

ГЕНЕТИЧНІ ОСНОВИ ЕВОЛЮЦІЇ, СЕЛЕКЦІЇ І БІОТЕХНОЛОГІЇ ТА ПРОБЛЕМИ БІОСФЕРОЛОГІЇ

(За матеріалами VIII Міжнародної наукової конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів», 23–27 вересня 2013 р., Алушта, Україна)

Н.М. ДРОБИК¹, В.А. КУНАХ²

¹ Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка
Україна, 46027, м. Тернопіль, вул. М. Кривоноса, 2

² Інститут молекулярної біології і генетики НАН України
Україна, 03680, м. Київ, вул. Академіка Заболотного, 150
e-mail: kunach@imbg.org.ua

У статті розглянуто пленарні, секційні та стендові доповіді, представлені на VIII Міжнародній науковій конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів», присвяченій 150-річчю від дня народження В.І. Вернадського та 95-річчю від часу заснування НАН України. Коротко наведено зміст доповідей, відмічено кращі, на думку авторів, статті та доповіді.

Ключові слова: еволюція, селекція, біотехнологія, біосфірологія.

23-27 вересня 2013 року відбулася VIII Міжнародна конференція «Фактори експериментальної еволюції організмів», присвячена 150-річчю від дня народження В.І. Вернадського та 95-річчю від часу заснування НАН України. Конференція традиційно проходила в м. Алушта на базі туристично-оздоровчого комплексу «Чайка» (Автономна Республіка Крим). VIII конференція, як і сім попередніх, організована Українським товариством генетиків і селекціонерів (УТГіС) імені М.І. Вавилова за сприяння і підтримки Інституту молекулярної біології і генетики НАН України.

Програма роботи конференції передбачала пленарні засідання, а також роботу семи секцій: «Еволюційна екологія та екогенетика», «Еволюція геномів у природі та експерименті», «Аналіз та оцінка генетичних ресурсів», «Клітинні, генні та молекулярні біотехнології», «Прикладна генетика і селекція», «Генетика людини та медична генетика», «Історія біології». Під час роботи конференції відбулися Пленум ради УТГіС ім. М.І. Вавилова та екскурсія по визначних місцях м. Алушти і Криму.

До початку конференції за поданими матеріалами було опубліковано чергові два томи збірника наукових праць «Фактори експериментальної еволюції організмів» (т. 12 та т. 13, Київ: Логос, 2013; 370 с. та 360 с. відповідно), в яких узагальнено теоретичні і практичні досягнення провідних українських і зарубіжних учених. Впевнені, що видані праці, як і 11 попередніх томів, сприятимуть подальшому розвитку теоретичних основ загальної, молекулярної, біохімічної, медичної, еволюційної генетики, селекції тварин, рослин, мікроорганізмів як в Україні, так і в інших країнах.

У роботі конференції взяли участь як провідні, так і молоді вчені та аспіранти, біологи, медики, аграрії з України, Росії, Білорусі, Придністров'я, Азербайджана-

ну, Ізраїлю, Канади і США. Було зареєстровано 135 учасників, які представляли організації провідних наукових центрів Києва, Москви, Санкт-Петербурга, Мінська, Автономної Республіки Крим, Харкова, Донецька, Дніпропетровська, Черкас, Луцька, Тернополя, Херсона, Одеси, Луганська, Умані, Полтави, Мелітополя, Бердянська, Баку, Пушино, Іркутська, Кірова, Краснодар, Томська, Брянська, Воронежа, Новосибірська, Саратов, Уфі, Красноярська, Тирасполя, Хайфи, Оттави, Сент-Луїса.

Із вступною доповіддю з нагоди відкриття конференції 24-го вересня виступив голова Оргкомітету, президент УТГіС ім. М.І. Вавилова, член-кор. НАН України **В.А. Кунах**, який привітав учасників конференції і побажав їм плідної роботи. Доповідач коротко зупинився на основних віхах життя і діяльності В.І. Вернадського, охарактеризував його головні наукові досягнення і здобутки, визначальний внесок у створення Академії наук України. Навів також основні визначальні дати в організації і подальшій діяльності Національної академії наук України, коротко зупинився на діяльності визначних учених-академіків. Особливий акцент було зроблено на діяльності всесвітньо відомих учених-біологів, зокрема таких, як М.Ф. Кащенко, М.І. Вавилов, С.Г. Навашин, Г.А. Левитський, Л.М. Делоне, А.О. Сапегін, М.М. Гришко, І.І. Шмальгаузен, С.М. Гершензон, В.П. Зосимович, П.К. Шкварніков, П.О. Сітько та ін.

За багаторічну наукову працю, постійну роботу в організації безперебійного видання журналу «Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів» і удосконалення його форми і змісту та з нагоди 10-річчя виходу першого номера журналу головуєчий вручив письмову подяку Президії УТГіС ученому секретареві журналу, канд. біол. наук **О.М. Бублик** та члену редакційної колегії журналу, канд. сільгосп. наук **Т.В. Новак**. Голові Черкаського обласного відділення УТГіС професорові **А.І. Опалку** було вручено почесну грамоту

Президії УТГіС за активну участь у роботі Товариства, організацію діяльності Черкаського обласного відділення Товариства, багаторічну сумлінну працю, вагомі досягнення у науковій діяльності та з нагоди 70-річчя від дня народження. Подяки було вручено і докторові біол. наук, **О.В. Дубровній** та канд. біол. наук **І.І. Лялько** за багаторічну наукову працю, постійну роботу з організації безперебійного видання збірника наукових праць «Фактори експериментальної еволюції організмів» і удосконалення його форми і змісту та з нагоди 10-річчя виходу першого тому збірника.

На пленарних засіданнях упродовж двох днів – 24-го і 25-го вересня, було зроблено 13 доповідей, в яких висвітлено результати фундаментальних досліджень з актуальних напрямів сучасної генетики, селекції, біотехнології, молекулярної біології.

У пленарній лекції «Геометрический код жизни по Владимиру Вернадскому», яку прочитав професор **С.И. Малецкий** (Інститут цитології і генетики СО РАН, Новосибірськ, Росія) були розглянуті погляди В.І. Вернадського на просторово-геометричну природу живої і неживої («косної») речовини планети в рамках біосфероцентричної парадигми життя. Услід за Л. Пастером і П. Кюрі В.І. Вернадський указував, що геометричні властивості живої і неживої матерії на Землі мають принципові відмінності і що між живою і неживою речовиною немає перехідних станів. Саме геометричні властивості, що розглядаються як атрибутивні, визначають відмінності у властивостях живої і неживої речовини на планеті. В.І. Вернадський пропонував розглядати не тільки фізичні і хімічні властивості речовин, але також їх геометричні властивості як універсальні атрибути, вказуючи, що ідентичність хімічного складу органічних молекул не є вирішальним для характеристики конкретної речовини або природного тіла. Геометрична структура природних тіл, на думку лектора, і є тим геометричним ко-

дом життя, який визначає основні функції органічних молекул, надмолекулярних структур і процесів морфогенезу. Споконвічно кодувальна функція нуклеїнових кислот визначається геометричною структурою молекул (первинне або геометричне кодування – подвійна спіраль ДНК) і лише в другу чергу – послідовністю нуклеотидів у молекулах ДНК (вторинна, або цифрова, форма кодування – триплетний код нуклеїнових послідовностей). Просторово-геометричні ідеї будови живої і неживої речовини планети чітко сформульовані В.І. Вернадським у його численних публікаціях 1910–1940 рр.

У доповіді академіка РАСГН **В.А. Драгавцева** (Агрофизический институт РАСХН, Санкт-Петербург, Россия) «Эпигенетические преобразования эколого-генетической структуры количественных признаков продуктивности» було підкреслено, що XXI століття називають століттям епігенетики. Наприкінці ХХ ст. генетикам були відомі такі епігенетичні механізми та феномени: метилювання ДНК і ацетилювання гістонів, що приводять до епігенетичного успадкування (генотрофи, нікотинотрофи тощо), диференціальна активність генів в онтогенезі, тривалі модифікації, генетична асиміляція, міксоплоїдія, парамутації, батьківський імпринтинг, епігенетична детермінація статі, пріони, інактивація Х-хромосоми, «сигнальна спадковість» за М.Є. Лобашовим. У 2004 р. відкрито епігенетичні механізми яризовациї, у 2012 р. – епігенетичні механізми моногамії степових полівок. У 1984 р. доповідач виявив ще один епігенетичний феномен – зміну спектра і числа генів, що детермінують кількісну ознаку, за зміни лімітуючого фактора зовнішнього середовища. У період 1984–2012 рр. на основі цього феномена створено теорію еколого-генетичної організації кількісних ознак (рос. ТЭГОКП) і теоретично та експериментально розроблено 24 нових, селекційно важливих її наслідків. Так, наприклад, розшифровано механізми ви-

никнення і створено методи прогнозу для ефектів взаємодії «генотип – середовище»; трансгресій; екологічно залежного гетерозису; знаків і рівнів генотипових та екологічних кореляцій; зсувів домінування; гомеостазу продуктивності тощо. Елементи ТЭГОКП включено до енциклопедії «Basic Life Science» (Нью-Йорк – Лондон – Бостон). На базі ТЭГОКП розроблено інноваційні технології еколого-генетичного підвищення продуктивності та врожаю, які успішно працюють у більш ніж 30-ти генетичних і селекційних центрах Росії та інших країн.

Академік НАН Білорусі **В.Н. Решетников** (Центральный ботанический сад НАН Беларуси, Минск) у доповіді «Научные и практические аспекты развития биотехнологии растений в Республике Беларусь» детально висвітлив такі питання: особливості розвитку та напрямки біотехнології рослин у відділі біохімії та біотехнології рослин ЦНБ НАН Білорусі; технологія отримання трансгенних рослин журавлини великоплідної та технологія агробактеріальної трансформації конюшини лучної для створення нових генотипів; розробка ефективної технології виробництва оздоровленого посадкового матеріалу та мікроклонального розмноження низки видів лікарських, пряноароматичних і декоративних культур; генетичний моніторинг популяцій рідкісних і зникаючих видів рослин природної флори Білорусі з використанням технології мультимедіального ДНК-маркування; розробка й освоєння технології дослідно-промислового випуску фармацевтичних засобів лікувально-профілактичної дії на основі біологічно активних речовин рослин тощо.

Професор **В.Н. Стегний** (Томский государственный университет, Россия) у доповіді «Принципы эволюционной и адаптивной значимости организации видовых геномов и их использование в селекции» зупинився переважно на власних результатах майже 40-річного вивчення організації видових геномів. Автор виявив низку генетичних параметрів, які відрізняють еволю-

ційно лабільні види (генератори видоутворення) від еволюційно-консервативних (термінальні мережі філогенетичних одиниць). За еволюційного розвитку таксона у горизонтальному напрямку (кладогенез, або адаптивна радіація) ознаки малоспеціалізованості еволюційно лабільних видових геномів за кожного кроку видоутворення поступово заміщуються у процесі прогресивної спеціалізації на ознаки альтернативні (еволюційно консервативні), що досягають максимального вираження у термінальних видів: зменшення кількості акроцентриків (робертсонівські злиття), поліплоїдизація, «диспергування» гетерохроматину, різке обмеження рекомбінації, утворення адаптивного інверсійного поліморфізму, розширення зон прикріплення хромосом до ядерної оболонки (консервація структури ядра). Доповідач вважає, що у селекційній роботі слід віддавати перевагу видам (серед близькоспорідненої групи) з такими параметрами: менша кількість хромосом, низький рівень рекомбінації, високий внутрішньовидовий поліморфізм, диспергований по хромосомах гетерохроматин і мобільні генетичні елементи, наявність дифузних хромоцентрів.

У доповіді «В-хромосоми и пластичность вида», з якою виступив професор **Ю.М. Борисов** (Інститут проблем екології та еволюції ім. А.Н. Северцова РАН, Москва, Россія), було висвітлено роль популяційної варіабельності кількості та морфотипів В-хромосом у пластичності виду. При надлишку ДНК, необхідної для кодування білкових молекул в основному наборі А-хромосом, видається ще більш загадковою наявність у майже 2000 видів тварин і рослин В-геному у вигляді додаткових або В-хромосом. Наявність або відсутність В-хромосом позначається на роботі А-геному. З варіабельністю В-хромосом пов'язані процеси, у результаті реалізації яких може змінюватися частота хізм в А-хромосомах, змінюючи тим самим рівень рекомбінаційної мінливості, що зазвичай роз-

глядається як еволюційний резерв. Завдяки цим ефектам В-хромосоми є джерелом генетичних нововведень, дозволяють організму існувати в нових умовах середовища, не змінюючи свого основного набору. Варіабельність числа і морфології додаткових В-хромосом у низки видів, очевидно, сприяють виживанню особини в незвичайних і екстремальних для неї умовах. Для В-хромосом, що, як правило, не мають гомологічної пари (подібно Y-хромосомі), немає тих обмежень за мейотичних поділів клітини, що властиві парним диплоїдним А-хромосомам. За рахунок нейтрального накопичення у В-хромосомах мутацій та їх можливих потенційних переміщень в А-хромосоми різноманітність геному може збільшитися, при його перетворенні – прискоритися, і, як наслідок, пластичність і стійкість геному зростає. В-хромосоми можуть служити джерелом нових регуляторних послідовностей ДНК і навіть нових генів у вигляді нефункціональних псевдогенів на початковому етапі. Крім того, у В-хромосомах знайдено скупчення сегментних дуплікацій (копій ДНК, перенесених з однієї ділянки геному в іншу). Відомо, що в таких ділянках можуть формуватися нові кодувальні послідовності, що підлягають дії добору. В-хромосоми у деяких видів рослин частіше зустрічаються в тих популяціях, які зростають у неоптимальних і, особливо, в стресових умовах і на кордонах ареалу, зокрема в міських та інтродукованих насадженнях. Проте популяційним дослідженням широкоареальних видів з В-хромосомами поки не приділяється достатньої уваги. Автор навів дані власних досліджень майже 20 видів мишей *Apodemus* (*Sylvaemus*), з яких у 6 видів виявлено В-хромосоми. Серед них найширший ареал мають два види зі значною популяційною варіабельністю В-хромосом. У першу чергу, це східноазійська миша з її величезним ареалом у східній частині Палеарктики. Максимальний розмах популяційної мінливості В-хромосом відзначений у *A. reppin-*

sulae на території Сибіру, де в екстремальних для виду умовах проживання число В-хромосом досягає 30. Ареал іншого виду миші – *S. flavicollis*, займає значну частину Європи і доходить до басейну річки Волга у Східній Європі. Пластичність видів навіть у межах одного роду, ймовірно, можуть забезпечувати різні механізми, пов'язані з молекулярною та генетичною мінливістю.

У доповіді «Взаимодействие ДНК-содержащих органелл у растений: перенос генов и редокс-сигналинг», яку виголосив професор **Ю.М. Константинов** (Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск, Россия) було розглянуто проблему генетичних взаємодій ядра, хлоропластів і мітохондрій у вищих рослин на структурному (горизонтальне перенесення генів) і функціональному (редокс-сигналинг) рівнях. Вказано, що біогенез окремих клітин і всього рослинного організму в цілому можливий завдяки координованій експресії геномів ядра, хлоропластів і мітохондрій. Комплексний механізм інтеграції геномів трьох типів ДНК-вмісних органелл у єдину генетичну систему клітини включає механізм обміну генетичним матеріалом між органелами («внутрішньоклітинне перенесення генів»), що виник ще на ранніх етапах еволюції вищих рослин, та фізіологічний механізм редокс-регуляції експресії генів фотосинтезу і окисного фосфорилування (OXPHOS). У результаті тривалої коеволуції хлоропластів і мітохондрій у рослинній клітині виникла тісна кооперація генетичних систем цих органелл, що забезпечує найбільш ефективне протікання процесів фотосинтезу і пов'язаних з ним метаболічних процесів. Автор детально розглянув стан досліджень природного механізму горизонтального перенесення генів у мітохондрії рослин, навіть експериментальні дані, що свідчать на користь можливого існування альтернативних механізмів мітохондрійного транспорту молекул ДНК, що розрізняються за своєю структурною організацією та розміром.

Привернув увагу до даних про поширеність і генетичну роль виходу (експорту) ДНК із мітохондрій, підкреслив, що аналіз структурно-функціональної організації мітохондрійних геномів рослин показує, що, на відміну від нижчих рослин, горизонтальне перенесення генів у мітохондрії вищих рослин відіграє важливу роль у виникненні унікальної для кожного рослинного виду структури мітохондрійного геному. У хлоропластах, на відміну від мітохондрій, механізму перенесення ДНК всередину органел не знайдено. Доповідач також проаналізував результати досліджень ролі редокс-сигналінгу у регуляції експресії мітохондрійних, хлоропластних та ядерних генів. Було зроблено висновок про те, що редокс-стан дихального ланцюга мітохондрій у рослинах здатен регуляторно впливати на транскрипційну активність мітохондрійних і ядерних генів.

Професор **В.С. Тирнов** (Саратовский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, Россия) у доповіді «Патроклиния у растений: закономерности и прикладное использование» підкреслив, що патроклінія – це виникнення особин з ядерним геномом чоловічої батьківської особини і цитоплазмою матері. Такі організми зазвичай виникають рідко, з частотами у сотні й тисячні частки відсотка. Добір у їхньому потомстві не веде до збільшення такого рівня частот. Встановлено, що в основі патроклінії лежать ті самі ембріологічні і генетичні механізми, що визначають і матроклінію. У активованих до морфогенезу клітинах чоловічі гамети не зливаються з ядрами жіночого гаметофіта, але розвиваються у спорофіт. Використовуючи цю закономірність, рівень виникнення патроклінії в експерименті вдалося підвищити в сотні і тисячі разів. Це дозволяє ефективно використовувати патроклінію для прискореного створення алоплазматичних ліній, у тому числі з цитоплазматичною чоловічою стерильністю, а також (що може бути важливіше) для вивчення вкладу цитоплазма-

тичних факторів в обумовленість і реалізацію багатьох ознак і явищ, що мають селекційне і еволюційне значення (таких як довжина вегетаційного періоду, імунітет, стійкість до різних стресових чинників, біологічна продуктивність, структура врожаю, якісні та кількісні ознаки тощо).

У доповіді «Комбинаторные процессы, не изменяющие число хромосом у эукариот», яку виголосив канд. біол. наук **Е.В. Левитес** (Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия), було відзначено, що менделівська генетика ґрунтується на вивченні поліморфізму, що виникає у потомстві внаслідок двох комбінаторних процесів: випадкового розходження хромосом у мейозі та об'єднання геномів за випадкової зустрічі гамет. У той же час виявлення поліморфізму у потомстві, що утворилося в результаті мітотичної агамоспермії, не пов'язаної з мейотичними перетвореннями геному, свідчить про існування ще якихось невідомих комбінаторних процесів. Для пояснення цього явища автор запропонував гіпотезу, що припускає наявність диференціальної політенії хромосом у клітинах генеративних органів рослин, випадкове, рівноймовірне видалення шляхом димінуції надлишку хроматину клітиною перед її вступом до ембріогенезу із збереженням у ядрі диплоїдної клітини лише двох копій кожного гена, що прикріпилися до ядерної мембрани чи до ядерного матриксу. Проведені на цукрових буряках експерименти показали, що видалення комбінаторним шляхом надлишку хроматину клітиною перед її вступом до ембріогенезу відбувається як за агамоспермного, так і за статевого процесу. Запропонована модель пояснює, на думку автора, багато біологічних явищ, таких, наприклад, як ядерцеве домінування і пенетрантність.

Найбільшу увагу і дискусію викликала остання у цей день пленарна доповідь члена-кореспондента НАН України, академіка НАМН України **В.А Кордюма** (Институт мо-

лекулярної біології і генетики НАН України, Київ) «Серый ящик» в биологии». Автор підкреслив, що детальне вивчення внутрішньоклітинних процесів (метаболізму, сигналіngu, енергетики тощо) привело до розуміння принципової неможливості пояснення тієї їх точності та узгодженості, яка реально має місце. І навіть не зрозуміло, що ще треба вивчити, пізнати для такого пояснення. Для того, щоб підійти до розуміння «куди йти», було проаналізовано вже відоме. У першій половині минулого століття настільки ж незрозумілим був розвиток організму – від зиготи до дорослого організму. І тільки роботи, пов'язані із з'ясуванням природи спадковості та її реалізації, дозволили зрозуміти що розвиток відбувається за програмою, записаною на спеціальному носії – ДНК. Відбувається все це у вигляді матеріалізації програми, здійснюваної системами її обслуговування і з нею сумісними. Аналіз всього ланцюга таких процесів приводить до висновку про те, що живе розвивається не за принципом причинно-наслідкових зв'язків, а за принципом програмно-причинно-наслідкових подій. У них причина – це реалізація елемента програми. Але розуміння цього стало можливим (крім усього необхідного наукового пошуку) внаслідок принципової подібності запису програми спадковості з написанням текстів у друкованих джерелах. Це – лінійно виконаний набір одиничних знаків. Поєднання таких знаків визначає сенс програми. Але запис стає сенсом тільки в сумісній з такою інформацією системою її обслуговування і сприйняття у вигляді людини, що знає цю мову. А сама програма при цьому виконана в лінійно не розгалуженому (і не об'ємному) варіанті. Така ж основа інформації є і в живому. Принцип організації процесів у клітині теж можна пояснити тільки з позицій програмно-причинно-наслідкових зв'язків. Але за програмами вже не лінійно записаних і лінійно зчитуваних з ДНК, а якихось інших, записаних на інших носіях і розгалуженнях. Такі програми інші,

ніж та, яка записана «у спадковості». Інші вони й за носіями і по суті запису й інших систем зчитування і за розташуванням – не лінійному, а об'ємному. У підсумку автор підкреслив, що поки ж про механізм, що забезпечує найвищу точність і узгодженість клітинних процесів, навіть не ставилося питання щодо його вивчення.

У другій половині дня 24-го вересня відбувся пленум Ради УТГіС ім. М.І. Вавилова, на якому президент товариства **В.А. Кунах** виступив з доповіддю «Підсумки роботи Президії товариства за період 2012–2013 років та головні завдання діяльності на 2014 рік». Доповідач повідомив, що всі поставлені на 2013 рік завдання в основному виконані. Роботу Товариства було визнано задовільною. На Пленумі було розглянуто питання про підготовку ІХ Міжнародної конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів» – чергової конференції, яку постановили провести у вересні 2014 року в м. Алушта. Значну увагу було приділено роботі Ради та Президії Товариства з обласними відділеннями, а також ішлося про підвищення вимог до наукових статей, які друкуються у збірнику наукових праць «Фактори експериментальної еволюції організмів».

Наступного дня, 25-го вересня, вранішнє пленарне засідання було розпочате доповіддю члена-кореспондента НАН України **М.В. Кучука** (Інститут клітинної біології і генетики НАН України, Київ) «Трансгенные растения, накапливающие рекомбинантные белки и вакцины, и биологические эффекты, которые они вызывают». Автор розповів, що в очолюваному ним Інституті створено генетичні вектори для високо-ефективної продукції фармацевтичних білків у рослинах і експериментальні лінії овочевих (морква і салат) та фуражних (ріпак і люцерна) ліній рослин з протитуберкульозними та антивірусними властивостями, які накопичують імуногенні антигени ESAT6 і Ag85b або лейкоцитарний інтерферон людини. Для екстрактів листків і коренеплодів

створених трансгенних рослин моркви та листків ріпаку показано значний рівень антивірусної активності рекомбінантного альфа-інтерферону людини. Зареєстровано активність трансгенних моркви та люцерни, яка дорівнювала дії вакцини VCG, за орального введення морським свинкам з наступним визначенням алергічної реакції на туберкулін.

Член-кореспондент НАН України **В.А. Сідоров**, який представляв компанію Монсанто (Monsanto Co., 700 Chesterfield Parkway W., St. Louis, MO 63017, USA), у доповіді «Plant tissue culture in biotechnology: Recent advances in transformation through somatic embryogenesis» привернув увагу до того, що генетична трансформація рослин стала важливим інструментом біотехнології для поліпшення багатьох сільськогосподарських культур. Надійну основу для швидкої розробки та впровадження біотехнологій у сільське господарство створили наукові здобутки і досягнення в галузі культури тканин рослин. Автор присвятив свою доповідь 30-річчю від часу першої успішної експериментальної трансформації рослин. Зупинився на сучасних досягненнях, проблемах та критично проаналізував останні зміни в методології трансформації. Основну увагу в презентації було приділено традиційним і новим підходам генетичного поліпшення сої, бавовни і кукурудзи. Висвітлено результати трансформації цих культур, які були значно поліпшені методами сучасної біотехнології.

Професор **Г. Федак** (G. Fedak, Eastern Cereal and Oilseed Research Centre, Agriculture and Agri-Food Canada Ottawa ON. K1A 0C6 Canada) представив доповідь «Manipulating disease resistance genes in spring wheat». Доповідач повідомив, що наразі стійкість ярої пшениці до Fusarium (FHB) зменшується і дослідження ведуться у двох напрямках: пошук генів стійкості у диких видів та інтрогресія їх у пшеницю на додаток до існуючих (відомих) генів і створення спадкової плазми (gemplasm) зі стійкі-

стю до Ug99, нової раси стеблової іржі. Гени стійкості виявлено у диких видів *Triticum* та *Aegilops* й перенесено у пшеницю. Розроблено молекулярні маркери аналізу нових генів у популяціях подвоєних гаплоїдів. Молекулярні маркери і подвоєні гаплоїди використано для отримання (виділення) генів комплексної стійкості до стеблової іржі, генів листової стійкості та QTL-стійкості до FHB. Унікальні гени QTL-стійкості були виявлені у рослин *Triticum monococcum*, *T. miguschovae*, *T. timopheevi*, *Aegilops speltoides* та *Ae. cylindrica*. Ці гени будуть використані для створення нових комбінацій з існуючими генами.

У доповіді професора **А.М. Носова** (Інститут фізіології рослин ім. К.А. Тимирязева РАН, Москва, Россія) «Особенности образования изопреноидов в клетках растений *in vitro*» було підкреслено, що останнім часом значно зріс інтерес до дослідження ізопреноїдів – найчисленнішого класу вторинних метаболітів рослин. Значною мірою це обумовлено унікальними особливостями утворення цих сполук у рослинній клітині, де у двох компартментах паралельно працюють два шляхи синтезу ізопентенілдіфосфату – «евкаріотний» (мевалонатний) у цитозолі і «прокаріотний» (MEP-шлях) – у пластидах. Автор досліджував особливості утворення тритерпеноїдних і дитерпеноїдних сполук у різних культурах клітин: різних штамх діоскорей дельтоїдної *Dioscorea deltoidea* (стероїдні глікозиди), штамх різних видів женьшеню *Panax ginseng*, *P. japonicus* (гінзенозиди), полісціасу *Polyscias filicifolia* (тритерпенові глікозиди). Встановлено низку особливостей утворення та накопичення ізопреноїдів у культурах клітин. Для культур клітин *D. deltoidea* характерною є наявність тільки фуростанолових, але не спіростанолових глікозидів, причому рівень їх вмісту високий (до 12% у сухій масі клітин) і стабільний протягом більше 30 років вирощування культури. Для культур клі-

тин женьшеню японського показано наявність значних кількостей гінзенозидів (до 10% у сухій масі клітин), при цьому основними компонентами є глікозиди протопанаксатріолу (Re + Rg₁), глікозиди олеанолової кислоти (R₀) і глікозиди протопанаксادیолу (малоніл-Rb₁, Rb₁, Rc, Rb₂, Rd і гіпенозид XVII). Найцікавішим є поява в клітинах женьшеню *in vitro* в значних кількостях мінорних глікозидів (гіпенозид XVII) і гінзенозидів Rb-групи у вигляді ефірів маленової кислоти. Висунуто гіпотезу про фізіологічне значення виявлених змін в утворенні гінзенозидів у культурах клітин. Автор детально зупинився на перспективах використання отриманих результатів для створення біотехнологій великомасштабного вирощування культур клітин з метою отримання біологічно активних речовин рослинного походження.

Після закінчення пленарного засідання 25-го вересня розпочалася робота секційних засідань. На секції 1 «**Еволюційна екологія і екогенетика**» було заслухано і обговорено 6 доповідей. Особливий інтерес викликали доповіді канд. техн. наук **А.С. Ольковой** (Вятский государственный гуманитарный университет, г. Киров, Россія) «Опыт исследования природно-техногенных систем биосферы методами биотестирования: особенности проблемы, пути решения», **Е.Ю. Пардаевой** (Воронежский государственный университет, ФГУП НИИ лесной генетики и селекции, г. Воронеж, Россія) «Изучение цитогенетических характеристик семенного потомства сосны обыкновенной (*Pinus silvestris* L.) в условиях засухи и техногенного загрязнения». У доповіді **А.С. Ольковой** узагальнила, ґрунтуючись на багаторічному досвіді, особливості і проблеми біотестування компонентів навколишнього середовища за атестованими методиками. Автором зроблено висновок про необхідність удосконалення методичної бази, створення банку даних, який би відображав залежність «доза – ефект», ефекти поєднаної дії

забруднюючих речовин, а також комплексної дії факторів. У доповіді **Е.Ю. Пардаєва** зазначила, що реакція різних генотипів сосни звичайної із двох районів зростання на стрес (посуха, викиди автотранспорту + посуха) неоднозначна. Це є відображенням різних адаптивних можливостей і стійкості до негативних впливів. На основі отриманих результатів виділена група дерев, які продукують потомство, толерантне до дії як погодних, так і техногенних факторів стресу.

На секції 2 «Еволюція геномів у природі та експерименті» було заслухано і обговорено 13 доповідей. Інтерес викликали доповіді канд. біол. наук **Е.В. Левитеса** (Інститут цитології і генетики СО РАН, Новосибірськ, Росія) «Неменделевское наследование в половых потомствах», **Н.А. Рожновой** (Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Росія) «Скрининг геномных локусов, ассоциированных с гаметофитным апомиксисом у растений *Boecheira holboellii* (семейство *Brassicaceae*)», канд. біол. наук **Н.В. Вороновой** (Белорусский государственный университет, г. Минск, Беларусь) «Оценка уровня насыщения последовательности гена субъединицы I цитохромоксидазы C у тлей *Hemiptera sternorrhyncha* (Aphidoidea) как метод определения относительного возраста таксонов», канд. біол. наук **Т.П. Лісовської** (Східноєвропейський національний університет ім. Лесі Українки, м. Луцьк) «Мейотична мутація томату, що контролює вихід із мейозу», **Н.Г. Лисенко** (Харківський національний університет ім. В.Н. Каразіна, м. Харків) «Овогенетическая изменчивость и спонтанный партеногенез у тутового шелкопряда *Bombux mori* L.», професора **А.М. Хохлова** (Слобожанський державний аграрний університет, смт Мала Данилівка, Дергачівський район, Харківська обл., Україна) «Микроэволюция

и перспективы использования генома свиньи в селекции».

У доповіді **Е.В. Левитес** зазначив, що поряд з комбінаторними процесами, зумовленими розходженням хромосом у мейозі і випадковим об'єднанням гамет, існують комбінаторні процеси, що відбуваються як за статевого, так і субстатевого (агамоспермного) розмноження, і вони не пов'язані зі зміною числа хромосом у клітині, що вступає в ембріогенез. Успадкування за наявності зиготичного і апозиготичного комбінаторних процесів можна позначити як неменделівське. Метою представленої **Н.А. Рожновой** роботи було виділення та ідентифікація геномних локусів, асоційованих з апомиксисом. На основі знайдених раніше мультилокусних SSAP маркерів апомиксису були отримані SCAR маркери апомиксису: SCAR_Cin_220, SCAR_Cin_240. Здійснено ампліфікацію SCAR_Cin_220, SCAR_Cin_240 з препаратами ДНК видів з статевим розмноженням (*Boecheira stricta*) і апомиксисом (*Boecheira holboellii*). Показано можливу гемізиготність отриманих SCAR маркерів апомиксису. **Н.В. Воронова** у своїй доповіді зазначила, що насичення гена субодиноци I цитохромоксидази (COI) тлі обумовлено високою консервативністю амінокислотної послідовності кодуючого геному білка та здійснюється на рівні підроддини, що виражається в падінні співвідношення спостережуваних транзицій і трансверсій. Із вивчених підроддин найвища виродженість послідовності COI у підродинах *Eriosomatinae* та *Lachninae*. **Т.П. Лісовською** та співробітниками встановлено, що мейотична мутація томату *amd* характеризується нормальним перебігом першого і другого поділів мейозу та додатковим поділом мейозу в мікроспорогенезі; виявляє повну чоловічу стерильність та майже нормальну жіночу фертильність. У доповіді **Н.Г. Лисенко** показано, що потенціал розвитку відкладених самками *Bombux mori* L. незапліднених яєць залежить від їх розташування в оваріолі, а по-

тенціал розвитку зрілих ооцитів максимальний у дистальній частині оваріоли, а мінімальний – у проксимальній, зменшуючись в проміжній частині від 25% до 5%. **А.М. Хохлов** представив результати вивчення мікроеволюції європейського дикого кабана (*Sus scrofa ferus*) та великої білої породи свиней як модель domestикації і породоутворюючого процесу в Європі. Показано, що секвенування геному свині дозволяє не лише встановити карту генів видового геному тварин, а й визначити в генотипі окремих особин молекулярно-генетичні маркери, які дозволяють в селекційному процесі контролювати прояв важливих господарсько-цінних і біологічних ознак.

На секції 3 «**Аналіз та оцінка генетичних ресурсів**» було заслухано та обговорено 8 доповідей. Цікавими і пізнавальними, на думку учасників конференції, були доповіді канд. біол. наук **О.М. Бублик** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ) «Комплексна оцінка стану популяції *Iris pumila* L. України», канд. біол. наук **І.О. Андрєєва** (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ) «ДНК-маркери для досліджень *Deschampsia antarctica* в прибережній Антарктиці», професора **З.А. Козловской** (РУП «Інститут плодоводства Беларусь», Самохваловичи, Минский р-н., Беларусь) «Оценка и использование генофонда плодовых, ягодных, орехоплодных культур и винограда в республике Беларусь», канд. біол. наук **А.И. Соловьёвой** (Інститут фізіології рослин ім. К.А. Тимирязева РАН, г. Москва) «Продолжительность дегидратации и стабильность ДНК-маркеров растений земляники лесной после криосохранения».

О.М. Бублик показано, що для ефективного визначення генетичної ерозії виду необхідна оцінка комплексу параметрів, а саме: еколого-популяційних та генетичних. Отримані дослідницею із співробітниками дані поліморфізму ПЛР-маркерів свідчать про те, що скорочення та фрагментація ареалу *I. pumila*, у першу чергу, супроводжуєть-

ся погіршенням еколого-популяційних показників, а збіднення генофонду популяції відбувається повільніше. Доповідь **І.О. Андрєєва** була присвячена пошуку ПЛР-маркерів для молекулярно-генетичного аналізу унікального злаку *Deschampsia antarctica* – одного з двох представників судинних рослин, що зростають в Антарктиці, та обговоренню можливих аспектів застосування створеної системи маркерів для вирішення еволюційних та популяційно-генетичних питань, пов'язаних із існуванням та розповсюдженням цього виду у прибережній Західній Антарктиці. Насиченою та інформативною також була доповідь **З.А. Козловской**, в якій проаналізовано наявний генофонд садових культур республіки Білорусь та можливість його використання у селекції, виробництві та для міжнародного обміну. **А.И. Соловьёва** представила результати дослідження впливу тривалості дегідратації на фізіологічну та генетичну стабільність рослинного матеріалу. У роботі використано клон *Fragaria vesca* сорту Reine des Valles, який культивують *in vitro* протягом 25 років. Перед заморожуванням апекси дегідрували у стерильному потоці повітря ламінар-боксу протягом 3, 4 або 5 годин. Оцінку впливу тривалості дегідратації на стабільність ДНК-маркерів відновленого рослинного матеріалу проводили з використанням RAPD-, ISSR- і REMAP-методів. Проаналізовані зразки ДНК не відрізнялися від контролю за більшістю досліджених ДНК-маркерів.

На секції 4 «**Клітинні, генні та молекулярні біотехнології**» було заслухано та обговорено 11 доповідей. Значну увагу привернули доповіді канд. біол. наук **І.М. Герасименко** (Інститут клітинної біології і генетичної інженерії НАН України, м. Київ) «Гетерологические транзитные пептиды обеспечивают импорт репортерного белка в хлоропласты с разной эффективностью», канд. біол. наук **Ю.В. Сидорчук** (Інститут цитології і генетики СО РАН, г. Новосибірськ, Росія) «Характеристика регуляторных элементов для тканеспецифичной

експресии трансгенов в растениях», канд. фіз.-мат. наук **Е.І. Роніна** (University of Haifa, Institute of Evolution, Haifa, Israel) «Методы генетического картирования на основе SNP-маркеров».

І.М. Герасименко із співробітниками створено генетичні конструкції, які дозволяють здійснювати накопичення цільового білка в хлоропластах за допомогою двох різних транзитних пептидів-попередників малої субодиниці рубіско *Nicotiana tabacum* і активази рубіско *Spinacia oleracea*. Створені векторні конструкції дозволяють проводити підбір способу експресії, більш ефективного для досліджених видів рослин і цільових білків. Роботу **Е.І. Роніна** присвячено вирішенню алгоритмічної проблеми побудови генетичних карт з використанням SPN-маркерів. Автором із співробітниками запропоновано два алгоритми побудови генетичних карт: у першому випадку, за відсутності абсолютно-зчеплених маркерів, у другому, за наявності множинних абсолютно-зчеплених маркерів генетичні карти будуть побудовані з високою точністю. Важливим моментом є розуміння того, що наявність певного рівня помилок за аельної ідентифікації SNP-маркерів обмежує щільність маркерів генетичної карти деякою величиною, що не залежить від обсягу популяції.

На секції 5 «**Прикладна генетика і селекція**» було заслухано та обговорено 11 доповідей. Особливу зацікавленість викликали доповіді **Г.І. Сировнева** (Дніпропетровський державний хіміко-технологічний університет, м. Дніпропетровськ) «Влияние полиморфизма генов FUT1 и MUC4 на хозяйственно-полезные признаки свиней закрытой популяции украинской мясной породы», доктора біол. наук **О.О. Тиминой** (Приднестровский государственный университет имени Т.Г. Шевченко, Тирасполь, Приднестровье) «Направление и результаты селекции овощного перца для условий Приднестровья и Российской Федерации». О.О. Тиминой та співробітниками на основі

селекційно-генетичного моніторингу *Carpisum* реалізовано генетичну програму створення генофонду з комплексом господарсько-цінних ознак, результатом якої стали нові сорти і гібриди із заданими параметрами.

На секції 6 «**Генетика людини та медична генетика**» було заслухано та обговорено 4 доповіді. Цікавою була доповідь **Л.О. Атраментової** із співавт. (Харківський національний університет імені В.Н. Каразіна, Україна) «Сходство украинских популяций из различных территориальных подразделений по маркерам Y-хромосомы». Автором зроблено висновок про те, що українські популяції, які належать до різних історико-територіальних об'єднань, є гомогенними за маркерами Y-хромосоми і характеризуються більшою генетичною подібністю між собою, ніж з сусідніми етнічними групами.

На секції 7 «**Історія біології**» було заслухано та обговорено 3 доповіді. Цікавою була доповідь канд. біол. наук **Г.Б. Гуменик** (Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, Україна) «В.І. Вернадський: погляд через століття», у якій проведено аналіз наукової та громадської діяльності видатного українського вченого світового рівня – академіка Володимира Івановича Вернадського; зазначено, що ідеї та наукові здобутки В.І. Вернадського мають справді глобальне значення і залишаються сучасними вже понад століття; вказано, що В.І. Вернадський – автор геніальних теорій та узагальнень, які поєднують у собі природознавчі та філософські прогнози і гіпотези, що спрямовані на вирішення глобальних проблем природознавства й суспільствознавства.

Інтерес в учасників конференції викликали і стендові доповіді. Жваву дискусію викликали роботи **О.П. Василенко** із співавт. (Київський національний університет імені Тараса Шевченка, Україна) «Хромосомная нестабильность в облученных лимфоцитах периферической крови человека при совместном культивировании с

клетками дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*»; **М.З. Мосули** із співавт. (Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, м. Київ, Україна) «Оцінка генетичного поліморфізму чорногірських популяцій *Gentiana lutea* L. (Gentianaceae) з Українських Карпат: RAPD-аналіз»; **Т.М. Кирпи** із співавт. (Інститут клітинної біології і генетичної інженерії НАН України, м. Київ, Національний ботанічний сад ім. М.М. Гришка НАН України, м. Київ, Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України, м. Київ, Інститут фізіології рослин ім. К.А. Тимирязева, г. Москва) «Гетерологическая экспрессия $\Delta 9$ -ацил-липидной десатуразы цианобактерии в орхидее *Dendrobium linguella* Rchb.F.».

Усього було заслухано та обговорено 13 пленарних доповідей, 56 доповідей на засіданнях семи секцій, представлено 20 стендових повідомлень.

На заключному пленарному засіданні за багаторічну активну участь у роботі попередніх і цієї конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів» пам'ятними сувенірами були *нагороджені*: академік НАН Білорусі В.Н. Решетников (м. Мінськ), академік НАН Білорусі Л.В. Хотилёва (м. Мінськ), академік РАН В.А. Драгавцев (м. Санкт-Петербург), член-кореспондент НАН України В.А. Сідоров (St. Louis, USA – Київ), професор Г. Федак (Ottawa, Canada), професор С.І. Малецький (м. Новосибірськ), професор В.Н. Стегний (м. Томськ), професор Ю.М. Борисов (м. Москва), професор Ю.М. Константинов (м. Іркутськ), професор А.М. Носов (м. Москва), професор Ю.І. Долгих (м. Москва), професор З.А. Козловская (Самохваловичі, Білорусь), доктор біол. наук Т.С. Седельникова (м. Красноярськ), канд. біол. наук В.А. Лемеш (м. Мінськ), канд. біол. наук І.О. Андреев (м. Київ), канд. біол. наук Б.В. Моргун (м. Київ), канд. фіз.-мат. наук Е.І. Ронін (м. Хайфа, Ізраїль), канд. біол.

наук О.Ю. Штарк (м. Санкт-Петербург), А.Г. Комісаренко (м. Київ).

На заключному засіданні також було підведено підсумки стану та перспектив розвитку сучасних напрямків генетики, селекції та біотехнології. Відзначено високий рівень як наукових доповідей, так і організації та проведення конференції, висловлено глибоку вдячність оргкомітетові. Кращі секційні і стендові доповіді було відзначено почесними грамотами.

За кращі **наукові доповіді** на секція *нагороджено* учасників конференції: О. М. Бублик (м. Київ), І. О. Андреева (м. Київ), З. А. Козловскую (Самохваловичі, Білорусь), А. І. Соловьеву (м. Москва), А. С. Олькову (м. Кіров), Е. Ю. Пардаеву (м. Воронеж), Е. В. Левитеса (м. Новосибірськ), Н. А. Рожнову (м. Уфа), Н. В. Воронову (м. Мінськ), Т. П. Лісовську (м. Луцьк), Н. Г. Лисенко (м. Харків), А. М. Хохлова (сміт Мала Данилівка, Дергачівський район, Харківська обл.), Г. І. Сировнева (м. Дніпропетровськ), О. О. Тимину (м. Тирасполь), І. М. Герасименко (м. Київ), Ю. В. Сидорчука (м. Новосибірськ), Е. І. Роніна (м. Хайфа, Ізраїль), Г. Б. Гуменюк (м. Тернопіль).

За кращі **стендові доповіді** *нагороджено* колективи авторів: 1) О.П. Василенко, С.Р. Рушковський (м. Київ); 2) М.З. Мосула, І.І. Конвалюк, В.М. Мельник, Н.М. Дробик (м. Тернопіль, м. Київ); 3) Т.М. Кирпа, В.А. Рудас, О.О. Овчаренко, А.А. Клебанович, І.М. Герасименко, Р.В. Іванніков, А.М. Остапчук, І.В. Голденкова-Павлова, Ю.В. Шелудько (м. Київ, м. Москва).

З метою подальшого продуктивного спілкування та обміну науковими результатами учасники конференції висловили побажання і надалі регулярно проводити конференції з актуальних проблем сучасної генетики, селекції, біотехнології тощо; запрошувати для участі в цих конференціях ширше коло фахівців з інших країн. Було також висловлено побажання ширше вводити до складу Оргкомітету наступних конференцій представників іноземної наукової спільноти.