

ISSN 1810-7834

**УКРАЇНСЬКОГО ТОВАРИСТВА
ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ**

TOM 2

2004

Редакційна колегія:

Шеф-Редактор **М.В. РОЇК**
Головний редактор **В.А. КУНАХ**
Заступники головного редактора:
А.А. КОРЧИНСЬКИЙ, Л.Л. ЛУКАШ

І.Р. БАРИЛЯК
Я.Б. БЛЮМ
В.П. БУРКАТ
Н.Г. ГОРОВЕНКО
М.В. ЗУБЕЦЬ

Л.Є. КОВАЛЬЧУК
М.В. КУЧУК
С.С. МАЛЮТА
В.В. МОРГУН
В.Г. МИХАЙЛОВ

Л.А. НАЛЄСКИНА
Т.В. НОВАК
М.А. ПИЛІНСЬКА
Ю.М. СИВОЛАП
В.О. ФЕДОРЕНКО

Редакційна рада:

А. АТАНАСОВ (Болгарія)
Б.В. ДЗЮБЕЦЬКИЙ
В.А. ДРАГАВЦЕВ (Росія)
Н.А. КАРТЕЛЬ (Білорусь)
В.В. КИРИЧЕНКО
Г.І. ЛАЗЮК

Б.П. МАЦЕЛЮХ
М.Д. МЕЛЬНИЧУК
О.О. СОЗИНОВ
А.А. СИБІРНИЙ
Г.В. СКИБАН
А.Х. СТЕЛМАХ

В.П. ПАТИКА
В.М. ТОЦЬКИЙ
В.Г. ШАХБАЗОВ
В.К. ШУМНИЙ (Росія)
Т.М. ЧЕЧЕНЄВА
Г. ФЕДАК (Канада)

Відповідальний секретар **О.О. ПОРОННИК**

Адреса редакції:
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України,
вул. Акад. Заболотного, 150, Київ, 03143
E-mail: kunakh@imbg.org.ua

Editorial board

Chief editor **M.V. ROIK**
Editor-in-Chief **V.A. KUNAKH**
Deputy editors: **A.A. KORCHINSKIY, L.L. LUKASH**

I.R. BARYLYAK
Ya.B. BLUM
V.P. BURKAT
N.G. GOROVENKO
M.V. ZUBETS

L.Ye. KOVALCHUK
N.V. KUCHUK
S.S. MALYUTA
V.V. MORGUN
V.G. MYKHAILOV

L.A. NALESKINA
T.V. NOVAK
M.A. PYLINSKA
Yu.M. SIVOLAP
V.O. FEDORENKO

Editorial Council

A. ATANASOV (Bulgaria)
B.V. DZYUBETSSKIY
V.A. DRAGAVTSEV (Russia)
N.A. KARTEL (Belarus)
V.V. KYRYCHENKO
G.I. LAZIUK (Belarus)

B.P. MATSELYUKH
M.D. MELNYCHUK
O.O. SOZINOV
A.A. SYBIRNIY
G.V. SKYBAN
A.F. STELMAKH

V.P. PATYKA
V.M. TOTSKIY
V.G. SHAKHBAZOV
V.K. SHUMNUY (Russia)
T.M. CHECHENEVA
G. FEDAK (Canada)

Responsible secretary **O.O. PORONNYK**

Editorial office address:
Institute of Molecular Biology and Genetics NAS of Ukraine
150, Zabolotnogo str., Kyiv, 03143
E-mail: kunakh@imbg.org.ua

ВІСНИК

ТОМ 2

№2

**УКРАЇНЬСЬКОГО ТОВАРИСТВА
ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ**

2004

The Bulletin of Ukrainian Society for Genetics and Selections

ВИХОДИТЬ ДВІЧІ НА РІК • КИЇВ

ЗМІСТ**Оригінальні статті**

Андреев И. О., Спиридонова Е. В., Соловьян В. Т.,
Кунах В. А. 18S-25S рДНК некоторых видов рода
Rauwolfia: межвидовой полиморфизм и перестро-
йки в культуре *in vitro*

Барияк І. Р., Скибан Г. В. Реформа підготовки
лікарів з медичної генетики та тератології - шлях
до поліпшення медико-генетичної служби

Базыма И. В. Исследование генотипической
обусловленности черт личности

Геккєв А. Д., Козловська М. В. Імуногенетична
характеристика масивів червоних порід центрально-
ного степу України

Гуревич И. Я., Атраментова Л. А. Проявление
наркозависимости у населения Израиля

Івашченко О. О., Ковальчук Н. С. Мінливість
кількості ядерної ДНК незабутниці дрібно-
квіткової - *Galinsoga parviflora* Cav. в результаті
дії гербіциду Раундап-Біо

Корчинский А. А., Тараненко Л. К. Теоретичес-
кие аспекты моделирования сортов адаптивной
ориентации

Корнеєва М. О., Ермантраут Е. Р., Власюк М. В.
Успадкування елементів продуктивності у топк-
росних чоловічостерильних гібридів цукрових
буряків

Коршиков И. И., Пирко Я. В. Генетические особен-
ности деревьев сосны горной (*Pinus mugo*
Turra) со значимыми отличиями в показателях
семеношения

Михайлов В. Г., Романюк Л. С., Щербина О. З.
Індексні показники, їх мінливість та викорис-
тання в селекції сої

Навроцкая В. В., Шахбазов В. Г. Эмбриональная
летальность тутового шелкопряда в связи с
межпородной гибридизацией и воздействием
электромагнитных полей

CONTENTS**Original Research**

163 Andreev I. O., Spiridonova K. V., Solovyan V. T.,
Kunakh V. A. Genes of 18s-25s ribosomal RNA in
Rauwolfia species: parallelism between tissue cul-
ture-induced rearrangements and interspecies
polymorphism

171 Barytyak I. R., Skyban G. V. Reform in training of
doctors from medicinal genetics and teratology is
the way to improve medicinally-genetical service

175 Bazyma I. V. Research the genotypic conditionality
of the personality factor

181 Gekkyev A. D., Kozlovskaja M. B. Ymmunogenetic's
description of arrays of red breeds of central steppe
of Ukraine

188 Gurevich I. Y., Atramentova L. A. Genetic aspects of
drug abuse in the population of Israel

194 Ivashchenko O. O., Kovalchuk N. S. Variability of
the quantity of nuclear DNA in little-flower quicke-
weed (*Galinsoga parviflora* Cav.) as a result of
Roundup-Bio herbicide action

201 Korchinskij A. A., Taranenko L. K. Theoretical
aspects of modelling grades of adaptive orientation

206 Korneyeva M. A., Ermantraut E. R., Vlasjuk M. V.
Inheritance of elements of efficiency topkross ms
hybrids of sugar beet

212 Korshikov I. I., Pirko Ya. V. Genetic peculiarities of
Pinus mugo Turra trees with significant differences
in seminification indices

221 Mykhaylov V. G., Romaniuk L. S., Scherbyna O. Z.
Index parameters, their variability and use in soya
breeding

228 Navrotskaya V. V., Shakhbazov V. G. Embrional
lethality of silkworm in connection with the interra-
cial hybridization and the electromagnetic field
influence

УДК: 575.22 + 576.5

18S-25S рДНК НЕКОТОРЫХ ВИДОВ РОДА *RAUWOLFIA*: МЕЖВИДОВОЙ ПОЛИМОРФИЗМ И ПЕРЕСТРОЙКИ В КУЛЬТУРЕ *IN VITRO*

И. О. АНДРЕЕВ, Е. В. СПИРИДОНОВА, В. Т. СОЛОВЬЯН, В. А. КУНАХ

Институт молекулярной биологии и генетики НАН Украины
Украина, Киев-143, ул. Акад. Заболотного 150

Проведено исследование ПДРФ генов 18S -25S рРНК в интактных растениях и культуре тканей *in vitro* некоторых видов *Rauwolfia*. Построена карта повтора 18S-25S рДНК *R. serpentina* по сайтам узнавания некоторых эндонуклеаз рестрикции. Установлено, что ПДРФ рДНК в культуре тканей и у различных видов рода *Rauwolfia* обусловлен, главным образом, изменчивостью участка межгенного нетранскрибируемого спейсера. Это может свидетельствовать о подобии межвидового полиморфизма последовательности рДНК в природе и ее вариабельности *in vitro*. Ключевые слова: гены 18S-25S рРНК, культура тканей *in vitro*, геномная изменчивость, межвидовой полиморфизм, *Rauwolfia*.

Введение. Ранее нами при изучении геномов интактных растений и культивируемых клеток некоторых видов рода *Rauwolfia* было показано, что отдельные фракции генома культивируемых клеток могут обнаруживать существенные отличия от таковых интактного растения [1, 2]. Наряду с этим в культуре *in vitro* методом рестриционного анализа были выявлены перестройки отдельных анонимных последовательностей ДНК. В целом, полученные ранее данные свидетельствуют о том, что изменения генома, индуцированные культивированием *in vitro*, затрагивают последовательности, которые подвергались также перестройкам в процессе видообразования в интактных растениях [3, 4].

Организация и последовательность генов рДНК охарактеризованы в достаточной мере у различных организмов. Рибосомные повторы, включающие транскрибируемую область, состоящую из последовательностей генов 18S, 5.8S и 25S рРНК и внутренних транскрибируемых спейсеров, а также нетранскрибируемый межгенный спейсер, благодаря высокой копияности, кластерной организации и наличию в их составе как консервативных, так и характеризующихся высокой степенью вари-

© И.О. АНДРЕЕВ, Е.В. СПИРИДОНОВА, В.Т. СОЛОВЬЯН, В.А. КУНАХ, 2004

бельности участков, представляют собой удобный объект для исследования геномной изменчивости [5].

В данной работе нами проведено изучение последовательностей генов 18S-25S рДНК в интактных растениях и культивируемых тканях некоторых видов рода *Rauwolfia*, что позволило оценить изменчивость данного участка генома в процессе видообразования в естественных условиях и в условиях культуры *in vitro*.

Материалы и методы

В работе были использованы 3-х летние растения *R. caffra*, *R. verticillata*, *R. canescens*, *R. vomitoria*, *R. chinensis* и *R. serpentina*, выращенные в теплице. Первичные каллусы *R. caffra*, *R. verticillata* и *R. serpentina* были получены и выращивались около 1,5 лет на среде 5С-1, разработанной для каллусных культур *R. serpentina* [6] и содержащей в нашем случае фитогормоны. История получения, характеристики и условия выращивания штаммов длительно культивируемых тканей *R. serpentina*, использованных в наших исследованиях, описаны в работах: линия А [7], штаммы К-20 и К-27 [8], штамм R-31 [9].

ДНК выделяли из молодых листьев растений и культивируемых тканей в середине пассажа по методу Rogers and Bendich [10]. Рестрикционный гидролиз ДНК проводили 16 час. согласно рекомендациям фирмы-производителя (MBI Fermentas, Lithuania). Продукты гидролиза фракционировали при помощи горизонтального электрофореза в 1% агарозе (Sigma, USA) в буфере 1xTAE при напряжении 2 В/см в течение 12 час. ДНК переносили на нейлоновую мембрану методом капиллярного переноса по Саузерну, используя буфер 10xSSPE [11].

В качестве зондов для блот-гибридизации были использованы 18S-25S рДНК пшеницы клон рТА71 [12] и его 3.6 т.п.н. BamHI фрагмент, содержащий участок транскрибируемой области (см. рис.4, в). Пробы метили α -[32 P]dCTP методом рассеянной затравки, гибридизацию проводили согласно рекомендациям [11].

Результаты и обсуждение

Для того, чтобы получить возможность оценки варибельности различных участков рДНК, нами было проведено физическое картирование 18S-25S рДНК *R. serpentina*. Путем гидролизом ДНК с использованием комбинаций эндонуклеаз рестрикции с последующей гибридизацией с полным рибосомным повтором пшеницы, а также его фрагментом, содержащим транскрибируемую область, было определено количество и относительное положение сайтов узнавания ферментов в последовательности рДНК интактного растения *R. serpentina*. На основании полученных результатов была построена карта сайтов узнавания BamHI, HindIII и EcoRI рестриктаз (Рис.1), которые были отобраны для проведения дальнейших исследований на основании частоты встречаемости и локализации сайтов рестрикции в рибосомном повторе.

На рис.2 приведены результаты блот-гибридизации ДНК интактных растений и культивируемых клеток некоторых видов рода *Rauwolfia*, гидролизованной EcoRI рестриктазой, с 3,6 т.п.н. фрагментом кодирующей части рДНК пшеницы. Полученные результаты демонстрируют наличие в рДНК всех исследованных видов, за исключением *R. vomitoria*, двух сайтов узнавания для EcoRI-рестриктазы, гидролиз которых

приводит к образованию двух фрагментов: консервативного - размером 3,6 т.п.н. и полиморфного, размер которого варьирует в диапазоне 4,5-5,5 т.п.н. Первый фрагмент включает в себя ВТС-1, 5,8S рДНК, ВТС-2 и часть 25S рРНК и имеет одинаковый размер у всех объектов. Вторым фрагмент, содержащий небольшую часть гена 25S рРНК, НТС и начало гена 18S рДНК, характеризуется межвидовой вариабельностью. Не выявлено отличий в размере данного фрагмента молодых каллусов и интактных растений видов *R. caffra*, *R. verticillata* и *R. serpentina*. Вместе с тем, его длина уменьшается в длительно пассируемом каллусе *R. serpentina*.

Помимо описанных фрагментов в некоторых образцах выявляется дополнительный высокомолекулярный фрагмент, представляющий собой полный повтор рДНК. Появление этого фрагмента связано с гидролизом лишь одного из сайтов узнавания в составе повтора. В интактном растении *R. vomitoria* обнаруживаются дополнительные фрагменты размером 3,2 т.п.н. и 0,4 т.п.н. Их появление, очевидно, связано с наличием в части рибосомных повторов дополнительного EcoRI-сайта, расположенного в 3,6 т.п.н. фрагменте.

Наряду с изменением размера рибосомного повтора в длительно культивируемых тканях *R. serpentina* было выявлено заметное снижение копийности 18S-25S рДНК. Приведенные на рис. 3 данные демонстрируют более высокую интенсивность гибридизационного сигнала ДНК ткани растения несмотря на почти 3-х кратное превышение ДНК каллусной ткани в пробе для электрофоретического фракционирования. Снижение копийности обнаружено в длительно пассируемых каллусных тканях *R. serpentina* линии А, штаммов К-20 и К-27.

В то же время, в суспензионном штамме R-31 количество рДНК было сравнимым с таковым в интактном растении (результаты не показаны).

На рисунке 4 представлены результаты гибридизации полного повтора рДНК пшеницы и его фрагмента, содержащего транскрибируемую область, с фракционированными продуктами BamHI-гидролиза ДНК интактных растений и культивируемых тканей видов *Rauwolfia*, демонстрирующие полиморфизм исследуемых генов. Во всех объектах выявляются два консервативных фрагмента размером 0,9 и 1,2 т.п.н., включающие участки повтора, расположенные между В1-В2 и В3-В4 сайтами (рис. 1), соответственно. Размер фрагмента, образующегося в результате расщепления В2-В3 сайтов, составляет 2,5 т.п.н. в растениях *R. vomitoria*, *R. verticillata* и культивируемых тканях *R. serpentina* (штамм R-31) и 2,6 т.п.н. во всех остальных объектах. В *R. vomitoria* также выявляются мажорные фрагменты размером 2,9 и 3,5 т.п.н., содержащие последовательности, гомологичные кодирующему региону рибосомного повтора. Помимо того, в области 3,8-5,2 т.п.н. на всех дорожках наблюдаются фрагменты, характеризующиеся значительной степенью вариабельности. Один из них образован в результате расщепления В4-В1 сайтов и включает в себя область НТС, причиной появления остальных может быть неполный гидролиз рДНК в сайтах В1, В2, В4. В интактных растениях *R. vomitoria*, *R. verticillata*, *R. serpentina* часть повторов расщепляется по сайту В5, расположенному в области НТС, с образованием фрагментов В4-В5 и В5-В1 длиной 2,7 и 1,2 т.п.н., соответственно. Фрагмент с размером в диапазоне 1,8-2,0 т.п.н., наблюдаемый у этих видов, очевидно, обуслов-

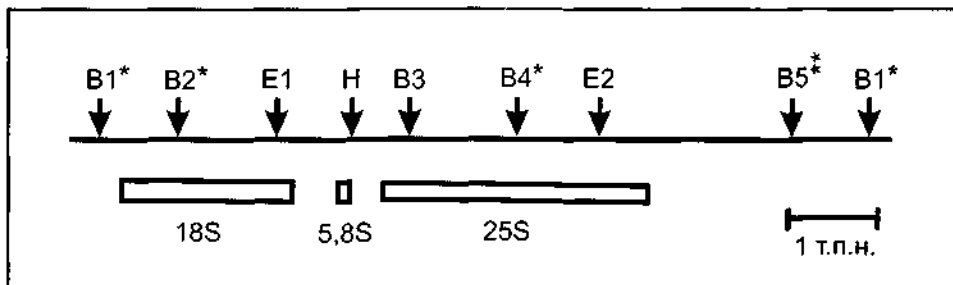


Рисунок 1. Схема локализации сайтов некоторых рестриктаз в последовательности рДНК *R. serpentina*. Условные обозначения рестриктаз: В - BamHI, Е - EcoRI, Н - HindIII. * - сайты, которые не подвергаются гидролизу в части рибосомных повторов возможно в результате модификации цитозиновых остатков в сайте узнавания рестриктазы

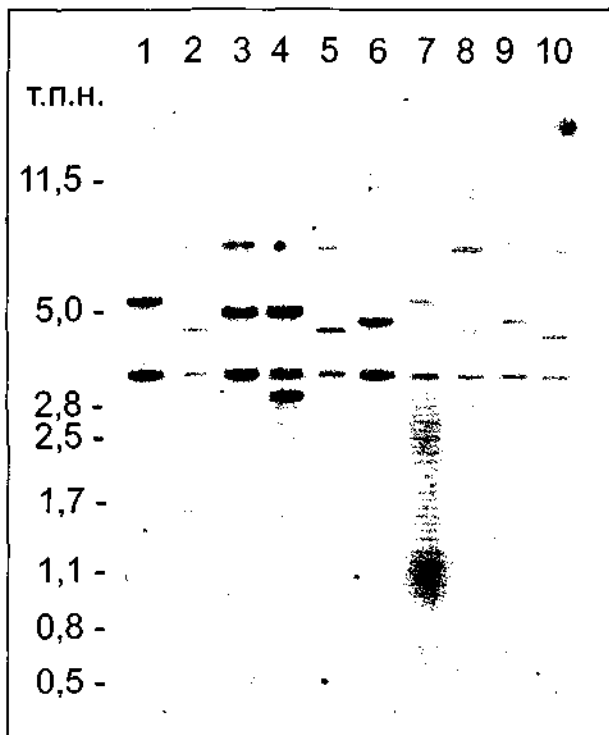


Рисунок 2. Межвидовая вариабельность и изменения в культуре *in vitro* 18S-25S рДНК у представителей рода *Rauwolfia*.

Блот-гибридизация ДНК интактных растений и культивируемых клеток, гидролизованных EcoRI рестриктазой с 3,6 т.п.н. BamHI фрагментом транскрибируемого участка рДНК пшеницы (рТА71). 1 - 6 - растения *R. caffra*, *R. verticillata*, *R. canescens*, *R. vomitoria*, *R. chinensis* и *R. serpentina*, соответственно; 7 - 9 - молодые каллусные культуры *R. caffra*, *R. verticillata* и *R. serpentina*, 10 - длительно пассируемая культура *R. serpentina* (штамм К-27).

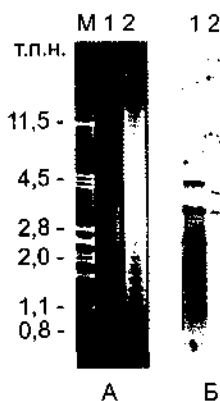


Рисунок 3. Изменение копийности рибосомных повторов в культивируемых тканях *R. serpentina*. Электрофореграмма (А) и блот-гибридизация (Б) ДНК интактного растения в количестве 7 мкг (1) и каллуса в количестве 20 мкг (2), гидролизованых *EcoRI* рестриктазой с рДНК пшеницы (рТА71). М - маркер молекулярных масс ДНК фага λ , гидролизованная *PstI* рестриктазой.

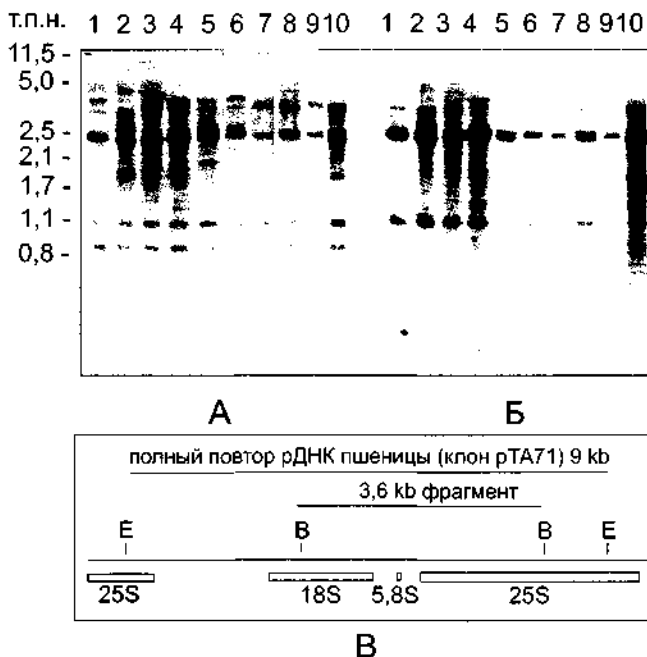


Рисунок 4. Межвидовая вариабельность и изменения в культуре *in vitro* различных участков 18S-25S рДНК у представителей рода *Rauwolfia*. Блот-гибридизация ДНК интактного растения и культивируемых клеток *R. serpentina*, гидролизованых *BamHI* рестриктазой с полным повтором (А) и 3,6 т.п.н. *BamHI*-фрагментом транскрибируемого участка рДНК пшеницы (Б). 1 - 4 - растения *R. caffra*, *R. vomitoria*, *R. verticillata* и *R. serpentina*, соответственно; 5, 6 - молодые каллусы *R. verticillata* и *R. serpentina*, 7-10 - длительно пассируемые культуры *R. serpentina* линия А, штаммы К-20, К-27 и Р-31, соответственно. В. Карта 18S-25S рДНК ржи клона рТА71 и 3,6 kb *BamHI* фрагмента, которые были использованы в качестве зондов для блот-гибридизации. Буквами В и Е обозначены сайты расщепления *BamHI* и *EcoRI* рестриктаз, соответственно.

лен неполным расщеплением сайта В1 и представляет собой фрагмент В5-В2. Неполный гидролиз некоторых BamHI-сайтов рДНК известен и для растений других видов [12, 13].

При анализе наборов фрагментов рДНК культивируемых тканей в молодых каллусах не обнаружено существенных отличий от интактных растений исходных видов. В то же время, в длительно культивируемых *in vitro* тканях *R. serpentina* разных штаммов по сравнению с интактным растением выявлено уменьшение длины фрагмента В4-В1, охватывающего область НТС. В линии А и штамме К-27 размер данного фрагмента составляет 3,4 т.п.н., а в штаммах К-27 и R-31 - 3,6 и 3,2 т.п.н. соответственно. Для сравнения, в интактном растении и молодом каллусе данный фрагмент имеет размер 3,9 т.п.н. На основании того, что в спектрах фрагментов длительно культивируемых культур отсутствует 2,7 т.п.н. фрагмент можно предположить, что в результате делеции, которая приводит к укорочению НТС, утрачивается участок, содержащий сайт В5. Кроме того, в суспензионной культуре R-31 отмечено уменьшение размера фрагмента В2-В3 приблизительно на 0,1 т.п.н.

Представленные данные демонстрируют варибельность повторов 18S-25S рДНК как у интактных растений различных видов рода *Rauwolfia*, так и в культуре *in vitro*. В составе повторов 18S-25S рДНК растений рода наиболее стабильными оказались 3'-участок транскрибируемой области и гена 18S рРНК, а также область охватывающая ВТС-1, 5,8S рДНК, ВТС-2 и 25S рДНК. Наибольшая варибельность обнаружена в области повтора, содержащей нетранскрибируемый межгенный спейсер (НТС). Этот участок варьирует в

значительной степени по размеру среди интактных растений разных видов от самого короткого у *R. verticillata* до наиболее длинного у *R. caffra*, а также по положению BamHI-сайта В5 в НТС, отсутствующего у *R. caffra*. Помимо того, выявлен полиморфизм в транскрибируемой области рибосомного повтора, а именно ее участка, входящего в состав В2-В3 фрагмента, а также варибельность по наличию дополнительного EcoRI-сайта, выявленного только в рДНК растения *R. vomitoria*. Логичнее всего было бы предположить, что уменьшение размера данного фрагмента в растениях *R. vomitoria* и *R. verticillata* связано с изменчивостью внутренних транскрибируемых спейсеров (ВТС-1 и ВТС-2). Однако, отсутствие полиморфизма 3,6 т.п.н. EcoRI-фрагментов, включающих эту область повтора, указывает на то, что варибельность В2-В3 фрагмента скорее всего обусловлена изменениями в участке 18S рДНК, расположенном между EcoRI и BamHI сайтами.

При анализе 18S-25S рДНК культивируемых тканей заметные отличия по наборам рестрикционных фрагментов от интактных растений исходных видов выявлены только в длительно культивируемых тканях *R. serpentina*. При этом выявленные изменения затрагивают те же участки, которые характеризуются межвидовым полиморфизмом. Участок НТС характеризуется варибельностью по размеру в различных каллусных штаммах, в одном из штаммов выявлено уменьшение размера В2-В3 фрагмента, содержащего часть транскрибируемой области повтора. Таким образом, представленные данные показывают, что нетранскрибируемый спейсер рибосомного повтора подвергается изменениям как в интактных растениях в процессе

видообразования, так и в условиях культивирования *in vitro*.

Наряду с ПДРФ рибосомных повторов в длительно культивируемых тканях *R. serpentina* обнаружено изменение количества 18S-25S рДНК. При этом, заметные изменения количества рибосомных генов выявлены лишь в каллусных культурах. В суспензионном штамме количество рДНК оказалось сравнимым с таковым в растении.

В данное время накоплен большой объем данных, свидетельствующих о том, что культивирование растительных тканей и клеток *in vitro* может индуцировать существенные изменения генома [14, 15, 16]. При анализе последовательностей 18S-25S рДНК длительно культивируемых тканей *R. serpentina* нами обнаружены отличия по сравнению с растением, а также между различными штаммами, происходящими от общей предковой линии культивируемых клеток.

Все длительно пассируемые штаммы культуры тканей *R. serpentina*, изученные в данной работе, получены из линии А путем селекции на различных питательных средах по признаку продуктивности и содержания алкалоидов. Таким образом, все они имеют общий исходный генотип, который подвергся различным изменениям в процессе культивирования *in vitro* в результате отбора и выращивания на различных средах, либо случайным образом. Вместе с тем, обнаруженные в культивируемых тканях изменения генов рДНК затрагивают те же участки гена, которые обнаруживают межвидовой полиморфизм. Это может свидетельствовать о том, что межвидовой полиморфизм рибосомных генов, являющийся результатом изменений в процессе видообразования, и их вариабельность, индуцированная

культивированием в условиях *in vitro*, во многом подобны. Тогда, вполне возможно, что условия *in vitro* лишь ускоряют темпы геномных перестроек, которые могут происходить в интактных растениях.

Работа была выполнена при частичной поддержке Государственного фонда фундаментальных исследований при Министерстве образования и науки (No. 05.07/00219). Авторы выражают благодарность к.б.н. ст.н.с. ИМБиг НАНУ Алхимовой Е. Г. за предоставленный клон рДНК пшеницы.

Список литературы

1. Соловьян В. Т., Попович В. А., Кунах В. А. Переустройство генома культивируемых клеток *Crepis capillaris* L. (Wallr.) // Генетика. - 1989. - Т. 25, N 10. - С. 1768-1775.
2. Соловьян В. Т., Кунах В. А., Вершинин А. В., Шумный В. К. Сравнение степени гомологии и количества повторяющихся последовательностей у интактного растения и культивируемых клеток раувольфии змеиной // Доклады АН СССР. - 1986. - Т. 287, N 4. - С. 998-1001.
3. Соловьян В. Т., Спиридонова Е. В., Кунах В. А. Геномные перестройки в культивируемых клетках *Rauwolfia serpentina*. I. Множественный характер геномных изменений // Генетика. - 1994а. - Т. 30, N 2. - С. 250-254.
4. Соловьян В. Т., Спиридонова Е. В., Кунах В. А. Геномные перестройки в культивируемых клетках *Rauwolfia serpentina*. II. Связь с межвидовой изменчивостью // Генетика. - 1994б. - Т. 30, N 3. - С. 399-401.
5. Куприянова Н. С. Консервативность и изменчивость рибосомной ДНК эукариот // Молекулярная биология. - Т. 34, N 5. - С. 753-765.
6. Воллосович А. Г., Пучинина Т. М., Николаева Л. А. Оптимизация состава макросолей для культуры тканей *Rauwolfia serpentina* Benth. // Растительные ресурсы. - 1979. - Т. 15, N 4. - С. 516-526.
7. Kunakh V. A., Alkhimova E. G. *Rauwolfia*

serpentina: *in vitro* culture and the production of ajmaline / In: Bajaj YPS (eds.) Biotechnology in agriculture and forestry, V7. Medicinal and aromatic plants II. - Berlin - Heidelberg - New York: Springer, 1989. - P. 398-416.

8. Кунах В. А., Можилевская Л. П., Алпатова Л. К., Губарь С. И. Устойчивость к 5-метилтриптофану и накопление алкалоидов в каллусной культуре раувольфии змеиной *Rauwolfia serpentina* Benth. *in vitro* // Биотехнология. - 2001. - 3. - С. 3-10.
9. Кунах В. А., Можилевская Л. П., Губарь С. И. Особенности получения и продуктивность суспензионных культур и клеточных клонов раувольфии змеиной *Rauwolfia serpentina* Benth. *in vitro* // Биотехнология. - 2001. - 4. - С. 9-21.
10. Rogers S. O., Bendich A. J. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh herbarium and mummified plant tissues // Plant Mol Biol. - 1985. - 5. - P. 69-76.
11. Маниатис Т., Фрич З., Сэмбрук Дж. Молекулярное клонирование. - М.: Мир, 1984. - 480 с.
12. Gerlach W. L., Bedbrook J. R. Cloning and characterization of ribosomal RNA genes from wheat and barley // Nucl Acids Res. - 1979. - 7. - P. 1869-1879.
13. Jorgensen R. A., Cuellar R. E., Thompson W. F., Kavanagh T. A. Structure and variation in ribosomal RNA genes of pea. Characterization of cloned rDNA repeat and chromosomal rDNA variants // Plant Mol Biol. - 1987. - 8. - P. 3-12.
14. Kaeppler S. M., Kaeppler H. F., Rhee Y. Epigenetic aspects of somaclonal variation in plants // Plant Mol Biol. - 2000. - 43. - P. 179-188
15. Phillips R. L., Kaeppler S. M., Olhoff P. Genetic instability of plant tissue cultures: Breakdown of normal controls // Proc Natl Acad Sci USA. - 1994. - 91. - P. 5222-5226.
16. Rani V., Raina S. N. Genetic fidelity of organized meristem-derived micropropagated plants: A critical reappraisal // In Vitro Cell Dev Biol. Plant - 2000. - 36. - P. 319-330.

Представлено М. В. Роїком
Надійшла 16.07.2004 р.

18S-25S рДНК ДЕЯКИХ ВИДІВ РОДУ *RAUWOLFIA*: МІЖВИДОВИЙ ПОЛІМОРФІЗМ І ПЕРЕБУДОВИ В КУЛЬТУРІ *IN VITRO*

И. О. Андреев, Е. В. Спиридонова, В. Т. Соловьян,
В. А. Кунах

Институт молекулярной биологии и генетики НАН
Украины,
Украина, Киев-143,
вул. Акад. Заболотного 150,
e-mail: i.o.andreev@imbg.org.ua

Виявлено варіабельність генів 18S-25S рРНК як в інтактних рослинах в природі, так і в культурі тканин *in vitro* деяких видів *Rauwolfia*. Побудована карта повтору 18S-25S рДНК *R. serpentina* за сайтами влізання HindIII, BamHI і EcoRI ендонуклеаз. Встановлено, що міжвидовий поліморфізм рДНК в природі і її варіабельність *in vitro* подібні між собою.

Ключові слова: гени 18S-25S рРНК, культура тканин *in vitro*, геномна мінливість, міжвидовий поліморфізм, *Rauwolfia*.

GENES OF 18S-25S RIBOSOMAL RNA IN *RAUWOLFIA* SPECIES: PARALLELISM BETWEEN TISSUE CULTURE-INDUCED REARRANGEMENTS AND INTERSPECIES POLYMORPHISM

I. O. Andreev, K. V. Spiridonova, V. T. Solovyan,
V. A. Kunakh

Institute of Molecular Biology and Genetics,
Nat. Acad. of Sci of Ukraine,
Ukraine, Kiev-143, Acad. Zabolotnogo str., 150,
e-mail: i.o.andreev@imbg.org.ua

The variability in 18S-25S sequence resulting in RFLP was shown both in intact plants of various *Rauwolfia* species and in long-term *R. serpentina* tissue cultures. A map of *R. serpentina* 18S-25S rDNA repeat unit was constructed using restriction endonucleases HindIII, BamHI and EcoRI. The results demonstrate that RFLP observed in intact plants as well as in long-term cultures is attributed to differences in the same regions of ribosomal RNA genes.

Key words: 18S-25S genes, cultures of tissue, genome variability, interspecies polymorphism, *Rauwolfia*.

УДК:378.147

РЕФОРМА ПІДГОТОВКИ ЛІКАРІВ З МЕДИЧНОЇ ГЕНЕТИКИ ТА ТЕРАТОЛОГІЇ - ШЛЯХ ДО ПОЛІПШЕННЯ МЕДИКО- ГЕНЕТИЧНОЇ СЛУЖБИ

І. Р. БАРИЛЯК, Г. В. СКИБАН

Науковий центр радіаційної медицини АМН України, Київ-50,
вул. Мельникова, 53, e-mail: baryliak@ukma.kiev.ua

Значні успіхи генетики і медичної генетики, зокрема, відкрили перспективу поліпшення медико-генетичної допомоги населенню. За останні роки створена система медико-генетичної служби в Україні, організовані лабораторії в науково-дослідних інститутах Міністерства охорони здоров'я та Академії медичних наук, прийнята Постанова Кабінету Міністрів (покищо не реалізована) про створення Інституту медичної генетики. Йде підготовка кваліфікованих кадрів лікарів - медичних генетиків.

Досягнення молекулярної біології і молекулярної генетики дали можливість іншим чином підійти до проблем діагностики, лікування і профілактики найбільш поширених вроджених вад розвитку та спадкової патології. Картовані гени, які зумовлюють ряд моногенних захворювань (напр., муковісцидозу, фенілкетонурії, нейро м'язових дистрофій тощо), розвивається пренатальна діагностика цих патологій, в тому числі і інвазивна з застосуванням молекулярно-генетичних технологій. На черзі впровадження доїмплантаційної діагностики, яка сьогодні дає можливість виявляти понад 40 мутацій в бластомерах чи полярних тільцях. Успішно розвивається цитогенетична і молекулярно-генетична діагностика непліддя (як жіночого, так і чоловічого), вже біля 2 тисяч дітей в Україні народилися завдяки допоміжним репродуктивним технологіям.

Сьогодні в більшості розвинених країн проводиться широкомасштабний неонатальний скринінг на більше, ніж 70 ферментопатій (порушення обміну амінокислот, органічних кислот, окислення жирних кислот, вроджені гіперплазії наднирників, гіпотиреоїдизм, галактоземія, дефекти гемоглобіну тощо).

В Україні, на жаль, на сьогодні налагоджений неонатальний скринінг лише фенілкетонурії (біля 93 %), і в рідких випадках - гіпотиреоїдозу.

Як підставова медико-біологічна дисципліна генетика сміливо вторгається в усі розділи медичної науки і практичної охорони

© І.Р. БАРИЛЯК, Г.В. СКИБАН, 2004

здоров'я. Для прикладу можна згадати, що моніторинг навколишнього середовища не можливий без оцінки мутагенного забруднення довкілля [1,2]. З метою оцінки кантамінації мутагенами повітря, води, ґрунтів все ширше використовують сучасні генетичні технології, зокрема генетично модифіковані рослини [3-5].

Наведені вище приклади наглядно демонструють необхідність широкої обізнаності сучасного лікаря (не залежно від його конкретного фаху) в проблемах генетики і тератології.

Проте, як показали соціологічні дослідження, проведені серед студентів медичних інститутів, направлені на оцінку знань з питань вродженої та спадкової патології, їх діагностики, механізмів розвитку, методів лікування та профілактики рівень знань залишається низьким [6]. І це не дивно. Адже в програмах підготовки лікарів медичній генетиці не надається належної уваги. Ні в одному медичному вузі (за винятком Харківського державного медичного університету, не існує самостійної кафедри медичної генетики. Як правило, деякі знання з цього предмету студенти отримують на кафедрі педіатрії в невеликому курсу, абсолютно недостатньому для вивчення цієї дисципліни.

Така низька обізнаність студентів та випускників медичних вузів викликає необхідність впровадження в педагогічний процес на кафедрах педіатрії питань профілактики і ранньої діагностики вроджених вад розвитку [7].

Не більше знань у студентів про мутагенну і тератогенну дію різних чинників навколишнього середовища, в тому числі і ліків. А це проблема надзвичайно актуальна, бо тератогенні сполуки постійно появляються на фармацевтичному ринку: напр., талі-

домід (контерган), який ще в 60-х роках минулого століття зумовив народження біля 10 тис. новонароджених з важкими вадами розвитку кінцівок. Цей препарат знову впроваджується, поскільки він є ефективним при лікуванні хворих лепрою, СНІДом, хорошим імуностимулятором. І появилися перші публікації про можливість повторення трагедії 50-тирічної давнини.

Серйозну проблему складає вроджений алкогольний синдром: біля 5 % дітей, що знаходяться в Будинках дитини мають ознаки цієї патології. Проте, як відомо, раннє втручання медиків і педагогів може знизити негативний вплив алкоголю на фізичний та розумовий розвиток дитини. Але в більшості випадків лікарі - педіатри, неонатологи не обізнані з методами генетичного огляду дитини, виявлення стигм (малих аномалій, дизморфій), що й приводить до гіпо-або невчасної діагностики такого захворювання, як алкогольний синдром плода.

В Наказі Міністерства охорони здоров'я України за № 221 від 18.06.2002 р. "Про затвердження та введення нового навчального плану підготовки фахівців за спеціальностями "лікарська справа", "педіатрія", "медико-профілактична справа" та в додатку до нього наводяться такі дані: на медичну генетику відводиться лише 54 години, в тому числі 4 (!) лекції та 10 практичних занять, ще 26 годин резервується для самостійної підготовки студентів, причому весь цей цикл розрахований на студентів 4-го курсу.

Важко собі представити, що за такий короткий час студент може оволодіти великим об'ємом сучасних знань з медичної генетики.

Саме тому ми вважаємо нагальною

необхідністю реформувати підготовку українських лікарів, звернувши особливу увагу на медичну генетику, поставивши її в такі ж умови, як усі підставові предмети (анатомія, гістологія, біохімія, фізіологія тощо).

На прикладі вродженої приглухуватості декілька років тому ми рекомендували наступний трьохетапний порядок підготовки лікаря - отоларинголога [8].

Перший етап (в програмі I курсу) - ознайомлення студента з основами антропогенетики, її методами та значенням для практичної медицини (в рамках курсу медичної біології).

Другий етап - на кафедрі медичної генетики і тератології (в програмі третього курсу) - вивчення загальних принципів медичної генетики, таких як:

- Основи медико-генетичної служби, медико-генетичне консультування;

- Діагностика вроджених вад розвитку та спадкової патології; диференціальна діагностика спадкових і набутих захворювань;

- Профілактика вроджених вад розвитку та спадкової патології;

- Основи онкогенетики;

- Основи імуногенетики;

- Основи екогенетики;

- Принципи лікування хворих з вродженими вадами розвитку і спадковою патологією;

- Мутагенез і тератогенез,

- Питання біоетики в генетиці і тератології, тощо.

Третій етап ставить перед собою завдання ознайомити студента зі спадковими захворюваннями різної локалізації (відповідно до кафедри, напр., отоларингологія, офтальмологія, дерматологія, психіатрія, урологія, гінекологія тощо).

Проте найважливіші знання про ге-

нетичні захворювання студент повинен отримати при проходженні курсу педіатрії і, зокрема, неонатології.

На сьогоднішньому етапі великою проблемою є відсутність сучасного підручника з медичної генетики і тератології. На нашу думку, необхідно негайно переглянути навчальні плани підготовки спеціалістів з врахуванням медичної генетики.

Значну допомогу в цьому плані можуть надавати OMNI- центри, організовані Українсько-американською програмою запобігання вродженим вадам розвитку під керівництвом професора В.Вертелецького [9], які надають доступ лікарям, студентам медичних вузів до роботи в Internetі з сучасною літературою та медичною періодикою. Крім того, учасники Програми за останній час опрацювали і опублікували ряд монографій, книжок з різних розділів медичної генетики і тератології. Важливим є те, що в рамках Програми виконується фотодокументація найцікавіших випадків з практики лікаря-генетика, яка використовується при телемедичних консультаціях.

Можливо, робота студентів в OMNI-центрах частково могла би враховуватися як самостійна робота студента.

Перелік літератури

1. Дуган А. М., Бариліак І. Р. Мутагенная активность взвешенных частиц атмосферного воздуха в индустриальных городах Украины // Цитология и генетика. - 1995. - 29, № 5. - С. 29-34.
2. Бариліак І. Р., Дуган О. М. Еколого-генетичні дослідження в Україні // Цитология і генетика. - 2002. - 36, № 5. - С. 60-65.
3. Kovalchuk O., Archipov A. Baryliak I. et al. / Plants experiencing chronic exposure for ionizing radiation exhibit higher of homologous recombination than acutely irradiated plants // Mut. Res. - 2000. - 449. - P. 47 - 56.

4. Федіняк А., Козуб Ю., Боднар Л., Лебединець Л., Баріляк І. Мутагенність питної води і можливі шляхи її утилізації // Вісник Львів. ун-ту, сер. Біол. - 2000. - вип. 26. - С. 75 - 83.
5. Ковальчук Л. Є., Кочерга З. Р., Стукал В.С. Стан і перспективи профілактики вроджених вад розвитку в Івано-Франківській області // Проблеми екологічної та медичної генетики і клінічної імунології, Київ-Луганськ, 2004 - вип. 7 (60). - С. 94 - 98.
6. Сінчук Н. І., Ющенко Л. О., Токарчук Н. І. Рівень обізнаності студенток вищих навчальних закладів - майбутніх матерів з питань профілактики вродженої і спадкової патології // Проблеми екологічної та медичної генетики і клінічної імунології, Київ-Луганськ, 2004. - вип. 7 (60). - С. 140 - 142.
7. Коржинський Ю. С., Марченко Т. З., Яцкевич І. І. та ін. Освітні програми з діагностики і запобігання вродженим вадам розвитку як складова педагогічного

процесу на факультеті післядипломної освіти. // Проблеми екологічної та медичної генетики і клінічної імунології, Київ-Луганськ, 2004. - вип. 7 (60). - С. 99 - 102.

8. Баріляк І. Р., Баріляк Ю. Р. Викладання спадкової патології у курсі отоларингології // Проблеми екологічної та медичної генетики і клінічної імунології, Київ-Луганськ, 1999. - вип. 6 (26). - С. 180-182.
9. Вертелецький В., Баріляк І., Лапченко С. Роль мережі інформаційно-ресурсних омні-центрів українсько-американської програми запобігання вродженим вадам розвитку у діагностиці, лікуванні і запобіганні вродженим вадам. // Проблеми екологічної та медичної генетики і клінічної імунології, Київ-Луганськ, 2004. - вип. 7 (60). - С. 58 - 62.

*Представлено Л. Л. Лукаш
Надійшла 20.06.2004 р.*

УДК: 159.922

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТИПИЧЕСКОЙ ОБУСЛОВЛЕННОСТИ ЧЕРТ ЛИЧНОСТИ

И. В. БАЗЫМА

Харьковский национальный университет им. В.Н. Каразина,
лаборатория популяционной генетики,
Украина, г. Харьков, пл. Свободы, 4

Исследовали межиндивидуальную вариабельность психологических признаков (личностных черт) как результат взаимодействия генотипических и средовых факторов. Индивидуально-типологические различия, представленные в "личностных профилях", рассматриваются в качестве предиспозиционных особенностей психики, выступающих в качестве минимальных диагностических признаков, отражающих генотипическую обусловленность аномалий характера, определяющих формы нарушения поведения, сопровождающих эндогенные заболевания.

Ключевые слова: личностные факторы, профиль личностный, предиспозиционные особенности психики, генотипическая обусловленность, минимальный диагностический признак, эндогенные заболевания.

Введение. Проблема соотношения наследственности и среды в психическом развитии человека остаётся актуальной, несмотря на то, что задачи психогенетики сформулированы Холлом более полувека назад [1]. Являются ли различные формы поведения и предпочтительные способы адаптации индивидуума наследственно детерминированными, обусловленными генотипом? Передаётся ли данный тип поведения из поколения в поколение и как определить число и природу генетических факторов? Решение этих вопросов требует совместных усилий специалистов в области психологии и генетики.

Известно, что на разных уровнях взаимодействия человека с миром "соотношение биологического и социального" выступает в различных формах. В психогенетике уже накоплен обширный фактический материал о влиянии генотипа на развитие психических функций: по многим признакам констатировано повышение внутриварного сходства с повышением уровня родства, т.е. количества общих генов. Посредствующим звеном между генотипом и психологическими характеристиками выступают физиологические особенности (свойст-

© И.В. БАЗЫМА, 2004

ва нервной системы) и, следовательно, генотипические особенности влияют на поведение, оказывая влияние на нейрофизиологические процессы. В рамках дифференциальной психофизиологии (Б. М. Теплов, В. Д. Небылицын и др.) "проблема соотношения генотипа и среды" приобрела характер изучения индивидуально-типологических различий. Исследовано соотношение генотипических и средовых факторов в формировании уровня силы нервной системы по отношению к возбуждению; выявлена генотипическая обусловленность сенсорных вызванных потенциалов, индивидуального темпа выполнения действий и двигательных способностей, сенсорного зрительного и слухового различения; наследственная детерминация произвольного внимания, индивидуальных особенностей памяти, параметров ЭЭГ покоя и др. [2]. Более того, установлена генетическая обусловленность параметров вербальных и невербальных тестов интеллекта, показателей экстраверсии-интроверсии и нейротизма (в том числе у полусиблингов), личностных особенностей [3, 4]; отмечен незначительный генетический контроль маскулинности-Фемининности [5] и агрессивности [6]. Имеются указания на то, что одни черты имеют большую наследуемость, чем другие, а корреляции между членами МЗ и ДЗ близнецовых пар по личностным чертам значительно ниже, чем по отдельным психическим функциям.

Среди личностных переменных только параметр экстраверсии-интроверсии и некоторые факторы, описывающие формально-динамическую сторону личности [7], явно зависят от генотипических влияний.

Значительное их сходство получено даже у разлученных МЗ [4]. Черты, отражающие социальный статус личности, т.е. социального генеза, демонстрируют меньшую зависимость от генотипических влияний, что указывает на сложность причинно-следственных зависимостей между гено- и фенотипом. Считают, что геномом кодируются только формальные параметры психического (проявление психических функций в поведении), а содержательная сторона психики не обусловлена генотипом, имеет социальное происхождение и передается исключительно по программе "социального наследования".

Индивидуальные особенности ВНД (сложные психические реакции) формируются в течение всей жизни индивида, в непрерывном взаимодействии генотипической основы и факторов внешней среды (в т. ч. социальных воздействий). Особую роль, следовательно, в формировании личностных и психопатологических признаков играет индивидуальная, "уникальная" среда, обеспечивающая их "культурно-историческое развитие". Ранее показано, что аномалии характера часто обусловлены действием пренатальных, натальных, ранних постнатальных вредностей и специфическими условиями воспитания [8]. Т.о, психологические характеристики "не закодированы в генетической программе в их конкретном выражении", а есть результат "траектории" развития, подчиняющегося закономерностям гено-средового взаимодействия" [3]. Классификация индивидуально-типологических различий в рамках психогенетики сводится к проблеме соотношения генотипических и парати-

пических факторов в формировании межиндивидуальной вариативности признаков и/или межиндивидуальной вариабельности психологических и психофизиологических функций, в типе и темпе их развития. Целью данной работы было изучение возможной генотипической обусловленности личностных черт (факторов).

Материалы и методы

Материал для исследования собран в 2000-2004 гг. в г. Харькове, половозрастная структура населения которого представлена информацией о 2 949 599 индивидах [9]. Всего было обследовано 1735 (657 мужчин и 1078 женщин) представителей харьковской популяции различной социальной принадлежности, материальной обеспеченности и образовательного уровня в возрасте от 16 до 67 лет. Изучена информация о 412 родственниках первой степени родства, составивших родственные пары: родитель-ребенок 376, мать-сын 56, мать-дочь 132, отец-сын 56, отец-дочь 132, сибс-сибс 78, брат-брат 8, сестра-сестра 34, брат-сестра 36, муж-жена 112 пар, и 1323 неродственников (контрольная группа). Пробанды (основная группа) на момент обследования являлись "условно здоровыми", т.е. не состояли на диспансерном учёте по поводу хронических соматических, психосоматических, психоневрологических и психических заболеваний.

Данные для генетического анализа получены путём сбора генеалогических сведений и индивидуального тестирования методом многофакторного исследования личности [7], позволяющего определить шестнадцать первичных личностных факторов (составляющих "профиль личности")

и получить информацию об особенностях интеллектуальной и эмоционально-волевой сферы личности, её коммуникативных свойствах и особенностях межличностного взаимодействия, и др. методов экспериментально-психологического исследования.

Результаты и обсуждение

Медико-генетическое консультирование призвано решать проблемы риска появления наследственных заболеваний, установления точного диагноза и определения типа наследования. *Liability*, или возможность реализации генотипа, зависит от совокупности факторов (генетических, эпигенетических) взаимодействия генома со средой. Это важно при изучении нормы реакции, т.е. всех возможных вариантов генотипа, или диапазона реакций при данном генотипе, влияющего на приспособленность индивида. Литературные данные указывают на то, что ряд эндогенных заболеваний (шизофрения, аффективные психозы: маниакально-депрессивные, шизоаффективные) часто либо дебютируют изменениями характера, либо исчерпываются изменениями характера, либо маскируются изменениями характера, сопровождающимися психопатоподобное поведение [8]. Специфические личностные особенности, аномалии характера наблюдаются при многих наследственно детерминированных заболеваниях [10]. Имеются генетически детерминированные фенотипически "сквозные" особенности психики (познавательных процессов, мыслительной и речевой деятельности) у пробандов и их родственников, отражающие особенности генетической

структуры этой группы индивидов, являющиеся predisposиционными (Поляков В.Н., 1978). Генетические факторы могут обуславливать аномалии характера и, по-видимому, определять форму нарушения поведения [11]. То, "личностные профили" могут служить минимальными диагностическими признаками при вероятностно-прогнозировании.

Методология медико-генетического консультирования предполагает различие менделирующих и неменделирующих заболеваний. В первом случае задача сводится к идентификации и вероятностной оценке у консультирующихся определенного дискретного генотипа, лежащего в основе заболевания. При мультифакториальных заболеваниях выделение специфических и дискретных патологических генотипов, невозможно. Генетический анализ неменделирующих признаков затруднён, т.к. один и тот же эффект может быть вызван разными генами и/или факторами среды. Проявлению фенотипа могут препятствовать эпистаз, неполная пенетрантность и переменная экспрессивность [10]. Это затрудняет изучение генетической обусловленности личностных черт и выдвигает необходимость выяснения, как наследственных, так и средовых причин формирования межиндивидуальной изменчивости по психологическим признакам. Т.к. генетический фон партнеров МЗ пар идентичен, то непенетрируемость гена вызвана либо средовыми факторами, либо взаимодействием среды и генотипа и активацией генома; дискордантность МЗ указывает на неполную пенетрантность или очень низкую экспрессивность гена. Близнецовые исследова-

ния, позволяющие изучать пенетрантность гена и её причины, имеют свои ограничения, т.к. не исключено влияние пренатальных и ранних постнатальных средовых воздействий на формирование индивидуальных различий и степень сходства как МЗ, так и ДЗ. Поэтому они должны быть дополнены сопоставлением с людьми других степеней родства и неродственников.

В своей предыдущей работе мы уже рассматривали ряд аспектов, связанных с генотипической обусловленностью некоторых черт личности, определяемых с помощью опросника 16-PF [12]. На основе генеалогических сведений о структуре браков родителей установлена степень гибридности обследуемых; индивиды различной гибридности отличаются по степени выраженности личностных черт. Исследование корреляций между родственниками и генетический анализ полигенных признаков проводился на основе семейных корреляций. "Фенотипическая вариация" признака связана с непрерывным варьированием степени его выраженности в популяции, указывает на величину межиндивидуальных различий по признаку, распределение генотипов в популяции и фенотипов в семьях. Были вычислены коэффициенты корреляции внутри указанных родственных пар, на основе которых проведено разложение общей фенотипической дисперсии на генетическую и средовую компоненты. Частотный анализ выявил, что наибольшая вероятность генотипической обусловленности во всех рассмотренных парах родственников отмечается по факторам "Н" и "М" ("робость-смелость" и "прагматизм-

аутизм", соответственно). В отношении других личностных факторов такой однозначной картины не наблюдается. Оценка выраженности черт личности в зависимости от пола показала, что достоверные различия между мужчинами и женщинами получены по шести личностным факторам: "B", "F", "L", "N", "Q", "Q1", т.е. мужчины и женщины отличаются по своим интеллектуальным особенностям ("B", "Q1"), коммуникативным свойствам и особенностям межличностного взаимодействия ("F", "L", "N").

Исследования генетической детерминации полигенных признаков часто ограничены сравнительным изучением близнецов, сибсов и сравнениями в парах "родитель-ребенок"; корреляции между супругами отсутствуют. Однако, влияние ассортативности браков является важным для оценки корреляций между родственниками, т.к. положительная брачная ассортативность по своим генетическим последствиям аналогична инбридингу. Разнополюе сравнения для группы "родитель-ребенок" ("мать-сын", "отец-дочь") представляют интерес с т.з. установления "материнского эффекта" и возможного эффекта X-хромосомы. В случаях, когда корреляция "мать-дети" существенно выше, чем корреляция "отец-дети" дифференциация идёт между влиянием цитоплазматических факторов, формирующих вариабельность признака и общностью внутрисемейных средовых факторов. При этом ожидается, что коэффициент наследуемости в группе "отец-сын" будет наименьшим среди всех других корреляций "родитель-дети". Анализ полученных данных показал, что значения фактора "L" ("соревнователь-

ность") для группы "родитель-ребенок" имеют более высокую степень сходства в однополых парах ("отец-сын" и "мать-дочь"), а "профиль личности" в парах "отец-сын" и "отец-дочь" более схожи, чем в парах "мать-сын" и "мать-дочь".

Выводы:

1. Имеются методические и методологические трудности изучения личностных черт как объекта генетического исследования, т.к. по своим психологическим механизмам фенотипически идентичные признаки могут быть разными генотипически.

2. Существует генотипическая обусловленность некоторых личностных черт

3. Предположительно, тип контроля личностных черт носит полигенный характер.

Список литературы

1. Холл К. С. Генетика поведения. - / Экспериментальная психология. М.: Мир., 1960. - С. 153.
2. Проблемы генетической психофизиологии человека / Под ред. Ломова Б. Ф., Равич-Щербо И. В. М.: Наука, 1978. - 264 с.
3. Психогенетика / Под ред. Равич-Щербо И. В. с соавт. - М. - 2000. - 477 с.
4. Cattell R. B. Methodological and conceptual advances in evaluating hereditary and environmental influences and their interaction. - In: Methods and goals in human behavior genetics. N.Y. - 1965. - С. 44.
5. Кочарян А. С., Атраментова Л. А., Родина С. А. Генетические аспекты маскулинности и фемининности / Актуальные проблемы современной психологии. Харьков, ХГУ. - 1993. - С. 347-349.
6. Шустикова М. В., Атраментова Л. А., Кочарян А. С. Генетический анализ агрессивности у человека / Актуальные проблемы современной психологии. Харьков, ХГУ. - 1993. - С. 368-369.
7. Cattell R. B., Eber H. W., Tatsuoaka M. M.

Handbook for the 16 personality factor questionnaire. Champaign, IL: IPAT. - 1970. - 243 p.

8. Личко А. Е. Психопатии и акцентуации характера у подростков. - Л.: Медицина, 1983. - 256 с.
9. Склад населення України за статтю та віком. - Київ, 2000. - 416 с.
10. Наследственные синдромы и медико-генетическое консультирование: Справочник / Козлова С. И. с соавт. - Л.: Медицина, 1987. - 320 с.
11. Алтухов Ю. П., Шереметьева В. А., Рычков Ю. Г. Гетерозис как причина акселерации у человека / Доклады АН. - М. - 2000. - 370, № 1. - С. 130-133.
12. Базыма И. В. К вопросу о наследовании некоторых черт личности / Biomedical and Biosocial Anthropology. - 2004. - С. 2-3.

Представлено І. Р. Баріляком
Надійшла 20.06.2004 р.

ДОСЛІДЖЕННЯ ГЕНОТИПОВОЇ ЗУМОВЛЕННОСТІ РИС ОСОБИСТОСТІ

І. В. Базыма

Харківський національний університет
ім. В. Каразіна,
лабораторія популяційної генетики,
Україна, Харків, пл. Свободи, 4,
тел. 8 (057) 707-54-52,
e-mail: bazymairina@ukr.net

Досліджувалась притаманна індивідам варіативність психологічних ознак (риси особистості), яка є результатом взаємодії geno-

типових чинників та середовища. індивідуально-типові відзнаки, що зумовлюють "особистісні профілі", розглядаються як такі, що відображують генотипові зумовленості характерологічних та поведінкових порушень, супроводжуваних ендегенні захворювання. "Особистісні профілі" надані як мінімальні діагностичні ознаки (пredisпозиції) ймовірного прогнозування.

Ключові слова: особистісні профілі, генотипові зумовленості, індивідуально-типові відзнаки, ендегенні захворювання, характерологічні особливості

RESEARCH THE GENOTYPIC CONDITIONALITY OF THE PERSONALITY FACTOR

I. V. Bazyma

Kharkov National University,
Laboratory of Population Genetics,
Ukraine, Kharkov, Svoboda sq., 4,
e-mail: bazymairina@ukr.net

This article considers the social-psychological characteristics of female populations of Kharkov and investigation genotypic variability aspects of the personality factor in human behavior. The correlation of the age of manifestation of cancer in parent-offspring pairs (father-son, mother-son and father-daughter, mother-daughter) and possible mechanisms of the psychosomatic interrelations are discussed. The 16 personality factor is the best prognostic parameter is the mental health.

Key words: genotypic variability, prognostic parameter, personality factor, mental health

УДК 636.2.082.2

ІМУНОГЕНЕТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА МАСИВІВ ЧЕРВОНИХ ПОРІД ЦЕНТРАЛЬНОГО СТЕПУ УКРАЇНИ

А. Д. ГЕККІЄВ, М. В. КОЗЛОВСЬКА¹

ДДГ "Червоний Шахтар" Інституту тваринництва центральних районів УААН
Дніпропетровська обл., Криворізький р-н, с. Вільне

¹Інститут тваринництва центральних районів УААН,
м. Дніпропетровськ, вул. Комсомольська, 52а,
E-mail: itcr@privat-online.net, тел. 8-056-744-4580

Проаналізовано матеріали імуногенетичного моніторингу чистопорідних стад червоної степової худоби, а також биків-плідників і корів різних порідних структур, що використовувалися впродовж останніх десятиліть в процесі виведення зонального типу червоної молочної породи в регіоні центрального степу України.

Ключові слова: імуногенетичний моніторинг, генофондні стада, центральний тип червоної молочної породи

Вступ. Зростання генетичного навантаження на регіональні популяції сільськогосподарських тварин при інтенсивному використанні порід сучасної (західно-європейської та північно-американської) селекції в Україні обумовило потребу моніторингу показників міжпородної диференціації в динаміці селекційного процесу, а за його наслідками - й удосконалення методологічної бази, яка визначає перетворення первинних генофондів. Відповідно до Закону України "Про племінну справу у тваринництві", імуногенетичний контроль розглянуто як необхідний елемент ідентифікації племінних тварин. На всіх етапах породотворення невід'ємним елементом селекційного процесу повинний виступати моніторинг алелів та антигенних факторів відповідно до генотипових та генеалогічних структур, як обґрунтування суттєвих критеріїв оцінки, відбору і підбору [1-3].

Накопичений на Дніпропетровщині за останні 25 років значний масив інформації з імуногенетичного тестування червоних порід молочної худоби - бугаїв-плідників, використаних в парувальній мережі регіону, а також поголів'я 6 основних племінних стад різних порід, вперше був цілісно осмислений нами лише в процесі розробки об'єктивних критеріїв при створенні генофондних стад червоної степової породи, а також виведенні центрального типу червоної молочної породи [4].

Матеріали і методи

Визначення груп крові піддослідних тварин проводили в лабораторії імуногенетики (м. Бровари) Республіканського обласного племпідприємства з використанням стандартних моно специфічних реагентів.

З метою одержання наочного уявлення про особливості генофонду за еритроцитарними антигенами різних порід худоби будували імуногенетичні профілі за методикою А.С. Серебровського (1928) [6] - графічні зображення антигенної структури на полігонах розподілу, вісь абсцис яких (зовнішнє коло) відповідає набору антигенів, а вісі ординат - відповідним частотам антигенів. В залежності від рівня взаємодії між спадковими генетичними системами та біологічно-адаптивними можливостями, на них відбиваються зрушення частот по антигенних факторах. Ці процеси проаналізовані нами за породними мікропопуляціями (рис. 1), використаними в руслі методології біоіндикаторів [7]. При порівняльній оцінці генофондів різних порід худоби проводили аналіз на антигенному рівні, що за методологією Б.Є. Подоби [5] особливо доцільно для порід, що є досить генетично віддаленими, оскільки подібний аналіз на аельному рівні в багатьох випадках ускладнюється через високу породоспецифічність алелондів системи EAB

$$CD = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^m (p_i - q_i)^2}{\sum_{i=1}^m (p_i + q_i)}}, \quad (3.1.4.1),$$

де CD - коефіцієнт дивергенції, p_i та q_i - частоти i -го фактору в популяціях, що порівнюються, m -

кількість факторів, за якими проводиться порівняння.

Результати та обговорення

Залежно від рівня взаємодії між спадковими генетичними системами та біологічно-адаптивними можливостями, відзначається зрушення частот по антигенних факторах. Ці процеси проаналізовані по масивах, згрупованих як за породними мікро популяціями, так й за статевою належністю (табл. 1).

Діаграма по масиву плідників червоної степової породи пропорційно відбиває співвідношення, характерні й для масиву корів племзаводу "Червоний шахтар", що свідчить про подібність всього стада та биковідтворної групи. Масиви англєрської худоби (корови племрепродуктору імпортованого поголів'я та одержані від них бугайці і плідники) мають дещо більшу специфічність. По факторах P, Y, L, M, S, Z перевага відзначається за коровами, а за фактором Y - по бугаях, одержаних від інтенсивно використовуваних німецьких плідників-поліпшувачів (Курган 21069, Зоро 19918, Кур 21634).

У центральному заводському типові нової української червоної молочної породи збережені частоти антигенних факторів в системах Z, J, L, M і S, які характерні для вихідної червоної степової породи і більшою мірою пов'язані з адаптивністю тварин. В той же час відбулося звуження генофонду по більшості чинників, внаслідок чого можливе зниження загальної резистентності організму і успадкованої норми реакції на умови експлуатації. Істотне розширення спостерігається лише по частотах "E" і "Y", які властиві

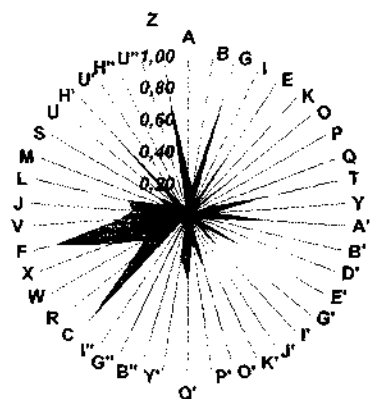
Таблиця 1. Частота еритроцитарних антигенів у бугаїв та корів червоних порід на Дніпропетровщині

Фактори	Бугаї		Корови		Δg (ЧС - АН)	
	ЧС чп	АН ЧП	ЧС чп	АН чп	Бугаї	Корови
	n=270	n=70	n=374	n=142		
A	0,23	0,24	0,25	0,5	-0,01	-0,25
Z	0,69	0,46	0,74	0,7	0,23	0,04
B	0,15	0,5	0,2	0,68	-0,35	-0,48
G	0,67	0,33	0,71	0,28	0,34	0,43
I	0,08	0,04	0,07	0,05	-0,01	0,02
K	0,04	0,07	0,07	0,1	-0,03	-0,03
O	0,32	0,29	0,33	0,27	0,03	0,06
P	0,03	0,13	0,01	0,24	-0,1	-0,23
Q	0,12	0,1	0,11	0,07	0,02	0,04
T	0,4	0,07	0,49	0,08	0,33	0,41
Y	0,15	0,11	0,16	0,26	0,04	-0,1
A'	0,47	0,2	0,44	0,25	0,27	0,19
B'	0,12	0,07	0,11	0,02	0,05	0,09
D'	0,03	0,06	0,05	0,1	-0,03	-0,05
E'	0,38	0,27	0,37	0,32	0,11	0,05
G'	0,11	0,2	0,12	0,27	-0,09	-0,15
I'	0,28	0,11	0,26	0,08	0,17	0,18
J'	0,02	0,04	0,01	0,03	-0,02	-0,02
K'	0,04	0,04	0,03	0	0	0,03
O'	0,29	0,27	0,39	0,32	0,02	0,07
P'	0,16	0,31	0,18	0,37	-0,15	-0,19
Q'	0,27	0,26	0,51	0,53	0,01	-0,02
Y'	0,34	0,49	0,23	0,33	-0,15	-0,1
C	0,84	0,69	0,92	0,7	0,15	0,22
E	0,36	0,3	0,45	0,2	0,06	0,25
R	0,34	0,5	0,52	0,57	-0,16	-0,05
W	0,31	0,19	0,33	0,26	0,12	0,07
X	0,48	0,56	0,55	0,73	-0,08	-0,18
F	0,84	0,87	0,89	0,99	-0,03	-0,1
V	0,37	0,11	0,47	0,12	0,26	0,35
J	0,22	0,16	0,45	0,33	0,06	0,12
L	0,42	0,29	0,38	0,46	0,13	-0,08
M	0,06	0,17	0,22	0,22	-0,11	0
S	0,19	0,07	0,24	0,28	0,12	-0,04
U	0,06	0,07	0,09	0,08	-0,01	0,01
H'	0,57	0,6	0,62	0,54	-0,03	0,08
U'	0,04	0,2	0,1	0,23	-0,16	-0,13
B''	0,01	0,03	0,03	0,02	-0,02	0,01
I''	0	0	0	0	0	0
G''	0,27	0,19	0,39	0,21	0,08	0,18
H''	0,03	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01
U''	0,01	0	0,01	0,03	0,01	-0,02
N(U)*	15,08	15,46	15,46	15,46	-	-

* N(U) - коефіцієнт ентропії

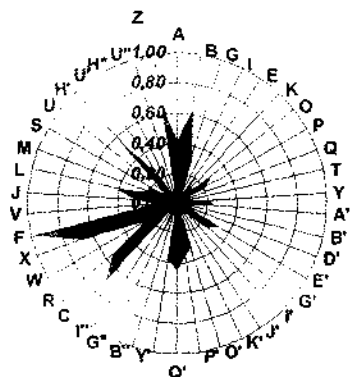
Червона степова ч/п

♂♂



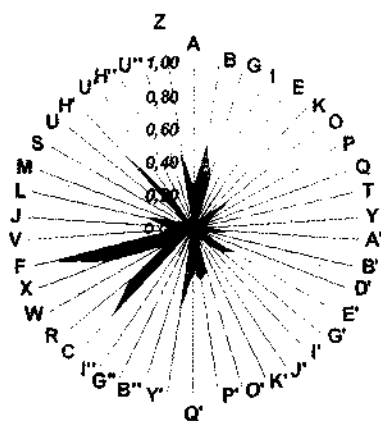
Англєрська в цілому

♀♂



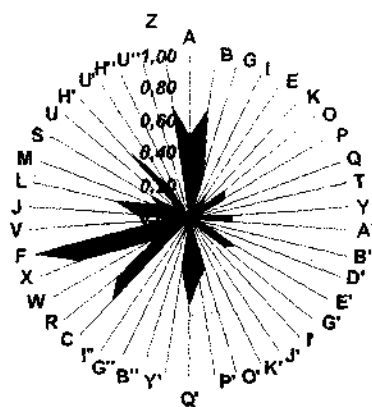
Англєрська

♂♂



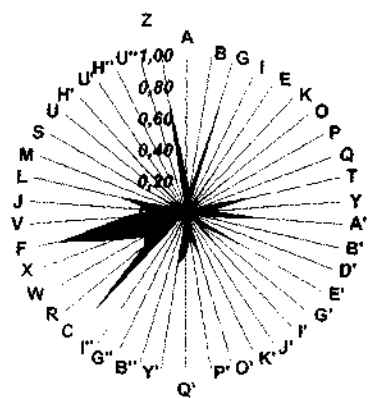
Англєрська

♀♀



Червона степова ч/п

♂♂



Червона степова ч/п

♀♀

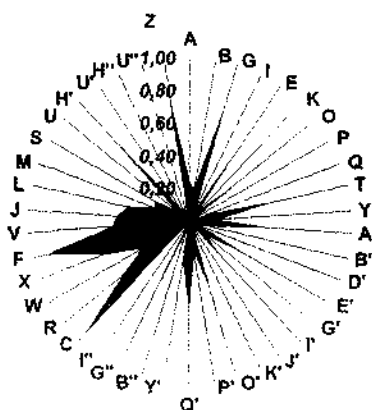
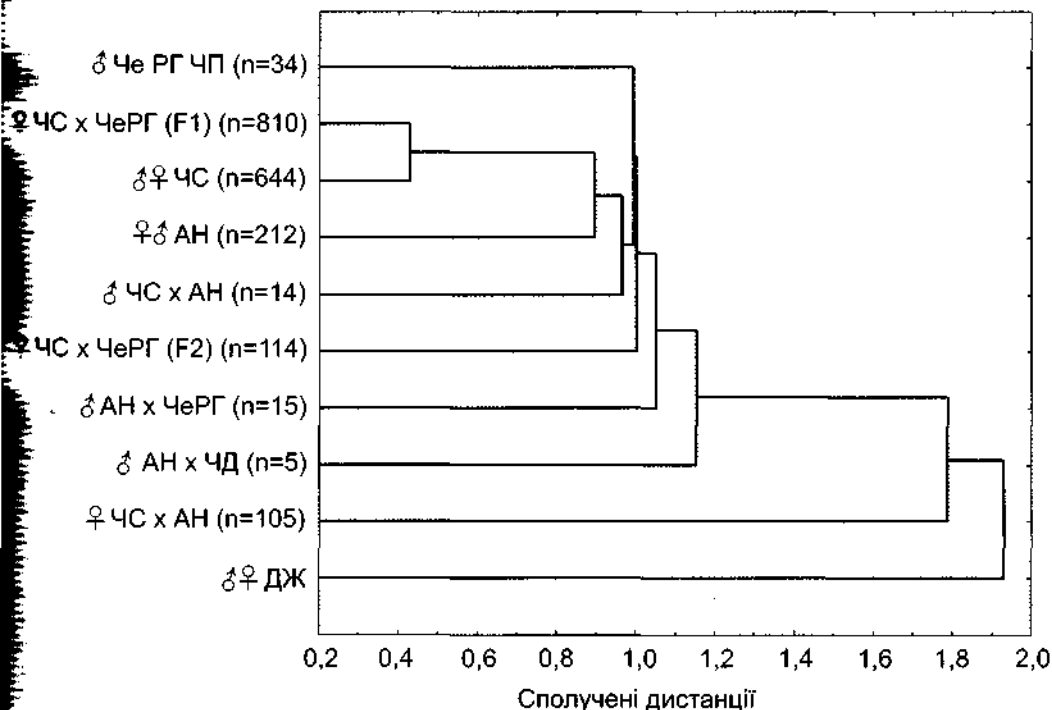


Рисунок 1. Імуногенетичні профілі мікропопуляцій червоної степової та англєрської порід



Умовні позначення порід

ЧеРГ	Червоно-ряба голштинська
ЧС	Червона степова
АН	Англєрська
ЧД	Червона датська
ДЖ	Джерсійська

Рисунк 2. Порівняння порід за Евклідовою відстанню по антигенних факторах

для використаних в схрещуванні щедромолочних порід [6, 7].

Оцінку ступенів генетичної спорідненості чи диференціації досліджуваних груп тварин проводили шляхом побудови дендрограми методом згладженої парногрупової кластеризації в програмних засобах Statistica 6.0 (рис. 2) за показником ентропії.

Найбільш генетично близькими до червоної степової породи виявилися помісі ЧС x ЧеРГ F1. Помісі F2 мали

високий рівень подібності як до чистопородних бугаїв червоно-рябої голштинської породи, майже на рівні бугаїв-помісів АН x Г (які в основному належать до німецького кореня), дещо більш віддалені виявилися плідники АН x ЧД. По маточному поголів'ю ЧС x АН відзначається суттєва відокремленість від усіх інших породних варіантів, в т.ч. й плідників такого ж поєднання - але одержаних від корів-рекордисток. Привертає увагу їх наб-

лиженість до чистопорідних імпортованих з Данії тварин джерсейської породи [7]. Вони були включені до наших досліджень з урахуванням значного впливу на масив англєрської худоби в Німеччині.

Вперше встановлено регіональні особливості розподілу при успадкуванні окремих маркерів генеалогічних структур. Від 18 родоначальників та лїдерів споріднених угруповань червоної степової породи з найбільшою частотою (60-100%) їх нащадкам передавалися алелі: Bl , $GA'E$, $GOTE$, GO , $G_1OTE_2K'O$, GA , $GTV'P$, $QYE'G'O'G''$, OTI , $PQYA'B$, $B_2YG'IY'Q'G''$. У англєрських плїдників найчастіше зустрічалися такі алелі: b , BO , $BOQP$, $B_2G_1KE'G'O'G''$, $B_2G_1YP'Q$, $B_2P'Q'Y'D'G'Q'B''$, $BPYG'P'Y$, YG , Y' .

Створені популяції мають дуже складну генеалогічну структуру. Якщо раніше регіональні породні типи об'єднували 4-5 ліній, то масив центрального типу червоної молочної худоби - більше 30. Визначені маркери можуть бути використані як маркери при збереженні особливостей генофондного стада, так і з метою генеалогічної структуризації новостворюваних породних масивів, шляхом спрямованої праці на отримання гомозиготних бугаїв-плїдників.

Таким чином, на підставі міжпородних показників коефіцієнтів генетичної дистанції, обчислених за частотами еритроцитарних антигенів, виявлені достатні рівні диференційованості проаналізованих масивів. Це свідчить про перспективність відбору плембугаїв власної селекції при подальшому розвитку генофондних стад та можливості використання англєрів та червоно-рябих голштинів власної

репродукції для удосконалення української червоної молочної породи. Визначена в ряді поколінь специфічність генофонду мікропопуляції червоних порід в регіоні надає можливість свідомо керувати їх подальшим розвитком, відпрацьовуючи за результатами моніторингових досліджень методологію біоіндикаторів, як об'єктивних критеріїв породотвірних процесів.

Перелїк літератури

1. Генеалогічна структура і сучасний генофонд жирномолочного типу червоної молочної породи / І. Салїй, О. Мокєєв, Т. Пїдпала, Н. Кононенко, Л. Пилипенко, В. Назаренко // Тваринництво України: - 2000. - № 5,6. - С. 13-15.
2. Генетичний монїторинг при консолїдації порід молочної худоби / М. Я. Єфїменко, Б. Є. Подоба, В. І. Антоненко, В.В. Дзїцок // Розведення і генетика тварин. - 1999. Вип. 31-32. - К., 1999. - С. 75-77.
3. Петренко І. П., Зубець М. В., Вїннїчук Д. Т., Петренко А. П. Генетико-популяційні процеси при розведенні тварин. - К.: Аграрна наука, 1997. - 479 с.
4. Козловська М. В. Селекція за господарсько-біологічними та генетичними особливостями в породотворчому процесі / Сучасні проблеми тваринництва. - Днїпропетровськ, 2002. - С. 9-14.
5. Серебровський А. С. Селекція животної та рослинної. - М.: Колос, 1969. - 295 с.
6. Глазко В. И., Глазко Г. В. Русско-англо-український толковий словарь по прикладной генетике, ДНК-технологии и биоинформатике. - К.: КВЦ, 2001. - С. 56.
7. Подоба Б. Є., Дїдик М. В., Грінченко О. М. Імуногенетична оцїнка заводських стад великої рогатої худоби // Розведення та штучне осїменіння великої рогатої худоби. - К.: Урожай, 1992. - Вип. 24. - С. 52-54.
8. Генетико-селекційний монїторинг у молочному скотарстві / М. В.Зубець, В. П. Буркат, М. Я. Єфїменко та ін.; за ред. В. П. Бурката. - К.: Аграрна наука, 1999. - 88 с.
9. Мовчан Т. В. Недава В. Е. Імуногене-

тическая характеристика стада джерсейского скота совхоза "Научный" // Тезисы докладов областной конференции молодых ученых. - Днепропетровск, 1984. - 166 с.

*Представлено В. П. Буркатом
Надійшла 16.06.2004 р.*

**ИМУНОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА
МАССИВОВ КРАСНЫХ ПОРОД
ЦЕНТРАЛЬНОЙ СТЕПИ УКРАИНЫ**

А. Д. Геккиев, М. В. Козловска¹

**ДДГ "Красный Шахтер" Института
животноводства центральных районов УААН
Днепропетровская обл., Криворожский р-н,
с. Вольное
¹Институт животноводства центральных
районов УААН,
г. Днепропетровск, ул. Комсомольская, 52а,
e-mail: itcr@privat-online.net,
тел. 8-056-744-4580**

Проанализированы материалы иммуногенетического мониторинга чистопородных стад красного степного скота, а также быков-производителей и коров различных породных структур, использовавшихся на протяже-

нии последних десятилетий в процессе выведения зонального типа красной молочной породы в регионе центральной степи Украины.

Ключевые слова: иммуногенетический мониторинг, генфондные стада, центральный тип красной молочной породы

**IMMUNOGENETIC'S DESCRIPTION OF
ARRAYS OF RED BREEDS OF CENTRAL
STEPPE OF UKRAINE**

A. D. Gekkyev, M. V. Kozlovskaja¹

**DDG "Chervonij Shahtar" of the Institute of
Livestock Breeding
Dnepropetrovsk city, Krivorizskij d., s. Vilne
¹Institute of Livestock Breeding UAAS,
Dnepropetrovsk city, Komsomolskaya, 52a,
e-mail: itcr@privat-online.net,
tel.: 8-056-744-4580**

Materials of the immunogenetic's monitoring of pure breeds herds of red steppe cattle are analysed, and also sires and cows of different breeds used during the last decades in the process of breeding of type of red milk breed in region of the central steppe of Ukraine.

Keywords: immunogenetic's monitoring, genofond herds, central type of the red milk breed

УДК 576:616.89-008.441.3

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ НАРКОЗАВИСИМОСТИ У НАСЕЛЕНИЯ ИЗРАИЛЯ

И. Я. ГУРЕВИЧ, Л. А. АТРАМЕНТОВА¹

Отделение медицинской генетики, Больница Западной Галилеи, Нагария, Израиль

¹Харьковский национальный университет им. В. Н. Каразина
Украина, Харьков, пл. Свободы, 4

У 83-86% наркоманов (арабов и евреев) оба родителя здоровы, у 13-16% наркоманией поражён отец, в 1-1,5% семьях наркоманией страдает мать. Сегрегационные частоты в семьях евреев 0,13 и 0,21, в семьях арабов 0,08. В контрольной группе расстройства личности чаще обнаруживались у арабов (4-10%) по сравнению с евреями (2-3%). В группе наркоманов обладателями таких признаков чаще были евреи (13-28%) по сравнению с арабами (5-22%). Коэффициент инбридинга F в контрольной и основной группе арабов (0,0157 и 0,0149) выше, чем у контрольной и основной группы евреев (0,0014 и 0,0022).

Ключевые слова: опийная наркомания, сегрегационный анализ, инбридинг

Введение. Мониторинг наркомании в настоящее время проводится во всех развитых странах. Наличие генетического компонента в формировании наркотической зависимости доказано генеалогическим и близнецовым методами, при анализе приёмных детей, а также на животных моделях. [1-4]. На распространённость наркомании влияют социальные, этнические и культурные факторы [5,6]. Показано, что, если потребление наркотических веществ в значительной степени определяется обычаями, то реакция на них организма, скорость, с которой формируется зависимость, - генотипом. Обнаружены генные локусы, ассоциированные с наркоманией [7,8], при этом сопряжённость молекулярных маркеров с подверженностью наркомании оказалась неодинаковой в разных этнических группах [9]. Наркоманию относят к мультифакториальным или сложно наследуемым, заболеваниям. Их генетическая основа различна и может изменяться в результате популяционно-генетических преобразований. В настоящее время человеческие популяции переживают период интенсивной динамики, связанной в основном с миграцией. Это справедливо и для Израиля. Население этой страны этнически неоднородно, большинство из них евреи - потомки выходцев

© И.Я. ГУРЕВИЧ, Л.А. АТРАМЕНТОВА, 2004

из разных стран, есть и вновь прибывающие. Наследственная информация, приносимая с каждой волной репатриации, изменяет генофонд населения, а тип брачной структуры формирует генотипическое разнообразие. В странах Северной Африки, Среднего и Ближнего Востока евреи в течение многих веков жили в небольших изолированных общинах с той или иной степенью инбридинга. В США, России, Европе, в странах Латинской Америки единичная изолированность евреев была менее выраженной [10-12]. Мигранты приносят не только свои гены, но и традиции, в том числе и отношение к наркотикам. Всё сказанное определило цель работы - провести генетическое исследование наркомании среди населения Израиля с учётом его этнической гетерогенности.

Материалы и методы

Сбор материала проведен методом единичной регистрации по мере поступления пациентов в медицинские учреждения Израиля. Диагностика наркомании осуществлялась в соответствии с критериями DSM-IV [13]. Проведено обследование 337 мужчин с опиоидной зависимостью (196 евреев и 141 араб). Эти лица составили основную группу. Группа социального контроля (44 еврея и 47 арабов) составлена случайным образом. В неё вошли мужчины, никогда не употреблявшие наркотические вещества, либо те, у кого не выработалась зависимость при эпизодическом употреблении "лёгких" наркотиков. Учитывали случаи наркомании у родителей и сибсов пробандов. Сегрегационный анализ генеалогических данных проведен методом

Вайнберга [14]. Проверка статистических гипотез проведена с помощью критериев t , F и χ^2 [15].

Результаты и обсуждение

Проживающие в Израиле евреи и арабы представляют собой репродуктивно изолированные группы, что делает необходимым исследовать их независимо. В официальной статистической информации Израиля отсутствуют данные по наркомании в различных этнических группах. Для выяснения того, в какой мере этническая принадлежность является фактором риска по наркомании, использовали данные о национальном составе населения Израиля, 81% которого составляют евреи и 19% арабы. Среди лиц, имеющих отношение к наркотикам, арабы (в перерасчёте на их удельный вес в населении) встречаются в четыре раза чаще, чем евреи, а в группе с опиоидной зависимостью - в два с половиной раза. Пониженный социальный уровень наркоманов - факт широко известный. В изученной группе у лиц с опиоидной зависимостью ниже образовательный уровень, евреи наркоманы чаще не имеют специальности, не призывались в армию, при этом уровень образования у них выше, чем у арабов. Процент лиц, расторгнувших брак, среди наркоманов-евреев (31,2%) выше, чем наркоманов-арабов (19,7%), что свидетельствует о более терпимом отношении к наркомании арабских (мусульманских) семей по сравнению с еврейскими.

Наркомания встречается в нескольких поколениях у большого числа родственников (семейное накоп-

ление). У 83% наркоманов евреев и у 86% арабов оба родителя здоровы. У 16% евреев и 13% арабов наркоманией поражён отец. Наркоманка мать обнаружена всего в трёх семьях (у 1,5% евреев и у 0,9% арабов). Изученные семьи многодетны. Средний размер арабской семьи (7,3 потомка) несколько выше, чем еврейской (5,9). Семьи наркоманов несколько более многодетны (6,9), чем семьи здоровых пробандов (6,3).

Распределение здоровых и поражённых потомков в семьях стало основой сегрегационного анализа. Хотя в настоящее время в генетике человека широко применяется молекулярный подход, сегрегационный анализ остаётся необходимой составляющей на первом этапе конкретно-популяционных исследований. Он позволяет ответить на вопрос, является ли причиной изучаемого заболевания мутация одного гена или этиология этого заболевания другая [16]. Наиболее надёжные оценки сегрегационных частот получены на генеалогическом материале семей с двумя здоровыми родителями - самой многочисленной. Фактические сегрегационные частоты оказались существенно ниже теоретически ожидаемых для моногенно-

рецессивного типа наследования (табл. 1). Это позволило на высоком уровне значимости отвергнуть гипотезу о простой менделевской основе заболевания в обеих этнических группах. Обращают на себя внимание более высокие сегрегационные частоты в семьях евреев (0,13 и 0,21) по сравнению с такими же в арабских семьях (0,08, $p < 0,01$). Полученные результаты дают основание предполагать наличие некоторых различий в генетической подверженности опийной наркомании у сравниваемых этнических групп.

При генетическом исследовании поиск причин, обуславливающих фенотипические различия, ведётся в областях, обозначаемых как "наследственность" и "среда". Евреи и арабы являются представителями семитской группы народов и их генофонды, по-видимому, имеют много общего. Тем не менее, еврейское и арабское население Израиля различается по происхождению. Часто евреи - это мигранты, прибывшие из различных уголков планеты или потомки мигрантов. В отличие от них арабы имеют "местное" происхождение. Брачные традиции этих народов могли иметь вполне определённые генетические последствия.

Таблица 1. Сегрегационные частоты

Этническая группа	Фенотипы родителей (мать x отец)	$SF \pm s_{SF}$	SF_t	t	p
Евреи	ЗхЗ	0,13±0,01	0,25	12,0	$p < 0,001$
	ЗхН и НхЗ	0,21±0,05	0,5	5,8	$p < 0,001$
Арабы	ЗхЗ	0,08±0,01	0,25	17,0	$p < 0,001$
	ЗхН и НхЗ	0,08±0,03	0,5	14,0	$p < 0,001$

Примечание: Н - наркоман, З - здоровый, SF - фактическая сегрегационная частота, s_{SF} - её статистическая ошибка, SF_t - теоретически ожидаемая сегрегационная частота при моногенно-рецессивном наследовании

Во многих странах евреи вступали в браки с коренным населением, вследствие чего их генофонд обогащался генами иных национальностей. Арабы в Израиле до сих пор проживают замкнутыми общинами, поощряя кровнородственные браки. Можно допустить поэтому, что генофонд еврейского и арабского населения Израиля различается уровнем гетерогенности и степенью инбридинга. Действительно, в родословных арабов нередко кровнородственные браки, обычно между двоюродными братьями и сёстрами. Коэффициент инбридинга у арабов (табл.2) на порядок выше, чем у евреев. Показатель инбридинга, как известно, тесно связан с распространённостью наследственной патологии, кровное родство супругов повышает частоту

родственниками. Во вторую группу включили лиц, родители которых были родом из одной страны. Индивидов, чьи родители происходили из разных стран, отнесли к третьей группе экзогамии.

Примерно 1/4 арабов основной и контрольной групп оказались потомками кровнородственных браков. У значительной части евреев родители - выходцы из разных стран (табл.2). В целом арабы являются более инбредной, а евреи более аутбредной группой населения. У индивидов 1-й группы ожидается проявление эффектов инбридинга, у представителей 3-й группы - эффектов аутбридинга. Известно, что на формирование наркомании оказывают влияние преморбидные особенности личности, в свою очередь, злоупотребление нар-

Таблица 2. Распределение обследованных по типу брака родителей. %

Экзогамия родителей	Евреи		Арабы	
	Наркоманы F=0,0022	Контроль F=0,0014	Наркоманы F=0,0149	Контроль F=0,0157
1	3,6	2,3	24,6	26,3
2	71,2	46,4	69,7	70,1
3	25,2	51,3	5,7	3,6

Примечание: I - родители являются родственниками различных степеней родства, II - родители родом из одной страны, III - родители родом из разных стран, F - коэффициент инбридинга

болезней с наследственным компонентом у потомства [16,17]. Учитывая, что в человеческих популяциях существует изоляция расстоянием, которая приводит к дифференцировке генофондов [16], всех обследованных разделили на группы, различающиеся по степени генетической отдалённости их родителей. Первую группу экзогамии составили индивиды, чьи родители были кровными

родственниками неизбежно приводит к личностным изменениям [18]. В данном исследовании для характеристики личности учитывали ряд признаков: нервно-психические расстройства, диагностированные в соответствии с критериями DSM-IV, телесные самоповреждения, суицидальные попытки. У наркоманов самоповреждения тела (22-28%) встречались в пять раз чаще, чем у лиц контрольной группы

(4-7%), а суицидальные попытки и личностные расстройства (17-25%) - в шесть раз чаще. В совокупности эти признаки рассматриваются нами как биологически дизадаптивные. При межэтническом сравнении основной и контрольной групп выявлено следующее. В контрольной группе дизадаптивные признаки чаще обнаруживались у арабов (4-10%) по сравнению с евреями (2-3%, $p < 0,05$). В группе наркоманов обладателями дизадаптивных признаков чаще были евреи (13-28%) по сравнению с арабами (5-22%). По-видимому, более высокий уровень дизадаптивных признаков у арабов - и есть проявление последствий инбридинга.

При сравнении основной и контрольной групп отмечено, что распределение здоровых и поражённых наркоманией арабов по группам экзогамии практически не различается. В то же время группа наркоманов евреев в меньшей степени аутобредна, чем контрольная. Эти результаты свидетельствуют, что инбридинг не является фактором риска по наркомании арабов, но повышает вероятность заболевания евреев. В полном согласии с этими данными находится и то, что у больных наркоманией евреев более выражены дизадаптивные признаки по сравнению с арабами. Можно предположить, что многовековая традиция кровнородственных браков у арабов не только повысила гомозиготность этой группы населения, но и привела к элиминации вредных рецессивных генов. В процессе длительного инбридинга популяция арабов, в отличие от евреев, адаптировалась в такой системе браков.

Постоянная репатриация евреев продолжает влиять на генофонд

населения Израиля и может изменить структуру наследственной предрасположенности к наркомании. Это делает необходимым постоянный мониторинг заболевания и расширение генетических исследований.

Авторы выражают глубокую благодарность Я. Л. Гуревичу за помощь в сборе материала и обсуждение результатов.

Список литературы

1. *Bohman M.* Some Genetic Aspects of Alcoholism and Criminality: A Population of Adoptees // *Archives of General Psychiatry.* - 1978. - 35. - P. 269-276.
2. *Croughan J. L.* The contribution of family studies to understanding drug abuse // *Robbins L, ed. Studying drug abuse.* - 6. New Brunswick: Rutgers University Press, 1985. - P. 93-116.
3. *Luthar S. S., Anton S. F., Merikangas K. R., Rounsaville B. J.* Vulnerability to substance abuse and psychopathology among siblings of opioid abusers // *Nerv. Ment. Dis.* - 1992. - 180. - P. 153-161.
4. *McGue M., Pickens R. W., Svikis, D. S.* Sex and Age Effects on the Inheritance of Alcohol Problems: A Twin Study // *Journ. Abnorm. Psychol.* - 1992. - 101. - P. 3-117.
5. *Helzer J. E., Przybeck T. R.* Concurrence of alcoholism with other psychiatric disorders in the general population and its impact on treatment // *Stud. Alcohol.* - 1988. - 49. - P. 219-224.
6. *Hill S. Y., Cloninger C. R., Ayre F. R.* Independent familial transmission of alcoholism and opiate abuse // *Alcohol Clin. Exp. Res.* - 1977. - 1. - P. 335-342.
7. *Parsian A., Todd R. D., Devor E. J., et al.* Alcoholism and alleles of the human D2 dopamine receptor locus // *Arch. Gen. Psychiatry.* - 1991. - 48. - P. 655-663.
8. *Neumark Y. D., Friedler Y., Tomasson H. R., Li T.-K.* Association of the Israel: ADH2*2 allele with reduced ethanol consumption in Jewish men in Israel: a pilot study // *Stud. Alcohol.* - 1998. - 59. - P. 133-139.
9. *Bolos A. M., Dean M., Lucas-Derse S., Ramsbur M., Brown G. L., Goldman D.* Population and pedigree studies reveal a

lack of association between the dopamine D2 receptor gene and alcoholism // JAMA. - 1990. - 264. - P. 3156-3160.

Howard M., Sachar A. History of Israel: From the Rise of Zionism to Our Time, Knopf; 2nd edition. - 1996. - 1184 p.

Yachi R. The population of Israel. The Hebrew University, Jerusalem, 1974. - P. 24-25.

Arensburg B. The people in the land of Israel from the Epi-paleolithic to present times. Doctoral Dissertation, University of Tel Aviv, Tel Aviv, 1973. - P. 78-96.

Diagnostic Criteria from DSM-IV. American Psychiatric Association, Washington, DC, 1994. - 358 p.

Wald J. Статистические методы, применяемые в генетике человека. Проблемы медицинской генетики. - М.: Медицина, 1970. - С. 130-153.

Minium E. W., Clarke R. B. Elements of Statistical Reasoning. John Wiley & sons. New York, 1982. - 357 p.

Центер Е. К. Медицинская генетика. - М.: Медицина, 2003. - 448 с.

Cavalli-Sforza L. L., Bodmer F. W. The genetics of Human Populations. San Francisco: Freeman. - 1971. - 961 p.

Miller N. S. Addiction Psychiatry Current Diagnosis and Treatment. The University of Illinois At Chicago Department of Psychiatry Chicago, Illinois. - 1995. - 472 p.

Представлено Л. Л. Лукаш
Надійшла 28.06.2004 р.

ГЕНЕТИЧНИ АСПЕКТИ НАРКОЗАЛЕЖНОСТІ У НАСЕЛЕННЯ ІЗРАЇЛЮ

Л. Я. Гуревич, Л. О. Атраментова¹

Відділення медичної генетики,
Лікарня Західної Галілеї,
Ізраїль, Нагарія, e-mail: rush@surfnet.il
Харківський національний університет
ім. В. Н. Каразіна
Україна, Харків, пл. Свободи, 4,
e-mail: shkoda@kharkov.ukrtel.net

У 83-86% наркоманів (арабів і євреїв) обидва батьки здорові, у 13-16% наркоманією страждає батько, в 1-1,5% сім'ях наркоманією уражена мати. Сегрегаційні частоти в сім'ях євреїв 0,13 і 0,21, в сім'ях арабів 0,08. В контрольній групі розлади особистості частіше спостігалися у арабів (4-10%) у порівнянні з євреями (2-3%). В групі наркоманів носіями таких ознак частіше були євреї (13-28%) порівняно з арабами (5-22%). Коефіцієнт інбридинга F у контрольній і основній групі арабів (0,0157 і 0,0149) вищий, ніж у контрольній і основній групі євреїв (0,0014 і 0,0022).

Ключові слова: опійна наркоманія, сегрегаційний аналіз, інбридинг

GENETIC ASPECTS OF DRUG ABUSE IN THE POPULATION OF ISRAEL

L. Y. Gurevich, L. A. Atramentova¹

Division of Medical Genetics,
Western Galilee Hospital,
Israel, Naharia, e-mail: rush@surfnet.il
¹V. N. Karazin Kharkov National University
Ukraine, Kharkov, Svoboda sq., 4,
e-mail: shkoda@kharkov.ukrtel.net

83%-86% from the drugs addict (Jewish and Arabs), had healthy parents, 13%-16% of them had an addicted father and 1%-1.5% an addicted mother. The segregation frequencies were 0.13 and 0.21 in Jewish families and 0.08 in Arabs families. In the control group a personal disorders were higher in the Arabs families (4%-10%) comparing to Jewish families (2%-3%). In the addicted research group it was vies versa: 13%-28% of the Jews and 5%-22% of the Arabs suffered from personal disorders. Constant of inbreeding F was higher in the control and research groups from the Arab sector (0.0149 and 0.0157) in comparison to the same groups from the Jewish sector (0.0022 and 0.0014).

Key words: opiate abuse, segregation analysis, inbreeding

УДК 633.63:575.113

МІНЛИВІСТЬ КІЛЬКОСТІ ЯДЕРНОЇ ДНК НЕЗАБУТНИЦІ ДРІБНОКВІТКОВОЇ - GALINSOGA PARVIFLORA CAV. У РЕЗУЛЬТАТІ ДІЇ ГЕРБІЦИДУ РАУНДАП-БІО

О. О. ІВАЩЕНКО, Н. С. КОВАЛЬЧУК

Інститут цукрових буряків УААН,
Україна, м. Київ, вул. Клінічна, 25

*Розглянуто вплив гербіцидів, як екзогенних чинників на мутаційний процес в популяціях бур'янів. Аналіз рівня плоідності геному незабутниці дрібноквіткової (*Galinsoga parviflora*) за кількістю ядерної ДНК на АП "Partec" виявив для стійких рослин даного виду бур'янів гіпоанеуплоїдний стан, при критичних нормах внесення Раундап-Біо 1 л/га. Дослідження геномної мінливості бур'янів спроможні в майбутньому розкрити механізм формування R-резистентних популяцій шляхом контролю мутагенності гербіцидів.*

Ключові слова: геном, ядерна ДНК, гербіциди, геном на мінливість, резистентні популяції

Вступ. Бур'яни завжди створювали своєю масовою присутністю на орних землях певні проблеми для землеробів. Протягом тисячоліть що минули, людство розробило багато різних прийомів і систем захисту від бур'янів на основі використання сівозмін, комплексу агротехнічних прийомів основного обробітку ґрунту, та догляду за посівами, генетичної трансформації культурних рослин з геном стійкості до гербіцидів. Проблеми масової присутності бур'янів на посівах до кінця не розв'язані і сьогодні [1]. На даний час вони пов'язані з екологічними проблемами людства і потребують всебічного вивчення.

В останні десятиліття одним з провідних методів контролювання бур'янів став хімічний. Постійний науковий пошук і успіхи в тонкому органічному синтезі дозволили створити сучасні високоселективні гербіциди для посівів основних сільськогосподарських культур на планеті.

Одночасно з незаперечними успіхами широка практика застосування гербіцидів виявила і ряд серйозних питань, які вимагають свого розв'язання.

В першу чергу це питання забруднення середовища і проблеми

© О.О. ІВАЩЕНКО, Н.С. КОВАЛЬЧУК, 2004

Виникнення резистентних популяцій у ще зовсім недавно чутливих до дії гербіцидів видів бур'янів.

Як виявилось, стійкість бур'янів до гербіцидів може виникнути різними шляхами. Деякі з них вже описані в літературі:

- Як результат мутації гена, що блокує білок-мішень (субстрат для дії гербіциду). Такі мутації діють на фотосинтез рослин і синтез амінокислот в клітинах. Вони є однією з причин появи на полях стійких популяцій бур'янів.

- Як результат ампліфікації генів [2].

На 2003 рік в країнах Західної Європи виявлено більш як 150 видів бур'янів, які проявляють резистентність як мінімум до одного з трьох найбільш поширених механізмів дії сучасних гербіцидів. Виявлені резистентні популяції півнячого проса - (*Echinochloa crus-galli* (L.) Pal. Beauv.) та лободи білої - (*Chenopodium album* L.) до дії ацетохлору і в Україні [3].

Резистентні популяції бур'янів можуть мати істотні зміни в морфології рослин і особливо в процесах обміну речовин на ферментативному рівні які є результатом значних мутацій що викликані дією ксенобіотиків, в першу чергу гербіцидів.

Одним з альтернативних шляхів вирішення проблеми формування резистентних до дії селективних гербіцидів бур'янів сьогодні є застосування тотальних препаратів (гербіцидів суцільної дії) на посівах генетично модифікованих сільськогосподарських рослин, стійких до згубної дії таких гербіцидів. [4, 5]. Також цілеспрямовані зміни геному рослин біотехнологічними засобами вже сьогодні дозволяють формувати необхідні якості культурних рослин і істотно прис-

корити селекційні процеси їх створення [6, 7].

Слід відмітити, що у створених людиною стійких форм культурних рослин до дії гербіцидів використовують два основні шляхи:

- Гіперекспресія.

- Пошук генів що не інактивуються даним гербіцидом і трансформації їх в геном культурних рослин методами генної інженерії. В результаті культура не реагує на застосування відповідного гербіциду взагалі, водночас як рослини бур'янів під його дією гинуть [2].

Завдяки успіхам біотехнологів посіви R-резистентних кукурудзи, сої, ярого ріпаку, арахісу та інших перевищили площу в 50 млн. га. на орних землях Північної і Південної Америки, Африки, Азії. Практика широкого застосування малотоксичного і досить екологічного гербіциду Раундап-Біо в умовах виробництва підтвердила свою високу надійність і ефективність [8, 9].

Першою трансформованою ознакою у цукрових буряків була стійкість проти гербіцидів суцільної дії, гліфосату (раундан, 45% в.р.). Вказану ознаку контролює один ген, тому швидко вдалося ввести її в генотип кращих гібридів цукрових буряків [4].

Відмічено зниження рівня цукристості в перших отриманих експериментальних даних при інтродукції гена BAR. Результати експериментальних даних селекційних станцій ІЦБ УААН засвідчили, що лише поєднуючи методи традиційної та конструктивної селекції, можна створити високопродуктивні гібриди з індукованою ознакою [4].

Створені методом генної інженерії трансгенні гібриди з ознакою стійкості

до гербіцидів активно впроваджуються у виробництво в багатьох країнах світу. Так в США сорти сої на 50% мають стійкість до гліфосату. Сорти льону виводять стійкі до бромксиліну і гліфосату. Впроваджуються також сорти рису, кукурудзи, картоплі стійкі до гербіцидів [8, 9]. Проте на думку дослідників використання гербіцидів суцільної дії в агробіоценозах може привести до їх масового внесення, зникнуть одні види, а пристосуються мутанти, що будуть значно стійкіші. Це порушить природну їх екологічну рівновагу і

бур'яни будуть потребувати зміни дозування гербіцидів не на користь всього живого на Землі.

Метою даних досліджень було виявлення можливого впливу на геном рослин бур'янів різних норм внесення гербіциду Раундап-Біо в умовах модельного експерименту з генетично-модифікованими рослинами трансгенного гібриду "Елегія".

Матеріали і методи

Об'єктом дослідження були рослини незабутниці дрібноквіткової (*Galinsoga parviflora* Cav.) в польовому

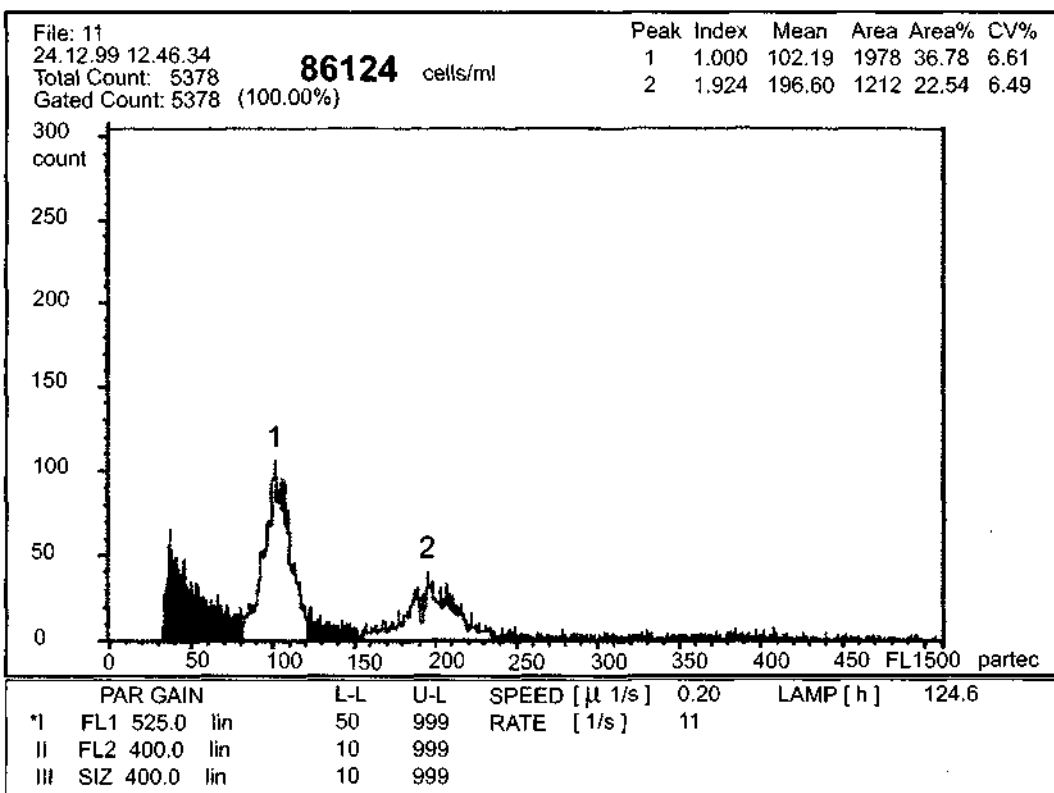


Рисунок 1. Гістограма диплоїдних рослин цукрових буряків використаних як зовнішній стандарт. 1 - пік ДНК 102 одиниці на каналі 100 що відповідає диплоїдному рівню геному 2 - гістограма клітинної суспензії диплоїдних рослин з подвійним вмістом ДНК

експерименті з трансгенними рослинами гібриду "Елегія" зарубіжної селекції, та ЧС-лініями цукрових буряків, компонентами районованих та експериментальних гібридів вітчизняного походження. Площа облікових делянок 25 м², повторність - 4-х кратна. Закладка дослідів проводилась у відповідності до вимог "Методики випробування і застосування пестицидів" (С. О. Трибель, 2001) [10].

Вміст в клітинах рослин ДНК визначали згідно методики ідентифікації рівня геному за кількістю ядерної ДНК в клітині, з використанням комп'ю-

терних програм АП "Partek" [12]. Дослідження виконані в 2003-2004рр.

Схема досліджень передбачала нанесення різних норм витрати гербіциду Раундап-Біо на рослини бур'янів.

1. Без застосування гербіцидів (контроль).

2. Раундап-Біо - 1 л/га.

3. Раундап-Біо - 0,5 л/га.

4. Раундап-Біо - 0,25 л/га.

5. Раундап-Біо - 0,125 л/га.

6. Раундап-Біо - 0,06 л/га.

Норма витрати робочої рідини 210 л/га. На момент проведення обприс-

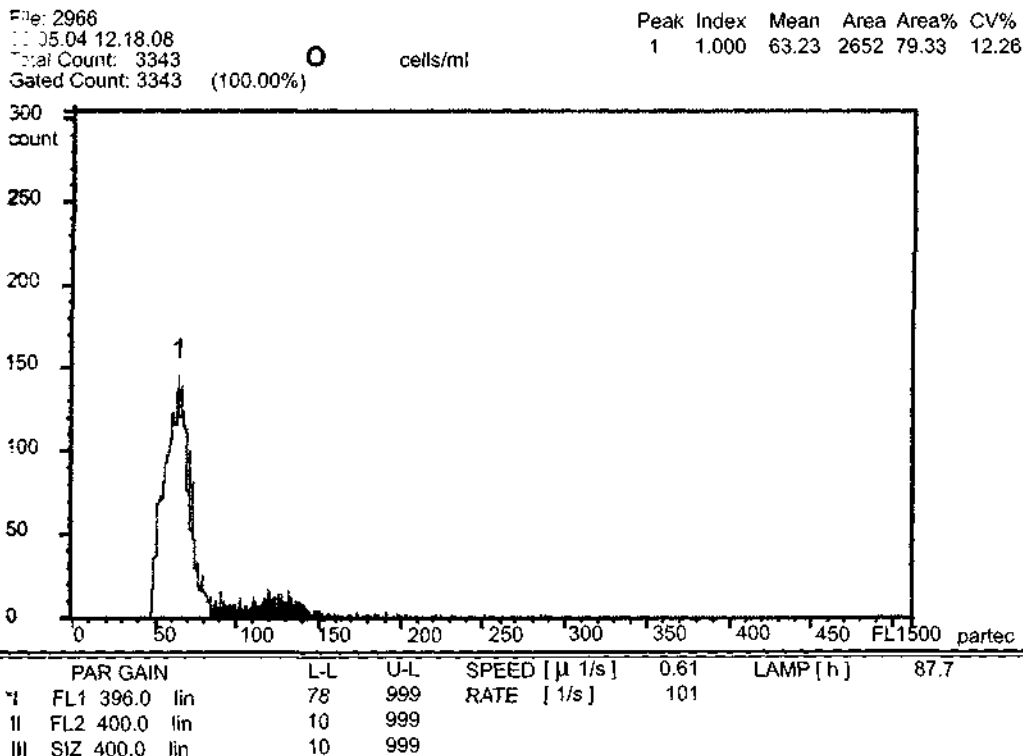


Рисунок 2. Аналіз гістограми незабутниці дрібноквіткової з контрольних варіантів без обробітку гербіцидами.

1. - основна фракція ДНК 63,23 од що відповідає диплоїдному рівню геному

кувань рослини бур'янів мали різні фази росту і розвитку: від 4-х справ-жніх листків до формування суцвіть. Через

гібридів. Він спроможний замінити працюючі цитологічні методи визначення кількості хромосом і значно

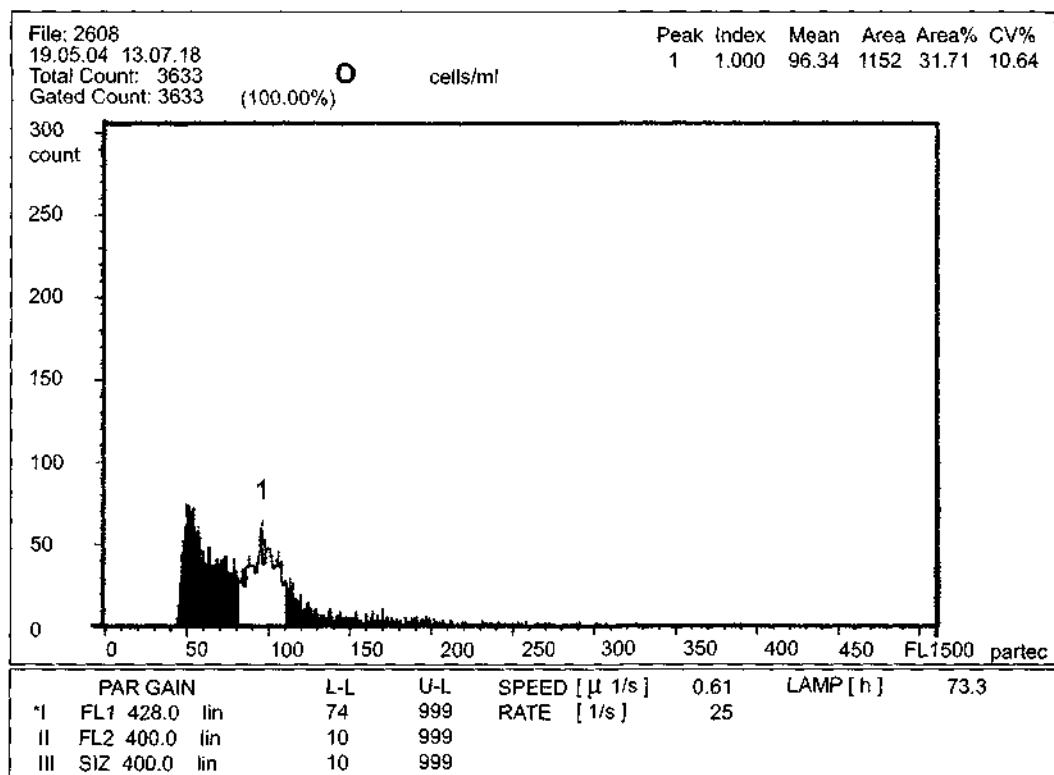


Рисунок 3. ДНК-гістограма незабутниці дрібноквіткової з дослідних варіантів при нормі внесення Раундап-Біо - 1л/га.

1. - пік ДНК на каналі 100 що відповідає 96,34 од і гіпоанеуплоїдному стану геному

15 днів від часу проведення обприскувань на рослинах, які вижили відбірали проби для проведення аналізу вмісту ядерної ДНК в клітинах листа дослідних і контрольних варіантів.

Новий метод ідентифікації рівня геному за кількістю ядерної ДНК вперше був застосований у вітчизняній селекції у 1999 році, для добору за рівнем геному тетраплоїдних багатонасінних запилювачів цукрових буряків, як компонентів триплоїдних ЧС-

збільшити обсяги досліджень. Нами метод застосований вперше для аналізу мінливості рівня геному бур'янів залежно від норм внесення гербіцидів. Неможливо уявити собі складність таких досліджень з використанням цитологічних методик.

Новий метод спроможний визначати кількість ДНК в клітинних популяціях листових пластинок на основі аналізу декількох тисяч ядер за 2-3 хвилини.

Результати та обговорення

В процесі експерименту визначалась мінливість за кількістю ядерної ДНК в клітинах відібраних зразків незабутниці дрібноквіткової згідно схеми нанесення різних норм витрат гербіциду Раундап-Біо, за результатом аналізу ДНК гістограм АП "Partek". В якості стандарту використано диплоїдні та тетраплоїдні лінії цукрових буряків, попередньо визначені за кількістю хромосом. Так, диплоїдному рівню геному цукрових буряків відповідає на гістограмах пік ДНК 102 од. при коефіцієнті варіації $CV=6\%$ на каналі 100, та клас клітин з подвійним вмістом ядерної ДНК на каналі 200 (рис. 1).

За кількістю ядерної ДНК в клітині диплоїдному рівню геному незабутниці дрібноквіткової у чотирьох контрольних варіантах відповідав пік ДНК 60-65од. на каналі 60 при $CV=12,26\%$ (рис. 2).

Слід визнати, що для рослин незабутниці дрібноквіткової дослідних варіантів при нормах внесення гербіциду від 0,5 л/га до 0,06 л/га пік ДНК, що відповідає основній фракції клітин, був ідентичний з контрольними варіантами.

Проте аналіз ДНК гістограм АП "Partek" свідчить що в першому варіанті при нормі внесення Раундап-Біо 1л/га серед декількох рослин незабутниці дрібноквіткової, що вижили, визначений пік ДНК 96 од на каналі 100, що відповідає за рівнем геному гіпоанеуплоїдному стану дослідних рослин, при коефіцієнті варіації $CV=10,64\%$ (рис. 3).

Висновки

Дослідження геномної мінливості бур'янів за кількістю ядерної ДНК в

клітині залежно від норм внесення гербіцидів може бути показником їх підвищеної генетичної мінливості і розкрити в майбутньому сам механізм формування R-резистентних популяцій, для кожного окремого виду, контролюючи при цьому дози мутагенності гербіцидів з екологічної точки зору.

Перелік літератури

1. Матюха Л. О. Агроекологічні основи боротьби з бур'янами при вирощуванні кукурудзи на звичайних чорноземах північного Степу України: Автореф. дис. докт. с.-г. наук. - Дніпропетровськ, 1995. - 34 с.
2. Глазко В. И. Генетически модифицированные организмы: от бактерий до человека. - Киев, 2002. - С. 138-140.
3. Wagner J., Haas H. U., Hurlle K. Herbicide resistance in *Echinochloa crus-galli* and *Chenopodium album*. - University of Hohenheim, Institute of Phytomedicine Proceedings of a workshop held at the Feed Research Institute, Vinnitsa, Ukraine, 29-30 October, 2002. - P. 170-173.
4. Роїк М. В. Генетично модифіковані цукрові буряки. Вісник аграрної науки, 2001. - № 1. - С. 46-48.
5. Zechendorf B. Sustainable development: how can biotechnology contribute. Trends Biotechnol. - 1999 - 17. - P. 219-225.
6. Сиволап Ю. М., Стельмах А. Ф., Образцов И. С., Лукьянюк С. Ф. Изучение генетических эффектов экзогенных ДНК у гороха. Научно-техн. Бюллетень ВСГИ, 1976.- С. 34-37.
7. Іващенко О. О., Соколо-Поповський А. М. Гербіциди суцільної дії на посівах цукрових буряків, що мають трансгенну резистентність. // Захист рослин. - 1999. - №8. - С. 10-12.
8. Roberts N. M. et al. Modelling the impact of transgenic herbicide - tolerant gilseed of weed population dynamics // Brighton conf. "Weeds". Proc. Inf. Conf., Brighton, 15-18 Nov., 1999. - 3. - Farnham, 1999. - P. 853-858.
9. Bennett M., Hanson L. Chromosome evolution and nuclear DNA amounts in weeds // Chromosome Sci. - 1998. - N3. - P. 184.
10. Трибель. С. О. Методика випробування і

застосування пестицидів. - К.: Світ, 2001. - 447с.

11. Роїк М. В., Ковальчук Н. С. Проблема ідентифікації рівня геному трансгенних триплоїдних гібридів цукрових буряків. Генетично модифіковані рослини: перспективи та проблеми. - К. - 2003. - С. 120-126.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ КОЛИЧЕСТВА ЯДЕРНОЙ ДНК ГАЛИНСОГИ МЕЛКОЦВЕТНОЙ - *GALINSOGA PARVIFLORA* CAV. В РЕЗУЛЬТАТЕ ДЕЙСТВИЯ ГЕРБИЦИДА РАУНДАП-БИО

О. О. Іващенко, Н. С. Ковальчук

Институт сахарной свеклы УААН,
Украина, г. Киев, ул Клиническая, 25
isb@isb.kiev.ua

Рассмотрено влияние гербицидов как экзогенных факторов на мутационный процесс в популяциях сорняков. Анализ уровня пloidности генома галинсоги мелкоцветной (*Galinsoga parviflora*) по количеству ядерной ДНК на АП "Partec" выявил для устойчивых растений гипоанеуплоидное состояние генома, при критических нормах внесения Раундап-Био 1 л/га. Исследование геномной изменчивости сорняков позволит в будущем раскрыть сам механизм формирования R-резистентных популяций контролируя дозы

мутагенности гербицидов с экологической точки зрения

Ключевые слова: геном, ядерная ДНК, гербициды, геномная изменчивость, резистентные популяции

VARIABILITY OF THE QUANTITY OF NUCLEAR DNA IN LITTLE-FLOWER QUICKWEED *GALINSOGA PARVIFLORA* CAV. AS A RESULT OF ROUNDUP-BIO HERBICIDE ACTION

O. O. Ivashchenko, N. S. Kovalchuk

Institute of Sugarbeet of UAAS,
Ukraine, Kyiv, Klinichna str., 25,
e-mail: isb@isb.kiev.ua

Effect of herbicides at exogenic factors on mutatic process in weeds populations is studied. Ploid level analysis of genome of little-flower quickweed (*Galinsoga parviflora* Cav.) by the nuclear DNA quantity with ploidness analyzer "Partec" showed hypoaneuploid status for resistant plants of the weed specie. Study of genome weed variability makes it possible to determine the mechanism of R-resistant populations formation and to control mutagenic norms of herbicides from the ecological point of view

Key words: genome, nuclear DNA, herbicides genomic variability, resistant population

Тех: 631.52:635.655

ТЕОРЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ МОДЕЛИРОВАНИЯ СОРТОВ АДАПТИВНОЙ ОРИЕНТАЦИИ

А. А. КОРЧИНСКИЙ, Л. К. ТАРАНЕНКО¹Институт сахарной свеклы УААН,
Украина, г. Киев, ул. Клиническая, 25,Институт земледелия УААН,
Украина, Киевская обл., Киево-Святошинский р-н, с. Чабаны

Изложены современные генетико-биотехнологические принципы моделирования сортов и гибридов адаптивной ориентации. Характеризуется модель, как теоретически обоснованный генотип.

Ключевые слова: адаптация, сорт, модель, генетическая система, реакция.

Одной из наиболее приоритетных задач в селекционно-генетических исследованиях в настоящее время является создание адаптивных систем развитыми механизмами самонастройки, обеспечивающих развивающимся системам устойчивость функционирования и стабильность конечного продукта в конкретных условиях внешней среды. Управление адаптивными системами качественно иное - не через регулирование внешней среды, а через воздействие на внутренние процессы системы, т.е. управление биологическими процессами синтеза органического вещества, переопределение его в полезную продукцию роста и развития в целом фенотипической реализации генетической информации.

Для решения задач современной адаптивной селекции особое значение приобретает исследование феноменологии действия и взаимодействия генов и генетических систем в онтогенезе, т.е. в процессе развития систем. В особенности это касается генетики таких сложных признаков как урожайность, продуктивность, биоустойчивость, качество урожая. Эти признаки в сущности определяются системными свойствами, и поэтому выделить гены, детерминирующие их, т.е. свести рассмотрение их природы к простым системам, невозможно. В сложном, мерном, количественном признаке генетика впервые столкнулась с проблемой системных свойств генотипа.

Проведенные в этом направлении исследования дали возможность подойти к изучению природы проявления норм и реакций генотипов,

© А.А. КОРЧИНСЬКИЙ, Л.К. ТАРАНЕНКО, 2004

решению задач количественного описания адаптивных реакций, пластичности и стабильности в реализации признаков с позиций системного подхода и разработать конкретные технологические решения по созданию сортов с созданным адаптивным потенциалом [1].

Селекционный процесс в настоящее время можно подразделить на три этапа, каждый из которых имеет круг задач, стоящих перед селекционерами-генетиками:

- 1) составление модели будущего сорта, гибрида;
- 2) подбор исходных форм, создание линейного и синтетического селекционного материала;
- 3) формирование сорта, гибрида как устойчивой биологической системы.

Разработанная модель сорта должна содержать такие сведения: характеристику энергетического потенциала зоны выращивания будущего сорта, детальное описание селекционно-значимых признаков с доказательствами значимости их для продуктивности, качества продукции, устойчивости к неблагоприятным факторам среды, анализ генетической природы селекционируемых признаков, перечень доноров и источников важных свойств.

В модели будущего сорта, гибрида необходимо наличие следующих основных свойств: гарантии высокой стабильной урожайности; запрограммированной урожайности в достаточно широком ареале экологических условий; возможности применения интенсивной технологии при возделывании; обеспечение высокого качества продукции, устойчивость к вредителям, болезням, устойчивость

к лимитирующим факторам среды.

Желательно, чтобы перечисленные свойства сочетались в одном сорте гибриде в максимальном выражении. Практически это достигается с большим трудом и очень редко, так как живой организм - это сложная генетическая система, в которой все биологические процессы взаимосвязаны и часто интенсификация одного процесса влечет за собой ослабление другого.

Сорт как система должен иметь специфическую генетическую организацию, проявляющуюся в специфичности структурной и функциональной организации его полевых популяций. Собственная активность сорта как системы определяется внутренними процессами и проявляется в способности к многовариантным функциональным состоянием его полевых популяций, сложных признаков и, в конечном итоге, в собственной или тектологической изменчивости. Функциональные состояние фитоценоза растений конкретного сорта всецело зависят от генетической системы сорта. Способность к самоорганизации в сочетании с механизмами многовариантности реализации, и приводит к функциональной разнокачественности множества конкретных агрофитоценозов, а отсюда и различие по конечному признаку - урожайности, будут наблюдаться даже при абсолютно идентичных для них условиях, в частности, экологическом потенциале и агротехнике [2-3].

При теоретическом обосновании моделей сортов, гибридов адаптивной ориентации необходимо учитывать следующие общие принципы.

1. Любой, даже самый совершен-

нный по многим признакам и свойствам сорт формирует максимальную урожайность в определенных условиях и зонах там, где ресурсы внешней среды соответствуют биологическому оптимуму генотипа.

Существующая в нашей стране сеть селекционных учреждений по географическому расположению охватывает все разнообразие зональных особенностей и в каждом регионе разрабатываются свои оптимальные модели новых сортов и гибридов и в соответствии с этим проводится селекционная работа.

II. В разработке моделей сорта очень важная роль должна отводиться научному обоснованию параметров проявления признаков. Дело в том, что растения характеризуются четкими генетическими обусловленными компенсаторными свойствами. Благодаря им худшее развитие одних признаков или элементов продуктивности компенсируется лучшим развитием других, в результате чего один и тот же уровень продуктивности, может быть достигнут за счет различного сочетания субпризнаков.

Знание генетических закономерностей формирования урожая, взаимосвязей и проявления признаков, определяющих урожайность, выводит селекционный процесс на научные основы и способствует его эффективности.

III. В обосновании принципов моделирования сортов очень важное значение приобретает выбор таких признаков, по которым можно было бы прогнозировать продукционные процессы растения и его качества.

Попытки найти физиологические или биохимические критерии для селекции пока не увенчались успехом,

так как физиологические признаки относятся к разряду динамических: они изменяются в зависимости от возраста растений, фаз развития, времени суток и окружающих условий.

Большой статистичностью и высокой наследуемостью отличаются морфологические признаки, которые используются при визуальной оценке генотипов. Становление морфологии растения основано на его функциональной деятельности, которая детерминирована генотипом, и определение взаимосвязей элементов строения растений с деятельностью генов и представляется важным разделом теоретической селекции.

IV. Результаты исследований подтверждают, что в конкретных условиях производства решающее значение приобретают создание сортов, функционально ориентированных на экологический потенциал поля и конкретный уровень техногенных факторов.

Ввиду этого акцент в селекции должен быть смещен с оценки индивидуальной изменчивости, и наследования признаков на организменном уровне на генетическую структурно-функциональную организацию полевых популяций у культурных растений.

Сорт как система должен иметь специфическую генетическую организацию, проявляющуюся в специфичности структурной и функциональной организации его полевых популяций. Собственная активность сорта как системы определяется внутренними процессами и проявляется в способности к многовариантным функциональным состоянием множества его полевых

популяций, сложных признаков и, в конечном итоге, в собственной или тектологической изменчивости [4].

На любом этапе проработки селекционного материала, разработки генетической модели сорта или создания исходного материала, его оценок, нужно исходить из соответствия всех показателей агрофитоценоза, описаний и оценок селекционного материала как компонента этой сверхсистемы. Оценка адаптивного потенциала и надежности генетической защиты урожая приобретает особую значимость. Для такой технологии селекционного процесса решающими становятся знание биологических процессов и управление ими, поэтому такая технология становится наукоемкой и информационно емкой, а управление информационными ресурсами центральной проблемой. Селекция при системном подходе должна быть экологически ориентированной, адаптивный потенциал сорта и гибрида должен соответствовать спектру факторов среды конкретной экологической системы. В этой связи наибольший интерес представляет защищенность растений от воздействия факторов среды продукционного процесса, поэтому особый интерес представляет способность генетических систем принимать оптимальные состояния в ответ на изменение условий среды. Критерий оптимальности-максимализации продукционного процесса в конкретных ситуациях [5-6].

Адаптивная реакция - это реакция, обеспечивающая оптимальный морфогенез конкретного хозяйственно-ценного признака. Его количественной мерой служит относительная величина изменения морфологичес-

кого или физиологического признака при изменении условий среды.

В связи с этим, знание системных свойств и способов управления внутренними, для системы, процессами приобретают особую актуальность в настоящее время, при разных технологических уровнях сельского хозяйства.

V. Принципиально новым направлением в создании особых моделей сортов и гибридов являются трансгенные растения. В селекции, важное значение, имеет введение в наследственный аппарат растений генов, обуславливающих их большую адаптивность при выращивании (высокую эффективность фотосинтеза, азотфиксацию, морозо- или жаростойкость, резистентность к болезням и вредителям, инсектицидам, гербицидам, засолению почв, экстремальным условиям и т.д.) пищевую и потребительскую ценность продукта (содержание белков, незаменимых аминокислот и других ценных пищевых компонентов, улучшающих вкус, текстуру, размер, возможность длительного хранения и т.д.).

Список литературы

1. Кириченко В.В., Корчинский А.А., Литун П.П. Теория селекции растений: состояние и проблемы // Вісн. укр. тов-ва генетиків і селекціонерів. - 2003. - 1, № 1. - С. 82-100.
2. Кириченко В.В., Литун П.П., Корчинський А.А., Волкодав В.В. Генетичні механізми системних процесів популяційного рівня // Фактори експериментальної еволюції організмів. - Київ: Аграрна наука. - 2003. - С. 54-61.
3. Литун П.П., Корчинский А.А. Развитие теории эпигенетической наследственности // Нетрадиционное растениеводство, энтология и здоровье. - Симферополь. - 2002. - С. 243-247.
4. Корчинський А.А., Литун П.П. Теоретичн.

аспекти природи генетичної організації і механізмів системного контролю спадковості. // Нетрадиционное растениеводство, энтомология и здоровье. - Симферополь. - 2002. - С. 250-253.

5. Літун П.П., Корчинський А.А., Коломацька В.П. Кількісна генетика, біометрія і комп'ютерні технології в теорії і практиці селекції. // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. - Київ: Логос, 2001. - 2. - С. 81-97.

6. Корчинський А.А. Становлення еволюційної синтетичної теорії адаптації рослин. // Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть. - Київ: Логос, 2001. - 2. - С. 48-61.

*Представлено М. В. Роїком
Надійшла 26.06.2004 р.*

ТЕОРЕТИЧНІ АСПЕКТИ МОДЕЛЮВАННЯ СОРТІВ АДАПТИВНОЇ ОРІЄНТАЦІЇ

А. А. Корчинський, Л. К. Тараненко¹

Інститут цукрових буряків УААН,
Україна, м. Київ, вул.Клінічна, 25,
e-mail: izb uaan@sabbo.Kiev.ua
Інститут землеробства УААН.

Україна, Київська обл.,
Києво-Святошинський р-н, с. Чабани

Генетичне моделювання біологічного об'єкту матеріалізує ідею оптимальності генетичних систем у контрольованому процесі їх фенотипової реалізації.

Ключові слова: адаптація, сорт, модель, генетична система, реакція.

DTHEORETICAL ASPECTS OF MODELLING GRADES OF ADAPTIVE ORIENTATION

A. A. Korchinskij, L. K. Taranenko¹

Institute for sugar beets of the UAAS,
Ukraine, Kiev, street. Clinical, 25,
e-mail: izb uaan@sabbo.Kiev.ua

¹Institute of agriculture of the UAAS,
Ukraine, Kyiv oblast, Kyiv-Svjatoshyn district,
Chabany

Genetic modeling of a biological object materializes the idea of optimality of genetic systems in a controlled process of their phenotypic realization.

Key words: adaptation, a grade, model, genetically system, reaction.

Гібридизацію цих запилювачів проводили на клумбах вільного переапилення за методом двотестерного топкросу. Материнськими формами гібридів служили вітчизняна лінія ЧС 84 - компонент гібриду Іванівсько-Веселоподільський ЧС 84 і лінія KWS MOS 05130 іноземної селекції. Випробування батьківських форм і їх топкросних ЧС гібридів проводили методом рендомізованих блоків за загальноприйнятою методикою. Елементи продуктивності оцінювали на фоні групового стандарту, до якого входили чотири гібриди: Український ЧС 70, Ялтушківський ЧС 72, Іва-

нівсько-Веселоподільський ЧС 84 - сорт місцевої селекції Веселоподільський 29.

Оцінку домінантності, яка характеризує ступінь фенотипового вираження елементів продуктів у гібрид першого покоління, визначали з формулою Бейла-Аткінса [4].

Результати та обговорення

Власна врожайність запилювачів відібраних за напрямом Е, склал 96,4...108,0 % до групового стандарту, власна цукристість їх перевищувала груповий стандарт на 07...6,6 % (рис. 1). ЧС компоненти незалежно ві

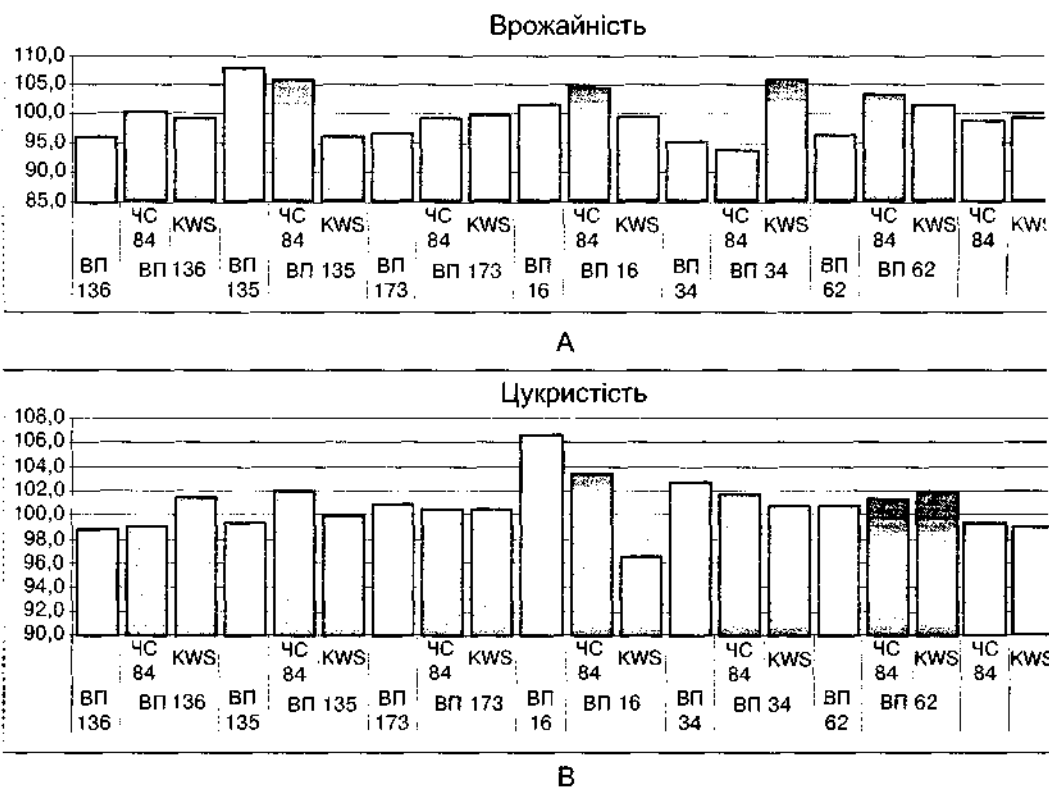


Рисунок 1. Реакція запилювачів ВПДСС на схрещування з ЧС формами за ознакою врожайності (А) і цукристості (В)

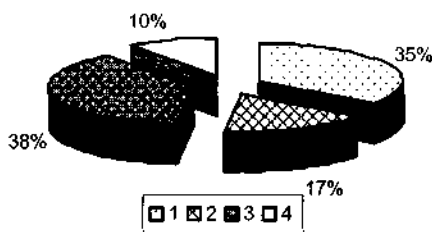
походження характеризувалися врожайністю і цукристістю на рівні стандарту. Запилювачі обох напрямів добору виявили неоднозначну реакцію на схрещування з пилкостерильними формами. За врожайністю чотири гібриди від схрещування з ЧС 84 проявили гетерозис (h_r коливалася від 1,74 до 5,09), один гібрид - проміжне успадкування ($h_r = 0,58$), і один гібрид проявив депресію ознаки. За цукристістю лише в двох гібридах проявився гетерозис, в інших - проміжне успадкування. При схрещуванні з KWS MOS 05130 також чотири гібриди за врожайністю переважали значення обох батьківських форм, проте один гібрид успадкував ознаку за типом від'ємного домінування, а один гібрид також виявив депресію. За цукрис-

До запилювачів веселоподільської селекції, створених шляхом індивідуально-родинного добору, необхідно підбирати комплементарні ЧС форми які забезпечують високу продуктивність за показником "збір цукру". Застосовуючи двохфакторний дисперсійний аналіз, оцінили істотність відмінностей між гібридами. За обома елементами продуктивності вони виявилися істотними: за врожайністю $F_{\text{факт}} = 3,89 > F_{\text{теор}} = 1,98$, за цукристістю $F_{\text{факт}} = 4,32 > 1,98$.

Відмінності між гібридами були обумовлені генотипово, і залежали від різних типів алельних взаємодій. Частки впливу генотипових факторів на формування елементів продуктивності (фенотип) представлені на рис. 2.

За ознакою врожайності внесок

Б
Частка впливу факторів на вираження ознаки врожайності: 1-запилювачів, 2-ЧС ліній, 3-СКЗ, 4-випадкових



А
Частка впливу факторів на вираження ознаки врожайності: 1-запилювачів, 2-ЧС ліній, 3-СКЗ, 4-випадкових

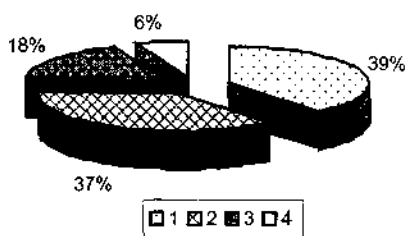


Рисунок 2. Частки впливу генотипових факторів на фенотипове вираження ознаки врожайності (а) і цукристості (б) у ЧС гібридів

тістю у гібридів на основі ЧС лінії іноземного походження спостерігали гетерозис, депресію і проміжний тип.

За інтегральним показником "збір цукру" найкращими виявилися гібриди ЧС 84 x ВП 135 і ЧС 84 x ВП 16, які показали відповідно 108,2 і 108,0 % до групового стандарту.

ефектів адитивних генів запилювачів у два рази перевищував такий показник ЧС форм (35 % проти 17 %) і був майже рівним частці ефектів взаємодії компонентів (38 %). Фенотипове вираження ознаки цукристості у гібридів першого покоління однаковою мірою залежало як від батьківського

(39 %), так і материнського (37 %) компоненту. Частка взаємодії обох батьківських форм, що репрезентує аallelну дію генів виявилася вдвічі меншою і склала 18 %.

Ефекти загальної комбінаційної здатності (ЗКЗ) за елементами продуктивності представлені на рис. 3.

тичною комплементарністю до ЧС форм. Дві лінії цукристого напрямку також не виявили доброї адитивної дії у гібридах.

Висока продуктивність гібридів обумовлена, як адитивною, так і неадитивною взаємодією генів [5]. Ефекти специфічної комбінаційної

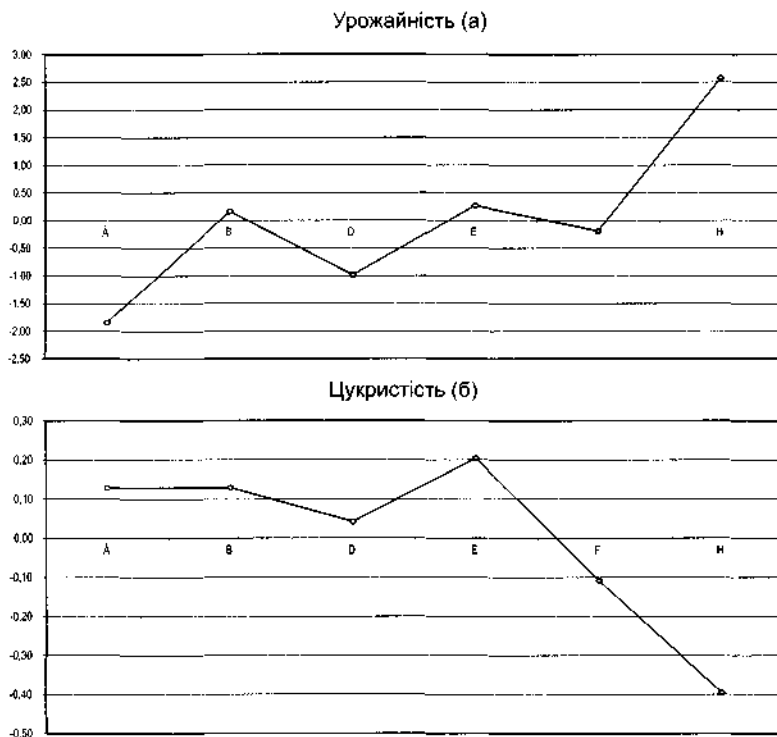


Рисунок 3. Ефекти ЗКЗ за елементами продуктивності запилювачів: а - за врожайністю, б - за цукристістю

Найвищим ефектом ЗКЗ за врожайністю характеризувалася популяція ВП 62 ($g_j = 2,57$), проте вона мала низьку ($g_j = -0,4$) ЗКЗ за цукристістю. Комбінаційно цінна за цукристістю лінія ВП 16 ($g_j = 0,20$) за ознакою врожайності суттєво не відрізнялася від середнього популяційного значення. Лінії врожайного напрямку добору не характеризувалися доброю гене-

здатності (СКЗ) характеризують неадитивну дію і показують, наскільки значення у конкретних гібридних комбінаціях можуть бути вищими, або нижчими від середнього значення гібридів за участю даної лінії (табл.).

З ЧС формою вітчизняного походження за ознакою врожайності найкраще комбінувалися популяції ВП 135 і ВП 16, з ЧС лінією KWS MOS 05130 -

Таблиця. Ефекти СКЗ (S_{ij}) популяцій - запилювачів і їх дисперсії за елементами продуктивності

Запилювач	Ефекти СКЗ за врожайністю, цукристістю та їх дисперсії					
	врожайність			цукристість		
	з ЧС ІВП 84	з ЧС KWS MOS	дисперсія	з ЧС ІВП 84	з ЧС KWS MOS	дисперсія
ВП 136	-0,47	+0,47	0,44	-0,21	+0,21	0,09
ВП 135	+1,58*	-1,58	4,99	+0,06	-0,06	0,01
ВП 173	0,43	-0,43	0,37	-0,07	+0,07	0,01
ВП 16	+1,72*	-1,72	5,89	+0,24*	-0,24	0,11
ВП 34	-2,30	+2,30*	10,54	+0,03	-0,03	0,0
ВП 62	-0,96	+0,96	1,84	-0,04	+0,04	0,0
Середня варіанса СКЗ			1,37	Середня варіанса СКЗ		0,01

* - істотно на 5 % рівні значущості

запилювач ВП 34. Істотну СКЗ за цукристістю виявила лише популяція ВП 16 ($S_{ij} = 0,24$). Таким чином, популяція запилювач ВП 16 завдяки добрій генетичній комплементації за алельними генами, що обумовлюють врожайність і цукристість з пилкостерильною формою вітчизняного походження ЧС 84 ІВП 84 показала високі значення у гібриді. Врожайність гібриду ЧС ІВП 84 х ВП 16 склала 104,5, а цукристість - 103,4 % до групового стандарту (див. рис. 1).

Відповідно інтегральний показник "збір цукру", що залежить від двох складових, детермінованих генетично, у цього гібриду був високим і склав 108 % до групового стандарту.

У гібриді ЧС ІВП 84 х ВП 135 високий збір цукру (108,2 % до групового стандарту) був обумовлений, перш за все, високим істотним ефектом СКЗ за врожайністю ($S_{ij} = 1,58$) при цукристості компонентів, яка не відрізнялася від середньопопуляційного рівня. Таким чином, продуктив-

ність гібридів більшою мірою залежить від комбінаційної здатності компонентів схрещування, ніж від їх власної продуктивності.

Висновок

Запилювачі веселоподільської селекції, диференційовані за напрямками добору Е і Z, виявили кращу реакцію на схрещування з пилкостерильною формою ЧС ІВП 84 вітчизняного походження у порівнянні з лінією KWS MOS 05130 іноземної генплазми. В їх селекції основну увагу слід приділяти комбінаційній здатності, а не власній продуктивності. Популяція ВП 16 характеризується поєднанням високої комбінаційної здатності за ознаками врожайності і цукристості, що забезпечує високий збір цукру у гібриді. Запилювач ВП 62 з високою ЗКЗ за врожайністю, може бути покращеним шляхом добору за фенотипом. До схрещування із запилювачами веселоподільської селекції необхідно залучити широкий набір ЧС

форм для підбору комплементарних пар.

Перелік літератури

1. Власюк І. В. Генотипова мінливість елементів продуктивності ЧС гібридів цукрових буряків, створених з використанням запилювачів веселоподільської селекції: Автореф. дис. канд. с/г наук: 06.01.05 / Інститут землеробства УААН.- К., 2000. - С. 18.
2. Власюк І. В., Власюк В. І., Корнєєва М. О., Ермантраут Е. Р. Генетичні особливості вихідних форм для створення ліній-запилювачів цукрових буряків // Цитологія і генетика. - 1998. - №4. - С. 22-26.
3. Фалатюк Л. В., Корнєєва М. О. Масовий добір у популяціях запилювачів уладівської генплазми і його значення в комбінаційній селекції цукрових буряків//Збірник наукових праць. - К: ІЦБ УААН. - вип. 5. - 2003. - С. 60-65.
4. Beil G. M., Atkins R. E. Inheritance of quantitative characters in grain sorghum // Iowa State Y. Saence. - 1965. - 39, N3. - P.165-179.
5. Тарутіна Л. А., Хотылева Л. В. Взаимодействие генов при гетерозисе. - Минск: Наука і техника, 1990. - С. 173.

Представлено М. В. Роїком
Надійшла 20.06.2004 р.

НАСЛЕДОВАНИЕ ЭЛЕМЕНТОВ ПРОДУКТИВНОСТИ ТОПКРОССНЫХ МУЖКОСТЕРИЛЬНЫХ ГИБРИДОВ САХАРНОЙ СВЕКЛЫ

М. А. Корнєєва, Э. Р. Эрмантраут,
М. В. Власюк

Институт сахарной свеклы,
Украина, г. Киев, ул. Клиническая, 25,
e-mail: izb_uaan@sabbo.kiev.ua

Определена комбинационная способность опылителей веселоподольской селекции,

полученных путем многократных индивидуально-семейственных отборов. Отобрано генетически ценную популяцию ВП 16, которая совмещает высокие эффекты комбинационной способности по урожайности и сахаристости одновременно. Оценены пыльцестерильные тестеры разного происхождения по реакции на скрещивания с многосемянными опылителями. Лучшим оказался тестер ивановской селекции МС ИВП-84. Лучшие гибридные комбинации по сбору сахара превышали групповой стандарт на 3,4...8,2%. Определена стратегия дальнейшей селекционной работы с опылителями веселоподольской генплазмы. *Ключевые слова:* опылители, урожайность, сахаристость, оценка доминантности, комбинационная способность

INHERITANCE OF ELEMENTS OF EFFICIENCY TOPKROSS MS HYBRIDS OF SUGAR BEET

M. A. Korneyeva, E. R. Ermantraut,
M. V. Vlasjuk

Institute for sugar beet,
Ukraine, Kiev, Klinical str., 25,
e-mail: izb_uaan@sabbo.kiev.ua

The combining ability pollinators of Vesely-Podol gene plasma differentia according to ing and sugar types through multiple individual - family selections was studied.. It is selected genetically valuable population ВП 16 which combines high effects of a combining ability on productivity and sugariness simultaneously. Are appreciated testers of a different origin on reaction to crossings with polyspermous pollinators. The best appeared a teler of ivanovo selection MS IVP 84. The best hybrid combinations under the tax of Saccharum exceeded the group standard on 3,4 ... 8,2 %. Strategy of the further selection work with pollinators of Vesely-Podol is defined.

Keywords: pollinators, productivity, sugariness, an assessment of a dominaria, combination ability

УДК 581.169:581.141:582.475

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ДЕРЕВЬЕВ СОСНЫ ГОРНОЙ (*PINUS MUGO TURRA*) СО ЗНАЧИМЫМИ ОТЛИЧИЯМИ В ПОКАЗАТЕЛЯХ СЕМЕНОШЕНИЯ

И. И. КОРШИКОВ, Я. В. ПИРКО

Донецкий ботанический сад НАН Украины,
Украина, Донецк, пр. Ильича, 110

На основе анализа изменчивости 21 аллозимного локуса изучены генетические особенности существенно различающихся по семенной продуктивности растений *Pinus mugo Turra* из природных популяций высокогорья Украинских Карпат. Выборка деревьев с высокой продуктивностью полных семян характеризовалась наибольшими значениями ожидаемой ($H_e=0,263$) и наблюдаемой ($H_o=0,316$) гетерозиготности, достоверно превосходя по последнему показателю на 17 - 21,4% выборки деревьев с минимальной продуктивностью полных и максимальной - нежизнеспособных семян.

Ключевые слова: природная популяция, *Pinus mugo Turra*, семенная продуктивность, генетические особенности

Введение. Искусственное лесоразведение проводится сеянцами, выращенными из семян, как правило, собранных с растений лесосеменных участков или плантаций. При закладке таких плантаций нередко теряется генетическое разнообразие, присущее природным популяциям вида из-за того, что используемые на этом этапе селекционно-семеноводческих работ плюсовые деревья часто не проходят необходимой предварительной генетической оценки [1]. Эти потери в последующем могут сказаться на устойчивости и продуктивности искусственных лесонасаждений. Значительное повышение их долговечности и продуктивности может быть достигнуто, если закладка насаждений производилась генетически улучшенным посадочным материалом. В многовариантности приемов селекционно-генетического улучшения искусственных лесов важное место принадлежит выведению форм лесных древесных растений с определенным уровнем гетерозиготности [2]. Вероятно, что этот уровень гетерозиготности должен быть близок к оптимальной адаптивной норме вида.

На первом этапе селекционно-семеноводческих работ с хвойными:

© И.И. КОРШИКОВ, Я.В. ПИРКО, 2004

растениями необходимо не только выделить плюсовые деревья в природных популяциях, но и определить способность этих растений формировать урожай полноценных семян. Для хвойных характерна высокая индивидуальная изменчивость по семенной продуктивности и качественному составу семян. В урожае отдельных деревьев нередко присутствует значительное количество пустых и недоразвитых семян [3]. Мелкие недоразвитые семена, отделяющиеся с крылатками от чешуй зрелых шишек видов рода *Pinus L.*, - результат гибели опыленных семяпочек, не сформировавших в ходе развития архегониев. Пустые семена, образующиеся после оплодотворения на эмбриональном этапе развития женского гаметофита, имеют семенную кожуру обычных размеров [3, 4]. Избыточную пустосемянность отдельных растений рассматривают как возможное выражение генетического груза, как следствие гомозиготации летелей и полулетелей в семенном потомстве гетерозиготных материнских растений [5]. В этой связи изучение взаимосвязи между индивидуальной гетерозиготностью растений и их семенной продуктивностью важно не только в плане прикладных селекционных проблем, но и для выяснения фундаментальных генетических причин, обуславливающих заметные различия между растениями как в продуктивности семян, так и в их качественных отличиях.

Цель работы - выяснение генетических особенностей растений в популяциях сосны горной (*Pinus mugo Turra*) с высокой и низкой продуктивностью полнозернистых и нежизнеспособных семян.

Материалы и методы

В самостоятельной экспедиции в Украинских Карпатах были собраны шишки со 100 - 120 летних растений *P. mugo* в четырех близко расположенных популяциях Черногорского хребта. С каждого из 71 растений, задействованных в этом эксперименте, собирали по 10 - 20 и более зрелых шишек. Линейные размеры шишек, а также репродуктивные показатели - общее число чешуй, количество чешуй в фертильном ярусе, число полных, пустых и недоразвитых семян - изучали не менее чем у 5 случайно отобранных с каждого растения шишек. Количество опыленных семяпочек в шишках выясняли по сумме ее семян всех трех категорий, а оплодотворенных семяпочек - по сумме полных и пустых семян [3, 4].

Для определения генотипа материнского растения в качестве молекулярных маркеров использовали изоферменты 10 ферментных систем, которые экстрагировали из эндоспермов семян. Электрофорез этих экстрактов с 7 - 8 семян каждого растения проводили в вертикальных пластинках 7,5% полиакриламидного геля. Методика экстракции ферментов, их электрофоретическое разделение, гистохимическое окрашивание, обозначение локусов и аллелей, а также статистические методы расчетов основных показателей генетического полиморфизма подробно описаны в предыдущей нашей публикации [6].

Результаты и обсуждение

В ходе исследований растений четырех природных популяций *P. mugo* в Украинских Карпатах были выделе-

Таблица 1. Количественные характеристики семеношения у альтернативных по его показателям выборкам растений сосны горной из природных популяций Украинских Карпат

N п/п	Выборка растений по категориям семян и их количеству в шишке	Количество деревьев	Линейные размеры шишек, см		Количество чешуй в шишке, шт.	Количество семян в шишке, шт.		
			длина	толщина		общее	в фертильном ярусе	полных
1	С максимальным количеством полных семян в шишке	11	30,4±1,3	17,7±0,4	33,9±1,1	18,8±2,8	7,6±0,5	2,6±2,0
2	С минимальным количеством полных семян в шишке	6	26,3±1,5	15,6±0,6	29,4±2,6	1,6±0,2	6,5±0,9	0,8±0,5
3	С максимальным количеством полных и пустых семян в шишке	14	31,6±0,9	19,3±0,4	37,5±0,9	16,4±1,3	15,4±1,3	2,5±0,6
4	С максимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	16	30,2±0,09	18,2±0,4	36,0±0,8	8,6±1,0	13,1±0,9	3,5±1,0
5	С минимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	13	28,4±0,7	16,6±0,5	30,2±1,0	4,9±0,5	4,5±0,5	0,8±0,6
6	Среднее для общей совокупности изучаемых растений	71	29,0±0,4	17,5±0,2	33,5±0,6	9,5±0,9	9,1±0,6	2,2±0,5

является главной причиной пониженного выхода полных семян в других выборках растений *P. tugo*. Так, например, в выборке растений с наибольшей долей опыленных семяпочек (№3) 48,3% из числа оплодотворенных коллапсируют на эмбриональном этапе их развития. В то время как в выборке с максимальным выходом полных семян (№1) доля погибших семяпочек на этом этапе развития была на 19,5% ниже. Максимальная гибель оплодотворенных семяпочек - 80,2% - отмечена в выборке растений с минимальным выходом полных семян. У растений с максимальным количеством пустых и недоразвитых семян (№4) доля погибших оплодотворенных семяпочек составила 60,4%. В целом для *P. tugo* свойствен высокий процент гибели оплодотворенных семяпочек, который для изучаемых популяций составил 48,9%. Следовательно, выход полных семян у растений *P. tugo* зависит не только от доли опыленных семяпочек, но и по всей видимости от генетических особенностей материнских и отцовских гамет. Сравнение выборок №1 и №3 со всей очевидностью подтверждает это предположение. В первой выборке повышенное опыление семяпочек приводит к образованию высокого количества полных семян, а во втором случае - к высокому выходу полных и пустых семян. Образование пустых семян связывают с генетической несовместимостью между эндоспермом и развивающимся зародышем [7].

У хвойных эндосперм семени формируется из одной материнской мегаспоры [8], а значит генетические причины пустосемянности должны быть связаны с генотипическими осо-

бенностями материнского растения. В связи с этим были изучены генетические особенности 73 изучаемых растений. В совокупной выборке выявлено 52 аллеля и 73 генотипа 21-го анализируемого локуса (табл. 2). При этом наибольшее количество аллелей и генотипов обнаружено не в самой представительной по числу растений выборке (№1) с максимальным выходом полных семян. В этой выборке и, особенно, в выборке №5 отмечено наибольшее представительство редких аллелей и генотипов. При попарном сравнении выборок аллельная и генотипическая гетерогенность отмечена в большинстве пар и свойственна 1-3 полиморфным локусам.

Изучаемые выборки растений имеют определенные отличия в значениях основных показателей генетического полиморфизма (табл. 3). Доля полиморфных локусов в совокупной выборке составляет 71,4%, при этом в 4 из 5 отдельных выборок она меньше. Выборке растений с минимальным количеством пустых и недоразвитых семян свойственна наименьшая доля полиморфных локусов - 57,1% и наиболее высокое положительное значение индекса фиксации Райта, свидетельствующее об избытке гомозигот. Растения с максимальным выходом полных семян выделяется своей генетической уникальностью. Им свойственно наибольшее среднее число аллелей на локус, наиболее высокие значения наблюдаемой и ожидаемой гетерозиготности и высокое отрицательное значение индекса фиксации Райта, указывающее на избыток гетерозигот в этой выборке. По уровню наблюдаемой гетерозиготности растения

Таблица 2. Число аллелей и генотипов в выборках растений сосны горной из Украинских Карпат с различной продуктивностью семян разных категорий на одну шишку

№	Выборка растений по категориям семян и их количеству в шишке	Количество деревьев, шт.	Число аллелей		Число генотипов	
			общее	встречающихся только в одной выборке	общее	встречающихся только в одной выборке
1	С максимальным количеством полных семян в шишке	11	45	1	54	2
2	С минимальным количеством полных семян в шишке	6	36	0	41	1
3	С максимальным количеством полных и пустых семян в шишке	14	41	0	49	0
4	С максимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	16	42	0	51	0
5	С минимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	13	40	4	52	7
6	Среднее для общей совокупности изучаемых растений	71	52	0	73	0

первой выборки существенно превосходят все остальные, включая и совокупную. Значимые отличия в ожидаемой гетерозиготности свойственны двум выборкам растений с максимальным количеством полных семян - максимальным количеством полных и пустых семян. Эти факты еще раз подтверждают решающее значение генетических особенностей материнских растений в формировании избыточной пустосемянности. Хорошо опыляемые высокогетерозиготные растения, в отличие от низкогетерозиготных растений *P. mugo*, продуцируют значительно меньшее количество нежизнеспособных семян. В подобных исследованиях с выборка-

ми растений сосны обыкновенной из равнинных популяций на территории Украины прослеживалась обратная зависимость [9]. В этом, по всей видимости, проявляется видовая специфика недавно расселившейся в Украинских Карпатах сосны горной и аборигенной для Украины сосны обыкновенной, вероятно, имеющей большой генетический груз. Как правило, полнозернистые семена растений с высокой долей пустосемянности характеризуются более низкой всхожестью и энергией прорастания, чем полноценные семена растений с низким количеством пустых семян в шишках [10].

Генетическая дистанция между

отдельными сравниваемыми выборками растений *P. tugo* была высокой. Значения коэффициентов генетической дистанции Нея (DN) варьировали в пределах 0,007 - 0,030, достигая уровня межпопуляционных разли-

для второй - 0,024. Все это свидетельствует о том, что эти две выборки растений *P. tugo* имеют наиболее существенные генетические отличия от остальных изученных выборок. Эти факторы подтверждают заключение

Таблица 3. Значение основных показателей генетической изменчивости в выборках растений сосны горной Украинских Карпат с максимальным и минимальным количеством полных, пустых, недоразвитых семян в одной шишке

N, n/p	Выборка растений по категориям семян и их количеству в шишке	Значения коэффициентов				Индекс фиксации Райта, F
		Доля полиморфных локусов, P ₉₉	Среднее число аллелей на локус, A ₀	Средняя гетерозиготность		
				ожидаемая, H _e	наблюдаемая, H _o	
1	С максимальным количеством полных семян в шишке	0,667	2,143	0,263±0,023	0,316±0,024	-0,202
2	С минимальным количеством полных семян в шишке	0,619	1,714	0,200±0,031	0,214±0,031	-0,070
3	С максимальным количеством полных и пустых семян в шишке	0,667	1,952	0,184±0,019	0,170±0,019	0,076
4	С максимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	0,714	2,000	0,224±0,019	0,208±0,019	0,071
5	С минимальным количеством пустых и недоразвитых семян в шишке	0,571	1,905	0,210±0,019	0,190±0,019	0,095
6	Среднее для общей совокупности анализируемых растений	0,714	2,476	0,228±0,009	0,215±0,009	0,057

чий этого вида в исследуемом районе Украинских Карпат [6]. Наиболее высокие значения DN были свойственны двум выборкам растений с высоким и низким выходом полных семян. Среднее значение D_N для первой выборки составляло 0,023, а

Т.П. Некрасовой [3] о генетической предопределенности индивидуального признака числа семян в шишках хвойных.

Таким образом, индивидуальная гетерозиготность растений *P. tugo* в 26 - 32% является оптимальной для

формирования урожая полных семян в Украинских Карпатах. Гетерозиготность этих растений выше, чем среднепопуляционная (21,5 - 22,8%). У растений *Pinus sylvestris* L. с высокой продуктивностью полноценных семян в природных популяциях на территории Украины средняя гетерозиготность составляла 21 - 22%, что было на 1 - 2% меньше, чем в совокупной выборке изучаемых деревьев [9]. Очевидно, что хорошее опыление высоко- и низкогетерозиготных растений *P. mugo* в природных популяциях Украинских Карпат способствует формированию в их шишках повышенного количества полных семян. Однако в структуре урожая семян низкогетерозиготных растений доля пустых семян в 2 раза выше, чем у высокогетерозиготных растений. Следовательно, при создании лесосеменных плантаций *P. mugo* необходимо ориентироваться на высокогетерозиготные растения, что должно способствовать получению более полноценного урожая семян.

Список литературы

1. Шигалов З. Х. Сравнительный генетический анализ лесосеменных плантаций и природных популяций сосны обыкновенной // Лесоведение. - 1995. - № 3. - С. 19-24.
2. Ирошниковым А. И., Белобородовым В. М., Ефимовым Ю. П. и др. Концепция генетического улучшения лесов России // Лесоведение. - 1995. - №3. - С. 3-7.
3. Некрасова Т. П. Изменчивость числа семян в шишках сосны от опыления // Лесоведение. - 1986. - № 1. - С. 38-42.
4. Романовский М. Г. Гаметофитная смертность семяпочек сосны обыкновенной // Генетика. - 1989. - 25, №1. - С. 99-107.
5. Коски В. Пустые семена - часть выраженного генетического груза // Половая репродукция хвойных: Материалы I-го Всесоюз. симпоз. - Новосибирск: Наука.

- Сибир. отд., 1973. - Ч. II. - С. 23-30.
6. Коршиков И. И., Пирко Я. В. Генетическая изменчивость и дифференциация болотных и суходольных популяций сосны горной (*Pinus mugo* Turra.) в высокогорье Украинских Карпат // Генетика. - 2002. - 38, № 9. - С. 1235-1241.
 7. Кузнецова Н. Ф. Генетическая система несовместимости и ее проявление у сосны обыкновенной // Лесоведение. - 1996. - №5. - С. 27-33.
 8. Рейвн П., Сварт Р., Айкхорн С. Современная ботаника. - М.: Мир, 1990. Т. 1. - 348 с.
 9. Коршиков И. И., Терлыга Н. С., Бычков С. А. Популяционно-генетические проблемы дендротехнологической интродукции (на примере сосны крымской). - Донецк: ООО "Лебедь", 2002. - 328 с.
 10. Коршиков И. И., Калафат Л. А. Сравнительное изучение аллозимного полиморфизма в группах деревьев сосны обыкновенной (*Pinus sylvestris* L.) с разной семенной продуктивностью // Цитология и генетика. - 2004. - 38, №2. - С. 9-14.

Представлено В. Г. Михайловим
Надійшла 12.07.2004 р.

ГЕНЕТИЧНІ ОСОБЛИВОСТІ ДЕРЕВ СОСНИ ГІРСЬКОЇ (*PINUS MUGO TURRA*) ІЗ ЗНАЧУЩИМИ ВІДМІННОСТЯМИ У ПОКАЗНИКАХ НАСІННЄВОСТІ

І. І. Коршиков, Я. В. Пірко

Донецький ботанічний сад НАН України,
Україна, Донецьк, пр. Ілліча, 110,
e-mail: herb@herb.dn.ua

На підставі аналізу мінливості 21 аллозімного локусу вивчено генетичні особливості рослин *Pinus mugo* Turra в природних популяціях високогір'я Українських Карпат, що суттєво різняться за насінневою продуктивністю. Вибірка дерев з високою продуктивністю повного насіння характеризувалася найбільшими значеннями очікуваної ($H_e=0,263$) та фактичної ($H_o=0,316$) гетерозиготності, вірогідно перевищуючи за останнім показником на 17 - 21,4% вибірки дерев з мінімальною продуктивністю повного та максимальною - нежиттєздатного насіння

Ключові слова: природна популяція, *Pinus*

mugo Turra. насіннева продуктивність, генетичні особливості

GENETIC PECULIARITIES OF PINUS MUGO TURRA TREES WITH SIGNIFICANT DIFFERENCES IN SEMINIFICATION INDICES

I. I. Korshikov, Ya. V. Pirko

Donetsk Botanical Gardens of the National Academy of Sciences of Ukraine,
Ukraine, Illich avenue 110, Donetsk,
e-mail: herb@herb.dn.ua

On the basis of variability analysis of 21 allozy-

mous loci, the genetic peculiarities of significantly differing by seed productivity *Pinus mugo* Turra plants from the altitudes of Ukrainian Carpathians natural populations have been studied. The sample of trees with high productivity of full-grained seeds characterized by the greatest values of expected ($H_e=0,263$) and observed ($H_o=0,316$) heterozygosity validly excelling in the last index tree samples with minimal productivity of full-grained and maximum productivity of non-vital seeds by 17 - 21%.

Key words: natural population, *Pinus mugo* Turra, seed productivity, genetic peculiarities.

УДК 631.52:635.655

ІНДЕКСНІ ПОКАЗНИКИ, ЇХ МІНЛИВІСТЬ ТА ВИКОРИСТАННЯ В СЕЛЕКЦІЇ СОЇ

В. Г. МИХАЙЛОВ, Л. С. РОМАНЮК, О. З. ЩЕРБИНА

Інститут землеробства УААН,
Україна, Київська обл,
Києво-Святошинський р-н, смт Чабани

На підставі проведених досліджень запропоновано для відбору високопродуктивних рослин індекс росту (відношення висоти рослин до товщини основи стебла), який виявився більш стабільний і достовірний, ніж збиральний індекс і мав достатньо високу від'ємну кореляційну залежність не тільки з масою насіння з рослини в популяціях гібридів четвертого покоління (-0,38-0,60), а й у сортів (-0,33-0,83), а також з іншими показниками, які корелюють з продуктивністю рослин.

Ключові слова: соя, селекція, індекс росту, збиральний індекс, гібридні популяції, сорти

Вступ. Всі елементи продуктивності взаємопов'язані між собою, тому відбір лише за одним з них, обумовлює низьку ефективність в селекції на підвищення урожайності. В зв'язку з цим загально-визнаним фактом, проводиться вивчення критеріїв непрямой оцінки продуктивності. Цей підхід був розвинений в оцінці генотипів методом селекційних індексів (С. П. Мартинов, В. А. Крупнов [1], М. А. Федін, Д.Я. Сідіс, А. В. Сміряєв [2], А. М. Чекалін, В. Н. Алпатьєв [3]. Рекомендації по відбору елітних рослин в гетерогенних популяціях за допомогою простих індексних показників - маса насіння та кількість бобів, що припадають на один вузол пропонують В. Н. Алпатьєв [4], А. О. Бабич, В. Ф. Петриченко, С. В. Іванюк [5].

Найбільш вивченим та використовуваним в практичній селекції вважається збиральний індекс, який вираховується як відношення маси насіння до загальної надземної маси рослини. Про високу його ефективність свідчать роботи R. I. Buzzel, B. R. Buttery, [6], S. L. Ahuja, H. K. Chowdhury [7]. Проте, існує інша думка, яка вказує на низьку ефективність відбору по продуктивності за величиною збирального індексу. Одержані дані досить неоднозначні і потребують подальшого дослідження.

© В.Г. МИХАЙЛОВ, Л.С. РОМАНЮК, О.З. ЩЕРБИНА, 2004

Матеріали і методи

Дослідження проводились в дослідному господарстві "Чабани" Інституту землеробства УААН. Гібриди F_2 висівали в гібридному розсаднику по три насінини в лунку квадратно-гніздовим способом з міжряддям 45x45 по схемі: материнська форма, F_2 , батьківська форма. Посів гібридів третього і наступних поколінь проводили за тією ж схемою селекційною сівалкою широкорядним способом з міжряддям 45 см з довжиною рядка 3 м, по 60 насінин в рядку.

Об'єктом досліджень були гібридні популяції сої другого, третього та четвертого поколінь, одержані від схрещування сортів: Л-3773/85 та Київської скоростиглої, Юг-30 та Київської 27, Білосніжки та Жемчужної, Білосніжки та Київської скоростиглої.

Результати та обговорення

В F_2 межі варіації збирального індексу були значно ширшими, ніж у батьківських форм. Коефіцієнт варіації збирального індексу у батьківських форм був незначним - від 3,4% (Юг-30) до 8,4% (Л-3773/85). У гібридів даний показник був вищим, він знаходився в межах від 7,4% (Білосніжка / Київська скоростигла) до 15,7% (Білосніжка / Жемчужна).

Середнє значення збирального індексу було проміжним у комбінації Юг-30 / Жемчужна, на рівні батьківських форм - в комбінації Білосніжка / Жемчужна та нижчим від показника в обох батьків в комбінації Білосніжка / Київська скоростигла. У гібридів комбінації Л-3773/85 / Київська скоростигла середнє значення збирального індексу наближалось до

максимального у батьків (Київська скоростигла).

Генотипів, які переважали кращій показник у батьків виділено 2-3%. Форм, з низькими значеннями збирального індексу (менше 0,39) було 2-10%. Гібриди третього покоління за середніми значеннями збирального індексу були проміжними між батьківськими формами в комбінаціях Л-3773/85 Київська скоростигла та Білосніжка Жемчужна.

В комбінації Юг-30 / Київська 27 середнє значення збирального індексу у гібридів було на рівні батьківської форми з його меншим значенням (0,50 у Юг-30).

А в комбінації Білосніжка / Київська скоростигла даний показник був нижчим ніж в батьківських форм (0,50 при 0,51 та 0,53 у батьків). Середні значення збирального індексу у гібридів другого та третього покоління були схожими.

Коефіцієнт варіації збирального індексу був нижчим, ніж в другому поколінні, але вищим, ніж в відповідних батьківських форм. Він знаходився в межах від 7,4% (Білосніжка, Київська скоростигла) до 11,9% (Л-3773/85 / Київська скоростигла).

В F_3 в комбінації Л-3773/85 / Київська скоростигла виділилась значна частка рослин - 23% зі збиральним індексом вищим, ніж у кращої батьківської форми, тоді як у інших комбінацій таких рослин було не більше 1%. Частка фенотипів з меншими, ніж у батьківських форм значеннями ознаки складала від 1 до 12% (у комбінації Білосніжка / Жемчужна).

В четвертому поколінні середнє значення збирального індексу було проміжним між середніми значеннями у батьків комбінації F_2 Л-

3773/85 / Київська скоростигла, нижчим ніж у батьківських форм - у комбінаціях Білосніжка / Жемчужна та Білосніжка / Київська скоростигла, а також на рівні батьківської форми з нижчим показником - в комбінації Юг-30 / Київська 27.

Коефіцієнти варіації збирального індексу в межах гібридних популяцій F_4 були дещо нижчими, ніж в третьому поколінні і змінювалися від 10,0% (в комбінації Юг-30 / Київська 27) до 11,3% (в комбінації Білосніжка / Жемчужна). По лініях коефіцієнт варіації збирального індексу змінювався ще в ширших межах (від 2,5 до 23,7%). В усіх комбінаціях зустрічалися лінії з коефіцієнтом варіації нижчим чи на рівні батьківських форм. Лінії були досить вирівняні за даним показником, але відрізнялися за іншими ознаками структури.

Основна частина гібридів четвертого (79-99%) була в межах розподілу батьківських форм за збиральним індексом із його числовим значенням від 0,4 до 0,54. Форм, які перевищували максимальний показник у батьківських найбільше - 9% виділилось в комбінації Юг-30 / Київська скоростигла. У інших комбінацій таких форм було 1-3%. Як і в попередніх поколіннях, у комбінації F_4 Білосніжка / Жемчужна, значну частку (18%) склали фенотипи із збиральним індексом, нижчим, ніж у відповідних батьківських форм. У інших комбінацій таких рослин було 2-5%. У всіх досліджуваних поколіннях комбінації Л-3773/85 / Київська скоростигла значну частину (5-20%) склали форми з збиральним індексом у межах батьківської форми з меншим показником (0,28-0,4).

Коефіцієнти успадкування збирального індексу в F_4 були в межах від

0,18 (Білосніжка / Жемчужна) до 0,43 (Білосніжка / Київська скоростигла), що свідчить про не досить високу ймовірність відбору продуктивних генотипів за цією ознакою в четвертому поколінні.

Отже, збиральний індекс у батьківських форм має незначну мінливість ($V < 10\%$). У гібридів F_2 коефіцієнт варіації цього показника був більшим, ніж у більш мінливої відповідної батьківської форми у 2,2-1,2 рази. У гібридів F_3 він був більшим порівняно з батьківськими формами у 2,0-1,2 рази, а у гібридів F_4 - у 1,4-1,3 рази. Найбільша кількість гібридів F_4 зі збиральним індексом вищим, ніж в кращої відповідної батьківської форми відмічалась у більш варіабельної за даною ознакою комбінації (Юг-30 / Київська 27). Коефіцієнт успадкування збирального індексу змінювався від 0,12 до 0,43.

Коефіцієнти кореляції маси насіння з рослини із збиральним індексом були нестабільними у гібридів другого та третього поколінь і становили відповідно від -0,02 до 0,22 та 0,07 до 0,15. У гібридів четвертого покоління даний показник був дещо вищим - від 0,25 до 0,46. У сортів він був також нестабільним і змінювався від -0,43 до 0,78.

Відмічений суттєвий від'ємний кореляційний зв'язок висоти рослини із збиральним індексом ($r = -0,20$ - -0,64, у гібридів -0,02 - -0,90 - у сортів). Така ж стійка негативна залежність відмічена у гібридів між збиральним індексом та тривалістю періоду вегетації з коефіцієнтом кореляції від 0,07 до -0,46.

У висоти до нижнього бобу із збиральним індексом існує певна від'ємна залежність ($r = -0,3$ - -0,60) у

гібридів, у сортів дана закономірність не підтверджена.

Кількість бобів на рослині із збиральним індексом корелює слабо. Також нестабільним і в більшості випадків слабким був кореляційний зв'язок кількості насінин з рослини із збиральним індексом як у гібридів, так і у сортів. Із даним показником кількість вузлів на головному стеблі мала переважно невисокий від'ємний зв'язок, у сортів він відзначався нестабільністю.

Отже, проведені дослідження свідчать, що між продуктивністю та збиральним індексом у гібридів F_4 існує пряmlinійна кореляційна залежність в основному середньої сили, у гібридів молодших поколінь такої залежності не виявлено. У батьківських форм сила взаємозв'язку між збиральним індексом і масою насіння з рослини залежить від сорту. Між збиральним індексом та вегетаційним періодом існує тісна лінійна постійна від'ємна залежність середньої сили. Тісний лінійний кореляційний зв'язок зворотній за напрямком середньої сили існує також між збиральним індексом та висотою рослини як для батьківських форм, так і для гібридів.

Так як збиральний індекс виявився суттєво мінливим у гібридів F_2 - F_4 , робились спроби знайти індексні показники, які були б менш мінливими від тих ознак, які складають продуктивність рослини, і в той же час, досить сильно пов'язаними з її елементами. Серед них виділився запропонований нами індекс росту (відношення висоти рослини до товщини основи її стебла).

Середні значення індексу росту в гібридних популяціях F_2 були в основному проміжними крім комбінації

Білосніжка / Жемчужна, де вони перевищили батьківську форму з вищим показником (80 при 46 і 79 у батьківських форм).

Коефіцієнти варіації батьківських форм за даною ознакою були невисокі (від 7,8% - у Юг-30, до 16,4% - у Л-3773/85). У гібридних популяціях F_2 коефіцієнти варіації індексу росту були в межах від 22,9% при середньоквадратичному відхиленні 1,1 (Білосніжка / Київська скоростигла) до 36,8% при середньоквадратичному відхиленні 2,4 (Л-3773/85 / Київська скоростигла).

В межах розподілу відповідних батьківських форм за даною ознакою відмічено від 74 (комбінація Білосніжка / Жемчужна) до 97% гібридів (Білосніжка / Київська скоростигла). В усіх комбінаціях виявлено форми з індексом росту, який перевищує максимальні його значення у батьків. Найбільша їх частка - 26 та 13% було відповідно в комбінаціях Білосніжка / Жемчужна і Л-3773/85 / Київська скоростигла, а в інших, таких рослин було 1-3%. Гібридів з індексом росту нижчим, ніж мінімальний у відповідних батьківських форм, не було виявлено в комбінаціях з материнським компонентом Білосніжка, у інших комбінацій таких рослин було від 3 (Л-3773/85 / Київська скоростигла) до 9% (Юг-30 / Київська 27).

У гібридів третього покоління середні значення індексу росту в комбінації Юг-30 x Київська 27 перевищували середні значення даного показника батьківських форм (76 - у Юг-30 та 83 - у Київської 27 відповідно).

У комбінаціях F_3 Білосніжка / Жемчужна та Білосніжка / Київська скоростигла вони були проміжними між значеннями батьківських форм. В

комбінації F₃ Л-3773/85 / Київська скоростигла середнє значення даного показника (81) було нижче середніх значень батьківських форм (82 - у Л-3773/85, та 96 - у Київська скоростигла). Межі варіації батьківських форм повністю входили в межі варіації гібридних популяцій. Коефіцієнт варіації індексу росту в батьківських форм був невисокий і знаходився в межах від 9,1 (Юг-30) до 13,9% (Жемчужна). В гібридних популяціях третього покоління коефіцієнти варіації індексу росту зменшились порівняно з другим поколінням і знаходились в межах від 20,5% при середньоквадратичному відхиленні 1,8 (Юг-30 / Київська скоростигла), до 25,6% при середньоквадратичному відхиленні 2,1 (Л-3773/85 / Київська скоростигла).

В четвертому поколінні середні значення індексу росту в усіх гібридних комбінаціях перевищували середні значення ознаки у батьківських форм, крім комбінації Л-3773/85 / Київська скоростигла, де даний показник мав проміжне значення (87), при значенні його в батьківських форм 90 (Л-3773/85) та 63 (Київська скоростигла). Коефіцієнти варіації індексу росту у батьківських форм були дещо вищі, ніж в попередньому році і мали значення в межах від 10,4 (Юг-30) до 18,1% (Л-3773/85).

У гібридних популяцій четвертого покоління коефіцієнти варіації індексу росту були вищими, ніж в гібридів і знаходились в межах від 23,0 (Юг-30 / Київська 27) до 27,7% (Л-3773/85 / Київська скоростигла). По лініях коефіцієнт варіації індексу росту змінювався в досить широких межах по всіх комбінаціях схрещування.

Коефіцієнт успадкування індексу росту найвищим був у комбінації Білосніжка х Жемчужна - 0,54, що свідчить про значний вміст генетичного фактору в загальній мінливості цієї ознаки.

Коефіцієнт успадкування в комбінації F₄ Л-3773/85 / Київська скоростигла становив 0,51, а в комбінації Юг-30 / Київська 27 - 0,48. Менш значним він був в комбінації Білосніжка / Київська скоростигла (0,24).

Отже, мінливість індексу росту у батьківських форм була незначною та середньою в залежності від умов вирощування. У гібридів вона виявилася значною (V>20%). У гібридів другого покоління мінливість індексу росту була більшою від мінливості більш мінливої відповідної батьківської форми в 2,5-1,6 раз. У гібридів третього покоління в 2,0-1,6 раз, а у гібридів четвертого покоління - в 2,1-1,6 раз. У гібридів F₂-F₄ з найбільшою мінливістю (Л-3773/85 / Київська скоростигла) відмічено певну кількість форм, які виходили за межі розподілу обох батьків. В інших в комбінаціях F₄ виявлено від 3% до 66% форм, які перевищували максимальний показник індексу росту у відповідних батьківських форм. Коефіцієнт успадкування індексу росту змінювався від 0,24 до 0,54. Високий коефіцієнт успадкування в четвертому поколінні робить можливим використання його для додаткової оцінки гібридного матеріалу за продуктивністю.

Між масою насіння з рослини та індексом росту виявилася досить суттєва негативна залежність в межах від -0,33 до -0,83. У гібридів F₂ та F₃ -0,13 - -0,36, у гібридів четвертого покоління -0,38 - -0,60.

У періоду вегетації (додаток В) з індексом росту у гібридів F_2 - F_4 залежність була позитивною ($r =$ від 0,13 до 0,46). У висоти рослини (додаток Д, Ж) з індексом росту виявлено високі позитивні значення ($r = 0,53$ - $0,81$ - у гібридів, та $0,20$ - $0,91$ - у сортів).

Між індексом росту та висотою до нижнього бобу у гібридів виявлена достатньо висока позитивна кореляційна залежність. Лише в двох випадках коефіцієнт кореляції у гібридів дорівнював $0,22$ і $0,26$ в усіх інших - від $0,42$ до $0,62$. У сортів, в більшості випадків, коефіцієнти кореляції були позитивними і суттєвими. Все це вказує на те, що індекс росту можна використовувати при відборах рослин з більшою висотою до нижнього бобу.

Між індексом росту та кількістю бобів на рослині відмічений чіткий від'ємний кореляційний зв'язок у гібридів сої четвертого покоління ($r = -0,32$ - $-0,56$) та у сортів ($r = -0,22$ - $-0,75$). Така ж залежність існує і між індексом росту та кількістю насінин з рослини.

При цьому, у гібридів F_4 коефіцієнт кореляції був у межах від $-0,31$ до $-0,52$, а у сортів - $-0,27$ - $-0,93$. Лише в одному випадку коефіцієнт кореляції тут був на рівні $0,06$.

Зв'язок між товщиною основи стебла і індексом росту (додатки У, Ф) був завжди від'ємним та достатньо суттєвим у гібридів (до $-0,71$) та сортів (до $-0,98$).

Коефіцієнт кореляції надземної маси рослини з індексом росту завжди був від'ємним, достатньо суттєвим у гібридів четвертого покоління ($-0,33$ до $-0,56$), та у сортів (до $-0,93$)).

Індекс росту запропоновано для використання в селекційній практиці. Для цього, з кращих перспективних

комбінацій четвертого покоління відібрані в польових умовах рослини оцінюються за цим показником в лабораторних умовах при порівнянні їх з батьківськими формами. Індекс росту відібраних рослин не повинен перевищувати його значення в батьківських форм. За проведеними спостереженнями, числове значення індексу росту, на яке потрібно звертати увагу при відборі найбільш перспективних рослин - в межах 50 - 100 . Відбір таких рослин дозволить скоротити досліджуваний матеріал на 20% .

Висновки

Досліджений і запропонований індекс росту (відношення висоти рослин до товщини основи стебла) виявився більш стабільним і суттєвим, ніж збиральний індекс і мав достатньо високі від'ємні кореляційні зв'язки не тільки з масою насіння з рослини у гібридів четвертого покоління ($-0,38$ до $-0,60$), а і у сортів ($-0,33$ до $-0,83$), а також з іншими ознаками, які обумовлюють продуктивність рослин сої: кількість бобів (до $-0,56$ у гібридів, та до $-0,84$ у сортів), кількість насінин (до $-0,52$ у гібридів та до $-0,73$ у сортів), кількість гілок на рослині (до $-0,49$ та до $-0,60$ відповідно) та іншими. Підтвердженням може служити той факт, що коефіцієнт кореляції маси насіння з рослини та індексу росту у сортів в більшості випадків був достатньо високим від $-0,33$ до $-0,93$.

Крім того, індекс росту мав достатньо високий позитивний кореляційний зв'язок з висотою рослини ($r = 0,53$ - $0,81$), а також з висотою до нижнього бобу (до $-0,62$), яка сама є дуже варіабельною ознакою, хоч і генетично обумовленою і, що не має

достатньо високої кореляції (крім висоти рослин) з іншими ознаками. Використовуючи показник індекс росту можна проводити в гібридних популяціях добір рослин з більшою висотою до нижнього бобу.

Перелік літератури

1. Мартынов С. П., Крупнов В. А. Экспериментальная проверка эффективности селекционного индекса на яровой пшенице // Цитология и генетика. -1982. - 16? №4. - С. 36-39.
2. Федин М. А., Сидис Д. Я., Смиряев А. В. Метод селекционных индексов // Селекция и семеноводство. - 1976. - №2. - С. 53-59.
3. Чекалин А. М., Алпатьев В. Н. Оценка образцов мировой коллекции сои по показателям аттрагирующей способности и микрораспределений // Сб. научных трудов по прикладной ботанике, генетике и селекции ВНИИ растениеводства -1988. - 117. - С. 20-25
4. Алпатьев В. Н. Использование косвенной оценки исходного материала для селекции сои на продуктивность. Автореф. дис. канд. с.-х. наук. Ленинград,-1988. 18 с.
5. Бабич А. О., Петриченко В. Ф., Иванюк С. В. Вплив гідротермічних умов на прояв основних господарсько-цінних ознак у сої в Лісостепу України. // Вісник аграрної науки. Рослинництво і кормовиробництво. - Київ, 1997 - С. 15-17.
6. Buzzle R. I., Buttery B. R. Soybean harvest index in hill-plot // Crop. Sci. - 1977. - 17, №6. - P. 70-96.
7. Ahuja S. L., Chowdhury H. K. Genetics of harvest index in mung bean // Genetica agrarias. -1981. - 35, №3-4. - P. 301-311.

Представлено М. В. Роїком
Надійшла 12.06.2004 р.

ИНДЕКСНЫЕ ПОКАЗАТЕЛИ, ИХ
ИЗМЕНЧИВОСТЬ И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ В
СЕЛЕКЦИИ СОИ

В. Г. Михайлов, Л. С. Романюк,
О. З. Щербина

Институт Земледелия УААН,
Украина, Киевская обл.,
Киево-Святошинский район, п.г.т. Чабани,
e-mail: selectio@ukrpack.net

На основании проведенных исследований предложен индекс роста (отношение высоты растения к толщине основания стебля) для отбора высокопродуктивных растений сои, который оказался более стабильным и достоверным, чем уборочный индекс и имел высокую отрицательную корреляцию не только с весом семян с растения в популяциях гибридов четвертого поколения (-0,38-0,60), но и у сортов (-0,33-0,83), а также с другими показателями, которые имеют высокую корреляционную связь с продуктивностью растения.

Ключевые слова: соя, селекция, индекс роста, уборочный индекс, гибридные популяции, сорта

INDEX PARAMETERS, THEIR VARIABILITY AND USE IN SOYA BREEDING

V. G. Mykhaylov, L. S. Romaniuk,
O. Z. Scherbyna

Institute of Arable of Farming of UAAS
Ukraine, Kyiv oblast, Kyiv-Svyatoshyn district,
Chabany
e-mail: selectio@ukrpack.net

Investigated and suggested growth index (the relation of height of plants to thickness of the basis of a stalk) appeared to be more stable and authentic than a harvest index and had high enough negative correlation not only with weight of seeds from plant at populations of hybrids of the fourth generation (-0,38 up to 0,60), but also at varieties (-0,33 up to 0,83), and also with other characters which cause productivity of soya plants.

Key words: soya, breeding, index of growth, harvest index, hybrid populations, varieties

УДК: 595.787:577.222.78:591.5

ЭМБРИОНАЛЬНАЯ ЛЕТАЛЬНОСТЬ ТУОВОГО ШЕЛКОПРЯДА В СВЯЗИ С МЕЖПОРОДНОЙ ГИБРИДИЗАЦИЕЙ И ВОЗДЕЙСТВИЕМ ЭЛЕКТРОМАГНИТНЫХ ПОЛЕЙ

В. В. НАВРОЦКАЯ, В. Г. ШАХБАЗОВ

Харьковский национальный университет имени В. Н. Каразина,
биологический факультет, кафедра генетики и цитологии
Украина, г. Харьков, пл. Свободы 4

Анализируются проявления эффекта гетерозиса на ранних стадиях онтогенеза туового шелкопряда. Также исследуется возможность вызывать подобный эффект с помощью воздействия электромагнитных полей на родительские поколения. Ключевые слова: туовый шелкопряд, эмбриональная летальность, гибридизация, гетерозис, воздействие ЭМП, физиологический гетерозис

Введение. Эффект гетерозиса широко используется в шелководстве. Однако, природа этого эффекта, как известно, все еще недостаточно изучена. Целью данной работы было выяснение проявлений гетерозиса на ранних этапах онтогенеза, а также выяснение возможности вызывать подобный эффект путем электромагнитного облучения особей родительского поколения. В теоретическом отношении исследование развивает биофизическое направление в изучении эффекта гетерозиса [1]. Кроме того, полученные результаты могут учитываться и в практическом использовании гетерозиса в шелководстве.

Эмбриональную летальность, т.е. процент погибших яиц от общего количества яиц в кладке шелкопряда, можно рассматривать как один из показателей жизнеспособности организма; с другой стороны, это самая ранняя реакция генотипа на гибридизацию и на воздействия, которым подвергались родительские особи.

В наших исследованиях процент погибших особей определяли в кладках, полученных при скрещивании пород туового шелкопряда, а также при скрещивании в разных направлениях самок и самцов одной породы, обработанных на стадии куколки электромагнитным полем (ЭМП) и интактных, с целью выяснения возможности участия средовых факторов в генетической дифференцировке родительских гамет.

© В.В. НАВРОЦКАЯ, В.Г. ШАХБАЗОВ, 2004

необходимой для формирования гетерозисного организма [2].

Материалы и методы

Объектами исследования служили породы тутового шелкопряда *Bombyx mori* L: Белококонная-1 (Б-1), Белококонная-2 (Б-2), Маргеланская (М) и меченная по полу линия Советская-5 (Сов-5). Степень инбридинга у всех пород составляла 5-6 поколений.

В первой серии экспериментов исследовали эмбриональную летальность у пород Сов-5 и М, а также у гибридов F_1 (Сов-5 \times М), (М \times Сов-5).

Также изучали возможность дифференцирующего действия ЭМП на породах Б-1, Б-2, Сов-5. В качестве стадии онтогенеза тутового шелкопряда была выбрана куколка, с целью изучения последствий действия ЭМП на гаметогенез. Облучение ЭМП проводили в области "лобного оконца", представляющего собой фоторецептор куколки шелкопряда, открытый одним из авторов в 1961г. [3]. Данный рецептор обеспечивает регуляцию фотопериодической реакции у дубового шелкопряда и циркадианного ритма выхода бабочек у тутового шелкопряда, но не исключено, что он выполняет и другие функции. Кроме того, исследовали последствия воздействия ЭМП в области гонад куколок-самцов тутового шелкопряда [4].

Воздействию ЭМП подвергали самок и самцов на стадии ранней куколки (4-5-ый день после завивки). Длина волны составляла 5,6 мм, ППМ = 10 мВт/см², экспозиция - 3 мин. Генератор излучения был предоставлен А.В.Прохоровым (Харьковский университет радиозлектроники).

Имаго, вышедших из облученных и

необлученных куколок, скрещивали в следующих направлениях: контроль \times контроль (1), опыт \times опыт (2), опыт \times контроль (3), контроль \times опыт (4). Анализ потомства проводили, учитывая в кладках количество оплодотворенных живых и погибших яиц.

В оплодотворенном яйце тутового шелкопряда на 3-5-й день после откладки происходит пигментация серозной оболочки и к этому времени грена приобретает серо-пепельный цвет [5]. Среди яиц с серой окраской встречаются неоплодотворенные яйца (белые, соломенно-желтые) и оплодотворенные, но погибшие. Последние имеют коричневый или темно-серый цвет и сплюснутую форму.

Общая плодовитость в гибридных комбинациях определялась материнским генотипом; в экспериментах по скрещиванию облученных и необлученных особей этот показатель не имел существенных различий в пределах одной породы. Число неоплодотворенных яиц в кладках составляло около 0,5% и при исследуемых воздействиях изменялось незначительно. Поэтому в таблицы данные об общей плодовитости и оплодотворенности яиц не включены.

Каждый эксперимент проводили в трех повторностях; общее число проанализированных кладок в каждом варианте составляло не менее 24-30 (12000-17000 яиц).

Данные обработаны с помощью метода Фишера для долей [6]

Результаты и обсуждение

В таблице 1 представлены данные об эмбриональной летальности пород и гибридов тутового шелкопряда.

Таблица 1. Эмбриональная летальность пород и гибридов тутового шелкопряда

Вариант		Общее количество оплодотворенных яиц	Процент погибших яиц
Породы	Сов-5	15134	4,08
	М	14132	4,67
Гибриды	Сов-5 x М	13871	0,37*
	М x Сов-5	13448	1,07*

* - уровень отличий от более жизнеспособной родительской особи $p < 0,01$

Как видно, процент погибших яиц в кладках гибридов значительно снижен по сравнению с лучшей родительской особью. Исследованные гибриды по данному показателю жизнеспособности проявили эффект гетерозиса.

Данные таблицы 2 свидетельствуют о разных последствиях облучения ЭМП в области фоторецептора в зависимости от того, какая роди-

Б-2; у линии Сов-5 в комбинации 3 наблюдается снижение процента погибших яиц. Реакция на облучение фоторецептора отцовской особи (вариант 4) оказалась разной у исследованных пород: у породы Б-1 показатель эмбриональной летальности почти не отличается от контроля, у породы Б-2 незначительно снизился, а у породы Сов-5 снизился значительно по сравнению с конт-

Таблица 2. Изменение эмбриональной летальности при влиянии ЭМП в области фоторецептора куколок в разных вариантах скрещивания

Порода (линия)	Вариант скрещивания							
	1		2		3		4	
	п опл. яиц	% пог.	п опл. яиц	% пог.	п опл. яиц	% пог.	п опл. яиц	% пог.
Б-1	16530	3,05	19475	4,13*	16158	8,58*	17022	3,38
Б-2	15094	2,72	17516	3,38*	14900	6,42*	17888	2,1*
Сов-5	15134	4,08	15452	5,07*	14695	2,52*	12864	0,56*

* - уровень отличий от контроля $p < 0,01$

тельская особь подвергалась воздействию.

В варианте 2 установлено увеличение процента погибших яиц, что характерно для всех проанализированных пород. Особенно значительное негативное влияние облучения на эмбриональную жизнеспособность отмечено в варианте 3 у пород Б-1 и

ролем.

Данные эксперимента с куколками породы Б-2, в котором облучению подвергалась отцовская родительская особь в области гонад, свидетельствуют о том, что разные области воздействия приводят к одинаковым эффектам: процент погибших яиц при облучении гонад составил 2,06 (уро-

вень отличий от контроля $p < 0,01$), что не отличается от значения данного показателя при воздействии на фоторецептор (вариант 4). Однако, эти результаты нуждаются в дальнейшем исследовании на других породах.

Таким образом, среди исследованных вариантов выделяются комбинации 3 и особенно 4 у породы Сов-5, в которых наблюдается эффект, сходный с гетерозисом.

Результаты данного исследования согласуются с данными по изучению влияния магнитного поля на линии дрозофилы и шелкопряда как фактора, вызывающего дифференциацию инбредных форм и снятие инбредной депрессии [7], а также данными по исследованию дифференцирующего действия лазерного света [8].

Обращает на себя внимание тот факт, что в большинстве случаев наибольшее повышение показателя жизнеспособности наблюдается в вариантах, в которых воздействию подвергалась гомогаметная родительская особь: у шелкопрядов - мужская, у дрозофилы - женская. В пользу этого положения свидетельствуют также результаты исследований на дрозофиле, в которых дифференцирующим фактором служил свет разных участков спектра: обусловленные данным воздействием изменения некоторых признаков жизнеспособности отмечаются в том случае, когда обрабатывалась материнская особь [9].

Эффекты, описанные в работе, можно отнести к категории так называемого физиологического гетерозиса [2, 10]. Вопрос о его существовании поставил еще Ч. Дарвин, рассматривая механизмы дифференциации половых элементов [11]. Для шелко-

водов данное явление известно под названием "экологический гетерозис", который достигается при гибридизации материала, выкормленного в разных условиях [5]. Кроме значительного теоретического интереса, в шелководстве явление физиологического гетерозиса может иметь и практическое применение: появляется возможность повышать жизнеспособность породы при сохранении ее генетических достоинств, в частности результатов селекции на повышенную шелконосность. Но для применения в селекции физиологического гетерозиса, как альтернативного метода получения гетерозиса, необходимо строгое обоснование и раскрытие механизмов этого явления.

Таким образом, в работе показана возможность получения эффекта, сходного с гетерозисом, с помощью воздействия ЭМП на родительское поколение. Установлена разная реакция пород тутового шелкопряда, а также различная степень изменений показателя эмбриональной летальности у потомства в зависимости от того, какая родительская форма подвергалась воздействию.

Список литературы

1. Шахбазов В. Г. Новое в понимании биологической природы эффекта гетерозиса // Труды по фундаментальной и прикладной генетике. - Вып. 2. - 2003. - С. 58-70.
2. Шахбазов В. Г. Механизмы формирования и проявления гетерозиса // Природа, проявления и прогнозирование гетерозиса. - К.: Наук. думка, 1992. - С. 5-15.
3. Шахбазов В. Г. О реакции на длину светового дня и световом рецепторе куколок китайского дубового шелкопряда *Antheraea Pernyi* G.M. // ДАН СССР. - 1961. - 140, №1. - С. 249-252.
4. Миляев А. П., Лузин И. Х. и др. Шелководство. - М.: Сельхозгиз, 1949. - 320 с.

5. Головки В. О., Злотін О. З., Браславський М. Ю. та ін. Шовківництво. Х.: Оригінал, 1998. - 416 с.
6. Лакин Г. Ф. Биометрия. - М.: Высшая школа, 1990. - 352 с.
7. Чепель Л. М. Экспериментальные изменения проявлений инбредной депрессии, гетерозиса, а также эндо- и экзогамии у некоторых сельскохозяйственных растений. Автореф. дисс. канд. биол. наук.: Х., 1990. - 17 с.
8. Навроцкая В. В., Чепель Л. М., Салов А. В., Шахбазов В. Г., Коробов А. М. Физиологический гетерозис у тутового шелкопряда при лазерном облучении. // Материалы XX Межд. науч.-практ. конф. "Применение лазеров в медицине и биологии" (Ялта, 8-11 октября 2003 года). - Ялта, 2003. - С. 99-100.
9. Навроцкая В. В., Салов А. В., Коробов В. А., Шахбазов В. Г. Генетические эффекты действия света с разной длиной волны // Материалы XIX Межд. науч.-практ. конф. "Применение лазеров в медицине и биологии" (Одесса, 25-28 мая года). - Одесса, 2003. - С. 64-65.
10. Астауров Б. Л. О так называемом физиологическом гетерозисе // Гетерозис: теория и практика. - Л.: Колос, 1968. - С. 215-238.
11. Шахбазов В. Г., Чешко В. Ф., Шерешевская Ц. М. Механизмы гетерозиса: история и современное состояние проблемы. - Х.: Основа, 1990. - 119 с.

*Представлено В. А. Кунахом
Надійшла 21.09.2004 р.*

**ЕМБРИОНАЛЬНА ЛЕТАЛЬНІСТЬ
ШОВКОВИЧНОГО ШОВКОПРЯДА У ЗВ'ЯЗКУ З**

**МІЖПОРІДНОЮ ГІБРИДИЗАЦІЄЮ ТА
ВПЛИВОМ ЕЛЕКТРОМАГНІТНИХ ПОЛІВ**

В. В. Навроцька, В. Г. Шахбазов

Харківський національний університет
ім. В.Н. Каразіна.
кафедра генетики і цитології,
Україна, м. Харків, пл. Свободи 4

Аналізуються прояви ефекту гетерозису на
ранніх стадіях онтогенезу шовковичного
шовкопряда. Також досліджується можли-
вість викликати подібний ефект за допо-
могою впливу електромагнітних полів на
батьківське покоління

Ключові слова: шовковичний шовкопряд,
ембріональна летальність, гібридизація, ге-
терозис, вплив ЕМП, фізіологічний ге-
терозис.

**EMBRIONAL LETHALITY OF SILKWORM IN
CONNECTION WITH THE INTERRACIAL
HYBRIDIZATION AND THE ELECTROMAGNETIC
FIELD INFLUENCE**

V. V. Navrotskaya, V. G. Shakhbazov

V. N. Karazin Kharkov National University,
Department of genetics and cytology
Ukraine, Kharkov, Svoboda square, 4

The manifestations of the heterosis effect on
early stages of the silkworm ontogenesis are
analyzed. The possibility of the induction of
such effect by the electromagnetic field influ-
ence on the parents generation is also studied.
Key words: silkworm, embryonal lethality,
hybridization, heterosis, EMF influence, physio-
logical heterosis

УДК575.113+616-036.22:616.441

К ВОПРОСУ О МОНИТОРИНГЕ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЩИТОВИДНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Н. А. НИКУЛИНА

Харьковский национальный университет им. В.Н. Каразина,
кафедра генетики и цитологии,
Украина, г. Харьков, пл. Свободы, 4

Изучено 312 родословных, представляющих харьковскую популяцию. В родословных проанализировано 1276 родственников первой степени родства и 1833 родственника второй степени родства. И в группе пробандов, и в родословных преобладают больные женщины. Среди пробандов-мужчин зарегистрировано 1,39 % больных, а среди пробандов-женщин - 4,17 %. Соотношение больных мужчин к больным женщинам составляет 1:3.

Ключевые слова: тиреопатии, пробанд, популяционная частота.

Введение. Последние несколько лет наблюдается значительный рост частоты тиреоидной патологии [1-3]. Опередив сахарный диабет, она стала одной из самых распространенных эндокринных патологией, как у детей, так и у взрослых. Интерес исследователей к тиреоидной патологии объясняется не столько ее распространенностью, сколько огромным значением гормонов щитовидной железы. Гормоны щитовидной железы необходимы для роста тела, развития и тонуса центральной нервной системы. От уровня тиреоидных гормонов зависит реактивность и деятельность гипоталамуса и тонус вегетативных отделов нервной системы. Избыток или недостаточность тиреоидных гормонов приводит к тяжелым порокам развития и заболеваниям, которые могут закончиться летальным исходом, кроме того, эти заболевания приводят к бесплодию, инвалидизации и социальной дисадаптации. Высокая частота заболеваний щитовидной железы зависит от многих причин. Повышение радиационного фона после аварии на ЧАЭС, техногенное загрязнение окружающей среды, высокая частота хронических инфекций, аллергия, нефизиологическая структура питания [3-6]. Выделение группы риска в популяции по тиреопатиям с возможностью дальнейшей профилактики особо необходимо, учитывая, что данные заболе-

вания иногда протекают под маской других заболеваний [3-5]. К настоящему времени накопилось большое количество работ, свидетельствующих о том, что тиреопатии являются заболеваниями с наследственной предрасположенностью [7-13]. Для генетического анализа таких заболеваний необходима оценка популяционной частоты. Целью данной работы был популяционный анализ заболеваний щитовидной железы в городе Харькове.

Материалы и методы

Было проанализировано 312 родословных 72 мужчин и 240 женщин, представляющих харьковскую популяцию. Сведения о 1276 родственниках первой степени родства и 1833 родственниках второй степени родства были получены со слов пробандов. Статистический анализ проведен общепринятыми методами с использованием критериев χ^2 , F и ϕ -Фишера [14].

Результаты и обсуждение

В исследованной группе были обнаружены пробанды с тиреоидной патологией. В группе мужчин зарегистрирован один случай, что составляет 1,39 %, а среди женщин 10 случаев - 4,17 %. Учитывая, что в исследуемой группе мужчин меньше, чем женщин и их соотношение (0,3:1) отличается от природного распределения полов (1:1) произвели перерасчет для определения соотношения заболевших мужчин к заболевшим женщинам. Полученное соотношение (25 % и 75 %) близко к тому распределению между заболевшими мужчинами и женщинами (28 % и

72%), которое было получено при оценке частоты тиреопатий в Харьковской популяции на основании данных медицинской и демографической статистики. Частота встречаемости тиреоидной патологии в исследуемой группе достоверно не отличается как у мужчин, $p < 0,001$, так и у женщин, $p < 0,01$ от популяционных частот (табл. 1) [15].

В исследуемой группе у пробандов зарегистрировали следующие заболевания щитовидной железы: гиперплазия щитовидной железы, аутоиммунный тиреоидит, гипотиреоз и тиреотоксикоз. У мужчин была зарегистрирована только гиперплазия щитовидной железы, которая составляет 1,39 %. У женщин получили следующие показатели по зарегистрированным тиреопатиям: гиперплазия щитовидной железы - 2,50 %, аутоиммунный тиреоидит - 0,83 %, гипотиреоз - 0,42 % и тиреотоксикоз - 0,42%.

При анализе родословных пробандов были обнаружены родственники, страдающие тиреоидной патологией (табл. 2). Установлено, что среди больных родственников преобладают женщины. В группе мужчин-пробандов зарегистрированы только больные женщины. Процент больных женщин в группе мужчин-пробандов выше, чем в группе женщин-пробандов, но эта разница недостоверна по всем группам родственников, $p < 0,001$. Проценты зарегистрированных болезней среди родственников достоверно не отличается от популяционных частот, $p < 0,001$ [15].

Выводы

Оценки частот заболеваний, полу-

Таблица 1. Популяционные частоты по тиреопатиям

Тиреопатии	Популяционная частота, %	
	мужчины	женщины
Увеличение щитовидной железы	0,4060	0,8330
Аутоиммунный тиреоидит	0,1790	0,3860
Образование узлов в щитовидной железе	0,0784	0,2124
Гипофункция щитовидной железы	0,0990	0,1406
Гиперфункция щитовидной железы	0,0178	0,0958
Воспалительные процессы в щитовидной железе	0,0015	0,0418
Киста щитовидной железы	0	0,0027
Общее количество заболеваний	0,745	1,779

Таблица 2. Семейная отягощенность по тиреопатиям в исследуемой группе

Родственники	Мужчины-пробанды		Женщины-пробанды	
	Количество родственников	% больных родственников	Количество родственников	% больных родственников
Деды	106	0,00	251	0,40
Бабки	110	1,82	289	1,73
Отцы	70	0,00	226	0,44
Матери	72	4,17	239	3,76
Братья	29	0,00	123	1,63
Сестры	42	4,76	99	2,02
Сыновья	38	0,00	159	0,63
Дочери	18	0,00	141	1,41
Дяди	92	0,00	312	0,32
Тети	91	2,19	302	1,65
Племянники	20	0,00	122	0,00
Племянницы	24	0,00	114	0,00
Полубратья	4	0,00	10	0,00
Полусестры	3	0,00	3	0,00

ченные на исследуемой выборке, адекватно отражают распределение случаев заболевания тиреопатиями среди всего населения. В населении города Харькова пораженных тиреопатиями среди мужской части населения - 1,39 %, среди женской части населения - 4,17 %. Фактором риска по тиреопатиям является женский пол. Шанс заболеть тиреопатиями для мужчин и женщин соотносится как 1:3.

Список литературы

1. Очередыко О. М., Проценко О. Г. Епід-

міологічне дослідження моделей поширення хвороб ендокринної системи серед жителів села за різних екологічних умов // Лікарська справа. - 2000. - №7-8. - С.15-18.

2. Терлухова О. В. Эндемический зоб в условиях урбанизации: структура заболеваемости, факторы этиопатогенеза: Автореф. дис. докт. мед.наук. - М., 1997. - 48 с.
 3. Левит И. Д. Аутоиммунный тиреоидит (этиология, патогенез, клиника, диагностика, лечение). - Челябинск, 1991. - 254 с.
 4. Старкова Н. Т. Клиническая эндокринология: руководство для врачей. М.: Медицина, 1991. - 512 с.
 5. Балаболкин М. И. Эндокринология. - М. - 1998. - С. 235

6. Физиология. Основы и функциональные системы: Ф50 Курс лекций / Под ред. К.В.Судакова - М.: Медицина, 2000 - 784 с.
7. Brix T. H., Kyvik K. O., Hegedus L. A population-based study of chronic autoimmune hypothyroidism in Danish twins // Clin. Endocrinol. and Metab. - 2000. - 85, №2. - P. 536-9
8. Stenszky V., Kozma L., Balars Cs, et al. The genetics of Graves' disease: HLA and disease susceptibility // Clin. Endocrinol. and Metab. - 1985 - 61, № 4. - P. 735-740.
9. Шешарова Е. Я. Клинико-генеалогическое исследование семей с заболеваниями щитовидной железы. Генетика человека и патология: Мат. 1-й итог. Конференции НИИ мед. ген. - Томск, 1989 - С. 127.
10. Бочков Н. П. Клиническая генетика: Уч. для мед. вузов. - М.: Медицина, 1997. - 288 с.
11. Савина Л. В., Белоножкин С. Л., Кадыгроб Г. В. и др. Роль экологических факторов в формировании заболеваемости аутоиммунным тиреоидитом / Проблемы эндокринологии. - 1999. - 45, № 5. - С. 26-29.
12. Дедов И. И., Цыб А. Ф., Матвиенко Е. Г. и др. Оценка состояния щитовидной железы у детей из загрязненных радионуклидами районов России (последствия чернобыльской аварии) // Проблемы эндокринологии. - 1992. - 38, № 4. - С. 21.
13. Winsa B., Adami H. O., Bergstrom R., Carlsson A. Genetic predisposition and stressful life vents, as risk factors for diffuse toxic goiter (Graves' disease) // Ann. Endocrinol. - 1991. - 52, №1. - P. 43.
14. Лакин Г. Ф. Биометрия: Учеб. пособие для биологич. спец.вузов. - 3-е изд., перераб. и доп. - М.: Высш.школа, 1980. - 293 с.
15. Никулина Н. А., Атраментова Л. А. Тиреопатии в харьковской популяции // Экспериментальна і клінічна медицина. - 2004. - №1. - С. 131.

Представлено І. Р. Барилляком
Надійшла 28.06.2004 р.

ДО ПИТАННЯ ПРО МОНІТОРИНГ ЗАХВОРЮВАНЬ ЩИТОВИДНОЇ ЗАЛОЗИ

Н. О. Никулина

Харківський національний університет
ім. В. Н. Каразіна,
кафедра генетики і цитології,
Україна, м. Харків, пл. Свободи 4,
e-mail: postmaster@univer.kharkov.ua

Вивчено 312 родоводів представників харківської популяції. У родовах проаналізовано 1276 родичів першого ступеня спорідненості та 1833 родича другого ступеня спорідненості. Як і в групі пробандів, так і в родовах переважають хворі жінки. Серед пробандів-чоловіків зареєстровано 1,39% хворих, а серед пробандів-жінок - 4,17%. Співвідношення хворих чоловіків до хворих жінок - 1:3

Ключові слова: тиреопатії, пробанд, популяційна частота

THYROID PATHOLOGY MONITORING

N. A. Nikulina

V. N. Karazin Kharkov National University,
Department of genetics and cytology
Ukraine, Kharkov, Svoboda square, 4,
e-mail: postmaster@univer.kharkov.ua

312 genealogies representing the Kharkov population have been studied. In the genealogies 1276 first-line relatives and 1833 second-line ones have been analysed. Both in the probands group and in genealogies females suffering from thyroid pathology prevail. There are only 1,39 per cent of the registered patients among proband-males and 4.17 per cent among proband-females. The ratio of male-patients to female ones is 1:3.

Key words: pathology, proband, cumulative morbidity risks

УДК 633.63:632.3.38:632.938.1

ПОШУК НОВИХ ДЖЕРЕЛ СТІЙКОСТІ ЦУКРОВИХ БУРЯКІВ ДО РИЗОМАНІЇ

М. РОЇК, Е. ПЕСЦОВА¹, К. ШНАЙДЕР¹, А. НУРМУХАММЕДОВ,
Н. ВАСИЛЬЄВА, Л. ШАЮК, Н. БІЛОУСІнститут цукрових буряків УААН,
Україна, м. Київ, вул. Клінічна, 25,¹Max Planck Institute for Plant Breeding Research (MPZ),
Germany, Carl-von Linné-Weg 10, Colonge

Досліджено наявність гена стійкості до ризоманії *Rr1* ("Холі") у 10 стійких до хвороби селекційних матеріалів Інституту цукрових буряків УААН за допомогою двох маркерів - *B40S* і *B2S*. Встановлено відсутність гена *Rr1* у цих матеріалах, а наявність алелі біля гена, можливо, пов'язана з генами - аналогами (RGAs) або з позиційним ефектом гена *Rr1*.

Ключові слова: цукрові буряки, стійкість до ризоманії, *STS* - маркери.

Вступ. Ризоманія є надзвичайно шкодочинною карантинною хворобою цукрових буряків - зниження урожайності сягає 60-80 %, при цьому цукристість коренеплодів знижується з 16-18 % до 10% і нижче [3, 4]. Хворобу спричиняє вірус некротичного пожовтіння жилок буряків (ВНПЖБ), якій переноситься ґрунтовим плазмодіофором грибом *Polymyxa betae* Keskin [6].

Одним із основних джерел стійкості до ризоманії є ген "Холі" (*Rr1*), який розташований у 3 хромосомі цукрових буряків. В Європі площа посіву сортів з геном *Rr1* складає більше ніж 680 тис. га. Відома також лінія *B. vulgaris subsp. maritima* *WB 42*, у якої виділено другий домінуючий ген стійкості до ризоманії (*Rr2*), ще використовується лінія *KWS 8136*, яка має подвійну стійкість (лінія "Холі" та *B. vulgaris subsp. maritima*) [5]. Крім того, фірмою Syngenta Seeds AG отримано трансгенні цукрові буряки, стійкі до ризоманії на основі гена білка оболонки вірусу. Отже, пошук та впровадження нових джерел стійкості до ризоманії є актуальним напрямком селекції цукрових буряків.

У даній статті представлені результати роботи з пошуку нових джерел стійкості серед селекційних матеріалів ІЦБ УААН.

Матеріали і методи

Матеріалами для досліджень були 10 вихідних селекційних матеріалів цукрових буряків (*S₂*), які були відібрані протягом 1984-1988 рр. на

природному інфекційному фоні ризоманії в Киргизстані. Повторну оцінку чутливості стійких ліній проводили у 2002-2003 рр. на природно інфікованій ВНПЖБ ділянці у Рівненській області. Визначення стійкості ліній до ВНПЖБ проводили методом імуноферментного аналізу [1] з використанням комерційної антисироватки фірми Boehringer Mannheim GmbH.

кусом гена Rr1 здійснювали, застосовуючи стандартний метод полімеразної ланцюгової реакції. Для детекції гена Rr1 використовували два маркера - B40S і B2S, які розташовані відособлено з різних боків гена Rr1 на відстані 0.3 і 1.2 сМ, відповідно. Продукти ампліфікації розділяли в 1,5 % -ному агарозному гелі і після фарбування бромистим етидієм візуалізу-

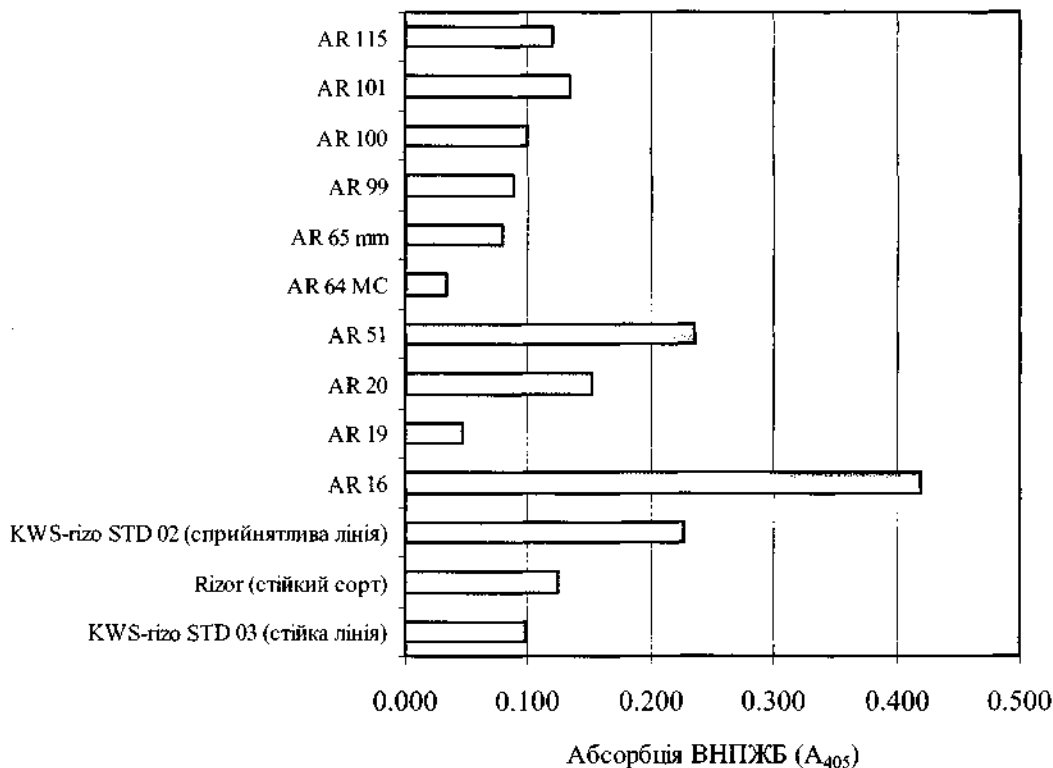


Рисунок 1. Ураженість ризоманією селекційних матеріалів цукрових буряків, відібраних в Киргизстані (Радивилівський р-н, Рівненська область, 2002-2003 рр.)

Для визначення генотипів цукрових буряків з геном Rr1 використовували ПЛР аналіз. ДНК екстрагували із проростків за допомогою СТАБ-буферу. Визначення генотипів за ло-

вали за допомогою УФ-трансліюмінатора.

Результати та обговорення

Симптоми ризоманії цукрових бу-

Таблиця 1. Результати STS та частота зустрічальності локусів у досліджуваних генотипах цукрових буряків

Лінія	Маркер			
	B40S 0,3 сМ проксимальний		B2S 1,2 сМ дистальний	
	локус	частота алеля, %	локус	частота алеля, %
AR 16	s+1	80	s2+x	30
	s	20	1	30
			s2+3	50
			s2	10
AR 19	s+1	30	1+r	40
	s	70	s2+x	40
			r	10
			2	10
AR 20	s	100	s1+1	20
			s2+1	10
			3	20
			s2	10
			1	20
			2	10
AR 99	s	100	3+1	50
			3	50
AR 100	s	100	s2	30
			s2+r	70
AR 101	s	100	s2+3	10
			r+1	40
			s2+1	20
			2	20
AR 51	s	10	3	10
			r+1	100
			s2+3	25
AR 115	s	12,5	s2	37,5
	s+1	87,5	s2+1	37,5
AR 64 MC	s+1	50	s2+3	25
	s	50	1	25
			s2	25
			s2+1	25
AR 65mm	1	20	1	30
	s+1	40	s2+1	50
	s	40	s2+3	10
			s2	10
ZR0276-6-г (стійка)	r	100	r	100
ZR0276-12-г (стійка)	r	100	r	100
ZR0276-15-s (сприйнятлива)	s	100	s1	100
RZ2-P1a-s (сприйнятлива)	s	100	s2	100
RZ2-P2r-r (проміжна)	s+r	100	r	100
RZ2-F1-r (проміжна)	s+r	100	s2+r	100

r - стійкий алель; s, s1 і s2 - сприйнятливі алелі; 1, 2... - інші алелі; x - адитивні неспецифічні фрагменти

ряків у колишньому Радянському Союзі були вперше відзначені в Киргизстані в 1979 р. і з того часу розпочалась селекційна робота зі створення стійких до хвороби матеріалів. Для доборів використовували стійкі до церкоспорозу та гнилей коренеплодів селекційні матеріали цукрових буряків. За результатами цих досліджень в ІЦБ УААН були відібрані селекційні матеріали, які мали відносно високу стійкість та врожайність порівняно зі стандартними сортами на інфекційному фоні ризоманії. Проте, із розпадом СРСР, роботи в такому напрямку були припинені і тільки з появою ризоманії в Україні було відновлено дослідження зі створення власних селекційних матеріалів, стійких до хвороби.

Оцінка селекційних матеріалів на інфекційному фоні ризоманії показала, що деякі з них за стійкістю до ризоманії не поступаються стійким іноземним матеріалам - сорту Rizor та стійкій лінії фірми KBC (рис. 1).

Дослідження методом імуноферментного аналізу показало, що лінії AR-19, AR-64 MC, AR-99 мали високий рівень стійкості. Разом із тим слід зазначити, що всі досліджувані матеріали на інфекційному фоні ВНПЖБ за врожайністю поступалися стійким стандартам.

На нашу думку, стійкість селекційних матеріалів, відібраних в умовах Киргизстану не пов'язана з відомими генами Rr1 і Rr2, так як селекційний процес у колишньому СРСР був закритим. Для перевірки цієї гіпотези провели дослідження ідентичності їх гена (iv), який (i) обумовлює стійкість цих ліній, з геном Rr1, за допомогою STS маркерів.

Стойкі до ризоманії матеріали були проаналізовані за двома маркерами - B40S і B2S (табл. 1). Для найближчого маркера (B40S) у матеріалах, які відібрані в умовах Киргизстану, ніякого алелю для Rr1 гена не виявлено. Для маркерного гена B2S, який розташований на відстані 1,5 сМ від Rr1, такі

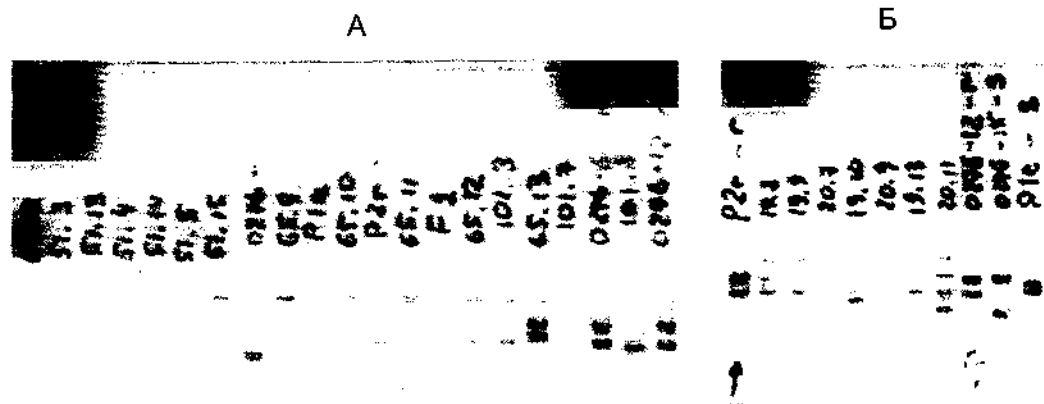


Рисунок 2. Електрофореграма B2S-фрагментів ДНК гена Rr1 для досліджуваних зразків цукрових буряків

алелі виявлені для ліній AR 51, AR 19, AR 101 і AR 100 (рис. 2). Більшість проаналізованих матеріалів на рівні ДНК виявились поліморфними, навіть у середині однієї лінії виявлено декілька алелей, що значно ускладнило обробку отриманих результатів. Тільки у однієї рослини лінії AR 19 було встановлено наявність маркерного алеля.

Висновки

За результатами досліджень виявлено, що матеріали, які відібрані в умовах Киргизстану, не містять Rr1 гена, наявність алелей біля гена, можливо, пов'язана або з генами - аналогами (RGAs), яких відомо на сьогодні близько 47 [2], або ж позиційним ефектом гена Rr1. Подальші дослідження будуть спрямовані на уточнення особливостей стійкості селекційних матеріалів і пошук специфічних маркерів для їх ідентифікації, а також на проведення добору для підвищення генетичної однорідності та показників продуктивності матеріалів.

Перелік літератури

1. Henry C. M., Harju V., Brewer G., Barker J. Methods for the detection of Rhizomania in soil // Aspects of Applied Biology. - 1992. - 32. - P.129-133.
2. Hunger S., Di Gaspero G., Mohring S., Bellin D., Schafer-Pregl R., Borchardt D. C., Durel C. E., Werber M., Weisshaar B., Salamini F., Schneider K. Isolation and linkage analysis of expressed disease-resistance gene analogues of sugar beet (*Beta vulgaris* L.) // Genome. - 2003. - 46, №1. - P. 70-82.
3. Johansson E. Rhizomania in sugar beet - a threat to beet growing that can be overcome by plant breeding // Sveriges Utsadesforenings Tidskrift. - 1985. - 95. - P. 115-121.
4. Richard-Molard M. S. Rhizomania: a worldwide danger to sugar beet // Span. - 1985. - 28. - P. 92-94.

5. Scholten O. E., Lange W. Breeding for resistance to rhizomania in sugar beet: A review // Euphytica. - 2000. - 112 - P. 219-231.
6. Tamada T., Baba T. Beet necrotic yellow vein virus from rhizomania-affected sugar beet in Japan // Ann. Phytopath. Soc. Japan. - 1973. - 43. - P.583-586.

Представлено А. А. Корчинським
Надійшла 29.06.2004 р.

ПОИСК НОВЫХ ИСТОЧНИКОВ УСТОЙЧИВОСТИ САХАРНОЙ СВЕКЛЫ К РИЗОМАНИИ

Н. Роик, Е. Песцова¹, К. Шнайдер¹,
А. Нурмухаммедов, Н. Васильева, Л. Шаюк,
Н. Белоус

Институт сахарной свеклы УААН
Украина, г. Киев, ул. Клиническая, 25,

¹Max Planck Institute for Plant Breeding
Research (MPIZ)
Germany, Cologne, Carl-von-Linne-Weg 10

Исследовано наличие гена устойчивости к ризомании Rr1 ("Холли") в 10 устойчивых к болезни селекционных материалов Института сахарной свеклы УААН с помощью двух маркеров - B40S и B2S. Установлено отсутствие гена Rr1 в этих материалах, а наличие аллель вблизи гена, возможно, связано с генами - аналогами (RGAs) или с позиционным эффектом гена Rr1
Ключевые слова: сахарная свекла, устойчивость к ризомании, STS - маркеры

SEARCH FOR NEW SOURCES OF RESISTANCE OF SUGAR BEET TO RHIZOMANIA

M. Roik, E. Pestsova, K. Schneider,
A. Nurmuhammedov, N. Vasileva, L. Shayuk,
N. Bilous

Institute for Sugar Beet Research UAAS
Ukraine, Kyiv, Klinichna str., 25,
Max Planck Institute for Plant Breeding
Research (MPIZ)
Carl-von-Linne-Weg 10, Cologne, Germany

The presence of Rr1 (Holly) gene for resistance to rhizomania was investigated in 10 rhizomania

resistant breeding materials of the Institute for Sugar Beet of UAAS, with the help of the two markers: B40S and B 2S. It was established that the Rr 1 gene was absent in these materials, and the presence of alleles near the gene may

be connected with genes-analogues (RGAs) or with a positional effect of the Rr1 gene

Key words: sugar beet, resistant to rhizomania, STS - markers

УДК 575.224 (076.5)

ОРГАНИЗАЦІЯ МАЛОГО ПРАКТИКУМА ПО ГЕНЕТИКЕ НА МОДЕЛЬНОМУ ОБ'ЄКТІ *ARABIDOPSIS THALIANA* (L.) HEYNH

И. Д. СОКОЛОВ, Л. И. СИГИДИНЕНКО, Т. И. СОКОЛОВА, Е. И. СЫЧ,
П. В. ШЕЛИХОВ

Луганский Национальный Аграрный Университет

Полноценный лабораторный практикум по общей генетике можно организовать имея в своем распоряжении всего три-четыре линии. Если специально для учебного процесса вначале синтезировать новые тест-линии, то можно на одной и той же гибридной комбинации демонстрировать моно-, ди- и тригибридные скрещивания, взаимодействие и сцепление генов.

Ключевые слова: арабидопсис, скрещивание, сцепление генов.

Вступлення. В большинстве вузов Украины лабораторный практикум по генетике традиционно проводится на мелком насекомом - дрозофиле. Дрозофила стала популярным объектом для генетических исследований по следующим причинам: она сравнительно легко размножается в лабораторных условиях, имеет короткий цикл развития, плодовита, обладает большим числом форм с четко выраженными наследственными изменениями морфологических признаков. Но все выше сказанное характерно и для хорошо освоенного лабораторного объекта арабидопсиса (*Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh.), причем подчас в большей степени [1].

Работа с дрозофилой требует изготовления для нее специальных питательных сред, компонентами которых являются дрожжи, сахар, изюм, агар-агар и другое. При этом дорогой агар-агар, необходим для приготовления среды по любому рецепту. Изготовление этих сред - более дорогостоящее и хлопотное дело, чем почвенной смеси для выращивания арабидопсиса. Плодовая мушка дрозофила - насекомое с полным циклом превращения в процессе онтогенеза (яйцо - личинка - куколка - имаго). Только что вылупившиеся из куколок мухи еще не способны к оплодотворению, но уже через 8 часов могут быть оплодотворены. Естественно, что для скрещиваний необходимо брать девственных (виргинных) самок, что требует постоянного наблюдения за ходом развития мух, своевременного переноса (пересадки) родительских особей в новые пробирки со средой. При

© И.Д. СОКОЛОВ, Л.И. СИГИДИНЕНКО, Т.И. СОКОЛОВА, Е.И. СЫЧ, П.В. ШЕЛИХОВ, 2004

работе с арабидопсисом мы можем выполнить скрещивания на первом цветке, но если это по какой-либо причине не сделано, то на втором или последующем цветке. Плодовые мушки - летающие насекомые, поэтому перенос родительских особей, как и любой анализ мух, требует их предварительной наркотизации серным эфиром. Поскольку в наркотизированном состоянии мухи могут находиться только около 5 минут, после чего разлетаются, работать нужно быстро и аккуратно. Работа с арабидопсисом в этом отношении более проста, - растения из ящиков и горшочков никуда не убегают. Кастрация и искусственное опыление не сопряжены с той спешкой, которая неизбежна при работе с мушками. Самка дрозофилы в благоприятных условиях откладывает в течении 3-4-х суток более 200 яиц. Получение 200 и более семян арабидопсиса от одного растения в обычных условиях его выращивания тоже не представляет трудности. Как и у дрозофилы, у арабидопсиса выделены и поддерживаются многие мутантные линии, маркированные четко идентифицирующимися картированными генами. Вообще, в настоящее время арабидопсис генетически изучен лучше, чем дрозофила.

Заметим, что цикл развития арабидопсиса несколько длиннее, чем у дрозофилы. Период от семени до семени в зависимости от того, с какой линией имеем дело, варьирует от одного до двух месяцев. Однако, более продолжительный цикл развития арабидопсиса не создает никаких проблем при применении этого растения в учебном процессе по генетике.

Важно подчеркнуть, что арабидопсис, как объект для постановки

лабораторного практикума по генетике, имеет ряд преимуществ перед дрозофилой. Во-первых, работа с дрозофилой - непрерывный процесс, который не признает отпусков, сложностей материального снабжения, аварийных отключений электроэнергии и теплоснабжения. Семена этого растения в обычных условиях при комнатной температуре могут храниться на протяжении 1-2 лет, а в специальных условиях - десятки лет. Семена арабидопсиса могут быть в любое время года пересланы по почте, что позволяет легко создать необходимую для организации лабораторного практикума генетическую коллекцию.

Во-вторых, ряд работ легко выполнить на арабидопсисе, но тяжело на дрозофиле. Причина в том, что арабидопсис в лабораторных условиях размножается за счет самоопыления и самооплодотворения без сколько-нибудь заметной депрессии. Иначе говоря, арабидопсис ведет себя как инбредный вид, тогда как дрозофила - аутбредный вид. Исходные формы для скрещиваний у арабидопсиса, как и в экспериментах Г. Менделя - чистые линии, многие из которых получены на базе одного и того же исходного генотипа и отличаются по известному числу идентифицированных генов (изогенные линии). Использующиеся для гибридизации линии дрозофилы гомозиготны по аллелям того гена, для изучения действия которого они рекомендуются. По многим другим генам эти же скрещиваемые линии отличаются. Это создает сложности при использовании дрозофилы для изучения модификационной изменчивости, подразделения фенотипической изменчивости на генотипическую и средовую. Арабидопсис очень просто

применить для демонстрации закона ненаследуемости модификаций, дрозофилу - сложно.

В-третьих, использование арабидопсиса для иллюстрации основных закономерностей наследственности и изменчивости позволяет гарантировать, что необходимые для проведения занятий растения будут получены своевременно. При использовании дрозофилы такую гарантию дать трудно. Признаки, которые рекомендуется изучать на лабораторном дрозофильном практикуме, определяются на взрослых особях, которые живут около недели. Это требует очень точного расчета времени вылода мух и проведения занятий. Перенос занятий на одну-две недели сразу создает проблемы. В отличие от этого растения обычных линий арабидопсиса живут полтора, два, а позднеспелые формы и большее число месяцев. Многие признаки идентифицируются в течение всего, или почти всего этого времени. Например, мутации типа *Chlorina* (желто-зеленая окраска) легко визуальнo определяют уже на стадии семядольных листьев и далее на протяжении всей жизни растений сохраняются.

В-четвертых, при проведении занятий на дрозофиле преподаватель практически не имеет возможности убедиться в правильности отнесения каждым из более чем десяти студентов подгруппы каждой отдельной мухи к тому или иному фенотипическому классу. При работе с арабидопсисом возможность прямой проверки каждого студента есть, что является стимулом внимательной работы студентов. До начала лабораторного занятия сам преподаватель или по его заданию квалифицированный лаборант определяет фенотипы каждого растения, находящегося в

ящичке. Если студент допустил ошибку в оценке фенотипа хотя бы одного растения, ему будет на это указано.

Единственным довольно сложным этапом работы с арабидопсисом является кастрация, то есть удаление тычинок из бутонов, что связано с небольшим размером генеративных органов растения. Одним из очевидных путей решения этой проблемы является наличие на кафедре хотя бы одного сотрудника, который умеет проводить гибридизацию у арабидопсиса. Другой путь - получение гибридных семян для лабораторных занятий по заявкам из тех вузов или исследовательских институтов, где хорошо освоена работа с этим объектом. Таким вузом на Украине является Луганский национальный аграрный университет.

На кафедре генетики и селекции Московского государственного университета еще в 60-х годах двадцатого века *A. thaliana* был введен в учебный процесс и стал основным лабораторным растительным объектом [2]. Среди растений на данное время только арабидопсис генетически изучен в такой мере, что на нем можно показать все основные закономерности наследственности и изменчивости. Актуальность его использования в учебном процессе обуславливается также тем, что сейчас он применяется исследователями не только для решения тех или иных проблем генетики и теории селекции. В последние годы арабидопсис используется как донор генов в селекции культурных растений [3]. Поэтому предложенный нами лабораторный практикум по генетике почти весь проводится на одном объекте, арабидопсисе, в аудиториях университета.

В нашем лабораторном практику-

ме даны инструкции к 18 лабораторным работам. Его основу составляют генетические эксперименты с арабидопсисом, проводимые на лабораторных занятиях самыми студентами. Студенты сами выращивают линии арабидопсиса, сами анализируют F_1 и F_2 , сами делают выводы по результатам опытов. Пять работ из восемнадцати проводятся без использования растений арабидопсиса. Остальные ориентированные на то, что к моменту их проведения они будут выращены в необходимом количестве.

Лабораторное занятие проводится обычно двумя преподавателями одновременно в двух подгруппах, но в разное время в разных группах (на протяжении одной рабочей недели). Соответственно, минимальное число ящиков, необходимых для проведения занятий при анализе расщеплений равняется двум, по одному ящику на подгруппу. Если в студенческой подгруппе не более 14 человек, что обычно и бывает, каждый студент имеет возможность анализировать растения своего рядка (в ящике 14 рядков растений).

В учебном процессе используются чистые линии арабидопсиса, признаки которых легко визуальными идентифицируются: *er* - исходная линия, *ch5* - зелено-желтое растение, *gl1* - волоски на листьях и стеблях отсутствуют, а также тест-линия *an1,dis1* - узкие, обратнотланцетные листья, волоски на стебле и листьях короткие и изогнутые. Специально для учебного процесса нами синтезированная новая димутантная линия *ch5,gl1* [4].

При изучении темы "Моногибридное скрещивание. Закон расщепления" растения F_2 выращиваем в ящике (14 рядков по 14 растений в каждом рядке). Скрещиваем растение, имею-

щее опушенные листья и стебли, гомозиготной линии *an1,dis1* с растением не опушенной (голой) гомозиготной линии *ch5,gl1* (*glabra* - голый). Требуется дать описание наследования рассматриваемого в данном опыте признака. Студенты легко справляются с заданием, так как предложенный для анализа признак легко идентифицируется (опушенные - неопушенные растения). Этот же материал можно использовать и для изучения темы "Дигибридное и полигибридные скрещивания".

При изучении темы "Взаимодействие генов" студенты анализируют характер опушения листьев и стеблей. У растений нормального типа исходной линии *Ler(er)* волоски на стебле и листьях довольно крупные и сложные. У гомозиготной линии *an1,dis1* они укороченные, простые, иной формы; линия *ch5,gl1* вообще не имеет волосков. Используется скрещивание *ch5,gl1* \times *an1,dis1*. В F_2 наблюдается рецессивный эпистаз (9 нормальные волоски : 4 без волосков).

Набором данных линий можно ограничиться и при рассмотрении темы "Индивидуальная модификационная изменчивость". Студенты должны убедиться, что каждое из растений в пределах одного горшочка по фенотипу в той или иной мере отличается от других, хотя все растения одной чистой линии имеют один и тот же генотип. Различия между этими растениями вызваны исключительно средовыми, трудно контролируемые даже в условиях лаборатории факторами.

Студенты измеряют у растений одной и той же чистой линии в пределах одного горшочка значения того количественного признака, на который укажет преподаватель. Легким и

вполне подходящим для целей настоящей работы является, например, признак "число листьев в розетке".

С использованием данных линий рассматривается тема "Групповая модификационная изменчивость". Предварительно линии арабидопсиса *Ler; an1, dis1* и *ch5, gl1* выращиваем в разных условиях. Студенты на лабораторном занятии убеждаются в том, что растения, которые выращивались при различном освещении, существенно отличаются.

Проведение занятия "Множественный аллелизм. Критерии аллелизма" предполагает использование хотя бы двух фенотипически сходных мутаций. Такими мутантными линиями могут быть линии *dis1* и *dis2*. При скрещивании *an1, dis1* с *dis2* волоски на растениях F_1 не короткие, как у обоих родителей, а нормальной длины. Это свидетельствует о неаллельности мутаций *dis1* и *dis2*. В ходе работы по теме "Мутационная изменчивость" рационально использовать все те же мутации *er, gl1, dis2* и тест-линию *an1, dis1*.

В общем, полноценный лабораторный практикум по общей генетике можно организовать, имея в своем распоряжении всего три - четыре линии. В принципе, если специально для учебного процесса вначале синтезировать новые тест-линии, то можно на одной и той же гибридной комбинации демонстрировать моно-, ди- и тригибридные скрещивания, взаимодействие и сцепление генов. Думается, что приобретение и поддержание небольшого числа исходных линий является посильной задачей для большинства вузов Украины. На нашей кафедре мы используем на занятиях большее число исходных линий и гибридных комбинаций. Нам это легко сделать, потому что мы

располагаем довольно большой коллекцией линий и проводим научные исследования на этом объекте.

Чистые линии арабидопсиса получены нами из Ноттингемского центра по поддержанию генетической коллекции арабидопсиса (NASC) [5]. Выражаем искреннюю благодарность сотрудникам этого центра за предоставление семян исходных линий.

Список литературы

1. Соколов І. Д., Шеліхов П. В., Соколова Т. І., Наумов С. Ю., Сич О. І., Сігідіненко Л. І. Генетика. Практикум: Навчальний посібник для студентів вищих навчальних закладів. - 4-е вид., виправлене та доповнене. - К.: Арістей, 2003. - 176 с.
2. Ехова Т. А. и др. *Arabidopsis thaliana* - модельный объект генетики растений: Учебно-методическое пособие по генетике растений - М.: МАКС Пресс, 2003. - 220 с.
3. Ефремов А. А. Транспозонный мутагенез и характеристика гена арабидопсиса, контролирующего строение органов, их опушение и состав жирных кислот // Автореф. дис. канд. биол. наук. - Краснодар: Кубанский аграрный ун-т, 1989. - 26 с.
4. Сигидіненко Л. І., Соколов І. Д. Новая линия арабидопсиса *ch5, gl1* в учебном процессе // Матеріали Міжнародної науково-практичної конференції "Україна наукова 2003", 2003. - 4 - С. 49-51.
5. Seed List. The Nottingham *Arabidopsis* Stock Centre. - Nottingham: The University of Nottingham, 1994. - 147 p.

ОРГАНІЗАЦІЯ МАЛОГО ПРАКТИКУМУ З ГЕНЕТИКИ НА МОДЕЛЬНОМУ ОБ'ЄКТІ *ARABIDOPSIS THALIANA* (L.) HEYNH

І. Д. Соколов, Л. І. Сігідіненко,
Т. І. Соколова, О. І. Сич, П. В. Шеліхов

Луганський Національний Аграрний
Університет

Повноцінний лабораторний практикум з загальної генетики можна організувати, маючи у своєму розпорядженні всього три-

чотири лінії. Якщо спеціально для учбового процесу спочатку синтезувати нові тест-лінії, то можна та одній і тій самій гібридній комбінації демонструвати моно-, ди- та тригібридні схрещування, взаємодії і зчеплення генів

Ключові слова: арабідопсис, схрещування, зчеплення генів

ORGANIZATION OF SMALL WORKSHOP ON GENETICS FOR MODEL OBJECT *ARABIDOPSIS THALIANA* (L.) HEYNH

I. D. Sokolov, L. I. Sygydynenko, T. I., E. I. Such, P. V. Shelikhov

Lugansk National Agrarian University,
Ukraine, Lugansk

Having only three, four lines at one's disposal, one can organize laboratory practical of full value in general genetics. If at first the new test-lines are synthesized especially for teaching process, one can demonstrate mono-, - double-, - triplehybrid crossings, gene interaction and gene coupling on the same hybrid combination
Key words: arabidopsis, crossings, gene coupling

УДК 575.113.3: 582.663.2

ВЗАМОДЕЙСТВИЕ КАРТИРОВАННЫХ ГЕНОВ CH5 И CLV1 ПО ПРИЗНАКУ "ЧИСЛО ДНЕЙ ОТ ПОСЕВА ДО НАЧАЛА ЦВЕТЕНИЯ" У ARABIDOPSIS THALIANA (L.) HEYNH

Е.И. СЫЧ

Луганский национальный аграрный университет,
Украина, г. Луганск

Впервые в количественной генетике растений найден эпистаз, при котором в F_2 расщепление происходит в отношении 13:3. Эпистатическое отклонение i_{ab} значимо ($i_{ab} = -9.23 \pm 1.71$, $t < 2$). Относительная оценка силы эпистаза $I = -26.57\%$
Ключевые слова: арабидопсис, взаимодействие генов, эпистаз, количественные признаки, картированные гены, мутантные аллели

Введение. Взаимодействие генов было открыто в начале прошлого века [1], но и спустя много десятилетий констатировали, что оно мало изучено [2]. Все многообразие взаимодействий обычно сводят к следующим основным типам: 1) комплементарность, 2) эпистаз, 3) полимерия, 4) модифицирующее действие [2]. Известны и другие подходы к классификации взаимодействий. В частности, Гершкович И. выделяет взаимодействия путем наложения, антогонизма и кооперации [3].

Выделение модифицирующего действия как одного из типов взаимодействия в количественной генетике не имеет рационального смысла. Выделяя его, просто констатируют тот факт, что кроме генов, сильно влияющих на признак, имеются и слабо влияющие гены, гены-модификаторы. Следовательно, речь идет о различиях в силе (степени) влияния генов, а не о каком-то особом их взаимодействии. Это же можно сказать и в отношении кумулятивной полимерии. Выделение ее тоже связано не с реально существующим каким-то особым взаимодействием, а с наличием генов с одинаковым по силе, однозначным влиянием на признак. В этом смысле кумулятивную полимерию можно противопоставить модифицирующему действию (при полимерном наследовании имеет место расщепление по генам с одинаковой силой действия, тогда как при модифицирующем

© Е.И. СЫЧ, 2004

действию - по генам, сильно отличающимся по силе действия) [4]. При кумулятивной полимерии имеет место простое суммирование эффектов генов, их аддитивное действие, свидетельствующее об отсутствии взаимодействия генов. Известно при этом, что одно и то же отношение расщепления можно трактовать и как комплементарное взаимодействие, и как эпистаз. В частности, это касается расщепления в F_2 в отношении 9:7. Его можно понимать не только как результат действия двух комплементарных генов, но и как двойной рецессивный эпистаз [2].

Фазоулас А. подразделяет эпистаз на плюс-эпистаз (эпистатичен ген, обеспечивающий проявление нормального фенотипа) и минус-эпистаз (эпистатичен ген, определяющий отклонение от нормы) [5]. Соответственно, неаллельные эпистатичные гены он называет либо плюс-эпистатичными, либо минус-эпистатичными. В качестве примеров приводятся результаты изучения устойчивости к болезням у растений, причем за норму принимается наличие устойчивости. В результате одни и те же расщепления в F_2 (15:1, 13:3, 9:7, 12:3:1, 9:3:4) интерпретируются то как плюс-эпистаз, то как минус-эпистаз. В частности, если расщепление в F_2 происходит в отношении 15 устойчивых: 1 восприимчивое, то автор говорит о плюс-эпистазе, а если по формуле 15 восприимчивых: 1 устойчивое, - о минус-эпистазе.

Такой подход в количественной генетике вряд ли приемлем, поскольку понятие "норма" не является чем-то абсолютным. Нормальный фенотип есть результат длительной эволюции, основной движущей силой которой является естественный отбор. В пре-

делах одного вида подвиды и сорта отличаются по количественным признакам, и у каждого - своя норма. Спрашивается, что же следует принимать за нормальный фенотип при скрещивании двух форм, отличающихся, например, по массе растений, - форму с большей или меньшей массой? Ответ на этот вопрос во многих случаях будет неоднозначным.

Уже давно Расмуссон ввел понятие степень взаимодействия. Суть его гипотезы взаимодействия заключается в следующем. Действие любого гена зависит от других однозначно влияющих генов, причем оно тем меньше, чем больше таких генов уже содержит генотип. Увеличение признака для любого генотипа при добавлении генов задается формулой

$$b = a \frac{k^x - 1}{k - 1}$$

где b - эффект добавления гена,

x (0, 1, 2, ..., n) - число имеющихся в генотипе генов,

a - среднее значение базового генотипа,

k - степень взаимодействия, которая может колебаться от 0 до 1.

Подчеркнем, что вычисления по этой формуле возможны лишь в том случае, когда все добавляемые гены действуют в одном направлении (например, увеличивают признак) и, кроме того, они все одинаковой силы.

Предложенный Мазером К. биометрический подход к описанию наследования количественных различий вначале не учитывал взаимодействие генов [7]. В дальнейшем пришлось создавать модели, допускающие это явление [8]. При этом любое взаимодействие генов, нарушающее аддитивность их действия, стали назы-

вать эпистазом. Для описания взаимодействия двух генов предложили четыре параметра: i_{ab} (гомозиготнo-гомозиготное взаимодействие), j_{ab} , j_{ba} (гомозиготнo-гетерозиготные взаимодействия) и l_{ab} (гетерозиготнo-гетерозиготное взаимодействие) [8]. Эти параметры дают определенную информацию о взаимодействии генов [4].

Хотя проблема совместного действия и взаимодействия генов, влияющих на количественные признаки, имеет не только теоретический, но и важный практический интерес, однако и в наше время она слабо разработана [9]. Очевидно, что необходимы специальные исследования данной проблемы.

В настоящей статье рассматривается взаимодействие несцепленных генов CH5 и CLV1, влияющих на время от посева до начала цветения.

Материалы и методы

Исходной линией была гомозиготная линия (экотип) арабидопсиса *Lasdsberg erecta* (*Ler*, *er*). На ее генетической основе получены мономутантные чистые линии *ch5* (генотип *ch5ch5*) и *clv1* (генотип *clv1clv1*) [10]. Рецессивная аллель *ch5* (хромосома 5 - локус 43) в гомозиготном состоянии детерминирует желто-зеленую окраску растений, *clv1* (1 - 110) - булавовидные стручки [10]. Путем искусственного скрещивания и отбора в F_2 в лаборатории светокультуры Луганского НАУ была получена димутантная линия *ch5,clv1* (генотип *ch5ch5 clv1clv1*). В результате, мы располагали всеми четырьмя возможными гомозиготными генотипами, образующимися при комбинации

аллелей *Ch5*, *ch5*, *Clv1* и *clv1* (линии *Ler*; *ch5*; *clv1* и *ch5,clv1*).

Если по качественному признаку наблюдается полное доминирование аллели дикого типа над мутантной, то такое же полное генотипическое доминирование бывает и по всем тем количественным признакам, на которые плейотропно влияет исследуемый ген [11]. В нашей работе как раз и использовались полностью рецессивные на уровне качественного проявления признаки мутации. В такой ситуации среднее фенотипическое значение генотипа с условным обозначением *AABB* бывает таким же, как и других генотипов с общей формулой *A-B-*; генотипа *aaBB* - как генотипов с формулой *aaB-*; генотипа *AAbb* - как генотипов *A-bb*.

В каждом из наших экспериментов выращивали растения в соотношении 1 *AABB* (*Landsberg erecta*) : 1 *aaBB* (первый мутант) : 1 *AAbb* (второй мутант) : 1 *aabb* (двойной рецессив). Тем самым моделировалось анализирующее скрещивание F_A (1 *AaBb* : 1 *aaBb* : 1 *Aabb* : 1 *aabb*). В типичном дигибридном скрещивании при полном доминировании генотипы группируются в четыре фенотипических класса (отношения расщепления в F_2 9 : 3 : 3 : 1, в F_A 1 : 1 : 1 : 1). При некоторых типах взаимодействия, а также при равной силе действия генов на количественный признак число фенотипических классов оказывается меньше 4. Если, например, в эксперименте среднее фенотипическое значение генотипа *aabb* (*aabb*) такое же, как *AAbb*, то это - свидетельство расщепления в F_A в отношении 1 : 1 : 2 (в F_2 9 : 3 : 4). Вообще, объективно сравнивая *AABB*, *aaBB*, *AAbb* и *aabb*,

Таблица 1. Отношения расщепления при дигибридном скрещивании и полном доминировании ($a < A, b < B$)

F_2 (второе дигибридное поколение)	F_A (анализирующее скрещивание)
9 : 3 : 3 : 1	1 : 1 : 1 : 1
9 : 3 : 4	1 : 1 : 2
12 : 3 : 1	2 : 1 : 1
10 : 3 : 3	2 : 1 : 1
9 : 6 : 1	1 : 2 : 1
9 : 7	1 : 3
10 : 6	2 : 2 (1 : 1)
15 : 1	3 : 1
13 : 3	3 : 1

можно сделать заключение о характере расщепления в F_2 и F_A . При этом учитывали, что вполне определенные отношения расщепления в F_2 однозначно соответствуют таковым в F_A (табл. 1). В общем, если известны средние фенотипические значения и другие элементарные статистики генотипов $AABB$, $aaBB$, $AAbb$ и $aabb$, можно сделать заключения о расщеплении в F_2 и F_A , не выращивая специально эти поколения.

Выращивание одних гомозигот позволяет получить основную информацию об индивидуальном и совместном действии генов на количественный признак. В то же время число особей, которое необходимо вырастить, в этом случае во много раз меньше, чем при использовании обычной менделевской схемы опыта. Эти соображения и были решающими при выборе нами схем экспериментов. Менделевским считается такой подход, при котором формализуются любым уместным в конкретной задаче аппаратом менделевские правила наследования [12]. Наша схема опытов в целом укладывается в этот подход.

Растения выращивали в почвенной

культуре в деревянных ящиках с внутренним размером 45 x 45 см и высотой 7 см. Посев производили квадратным способом с площадью питания 3 x 3 см, которая обеспечивает отсутствие конкуренции между растениями. В каждом ящике помещалось 14 рядков по 14 растений, то есть всего в ящике 196 посадочных мест. При посеве семян в ящики соблюдали полную рендомизацию, обеспечивающую равную вероятность попадания растений любой из четырех исследуемых гомозиготных линий в любое посадочное место в ящике. Тем самым ликвидировалось влияние на статистические параметры сравниваемых линий расположения растений рядом с бортами ящика ("краевой эффект"). Посадочные места для каждой линии определяли по таблице случайных чисел. В схеме посадки по каждому посадочному месту отмечали его местоположение в ящике (номер рядка и номер растения в рядке) и название линии. Освещение было круглосуточным. Цветение фиксировали по первому раскрытому бутону. Данные разносили по линиям с учетом схемы посадки. Один опыт занимал один ящик.

При такой организации эксперимента, когда выращивают лишь гомозиготные генотипы, можно оценить только так называемые гомозиготно-гомозиготные взаимодействия, но не гомозиготно-гетерозиготные и гетерозиготно-гетерозиготные [8]. В синтетической селекции самоопылятелей именно гомозиготно-гомозиготные взаимодействия представляют интерес. При обработке результатов использовали как обычные математико-статистические методы [13], так и недавно предложенный метод количественной оценки эпистаза [9]. Обработку производили на персональном компьютере по разработанным нами программам [14].

Результаты и обсуждение

В табл. 2 представлены параметры

Разности средних арифметических значений признака, являющихся средними фенотипическими [15], оценивали по t-критерию Стьюдента. Базовая линия *Ler* (генотип *Ch5Ch5Clv1Clv1*) высоко достоверно отличалась от *ch5*, различия *Ler* и двух других линий были недостоверными (табл. 3). Недостоверны также различия средних *clv1* и *ch5,clv1*. Можно принять нулевую гипотезу и считать, что линии *Ler*, *clv1* и *ch5,clv1* имеют одинаковое фенотипическое значение, образуют один фенотипический класс. Линия *ch5* высоко достоверно отличалась не только от *Ler*, но и от *clv1* и двойного рецессива *ch5,clv1* (табл. 3).

В табл. 4 приведены эффекты замены аллелей *Ch5* на *ch5* и *Clv1* на *clv1*. В сравнении с линией *Ler* линия

Таблица 2. Элементарные статистики гомозиготных линий *Ler*, *ch5*, *clv1* и *ch5,clv1* по числу дней от посева до начала цветения

Линия	Объем выборки	Среднее фенотипическое значение	Ошибка среднего значения	Дисперсия	Коэффициент вариации, %
<i>Ler</i>	45	34,78	0,73	23,72	14,0
<i>ch5</i>	39	42,72	1,20	56,31	17,6
<i>clv1</i>	41	35,20	0,79	25,36	14,3
<i>ch5,clv1</i>	44	33,91	0,59	15,06	11,4

сравниваемых совокупностей по признаку "число дней от посева до начала цветения". Если коэффициент вариации (*cv*) меньше 10 %, то изменчивость считается слабой, при $10 < cv < 25$ - средней, и при $cv > 25$ - сильной [13]. В нашем случае изменчивость в чистых линиях, а в таких линиях она исключительно средовая, была средней (табл. 2).

ch5 цвела примерно на 8 дней позднее. Аллель *ch5* в гомозиготном состоянии вела себя как аллель-усилитель по исследованному признаку. Замена аллелей *Clv1* на *clv1* на фоне *Ch5Ch5* не влияет на срок цветения, на фоне *ch5ch5* - влияет.

Аллель *clv1* в гомозиготном состоянии полностью подавляет проявление аллели *ch5*. Именно поэтому

Таблица 3. Значения t-критерия Стьюдента, полученные при сравнении средних арифметических

	<i>Ler</i>	<i>ch5</i>	<i>clv1</i>
<i>ch5</i>	5,66***		
<i>clv1</i>	0,39	4,93***	
<i>ch5,clv1</i>	0,93	6,59***	1,31

Таблица 4. Эффекты замены аллелей *Ch5* на *ch5* и *Clv1* на *clv1*

	Генотипы		Разность, дни	Разность, %	t-критерий Стьюдента
	<i>Ch5Ch5</i>	<i>ch5ch5</i>			
Генотип <i>Clv1Clv1</i>	34,78±0,73	42,72±1,20	7,94±1,40	22,8	5,66***
Генотип <i>clv1clv1</i>	35,20±0,79	33,91±0,59	-1,29±0,98	-3,7	1,31
Разность, дни	0,42±1,07	-8,81±1,34			
Разность, %	1,2	-20,6			
t-критерий Стьюдента	0,39	6,59***			

три линии (*Ler*; *clv1* и *ch5,clv1*) имеют достоверно не различающиеся значения признака "число дней от посева до начала цветения". Аддитивная схема наследования не адекватна. Имеет место эпистаз, при котором в F_2 расщепление происходит в отношении 13:3 {13 (*Ch5-Clv1-*, *Ch5-clv1clv1*, *ch5ch5clv1clv1*) : 3 *ch5ch5Clv1-*}.

Рецессивный эпистаз по признаку "высота стебля" у арабидопсиса, приводящий к расщеплению в F_2 в отношении 9:3:4, описан уже давно [16]. В

этой же работе по признаку "ширина первого настоящего листа" наблюдали взаимодействие генов, сопровождающееся расщеплением в F_2 в отношении 12:3:1. О взаимодействии генов описанного здесь типа (в F_2 13:3) в количественной генетике растений до настоящего времени не сообщалось.

Расположение средних арифметических значений гомозиготных линий иллюстрирует приводимый ниже рисунок. Хорошо видно, что только ли-

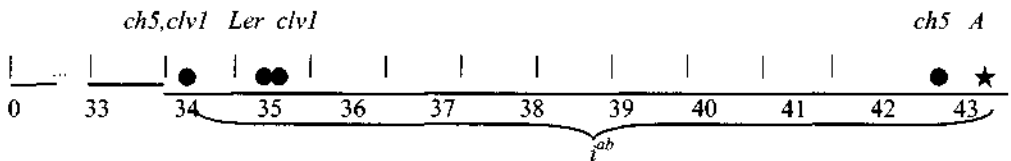


Рисунок. Расположение на числовой оси средних фенотипических значений гомозиготных линий

Примечание. А - ожидаемое значение признака у линии *ch5,clv1* при аддитивном действии генов

ния *ch5* имеет явно иное значение признака.

Для оценки эпистаза нами предложен новый метод, доложенный на VII съезде Украинского общества генетиков и селекционеров им. Н. И. Вавилова (Крым, 2002) и описанный в работе [9]. Он основывается на вычислении эпистатического отклонения iab и его статистической ошибки S_{iab} . В нашем случае $iab = -9.23 \pm 1.71$ дней. Достоверность эпистаза устанавливается с использованием упрощенного t-критерия, равного частному от деления генетического параметра, взятого по модулю, на его ошибку репрезентативности [8] ($t = 9.23/1.71 = 5.39$). Если значение t равно или больше 2, то параметр, как в нашем исследовании, считается значимым. Знак iab указывает на направление эпистаза, то есть здесь имеет место отрицательный эпистаз. Относительная оценка силы или степени эпистаза $I = iab/AABV$ ($I = -9.23 / 34.74 = -0.2657 = -26.57\%$). Очевидно, что полученные нашим методом результаты не противоречат тем, которые получены при использовании других методов, а дают дополнительную количественную характеристику взаимодействия генов. Продолжение исследований в этом направлении позволит оценить степень распространенности и особенности проявления взаимодействия генов по количественным признакам.

Выводы

1. Аллель *ch5* является аллелью-усилителем по признаку "число дней от посева до начала цветения".

2. Аллель *clv1*, сама по себе не влияющая на данный признак, в гомо-

зиготном состоянии подавляет проявление аллели *ch5*. В результате три гомозиготы ($Ch5Ch5Clv1Clv1$, $Ch5Ch5clv1clv1$, $ch5ch5clv1clv1$) имеют достоверно не различающиеся значения исследованного количественного признака.

3. Аддитивная схема наследования не адекватна. Имеет место эпистаз, при котором в F_2 расщепление происходит в отношении 13:3.

4. Эпистатическое отклонение iab значимо ($iab = -9.23 \pm 1.71$, $2 < t$). Относительная оценка силы эпистаза $I = -26.57\%$.

Список литературы

1. Bateson W. Mendel's Principles of Heredity. First published in 1902. 3rd impression. - Cambridge, 1913. - 413 p.
2. Лобашев М. Е. Генетика. - Л.: Изд-во ЛГУ, 1967. - 751 с.
3. Гершкович И. Генетика. - М.: Наука, 1968. - 702 с.
4. Соколов И. Д., Шелихов П. В., Соколова Е. И., Соколова Т. И. Анализ средних значений признака по Мазеру-Джинксу и проблемы селекции. - Луганск: Изд-во ВУГУ, 1997. - 168 с.
5. Fasoulas A. Principles and methods of plant breeding // Thessaloniki: Aristotel. University. - 1981. - № 11. - 117 p.
6. Fasoulas A. Theaching allelic and nonallelic gene interaction in elementary genetics // Thessaloniki: Aristotel. University. - 1971. - 30 p.
7. Mather K. Biometrical Genetics. - London: Methuen and Co. Ltd., 1949. - 162 p.
8. Мазер К., Джинкс Д. Биометрическая генетика. - М.: Мир. 1985. - 486 с.
9. Сыч Е. И. Новый метод оценки взаимодействия генов в количественной генетике растений // Збірн. наук. праць ЛНАУ. - 2003. - № 22 (34). - с. 65-71.
10. Seed List. The Nottingham *Arabidopsis* stock centre. - Nottingham: The Univer. of Notting., 1994. - 147 p.
11. Брусенцова М. Ю. Наследование плейотропных количественных эффектов при

- тригибридном скрещивании *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh.: Автореф. дис. канд. биол. наук: 03.00.15 / ВИР РАСХН. - С.-Петербург, 1996. - 18 с.
12. Гинзбург Э. Х. Описание наследование количественных признаков. Новосибирск: Наука, 1984. - 120 с.
 13. Лакин Г. Ф. Биометрия. - М.: Высшая школа, 1990. - 352 с.
 14. Соколов И. Д., Шелихов П. В., Наумов С. Ю., Сич Е. И. Компьютеризация агрономических и биологических расчетов. - Луганск: Элтон-2, 2001. - 133 с.
 15. Фолкнер Д. С. Введение в генетику количественных признаков. - М.: Агропромиздат, 1985. - 485 с.
 16. Петров А. П., Соколов И. Д. Экспериментальная проверка некоторых предположений и методов статистической генетики. Сообщение II // Цитология и генетика. - 1978. - 12, № 5. - С. 445-452.

Представлено В. А. Кунахом
Надійшла 09.09.2004 р.

**ВЗАЄМОДІЯ КАРТОВАНИХ ГЕНІВ CH5 I CLV1
ЗА ОЗНАКОЮ "ЧИСЛО ДНІВ ВІД ПОСІВУ ДО
ПОЧАТКУ ЦВІТІННЯ" У ARABIDOPSIS
THALIANA (L.) HEYNH**

О. І. Сич

Луганський національний аграрний
університет,
Україна, м. Луганськ

Вперше в кількісній генетиці рослин знайдено епістаз, при якому в F₂ розщеллення відбувається у відношенні 13:3. Епістатичне відхилення *i^{ab}* достовірне (*i^{ab}* = -9.23±1.71, *t*<2). Відносна оцінка сили епістазу I = -26.57 %

Ключові слова: арабідопсис, взаємодія генів, епістаз, кількісні ознаки, картовані гени, мутантні алелі

THE INTERACTION OF MAPPED GENES CH5 AND CLV1 ON QUANTITATIVE TRAIT "THE NUMBER OF DAYS FROM SOWING TILL FLOWERING" OF ARABIDOPSIS THALIANA (L.) HEYNH

E.I. Sych

Lugansk National Agrarian University,
Ukraine, Lugansk

Firstly the epistas was discovered in quantitative plant's genetics, at which the segregation ratio in F₂ is 13:3. The epistatic deviation *i^{ab}* is significant. The relative estimation of epistas intensity is I = -26.57%

Key words: arabidopsis, genes interaction, epistas, quantitative traits, mapped genes, mutant alleles

УДК. 575:831-005.1 (477.54)

ГЕНЕАЛОГИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ИШЕМИЧЕСКОГО ИНСУЛЬТА У ЖИТЕЛЕЙ ХАРЬКОВСКОЙ ОБЛАСТИ

Т. В. ТЫЖНЕНКО

Харьковский национальный университет им. В. Н. Каразина,
кафедра генетики и цитологии,
Украина, г. Харьков, пл. Свободы, 4

Частота ишемического инсульта у жителей харьковской области составляет 0,0029. Собраны и проанализированы генеалогические сведения о 100 больных мужчинах и женщинах с ишемическим инсультом. Частота заболевания среди родителей пораженных пробандов - 0,3750. Частота заболевания среди сибсов пораженных пробандов - 0,1750. Частота ишемического инсульта у матерей пробандов составляет 44,0 %, что в 1,6 раз больше чем частота ишемического инсульта у отцов пробандов.

Ключевые слова: инсульт; генетическая предрасположенность; популяционная частота.

Введение. В Украине, как и большинстве стран мира отмечается рост неврологических заболеваний. Сосудистые поражения нервной системы являются одной из важнейших проблем клинической неврологии. Актуальность изучения сосудистой патологии мозга объясняется ее большой распространенностью, высоким процентом смертности и инвалидизации, а также тенденцией к возникновению цереброваскулярных заболеваний у лиц молодого возраста. Одной из наиболее распространенных патологий нервной системы является ишемический инсульт. Инсульт - острое нарушение кровообращения в головном мозге, вызывающее гибель мозговой ткани. Ишемический инсульт - тромбоз или эмболия мозговых сосудов. Он является исходом различных по своему характеру патологических состояний системы кровообращения - сосудов, сердца, крови. В настоящее время особый интерес представляют изучение молекулярно-генетических основ развития ишемического повреждения мозга и поиски возможностей управления экспрессией генов, вовлеченных в реализацию клеточной гибели [1]. Исследования отечественных и зарубежных ученых [1, 2, 3] позволили сделать

© Т.В. ТЫЖНЕНКО, 2004

вывод о том, что семейная предрасположенность является фактором риска развития инсульта. Близнецовый анализ установил, что конкордантность по риску развития ишемического инсульта у монозиготных близнецов составляет 17,7-19%, у дизиготных - 3,6-8,5% [2].

Большинство случаев ишемического инсульта относится к полигенным мультифакторным синдромам, в развитии которых задействованы факторы наследственной предрасположенности и внешней среды. Многочисленные исследования позволили определить круг кандидатных генов, вовлеченных в патогенез ишемии мозга, однако выявить конкретные полиморфные варианты генов либо генные мутации, определяющие развитие ишемического инсульта, до сих пор не удалось. Изучаются гены ренин-ангиотензиновой системы, NO-синтазы, гены системы гемостаза, гены, контролирующие обмен гомоцистеина и липидов, а также гены, вовлеченные в процессы программированной клеточной смерти. Ренин-ангиотензиновую систему можно считать одним из центральных звеньев в развитии таких многофакторных заболеваний, как артериальная гипертензия и атеросклероз - основных факторов риска ишемического инсульта [4]. Молекулярно-генетические исследования должны предваряться генетическим анализом, который определяет тип наследования и величину наследуемости признака. Принимая во внимание, что характер наследственной предрасположенности к заболеванию определяется особенностями популяционной структуры, ее демографическими и этническими характерис-

тиками, исследование различных популяций позволит установить полное представление о генетической детерминации признака [5]. Поэтому использование генетических оценок и целей для прогнозирования ограничивается рамками конкретной популяции [6].

Целью работы было исследование предрасположенности к ишемическому инсульту в харьковской популяции. Одной из важнейших задач современной неврологии и генетики является совершенствование методов ранней диагностики, формирование группы риска для проведения первичной профилактики и успешного восстановительного лечения больных инсультом. На первом этапе для решения этих проблем используется генеалогический анализ. Целью работы является установление некоторых особенностей распределения инсульта в родословных пробандов. В данной работе представлена первичная информация по генетическому изучению инсульта.

Материалы и методы

Сбор генеалогической информации проведен в 23 отделениях Харьковской городской клинической психиатрической больницы № 15. Методом единичной регистрации собраны генеалогические данные о 100 больных (59 мужчин и 41 женщина) в возрасте от 35 до 85 лет. Статистический и генеалогический анализ результатов проводился общепринятыми методами с использованием критериев t , F , χ^2 [7]

Результаты и обсуждение

Для проведения генетического

анализа необходимой величиной является популяционная частота (Q_p). Этот показатель характеризует частоту заболевания в популяции. Сравнение частоты заболевания среди родственников пробанда и в популяции дает представление о семейном накоплении признака.

Популяционная частота необходима для вычисления повторного риска и является математической величиной, представляющей собой отношение численности больных к численности населения популяции. Если заболевание встречается в разных возрастных группах с одинаковой частотой, то популяционная частота будет равна распространенности заболевания, а если нет, и возраст в котором начинается заболевание варьирует, то популяционная частота вычисляется для каждой возрастной группы [6]. В данной работе использовалась популяционная частота полученная в Харьковском областном медицинском информационно-аналитическом цент-

ре. Частота ишемического инсульта у жителей Харьковской области составляет 0,0029. Данная величина была использована в генетическом анализе.

Генетико-генеалогическое исследование пробандов позволило установить семейное накопление случаев ишемического инсульта среди родственников I степени родства. Так среди сибсов пробандов-мужчин частота ишемического инсульта составила 15,8 %, пробандов-женщин - 19,6 %, что в 54 и 67,5 раз соответственно превышает популяционную частоту ($p < 0,01$). У 86 детей пробандов-мужчин ишемический инсульт встречается в 11,6 % случаев, у 66 детей пробандов-женщин - в 3,0 % случаев, что достоверно выше чем в популяции ($p < 0,05$). Дети женщин-пробандов поражены реже чем дети мужчин-пробандов в 3,9 раза ($p < 0,05$). У пробандов-мужчин 40,7 % матерей поражены ишемическим инсультом, у пробандов-женщин - 48,8 %, что

Таблица. Генеалогическая характеристика больных ишемическим инсультом

Родственники	Пробанд-женщина		Пробанд-мужчина		Все пробанды	
	Всего (N)	Из них поражены, %	Всего (N)	Из них поражены, %	Всего (N)	Из них поражены, %
Матери	41	48,8	59	40,7	100	44,0
Отцы	41	26,8	59	27,1	100	27,0
Родители	82	42,7	118	33,9	200	37,5
Братья	44	20,5	53	24,5	97	23,9
Сестры	58	18,9	73	19,5	131	14,8
Сибсы	102	19,6	126	15,8	228	17,5
Дети	66	3,0	86	11,6	152	7,9

соответственно в 140 и 168 раз превышает популяционную частоту ($p < 0,01$). Сестры мужчин и женщин поражены в 15,8 % и 19,6 % случаев соответственно. Матери пробандов чаще поражены ишемическим инсультом, чем отцы. Частота ишемического инсульта у них составляет 44,0 %, что в 1,6 раз выше частоты у отцов ($p < 0,05$). Исследование показало, что положительный семейный анамнез увеличивает риск развития инсульта, и у мужчин, и у женщин. Отмечено семейное накопление, а это свидетельство генетической основы заболевания.

Важным в проблеме сосудистых заболеваний головного мозга является определение факторов риска, профилактика. Факторы риска развития мозговой сосудистой патологии условно разделяются на социально-средовые и генетические. В результате исследования выяснено, что наиболее частыми факторами риска являются: артериальная гипертония, поражения магистральных артерий головы, патология сердца, курение, сахарный диабет. Практическое значение этой концепции - создание системы управления факторами риска.

Важная роль в развитии инсультов отводится наследственности. У лиц, кровные родственники которых перенесли инсульт, риск возникновения сосудистых заболеваний в 2-2,5 раза выше, чем у лиц с неотягощенной наследственностью. Влияние неблагоприятных социально-средовых и генетических факторов вызывает в определенной степени снижение энергетической обеспеченности мозга, нарушает регуляцию мозгового кровообращения и ведет в той или иной степени к изменению то-

нуса сосудов головного мозга, что может привести к инсульту.

Выводы

Результаты генеалогического исследования указывают на генетическую предрасположенность к возникновению ишемического инсульта. Полученные данные могут быть использованы в разработке основ генетического прогноза для родственников больных, способствовать раннему выявлению "групп риска" и клинико-генетическому мониторингу ишемического инсульта и других сосудистых патологий головного мозга.

Список литературы

1. Давиденкова Е. Ф., Колосова Н. Н., Либерман И. С. Медико-генетическое консультирование в системе профилактики ишемической болезни сердца и инсультов. Л.: Медицина, 1979. - 273 с.
2. Brass L. M., Isaacsohn J. L., Merikangas L. M., Robinette C. D. Stroke. - 1992. - № 23. - P. 220 - 223.
3. Бочков Н. П. Клиническая генетика. М.: Медицина, 1997. - 288 с.
4. Скворцова В. И. Участие апоптоза в формировании инфаркта мозга. Инсульт. // Журнал неврологии и психиатрии им. Корсакова. - 2001. - № 2. - С. 8 - 12.
5. Атраментова Л. А., Рыжко П. П., Федота А. М. Генетическое изучение псориаза в Харьковской популяции // Цитология и генетика. - 2001. - 36, № 1. - С. 74 - 78.
6. Беляева Л. В. Генетический анализ предрасположенности к раку легкого и органов желудочно-кишечного тракта в Харьковской популяции. // Вісник проблем біології і медицини. - 2003. вип. 5. - С. 74 - 76.
7. Лакін Г. Ф. Биометрия. М.: Высш. шк., 1990. - 352 с.

Представлено І. Р. Баріляком
Надійшла 10.07.2004 р.

ГЕНЕАЛОГІЧНИЙ АНАЛІЗ ІШЕМІЧНОГО
ІНСУЛЬТУ МЕШКАНЦІВ ХАРКІВСЬКОЇ
ОБЛАСТІ

Т. В. Тижненко

Кафедра генетики і цитології
Харківський національний університет
ім. В.Н. Каразіна
Україна, 61077, р. Харків-77, пл. Свободи 4,
e-mail: Tyshnenko@library.univer.Kharkov.ua

Частота ішемічного інсульту у мешканців Харківської області складає 0,0029. Зібрані і проаналізовані генеалогічні відомості про 100 хворих чоловіків і жінок з ішемічним інсультом. Частота захворювання серед батьків уражених пробандів - 0,3750. Частота захворювання серед сибсів уражених пробандів - 0,1750. Частота ішемічного інсульту у матерів пробандів складає 44,0 %, що в 1,6 раз більш ніж частота ішемічного інсульту у батьків пробандів

Ключові слова: інсульт; генетична схильність; популяційна частота

GENEALOGICAL ANALYSIS OF ISCHEMIC
STROKE WITH INHABITANTS OF KHARKOV
REGION

T. V. Tyzhnenko

V.N. Karazin Kharkov National University,
Department of genetics and cytology
Ukraine, Kharkov, Svoboda square 4,
e-mail: Tyshnenko@library.univer.Kharkov.ua

Frequency of ischemic stroke with inhabitants of Kharkov region 0,0029. 100 family men and women patient with an ischemic stroke are analysed. Frequency of disease among the parents of suffering probands - 0,3750. Frequency of disease among sibs suffering probands - 0,1750. Frequency of ischemic stroke at the mothers of probands makes 44,0 %, that in 1,6 times are the more of frequency from fathers.

Key words: stroke, genetic predisposition, population frequency

УДК: 575.22 + 576.5

ВИЯВЛЕННЯ БІЛКОВИХ ІЗОФОРМ ІНТЕРСЕКТИНУ В ТКАНИНАХ ЛЮДИНИ

Г. О. ФЕРЕЦЬ, П. В. ШЕСТАКОВ, Л. О. ЦИБА, І. Я. СКРИПКІНА,
М. І. ВУДМАСКА, В. Г. НАЙДЬОНОВ, В. В. ФІЛОНЕНКО,
Н. І. СОПКО¹, Т. В. НІКИТЧИНА¹, І. Ю. ГОРДІЄНКО¹, А. В. РИНДИЧ

Інститут молекулярної біології і генетики НАН України,
Україна, м. Київ, вул. Заболотного, 150, rynditch@imbgb.org.ua;

¹Інститут педіатрії, акушерства і гінекології АМН,
Україна, м. Київ, вул. Мануїльського, 8

Ген ITSN1 локалізований на 21-й хромосомі, в "критичному регіоні синдрому Дауна". Раніше за допомогою ЗТ-ПЛР було ідентифіковано декілька його ізоформ, що утворюються в результаті альтернативного сплайсингу. Ми виявили дві його ізоформи, перша з яких містить делецію у 6-му екзоні, а друга - делетовані 25-й та 26-й екзони, на білковому рівні. Вони експресуються у різних тканинах людини, на різних стадіях розвитку мозку, у нормальних тканинах, а також у тканинах носія синдрому Дауна

Ключові слова: експресія генів, синдром Дауна, Вестерн-блот-аналіз

Вступ. Нещодавно завершене секвенування геному людини виявило, що кількість генів людини не набагато перевищує таку у *Drosophila melanogaster* та *Caenorhabditis elegans* [1]. Цей факт слабко корелює із величезним різноманіттям білків, що зустрічаються в такому складному організмі, як наш. Одним із шляхів пояснення цієї невідповідності є механізм альтернативного сплайсингу, що призводить до утворення численних транскрипційних ізоформ одного гена. За різними даними, від 35 до 60% генів людини мають хоча б одну альтернативно сплайсовану форму [2]. Порушення в співвідношенні різних ізоформ на певній стадії розвитку організму відмічено при ряді патологій [3].

Одним з генів, що має декілька альтернативних транскриптів, є ген інтерсектина 1 (ITSN1) людини. Він картований на 21-й хромосомі, в регіоні, критичному для формування фенотипу синдрому Дауна. Загальновідомими є два альтернативних транскрипти ITSN1 - довгий (мозкоспецифічний) та короткий, що експресується в усіх тканинах. ITSN1 складається з двох N-кінцевих EH-доменів, п'яти тандемно розташованих SH3-доменів, DH-, PH- и C2-доменів (останні три характерні лише для довгої форми). Його гомологи було знайдено у ряді організмів, в тому числі у миші [4].

© Г.О. ФЕРЕЦЬ, П.В. ШЕСТАКОВ, Л.О. ЦИБА, І.Я. СКРИПКІНА, ..., 2004

Інтерсектин 1 бере участь у рецептор-опосередкованому ендоцитозі, взаємодіючи через EH-домени з епсином 1 і 2, стоніном 2 [5], Ibp 1 і 2 та через SH3-домени з динаміном та синаптояніном. Надекспресія SH3-доменив ITSN1 блокує EGF-опосередковану активацію Ras та ERK 1/2 кіназ [6]. Окрім цього, SH3-домени взаємодіють з N-WASP, що стимулює зв'язування DH-домену ITSN 1 з Cdc42, причому DH-домен виступає ГТФазою для останнього. Активованний Cdc42, в свою чергу, активує N-WASP, що викликає полімеризацію актину. Цей механізм регулюється конкурентним зв'язуванням динаміну та N-WASP з SH3-доменами [7].

Таким чином, інтерсектин виступає в ролі адапторного білка, що взаємно пов'язує ендоцитозні та мітогенні механізми клітини.

Раніше шляхом ЗТ-ПЛР нами було виявлено декілька додаткових транскриптів гена інтерсектину людини, що утворюються в результаті альтернативного сплайсингу. Метою даної роботи виявлення можливих білкових продуктів цих транскриптів в різних тканинах людини в нормі і патології - при синдромі Дауна, пов'язаного з трисомією 21-ї хромосоми.

Матеріали і методи

Матеріали. кДНК тканин людини, використані у роботі, було отримано раніше у відділі молекулярної онкогенетики ІМБіГ НАНУ. Моноклональні антитіла до ділянки інтерсектину, що розташована між його SH3A та SH3B-доменами, були люб'язно надані д-ром К. Гардінер, Інститут Елеанор Рузвельт, Денвер, США. Ембріональні тканини людини було отримано в

Центрі ембріональних тканин, м. Київ. Дорослі пухлинні та навколопухлинні тканини мозку людини отримані в Інституті нейрохірургії ім. Ромоданова, Київ. Тканини 23-тижневого ембріону людини з трисомією 21-ї хромосоми одержані в Інституті педіатрії, акушерства і гінекології АМН України.

Постановка ПЛР. За допомогою п/з "Vector NTI Suite" було підібрано праймери до ділянок інтерсектину, відповідних його функціональним доменам. Для ПЛР-реакцій було використано Taq-полімераза та набір реактивів фірми "Fermentas" (Литва). Компоненти суміші застосовувались у концентраціях, рекомендованих виробником. Ампліфікацію здійснювали за наступних умов: денатурація - 94°C, 40 с (в першому циклі - 2 хв.); умови реасоціації праймерів варіювались для конкретних пар олігонуклеотидів; синтез - 72°C, 1 хв (в останньому циклі додатково 7 хв. при 72°C); 35 циклів.

Електрофорез продуктів ПЛР проводили у 1,5% агарозному гелі.

Одержання рекомбінантних плазмід. Продукти ПЛР було субклонновано у вектори pET 24a або pET 23d за стандартною методикою [8].

Наробка та очищення білка. Одержаною плазмідною ДНК трансформували клітини BL 21 (DE3) за стандартною методикою [8]. Для індукції синтезу рекомбінантного білка застосовували 1 mM IPTG. Клітинні лізати отримували, як описано [8]. Аналіз білкових продуктів здійснювали шляхом електрофорезу у 12% та 15% ДСН-поліакриламідному гелі (ДСН-ПААГ). Для визначення розмірів білків на ПААГ застосовували маркер Prestained SDS-PAGE Standards, Broad Range ("Bio-Rad", США).

Очищення білків проводили із застосуванням Ni-NTA агарози ("QIAGEN", США) за методикою фірми-виробника.

Отримання поліклональних антитіл. Для імунізації використовували кролів-самців вагою 2-3 кг, яким вводили антиген в PBS з 50% повним ад'ювантом Фрейнда - 10 підшкірних ін'єкцій вздовж хребта по 30 мкг на ін'єкцію. Повторні імунізації здійснювали такою ж кількістю антигена, але в неповному ад'юванті Фрейнда. Титр сироватки в крові кролів визначали за методом ELISA.

Одержання лізатів тканин. Тканини людини та миші гомогенізували в рідкому азоті та додавали буфер для екстракції (10 mM Tris-HCl pH 7,5, 1% тритон X-100, 150 mM NaCl, 5 mM EDTA, 50 mM NaF + Protease Inhibitor Cocktail Tablets ("Roche", Німеччина)) у розрахунку 1 мл буферу на 1 г тканини. Після 10 хв. інкубації суміш центрифугували та відбирали супернатант.

Вестерн-блотинг. Після розділення білків за допомогою електрофорезу у ДСН-ПААГ їх переносили на полівінілідифторидні мембрани. Для блокування неспецифічного зв'язування використовували розчин PBST (PBS+Tween) з 5% знежиреним сухим молоком. Первинні антитіла застосовувались у концентраціях, що були попередньо підібрані емпіричним шляхом, вторинні - ("Santa Cruz Biotechnology", США) - у концентраціях, рекомендованих виробником. Інкубацію мембран з первинними антитілами проводили протягом 1,5 годин, із вторинними - 40 хв. Відмивку мембран здійснювали 5х5 хв. розчином PBST. Детекцію білків проводили з використанням набору реактивів ECL

("Amersham Biosciences", Велика Британія/Швеція) згідно з рекомендаціями фірми-виробника.

Результати та обговорення

Раніше співробітниками відділу молекулярної онкогенетики ІМБІГ НАНУ було виявлено 8 транскриптів гена інтерсектину людини та миші, що утворюються із зсувом та без зсуву рамки зчитування [9]. Відомо, що не всі транскрипційні ізоформи, виявлені на рівні мРНК, реалізуються в білки. Найбільш вірогідними кандидатами у цьому відношенні є ізоформи, що утворюються без зсуву рамки зчитування, і їх відмінність від основної форми полягає у реорганізованій доменній структурі. Що ж стосується ізоформ із зміненою рамкою зчитування, то вони, як правило, характеризуються появою передчасного стоп-кодону, та згодом руйнуються в клітині шляхом механізму, названого "nonsense mediated decay (NMD)" [10].

З метою ідентифікації можливих білкових ізоформ ITSН1 в тканинах людини та миші окремі ділянки Itsn1, що кодуєть його домени EH1, EH2, SH3A, SH3C, DH та C2, було клоновано у вектори для експресії в *E.coli*, напрацьовано відповідні їм білки та застосовано останні для імунізації кролів, що дало змогу отримати поліклональні антитіла до них (на даний момент отримано антитіла для EH1, EH2 та SH3A-доменив, решта знаходиться на стадії імунізації). На додаток до цього, було застосовано моноклональні антитіла до ділянки ITSН1, розташованої між його SH3A- та SH3B-доменами.

При аналізі тканин людини моноклональними антитілами (Рис. 1), на Вестерн-блоті виявлено сигнали, що за розмірами відповідають наступним

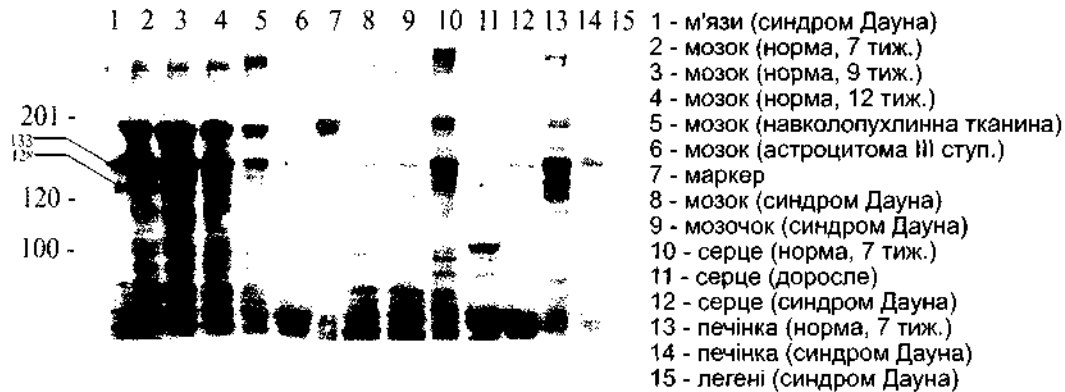


Рисунок 1. Вестерн-блот на тканинах людини з моноклональними антитілами до ділянки між SH3A- та SH3B-доменами ITSN1

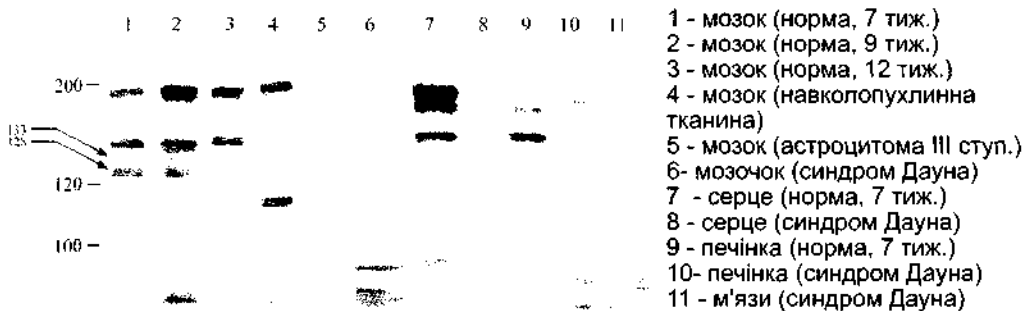


Рисунок 2. Вестерн-блот на тканинах людини з поліклональними антитілами до E1- домену ITSN1

ізоформам ITSN1: ізоформі з відсутніми екзонами 25 та 26 (128 кДа), що складають SH3C-домен, та ізоформі з відсутніми 111 н. 6-го екзону (133 кДа). Вказані продукти присутні у різних тканинах людини, в тому числі у ембріональному та дорослому мозку, а також в тканинах ембріону з трисомією 21-ї хромосоми. Ці дані корелюють з результатами Вестерн-блотингу на тканинах людини з поліклональними антитілами до E1-домену ITSN1 (Рис. 2).

Згідно з даними [9], обидва ці транскрипти було визначено у всіх тканинах людини та миші шляхом ЗТ-ПЛР. Делеція 111 н. 6-го екзону призводить до скорочення відстані між E1- та E2-доменами на 37 амінокислот. Відомо, що E1-домен переважно взаємодіє з білками, що беруть участь у клатрин-залежному ендоцитозі. Зменшення відстані між E1- та E2-доменами може впливати на ефективність зв'язування з цими білками, змен-

шуючи її за рахунок стеричних перешкод або збільшуючи шляхом підсилення множинних слабких взаємодій. Делеція екзонів 25 та 26 призводить до утворення транскрипту з відсутнім SH3C-доменом. Показано, що SH3C-домен, на додачу до SH3A та SH3E, зв'язується з синаптояніном та динаміном, а також з N-WASP [7]. Simpson et al. [11], аналізуючи SH3-домени ITSN1 у вигляді окремих експресійних конструкцій, показали, що надекспресія SH3C-домену призводила до 50% інгібування формування клатринових пухирців (при цьому SH3A-домен мав 100% інгібуючу дію, SH3E - також 50%, а SH3B та SH3D-домени не виявляли такої дії). Враховуючи можливість взаємного впливу вказаних доменів, можна припустити, що відсутність SH3C здатна підсилювати або послаблювати взаємодію інтерсектину з білками клатрин-асоційованого ендоцитозу.

Висновки

1. Клоновано ділянки ITSN1, що кодують його домени EH1, EH2, SH3A, SH3C, DH та C2, напрацьовано відповідні їм білки та отримано поліклональні антитіла до них.

2. Виявлено існування на білковому рівні ізоформи з делетованими послідовностями 6-го екзону ITSN1.

3. Визначено наявність білкової ізоформи ITSN1 з відсутніми 25-м та 26-м ексонами.

4. Обидві вищезазначені білкові ізоформи знайдені при трисомії 21-ї хромосоми людини.

5. Присутність даних ізоформ здатна впливати на взаємодію інтерсектину з білками клатрин-асоційованого ендоцитозу.

Перелік літератури

1. Pennisi E. Human genome project: and the gene number is...? // Science. - 2000. - 288. - P. 1146-1147.
2. Modrek B., Lee C. A genomic view of alternative splicing // Nat. Genet. - 2002. - 30. - P. 13-19.
3. Lopez A. J. Alternative splicing of pre-mRNA: developmental consequences and mechanisms of regulation // Annu. Rev. Genet. - 1998. - 32. - P. 279-305.
4. Sengar A. S., Wang W., Bishay J., Cohen S., Egan S. E. The EH and SH3 domain Eps proteins regulate endocytosis by linking to dynamin and Eps15. // EMBO J. - 1999. - 18. N 5. - P. 1159-1171.
5. Martina J. A., Bonangelino C. J., Aguilar R. C., Bonifacio J. S. Stonin 2: an adaptor-like protein that interacts with components of the endocytic machinery // J. Cell. Biol. - 2001. - 153. - P. 1111-1120.
6. Tong X.-K., Hussain N. K., Adams A. G., O'Bryan J. P., McPherson P. S. Intersectin can regulate the Ras/MAP kinase pathway independent of its role in endocytosis // Biol. Chem. - 2000. - 275, N 38. - P. 29894-29899.
7. Zamanian J. L., Kelly R. B. Intersectin 1L guanine nucleotide exchange activity is regulated by adjacent src homology 3 domains that are also involved in endocytosis // Mol. Biol. Cell. - 2003. - 14. - P. 1624-1637.
8. Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Дж. Молекулярное клонирование. - М.: Мир, 1984. - 480 с.
9. Tsyba L., Skrypkiina I., Rynditch A., Nikolaenko O., Ferenets G., Fortna A., Gardiner K. Alternative splicing of mammalian Intersectin 1: domain associations and tissue specificities // Genomics. - 2004 (in press).
10. Lewis B. P., Green R. E., Brenner S. E. Evidence for the widespread coupling of alternative splicing and nonsense-mediated mRNA decay in humans // PNAS. - 2003. - 100, N 1. - P. 189-192.
11. Simpson F. et al. SH3-domain-containing proteins function at distinct steps in clathrin-coated vesicle formation // Nat. Cell. Biol. - 1999. - 1. - P. 119-124

Представлено В. А. Кунахом
Надійшла 30.06.2004 р.

**ВЫЯВЛЕНИЕ БЕЛКОВЫХ ИЗОФОРМ
ИНТЕРСЕКТИНА В ТКАНЯХ ЧЕЛОВЕКА**

*А. А. Ференец, П. В. Шестаков, Л. А. Цыба,
И. Я. Скрипкина, М. И. Вудмаска,
В. Г. Найденов, В. В. Филоненко,
Н. И. Сопко¹, Т. В. Никитчина¹,
И. Ю. Гордиенко¹, А. В. Рындич*

Институт молекулярной биологии и генетики
НАН Украины,

Украина, г. Киев, ул. Заболотного, 150,
rynditch@imbg.org.ua;

¹Институт педиатрии, акушерства и
гинекологии АМН,

Украина, г. Киев, ул. Мануильского, 8

Ген *ITSN1* локализован на 21-й хромосоме, в "критичном регионе синдрома Дауна". Ранее при помощи ОТ-ПЦР было идентифицировано несколько его изоформ, образующихся в результате альтернативного сплайсинга. Мы обнаружили две его изоформы, первая из которых содержит делецию в 6-м экзоне, а вторая - делетированные 25-й и 26-й экзоны, на белковом уровне. Они экспрессируются в различных тканях человека, на различных стадиях развития мозга, в нормальных тканях, а также в тканях носителя синдрома Дауна

Ключевые слова: экспрессия генов, синдром Дауна, Вестерн-блот-анализ

**IDETECTION OF PROTEIN ISOFORMS OF
INTERSECTIN IN HUMAN TISSUES**

*G. O. Ferenets, P. V. Shestakov, L. A. Tsyba,
I. Ya. Skrypkina, M. I. Vudmaska, V. G. Naidenov,
V. V. Filonenko, N. I. Sopko¹, T. V. Nikitchina¹,
I. Yu. Gordienko¹, A. V. Rynditch*

Institute of Molecular Biology and Genetics of
NAS of Ukraine,

Ukraine, Zabolotnogo Str., 150, Kiev,
rynditch@imbg.org.ua;

¹Institute of Pediatrics, Obstetrics and
Gynaecology of MAS of Ukraine,

Ukraine, Manuiskogo Str., 8, Kiev

ITSN1 gene is localized on chromosome 21, in "Down Syndrome critical region". Several of its isoforms, formed due to alternative splicing, have been previously identified using RT-PCR technique. We have found two of these isoforms, the first one carrying a deletion in exon 6 and the second one with deleted exons 25 and 26, on protein level. They are expressed in different human tissues, at different stages of brain development, in normal tissues as well as Down Syndrome tissues

Key words: gene expression, Down syndrome, Western blot analysis

АЛЬТЕРНАТИВНИЙ СПЛАЙСИНГ ГЕНА ІНТЕРСЕКТИНУ 1: ЕКСПРЕСІЯ ТРАНСКРИПЦІЙНИХ ІЗОФОРМ В НОРМІ І ПРИ СИНДРОМІ ДАУНА

Л. О. ЦИБА, І. Я. СКРИПКІНА, О. В. НИКОЛАЄНКО, С. В. КРОПИВКО,
Н. І. СОПКО¹, Т. В. НИКИТЧИНА¹, І. Ю. ГОРДІЄНКО¹, А. В. РИНДИЧ

Інститут молекулярної біології і генетики НАН України,
Україна, м. Київ, вул. Заболотного, 150, rynditch@imb.org.ua;

¹Інститут педіатрії, акушерства і гінекології АМН,
Україна, м. Київ, вул. Мануїльського, 8

У даній роботі вперше описано чотири нові ізоформи транскриптів гена інтерсектину 1 (Itsn1), картованого на 21-ій хромосомі людини, які утворюються в результаті альтернативного сплайсинга екзонів 22а, 35, 36 і 37. Визначено експресію нових та раніше описаних транскрипційних ізоформ Itsn1 в нормі та в тканинах ембріона з синдромом Дауна. Нозерн-блот-аналіз показав підвищення рівня експресії гена Itsn1 при синдромі Дауна в 1,5 - 2 рази.

Ключові слова: альтернативний сплайсинг, інтерсектин, синдром Дауна

Вступ. Синдром Дауна (СД) - найбільш розповсюджена хромосомна патологія пов'язана з розумовою відсталістю, яка виникає в результаті повної чи часткової трисомії 21-ї хромосоми людини. Визначення повної нуклеотидної послідовності довгого плеча 21-ї хромосоми дозволило ідентифікувати біля 350 генів (на основі експериментальних даних та комп'ютерного аналізу). Які з цих генів і за допомогою яких механізмів спричиняють розвиток розумової відсталості - є однією з основних задач досліджень СД. Функціональний аналіз генів 21-ї хромосоми та їхніх ортологів у миші передбачив порушення при СД двох сигнальних шляхів клітини важливих для гіпокампус-залежного навчання (MAP-кіназного та кальційнейринфосфатазного) [1]. Один з одинадцяти генів 21-ї хромосоми задіяних в MAP-кіназному шляху є ген інтерсектину 1 (Itsn1). Itsn1 - це мультидоменний білок, який бере участь у клатрин-асоційованому ендоцитозі та передачі клітинного сигналу. Більшість виявлених у клітинах ссавців транскриптів Itsn1 представлені короткою формою, що експресується в усіх тканинах, та довгою формою, для якої характерна мозкоспецифічна експресія [2]. Обидві форми містять з N-кінця два EH-домени (Eps 15 homology), α -спірально ділянку, та п'ять SH3-доменів (SH3A, B, C, D, E). Довга форма Itsn1 з C-

кінця містить три додаткові домени: DH-домен (Dbl homology), PH-домен (Pleckstrin homology) та C2-домен. Раніше нами було виявлено вісім нових транскрипційних ізоформ *Itsn1*, які утворюються в результаті альтернативного сплайсинга [3]. В даній роботі представлені результати аналізу експресії ізоформ *Itsn1* в тканинах ембріона з трисомією 21-ї хромосоми та описані нові транскрипційні ізоформи *Itsn1* людини.

Матеріали і методи

Тотальну РНК з ембріональних тканин людини, наданих Центром ембріональних тканин (м. Київ), та тканин 23-тижневого ембріона з синдромом Дауна, отриманого з Інституту педіатрії, акушерства і гінекології АМН, виділяли гуанідинізоціанатним методом.

Для Нозерн-блот аналізу по 20 мкг тотальної РНК розділяли в 1,5% агарозному гелі з 2,2 М формальдегідом і переносили на нейлонову мембрану Hybond N ("Amersham Bioscience AB", Швеція). Гібридизацію проводили згідно стандартних методик, рекомендованих фірмою "Amersham" для мембран Hybond N. Радіоактивно мічені зонди ДНК отримували, використовуючи набір реагентів Random primed DNA labeling kit ("Roche", Німеччина), фрагмент кДНК *Itsn1* з 2566 по 3530 п.н. (реєстраційний номер в GenBank AF114487) та [α -³²P] dCTP. Інтенсивність гібридизаційних сигналів визначали за допомогою програми ImageJ.

Для RT-PCR-аналізу використовували зворотну транскриптазу M-MuLV ("Fermentas", Литва), ThermoScript RT-PCR system ("Invitrogen", Нідерланди), ДНК-полімерази Ampli-

Taq ("Roche", Німеччина) та праймери: екзон 2 for 268-CATG-GCTCAGTTTCCAACACCT-289, екзон 7 rev 889-GGCCACATCAAATGACTGT-GCC-868, SH3A-домен (екзон 18) for 2399-CAACACCAAGAACCAGCTAAGC-CA-2422, SH3A-домен (екзон 21) rev 2719-AGTCACTGGTTTCACTG-GAGCGGG-2696, SH3C-домен (екзон 23) for 3181-GCCATAAGGAAGTCTA-CAAGC-3202, SH3C-домен (екзон 27) rev 3530-TGGCGGTGTATGAGGGCAA-TAAC-3509, екзон 22 for 2847-GCAC-GAATGAGAAACCAGAAACGG-2870, екзон 22a rev GCACGAATGAGAAACCA-GAAACGG, екзон 32 for 4058-CAAAAACCCCTGATGGAGTCTGA-4080, екзон 40 rev 5156-CACATCACCAGAGC-GATCCAGGAC-5179, екзон 35 for 4448-GAAAACACCCCTGAAAACACC-CG-4471, екзон 39 rev 5100-GTCGGT-CACATGGAAAGAGCAAC-5122.

Позиції нуклеотидів для праймерів відповідають кДНК довгої ізоформи *Itsn1* людини (реєстраційний номер в GenBank AF114487). Ампліфікацію здійснювали за таких умов: денатурація - 94°C, 40 с (в першому циклі - 2 хв); реасоціація з відповідними праймерами - 1 хв, елонгація - 72°C, 1 хв, 35 циклів, на заключному етапі при 72°C - 7 хв. Продукти PCR виділяли з агарозного гелю за допомогою набору реагентів "Geneclean II" ("BIO 101", США), клонували в вектор pGEM-T Easy ("Promega", США) та визначали їхню нуклеотидну послідовність.

Аналіз нуклеотидних послідовностей проводили з використанням програмного забезпечення BLASTN, BLASTX та DNASTAR. Амінокислотні послідовності аналізували за допомогою програм Profile Scan серверу <http://hits.isb-sib.ch/cgi-bin/PFSCAN> та SMART <http://coot.embl-heidelberg.->

de/SMART. Нуклеотидні послідовності нових ізоформ інтерсектину були внесені в базу даних GenBank за такими реєстраційними номерами: AY605092 (ізоформа 6), AY605091 (ізоформа 7), AY603418 (ізоформа 10), AY603419 (ізоформа 11).

Результати та обговорення

Нозерн-аналіз тотальної РНК з тканин ембріонів людини в нормі і з трисомією 21-ої хромосоми виявив дві основні ізоформи інтерсектину та показав, що рівень експресії мРНК *Itsn1* в мозку і мозочку при патології збільшується в 2 рази для короткої ізоформи і в 1,5 рази для довгої (рис.1). Для контролю нанесення РНК мембрани повторно гібридизували з зондом β -актину. Подібне збільшення рівня експресії *Itsn1* та деяких інших генів 21-ї хромосоми показано і в тканинах мишачої моделі СД (Ts65Dn) за допомогою Вестерн-аналізу [1], також виявлені гени 21-ї хромосоми,

які не змінюють рівень експресії при трисомії [4].

Нами раніше було виявлено вісім транскрипційних ізоформ *Itsn1*, які утворюються в результаті альтернативного сплайсинга [3]. З метою вивчення експресії цих ізоформ при синдромі Дауна було проведено RT-PCR-аналіз семи ембріональних тканин з СД (рис. 2). Ізоформу 4, яка утворюється внаслідок делеції 111 п.н. 6-го екзону і має зменшену відстань між двома ЕН-доменами, виявлено в усіх проаналізованих тканинах з СД. Мозкоспецифічна експресія ізоформи 5, яка містить п'ять додаткових амінокислотних залишків в першому SH3-домени, була підтверджена і на зразках з СД. Ця ізоформа була виявлена тільки в мозку і мозочку, при цьому в мозочку кількість мозкоспецифічного і немозкоспецифічного транскриптів виявилась практично однаковою, тоді як у мозку була переважно присутня ізоформа 5 (рис.2А).

Продукти RT-PCR, які відповідають

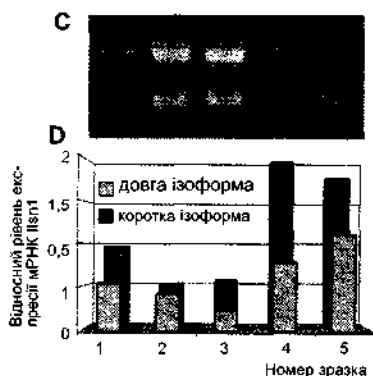
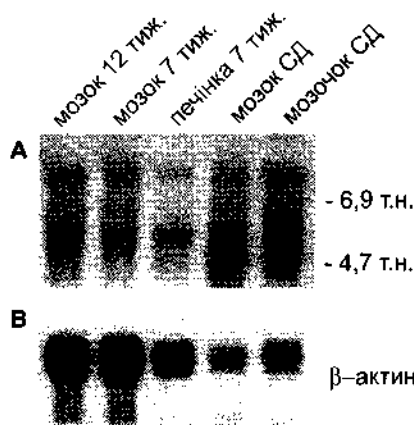


Рисунок 1. Нозерн-блот-гібридизація тотальної РНК з ембріональних тканин людини в нормі і при СД з зондом кДНК *Itsn1* (А) та β -актину (В). (С) - тотальна РНК. (D) - діаграма, яка показує відносний рівень експресії мРНК гена *Itsn1*

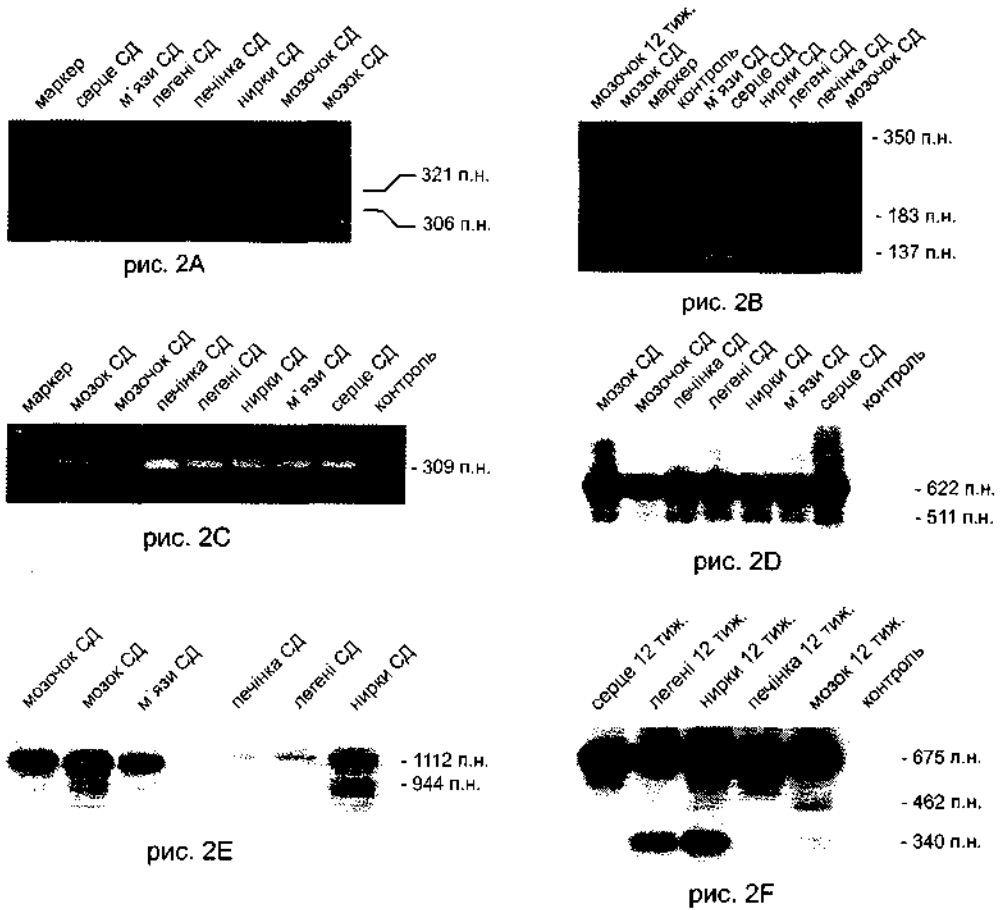


Рисунок 2. RT-PCR-аналіз транскрипційних ізоформ *Itsn1* людини. (А) - альтернативний сплайсинг 20-го ексона, основна форма транскрипту - 306 п.н., ізоформа 5 - 321 п.н. (В) - альтернативний сплайсинг 25-го і 26-го екзонів, основна форма транскрипту - 350 п.н., делеція 25-го ексона - 183 п.н., делеція 25-го і 26-го екзонів - 137 п.н. (С) - інсерція ексона 22а. (D) - альтернативний сплайсинг 5'-кінця 6-го ексона, основна форма транскрипту - 622 п.н., ізоформа 4 - 511 п.н. (Е) - альтернативний сплайсинг 35-го ексона, основна форма транскрипту - 1112 п.н., ізоформа 7 - 944 п.н. (F) - альтернативний сплайсинг 36-го і 37-го екзонів, основна форма транскрипту - 675 п.н., ізоформа 10 - 462 п.н., ізоформа 6 - 340 п.н.

транскриптам з делецією 25-го і 25+26 екзонів, були присутні в усіх тканинах норми і СД практично на однаковому рівні за виключенням мозку (рис. 2В). В мозку 12-тижневого ембріона ізоформи без 25-го і 25+26 екзонів були виявлені на дуже низь-

кому рівні. В мозку ембріона з СД спостерігався підвищений рівень експресії цих ізоформ.

Транскрипти *Itsn1* з альтернативно сплайсованими ексонами 35, 36 і 37, які кодують DH та PH-домени, раніше були виявлені у миші [3]. RT-PCR-

аналіз ембріональних тканин людини підтвердив існування у людини ізоформи 7 з делецією 35-го екзона (рис. 2Е), який кодує С-кінцеві 32 амінокислотні залишки DH-домена і частину ділянки між DH- і RH-доменами, та ізоформи 6, у якій відсутні 36-й і 37-й екзони (рис. 2F), в результаті чого утворюється стоп-кодон після DH-домена. Крім того, в легенях, мозку та нирках 12-тижневого ембріона людини була виявлена нова транскрипційна ізоформа, яка не містила 36-го екзона (ізоформа 10). Вилучення 36-го екзону не порушує рамку зчитування і призводить до зменшення відстані між DH- і RH-доменами на 71 амінокислотний залишок. DH-домен *Itsn1* специфічно активує ГТФазу *Cdc42*, яка належить до Rho-родини ГТФаз, що відповідають за морфологічні зміни цитоскелету [5]. Таким чином, в результаті альтернативного сплайсингу утворюються ізоформи *Itsn1* зі зміненою структурою DH-домена, зменшеною відстанню між DH- і RH-доменами та з відсутнім RH-доменом, що може вплинути на гуанін-нуклеотид обмінну активність DH-домена.

В базі даних EST нами було виявлено два клони (BM979392, BQ575766), які містили частину послідовності 22-го інтрона, оточену з 5'-кінця консенсусним сайтом сплайсинга і з 3'-кінця двома сайтами поліаденілювання. Ця послідовність одержала назву екзон 22а. RT-PCR-аналіз з праймерами до екзонів 22 і 22а підтвердив існування альтернативного продукта в усіх тканинах ембріона людини в нормі і при патології (рис. 2С). В результаті приєднання екзона 22а після SH3A-домена утворюються 116 нових амінокислот і стоп-кодон, тобто виникає

білок *Itsn1* з двома EH- і одним SH3-доменом. Встановлено, що така ізоформа може містити як характерний для мозку варіант SH3A-домена (з додатковими п'ятьма амінокислотними залишками), так і немозко-специфічну форму цього домена.

Перелік літератури

1. Gardiner K. Predicting pathway perturbations in Down syndrome // *Neural. Transm.* - 2003. - 67. - P. 21-37.
2. Guipponi M., Scott H. S., Chen H. et al. Two isoforms of a human intersectin (ITSN) protein are produced by brain-specific alternative splicing in a stop codon // *Genomics.* - 1998. - 53. - P.369-376.
3. Tsyba L., Skrypkina I., Rynditch A. et al. Alternative splicing of mammalian Intersectin 1: domain associations and tissue specificities // *Genomics.* - 2004. - 84. - P. 106-113.
4. Cheon M. S., Kim S. H., Yaspo M.-L. et al. Protein levels of genes encoded on chromosome 21 in fetal Down syndrome brain: challenging the gene dosage effect hypothesis (part I) // *Amino Acids.* - 2003. - 24. - P. 111-117.
5. Hussain N., Jenna S., Glogauer M. et al. Endocytic protein Intersectin-1 regulates actin assembly via Cdc42 and N-WASP // *Nat. Cell Biol.* - 2001. - 3. - P. 927-932.

Представлено В. А. Кунахом
Надійшла 30.06.2004 р.

АЛЬТЕРНАТИВНЫЙ СПЛАЙСИНГ ГЕНА
ИНТЕРСЕКТИНА 1: ЭКСПРЕССИЯ
ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ИЗОФОРМ В НОРМЕ
И ПРИ СИНДРОМЕ ДАУНА

Л. А. Циба, И. Я. Скрипкина,
А. В. Николаенко, С. В. Кропивко,
Н. И. Сопко¹, Т. В. Никитчина¹,
И. Ю. Гордиенко¹, А. В. Рындич

Институт молекулярной биологии и генетики
НАН Украины. г. Киев, ул. Заболотного 150.
ryndilch@imbg.org.ua;

¹Институт педиатрии, акушерства и
гинекологии АМН. г. Киев, Мануильского 8
В данной работе впервые описаны четыре

новые изоформы транскриптов гена интерсектина 1 (Itsn1), картированного на 21-ой хромосоме человека, которые образуются в результате альтернативного сплайсинга экзонов 22а, 35, 36 и 37. Определена экспрессия новых и ранее описанных транскрипционных изоформ Itsn1 в норме и в тканях эмбриона с синдромом Дауна. Нозерн-блот-анализ показал повышение уровня экспрессии гена Itsn1 при синдроме Дауна в 1,5 - 2 раза

Ключевые слова: альтернативный сплайсинг, интерсектин, синдром Дауна

ALTERNATIVE SPLICING OF INTERSECTIN 1 GENE: EXPRESSION OF TRANSCRIPTIONAL ISOFORMS IN NORMAL TISSUES AND IN THE TISSUES OF DOWN SYNDROME EMBRYO

L. O. Tsyba, I. Ya. Skrypkin, O. V. Nikolaienko, S. V. Kropyvko, N. I. Sopko¹, T. V. Nikitchina¹, I. Yu. Gordienko¹, A. V. Rynditch

Institute of Molecular Biology and Genetics, Ukraine, Kyiv, Zabolotnogo str., 150, rynditch@imbg.org.ua;

¹ Institute of Pediatrics, Obstetrics and Gynaecology, Ukraine, Kyiv, Manuiskogo, 8

Intersectin 1 gene is mapped on human chromosome 21, relevant to Down syndrome, and encodes several alternatively spliced isoforms. We have identified four additional alternative splicing events affecting human Itsn1 transcripts and defined the expression of known Itsn1 isoforms in normal tissues and in the tissues of Down syndrome embryo. Northern blot analysis revealed an approximately 1,5 - 2 fold increase of Itsn1 expression level in Down syndrome

Key words: alternative splicing, intersectin, Down syndrome

УДК 633. 63: 575. 174. 015. 3

ДИФФЕРЕНЦІАЦІЯ ВИДОВ РОДА *BETA* L. С ПОМОЦЬЮ RAPD АНАЛІЗА

Л. В. ШАЮК, Н. В. РОИК, Ю. М. СИВОЛАП¹

Інститут сахарної свекли УААН,
Україна, г. Київ, ул. Клиническая, 25.

¹Южный биотехнологический центр в растениеводстве УААН,
Україна, г. Одесса, Овидіопольська дорога, 3

Представлены результаты исследования молекулярно-генетического полиморфизма рода *Beta* с помощью RAPD-анализа. На основе генетических дистанций построена дендрограмма отражающая филогенетические отношения видов. Рассчитаны основные параметры (уровень полиморфизма, индекс специфичности праймеров, ожидаемая гетерозиготность, маркерный индекс) для предложенной маркерной системы.

Ключевые слова: свекла, филогения, молекулярно-генетический полиморфизм, RAPD-анализ.

Введение. В результате длительной селекции культурных растений на повышение продуктивности, произошло их существенное генетическое обеднение, что выражается, в частности, в чувствительности к патогенам. В связи с этим в современных селекционно-генетических исследованиях актуальной проблемой является поиск источников устойчивости. Для культурных растений это их дикие сородичи. Уточнение филогенетических взаимоотношений между дикими видами и их связь с культурными формами явилось целью настоящей работы.

В систематике рода *Beta* L. остается ряд спорных вопросов. По общепринятой классификации род включает четыре секции: *Patellares Transhel* (syn. *Procumbentes* Ulbrich), *Vulgares* Ulbrich (syn. *Beta*), *Corollinae* Ulbrich и *Nanae* Ulbrich [1,2]. Однако их филогенетическое положение в роде недостаточно выяснено.

Не существует единого мнения относительно количества таксономических единиц. Одни авторы приводят 15 видов, другие - 13 [2,3].

Не существует единой классификации видов секции *Vulgares*. Эта секция представляет наибольший интерес, особенно вид *B. vulgaris* L. который включает в себя культурные формы свеклы - листовая

(мангольд), столовая (садовая), кормовая и сахарная.

С развитием молекулярной биологии разрабатываются новые, эффективные методы установления родственных взаимоотношений между видами, основанные на оценке генетического сходства. Одним из таких методов является полимеразная цепная реакция (ПЦР). Учитывая тот факт, что различные участки генома дивергировали с разной скоростью, для получения объективной картины изменения объективной картины изменчивости необходим анализ большого количества локусов [4]. Высокий уровень мультиплексности, то есть количество локусов одновременно анализируемых в эксперименте, характерен для такой разновидности ПЦР как RAPD (random amplified polymorphic DNA - произвольно амплифицированная полиморфная ДНК). RAPD по сравнению с другими методиками более высоко оценивает межвидовое сходство [5, 6]. С его помощью уточнили и составили системы родов и видов для многих культурных растений [11].

Материалы и методы

Растительный материал. Для исследования молекулярно-генетического полиморфизма рода *Beta* было отобрано 12 диких видов, представляющих три секции рода: *B. patellaris* Mog., *B. Webbiana* Mog., *B. procumbens* Chr., *B. patula* Ait., *B. macrocarpa* Guss., *B. maritima* L., *B. adanensis* Pamuk., *B. macrorrhiza* Stev., *B. lomatogona* F. et M., *B. trigyna* W.etK., *B. intermedia* Bunge, *B. corolliflora* Zoos.; две разновидности *B. vulgaris* L. - листовая свекла (*B. vulgaris* L. ssp. *cicla* convar. *vulgaris* L.), сорт сахарной

свеклы (P06) (материал получен из отдела селекции ИСС УААН г. Киев).

Выделение ДНК. ДНК выделяли из семян, СТАВ методом [4]. К 20 - 30 мг измельченного растительного материала добавляли 250 мкл экстрагирующего буфера (100 мМ ТрисHCl, pH8, 2% СТАВ, 20 мМ EDTA, 1,4 М NaCl). Образцы инкубировали 45 минут при 60° С. После инкубации, добавляли равный объем смеси хлороформа с изоамиловым спиртом (24:1), хорошо перемешивали и центрифугировали 8 минут при 2500g. Переносили водную фазу в чистый эндорф и осаждали ДНК холодным (-10°С) изопропиловым спиртом, после центрифугирования (10 минут при 2500g) промывали 96% этанолом и растворяли в 50-150 мкл ТЕ в присутствии РНКазы А (1 мг/мл). Концентрацию определяли в 0,8% агарозном геле относительно стандартных растворов и разбавляли маточный раствор до концентрации 5 кг/мл.

RAPD-анализ. Реакционная смесь объемом 20 мкл содержала: 50 мМ KCl, 20 мМ Трис- HCl, pH 8,4, 4 мМ MgCl₂, 0,01% Tween-20, 0,2 мМ каждого dNTP, 0,2 мкМ праймера, 1-1,5 ед. Таг-полимеразы и 20 нг ДНК. В пробирки настилавали 50 мкл минерального масла (Sigma). Амплификацию проводили на Термоциклере при таких температурных циклах: денатурация 3 минуты при 94°; 4 цикла предварительного отжига праймера - 1 мин. при 93°, 2 мин. 39°-42° и элонгация 2 мин. при 72°; затем следовало 33 основных цикла в которых отжиг проводился при оптимальной температуре для каждого праймера 47°-52°.

Продукты амплификации разделяли электрофорезом в 2% агароз-

ном геле в 1хТВЕ. Визуализировали бромистым этидием [7].

Статистическая обработка данных. Статистическая обработка полученных данных проводилась с использованием программы "TREES", включающей в себя определение генетических дистанций по Нею и Ли, проведение кластерного анализа с помощью метода UPGMA и отражение взаимосвязи между видами в виде дендрограммы [8].

Для характеристики информативности использованных праймеров рассчитывали индекс специфичности, его величина прямо пропорционально зависит от количества полиморфных локусов с учетом общего количества полос:

$$I_s = \lg(P+N)/N$$

где P - количество полиморфных полос, N - всего полос [4];

и ожидаемую гетерозиготность, которая характеризует способность маркерной системы, определять различия между генотипами:

$$H_n = 1 - \sum p_i^2$$

где p_i - частота i-того аллеля [5].

Для оценки общей эффективности отобранных маркеров использовали маркерный индекс, рассчитанный по формуле:

$$MI = nH_n$$

где n - среднее значение количества полиморфных полос для всей системы маркеров, H_n - среднее значение ожидаемой гетерозиготности [5].

Маркерный индекс одновременно

отражает ожидаемую гетерозиготность и уровень мультиплексности для всей выборки молекулярных маркеров.

Результаты и обсуждение

Отобранная маркерная система, 11 RAPD-праймеров с последовательностями длиной от 10 до 21 оснований, позволила проанализировать 172 локуса, из которых 170 полиморфны. Примеры спектров разделения продуктов амплификации представлены на рис. 1.

Уровень полиморфизма составил 98%. Индекс специфичности праймеров колебался в пределах от 2,7 до 3,9, а для всей выборки составил 5,8. Ожидаемая гетерозиготность находилась в пределах от 0,31 до 0,4 (табл.). Маркерный индекс составил 0,57.

В результате анализа, на основе генетических дистанций, виды разделены на три кластера совпадающие с секциями рода *Beta* L. (рис. 2). 10 из 11 праймеров детектировали локусы с наличием ампликонов у всех видов одной из секций и отсутствие их у остальных видов (рис. 1).

Наиболее однообразные спектры продуктов амплификации характерны видам секции *Patellares* (рис. 1). При исследовании рода с помощью белковых маркеров, было отмечено подобие спектров запасного белка S11, для видов этой секции, что объясняется их древним происхождением [9].

В соответствии с генетическими дистанциями, все три секции значительно удалены друг от друга. Такое распределение вполне согласуется с литературными данными, в которых отмечена не скрещиваемость видов с разных секций и относительно легкая

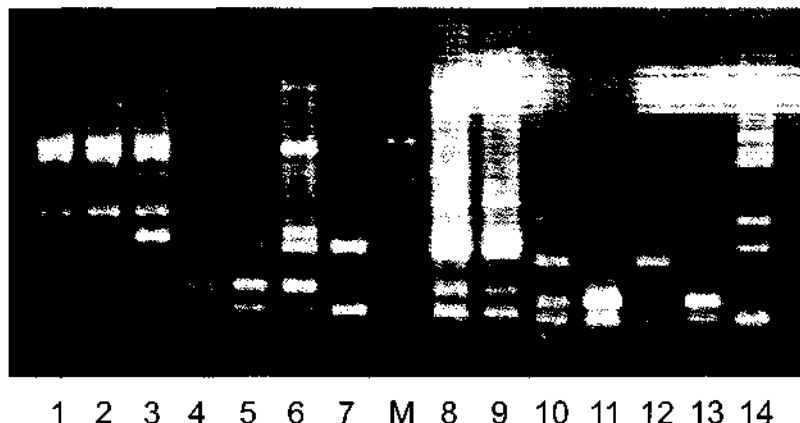


Рисунок 1. Электрофореграмма продуктов амплификации видов рода *Beta* с праймером P79. 1 - *B. patellaris*, 2 - *B. Webbiana*, 3 - *B. procumbens*, 4 - *B. patula*, 5 - *B. macrocarpa*, 6 - *B. adanensis*, 7 - *B. maritima*, 8 - *B. cicla*, 9 - P 06 (сорт сахарной свеклы), 10 - *B. macrorrhiza*, 11 - *B. lomatogona*, 12 - *B. trigyna*, 13 - *B. intermedia*, 14 - *B. corolliflora* M - маркер молекулярного веса (λ DNA BSTE II DIGEST).

Таблица. Характеристики праймеров отобранных для исследования полиморфизма видов рода *Beta*

Праймер	Всего локусов	Из них полиморфных	% полиморфизма	Индекс специфичности праймера	Ожидаемая гетерозиготность
P27	18	18	100	3,3	0,4
P29	14	14	100	3,3	0,36
P39	25	25	100	3,9	0,31
P53	13	13	100	3,3	0,39
P54	9	9	100	2,9	0,36
P55	15	15	100	3,4	0,41
P60	20	20	100	3,7	0,36
P64	11	11	100	3,1	0,4
P65	10	8	80	2,7	0,31
P74	23	23	100	3,8	0,38
P79	14	14	100	3,3	0,38
	172	170	98*	5,8	0,37*

* - среднее значение

скрещиваемость внутри секций [10].

Виды секции *Patellares* значительно удалены от всех остальных видов. Генетические расстояния составили

от 0,771 до 0,899. Такая обособленность, вероятно, связана с их древним происхождением. Наиболее удален в пределах секции вид *B. patel-*

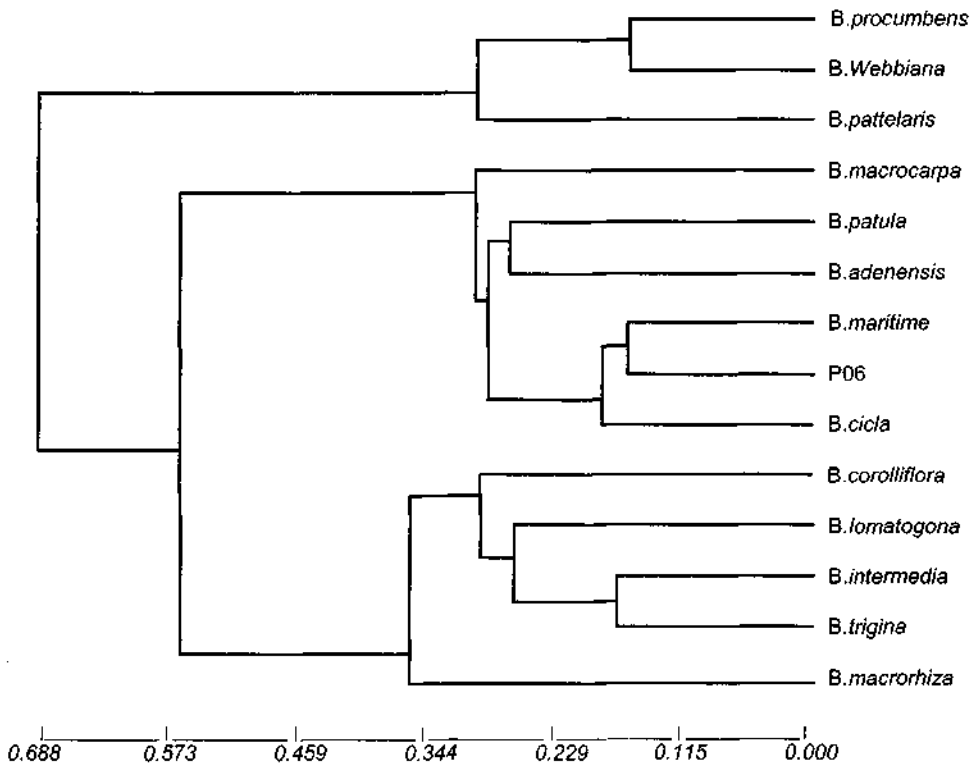


Рисунок 2. Дендрограмма филогенетических взаимоотношений видов рода *Beta* L.

laris. ему же характерна удаленность по отношению к видам других секций. В целом, спектры амплификации ДНК видов данной секции мало полиморфны, что совпадает с результатами исследования запасных белков свеклы (11 S глобулинов) [9].

Виды секции *Vulgares*, кроме отдельно примыкающего *B. macrocarpa*, образовали два кластера. В первый кластер входят - *B. patula* и *B. adenensis* во второй - *B. maritime*, *B. cicla* и сорт сахарной свеклы. Такая же картина отражена в существующих классификациях [2], где указано, что самый древний вид в секции

Vulgares - *B. perennis*, виды *B. patula*, *B. maritime* и *B. macrocarpa* возникли в результате его расселения в северо-западном направлении. Согласно генетическим дистанциям все три вида почти равноудалены от видов секций *Patellares* и *Corollinae*.

Что касается первого кластера то во всех литературных источниках отмечена удаленность *B. patula* от культурных форм, а *B. adenensis* либо относится к *B. vulgaris* и считается ее синонимом, либо выделяется как подвид. Судя по генетическим дистанциям *B. adenensis* значительно удаленна от культурной формы сахар-

ной свеклы и мангольда (0,459 и 0,466 соответственно).

Для форм культурной свеклы и дикого вида *B. maritima*, которые вошли во второй кластер, характерны низкие значения генетических дистанций: *B. cicla* - P 06 (сорт сахарной свеклы) - 0,34, *B. maritima* - *B. cicla* - 0,303 и *B. maritima* - P 06 - 0,287. Как видно P06 генетически ближе к *B. maritima* чем к *B. cicla*. При помощи белковых маркеров была выявлена связь *B. maritima* с формами сахарной свеклы и отсутствие таковой с формами мангольда, а также близость однолетних форм скандинавского происхождения *B. maritima* и сахарной свеклы [3]. Отметим, что *B. maritima* легко скрещивается с формами культурной свеклы и широко используется в селекции как источник устойчивости к болезням, поэтому в дальнейшем планируется расширить исследование молекулярно-генетической взаимосвязи культурных форм свеклы и *B. maritima*.

Исходными видами в секции *Corollinae* считаются *B. macrorrhiza*, *B. lomatogona* и *B. corolliflora* они значительно удалены друг от друга, на это указывают полученные генетические дистанции. Самым древним видом считается *B. macrorrhiza*, что совпадает с полученными результатами, он выделен отдельной ветвью.

Согласно классификации В.П. Зосимовича, вид *B. trigyna* является естественным амфиплоидом от скрещиваний *B. lomatogona* и *B. corolliflora*. В результате анализа генетических дистанций выявлено такой же характер взаимоотношений. Такие же результаты получены для вида *B. intermedia* возникшего в результате скрещиваний *B. lomatogona* и *B. trigyna*.

Вид *B. intermedia* менее удален от *B. lomatogona* и *B. trigyna* (0,439 и 0,305 соответственно), чем от *B. corolliflora* (0,457), что подтверждает описанную схему дивергенции.

Выводы

В результате проведенной работы отобранно 11 RAPD-праймеров с высоким уровнем мультиплексности и ожидаемой гетерозиготности. Согласно генетическим дистанциям виды рода *Beta* распределены в три значительно удаленных кластера, которые соответствуют секциям рода. Отмечено генетическую удаленность секции *Patellares*, что вероятно связано с её более древним происхождением. Выявлено генетическую близость сахарной свеклы с *B. maritima* и некоторую удаленность *B. cicla*. Согласно генетическим дистанциям для видов секции *Corollinae* получено распределение весьма сходное с представленным В. П. Зосимовичем (1959 г.)

Список литературы

1. Lange W., Brandenburg W. A., De Bock Th. S. M. Taxonomy and cultonomy of beet (*B. vulgaris* L.) // Botanical Journal of the Linnean Society. - 1999. - 130. - P. 81-96.
2. Зосимович В. П. Эволюция маревых и рода *Beta* L. / Сборник научных трудов по селекции, агротехнике, механизации и защите растений сахарной свеклы и других культур. // ВНИС. - 1959. - 38. - С. 59-73.
3. Буренин В. И. Наследственные дифференцировки в роде *Beta* L. // Генетика. - 1994. - 30, № 12. - С. 1593-1598.
4. Использование ПЦР-анализа в генетико-селекционных исследованиях: Науч.-метод. руководство / Под ред. Ю. М. Сиволапа. - Киев: Аграр. наука. - 1998. - С. 8-21.
5. Powell W., Morgante M., Andre Ch., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm

- analysis // Molecular Breeding. - 1996. - Vol. 2. - P. 225-238.
6. Waugh R., Powell W. Using RAPD markers for crop improvement // TIBTECH. - 10. - P. 186-191.
7. Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Дж. Молекулярное клонирование. - М.: Мир. - 1984. - 399 с.
8. Календарь Р. Н. Компьютерная программа для построения эволюционных деревьев на основе электрофоретических ДНК и белков // Матер. конф. "Молекулярно-генетические маркеры и селекция растений". - Киев, 1994. - С. 25-26.
9. Лисневич Л.А. Физиолого-біохімічні властивості та функціональна роль запасних білків буряків. Автореф. дис. д-ра біол. наук: 03.00.12 / Ін-т. фізіол. рослин та генетики. - К. - 1999. - 37 с.
10. Буренин В.И. Гены и генетическая коллекция свеклы / Генетика сахарной свеклы. - Новосибирск: Наука, 1984. - С. 37-45.
11. Гостимский С. А., Кокаева З. Г., Боброва В. К. Использование молекулярных маркеров для анализа генома растений // Генетика. - 1999. - 35. - №11. - С. 1538-1549.

Представлено А. А. Корчинським
Надійшла 21.06.2004 р.

ДИФЕРЕНЦІАЦІЯ ВИДІВ РОДУ *BETA* L. ЗА ДОПОМОГОЮ RAPD АНАЛІЗУ

Л. В. Шаук, Н. В. Роїк, Сиволап Ю. М.¹

Інститут цукрових буряків УААН,
Україна, м. Київ, вул. Клінічна, 25.

¹Південний біотехнологічний центр в

рослиниці УААН і МОН України,
Україна, м. Одеса, Овідіопольська дорога, 3

Представлено результати дослідження молекулярно-генетичного поліморфізму роду *Beta* за допомогою RAPD-аналізу.

На основі генетичних дистанцій побудовано дендрограму, яка відображає філогенетичні відношення видів. Розраховано основні параметри (рівень поліморфізму, індекс специфічності праймерів, очікувану гетерозиготність, маркерний індекс) для представленої маркерної системи.

Ключові слова: буряки, філогенія, молекулярно-генетичний поліморфізм, RAPD-аналіз.

DIFFERENTIATION OF SPECIES OF A GENUS *BETA* L. USING RAPD-ANALYSIS

L. V. Shayuk, N. V. Roik, Y. M. Syvolap¹

Institute for sugar beet UAAS,
Ukraine, Kyiv, Clinichna str., 25,

¹Southern biotechnological center in plant breeding of UAAS and MES of Ukraine,
Ukraine, Odessa, Ovidiopolska doroga, 3

The results of investigation of a molecular-genetical polymorphism of a genus *Beta* L. using of RAPD-analysis is submitted. On the basis of genetical distances is constructed dendrogram reflecting phylogenetic of the attitude of species. Main parameters such as polymorphism level, specificity index of primers, expected heterozygosity and marker index were calculated.

Key words: beet, phylogenetic, molecular-genetical polymorphism, RAPD-analysis.

УДК 575.616

ЕСТЕСТВЕННЫЙ ОТБОР НИЗКОАДАПТИВНЫХ ПРИЗНАКОВ (НА ПРИМЕРЕ ИНСУЛИНОЗАВИСИМОГО САХАРНОГО ДИАБЕТА)

С. А. ШТАНДЕЛЬ, Л. А. АТРАМЕНТОВА¹, Н. А. КРАВЧУН,
Т. П. ЛЕВЧЕНКО

Институт проблем эндокринной патологии им. В. Я. Данилевского АМНУ
Украина, г. Харьков, ул. Артема, 10,

¹Харьковский национальный университет им. В. Н. Каразина,
Украина, г. Харьков, пл. Свободы, 4

Исследованы показатели дифференциальной плодовитости у 263 больных сахарным диабетом 1 типа и 2049 здоровых женщин. Было показано снижение выживаемости потомков больных сахарным диабетом 1 типа по сравнению с общей популяцией. Были определены показатели относительной адаптивности и коэффициент естественного отбора при сахарном диабете 1 типа. Показано, что всеобщее внедрение инсулинотерапии снизило давление естественного отбора против сахарного диабета 1 типа и изменило адаптивность этого признака
Ключевые слова: естественный отбор, адаптивность, сахарный диабет 1 типа

Вступление. Естественный отбор - процесс, который, являясь наиболее важным фактором эволюции, способствует повышению приспособленности и предотвращает разрушительные последствия всех остальных процессов. Естественный отбор наблюдается потому, что одни индивиды имеют больше шансов на выживание или оставляют больше потомков, чем другие. В условиях человеческих популяций естественный отбор происходит, если особи доживают до окончания репродуктивного периода; в этом случае естественный отбор обусловлен тем, что одни индивиды производят больше потомков, чем другие, или их потомки обладают разной выживаемостью [1, 2]. В качестве количественной меры интенсивности естественного отбора принята относительная адаптивность, являющаяся мерой эффективности размножения данного генотипа.

Особенности существования организма на различных стадиях онтогенеза могут оказывать влияние на его репродукцию, определяющую направление естественного отбора, и, следовательно, приспособленность генотипа. Важнейшими компонентами приспособленности являются выживаемость потомков и плодовитость. Разли-

© С.А. ШТАНДЕЛЬ, Л.А. АТРАМЕНТОВА, Н.А. КРАВЧУН, Т.П. ЛЕВЧЕНКО, 2004

чия в приспособленности обусловлены различиями в одной или нескольких компонентах приспособленности. Естественный отбор оценивает лишь суммарную или общую приспособленность, а не отдельные ее компоненты. Компоненты приспособленности - выживаемость (l_m) и плодовитость (l_f). Окончательным результатом действия естественного отбора может быть либо полная элиминация того или иного аллеля, либо возникновение устойчивого полиморфизма, когда в популяции одновременно присутствуют два или более аллелей одного локуса.

Сахарный диабет (СД) 1 типа (инсулинозависимый) по характеру своего течения исторически относился к сублетальным признакам. Так, начинаясь, как правило, в препубертатном и пубертатном периоде, без инсулинотерапии он заканчивался летальным исходом примерно через 1-1,5 лет после манифестации. Таким образом, заболевшие не оставляли потомства и, соответственно, их плодовитость стремилась к нулю, соответственно коэффициент естественного отбора (s) стремился к единице. Повсеместное введение в практику инсулинотерапии изменило давление отбора, больные стали выживать и оставлять потомство, что привело к увеличению популяционной частоты комплекса генов предрасположен-

ности к этому заболеванию. Таким образом, СД 1 типа перестал быть сублетальным признаком.

Целью настоящего исследования было изучить показатели относительной адаптивности (w) и коэффициент естественного отбора (s) при СД 1 типа в современных условиях.

Материалы и методы

Для определения направленности и давления естественного отбора был изучен акушерский анамнез у 2049 здоровых жительниц г. Харькова и 263 женщин больных СД 1 типа, находящихся в пострепродуктивном периоде (старше 45 лет). Определялись показатели дифференциальной плодовитости (l_f) и смертности (l_m), выживаемости потомков (ps), w и s [3].

Результаты и обсуждение

Процент женщин, не оставивших потомков, не отличался в среднем по популяции и среди больных СД 1 типа ($12,54 \pm 0,73$ % и $14,50 \pm 2,18$ %, соответственно). Полученные данные свидетельствуют о том, что на стадии эмбриогенеза не отмечалось какого-либо давления отбора. Показатели спонтанных аборт и внематочных беременностей у больных СД 1 типа и в популяции практически не отличались (таблица 1).

Число беременностей у здоровых женщин достоверно превышает тако-

Таблица 1. Средние значения показателей плодовитости

Группа	Беременности	Роды	Спонтанные аборты	Внематочные беременности
Популяция	$4,11 \pm 0,07$	$1,40 \pm 0,02$	$0,08 \pm 0,01$	$0,03 \pm 0,01$
СД 1 типа	$2,73 \pm 0,18$ $P < 0,001$	$1,45 \pm 0,06$	$0,11 \pm 0,03$	$0,03 \pm 0,01$

Таблица 2. Показатели дифференциальной плодовитости и смертности

Группа	Дифференциальная плодовитость (I_f)	Дифференциальная смертность (I_m)
Популяция	0,426	0,0395
СД 1 типа	0,450	0,144

Таблица 3. Относительная адаптивность и коэффициент естественного отбора

Группа	Относительная адаптивность	Коэффициент естественного отбора
Популяция	0,966	0,034
СД 1 типа	0,907 P<0,001	0,093 P<0,001

вое у больных СД 1 типа, хотя среднее число родов практически не отличается в популяции и исследуемой группе. Этот феномен можно объяснить тем, что, зная о проблемах, связанных с беременностью при СД 1 типа, женщины с таким диагнозом всячески стараются сохранить беременность.

Полученные данные свидетельствуют о существовании в современных условиях компоненты дифференциальной плодовитости у больных СД 1 типа такой же, как в популяции. В сравниваемых группах оценки дифференциальной смертности различались на порядок. Потомки женщин с СД 1 типа обладают пониженной выживаемостью по сравнению с популяцией (таблица 2).

Анализ выживаемости потомков у здоровых женщин и матерей с СД 1 типа показал достоверное повышение доли умерших детей (p^d) в группах матерей, страдающих диабетом - 0,038 и 0,126, P<0,001.

Показатель относительной адаптивности в группе СД 1 типа был достоверно снижен по сравнению со здоровыми, соответственно и коэф-

фициент естественного отбора также был значительно больше, чем у здоровых лиц и достигал 9,3 % против 3,4% (таблица 3).

Таким образом, внедрение в практику инсулинотерапии резко снизило давление отбора (практически со 100 % до 9,3 %), также изменились и компоненты отбора - появилась компонента дифференциальной плодовитости и значительно уменьшилась компонента дифференциальной смертности.

Выводы

Применение достижений медицины способно значительно снизить давление отбора против низкоадаптивных признаков. На примере инсулинозависимого СД показано, что повсеместное внедрение в практику инсулинотерапии позволило продлить жизнь таких больных, что, в свою очередь привело не только к повышению адаптивности особей-носителей этого признака, но и к появлению такой составляющей естественного отбора как компонента дифференциальной плодовитости. Однако осо-

бенности метаболизма при СД 1 типа обуславливают пониженную выживаемость потомков женщин с данной патологией, что и приводит к частичному сохранению давления отбора против комплекса генов предрасположенности к этому заболеванию.

Список литературы

1. Фальконер Д. С. Введение в генетику количественных признаков. - М.: Агропромиздат, 1985. - 486 с.
2. Karev G. P., Wolf Y. I., Berezhovskaya F. S. et al. Gene family evolution: an in depth theoretical and simulation analysis of non-linear birth-death-innovation models // *Evolutionary Biology*. - 4. - P. 1471-2148.
3. Айала Ф., Дайгер Дж. Современная генетика. - М.: Мир, 1988. - 3. - С. 136-140.

Представлено І. Р. Бариляком
Надійшла 24.06.2004 р.

ПРИРОДНИЙ ДОБІР ОЗНАК З НИЗЬКОЮ АДАПТИВНІСТЮ (НА ПРИКЛАДІ ІНСУЛІНОЗАЛЕЖНОГО ЦУКРОВОГО ДІАБЕТУ)

С. А. Штандель, Л. О. Атраментова¹,
Н. О. Кравчун, Т. П. Левченко

Інститут проблем ендокринної патології
ім. В. Я. Данилевського АМНУ
Україна, м. Харків, вул. Артема, 10,
¹Харківський національний університет
ім. В. Н. Каразіна,
Україна, Харків, пл. Свободи, 4

Описано особливості катастрофи на Чорнобильській АЕС. Представлено дефініції гострої променевої хвороби, визначені різними авторами. Систематизовано результати діагностики гострої променевої хвороби.

Ключові слова: природний добір, адаптивність, цукровий діабет 1 типу

NATURAL SELECTION OF SIGNS WITH LOW ADAPTABILITY (ON THE EXAMPLE OF THE INSULIN-DEPENDENT DIABETES MELLITUS)

S. A. Shtandel, L. A. Atramentova¹,
N. A. Kravchun, T. P. Levchenko

V. Danilevsky Institute of endocrine pathology problems of AMS of Ukraine,
Ukraine, Kharkov, Artyoma str., 10.

¹V. N. Karazin Kharkov national university,
Ukraine, Kharkov, Svoboda sq., 4

Differential fertility indexes of 2049 able-bodied women and 263 patients with diabetes mellitus type 1 were investigated. It has been shown a low survival rate of type 1 diabetes mellitus offspring in comparison with the common population. Indexes of the relative adaptability and natural selection coefficient are determined at type 1 diabetes mellitus. It has been shown, that total insulin therapy decreased the press of natural selection against type 1 diabetes mellitus and changed adaptability of this sign.

Key words: natural selection, adaptability, diabetes mellitus type 1

ПРОФЕСОР В. П. ЗОСИМОВИЧ - ФУНДАТОР СУЧАСНОЇ ГЕНЕТИКИ В УКРАЇНІ

(ДО 105-РІЧЧЯ ВІД ДНЯ НАРОДЖЕННЯ)

В. А. ТРУХАНОВ¹, Т. М. ЧЕЧЕНЄВА², В. А. КУНАХ³

¹Інститут фізіології рослин і генетики НАН України
Україна, Київ, вул. Васильківська, 31/17

²Національний аграрний університет України
Україна, Київ, вул. Героїв оборони, 15

³Інститут молекулярної біології і генетики НАН України
Україна, Київ, вул. Акад. Заболотного, 150,
e-mail: kpnakh@imb.org.ua

Датою відродження сучасної генетики в Україні, на нашу думку, слід вважати 1959 рік. У цьому році за ініціативи Володимира Павловича Зосимовича було створено у Національному ботанічному саду ім. М. М. Гришка НАН України (тоді - Центральний республіканський ботанічний сад АН УРСР) відділ генетики, який він й очолив. Ще лютувала реакція апологетів т.зв. "мічуринської генетики" на чолі з Т. Д. Лисенком, а у новоствореному відділі почали широко розвиватись дослідження з поліплоїдії, гетерозису, експериментального мутагенезу, цитоплазматичної чоловічої стерильності. Вибір об'єктів дослідження був дуже широкий: цукрові буряки, зернові культури, плодові та декоративні рослини. Вже у 1961 році співробітниками відділу було надруковано два методичні посібники з методів отримання і добору тетраплоїдних форм цукрових буряків та пошуку рослин цукрових буряків з цитоплазматичною чоловічою стерильністю і методів її закріплення.

У 1963 р. відділ генетики було переведено в Інститут ботаніки ім. М. Г. Холодного НАН України, де він став осередком, навколо якого почала



активно відроджуватись генетика в усій Україні. У середині 60-х років під керівництвом В. П. Зосимовича були проведені Всеукраїнська нарада з проблем стану та розвитку генетики та селекції, курси зі вдосконалення викладання генетики у сільськогосподарських та педагогічних вузах, видано два томи міжвідомчого збірника "Цитологія і генетика", який заклали основи створення широко відомого зараз міжнародного журналу за тією ж назвою. Володимир Павлович очолював основну організаційну роботу зі створення у 1967 році Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова. З цього року і до останніх років життя він обирався членом президії Всесоюзного та Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова, працював членом редколегій провідних генетичних журналів (Генетика, Цитологія і генетика), був організатором багатьох конференцій і симпозиумів, редактором збірників наукових праць з експериментальної поліплоїдії і експериментальної генетики рослин тощо.

З ініціативи В. П. Зосимовича, який очолював Наукову раду АН УРСР з проблем генетики і селекції, у 1967 р. було створено Сектор генетики при АН України, який включав три відділи - генетики рослин (зав. В. П. Зосимович), генетики тварин (М. М. Колесник) та новостворений на базі відділу генетики рослин відділ експериментального мутагенезу. Останній відділ і Сектор генетики очолив запрошений з ініціативи В. П. Зосимовича з Інституту цитології і генетики Сибірського відділення АН СРСР П. К. Шкварніков. Сектор генетики у 1968р. було реорганізовано в Сектор молеку-

лярної біології і генетики, а у 1973 р. - в Інститут молекулярної біології і генетики НАН України. У цьому інституті до 1979 р. Володимир Павлович очолював відділ цитогенетики і поліплоїдії, а у 1979-1981 рр. працював науковим співробітником - консультантом. За активного сприяння В. П. Зосимовича в Інституті молекулярної біології і генетики НАН України на базі відділу цитогенетики і поліплоїдії було створено новий відділ генетичних основ, гетерозису (зав. І. А. Шевцов) та лабораторію генетики клітинних популяцій, яку у 1988 р. було реорганізовано у відділ (завідувач В. А. Кунах).

Володимир Павлович Зосимович - майбутній фундатор сучасної генетики в Україні, видатний учений - генетик, рослинник та селекціонер, доктор біологічних наук, професор, член-кореспондент АН УРСР, лауреат Ленінської премії та перший в історії України лауреат премії ім. В. Я. Юр'єва НАН України - народився в с. Шаповалівка Чернігівської області в інтелігентній і високоосвіченій сім'ї. Його батько, Володимир Іванович, у свій час закінчив медичний факультет університету Святого Володимира (нині - Київський національний університет ім. Тараса Шевченка). Працював земським лікарем і загинув під час ліквідації епідемії у Сумській області. Дід Іван був православним священником.

Після закінчення Київського сільськогосподарського інституту (1926 р.) В. П. Зосимович у 1926-1930 рр. працював у Науковому інституті селекції Цукротресту (м. Київ). Починав наукову діяльність з розробки питань систематики, сортовиведення та методів апробації культурних рослин. Наслідком роботи цих років є пуб-

лікація результатів порівняльної оцінки основних методів польової апробації сортонасінних посівів злакових культур та "Посібник по проведенню апробації сортових посівів у господарствах Цукротресту" (1927 р.). У цій книзі В. П. Зосимовичем написано розділ "Вівси", де наведена їх ботаніко-географічна характеристика - ключ до визначення найважливіших різновидностей вівса та опис головних сортів, що були розповсюджені у ті роки.

З 1930 р. і до 1959 р. В. П. Зосимович працював у Всесоюзному інституті цукрових буряків. Саме тут була створена його головна наукова праця - вчення про еволюцію диких видів буряків та походження культурних цукрових буряків. Він став провідним у СРСР фахівцем у галузі еволюції, генетики та селекції цукрового буряка, найвідомішим знавцем диких видів буряків.

У 1931 - 1935 рр., розвиваючи вчення М. І. Вавилова про ботаніко-географічні засади селекції, В. П. Зосимович здійснив декілька експедицій до республік Закавказзя (головним чином до Азербайджану та Вірменії), де вивчив природне розповсюдження у цих регіонах видів диких буряків.

До початку експедицій Володимир Павлович опрацював відповідну флористичну літературу та проглянув гербарні зразки, проконсультувався у академіка М. І. Вавилова, професорів О. О. Гроссейма та П. М. Жуковського, інших провідних ботаніків.

Під час експедицій він зібрав насіння та корені закавказьких популяцій однорічних культурних буряків *Beta vulgaris* L., а також багаторічних диких видів *B. macrorhiza* Stev., *B. lomatogona* F. et. M. та *B. trigyna* W. et. K.,

здійснив також збір насіння підвиду *B. ssp. perennis* Hal. На основі ретельного генетичного, цитологічного, анатомічного та біохімічного вивчення зібраної колекції зразків диких видів буряків, а також культурних форм цукрових буряків В. П. Зосимович розробив нову теорію походження та еволюції буряків (1936 - 1940 рр.) Згідно цієї теорії батьківщиною культурних коренеплодів буряків є райони гірського землеробства середньої Азії, а листкових буряків - країни Середземномор'я та Західної Європи. Цукрові буряки не виникли безпосередньо із дикого виду *Beta maritima*, або від кормових буряків, як це вважалось раніше, а є гібридами віддалених географічних схрещувань коренеплодних форм малоазійського походження із західноєвропейськими формами листкових буряків (мангольдами), поліпшеними шляхом масових доборів.

Володимир Павлович встановив, що Кавказ та, зокрема, Закавказзя є одним з потужних центрів формоутворення. Це відповідає вченню М. І. Вавилова про центри походження культурних рослин. "Гірські райони з великими різноманіттям ґрунтів, мікрокліматів, їх вертикальною зональністю, з величезною ізоляцією сприяють посиленню та виявленню формоутворювального процесу. Географічна ізоляція та у той же час значна диференціація екологічних умов сприятлива як для ізоляції, так і для можливостей гібридизації. Ці умови в остаточному підсумку повинні сприяти посиленню реалізації формоутворювального процесу, який використовує мутації та різні типи ізоляції аж до інцухту та схрещування, що здійснюється на різних фонах природного

добору", писав В. П. Зосимович у 1934 році.

Під час ботаніко-географічного опису зібраних на Закавказзі матеріалів було вивчено цінні якості диких видів, які можуть використовуватися при міжвидових схрещуваннях з культурними цукровими буряками для їх поліпшення, зокрема, такі як однонасі́нність плодів, холодостійкість, стійкість проти захворювань, відсутність цвітіння у перший рік життя, скоростиглість тощо.

Дослідження, проведені лабораторією цитології Всесоюзного науково-дослідного інституту цукру (М. І. Сиротіна) з вивчення геномного складу та каріології різних видів буряків, встановили наявність відмінних за плоідністю форм з базовим числом хромосом 9: у *B. vulgaris* кількість хромосом $2n=18$, у *B. lomatogona* - $2n=18$ та 36, у *B. corolliflora* - $2n=36$, у *B. trigyna* - $2n=54$. Слід підкреслити, що вид *B. corolliflora* вперше відкритий і описаний у 1937 році В. П. Зосимовичем і названий на його честь *Beta corolliflora* Zoss. Саме співставлення кількості хромосом диких видів та наслідків віддаленої гібридизації між ними і дали змогу В. П. Зосимовичу зробити узагальнення про походження буряків. Згідно з його оцінками форми листових, а згодом і культурних буряків отримані людиною від диких видів *B. perennis* та *B. maritima*.

Перші етапи виникнення форм роду *Beta* віднесені В. П. Зосимовичем до крейдяної доби. Ареали багаторічних травянистих видів буряків займали, згідно думки В. П. Зосимовича, території вологих гірських районів та сухих степів Уралу, Кавказу та Закавказзя, Малої Азії, Греції, Балканського півострова та Криму. Вид *B. lomatogona*

ла виник наприкінці епохи голоцену у нагірних степах Малої Азії, у високогірних районах Греції. З нього на початку четвертинного періоду виник карликовий вид *B. pala*. Обидва ці види мають одонасі́нні плоди.

У пліоцені у гірських районах Закавказзя, Уралу, Північно-східної Турецької Анатолії виник могутній тетраплоїдний вид *B. corolliflora*, внаслідок природної гібридизації якого з видом *B. lomatogona* виник гексаплоїдний амфідиплоїд *B. trigyna*. Експериментальний ресинтез *B. trigyna* здійснено В. П. Зосимовичем шляхом штучної гібридизації вихідних видів (1938 р.). Роботи з походження та вивчення диких видів буряків були схвалені М. І. Вавиловим, який 8 травня 1939 року представив дві статті В. П. Зосимовича "Еколого-географічна характеристика диких видів буряків" та "Еволюція культурних буряків (*Beta vulgaris* L.)" для публікації у доповідях АН СРСР (ДАН ССРСР, 1939, том 24, № 21, с.68 - 71 та 72 - 75).

Іншим видатним досягненням В. П. Зосимовича було теоретичне обґрунтування можливості існування мутантів з одонасі́нними плодами та створення на їх основі сортів з одонасі́нними плодами.

Спочатку роботи з пошуку одонасі́нних форм цукрових буряків викликали недовіру деяких вітчизняних ботаніків, які вважали виведення одонасі́нних буряків "походом проти природи". Володимир Павлович обґрунтував доцільність цієї праці. "У основних хлібних рослин, - писав він, - людина давно позбавилася від ламкості колосу, від насіння, яке зросло у супліддях та плівчастості зернівок. Всі ці ознаки характеризували вихідні види сучасних голозерних м'яких та

твердих пшениць. Роздільноплідність та голозерність наших основних хлібних рослин є наслідком праці великої кількості поколінь невідомих землеробів. Про це часто забувають, вважаючи біологічні особливості культурних пшениць природними".

На цей час після класичних праць В. А. Траншеля, а також після експедиційних зборів В. П. Зосимовича стало відомо, що п'ять диких видів буряків (*B. lomatogona*, *B. nana*, *B. intermedia*, *B. patellaris*, *B. procumbens* та *B. webbiana*) мають однонасінні плоди. Роздільноплідність, на думку В. П. Зосимовича, вироблена природним добром у посушливих районах з розрідженим травостоєм, а багатоквітковість виникла в зонах з підвищеною вологістю та рясним травостоєм, де кілька проростків у суплідді сприяють поліпшеному виживанню видів.

Наявність однонасінних форм серед вивчених диких видів та закон М. І. Вавилова про гомологічні ряди у спадковій мінливості надали В. П. Зосимовичу підставу для пошуку у 1932 - 1934 р.р. роздільноплідних мутацій з закріпленою спадковою ознакою однонасінності плодів на насінниках звичайних цукрових буряків.

Початком пошуку однонасінних буряків став морфологічний метод селекції. У 1932 р. О. К. Коломієць знайшла один скоростиглий насінник з дрібними однонасінними плодами. Метод інцухту дозволив Т. Ф. Триньку у 1933 р. виділити дві роздільноплідні автофертильні гетерозиготні рослини. Шляхом схрещування гетерозиготних за однонасінністю рослин у другому поколінні були виділені роздільноплідні насінники, проте подальшого розвитку ця робота не отримала.

Генетична природа однонасінності встановлена шляхом схрещування роздільноплідних форм зі звичайними багатоквітковими дикими та культурними буряками. Наслідком цих досліджень В. П. Зосимовича, М. Г. Борданос, Т. Ф. Гринька та О. К. Коломієць було встановлення того, що ознака однонасінності є рецесивною, або успадковується за проміжним типом.

З 1934 р. співробітниками лабораторії генетики Всесоюзного інституту цукрових буряків та десяти його дослідно-селекційних станцій з метою пошуку однонасінних форм цукрових буряків були обстежені на селекційних станціях та у цукрорадгоспах різних зон СРСР 1023 га плантацій насінників цукрових буряків. Після ретельного огляду понад 22 млн кущів було знайдено 109 рослин з однонасінними плодами, які складали від 10 до 100% всіх насінин рослини. У наступні роки з цими матеріалами було проведено велику селекційну роботу по закріпленню ознаки однонасінності, підвищенню якості насіння та продуктивності коренеплодів. Робота зі створення перших у СРСР однонасінних сортів буряків була завершена у середині 50-х років ХХ століття, а у 1960 році провідних керівників та виконавців цієї роботи І. Ф. Бузанова, О. К. Коломієць, В. П. Зосимовича, О. В. Попова, Г. С. Мокан та М. Г. Борданоса було вшановано Ленінською премією.

Дослідженнями, які завершували роботи В. П. Зосимовича з вивчення цукрових буряків, були докторська дисертація на тему "Еволюція диких та культурних буряків", захищена у 1958 р., та розробка теорії прогресуючої скоростиглості в еволюції покрито-насінних рослин у зв'язку зі зростан-

ням рівня плодючості. На жаль, значна частина цих досліджень, виконаних у 60-70-х роках ХХ сторіччя, залишилася не надрукованою.

З 1959 року до останніх днів життя В. П. Зосимович працював у Національній Академії наук України. У 1960 році він був обраний членом - кореспондентом АН України.

У ці роки, продовжуючи вивчати еволюцію буряків, Володимир Павлович проаналізував життєві форми, явища поліплоїдії та еволюції видів і родин ботанічного порядку центронасінних рослин, у тому числі родини маревих, до якої належать буряки (роботи надруковані у 1959 р. та 1965р.) продовжував широкомасштабні дослідження з експериментальної поліплоїдії, цитогенетики, експериментального мутагенезу, генетичних основ гетерозису та цитоплазматичної чоловічої стерильності, під його керівництвом вперше в Україні започатковані методи клітинної селекції рослин. Останній напрямок успішно розвивається його учнями донині у відділі генетики клітинних популяцій Інституту молекулярної біології і генетики НАН України та відділу генетичної інженерії Інституту фізіології рослин і генетики НАН України.

Людина широкої ерудиції, видатний вчений та організатор В. П. Зосимович створив наукову школу у галузі генетики та біотехнології рослин. Під його науковим керівництвом починали свою наукову діяльність відомі фахівці: академік НАН України В. В. Моргун, члени - кореспонденти НАН України В. А. Кунах та С. С. Малюта, доктори наук Б. О. Левенко, Н. К. Наваліхіна, Т. М. Чеченева, Т. В. Чугункова, І. А. Шевцов, кандидати

наук О. Ф. Андрощук, В. В. Буйдін, Д. М. Голда, В. О. Демченко, Г. С. Гроздинська, І. І. Лялько, С. Г. Машталер, О. В. Новожилов, Є. Б. Паніна, М. П. Петрушина, Б. З. Пилипчук, О. І. Свідченко, В. А. Труханов, І. Д. Чекаліна. Багато з них зараз успішно працюють у сучасних розділах генетики.

Наукова праця В. П. Зосимовича, окрім Ленінської премії, ушанована також першою в історії України премією ім. В. Я. Юр'єва НАН України за роботи у галузі генетики і селекції, орденом Леніна та багатьма іншими високими урядовими нагородами Радянського Союзу.

Помер Володимир Павлович Зосимович 18 січня 1981 р. Похований на Байковому кладовищі у м. Києві.

Людина інтелігентна за походженням, характером та за напрямом думок, великий знавець не лише власної, а й багатьох суміжних галузей науки, енциклопедично освічений, який до останніх днів життя виявляв незгасний інтерес до новин науки та життя суспільства, успіхів і невдач колег і учнів, до яких він відносився як до рідних дітей, наш старший товариш завжди надавав необхідну пораду і допомогу. Принциповий вчений, який ніколи не займався політикою, ухилився від високих посад і разом з тим був талановитим організатором саме науки, скромний, чуйний, глибоко порядний - таким залишився Володимир Павлович Зосимович у пам'яті тих, кому пощастило знати його та співпрацювати з ним.

Хай ці рядки будуть ще однією ознакою глибокої шани та пам'яті про Володимира Павловича Зосимовича на честь 105-ї річниці від дня його народження.

ІВАН ВІКТОРОВИЧ ЯШОВСЬКИЙ

(До 85-річчя від дня народження)



7 вересня 2004 року наукова громадськість України відмічала 85-річчя з дня народження видатного вченого дослідника, біолога, селекціонера, генетика, професора Яшовського Івана Вікторовича. Він народився в м. Носівка Чернігівської області в родині працівників Носівської с.-г. дослідної станції.

У 1937-1938 роках працював на цій дослідній станції кваліфікованим робітником і техніком художником-фотографом. Вищу агрономічну освіту одержав у Глухівському с.-г. інституті (1938-1941 рр.) та в Київському с.-г. інституті (1945-1946 рр.).

Учасник бойових дій Фінської (1939-1940 рр.) та Великої Вітчизняної (1941-1945 рр.) воєн.

Агрономічну діяльність розпочав у допоміжному господарстві "Чабани" військової частини 25342 (1947-1948 рр.), яке в подальшому було реорганізоване в дослідне господарство Інституту землеробства.

Свою наукову діяльність І. В. Яшовський здійснює протягом 56 років у відділі селекції Інституту землеробства УААН спочатку науковим співробітником (1948-1953), потім старшим науковим співробітником (1954-1972 рр.), завідувачем відділу селекції (1973-1988 рр.), а з 1988 року до останнього часу - головним науковим співробітником. Одночасно, протягом 1973-1995 років, був науковим керівником селекційних програм із зернових, зернобобових і круп'яних культур Київського комплексного селекцентру.

З 2003 р. свою основну наукову діяльність поєднує з роботою за сумісництвом на посаді головного наукового співробітника Українського інституту експертизи сортів рослин.

У 1956 році І. В. Яшовський здобув вчений ступінь кандидата с.-г. наук, а у 1976 - ступінь доктора с.-г. наук. У 1980 році йому було

присвоєно звання професора за цією ж спеціальністю.

Результати здійснених ним досліджень опубліковано у понад 190 працях.

Під науковим керівництвом І. В. Яшовського та з його безпосередньою участю здійснено широкий комплекс експериментальних і теоретичних досліджень, результатами яких були суттєво поглиблені наукові знання з генетики зернових, круп'яних культур і кукурудзи, що, у свою чергу, забезпечило значне підвищення результативності практичних селекційних робіт цих культур (створено 52 нових високоврожайних сорти і гібриди).

Він є автором 10-и впроваджених у виробництво сортів проса, 2-х сортів гречки, 8-и винаходів на способи селекції та насінництва, а також багатьох розробок і власне сконструйованих приладів та малогабаритної техніки на рівні науку, за що здобув почесне звання "Заслужений винахідник СРСР".

Багато праці і часу І. В. Яшовський віддає підготовці наукових кадрів найвищої кваліфікації, формуванню і розвитку підрозділів Київського селекційного центру з рослинництва. Під його науковим керівництвом та з його допомогою підготовлено 34 кандидата сільськогосподарських і біологічних наук та 15 докторів сільськогосподарських наук за спеціальностями "селекція і насінництво", "рослинництво" та "генетика".

В останні роки особливо успішно розвиваються дослідження цієї наукової школи в напрямі розробки генетичних основ докорінного удосконалення імунологічних систем геномів злакових рослин, що контролюють

стійкість до сажки на прикладі расоспецифічної стійкості проса до цього найбільш шкочинного захворювання, створення гіпервисокобілкових і восковидних його сортів. Ці напрями досліджень є дуже перспективними у плані розробки екологічно безлечних та економічно найбільш вигідних генетичних шляхів біологічного захисту рослин від хвороб без застосування хімічних препаратів, а також створення нових видів рослинницької сировини.

Протягом 20 років І. В. Яшовський є членом спеціалізованих рад із захисту докторських дисертацій. Протягом 10 років (1976-1986) він був експертом Вищої атестаційної комісії СРСР, із 1967 по 1985 роки - член Президії Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова, а в період 1976-1989 років - членом координаційної ради Всесоюзної академії сільськогосподарських наук з питань селекції і технології вирощування круп'яних культур. Був головою експертної ради Міністерства науки і промислової політики України за конкурсними науковими проектами в галузі селекції рослин, а також членом науково-технічної ради Державної служби з захисту прав на сорти рослин.

Тривалий час був членом редакційної колегії журналу "Цитологія і генетика" та тематичного збірника "Селекція і насінництво" (УААН).

У результаті своєї наукової діяльності І. В. Яшовський заслужено здобув визнання в широких колах наукової і виробничої громадськості України як провідний учений в галузі генетики, селекції та насінництва рослин, який має свою наукову школу.

Багаторічній напруженій творчій

науковій діяльності І. В. Яшовського сприяла його добра спортивна підготовка, як майстра спорту України з легкої атлетики.

За свою бойову і трудову діяльність І. В. Яшовський нагороджений орденами Червоної зірки, Трудового Червоного прапора, Вітчизняної війни 2-го ступеня, Богдана Хмельницького 2-го ступеня; медалями "За бойові заслуги", "За перемогу над Німеччиною" та 12-ма іншими: "Почесною грамотою Президії Верховної Ради УРСР" (1978 р.), Почесними грамотами Міністерства освіти України (1999 р.) та Державної комісії України по випробуванню та охороні сортів рослин (1999 р.).

За багаторічну плідну діяльність і вагомий внесок у розвиток вітчизняної науки та підготовку наукових кадрів розпорядженням Президента України від 23.10.1999 року І. В. Яшовському, як видатному діячеві в галузі науки призначена довічна державна стипендія.

Бажаємо Івану Вікторовичу міцного здоров'я, сили, щасливого довголіття, творчої наснаги.

*Президія Українського товариства
генетиків і селекціонерів
ім. М. І. Вавилова*

ВІТАЛІЙ ТИМОФІЙОВИЧ МАНЗЮК

(До 75-річчя від дня народження)

Виповнилося 75 років від дня народження та 52 роки наукової, педагогічної та суспільної діяльності відомого вченого в галузі селекції, генетики і біотехнології рослин, доктору сільськогосподарських наук, професору, заслуженому діячеві науки і техніки України, лауреату премії ім. В. Я. Юр'єва Манзюку Віталію Тимофійовичу.

В. Т. Манзюк народився 12 червня 1929 р. в м. Верховцево Дніпропетровської області. Після закінчення, з відзнакою, Одеського сільськогосподарського інституту, пройшов аспірантську підготовку під керівництвом академіка В. Я. Юр'єва в Інституті генетики і селекції АН УРСР (м. Харків). В. Т. Манзюк - учень, соратник і послідовник Василя Яковича, який зберіг вірність справі свого учителя. У 1956 р. захистив кандидатську, а в 1973 році докторську дисертації. У 1961 р. очолив селекцію ячменю в Інституті рослинництва, селекції та генетики. Одночасно, протягом 17 років (1963 - 1980 рр.), був заступником директора інституту з наукової роботи.



У результаті багаторічної наполегливої цілеспрямованої праці районовано 19 сортів, де він основний автор, 15 сортів занесено до Реєстру рослин сортів України і Казахстану. Таким чином, створення сортів, здатних витримувати надмірне зволоження, сприяло розширенню ячменю, крім України, на захід і північ Росії, а сорти з широкою адаптивністю висіваються в посушливих степах Казахстану і Поволжя, а також в умовах континентального клімату Сибіру і Алтаю.

Досягнення В. Т. Манзюка у справі створення комплексно цінних сортів ярого ячменю тісно пов'язані з теоретичними розробками і базуються на удосконаленні існуючих і розробці нових методів селекції, на вивченні закономірностей генетики цієї культури. Ним встановлено ряд закономірностей з питань добору пар при гібридизації, спадковості і мінливості основних господарсько - цінних ознак у гібридів, генетиці кількісних ознак ячменю, ефективності добору в залежності від

агрофону і кількості рослин на одиницю площі. Успішно ведуться роботи з віддаленої гібридизації - вдалось подолати ембріональний бар'єр несумісності ячменю з житом. Освоєно і вдосконалено новий метод селекції - гаплоїдія за участі дикої форми ячменю бульбозум. Для підвищення ефективності виходу гаплоїдів були розпочаті роботи з освоєння і вдосконалення методу культури пиляків *in vitro*, що дозволило значно збільшити вихід гаплоїдів. Уперше, не тільки в Україні, а й у колишньому СРСР, до селекційного процесу були залучені андрогенні дигаплоїдні лінії ячменю. Після кризи генетичної науки в Радянському Союзі, В. Т. Манзюк перший в Україні відновив у 1965 р. роботи з експериментального мутагенезу ячменю. В результаті багаторічних досліджень було розроблено засоби підвищення ефективності індукування мутацій. Використання мутагенезу, як джерела вихідного матеріалу, в поєднанні з гібридизацією привело до створення нових сортів ячменю. Пріоритетні дослідження були проведені з вивчення сортів ярого ячменю в дослідах факторіального випробування, при різному поєднанні агроприймів, які послужили підставою для створення першої в державі лабораторії сортової агротехніки. Згодом такі лабораторії було створено у всіх селекцентах.

В. Т. Манзюку належить близько 300 наукових праць, з яких одинадцять опубліковані в монографіях і дванадцять в міжнародних журналах і збірках, в тому числі - шість у США. Він достойно репрезентував вітчизняну науку за кордоном, беручи участь у міжнародних конгресах, симпозіумах, конференціях. У 70-80-х роках був заступником координаційної ради РЕВ і ВАСГНІЛ із селекції та насінництва ячменю, членом комісії із се-

лекції на імунітет до грибкових захворювань зернових культур і членом координаційної ради з радіобіології при президії ВАСГНІЛ. Після розпаду СРСР, в Україні замість селекцентрів були створені Ради з координації селекції зернових, зернобобових і круп'яних культур. Віталій Тимофійович з 1992 по 1998 р.р. був головою Ради Лівобережжя України (Харківська, Полтавська, Сумська, Донецька, Луганська, Запорізька, Кримська, Миколаївська, Херсонська області). В. Т. Манзюк бере активну участь у громадській діяльності. Він очолював агрономічне відділення науково - методичної ради Харківської обласної організації товариства "Знання", був членом Ради Українського Товариства Генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова.

Великий внесок В. Т. Манзюк зробив у справу підготовки наукових кадрів, ним створена наукова школа селекціонерів - генетиків, підготовлено 16 кандидатів наук.

Віталій Тимофійович нагороджений орденом "Знак Пошани", медалями "За доблесну працю", "Ветеран праці". Нагороджений ювілейною пам'ятною медаллю М. І. Вавилова, двома срібними і трьома бронзовими медалями ВДНГ СРСР. Продовжує працювати в Інституті рослинництва ім. В. Я. Юр'єва головним науковим співробітником відділу селекції, генетики і біотехнології ячменю, в спеціалізованій ученій раді з захисту кандидатських та докторських дисертацій, керує підготовкою аспірантів.

Бажаємо Віталію Тимофійовичу міцного козацького здоров'я, щасливого довголіття, подальших творчих звершень.

Президія Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова

ДО 70-РІЧЧЯ КАФЕДРИ ГЕНЕТИКИ КИЇВСЬКОГО НАЦІОНАЛЬНОГО УНІВЕРСИТЕТУ ІМЕНІ ТАРАСА ШЕВЧЕНКА

Д. М. ГОЛДА, Т. В. МАРИНЕНКО, С. В. ДЕМИДОВ
Київський Національний університет імені Тараса Шевченка,
Україна, м. Київ, вул. Глушкова, 2А

Восени 2004 р. виповнилося 70 років із дня заснування кафедри генетики Київського національного університету імені Тараса Шевченка. В роботі представлено історичний огляд розвитку кафедри та сучасний стан наукової і викладацької роботи.

Вперше почав читати курс "Учение о наследственности" професор С. Ю. Кушакевич в 1911-12 роках, як окремий курс по кафедрі зоології.

Теоретичні питання генетики почали розроблятися в 20-30-тих роках. Основними центрами генетичних досліджень в Україні стали АН УРСР, Київський, Одеський та Харківський університети. Великий вплив на формування генетики в Україні мав 5-й Міжнародний генетичний конгрес (Берлін, 1927 р.), на якому було продемонстровано великі успіхи хромосомної теорії спадковості та відкриття Меллером мутагенної дії рентгенівських променів.

У 1923 р. в Києві при АН УРСР було створено Комісію з експериментальної біології і генетики з метою координації всіх генетичних досліджень в Україні. Очолив її І. І. Шмальгаузен. У роботі Комісії брав участь М. І. Вавилов. І. І. Шмальгаузен не тільки був науковим керівником дослідницької роботи, а й сформував школу генетиків-еволюціоністів (Ф. Г. Добржанський, П. О. Ситько, Г. І. Шпет, М. І. Драгомиров, Б. І. Балінський, М. М. Синицький), які зробили гідний внесок у розвиток генетики та зоології в Україні і за її межами. В свою чергу І. І. Шмальгаузен був учнем і послідовником відомого біолога О. М. Северцова (1866-1936), основоположника еволюційної морфології тварин, котрий після ганебного рішення вченої ради Київського університету імені святого Володимира про відмову від участі у святкуванні 100-річчя від дня народження Ч. Дарвіна на знак протесту

залишив Київський університет і переїхав до Москви, де з 1911 р. був запрошений професором Московського університету.

Професор Київського університету С. Ю. Кушакевич, повернувшись з наукового стажування в Ріхарда Гетвіга (Мюнхен), у 1911 р. започатковує на кафедрі зоології курс "Вчення про спадковість", який він викладав з позиції класичної генетики. У статті "Попытки цитологического обоснования законов наследственности" ("Природа", 1914, № 10, с. 1205-1220), яка дістала схвальну оцінку М. Кольцова, Кушакевич детально описував картини мейозу і явище кросинговеру - обміну алеломорфними ділянками між гомологічними хромосомами.

Після смерті Кушакевича в 1920 р. дослідження явища спадковості гідно продовжив І. І. Шмальгаузен, котрий цього року повернувся до Києва. Тут він організує кафедру динаміки розвитку, читає курси загальної біології, ембріології та динаміки розвитку. В основу курсу динаміки розвитку І. І. Шмальгаузен поклав генетичні закономірності. Як і Кушакевич, він викладає курс генетики студентам, залучає їх до генетичних досліджень. При університеті існувала науково-дослідна лабораторія зоології для підготовки аспірантів, котру очолював також І. І. Шмальгаузен. В 1929 р. до неї були прийняті перші аспіранти - генетики. В 1930 р. у системі Академії наук організовано Зоолого-біологічний інститут, в який влилася ця лабораторія з усіма співробітниками й аспірантами. Директором інституту було призначено І. І. Шмальгаузена. У відділі експериментальної зоології цього інституту було створено групу генетиків - наукових співробітників і

аспірантів (І. І. Назаренко, Г. І. Шпет, П. О. Ситько, І. М. Крайовий). Ця група також працювала під керівництвом І. І. Шмальгаузена.

Новий етап у розвитку генетичних досліджень на Україні розпочався у 1934 р., коли в Інституті зоології АН УРСР був організований відділ генетики, який очолив І. І. Агол. У цей відділ, крім групи співробітників керованої Шмальгаузеном, були прийняті і нові співробітники. В 1937 р. у відділі працювало понад 30 осіб, у тому числі 20 наукових співробітників та аспірантів (П. О. Ситько, М. П. Тарнавський, І. І. Клодницький, І. М. Крайовий, М. І. Сиротина та ін.). Відділ був добре оснащений оптичними приладами, термостатами, рентгенівським апаратом тощо. Щорічно видавались збірники наукових праць його співробітників, зокрема в 1935-1941 рр. вийшло друком п'ять томів "Збірників праць з генетики". Ряд праць співробітників відділу опубліковано у виданнях АН СРСР і АН УРСР.

Восени 1934 р. була організована кафедра дарвінізму і генетики в Київському університеті. Професорами і доцентами кафедри були І. І. Клодницький, П. О. Ситько, Б. І. Балінський, П. А. Храновський. Безпосередню участь в організації кафедри брав І. І. Агол.

Після від'їзду І. І. Шмальгаузена до Москви в 1936 р., куди його запросили очолити Інститут морфології тварин АН СРСР (після смерті його засновника О. М. Северцова), ця кафедра розділилась на дві - механіки розвитку (завідувач - доцент Б. І. Балінський) і дарвінізму та генетики (її очолив академік І. І. Агол). Після арешту І. І. Агола в 1937 р. місце завідувача кафедри залишилось вакантним. На цю посаду було рекомендо-

вано доцента С. М. Гершензона, представника московської школи генетиків, учня М. К. Кольцова і С. С. Четверикова. Він завідував кафедрою протягом 1937-1941 рр. та 1944-1948 рр. Наукова робота на кафедрі проводилась у тісній співпраці з відділом генетики Інституту зоології АН УРСР. У Київському університеті проводили дослідження з радіаційної генетики, генетики популяцій, мікроеволюційних процесів. Вивчали дію природного добору в природних умовах на мутантні форми різних видів дрозофіли. Праці з питань визначення ролі мутантів в еволюційному процесі були одними з перших у світовій літературі.

У Київському університеті в 1946-1948 рр. функціонувала ще одна кафедра - генетики і селекції рослин, яку очолив академік АН УРСР М. М. Гришко - автор першого підручника з генетики українською мовою (М. М. Гришко-Лисенко, Курс загальної генетики, Держсільгоспвидав, Харків, 1933).

Період занепаду генетики почався після приснопам'ятної сесії ВАСГНІЛ у серпні 1948 р. Після цієї сесії генетика, як наука, була засуджена, фахівці - генетики мусили шукати роботу не пов'язану з спеціальністю, або перекваліфіковувались. Багато доль було зламано, наука понесла істотні втрати. Програму з генетики вилучили з навчальних планів біологічних, медичних та сільськогосподарських вузів. Завідувачі кафедрами дарвінізму і генетики та генетики і селекції рослин професор С. М. Гершензон і академік М. М. Гришко були звільнені з роботи в університеті. Обидві кафедри були з'єднані в одну, яку назвали кафедрою творчого дарвінізму. Завідуючою кафедрою призначили цитолога професора К. Ю. Кострюкову (1948-1949), а

потім професора М. А. Кравченка (1950-1953) - фахівця із селекції сільськогосподарських тварин. З 1953 по 1956 р. кафедру очолював проф. С. М. Бугай, фахівець в галузі рослинництва. У 1956 р. ця кафедра була з'єднана з кафедрою експериментальної біології, що очолював проф. Б. Г. Новиков. На цій кафедрі доцент П. А. Храновський читав деякі спецкурси, базуючись на досягненнях класичної генетики. Частина співробітників кафедри творчого дарвінізму (доцент Є. Л. Голинська та ін.) були переведені на кафедру фізіології рослин.

Період стагнації тривав до жовтня 1964 р., коли на жовтневому Пленумі ЦК КПРС генетика була "реабілітована". Треба зазначити, що аномальне становище в генетиці не могло тривати так довго. Життя брало своє і вже наприкінці 50-х років почали "підпільно" відроджуватись дослідження з генетики. На прохання М. П. Дубиніна, відомий вчений-атомник І. В. Курчатова у 1955 р. привіз із США колекцію мутантних ліній дрозофіли - один із основних модельних об'єктів генетиків (свої лінії були втрачені). У 1958 р. в Новосибірську був створений Інститут цитології і генетики, який очолив лідер радянських генетиків М. П. Дубинін. Там знайшли роботу і генетики з України: П. К. Шкварніков, якого М. П. Дубинін обрав своїм заступником з наукової роботи, колишній завідувач кафедри генетики Одеського університету Ю. П. Мірюта, науковці С. П. Коваленко, С. І. Стрільчук, В. К. Шумний та ін.

У 1959 р. у Києві було створено відділ генетики рослин у Центральному ботанічному саду АН УРСР, який у березні 1963 р. був переведений в Інститут ботаніки АН УРСР. У 1961 р. у відділ прийняті перші аспіранти Д. М. Голда,

С. С. Малюта, а через рік Б. О. Левенко, В. А. Труханов, О. Ф. Андрощук. Організатором і керівником цього відділу був член.-кор. АН УРСР В. П. Зосимович. Цей відділ став осередком навколо якого стала впроваджуватись генетика в Україні. У 1967 р. створено Сектор генетики при Академії наук УРСР на базі трьох відділів: генетики рослин (зав. В. П. Зосимович), експериментального мутагенезу (зав. П. К. Шкварніков) та відділ генетики тварин (зав. М. М. Колесник). Очолював Сектор проф. П. К. Шкварніков. У 1968 р. Сектор генетики був реорганізований у Сектор молекулярної біології і генетики (зав. проф. С. М. Гершензон), а в 1973 р. - в Інститут молекулярної біології і генетики (директор Г. Х. Мацука).

Лише в 1963 р. у Київському університеті було відновлено кафедру генетики і селекції. До 1967 р. завідував нею доцент П. А. Храновський. У 1967 р. на завідування кафедрою був запрошений за сумісництвом професор П. К. Шкварніков - завідувач Сектора генетики АН УРСР. Він залучив до роботи на кафедрі багатьох науковців із Сектор генетики АН УРСР - Г. Д. Бердишева, Д. М. Голду, С. П. Коваленка, П. О. Ситька, С. І. Стрільчука та інш.

У 1970 р. П. К. Шкварніков залишив кафедру і рекомендував на цю посаду професора Г. Д. Бердишева - спеціаліста з молекулярної генетики, котрий і очолював кафедру з 1971 по 1985 р. У 1970-71 р.р. обов'язки завідуючого кафедрою генетики виконувала доцент Є. Л. Голинська. У 1974р. кафедру генетики і селекції було перейменовано на кафедру загальної та молекулярної генетики.

Протягом 1986-1997 рр. кафедрою завідував професор С. М. Храпунов, випускник кафедри генетики. Після

його від'їзду до США на його місце було обрано професора С. В. Демидова, також випускника цієї ж кафедри.

Співробітники кафедри та створеної при ній у 1976 році лабораторії генетики індивідуального розвитку проводять спільні наукові дослідження з Інститутом фізіології рослин та генетики НАН України (м. Київ) по вивченню процесів старіння; з лабораторією "Біохімія хроматину" (А. Прюнель) Інститут Жака Моно (Париж, Франція) по вивченню структури нуклеосоми у складі мініциклів ДНК; з Державним науковим центром Російської Федерації - Інститутом медико-біологічних проблем (м. Москва), Інститутом колоїдної хімії та хімії води НАН України (м. Київ), з вивчення медико-біологічних властивостей легкої води (зі зниженим вмістом радіоактивних та важких стабільних ізотопів водню та кисню) та її використання в умовах космосу. Лабораторією разом з Інститутом фізіології рослин та генетики НАН України (м. Київ) та Інститутом ботаніки НАН України (м. Київ) виграно тендер "Молекулярно-генетичні особливості процесів прискореного старіння зародків насіння". Проводяться спільні наукові дослідження з Інститутом землеробства УААН по темі: "Проведення екотоксикологічної оцінки ґрунту та рослинницької продукції за допомогою біотесту мушки дрозофіли" та з Інститутом молекулярної біології та генетики НАН України по темі: "Виділення та секвенування гену *Delta* у *Drosophila virilis*". На кафедрі ведуться роботи з наданого INTAS гранту "Comparative Population and Monitoring Research on Gentoo Penguins (*Pygoscelis papua*) in Antarctica".

На кафедрі проведено систематичні дослідження особливостей тирозинової флуоресценції в складі білків,

які використані для вивчення структури білків хроматину - гістонів; з'ясовано молекулярні механізми тотальної репресії геному в процесі гамето-генезу; розроблено підхід до визначення індивідуальних особливостей нестабільності геному людини на основі цитогенетичних параметрів. Створено колекції генетичних ліній двох видів дрозофіл. Започатковано популяційно-генетичні дослідження на Українській антарктичній станції Академік Вернадський.

Результати наукових досліджень відображені в численних наукових публікаціях та представлені на вітчизняних та міжнародних форумах. За останні 20 років на кафедрі підготовлено 35 кандидатських та 7 докторських дисертацій.

На кафедрі читаються нормативні курси "Генетика з основами селекції" та "Молекулярна біологія", спецкурси: "Фізичні методи досліджень у молекулярній біології й генетиці", "Генетика дрозофіли", "Молекулярні основи спадковості та мінливості", "Хромосоми еукаріот", "Онкогенетика", "Цитогенетика", "Генетика людини", "Фармакогенетика", "Фізико-хімічні основи генетики", "Білково-нуклеїнові взаємодії", "Історія генетики", "Експериментальний мутагенез", "Генетика постнатального онтогенезу", "Імуногенетика", "Аналітична генетика", "Популяційна генетика", "Геноміка", "Генетичні основи інтелекту", "Нестабільність геному", "Основи біотехнології", "Основи селекції", "Політенні хромосоми", "Генетика мікроорганізмів", "Генетичні основи еволюції", "Генетичний моніторинг", "Генетичний аналіз", "Медична генетика", "Сучасні методи скринінгу кДНК бібліотек", "Генетика рослин". До викладання залучаються видатні вчені науково-дослідних установ м. Києва.

За роки існування на кафедрі підготовлено понад 600 фахівців-генетиків, серед яких такі відомі вчені, як:

- випускник 1971 року директор Інституту клітинної біології НАНУ, академік НАН України, доктор біологічних наук, член Європейської академії, академії Леопольдіна, Баварської академії наук, Світової академії мистецтва та наук, лауреат премії ім. В. Я. Юр'єва АН УРСР, Державної премії СРСР у галузі науки і техніки, дослідницької премії ім. О. фон Гумбольдта, засновник фундаментальних досліджень у галузі клітинної та генетичної інженерії рослин в Україні Юрій Юрійович Глеба;

- завідувача лабораторією генетичної інженерії Інституту клітинної біології та генетичної інженерії НАН України, доктор біологічних наук, професор, член-кореспондент НАН України Євгенія Борисівна Патон (випуск 1978 року);

- завідуючий відділом генетики клітинних популяцій Інституту молекулярної біології та генетики НАН України, член-кореспондент НАН України, доктор біологічних наук, професор, Лауреат премії імені В.Я.Юр'єва, перший віце-президент Українського товариства генетиків та селекціонерів ім. М. І. Вавилов, Головний редактор журналу "Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів" Віктор Анатолійович Кунах (випуск 1969 року).

Перелік літератури

1. Стрельчук С. І., Демидов С. В., Бердишев Г. Д., Голда Д. М. Генетика з основами селекції. - Київ.: Фітосоціоцентр, 2000 - 291 с.
2. Развитие биологии на Украине. - Киев.: Наукова думка, 1984. - 1. - 416 с.
3. Голда Д. М. Генетика. Історія. Відкриття. Персоналії. Терміни. Київ.: Фітосоціоцентр, 2004 - 127 с.

У ПРЕЗИДІЇ УКРАЇНСЬКОГО ТОВАРИСТВА ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ ІМ. М.І. ВАВИЛОВА

Постанова Президії УТГіС ім. М. І. Вавилова від 15.10.2004 р. "Про підсумки 2-ї Міжнародної конференції "Фактори експериментальної еволюції організмів"

1 3-15 вересня 2004 р. у м. Алушта (Крим) відбулась 2-га Міжнародна конференція "Фактори експериментальної еволюції організмів", організована і проведена Президією Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова. Оргкомітет конференції було затверджено у складі: Роїк М. В. - голова оргкомітету; Кунах В. А. - заступник голови; Корчинський А. А. - заступник голови; Глазко В. І. - заступник голови; Чеченева Т. М. - секретар; члени оргкомітету - Бариляк І. Р., Буркат В. П., Головін В. П., Лукаш Л. Л., Малюта С. С., Михайлов В. Г., Новак Т. В.

Президія Товариства на засіданні у розширеному складі із запрошенням членів Ради товариства, членів редколегії та редакційної ради журналу "Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів", яке відбулося 15.10.2004 р., проаналізувала підсумки проведення конференції і відмітила, що в цілому конференцію проведено на задовільному рівні. У роботі конференції взяли участь близько 50 вчених із різних вузів та наукових закладів України, Росії, Вірменії, Азербайджану. До початку конференції вийшов друком збірник "Фактори експериментальної еволюції організмів", т. 2, у якому опубліковано матеріали, надіслані на конференцію.

Разом з тим Президія встановила низку недоліків, які були допущені оргкомітетом у процесі підготовки конференції, підготовки матеріалів до друку і проведення конференції. Найістотніші серед них наступні:

1. у інформаційному листі №1 наведено перекручену і неправдиву інформацію щодо складу оргкомітету, розміру оргвнеску і умов публікації матеріалів у збірнику "Фактори експериментальної еволюції організмів", т. 2;

2. несвоєчасне інформування членів товариства і учасників

конференції про уточнену дату, місце проведення і програму конференції внаслідок чого більшість учасників, переважно закордонних, вчасно не отримали запрошень;

3. відсутність у збірнику "Фактори експериментальної еволюції організмів", т. 2, 16 статей, рекомендованих оргкомітетом конференції і редколегією збірника і за публікацію яких автори зробили оргвнесок;

4. публікація у збірнику 12 статей, які не пройшли рецензії і не були розглянуті редколегією; автором і співавтором семи із цих статей є В. І. Глазко.

Заслухавши членів оргкомітету і членів редколегії збірника "Фактори експериментальної еволюції організмів", 2004, т. 2, Президія товариства встановила, що член Президії УТГіС ім. М. І. Вавилова, заступник голови оргкомітету конференції, доктор сільсько-господарських наук, професор В. І. Глазко за дорученням оргкомітету конференції повинен був підготувати проект інформаційного листа №1. Не погодивши текст з оргкомітетом, В. І. Глазко самовільно розіслав інформаційного листа з перекрученою інформацією науковій громадськості багатьох країн. На засіданні оргкомітету 16 липня 2004 р. В. І. Глазку було вказано на недоліки і доручено розіслати виправлену інформацію, уточнену програму конференції і запрошення членам ТОВА-

риства та учасникам конференції. Проте, він самоусунувся від роботи в оргкомітеті, не повідомивши про це голову або інших членів. Разом з тим, самовільно дав вказівку видавництву КВіЦ (м. Київ) публікувати матеріали збірника "Фактори експериментальної еволюції організмів", 2004, т. 2, які ще не були підписані до друку головним редактором або його заступником, самовільно включив до матеріалів збірника незатверджені статті та вилучив із нього рекомендовані до друку матеріали багатьох авторів.

Президія постановила:

1. висловити члену Президії УТГіС ім. М. І. Вавилова, доктору сільсько-господарських наук, професору В. І. Глазку недовіру;

2. вивести В. І. Глазку зі складу редакційної ради журналу "Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів";

3. просити Раду товариства вивести В. І. Глазку зі складу Президії УТГіС ім. М. І. Вавилова;

4. доручити редколегії журналу "Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів" опублікувати цю постанову, а також статті, подані до збірника "Фактори експериментальної еволюції організмів", 2004, т. 2, які отримали позитивну рецензію, проте не були опубліковані у збірнику у найближчому числі.

ПРАВИЛА ДЛЯ АВТОРІВ

“Вісника Українського товариства генетиків і селекціонерів”

Редакція приймає до друку статті **членів Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М.І.Вавилова** з різних аспектів генетики, селекції, біотехнології, медицини українською, російською та англійською мовами. До статті, написаної англійською мовою, додається український або російський переклад.

Обсяг експериментальних статей зі всіма матеріалами - до 12 сторінок, оглядових - до 26 сторінок машинописного тексту.

До тексту статті додаються направлення установи, де виконана робота, та/або голови первинної організації УТГІС ім. М.І.Вавилова, в яких працює автор (автори).

Під час написання статті потрібно дотримуватись такого плану:

- ◆ вказати індекс УДК, назву статті, ініціали та прізвища авторів, повну назву установи (установ), поштову адресу установи (установ). У разі декількох авторів статті біля їхніх прізвищ та установ, в яких вони працюють вказується один і той самий верхній цифровий індекс;
- ◆ викласти короткий зміст публікації (анотацію), вказати ключові слова;
- ◆ вступ, в якому слід стисло подати стан проблеми і обґрунтування роботи;
- ◆ у розділі "Матеріали і методи" слід подати відомості про методи дослідження в розрізі, достатньому для їх відтворення;
- ◆ розділ "Результати та обговорення" має бути коротким, підсумкова частина статті повинна бути в кінці розділу;
- ◆ перелік літератури складається в порядку цитування і друкується на окремому аркуші. У тексті необхідно посилатися на відповідний номер джерела літератури у квадратних дужках. У списку необхідно навести прізвище та ініціали автора в оригінальній транскрипції курсивом, назву статті, журналу або книги. Для періодичних видань далі вказують рік видання, том, номер, перша та остання сторінки; для неперіодичних - місце видання, назва видавництва, рік видання, кількість сторінок. Детальні вимоги до переліку літератури дивіться у Бюлетні ВАК України, № 1, 2003 року.

Номери позицій на ілюстраціях розміщують за годинниковою стрілкою. Кожна позиція повинна мати пояснення у підписі під рисун-

ком. Усі позначення мають відповідати чинним стандартам. На звороті кожної ілюстрації вказують її номер, назву статті, прізвище автора. Розміри ілюстрації не повинні перевищувати розміри друкованої сторінки журналу.

Фотографії подавати окремим файлом з розширенням "tif". Таблиці та ілюстрації робити в редакторах *Illustrator* (9-10) або *Corel DRAW* (9-10) і подавати окремими файлами з розширеннями "eps" або "ai" та "cdr" відповідно.

Формули та математичні знаки слід вписувати чорним чорнилом, чітко зображуючи кожну літеру, показник ступеня, індекс і розмічати таким чином:

- ◆ однотипні за написанням великі та малі літери будь-якого алфавіту простим олівцем;
- ◆ великі - двома рисками знизу, малі - двома рисками зверху;
- ◆ літери латинського алфавіту, подібні за написанням до українських, підкреслюють хвилястою лінією, грецького - червоним олівцем, готичні - синім;
- ◆ літери українського алфавіту у формулах підкреслюють квадратною дужкою знизу і на полях рукопису в колі подають їх роз'яснення (наприклад, К - укр.);
- ◆ елементи, що набираються у формулах прямим шрифтом, також підкреслюють квадратною дужкою;

- ◆ нарядкові індекси та показники ступеня позначають простим олівцем знаком підвищення (дужкою знизу), а порядкові індекси - знаком пониження (дужкою зверху). Формули нумерують (з правого боку в круглих дужках) лише ті, на які в тексті є посилання.

Рукопис статті надсилається на дискеті та паперових носіях (у двох примірниках, надрукованих через два інтервали у текстовому редакторі *Word*, шрифт № 12, *Times New Roman*).

До кожного примірника статті додаються резюме українською, російською та англійською мовами (6-8 строчок).

Перед словом "Резюме" пишуться (на всіх вищевказаних мовах): повна назва статті, ініціали і прізвища авторів, назви та адреси (поштові і електронні) установ. Безпосередньо після тексту резюме розміщуються ключові слова. У кінці аркуша - адреса (поштова та електронна) і телефон першого автора для зв'язку з редакцією.

Статтю підписують усі автори, вказуючи домашню адресу, номер домашнього та службового телефону, повну назву установи, її місцезнаходження.

Матеріали, надісланні без дотримання зазначених вимог, редакція не розглядатиме.

© ТОВ "Тенар", 2004

Комп'ютерна верстка Шевчук Олена
ТОВ "Тенар"
03037, м. Київ, вул. Освіти, 22/8
тел. 249-79-09

Підписано до друку 24.01.05 Формат
70x100 1/16. Гарнітура Прагматика,
папір офсет. №1. Друк офсет. Ум друк.
арк. 10.0. Обл. — вид. арк. 11.76.
Наклад 100 прим. Зам. № 5-147

ВІСНИК

УКРАЇНСЬКОГО ТОВАРИСТВА
ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ

ISSN 1810-7834. ВІСН. УКР. ТОВ-ВА ГЕНЕТИКІВ І СЕЛЕКЦІОНЕРІВ, 2004, Том 2, № 2

