ТЕЗИ ДОПОВІДЕЙ
XXI-ї Міжнародної наукової конференції
«Фактори експериментальної еволюції організмів»
(22–24 вересня 2026 р., м. Кам'янець-Подільський (Україна)

АФАНАСЬЄВА К.С., ЧОПЕЙ М.І., ПІВЕНЬ А.І., СИВОЛОБ А.В.
Київський національний університет імені Тараса Шевченка, ННЦ «Інститут біології та медицини», Київ, Україна
e-mail: afanasieva@knu.ua

ЗМІНА МЕТИЛЮВАННЯ ДНК ПРИ БЛАСТТРАНСФОРМАЦІЇ ЛІМФОЦИТІВ: ПОРІВНЯННЯ ДАНИХ КОМЕТНОГО ЕЛЕКТРОФОРЕЗУ ТА БІСУЛЬФІТНОГО СЕКВЕНУВАННЯ

Метилювання ДНК є однією із основних епігенетичних модифікацій, яка тісно пов'язана із селективною регуляцією роботи генів при зміні функціонального стану клітин як в нормі, так і за розвитку патологічних станів. Дана робота присвячена аналізу зміни патернів метилювання ДНК при бласттрансформації лімфоцитів людини за допомогою двох підходів: відносно швидкого та дешевого у використанні метилчутливого кометного електрофорезу та більш часозатратного та вартісного бісульфітного секвенування, а також порівнянню результатів, отриманих за допомогою цих двох методів.

Бласттрансформацію лімфоцитів, отриманих із периферичної крові здорових донорів, здійснювали шляхом культивування у середовищі RPMI 1640 в присутності мітогену при 37 °C протягом 24 годин. Для проведення метилчутливого кометного електрофорезу клітини іммобілізували в шарі агарози на поверхні предметного скла, піддавали високосольовому лізису та проводили рестрикцію ізошизомерними рестриктазами *Msp*I та *Hpa*II (1,5 U) протягом 20 хвилин при 37 °C, після чого проводили нейтральний кометний електрофорез протягом 5 хв. За відносним вмістом ДНК у електрофоретичному треці визначали співвідношення метильованих цитозинів у складі динуклеотидів CpG та інших контекстах у лімфоцитах та лімфобластах. Для проведення бісульфітного секвенування здійснювали виділення ДНК з лімфоцитів та лімфобластів з використанням магнітного сорбенту. Бісульфітну обробку проводили за методом Германа. Секвенування здійснювали за технологією OxfordNanopore Technologies з використання платформи MinION. Різницю в патернах метилювання у двох типах клітин визначали шляхом вирівнювання отриманих послідовностей за допомогою алгоритму BLAST NCBI, після чого проводили мапування фрагментів у геномі людини за допомогою програмного забезпечення BISMARK.

Обидва методи вказують на те, що загальний рівень метилювання ДНК достовірно знижується при бласттрансформації лімфоцитів, що є очікуваним, враховуючи активацію транскрипційних процесів у клітинах при їх переході із стадії G0 в стадію G1 клітинного циклу. При цьому за допомогою метилчутливого кометного електрофорезу було встановлено, що в інтактних лімфоцитах реєстрували вдвічі більший рівень метилювання цитозинів по CpG динуклеотидах, ніж цитозинів в інших динуклеотидних контактах (не-CpG метилювання). На противагу цьому, дані бісульфітного секвенування вказують, що у термінально диференційованих лімфоцитах відсоток метилювання по CpG-динуклеотидам становить 72%, а 28% припадає на не-CpG метилювання. Натомість у лімфобластах метилювання по CpG-динуклеотидам зростає до 86%, тоді як не-CpG метилювання знижується до 14%. Під час мапування фрагментів у геномі було виявлено 18 локусів, метилювання ДНК яких відрізняється у лімфоцитах та лімфобластах, 3 з яких розташовані в межах генів, які відповідають за регуляцію клітинного циклу (*GAK, PRKAR1B* та *METRNL*).

Наші результати вказують на те, що обидва методи можуть бути ефективно використані для оцінки загального рівня метилування в клітинах при зміні їх функціонального стану, проте виявляють різну чутливість щодо патернів метилування ДНК в різних динуклеотидних контекстах.

БАБИНА А.І., ВОЛКОВ Р.А.
Чернівецький національний університет ім. Ю. Федьковича, м. Чернівці, Україна E-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

МОЛЕКУЛЯРНА ОРГАНІЗАЦІЯ 35S РИБОСОМНОЇ ДНК *SOLANUM MELONGENA*

35S рДНК рослин представлена тандемно організованими повторюваними одиницями (повторами), які складаються із кластера генів 18S, 5.8S і 25S рРНК, розділених внутрішніми транскрибованими спейсерами ITS1 та ITS2, та довгого міжгенного спейсера, IGS. Зазвичай повтори 35S рДНК демонструють високу внутрішньогеномну подібність, яка є результатом гомогенізації в ході еволюції. Кодувальні ділянки 18S, 5.8S і 25S рРНК є високо консервативними, тоді як спейсерні еволюціонують з високою швидкістю, що робить їх корисним інструментом для встановлення філогенетичних відносин між таксонами низького рангу. Швидкий прогрес у секвенуванні геномів покритонасінних рослин відкриває нові можливості у порівняльній геноміці повторюваних послідовностей, в тому числі – у вивченні молекулярної організації 35S рДНК. Метою роботи було охарактеризувати повну повторювану одиницю 35S рДНК баклажана, *Solanum melongena* L. з використанням біоінформатичних методів.

Для дослідження використано високоточні PacBio HiFi-прочитування геному *S. melongena* (SRR28195849). Послідовності рДНК ідентифікували за допомогою BLASTN, після чого здійснювали їх відбір, *de novo* складання та множинне вирівнювання з використанням Hifiasm і MAFFT (Altschul et al., 1990; Katoh & Standley, 2013; Cheng et al., 2021). Із 305 прочитувань 231 містило повну повторювану одиницю 35S рДНК та було використано для реконструкції консенсусної послідовності.

Повна повторювана одиниця 35S рДНК мала довжину 8892 п.н. та включала 18S рРНК (1808 п.н.), ITS1 (219 п.н.), 5.8S рРНК (173 п.н.), ITS2 (205 п.н.), 26S рРНК (3391 п.н.) та IGS (3096 п.н.). Вирівнювання індивідуальних прочитувань продемонструвало попарну ідентичність послідовностей (Pairwise Identity) на рівні 99,8 %, що свідчить про високий ступінь внутрішньогеномної гомогенності та узгоджується з моделлю концертної еволюції (Dover, 1982).

Аналіз структурної організації IGS дозволив виділити шість структурних ділянок (SR I–SR VI). У SR I виявлено оліго-C мотив та два потенційні сигнали термінації транскрипції GGAGGTTT, які присутні в IGS інших представників родини Solanaceae (Borisjuk & Hemleben, 1992; Volkov et al., 1999; 2003; 2017). SR III характеризується високим вмістом AT-пар. На границі SR III та SR IV виявлено сайт ініціації транскрипції (TIS) – TATATAAGGGGGG. В межах SR II (1332 п.н.) ідентифіковано три блоки субповторів, кожен з яких містить відносно довгу (89–178 п.н.) унікальну послідовність та численні короткі (6–18 п.н.) диверговані субповтори чотирьох класів, які, ймовірно, виникли внаслідок неодноразових дуплікацій, зумовлених нерівним кросинговером.

Загальний план будови IGS 35S рДНК *S. melongena* є подібним до такого, що був описаний для попередньо досліджених представників цього та споріднених родів родини Solanaceae. Винятком є SR II, для якого у *S. melongena* характерна висока гетерогенність субповторів. Цей результат вказує на специфічність молекулярної еволюції 35S рДНК у різних видів роду *Solanum*.

BORYSYUK M.[1], LAKHNEKO O.[1,2], STEPANENKO A.[1,3], RYMAR Y.[1], MORGUN B.[1]
[1] Institute of Cell Biology and Genetic Engineering of Natl. Acad. Sci. of Ukraine, Kyiv, Ukraine,
[2] Institute of Plant Genetics and Biotechnology, Plant Science Biodiversity Center, Slovak Academy of Sciences, Nitra, Slovak Republic
[3] Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany.
e-mail: mborysyuk@icbge.org.ua

ENHANCING WHEAT DROUGHT TOLERANCE BY MODULATING STRUCTURAL ORGANIZATION OF LEAF SURFACE

Wheat is the major crop which provides about twenty percent of calories for human. The increasing temperature and limitation of water due to the global climatic changes is a big challenge for sustainable wheat grain production in many cultivation regions, including Ukraine. Water preservation, which relies on the ability to retain accumulated water reserves, is one of the essential mechanisms in plant adaptation to drought. The major portion of water lost in plants occurs through leaf surfaces, mostly contributed from stomatal transpiration and cuticle diffusion. Reduction of this loss is a promising strategy toward improving crops drought tolerance. Consequently, leaf cuticle and stomata became a subject of intensive investigations in relation to improve water use efficiency in cereals during the recent years. Our studies characterized structural and biochemical features of cuticle in wheat varieties with contrast drought sensitivity and revealed a number of transcription factors controlling leaf surface features and drought tolerance. Application of novel technologies based on recent advances in understanding the crop genetic make-up, is the potent option for complementing/accelerating traditional breeding to enhance crops productivity and cope with the challenges we face. This presentation will exemplify the current efforts for wheat improvement by summarizing our work on wheat gene network related to drought tolerance. Biochemical and molecular characterization of wheat varieties with different levels of drought tolerance demonstrated considerable variation between genotypes in terms of leaf surface composition and structure/activity of genes related to drought responses. The potential of the gained genomics knowledge for improving crop's traits will be highlighted by our study on overexpression of transcription factor TaSHN1, isolated from Australian drought-tolerant variety. This genetic intervention resulted in generation of transgenic wheat lines with significantly enhanced drought tolerance without yield reduction, as a consequence of altered cuticle composition and reduced stomata frequency. Overexpression of wheat transcription factor *TaSHN1* affected composition of cuticle waxes, frequency of stomata, drought tolerance and performance of the transgenic wheat lines. Here, we complemented these studies with the data on leaf surface analysis in Ukrainian wheat varieties with contrasting drought tolerance, focusing on stomata physiology and key molecular factors controlling stomata frequency. In particular, we characterized cultivar-specific expression and promoter structure of genes encoding EPF polypeptides and transcription factor MUTE, the key components controlling stomata biogenesis. Based on these results, a gene editing strategy for modulating stomata frequency in wheat with the prospect of improving wheat performance under water-restricted conditions will be presented.

Acknowledgement. This work is supported by a grant 2025.07/0453 from the National Research Foundation of Ukraine to the research team led by Mykola Borysyuk.

ВАСИЛЕНКО О. П., РУШКОВСЬКИЙ С. Р.
ТОВ «Привітна клініка», Київ, Україна
e-mail: besidygen@gmail.com

МОДЕЛЬ МЕДИКО-ГЕНЕТИЧНОЇ ДОПОМОГИ В ЕПОХУ ГЕНОМНОЇ МЕДИЦИНИ

Розвиток геномної медицини кардинально змінив зміст медико-генетичної допомоги. За останні десятиліття генетичне тестування вийшло далеко за межі діагностики рідкісних спадкових захворювань і стало складовою пренатальної діагностики, репродуктивної медицини, онкології, кардіології, неврології, фармакогенетики, неонатального скринінгу та багатьох інших напрямів

клінічної практики. Одночасно змінився і зміст генетичного консультування. Якщо раніше воно переважно обмежувалося оцінкою ризику успадкування захворювання, то сьогодні охоплює інтерпретацію дедалі складніших генетичних досліджень, обговорення їх клінічних і соціальних наслідків, підтримку прийняття рішень, психосоціальний супровід сімей, координацію подальшого маршруту пацієнта та взаємодію з лікарями різних спеціальностей.

Розширення професійних функцій суттєво збільшило навантаження на лікарів-генетиків, поставивши під загрозу своєчасність і якість медико-генетичної допомоги. Відповіддю саме на цей виклик стало формування професії генетичного консультанта, яка сьогодні офіційно визнана більш ніж у 50 країнах світу.

Міжнародний досвід демонструє, що сучасна модель медико-генетичної допомоги працює успішніше завдяки розподілу функцій відповідно до професійних компетентностей різних фахівців. Лікар-генетик фокусується насамперед на клінічній оцінці пацієнта, встановленні діагнозу, визначенні тактики лікування та медичному спостереженні. Натомість генетичний консультант може здійснювати оцінку спадкового ризику, підготовку пацієнтів до генетичного тестування, пояснювати його можливості та обмеження, психосоціальний супровід та підтримку у прийнятті поінформованих рішень. Такий розподіл ролей забезпечує лікарю-генетику можливість повною мірою реалізувати свої клінічні компетентності, не відволікаючись на завдання, які можуть бути ефективно виконані іншим спеціалістом. Водночас пацієнт отримує повноцінний консультативний супровід, який дедалі більше визначає якість генетичної допомоги.

Ефективність такої моделі підтверджується численними дослідженнями, які демонструють клінічну та економічну ефективність залучення генетичних консультантів. Зокрема відзначається скорочення часу очікування консультацій, підвищення доступності генетичної допомоги, кращої поінформованості пацієнтів, зростання задоволеності медичною допомогою та більш ефективне використання кадрових ресурсів. Саме тому в більшості країн генетичний консультант розглядається не як допоміжний спеціаліст і не як альтернатива лікарю-генетику, а як невід'ємний член мультидисциплінарної команди.

Для України, де кількість лікарів-генетиків залишається обмеженою, а геномна медицина швидко інтегрується у клінічну практику, особливого значення набуває впровадження мультидисциплінарної моделі надання медико-генетичної допомоги. Впровадження такої моделі має супроводжуватися не лише збільшенням кількості висококваліфікованих лікарів-генетиків, а і підготовкою генетичних консультантів.

ГАЛАЄВ О.В., ГАЛАЄВА М.В.
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення НААН України, Одеса, Україна
e-mail: galaev7@ukr.net

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ АНАЛІЗ ПРИСУТНОСТІ ГЕНА СТІЙКОСТІ *Lr13* У ГЕНОТИПАХ СОРТІВ СЕЛЕКЦІЇ СГІ-НЦНС

Бура листкова іржа (*Puccinia triticina* Erikss.) – один із найпоширеніших та найбільш шкодочинних патогенів м’якої пшениці (*Triticum aestivum* L.), що здатний спричиняти значні втрати врожаю. Найбільш екологічно безпечним і економічно вигідним методом захисту посівів є створення та впровадження у виробництво генетично стійких сортів. Проте расоспецифічна стійкість, яка базується на поодиноких головних генах, часто долається новими вірулентними патотипами патогена. Ефективною стратегією продовження тривалості захисного ефекту є комбінування (пірамідування) кількох генів стійкості в одному генотипі, зокрема поєднання генів ювенільної та вікової стійкості (APR).

Одним із поширених у світовій селекції генів вікової стійкості є ген *Lr13*, розташований на короткому плечі хромосоми 2B. Попри те, що сам по собі ген *Lr13* у більшості регіонів уже втратив високу ефективність, його комбінування з іншими генами (наприклад, *Lr34* або *Lr37*) забезпечує тривалу й надійну польову стійкість пшениці (Kloppers et al., 2009; Yuan et al., 2011; Galaev et al., 2015).

У наших попередніх дослідженнях проведено молекулярно-генетичний аналіз майже ізогенних ліній сорту Thatcher та гібридної популяції F_2 Tc*Lr13* x Tc*Lr34*, за результатами якого встановлено, що мікросателітний локус *Xwmc344* є близько зчепленим із геном *Lr13* і може слугувати надійним кодомінантним маркером для його детекції (Галаєв та ін., 2024).

Метою нашої роботи була ідентифікація гена стійкості до бурої листкової іржі *Lr13* за допомогою мікросателітного локусу *Xwmc344* серед 28 сучасних сортів озимої м'якої пшениці селекції Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннєзнавства та сортовивчення (СГІ–НЦНС).

Проведено ПЛР-діагностику на наявність гена стійкості до бурої листкової іржі *Lr13* з використанням мікросателітного маркеру *Xwmc344* серед 28 сортів озимої м'якої пшениці селекції СГІ–НЦНС: Вагома, Величава, Ветеран, Відвага, Вірність, Гладь, Громада, Зиск, Єпіграф, Епітет, Етуаль, Клад, Кругозір, Нагорода, Наснага, Обряд, Озоряна, Окраса, Палітра, Пейзаж, Перепілка, Розквіт, Сага, Сторіця, Фортеця, Хвала, Постать, Січ.

Присутність маркерного алелю локусу *Xwmc344* (218 п.н.), що свідчить про наявність гена *Lr13*, виявлено у 10 досліджених сортів: Вагома, Гладь, Громада, Епітет, Етуаль, Кругозір, Наснага, Окраса, Перепілка та Фортеця (частота зустрічальності гена становить 35,7% ± 9,1%.).

Аналіз окремих зернин кожного сорту показав, що ген *Lr13* у всіх досліджених зразках перебував у гомозиготному стані. Водночас для чотирьох сортів-носіїв − Вагома, Громада, Епітет та Фортеця – встановлено внутрішньосортову гетерогенність. Решта шість сортів-носіїв (Гладь, Етуаль, Кругозір, Наснага, Окраса, Перепілка) були однорідними.

Отримані результати свідчать про високу ефективність застосування молекулярного маркера *Xwmc344* для скринінгу селекційного матеріалу та оцінки генетичної однорідності сортів пшениці за геном стійкості *Lr13*.

ГАЛАЄВА М.В., ГАЛАЄВ О.В.
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення НААН України, Одеса, Україна
e-mail: mariagal1@ukr.net

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНИЙ МОНІТОРИНГ ШТАМОВОГО СКЛАДУ ВІРУСУ ЖОВТОЇ КАРЛИКОВОСТІ ЯЧМЕНЮ (BYDV) В ПОСІВАХ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ПІВДНЯ УКРАЇНИ

Вірус жовтої карликовості ячменю (*Barley yellow dwarf virus*, BYDV) є одним із найпоширеніших і найшкодочинніших вірусних патогенів зернових культур. Він уражує пшеницю, ячмінь, овес, жито та інших представників родини *Poaceae*, спричиняючи пожовтіння листків, пригнічення росту, карликовість рослин, зменшення продуктивної кущистості та суттєве зниження врожайності. Передача вірусу здійснюється попелицями персистентним циркулятивним способом, що забезпечує його ефективне поширення в агроценозах.

Останніми роками актуальність дослідження BYDV значно зросла у зв'язку зі змінами кліматичних умов, збільшенням чисельності переносників та розширенням ареалу їх поширення. За цих умов особливого значення набуває молекулярно-генетичний моніторинг циркуляції окремих штамів вірусу, що дозволяє оцінити сучасний фітосанітарний стан посівів і своєчасно виявляти зміни в структурі його популяції. Відомо, що комплекс BYDV представлений кількома генетично відмінними штамами, серед яких найбільш поширеними є BYDV-PAV, BYDV-PAS, BYDV-MAV та BYDV-SGV.

Вірус жовтої карликовості ячменю раніше реєстрували в Україні, а окремі дослідження підтверджували його наявність, проте інформація щодо поширення різних штамів BYDV була відсутня. До початку наших досліджень системний молекулярно-генетичний моніторинг штамового складу вірусу в Україні не проводився, тому залишалося невідомим, які саме штами циркулюють у посівах зернових культур.

Метою дослідження було визначення штамового складу вірусу жовтої карликовості ячменю в посівах озимої пшениці Півдня України із застосуванням сучасних молекулярно-генетичних методів.

Протягом 2023–2025 років було відібрано 90 рослинних зразків озимої пшениці з певними ознаками вірусних захворювань. Після виділення тотальної РНК проводили RT-PCR із використанням специфічних праймерів для виявлення штамів BYDV-PAS, BYDV-PAV, BYDV-MAV та BYDV-SGV.

За результатами дослідження встановлено, що протягом трьох років у популяції вірусу на території Півдня України стабільно домінував штам BYDV-PAS. Штам BYDV-PAV виявлявся лише в окремих зразках, тоді як BYDV-MAV і BYDV-SGV протягом усього періоду досліджень не були виявлені. Отримані результати становлять особливий науковий інтерес. Штам BYDV-PAV вважається найбільш поширеним і найкраще дослідженим штамом вірусу в Європі. Водночас наше дослідження продемонструвало іншу картину: протягом трирічного періоду спостережень у досліджених зразках стабільно переважав штам BYDV-PAS. Цей результат є цікавим з наукової точки зору та підкреслює необхідність подальшого молекулярного моніторингу штамового складу BYDV в Україні.

Таким чином, нами було проведено молекулярний-генетичний аналіз та визначено штамовий склад BYDV в посівах озимої пшениці. Отримані результати розширюють сучасні уявлення про поширення BYDV в Україні, створюють підґрунтя для подальших досліджень поширення та циркуляції різних штамів BYDV в Україні й можуть бути використані для вдосконалення систем фітосанітарного моніторингу та розроблення ефективних заходів захисту зернових культур.

ГАЛАЄВА М. В., ГАЛАЄВ О. В., ГАРЄЄВ О.Л.
ТОВ «ВИРОБНИЧА ФІРМА СІМЕСТА», Одеса, Україна
e-mail: mariagal1@ukr.net

FeLV – СУЧАСНІ ПІДХОДИ ДО МОЛЕКУЛЯРНОЇ ДІАГНОСТИКИ ВІРУСУ ЛЕЙКЕМІЇ КОТІВ

Вірус лейкемії котів (*Feline leukemia virus*, FeLV) є одним із найпоширеніших та найнебезпечніших інфекційних агентів домашніх котів. Він належить до родини *Retroviridae* та характеризується здатністю інтегрувати свій генетичний матеріал у геном клітин організму господаря, формуючи провірус. Така особливість зумовлює довічне персистування інфекції та значно ускладнює її діагностику і контроль.

FeLV є причиною розвитку імуносупресії, анемій, лімфом, лейкемій, репродуктивних порушень та інших патологічних станів. Внаслідок пригнічення імунної системи інфіковані тварини стають більш сприйнятливими до бактеріальних, вірусних, грибкових і паразитарних інфекцій. Захворювання часто має тривалий безсимптомний перебіг, а клінічні ознаки можуть проявлятися лише через місяці або навіть роки після зараження. Саме тому FeLV залишається однією з найактуальніших проблем сучасної ветеринарної медицини. Особливу небезпеку становлять тварини з безсимптомним перебігом інфекції, які залишаються джерелом вірусу для інших котів. Тому своєчасне виявлення інфікованих тварин має важливе значення як для клінічної практики, так і для профілактики поширення інфекції.

Серед сучасних методів лабораторної діагностики особливе місце займає полімеразна ланцюгова реакція у реальному часі (real-time PCR). На відміну від серологічних експрес-тестів, які виявляють вірусний антиген і можуть бути недостатньо інформативними на окремих стадіях інфекції, ПЛР у реальному часі забезпечує безпосереднє виявлення генетичного матеріалу вірусу. Це дозволяє діагностувати інфекцію на ранніх стадіях, виявляти латентні форми перебігу захворювання та підтверджувати сумнівні результати інших методів дослідження. Крім високої чутливості та специфічності, метод характеризується швидкістю виконання, високою відтворюваністю результатів, можливістю автоматизованої обробки даних та мінімальним ризиком контамінації завдяки проведенню реакції у закритій системі.

У лабораторії ТОВ «Виробнича фірма Сіместа» було розроблено тест-систему для виявлення вірусу лейкемії котів методом ПЛР у реальному часі. Під час її створення були підібрані специфічні праймери та флуоресцентний зонд до консервативної ділянки геному FeLV, оптимізовано склад реакційної суміші та режими ампліфікації. Проведена оптимізація дозволила забезпечити високу специфічність і чутливість тест-системи, необхідні для надійного виявлення вірусної ДНК у клінічних зразках.

Для оцінки ефективності розробленої тест-системи було досліджено 87 зразків біологічного матеріалу від котів. За результатами дослідження методом ПЛР у реальному часі ДНК вірусу FeLV була виявлена у 5 зразках, що становило 5,7 ± 2,5% від загальної кількості досліджень. У 82 зразках (94,3 ± 2,5%) генетичний матеріал вірусу не був виявлений. Отримані результати свідчать про наявність FeLV серед досліджених котів та підтверджують доцільність застосування високочутливих молекулярно-генетичних методів для його лабораторної діагностики.

Таким чином, розроблена тест-система «Набір реагентів для виявлення вірусу лейкемії котів FeLV в реальному часі» (ТОВ «Виробнича фірма Сіместа») є сучасним, високочутливим та високоспецифічним інструментом лабораторної діагностики. Її використання забезпечує своєчасне виявлення вірусу, встановлення точного діагнозу, сприяє вибору оптимальної тактики лікування та профілактики поширення інфекції серед котів.

ГЛУШКО Ю. М., МРУК А. І., НАГОРНЮК Т.А.
Інститут рибного господарства НААН, Київ, Україна
e-mail: niko-yulia@ukr.net

ГЕНЕТИЧНА ОЦІНКА ЄВРОПЕЙСЬКОГО ХАРІУСА (*THYMALLUS THYMALLUS)* В УКРАЇНІ

Сьогодні в Україні до об’єктів, які потребують ефективних підходів для збереження аборигенної іхтіофауни річок Карпатського регіону належить європейський харіус (*Thymallus thymallus)*. Вивчення рівня мінливості генетичної структури природніх популяцій європейського харіуса дає можливість встановити популяційно-генетичних механізмів адаптації риб до умов навколишнього середовища.

Метою роботи було виконання цитогенетичної оцінки європейського харіуса (*Thymallus thymallus)* на основі застосування мікроядерного тесту та аналізу частот апоптозів.

Цитогенетичний контроль хромосомного апарату європейський харіус (*Thymallus thymallus)* є невід’ємною частиною генетичної експертизи наявних ресурсів риб, оскільки впровадження в практику цитогенетичних тестів дає можливість відносно швидко встановити рівень соматичного мутагенезу та оцінити негативний вплив сумарної дії екзогенних та ендогенних чинників на геном риб. Одним із експрес методів оцінки рівня мінливості генетичного матеріалу різних видів риб є мікроядерний тест в клітинах гемопоетичної системи. Даний метод полягає в підрахунку кількості клітин, у цитоплазмі яких окрім основного ядра присутнє мікроядро, сформоване з цілих хромосом або їх фрагментів.

Мікроядерний тест технічно є простішим та оперативнішим порівняно з підрахунком частот геномних мутацій та хромосомних аберацій у метафазі, оскільки дає можливість фіксувати дані типи порушень в інтерфазі. Мікроядра в еритроцитах риб формуються шляхом конденсації фрагментів хромосом, або цілих хромосом, що не потрапили в основне ядро протягом анафази внаслідок розриву ДНК або руйнування ниток веретена поділу. Тому в роботі було виконано цитогенетичну оцінку 15 особин європейського харіуса (*Thymallus thymallus)* вилучених із річки Прут Івано-Франківської обл. з дотриманням всіх принципів біоетики. У риб прижиттєвим методом стерильним шприцом відбирали 0,5 мл. кров з хвостової вени та повертали назад у водойму. В польових умовах на місці відбору зразків крові готували препарати методом роздавленої краплі (на знежирене предметне скельце наносили дві краплі 0,6% фізрозчину і краплю крові) та підсушували на повітрі. В лабораторних умовах фіксували метиловим спиртом (30 хв.) та фарбували за методом Романовського стандартним барвником Гімза (3–4 год.). Для аналізу клітин використовували бінокулярний мікроскоп Primo Star Zeiss зі збільшенням 100×/1,25. На препаратах підраховували частоту еритроцитів із мікроядрами (ЕМЯ), одноядерних лімфоцитів із мікроядрами (ЛМЯ), двоядерних лімфоцитів (ДЛ) та частоту апоптозів не менше ніж у 1000 клітин. Одержані результати виражали в проміле (‰).

В результаті виконання мікроядерного тесту, встановлено, що досліджувана група характеризується невисокою частотою еритроцитів мікроядрами ЕМЯ (3,1±0,3‰) в межах референтних значень. Сумарне значення лімфоцитів з мікроядрами (ЛМЯ) та двоядерних лімфоцитів (ДЛ) становило

2,8±0,2‰, що свідчить про стабільний стан генетичного апарату досліджуваних риб та відсутність екзогенного тиску на імунну систему. За частотою апоптозів (3,8±0,3‰) спостерігали відносно незначне підвищення, що може бути результатом елімінації генетично дефектних клітин крові шляхом програмованої клітинної загибелі.

ГНАТЮК М. А., ЧЕРЕВАТОВ О. В.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: o.cherevatov@chnu.edu.ua

ДОСЛІДЖЕННЯ ПОПУЛЯЦІЙ БДЖІЛ ЗАХІДНОЇ УКРАЇНИ ЗА ДОПОМОГОЮ ISSR-МАРКЕРІВ

Протягом останніх десятиліть використання молекулярних маркерів почало набувати все більшого значення в популяційній генетиці бджіл. Серед інших типів молекулярних маркерів ISSR-маркери вирізняються поєднанням високої інформативності із відносною дешевизною і простотою у виконанні (Rahimi et al., 2022). Вони успішно застосовувалися для встановлення підвидової та породної приналежності бджіл, визначення генетичного різноманіття, а також для оцінки рівнів інтрогресії та гібридизації між окремими популяціями для медоносних бджіл з різних частин світу (Paplauskienė et al., 2006; Arslan, 2020; Yüzer et al., 2023).

При цьому популяції медоносних бджіл в Україні залишаються одними з найменш досліджених. Зважаючи на це, за мету даної роботи було поставлено дослідження українських медоносних бджіл, а саме бджіл із західних областей України за допомогою маркерів ISSR. Зокрема, оцінити генетичне різноманіття в даній популяції й підібрати праймери, що якнайкраще її висвітлюють, визначити підвидову приналежність досліджуваних бджіл, виявити закономірності в генетичній структурі популяції пов'язані з географічним положенням і приналежністю до селекційних ліній.

Виділення і очищення ДНК бджіл проводилося за стандартною методикою, ділянки ISSR ампліфікували з використанням восьми різних праймерів. Отримані ПЛР продукти розділяли в 1%-му агарозному гелі, після чого набори отриманих фрагментів зіставлялися з еталонними ПЛР-профілями. Для побудови дендрограми застосовувався алгоритм на основі програмного засобу DARwin.

В ході дослідження було виявлено, що, хоча всі праймери ампліфікували поліморфні ділянки, найбільш інформативним виявився праймер Ве-7, а найменш – Ве-3. Найвищі рівні генетичного різноманіття було виявлено у бджіл із Івано-Франківщини, а найнижчі – у бджіл із Закарпатської області. У всіх популяціях виявлено комбінацію ознак, характерних для різних підвидів, що, ймовірно, відображає гібридизацію між ними, про що неодноразово повідомлялося раніше (Cherevatov et al., 2019; Melnik et al., 2020). Водночас внесок бджіл з ознаками *A. m. carnica* був дещо більшим, ніж інших підвидів. За результатами філогенетичного аналізу, проведеного на основі використаних маркерів, встановлено, що загалом географічно близькі зразки об'єднуються в окремі групи. При цьому закономірностей, пов'язаних із належністю до досліджуваних селекційних ліній *A. m. carnica*, не виявлено. Бджоли із Закарпатської області формували окрему групу, відокремлену від усіх інших зразків, що, ймовірно, відображає географічні особливості та специфіку селекційного розведення бджіл в цьому регіоні. Отже, тривала масштабна селекційна робота позначилася на популяційній структурі бджіл цього відносно ізольованого регіону. Натомість між іншими популяціями настільки чітких відмінностей не спостерігалося. Отримані результати допоможуть в подальших дослідженнях генетичної структури даних популяцій бджіл, будуть корисними при плануванні заходів із збереження біорізноманіття і мінімізації шкідливого антропогенного впливу, а також при розробці ефективних стратегій у комерційному бджільництві в Україні.

ГРЕК Т.С., ТИНКЕВИЧ Ю.О.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: y.tynkevich@chnu.edu.ua

ПОЛІМОРФІЗМ ITS1-ITS2 РИБОСОМНОЇ ДНК ІНВАЗІЙНОГО ВИДУ *IMPATIENS PARVIFLORA*

Impatiens parviflora DC. є інвазійною рослиною гімалайського походження, яка активно поширюється на території Євразії та Північної Америки (Krokaitė et al., 2022). Розуміння генетичної організації та різноманіття цього виду важливе для встановлення шляхів його поширення та виявлення можливої гібридизації з близькими видами. Вважається, що гібридизація та інтрогресія генів можуть сприяти розширенню адаптивного потенціалу інвазійних видів. Оцінка генетичного різноманіття та виявлення гібридизації потребують використання молекулярно-генетичних підходів.

У цьому дослідженні ми використали ампліконне Illumina сиквенування ділянки ITS1-2 35S рДНК, яка є одним із найбільш інформативних ядерних маркерів завдяки високій варіабельності та великій кількості копій в геномах рослин. Було досліджено 35 зразків *I. parviflora*, зібраних з території України, 11 інших європейських країн і Канади, а також чотири зразки з нативної частини ареалу у Киргизстані, Таджикістані і Афганістані. Для порівняння також було залучено 2 зразки найбільш близькоспорідненого інвазійного виду *I. balfouri* Hook. f. з Італії та Франції. Ампліфіковані методом ПЛР послідовності ITS1-2 35S рДНК сиквенували на платформі Illumina MiSeq. Аналіз отриманих прочитань включав реконструкцію риботипів, підрахунок k-мерів для виявлення генетичних варіантів, аналіз головних компонент (PCA) для візуалізації генетичних відмінностей та LDA (latent Dirichlet allocation) для виявлення прихованих генетичних компонентів. Для порівняння також були використані послідовності близькоспоріднених до *I. parviflora* видів із бази даних GenBank.

Серед реконструйованих риботипів ділянки ITS1-2 частка риботипу 1 становила від 28 до 44% прочитань в кожному зразку *I. parviflora*. Вміст жодного з інших риботипів не перевищував 17%. Більшість риботипів були високоподібними та відрізнялась між собою поодинокими нуклеотидними замінами (SNP) та інделами. Водночас риботип 6 містив 11 SNP порівняно з риботипом 1. Також було ідентифіковано 18 рідкісних, ймовірно рекомбінантних риботипів, які містили неповний набір цих SNP. Порівняння з послідовностями ITS1-2 з GenBank показало, що риботип 6 є ідентичним трьом послідовностям близькоспорідненого виду *I. brachycentra* Kar. & Kir.

Для зразків *I. balfouri* було реконструйовано 4 основні риботипи, які не були виявлені для зразків *I. parviflora*. LDA-аналіз виявив два основні генетичні компоненти, характерні для *I. parviflora* і *I. balfouri*, відповідно. Домішки компонентів, характерних для кожного з видів, у зразках іншого виду не спостерігалося.

За даними PCA-аналізу, перша компонента пояснювала 78,5% варіації, а друга – 8,2%. На PCA діаграмі спостерігалася чітка кластеризація зразків. Практично всі зразки *I. parviflora* групувались у щільний кластер, дещо розтягнутий уздовж осі другої компоненти. Один з чотирьох зразків *I. parviflora* з нативного ареалу, Impa93, займав відокремлене положення за цією ж віссю. Розташування зразків *I. parviflora* уздовж осі другої компоненти відповідало вмісту в них риботипу 6 та споріднених із ним риботипів. Відокремлено розміщений зразок Impa93 з нативного ареалу не містив цих риботипів. Два зразки *I. balfouri* утворювали окремий кластер, значно віддалений від кластеру *I. parviflora* за першою компонентою, що свідчить про значну генетичну диференціацію між цими видами.

Наявність риботипів, ідентичних послідовностям *I. brachycentra*, у всіх досліджених зразках *I. parviflora* з вторинного ареалу свідчить про ймовірну давню гібридизацію цих видів, яка могла відбутися ще в межах нативного ареалу. Генетична різноманітність *I. parviflora* за ділянкою ITS1–2 35S рДНК у вторинному ареалі, ймовірно, значною мірою зумовлена різним ступенем інтрогресії генетичного матеріалу *I. brachycentra.* Ознак гібридизації *I. parviflora* з іншим близькоспорідненим видом, *I. balfouri*, нами не виявлено.

DOMINA E.A., MAKOVETSKA L.I.
R.E. Kavetsky Institute of Experimental Pathology, Oncology and Radiobiology, National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine
e-mail: edjomina@ukr.net

PROGNOSTIC BLOOD MARKERS IN CANCER PATIENTS AT INCREASED RISK OF RADIOTHERAPY COMPLICATIONS

A key challenge in modern radiation oncology is the identification of cancer patients at increased risk of developing radiation-induced complications before the initiation of radiotherapy, thereby enabling a personalised approach to treatment planning. Peripheral blood T lymphocytes of cancer patients may exhibit signs of pre-existing genetic instability even before irradiation, manifested by DNA damage and an increased frequency of chromosomal aberrations. **Aim.** To evaluate biochemical and cytogenetic markers of individual radiosensitivity in cancer patients and to determine their potential prognostic value for identifying patients at increased risk of radiation-induced complications before the initiation of radiotherapy.

Double-strand DNA breaks were assessed using single-cell gel electrophoresis (Comet assay) under neutral conditions. Peripheral blood lymphocytes were cultured for cytogenetic analysis, followed by metaphase analysis of chromosomal aberrations. Malondialdehyde was evaluated as a biochemical marker associated with oxidative stress and potential radiosensitivity.

. Assessment of DNA damage before the initiation of chemoradiotherapy revealed a statistically significant 2–2.3-fold increase in the number of double-strand DNA breaks in peripheral blood lymphocytes compared with the healthy control group. Changes in the functional state of non-malignant cells in the tumour microenvironment may promote further molecular and genetic alterations and modify their radiosensitivity. Determination of malondialdehyde before treatment planning may serve as a potential prognostic marker for identifying patients with gynaecological cancer at increased risk of complications. Given the relative rapidity of this biochemical test, it may be considered as a rapid method for personalised treatment planning in cancer patients before and after surgery. The overall frequency of chromosomal aberrations in patients' lymphocytes was 7.44 ± 0.95 per 100 cells and exceeded the control value. The ratio of chromatid-type to chromosome-type aberrations was 2.2:1. Chromatid-type aberrations were predominantly (90.6%) represented by chromatid fragments, with a frequency of 4.52 ± 0.75 per 100 cells, which was significantly ($p \leq 0.05$) higher than that observed in healthy individuals, by more than fivefold on average. A distinctive feature of the spectrum of spontaneous aberrations was the presence of dicentric chromosomes (0.16 per 100 cells), ring chromosomes (0.18 per 100 cells), and abnormal chromosomes (0.26 per 100 cells) in 55.0% of the examined patients. These findings support an approach to predicting and preventing radiation-induced complications in non-malignant cells adjacent to the tumour.

Conclusions. Comprehensive laboratory assessment of cancer patients using biochemical and cytogenetic predictors may provide a substantiated evaluation of the risk of radiation-induced complications before the initiation of radiotherapy and contribute to personalised treatment strategies and improved treatment effectiveness.

DOMINA E.A., MAKOVETSKA L.I.
R.E. Kavetsky Institute of Experimental Pathology, Oncology, and Radiobiology of the National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine
e-mail: edjomina@ukr.net

A NEW APPROACH TO PRIMARY PREVENTION OF RADIOGENIC CANCER

A constantly deteriorating radioecological situation leads to an increase in the level of cancer incidence of the population, due to an increase in background radiation in many regions because of the development of nuclear industry, the effects of radiological incidents and accidents, the problem of disposing of used nuclear fuel, decommissioning of nuclear reactors out of service, etc. This increases the possibility of human exposure

to ionizing radiations in small doses, which are the cause of the stochastic effects, including carcinogen ones. The limiting factor in the prevention of these effects is a long latency period of radiation carcinogenesis because in a relatively early period after exposure to low (above background) the morphological or functional changes in the body are not observed.

Analysis and compilation of large-scale radiation-epidemiological studies proves that, firstly, the ionizing radiation is one of the etiological factors of cancer; secondly, it indicates the relevance and the urgent need for the improvement and implementation of primary prevention of radiogenic cancer.

By summarizing the data presented in the monograph, we can conclude the following.

The certain group of researchers uses the phrase "radiation-associated tumor", implying the connection of radiation exposure and the occurrence of malignancies. However, analysing the actual data collected by us on a cohort consisting of more than 17 000 liquidators of the consequences of the Chernobyl accident, as well as analysing the results of radiation-epidemiologic, radiobiologic, molecular- genetic and other studies, we believe that ionizing radiation is one of etiological factors of carcinogenesis. This allows us to use the more specific term "radiogenic cancer."

The primary prevention of radiogenic cancer is conceptually linked to the achievements in the field of basic and clinical radiobiology, including genetic and epigenetic determinants of radiation carcinogenesis. Epigenetic changes (gene functions) as opposed to genetic, are potentially reversible, so there is an opportunity to reduce cancer risk. We prove the dominant role of repair processes in the development of radiation-induced instability of genome of the cells.

A high proportion of radiosensitive individuals in the population concludes the need for primary prevention of radiogenic cancer at the individual level. The solution to this problem lies within the definition of individual radiosensitivity of healthy individuals (G_2-radiation sensitivity assay) and justified formation of groups with increased cancer risks.

There are relevant studies that are aimed at increasing the radioresistance of the genome of human cells and thus reducing cancer risk. The identification of key genetic factors that indicate the highest individual radiation-induced cancer risk, is a priority measure for the prevention of disease.

The new strategy of primary prevention of radiogenic cancer, that is reasoned by the data of cytogenetic studies, includes the following steps: an estimation of individual radiation sensitivity of healthy individuals; a record of the impact of co-mutagens; a use of non-toxic effective radioprotectors. Such a strategy should be implemented in parallel with general preventative activities aimed at reducing cancer incidence.

The time is over for the slogans and "proclamation" of cancer prevention. Radio-ecological crisis calls for its intensive introduction, particularly among the individuals that are exposed to the radiation above background doses.

КОЗУБ Л.В., ПАНЧУК І.І.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: i.panchuk@chnu.edu.ua

БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ МУЛЬТИГЕННОЇ РОДИНИ sHSP У *NICOTIANA TOMENTOSIFORMIS*

Абіотичні стреси – посуха, засолення ґрунтів, екстремальні температури – суттєво обмежують ріст і розвиток рослин, знижуючи їхню врожайність, що становить серйозну загрозу для сільського господарства у глобальному масштабі. У відповідь на несприятливі умови довкілля рослини активують комплекс фізіолого-біохімічних і молекулярних механізмів адаптації. Одним із ключових елементів цієї системи захисту є низькомолекулярні білки теплового шоку (small heat shock proteins, sHSP), які функціонують як молекулярні шаперони. Вони запобігають агрегації частково денатурованих білків, сприяючи відновленню їхньої нативної структури та підтримують клітинний гомеостаз в умовах стресу.

Порівняно з іншими представниками родини HSP, sHSP характеризуються невеликою молекулярною масою (12–43 кДа). Їхньою структурною особливістю є наявність високо консервативного α-

кристалінового домену (ACD), а також відносно довгої варіабельної N-кінцевої та короткої С-кінцевої ділянок. Незважаючи на значний прогрес у вивченні родини генів *sHsp* у різних таксономічних групах покритонасінних, їхнє різноманіття та молекулярна організація у представників родини Пасльонові (*Solanaceae*), зокрема роду Тютюн (*Nicotiana*), досі залишаються недостатньо охарактеризованими.

Тому метою даного дослідження було застосування біоінформатичних методів для ідентифікації генів *sHsp* у геномі *N. tomentosiformis* L. з подальшою характеристикою їхньої молекулярної організації, зокрема екзон-інтронної структури та еволюційних особливостей.

Як пошукові послідовності для ідентифікації гомологів було використано раніше охарактеризовані гени *sHsp Solanum lycopersicum* та *Arabidopsis thaliana*. У результаті скринінгу геномів виявлено 47 генів *sHsp* у *N. tomentosiformis*, 45 – у *S. lycopersicum* та 34 – у *A. thaliana*. Всі досліджені білки на філогенетичній дендрограмі формують 19 класів, які відрізняються між собою за розмірами структурних доменів та передбачуваною клітинною локалізацією. Найчисленнішим виявився клас CI цитозольних sHSP. Аналіз хромосомної локалізації показав нерівномірний розподіл генів *sHsp* у геномі *N. tomentosiformis*. Вони картуються на 10 із 12 хромосом, тоді як на хромосомах 5 та 9 ці гени відсутні. Найбільше генів – 11 – локалізуються на хромосомі 8. Кластерну організацію було виявлено для декількох генів, які розташовані на хромосомі 3 (*sHsp*16.4-CI, 17.9-CI, 18.0-CI, 18.2-CI), хромосомі 6 (*sHsp*17.3A, 17.3B, 17.3C, 17.3D) та хромосомі 8 (*sHsp*17.5A-CII, 17.5B-CI, 17.5C- CII, 17.5D-CII, 18.1-CII, 41.2-CII), що свідчить про їх походження внаслідок тандемних дуплікацій. Аналіз екзон-інтронної структури показав, що найбільший за розміром інтрон знаходиться у гені мітохондріального sHSP12.7-M. Максимальну кількість інтронів (n = 5) виявлено у гена *sHsp*28.3-NPI. Водночас гени класу ER (ендоплазматичний ретикулум) характеризувалися повною відсутністю інтронів. У геномі *N. tomentosiformis* ідентифіковано 4 гени, які кодують по два альтернативні транскриптні варіанти.

КОЗУБ Н.О.[1,2], СОЗІНОВ І.О.[1], ПІРКО Я.В.[2], РАБОКОНЬ А.М.[2], СОЗІНОВА О.І.[1,2], СПІВАК С.І.[2], САХАРОВА В.Г.[2], БЛЮМ Р.Я.[2], КАРЕЛОВ А.В.[2], БЛЮМ Я.Б.[2]

[1]Інститут захисту рослин НААН, Київ, Україна

[2]ДУ "Інститут харчової біотехнології і геноміки НАН України", Київ, Україна

e-mail: natalkozub@gmail.com

ГЕНЕТИЧНА РІЗНОМАНІТНІСТЬ УКРАЇНСЬКИХ ПОПУЛЯЦІЙ *AEGILOPS BIUNCIALIS* VIS. ЗАХІДНОЇ ЧАСТИНИ АРЕАЛУ

Види роду *Aegilops* L. є важливим генетичним ресурсом для збагачення генофонду культивованих пшениць. *Aegilops biuncialis* Vis. – один з кількох видів егілопсів, що зустрічаються на території України (Кримський півострів). За нашими спостереженями, *Ae. biuncialis* є домінантним видом егілопсів Південного узбережжя Криму, порівняно з іншими видами егілопсів, що зустрічаються на Кримському півострові. Відповідно, *Ae. biuncialis* може слугувати видом-індикатором для зони Південного узбережжя Криму, а характеристика його генетичної різноманітності може застосовуватись для моніторингу стану популяцій та їх змін через кліматичні або антропогенні впливи. Нами було зібрано зразки з різних популяцій *Ae. biuncialis* Кримського півострова в період до 2013 р., до початку його анексії в 2014 р та воєнних дій, розміщення воєнних баз, відповідної забудови прибережної зони. Зібраний матеріал дає можливість зафіксувати стан різноманіття та генетичної структури популяцій *Ae. biuncialis* у період до початку анексії Криму. Метою даного дослідження був аналіз генетичної різноманітності і популяцій *Ae. biuncialis* західної частини ареалу виду на Кримському півострові станом до 2014 року.

Досліджували вибірки колосів з п`яти популяцій, зібраних в діапазоні від 44.90374°N 33.613299°E до 44.845116°N 33.587514°E (від с. Берегове до мису Керменчик, Бахчисарайський р-н), разом – 403 колоси. Для аналізу відбирали по одній зернівці з колоса. Гліадини аналізували електрофорезом у кислому середовищі за методикою Kozub et al. (2009), високомолекулярні субодиниці глютенінів розділяли за допомогою SDS-електрофорезу (Laemmlie, 1970). Ідентифікували алелі локусів

Gli-U1, Gli-M^{b}1, Glu-U1, та *Glu-M^{b}1.* Визначали кількість алелів за локусом, частоти алелів, генну різноманітність (Nei, 1973), ефективну кількість алелів.

В загальному для популяцій західної частини ареалу ідентифіковано 13 алелів *Gli-U1,* 9 – *Gli-M^{b}1,* 10 – *Glu-U1,* та 11 – *Glu-M^{b}1.* Переважними алелями у всіх досліджених популяціях є *Gli-U1e, Gli-U1i, Gli-M^{b}1c, Gli-M^{b}1g, Glu-U1c, Glu-U1e, Glu-M^{b}1m,* але деякі інші алелі є переважними у частини популяцій. На відміну від решти популяцій, популяція з мису Керменчик мала високу частоту алелів *Gli-M^{b}1d, Glu-U1a, Glu-M^{b}1a.* Алель *Glu-M^{b}1q* зустрічався лише в цій популяції, його частота становила 17%. Водночас, у 3-4 інших популяцій з частотою більше 20% зустрічались алелі *Gli-U1f, Gli-M^{b}1l, Glu-U1d.* Середня кількість алелів у популяціях варіювала від 4 (популяція з мису Керменчик) до 7,3 (популяція з Берегового), ефективна кількість алелів – від 3,1 до 3,5. Всі досліджені популяції мали високий рівень генної різноманітності за Неї, 0,636–0,698. В загальному, для об`єднаної популяції *Ae. biuncialis* західної частини ареалу, рівень генної різноманітності складає 0,717, середня кількість алелів – 10,8, ефективна кількість алелів – 3,7. Частота перехресного запилення, виявлена за проламіновими локусами, становить 1,7%.

Отже, за допомогою локусів запасних білків як генетичних маркерів охарактеризовано генетичну різноманітність популяцій західної частина ареалу *Ae. biuncialis* на Кримському півострові.

Роботу виконано в рамках проєкту НФДУ 2025.07/0348 «Дослідження та збереження різноманітності українських популяцій *Ae. biuncialis* як важливого джерела корисних генів для збагачення генофонду пшениці» (2026–2028) за договором 84.07/0348 від 02 березня 2026 р.

КОНВАЛЮК І.І.[1], БЄДА О.А.[1,2], ШТРИГОЛЬ С.Ю[3]., БОРОДИНЯ А.В.[3], СТЕПАНОВА С.І.[3], ТАРАН А.В.[3], ПИЛАЄВА Т.В.[2], ЯРМОЛЮК С.М.[1], КУНАХ В.А.[1]
[1]Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна,
[2]ТОВ «Науково-сервісна фірма «ОТАВА» Київ, Україна,
[3]Національний фармацевтичний університет, Харків, Україна,
e-mail: konvalyuk.i.i@gmail.com

КУЛЬТУРА ТКАНИН *WITHANIA SOMNIFERA*: ОТРИМАННЯ, ФІТОХІМІЧНИЙ СКЛАД ТА БІОЛОГІЧНА АКТИВНІСТЬ

Withania somnifera (L.) Dunal є цінною лікарською рослиною з нейропротекторною та анксіолітичною активністю, що зумовлена вмістом вітанолідів та їх глікозидів, поліфенолів, алкалоїдів (Gaurav et al., 2023). Відсутність природної сировинної бази рослини в Україні обгрунтовує використання культури тканин *in vitro* як альтернативного джерела біологічно активних сполук (БАС). **Мета роботи –** підібрати умови отримання та проліферації культури тканин *Withania somnifera*, дослідити фітохімічний склад та оцінити біологічну активність одержаних із вирощеної клітинної біомаси екстрактів.

Для введення в культуру *in vitro* використовували експланти з ділянок надземної частини та коренів, отримані з проростків асептичних рослин. Калюсогенез індукували на живильному середовищі МС (Murashige, Skoog, 1962) з різними комбінаціями регуляторів росту та у подальшому вирощували у темряві за температури 24–25°С у скляних банках об'ємом 380 мл, заповнених 50 мл середовища. Для отримання густих екстрактів з культури тканин ділянок надземної частини (ГЕ-НЧ) та кореневих експлантів (ГЕ-К) суху біомасу екстрагували 70%-м етанолом (1:10), фільтрували та концентрували на роторному упарювачі. У густих екстрактах визначали вміст водорозчинних моно- та полісахаридів (ДСТУ 5059:2008), поліфенолів у перерахунку на рутин за взаємодією з реактивом Фоліна-Чокальтеу. Хроматографічний скринінг проводили з використанням ВЕРХ-МС Agilent 1260 Infinity II з мас-спектрометричним детектором LC/MSD iQ. Біологічну активність оцінювали на білих безпородних мишах після внутрішньошлункового введення розчинених у воді густих екстрактів у дозі 5 г/кг із використанням комплексу тестів.

Розроблено умови отримання та вирощування впродовж трьох років культури тканин *W. somnifera* на середовищі МС, доповненого 1 мг/л 2,4-дихлорфеноксиоцтової кислоти та 0,1 мг/л кінетину. Вихід сирої біомаси калюсу з ділянок надземної частини становив 430–453 г/л, сухої – 14,5–

16,0 г/л живильного середовища. Вихід сирої та сухої біомаси культури тканин кореневого походження був 409–418 г/л та 17,2–18,0 г/л живильного середовища відповідно. Вміст поліфенолів у ГЕ-НЧ був 1,75% мас., у ГЕ-К – 2,77% мас. Вміст водорозчинних моносахаридів у ГЕ-НЧ становив 0,74% мас., у ГЕ-К – 1,76% мас., полісахаридів, здатних до інверсії, – 2,09% мас. та 6,10% мас. відповідно. Методом ВЕРХ-МС в екстрактах виявлено сполуки, мас-спектри яких узгоджуються з вітанолідом С, стігмастеролом, вітасомніном (або їх ізомерами), вітасомніферолом та/або його похідними. За результатами скринінгових фармакологічних досліджень встановлено, що густі екстракти культури тканин *W. somnifera*, насамперед кореневого походження, мають комплексну нейротропну активність, поєднуючи седативний, стреспротекторний, анксіолітичний і мнемотропний ефекти.

Розроблено умови отримання культури тканин *W. somnifera.* Встановлено, що густі екстракти з сухої біомаси культивованих клітин містять поліфеноли, водорозчинні моно- та полісахариди, сполуки, мас-спектри яких узгоджуються з вітанолідом С, стігмастеролом, вітасомніном та вітасомніферолом (або їх ізомерами) та проявляють виражену нейротропну дію. Отримана культура тканин є перспективним джерелом БАС із нейропротекторною та анксіолітичною активністю і потребує подальших фітохімічних та фармакологічних досліджень.

ЛИТВИНОВА Л.О.
Національний медичний університет імені О.О. Богомольця, Київ, Україна
e-mail: l_litvinova@ukr.net

РОЛЬ МЕДИКО-ГЕНЕТИЧНОЇ СЛУЖБИ В ПОКРАЩЕННІ ЗДОРОВ'Я ДИТЯЧОГО НАСЕЛЕННЯ УКРАЇНИ

Глибока демографічна криза в Україні внаслідок тривалої війни з росією характеризується значним скороченням чисельності населення через його масову міграцію та рекордно низьку народжуваність. Одне з важливих питань збереження нації - поліпшення стану здоров'я дитячого населення, зокрема новонароджених, одним з аспектів якого можна вважати наявність у них вроджених вад розвитку та хромосомної патології. Метою дослідження був аналіз динаміки показників діяльності медико-генетичної служби України протягом 2020–2025 років за офіційними статистичними даними Центру громадського здоров'я МОЗ України. Мережа державних закладів медико-генетичної служби у 2025 р. була представлена 53 закладами, що на 15,8% менше, ніж у 2020 р. Число лікарів-генетиків у цих закладах збереглося (75 проти 78 у 2020 р.) з одночасним позитивним трендом скорочення питомої ваги сумісників (з 38% до 25%). При зменшенні числа цих спеціалізованих закладів абсолютне число їх відвідувань населенням також зменшилось на 18,6%, однак середнє число відвідувань на 1 заклад на рік практично не змінилось (з 4139 до 4067 відвідувань), що свідчить про впевнену стабільність діяльності медико-генетичної служби. Пренатальний скринінг вагітних в Україні проводять у вигляді ультразвукового дослідження та біохімічних тестів крові у першому та другому триместрах з метою виявлення, зокрема, групи високого ризику хромосомних патологій та вад розвитку плоду. Отримання високих показників ймовірності такої патології слугують підставою для направлення на консультацію до лікаря-генетика. Число обстежених вагітних за 5 років зросло: питома вага обстежених з числа тих вагітних, що стояли на обліку в жіночих консультаціях на початок року, зросла з 57,6% до 76,2%, а також з 31,6 до 39,1 на 100 живонароджених дітей. Збільшилась частота ультразвукового обстеження вагітних після 22 тижня вагітності у закладах медико-генетичної служби – з 11,4% до 24,5%. Щодо інвазівної пренатальної діагностики: при зменшенні частоти досліджень, зросла частота виявленої патології (на 100 обстежень), зокрема при біопсії ворсин хоріону – з 16,5 до 31,3; при амніоцентезі – 12,4 до 19,3; при біопсії плаценти – з 1,0 до 22,8. Неонатальний скринінг в Україні масово проводяться ще з радянських часів стосовно 4-х захворювань (фенілкетонурії, гіпотиреозу, муковісцидозу, адреногенітального синдрому), про який і дотепер звітує офіційна статистика. Його проводять безоплатно в пологових будинках шляхом забору крові дитини на 48–72 годині життя. Сучасний скринінг, що запроваджено в країні з жовтня 2022 р., значно розширено, тепер він дає можливість виявити 21 рідкісне генетичне захворювання (порушення обміну речовин – лейцином, глутарова ацидурія; спінально-

м’язова атрофія – СМА; тяжкий комбінований імунодефіцит тощо). Звертає на себе увагу той факт, що за 5 років зросла питома вага підтверджених діагнозів, тобто точність діагностики значно підвищилась, зокрема: при фенілкетонурії з 24,0% до 86,4%, при гіпотиреозі – з 8,5% до 78,4%, муковісцидозі – з 1,5% до 12,2%, при адреногенітальному синдромі – з 8,5% до 11,4%. Підсумовуючи потрібно зазначити, що в цілому в Україні частота вроджених вад розвитку та хромосомна патологія новонароджених протягом досліджуваного періоду зросла на 52,4% – з 2,1 до 3,2 випадків на 100 живонароджених, що, скоріш за все, можна пояснити збільшенням відвідуваності і частоти виявлень захворювань, підвищенням обізнаності батьків стосовно генетичної патології завдяки плідній комунікації пацієнтів і медичного персоналу. Однак зростання генетичної патології серед дитячого населення України не може не бентежити і потребує подальшого глибокого вивчення.

ЛЮБИНСЬКИЙ О.І., ЖМУРКО М.О.
Кам'янець-Подільський національний університет імені Івана Огієнка,
м. Кам'янець-Подільський, Україна
e-mail: lubin.alex@gmail.com

СЕЛЕКЦІЯ ТА УДОСКОНАЛЕННЯ СОРТІВ ПОЛИНУ В УКРАЇНІ

Лікарські рослини – група окультурених і дикорослих рослин, які належать до різних таксономічних одиниць (родин, родів, видів і підвидів, тощо), які об’єднані за ключовою рисою наявності в їх вегетативних і генеративних органах (як у підземних – коренях, кореневищах, так і в надземних – стеблах, листках, квітках, плодах, насінні, тощо) речовин різної хімічної природи (алкалоїди, глікозиди, флавоноїди, фітонциди, сапоніни, терпени, дубильні речовини, барвники, ефірні олії, тощо), які є корисними для людини та можуть бути використані у лікуванні та профілактиці захворювань різних систем і органів. Лікарські рослини використовувалися людством для лікування найрізноманітніших недуг практично із самої появи на Землі. Люди вивчали рослини, що їх оточували, помічали їх корисну дію на організм, запам’ятовували та передавали одне одному відомості про застосування тих чи інших видів у лікуванні.

На сучасному етапі розвитку аграрного сектору економіки актуальним залишається завдання удосконалення структури вирощування та споживання, введення в культуру нових цінних видів овочевих рослин, створення сортів малопоширених видів рослин для різних зон вирощування. До цінних пряно-смакових рослин належить полін естрагон (*Artemisia dracunculus* L.) – багаторічна рослина батьківщини Айстрові.

Селекція полину в Україні (переважно виду *A. dracunculus*) спрямована на виведення високоврожайних сортів із підвищеним вмістом ефірних олій, вітамінів та оптимальними смаковими якостями для харчової та фармацевтичної промисловості.

Рід Полин *(Artemisia* L.) належить до родини Айстрові (*Asteraceae*), об’єднує майже 500 видів. Походження виду *A. dracunculus* географічно пов’язують із різними регіонами світу. Естрагон культивують у США, Германії, Франції, Голландії, Болгарії, Угорщині, Білорусії, Росії, Середній Азії, Ірані, Індії, Україні. У Закавказзі та Середній Азії відомі сорти естрагону салатного направлення, в Україні та Молдові є ряд місцевих пряноароматичних форм, зокрема до Реєстру сортів рослин України входять два сорти естрагону.

Полин естрагоновий (*A. dracunculus*) – цінна харчова, лікарська, ефіроолійна культура, яка виявляє жарознижуючу, сечогінну, антиканцерогенну, протисудомну, заспокійливу дію, а також використовується як вітамінний засіб. Наявність важливих біологічно активних речовин – флавоноїдів, достатньо високий вміст ефірної олії в зеленій біомасі, основним компонентом якої є метилевгенол (96,65%), Полин естрагоновий є перспективною рослиною для культивування у зоні Житомирського Полісся з метою подальшого використання у харчовій промисловості, медичній практиці та парфумерії.

Селекція полину в Україні спрямована переважно на створення сортів для фармацевтичної та харчової промисловості, зокрема полину гіркого (*Artemisia absinthium*) та полину естрагону (*A. dracunculus*), які відзначаються високим вмістом ефірних олій та біологічно активних речовин.

Основним селекційним центром щодо удосконалення та створення нових сортів полину дослідна станція «Маяк» Інституту овочівництва і баштанництва Національної академії аграрних наук України. Найвідомішими сортами української селекції, які успішно пройшли експертизу та внесені до Державного реєстру сортів рослин, придатних для поширення в Україні, є: Уненеж, Яничар, Сибіряк та Аквамарин. Сорти салатного естрагону, селекціоновані в Національному ботанічному саду ім. М.М. Гришка НАН України.

ЛЮБИНСЬКИЙ О.І., ПУЧКА О.В.
Кам'янець-Подільський національний університет імені Івана Огієнка,
м. Кам'янець-Подільський, Україна
e-mail: lubin.alex@gmail.com

МЕТОДИЧНІ АСПЕКТИ ГЕНЕТИЧНОГО МОНІТОРИНГУ ГЕНОФОНДУ БІОРІЗНОМАНІТТЯ УКРАЇНИ

Забруднення довкілля мутагенами хімічного, фізичного та біологічного походжень набуває катастрофічного і глобального характеру. Мутагенами можуть бути різні чинники, що викликають зміни на клітинному рівні біоти, в структурі генів, змінюють структуру і кількість хромосом, що призводить до змін стану здоров'я людей. За походженням мутагени класифікують на ендогенні, що утворюються в процесі життєдіяльності організму, й екзогенні – всі інші фактори, в тому числі та умови навколишнього середовища.

Сучасна оцінка стану екологічних систем, територіальних природних комплексів, окремих об'єктів навколишнього середовища здійснюється за різними екологічними стандартами й нормативами. Серед них найважливішими є нормативи якості довкілля, які висвітлюють у показниках гранично допустимих концентрацій (ГДК) шкідливих речовин у окремих об'єктах навколишнього середовища.

Методичні аспекти генетичного моніторингу генетичних ресурсів біорізноманіття – це комплекс систематичних спостережень за станом генофонду популяцій, спрямований на оцінку, збереження та раціональне використання спадкового різноманіття. Генетичний моніторинг охоплює збирання, обробку та аналіз інформації про мутаційні процеси, рівень поліморфізму та структуру популяцій.

Науковці Устимівської дослідної станції рослинництва Інституту рослинництва ім. В. Я. Юр'єва НААН України, вважають, що Україна, як і будь-яка інша країна у світі, не може бути повністю самозабезпечена генетичним рослинним різноманіттям. Разом з цим, генофонд рослин України є значною і цінною частиною світового, за збереження якого наша держава несе відповідальність перед світовим товариством.

У зв'язку зі складною екологічною ситуацією в Україні Мудрак О.В., Морозова Т.В. рекомендують проведення цитогенетичного моніторингу, встановлення причинно-наслідкових зв'язків та оцінки токсико-мутагенної активності складників довкілля (Мудрак, Морозова, 2024). Такий моніторинг може бути доцільним для розробки реабілітаційних заходів, спрямованих на покращання стану навколишнього середовища, цитогенетичні методи біотестування дають можливість оцінити екологічні та генетичні ризики для біоти, для поліпшення якості довкілля та збереження генофонду нації. Дослідженнями (Клименко, Клименко, Каськів, 2026) підтверджено, що зростання сумарних обсягів надходження викидів забруднюючих речовин до атмосфери міста супроводжується зростанням поширеності хвороб серед населення міста. За даними Лебедєва А.О. результати проведення генетичного моніторингу є важливими для збереження національної безпеки, оскільки, окрім виявлення хворих та визначення частоти генетично зумовленої патології, такий моніторинг має ще одне невід'ємне завдання, яке полягає в оцінці стану генофонду населення, в тому числі визначенні спрямованості перебігу генетико-демографічних процесів (Лєбєдєв, 2020).

Для всебічного аналізу генетичної структури племінних ресурсів порід потрібно удосконалювати і систематизувати методи щодо визначення найінформативніших тестів за різними типами ДНК-маркерів. Упровадження елементів молекулярно-генетичного моніторингу сприятиме виявленню носіїв

цінних генних комплексів способом одержання молекулярногенетичної інформації особливостей генетичної структури, що дасть змогу ідентифікувати і визначити оптимальний склад генофондів та якості генетичного матеріалу для закладання й збереження зразків біоматеріалу.

МЕЛЬНИК В.М., АНДРЄЄВ І.О., КУНАХ В.А.
Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна
e-mail: v.m.melnyk@imbg.org.ua

СТРУКТУРА МІЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА 5S рДНК *GENTIANA CLUSII* СЕКЦІЇ *CIMINALIS* (GENTIANACEAE)

Секція *Ciminalis* (Adans.) Dumort. роду *Gentiana* L. складається з семи видів, поширених по всій Південній та Центральній Європі. Ці види екологічно або географічно вікарні та близькоспоріднені. За екологічними потребами види секції поділяють на дві групи: кальцифуги (кальцефоби), до яких відносяться *G. acaulis* і *G. alpina*, та кальцефіли, які включають усі інші види – *G. clusii, G. angustifolia, G. ligustica, G. occidentalis, G. dinarica*. Проте цей поділ досить умовний, бо існують місцезростання, де популяції представників цих двох груп співіснують. Філогенетичні дослідження із застосуванням молекулярно-генетичних маркерів загалом дозволили виокремити в межах секції дві групи: (1) *G. clusii* і *G. alpina*; (2) *G. dinarica, G. acaulis, G. ligustica, G. angustifolia* та *G. occidentalis*. Проте на характер групування видів на дендрограмі суттєво впливав тип обраного маркера.

В Україні з представників цієї секції зустрічається лише тирлич безстебловий (*G. acaulis* L.) – занесений до Червоної книги України реліктовий вид, що зростає переважно в альпійському поясі Українських Карпат. Морфологічно *G. acaulis* дуже схожий на *G. clusii*. Ці два таксони відрізняються наявністю (*G. acaulis*) або відсутністю (*G. clusii*) зелених смуг всередині віночка, формою кутів між пелюстками (загострені у *G. clusii*, більш заокруглені у *G. acaulis*).

Раніше ми дослідили міжгенний спейсер (МГС) 5S рДНК низки видів *Gentiana*, зокрема і *G. acaulis* (Андрєєв та ін., 2021). Метою даної роботи було дослідження нуклеотидної послідовності міжгенного спейсера генів 5S рРНК виду *G. clusii*, а також особливостей організації цієї ділянки у видів секції *Ciminalis* шляхом порівняльного аналізу з іншим її представником – *G. acaulis*.

Для дослідження був взятий зразок *G. clusii*, зібраний в Каринтії (Австрія) і люб'язно наданий д-ром Адріаном Фавре. МГС 5S рДНК ампліфікували за допомогою ПЛР зі специфічними праймерами з подальшим клонуванням і сиквенуванням. Для порівняльного аналізу використали послідовності МГС 5S рДНК *G. acaulis* з бази даних GenBank.

Три виділені клони МГС 5S рДНК *G. clusii* мали однаковий розмір (363 п.н.), характеризувалися значною внутрішньогеномною подібністю (99,2–100%) і містили типові для інших покритонасінних рослин мотиви, зокрема консервативний оліго-dT мотив на початку МГС, який відіграє роль ділянки термінації транскрипції, та АТ-багату ділянку, що передує кодувальному регіону. МГС 5S рДНК *G. clusii* є найкоротшим серед усіх досліджених представників роду за виключенням *G. laciniata* (333 п.н.). У *G. acaulis* МГС 5S рДНК має довжину 500 п.н., що зумовлено дуплікацією протяжної (80 п.н) ділянки на початку спейсера. Натомість у *G. clusii* делетована частина цієї ділянки розміром 58 п.н. Аналіз вмісту GC-пар показав, що для МГС 5S рДНК двох видів секції *Ciminalis* характерні середні для тирличів показники, які у *G. clusii* були на 4–5% вищими.

Відмінності в структурі МГС 5S рДНК, виявлені між *G. clusii* і *G. acaulis*, свідчать, що незважаючи на морфологічну подібність, філогенетичну близькість, а подекуди і спільне зростання на одній території, ці види є репродуктивно ізольованими (відокремленими) і зберігають чітку генетичну ідентичність.

Загалом, результати порівняльного аналізу ділянки МГС 5S рДНК вказують на те, що еволюція послідовностей генів 5S рРНК у представників роду *Gentiana*, зокрема і досліджених таксонів секції *Ciminalis*, відбувалася, очевидно, впродовж тривалого періоду, наслідком чого стала їхня значна дивергенція за цією ознакою.

ОПАЛКО О.А., КУЧЕР Н.М., ЦИБРОВСЬКА Н.В., КОНОПЕЛЬКО А.В.
Національний дендрологічний парк «Софіївка» НАН України, Умань, Україна
e-mail: opalko_o@ukr.net

ЗМІНИ ЩІЛЬНОСТІ ПРОДИХІВ НА АБАКСІАЛЬНІЙ ПОВЕРХНІ ЛИСТКА *PYRUS SALICIFOLIA* PALL. ЗАЛЕЖНО ВІД ІНТЕНСИВНОСТІ АНТРОПОГЕННОГО НАВАНТАЖЕННЯ

В урбанізованому середовищі рослини постійно перебувають в умовах антропогенного навантаження, інтенсивність якого варіює залежно від ступеня трансформації міських біотопів від промислових зон та перевантажених автошляхів до умовно чистих напівприродних парків і скверів, від чого значно залежать процеси росту і розвитку рослин. Листок є одним з особливо чутливих органів рослинного організму до дії несприятливих чинників довкілля, а його морфолого-фізіологічні параметри можуть бути індикатором фітотоксичності середовища.

Pyrus salicifolia Pall. (рід *Pyrus* L.) – це невелике дерево з широко-округлою, пониклою кроною, 8–10 м заввишки, з вузько ланцетними з обох боків білувато-сіро-шовковисто опушеними листками. Квітки зібранні в небагатоквіткові щитки, розпускаються разом з листками. Плоди до 2 см діаметром, зелені, тверді, поодинокі або по два, кулясті або грушоподібні, жовтувато-коричневі або золотисті, вкриті крапками, на коротких плодоніжках. У природному ареалі *P. salicifolia* (Північний Іран, Кавказ, Мала Азія, Дагестан, Східне та Південне Закавказзя) росте на сухих кам'янистих схилах гір, в ялівцевих лісах та іноді в долинах річок (Матвієнко та ін, 2006, Трофименко, 2005). Завдяки високо-декоративній формі крони, густому, сіруватому опушенню пагонів і бруньок, сріблястим листкам та золотистому забарвленню плодів *P. salicifolia* може бути використана у садово-паркових насадженнях для створення контрастних груп та у солітерах. Серед інших видів *Pyrus* вона вирізняється незвичайним для груші зовнішнім виглядом листків, схожих за формою на листки верби, за що і отримала свою видову назву (Кучер та ін., 2018).

Кількість продихів на листках рослин *P. salicifolia*, що ростуть у НДП «Софіївка» НАН України, на території адміністративної зони дослідно-виробничої дільниці (розсадника) та вуличних насадженнях м. Умань, оцінювали на абаксіальній поверхні листкової пластинки із середньої частини листка у 20-разовій повторності за допомогою тринокулярного мікроскопа Levenhuk MED 25T, обладнаного цифровою камерою 5,1 Мп при збільшенні мікроскопа ×400.

Порівняння щільності продихів на абаксіальній поверхні листка *P. salicifolia* залежно від інтенсивності впливу комплексу урбогенних чинників виявило значні відмінності за цим показником. У дерев, що ростуть на території НДП «Софіївка» НАН України, щільність продихів на абаксіальній поверхні листка становила 176 шт./мм^2. За вирощування *P. salicifolia* на території адміністративної зони дослідно-виробничої дільниці, що періодично зазнає нерегулярного впливу викидів нечисленної сільськогосподарської техніки та автомобілів співробітників, кількість продихів зросла в середньому на 12 шт/мм^2 або на 6,8%. Дослідження листків *P. salicifolia*, що росте на вулиці Європейській на відстані близько 30 м від проїжджої частини, показали зростання кількості продихів на 45,5% (до 256 шт/мм^2) порівняно з парковими насадженнями. Ця вулиця з'єднує центр міста з автовокзалом та виїздом на автомагістралі державного значення і характеризується досить інтенсивним автомобільним рухом впродовж світлового дня.

Отже, дослідження кількості продихів на абаксіальній поверхні листка *P. salicifolia* показали чутливість продихового апарату цієї рослини до впливу комплексу урбогенних чинників. За вирощування в умовах інтенсивного атропогенного навантаження *P. salicifolia* реагувала зростанням кількості продихів на 45,5%.

PALEKHA D.Yu.[1], MOSKALENKO N.S.[2], MORGUN B.V.[1], NITOVSKA I.O.[1]
[1]Institute of Cell Biology and Genetic Engineering of the National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine,
[2]Educational and Scientific Centre «Institute of Biology and Medicine», Taras Shevchenko National University of Kyiv, Kyiv, Ukraine
e-mail: dmytropalekha@gmail.com

IRAP MARKER-BASED DETECTION OF GENETIC VARIABILITY IN SOMACLONAL FORMS OF *TRITICUM SPELTA* L.

Introduction. Somaclonal variation is primarily caused by mutations occurring during the *in vitro* cultivation process. It is linked to the impact of various stress factors, including mechanical damage, exposure to sterilizing agents during explant treatment and imbalances in nutrient medium components – specifically elevated concentrations of growth regulators. The use of this variability makes it possible to induce valuable traits, including resistance to diseases, toxins, herbicides, and various biotic and abiotic stresses.

Materials and methods. Seeds of five original genotypes of spelt (Ukrainian cultivar Zorya Ukrainy breeding line *T. spelta* 4 (UK 4C/15); German cv. Zuricher Rotkorn and Filderweiss, Swiss cv. Oberkulmer Rotkorn) and somaclonal variants obtained from these genotypes were used in the study. Seeds of the original genotypes of the 2022 reproduction were kindly provided by the Institute of Plant Physiology and Genetics of the National Academy of Sciences of Ukraine. Spelt regenerants were obtained in the immature embryo culture. During cultivation in a greenhouse some of them formed seeds of the R_1 generation, which were further grown in soil. Total plant DNA was extracted from the leaf tissue of R_2 shoots and PCR amplified with IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism) primers. In this study, primers homologous to the terminal complex LTRs (Long Terminal Repeats) of Sabrina (Sa), Daniella (Da), Sukkula (Su), Stowaway (St), Wham (Wh), Wilma (Wi), Nikita (Ni), Wis2 (Wis) retrotransposons were used. The size of PCR products after electrophoresis was determined using GelAnalyzer 26.1 software.

Results and discussion. The DNA of somaclonal variants obtained from the original genotypes was analyzed. The resulting spectra of amplification products with different primers indicated that ether no changes were observed, or certain changes in amplicon spectra of somaclonal forms in comparison to original genotypes. The Da primer and the Sa/Su primer combination turned out to be the most informative of all the primers used for the analysis of polymorphism in spelt. These tests resulted in large count of clear amplicons in product spectra. The resulting spectrum of spelt DNA amplification products ranged from 1 to 7 fragments. Depending on the locus, the size of the resulting amplicons varied in a wide range from 140 to 4120 bp. Changes in DNA amplification spectra of somaclonal forms compared to the original forms of spelt were observed, such as the loss of individual amplicons and changes in their size. This may indicate the presence of genetic polymorphism caused by structural genomic rearrangements – specifically, the movement of mobile genetic elements in response to stress conditions of *in vitro* cultivation.

Conclusions. The results obtained during our research confirm the effectiveness of the IRAP method for detecting genetic variability in spelt somaclones and can be used for further studies of somaclonal variation. Observed changes in the genome of somaclonal variants compared to the original plants may indicate their difference and uniqueness.

This study was funded by the National Academy of Sciences of Ukraine (state registration Nos. 0125U001842 and 0125U002197).

ПЛИГУН В.В., ЄФІМЕНКО Т.С., ШПИЛЬЧИН В.В., МАРТИНЕНКО В.С., АНТОНЮК М.З., ТЕРНОВСЬКА Т.К.
Національний університет «Києво-Могилянська академія», Київ, Україна,
e-mail: v.plyhun@ukma.edu.ua

ПОШУК ПОЛІМОРФІЗМІВ ПОТЕНЦІЙНИХ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ ДО ФУЗАРІОЗУ У ПШЕНИЦІ МІГУШОВОЇ ТА СОРТІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ

Стійкість пшениці м'якої до фузаріозу, спричиненого патогеном *Fusarium graminearum*, є складною ознакою. Розрізняють п'ять типів стійкості, кожен з яких зорганізується на різних етапах онтогенезу рослин пшениці і забезпечується різними генами (Ma, 2025). Перспективним донором генів резистентності до цього патогена є пшениця Мігушової (*Triticum miguschovae* Zhir.): синтетичний амфідиплоїд, що походить від тетраплоїдного виду *T. militinae* (AbAbGG) та диплоїда *Aegilops taucshii* (DD) (Жиров, 1980). Для успішної інтрогресії генів стійкості від амфідиплоїда до пшениці м'якої необхідні попередній аналіз послідовностей-кандидатів та розробка і перевірка специфічних молекулярних маркерів.

У ході біоінформатичого аналізу обрали гени-кандидати, залучені до формування резистентності до фузаріозу: ген *TaHRC* (локус *Fhb1*), транскрипційний фактор *TaWRKY41*, а також гени PR-білків – хітинази (*Chi*) та глюканази (*Glu*). У межах кожного гена, попередньо вирівняні послідовності з використанням алгоритму Clustalw, порівняли за допомогою критеріїв Колмогорова-Смірнова та Тадзіми у програмному забезпеченні GeneDoc та DNAsp6, відповідно. Ідентифіковано відмінності між послідовностями: інсерції/делеції, транзиції та трансверсії. Для консервативних і специфічних ділянок цих генів було розроблено загалом 10 пар праймерів (три пари для *TaHRC*, одна для *TaWRKY41*, дві для *Chi*, чотири для *Glu*) за допомогою програми Primer3Plus. На наступному етапі проводили ПЛР-аналіз зі створеними праймерами на зразках ДНК пшениці Мігушової та низки сортів гексаплоїдної пшениці м'якої (Аврора, Панна, Вдала, Лелека, Одеська 267, Селянка, Тіра, Ніконія) для перевірки ампліфікації та пошуку поліморфних продуктів. Для частини пар праймерів (fhb1-1, fhb1-2, chi-1, glu-2, WRKY-1) використано метод Touch Down PCR у діапазоні температур гібридизації праймерів 63,7–53,7 °C. Продукти ампліфікації розділяли у агарозному гелі (1,9%), візуалізували бромистим етидієм.

У ході скринінгу було протестовано всі 10 розроблених пар праймерів. Встановлено, що 9 із 10 пар успішно ампліфікують цільові фрагменти ДНК як у пшениці Мігушової, так і в більшості досліджених сортів. Одна пара (пара fhb1-1 для гена *TaHRC* з локусу *Fhb1*) не дала продуктів ампліфікації. Під час дослідження виявлено поліморфні продукти ампліфікації. При використанні першої пари праймерів (glu-1) до гена глюканази у сортів, що досліджувалися, був зафіксований продукт розміром близько 280 п.н., тоді як у пшениці Мігушової ампліфікувався помітно важчий фрагмент. Крім того, третя пара праймерів до послідовності гена *TaHRC* (локус *Fhb1*) продемонструвала наявність подвійного компоненту спектру у пшениці Мігушової та одинарних – у досліджених сортів.

Отримані результати показують, що розроблені пари праймерів є функціональними та перспективними для подальшого аналізу гібридних популяцій, створених за участі дослідних генотипів. Ідентифіковані поліморфізми потенційно дозволять виявляти відмінності у послідовностях генів, що можуть відповідати за стійкість до фузаріозу.

Дослідження профінансовано НФДУ в межах проєкту «Оптичні смарт-сенсори на основі молекулярно-імпринтованих полімерів для експрес-визначення мікотоксинів і скринування популяцій при створенні стійких до фузаріозу генотипів пшениці» (реєстраційний номер – 2025.07/0225, 2026-2028р.).

POPIRNY M.A.
National Scientific Center "Institute for Soil Science and Agrochemistry Research named after O.N. Sokolovsky", Kharkiv, Ukraine
e-mail: popirny@gmail.com

THERMODYNAMIC GARD MODEL REVEALS COMPOSITIONAL ATTRACTORS AS A MECHANISM OF NON-GENETIC MOLECULAR EVOLUTION IN THE SOIL HUMEOME

Despite decades of investigation, the molecular mechanisms enabling the highly heterogeneous soil humeome (the molecular composition of soil organic matter) to maintain persistent compositional organization while continuously undergoing molecular turnover remain poorly understood. The soil humeome represents a paradigmatic example of thermodynamically self-organizing humic substances — dynamic supramolecular assemblies composed of heterogeneous amphiphiles stabilized primarily by hydrophobic interactions. Here, propose and computationally model test the hypothesis that humic supramolecular assemblies of humeome behave as dynamic compositional attractors analogous to those described by the GARD (Graded Autocatalytic Replication Domain) model (composome) after its reformulation in purely thermodynamic non-genetic terms. In the original GARD model, a heterogeneous ensemble of amphiphiles forms nanoscopic micelles whose composition evolves through kinetics governed by mutual catalytic enhancement, represented by the β-matrix. The present computational model interprets β as a thermodynamic affinity matrix derived from hydrophobic interactions and other non-covalent forces governing supramolecular assembly.

The model humeome comprised ten representative amphiphilic molecular classes, including aromatic acids, humic fragments, fatty acids, phospholipids, and steroid fragments. Hydrophobicity parameters were assigned from normalized logP values (ChemSpider database), and molecular self-organization was simulated using the original GARD kinetic formalism with thermodynamic affinity replacing catalytic enhancement. The central model parameter $\beta_{(ij)}$ was redefined as the hydrophobic affinity coefficient describing the propensity of molecule *i* to join an aggregate assembly containing component *j*, according to Tanford's thermodynamic framework.

This reinterpretation shifts the model from kinetic catalysis to thermodynamic self-organization, thereby extending the applicability of GARD beyond lipid protocells to any amphiphilic self-assembly systems governed by non-covalent interactions. Independent simulations converged reproducibly toward stable compositional attractors (compotypes), demonstrating that differential intermolecular affinities alone are sufficient to generate persistent supramolecular organization. Under simultaneous enrichment of aromatic and aliphatic components, dual affinity interactions produced the highest cumulative affinity-weighted accretion flux for coumaric acid, thereby establishing it as the preferred nucleator of the integrated compotype. Increasing fatty-acid abundance induced attractor bifurcation, whereas co-enrichment of aromatic and aliphatic molecules generated a novel integrated compotype in which coumaric acid acted as an amphiphilic molecular bridge. Shannon entropy decreased during self-organization, indicating the spontaneous emergence of ordered compositional states from initially heterogeneous molecular ensembles.

These results suggest that the thermodynamic affinity-GARD model captures the fundamental principles governing non-genetic compositional evolution and the affinity-driven self-propagation of humic compositional states within the soil humeome. Within this framework, humification may be interpreted as a process of attractor selection on an affinity landscape, in which molecular diversity evolves toward increasingly thermodynamically coherent supramolecular states. The proposed approach extends the GARD formalism beyond prebiotic catalytic systems and provides a quantitative computational framework for predicting the dynamics, stability, and evolutionary trajectories of the soil humeome.

ПРОНІНА О.В.[1], РУШКОВСЬКИЙ С.Р.[2], МОРГУН Б.В.[1,2]
[1]Інститут клітинної біології та генетичної інженерії НАН України, Київ, Україна;
[2]ННЦ Інститут біології та медицини КНУ імені Тараса Шевченка, Київ, Україна
e-mail: olpronina@gmail.com

ОСОБЛИВОСТІ АДАПТИВНОЇ ЕВОЛЮЦІЇ У ПЕТІТ МУТАНТАХ ДРІЖДЖІВ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Важливою проблемою при боротьбі з патогеними грибами є поява і поступове поширення резистентних субпопуляцій. Дріжджі *Saccharomyces cerevisiae* є «петіт»-позитивними, тобто вони можуть існувати при значних порушеннях в стані мітохондріальної ДНК (мтДНК) аж до її повної втрати. Введення петіт мутації в геном лабораторних штамів *S. cerevisiae* для аналізу особливостей формування адаптивного вторинного росту в умовах тривалого культивування надає нам змогу оцінити процеси адаптивної еволюціїї під впливом стресових факторів, які призводять до порушення функціонування мітохондрій. Раніше нами було показано, що втрата клітинами природніх та лабораторних штамів дріжджів мтДНК призводить до пригнічення вторинного росту у популяціях клітин, які знаходяться в стані хронолоногічного старіння. Одним з механізмів активації вторинного росту може бути дестабілізація ядерного геному, наприклад, при різкому скороченні теломерних ділянок хромосом під впливом мутації *cdc31-1*.Тому нами було висказано припущення, що дестабілізація геному внаслідок мутації в системах підтримання його стабільності може привести до появи вторинного росту у петітів.

Для отримання *rho*^{0} мутантів було використано репараційно дефектні лабораторні штами *S.cerevisiae*, які походять від штаму W303, в тому числі штами з *cdc31-1* мутацією. Їх було виділено завдяки обробці клітин висхідного штаму бромистим етидієм (10 мкг/мл). Втрату мітохондріального генома визначали за допомогою люмінесцентної мікроскопії (мікроскоп Люмам-4). Колонії культивували на середовищі YPD з додаванням ТС (трипановий синій), який забарвлює мертві клітини у синій колір, спостерігали за появою вторинного росту на протязі 21 доби. Штами з температуро чутливою мутацією *cdc31-1* культивували при 22°С та 28°С, контрольний та репараційно дефектні не температуро чутливі штами при 28°С та 37°С. Для виявлення реверсії точкової мутації *ade2-1* колонії культивували на голодному середовищі зі зниженим вмістом аденіну впродовж 21 доби. Для виявлення ефекту мутацій в репараційних генах на формування адаптивного росту висхідні штами та їх петіт мутанти піддавали УФ-опроміненню лампою ДРК-120 після 2 тижнів росту колоній.

Під час росту колоній при 28°С на 7 добу було виявлено утворення вторинного росту у *rho*^{0} клонів які містили *cdc31-1* мутацією, що свідчить про появу життєздатних субпопуляцій клітин на фоні масової загибелі клітин, які можуть подолати зупинку росту в G2\M фазі клітинного циклу. Це відповідає отриманим нами раніше даним по появі вторинного росту на колоніях петіт мутантів, які містили Δ*yku70* мутацію в гені білку теломерного комплексу при підвищенні температури культивування. Появи адаптивного росту на колоніях петіт мутантів внаслідок УФ-опромінення або появу «бородавок» внаслідок реверсії *ade2-1* мутації виявлено не було (на відміну від колоній батьківських штамів).

Таким чином, наші дані свідчать про те, що втрата мітохондріальної ДНК призводить до значного зниження адаптивної реакції клітин дріжджів на зміну умов існування шляхом формування адаптивного вторинного росту, але ця здатність залишається на низькому рівні в популяції і може проявлятися в умовах дестабілізації ядерного геному під впливом температурочутливих мутацій в генах, які беруть участь в підтриманні стабільного функціонування теломерного комплексу.

РУМ'ЯНКОВ Ю.О., КОПИЛОВА Т.В., ПОРОХНЯВА О.Л.
Національний дендрологічний парк «Софіївка» НАН України, м. Умань, Україна
e-mail: rumyankovy@ukr.net

ВІКОВІ ДЕРЕВА РОДУ БУКА (*FAGUS* L.) ЯК НОСІЇ АДАПТОВАНИХ ГЕНОТИПІВ В УМОВАХ НАЦІОНАЛЬНОГО ДЕНДРОЛОГІЧНОГО ПАРКУ «СОФІЇВКА» НАН УКРАЇНИ

Збереження генетичного різноманіття деревних рослин є важливою складовою підтримання структури та функціональної цілісності екосистем. Особливу цінність становлять довговічні деревні рослини, які протягом тривалого часу зберігають життєздатність за межами природного ареалу. Такі рослини можуть розглядатися як носії генотипів, адаптованих до нових ґрунтово-кліматичних умов. У цьому аспекті значний науковий інтерес становлять вікові дерева бука, які зростають у Національному дендрологічному парку «Софіївка» НАН України.

Метою роботи було проаналізувати значення вікових дерев бука як потенційних носіїв адаптованих генотипів в умовах Правобережного Лісостепу України.

Впровадження представників роду *Fagus* L. у дендропарку «Софіївка» розпочалася наприкінці XIX століття під час створення Англійського парку. За результатами інвентаризаційних досліджень встановлено, що в дендропарку зростають три дерева бука віком понад 100 років: *Fagus sylvatica* L., *Fagus sylvatica* 'Atropunicea' та *Fagus sylvatica* 'Rotundifolia'. Усі вони були висаджені у 1889 році та успішно пройшли тривалий період адаптації до умов парку. Дерева досягли висоти близько 25 м та мають середній діаметр стовбура 62,5±7,5 см.

Правобережний Лісостеп України характеризується кліматичними умовами, які відрізняються від природних осередків поширення бука лісового в Карпатському регіоні та Центральній Європі. Протягом більш ніж столітнього періоду дерева зазнавали впливу коливань температурного режиму, посушливих періодів, екстремальних зимових умов, змін режиму зволоження та антропогенних чинників.

Збереження життєздатності цих особин свідчить про їх високу екологічну пластичність та адаптивний потенціал. Важливим підтвердженням успішності адаптації є загальний санітарний стан дерев бука, який характеризується відсутністю ознак ослаблення, що свідчить про їх високу стійкість до комплексу біотичних та абіотичних чинників середовища.

З позицій популяційної генетики довготривале існування окремих дерев поза межами природного ареалу можна розглядати як результат природного добору найбільш пристосованих генотипів. Хоча генетичний аналіз зазначених особин не проводився, їх багаторічне успішне існування є непрямим свідченням наявності комплексу спадкових ознак, які забезпечують ефективне функціонування організму в нових екологічних умовах.

Особливий інтерес становить той факт, що вікові дерева представлені не лише типовим видом, а й двома декоративними формами. Це свідчить про можливість довготривалого збереження не лише видової, а й внутрішньовидової генетичної різноманітності.

Отже, отримані результати дозволяють розглядати вікові дерева бука в НДП «Софіївка» як цінні об'єкти для подальших досліджень адаптивної мінливості та генетичних ресурсів роду *Fagus*. Проведення молекулярно-генетичних досліджень таких особин у перспективі дозволить оцінити рівень генетичної різноманітності, встановити можливі адаптивні маркери та визначити їх значення для збереження генофонду бука в умовах змін клімату.

SAIENKO A.M.[1], BUSLYK T.V.[1,2], DUBININ D.S.[1], TSERENIUK O.M.[1], KORINNYI S.M.[1], TENIAIEV V.V.[1], PEKA M.Yu.[1,3]
[1]Institute of Pig Breeding and Agroindustrial Production of NAAS, Poltava, Ukraine
[2]Institute of Animal Biology of NAAS, Lviv, Ukraine
[3]V. N. Karazin Kharkiv National University, Kharkiv, Ukraine
e-mail: saenko_artem@meta.ua

IDENTIFICATION OF CAUSAL VARIANTS IN THE LEPTIN, GHRELIN, AND THEIR RECEPTOR GENES IN PIGS USING BIOINFORMATIC METHODS

Leptin, ghrelin, and their receptors play important roles in the regulation of energy metabolism, feed intake, growth, and reproductive performance in pigs, making the corresponding genes attractive candidates for studies of economically important traits. Although numerous genetic variants have been identified in these genes, distinguishing causal mutations from neutral polymorphisms remains a major challenge for the development of reliable molecular markers for marker-assisted and genomic selection. Bioinformatic approaches provide an efficient strategy for prioritizing potentially functional variants by predicting their molecular effects, thereby facilitating the identification of promising candidate variants for further experimental validation.

The study involved *in silico* prediction of the functional effects of known missense variants in the leptin (*LEP*), leptin receptor (*LEPR*), ghrelin (*GHRL*), and ghrelin receptor (also known as growth hormone secretagogue receptor, *GHSR*) genes. As missense variants alter the amino acid sequence of the encoded proteins, they may affect protein structure and function. The functional impact of the identified variants was assessed using the bioinformatic tools SIFT, PolyPhen-2, PANTHER-PSEP, and MutPred2. A total of 4 missense variants were analyzed in the *LEP* gene, among which E20V and K36E were predicted to have potential functional effects. In the *LEPR* gene, 23 missense variants were evaluated, of which 9 were predicted to have non-neutral effects by at least one of the bioinformatic tools. Among these, the F87S, W583R, R612H, K775E, and Y1079D variants were consistently identified as functionally significant by all or most of the prediction tools. In the *GHRL* gene, 5 missense variants were analyzed, with the G25V variant predicted to have functional effects by 3 of the 4 tools. In the *GHSR* gene, all 6 analyzed missense variants were predicted to be functionally significant by at least one prediction tool, while the F93I variant was consistently identified as potentially deleterious by all tools.

The identified variants represent high-priority candidates for future functional validation and association studies with economically important production and reproductive traits in pigs. These findings demonstrate the utility of *in silico* prediction methods for prioritizing potentially functional polymorphisms and support their application in the discovery of molecular markers for marker-assisted and genomic selection.

Funding: the research was conducted with the support of the National Research Foundation of Ukraine within the framework of the fundamental project 2025.07/0440 “An integrated approach to identifying causal genetic variants associated with animal productivity based on bioinformatic and genetic methods” (2026-2028, state registration number 0126U003639).

СКРИПНИК С.В.
Хмельницький національний університет, Хмельницький, Україна
e-mail: skrypnyks2@gmail.com

КОМПЕТЕНТНІСНИЙ ПІДХІД ДО НАВЧАННЯ ГЕНЕТИКИ МАЙБУТНІХ УЧИТЕЛІВ БІОЛОГІЇ В УМОВАХ ЦИФРОВОЇ ТРАНСФОРМАЦІЇ ОСВІТИ

Сучасний розвиток біологічної науки, стрімке впровадження геномних технологій, біоінформатики та цифрових засобів навчання зумовлюють необхідність оновлення змісту професійної підготовки майбутніх учителів біології. Особливого значення набуває компетентнісний підхід, який спря-

мований не лише на засвоєння теоретичних знань із генетики, а й на формування здатності застосовувати їх у професійній діяльності, аналізувати сучасні наукові досягнення, критично оцінювати інформацію та використовувати цифрові технології для організації освітнього процесу.

Компетентнісно орієнтоване навчання генетики передбачає інтеграцію предметних, дослідницьких, цифрових і комунікативних компетентностей. Важливим компонентом професійної підготовки є розвиток умінь розв'язувати генетичні задачі, аналізувати родоводи, інтерпретувати результати молекулярно-генетичних досліджень, працювати з відкритими генетичними базами даних та здійснювати пошук наукової інформації. Це сприяє формуванню готовності майбутніх педагогів до використання сучасних досягнень генетики у шкільному курсі біології.

Ефективність реалізації компетентнісного підходу значно підвищується завдяки використанню цифрових освітніх технологій. Віртуальні лабораторії, інтерактивні симуляції генетичних процесів, цифрові моделі спадковості, біоінформатичні сервіси, електронні освітні платформи та інструменти штучного інтелекту створюють умови для активізації пізнавальної діяльності студентів, розвитку дослідницького мислення й індивідуалізації навчання. Особливу увагу доцільно приділяти аналізу реальних генетичних даних, моделюванню експериментів і розв'язанню практико-орієнтованих кейсів, що наближають навчальний процес до сучасної наукової практики.

Важливим завданням викладача є формування у студентів навичок академічної доброчесності, критичного використання цифрових ресурсів і генеративного штучного інтелекту, а також усвідомлення етичних аспектів застосування сучасних генетичних технологій. Особливу увагу доцільно приділяти розвитку інформаційної грамотності, що передбачає вміння перевіряти достовірність наукових джерел, аналізувати результати генетичних досліджень та коректно інтерпретувати отримані дані. Використання сервісів штучного інтелекту має розглядатися як допоміжний інструмент для моделювання генетичних процесів, підготовки навчальних матеріалів і виконання практичних завдань, а не як заміна самостійної роботи студентів. Поєднання традиційних методів навчання з цифровими інструментами сприяє розвитку дослідницьких умінь, професійної мобільності, готовності до безперервного навчання та ефективної педагогічної діяльності в умовах цифрової трансформації освіти.

Таким чином, компетентнісний підхід у поєднанні з використанням сучасних цифрових технологій забезпечує підвищення якості підготовки майбутніх учителів біології, сприяє формуванню їхньої професійної, цифрової та дослідницької компетентностей і створює передумови для успішного викладання генетики відповідно до сучасних вимог розвитку біологічної освіти.

СЛІЩУК Г.І., ВОЛКОВА Н.Е., ЗАХАРОВА О.О.
ТОВ «КОТЕКНА УКРАЇНА ЛІМІТЕД», Одеса, Україна
e-mail: natalia.volkova@cotecna.com

РОЗРОБКА СИСТЕМИ МОЛЕКУЛЯРНОЇ ДЕТЕКЦІЇ ДНК МОЛЮСКІВ

У системі аналізу ризиків, небезпечних чинників і контролю критичних точок HACCP (Hazard Analysis and Critical Control Point) алергени вважаються біологічними/хімічними небезпечними чинниками, які вимагають суворого контролю для запобігання перехресному забрудненню та інформування споживачів. Основний фокус HACCP – управління 14 основними алергенами (глютен, горіхи, молоко, яйця, риба, соя, молюски тощо), маркування складових та контроль за перехресним контактом на виробництві або в меню. Молюски (*Mollusca*) та продукти з них входять до переліку речовин та харчових продуктів, які спричиняють алергічні реакції або непереносимість, наведеному в Регламенті ЄС № 1169/2011 та Законі України «Про інформацію для споживачів щодо харчових продуктів» № 2639-VIII.

Типовими представниками їстівних молюсків є мідії, устриці, гребінці (Двостулкові, *Bivalvia*), равлики, морські вушка (Черевоногі, *Gastropoda*), кальмари, восьминоги, каракатиці (Головоногі, *Cephalopoda*). Прихованими джерелами молюсків в продуктах харчування є соуси, приправи, рибні бульйони, концентрати, напівфабрикати, фарші, паштети, котлети, пельмені, снеки, чипси, сухарики. Нетиповими джерелами є БАДи, нутрицевтики, ароматизатори. Небезпечною є крос-контамінація через приготування страв в одній олії та/або на одних пательнях із молюсками. Важливою є своєчасна

детекція молюсків в зразках харчових продуктів, сировині, в змивах з поверхонь або рідинах. Методи на основі полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) для визначення послідовностей ДНК потенційно алергенних організмів є ефективними, високоспецифічними, характеризуються швидкістю аналізу, точністю, чутливістю, можливістю автоматизації. Мета наших досліджень полягала в розробці системи молекулярної детекції ДНК молюсків.

Біоінформатичними методами проаналізовано нуклеотидні послідовності 16S генів рРНК шістьох представників Головоногих, 42 – Черевоногих, 16 - Двостулкових молюсків з бази даних Національного центру біотехнологічної інформації (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/). Розроблено дизайн пари праймерів та TaqMan-зонду (послідовності – за запитом) для ПЛР в режимі «реального часу». В *in silico*-ПЛР продукт розміром 80 п.н. отримано лише для представників молюсків. Матеріалом для перевірки специфічності *in vitro* слугували зразки ДНК трьох класів молюсків: кальмара велетенського, кальмара звичайного, восьминога, слизняка великого, мідії, а також зразки ДНК риб (хека, анчоуса, спара, путасу, тріски, лосося), ракоподібних (креветки), та курки. Відмічено ампліфікацію тільки в зразках ДНК молюсків (Ct 15-32), тоді як при ПЛР-аналізі інших видів тварин та негативних контролів ампліфікація відсутня. Це свідчить про специфічність розробленої системи.

Межу детектування розраховано шляхом визначення наявності флуоресцентного сигналу для 10 повторів п’яти серій розчинів ДНК, що є сумішами розчинів ДНК молюсків (мідія) та кукурудзи концентраціями 1,0 - 0,1 - 0,01 - 0,005 - 0,0025%. У результаті не менше 95% позитивних результатів отримано за концентрацій ДНК молюсків 0,01 % і вище. Розроблена система успішно апробована для аналізу харчових продуктів, зокрема, рибного фаршу, суші, чипсів.

Отже, розроблено високоспецифічну систему молекулярної детекції ДНК молюсків, межа детектування якої складає 0,01%. Дану маркерну систему успішно використано для детектування ДНК молюсків у харчових продуктах з їх прихованим вмістом.

СОРОКА О. В., СТАШКІВ І. П., ПРОКОП’ЯК М. З., ГРИЦАК Л.Р., ДРОБИК Н. М.
Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, Тернопіль, Україна
e-mail: soroka-o@tnpu.edu.ua

ФІТОХІМІЧНИЙ ПОТЕНЦІАЛ ВИДІВ РОДІВ *CARLINA* l. ТА *SENECIO* L. ЯК ДЖЕРЕЛА БІОЛОГІЧНО АКТИВНИХ РЕЧОВИН

Родина Asteraceae є однією з найбільших і найрізноманітніших родин покритонасінних рослин, що налічує близько 25 000 видів і представлена майже в усіх регіонах світу. Значна частина її представників має лікарське, харчове, декоративне, промислове значення тощо. Перспективність рослин родини як джерела біологічно активних речовин (БАР) зумовлена значним видовим різноманіттям.

У представників Asteraceae виявлено широкий спектр вторинних метаболітів, зокрема фенольні кислоти, флавоноїди, терпеноїди, сесквітерпенові лактони, сапоніни, кумарини, лігнани, каротиноїди та ефірні олії. Важливим компонентом багатьох представників родини є також полісахарид інулін, відомий своїми пребіотичними властивостями. Поєднання різних класів фітокомпонентів формує специфічний хімічний профіль рослин і зумовлює широкий спектр їхньої біологічної активності.

Особливу увагу приділяють фенольним кислотам і флавоноїдам, які беруть участь у регуляції окисно-відновних процесів і значною мірою визначають антиоксидантний потенціал рослинної сировини. Водночас біологічна активність представників Asteraceae пов’язана не з дією окремої сполуки, а з комплексом метаболітів, співвідношення яких може залежати від виду, генотипу, віку рослини, фази розвитку та умов середовища.

Серед представників родини особливий інтерес становлять види родів *Carlina* L. та *Senecio* L., які характеризуються різноманітним складом вторинних метаболітів і можуть розглядатися як перспективні джерела БАР. Фітохімічні дослідження окремих видів *Carlina* виявляють наявність фенольних сполук, флавоноїдів, терпеноїдів, ефірних олій та інших біологічно активних компонентів. Представники роду *Senecio* також характеризуються різноманітним спектром вторинних метаболітів, серед яких

фенольні сполуки, піролізидинові алкалоїди, флавоноїди та терпеноїди. Водночас фітохімічна характеристика окремих видів цих родів залишається недостатньо вивченою, що визначає доцільність їх подальшого біотехнологічного та фітохімічного дослідження.

Перспективність використання видів родів *Carlina* та *Senecio*, як джерел БАР, пов'язана також із необхідністю пошуку альтернатив природній рослинній сировині. Вміст і співвідношення вторинних метаболітів у рослинах можуть істотно змінюватися залежно від екологічних умов, сезонності, віку та фази розвитку рослин. Крім того, заготівля сировини з природних популяцій є обмеженою для рідкісних і вразливих видів та може створювати додаткове антропогенне навантаження на їхні популяції.

Поєднання фітохімічних досліджень із біотехнологією *in vitro* є перспективним напрямом для комплексного вивчення представників *Carlina* та *Senecio*. Створення контрольованих систем культивування дає змогу в контрольованих умовах отримувати рослинну біомасу, оцінювати її хімічний склад, біологічну активність і визначати умови, що сприяють накопиченню цінних метаболітів. У перспективі такі підходи можуть бути використані не лише для збереження цінних і рідкісних видів Asteraceae, а й для керованого отримання їхніх біологічно активних речовин.

ТИНКЕВИЧ Ю.О., ВОЛКОВ Р.А.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

ФІЛОГЕНІЯ ТА ГІБРИДИЗАЦІЯ ЄВРОПЕЙСЬКИХ ПРЕДСТАВНИКІВ РОДУ *HERACLEUM*

Рід *Heracleum* (Apiaceae, Tordylieae) налічує 90–100 видів із двома центрами різноманіття, Кавказьким і Сино-Гімалайським, і за молекулярними даними є поліфілетичним. У Європі поширені представники групи *Heracleum* s. str., яка об'єднує поліморфний аборигенний *H. sphondylium* із кількома вузькоареальними гірськими ендеміками, зокрема *H. carpaticum, H. austriacum, H. pumilum*, а також три інвазійні види «гігантських борщівників» кавказько-західноазійського походження: *H. mantegazzianum, H. sosnowskyi, H. persicum*. Межі між цими видами часто визначені нечітко, а молекулярні дані щодо спорідненості аборигенних видів, їхньої генетичної віддаленості від інвазійних видів та реальних масштабів гібридизації в межах групи практично відсутні.

Для заповнення цих прогалин ми використали комбінований підхід: (1) ампліконне Illumina-сиквенування ядерних ITS1-ITS2 35S рДНК та IGS 5S рДНК, доповнене реконструкцією риботипів із бібліотек SRA; (2) Sanger-сиквенування хлоропластної ділянки *rpl32-trnL*(UAG); та (3) ISSR-аналіз із вісьмома праймерами. Реконструкцію риботипів ITS1-ITS2 та аналізи методом LDA (latent Dirichlet allocation) і PCA (Principal Component Analysis) за частотами k-мерів здійснювали з використанням власних Python скриптів. Філогенію реконструювали методом Maximum Likelihood у програмі IQ-TREE. Для ISSR-даних застосовували PCoA (Principal Coordinates Analysis), непараметричний багатомірний дисперсійний аналіз PERMANOVA та байєсівську кластеризацію в програмі *STRUCTURE*.

За двома ядерними та хлоропластним локусами рід *Heracleum* виявився поліфілетичним. У межах *Heracleum* s. str. ядерні маркери одностайно й неочікувано відокремили добре підтриману кладу трьох європейських гірських видів - *H. carpaticum, H. austriacum, H. pumilum* - від *H. sphondylium*, риботипи якого, натомість, групувалися ближче до інвазійних гігантських борщівників, ніж до гірських видів. За ITS1-ITS2 серед інвазійних видів вдалося чітко диференціювати *H. persicum*, а за IGS 5S рДНК - *H. sosnowskyi*. Хлоропластний маркер *rpl32-trnL*(UAG) показав суттєву невідповідність ядерним даним: із 44 виявлених гаплотипів три найпоширеніші були спільними для *H. sphondylium* і всіх трьох інвазійних видів. Водночас гірські види утворювали чітку видоспецифічну кладу і за цим маркером.

LDA-аналіз обох ядерних ділянок при K=3 узгоджено виділяв компоненти, пов'язані з *H. sphondylium*, гігантськими борщівниками та гірськими видами. Майже половина зразків мали домішок компонентів іншої групи, що вказує на поширену гібридизацію та інтрогресію. За ITS1-ITS2 окремий компонент чітко виділяв *H. persicum*, однак два зразки з SRA, анотовані як гібриди *H. persicum* × *H. sphondylium*, цього компонента не виявляли, натомість вони за профілем відповідали *H. sphondylium*.

ISSR-аналіз 27 зразків (96 локусів, 96,9% поліморфних) підтвердив статистично значущу диференціацію трьох груп - гігантських борщівників, *H. sphondylium* і *H. carpaticum* (PERMANOVA R^2=32,6%, P=0,0001). Байєсівська кластеризація в *STRUCTURE* (K=3) відтворила цей самий поділ, водночас виявивши кілька зразків зі змішаним генетичним профілем.

Отримані результати вперше виявляють близьку філогенетичну спорідненість ендемічних європейських гірських видів *Heracleum* та надають молекулярні докази поширеної гібридизації між аборигенними та інвазійними видами роду в Європі.

ТИНКЕВИЧ Ю.О., ШЕЛИФІСТ А.Є.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: y.tynkevich@chnu.edu.ua

ГЕНЕТИЧНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ ТА ГІБРИДИЗАЦІЯ ІНВАЗІЙНИХ ВИДІВ *GALINSOGA PARVIFLORA* ТА *G. QUADRIRADIATA*

Рід *Galinsoga* (незбутниця), що походить з Центральної та Північної Америки, об'єднує 12–15 видів, серед яких найширший ареал мають *G. parviflora* Cav. і *G. quadriradiata* Ruiz & Pav., нині натуралізовані на всіх материках, крім Антарктиди (POWO, 2026). Їхня інвазія в Європі розпочалася наприкінці XVIII ст. внаслідок «втечі» з ботанічних садів. Види різняться плоїдністю: *G. parviflora* – диплоїд (2n=16), тоді як *G. quadriradiata* – алотетраплоїд (2n=32), однією з можливих батьківських форм якого вважають *G. parviflora*. Обмежена кількість вихідного матеріалу, завезеного з Перу та Венесуели, зумовила низьке генетичне різноманіття цих видів у вторинному ареалі, що підтверджено ISSR-аналізом популяцій обох видів в Україні та *G. quadriradiata* у Китаї. Гібридизація видів у вторинному ареалі призводить до утворення триплоїдних гібридів *G.* × *mixta* Murr, які розмножуються вегетативно.

У цій роботі методом ПЛР ампліфіковано ядерні ділянки IGS 5S рДНК та ITS1-2 35S рДНК і хлоропластну ділянку *rpl32-trnL*(UAG) для зразків обох видів із України і ще 9 країн Європи, а також з Канади. Ділянку *rpl32-trnL*(UAG) сиквеновано за Сенгером, а амплікони рДНК - методом Illumina. Для Illumina-секвенувань після тримінгу й збирання парних рідів обчислено частоти к-мерів із подальшим PCA- і LDA-аналізом. Для *rpl32-trnL*(UAG) та найпоширеніших риботипів ITS1-2 проведено ML-філогенетичний аналіз із залученням послідовностей із бази даних GenBank.

Більшість досліджених зразків представлена двома основними гаплотипами *rpl32-trnL*(UAG) – Par1 та Qua1, які відрізняються трьома інделами та однією нуклеотидною заміною. Виявлено також рідкісні гаплотипи, які, ймовірно, виникли вже у вторинному ареалі. Показано, що материнською формою при гібридизації *G. parviflora* та *G. quadriradiata* може виступати кожен із цих видів.

Серед сиквенованих прочитувань IGS 5S рДНК близько половини належать до двох мажорних риботипів 5S-1 і 5S-2, які відрізняються єдиною мутацією – транзицією T/A. Співвідношення цих риботипів за кількістю прочитувань для всіх досліджених зразків становить приблизно 3:1. Риботип 5S-1 виявлений в усіх зразках, а 5S-2 – майже виключно у *G. quadriradiata*. Транзиція T/A трапляється також у 10 рідкісних риботипах, специфічних для *G. quadriradiata*, що дозволяє розглядати її як можливий маркер спадкового матеріалу цього виду. Крім того, виявлено 11 рідкісних, сильно дивергованих риботипів, які відрізняються від риботипу 5S-1 на 30–37 нуклеотидних замін. Вони трапляються в обох видів, а їхня сумарна частка не перевищує 5% у кожному індивідуальному геномі.

Для ITS1-2 частка риботипу 35S-1 перевищує 50% в геномах майже всіх зразків. Натомість сильно дивергований риботип 35S-2, який відрізняється від 35S-1 51 заміною й чотирма інделами, є специфічним для *G. quadriradiata*. Філогенетичний аналіз виявив близькість риботипу 35S-2 та споріднених рідкісних риботипів до послідовності ITS1-2 *Alloispermum scabrifolium* – представника симпатричного та філогенетично близькоспорідненого з *Galinsoga* роду. Це дозволяє припустити участь *A. scabrifolium* або спорідненого виду у формуванні геному *G. quadriradiata*.

PCA- та LDA-аналіз із використанням обох рДНК-локусів показав, що понад 2/3 зразків містять генетичний матеріал обох досліджуваних видів, тобто мають гібридне походження. Загалом отримані дані підтверджують гіпотезу про походження популяцій *G. parviflora* та *G. quadriradiata* у вторинному

ареалі від обмеженої кількості особин і свідчать про широке поширення гібридизації між цими видами, що суттєво впливає на їхню генетичну мінливість.

HASTEROK R., LUSINSKA J., SENDEROWICZ M.
Plant Cytogenetics and Molecular Biology Group, Institute of Biology, Biotechnology and Environmental Protection, Faculty of Natural Sciences, University of Silesia in Katowice, Katowice, Poland,
e-mail: robert.hasterok@us.edu.pl

VARIATION IN PLOIDY LEVELS OF GROUNDCOVER PLANT SPECIES IN MEDITERRANEAN OLIVE GROVES UNDER DIFFERENT CULTTIVATION REGIMES

Olive (*Olea europaea* L.) cultivation has shaped Mediterranean landscapes for centuries; however, increasingly intensive agricultural practices have contributed to soil degradation, biodiversity loss and reduced ecosystem functioning. These pressures may also affect olive oil production and quality, with potential implications for one of Europe's major agricultural commodities. The Horizon Europe SOIL O-LIVE project, coordinated by the University of Jaen, Spain, investigates the relationships between olive-grove management, soil health and olive oil quality across the Mediterranean region (https://soilolive.eu/; https://cordis.europa.eu/project/id/101091255).

Our contribution focuses on cytogenetic diversity within olive-grove vegetation. We examine whether contrasting management systems influence the occurrence of diploid and polyploid plant species, with particular attention to the potential effects of pesticide use. We predict that polyploids, which often show broader ecological tolerance, may be relatively more frequent in intensively managed high-density orchards. Genome size and ploidy are assessed using flow cytometry, chromosome counting and karyotype analysis of plants germinated from soil seed-bank samples.

To date, standardised procedures have been established for analysing diverse plant material, comprising more than 350 seed samples from 35 sites in Spain, Greece, Morocco and Portugal. The sampled sites include traditional, organic and high-density olive groves and represent approximately half of the locations covered by the project. Although the dataset remains incomplete, preliminary results suggest a substantially greater relative abundance of polyploids in high-density groves than in traditional and organic systems.

This work was funded by the European Commission through Horizon Europe (HORIZON-MISS-2021-SOIL-02; project 101091255).

ЧЕБОТАР С. В.[1, 2] , ЧЕБОТАР Г.О., СУРДІЛЬ П. [3]
[1]*Одеський національний університет імені І.І. Мечникова, м. Одеса*
[2]*Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення НААН (СГІ – НЦНС), м. Одеса*
[3]*Інститут генетики, різноманіття та екофізіології злакових культур(INRAE UMR 1095 GDEC), м. Клермон-Ферран, Франція*
e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

ГЕНОТИПУВАННЯ З ВИКОРИСТАННЯМ AXIOM 35K ЧИПА УКРАЇНСЬКИХ СОРТІВ І ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ

Досліджено генетичне різноманіття та спорідненість 12 сортів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.), створених в Інституті зрошувального землеробства НААН (м. Херсон) та зареєстрованих у Державному реєстрі сортів, рекомендованих для поширення в Україні, у 2007–2019 роках. До аналізу також залучено майже ізогенні лінії, похідні від старих сортів Кооператорка, Степняк та Одеська 3, які

були поширені у південному регіоні України у середині минулого сторіччя, лінії відрізняються від вихідних генотипів за генами короткостебловості й досліджуються з метою визначення ефектів алелів генів на агрономічно важливі ознаки. Додатково досліджено лінії, створені к.б.н. І. І. Моцним (СГІ–НЦНС) на основі сорту Одеська 267, що несуть житню хромосому 1R у складі пшенично-житніх транслокацій, отриманих із різних генетичних джерел.

Генотипування проводили з використанням SNP-чипа Axiom Wheat 35K, що містить близько 35 000 маркерів, рівномірно розподілених по геному пшениці. Для кожного сорту або лінії аналізували ДНК окремих рослин, що дало змогу оцінити міжсортову генетичну варіабельність, а також визначити рівень генетичної подібності між похідними лініями та відповідними вихідними сортами. SNP-дані аналізували в середовищі R із застосуванням методів кластерного аналізу та аналізу головних компонент (PCA).

Загалом проаналізовано 103 ДНК-зразки та 34746 SNP-маркерів. Близько 9% маркерів були мономорфними й тому не містили інформації для диференціації досліджуваних генотипів. Середня частка пропущених генотипів становила 5,88%, причому для 75% SNP рівень пропусків не перевищував 8%. Окремі маркери, що характеризувалися високою часткою пропущених значень до 80,6%, були вилучені з подальшого аналізу через недостатню інформативність. Для формування надійної матриці генотипування застосовано стандартний поріг call rate ≥90%, тобто до аналізу включали лише SNP, для яких частка пропущених генотипів не перевищувала 10%. У результаті сформовано високоякісну матрицю з 26757 поліморфних SNP-маркерів для 103 рослин.

На основі отриманих SNP-профілів із використанням генетичних дистанцій, кластерного аналізу та PCA оцінювали генетичну спорідненість досліджуваних сортів і похідних ліній, а також ступінь геномної подібності майже ізогенних ліній до відповідних вихідних сортів. PCA використовували для візуалізації генетичної подібності досліджуваного матеріалу та виявлення його генетичної диференціації. Результати кластерного та PCA-аналізів, отриманих на основі високощільного SNP-генотипування, будуть представлені та обговорені в доповіді.

Подяка: Дослідження виконано у 2025 році за підтримки програми **NADIYA**, Посольства Франції в Україні та **CDEFI**.

ЧОПЕЙ М.І., АФАНАСЬЄВА К.С.
Київський національний університет імені Тараса Шевченка, ННЦ «Інститут біології та медицини», Київ, Україна
e-mail: mariana.chopei@knu.ua

ЗВ'ЯЗОК ПОЛІМОРФІЗМІВ ГЕНІВ *AKR1B1* ТА *PNPLA3* ІЗ РИЗИКОМ РОЗВИТКУ ДІАБЕТИЧНОЇ РЕТИНОПАТІЇ ТА МЕТАБОЛІЧНО АСОЦІЙОВАНОЇ СТЕАТОТИЧНОЇ ХВОРОБИ ПЕЧІНКИ У ХВОРИХ НА ЦУКРОВИЙ ДІАБЕТ 2-ГО ТИПУ

Визначення генетичних маркерів, пов'язаних із розвитком ускладнень або супутніх захворювань, що можуть розвиватися у хворих на цукровий діабет 2 типу, дасть змогу вдосконалити діагностику цих патологій і прогноз щодо їхнього перебігу.

Метою даної роботи було встановити зв'язок поліморфізмів генів *AKR1B1* (rs759853, rs9640883) та *PNPLA3* (rs738409) із ризиком розвитку діабетичної ретинопатії (ДР) та метаболічно-асоційованої стеатотичної хвороби печінки (МАСХП) у хворих на цукровий діабет 2 типу.

У дослідження було залучено 80 хворих (35 жінок і 45 чоловіків, середній вік – 64,3 ± 7,8 років) на цукровий діабет 2 типу, які були розподілені по чотирьох групах залежно від наявності ДР і МАСХП: перша група (контроль) – хворі на цукровий діабет без супутніх патологій, друга група – хворі на цукровий діабет та МАСХП, третя група – хворі на цукровий діабет та ДР, четверта група – пацієнти із цукровим діабетом та обома супутніми патологіями. Аналіз поліморфізмів rs759853 і rs9640883 гена *AKR1B1* та поліморфізму rs738409 гена *PNPLA3* проводили методом кількісної полімеразної ланцюгової реакції. Визначали частоти алелів і генотипів та оцінювали їхній зв'язок з ризиком розвитку ДР та МАСХП.

Вивчення обох поліморфізмів гена *AKR1B1* (rs9640883, rs759853) показало, що в усіх групах переважав гетерозиготний генотип (AG). Виявлено кореляцію між генотипом GG поліморфізму rs9640883 гена *AKR1B1* та ризиком розвитку ДР, а також асоціацію алеля A поліморфізму rs759853 із ризиком розвитку як ДР, так і ДР та МАСХП одночасно. Наявність алеля G у гомозиготному стані можна розцінювати як показник зниження ризику розвитку ДР. Асоціацій поліморфізму rs738409 гена *PNPLA3* із ДР та МАСХП не виявлено.

SHKUROPAT A.V., ZHYDKO A.V.
Kherson State University, Kherson, Ukraine
e-mail: nastya@ksu.ks.ua

SIMILARITY MATRIX ANALYSIS AS A TOOL FOR ASSESSING THE PATHOGENIC POTENTIAL OF RARE UNCHARACTERIZED *CD36* NONSENSE MUTATIONS

The *CD36* gene encodes a multifunctional receptor critical for lipid metabolism and immune response. Dysfunction of the CD36 receptor is associated with metabolic syndrome; however, rare nonsense mutations of the gene remain uncharacterized in ClinVar due to a lack of clinical observations. This study **aimed** to substantiate the similarity matrix method as a mathematical tool for predicting the pathogenic potential of rare uncharacterized *CD36* variants by comparing them with the known pathogenic profile of the rs3211938 mutation.

Methods. Primary genetic data were retrieved from the gnomAD and Ensembl databases. Selection of single nucleotide variations (SNVs) was performed based on the criterion of premature stop codon appearance (stop_gain). Integrative bioinformatic tools, including CADD (combined annotation dependent depletion), GERP (genomic evolutionary rate profiling), and SpliceAI, were applied for the matrix analysis. Based on the obtained pathogenic profiles, a similarity matrix was constructed to compare rare variants with the well-characterized rs3211938 mutation.

Results. Out of the initial dataset of 1138 SNVs, 64 nonsense mutations were selected after filtration. Among them, only one, rs3211938, had a phenotype description in ClinVar. The other 63 variants were extremely rare, with a frequency of less than 0.01%. Topological analysis revealed that the vast majority of the identified SNVs (93.75%) were localized in the extracellular ligand-binding domain. Mathematical modeling demonstrated an exceptionally high correlation similarity (coefficients ranging from 0.7 to 1.0) between the 63 rare variants and the rs3211938 mutation. Such a pronounced convergence likely indicates that, despite different molecular mechanisms of origin, these mutations lead to a similar loss-of-function phenotype and impaired lipid clearance.

Conclusions. The applied bioinformatic model allowed establishing a high level of correlation (coefficients from 0.7 to 1.0) between the pathogenicity profiles of 63 rare variants and the known rs3211938 mutation. This indicates the presence of a distinct mathematical convergence among the studied CD36 nonsense mutations. The predominant localization of substitutions within the extracellular domain of the protein (93.75%) confirms that the primary consequence of these mutations is the loss of functional regions of the receptor. Accordingly, the well-studied rs3211938 variant can be considered a justified comparative model for further analysis of CD36 protein functional deficiency.

ЯКОБИШЕН Д.В., ВОЛКОВ Р.А.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

МОЛЕКУЛЯРНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ 5S РИБОСОМНОЇ ДНК ВИДІВ РОДУ *REYNOUTRIA*

Представники роду *Reynoutria* належать до найагресивніших інвазійних рослин, які завдають значної шкоди природним екосистемам та антропогенній інфраструктурі. Їхнє швидке поширення призводить до витіснення аборигенної флори та втрати біорізноманіття. Найбільшого поширення набули *R. japonica* Houtt. та *R. sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai, нативні ареали яких локалізовані у Східній Азії. Ці види активно схрещуються між собою, утворюючи гібриди, які визнані окремим таксоном - *R.* × *bohemica* Chrtek & Chrtková. Обидва батьківські види є поліплоїдами: *R. japonica* характеризується октаплоїдним набором хромосом (2n=8x=88), тоді як *R. sachalinensis* є тетраплоїдом (2n=4x=44). Перекриття діапазонів фенотипової мінливості *R. japonica* та *R.* × *bohemica* ускладнює їх морфологічну ідентифікацію та оцінку частки гібридних форм у популяціях. Крім того, внаслідок зворотних схрещувань можуть утворюватися численні варіанти інтрогресивних гібридів із різним інвазійним потенціалом. Для генетичного баркодингу рослин *Reynoutria* у вторинному ареалі та виявлення гібридних форм ми використали міжгенний спейсер (IGS) 5S рДНК. Швидка еволюція IGS, висока копійність у геномі та неповна гомогенізація внутрішньогеномних варіантів 5S рДНК роблять цю ділянку зручним інструментом для дослідження міжвидової гібридизації.

Зразки інвазійних видів роду *Reynoutria* були зібрані на території восьми областей України, а також у Німеччині, Польщі та Румунії. Також з гербарію м. Гельсінкі був отриманий зразок *R. sachalinensis* із первинного ареалу на японському острові Хоккайдо. ДНК виділяли ЦТАБ-методом зі свіжого та гербаризованого матеріалу. ПЛР-продукти сиквенували методом Illumina. Реконструкцію риботипів IGS та аналізи методами LDA (latent Dirichlet allocation) та PCA (Principal Component Analysis) за частотами k-мерів здійснювали з використанням власних Python скриптів.

Загалом для 34 зразків отримано 94 індивідуальні риботипи IGS 5S рДНК. Виявлено значне внутрішньогеномне різноманіття та міжгеномну варіабельність складу риботипів. Ідентифіковано 25 риботипів, кожен з яких становив понад 5% прочитань хоча б в одному з проаналізованих зразків. Для більшості зразків *R. japonica* виявлено високий вміст риботипів 1 і 2. Обидва ці риботипи повністю відсутні або представлені в дуже низькій кількості у чотирьох з п’яти зразків *R. sachalinensis*, для якого характерні риботипи 3, 27 та 31. У зразку *R. sachalinensis* із первинного ареалу частка риботипу 13 становить 29%. Цей риботип не виявлено у великій кількості в жодному іншому зразку.

Зразки *R.* × *bohemica* переважно демонстрували змішаний профіль риботипів. Цікаво, що *R. sachalinensis*-подібний профіль вмісту риботипів виявлено у п’яти зразках, які морфологічно визначені як *R. japonica*. Водночас один із зразків, визначений як *R. sachalinensis* має характерний для *R.* × *bohemica* набір риботипів. LDA-аналіз виявив дві основні генетичні компоненти, характерні для *R. japonica* та *R. sachalinensis,* відповідно. Значна частина зразків, зокрема морфологічно визначених як *R.* × *bohemica*, містила суміш обох компонент у різній пропорції.

За результатами PCA-аналізу розташування зразків у просторі головних компонент загалом відповідало результатам LDA. Найбільш віддаленими були типові зразки *R. japonica* та *R. sachalinensis*. Більшість проаналізованих зразків, не лише морфологічно визначених як *R.* × *bohemica,* займаюли проміжне положення. Виявлена значна генетична гетерогенність зразків за ділянкою IGS 5S рДНК відображає високий рівень внутрішньогеномного поліморфізму цих поліплоїдних рослин і може бути пов’язана з неодноразовими схрещуваннями між представниками роду *Reynoutria*.

ЯКОБИШЕН Д.В., МЕДЮХ Ю.І., ТИНКЕВИЧ Ю.О.
Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна
e-mail: y.tynkevich@chnu.edu.ua

ПОЛІМОРФІЗМ ІНВАЗІЙНИХ ВИДІВ РОДУ *REYNOUTRIA* ЗА ISSR-МАРКЕРАМИ

Види роду *Reynoutria* Houtt. (Polygonaceae) *R. japonica* Houtt., *R. sachalinensis* (F. Schmidt) Nakai та міжвидовий гібрид *R.* × *bohemica* J. Chrtek & A. Chrtková вважаються шкідливими високоінвазійними бур'янами в багатьох регіонах світу. Природні ареали *R. japonica* та *R. sachalinensis* перекриваються на території Сахаліну та Японії. У XIX ст. ці види були завезені з Азії до Європи як декоративні рослини. Наразі вони поширились в Європі, Північній Америці, Австралії та Новій Зеландії, Південній Африці й Чилі. *R.* × *bohemica* є гібридом, що виник унаслідок запилення чоловічо-стерильних квіток *R. japonica* пилком *R. sachalinensis*. Вважається, що в Європі *R. japonica* представлений одним октоплоїдним жіночим клоном, що унеможливлює його внутрішньовидове статеве розмноження. Натомість *R. sachalinensis* та *R.* × *bohemica* існують як у жіночій, так і в гермафродитній формах, що робить можливим запилення *R. jap*oniса їхнім пилком. Також існують докази зворотного схрещування між *R. sachalinensis* та *R.* × *bohemica* та перехресного запилення між особинами *R.* × *bohemica*.

У цій роботі ми проаналізували генетичний поліморфізм рослин роду *Reynoutria*. Для цього було проведено ампліфікацію ISSR-маркерів з використанням 8 праймерів на вибірці зразків, зібраних на території України, Німеччини, Польщі та Румунії, а також серії проростків насіннєвого потомства материнської рослини *R. japonica* (Rey1). Для аналізу генетичної структури зразків та виявлення можливих випадків міжвидової гібридизації використали байєсівський кластерний аналіз у програмі *STRUCTURE* 2.3.4 та аналіз основних координат (PCoA).

Розрахунок оптимальної кількості генетичних компонентів (K) за методом Evanno показав максимальне значення при K = 2, що свідчить про наявність двох основних генетичних компонентів у досліджуваній вибірці. Більшість зразків, морфологічно визначених як *R. japonica*, характеризуються переважанням генетичного компонента 1, тоді як у *R. sachalinensis* переважає компонент 2. Водночас зразки *R.* × *bohemica* характеризувались переважанням генетичного компонента *R. japonica*. Окремі проростки насіннєвого потомства Rey1 мають змішаний склад двох генетичних компонентів, що може свідчити про їхнє гібридне походження та інтрогресію генетичного матеріалу.

Для визначення генетичних відмінностей між досліджуваними зразками був проведений PCoA аналіз, результати якого загалом узгоджувалися із результатами *STRUCTURE*-аналізу. Зразки *R. sachalinensis* формують чітко відокремлений кластер, просторово віддалений від більшості зразків *R. japonica*, що підтверджує їх генетичну диференціацію. Зразки, морфологічно визначені як *R.* × *bohemica,* переважно групуються разом із *R. japonica*. Таке неоднозначне групування може бути пов’язаним з обмеженнями домінантних ISSR-маркерів для виявлення гібридів, помилковою морфологічною ідентифікацією окремих зразків або значно більшим внеском генетичного матеріалу октоплоїдної *R. japonica* у геном гібридів порівняно з тетраплоїдною *R. sachalinensis*. Більшість проростків насіннєвого потомства також групуються поруч із материнською рослиною Rey1, водночас два проростки та один зразок *R.* × *bohemica* займають відокремлене від основних груп положення. Отримані результати підтверджують можливість запилення *R. japonica* пилком інших видів роду *Reynoutria*.