

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ
ОДЕСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ ІМЕНІ І. І. МЕЧНИКОВА

Odesa National University Herald

•
Вестник Одесского
национального университета

•
**ВІСНИК
ОДЕСЬКОГО
НАЦІОНАЛЬНОГО
УНІВЕРСИТЕТУ**

Серія: *Біологія*

Науковий журнал
Виходить 2 рази на рік
Серія заснована у липні 2007 р.

Том 2* , випуск 2(49) 2021

Одеса
ОНУ
2021

Засновник та видавець:

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова

Редакційна рада журналу:

В. І. Труба, канд. юр. наук (голова ред. ради); В. О. Іваниця, д-р біол. наук (заступник голови ред. ради); С. М. Андрієвський, д-р фіз.-мат. наук; В. В. Глебов, канд. іст. наук; Л. М. Голубенко, канд. філол. наук; Л. М. Дунаєва, д-р політ. наук; В. В. Заморов, канд. біол. наук; О. В. Запорожченко, канд. біол. наук; О. А. Іванова, д-р наук із соц. комунікацій; В. Є. Круглов, канд. фіз.-мат. наук; В. Г. Кушнір, д-р іст. наук; В. В. Менчук, канд. хім. наук; М. О. Подрезова, директор Наукової бібліотеки; Н. М. Крючкова, канд. екон. наук; Л. М. Токарчук, канд. юр. наук; М. І. Ніколаєва, канд. політ. наук; В. В. Яворська, д-р геогр. наук; Н. В. Кондратенко, д-р філол. наук.

Редакційна колегія журналу:

А. Бьорнер, д.б.н., професор (Німеччина); С. Верба, к.б.н., (Польща); В. В. Заморов, к.б.н., доцент (Україна); В. О. Іваниця, д.б.н., професор (Україна); К. Ковальчик, д.б.н., професор (Польща); С. Н. Оленін, професор (Литва); С. А. Петров, д.б.н., професор (Україна); М. Ю. Русакова, к.б.н., доцент (Україна); З. Селка, к.б.н., (Польща); В. А. Трач, к.б.н., доцент (Україна); Г. Федак, професор (Канада); П. М. Царенко, д.б.н., професор, член-кор. НАНУ (Україна); С. В. Чеботар, д.б.н., член-кор. НААНУ (Україна) – *науковий редактор*; Т. Г. Алексєєва, к.б.н., доцент (Україна) – *відповідальний секретар*; Г. В. Майкова, к.б.н., доцент (Україна) – *відповідальний секретар*.

«Вісник Одеського національного університету. Біологія»
входить до Переліку наукових фахових видань України (категорія «Б»)
Затверджено наказом МОН України № 1301 від 15.10.2019 р.

Українською та англійською мовами

Свідоцтво про державну реєстрацію друкованого засобу інформації
Серія КВ № 11455-328Р від 7.07.2006 р.

Затверджено до друку Вченою радою
Одеського національного університету
імені І. І. Мечникова. Протокол № 5 від 21.12.2021 р.

Адреса редакції: 65082, м. Одеса, вул. Дворянська, 2
Одеський національний університет імені І.І. Мечникова,
Тел: (+380-48) 68-79-32
E-mail:gerald.biology.onu@gmail.com

ЗМІСТ

БІОХІМІЯ

Кеца О. В., Марченко М. М., Самуляк О. А.
ІНТЕНСИВНІСТЬ ВІЛЬНОРАДИКАЛЬНИХ ПРОЦЕСІВ У ПОСТНУКЛЕАРНІЙ
ФРАКЦІЇ НИРОК ЩУРІВ ЗА ДІЇ ЛАЗЕРНОГО ОПРОМІНЕННЯ ТА ω -3
ПОЛІНЕНАСИЧЕНИХ ЖИРНИХ КИСЛОТ 11

Кириленко Н. А., Ткаченко Ф. П., Молодченкова О. О., Басва С. В.,
БІОЛОГІЧНО АКТИВНІ СПОЛУКИ *SALSOLA TRAGUS* L. (*CHENOPODIACEAE*)
ЯК ПЕРСПЕКТИВНОГО ФАРМАКОЛОГІЧНОГО ОБ'ЄКТА УКРАЇНИ 23

ГІДРОБІОЛОГІЯ ТА ЗАГАЛЬНА ЕКОЛОГІЯ

Караванський Ю. В., Рижко І. Л., Заморев В. В.
ЦІРКАДНІ РИТМИ БИЧКА ПІНЧУКА *PONTICOLA CEPHALARGOIDES*
(PINCHUK, 1976) В ЛАБОРАТОРНИХ УМОВАХ.....37

ГЕНЕТИКА І МОЛЕКУЛЯРНА БІОЛОГІЯ

Моцний І. І., Нарган Т. П., Наконечний М. Ю., Лифенко С. П.,
Молодченкова О. О., Міщенко Л. Т.
РІЗНОМАНІТТЯ ПОХІДНИХ ВІДДАЛЕНОЇ ГІБРИДИЗАЦІЇ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ
ЗА СТІЙКІСТЮ ДО ХВОРОБ ТА ІНШИМИ ЧУЖИННИМИ ОЗНАКАМИ51

Попович Ю. А., Благодарова О. М., Чеботар С. В.
ПОЛІМОРФІЗМ МІКРОСАТЕЛІТНОГО ЛОКУСУ *TAGL GAP* ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК
З АЛЕЛЬНИМИ ВАРІАНТАМИ ГЛІАДІНІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ73

ФІЗІОЛОГІЯ ЛЮДИНИ ТА ТВАРИН

Янко Р. В.
ВПЛИВ АЛІМЕНТАРНОЇ ДЕПРИВАЦІЇ НА МОРФОЛОГІЧНІ ЗМІНИ
ЩИТОПОДІБНОЇ ЗАЛОЗИ ЩУРІВ89

КОРОТКІ ПОВІДОМЛЕННЯ

Бодаренко О. Ю., Миронов С. Л.
EUPHORBIA DAVIDII SUBILS (*EUPHORBACEAE*) ФЛОРИ ЗАЛІЗНИЧНИХ КОЛІЙ
ДНІСТРОВСЬКОГО ПЕРЕСИПУ..... 101

Ткаченко Ф. П., Попова О. М.
НОВА ЗНАХІДКА РІДКІСНОГО ГРИБА *PISOLITHUS ARHIZUS*
(*SCLERODERMATACEAE*) НА ТЕРИТОРІЇ ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ.....109

ЗІЗДИ ТА КОНФЕРЕНЦІЇ

БІОЛОГІЧНА СЕКЦІЯ – «ВАЖЛИВІСТЬ ІДЕЙ Г.А. ГАМОВА ДЛЯ БІОЛОГІЇ 21-ого
СТОЛІТТЯ» ХХІ МІЖНАРОДНОЇ ГАМОВСЬКОЇ КОНФЕРЕНЦІЇ-ШКОЛИ, ЩО
ВІДБУВАЛАСЯ У СЕРПНІ 2021 р. В ОДЕСЬКОМУ НАЦІОНАЛЬНОМУ
УНІВЕРСИТЕТІ імені І.І. МЕЧНИКОВА.....117

Корзун В.
ЗАСТОСУВАННЯ ГЕНЕТИЧНИХ ТА ГЕНОМНИХ ДОСЛІДЖЕНЬ ДЛЯ ЗЛАКІВ .. 118

Ребець Ю., Лужецький А.
ДНК-ПРОТЕЇН ВЗАЄМОДІЇ ЯК ІНСТРУМЕНТ СИНТЕТИЧНОЇ БІОЛОГІЇ..... 119

Мончак Ю.
ТАРГЕТНА ТЕРАПІЯ, ДНК СЕКВЕНУВАННЯ ТА БОРОТЬБА З НЕОПЛАЗІСІЮ..... 120

Іщенко О. О., Юрашек А. М., Волков Р. А. ОРГАНІЗАЦІЯ 5S РИБОСОМНОЇ ДНК У РОДІ <i>AESCVLUS</i> (РОДИНИ SAPINDACEAE).....	121
Роман І. І., Тістечок С. І., Лужецький А. М., Громико О. М. ГЕНЕТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА АНТАРКТИЧНИХ АКТИНОБАКТЕРІЙ.....	122
Доля Б., Осташ Б. СПЕКТРИ МУТАЦІЙ <i>STREPTOMYCES</i> ОТРИМАНІ В РЕЗУЛЬТАТІ ГЕНОМНОГО АНАЛІЗУ ДЕВ'ЯТИ ШТАМІВ <i>STREPTOMYCES ALBUS</i> J1074.....	123
Пидюра М., Брев'яріо Д., Блюм Я. ВИКОРИСТАННЯ МЕТОДІВ ГЕНОМНОГО РЕДАГУВАННЯ В ДІАГНОСТИЦІ І ГЕНЕТИЧНІЙ ІНЖЕНЕРІЇ, ОГЛЯД	124
Рошка Н. М., Волков Р. А. СТРУКТУРНА ОРГАНІЗАЦІЯ ТА ПОЛІМОРФІЗМ МІЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА 5S рДНК КАРПАТСЬКОЇ БДЖОЛИ	125
Чубик І. Ю., Стадніченко С. В., Чеботар С. В. ПОЛІМОРФІЗМ ПРОАНАЛІЗОВАНИЙ ЗА ДОПОМОГОЮ <i>ME15/ME16</i> І МІКРОСАТЕЛІТНИХ МАРКЕРІВ В ПОПУЛЯЦІЇ <i>MYTILUS GALLOPROVINCIALIS</i> З ПІВНІЧНО-ЗАХІДНОГО РЕГІОНУ ЧОРНОГО МОРЯ.....	126
Попович Ю. А., Благодарова О. М., Чеботар С. В. АСОЦІАЦІЯ АЛЕЛЬНИХ ВАРІАНТІВ <i>GLI-B1</i> ЛОКУСУ З ПОЛІМОРФІЗМОМ МІКРОСАТЕЛІТНОГО ЛОКУСУ TAGLGAР В СОРТАХ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ	127
Топораш М. К., Моцний І. І., Сурділ П., Чеботар С. В. КАSP-АНАЛІЗ ІНТРОГРЕСІВНИХ ЛІНІЙ ПШЕНИЦІ ЗА ВИКОРИСТАННЯ СПЕЦИФІЧНИХ МАРКЕРІВ ДО 1R ХРОМОСОМИ ЖИТА	128
Жарікова Д. О., Чеботар Г. О., Темченко І. В., Чеботар С. В. ПЛР-АНАЛІЗ ГЕНІВ ФОТОПЕРІОДИЧНОЇ ЧУТЛИВОСТІ <i>E</i> В УКРАЇНСЬКИХ СОРТАХ І ПЕРСПЕКТИВНИХ ЛІНІЯХ СОЇ	130
Костюк С. А., Полуян О. С., Жевнеронок І. В., Козиревич М. О. ОСОБЛИВОСТІ МІКРОФЛОРИ ОСНОВНИХ БІОТОПІВ У НЕДОНОШЕНИХ ДІТЕЙ З ДУЖЕ НИЗЬКОЮ МАСОЮ ТІЛА ПРИ ВНУТРІШНЬОМАТКОВІЙ ІНФЕКЦІЇ.....	131
Костюк С. А., Полуян О. С., Жевнеронок І. В., Козиревич М. О. РЕЗУЛЬТАТИ ТЕСТУВАННЯ ГРУДНОГО МОЛОКА НА ГЕРПЕСВІРУСНІ ІНФЕКЦІЇ МЕТОДАМ ПЛР	132
Полуян О. С., Костюк С. А., Бенько А. В., Сімірський М. В. КЛІНІЧНА ТЕСТ-СИСТЕМА ДЛЯ ВИЗНАЧЕННЯ ЖИТТЄЗДАТНИХ ФОРМ <i>CHLAMYDIA TRACHOMATIS</i> , <i>CHLAMYDIA PNEUMONIAE</i> ТА <i>Mycoplasma</i> <i>PNEUMONIAE</i> В СИНОВІАЛЬНІЙ РІДИНІ.....	133
Полуян О.С., Костюк С. А., Бенько А. В., Герасименко М. О. ТЕХНОЛОГІЯ ОТРИМАННЯ АУТОПЛАЗМИ, ЗБАГАЧЕНОЇ ТРОМБОЦИТАМИ, ДЛЯ ВНУТРІСУГЛОБОВОГО ВВЕДЕННЯ	134
Полуян О. С., Костюк С. А., Варабей А. В., Хаджі Ісмаїл І. А. МІКРОБНА ІНФЕКЦІЯ ТОВСТОЇ КИШКИ, ЯК ЧИННИК РОЗВИТКУ ДИВЕРТИКУЛЯРНОГО ЗАХВОРЮВАННЯ, ЙОГО УСКЛАДНЕНЬ ТА РЕЦИДИВІВ	135

Руденкова Т. В., Костюк С. А., Горбич Ю. Л. ОПТИМІЗАЦІЯ МЕТОДУ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНОЇ ІДЕНТИФІКАЦІЇ KLEBSIELLA PNEUMONIAE В БІОЛОГІЧНОМУ МАТЕРІАЛІ ПАЦІЄНТІВ НА СЕПСИС ТА В БАКТЕРІАЛЬНИХ КУЛЬТУРАХ.....	136
Руденкова Т. В., Костюк С. А., Клімкович Н. М. МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧНА ІДЕНТИФІКАЦІЯ ПОЛІМОРФНИХ ВАРІАНТІВ ГЕНІВ <i>CYP1A1</i> , <i>CYP2E1</i> , <i>CYP2D6</i> В РІЗНОМУ БІОЛОГІЧНОМУ МАТЕРІАЛІ	137
Сімірський В. В., Полуян О. С., Костюк С. А., Щербань А. І., Жайворонок С. В., Анисько Л. О. ПРОЕКТУВАННЯ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОГО ЗРАЗКУ СИСТЕМИ <i>EIA-TEST</i> ДЛЯ ВИЗНАЧЕННЯ АНТИТІЛ ДО ВІРУСУ ГЕПАТИТУ Е У ЛЮДИНИ	138
Сімірський В. В., Полуян О. С., Костюк С. А., Щербань А. І., Красочко П. А., Жайворонок С. В. СТВОРЕННЯ ЛАБОРАТОРНОГО ЗРАЗКУ ЕІА ТЕСТ-СИСТЕМИ ДЛЯ ВИЗНАЧЕННЯ АНТИТІЛ ДО ВІРУСУ ГЕПАТИТУ Е У ТВАРИН.....	139
ПРАВИЛА ДЛЯ АВТОРІВ	141

CONTENTS

BIOCHEMISTRY

Ketsa O. V., Marchenko M. M., Samuliak O. A.
INTENSITY OF FREE RADICAL PROCESSES IN THE POSTNUCLEAR FRACTION
OF RAT KIDNEYS UNDER INFLUENCE OF LASER IRRADIATION AND ω -3
POLYUNSATURATED FATTY ACIDS 11

Kyrylenko N. A., Tkachenko F. P., Molodchenkova O. O., Baieva S. V.
BIOLOGICAL ACTIVE COMPOUNDS *SALSOLA TRAGUS* L. (CHENOPODIACEAE)
AS A PROMISING PHARMACOLOGICAL OBJECT OF UKRAINE 23

HYDROBIOLOGY AND GENERAL ECOLOGY

Karavanskyi Yu. V., Ryzhko I. L., Zamorov V. V.
CIRCADE RHYTHMS OF PINCHUK'S GOBY *PONTICOLA CEPHALARGOIDES*
(PINCHUK, 1976) IN LABORATORY CONDITIONS 37

GENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY

**Motsnyi I. I., Nargan T. P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S. Ph.,
Molodchenkova O. O., Mishchenko L. T.**
DIVERSITY OF WIDE HYBRIDIZATION DERIVATIVES OF WINTER WHEAT
FOR RESISTANCE TO DISEASES AND OTHER ALIEN CHARACTERS 51

Popovych Yu. A., Blagodarova O. M., Chebotar S. V.
POLYMORPHISM OF *TAGLGAP* MICROSATELITE LOCUS AND ITS ASSOCIATION
WITH ALLELELIC VARIETIES OF GLIADINS OF BREAD WHEAT 73

PHYSIOLOGY HUMAN AND ANIMALS

R. V. Yanko
INFLUENCE OF ALIMENTARY DEPRIVATION ON MORPHOLOGICAL
CHANGES OF RAT'S THYROID GLAND 89

SHORT ARTICLE

Bondarenko O. Yu., Myronov S. L.
EUPHORBIA DAVIDII SUBILS (*EUPHORBIACEAE*) IN FLORA OF RAILWAY
TRACKS OF THE DNIESTER BAY BAR 101

Tkachenko F. P., Popova O. M.
A NEW FINDING OF A RARE FUNGUS *PISOLITHUS ARHIZUS* (*BOLETALES*,
BASIDIOMYCOTA) ON THE TERRITORY OF ODESA REGION 109

CONGRESSES AND CONFERENCES

BIOLOGICAL SESSION "THE IMPORTANCE OF G. GAMOW'S IDEAS FOR
BIOLOGY OF THE 21st CENTURY" AT THE XXI GAMOW INTERNATIONAL
ASTRONOMICAL CONFERENCE-SCHOOL IN ODESSA (15-21 AUGUST, 2021) 117

Korzun V.
APPLICATIONS OF GENETIC AND GENOMIC RESEARCH IN CEREALS 118

Rebets Yu., Luzhetskyy A.
DNA-PROTEIN INTERACTIONS AS A TOOL OF SYNTHETIC BIOLOGY 119

Monczak Yu. TARGETED THERAPY, DNA SEQUENCE AND THE RACE AGAINST NEOPLASIA.....	120
Ishchenko O. O., Yurashek A. M., Volkov R. A. ORGANIZATION OF 5S RIBOSOMAL DNA OF THE GENUS <i>AESCULUS</i> (FAMILY SAPINDACEAE).....	121
Roman I. I., Tistechok S. I., Luzhetskyy A. M., Gromyko O. M. GENETIC CHARACTERISATIONS OF ANTARCTIC ACTINOBACTERIA.....	122
Dolya B., Ostash B. O. MUTATION SPECTRA IN <i>STREPTOMYCES</i> AS INFERRED FROM GENOMIC ANALYSIS OF NINE <i>STREPTOMYCES ALBUS</i> J1074 STRAINS	123
Pydiura N., Breviario D., Blume Ya. UTILISATION OF GENOME EDITING METHODS IN DIAGNOSTICS AND GENETIC ENGINEERING, A REVIEW	124
Roshka N. M., Volkov R. A. STRUCTURAL ORGANIZATION AND POLYMORPHISM OF 5S rDNA IGS IN THE CARPATHIAN HONEYBEE	125
Chubyk I. Yu., Stadnichenko S. V., Chebotar S. V. POLYMORPHISM ANALYZED BY <i>ME15/ME16</i> AND MICROSATELLITE MARKERS IN POPULATIONS OF <i>MYTILUS GALLOPROVINCIALIS</i> FROM THE NORTH-WESTERN REGION OF THE BLACK SEA.....	126
Popovych Yu. A., Blagodarova O. M., Chebotar S. V. ASSOCIATION BETWEEN ALLELIC VARIANTS OF <i>GLI-B1</i> LOCUS AND POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE LOCUS TAGLGAP IN BREAD WHEAT VARIETIES.....	127
Toporash M. K., Motsnyy I. I., Sourdille P., Chebotar S. V. KASP-ANALYSIS OF THE INTROGRESSIVE WHEAT LINES BY USING SPECIFIC MARKERS FOR 1R CROMOSOME OF RYE	128
Zharikova D. O., Chebotar G. O., Temchenko I. V., Chebotar S. V. PCR-DIAGNOSTIC OF THE PHOTOPERIOD SENSITIVE <i>E</i> GENES IN UKRAINIAN SOYBEAN VARIETIES AND PERSPECTIVE LINES.....	130
Kastsyuk S. A., Poluyan O. S., Zhauniaronak I. V., Kazyrevich M. A. FEATURES OF MICROFLORA OF THE MAIN BIOTOPES IN VERY LOW BIRTH WEIGHT PREMATURE INFANTS AT INTRAUTERINE INFECTION.....	131
Kastsyuk S. A., Poluyan O. S., Zhauniaronak I. V., Kazyrevich M. A. RESULTS OF BREAST MILK TESTING FOR HERPESVIRAL INFECTIONS BY PCR.....	132
Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Benko A. V., Simirski M. CLINICAL IN-HOUSE TEST SYSTEM FOR DETECTING VIABLE FORMS OF <i>CHLAMYDIA TRACHOMATIS</i> , <i>CHLAMYDIA PNEUMONIAE</i> AND <i>MYCOPLASMA PNEUMONIAE</i> IN SYNOVIAL FLUID	133
Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Benko A. V., Gerasimenko M. O. TECHNOLOGY OF OBTAINING PLATELET-RICH AUTOPLASMA FOR INTRA-ARTICULAR ADMINISTRATION.....	134

Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Varabei A. V., Hadji Ismail MICROBIAL INFECTION OF THE COLON AS A FACTOR IN THE DEVELOPMENT OF DIVERTICULAR DISEASE, ITS COMPLICATIONS AND RELAPSES.....	135
Rudenkova T. V., Kastsyuk S. A., Gorbich Y. L., OPTIMIZATION OF <i>KLEBSIELLA PNEUMONIAE</i> MOLECULAR-GENETIC IDENTIFICATION METHOD IN BIOLOGICAL MATERIAL OF PATIENTS WITH SEPSIS AND IN BACTERIAL CULTURES	136
Rudenkova T. V., Kastsyuk S. A., Klimkovich N. N. MOLECULAR-GENETIC IDENTIFICATION OF POLYMORPHIC VARIANTS OF <i>CYP1A1</i> , <i>CYP2E1</i> , <i>CYP2D6</i> GENES IN DIFFERENT BIOLOGICAL MATERIAL.....	137
Simirski V. V., Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Sherban A. I., Zhavoronok S. V., Anisko L.A. DESIGNING AN EXPERIMENTAL SAMPLE OF AN EIA-TEST SYSTEM FOR DETECTING ANTIBODIES TO THE HEPATITIS E VIRUS IN HUMANS	138
Simirski V. V., Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Sherban A. I., Krasochko P. A., Zhavoronok S. V. CREATION OF A LABORATORY SAMPLE OF AN EIA-TEST SYSTEM FOR DETECTING ANTIBODIES TO THE HEPATITIS E VIRUS IN ANIMALS	139
ПРАВИЛА ДЛЯ АВТОРІВ	141

БІОХІМІЯ



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246869

УДК 577.152.6:576

О. В. Кеца, к. б. н., доцент

М. М. Марченко, д. б. н., професор

О. А. Самуляк, магістрантка

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
Інститут біології, хімії та біоресурсів, кафедра біохімії та біотехнології,
вул. Коцюбинського, 2, Чернівці, Україна

ІНТЕНСИВНІСТЬ ВІЛЬНОРАДИКАЛЬНИХ ПРОЦЕСІВ У ПОСТНУКЛЕАРНІЙ ФРАКЦІЇ НИРОК ЩУРІВ ЗА ДІЇ ЛАЗЕРНОГО ОПРОМІНЕННЯ ТА ω -3 ПОЛІНЕНАСИЧЕНИХ ЖИРНИХ КИСЛОТ

Досліджено вплив дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та протекторної дії ω -3 поліненасичених жирних кислот (ПНЖК) на інтенсивність пероксидного окиснення ліпідів (ПОЛ) та окиснювальної модифікації протеїнів (ОМП) нирок щурів. Встановлено, що щоденна чотирихвилинна дія лазерного дію довшиною хвилі 650 нм, потужністю 50 мВт призводить до ініціації ПОЛ та ОМП у постнуклеарній фракції нирок. Введення ω -3 ПНЖК знижує вільнорадикальні процеси в нирках тварин залежно від схеми їх введення. Найефективнішу антиоксидантну дію ω -3 ПНЖК проявляють за умов їх попереднього семиденного введення перед лазерним опроміненням, оскільки знижується вміст первинних (дієнових кон'югатів (ДК)), вторинних (кетодієнів та спряжених трієнів (КД+СТ)) та кінцевих (основ Шиффа) продуктів ПОЛ з одночасним зниженням рівня карбонільних груп та підвищенням SH-груп протеїнів.

Ключові слова: окиснювальна модифікація протеїнів; пероксидне окиснення ліпідів; лазерне опромінення; поліненасичені жирні кислоти; нирки.

Лазерні технології сьогодні широко застосовуються в лікуванні та діагностиці захворювань у різних галузях медицини, що пов'язано з їхньою монохроматичністю та здатністю змінювати клітинний метаболізм [8]. Проте, вплив на біологічні тканини великою мірою залежить від дози опромінення, а зміни в біологічних тканинах можуть супроводжуватися небажаними побічними ефектами [2]. Лазерне опромінення червоного та інфрачервоного діапазонів має стимулювальний вплив на тканини організму при експозиції до 4 хв під час локальної дії і з щільністю від 20 до 100 мВт/см². В іншому випадку проявляється його інгібуєча і шкідлива дія внаслідок високої енергетичної потужності фотонів. Проте, навіть при низькоінтенсивному лазерному опроміненні залишаються відкритими питання інтенсивності вільнорадикальних процесів в органах організму, зокрема нирках [2]. Нирка – один із паренхіматозних органів, який найчутливіший до дії лазерного опромінення [6]. Фотони лазерного

опромінення здатні поглинатися специфічними рецепторами – хромофорами, що призведе до змін в біологічних тканинах із ініціацією вільнорадикальних процесів у клітинах, серед яких найпоширеніші – пероксидне окиснення ліпідів (ПОЛ) та окиснювальна модифікація протеїнів (ОМП) [9].

Швидкість вільнорадикальних процесів у клітинах можна контролювати за допомогою зміни рівня метаболітів в організмі. Тому, залишається актуальним пошук біологічних регуляторів, які б коригували негативну дію лазерного опромінення. До таких біорегуляторів можна віднести ω -3 поліненасичені жирні кислоти (ПНЖК), які здатні регулювати різні метаболічні шляхи в організмі [5], проте питання механізмів їхньої антиоксидантної дії на організм за умов впливу лазерного опромінення залишаються відкритими.

Метою даного дослідження було оцінити інтенсивність пероксидного окиснення ліпідів та окиснювальної модифікації протеїнів у постнуклеарній фракції нирок щурів за дії лазерного опромінення та додаткового введення ω -3 ПНЖК.

Матеріали та методи дослідження

Дослідження проводили на білих безпородних щурах масою 130–150 г, які утримувались на стандартному раціоні віварію. Маніпуляції з тваринами проводили згідно з положеннями «Європейської конвенції про захист хребетних тварин, що використовуються для дослідних та наукових цілей» (Страсбург, 1986) з урахуванням положень, викладених у роботі [4].

Усіх тварин розділили на п'ять груп: I – інтактні тварини (контроль); II – щури, яких піддавали дії лазерного діоду; III – щури, яким ω -3 ПНЖК вводили після опромінення лазером; IV – щури, яким ω -3 ПНЖК вводили щоденно за дві години до лазерного опромінення; V – щури, яким ω -3 ПНЖК вводили 7 днів попередньо перед застосуванням лазерного опромінення.

Опромінення тварин здійснювали щоденно протягом 4-х хвилин лазерним діодом довжиною хвилі 650 нм, потужністю 50 мВт в ділянку черевної порожнини на відстані 10 см від поверхні шкіри. Джерелом ω -3 ПНЖК слугував комерційний препарат Вітрум Кардіо Омега-3 (виробник «Unipharm, Inc.», США) тваринного походження (риб'ячий жир), який містив 32% ейкозапентаєнової кислоти і 24% докозагексаєнової кислоти. Жирні кислоти в ри�'ячому жирі ідентифікували методом газової хроматографії на хроматографі HRGC5300 (Італія). Для аналізу індивідуальних жирних кислот використовували стандартні препарати фірми Sigma. ω -3 ПНЖК вводили *per os* у щоденній дозі 120 мг/кг маси тіла тварин.

Евтаназію тварин проводили під легким ефірним наркозом на 7- та 14-у добу опромінення лазерним діодом.

Постнуклеарну фракцію нирок щурів отримували шляхом центрифугування при 1000 g протягом 15 хв. Про інтенсивність ПОЛ в постнуклеарній фракції нирок судили за вмістом первинних, вторинних і третинних (кінце-

вих) продуктів в ізопропанольних екстрактах, куди переважно екстрагуються фосфоліпиди. Рівень гідропероксидів (первинних молекулярних продуктів ліпопероксидації), а саме дієнових кон'югатів (ДК), реєстрували в УФ-спектрі за довжини хвилі 232 нм. Величина оптичної щільності за довжини хвилі 278 нм відображала вміст вторинних продуктів ПОЛ (кетодієнів і спряжених трієнів, КД + СТ); за довжини хвилі 400 нм – кінцевих продуктів ПОЛ (шиффових основ) [11, 14].

Інтенсивність ОМП у постнуклеарній фракції визначали за вмістом карбонільних похідних (метод заснований на реакції взаємодії карбонільних похідних протеїнів з 2,4-динітрофенілгідразином з утворенням 2,4-динітрофенілгідразонів) [12] та рівнем сульфгідрильних груп (SH-груп) (метод заснований на взаємодії реактиву Елмана з протеїновими SH-групами) [10].

Статистичне опрацювання результатів проводили з використанням параметричних методів аналізу, з використанням дисперсійного аналізу ANOVA. Різницю між групами вважали достовірною при $P < 0,05$.

Результати досліджень та їх обговорення

Інтенсивність дії лазерного опромінення на біологічні тканини визначається трансмісією, відбиванням, розсіюванням та абсорбцією. Під час взаємодії лазерних променів з біологічною живою тканиною одночасно виявляються всі чотири явища. Проте, найважливішим є явище трансмісії або проникання у тканину, глибина якої залежить від довжини хвилі лазерного світла та є найефективнішою за довжини хвилі 633–700 нм. Фотони лазера, проникаючи в біологічну тканину, можуть проявляти біостимулювальний вплив, вибиваючи електрони з молекул-фоторецепторів, стимулюючи, тим самим, вільнорадикальні процеси [7].

Результати проведених досліджень показали, що опромінення організму лазерним діодом довжиною хвилі 650 нм, потужністю 50 мВт щоденно протягом 4-х хвилин призводить до підвищення рівня дієнових кон'югатів (первинних продуктів ПОЛ) у 2,4 рази на 7-у добу опромінення та у 3 рази – на 14-у добу опромінення порівняно з показниками інтактних тварин (рис. 1).

Підвищення первинних продуктів ПОЛ може відбуватися за рахунок генерації активних форм кисню у клітині. Так, відомо, що лазерне опромінення ініціює активність ензимів – цитохрому P450, ксантиноксидази, ензимів дихального ланцюга мітохондрій, які здатні генерувати вільнорадикальні стани оксигену, ініціюючи у такий спосіб вільнорадикальні процеси в клітині [13].

Застосування різних схем введення ω -3 ПНЖК показало, що найвищим антиоксидантним ефектом ω -3 ПНЖК володіють за умов їх попереднього семиденного введення в організм перед початком дії лазерного опромінення.

Так, у цієї групи тварин рівень первинних продуктів ПОЛ не відрізнявся від показника контролю, на 7-у добу опромінення, а на 14-у добу опромінення їх

вміст збільшувався у 1,3 рази (рис. 1). Під час застосування ω -3 ПНЖК після закінчення дії опромінення рівень первинних продуктів ПОЛ не відрізнявся від показників групи тварин, яких піддавали дії лазерного діоду та не вводили ω -3 ПНЖК (рис. 1). Введення ω -3 ПНЖК за дві години до дії лазерного опромінення призводить до підвищення рівня ДК (рис. 1) у постнуклеарній фракції нирок щурів порівняно з показниками інтактних тварин, проте такі зміни процесу ПОЛ не досягають рівня показників групи опромінених тварин, яким не вводили ω -3 ПНЖК.

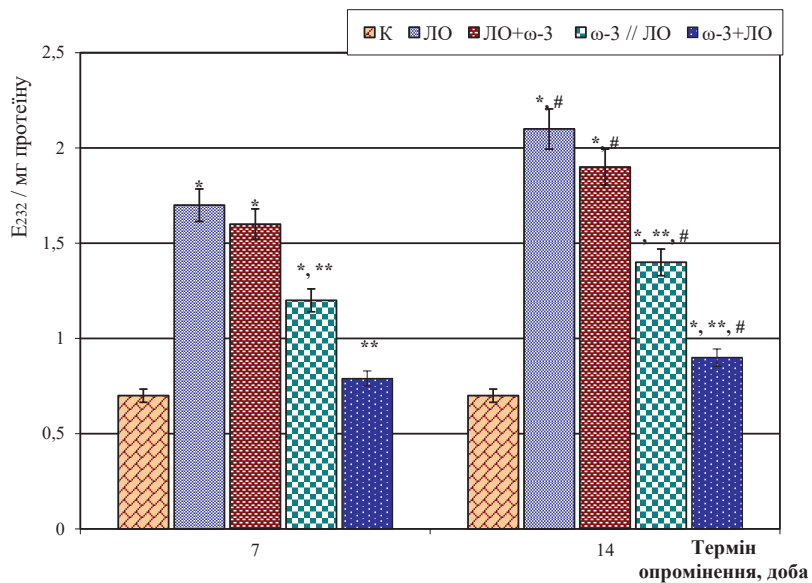


Рис. 1. Вміст дієнових кон'югатів у постнуклеарній фракції нирок щурів за умов дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та ω -3 поліненасичених жирних кислот

Примітка (тут і надалі): К – інтактні тварини (контроль); ЛО – щури, яких піддавали дії лазерного діоду; ЛО+ ω -3 – щури, яким після опромінення лазером вводили ω -3 ПНЖК; ω -3//ЛО – щури, яким ω -3 ПНЖК вводили щоденно за дві години до лазерного опромінення; ω -3+ЛО – щури, яким ω -3 ПНЖК вводили 7 днів попередньо перед застосуванням лазерного опромінення; * – статистично достовірна різниця порівняно з показником інтактних тварин ($p \leq 0,05$); ** – статистично достовірна різниця порівняно з показником опромінених щурів ($p \leq 0,05$); # – статистично достовірна різниця порівняно з показниками, що спостерігалися на 7 добу ($p \leq 0,05$)

Поряд із підвищенням первинних продуктів ПОЛ по мірі збільшення терміну опромінення у постнуклеарній фракції нирок підвищувався рівень вторинних продуктів ПОЛ – кетодієнів і спряжених трієнів. Так, якщо після 7-денного опромінення рівень вторинних продуктів ПОЛ підвищувався у 1,9 рази, то після 14-денного – у 2,2 рази порівняно з контролем (рис. 2).

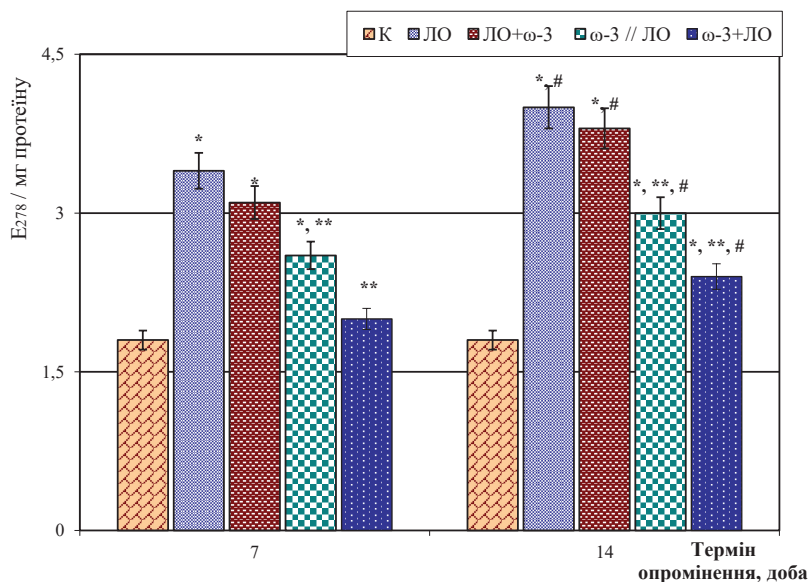


Рис. 2. Вміст кетодієнів і спряжених трієнів у постнуклеарній фракції нирок щурів за умов дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та ω-3 поліненасичених жирних кислот

Дослідження вмісту кетодієнів і спряжених трієнів у постнуклеарній фракції нирок щурів за різних схем введення ω-3 ПНЖК показало, що за умов їх попереднього введення до опромінення рівень вторинних продуктів ПОЛ не відрізнявся від показників інтактних тварин на 7-му добу опромінення з незначним підвищенням (у 1,3 рази) на 14-у добу (рис. 2). Очевидно, попереднє введення ω-3 ПНЖК стабілізує внутрішньоклітинні структури нирок, за рахунок їх вбудовування у мембранні фосфоліпіди [3], що робить їх стійкими до вільнорадикальної деструкції, яка спостерігається за дії лазерного опромінення. Введення ω-3 ПНЖК після закінчення дії опромінення не проявляло протективного ефекту на нирки. Незначний протективний ефект ω-3 ПНЖК спостерігався, коли їх вводили за дві години до дії лазерного опромінення, оскільки рівень вторинних продуктів ПОЛ у постнуклеарній фракції нирок знижувався, проте не досягав значень контролю (рис. 2).

Підвищення рівня первинних та вторинних продуктів ПОЛ у фосфоліпідних екстрактах постнуклеарної фракції клітин нирок, очевидно, зумовлено негативним впливом низькоінтенсивного лазерного опромінення на внутрішні мембрани клітин нирок. Попереднє введення ω-3 ПНЖК сприяє стабілізації внутрішньоклітинних мембран.

Карбон альдегідної групи вторинних продуктів ПОЛ може з'єднуватися з нітрогеном протеїнів, утворюючи кінцеві продукти або основи Шиффа [11]. Аналіз результатів показав підвищення кінцевих продуктів ПОЛ в постнуклеарній фракції нирок щурів по мірі збільшення терміну опромінення (рис. 3).

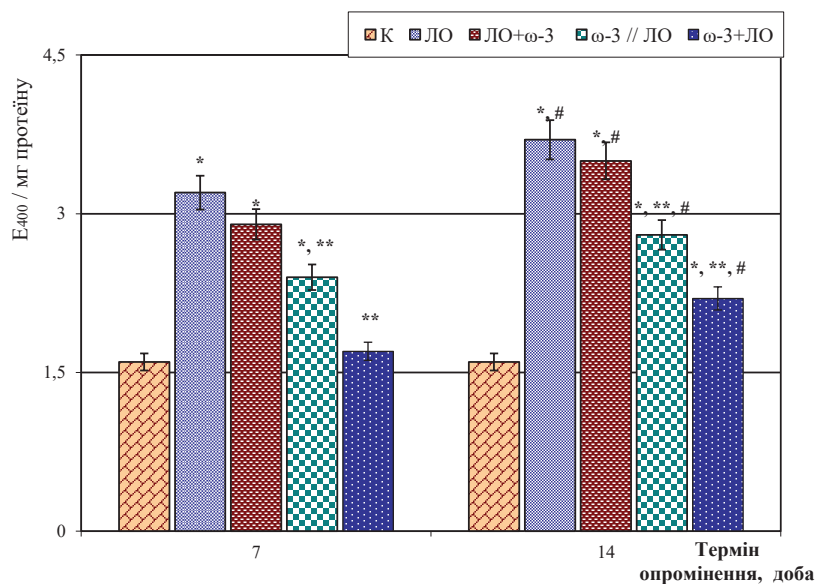


Рис. 3. Вміст шиффових основ у постнуклеарній фракції нирок щурів за умов дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та ω -3 поліненасичених жирних кислот

Введення ліпофільних есенціальних нутрієнтів показало, що найбільше зниження рівня кінцевих продуктів ПОЛ спостерігалось у групі тварин, яким ω -3 ПНЖК вводили попередньо перед опроміненням, оскільки у цієї групи щурів рівень шиффових основ не відрізнявся від показників контролю на 7-у добу опромінення, а на 14-у добу опромінення їх вміст збільшувався у 1,4 рази порівняно з контролем (рис. 3).

Під час застосування ω -3 ПНЖК після закінчення дії опромінення рівень кінцевих продуктів ПОЛ не відрізнявся від показників групи тварин, яких надавали дії лазерного діоду та не вводили ω -3 ПНЖК (рис. 3).

Введення ω -3 ПНЖК за дві години до дії лазерного опромінення призводить до підвищення рівня шиффових основ у постнуклеарній фракції нирок щурів порівняно з показниками інтактних тварин, проте такі зміни процесу ПОЛ не досягають рівня показників групи опроміненних тварин, яким не вводили ω -3 ПНЖК (рис. 3). Імовірно, щоденне попереднє введення ω -3 ПНЖК спочатку може проявляти антиоксидантний ефект, а зі збільшенням терміну опромінення ω -3 ПНЖК стають субстратами дії активних форм кисню, що і підвищує ліпопероксидацію.

Отже, інтенсивність процесів ПОЛ у нирках (зростання вмісту дієнових кон'югатів, кетодієнів і спряжених трієнів, шиффових основ) значно поглиблюється по мірі дії на організмі лазерного опромінення, що може супроводжуватися порушеннями функціонування цього органу з розвитком ендо-

токсикозу. Для зниження прооксидантної дії лазерного опромінення доречно вводити природні антиоксиданти, зокрема ПНЖК, проте їхній протективний ефект залежить від схеми введення поряд з опроміненням.

Оскільки вторинні продукти ПОЛ здатні взаємодіяти з аміногрупами протеїнів, утворюючи високомолекулярні агрегати [1], то їх утворення може стати пусковим фактором підвищення проникності мембран і дисфункції мембранних протеїнів, які підвищують генерацію супероксидного радикала ($O_2^{\cdot-}$). При цьому, самі ж протеїни можуть окиснюватися за дії активних форм кисню. Щоб перевірити дане припущення нами досліджено ОМП, основними маркерами якої є карбонільні похідні та вільні SH-групи протеїнів.

Аналіз результатів проведених досліджень показав, що за дії лазерного опромінення в ділянці черевної порожнини, спостерігається підвищення рівня карбонільних похідних протеїнів у постнуклеарній фракції нирок щурів, яке посилюється зі збільшенням терміну опромінення (рис. 4).

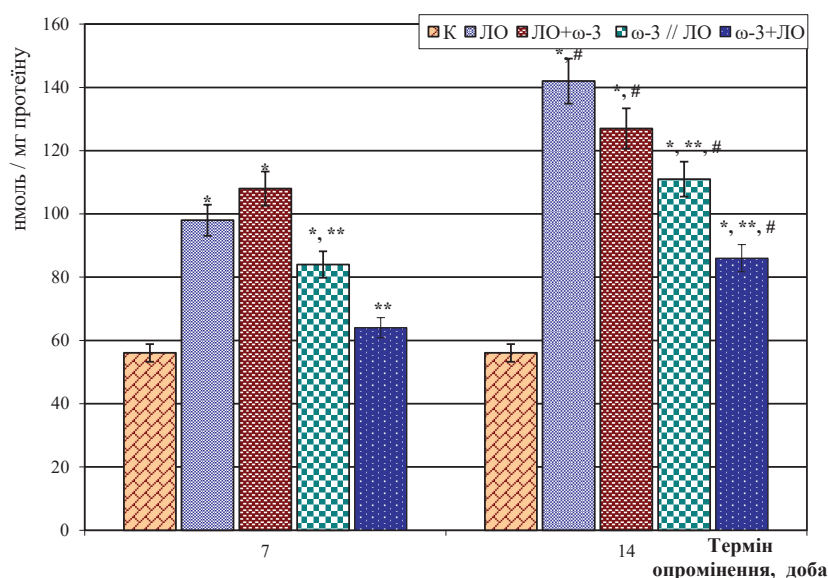


Рис. 4. Рівень карбонільних похідних у постнуклеарній фракції нирок щурів за дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та ω -3 поліненасичених жирних кислот

Накопичення протеїнових карбонільних похідних свідчить про низьку активність протеазних систем, які б утилізували окиснені протеїни. Поряд з цим, у постнуклеарній фракції нирок знижується рівень протеїнових сульфгідрильних груп у опроміненних щурів (рис. 5), що підтверджує інтенсифікацію ОМП за дії лазерного діюду.

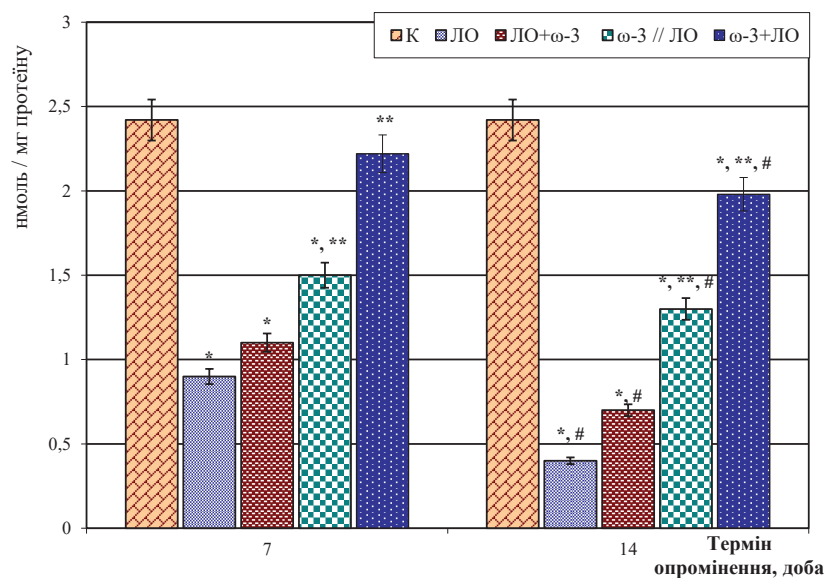


Рис. 5. Рівень білкових SH-груп у постнуклеарній фракції нирок щурів за дії низькоінтенсивного лазерного опромінення та ω -3 поліненасичених жирних кислот

Корекцію встановлених змін проводили шляхом введення ω -3 ПНЖК. Встановлено, що коригувальний ефект ω -3 ПНЖК залежить від режиму їх введення. Результати дослідження показали, що найкраще ω -3 ПНЖК проявляють свою коригувальну функцію за умов їхнього введення після дії низькоінтенсивного лазерного опромінення. Так, у цієї групи тварин рівні карбонільних похідних (рис. 4) та SH-груп протеїнів (рис. 5) не відрізнялися від показників контролю на 7-у добу опромінення, а на 14-у добу опромінення вміст карбонільних похідних підвищувався у 1,5 рази (рис. 4), а SH-груп знижувався у 1,2 рази (рис. 5) порівняно з контролем. Встановлений факт підтверджується рівнем шиффових основ, які утворюються при взаємодії вторинних продуктів ПОЛ з протеїновими групами (рис. 3).

Під час застосування ω -3 ПНЖК після закінчення дії опромінення спостерігалось підвищення ОМП, що виражалось збільшенням рівня карбонільних похідних (рис. 4) та зниженням вмісту SH-груп протеїнів (рис. 5). При чому, ці результати не відрізнялися від показників групи опромінених тварин, яким не вводили ω -3 ПНЖК.

Введення ω -3 ПНЖК за дві години до дії лазерного опромінення призводило до підвищення рівня протеїнових карбонільних груп (рис. 4) та зниження SH-груп протеїнів (рис. 5) у постнуклеарній фракції нирок щурів порівняно з показниками інтактних тварин, проте такі зміни маркерів ОМП не досягли рівня показників групи опромінених тварин, яким не вводили ω -3 ПНЖК. Очевидно, реакції вільних радикалів, що утворюються після короточасного

опромінення, спочатку швидко припиняються антиоксидантними окисно-відновними циклами за дії ω -3 ПНЖК [3]. Однак у певних випадках та певних клітинних середовищах вільні радикали можуть ініціювати ланцюгові реакції, які посилюватимуть ефекти початкового окиснення, викликаного опроміненням, що призводить до серйозних порушень, які впливають на основну функцію клітин нирок.

Отже, дія лазерного опромінення у ділянку черевної порожнини тварин супроводжується інтенсифікацією процесів ПОЛ і ОМП у постнуклеарній фракції нирок шурів. При введенні ω -3 ПНЖК спостерігається зниження вільнорадикальних процесів у нирках. Ефективність антиоксидантних властивостей ω -3 ПНЖК залежить від схеми їх введення. Найвищий протективний ефект ω -3 ПНЖК проявляють за умов їх попереднього введення перед застосуванням лазерного дію.

Висновки

1. Цілеспрямоване низькоінтенсивне лазерне опромінення в анатомічну ділянку черевної порожнини проявляє деструктивний вплив на клітинні мембрани нирок, що виражається підвищенням первинних, вторинних та кінцевих продуктів ПОЛ у фосфоліпідних екстрактах та підвищенням інтенсивності ОМП.

2. ω -3 ПНЖК здатні здійснювати коригувальну дію на вплив низькоінтенсивного лазерного опромінення, яка залежить від схеми їх введення. Найвищий антиоксидантний ефект ω -3 ПНЖК спостерігався у групи тварин, яким ліпофільні нутрієнти вводили попередньо до дії лазерного опромінення, оскільки після семиденного опромінення інтенсивність ПОЛ та ОМП не відрізнялася від показників контролю з наступним незначним підвищенням на 14-у добу.

Стаття надійшла до редакції 15.08.2021

Список використаної літератури

1. Abu-Dief A.M. A review on versatile applications of transition metal complexes incorporating Schiff bases. / A. M. Abu-Dief, I.M.A. Mohamed // Beni Suef Univ J Basic Appl Sci. – 2015. – Vol. 4(2). – P. 119–133.
2. Asiran S. Z. The evaluation of long-pulsed Nd: YAG laser efficacy and side effects in the treatment of cutaneous vessels on the face and legs. / S. Z. Asiran, I. N. Fisek // J Cosmet Dermatol. – 2020. – Vol. 19. – P. 1656–1661.
3. Cholewski M. A comprehensive review of chemistry, sources and bioavailability of omega-3 fatty acids. / M. Cholewski, M. Tomczykowa, M. Tomczyk // Nutrients. – 2018. – Vol. 10(11). – 1662.
4. Edition E. Guide for the care and use of laboratory animals. Washington: the national academies press, 2011. – 246 p.
5. Gutiérrez S. Effects of omega-3 fatty acids on immune cells. / S. Gutiérrez, S. L. Svahn, M. E. Johansson // Int J Mol Sci. – 2019. – Vol. 20. – P. 5028.
6. Hein S. Thermal effects of Ho: YAG laser lithotripsy during retrograde intrarenal surgery and percutaneous nephrolithotomy in an ex vivo porcine kidney model. / S. Hein, R. Petzold, R. Suarez-Ibarrola et al. // World J Urol. – 2020. – Vol. 38(3). – P. 753–760.
7. Hsiao C. Y. Laser ablation and topical drug delivery: a review of recent advances. / C. Y. Hsiao, S. C. Yang, A. Alalawi, J. Y. Fang // Expert Opin Drug Deliv. – 2019. – Vol. 16. – P. 937–952.

8. Kalashnikova N. G. Management and prevention of laser complications in aesthetic medicine: An analysis of the etiological factors. / N. G. Kalashnikova, M. Jafferany, T. Lotti // *Dermatol Ther.* – 2021. – Vol. 34(1). – P. e14373.
9. Masuda Y. Free radical production by femtosecond laser lens irradiation in porcine eyes. / Y. Masuda, T. Igarashi, K. Oki et al. // *J Cataract Refract Surg.* – 2019. – Vol. 45. – P. 1168–1171.
10. Murphy M. E. Oxidation state of tissue thiol groups and content of protein carbonyl groups in chickens with inherited muscular dystrophy. / M. E. Murphy, J. P. Kehrer // *Biochem J.* – 1989. – Т. 260. – P. 359–364.
11. Волчегорский И. А. Сопоставление различных подходов к определению продуктов перекисного окисления липидов в гептан-изопропанольных экстрактах крови. / И. А. Волчегорский, И. А. Налимов, Б. Г. Яровинский и др. // *Вопр. мед. хим.* – 1989. – Т. 35, № 1. – С. 127–131.
12. Дубинина Е. Е. Окислительные модификации белков сыворотки крови человека, метод ее определения. / Е. Е. Дубинина, С. О. Бурмистров, Д. А. Ходов, И. Г. Поротов // *Вопросы медицинской химии.* – 1995. – Т. 1. – С. 24–26.
13. Кеца О. В. Вплив лазерного опромінення на ксантинооксидазну активність та генерацію супероксидного радикала в цитозольній фракції печінки щурів-пухлиноносців. / О. В. Кеца, Н. Б. Куцак, М. М. Марченко // *Біол. тварин.* – 2020. – Т. 22, № 2. – С. 54–57.
14. Львовская Е. И. Спектрофотометрическое определение конечных продуктов перекисного окисления липидов / Е. И. Львовская, И. А. Волчегорский, С. Е. Шемяков // *Вопр. мед. хим.* – 1991. – № 3. – С. 92–93.

О. В. Кеца, М. М. Марченко, О. А. Самуляк

Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича,
Інститут біології, хімії та біоресурсів, кафедра біохімії та біотехнології,
вул. Коцюбинського, 2, Чернівці, Україна,

**ІНТЕНСИВНІСТЬ ВІЛЬНОРАДИКАЛЬНИХ ПРОЦЕСІВ
У ПОСТНУКЛЕАРНІЙ ФРАКЦІЇ НИРОК ЩУРІВ
ЗА ДІЇ ЛАЗЕРНОГО ОПРОМІНЕННЯ ТА ω -3
ПОЛІЕНАСИЧЕНИХ ЖИРНИХ КИСЛОТ**

Резюме

Проблема. Дія лазерного опромінення на організм може призводити до локальних пошкоджень тканин, що супроводжуватимуться змінами біохімічних процесів, які відбуваються у нирках. Напрямок цих змін до кінця незрозумілий, тому актуальним залишається дослідження вільнорадикальних процесів окиснення ліпідів та протеїнів, як основних маркерів оксидативного стресу в організмі, та їх корекція ω -3 поліенасиченими жирними кислотами (ПНЖК).

Мета – оцінити інтенсивність пероксидного окиснення ліпідів та окиснювальної модифікації протеїнів у постнуклеарній фракції нирок щурів за дії лазерного опромінення та додаткового введення ω -3 ПНЖК.

Методи. У дослідженнях використовували білих безпородних щурів, яких щоденно протягом 4-х хвилин опромінювали лазерним діодом довжиною хвилі 650 нм, потужністю 50 мВт у ділянку черевної порожнини на відстані 10 см від поверхні шкіри. Стан пероксидного окиснення ліпідів (ПОЛ) визначали за рівнем первинних, вторинних та кінцевих продуктів. Інтенсивність окиснювальної модифікації протеїнів (ОМП) оцінювали за рівнем карбонільних похідних та протеїнових SH-груп. Для корекції прооксидантного стану тваринам додатково вводили ω -3 ПНЖК.

Основні результати. Низькоінтенсивне лазерне опромінення проявляє деструктивний вплив на клітинні мембрани нирок, що виражається підвищенням

первинних, вторинних та кінцевих продуктів ПОЛ у фосфоліпідних екстрактах та підвищенням інтенсивності ОМП. Введення ω -3 ПНЖК знижує вільнорадикальні процеси в нирках опромінених щурів, проте цей ефект залежить від схеми їх введення. ω -3 ПНЖК не проявляють антиоксидантного ефекту за умов їхнього введення після лазерного опромінення. Щоденне введення ω -3 ПНЖК за дві години до опромінення проявляє незначний антиоксидантний ефект лише на початкових етапах опромінення. Попереднє семиденне введення ω -3 ПНЖК перед лазерним опроміненням є найефективнішим, оскільки сприяє зниженню вільнорадикальних процесів.

Висновки. Встановлено, що ω -3 ПНЖК здатні здійснювати коригувальну дію на вплив низькоінтенсивного лазерного опромінення, яка залежить від схеми їх введення. Найвищий антиоксидантний ефект спостерігається у групи тварин, яким ω -3 ПНЖК вводили попередньо до дії лазерного опромінення.

Ключові слова: окиснювальна модифікація протеїнів; пероксидне окиснення ліпідів; лазерне опромінення; поліненасичені жирні кислоти; нирки.

O. V. Ketsa, M. M. Marchenko, O. A. Samuliak

Fedkovich Chernovtsy National University, Institute of Biology,
Chemistry and Bioresources, Department of Biochemistry and Biotechnology,
2 Kotsyubinskyi Str., Chernovtsy, Ukraine

INTENSITY OF FREE RADICAL PROCESSES IN THE POSTNUCLEAR FRACTION OF RAT KIDNEYS UNDER INFLUENCE OF LASER IRRADIATION AND ω -3 POLYUNSATURATED FATTY ACIDS

Abstract

Introduction. The effect of laser irradiation on the body can lead to local tissue damage, which will be accompanied by changes in biochemical processes that occur in the kidneys. The direction of these changes is completely unclear, so the study of free radical oxidation of lipids and proteins as the main markers of oxidative stress in the body and their correction by ω -3 polyunsaturated fatty acids (PUFA) remains relevant.

Aim. To evaluate the intensity of lipid peroxidation and oxidative modification of proteins in the postnuclear fraction of rat kidneys under the action of laser irradiation and additional administration of ω -3 PUFA.

Methods. The studies used white outbred rats, which were irradiated daily for 4 minutes with a laser diode with a wavelength of 650 nm, power of 50 mW in the abdominal cavity at a distance of 10 cm from the skin surface. The state of lipid peroxidation (LPO) was determined by the level of primary, secondary and final products. The intensity of oxidative modification of proteins (OMP) was evaluated by the level of carbonyl derivatives and protein SH-groups. To correct the prooxidant state, the animals were additionally injected with ω -3 PUFA.

Results. Low-intensity laser irradiation has a destructive effect on the cell membranes of the kidneys, which is expressed by an increase in primary, secondary and final products of LPO in phospholipid extracts and an increase in the intensity of

OMP. The introduction of ω -3 PUFAs reduces free radical processes in the kidneys of irradiated rats, but this effect depends on the scheme of their introduction. ω -3 PUFAs do not show antioxidant effect under the conditions of their introduction after laser irradiation. Daily administration of ω -3 PUFA two hours before irradiation shows a slight antioxidant effect only in the initial stages of irradiation. Preliminary seven-day administration of ω -3 PUFA before laser irradiation is the most effective, as it helps to reduce free radical processes.

Conclusion. It is established that ω -3 PUFAs are able to have a corrective effect on the action of low-intensity laser irradiation, which depends on the scheme of their introduction. The highest antioxidant effect is observed in groups of animals to which ω -3 PUFA was previously administered before the action of laser irradiation.

Key words: oxidative modification of proteins; lipid peroxidation; laser irradiation; polyunsaturated fatty acids; kidneys.

References

1. Abu-Dief A.M., Mohamed I.M.A. (2015) "A review on versatile applications of transition metal complexes incorporating Schiff bases", Beni Suef Univ J Basic Appl Sci, 4, pp. 119–133.
2. Asiran S.Z., Fisek I.N. (2020) "The evaluation of long-pulsed Nd: YAG laser efficacy and side effects in the treatment of cutaneous vessels on the face and legs", J Cosmet Dermatol, 19, pp. 1656–1661.
3. Cholewski M., Tomczykowa M., Tomczyk M. (2018) "A comprehensive review of chemistry, sources and bioavailability of omega-3 fatty acids", Nutrients, 10(11), pp. 1662.
4. Edition E. (2011) "Guide for the care and use of laboratory animals. Washington: the national academies press", 246 p.
5. Gutiérrez S., Svahn S.L., Johansson M.E. (2019) "Effects of omega-3 fatty acids on immune cells", Int J Mol Sci, 20, pp. 5028.
6. Hein S., Petzold R., Suarez-Ibarrola R. et al. (2020) "Thermal effects of Ho: YAG laser lithotripsy during retrograde intrarenal surgery and percutaneous nephrolithotomy in an ex vivo porcine kidney model", World J Urol, 38, pp. 753–760.
7. Hsiao C.Y., Yang S.C., Alalawi A., Fang J.Y. (2019) "Laser ablation and topical drug delivery: a review of recent advances", Expert Opin Drug Deliv, 16, pp. 937–952.
8. Kalashnikova N.G., Jafferany M., Lotti T. (2021) "Management and prevention of laser complications in aesthetic medicine: An analysis of the etiological factors", Dermatol Ther, 34, pp. e14373.
9. Masuda Y., Igarashi T., Oki K. et al. (2019) "Free radical production by femtosecond laser lens irradiation in porcine eyes", J Cataract Refract Surg, 45, pp. 1168–1171.
10. Murphy M.E., Kehrer J.P. (1989) "Oxidation state of tissue thiol groups and content of protein carbonyl groups in chickens with inherited muscular dystrophy", Biochem J, 260, pp. 359–364.
11. Volchegorsky I.A., Nalimov A.G., Yarovinsky B.G., Lifshitz R.I. (1989) "Comparison of different approaches to the definition of LPO products in heptane – isopropanol blood extracts" ["Sopostavlenye razlychnukh podkhodov k opredeleniyu produktov perekysnoho okysleniya lypydov v heptan-yzopropanolnkh ekstraktakh krovy"], Vopr. med. chem, 35, pp. 127–131.
12. Dubinina E.E., Burmistrov S.O., Khodov D.A., Porotov I.G. (1995) "Oxidative modifications of human serum proteins, a method for its determination" ["Okyslytelnye modyfikatsyy belkov suvorotky krovy cheloveka, metod ee opredeleniya"], Vopr. med. chem., 1, pp. 24–26
13. Ketsa O.V., Kutsak N.B., Marchenko M.M. (2020) "Effect of laser radiation on xanthine oxidase activity and superoxide radical generation in rat liver cytosol fraction" ["Vplyv lazernoho oprominennia na ksantynoksydaznu aktyvnist ta heneratsiiu superoksydnoho radykala v tsytzolnii fraktsii pechinky shchuriv-pukhlynonosiiv"], Biol. Tvarin, 22, pp. 54–57.
14. Lvovskaya E.I., Volchegorsky I.A., Shemyakov S.E. (1991) "Spectrophotometric determination of end products of lipid peroxidation" [Spektrofotometoycheskoe opredelenye konechnykh produktov perekysnoho okysleniya lypydov], Vopr. med. chem., 3, pp. 92–93.

doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246873

УДК 577.1 582.661.15:577.115.083(3)

Н. А. Кириленко¹, к. б. н., доцент

Ф. П. Ткаченко¹, д. б. н., професор

О. О. Молодченкова¹, д. б. н., старший науковий співробітник

С. В. Баєва², студент

¹Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна, e-mail: olgamolod@ukr.net

²Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, біологічний факультет, кафедра ботаніки, Шампанський пров., 2, Одеса, Україна, e-mail: kiril-ko@ukr.net

БІОЛОГІЧНО АКТИВНІ СПОЛУКИ *SALSOLA TRAGUS* L. (CHENOPODIACEAE) ЯК ПЕРСПЕКТИВНОГО ФАРМАКОЛОГІЧНОГО ОБ'ЄКТА УКРАЇНИ

В статті наведено інформацію про якісний та кількісний вміст біологічно активних компонентів трави *Salsola tragus* L., зокрема ліпідів та їх жирних кислот, вуглеводів, сумарно фенольних сполук та їх окремих складових (фенолокислот, кумарину і флавоноїдів), загальний титр кислотності. Встановлено, що *S. tragus* може слугувати джерелом фенольних сполук та ряду ненасичених жирних кислот, перспективних для медичного використання.

Ключові слова: трава *S. tragus*; біологічно активні компоненти (фенольні сполуки, ліпіди, жирні кислоти, вуглеводи); значення для медицини.

Рослини екстремальних місць зростання в Україні займають значні площі. У їх складі домінують представники родини Chenopodiaceae Vent., яка налічує близько 34 видів із 12 родів [15]. В наш час все більше уваги приділяється дослідженню лікарських рослин цієї родини. Це викликано великою кількістю випадків непереносимості ряду синтетичних препаратів, побічними явищами при їх застосуванні, а іноді виникненням так званої «лікарської хвороби». Рослинні ж препарати краще переносяться і можуть застосовуватися тривалий час.

Зі складу родини Chenopodiaceae важливі фармакологічні властивості мають представники роду *Salsola* L. Зараз активно досліджуються хімічний склад та фармакологічні властивості солянок зі створенням на їх основі лікарських препаратів [9, 13, 16].

Так, наприклад, вивчення солянки іберійської (*Salsola iberica* L.) засвідчило наявність у ній різноманітних хімічних сполук (вуглеводів, органічних кислот, сапонінів, алкалоїдів, флавоноїдів, жирних кислот тощо), які проявляють антиоксидантну активність та мають гепатопротекторний вплив [2].

Представники роду *Salsola* Richter є відомими алкалоїдоносами, які застосовуються в традиційній китайській і тибетській медицині (гіпотензивна та ранозагоювальна дія). Як показали проведені дослідження [17], основну фармакологічну активність має комплекс речовин, що виділяють з надземної частини солянки. Зокрема, це флавоноїди та азотисті основи, а також каротиноїди, стерини, сапоніни, ліпіди, амінокислоти і мікроелементи. Препарати на їх основі мають заспокійливу, легку снодійну, зміцнювальну, потогінну, м'яку проносну і протиглисну дію [1, 18]. Значну фармакологічну цінність солянок представляють також їх фенольні сполуки [16]. Наприклад, із надземної частини курая пагорбкового (*Salsola collina* L.) були виділені біологічно активні речовини (БАР) салсоколін і лохеїн та запропоновані як фітокомплексні біодобавки. Наводяться дані про їх гепатопротекторну активність, мембраностабілізуючу і антинекротозогенну дію [3, 12].

В цілому, фармакологічна дія *S. collina* зумовлена комплексом БАР, найважливішими з яких є бетаїн, фітостерини, флавоноїди, каротиноїди, глікозиди, алкалоїди ізохінолінового походження, інуліни, сапоніни, кетодікарбонові кислоти, біля двох десятків мікро- та макроелементів: залізо, фосфор, калій, кальцій, магній, цинк, кремній, мідь та інші [18].

Для цієї рослини характерним є дуже високий вміст вищих жирних кислот, зокрема поліненасиченої гама-ліноленової кислоти, яка є попередником простагландинів та енергетичним субстратом у процесі внутрішньоклітинного дихання [3]. У народній та традиційній медицині *S. collina* використовують при хворобах шлунку, тонкої кишки, підшлункової залози, цукровому діабеті, для профілактики та лікування ішемічної хвороби серця, невротичних депресій, атеросклерозу. Особливої уваги набуває виражена гепатопротекторна дія екстракту *S. collina*, яка зумовлена переходом в екстракт гліцинбетаїну, алкалоїдів, флавоноїдів, солей фенолкетодікарбонових кислот, стеринглікозидів та сапонінів [10]. Наведені дані щодо БАР солянок стосуються тих їх видів, які мешкають у Прикаспії, Середній Азії і півдні Сибіру. Відносно причорноморського виду *Salsola tragus* L. в доступній літературі така інформація відсутня.

Тому метою нашого дослідження було з'ясування особливостей хімічного складу надземної частини причорноморського виду солянок *S. tragus* та можливого його використання у медицині.

Матеріали та методи дослідження

Об'єктом дослідження був курай бур'янистий або чіплянковий (*Salsola tragus* L.) з родини Chaenopodiaceae. Ця рослина відноситься до інвазивних і широко розповсюдилася на півдні Європи, в Північній Америці і в помірній зоні Азії. Представляє собою розгалужений сферичної форми кущ – «переко-типоль», в діаметрі до 1,0 м, який при дозріванні відривається і під поривами вітру перекочується, розсіюючи тисячі насінин [8]. Фрагмент куща *Salsola*

tragus, зібраного на узбіччі польової дороги поблизу Тилігульського лиману, показано на рис. 1.

Вміст БАР визначали в сирій рослинній сировині з подальшим перерахунком на абсолютну суху речовину.

Загальний вміст ліпідів визначали екстракційним методом. Жирокислотний склад ліпідів визначали методом газорідинної хроматографії у вигляді метилових ефірів, використовуючи газовий хроматограф GC-16A “Shimadzu” (Японія) з полум’яно-іонізаційним детектором, термостатом з температурою не нижче 200 °С, випаровувачем з температурою не нижче 300 °С, програмним забезпеченням “GC solution”, колонкою THERMO TR-FAME30m x 0.25mm з наповнювачем (70% Суанопропил (equiv) Polysiphenylene-siloxane), газом-носієм азотом не нижче 99,99% чистоти. Вміст жирних кислот виражали в% від суми жирних кислот (ДСТУ ISO 5508–2001).



Рис. 1. Зовнішній вигляд *Salsola tragus*. Фото Н. Кириленко

Вміст вуглеводів визначали антроновим методом [4].

Сумарний вміст фенольних сполук визначали методом Фоліна-Чокальтеу [9]. Як поліфенольний стандарт використовували галову кислоту.

Дослідження якісного складу фенольних сполук та їх похідних (флавоноїдів) трави солянки проводили за кімнатної температури. Для екстракції флавоноїдів використовували 70% етанол та очищену воду. Рослинну сировину подрібнювали до 1–3 мм та настоювали протягом 6 годин.

Якісний склад фенольних сполук досліджуваного виду солянки проводили на вискоєфективному рідинному хроматографі Gilston 305 (France). Інжектор ручний Rheodyne 7125 (USA) з подальшим опрацюванням отриманих результатів за програмою «Мультихром» для Windows. Для ідентифікації використовували етанольні розчини стандартних фенольних сполук.

Визначення титру кислотності проводили розчином щавлевої кислоти [6]. Метод визначення кислотності, що титрується, ґрунтується на нейтралізації кислот, що містяться в продукті, розчином гідроксиду натрію в присутності індикатора фенолфталеїну. Кислотність, що титрується, виражають у відсотках якої-небудь кислоти. Один відсоток відповідає об'єму (см³) водного розчину гідроксиду натрію концентрацією 0,1 моль/дм³, необхідний для нейтралізації 100 г (100 см³) досліджуваного продукту.

Досліди проводилися у 3-кратній біологічній та 3-кратній аналітичній повторностях. Статистичний аналіз результатів досліджень проводили за допомогою програми Libre Office Calc (GNU Lesser General Public Licensev3).

Результати досліджень та їх обговорення

Фенольні сполуки та їх похідні (флавоноїди)

Цікавість до цієї групи сполук пояснюється широким діапазоном їх біологічної дії, широким розповсюдженням у природі і незначною токсичністю або її повною відсутністю [11].

Нами ідентифіковано та кількісно визначено 11 сполук фенольної природи з наземної частини *S. tragus*, з них: 5 фенолокислот (ферулова, корична, кавова, галова, цикорієва) 1 кумарин (ескулетин) і 5 флавоноїдів (кверцетин, рутин, лютеолін-7-глюкозид, гіперозид, гесперидин) (табл. 1.).

Таблиця 1
Якісний та кількісний склад фенольних сполук
трави *S. tragus*

Назва сполуки	Вміст у виділеній суміші (% від суми фенольних сполук)
Корична кислота	7,11
Галова кислота	10,28
Кавова кислота	9,74
Цикорієва кислота	4,16
Ферулова кислота	11,15
Ескулетин	3,21
Гесперидин	13,31
Лютеолін-7-глюкозид	16,89
Гіперозид	9,64
Рутин	11,23
Кверцетин	3,28

Серед фенолокіслот у кількісному співвідношенні переважала ферулова кислота (11,15% від суми фенольних сполук), на другому місці була галова кислота (10,28%). Тоді як за літературними даними в траві солянки іберійської (*Salsola iberica* (Sennen et rau) Botsch) у кількісному відношенні переважала галова кислота (71,01% від суми фенольних сполук) [2]. В іншого виду солянки деревоподібної (*S. dendroides* Pall.) високим вмістом відзначалася хлорогенова кислота (14,68%) [9].

Слід зазначити, що саме вищезгадані кислоти є вихідними сполуками для утворення гідролізованих танінів, що мають потужну антиоксидантну, антимікробну, протизапальну, імуномодулювальну, антимуtagenну, антиракову, гепатопротекторну і адренопролонгуючу активність. Експериментальні дослідження показали, що ці сполуки здатні індукувати вироблення оксиду азоту для макрофагів і активізувати імунокомпетентні клітини, потенціювати вироблення інтерферону клітинами, підтримувати адаптаційно-трофічну функцію нервової системи [6].

Серед флавоноїдів переважав лютеолін-7-глюкозид (16,89%) та геспередин (13,31%), що повністю збігається з вмістом цих речовин у солянки деревовидної (*Salsola dendroides* Pall.) [9]. За фармакологічною дією лютеолін-7-глюкозид проявляє антисклеротичну активність: знижує концентрацію холестерину і β -ліпопротеїдів у крові [7].

Загальний вміст фенольних сполук на 100 г вихідної речовини становив 947,184 мг, а загальний вміст фенольних сполук на 100 г абсолютно сухої речовини – 1120,0 мг (табл. 2).

Таблиця 2

Сумарний вміст фенольних сполук та їх похідних, екстрагованих з наземної частини *Salsola tragus*

Показник	Вміст екстрагованих речовин
Сумарні флавоноїди у вихідній сировині, мкг/г	2063,5 \pm 2,0
Сумарні флавоноїди в абсолютно сухій сировині, мкг/г	2440,0 \pm 2,1
Сумарні фенольні сполуки на 100 г вихідної сировини, мг	947,2 \pm 1,2
Сумарні фенольні сполуки на 100 г абсолютно сухої сировини, мг	1120,0 \pm 1,3

Різноманітність, а також наявність значних кількостей таких цінних біологічно активних речовин, як фенолокіслоти і флавоноїди, дозволяють зробити висновок про високу потенційну цінність трави *Salsola tragus* як сировини для виробництва лікарських засобів.

Крім того, високий вміст флавоноїдів дозволяє запропонувати використовувати їх для створення інноваційних харчових продуктів і продуктів лікувально-профілактичного призначення з підвищеною антиоксидантною активністю. Такі продукти можуть нейтралізувати шкідливий вплив окисного стресу.

Ліпіди і вуглеводи

Трава *S. tragus* виявилася досить багатою на ліпідні компоненти. У їх складі було знайдено вісім жирних кислот. Головними за вмістом були ненасичені жирні кислоти, серед яких домінували лінолева (C18:2) та олеїнова (C18:1) – 27,67 і 19,27%, відповідно (табл. 3). Це співпадає з аналогічними даними для іншого виду солянок – *S. iberica* [1].

Вивченню біологічних функцій ліпідів та їх жирних кислот, які є важливими біоефекторами, що регулюють внутрішньоклітинні біологічні реакції та фізіологічні процеси організму, постійно приділяється увага багатьох дослідників. Відомо, наприклад, що лінолева кислота не синтезується організмом людини, але потрібна для здійснення та підтримки ряду процесів життєдіяльності. Саме ненасичені жирні кислоти необхідні для забезпечення структури клітинних мембран і нормалізації їх функцій [14].

Таблиця 3
Кількісний та якісний склад жирних кислот
загальних ліпідів трави *S. tragus*

Кислота	Вміст (% от суми жирних кислот)
Пальмітинова, C16:0	8,53 ± 0,12
Стеаринова, C18:0	2,39 ± 0,05
Олеїнова, C18:1	19,27 ± 0,21
Лінолева, C18:2	27,67 ± 0,25
Ліноленова, C18:3	11,96 ± 0,13
Арахінова, C20:0	1,6 ± 0,02
Гадолеїнова, C20:1	5,89 ± 0,20
Бегенова, C22:0	5,14 ± 0,13
Сума насичених жирних кислот	17,66 ± 0,21
Сума ненасичених жирних кислот	64,79 ± 0,37
Інші жирні кислоти	17,55 ± 0,12

Вони беруть участь у клітинному диханні, оскільки затримують у біомембранах кисень, який захищає клітини від бактеріального забруднення, негативного впливу вільних радикалів тощо [10]. У досліджуваній траві *S. tragus* сумарний вміст ненасичених жирних кислот (64,79%) перевищував вміст насичених (17,66%).

Встановлено, що у *S. tragus* стеаринова (C18:0) і арахінова кислоти (C20:0) були присутні в мінімальних кількостях.

Вміст сумарних вуглеводів у процентному співвідношенні переважав вміст ліпідів (табл. 4).

Таблиця 4

Сумарний вміст ліпідів і вуглеводів, екстрагованих з наземної частини *S. tragus*, титр кислотності

Показник	Вміст екстрагованих речовин, %
Сумарні ліпіди у вихідній сировині	3,81 ± 0,04
Сумарні ліпіди в абсолютно сухій сировині	4,50 ± 0,05
Загальна волога	15,43 ± 0,07
Сумарні вуглеводи у вихідній сировині	7,02 ± 0,03
Сумарні вуглеводи в абсолютно сухій сировині	8,31 ± 0,05
Титр кислотності (за щавлевою кислотою) у вихідній сировині	1,52 ± 0,005
Титр кислотності (за щавлевою кислотою) у абсолютно сухій сировині.	1,80 ± 0,006

Вуглеводи виконують енергетичну функцію (утворення АТФ із АДФ), пластичну (беруть участь в утворенні ди-, оліго-, полісахаридів, амінокислот, ліпідів, нуклеотидів) і детоксикаційну (похідні глюкози, глюкуроніди, беруть участь у знешкодженні токсичних метаболітів і ксенобіотиків) [4].

Загальна кислотність

Кислотність є одним з показників якості сировини, напівфабрикатів і готових виробів і характеризує ступінь їх свіжості. Кількість кислих складових частин продукту – так звана загальна кислотність, або кислотність, що титрується, визначається у досить широких межах. Під загальною кислотністю розуміють вміст у продукті всіх кислот та їх кислих солей, що реагують з лугом при титруванні. У сировині ці коливання залежать від виду рослин, їх зрілості, кліматичних умов та інших чинників.

Органічні кислоти утворюються у рослинах на різних етапах обміну речовин. Вони розчинені у клітинному соці і зустрічаються як у вільному стані, так і у складі солей та ефірів зі спиртами. Відіграючи важливу роль в обмінних процесах, органічні кислоти слугують вихідними сполуками для синтезу вуглеводів, амінокислот, ліпідів та інших речовин. Багато органічних кислот, розчиняються у воді і є важливими хімічними компонентами у складі різноманітних харчових продуктів. Зокрема, найбільш поширеними в них є яблучна та лимонна кислоти.

За нашими дослідженнями, титр кислотності (за щавлевою кислотою) у вихідній сировині становив 1,52%, а титр кислотності у абсолютно сухій сировині – 1,80%.

Висновки

1. Проведено комплексне дослідження складу біологічно активних речовин трави *Salsola tragus* флори північно-західного Причорномор'я. Ідентифіковано 4 класи речовин: фенольні сполуки, в яких у кількісному співвідношенні переважала ферулова кислота, ліпіди з мажорними ненасиченими жирними кислотами лінолевою, олеїною і ліноленою, вуглеводи та флавоноїди.

2. Загальний титр кислотності сировини рослинної сировини *S. tragus* становив 1,52%, а сухої – 1,80%.

3. На основі комплексного дослідження складу трави *Salsola tragus* встановлено, що цей вид має схожі з іншими видами роду *Salsola* якісні та кількісні параметри і його можна рекомендувати до використання як рослинного джерела біологічно активних речовин для подальшого виробництва нових фітопрепаратів.

Стаття надійшла до редакції 17.10.2021

Список використаної літератури

1. Аминова А.А. Элементный состав травы солянки иберийской *Salsola iberica* (Semen end Pau) Botsch. / А.А. Аминова, О.Н. Денисенко, С.С. Ляшенко // Современная фармация: проблемы и перспективы развития: материалы V Межрегиональной науч.- практ. конф. с междунар. участием 29–30 мая 2015 г. – Владикавказ, 2015. – С. 17–21.
2. Аминова А.А. Определение антиоксидантной активности извлечений из травы солянки иберийской (южной) *Salsola iberica* (Sennen et rau) Botsch. (*S. australis* R. BR.) / А.А. Аминова // Разработка, исследование и маркетинг новой фармацевтической продукции. – Пятигорск: Знание, 2016. – С. 4–5.
3. Венгерский А.И. Влияние экстракта из надземной части *Salsola collina* (Chenopodiaceae) и силимарина на функции печени при экспериментальной модели вирусного гепатита / А.И. Венгерский, А.Н. Мелентьева, В.Н. Буркова // Растительные ресурсы. – 2008. – Т. 44, № 2. – С. 116–122.
4. Виноградова Р.П. Вуглеводи / Р.П. Виноградова // Енциклопедія Сучасної України: електронна версія [веб-сайт] / гол. редкол.: І.М. Дзюба, А.І. Жуковський, М.Г. Железняк та ін.; НАН України, НТШ. – Київ: Інститут енциклопедичних досліджень НАН України, 2006. URL: https://esu.com.ua/search_articles.php?id=30077 (дата звернення: 04.10.2021)
5. ДСТУ ISO 5508–2001. Національний стандарт України. Жири та олії тваринні і рослинні. Аналізування методом газової хроматографії метилових ефірів жирних кислот.
6. Лупсандоржиева П.Б. Определение галловой кислоты в многокомпонентных растительных средствах методом ВЕНЗНКН / П.Б. Лупсандоржиева, Н.Б. Болданова, Д.В. Попов // Химия раст. сырья. – 2013. – № 3. – С. 173–176.
7. Моисеев Д.В. Идентификация флавоноидов в растениях методом ВЭЖХ / Д.В. Моисеев, Г.Н. Бузук, В.Л. Шелото // Химико-фармацевтический журнал. – 2011. – Т. 45, № 1. – С. 35–38.
8. Плантаріум. Растения и лишайники России и сопредельных стран: открытый онлайн атлас и определитель растений. 2007–2021. <https://www.plantarium.ru/lang/en/page/view/item/33439.html>
9. Петросян И.Б. Изучение фенольных соединений из травы солянки древовидной методом высокоэффективной жидкостной хроматографии / И.Б. Петросян // Известия вузов Северо-Кавказского региона. – 2006. – С. 51–52.
10. Рагино Ю.И. Антиоксидантный эффект семян *Salsola collina* / Ю.И. Рагино, К.В. Свиридов, Е.В. Каштанова // Бюллетень СО РАМН. – 2005. – № 3 (117). – С. 112–114.

11. Сажина Н. Н. Измерение суммарного содержания фенольных соединений в различных частях лекарственных растений / Н. Н. Сажина, В. М. Мисин // Химия растительного сырья. – 2011. – № 3. – С. 149–152.
12. Саратіков А. С. Гепатозахисні властивості солянки холмової / А. С. Саратіков, А. І. Венгерівський, В. С. Чучалін // Хіміко-фармацевтичний журнал. – 2000. – № 6. – С. 38–40.
13. Сырчина А. Ж. Флавоноиды *Salsola collina* / А. Ж. Сырчина, А. Л. Верещагин, М. Ф. Ларин // Химия природных соединений – 1989. – № 5. – С. 21–22.
14. Шульга Л. І. Жирнокислотний склад лікарських рослинних зборів / Л. І. Шульга, І. О. Журавель, Т. С. Безценна // Фітотерапія. Часопис – № 2. – 2012. – С. 69–74.
15. Mosyakin S. L. Vascular plants of Ukraine: A nomenclatural checklist / S. L. Mosyakin, M. M. Fedoronchuk. – Kiev: Nayka, 1999. – 346 p.
16. Nikiforov S. B. Effect of an Aqueous Extract of *Salsola collina* on the Course of Experimental Cholelithiasis in Rabbits / S. B. Nikiforov, A. A. Semenov, A. I. Syrchina // Pharm. Chem. Journ. – 2002. – V. 36, № 9. – P. 496–499.
17. Sokolowska-Krzaczek A. K. Variation of phenolic acids from herb and roots of *Salsola kali* L. / A. K. Sokolowska-Krzaczek, K. Skalicka-Wozniak, K. Czubkowska // Acta societatis botanicorum poloniae. – 2009. – V. 78, № 3. – P. 197–201.
18. Zbao Y. X. Studies on the alkaloids from *Salsola collina* Pall. / Y. X. Zbao, X. B. Ding // Phytoter. Pes. – 2004. – V. 18, № 8. – P. 598–600.

Н. А. Кириленко², Ф. П. Ткаченко², О. О. Молодченкова¹, С. В. Басва²

¹Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна, e-mail: olgamolod@ukr.net

²Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра ботаніки, вул. Дворянська, 2, Одеса, 65082, Україна, e-mail: kiril-ko@ukr.net

БІОЛОГІЧНО АКТИВНІ СПОЛУКИ *SALSOLA TRAGUS* L. (СHENOPODIACEAE) ЯК ПЕРСПЕКТИВНОГО ФАРМАКОЛОГІЧНОГО ОБ'ЄКТА УКРАЇНИ

Резюме

Актуальність. Оцінка якісного складу та вмісту біологічно-активних сполук трави *Salsola tragus* як перспективної сировини для фармацевтичної промисловості.

Мета. З'ясувати хімічний склад надземної частини причорноморського виду солянок *S. tragus* та можливого його використання в медицині.

Матеріали та методи. Дослідження біологічно активних речовин *S. tragus* були проведені влітку 2020 р. Зразки трави зібрані уздовж польової дороги поблизу узбережжя Тилігульського лиману. Аналізували надземну біомасу виду. Загальний вміст ліпідів та їх жирнокислотний склад, вміст вуглеводів, фенольних сполук та їх похідних досліджували за загальноприйнятими методиками. Титр кислотності визначали за допомогою розчину щавлевої кислоти.

Основні результати. Ідентифіковано і визначено кількісно 11 сполук фенольної природи, з них 5 фенолокислот (ферулова, корична, кавова, галова і цикорієва), 1 кумарин (ескулетин) і 5 флавоноїдів (кверцетин, рутин, лютеолін-7-глюкозид, гіперозид, гесперидин). У складі фенолокислот переважали ферулова та галова кислоти. Серед флавоноїдів переважали лютеолін-7-глюкозид та гесперидин. Трава *S. tragus* виявилася досить багатою на ліпідні компоненти. У їх складі було знайдено 8 жирних кислот. За вмістом переважали ненасичені жирні кислоти з домінуванням лінолевої та олеїнової – 27,67 і 19,27% відповідно.

Найбільший вміст серед досліджуваних біологічно активних сполук *S. tragus* належить сумарним вуглеводам (8,31%). Титр кислотності сировини дорівнював 1,8%.

Висновки. На основі комплексного дослідження біологічно активних речовин трави *S. tragus* можна зробити висновок про можливість використання її як джерела фенольних сполук, зокрема флавоноїдів, що володіють значною антиоксидантною, протизапальною, протипухлинною, протипроменевою активністю та олеїнової кислоти, яка позитивно впливає на обмін холестерину і есенціальних жирних кислот (ω -3 і ω -6) для виробництва нових фітопрепаратів.

Ключові слова: трава *S. tragus* L., біологічно активні компоненти (фенольні сполуки, ліпіди, жирні кислоти, вуглеводи), значення для медицини.

N.A. Kyrylenko¹, F.P. Tkachenko², O. O. Molodchenkova¹, S. V. Baieva²

¹Plant Breeding and Genetics Institute – National Centre of Seed and Cultivar Investigation, 3 Ovidiopolska doroga, Odesa, Ukraine, 65036, e-mail: olgamolod@ukr.net

²Odesa National Mechnykov University, Department of Botany, 2 Dvorianska Str., Odesa, Ukraine, 65082, e-mail: kiril-ko@ukr.net

BIOLOGICAL ACTIVE COMPOUNDS *SALSOLA TRAGUS* L. (CHENOPODIACEAE) AS A PROMISING PHARMACOLOGICAL OBJECT OF UKRAINE

Abstract

Introduction. Evaluation of high-quality composition and content of biologically active compounds of *Salsola tragus* grass as promising raw materials for the pharmaceutical industry.

Aim. To determine the chemical composition of the above-ground part of the Black Sea species of *S. tragus* for the purpose of its use in medicine.

Materials and Methods. The study of biologically active compounds *S. tragus* were conducted in the summer of 2020. Grass samples were collected along the field road near the coast of the Tiligul estuary. The above-ground biomass of this species was analysed. The total content of lipids and their fatty acid composition, the content of carbohydrates, phenolic compounds and their derivatives were studied by generally accepted methods. The acidity titre was determined using a solution of oxalic acid.

Main results. 11 compounds of phenolic nature, among which 5 phenoloxides (ferulic, cinnamic, caffeic, gallic and chicoric), 1 coumarin (esculetin) and 5 flavonoids (quercetin, rutin, luteolin-7-glucoside, hyperoside, hesperedin) were identified and quantitatively determined. Ferulic and gallic acid prevail among phenolic acids. Among the flavonoids luteoline-7-glucoside and hesperedin prevailed.

Grass *S. tragus* was quite rich on lipid components. In their composition, 8 fatty acids were found. The content was dominated by unsaturated fatty acids with the domination of linoleic and oleic acids – 27.67 and 19.27% respectively.

The largest content among the investigated biologically active compounds of *S. tragus* belongs to the total carbohydrates (8.31%). The titre of raw material was 1.8%.

Conclusions. On the basis of a comprehensive study of biologically active compounds of grass *S. Tragus* it is possible to conclude that it can be used as a source of phenolic compounds, in particular flavonoids having a significant antioxidant, anti-inflammatory, antitumor, antimony activity, and oleic acid, which positively affects the exchange of cholesterol and essential fatty acids (ω -3 and ω -6) for the production of new phytomedications.

Keywords: grass *S. tragus* L., biologically active components (phenolic compounds, lipids, fatty acids, carbohydrates), value for medicine

References

1. Aminova A. A., Denisenko O. N., Lyashenko S. S. (2015) Elemental composition of Iberian saltwort herb *Salsola iberica* (Semen end Pau) Botsch. [in Russian], Modern pharmacy: problems and development prospects: materials of the V Interregional scientific.– practical. conf. with int. participation on May 29–30 2015, Vladikavkaz, p. 17–21.
2. Aminova A. A. (2016) Determination of the antioxidant activity of extracts from the grass of the Iberian (southern) saltwort *Salsola iberica* (Sennen et pau) Botsch. (*S. australis* R. BR.) [in Russian], Development, research and marketing of new pharmaceutical products, Pyatigorsk: Knowledge, S. 4–5.
3. Vengerovsky A. I., Melent'eva A. N., Burkova V. N. (2008) Effect of the extract from the aerial part of *Salsola collina* (Chenopodiaceae) and silymarin on liver function in an experimental model of viral hepatitis [in Russian], Vegetable resources, V. 44, № 2, S. 116–122.
4. Vinogradova R. P. (2006) Carbohydrates [in Ukrainian], Encyclopedia of Modern Ukraine: electronic version [website], NAS of Ukraine, NTSh, Kyiv: Institute of Encyclopedic Research of the National Academy of Sciences of Ukraine, URL: https://esu.com.ua/search_articles.php?id=30077 (access date: 04.10.2021)
5. DSTU ISO 5508–2001. National standard of Ukraine. Animal and vegetable fats and oils. Analysis by gas chromatography of fatty acid methyl esters [in Ukrainian].
6. Lupsandorzhieva P. B., Boldanova N. B., Popov D. V. (2013) Determination of gallic acid in multicomponent herbal remedies by the VEZHKKH method [in Russian], Khimiya rast. raw materials, № 3, S. 173–176.
7. Moiseev D. V., Buzuk G. N., Shelyuto V. L. (2011) Identification of flavonoids in plants by HPLC method [in Russian], Chemical and Pharmaceutical Journal, V. 45, № 1, S. 35–38
8. Plantarium (2007–2021) Plants and lichens of Russia and neighboring countries: open online galleries and plant identification guide [in Russian]
9. Petrosyan I. B. (2006) Study of phenolic compounds from the herb solyanka tree by high performance liquid chromatography [in Russian], Izvestiya vuzov of the North Caucasian region, S. 52–52.
10. Ragino Yu. I., Sviridov K. V., Kashtanova E. V. (2005) Antioxidant effect of *Salsola collina* seeds [in Russian], Bulletin of the Siberian Branch of the Russian Academy of Medical Sciences, № 3 (117), S. 112–114.
11. Sazhina N. N., Misin V. M. (2011) Measurement of the total content of phenolic compounds in various parts of medicinal plants [in Russian], Chemistry of vegetable raw materials, № 3, p. 149–152.
12. Saratikov A. S., Vengerovsky A. I., Chuchalin V. S. (2000) Hepatoprotective properties of hill salt marsh [in Ukrainian], Chemical-pharmaceutical journal, № 6, P. 38–40.
13. Syrchina A. Zh., Vereshchagin A. L., Larin M. F. (1989) Flavonoids *Salsola collina* [in Russian], Chemistry of natural compounds, № 5, P. 21–22.
14. Shulga L. I., Zhuravel I. O., Beztseva T. S. (2012) Fatty acid composition of medicinal plant collections [in Ukrainian], Phytotherapy Magazine, № 2, P. 69–74.
15. Mosyakin S. L., Fedoronchuk M. M. (1999) Vascular plants of Ukraine: A nomenclatural checklist, Kiev: Nayka, 346 p.
16. Nikiforov S. B., Semenov A. A., Syrchina A. I. (2002) Effect of an Aqueous Extract of *Salsola collina* on the Course of Experimental Cholelithiasis in Rabbits, Pharm. Chem. Journ., V. 36, № 9, P. 496–499.
17. Sokolowska-Krzaczek A. K., Skalicka-Wozniak K., Czubkowska K. (2009) Variation of phenolic acids from herb and roots of *Salsola cali* L., Acta societatis botanicorum poloniae, V. 78, № 3, P. 197–201.
18. Zbao Y. X., Ding X. B. (2004) Studies on the alkaloids from *Salsola collina* Pall., Phytoter. Pes., V. 18, № 8, P. 598–600.

ГІДРОБІОЛОГІЯ ТА ЗАГАЛЬНА ЕКОЛОГІЯ



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246881

УДК 57.034.084:597.556.333.1

Ю. В. Караванський, старший викладач

І. Л. Рижко, к. б. н., доцент

В. В. Заморов, к. б. н., доцент

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,
біологічний факультет, кафедра гідробіології та загальної екології,
вул. Дворянська, 2, Одеса, Україна, e-mail: tetra2000@ukr.net

ЦИРКАДНІ РИТМИ БИЧКА ПІНЧУКА *PONTICOLA CEPHALARGOIDES* (PINCHUK, 1976) В ЛАБОРАТОРНИХ УМОВАХ

Вивчено циркадні ритми бичка Пінчука *Ponticola cephalargoides* (Pinchuk, 1976) в умовах лабораторного утримання. Проведено спостереження в умовах природного освітлення та постійної темряви. Зроблено припущення, що у бичка Пінчука присутні як циркадні ритми, так і екзогенні добові ритми.

Ключові слова: *Ponticola cephalargoides*; циркадні ритми; рухова активність.

Спільною властивістю всіх організмів є ритмічність біологічних процесів. Біологічні ритми забезпечують своєчасну підготовку організму та його систем до прогнозованих періодичних змін умов зовнішнього середовища, узгодженість перебігу фізіологічних процесів, формують тимчасову організацію біологічних систем в їх єдності з неживою природою [3].

Одними з найбільш важливих є циркадні ритми. Це вільно поточні ендогенні ритми, хід коливань яких не визначається якимись зовнішніми періодичними факторами, а генерується внутрішніми автономними процесами [5]. Циркадні ритми є своєрідним внутрішнім годинником, який управляється молекулярними, фізіологічними та поведінковими процесами, що допомагає організму передбачати зміни умов навколишнього середовища та адаптуватися до добових коливань зовнішніх факторів [6]. Наявність внутрішніх механізмів в організмі, які забезпечують таку завчасну підготовку, дає перевагу в боротьбі за виживання [3].

З біологічними ритмами тісно пов'язане таке генетично зумовлене явище, як фотоперіодизм. Динаміка освітленості нерідко є головним чинником, що визначає рівень зростання та розвитку організму, активність живлення, обмін речовин, впливає на гормональну активність [2]. У окремих видів риб тривалий світловий день викликає збільшення виділення гормону росту та зміни ритму харчування [1, 5].

Найчисельнішою групою риб Одеської затоки є родина бичкових (Gobiidae). Бичок Пінчука *Ponticola cephalargoides* (Pinchuk, 1976), який є Понто-Каспійським реліктом, один із перспективних видів риб аматорського лову в Одесько-

му регіоні. Знання добової ритміки, тобто часу найбільшої активності риб, дає можливість більш оптимально використовувати промислові ресурси. Біоритми риб вивчені недостатньо, про циркадні ритми бичка Пінчука дані відсутні взагалі.

Метою роботи було вивчення циркадних ритмів рухової активності бичка Пінчука *Ponticola cephalargoides* (Pinchuk, 1976) в лабораторних умовах.

Матеріали та методи досліджень

Дослідження проводили в акваріальній кафедрі гідробіології та загальної екології Одеського національного університету імені І. І. Мечникова.

Для проведення експерименту використовували акваріум з органічного скла (110 см × 110 см × 50 см); зовнішні фільтри для акваріумної води («Jebo – 803», США); компресор повітряний («Atman HP – 4000», Китай); цифрову мережеву камеру (Hikvision DS-2CD2432F-I, Китай); термометр лабораторний; тести для вимірювання гідрохімічних параметрів («Tetra», Німеччина); холодильник («Titan 2000», Німеччина); обігрівач для акваріуму («Hagen», Канада).

Цифрову камеру було встановлено над акваріумом на висоті 125 см, з таким розрахунком, щоб об'єктив відеокамери охоплював всю площу дна акваріума.

Для утримання риб використовували природну морську воду з гідрохімічними показниками: солоність – 14‰, зміст амонію – <0,005 мг/л, вміст нітритів – <0,005 мг/л, вміст нітратів – <0,05 мг/л, рН – 8,0, вміст кисню – 8,4 мг/л. Для підтримки оптимальних гідрохімічних параметрів кожні 10 днів проводили підміну 1/10 об'єму води в акваріумі. За період досліджень вміст нітратів збільшився до 4 мг/л, інші параметри води залишалися без змін.

Температуру води в акваріумі підтримували на рівні 16 °С, годували риб один раз на добу. Раціон бичків складався з замороженої мідії, риби і мотиля.

Для вивчення активності риб були відібрані особини бичка Пінчука загальною довжиною 12–13 см, спіймані в Одеській затоці в лютому 2021 року на вудку. Після адаптації до перебування в штучних умовах, рибу переміщували в експериментальний акваріум. Група риб складалася з шести самок. Самці, які мають яскраво виражену територіальну поведінку, в експерименті не були задіяні. Заміну риб не проводили.

Експерименти проводили з двома варіантами освітлення – при природному освітленні та при повній цілодобовій відсутності освітлення.

Вимірювання активності риб фіксували за інтервалами тривалістю 1 годину. За одиницю активності обрали середню кількість рухів за годину, які приводили до зміни положення риби. Спостереження для кожного варіанту освітлення проводилися впродовж п'яти діб. Результати спостережень фіксували та переносили до електронної бази даних для подальшого аналізу. Для розрахунку середньої величини кількості рухів за годину проводили фіксацію всіх рухів шести самок за годину. Потім сумарну кількість рухів ділили на шість (кількість самок).

Результати досліджень та їх обговорення

З метою виявлення циркадних ритмів рухової активності бичка Пінчука спостереження за рибами проводили протягом 5 діб. В першій частині експерименту досліди проводили при освітленні. Експериментальний акваріум був розташований таким чином, щоб цілодобово знаходитися за умов природного освітлення. Відеозапис рухової активності риб проводився безперервно. Результати рухової активності бичка Пінчука при природному освітленні представлені в таблиці 1.

Таблиця 1

Середня рухова активність бичка Пінчука при природному освітленні

Час спостережень	Середня кількість рухів					За всі п'ять днів
	Перший день	Другий день	Третій день	Четвертий день	П'ятий день	
00.00–01.00	46,0	60,6	54,3	44,5	65,5	54,2 ± 9,1
01.00–02.00	70,3	57,9	53,0	46,6	70,8	59,7 ± 10,7
02.00–03.00	42,2	62,3	37,9	41,0	72,8	51,2 ± 15,4
03.00–04.00	33,7	37,6	63,1	51,9	56,9	48,6 ± 12,6
04.00–05.00	61,1	46,2	45,9	60,1	55,2	53,7 ± 7,3
05.00–06.00	90,9	56,1	69,8	66,2	72,1	71,0 ± 12,7
06.00–07.00	83,6	40,7	62,6	64,6	108,1	71,9 ± 25,3
07.00–08.00	79,5	58,9	71,3	51,3	96,7	71,5 ± 17,8
08.00–09.00	58,8	47,2	68,7	46,8	75,8	59,5 ± 12,9
09.00–10.00	70,2	52,5	66,9	44,0	64,4	59,6 ± 11,0
10.00–11.00	60,3	38,9	40,1	29,5	43,3	42,4 ± 11,2
11.00–12.00	36,6	22,4	33,1	31,1	24,4	29,5 ± 6,0
12.00–13.00	41,3	31,0	37,8	24,6	41,1	35,2 ± 7,2
13.00–14.00	35,3	29,7	35,0	25,0	24,8	30,0 ± 5,1
14.00–15.00	38,0	23,8	28,1	18,3	13,9	24,4 ± 9,3
15.00–16.00	30,1	20,0	16,9	16,1	12,9	19,2 ± 6,6
16.00–17.00	21,6	31,4	26,7	23,1	31,1	26,8 ± 4,5
17.00–18.00	50,3	23,7	25,2	23,3	55,6	35,6 ± 16,0
18.00–19.00	30,6	38,8	21,5	21,2	26,1	27,6 ± 7,3
19.00–20.00	44,6	48,5	41,1	20,5	24,3	35,8 ± 12,6
20.00–21.00	47,0	48,1	36,8	21,8	31,4	37,0 ± 11,0
21.00–22.00	46,5	38,1	30,7	26,0	33,1	34,9 ± 7,8
22.00–23.00	27,6	45,9	33,3	37,1	36,0	36,0 ± 6,6
23.00–00.00	49,0	52,4	36,3	53,5	55,6	49,4 ± 7,7
Середнє значення за добу	49,8 ± 18,5	42,2 ± 12,9	43,2 ± 16,5	37,0 ± 15,6	49,7 ± 25,3	44,4 ± 15,7

Незалежно від дня проведення досліджень в умовах природного освітлення спостерігали загальну динаміку рухової активності бичка Пінчука. З опівночі і до восьмої години ранку спостерігали поступове збільшення активності. Після піку активності, який припадав на сьому ранку, зазначалося поступове зменшення кількості рухів бичків.

Мінімальне середнє значення рухової активності за весь період спостережень зафіксовано з 15:00 до 16:00 години, воно становило $19,2 \pm 6,6$ рухів за годину. Максимальна величина зафіксована з 06:00 до 07:00 години – $71,9 \pm 25,3$ рухів за годину.

Мінімальне середнє значення кількості рухів було зафіксовано на четвертий день спостережень з 15:00 до 16:00 годин і становило 16,1 рухів за годину, а максимальне – на п'ятий день з 06:00 до 07:00 години, воно становило у середньому 108,1 рухів за годину.

Наступним етапом було проведення спостереження за руховою активністю бичків в умовах постійної темряви (табл. 2). При проведенні спостережень за відсутності освітлення джерело світла повністю перекривалося.

Як і у попередньому випадку, протягом п'яти діб визначали збільшення рухової активності бичків з опівночі до восьмої ранку, з подальшим поступовим її зниженням. За весь період спостережень мінімальне середнє значення рухової активності зафіксовано з 20:00 до 21:00 години, воно становило $15,0 \pm 9,3$ рухів за годину. Максимальне значення зафіксовано з 07:00 до 08:00 години – $77,8 \pm 9,2$ рухів за годину. Мінімальне середнє значення кількості рухів зафіксовано на четвертий день спостережень з 14:00 до 15:00 години, воно становило 8,3 рухів за годину, а максимальне – на четвертий день з 08:00 до 09:00 години, воно становило у середньому 85,1 рухів за годину.

Порівняння середньої рухової активності бичків в цілому за добу в обох режимах спостереження представлено на рис. 1. Згідно з цими даними видно, що активність у постійній темряві в цілому нижче, ніж при природному освітленні. Найбільший рівень активності спостерігали в перший та п'ятий день спостережень.

Рівень активності протягом доби змінювався як при природному освітленні, так і при спостереженні в цілковитій темряві (рис. 2).

При порівнянні двох графіків видно, що в обох випадках максимальне значення рухової активності припадає на першу половину доби. Збереження періодичної активності риб при цілковитій темряві дозволяє припустити ендогенне походження її стимулювання.

Порівняння рухової активності бичків за умов природного освітлення та за постійної темряви вказує, що добовий ритм загалом зберігається. Однак спостерігається запізнювання, яке можна побачити у максимумах та мінімумах активності.

Максимум при природному освітленні припадає на інтервал з 06:00 до 08:00 години, з піком о 7:00, а при постійній темряві пік рухової активності було за-

Таблиця 2

**Середня рухова активність бичка Пінчука
при постійній темряві**

Час спостережень	Перший день	Другий день	Третій день	Четвертий день	П'ятий день	За всі п'ять днів
00.00–01.00	42,8	66,6	44,0	38,9	55,4	49,5 ± 11,3
01.00–02.00	39,6	49,9	34,9	51,4	51,0	45,4 ± 7,6
02.00–03.00	41,8	41,7	33,2	48,8	50,1	43,1 ± 6,8
03.00–04.00	42,8	37,2	36,5	45,6	45,3	41,5 ± 4,4
04.00–05.00	40,2	59,1	33,4	48,6	51,9	46,6 ± 10,0
05.00–06.00	37,2	38,8	35,3	47,5	49,5	41,7 ± 6,4
06.00–07.00	72,3	60,4	57,7	71,7	49,7	62,4 ± 9,7
07.00–08.00	81,6	70,5	66,2	88,3	82,4	77,8 ± 9,2
08.00–09.00	75,4	73,0	57,1	85,1	74,9	73,1 ± 10,1
09.00–10.00	42,4	43,3	48,6	58,3	48,7	48,3 ± 6,3
10.00–11.00	57,7	35,3	40,0	32,4	45,0	42,1 ± 10,0
11.00–12.00	34,5	39,9	31,7	33,0	31,0	34,0 ± 3,6
12.00–13.00	29,0	38,3	19,7	47,3	25,1	31,9 ± 11,0
13.00–14.00	20,9	49,0	31,8	20,8	24,6	29,4 ± 11,8
14.00–15.00	31,7	46,5	30,9	8,3	27,5	29,0 ± 13,7
15.00–16.00	29,7	32,1	18,5	11,3	21,9	22,7 ± 8,5
16.00–17.00	20,9	26,0	15,8	33,6	16,9	22,7 ± 7,3
17.00–18.00	20,4	20,7	12,2	23,1	14,9	18,3 ± 4,5
18.00–19.00	18,4	18,5	16,2	25,3	18,8	19,4 ± 3,5
19.00–20.00	30,6	15,3	17,4	14,1	24,0	20,3 ± 6,9
20.00–21.00	10,7	12,8	10,6	9,3	31,4	15,0 ± 9,3
21.00–22.00	30,6	24,2	19,3	14,3	51,2	27,9 ± 14,3
22.00–23.00	51,2	42,4	29,9	26,4	54,3	40,8 ± 12,4
23.00–00.00	57,5	60,0	53,7	46,5	42,4	52,0 ± 7,4
Середнє значення за добу	40,0 ± 18,4	41,7 ± 17,2	33,1 ± 15,5	38,7 ± 22,3	41,2 ± 17,7	39,0 ± 16,7

фіксовано о 08:00 годині. Період з 09:00 до 16:30 годин у двох випадках майже повністю збігається за динамікою активності.

При природному освітленні в цілому за п'ять діб з 00:00 до 05:00 години зберігається активність в межах з 48,6 до 59,7 рухів за годину.

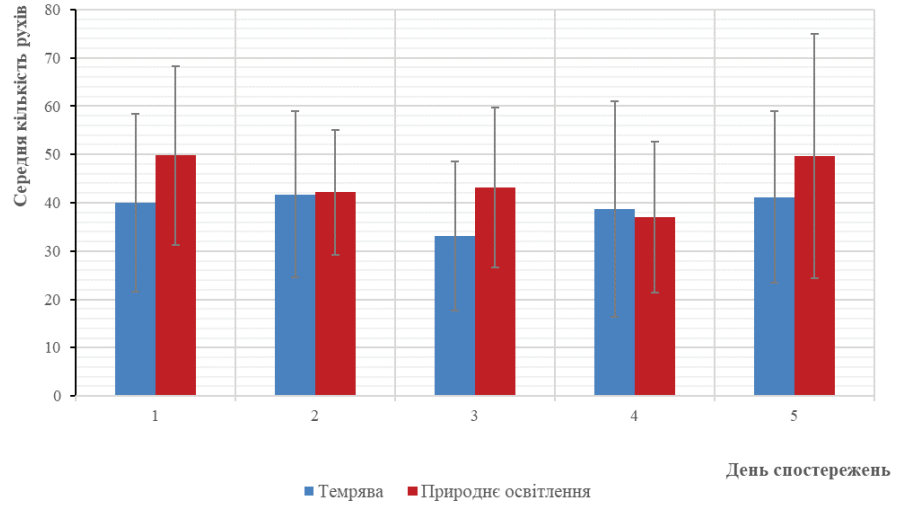


Рис. 1. Середні величини рухової активності бичка Пінчука в цілому за добу при різних режимах спостереження

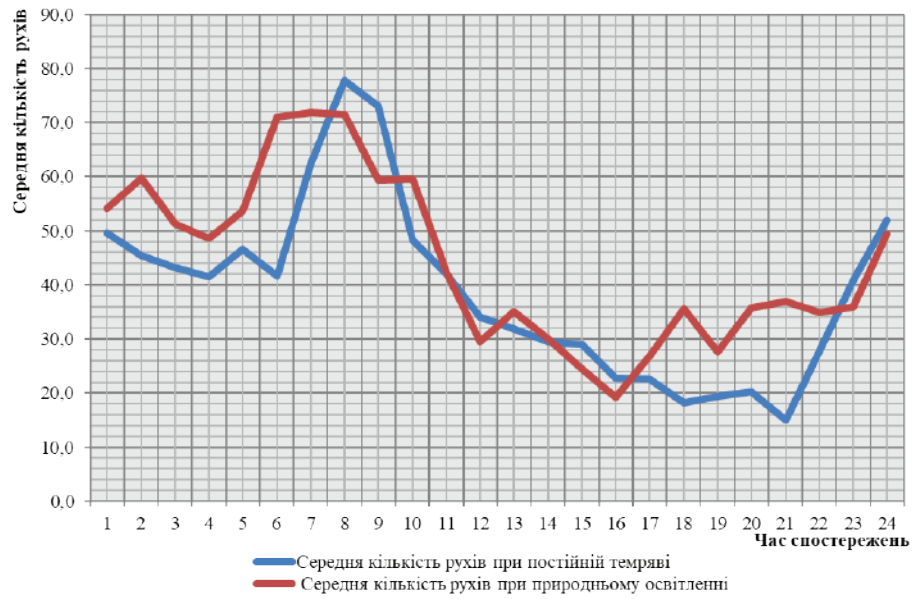


Рис. 2. Середні величини рухової активності бичка Пінчука протягом доби за різних умов освітлення в цілому за п'ять днів спостережень

З 05:00 до 08:00 години ранку активність різко зростає та досягає максимального значення у період з 06:00 до 07:00 годин, що становить 71,9 рухів за годину. З 08:30 кількість рухів різко падає зі значень 59,5 рухів за годину, досягаючи з 15:00 до 16:00 мінімальних значень, які дорівнюють 19,2 рухів за годину. Після 16:00 активність помітно збільшується та до 23:00 тримається в межах 26,8–36,0 рухів за годину. З 23:00 кількість рухів різко збільшується до 49,4 рухів за годину.

При постійній темряві в цілому за п'ять діб з 00:00 до 06:00 годин зберігається активність в межах з 49,5 до 41,7 рухів за годину. У період з 06:00 до 09:00 години активність різко зростає та досягає максимального значення з 07:00 до 08:00 години, що становить 77,8 рухів за годину. З 09:00 до 10:30 активність починає різко падати, а з 11:00 зменшення кількості рухів стає плавним, досягаючи мінімального значення, який дорівнює 15,0 рухів за годину у проміжку з 20:00 до 21:00 годин. Після 21:00 активність різко зростає.

Тенденція до відмінності в активності риб між двома режимами освітлення найбільш помітна з 16:00 до 22:00 годин, адже при природному освітленні активність зростає, а при постійній темряві – знижується. З 22:30 активність знову збігається.

Згідно з отриманими результатами можна зробити припущення, що з 00:00 до 16:00 годин для бичка Пінчука притаманний ендогенний циркадний ритм – динаміка активності бичків збігається як за умов природнього освітлення, так і повного затемнення, тобто формується завдяки автономним внутрішнім процесам. Проте з 16:00 до 22:30 годин виявлено залежність рівня рухової активності від коливань фактору зовнішнього середовища – освітлення, тобто в цей період ритм є екзогенним добовим.

Експерименти на виявлення періодичності добової рухової активності у риб проводилися і раніше. Так, при вивченні динаміки рухової активності форелі (*Salmo trutta*) в умовах постійної темряви зафіксовано, що добовий ритм проявляється нечітко, а за дії безперервного світла цей ритм зникає [8]. У даніо (*Danio rerio*) під впливом постійного освітлення ритмічність загальної рухової активності протягом доби не змінювалась, риби зберігали періодичність активності та періоду спокою, як і при періодичному освітленні. Однак активність, яка співпадала з світловою фазою зменшувалась, а темною – збільшувалась, порівняно з контролем [10]. Тобто ритми не були ендогенними.

С. Е. Шноль [7] вважав, що найбільш важливим для настройки циркадних ритмів є мелатонін – гормон епіфіза. В. М. Радченко [4] припустив, що мелатонін в епіфізі виробляється в залежності від величини освітленості та температури навколишнього середовища. Однак з'ясовано, що навіть при постійному освітленні секреція мелатоніну має циркадну періодичність, але зі зниженим рівнем в нічний цикл [9].

Визначення часу найбільшої активності риб дозволяє більш ефективно використовувати знаряддя лову. Дослідження добової рухової активності має

важливе прикладне значення, а також необхідне для фундаментальної науки, так як представляє можливість визначити характер природи циркадних ритмів живих об'єктів.

Висновки

1. При природному освітленні активність бичка Пінчука досягає максимального значення з 06:00 до 07:00, починаючи з 08:00–09:00 кількість рухів різко падає, досягаючи в інтервалі з 15:00 до 16:00 мінімальних значень. З 16:00 активність поступово збільшується, значно зростаючи з 23:00.

2. В умовах відсутності освітлення з 06:00 до 08:00 годин активність різко зростає та досягає максимального значення о 08:00 годині. Показники активності починаючи з проміжку часу 08:00–09:00 поступово зменшуються і о 21:00 досягають мінімальних значень. З 21:00 активність починає різко зростати.

3. Активність бичка Пінчука як за умов природного освітлення, так і за відсутності освітлення має циклічний характер.

4. Ритмічність рухової активності спостерігається як в умовах природного освітлення, так і в умовах темряви. З 00:00 до 16:00 годин у бичка Пінчука присутній ендогенний циркадний ритм, проте з 16:00 до 22:30 годин виявлена залежність рухової активності від освітлення, тобто в цих межах ритм є екзогенним.

Стаття надійшла до редакції 26.10.2021

Список використаної літератури

1. Власов В.А. Оптимальные световые режимы при выращивании карпа в искусственных условиях / В.А. Власов // Изв. ТСХА. – 1991. – Вып. 4. – С. 139–147.
2. Влияние света на рост и развитие рыб / В.А. Власов, Н.И. Маслова, С.В. Пономарёв, Ю.М. Баканёва // Вестник АГТУ. Рыбное хозяйство. – 2013. – № 2. – С. 24–34.
3. Диатропов М.Е. Морфофункциональные параметры эндокринной и иммунной системы и пролиферативная активность эпителия в инфранианном диапазоне биоритмов. автореф. дис. ... докт. биол. наук. 03.03.04 "Клеточная биология, цитология, гистология" / М.Е. Диатропов. – Москва, 2015. – 263 с.
4. Радченко В.Н. Нейроэндокринные основы циркадной и сезонной ритмики рыб / В.Н. Радченко // Экология моря. – 1993. – Вып. 43. – С. 31–39.
5. Семак И.В. Физиологические и биохимические механизмы регуляции циркадных ритмов / И.В. Семак, В.А. Кульчицкий // Труды Белорус. гос. ун-та. – Минск, 2007. – Т. 2. – С. 17–37.
6. Уорд Р. Живые часы / Р. Уорд. – М.: Мир, 1974. – 240 с.
7. Шноль С.Э. Биологические часы (краткий обзор хода исследований и современного состояния проблемы биологических часов) / С.Э. Шноль // Соросовский образовательный журнал. – 1996. – № 7. – С. 26–32.
8. Bachman R. Diel locomotor activity of wild brown trout (*Salmo trutta* L.) in an electronic shuttlebox / R. Bachman, W. Reynolds, M. Casterlin // Hydrobiologia. – 1979. – V. 66, N. 1. – P. 45–47.
9. Human cone light sensitivity and melatonin rhythms following 24-hour continuous illumination / K. V. Danilenko, I. L. Plisov, H. M. Cooper, A. Wirz-Justice, M. Hébert // Chronobiology International. – 2011. – V. 28. – P. 407–414.
10. Kopp R. Alterations in locomotor activity of feeding zebrafish larvae as a consequence of exposure to different environmental factors / R. Kopp, J. Legler, J. Legradi // Environmental science and pollution research. – 2018. – V. 25. – P. 4085–4093.

Ю. В. Караванський, І. Л. Рижко, В. В. Заморев

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,
біологічний факультет, кафедра гідробіології та загальної екології,
вул. Дворянська, 2, Одеса, Україна, e-mail: tetra2000@ukr.net

ЦИРКАДНІ РИТМИ БИЧКА ПІНЧУКА *PONTICOLA* *CEPHALARGOIDES* (PINCHUK, 1976) В ЛАБОРАТОРНИХ УМОВАХ

Резюме

Проблема. Циркадні ритми допомагають організму передбачати зміни умов навколишнього середовища та адаптуватися до добових коливань зовнішніх факторів. Наявність таких механізмів, які забезпечують завчасну підготовку організму, дає перевагу в боротьбі за виживання. Динаміка освітленості – один з головних чинників, що визначає рівень зростання, розвитку, харчування організму, обмін речовин, впливає на гормональну активність.

Мета. Метою дослідження було вивчення циркадних ритмів рухової активності бичка Пінчука *Ponticola cephalargoides* (Pinchuk, 1976) в лабораторних умовах.

Методика. Для вивчення активності риб були відібрані особини бичка Пінчука, спіймані в Одеській затоці на вудку. Експерименти проводили в акваріумі з двома варіантами освітлення – при природному освітленні та при повній цілодобовій відсутності освітлення. Вимірювання активності риб фіксували за інтервалами тривалістю 1 година протягом 5 діб.

Основні результати. Дослідження дозволило виявити, що активність в постійній темряві в цілому нижче, ніж при природному освітленні. В обох випадках максимальне значення рухової активності припадає на першу половину доби. При природному освітленні активність бичка Пінчука досягає максимального значення з 06:00 до 07:00, при постійній темряві активність досягає максимуму з 07:00 до 08:00 години. Відмінність в активності риб між двома режимами освітлення найбільш помітна з 16:00 до 22:00 годин.

Висновки. Встановлено, що активність бичка Пінчука як за умов природного освітлення, так і за відсутності освітлення має циклічний характер. З 00:00 до 16:00 годин у бичка Пінчука присутній ендогенний циркадний ритм, з 16:00 до 22:30 годин ритм є екзогенним.

Ключові слова: *Ponticola cephalargoides*; циркадні ритми; рухова активність.

Yu. V. Karavanskyi, I. L. Ryzhko, V. V. Zamorov

Odesa National Mechnykov University, Faculty of Biology,
Department of Hydrobiology and General Ecology, 2 Dvorianska Str.,
Odesa, Ukraine, e-mail: tetra2000@ukr.net

CIRCADE RHYTHMS OF PINCHUK'S GOBY *PONTICOLA CEPHALARGOIDES* (PINCHUK, 1976) IN LABORATORY CONDITIONS

Abstract

Introduction. Circadian rhythms help the body to anticipate changes in environmental conditions and adapt to the daily fluctuations of external factors. The presence of such mechanisms, which provide early preparation of the organism, gives an advantage in the struggle for survival. The dynamics of light is one of the main factors, which determines the level of growth, development, nutrition, metabolism, affects hormonal activity.

Aim. The aim of the study was to study the circadian rhythms of motor activity of Pinchuk's goby *Ponticola cephalargoides* (Pinchuk, 1976) in the laboratory.

Methods. To study the activity of the fish individuals of the Pinchuk's goby caught in the Gulf of Odesa on a fishing rod were selected. The experiments were performed in an aquarium with two lighting options – under natural light and in the complete round-the-clock absence of lighting. Measurements of the fish activity were recorded at 1 hour intervals for 5 days.

Results. The study revealed that the activity in constant darkness is generally lower than in the natural light. In both cases, the maximum value of the motor activity occurs in the first half of the day. Under the natural light, the activity of the Pinchuk's goby reaches the maximum value from 06:00 to 07:00, in constant darkness the activity reaches the maximum from 07:00 to 08:00. The difference in the activity of the fish between the two lighting modes is most noticeable from 16:00 to 22:00.

Conclusion. It is established that the activity of Pinchuk's goby is cyclical both under the natural light conditions and in the absence of light. From 00:00 to 16:00 Pinchuk's goby has an endogenous circadian rhythm, from 16:00 to 22:30 the rhythm is exogenous.

Key words: *Ponticola cephalargoides*; circadian rhythms; motor activity.

References

1. Vlasov V. A. (1991) «Optimal light conditions for growing carp in artificial conditions» [«Optimal'nye svetovye rezhimy pri vyrashhivanii karpa v iskusstvennykh usloviyakh»], *Izv. TSKHA*, 4, pp 139–147.
2. Vlasov V. A., Maslova N. I., Ponomaryov S. V., Bakanyova Yu. M. (2013) «Influence of light on the growth and development of fish» [«Vliyaniye sveta na rost i razvitie ryb»], *Vestnik AGTU. Rybnoe khozyajstvo*, 2, pp 24–34.
3. Diatroptov M. E. (2015) *Morphofunctional parameters of the endocrine and immune systems and proliferative activity of the epithelium in the infradian range of biorhythms* [Morfofunktsional'nye parametry ehndokrinoj i immunnoj sistemy i proliferativnaya aktivnost' ehpiteliya v infradiannom diapazone bioritmov. avtoref. dis. ... dokt. biol. nauk], Moskva, 263 p.
4. Radchenko V. N. (1993) «Neuroendocrine basics of circadian and seasonal rhythm in fish» [«Nejroehndokrinnye osnovy tsirkadnoj i sezonnoj ritmiki ryb»], *Ehkologiya morya*, 43, pp 31–39.

5. Semak I. V., Kul'chitskij V. A. (2007) «Physiological and biochemical mechanisms of regulation of circadian rhythms» [«Fiziologicheskie i biokhimeskie mekhanizmy reguljatsii tsirkadnykh ritmov»], *Trudy Belorus. gos. un-ta*, Minsk, 2, pp 17–37.
6. Uord R. (1974) *Live clock* [Zhivye chasy], Moskva, Mir, 240 p.
7. ShnoI' S. Eh. (1996) «The biological clock (a brief overview of research progress and the current state of the biological clock problem)» [«Biologicheskie chasy (kratkij obzor khoda issledovanij i sovremennogo sostoyaniya problemy biologicheskikh chasov)»], *Sorosovskij obrazovatel'nyj zhurnal*, 7, pp 26–32.
8. Bachman R. Diel locomotor activity of wild brown trout (*Salmo trutta* L.) in an electronic shuttlebox / R. Bachman, W. Reynolds, M. Casterlin // *Hydrobiologia*.– 1979.– V. 66, N. 1.– P. 45–47.
9. Human cone light sensitivity and melatonin rhythms following 24-hour continuous illumination / K. V. Danilenko, I. L. Plisov, H. M. Cooper, A. Wirz-Justice, M. Hébert // *Chronobiology International*.– 2011.– V. 28.– P. 407–414.
10. Kopp R. Alterations in locomotor activity of feeding zebrafish larvae as a consequence of exposure to different environmental factors / R. Kopp, J. Legler, J. Legradi // *Environmental science and pollution research*.– 2018.– V. 25.– P. 4085–4093.

**ГЕНЕТИКА І МОЛЕКУЛЯРНА
БІОЛОГІЯ**



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246884

УДК 633.111.11:575.116

І. І. Моцний¹, к. б. н., провідний науковий співробітник,
Т. П. Нарган¹, к. с.-г. н., старший науковий співробітник,
М. Ю. Наконечний¹, к. с.-г. н., зав. лабораторією,
С. П. Лифенко¹, д. с.-г. н., проф., ак. НААН, засл. діяч науки та техніки,
О. О. Молодченкова¹, д. б. н., зав. лабораторією,
Л. Т. Міщенко², д. б. н., професор.

¹Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення НААН України, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна, e-mail: motsnyui@gmail.com,

²Київський національний університет імені Тараса Шевченка, ННЦ «Інститут біології та медицини», вул. Володимирська, 64/13, Київ, 01601, Україна, e-mail: lmishchenko@ukr.net.

РІЗНОМАНІТТЯ ПОХІДНИХ ВІДДАЛЕНОЇ ГІБРИДИЗАЦІЇ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ЗА СТІЙКІСТЮ ДО ХВОРОБ ТА ІНШИМИ ЧУЖИННИМИ ОЗНАКАМИ

Досліджувались нові лінії пшениці від міжвидових схрещувань, стосовно стійкості до поширених хвороб та інших ознак. Більшість ліній були стійкими до видів іржі завдяки успішній інтрогресії чужинних *Lr*, *Yr* та *Sr* генів з усіх джерел, що брали участь у гібридизації. Частота поєднання групової стійкості з високою урожайністю та якістю зерна була дуже низькою. Урожайність не корелювала зі стійкістю до хвороб, за виключенням стеблової іржі ($R_{sp} = 0,34^{**}$) та септоріозу ($R_{sp} = -0,23^*$). Негативна кореляція спостерігалася між якістю та врожайністю зерна, проте показники якості переважно позитивно корелювали між собою. Встановлено, що лінії мають потенціал для використання в селекційних програмах щодо стійкості до хвороб на півдні України.

Ключові слова: пшениця; інтрогресивні лінії; стійкість до хвороб; посуха; ознаки; продуктивність.

В останні роки глобальні зміни клімату призвели до опустелювання південних областей України та розширення посушливої кліматичної зони на північ. Середня кількість опадів у квітні та травні в Одеській області була зафіксована нижче норми протягом 10 з останніх 20 років [46]. Зменшення кількості опадів сприяє поширенню основних хвороб озимої пшениці та збільшує втрати врожаю, спричинені цими хворобами та посухою [45, 47]. Підвищення температури, особливо взимку, посилює еволюцію багатьох патогенів, частіше з'являються нові більш агресивні та вірулентні раси, які долають стійкість існуючих сортів [24, 47, 49]. Запобігання руйнівному впливу хвороб на врожайність залежить від появи нових донорів, які несуть гени стійкості [13, 14],

а розповсюдження стійких сортів зменшує забруднення біосфери пестицидами та продуктами їх розпаду.

Інтрогресивні лінії, створені на основі міжвидових схрещувань між сучасними високопродуктивними місцевими сортами та первинними джерелами чужинної мінливості різного походження, можуть бути цінними донорами стійкості як до хвороб [25, 29, 33], так і до посухи [23]. В зв'язку з цим метою даної роботи було вивчення фенотипового різноманіття нових ліній пшениці, отриманих від складних міжвидових гібридів і їх бекросів, у відношенні стійкості до поширених хвороб і посухи, продуктивності й інших важливих сільськогосподарських ознак.

Матеріали і методи дослідження

Сорти та лінії пшениці. Рослинний матеріал включав 78 ліній пшениці м'якої різних поколінь, ступенів насичення та походження, а також два сорти стандарту для аридного кліматичного поясу (Антонівка та Куяльник). Лінії були отримані шляхом віддаленої гібридизації кількох сортів селекції СГІ–НЦНС (Одеська 267, Альбатрос, Селянка, Куяльник, Гурт та ін.) з колекційним зразком Н74/90–245, трьома оригінальними інтрогресивними лініями (Е200/97–2, 592PH16 та Е214/09–1) та п'ятьма амфіплоїдами (АД Жирова, ES4, ES17, ES20 та ES25), отриманими за участі *Aegilops tauschii* Coss. Кілька ліній було отримано за участі сорту Віген, створеного шляхом гібридизації з пшенично-елітусним амфіплоїдом *Elytricum fertile* [17], або після заключного схрещування бекросованих гібридів з лінією МА1, яка має модифіковану транслокацію 1BL.1RS_m на генетичному тлі ярого сорту Равон 76 [36]. При цьому широко розповсюджений в минулому сорт інституту Одеська 267 найчастіше використовувався у складних схрещуваннях у ролі рекурентної форми (табл. 1).

Зразок Н74/90–245 створений у Добруджанському сільськогосподарському інституті-Генерал Тошево (колишній Інститут пшениці та соняшнику, Болгарія) від схрещування Tom Pouce Blanc / AD(*T. timopheevii* Zhuk.-*Ae. tauschii* ssp. *strangulata*) // Аврора /3/ Rusalka [19, 48]. У Національному центрі генетичних ресурсів рослин України (НЦГРРУ) Інституту рослинництва ім. В.Я. Юр'єва НААН (Харків, Україна) він інтродукований під номером ІU029995.

Варто зазначити, що АД Жирова (геномна формула А⁴GD) був створений д. б. н. Е. Г. Жировим в Краснодарському науково-дослідному інституті сільськогосподарства (Росія) шляхом схрещування *T. militinae* Zhuk. et Migusch. / *Ae. tauschii*, як і *T. miguschovae* Zhir. [6]. Обидві лінії однакові за морфологічними ознаками та параметрами стійкості до хвороб, але *T. miguschovae* колосилась на 4–5 днів пізніше, ніж АД Жирова, була трохи нижчою і мала крупніші зерна. В НЦГРРУ вони відрізняються каталожними номерами (№ UA0500015 та UA0500016, відповідно) [21]. Крім того, нам не вдалося отримати гібриди Одеська 267 / *T. miguschovae*, на відміну від Одеська 267 / АД Жирова, а гібри-

Таблиця 1

Родовід, тип та чужинні ознаки у 78 інтрогресивних ліній озимої пшениці, переданих до контрольного розсадника 2019 року

Родовід ¹⁾	Ознаки ²⁾	К-кість ліній	Тип ³⁾	Посилання ⁴⁾
Од. 267 / АД Жирова // Од. 267* ¹⁰	Hg	1	NIL	[6, 21]
Од. 267 / Н74/90–245 // Од. 267* ¹² /3/ МА1	Pm Lr Sr	2	AIL	[19, 36]
Куяльник /4/ Од. 267 / Н74/90–245 // Од. 267* ⁴ /3/ Селянка	Pm Lr Yr Sr	16	AIL	[19, 48]
Куяльник /4/ Од. 267 / Н74/90–245 // Од. 267* ⁴ /3/ Селянка /5/ Зміна (або Вагажок, або МА1)	Lr Sr	9	AIL	[19, 36, 48]
Од. 267 / Е200/97–2 // Од. 267* ¹⁰ /3/ Куяльник	Lr Yr Sr	4	AIL	[38, 15]
Селянка / ES4 F ₂ // Од. 267	Pm Lr Yr Iw	1	PIL	[41]
Селянка / ES17 F ₂ // Од. 267 (або Селянка) /3/ Борвій (або Гурт, або Зміна, або Вагажок, або Селянка)	Lr Sr Pc	15	PIL	[41]
Селянка / ES20 F ₂ // Од. 267 (або Селянка)	Pm Lr Yr Hg Bg Iw Pc	4	PIL	[41]
Селянка / ES20 F ₂ // Од. 267 (або Селянка) /3/ Вагажок (або Зміна, або Віген, або Подяка)	Pm Lr Yr Sr Bg Iw Pc	8	PIL	[41]
Селянка / ES25 F ₂ // Альбатрос (або Селянка)	Pm Lr Yr Sr Hg Pc	3	PIL	[41]
Селянка / ES25 F ₂ // Альбатрос /3/ Зміна	Lr	3	PIL	[41]
592PH16 / Мелодія // Мудрість	Lr Hl _{low}	1	AIL	[27]
Е214/09–1 / Борвій (або Гурт) // Гурт (або Жайвір)	Pm Lr Yr Sr	4	AIL	[18]
Е214/09–1 / Гурт* ² // Вагажок (або Віген)	Lr	4	AIL	[18]
Віген / Од. 267 // Селянка	Lr Yr Sr	2	BL	[17]
Віген / Мудрість // Щедрість /3/ Наснага	Lr Yr Sr	1	BL	[17]

¹⁾ Джерела чужинної мінливості виділено жирним шрифтом: АД Жирова – AD(*T. militinae*/*Ae. tauschii*); Н74/90–245 – колекційний зразок (Tom Pouce Blanc/AD(*T. timopheevii*-*Ae. tauschii* ssp. *strangulata*)/Аврора/3/ Rusalka; Е200/97–2, Н242/97–1 і Е125/03 – первинні інтрогресивні лінії (Triticale(8x) АД825/*T. durum* Чорномор//Н74/90–245); ES4 (CIGM87.2775), ES17 (CIGM87.2760), ES20 (CIGM87.2761) та ES25 (CIGM86.942) – елітні лінії синтетичної пшениці з CIMMYT: *T. durum* Altar 84/зразки *Ae. tauschii* WX193, WX220, WX221 та WX224, відповідно; 592PH16 – *CSph1b*/E125/03//*CSph1b*; Е214/09–1 – покращена інтрогресивна лінія (Н242/97–1/Од. 267*³ // Куяльник). Перше схрещування – /, друге схрещування – //, третє і більше схрещування – /3/, /4/. Материнська форма пишеться до косої рисочки. Запилювачем може бути складний гібрид, він пишеться після другої рисочки. Бекроси одним і тим же сортом позначені верхнім індексом після зірочки. Самозапилення – F₂.

²⁾ Hg – опушення колоскової луски; Bg – коричневий колос; Pc – антоціанова соломина; Iw – відсутність воскового нальоту; Hl_{low} – опушення нижньої поверхні листкової пластинки; Pm, Lr, Yr, Sr – різний рівень стійкості відповідно до борошнистої роси, листкової, жовтої та стеблової іржі.

³⁾ NIL – майже ізогенна лінія, PIL – примітивна інтрогресивна лінія, AIL – покращена інтрогресивна лінія, BL – селекційна лінія.

⁴⁾ Дослідження, що повідомляє про статус, родовід чи комбінацію схрещування за участю чужинних джерел.

ди від обернених схрещувань загинули після декількох бекросів від ЦМС. Елітні синтетичні (ES) лінії (*T. durum* Desf. Altar 84/ зразки *Ae. tauschii*, ABD) були створені в СІММУТ (Мексика) [42, 43] і отримані від чл. кор-а О.І. Рибалки [41]. За літературними та нашими попередніми даними, усі вихідні форми мають високу стійкість до борошнистої роси, листової, жовтої та стеблової іржі.

Весь експериментальний матеріал був отриманий методом Pedigree внаслідок безперервних індивідуальних доборів, починаючи з першого покоління, що розщеплюється. Гібридні популяції пройшли скринінг на природному та штучному фоні досліджених захворювань. Елітні рослини відбирали за наявністю стійкості до хвороб та чужинних морфологічних ознак як при бекросуванні, так і після кожного самоzapилення. При виділенні ліній особлива увага приділялася їх константності як за окремими ознаками, зокрема чужинними (табл. 1), так і за їх комплексом.

Польові експерименти. Польові експерименти проводились на дослідних полях СГІ–НЦНС протягом двох сезонів (2018–19 та 2019–20 рр.). Детальна методика вирощування рослин наводиться у попередній публікації [18]. Стійкість до поширених захворювань вивчали в умовах природних інфекційних фонів в контрольному розсаднику (КР), на провокаційному фоні в інфекційному розсаднику, а також під час створення ліній – в цілому протягом 2016–2020 років. Досліджували сприйнятливість дорослих рослин до таких хвороб: борошнистої роси (*Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* March.), листової (*Puccinia triticina* Erikss. & Henn.), стеблової (*Puccinia graminis* sp. *tritici* Erikss. & Henn.) та жовтої (*Puccinia striiformis* West.) іржі, септоріозу пшениці (*Septoria tritici* Rob. ex Desm.). Однак на штучному інфекційному фоні оцінювали лише стійкість до листової та стеблової іржі. Расовий склад видів іржі, стадії та методика інокуляції детально наведені в роботі [1].

Ураження дорослих рослин усіма патогенами оцінювали одноманітно за допомогою 9-бальної уніфікованої інтегрованої шкали оцінок РЕВ [1], де 1 = дуже сприйнятливий, а 9 = імунні. Це дозволяє обчислювати результати оцінок за допомогою загальноприйнятих методів статистики [4]. Дана шкала базується на модифікованій загальнозживаній бальній шкалі оцінок Саарі та Прескотта [44], лише реакції рослин виражені у зворотному напрямку. Її особливістю є пряма відповідність наростання стійкості дорослих рослин до хвороби збільшенню поділок шкали, що спрощує інтерпретацію кореляційних зв'язків між стійкістю та іншими ознаками. Фітопатологічну оцінку проводили у фазі максимального розвитку захворювання, яка коливалася від початку колосіння для борошнистої роси, до ранньої молочної стиглості для септоріозу, листової та жовтої іржі, та воскової-ранньої повної стиглості для стеблової іржі, відповідно (табл. 2).

Посухостійкість та лабораторні методи. Сезон 2019 року характеризувався як посушливий [46], хоча загальна кількість опадів у вегетативному сезоні становила 172 мм. Максимальна кількість опадів у 2019 році була зафік-

сована в січні – 55 мм, отже, навесні у ґрунті було достатньо вологи для росту та розвитку рослин пшениці. Навпаки, протягом зими 2020 року випало дуже мало опадів (загалом 26 мм опадів у різні періоди зими). Більше того, практично не було продуктивних опадів навесні 2020 р. Отже, індекс посухостійкості був розрахований, у відповідності з [22], як частка врожаю в умовах гострої посухи (у 2020 р.) відносно врожайності в умовах порівняно кращого щодо опадів сезону у 2019 р.

Вміст білка визначали у цільнозмеленому борошні за методом Кельдаля [32] на приладі Kjeltec-Auto 1030 («FOSS», Швеція), а масу тисячі зернин (МТЗ) – у зразках, одержаних відразу після комбайна, за стандартною методикою (ДСТУ 4138–2002) [5]. У тих же зразках вимірювали натуру. Щільність борошна визначали у тих його зразках, які готували для визначення вмісту білка. При доборі ліній з високим вмістом білка розраховували додаткові критерії білковості: «Збір білка з одиниці площі» [ц/га] = («Урожайність сухого зерна», ц/га × «Вміст білка в зерні»,%) / 100% і «Абсолютний вміст білка в перерахунку на 1000 зернин» [г] = («МТЗ», г × «Вміст білка»,%) / 100%, як у [8, 40]. Їх використання дозволить частково усунути дисперсію ознаки вміст білка, зумовлену особливостями анатомічної структури зернівки (наприклад, зморшкуватістю зерна) або низькою продуктивністю ліній. Позначення хвороб та морфологічних ознак у таблицях та тексті подано відповідно до Міжнародного каталогу генних символів пшениці [37].

Статистичний аналіз. Дані опрацьовували за допомогою дисперсійного та кореляційного аналізу. F критерій Фішера, $HSP_{0,05}$ та стандартне відхилення (SD) використовувались для порівняння середніх значень, також як середні значення (M), стандартні відхилення (SD) та межі варіації (LV) – для опису розподілів. Коефіцієнт лінійної кореляції (r Пірсона) для кількісних оцінок та непараметричний коефіцієнт (R_{sp} Спірмена) для бальних оцінок розраховувались виходячи із значень ознак, спільних для кожної лінії. Для спрощення викладу матеріалу в таблицях та тексті статті наведені уніфіковані загальноприйняті позначення ступеня значущості визначених нами або взятих з літератури показників, критеріїв та коефіцієнтів: *, ** та *** – вірогідні при 0,05, 0,01 та 0,001 рівні значущості, відповідно.

Результати дослідження

Більшість ліній були стійкими до видів іржі з середнім показником стійкості 5,0–5,9 бала (табл. 2). Це пов'язано з успішною інтрогресією чужинних Lr , Yr та Sr генів з усіх джерел, залучених до гібридизації. Висока тривала стійкість до стеблової іржі спостерігалася насамперед серед похідних колекційного зразка Н74/90–245 з Болгарії. Відразу варто зазначити, що до похідних зразка Н74/90–245 відносяться також покращені інтрогресивні лінії, одержані від схрещувань з вихідними лініями Е200/97–2, 592РН16 та Е214/09–1 (табл. 1).

У первинних інтрогресивних ліній (E200/97–2, E125/03 та H242/97–1, відповідно), які слугували джерелами стійкості в цих комбінаціях, за допомогою електрофорезу запасних білків була виявлена пшенично-житня транслокація (ПЖТ) 1BL.1RS типу Аврора від зразка H74/90–245 [15, 16]. Ця транслокація, можливо, передалася їхнім нащадкам – покращеним лініям. Відомо [37], що 1RS плече цієї ПЖТ несе генний комплекс *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8*. Хоча ефективність цих генів стійкості частково подолана внаслідок появи нових рас патогенів, ген *Sr31* досі вважається ефективним в Україні [1, 25].

Таблиця 2

Стійкість інтрогресивних ліній, переданих до контрольного розсадника, до поширених захворювань, їх урожайність та кореляції між ознаками, 2019 р. ($N=82$)¹⁾

Хвороба ²⁾	% ліній з реакцією (бали)					Параметри статистики ³⁾			
	Сприйнятливих			Стійких		<i>M</i>	<i>SD</i>	<i>LV</i>	<i>R_{sp}</i> (<i>F</i>)
	1–2	3–4	5	6–7	8–9				
Pm	2,4 (67,0) ⁴⁾	46,3 (65,3)	26,8 (66,1)	23,2 (71,8)	1,2 (42,0)	4,6 (67,0)	1,33 (8,6)	2–8 (42,0–81,9)	0,08 (0,95)
Lr	2,4 (61,6)	36,6 (71,7)	12,2 (64,4)	62,2 (67,0)	7,3 (65,5)	5,5	1,60	2–8	-0,05 (0,53)
Yr	2,4 (64,0)	50,0 (67,4)	8,5 (66,4)	39,0 (67,1)	-	5,0	1,52	2–7	-0,01 (0,14)
Sr	3,7 (53,6)	25,6 (66,3)	6,1 (64,9)	37,8 (74,4)	26,8 (76,0)	5,9	1,88	2–8	0,34** (1,87)
Stb	1,2 (61,3)	93,9 (67,5)	4,9 (53,6)	-	-	3,6	0,60	2–5	-0,23* (2,65)

¹⁾ *N* – кількість інтрогресивних ліній.

²⁾ **Pm, Lr, Yr, Sr, Stb** – стійкість, відповідно, до борошнистої роси, листової, жовтої і стеблової іржі та септоріозу.

³⁾ *M* – середнє значення ознаки по лініях, *SD* – стандартне відхилення, *LV* – межі варіації (min-max), *R_{sp}* – непараметричні коефіцієнти кореляції Спірмена для бальних оцінок, *F* – критерій Фішера (для групування ліній у відповідні класи за фактором стійкості до хвороб), * та ** – вірогідно при 0,05 та 0,01.

⁴⁾ В дужках вказана урожайність ліній (ц/га).

Однак досягнутий рівень стійкості (7–8 балів) не може бути зумовлений лише однією ПЖТ. Ймовірно, що окремі ефективні *Sr* гени походять від амфіплоїда AD(*T. timopheevii*-*Ae. tauschii*), який входить до родоводу зразка H74/90–245 [19, 48] (табл. 1). Створення матеріалу з таким типом стійкості – це винятковий успіх, бо саме стеблова іржа тепер представлена самими вірулентними расами і складає найбільшу загрозу для пшениці у багатьох ре-

гіонах світу [47]. Серед похідних амфіплоїдів за участю *Ae. tauschii* такі лінії зустрічалися дуже рідко; більшість ліній стійких до стеблової іржі на стадії молочної зрілості (7–8 балів), поступово втрачали стійкість по мірі дозрівання зерна з оцінкою 2–4 бали.

Лише кілька ліній виявили стійкість до борошнистої роси, і їх оцінка залежала від погодних умов. Жодна з проаналізованих ліній не мала толерантності до септоріозу; найкращі лінії показали помірну сприйнятливість (4–5 балів) на рівні стандартів. Це суперечить літературним даним [33], де серед інтрогресивних ліній спостерігалася висока стійкість до септоріозної плямистості листя в умовах Лісостепу України. Бімодальність розподілу ліній за реакцією на ураження всіма іржастими захворюваннями свідчить про детермінацію означеної стійкості головними генами. Навпаки, унімодальний розподіл стійкості до борошнистої роси та септоріозу з високою часткою проміжних балів та низькими значеннями стандартного відхилення (табл. 2) свідчить на користь її полігенної детермінації, зумовленої позитивною трансгресією від незначних джерел стійкості. Такі ознаки, на відміну від стійкості до видів іржі, як правило важко передати потомкам шляхом схрещувань.

Аналіз урожайності продемонстрував, що ознаки високої стійкості до хвороб, як правило, супроводжуються низькою урожайністю, зниженим вмістом білка або дрібним зерном, забезпечуючи, таким чином, криволінійний зв'язок між стійкістю та селекційними ознаками (табл. 2). Все ж кілька ліній з високою МТЗ або вмістом білка зберігали набір цільових ознак групової стійкості і перевищували стандарти за окремими агрономічними ознаками або їх комплексом. Проте, частота поєднання групової стійкості та високої врожайності та якості зерна була дуже низькою.

Ознаки стійкості не корелювали з датою колосіння, висотою рослин (крім стеблової іржі, $R_{sp} = -0,33^*$) та вмістом білка (табл. 3). Показники врожайності не корелювали зі стійкістю до борошнистої роси, листової та жовтої іржі, очевидно, через кривизну зв'язків (табл. 2). Лише кореляція між врожайністю та стійкістю до стеблової іржі була позитивною, хоча і низькою ($R_{sp} = 0,34^{**}$), можливо, через позитивний вплив транслокації 1BL.1RS на обидві ознаки. Очевидно генетичний фон деяких інтрогресивних ліній, похідних зразка Н74/90–245, був сприятливим для генерування позитивного ефекту ПЖТ як на врожайність, так і на адаптативні ознаки на Півдні України, а також на здатність ПЖТ комбінуватися з іншими генами стійкості. Навпаки, кореляція між урожайністю та стійкістю до септоріозу була слабо негативною $R_{sp} = -0,23^*$. МТЗ показала низьку, але вірогідну кореляцію зі стійкістю до борошнистої роси ($R_{sp} = 0,31^{**}$), стеблової іржі ($R_{sp} = -0,26^*$) та септоріозу ($R_{sp} = 0,31^{**}$). Крім того, стійкість до стеблової іржі корелювала зі збором білка ($R_{sp} = 0,37^{***}$), натурою ($R_{sp} = 0,55^{***}$), об'ємом тисячі зернин ($R_{sp} = -0,51^{***}$) та щільністю борошна ($R_{sp} = -0,46^{***}$). Останнє може бути наслідком негативного впливу транслокації 1BL.1RS.

Таблиця 3

Кореляції між стійкістю до хвороб та кількісними ознаками інтрогресивних ліній в контрольному розсаднику, 2019 р. (N=82)

Пари ознак (R_{sp})									
Стійкість до	Дата колосіння	Висота рослин	МТЗ	ОТЗ	Вміст білка	Абс. вміст білка на 1000 зернин	Збір білка	Натура	Щільність борошна
Pm	-0,12	-0,05	0,31**	0,19	0,06	0,21	0,05	0,16	0,04
Lr	-0,03	0,01	-0,03	-0,03	0,11	0,02	-0,01	-0,02	0,15
Yr	0,01	0,10	0,05	0,04	0,16	0,12	-0,02	-0,02	-0,09
Sr	0,14	-0,33**	-0,26*	-0,51***	0,14	-0,07	0,37***	0,55***	-0,46***
Stb	0,18	0,06	0,33**	0,38***	0,10	0,27*	-0,22*	-0,17	0,01

¹⁾ МТЗ – маса тисячі зернин, ОТЗ – об'єм тисячі зернин *, **, *** – вірогідно при рівні значущості $p < 0,05$, $< 0,01$ і $< 0,001$, відповідно.

Вміст білка негативно корелював із урожаєм зерна ($r = -0,45***$), однак, виявлено кілька ліній [наприклад, AIL379/18 або AIL96PH18 (Куяльник /4/ Од. 267 / Н74/90–245 // Од. 267⁴ /3/ Селянка /5/ Зміна)] з високими значеннями обох ознак. Негативна кореляція спостерігалася також між іншими показниками якості та врожайністю зерна, проте показники якості переважно позитивно корелювали між собою, за винятком пар – натура-об'єм 1000 зернин та натура-щільність борошна (табл. 4).

Таблиця 4

Кореляції між кількісними ознаками інтрогресивних ліній в контрольному розсаднику, 2019 р. (N=82)

Ознаки	Дата колосіння	Висота рослин	Урожайність	МТЗ ¹⁾	ОТЗ ¹⁾	Натура	Вміст білка
Висота рослин	-0,19						
Урожайність	0,14	-0,49***					
МТЗ	-0,10	0,25*	-0,23*				
ОТЗ	-0,11	0,29**	-0,29**	0,85***			
Натура	0,03	-0,14	-0,18	0,07	-0,47***		
Вміст білка	-0,06	0,35**	-0,45***	0,21	0,02	0,32**	
Щільність борошна	-0,21	0,26*	-0,23*	0,28*	0,38***	-0,28*	-0,10

¹⁾ МТЗ – маса тисячі зернин, ОТЗ – об'єм тисячі зернин. *, **, *** – вірогідно при рівні значущості $p < 0,05$, $< 0,01$ і $< 0,001$, відповідно.

Висота рослин мала найбільший внесок у врожайність зерна ($r = -0,49^{***}$), потім об'єм 1000 зернин ($r = -0,29^{**}$) та МТЗ ($r = -0,23^*$), відповідно. Однак залежність між висотою рослини та врожайністю не була повністю лінійною. Максимальний урожай мали лінії з оптимальною висотою рослини (≈ 100 см). Зі збільшенням висоти рослин, а також з різким зниженням показники врожайності поступово зменшувались. Тоді як дата колосіння не корелювала з будь-якими іншими ознаками (табл. 4), незважаючи на досить значну варіацію ознаки (14–19 травня).

За результатами дослідів 2018/19 р., п'ятнадцять інтрогресивних ліній (A1L341/18, A1L345/18, A1L347/18, A1L353/18 та ін.) з різним рівнем стійкості до борошнистої роси або видів іржі були виділені та висіяні у наступному сезоні. Лінії поєднували високу загальну селекційну оцінку з продуктивністю на рівні або вище найближчого стандарту в більш сприятливих умовах 2019 року (табл. 5), і жодна з них не має чужинних морфологічних ознак.

Таблиця 5

**Стійкість до хвороб (у 2016–2020 рр.)
та значення досліджуваних ознак у 2019 році**

Лінія	Стійкість до хвороб (бали) ¹⁾ :					Загальна оцінка бали	Урожайність ц/га	Натура кг/г	Щільність борошна кг/м ³
	Pm	Lr	Yr	Sr	Stb				
Антонівка (St)	3	3	3	1–2	4	4+	69,3	71,2	568
Куяльник (St)	3	4	4	2–3	3	4	68,9	72,5	608
A1L341/18	4	6–7 ²⁾	7	6–8	4	5	72,1	78,2	549
A1L345/18	6	7	4	7–8	3	4+	73,0	76,4	582
A1L347/18	6	7	4–7	7–8	3	4+	72,2	79,6	553
A1L353/18	6	6–7	4	7–8	3	4–	72,3	77,5	603
A1L359/18	5	6–7	5	7–8	3	4–	71,3	78,5	563
A1L361/18	6	6–7	5	7–8	3	5+	72,4	77,2	573
A1L365/18	6	6–7	5	6–8	3	4–	70,3	78,6	569
A1L379/18	6–7	4–6	7	6–7	3	5–	72,2	77,0	592
A1L90PH18	6–7	5–7	7	7–8	5	5	70,7	75,3	611
A1L96PH18	4–7	4–6	7	7–8	4	4	75,0	77,7	552
P1L611/18	4	6–8	3	5–6	3	5–	69,3	75,9	553
P1L644/18³⁾	4	4	3	7–8	4	4+	68,8	76,8	530
P1L648/18	4	6–8	3	6–8	3	5–	70,0	75,9	616
P1L652/18	4	5–7	4	7–8	3	5+	68,4	75,4	537
E2776/14	5	4–6	5–6	3–6	4	4+	68,9	75,2	572
<i>SD</i> ⁴⁾	-	-	-	-	-	-	8,8	3,0	44

¹⁾ Бали відповідають інтенсивності пошкодження у відсотках: 1 відповідає 100%; 2–90%; 3–65%; 4–40%; 5–25%; 6–15%; 7–10%; 8–5%; і 9–0%. Ураження накопичувачів інфекції та індикаторів високої сприйнятливості до хвороб – 1 бал щороку. ²⁾ 6–7 – діапазон варіації бальних оцінок за роки дослідження. ³⁾ Лінії з індексами посухостійкості в межах значень стандартів позначені жирним шрифтом. ⁴⁾ *SD* – стандартне відхилення.

Десять з них були вдосконаленими (шість і більше схрещувань з сучасними сортами) лініями, отриманими від колекційного зразка Н74/90–245. Виходячи зі стійкості до стеблової іржі лінії повинні мати ПЖТ 1BL.1RS від сорту Аврора.

Дисперсійний аналіз показав, що вплив року був значущим на врожайність зерна ($F(1;18)=416,7^{***}$), МТЗ ($F(1;16)=19,7^{***}$), збір білка ($F(1;18)=214,2^{***}$), дату колосіння ($F(1;18)=246,0^{***}$) та висоту рослин ($F(1;18)=43,3^{***}$). На врожайність зерна фактор «Лінія» суттєво не впливав, і більшість ознак були зумовлені погодними умовами більшою мірою, ніж генотипом. Взаємодія «Лінія» × «Рік» була значущою для МТЗ ($F(16;38)=4,5^{***}$) зі зміною рангів для окремих ліній. Хоча відмінності між показниками ліній, отриманими в різні роки, були невірогідними, в середньому МТЗ була значно вищою у гостро посушливому сезоні 2020 р. (37,2 г проти 35,7 г у 2019 р.). Збір білка був набагато вищим у 2019 році (8,50 ц/га проти 5,12 ц/га в 2020 році) завдяки урожайності, яка також була набагато вищою у сприятливішому 2019 році (табл. 5 та 6).

Вміст білка в гостро посушливому 2020 році, як правило, має тенденцію до зменшення (12,0% у 2019 році та 11,7% у 2020 році, відповідно), але різниця між значеннями, отриманими в різні роки, невірогідна і не перевищує похибки. Невідповідність загальній тенденції спостерігалася лише для лінії E2776/14 (**Віген** / Од. 267 // Селянка), де одночасно спостерігались максимальні по досліді 2020 р. показники врожайності (52,1 ц/га) та вмісту білка (13,2%). Така ж картина спостерігалася і для значень абсолютного вмісту білка в перерахунку на 1000 зернин.

Натура зерна визначалася розміром і формою зернин ($r=-0,47^{***}$ між натурою та об'ємом 1000 зернин) та вмістом білка ($r=0,32^{**}$) і не залежала від МТЗ ($r=0,07$). Загалом, дрібне кругле зерно з високим вмістом білка було краще упаковано. Досить помітні відмінності між генотипами спостерігались за щільністю борошна ($LIV=509-718$ кг/м³). Слід зазначити, що незважаючи на слабку негативну кореляцію між урожайністю лінії та щільністю борошна ($r=-0,23^*$), що може пояснюватися різнонаправленим впливом ПЖТ на обидві ознаки, добір за цим показником збільшить МТЗ ($r=0,28^*$), а отже, і врожайність лінії, незалежно від розміру зерна.

Через відсутність весняних опадів рослини пшениці в середньому (вірогідно при $p<0,001$) колосились на 4,4 дня раніше, були на 10 см нижчими і на 36 ц/га менш урожайними в 2020 році, ніж у 2019. Зниження врожайності зерна ліній в умовах гострої посухи (індекс посухостійкості) становило 24,4%–50,7% від урожайності в нормальних умовах (2019 р.) та 25,3% (Куяльник) і 33,4% (Антонівка) у стандартів (табл. 6). Оскільки цей індекс є обернено пропорційною величиною до значень урожаю, лінії з нижчою урожайністю у 2019 р. мали найменше зниження урожаю і, таким чином, видавались посухостійкими. Як результат, виділені три перспективні лінії E2776/14 (**Віген** / Од. 267 // Селянка), P1L644/18 та P1L652/18 (обидві – Селянка / **ES17** F₂// Од. 267 F₄/3/Гурт)

Таблиця 6

**Порівняння середніх значень досліджуваних ознак
озимої пшениці під впливом фактору «Лінія»**

Лінія	Дата коло- сіння травень	Висота рос- лин см	Урожай-ність ц/га	Індекс посухо- стійкості %	Маса 1000 зернин г	Вміст білка %	Збір білка ц/га	Абс.вміст білка на 1000 зернин, г
Антонівка (St)	15	96	57,7	33,4	38,3	11,3	6,57	4,28
Куяльник (St)	14	100	60,1	25,3	36,6	11,4	6,84	4,22
AIL341/18	16	101	57,4	40,6	36,1	11,7	6,84	4,31
AIL345/18	14	95	57,9	41,5	37,6	11,4	6,61	4,27
AIL347/18	14	92	53,9	50,7	36,7	11,8	6,40	4,32
AIL353/18	15	90	54,9	48,3	36,2	11,9	6,59	4,29
AIL359/18	15	93	56,9	40,4	36,5	12,4	7,02	4,53
AIL361/18	15	90	56,5	43,9	37,5	11,9	6,65	4,48
AIL365/18	15	95	58,1	34,7	36,6	11,7	6,83	4,27
AIL379/18	14	94	57,8	40,0	33,6	12,9	7,51	4,34
AIL90PH18	14	84	55,4	43,4	34,3	10,8	5,97	4,10
AIL96PH18	15	96	59,9	40,3	37,6	12,6	7,72	4,74
PII611/18	14	92	56,7	36,5	38,1	12,7	7,21	4,83
PII644/18¹⁾	14	90	58,9	28,8	34,0	11,1	6,60	3,89
PII648/18	16	93	56,3	39,1	35,8	12,0	6,79	4,30
PII652/18	15	82	57,1	33,2	36,2	11,8	6,76	4,25
E2776/14	15	91	60,5	24,4	37,0	12,4	7,43	4,32
SD ²⁾	1,8	12	13,9	-	1,7	0,7	1,83	0,27
НІР _{0,05}	1,8	10	8,3	-	1,0	1,3	1,47	0,48

¹⁾ Лінії з індексами посухостійкості в межах значень стандартів позначені жирним шрифтом.

²⁾SD – стандартне відхилення; НІР_{0,05} – найменша істотна різниця при $p < 0,05$.

з показниками посухостійкості в межах стандартів. Хоча на відміну від інших удосконалених інтрогресивних ліній, вони не перевищували найближчий стандарт щодо абсолютних значень урожайності в 2019 р., лінія E2776/14 показала високий вміст білка в 2020 р. (13,2%), а P1L644/18 і P1L652/18 були стійкі до стеблової іржі (табл. 6).

Обговорення результатів

В історії селекції пшениці надзвичайний внесок зробили стійкі до хвороб та посухи донори зародкової плазми з ПЖТ 1BL.1RS [14]. В даній роботі, подібно до [20, 29], показаний позитивний вплив ПЖТ 1BL.1RS як на врожайність, так і на адаптивні ознаки, а також на здатність комбінуватися з іншими генами стійкості, хоча і у дуже небагатьох генетичних середовищах. Отже, для включення ефективних в даний час генів стійкості *Yr9* та *Sr31* у сорти СГІ–НЦНС без негативного впливу на якість борошна, здійснено поєднання інтактної 1BL.1RS, а також модифікованої (несе два інтерстеціальних сегмента пшеничної хромосоми 1BS в плече 1RS) транслокації 1BL.1RS_m з алелем високої якості *Glu-B1_{al}* [34, 39]. На жаль, стійкі лінії, похідні MA1 [36], які, ймовірно, мають транслокацію 1BL.1RS_m, показали нижчу врожайність у полі, порівняно з інтрогресивними лініями з інтактним плечем 1RS. І жодна з них не ввійшла в кращі (табл. 5, 6). Це відповідає літературним свідченням. Так, було показано [30, 31], що вставка короткого сегмента хромосоми 1BS пшениці в дистальну область плеча 1RS_m пов'язана зі зниженням врожайності зерна, біомаси, довжини коренів та водного статусу проростків. Механізмом цього є трикратне дозування генів, спричинене дуплікацією сегмента житньої хромосоми 1RS_m у лінії MA1, та колінеарністю пшеничної вставки з означеною дуплікацією [28].

Проте, залучення ПЖТ 1BL.1RS дає можливість практичного використання лише кількох генів стійкості до хвороб. У той же час різноманіття інших видів є величезним потенційним резервуаром нових для пшениці генів, велика кількість яких уже відомі [37]. Зокрема, в лабораторії селекції інтенсивних сортів пшениці СГІ–НЦНС особлива увага була звернута на найстійкіший до грибкових хвороб вид *T. timopheevii* Zhuk., який має комплексний імунітет суто генного (ядерного) типу. Причому найбільш ефективні гени стійкості локалізовані переважно у специфічному субгені G [10, 12], який суттєво відмінний від геному пшениці м'якої [26], що ускладнює інтрогресію генів стійкості. Шляхом ступінчастих схрещувань за участі примітивного зразка, похідного від *T. timopheevii*, був отриманий стійкий до хвороб сорт Ювілейна 75, який увійшов до родоводу низки більш нових сортів – Ніконія, Ліона та ін. [14].

Однак, використання *T. timopheevii* в інтрогресивній гібридизації з пшеницею м'якою наштовхується на ряд труднощів [9], тому традиційно залучають в схрещування 42-хромосомні амфіплоїди *T. timopheevii*-*Aegilops tauschii* Coss. [21, 26, 48]. Саме цим методом було створено колекційний зразок Н74/90–245 [19], використаний у даному дослідженні (табл. 1). Тому ймовірно, що у най-

стійкіших удосконалених ліній (табл. 5) окремі ефективні гени стійкості, в першу чергу до стеблової іржі, походять також від *T. timopheevii*, яка входить до родоводу зразка Н74/90–245. В літературі є свідчення [2] про необхідність пірамідування кількох (від 2 до 7) відомих *Sr* генів для досягнення високої стійкості. Створення матеріалу з таким типом стійкості – це винятковий успіх, бо саме стеблова іржа тепер представлена самими вірулентними расами і складає найбільшу загрозу для пшениці у багатьох регіонах світу [47].

Значних успіхів досягнуто таким чином в КНДІСГ (Росія) при використанні *T. miguschovae* Zhirov – штучного амфідиплоїда голозерного мутанта *T. timopheevii* (*T. militinae* Zhuk. et Migusch.) з *Ae. tauschii* (A'A'GGDD). Від схрещувань з його участю створені сорти пшениці м'якої озимої Ростислав, Восторг, Жировка, Фішт, Євгенія та ін. [21]. Проте перенесена в пшеницю стійкість до листової іржі контролюється, головним чином, комбінацією генів *Lr39* від егілопса та *Lr26* від жита [3], а кількість районованих сортів, створених з використанням елементів саме субгеному G, в цілому дуже мала [11], хоча ліній з генетичним матеріалом *T. timopheevii* отримано чимало [11, 26, 37]. Це пояснюється недостатньою ефективністю інтрогресивних процесів. Відомо, що генетичний матеріал хромосом субгеному G передається в пшеницю з низькою частотою і, як правило, транслокаціями великих сегментів або заміщеннями цілих хромосом. І хоча заміщені і транслокантні лінії характеризуються нормальною морфологією і фертильністю [11, 26], все ж наявність великих за обсягом сегментів чужинного хроматину спричинює зниження продуктивності інтрогресивного матеріалу [7].

Загалом, інтрогресивні лінії широко вивчаються у відношенні різних цінних ознак в Україні [1, 4, 33, 40] та у світі [23, 35]. Досліджуються як теоретичні аспекти еволюції геномів, картування генів, успадкування або стабільності чужинних ознак в пшеничному генофоні [25, 29, 30, 39], так і практичне їх використання у селекції [1, 17, 20, 35]. У СГІ–НЦНС інтрогресивні лінії випробовуються уже тривалий час. Кожного сезону виділяються поодинокі лінії, що перевищують в даних умовах стандарти за врожайністю та мають деякі чужинні ознаки, в основному стійкість до хвороб [1, 18, 40]. Деякі з найкращих ліній стали сортами, що характерно не лише для СГІ–НЦНС, але й для інших селекційних установ [1, 13, 20, 21]. Щодо ліній, вивчених у даній роботі, то більшість із них має стійкість до хвороб – ознаки, за якими вони відбиралися. П'ятнадцять із 78 досліджених ліній мали задовільну урожайність у прийнятних умовах 2019 року, але лише одна лінія перевершила найближчі стандарти у гостро посушливому 2020 р. Три лінії виявили стійкість до посухи в межах значень стандартів. Дві з них були стійкими до хвороб та одна – високобілковою лінією. Лінії позбавлені багатьох негативних ознак, властивих диким видам, і як такі вони є перспективними донорами генів стійкості до хвороб для створення інноваційного матеріалу та поточних селекційних програм на півдні України.

Висновки

1. В результаті схрещувань різних першоджерел чужинних ознак із сучасними сортами пшениці були отримані інтрогресивні лінії з чужинними генетичними комплексами стійкості до хвороб, високого вмісту білка та морфологічних ознак, більшість з яких були стійкими до видів іржі завдяки успішній інтрогресії чужинних *Lr*, *Yr* та *Sr* генів з усіх джерел, залучених до гібридизації.

2. Висока тривала стійкість до стеблової іржі спостерігалась головним чином серед похідних колекційного зразка Н74/90–245 з Болгарії, генетичний фон яких був сприятливим для генерування позитивного ефекту транслокації 1BL.1RS як на продуктивні, так і на адаптивні ознаки на півдні України та здатність комбінуватися з іншими генами стійкості. Серед похідних *Ae. tauschii* такі лінії зустрічались дуже рідко; більшість ліній, стійких до стеблової іржі на стадії молочно-воскової стиглості, поступово втрачають стійкість по мірі дозрівання зерна.

3. Урожайність не корелювала зі стійкістю до борошнистої роси, листкової або жовтої іржі. Стійкість до стеблової іржі корелювала із врожайністю, збором білка, натурою та щільністю борошна, що може бути зумовлено наявністю транслокації 1BL.1RS. Вміст білка негативно корелював із урожайністю ($r = -0,45^{***}$). Негативна кореляція також спостерігалась між іншими ознаками якості та врожайністю зерна, але ознаки якості переважно позитивно корелювали між собою. Висота рослини мала найбільший внесок у врожайність, потім об'єм 1000 зернин та МТЗ, відповідно.

4. Ефект фактору рік був вірогідним на врожайність та збір білка, МТЗ, дату колосіння та висоту рослин. Крім того, на всі ознаки погодні умови впливали більшою мірою, ніж генотип. В середньому зниження врожайності інтрогресивних ліній в умовах гострої посухи (індекс посухостійкості) складало від 24,4% до 50,7% від урожайності в нормальних умовах (2019 р.) та 25,3% (Кувальник) та 33,4% (Антонівка) у стандартів.

5. Виділено п'ятнадцять вдосконалених інтрогресивних ліній (A1L341/18, A1L345/18, A1L347/18, A1L353/18 та ін.), що поєднують різний рівень стійкості до борошнистої роси або видів іржі з продуктивністю в сприятливих умовах на рівні стандартів або вище, а також три перспективні лінії (E2776/14, P1L644/18 та P1L652/18) з показниками посухостійкості в межах значень стандартів. Жодна з високопродуктивних ліній не мала чужинних морфологічних ознак. Лінії позбавлені багатьох негативних ознак, притаманних диким видам і можуть бути джерелом генів стійкості до хвороб для поточних селекційних програм на Півдні України.

Подяка

Автори висловлюють подяку к.с.-х.н. О.А. Васильєву за допомогу у створенні штучного інфекційного фону іржастих хвороб.

Стаття надійшла до редакції 05.10.2021

Список використаної літератури

1. Бабаянц О. В. Основы селекции и методология оценок устойчивости пшеницы к возбудителям болезней / О. В. Бабаянц, Л. Т. Бабаянц. – Одесса: ВМБ, 2014. – 401 с.
2. Воронов С. И. Пребридинговые исследования пшеницы мягкой по повышению устойчивости к биотическим и абиотическим стрессам в Нечерноземной зоне РФ / С. И. Воронов, И. Ф. Лапочкина, Л. А. Марченкова, О. В. Павлова, Р. Ф. Чавдарь, Т. Г. Орлова // Бюллетень ГНБС. – 2019. – Вып. 132. – С. 102–108. doi: 10.25684/NBG.boolt.132.2019.13.
3. Давоян Э. Р. Изучение интрогрессивных линий мягкой пшеницы с генетическим материалом *Aegilops tauschii* по устойчивости к листовая ржавчине / Э. Р. Давоян, Д. С. Миков, Ю. С. Зубанова, Д. М. Болдаков, Р. О. Давоян, И. В. Бебякина, В. А. Бибишев // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – Т. 22, № 1. – С. 97–101. doi: 10.18699/VJ18.336.
4. Демидов О. А. Вихідний матеріал для селекції пшениці м'якої озимої на високу стійкість до хвороб в умовах Лісостепу України / О. А. Демидов, Г. Б. Вологодіна, С. І. Волощук, О. В. Гуменюк, В. В. Кириленко, С. О. Хоменко // Фактори експериментальної еволюції організмів. – Київ, 2019. – Т. 24. – С. 63–69. doi: 10.7124/FEEO.v24.1080.
5. ДСТУ 4138–2002 Насіння сільськогосподарських культур. Методи визначання якості / Кіндрок М. О. та ін. Держспоживстандарт України. – К., 2003. – С. 17–18. <https://www.studmed.ru/dstu-4138-2002-nasnnyaslskogospodarskih-kultur-metodi-viznachennya-yakost/e073265435f.html>.
6. Жиров Е. Г. Синтез новой гексаплоидной пшеницы / Е. Г. Жиров // Тр. по прикл. ботанике, генетике и селекции. – 1980. – Т. 68, № 1. – С. 14–16.
7. Значення специфічності генетичного матеріалу для успішної інтрогресії у геном м'якої пшениці (на прикладі інтрогресивних ліній *Triticum aestivum* L./*Triticum miguschovae* Zhirov): автореф. дис. ... канд. біол. наук: 03.00.15 «Генетика» / А. В. Злацька. – К.: ІАІБ УААН, 2001. – 19 с.
8. Кириченко Ф. Г. Изучение и отбор высокобелковых образцов озимой мягкой пшеницы из коллекции ВИР как исходного материала для селекции / Ф. Г. Кириченко, Н. А. Литвиненко, В. Г. Адамовская // Докл. ВАСХНИЛ. – 1979. – № 11. – С. 6–9.
9. Козловская В. Ф. Пути повышения эффективности интрогрессии генетического материала *Triticum timopheevii* Zhuk. в мягкую пшеницу на этапе выполнения первого беккрасса / В. Ф. Козловская, Г. М. Музалитин // Генетика. – 1993. – Т. 29, № 1. – С. 167–176.
10. Кривченко В. И. Устойчивость к пыльной головне и геномный состав пшеницы / В. И. Кривченко, А. М. Ямалеев, Э. Ф. Мигушова // Генетика. – 1976. – Т. 12, № 4. – С. 5–11.
11. Леонова И. Н. Изучение признаков продуктивности у интрогрессивных линий *Triticum aestivum*/*Triticum timopheevii*, устойчивых к грибным болезням / И. Н. Леонова, Е. Б. Будашкина // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2016. – Т. 20, № 3. – С. 311–319. doi: 10.18699/VJ16.120.
12. Леонова И. Н. Генетический анализ и локализация локусов, контролирующих устойчивость интрогрессивных линий *Triticum aestivum* × *Triticum timopheevii* к листовой ржавчине / И. Н. Леонова, М. С. Родер, Н. П. Калинина, Е. Б. Будашкина // Генетика. – 2008. – Т. 44, № 12. – С. 1652–1659.
13. Литвиненко М. А. Створення сортів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.), адаптованих до змін клімату на Півдні України / М. А. Литвиненко // Збірник наукових праць СГП–НЦНС. – 2016. – Вип. 27 (67). – С. 36–53.
14. Лифенко С. П. Інтрогресії в геном пшениці м'якої від різних донорів – проблемний, але перспективний напрям селекції / С. П. Лифенко, Т. П. Нарган, М. Ю. Наконечний // Селекція і насінництво. – 2014. – Вип. 105. – С. 39–50. doi: 10.30835/2413-7510.2014.42043.
15. Мощный И. И. Успадкування стійкості до хвороб та морфологічних ознак у гібридів м'якої пшениці з інтрогресивними лініями / І. І. Мощний, О. М. Благодарова // Збірник наукових праць СГП–НАЦ НАІС. – 2004. – Вип. 6 (46). – С. 179–193.
16. Мощный И. И. Идентификация 1В-1R транслокации и замещения у интрогрессивных линий озимой пшеницы с помощью биохимических маркеров / И. И. Мощный, Е. М. Благодарова, В. И. Файт // 36. науч. статей V Міжнар. конф. «Геном рослин». – Одеса, 2008. – С. 98–101.
17. Мощный И. И. Застосування похідних неповного пшенично-елімусного амфіплоїда (НПЕА) *Elytricum fertile* в селекції пшениці м'якої озимої / І. І. Мощний, Т. П. Нарган, М. І. Єрняк, С. П. Лифенко // Вісник аграрної науки. – 2017. – Вип. 8. – С. 45–50. doi: 10.31073/agrovisnyk201708-08.
18. Мощный И. И. Залучення інтрогресивних ліній для селекції пшениці м'якої озимої / І. І. Мощний, Т. П. Нарган, С. П. Лифенко, М. І. Єрняк // Вісник ХНАУ. Біологія. – 2014. – Вип. 1 (31). – С. 79–90.

19. Отчет о научно-исследовательских работах, проведенных в сотрудничающих учреждениях стран – членов СЭВ за 1974 г. // Координационный центр СЭВ. – Одесса, 1975. – С. 5.
20. Першина Л.А. Аллоплазматические рекомбинантные линии (*H. vulgare*)-*T. aestivum* с транслокацией 1RS.1BL: исходные генотипы для создания сортов мягкой пшеницы / Л.А. Першина, Л.И. Белова, Н.В. Трубочеева, Т.С. Осадчая, В.К. Шумный, И.А. Белан, Л.П. Россева, В.В. Немченко, С.Н. Абакумов // Вавиловский журнал генетики и селекции. – 2018. – Т. 22, № 5. – С. 544–552. doi: 10.18699/VJ18.393.
21. Твердохлеб Е.В. Скрещиваемость и фертильность гибридов между формами пшеницы – носителями субгена G и сортами мягкой и твердой пшениц / Е.В. Твердохлеб // Вестник ХНУ им. В.Н. Каразина. Биология. – 2009. – Вып. 9 (856). – С. 89–96.
22. Чеботар Г.О. Апробация маркерного анализа гена *TaSnRK2.8-A* на украинских сортах пшеницы мягкой озимой / Г.О. Чеботар, О.С. Олійник, Ю.О. Лавриненко, С.В. Чеботар // Вісник ОНУ. Біологія. – 2020. – Т. 25, вип. 2 (47). – С. 83–94. doi: 10.18524/2077-1746.2020.2(47).218456.
23. Ahmadi J. Wild relatives of wheat: *Aegilops-Triticum* accessions disclose differential antioxidative and physiological responses to water stress / J. Ahmadi, A. Pour-Aboughadareh, S.F. Ourang, A.A. Mehrabi, K. H.M. Siddique // Acta Physiol. Plant. – 2018. – V. 40, № 5, P. 90–104. doi: 10.1007/s11738-018-2673-0.
24. Babayants O.V. Race composition of *Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* in the South of Ukraine and effectiveness of *Pm*-genes in 2004–2013 / O.V. Babayants, L.T. Babayants, V.A. Traskovetskaya, A.F. Gorash, N.I. Saulyak, A.V. Galaev // Cer. Res. Comm. – 2015. – V. 43, № 3. – P. 449–458. doi: 10.1556/0806.43.2015.011.
25. Babayants O.V. Genetic determination of wheat resistance against *Puccinia graminis* (f. sp. *tritici*) derived from *Aegilops cylindrica*, *Triticum erebuni*, and Amphidiploid 4 / O.V. Babayants, L.T. Babayants, A.F. Gorash, A.A. Vasil'ev, V.A. Traskovetskaya, V.A. Palyasnyi // Cytol. Genet. – 2012. – V. 46, № 1. – P. 9–14. doi: 10.3103/S0095452712010033.
26. Brown-Guedira G.L. Chromosome substitutions of *Triticum imopheevii* in common wheat and some observations on the evolution of polyploid wheat species / G.L. Brown-Guedira, E.D. Badaeva, B.S. Gill, T.S. Cox // Theor. Appl. Genet. – 1996. – V. 93, № 8. – P. 1291–1298. doi: 10.1007/BF00223462.
27. Chebotar S.V. Analysis of recombinations between 1RS and 1BS chromosomes by using PCR and GLL/GLU markers / S.V. Chebotar, M.K. Toporash, I.I. Motsnyi, O.M. Blagodarova, P. Sourdille // 17th EWAC EUCARPIA Int. Conf., Bucharest, Romania, 3–8 June 2018. – EWAC Newsl. – 2019. – P. 56–59.
28. Gabay G. Structural rearrangements in wheat (1BS)-rye (1RS) recombinant chromosomes affect gene dosage and root length / G. Gabay, J. Zhang, G.F. Burguener, T. Howell, H. Wang, T. Fahima, A. Lukaszewski, J.I. Moriconi, G.E. Santa-Maria, J. Dubcovsky // Pl. Genome. – 2021. – e20079. – P. 1–16. doi: 10.1002/tpg2.20079.
29. Gorash A. Leaf rust resistance of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines derived from interspecific crosses / A. Gorash, A. Galaev, O. Babayants, L. Babayants // Zemdirbyste-Agriculture. – 2014. – V. 101, № 3. – P. 295–302. doi: 10.13080/z-a.2014.101.038.
30. Howell T. Mapping a region within the 1RS.1BL translocation in common wheat affecting grain yield and canopy water status / T. Howell, I. Hale, L. Jankuloski, M. Bonafede, M. Gilbert, J. Dubcovsky // Theor. Appl. Genet. – 2014. – V. 127, № 12. – P. 2695–2709. doi: 10.1007/s00122-014-2408-6.
31. Howell T. A wheat/rye polymorphism affects seminal root length and yield across different irrigation regimes / T. Howell, J.I. Moriconi, X.Q. Zhao, J. Hegarty, T. Fahima, G.E. Santa-Maria, J. Dubcovsky // J. Exp. Bot. – 2019. – V. 70, № 15. – P. 4027–4037. doi: 10.1093/jxb/erz169.
32. Kjeldahl J. Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern” (New method for the determination of nitrogen in organic substances) / J. Kjeldahl // Zeitschrift für analytische Chemie. – 1983. – V. 22, № 1. – P. 366–383.
33. Kovalchuk S.O. Identification of prospective sources of agronomically-valuable traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) among breeding lines in the condition of Forest-Steppe of Ukraine / S.O. Kovalchuk, S.I. Voloshchuk, N.A. Kozub, Ye. V. Zaika, V.M. Starychenko // Ukr. J. Ecol. – 2020. – V. 10, № 5. – P. 253–258. doi: 10.15421/2020/240.
34. Kozub N.A. Development of common wheat lines with the 1BL/1RS translocation linked with the allele *Glu-B1_{at}* / N.A. Kozub, I.A. Sozinov, G. Ya. Bidnyk, N.A. Demianova, O.I. Sozinova, A.V. Karelov, Ya. B. Blume, A.A. Sozinov // Plant Protection and Quarantine. – 2017. – Is. 63. – P. 176–184. doi: 10.36495/1606-9773.2017.63.77-85.
35. Liu Ch. Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization / Ch. Liu, R. Han, X. Wang, W.P. Gong, D.G. Cheng, X.Y. Cao, A.F. Liu, H. Sh. Li, J.J. Liu // Scientia Agricultura Sinica. – 2020. – V. 53, № 7. – P. 1287–1308. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2020.07.001.

36. Lukaszewski A. Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoelogous recombination / A. Lukaszewski // *Crop Sci.* – 2000. – V. 40, № 1. – P. 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
37. McIntosh R.A. Catalogue of gene symbols for wheat / R.A. McIntosh, Y. Yamazaki, J. Dubcovsky, J. Rogers, C. Morris, R. Appels, X.C. Xia // 12th Int. Wheat Genet. Symp., Yokohama, Japan, 8–13 September 2013: proceedings. – Yokohama, 2013. <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/2013/GeneSymbol.pdf>.
38. Motsnyi I.I. Inheritance of alien characters in hybrids between *T. aestivum* and wheat introgression lines / I.I. Motsnyi // *Ann. Wheat Newsl.* – 2004. – V. 50. – P. 178–180. doi: 10.13140/RG.2.1.1223.1206.
39. Motsnyi I.I. Cytogenetic characteristics of wheat lines with modified rye-wheat translocation 1RS.1BL / I.I. Motsnyi, E.M. Blagodarova, A.I. Rybalka // *Cytol. Genet.* – 2017. – V. 51, № 5. – P. 331–338. doi: 10.3103/S0095452717050073.
40. Motsnyi I.I. Selection evaluation of introgressive lines of soft winter wheat with signs of resistance to phytopathogens / I.I. Motsnyi, O.O. Molodchenkova, A.P. Smertenko, L.T. Mishchenko, A.I. Kryvenko, R.V. Solomonov // *Plant Archives.* – 2021. – V. 21, № 1. – P. 486–498. doi: 10.51470/PLANTARCHIVES.2021.v21.S1.076.
41. Motsnyi I. I. A genetic diversity of the synthetics *T. durum* x *Ae. tauschii* and their involvement in wheat crosses / I.I. Motsnyi, A.I. Rybalka // Genetic resources of cultivated plants. Problems of crop evolution and systematics: Int. Sc. Conf. in commemoration of the 120th birthday of E.N. Sinskaya, 8–11 December 2009: materials. – St. Petersburg, 2009. – P. 97–101.
42. Mujeeb-Kazi A. Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement / A. Mujeeb-Kazi, A. Gul, M. Farooq, S. Rizwan, I. Ahmad // *Aust. J. Agric. Res.* – 2008 – V. 59, № 10. – P. 391–398. doi: 10.1071/AR07226.
43. Mujeeb-Kazi A. Utilizing wild grass biodiversity in wheat improvement: 15 years of wide cross research at CIMMYT / A. Mujeeb-Kazi, G. P. Hettel // *Research Report.* – № 2. – Mexico, D. F., CIMMYT, 1995.
44. Saari E. E. A scale for appraising the foliar intensity of wheat diseases / E. E. Saari, J. M. Prescott // *Plant Dis. Rep.* – 1975. – V. 59, № 5. – P. 377–380.
45. Sarto M. V. M. Wheat phenology and yield under drought: a review / M. V. M. Sarto, J. R. W. Sarto, L. Rampim, J. S. Rosset, D. Bassegio, P. F. da Costa, A. M. Inagaki // *Austral. J. Crop Sci.* – 2017 – V. 11, № 8. – P. 941–946. doi: 10.21475/ajcs.17.11.08.pne351.
46. Sidorenko M. V. The effect of drought on wheat plants at different growth stages / M. V. Sidorenko, S. V. Chebotar // *Вісник ОНУ. Біологія.* – 2020. – Т. 25, Вип. 1 (46). – С. 67–87. doi: 10.18524/2077-1746.2020.1(46).205848.
47. Soko T. Yield loss associated with different levels of stem rust resistance in bread wheat / T. Soko, C. M. Bender, R. Prins, Z. A. Pretorius // *Plant Disease.* – 2018. – V. 102, № 12. – P. 2531–2538. doi: 10.1094/PDIS-02-18-0307-RE.
48. Spetsov P. A review on amphiploids in the *Triticeae*, obtained in Bulgaria during 1950–1990 / P. Spetsov, M. Savov // *Wheat Inf. Serv.* – 1992. – V. 75. – P. 1–6.
49. Wellings C. R. Global status of stripe rust: a review of historical and current threats / C. R. Wellings // *Euphytica.* – 2011. – V. 179, № 1. – P. 129–141. doi: 10.1007/s10681-011-0360-y.

**І. І. Моцний¹, Т. П. Нарган¹, М. Ю. Наконечний¹, С. П. Лифенко¹,
О. О. Молодченкова¹, Л. Т. Міщенко²**

¹Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення НААН України, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна, e-mail: motsnyui@gmail.com,

²Київський національний університет імені Тараса Шевченка, ННЦ «Інститут біології та медицини», вул. Володимирська, 64/13, Київ, 01601, Україна, e-mail: lmishchenko@ukr.net.

РІЗНОМАНІТТЯ ПОХІДНИХ ВІДДАЛЕНОЇ ГІБРИДИЗАЦІЇ ОЗИМОЇ ПШЕНИЦІ ЗА СТІЙКІСТЮ ДО ХВОРОБ ТА ІНШИМИ ЧУЖИННИМИ ОЗНАКАМИ

Резюме

Проблема. Глобальні зміни клімату сприяють поширенню основних хвороб пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.) та збільшують втрати врожаю, спричинені як цими хворобами, так і посухою. Запобігання руйнівного впливу цих факторів на врожайність залежить від створення донорів, що несуть нові гени стійкості.

Мета. Досліджувалось різноманіття нових ліній пшениці, отриманих від складних міжвидових схрещувань, стосовно стійкості до поширених хвороб, посухи та інших сільськогосподарських ознак.

Методика. Випробування проводилося послідовно протягом двох посівних сезонів (2018–19 та 2019–20 рр.) в контрольному розсаднику по чорному пару без поливу. Рослинний матеріал включав сімдесят вісім інтрогресивних ліній пшениці різного походження та два сорти-стандарту для посушливого кліматичного поясу України. Були одержані дані за 9 агрономічними (кількісні оцінки) та 5 фітопатологічними (бальні оцінки) ознаками, які були обраховані за допомогою дисперсійного та кореляційного аналізу, щоб зрозуміти внесок чинників у загальну дисперсію та зв'язки між ознаками.

Основні результати. Більшість ліній були стійкими до видів іржі завдяки успішній інтрогресії чужинних *Lr*, *Yr* та *Sr* генів з усіх джерел, що брали участь у гібридизації. Висока тривала стійкість до стеблової іржі спостерігалась головним чином серед похідних колекційного зразка Н74/90–245 з Болгарії, генетичний фон яких був сприятливим для генерування позитивного ефекту транслокації 1BL.1RS як на продуктивні, так і на адаптивні ознаки на півдні України та здатність комбінуватися з іншими генами стійкості. Показники врожайності не корелювали зі стійкістю до хвороб, за виключенням стеблової іржі ($R_{sp} = 0,34^{**}$) та септоріозу ($R_{sp} = -0,23^{*}$). Стійкість до стеблової іржі корелювала із врожайністю, збором білка, натурою та щільністю борошна, що може бути зумовлено наявністю транслокації 1BL.1RS. Негативна кореляція спостерігалася між ознаками якості та врожайністю зерна, проте показники якості переважно позитивно корелювали між собою. Висота рослини склала найбільший внесок у врожайність зерна, за нею слідували об'єм 1000 зернин та МТЗ.

Висновки. Встановлено, що інтрогресивні лінії мають потенціал для використання в програмах поліпшення пшениці щодо стійкості до хвороб на півдні України.

Ключові слова: пшениця; інтрогресивні лінії; стійкість до хвороб; посуха; ознаки; продуктивність.

I. I. Motsnyi¹, T. P. Nargan¹, M. Yu. Nakonechnyi¹, S. Ph. Lyfenko¹,
O. O. Molodchenkova¹, L. T. Mishchenko²

¹Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,

3 Ovidiopolska doroga, Odesa, 65036, Ukraine

²Taras Shevchenko National University of Kyiv, Educational and Scientific Centre “Institute of Biology and Medicine”, 64/13 Volodymyrska str., Kyiv, 01601, Ukraine

DIVERSITY OF WIDE HYBRIDIZATION DERIVATIVES OF WINTER WHEAT FOR RESISTANCE TO DISEASES AND OTHER ALIEN CHARACTERS

Abstract

Introduction. The global climate change conduces spreading of main diseases of winter bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and increases the yield losses caused by both these diseases and drought. Preventing the devastating impact of these factors on the yield depends on development of donors carrying the resistance genes.

Aim. The diversity of new introgression wheat lines derived from complex interspecies crosses was evaluated for resistance to widespread diseases, drought and other agricultural traits.

Methods. The trial was conducted consecutively during two vegetative periods (2018–2019 and 2019–2020) on the black earth area under the arid system in a control nursery design. Genetic material includes seventy-eight introgression wheat lines of different origin with two check cultivars for the arid climate zone of Ukraine. The data on nine agronomic (quantitative scores) and five plant pathological (point scores) traits were collected and subjected to both variance and correlation analysis to comprehend the contribution of the factors towards general diversity and connections between the characters.

Results. Most lines were resistant to rust species due to the successful introgression of alien *Lr*, *Yr* and *Sr* genes from all sources involved in hybridization. High long-term resistance to stem rust was observed mainly among the derivatives of the collection sample H74/90–245 from Bulgaria, whose genetic background was favorable for generating a positive effect of 1BL.1RS translocation on both productive and adaptive traits in southern Ukraine and the ability to combine with other resistance genes. The yield traits did not correlate with the resistance to diseases except stem rust ($R_{sp} = 0.34^{**}$) and *Septoria* blight ($R_{sp} = -0.23^*$). Resistance to stem rust correlated with the grain and protein yield, test weight and flour density, which may be due to the presence of translocation 1BL.1RS. Negative correlation was observed between quality traits and grain yield, but quality traits mainly positively correlated with each other. The plant height had the highest contribution to grain yield followed by volume of 1000 kernels and WTK.

Conclusions. The introgression lines were found to be diverse and potential for use in the wheat improvement programs for resistance to the diseases or drought in Southern Ukraine.

Key words: wheat, introgression lines, disease resistance, drought, characters, productivity.

References

1. Babayants O. V., Babayants L. T. (2014) *Bases of breeding and methodology of assessments of wheat resistance to pathogens* [Osnovy selektsii i metodologiya otsenok ustoychivosti pshenitsy k vzbuditelnyam bolezney], Odessa, VMV, 401 p.
2. Voronov S. I., Lapochkina I. F., Marchenkova L. A., Pavlova O. V., Chavdar R. F., Orlova T. G. (2019) «Prebreeding research of a common wheat to improve its resistance to biotic and abiotic stresses in the non-chernozem belt of the Russian Federation» [«Prebridingovyye issledovaniya pshenitsy myagkoy po povysheniyu ustoychivosti k bioticheskim i abioticheskim stressam v Nechernozemnoy zone RF»], *Bull. of the State Nikita Botan. Gard.*, 132, pp. 102–108. doi: 10.25684/NBG.boolt.132.2019.13.
3. Davoyan E. R., Mikov D. S., Zubanova Y. S., Boldakov D. M., Davoyan R. O., Bebyakina I. V., Bibishev V. A. (2018) «Study of introgressive lines of common wheat with *Aegilops tauschii* genetic material for resistance to leaf rust» [«Izucheniye introgressivnykh liniy myagkoy pshenitsy s geneticheskim materialom *Aegilops tauschii* po ustoychivosti k listovoy rzhavchine», *Vavilov J. Genet. Breed.*, 22(1), pp. 97–101. doi: 10.18699/VJ18.336.
4. Demydov O. A., Volohdina H. B., Voloshchuk S. I., Humeniuk O. V., Kyrylenko V. V., Khomenko S. O. (2019) «Parent material for breeding winter wheat with high disease resistance under environments of forest-steppe of Ukraine» [«Vykhidnyi material dlya selektsiyi pshenitsy m'yakoyi ozymoyi na vysoku stiykist' do khvorob v umovakh Lisostepu Ukrainy»], *Factors in experimental evolution of organisms*, 24, pp. 63–69. doi: 10.7124/FEEO.v24.1080.
5. DSTU4138–2002 (2003) *Crop seeds. Methods of quality determination* [Nasnyia sil'skohospodars'kykh kul'tur. Metody vyznachannya yakosti], Kindruk M. O. et al; Derzhspozhyvstandart of Ukraine, Kyiv, pp. 17–18. <https://www.studmed.ru/dstu-4138-2002-nasnyia-slskogospodarskih-kultur-metodi-vyznachennya-yakost/e073265435f.html>.
6. Zhirov E. G. (1980) «Synthesis of new hexaploid wheat» [«Sintez novoy geksaploidnoy pshenitsy»], *Works Appl. Bot., Genet. Breed.*, 68(1), pp. 14–16.
7. Zlatska A. V. (2001) Importance of genetic material specificity for successful introgression into common wheat genome (using the *Triticum aestivum* L./*Triticum miguschovae* introgressive lines as a model) [Znachennya spetsyfichnosti henetychnoho materialu dlya uspishnoy introhresiyi u henom m'yakoyi pshenitsy (na prykladi introhresyivnykh liniy *Triticum aestivum* L./*Triticum miguschovae* Zhirov). thesis dis... kand. biol. nauk, 03.00.15.– genetics], Kyiv, ICBGI NASU, 19 p.
8. Kirichenko F. G., Litvinenko N. A., Adamovskaya V. G. (1979) «Study and selection of high protein samples of bread winter wheat from a collection of All-Soviet Union Crop Research Institute such as starting material for breeding» [«Izucheniye i otbor vysokobelkovykh obraztsov ozimoy myagkoy pshenitsy iz kolektsii VIR kak iskhodnogo materiala dlya selektsii»], *Proc. of All-Soviet Union Agr. Sc.*, 11, pp. 6–9.
9. Kozlovskaya V. F., Musalitin G. M. (1993) «The ways for increasing efficiency of introgression of the genetic material of *Triticum timopheevii* Zhuk. into bread wheat during the first backcross step» [«Puti povysheniya effektivnosti introgressii geneticheskogo materiala *Triticum timopheevii* Zhuk. v myagkuyu pshenitsu na etape vpolneniya pervogo bekkrossa»], *Genetika*, 29(1), pp. 167–176.
10. Krivchenko V. I., Yamaleev A. M., Migushova E. F. (1976) «Common bunt resistance and wheat genomic composition» [«Ustoychivost' k pyl'noy golovne i genomnyy sostav pshenitsy»], *Genetika*, 12(4), pp. 5–11.
11. Leonova I. N., Budashkina E. B. (2016) «The study of agronomical traits determining productivity of *Triticum aestivum*/*Triticum timopheevii* introgression lines with resistance to fungal diseases» [«Izucheniye priznakov produktivnosti u introgressivnykh liniy *Triticum aestivum*/*Triticum timopheevii*, ustoychivyykh k gribnym boleznyam»] *Vavilov J. Genet. Breed.*, 20(3), pp. 311–319. doi: 10.18699/VJ16.120.
12. Leonova I. N., Röder M. S., Kalinina N. P., Budashkina E. B. (2008) «Genetic analysis and localization of loci controlling leaf rust resistance of *Triticum aestivum* × *Triticum timopheevii* introgression lines» [«Geneticheskiy analiz i lokalizatsiya lokusov, kontroliruyushchikh ustoychivost' introgressivnykh liniy *Triticum aestivum* × *Triticum timopheevii* k listovoy rzhavchine»], *Rus. J. Genet.*, 44(12), pp. 1652–1659.
13. Lytvynenko M. A. (2016) «Creation of winter bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) adapted to climatic changes in the South Ukraine» [«Stvorenniya sortiv pshenitsy m'yakoyi ozymoyi (*Triticum aestivum* L.), adaptovanykh do zmin klimatu na Pivdni Ukrainy»], *Collection of Sci. Articles of PBGI–NCSCI*, Odessa, 67(27), pp. 36–53.
14. Lyfenko S. Ph., Nargan T. P., Nakonechny N. Ju. (2014) «Problematic but prospective direction of breeding: introgressions into genome of winter bread wheat different donors» [«Introhresiyi v genom pshenitsy m'yakoyi vid riznykh donoriv – problemnyi, ale perspektyvnyi napryam selektsiyi»], *Breeding and seed production*, 105, pp. 39–50. doi: 10.30835/2413–7510. 2014.42043.

15. Motsnyi I. I., Blagodarova E. M. (2004) «*Inheritance of resistance to diseases and morphological characters in the hybrids of common wheat with introgression lines*» [«Uspadkuvannya stiykosti do khvorob ta morfolohichnykh oznak u hibrydiv m'yakoyi pshenytsi z introhresyvnymy liniyamy»], *Collection of Sci. Articles of PBGI-NCSCI*, Odessa, 46(6), pp. 179–193.
16. Motsnyi I. I., Blagodarova E. M., Feit V. I. (2008) «*Identification of 1B-1R translocation and substitution in introgression lines of winter wheat using biochemical markers*», *Plant Genome* [«Identifikatsiya 1B-1R translokatsii i zameshcheniya u introgressivnykh liniy ozymoy pshenytsi s pomoshch'yu biokhimicheskikh markerov» Henom roslyn], *Collected scientific papers of V Int. Conf.*, 13–16 October 2008, SBPC UAAS: Odessa, Ukraine, pp. 98–101.
17. Motsnyi I. I., Narhan T. P., Yeryniak M. I., Lyfenko S. Ph. (2017) «*Application of derivatives of incomplete wheat-wildrye amphiploid (WWRA) Elytricum fertile in selection of winter soft wheat*» [«Zastosuvannya pokhidnykh nepovnoho pshenychno-elimusnoho amfiployida (NPEA) *Elytricum fertile* v selektsiyi pshenytsi m'yakoyi ozymoyi»], *Bulletin of Agricultural Science*, Ukraine, 8, pp. 45–50. doi: 10.31073/agrovisnyk201708–08.
18. Motsnyi I. I., Narhan T. P., Lyfenko S. Ph., Yerynyak N. I. (2014) «*Involvement of introgression lines for winter bread wheat breeding*» [«Zaluchennya introhresyvnnykh liniy dlya selektsiyi pshenytsi m'yakoyi ozymoyi»], *Bull. Kharkiv Natl. Agr. Univ. Ser. Biology*, 31(1), pp. 79–90.
19. Report on research work carried out in the cooperating institutions of the COMECON member countries for 1974 [Otchet o nauchno-issledovatel'skikh rabotakh, provedennykh v sotrudnichayushchikh uchrezhdeniyakh stran – chlenov SEV za 1974 g.], *COMECON Coordination Center*: Odessa, 1975, p. 5.
20. Pershina L. A., Belova L. I., Trubacheeva N. V., Osadchaya T. S., Shumny V. K., Belan I. A., Rosseeva L. P., Nemchenko V. V., Abakumov S. N. (2018) «*Alloplasmic recombinant lines (H. vulgare)-T. aestivum with IRS.1BL translocation: initial genotypes for production of common wheat varieties*» [«Alloplazmaticheskiye rekombinantnyye linii (*H. vulgare*)-*T. aestivum* s translokatsiyey IRS.1BL: iskhodnyye genotypy dlya sozdaniya sortov myagkoy pshenytsy»], *Vavilov J. Genet. Breed.*, 22(5), pp. 544–552. doi: 10.18699/VJ18.393.
21. Tverdokhle E. V. (2009) «*Crossability and fertility of hybrids between wheat forms carrying subgenome G and varieties of bread and durum wheat*» [«Skreshchivayemost' i fertil'nost' gibridov mezhdou formami pshenytsi – nositelyami subgenoma G i sortami myagkoy i tvordoy pshenitsy»], *J. V. N. Karazin Kharkiv Natl. Univ. Ser. Biology*, 9(856), pp. 89–96.
22. Chebotar G. O., Oliinyk O. Ye., Lavrynenko Yu. O., Chebotar S. V. (2020) «*Approbation of TaSnRK2.8-A gene marker analysis on Ukrainian bread winter wheat varieties*» [«Aprobatsiya markernoho analizu hena *TaSnRK2.8-A* na ukrayins'kykh sortakh pshenytsi m'yakoyi ozymoyi»], *Visnyk ONU. Ser. Biolohiia*, 25(2), pp. 83–94. doi: 10.18524/2077–1746.2020.2(47).218456.
23. Ahmadi J., Pour-Aboughadareh A., Ourang, S. F., Mehrabi A. A., Siddique K. H. M. (2018) «*Wild relatives of wheat: *Aegilops-Triticum* accessions disclose differential antioxidative and physiological responses to water stress*», *Acta Physiol. Plant.*, 40(5), pp. 90–104. doi: 10.1007/s11738–018–2673–0.
24. Babayants O. V., Babayants L. T., Traskovetskaya V. A., Gorash A. F., Saulyak N. I., Galaev A. V. (2015) «*Race composition of *Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* in the South of Ukraine and effectiveness of *Pm*-genes in 2004–2013*», *Cer. Res. Comm.*, 43(3), pp. 449–458. doi: 10.1556/0806.43.2015.011.
25. Babayants O. V., Babayants L. T., Gorash A. F., Vasil'ev A. A., Traskovetskaya V. A., Palyasnyi V. A. (2012) «*Genetic determination of wheat resistance against *Puccinia graminis* (f. sp. *tritici*) derived from *Aegilops cylindrica*, *Triticum erebuni*, and Amphidiploid 4*», *Cytol. Genet.*, 46(1), pp. 9–14. doi: 10.3103/S0095452712010033.
26. Brown-Guedira G. L., Badaeva E. D., Gill B. S., Cox T. S. (1996) «*Chromosome substitutions of *Triticum imophevii* in common wheat and some observations on the evolution of polyploid wheat species*», *Theor. Appl. Genet.*, 93(8), pp. 1291–1298. doi: 10.1007/BF00223462.
27. Chebotar S. V., Toporash M. K., Motsnyi I. I., Blagodarova O. M., Sourdille P. (2019) «*Analysis of recombinations between IRS and 1BS chromosomes by using PCR and GLU/GLU markers*», *Proc. 17th EWAC EUCARPIA Int. Conf.*, Bucharest, Romania, 3–8 June 2018: *EWAC Newsl.*, pp. 56–59.
28. Gabay G., Zhang J., Burguener G. F., Howell T., Wang H., Fahima T., Lukaszewski A., Moriconi J. I., Santa-Maria G. E., Dubcovsky J. (2021) «*Structural rearrangements in wheat (1BS)-rye (IRS) recombinant chromosomes affect gene dosage and root length*», *Pl. Genome*, e20079, pp. 1–16. doi: 10.1002/tpg2.20079.
29. Gorash A., Galaev A., Babayants O., Babayants L. (2014) «*Leaf rust resistance of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) lines derived from interspecific crosses*», *Zemdirbyste-Agriculture*, 101(3), pp. 295–302. doi: 10.13080/z-a.2014.101.038.
30. Howell T., Hale I., Jankuloski L., Bonafede M., Gilbert M., Dubcovsky J. (2014) «*Mapping a region within the IRS.1BL translocation in common wheat affecting grain yield and canopy water status*», *Theor. Appl. Genet.*, 127(12), pp. 2695–2709. doi: 10.1007/s00122–014–2408–6.

31. Howell T., Moriconi J.I., Zhao X. Q., Hegarty J., Fahima T., Santa-Maria G. E., Dubcovsky J. (2019) «A wheat/rye polymorphism affects seminal root length and yield across different irrigation regimes», *J. Exp. Bot.*, 70(15), pp. 4027–4037. doi: 10.1093/jxb/erz169.
32. Kjeldahl J. (1983) «Neue Methode zur Bestimmung des Stickstoffs in organischen Körpern (New method for the determination of nitrogen in organic substances)», *Zeitschrift für analytische Chemie*, 22(1), pp. 366–383.
33. Kovalchuk S. O., Voloschuk S.I., Kozub N.A., Zaika Ye. V., Starychenko V.M. (2020) «Identification of prospective sources of agronomically-valuable traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) among breeding lines in the condition of Forest-Steppe of Ukraine», *Ukr. J. Ecol.*, 10(5), pp. 253–258. doi: 10.15421/2020/240.
34. Kozub N. A., Sozinov I.A., Bidnyk G. Ya., Demianova N.A., Sozinova O.I., Karelav A.V., Blume Ya. B., Sozinov A.A. (2017) «Development of common wheat lines with the 1BL/1RS translocation linked with the allele *Glu-B1_{at}*», *Plant Protection and Quarantine*, 63, pp. 176–184. doi: 10.36495/1606-9773.2017.63.77–85.
35. Liu Ch., Han R., Wang X., Gong W.P., Cheng D.G., Cao X. Y., Liu A. F., Li H. Sh., Liu J.J. (2020) «Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization», *Scientia Agricultura Sinica*, 53(7), pp. 1287–1308. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2020.07.001.
36. Lukaszewski A. (2000) «Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoelogous recombination», *Crop Sci.*, 40(1), pp. 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
37. McIntosh R. A., Yamazaki Y., Dubcovsky J., Rogers J., Morris C., Appels R., Xia X.C. (2013) «Catalogue of gene symbols for wheat», Proc. 12th Int. Wheat Genet. Symp., Yokohama, Japan, 8–13 September 2013, Yokohama. <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/2013/GeneSymbol.pdf>.
38. Motsnyi I. I. (2004) «Inheritance of alien characters in hybrids between *T. aestivum* and wheat introgression lines», *Ann. Wheat Newsl.*, 50, pp. 178–180. doi: 10.13140/RG.2.1.1223.1206.
39. Motsnyi I. I., Blagodarova E. M., Rybalka A. I. (2017) «Cytogenetic characteristics of wheat lines with modified rye-wheat translocation 1RS.1BL», *Cytol. Genet.*, 51(5), pp. 331–338. doi: 10.3103/S0095452717050073.
40. Motsnyi I. I., Molodchenkova O. O., Smertenko A. P., Mishchenko L. T., Kryvenko A. I., Solomonov R. V. (2021) «Selection evaluation of introgressive lines of soft winter wheat with signs of resistance to phytopathogens», *Plant Archives*, 21(1), pp. 486–498. doi: 10.51470/PLANTARCHIVES.2021.v21.S1.076.
41. Motsnyi I. I., Rybalka A. I. (2009) «A genetic diversity of the synthetics *T. durum* x *Ae. tauschii* and their involvement in wheat crosses», *Genetic resources of cultivated plants. Problems of crop evolution and systematics*, Mat. Int. Sc. Conf. in commemoration of the 120th birthday of E.N. Sinskaya, 8–11 December 2009, St. Petersburg, pp. 97–101.
42. Mujeeb-Kazi A., Gul A., Farooq M., Rizwan S., Ahmad I. (2008) «Rebirth of synthetic hexaploids with global implications for wheat improvement», *Aust. J. Agric. Res.*, 59(10), pp. 391–398. doi: 10.1071/AR07226.
43. Mujeeb-Kazi A., Hettel G. P. (1995) «Utilizing wild grass biodiversity in wheat improvement: 15 years of wide cross research at CIMMYT», *Research Report*, 2, Mexico, D. F.: CIMMYT.
44. Saari E. E., Prescott J. M. (1975) «A scale for appraising the foliar intensity of wheat diseases», *Plant Dis. Rep.*, 59(5), pp. 377–380.
45. Sarto M. V. M., Sarto J.R. W., Rampim L., Rosset J.S., Bassegio D., da Costa P.F., Inagaki A.M. (2017) «Wheat phenology and yield under drought: a review», *Austral. J. Crop Sci.*, 11(8), pp. 941–946. doi: 10.21475/ajcs.17.11.08.pne351.
46. Sidorenko M. V., Chebotar S.V. (2020) «The effect of drought on wheat plants at different growth stages», *Visnyk ONU. Ser. Biologiya*, 25(1), pp. 67–87. doi: 10.18524/2077-1746.2020.1(46).205848.
47. Soko T., Bender C. M., Prins R., Pretorius Z. A. (2018) «Yield loss associated with different levels of stem rust resistance in bread wheat», *Plant Disease*, 102(12), pp. 2531–2538. doi: 10.1094/PDIS-02-18-0307-RE.
48. Spetsov P., Savov M. (1992) «A review on amphiploids in the *Triticeae*, obtained in Bulgaria during 1950–1990», *Wheat Inf. Serv.*, 75, pp. 1–6.
49. Wellings C. R. (2011) «Global status of stripe rust: a review of historical and current threats», *Euphytica*, 179(1), pp. 129–141. doi: 10.1007/s10681-011-0360-y.

doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246889

УДК 575.17:575.113.2:633.34

Ю. А. Попович¹, аспірантО. М. Благодарова², наук. сп.С. В. Чеботар^{1,2}, д.б.н., професор¹Одеський національний університет імені І.І. Мечникова, Одеса, вул. Дворянська, 2, 65082, Україна.²Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовищання, Одеса, Овідіопольська дор., 3, 65036, Україна.

ПОЛІМОРФІЗМ МІКРОСАТЕЛІТНОГО ЛОКУСУ *TAGLGP* ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК З АЛЕЛЬНИМИ ВАРІАНТАМИ ГЛІАДИНІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ

Досліджено поліморфізм мікросателітного локусу *Taglgap* в українських та зарубіжних сортах та лініях пшениці м'якої (*Triticum aestivum* L.). Знайдено 11 алелів мікросателіту *Taglgap*, з яких сім алелів у сортів, створених в Україні та десять алелів у сортів, створених в зарубіжних селекційних установах. Показано як асоціюються алелі мікросателітного локусу *Taglgap* з алельними варіантами гліадинів за локусом *Gli-B1*. Проведено аналіз нуклеотидних послідовностей у базі даних NCBI, та показано присутність й можливі алелі *Taglgap* у низки видів родів *Triticum* L. та *Aegolops* L.

Ключові слова: *Triticum aestivum* L.; алельні варіанти гліадинів; *Taglgap*; мікросателіт; поліморфізм; *Gli-B1* локус.

Гліадини відносяться до основних запасних білків ендосперму пшениці, які використовуються рослиною як джерело нітрогену та фосфору при проростанні зародка. Мономерні гліадини, взаємодіючи з полімерними глютенінами через дисульфідні зв'язки та нековалентні взаємодії утворюють глютенівий комплекс, який визначає реологічні властивості тіста і зумовлює хлібопекарську якість зерна [4, 24]. З гліадиновими генами зчеплені окремі гени стійкості до хвороб, наприклад, листової, стеблової та бурої іржі та абіотичних чинників, що впливає на поширення деяких алелів гліадинів у певних кліматичних зонах [2, 4, 11,]. Отже, алельний стан гліадинових генів є важливою ознакою при доборі матеріалу у процесі селекції пшениці м'якої.

Гліадинові гени є високополіморфними та локалізуються у шести основних та восьми мінорних локусах на хромосомах першої та шостої гомеологічних груп [17]. На основі відмінностей в амінокислотній послідовності (довжини повторювального домену, будови С-термінального домену, послідовності повторювального мотиву) та за електрофоретичною рухливістю гліадини поділяють на γ -, δ - та ω -гліадини, що кодуються *Gli-1* локусами та α -гліадини, які кодуються *Gli-2* локусами [8, 17]. Кількість гліадинових генів, зібраних у клас-

тери, у кожному локусі варіює. Залежно від сорту, вона сягає від 40 до 150 копій генів (сорт Cheyenne), в локусах, що кодують α -гліадини [7, 16]. За γ - та ω -гліадини відповідають кластери сімейств генів, що досягають 15–40 копій та 15–18 копій відповідно [12]. Тому, зазвичай розглядають сукупність гліадинових генів одного локусу, які успадковуються зчеплено, й кодують певний алельний варіант гліадинів.

На основі результатів, отриманих методом електрофорезу в кислому поліакриламідному гелі було розроблено дві класифікації алельних варіантів білків гліадинів – за Ф. О. Поперелею [23], яка зазвичай використовувалася в Україні та колишньому Радянському Союзі, та за С. В. Метаковським [14], що є міжнародною. На даний момент у каталозі С. В. Метаковського описано 182 алельних варіантів гліадинів для шести локусів, ідентифікація яких є досить складною.

У зв'язку з високим рівнем поліморфізму та складним процесом ідентифікації гліадинів методом електрофорезу в кислому ПААГ, виникає потреба у визначенні алелів генів гліадинів, що кодують алельні варіанти гліадинів, методом ПЛР. Це потрібно для добору матеріалу під час селекції пшениці. Зокрема, вважається, що *Gli-B1* локус має більший вплив на хлібопекарську якість зерна, ніж інші локуси. Цінними для селекції є такі алельні варіанти гліадинів, як *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, та *Gli-B1l*. Алель *Gli-B1l* зчеплений з генами стійкості такими як стійкість до листової, стеблової та бурої іржі [2, 4].

У наших попередніх дослідженнях у 46 сортів було проаналізовано та показано відповідність між алельними варіантами гліадинів та поліморфізмом *Gli-B1* локусу, визначеному за використання алель-специфічних праймерів [15, 19]. Проте, застосовані молекулярні маркери не дозволили розділити певні алельні варіанти гліадинів та характеризувалися досить довгими фрагментами ампліфікації з малою різницею між алелями (1–2 п. н.). На даний момент відомо, що у *Gli-B1* локусі також локалізується мікросателіт *Taglgap* з коровим мотивом САА, до якого розроблені праймери, що фланкують послідовність 213–285 п. н. [9]. Цей мікросателіт використовувався з метою генотипування. Так, у досліджуваній вибірці європейських сортів пшениці м'якої М. S. Roder et al. [22] показано наявність 17 алелів *Taglgap* (209 п. н. – 281 п. н.), а С. В. Чеботар [5] зафіксовано 14 алелів у сортів українського походження. Крім цього, у роботі S. Alamerew et al. [6] праймери до локусу *Taglgap* були застосовані не тільки для пшениці м'якої, але й для видів *T. durum* та *T. aestivum*, де виявлено 13, 11 та 16 алелів відповідно. Незважаючи на локалізацію мікросателіту *Taglgap* в *Gli-B1* локусі, зв'язок його поліморфізму з алельними варіантами гліадинів на даний момент не вивчався.

Тому метою даної роботи було дослідити поліморфізм мікросателітного локусу *Taglgap* та проаналізувати чи є асоціація між поліморфізмом за цим локусом і поліморфізмом, що визначається за алельними варіантами гліадинів, які детектуються методом електрофорезу в кислому ПААГ.

Матеріали та методи досліджень

У роботі було досліджено 140 сортів та ліній пшениці м'якої. З них – 96 сучасних українських сортів та ліній із таких селекційно-дослідних установ: Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення (22 сорти та 6 ліній), Миронівський інститут пшениці ім. В. М. Ремесла (19 сортів), Білоцерківська дослідно-селекційна станція (11 сортів), Інститут зрошувального землеробства НААН (10 сортів), Полтавська державна аграрна академія (10 сортів), Носівська селекційно-дослідна станція (3 сорти та 5 ліній), Донецький інститут агропромислового виробництва (2 сорти), Луганський інститут селекції і технологій (1 сорт), науково-виробнича фірма «Дріада» (1 сорт) та 6 майже-ізогенних ліній, створених проф. Копусем М. М. на основі сорту Безоста 1, які характеризуються різними алельними варіантами гліадинів, а також колекція із 44 зарубіжних сортів з Канади, Іспанії, Австралії, Франції, Мексики, Італії та ін., яка була зібрана та надана для досліджень к.б.н. Є. В. Метаковським, як така, що максимально відображає поліморфізм алельних варіантів гліадинів, що кодуються *Gli-B1* локусом.

У дослідження брали не менше п'яти зернівок на сорт, які розділяли на половинки: одну половинку використовували для електрофорезу запасних білків, з другої – екстрагували ДНК та проводили ПЛР. Електрофорез запасних білків проводили в кислому ПААГ за методикою Ф. О. Поперелі [18], алельні варіанти гліадинів позначали за каталогом Є. В. Метаковського [14]. Екстракцію ДНК здійснювали з використанням буферу СТАВ [10], ПЛР реакцію проводили з використанням праймерів до мікросателітного локусу *Taglgap*, розроблених К. Devos et al. [9], фрагменти ампліфікації фракціонували у 7% ПААГ та фарбували за допомогою аргентум(І) нітрату [21]. Довжину фрагментів ампліфікації визначали у програмі GelAnalyzer. Частоту алелів обчислювали лише для української вибірки сортів за формулою

$$H=1-\sum p_i^2,$$

де p_i частота кожного алеля у вибірці.

Оскільки зарубіжна колекція була підібрана за задалегідь відомими алельними варіантами гліадинів з каталогу Є. В. Метаковського з метою відтворення максимальної різноманітності, тому «зарубіжна» вибірка не відображає справжні частоти алелів гліадинів.

Результати досліджень та їх обговорення

В ході досліджень методом електрофорезу запасних білків в кислому ПААГ було підтверджено 19 алельних варіантів гліадинів, що кодуються *Gli-B1* локусом, у зарубіжній колекції сортів пшениці: *Gli-B1a*, *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, *Gli-B1e*, *Gli-B1f*, *Gli-B1g*, *Gli-B1h*, *Gli-B1i*, *Gli-B1j*, *Gli-B1k*, *Gli-B1l*, *Gli-B1m*, *Gli-B1n*, *Gli-B1o*, *Gli-B1p*, *Gli-B1q*, *Gli-B1r*, *Gli-B1s*. Дев'ять алельних варіантів

було виявлено також у сортах української селекції, де найбільш поширеним був *Gli-B1b* ($p=0,59$). Даний алельний варіант визначає хороші хлібопекарські властивості зерна [2, 4] та зустрічається у 28,2% світових сортів і є найбільш характерним для Румунії, Болгарії, України та частини Росії [14]. Крім цього серед українських сортів зустрічалися *Gli-B1c* ($p=0,02$), *Gli-B1d* ($p=0,06$), *Gli-B1e* ($p=0,03$), *Gli-B1f* ($p=0,02$), *Gli-B1g* ($p=0,01$), *Gli-B1h* ($p=0,01$), *Gli-B1l* ($p=0,25$) та *Gli-B1o* ($p=0,01$). Серед них *Gli-B1c* пов'язують з високою хлібопекарською якістю, а *Gli-B1l* – зі стійкістю до хвороб, яку привносить пшеничножиття транслокація 1BL.1RS [2, 4]. Детальний перелік сортів з алельними варіантами гліадинів опубліковані у статтях Роровуш et al. [19] (зарубіжні сорти) та Роровуш et al. [20] (більшість сортів української вибірки). Алельні варіанти гліадинів ряду сортів Миронівського інституту пшениці імені В.М. Ремесла та СГІ–НЦНС, що досліджувалися, вже опубліковані N. Kozub et al. [21], та збігаються з нашими результатами.

Дослідження мікросателітного локусу *Taglgap*, показали його високий поліморфізм та зв'язок з алельними варіантами гліадинів. Загалом було знайдено 11 алелів локусу *Taglgap*, десять з яких знайдено у сортах зарубіжної колекції та вісім – у досліджених українських сортах пшениці м'якої (рис. 1, рис. 2).

У колекції зарубіжних сортів пшениці м'якої зустрічалися такі алелі мікросателіту *Taglgap*: 213 п.н., 216 п.н., 237 п.н., 246 п.н., 248 п.н., 250 п.н., 252 п.н., 270 п.н., 285 п.н. та *null*; а в сортів української селекції – 216 п.н., 237 п.н., 246 п.н., 248 п.н., 252 п.н., 267 п.н., 270 п.н. та *null*, знайдені у сучасних українських сортах пшениці м'якої (рис. 1, рис. 2).

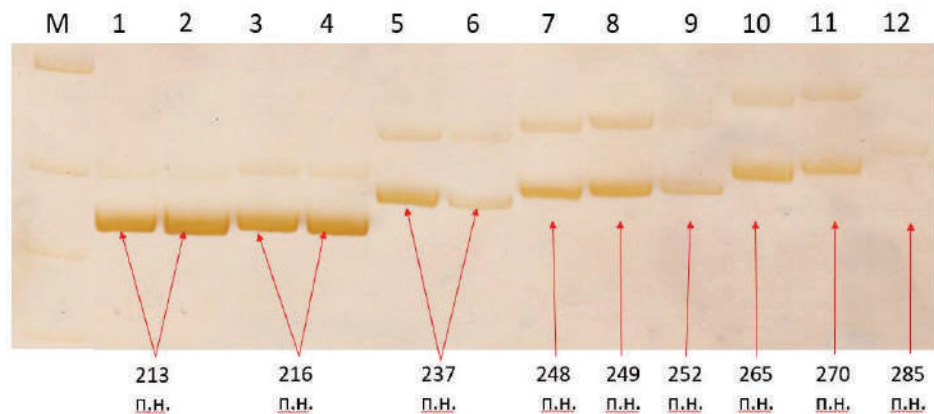


Рис. 1. Фрагменти ампліфікації ПЛР з праймерами до мікросателітного локусу *Taglgap*. ДНК: 1 – Marquis; 2 – Gabo; 3 – Марія; 4 – Goelent; 5 – Prinqual; 6 – Миронівська слава; 7 – Federation; 8 – Ardec; 9 – Caia; 10 – Любава; 11 – Suneca; 12 – Chinese Spring, М – маркер молекулярної маси *pUC3*; /*MspI*.

Варто зазначити, що один алель – 267 п.н. було знайдено лише в українській колекції і лише в одного, до того ж, гетерогенного сорту Любава (267 п.н. та 216 п.н.), а виключно в зарубіжній колекції знайдено чотири алельні варіанти – 213 п.н., 246 п.н., 250 п.н. та 285 п.н.

В ході роботи був проаналізований зв'язок між поліморфізмом алельних варіантів гліадинів та алелями мікросателітного локусу *Taglgap* (Табл. 1). Так, сорти з алельним варіантом гліадинів *Gli-B1b* характеризувалися алелями *Taglgap* 213 п.н. та 216 п.н. Цікавим є те, що алель 213 п.н. був знайдений лише у австралійського сорту Gabo та канадського Marquis, а 216 п.н. – у сортів з російським (Безоста 1) та українським походженням (Миронівська 808, Марія, Альбатрос та ін.). Крім цього, фрагментом ампліфікації 216 п.н. характеризувалися ще три зарубіжні сорти з алельними варіантами гліадинів, які не зустрічаються в Україні – *Gli-B1n* (Intensivnaya), *Gli-B1s* (Salmone) та *Gli-B1q* (Goelent).

Фрагмент ампліфікації 237 п.н. за локусом *Taglgap* був детектований в українських та зарубіжних сортах із алельними варіантами *Gli-B1c* (Prinqual, Панна та ін.), *Gli-B1e* (Escualo, Лютенька та ін.), *Gli-B1f* (Capelle-Desprez, Зимоярка та ін.), *Gli-B1g* (Galahad, Gli-B1-4 та ін.). Алель *Taglgap* 248 п.н. зустрічається переважно в зарубіжній колекції і в одній українській лінії – Gli-B1-12 та об'єднує аж сім алельних варіантів гліадинів: *Gli-B1i* (Federation, Insignia), *Gli-B1j* (Cluj-650), *Gli-B1k* (Mentana, Pane-247), *Gli-B1m* (Titien), *Gli-B1o* (Aragon-03, Gli-B1-12), *Gli-B1p* (Potam-70), *Gli-B1r* (Gazul). Дані алельні варіанти мають схожі електрофоретичні спектри та спільний найбільш повільний γ -гліадин [15, 19].

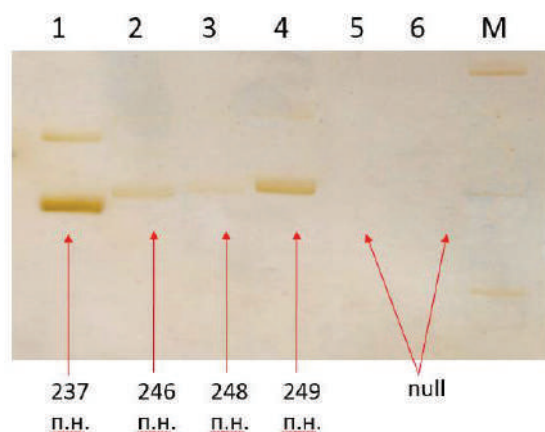


Рис. 2. Фрагменти ампліфікації ПЛР з праймерами до мікросателітного локусу *Taglgap*. ДНК: 1 – Prinqual; 2 – Krasnodonka; 3 – Federation; 4 – Ardec; 5 – Щедрість; 6 – Cartaya, M – маркер молекулярної маси pUC3; /MspI.

Таблиця 1

**Відповідність алелів мікросателітного локусу *Taglgap*
та алельних варіантів гліадинів**

Кількість сортів	Алель <i>Taglgap</i> , п.н.	Алельний варіант локусу <i>Gli-B1</i>
2	213	<i>Gli-B1b</i>
60	216	<i>Gli-B1b, Gli-B1n, Gli-B1s, Gli-B1q</i>
21	237	<i>Gli-B1c, Gli-B1e, Gli-B1f, Gli-B1g</i>
10	248	<i>Gli-B1i, Gli-B1j, Gli-B1k, Gli-B1m, Gli-B1o, Gli-B1p, Gli-B1r</i>
1	246	<i>Gli-B1h</i>
1	249	<i>Gli-B1h</i>
3	252	<i>Gli-B1h</i>
1	267	<i>Gli-B1d</i>
14	270	<i>Gli-B1d</i>
1	285	<i>Gli-B1a</i>
25	<i>null</i>	<i>Gli-B1l</i>

Одразу три алеля локусу *Taglgap* було знайдено у сортів пшениці з *Gli-B1h* алельним варіантом – 246 п.н. у російського сорту Краснодонка, 250 п.н. у бельгійського Ardec та 252 п.н. у португальського Caia, американського Newcaster і українського сорту Мадярка. У роботі Н.О. Козуб [3] показано, що даний алельний варіант зустрічається також у видів *T. dicoccum*, *T. spelta* та *T. durum*, а також описано споріднені до *Gli-B1h* алельні варіанти *ha**, *hb**, *hs**, що імовірно може пояснювати виявлений нами поліморфізм. Також два алеля *Taglgap* було виявлено у сортів з *Gli-B1d* алельним варіантом. З них, лише один сорт – Любава характеризувався алелем 267 п.н., а всі інші, такі як Sunesa, Laura, Струмок, Віген – 270 п.н. Алельний варіант *Gli-B1a* знайдений лише у Chinese Spring, який вирізнявся алелем *Taglgap* 285 п.н. У сортів з алельним варіантом *Gli-B1l* (Відповідь, Либідь та ін.), які досить поширені в Україні, були відсутні фрагменти ампліфікації локусу *Taglgap* (*null* алель, у зв'язку з наявністю 1RS.1BL транслокації в генотипі).

Для підтвердження знайдених алелів, було проаналізовано нуклеотидні послідовності продуктів ампліфікації локусу *Taglgap*, наведені у статті К. Devos et al. [9] і здійснено пошук та аналіз інших нуклеотидних послідовностей в базі даних NCBI.

Згідно К. Devos et al. [9], довжина продуктів ампліфікації локусу *Taglgap* для сортів Soissons і Timgalen становить 213 п.н., Synthetic – 225 п.н., Hereward і Cappelle – 237 п.н. та Chinese Spring – 285 п.н., що співпадає з нашими результатами ПЛР за цим сортом. Із наведеного переліку у каталозі Є.В. Мета-

ковського [14] знайдено алельні варіанти для сортів Soissons і Timgalen – *Gli-B1b* та сорту Hereward – *Gli-B1f*, розміри фрагментів ампліфікації яких також відповідають Таблиці 1.

За пошуком у базі даних NCBI було знайдено нуклеотидні послідовності та підтверджено розмір фрагментів ампліфікації мікросателітного локусу *Taglgap* сортів Chinese Spring (AJ389689.1) та Катерва (AJ389693.1), які досліджувалися у даній роботі. Крім цього, BLAST пошук показав локалізацію *Taglgap* локусу у великій (6,5 млн. п. н.) анотованій нуклеотидній послідовності MG560141, що належить сорту Chinese Spring. Зокрема, послідовність, що фланкується праймерами, розробленими K. Devos et al. [9], є некодуючою, займає позицію між 3377023–3377307 п. н. від початку сиквенсу MG560141, та знаходиться між γ В4 та γ В6 гліадиновими генами.

Загалом у базі даних NCBI за допомогою BLAST сервісу було знайдено шість нуклеотидних послідовностей *T. aestivum* L., які за описом належали гену GAG56 або γ -гліадиновону псевдогену. На рис. 3 відображено мультиплексне вирівнювання даних нуклеотидних послідовностей за алгоритмом MAFT.

```

1. AJ389689.1 T GCAGACCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC
2. AJ389693.1 T CCATCTCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC
3. KC715968.1 T CCATCTCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC
4. AJ389690.1 T CCATCTCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC
5. M13712.1 WHE CCATCTCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC
6. AF234648.1 T CCATCTCTGTGTCATTTGGTCTCATCCCTCTGGTCAATGATCTGGCCACAAGCGCTTGCC

1. AJ389689.1 T AAGTGATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG
2. AJ389693.1 T AAGTGATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG
3. KC715968.1 T AAGTGATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG
4. AJ389690.1 T AAGTGATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG
5. M13712.1 WHE AAGTGATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG
6. AF234648.1 T GTGTCAATGAGGCAACAATGCTGCCAACAACTAGCACAGATTCCCTCAGCAGCTCCAGTGTG

1. AJ389689.1 T CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAGAACAACAACAACAACAACA
2. AJ389693.1 T CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAG-----AAC
3. KC715968.1 T CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAG-----AAC
4. AJ389690.1 T CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAG-----AAC
5. M13712.1 WHE CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAG-----AAC
6. AF234648.1 T CAGCCATCCATAGCGTCTGTGCATTCCATCAGCATGTAGCAAG-----AAC

1. AJ389689.1 T AACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA
2. AJ389693.1 T AACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA
3. KC715968.1 T -----AACACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA
4. AJ389690.1 T -----AACACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA
5. M13712.1 WHE -----AACACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA
6. AF234648.1 T -----AACACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACAACA

1. AJ389689.1 T AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
2. AJ389693.1 T AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
3. KC715968.1 T AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
4. AJ389690.1 T AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
5. M13712.1 WHE AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
6. AF234648.1 T AACAACAACAACAACAAGGCATGCGTATCCTGTGCTGCCACTATATCAGCAACAACAGGTGG
    
```

Рис. 3. Мультиплексне вирівнювання нуклеотидних послідовностей γ -гліадинових псевдогенів *Triticum aestivum* L., здійснене у MAFT.
 1 – Chinese Spring GAG56 gene (AJ389689.1), 2 – Катерва GAG56 gene (AJ389693.1), 3 – Ymai34 clone gamma-gliadin pseudogene (KC715968.1), 4 – Forno GAG56 gene (AJ389690.1),
 7^bV0aestivum gamma-gliadin pseudogene (M13712.1), 6 – *T. aestivum* gamma-gliadin pseudogene (AF243648.1). Кольором позначено послідовності праймерів до локусу *Taglgap*.

Вирівнювання нуклеотидних послідовностей показало, що вони розрізняються лише кількістю повторів корового мотиву САА (рис. 3). Потенційно, продукти ампліфікації, які охоплюють ділянку між праймерами, мали б довжину 285 п.н. для Chinese Spring, 270 п.н. для сорту Катерва, 237 п.н. для Forno, 252 п.н. для Ymai34 та 237 п.н. і 219 п.н. для γ -гліадинових послідовностей M13712.1 і AF234648.1.

Мотив САА досить часто зустрічається в нуклеотидних послідовностях генів та псевдогенів гліадинів, оскільки він кодує глютамін, який у великій кількості присутній в амінокислотних послідовностях гліадинів. BLAST аналіз виявив також подібні до локусу *Taglgap* мікросателітні послідовності в секвенованих генах гліадинів, що клоновані із А та D субгеномів і містять САА мотив. Наприклад, секвеновані послідовності MG560140 та MH347507.1 мають ідентичність із локусом *Taglgap* 92,16% й належать до субгеному А, але одночасно вони містять ряд однонуклеотидних замін, особливо в послідовностях, що комплементарні праймерам до *Taglgap*. Вирівнювання ряду секвенованих послідовностей, найбільш ідентичних до сиквенсу MH347507.1 показало, що кількість повторів САА відрізняється лише на рівні виду.

Крім пшениці м'якої за допомогою BLAST аналізу було знайдено ряд нуклеотидних послідовностей, подібних до локусу *Taglgap* в інших видів злаків, що містять В геном, таких як – *T. spelta* (ABD), *T. dicocum* (AB), *T. dicoccoides* (AB), *T. durum* (AB), а також видів, що розглядалися як імовірні донори субгеному В пшениці м'якої – *Ae. bicornis* (S^b), *Ae. longissima* (S^l), *Ae. sharonensis* (S^s), *Ae. searsii* (S^s) та *Ae. speltoides* (S) та тетраплоїдної пшениці із G субгеномом (що також походить від різновиду *Ae. speltoides*) *T. timopheevii* (AG) [24]. Імовірні продукти ампліфікації могли би бути 243 п.н. (AJ389696.1) для *T. spelta*; 240 п.н. (AJ389705.1) та 243 п.н. (AJ389706.1) для *T. dicocum*; 255 п.н. (AJ389707.1) та 279 п.н. (AJ389708.1) для *T. dicoccoides* 237 п.н. (AJ389709.1) та 234 п.н. (AJ389710.1) для *T. timopheevii*; 222 п.н. (389704.1) та 249 п.н. (AJ389702.1) для *T. durum*; 231 п.н. (AJ389711.1, FJ0067708.1) для *CgObicornis*, 222 п.н. (AJ389714.1) для *Ae. longissima*, 249 п.н. (AJ389718.1) для *CgOsharonensis*, 234 (AJ389715.1) п.н. для *Ae. searsii* та 210 п.н. (AJ389719.1) для *Ae. speltoides*. Загалом, за допомогою BLAST аналізу було знайдено в NCBI нуклеотидні послідовності, що відповідають 14 різним алелям мікросателіту *Taglgap*, з яких лише чотири знайдені ПЛР методом у досліджуваній вибірці сортів та один – 237 п.н. зустрічається у двох видів – *T. aestivum* L. та *Otimopheevii*. Отже, отримані результати свідчать про можливість застосування праймерів, розроблених Devos et al. [9] не тільки для пшениці м'якої.

Висновки

1. У проведеному дослідженні методом ПЛР знайдено всього 11 алелів локусу *Taglgap*, сім алелів зустрічається у сортів, створених в Україні, та десять алелів – у сортів, створених в зарубіжних селекційних установах.

2. Виявлений поліморфізм корелює з поліморфізмом алельних варіантів гліадинів *Gli-B1* локусу та дозволяє розділити *Gli-B1a*, *Gli-B1d*, *Gli-B1h* та *Gli-B1l* алельні варіанти, а для українських сортів з високою імовірністю ще й *Gli-B1b* алельний варіант.

3. Мікросателітний маркер *Taglgap* маркер не дозволяє ідентифікувати *Gli-B1c* (який пов'язують із високою хлібпекарською якістю), проте дозволяє відрізнити його від деяких інших алелів, наприклад *Gli-B1b*, що є важливим для селекції.

4. Аналіз нуклеотидних послідовностей з бази даних NCBI показав наявність *Taglgap* локусу не лише в пшениці м'якої, але й в інших видів злаків родів *Triticum L.* та *Aegilops L.*

Стаття надійшла до редакції 14.09.2021

Список використаної літератури

1. Гончаров Н.П. Сравнительная генетика пшениц и их сородичей / Н.П. Гончаров– Новосибирск: Сиб. унив. изд-во, 2012.– 523 с.
2. Коваль С.Ф. Что такое модель сорта / С.Ф. Коваль, В.С. Коваль, В.М. Чернаков.– Омск: ФГОУ ВПО ОМГАУ, 2005.– 280 с.
3. Козуб Н.О. Різноманітність та ефекти кластерів проламінових генів *Triticum aestivum L.* та споріднених видів: автореф. дис. на здобуття наук. ступеня, докт. біол. наук: 03.00.22 «Молекулярна генетика» / Н.О. Козуб.– К., 2021.– 47 с.
4. Созинов А.А. Полиморфизм белков и его значение в генетике и селекции / А.А. Созинов, Л.И. Корочкин.– М: Наука, 1985.– 270 с.
5. Чеботар С.В. Молекулярно-генетичний аналіз генофонду озимої м'якої пшениці України: автореф. дис. на здобуття наук. ступеня, докт. біол. наук: 03.00.22 «Молекулярна генетика» / С.В. Чеботар.– К., 2009.– 41 с.
6. Alamerew S. Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers / S. Alamerew, S. Chebotar, X. Huang, M. Röder, A. Börner // Genetic Resources and Crop Evolution.– 2004 – Vol. 51.– P. 559–567.
7. Anderson O.D. The α -gliadin gene family: DNA and protein sequence variation, subfamily structure, and origins of pseudogenes / O.D. Anderson, F.C. Greene // Theor. Appl. Genet.– 1997.– Vol. 95.– P. 59–65.
8. Anderson O.D. A new class of wheat gliadin genes and proteins / O.D. Anderson, L. Dong, N. Huo, Y.Q. Gu // PLoS One.– 2012.– Vol. 7.– P. e52139.
9. Devos K. Application of two microsatellite sequences in wheat storage proteins as molecular markers / K.M. Devos, G.J. Bryan, A.J. Collins, P. Stephenson, M.D. Gale // Theor. Appl. Genet.– 1995 – Vol. 90.– P. 247–252.
10. Doyle J.J. Isolation of plant DNA from fresh tissue / J.J. Doyle, J.L. Doyle // Focus.– 1990.– Vol. 12.– P. 13–15.
11. Hafeez A.N. Creation and judicious application of a wheat resistance gene atlas / A.N. Hafeez, S. Arora, S. Ghosh, D. Gilbert, R.L. Bowden, B. B. H. Wulff // Zenodo.– 2021. <http://doi.org/10.5281/zenodo.4469514>
12. Hsia C. C. Isolation and characterization of wheat gliadin genes / C.C. Hsia, O.D. Anderson // Theor. Appl. Genet.– 2001.– Vol. 103.– P. 37–44.
13. Kozub N. O. Changes in allele frequencies at storage protein loci of winter common wheat under climate change / N. O. Kozub, I. O. Sozinov, V. M. Chaika, O. I. Sozinova, L. A. Janse, Ya. B. Blume // Cytol. Genet.– 2020.– Vol. 54.– P. 305–317.

14. Metakovsky E. A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm / E. Metakovsky, V. Melnik, M. Rodriguez-Quijano, V. Upelniek, M. Carrillo // *The Crop Journal*. – 2018. – Vol. 6. – P. 628–641.
15. Metakovsky E. Heteroalleles in common wheat: Multiple differences between allelic variants of the *Gli-B1* locus / E. Metakovsky, L. Pasqual, P. Vaccino, M. Rodrigues-Quijano, Yu. Popovych, S. Chebotar, W. Rogers // *Int. J. of Molecular Sciences*. – 2021. – Vol. 22. – P. 1832.
16. Okita T.W. Evolution and heterogeneity of the α -/ β -type and γ -type gliadin DNA sequences / T.W. Okita, V. Cheesbrough, C.D. Reeves // *J Biol Chem*. – 1985. – Vol. 260. – P. 8203–8213.
17. Payne P.I. The genetics of gliadin and glutenin, the major storage proteins of the wheat endosperm / P.I. Payne, L. M. Holt, G. J. Lawrence, C. N. Law // *Plant Food Hum Nutr*. – 1982. – Vol. 31. – P. 229–241.
18. Poperylya F.A. Gliadin polymorphism and its association with grain quality, productivity and adaptation properties of winter bread wheat varieties. Breeding, seed production and intensive technology of wheat cultivation / F.A. Poperylya. – Moscow: Agropromizdat, 1989. – P. 138–150.
19. Popovych Yu. Congruity of the polymorphisms in the expressed and noncoding parts of the *Gli-B1* locus in common wheat / Yu. Popovych, S. Chebotar, V. Melnik, M. Rodriguez-Quijano, L. Pascual, W.J. Rogers, E. Metakovsky // *Agronomy*. – 2020. – Vol. 10. – P. 1510.
20. Popovych Yu. A. Genetic variation of *Gli-B1* locus in Ukrainian bread wheat varieties and lines / Yu. A. Popovych, O. M. Blagodarova, S. V. Chebotar // *Biopol. and Cell*. – 2021. – in printing.
21. Promega Technical Manual. – USA: Gene Print. STR Systems. 1999. – P. 52.
22. Röder M. S. Construction and analysis of microsatellite-based database of European wheat varieties / M. S. Röder, K. Wendehake, V. Korzun, G. Bredemeijer, D. Laborie, L. Bertrand, P. Isaac, S. Rendell, J. Jackson, R. J. Cooke, B. Vosman, M. V. Ganal // *Theor. Appl. Genet*. – 2002. – Vol. 106. – P. 67–73.
23. Sozinov A.A. Genetic classification of prolamins and its use for plant breeding / A.A. Sozinov, F.A. Poperylya // *Ann. Technol. Agric*. – 1980. – Vol. 29. – P. 229–245.
24. Urade R. Gliadins from wheat grain: an overview, from primary structure to nanostructures of aggregates / R. Urade, N. Sato, M. Sugiyama // *Biophys Rev*. – 2018. – Vol. 10. – P. 435–443.

Ю. А. Попович¹, О. М. Благодарова², С. В. Чеботар^{1,2}

¹Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, Одеса, вул. Дворянська, 2, 65082, Україна.

²Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насінництва та сортовивчення, Одеса, Овідіопольська дор., 3, 65036, Україна.

ПОЛІМОРФІЗМ МІКРОСАТЕЛІТНОГО ЛОКУСУ *TAGLGA* ТА ЙОГО ЗВ'ЯЗОК З АЛЕЛЬНИМИ ВАРІАНТАМИ ГЛІАДИНІВ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ

Резюме

Проблема. Гліадини – мономерні та високополіморфні запасні білки ендосперму пшениці, які разом з глютенінами формують глютеновий комплекс, що визначає хлібопекарські властивості. Алельні варіанти гліадинів є важливою ознакою при відборі матеріалу для селекції, проте визначення їх методом електрофорезу в кислому ПААГ є досить складним.

Мета. Метою даної роботи було дослідити поліморфізм мікросателітного локусу *Taglgap* та проаналізувати його зв'язок з поліморфізмом алельних варіантів гліадинів визначених методом електрофорезу в кислому ПААГ.

Методика. У роботі досліджували 140 сортів та ліній пшениці м'якої української та зарубіжної селекції. Електрофорез запасних білків проводили в кислому ПААГ за методикою Ф. О. Поперелі [1989], алельні варіанти позначали за міжнародною номенклатурою [Metakovsky et al., 2018]. ДНК виділяли

з використанням СТАВ буферу та проводили ПЛР з праймерами до мікросателіту *Taglgap* (Devos et al., 1995). Продукти ПЛР фракціонували в 7% ПААГ та фарбували за допомогою аргентум нітрату. Нуклеотидні послідовності аналізували за допомогою BLAST та вирівнювали MAFT методами.

Основні результати. Виявлено 19 алейних варіантів гліадинів та 11 алейнів локусу *Taglgap*. В колекції українських сортів зустрічалися *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, *Gli-B1e*, *Gli-B1f*, *Gli-B1g*, *Gli-B1h*, *Gli-B1i* та *Gli-B1o* алейні варіанти і алейні *Taglgap* 216 п.н., 237 п.н., 246 п.н., 248 п.н., 252 п.н., 267 п.н., 270 п.н. та *null*. У зарубіжній колекції сортів – *Gli-B1a*, *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, *Gli-B1e*, *Gli-B1f*, *Gli-B1g*, *Gli-B1h*, *Gli-B1i*, *Gli-B1j*, *Gli-B1k*, *Gli-B1l*, *Gli-B1m*, *Gli-B1n*, *Gli-B1o*, *Gli-B1p*, *Gli-B1q*, *Gli-B1r*, *Gli-B1s* та 213 п.н., 216 п.н., 237 п.н., 246 п.н., 248 п.н., 250 п.н., 252 п.н., 270 п.н., 285 п.н. та *null*. Аналіз нуклеотидних послідовностей в базі даних NCBI показав наявність ряду інших алейнів мікросателіту *Taglgap* не тільки у пшениці м'якої, але й в деяких видів родів *Triticum L.* та *Aegilops L.*

Висновки. Виявлений поліморфізм корелює з поліморфізмом алейних варіантів гліадинів *Gli-B1* локусу та дозволяє розділити *Gli-B1a*, *Gli-B1d*, *Gli-B1h* та *Gli-B1i* алейні варіанти, а для українських сортів з високою імовірністю ще й *Gli-B1b* алейний варіант. Проте, даний маркер не дозволяє ідентифікувати *Gli-B1c*, що є важливим для селекції.

Ключові слова: алейні варіанти гліадинів, *Taglgap*, мікросателіт, поліморфізм, *Gli-B1* локус, пшениця м'яка.

Yu. A. Popovych¹, O. M. Blagodarova², S. V. Chebotar^{1,2}

¹Odesa National Mechnykov University, Genetics and Molecular Biology Department, 2 Dvorianska Str., Odesa, 65082, Ukraine.

²Plant Breeding and Genetic Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation, National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, 3 Ovidiopska Doroha, Odesa, 65036, Ukraine.

POLYMORPHISM OF *TAGLGAP* MICROSATELITE LOCUS AND ITS ASSOCIATION WITH ALLELELIC VARIETIES OF GLIADINS OF BREAD WHEAT

Abstract

Introduction. Gliadins are monomeric and highly polymorphic storage proteins of wheat endosperm, which together with glutenins form a gluten complex that determines the breadmaking properties of wheat. Allelic variants of gliadins are an important feature in the selection for breeding material, but their detection by electrophoresis in acid PAGE is quite difficult.

Aim. The aim of this study was to investigate the polymorphism of the *Taglgap* microsatellite locus and to analyze its correspondence to the polymorphism of allelic variants of gliadins that have been revealed by acid PAGE electrophoresis.

Methods. 140 cultivars and lines of bread wheat of Ukrainian and foreign selection were analyzed. Electrophoresis of storage proteins was performed in an acid PAGE according to the method of F. O. Poperellia [1989], allelic variants were designated according to the international nomenclature [Metakovsky et al., 2018]. DNA was

isolated by CTAB method and PCR was performed with primers to the *Taglgap* microsatellite (Devos et al., 1995). PCR products were fractionated in 7% PAGE and stained with silver staining method. Nucleotide sequences were searched by BLAST and aligned by MAFT methods.

The main results. 19 allelic variants of gliadins and 11 alleles of the *Taglgap* locus were identified. In the collection of Ukrainian varieties there were *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, *Gli-B1e*, *Gli-B1f*, *Gli-B1g*, *Gli-B1h*, *Gli-B1i* and *Gli-B1o* allelic variants and alleles of *Taglgap* 216 bp, 237 bp, 246 bp, 248 bp, 252 bp, 267 bp, 270 bp and *null*. In the foreign collection of varieties – *Gli-B1a*, *Gli-B1b*, *Gli-B1c*, *Gli-B1d*, *Gli-B1e*, *Gli-B1f*, *Gli-B1g*, *Gli-B1h*, *Gli-B1i*, *Gli-B1j*, *Gli-B1k*, *Gli-B1l*, *Gli-B1m*, *Gli-B1n*, *Gli-B1o*, *Gli-B1p*, *Gli-B1q*, *Gli-B1r*; *Gli-B1s* and 213 bp, 216 bp, 237 bp, 246 bp, 248 bp, 250 bp, 252 bp, 270 bp, 285 bp and *null*. Nucleotide sequence analysis in the NCBI database showed the presence of a number of other alleles of the *Taglgap* microsatellite not only in bread wheat but also in some species of the *Triticum L.* and *Aegilops L.* genus.

Conclusions. The detected polymorphism correlates with the polymorphism of allelic variants of gliadins of *Gli-B1* locus and makes it possible to identify *Gli-B1a*, *Gli-B1d*, *Gli-B1h* and *Gli-B1i* allelic variants, and for Ukrainian varieties with high probability also *Gli-B1b* allelic variant. However, this marker does not allow identifying *Gli-B1c*, which is important for breeding

Key words: allelic variants of gliadins, *Taglgap*, microsatellite, polymorphism, *Gli-B1* locus, bread wheat.

References

- Goncharov N. P. (2012) “Comparative genetics of wheat and their relatives” [Sravnitel'naya genetika pshenits i ikh sorodichej], Novosibirsk: Sib. univ. publishing house, p. 252.
- Koval S. F., Koval V.S., Chernakov V.M. et al. (2005) “What is a cultivar model?” [Čto takoe model' sorta], Omsk: FGOU VPO OMHAU, p. 280.
- Kozub N. O. (2021) “Diversity and effects of prolamin gene clusters *Triticum aestivum L.* and related species” [Riznomanitnist ta efekty klasteriv prolaminovykh heniv *Triticum aestivum L.* ta sporidnennykh vydiv]: abstr. of. diss. doct. biol. sci.: 03.00.22: Kyiv, p. 47.
- Sozinov A. A. (1985) “Protein polymorphism and its significance in genetic and breeding” [Polimorfizm belkov i ego značenie v genetike i selekcii] M: Nauka, p. 270 p.
- Chebotař S. V. (2009) “Molecular-genetic analysis of Ukrainian bread wheat gene pool”, abstr. of. diss. doct. biol. sci.: 03.00.22: Kyiv, p. 41.
- Alamerew S., Chebotař S., Huang X., Röder M., Börner A. (2004) “Genetic diversity in Ethiopian hexaploid and tetraploid wheat germplasm assessed by microsatellite markers”, Genetic Resources and Crop Evolution, 51, 559–567.
- Anderson O. D., Greene F. C. (1997) “The α -gliadin gene family: DNA and protein sequence variation, subfamily structure, and origins of pseudogenes”, Theor. Appl. Genet., 95, pp. 59–65.
- Anderson O.D., Dong L., Huo N., Gu, Y.Q. (2012) “A new class of wheat gliadin genes and proteins”, PLoS One, 7, pp. e52139.
- Devos K. M., Bryan G.J., Collins A.J., Stephenson P., Gale M.D. (1995) “Application of two microsatellite sequences in wheat storage proteins as molecular markers”, Theor. Appl. Genet., 90, pp. 247–252.
- Doyle J. J., Doyle J. L. (1990) “Isolation of plant DNA from fresh tissue”, Focus, 12, pp. 13–15.
- Hafeez A. N., Arora S., Ghosh S., Gilbert D., Bowden R. L., Wulff B. B. H. (2021) “Creation and judicious application of a wheat resistance gene atlas”, <http://doi.org/10.5281/zenodo.4469514>
- Hsia C. C., Anderson O. D. (2001) “Isolation and characterization of wheat gliadin genes”, Theor. Appl. Genet., 103, pp. 37–44.
- Kozub N. O., Sozinov I. O., Chaika V.M., Sozinova O. I., Janse L.A., Blume Ya. B. (2020) “Changes in allele frequencies at storage protein loci of winter common wheat under climate change”, Cytol. Genet., 54, pp. 305–317.

14. Metakovsky E., Melnik V., Rodriguez-Quijano M., Upelnick V., Carrillo M. (2018) “*A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm*”, The Crop Journal, 6, pp. 628–641.
15. Metakovsky E., Pasqual L., Vaccino P., Rodrigues-Quijano M., Popovych Yu., Chebotar S., Rogers W. (2021) “*Heteroalleles in common wheat: Multiple differences between allelic variants of the Gli-B1 locus*”, Int. J. of Molecular Sciences, 22, pp. 1832.
16. Okita T. W., Cheesbrough V., Reeves C.D. (1985) “*Evolution and heterogeneity of the α - β -type and γ -type gliadin DNA sequences*”, J Biol Chem, 260, pp. 8203–8213.
17. Payne P.I., Holt L.M., Lawrence G.J., Law C.N. (1982) “*The genetics of gliadin and glutenin, the major storage proteins of the wheat endosperm*”, Plant Food Hum Nutr, 31, pp. 229–241.
18. Poperelya F. A. (1989) “*Gliadin polymorphism and its association with grain quality, productivity and adaptation properties of winter bread wheat varieties Breeding, seed production and intensive technology of wheat cultivation*”, Moscow: Agropromizdat, pp. 138–150.
19. Popovych Yu., Chebotar S., Melnik V., Rodriguez-Quijano M., Pascual L., Rogers W.J., Metakovsky E. (2020) “*Congruity of the polymorphisms in the expressed and noncoding parts of the Gli-B1 locus in common wheat*”, Agronomy, 10, pp. 1510.
20. Popovych Yu. A., Blagodarova O.M., Chebotar S.V. (2021) “*Genetic variation of Gli-B1 locus in Ukrainian bread wheat varieties and lines*” Biopol. and Cell, in printing.
21. Promega Technical Manual (1999), Gene Print. STR Systems. Printed in USA. Revised. 7:52.
22. Röder M. S., Wendehake K., Korzun V., Bredemeijer G., Laborie D., Bertrand L., Isaac P. Rendell S., Jackson J., Cooke R. J., Vosman B., Ganal M.V. (2002) “*Construction and analysis of microsatellite-based database of European wheat varieties*”, Theor. Appl. Genet., 106, pp. 67–73.
23. Sozinov A. A., Poperelya F.A. (1980) “*Genetic classification of prolamins and its use for plant breeding*”, Ann. Technol. Agric, 29, pp. 229–245.
24. Urade R., Sato N., Sugiyama M. (2018) “*Gliadins from wheat grain: an overview, from primary structure to nanostructures of aggregates*”, Biophys Rev., 10, pp. 435–443.

ФІЗІОЛОГІЯ ЛЮДИНИ ТА ТВАРИН



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246890

УДК 316.441+615.874.24

Р. В. Янко, к. б. н., старший науковий співробітник

Інститут фізіології ім. О. О. Богомольця НАНУ, відділ клінічної фізіології
сполучної тканини, вул. Богомольця, 4, Київ, 01024, Україна, e-mail: biolag@ukr.net

ВПЛИВ АЛІМЕНТАРНОЇ ДЕПРИВАЦІЇ НА МОРФОЛОГІЧНІ ЗМІНИ ЩИТОПОДІБНОЇ ЗАЛОЗИ ЩУРІВ

Проведено дослідження впливу зниженого по масі на 30% харчового раціону на стан щитоподібної залози щурів, де було виявлено морфологічні ознаки зростання її функціональної активності. На це вказує зменшення розмірів фолікулів і колоїду, зниження внутрішнього діаметру фолікулів і збільшення висоти тиреоцитів, зростання стереологічного індексу резорбції та зниження індексу накопичення колоїду, збільшення кількості інтерфолікулярних острівців.

Ключові слова: щитоподібна залоза; аліментарна депривація.

Питання про механізми дії голодування, а також про оптимальні режими його застосування в оздоровчих і лікувальних цілях залишаються в центрі уваги дослідників до теперішнього часу. Відомо, що помірне обмеження харчового раціону має позитивний ефект на більшість процесів життєдіяльності організму. Тоді як тривале повне голодування або не повноцінне харчування, навпаки, знижує адаптаційні можливості організму і прискорює настання смерті. Встановлено, що в основі позитивного ефекту дозованого голодування лежать такі важливі фізіологічні механізми, як: аутоліз нежиттєздатних клітинних структур; активне звільнення організму від кінцевих продуктів обміну речовин, ендотоксинів, включаючи метаболіти ліків, чужорідних антигенів; зміна стану рецепторного апарату клітин; підвищення активності факторів неспецифічної резистентності за одночасної стимуляції процесів регенерації тощо [8]. Все це слугує підставою для широкого використання аліментарної депривації (АД) у медичній практиці для лікування і профілактики різних захворювань [10, 14].

Але, незважаючи на добре вивчений ефект від АД на організм, літературні дані щодо її впливу на функціональну активність і, особливо, на морфологічні зміни в щитоподібній залозі (ЩЗ) поодинокі, і часто суперечливі, що не дозволяє зробити однозначних висновків. Більшість дослідників вивчали зміни концентрації тиреоїдних гормонів у крові людей і тварин, які отримували обмежений за калорійністю раціон харчування [12, 13, 15]. Дані літератури про те, як змінюється морфологічна структура ЩЗ при АД і зовсім поодинокі [1, 3, 4].

Мета роботи – дослідити вплив аліментарної депривації на морфологічні зміни щитоподібної залози молодих щурів.

Матеріали та методи дослідження

Дослідження проведено на 24 щурах-самцях лінії Wistar віком 3 місяці. Тварини перебували в уніфікованих умовах, на стандартному раціоні харчування. Щури були розділені на 2 групи (по 12 тварин у кожній): I – контрольні тварини, II – щури, які отримували харчовий раціон знижений по масі на 30% порівняно з контрольними тваринами. Добовий раціон харчування для щура контрольної групи становив 20 г (65 ккал) спеціалізованого комбікорму, а для дослідної тварини – 14 г (45 ккал). Такий ступінь зниження калорійності раціону за класифікацією Мак Кея С.М. відносять до «м'якої» АД, яка здатна продовжувати тривалість життя, підвищувати ефективність функціонування молекулярних і клітинних систем, збільшувати адаптаційні можливості організму. Доступ до води був вільним. Тривалість експерименту становила 28 діб. Щурів виводили з експерименту шляхом дислокації шийних хребців, відповідно до вимог міжнародних принципів Європейської конвенції.

З центральних ділянок тканини ЩЗ виготовляли гістологічні препарати за стандартною методикою: фіксували в рідині Буена, зневоднювали в спиртах зростаючої концентрації (від 70 до 96 °) і діоксані. Отримані зразки заливали у парафін. Парафінові зрізи, товщиною 5–6 мкм, виготовляли на санному мікроскопі, фарбували гематоксиліном Бемера і еозином. Для візуалізації елементів сполучної тканини застосовували методи дво- і триколірного забарвлення по Ван-Гізону і Массону [9]. З використанням цифрової камери мікропрепарати фотографували на мікроскопі «Nikon Eclipse E100» (Японія). Морфометрію здійснювали за допомогою комп'ютерної програми «Image J».

На гістологічних зрізах ЩЗ вимірювали площу поперечного перерізу фолікулів, колоїду і фолікулярного епітелію; зовнішній і внутрішній діаметри фолікулів; висоту фолікулярного епітелію. Підраховували середню кількість тиреоцитів у фолікулах. Визначали фолікулярно-колоїдний індекс (відношення площі фолікулярного епітелію до площі колоїду), стереологічний індекс резорбції ($4/h$, де h – середня довжина хорд відрізків ліній, що припадають на колоїд) і індекс накопичення колоїду (відношення середнього внутрішнього діаметру до подвійної висоти тиреоїдного епітелію). За використання методу накладання точкових морфометричних сіток вираховували відносну площу сполучної тканини, паренхіми залози, визначали стромально-паренхіматозний індекс (відношення відносної площі строми до відносної площі паренхіми залози). Вимірювали ширину прошарків міжчасткової, міжчасточкової і міжфолікулярної сполучної тканини [5, 16].

Статистичне опрацювання здійснювали методами варіаційної статистики за допомогою комп'ютерної програми Statistica 6.0. Нормальність розподілу

цифрових масивів перевіряли, використовуючи критерій Пірсона. Для оцінки коефіцієнта відмінностей достовірності різниці між контрольною і дослідною групою використовували t-критерій Стьюдента. Відмінності вважали достовірними при значенні $p < 0,05$.

Результати досліджень та їх обговорення

Маса тіла контрольних щурів за час експерименту збільшилася на 10,0%, а тварин, які перебували на АД, навпаки, зменшилася на 8,9%. У дослідних щурів маса ЩЗ була нижчою від контролю на 20,0% ($p < 0,05$) (табл. 1).

Таблиця 1

Маса тіла і щитоподібної залози, г ($n = 12, M \pm m$)

Показники	Контроль	Дослід
Маса тіла на початку експерименту	271±5	313±4
Маса тіла в кінці експерименту	298±7	285±6
Маса щитоподібної залози	0,020±0,001	0,016±0,001*

Примітка: * $p < 0,05$ – достовірність відмінностей у порівнянні з контролем

ЩЗ щурів, після впливу АД, зберігала фізіологічну структуру з чітким розподілом на центральну і периферичну зони. Фолікули залози були різної величини і мали, переважно, овальну форму. Колоїд фолікулів контрольних тварин був помірної щільності і містив невелику кількість резорбційних вакуолей. Колоїд фолікулів ЩЗ дослідних тварин був помірної щільності, але часто мав «пінистий» характер через наявність численних вакуолей (рис. 1).

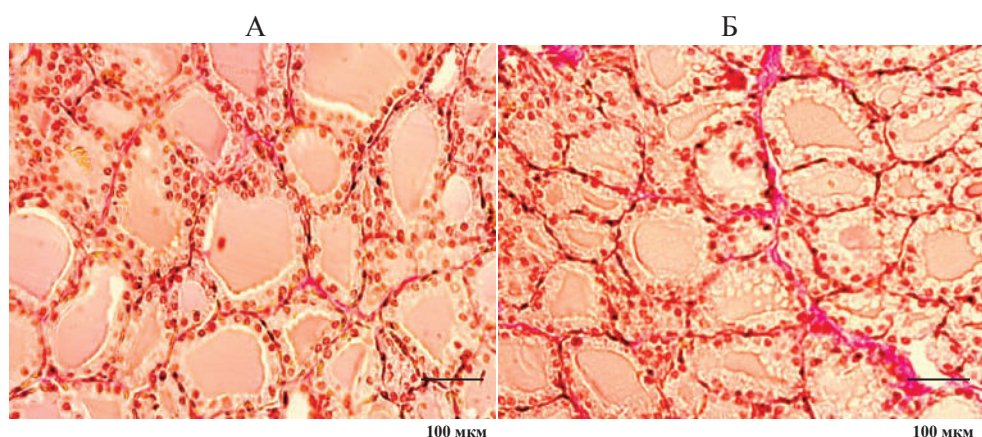


Рис. Мікрофотографія зрізу щитоподібної залози контрольної тварини (А) та щура після впливу аліментарної депривації (Б). Забарвлення за методом Ван-Гізона. Збільшення 400

У ЩЗ щурів, після впливу АД, спостерігали вірогідно меншу площу поперечного перерізу фолікулів та колоїду на 11,3% і 12,8% відповідно, ніж у контролі. Внутрішній діаметр фолікулів дослідних тварин також був достовірно меншим на 13,8%. Тиреоцити часто мали призматичну форму, а висота їх була на 9,3% більшою від контролю (табл. 2). Це може свідчити про підвищення активності залози, активну резорбцію тиреоглобуліну і секрецію гормонів у кровоносне русло [2].

У ЩЗ щурів, після впливу АД, виявлено вірогідне зростання стереологічного індексу резорбції на 15,7%. Цей показник характеризує динаміку накопичення і виведення інтрафолікулярного колоїду. Тоді як індекс накопичення колоїду, навпаки, був достовірно меншим на 21,0%. Фолікулярно-колоїдний індекс в ЩЗ дослідних тварин залишався на рівні контролю (табл. 2). Зростання стереологічного індексу резорбції та зниження індексу накопичення колоїду свідчить про посилення секреції тиреоїдних гормонів у кровоносне русло [7].

Таблиця 2

Морфометричні показники щитоподібної залози (n = 12, M ± m)

Показники	Контроль	Дослід
Паренхіма		
Відносна площа,%	74,8±2,64	75,3±2,3
Площа, мкм ²		
фолікула	3075±87	2727±74*
колоїду	1223±44	1066±97*
фолікулярного епітелію	1853±93	1661±83
Діаметр фолікула, мкм		
зовнішній	56,5±1,2	53,7±1,9
внутрішній	34,9±1,3	30,1±1,2*
Висота тиреоцитів, мкм	10,8±0,6	11,8±0,4
Фолікулярно-колоїдний індекс	1,52±0,05	1,56±0,04
Індекс накопичення колоїду	1,62±0,08	1,28±0,09*
Стереологічний індекс резорбції	0,115±0,003	0,133±0,007*
Кількість тиреоцитів в фолікулі, шт.	22,2±0,7	20,9±0,6
Сполучна тканина		
Відносна площа,%	25,2±1,6	24,7±1,3
Стромально-паренхіматозний індекс	0,34±0,04	0,33±0,04
Ширина прошарків сполучної тканини, мкм		
міжчасткової	24,9±0,9	21,4±0,8*
міжчасточкової	7,5±0,8	8,1±0,5
міжфолікулярної	1,68±0,08	1,37±0,07*

Примітка: * p < 0,05 – достовірність відмінностей у порівнянні з контролем

У щурів, які перебували на АД, спостерігали тенденцію до збільшення кількості інтерфолікулярних острівців, що можна розглядати як ознаку активації процесів фолікулогенезу (регенерації) ЩЗ. Встановлено, що інтерфолікулярні

острівці містять малодиференційовані клітини, які можуть бути джерелом для формування нових фолікулів [5].

У ЩЗ дослідних щурів виявлено тенденцію до зниження відносної площі строми і стромально-паренхіматозного індексу. Також у цих тварин спостерігали вірогідне зниження ширини прошарків міжчасткової (на 14,1%) і міжфолікулярної (на 18,5%) сполучної тканини (табл. 2). Зменшення відносної площі строми і, відповідно, збільшення відносної частки паренхіматозних елементів у залозі може розглядатися як однією з ознак активації її функції і підвищення регенераторних можливостей. Очевидно, що зменшення ширини прошарків і маси сполучної тканини ЩЗ в цілому поліпшує міжфолікулярний обмін речовин і проникнення гормонів у кров.

Літературні дані, які були б присвячені впливу АД на ЩЗ, поодинокі, а наявні результати мають неоднозначний характер. Переважно досліджували концентрацію тиреоїдних гормонів в крові людей і тварин, які отримували знижений раціон харчування за калорійністю. Виявлено, що обмеження харчування по-різному впливає на концентрацію тиреоїдних гормонів у сироватці крові щурів. Так, у тварин, які отримували знижений раціон харчування помітили, що концентрація тироксину (Т4) в сироватці крові не змінилася, концентрація трийодтироніну (Т3) – знизилась, а зворотнього Т3, навпаки, зросла [11]. Інші вчені виявили зниження всіх гормонів ЩЗ в крові після впливу обмеженого харчування [6, 12, 15]. Тоді як деякі дослідники спостерігали, що після впливу місячної низькокалорійної дієти концентрація Т3 і Т4 в крові істотно зростає, а концентрація тиреотропного гормону, навпаки, знижується [13].

Морфологічні зміни в ЩЗ, після впливу обмеженого харчування, спостерігали й інші дослідники. Так, після інтервального голодування (1 день повне голодування / 1 день стандартний раціон) протягом місяця у щурят виявлено наявність порожніх фолікулів і периферичних вакуолей, що вважається ознакою гіперактивності залози [4]. В іншому дослідженні, проведеному на щурах лінії Wistar різного віку, показано, що після закінчення періоду повного голодування в ЩЗ спостерігаються морфологічні ознаки підвищення функціональної активності тиреоцитів і посилення активності мікроциркуляторного русла. Зі збільшенням термінів голодування ці зміни наростають, а потім змінюються ознаками пригнічення функції ЩЗ [1]. Неоднозначність результатів може бути пов'язана з використанням в експериментах різних режимів обмеження харчування, тварин або людей різного віку, тривалістю проведення дослідів тощо.

Таким чином, у молодих щурів, які перебували на зниженому харчовому раціоні по масі на 30%, виявили морфологічні ознаки підвищення функціональної активності ЩЗ. На це вказує зменшення розмірів фолікулів і колоїду, зниження внутрішнього діаметра фолікулів і збільшення висоти тиреоцитів, зростання стереологічного індексу резорбції та зниження індексу накопичення колоїду, наявність численних резорбційних вакуолей в колоїді фолікулів, збільшення чисельності інтерфолікулярних острівців, зменшення кількості строми в залозі.

Проте, виявлені морфологічні зміни ЩЗ, після впливу АД, потребують подальшого дослідження і уточнення. Як відомо, з віком реакція організму на різні чинники може як посилюватися, так і знижуватися порівняно з молодим віком. Тому, доцільно провести такі дослідження на щурах старшого віку. Крім того, невідомо через який саме механізм впливає обмежене харчування на залозу. Все це вимагає більш детального вивчення ролі та механізмів впливу АД на ЩЗ.

Висновки

1. Вплив аліментарної депривації (зниженого харчового раціону по масі на 30%) протягом 28 діб у молодих щурів призводить до появи морфологічних ознак підвищення функціональної активності щитоподібної залози.

2. Ці дані можуть мати не тільки теоретичне значення, але і становити певний практичний інтерес при використанні обмеженого харчування для активації щитоподібної залози.

Стаття надійшла до редакції 22.07.2021

Список використаної літератури

1. Мгалобишвили З.Г. Изменение структуры щитовидной железы у 24-месячных крыс при голодании / З.Г. Мгалобишвили // Сакартвелос самедицино моамбе.– 1992.– № 1.– С. 65–66.
2. Юлдашева Ф.З. Ультраструктурная характеристика тиреоцитов при гипо- и гиперфункции щитовидной железы / Ф.З. Юлдашева, А.Ю. Юлдашев, С.И. Исмаилов, М.М. Рашитов // Клиническая тиреондология.– 2011.– Т. 35, № 3.– С. 132–135.
3. Янко Р.В. Морфологические изменения щитовидной железы крыс после интервального голодания / Р.В. Янко // Эндокринология.– 2020.– Т. 25, № 2.– С. 137–142. doi: 10.31793/1680-1466.2020.25-2.137.
4. Fetoui H. Food restriction induced thyroid changes and their reversal after refeeding in female rats and their pups / H. Fetoui, H. Bouaziz, A. Mahjoubi-Samet [et. al.] // Acta Biol Hung.– 2006. Vol. 57, № 4.– P. 391–402.
5. Khan Y.S. Histology, Thyroid Gland / Y.S. Khan, A. Farhana. // [Updated 2021 May 10]. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; 2021 Jan-. Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK551659>.
6. Lachowicz K. The effects of caloric restriction and age on thyroid hormone signalling in the heart of rats / K. Lachowicz, E. Fuerstenberg, E. Pałkowska [et al.] // Journal of Animal and Feed Sciences.– 2014.– Vol. 23.– P. 97–104.
7. Lee J. Morphological and functional changes in the thyroid follicles of the aged murine and humans / J. Lee, S. Yi, Y. Kang [et al.] // J Pathol Transl Med.– 2016.– Vol. 50, № 6.– P. 426–435.
8. Longo V.D. Fasting: molecular mechanisms and clinical applications / V.D. Longo, M.P. Mattson // Cell Metab.– 2014.– Vol. 19, № 2.– P. 181–192. doi: 10.1016/j.cmet.2013.12.008.
9. Malatesta M. Histological and histochemical methods – Theory and practice / M. Malatesta // Eur J Histochem.– 2016.– Vol. 60, № 1.– P. 2639. doi: 10.4081/ejh.2016.2639.
10. Mattson M. Meal frequency and timing in health and disease / M. Mattson, D. Allison, L. Fontana [et al.] // Proc Natl Acad Sci USA.– 2014.– Vol. 111, № 47.– P. 16647–16653. doi: 10.1073/pnas.1413965111.
11. Moreira-Andres M.N. The effect of calorie restriction on serum thyroid hormone binding proteins and free hormone in obese patients / M.N. Moreira-Andres, E.G. Black, D.V. Ramsden [et al.] // Clin Endocrinol (Oxf).– 1980.– Vol. 12, № 3.– P. 249–255.
12. Roth G.S. Effects of dietary caloric restriction and aging on thyroid hormones of rhesus monkeys / G.S. Roth, A.M. Handy, J.A. Mattison [et al.] // Horm Metab Res.– 2002.– Vol. 34.– P. 378–382.
13. Sultan S. Effect of low calorie diet and exercise on thyroid hormones and leptin levels / S. Sultan, L. Rashed // Med. J. Cairo Univ.– 2009.– Vol. 77, № 1.– P. 33–39.
14. Weiss E.P. Caloric restriction: powerful protection for the aging heart and vasculature / E.P. Weiss, L. Fontana // Am J Physiol Heart Circ Physiol.– 2011.– Vol. 301, № 4.– P. H1205–H1219. doi: 10.1152/ajpheart.00685.2011.

15. Weiss E. P. Caloric restriction but not exercise-induced reductions in fat mass decrease plasma triiodothyronine concentrations: a randomized controlled trial / E. P. Weiss, D. T. Villareal, S. B. Racette [et al.] // Rejuvenation research. – 2008. – Vol. 11, № 3. – P. 605–609. doi:10.1089/rej.2007.0622.
16. Yanko R. V. Effect of interval fasting on morphological changes in the rat thyroid gland of different age / R. V. Yanko, M. I. Levashov // Biological sciences of Kazakhstan. – 2021. – № 1. – P. 8–18. doi: 10.52301/1684-940X-2021-1-8-18.

Р. В. Янко

Інститут фізіології ім. О. О. Богомольця НАНУ, відділ клінічної фізіології сполучної тканини, вул. Богомольця, 4, Київ, 01024, Україна

ВПЛИВ АЛІМЕНТАРНОЇ ДЕПРИВАЦІЇ НА МОРФОЛОГІЧНІ ЗМІНИ ЩИТОПОДІБНОЇ ЗАЛОЗИ ЩУРІВ

Резюме

Актуальність проблеми: Незважаючи на добре вивчений ефект від аліментарної депривації на організм, літературні дані щодо її впливу на функціональну активність і, особливо, на морфологічні зміни в щитоподібній залозі (ЩЗ) поодинокі, і часто суперечливі, що не дозволяє зробити однозначних висновків. Все це вимагає більш детального вивчення ролі та механізмів впливу обмеженого харчування на ЩЗ.

Мета: Дослідження впливу аліментарної депривації на морфологічні зміни щитоподібної залози молодих щурів.

Методи дослідження: Дослідження проведено на 24 щурах-самцях лінії Wistar віком 3 місяці. Щури всіх груп перебували в уніфікованих умовах, на стандартному раціоні харчування. Тварини дослідної групи, протягом 28 діб, отримували харчовий раціон знижений по масі на 30%. Роботу з щурами проводили відповідно до принципів Гельсінської декларації. З центральних ділянок тканини ЩЗ виготовляли гістологічні препарати за стандартною методикою. З використанням цифрової камери мікропрепарати фотографували на мікроскопі «Nikon Eclipse E100» (Японія). Морфометрію здійснювали за допомогою комп'ютерної програми «Image J».

Основні результати дослідження: При гістологічному аналізі ЩЗ щурів, які зазнавали впливу аліментарної депривації, виявлено, що вона має не змінену фізіологічну структуру. Фолікули переважно овальної форми та різних розмірів. Колоїд у фолікулах дослідних тварин помірної щільності та містить численні резорбційні вакуолі. Тиреоцити призматичної та кубічної форми. Виявлено, що в ЩЗ дослідних щурів зменшується площа фолікулів, колоїду, їх внутрішній діаметр, зростає висота тиреоцитів, збільшується стереологічний індекс резорбції і знижується індекс накопичення колоїду, збільшується кількість інтерфолікулярних острівців. Також у дослідних тварин відмічено зниження ширини прошарків міжчасткової та міжфолікулярної сполучної тканини.

Висновки: У щурів, які перебували на зниженому харчовому раціоні, виявили морфологічні ознаки підвищення функціональної активності щитоподібної залози.

Ключові слова: щитоподібна залоза; аліментарна депривація.

R. V. Yanko

Bogomoletz Institute of Physiology of NAS of Ukraine; 4 Bogomoletz str., Kyiv, 01024, Ukraine.

INFLUENCE OF ALIMENTARY DEPRIVATION ON MORPHOLOGICAL CHANGES OF RAT'S THYROID GLAND

Abstract

Introduction: Despite the well-studied effect of alimentary deprivation on the body, the literature data on its effect on functional activity and, in particular, on morphological changes in the thyroid gland are single and often contradictory, which does not allow unambiguous conclusions. All this requires a more detailed study of the role and mechanisms of the impact of restricted nutrition on the thyroid gland.

Aim: To investigate the effect of alimentary deprivation on morphological changes in the thyroid gland of young rats.

Methods: The study was conducted on 24 male Wistar rats aged 3 months. Rats of all groups were in uniform conditions, on a standard diet. Animals of the experimental group, for 28 days, received a diet reduced by 30%. Work with rats was carried out in accordance with the principles of the Declaration of Helsinki. Histological preparations were made from the central areas of the thyroid tissue according to the standard method. Using a digital camera, the micropreparations were photographed under a Nikon Eclipse E100 microscope (Japan). Morphometry was performed using a computer program «Image J».

Results: Histological analysis of the rat's thyroid gland affected by alimentary deprivation revealed that it had an unchanged physiological structure. The follicles were mostly of oval shape and of various sizes. Colloid in the follicles of experimental animals is of moderate density and contains numerous resorption vacuoles. Thyroid cells are of prismatic and cubic shape. It was found that in the thyroid gland of experimental rats the area of follicles, colloid, their inner diameter decreases, the height of thyrocytes increases, the stereological resorption index increases and the colloid accumulation index decreases, the number of interfollicular islands increases. Also in experimental animals there was a decrease in the width of the interlobar and interfollicular connective tissue.

Conclusion: In rats fed on a reduced diet, morphological signs of increased functional activity of the thyroid gland were found.

Key words: thyroid gland; alimentary deprivation.

References

1. Mgalobishvili Z. G. (1992) "Change in the structure of the thyroid gland in 24-month-old rats during fasting" [Izmeneniye struktury shchitovidnoy zhelezy u 24-mesyachnykh kryss pri golodanii']. *Sakartvelos sameditsino moambe*, 1, pp 65–66.
2. Yuldasheva F.Z., Yuldashev A. Yu., Ismailov S.I., Rashitov M.M. (2011) "Ultrastructural description of thyrocytes in thyroid hypo- and hyperactivity" ["Ul'trastrukturnaya kharakteristika tireotsitov pri gipoi giperfunktsii shchitovidnoy zhelezy"]. *Klinicheskaya tireoidologiya*. 35, 3, pp 132–135.
3. Yanko R.V. (2020) "Morphological changes in the thyroid gland of rats after intermittent fasting" ["Morfologicheskiye izmeneniya shchitovidnoy zhelezy kryss posle interval'nogo golodaniya"]. *Endokrinologiya*. 25, 2, pp 137–142. doi: 10.31793/1680–1466.2020.25–2.137.

4. Fetoui H., Bouaziz H., Mahjoubi-Samet A., Soussia L., Guermazi F., Zeghal N. (2006) "Food restriction induced thyroid changes and their reversal after refeeding in female rats and their pups". *Acta Biol Hung.* 57, 4, pp 391–402.
5. Khan YS, Farhana A. (2021) "Histology, Thyroid Gland". [Updated 2021 May 10]. In: StatPearls [Internet]. Treasure Island (FL): StatPearls Publishing; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK551659>.
6. Lachowicz K., Fuerstenberg E., Pałkowska E., Stachoń M., Gajewska D., Myszkowska-Ryciak J., Kozłowska L., Ciecierska A., Rosołowska-Huszcz D. (2014) "The effects of caloric restriction and age on thyroid hormone signalling in the heart of rats". *Journal of Animal and Feed Sciences.* 23, pp 97–104.
7. Lee J., Yi S., Kang Y.E., Kim H.W., Joung KH, Sul HJ, Kim KS, Shong M. (2016) "Morphological and functional changes in the thyroid follicles of the aged murine and humans". *J Pathol Transl Med.* 50, 6, pp 426–435.
8. Longo V.D., Mattson M.P. (2014) "Fasting: molecular mechanisms and clinical applications". *Cell Metab.* 19, 2, pp 181–192. doi: 10.1016/j.cmet.2013.12.008.
9. Malatesta M. (2016) "Histological and histochemical methods – Theory and practice". *Eur J Histochem.* 60, 1, pp 2639. doi: 10.4081/ejh.2016.2639.
10. Mattson M., Allison D., Fontana L., Harvie M., Longo V., Malaisse W., Mosley M., Notterpek L., Ravussin E., Scheer F.A., Seyfried T.N., Varady K.A., Panda S. (2014) "Meal frequency and timing in health and disease". *Proc Natl Acad Sci USA.* 111, 47, pp 16647–16653. doi: 10.1073/pnas.1413965111.
11. Moreira-Andres M. N., Black E.G., Ramsden D.B., Hoffenberg R. (1980) "The effect of calorie restriction on serum thyroid hormone binding proteins and free hormone in obese patients". *Clin Endocrinol (Oxf).* 12, 3, pp 249–255.
12. Roth G.S., Handy A.M., Mattison J.A., Tilmont E.M., Ingram D.K., Lane M.A. (2002) "Effects of dietary caloric restriction and aging on thyroid hormones of rhesus monkeys". *Horm Metab Res.* 34, pp 378–382.
13. Sultan S., Rashed L. (2009) "Effect of low calorie diet and exercise on thyroid hormones and leptin levels". *Med. J. Cairo Univ.* 77, 1, pp 33–39.
14. Weiss E.P., Fontana L. (2011) "Caloric restriction: powerful protection for the aging heart and vasculature". *Am J Physiol Heart Circ Physiol.* 301, 4, pp H1205–H1219. doi: 10.1152/ajpheart.00685.2011.
15. Weiss E.P., Villareal D.T., Racette S.B., Steger-May K, Premachandra B.N., Klein S., Fontana L. (2008) "Caloric restriction but not exercise-induced reductions in fat mass decrease plasma triiodothyronine concentrations: a randomized controlled trial". *Rejuvenation research.* 11, 3, pp 605–609. doi:10.1089/rej.2007.0622.
16. Yanko R.V., Levashov M.I. (2021) "Effect of interval fasting on morphological changes in the rat thyroid gland of different age". *Biological sciences of Kazakhstan.* 1, pp 8–18. doi: 10.52301/1684-940X-2021-1-8-18.

КОРОТКІ ПОВІДОМЛЕННЯ



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246891

УДК 581.9 (477.74)

O. Yu. Bondarenko, Ph.D., assistant professor

S. L. Myronov, student

Odesa National Mechnykov University, Faculty of Biology,

Department of Botany

2, Dvoryanska str., Odesa 65082, Ukraine,

***EUPHORBIA DAVIDII* SUBILS (*EUPHORBIACEAE*) IN FLORA OF RAILWAY TRACKS OF DNIESTER BAY BAR**

On the Dniester embankment, between station Karolina-Buhas and Sonyachna, in the space between the tracks, as well as near these tracks, on the substrate of gravel, seven localities or the synanthropic species on *E. davidii* were recorded. In general, the examples found on the south slopes of railway tracks (compared to the north ones) are worse developed, are less branch out and are mainly represented by a smaller number of generative individuals.

Key words: *Euphorbia davidii*; railway tracks; Dniester bay bar

The flora of the south of Ukraine is notable for its significant transformation and, as a consequence, for its considerable number of synanthropic species, including invasive ones [1, 2, 3, 8, 11, 12]. The presence and expansion of anthropogenically transformed areas, as well as the existent level of permanent influence of human activity, probably, will contribute to it in the future too.

The issues, related to distinction and identification plants the species in the territory of North and South America, as well as problems designation invasive exemplars in flora of European countries and North Caucasus (Abkhazia, Ossetia), are covered in modern scientific literature, in particular in Ukrainian literature [5, 9, 10, 21]. It is noticed that the species expands its distribution area at a rapid rate [4, 22]. The study of the chemical composition of *E. davidii* plants is considered [19].

Euphorbia davidii (tetraploid, $2n = 56$) originates from North America (the north of Mexico, the USA, Canada), it was distributed in Europe (Bulgaria, Moldova, Russia, Ukraine), according to certain assumptions, with exported grain. The localities of the species are also registered in South America (Argentina), Australia, Asia [4, 13, 15, 16, 17, 18, 20]. For the year 2013, in Europe there were known 46 localities in ten European countries [22].

In Ukraine, there are noticed localities in Odessa, Amvrosiivka, Donetsk, Chop, Mukachevo, Kyiv, Kherson, Zatoka, etc. For the majority of these locations is pointed out that plants of this species were registered on railway tracks or nearby [22].

Plants *E. davidii* are represented at the picture (fig. 1, 2).



Fig. 1. *Euphorbia davidii*. Habitus. Photo by Bondarenko O. 11 August, 2021, near the railway stop Morska



Fig. 2. *Euphorbia davidii*. A part of an inflorescence. Photo by Bondarenko O. 8 August, 2021, near the railway stop Limanska

Euphorbia davidii subsp. *Poinsettia* – plants are tomentose, from the basis or from the middle are very branchy. Leaves are oblong and serrate. Seeds are 2,4–2,9 mm in length, in transection are tetrahedral. On the surface of seeds there are few big enough irregularly-shaped tubercles or flanges [12]. It is an annual plant, up to 40 cm high, blooms in august.

The species is an invasive plant, neophyte, in the territory of Ukraine is represented mainly in anthropogenically transformed sectors of seaports, railway tracks, abandoned lands [6, 22].

In order to study the flora of anthropogenically transformed areas of the Dniester embankment, using the pathway method, studied railway tracks and adjacent areas between railway stations Karolina-Bugas and Sonyachna. Statistical separate measurements were performed. Railway tracks are directed from east to west. The nearest locality of *E. davidii*, according to literature, is situated on railway tracks of the railway station Zatoka (also related to Dniester bay bar, in the direction of Bilhorod-Dnistrovskyi) [22]. In accordance with oral report of Ph.D., assistant professor Vasiljeva T. and Ph.D., assistant professor Kovalenko S., they also found *E. davidii* on Dniester bay bar.

For other natural or anthropogenically transformed ecotopes og the Dniester overflow of *E. davidii* plants we have not revealed.

In pursuant to geobotanical subdivision of Ukraine, the area is integrated in geobotanical district of cereal and wormwood-cereal steppe of Odessa, saline meadows,

solonchaks and vegetation of carbonate outcrops, Black Sea-Azov steppe subprovince, Pontic steppe province and Eurasian steppe region [7].

The locations being examined are completely transformed by an anthropogenic factor and represented by a crushed stone substratum with concomitant contamination, which is specific for rail transport. There are observable some evidence of restoration (adding) of substratum, in consequence of which one of the previously noticed localities (from July 2021) was not found. In addition, in some places there are notable evidence of mowing vegetation on the crushed stone railroad embankment.

Railway tracks are frequently a place of detection of synanthropic species, including invasive ones [14].

The detected localities have the following coordinates:

46°07'51.8"N, 30°30'51.9"E. There are present about 400 individuals up to 15 cm high; most of them (> 250) are registered on the south side of the railroad embankment. On the north side there are situated about 80 examples. Specifically in-between of rails there are about to 15 individuals, but exactly here the plants are better developed, branch well, possess bigger leaves and higher number of inflorescences. As of 23 August 2021, more than 70% of plants have developed seeds. The locality is up to 20 meters in length. About 10 exemplars of plants were found beyond the railways, on the sandy substratum from the south side. They possess, in most cases, just one stem, insignificant branching, are fruitful.

46°07'42.1"N, 30°30'42.9"E. Specifically in-between of rails there are registered 11 exemplars, up to 15 cm high. Only two plants have developed seeds. Two more were found on the north side of the railroad embankment. The locality is 2 meters long. As of 23 August 2021, the major part of plants possessed generative organs. Beyond the ecotope of railway tracks the exemplars of *E. davidii* were not found.

46°07'03.3"N, 30°30'22.3"E. The solitary exemplars with a total number of 32 are situated in the locality, which length is 30 meters, mostly in-between of the rails. The plants, with a few minor exceptions, are poorly developed, they are up to 13 cm high. As of 23 August 2021, seven generative individuals were found, up to 10 cm high. Beyond the ecotope of railway tracks no exemplars were found.

46°06'32.9"N, 30°30'08"E. There are more than 500 exemplars in the locality that is up to 20 meters long, among them: in interrail space – only 47 plants, on the north side of the railroad embankment – 27 plants. As of 23 August 2021, on the south side of the embankment only about 50% (by sight) of plants were fruiting. On the north side the majority (by sight – up to 80%) of plants have developed seeds. Beyond the ecotope of railway tracks no exemplars were found.

46°05'59.8"N, 30°29'31.6"E. In interrail space 57 exemplars were distinguished, twelve more – on the south side of the railway embankment, on the north side – 2 individuals. The plants are comparably well-developed; as of 23 August 2021, most of plants were ramiform and have developed fruits. Beyond the ecotope of railway tracks no exemplars were found.

46°05'35.6"N, 30°29'07.3"E. The locality (more than 50 meters in length) is represented by a considerable number of exemplars: over 2000 plants are situated on the both slopes of the crushed stone embankment. The plants are lowly, up to 10–12 cm high. The individuals from the south side of the embankment, in comparison with exemplars from the north side, are poorly ramiform. A minor part of the exemplars is situated beyond the railway tracks, on the sandy substratum of the bay bar. In inter-rail space only 75 individuals were distinguished, among them, 68 plants (as of 30 August 2021) have developed fruits.

46°05'00.8"N, 30°28'34.8"E. This locality is up to 50 meters long, the individuals of *Euphorbia davidii* were registered only on slopes of the crushed stone embankment, in inter-rail space there were not noticed any of *E. davidii* exemplars. The number of individuals – more than 300, particular plants reach the size about 20 cm. Most of plants are low-growing, poorly ramiform, but up to 80% (by sight) of them, as of 30 August 2021, have developed fruits. Beyond the railways no exemplars were found.

Conclusions

1. In 2021, when studying the flora of anthropogenically transformed ecotopes, on the sections of railway tracks up to eight kilometers long, 7 habitats of *E. davidii* were found between the stations Karolina-Buhas and Sonyachna. The concentration of plants in the localities ranges from 32 species to about 2000.

2. Plants in the space between the tracks, compared with gravel slopes, few.

3. The number a plants on the southern side of the slopes of the tracks is greater. However, compared to the northern slopes, they are less branched and, as of the time of the research, are represented by fewer generative individuals.

Стаття надійшла до редакції 14.10.2021

Список використаної літератури

1. Бондаренко О.Ю. Конспект флори пониззя межириччя Дністер – Тилігул / О.Ю. Бондаренко. – Київ: Фітосоціоцентр, 2009. – 332 с.
2. Бондаренко О.Ю. Флора пониззя межириччя Дністер – Тилігул: дис. канд. біол. наук спец. 03.00.05 / О.Ю. Бондаренко. – Київ, 2015. – 380 с.
3. Васильєва, Т.В. Конспект флори Південної Бесарабії. Одеський національний університет ім. І.І. Мечникова, Одеса, 2003. – С. 1–250.
4. Гельтман Д.В. Американский вид *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) во флоре Восточной Европы и Северного Кавказа / Д.В. Гельтман // Turczaninowia. – 2012. – Т. 15, № 1. – С. 37–39.
5. Гузік Я. Нові локалітети карантинного бур'яну *Euphorbia dentata* Michx. в Україні / Я. Гузік, В.В. Протопопова, О.О. Кагало, І.І. Мойсеєнко, Б.Г. Проць, М.В. Шевера // Укр. бот. журн. – 1997. – Т. 54, № 3. – С. 280–283.
6. Двірна Т.С. Знахідки *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) на території Лівобережного Лісостепу України / Т.С. Двірна, К.О. Звягінцева // Укр. ботан. журн. – 2013. – Т. 70, № 3. – С. 351–353.
7. Дідух Я.П. Геоботанічне районування України та суміжних територій / Я.П. Дідух, Ю.Р. Шеляг-Сосонко // Укр. ботан. журн. – 2003. – Т. 60, № 1. – С. 6–17.
8. Інвазійні види у флорі Північного Причорномор'я / [В.В. Протопопова, М.В. Шевера, С.Л. Мосякін та ін.]. – К.: Фітосоціоцентр, 2009. – 56 с.
9. Коваленко С.Г. Нові види синантропної флори м. Одеси та причорноморських портів / С.Г. Коваленко, С.П. Петрик, І.П. Ружицька, Т.В. Васильєва-Немерцалова // Укр. бот. журн. – 1993. – Т. 50, № 1. – С. 114–117.

10. Коваленко С.Г. Новые находки *Euphorbia dentata* в Причерноморье / С.Г. Коваленко, И.П. Ружицкая, С.П. Петрик // Бюлл. Главн. бот. сада.– 1992.– Вып. 163.– С. 62.
11. Протопопова В.В. Синантропная флора Украины и пути её развития / В.В. Протопопова.– К.: Наук. думка, 1991.– 192 с.
12. Протопопова В.В. Інвазійні види у флорі України. I. Група високо активних видів / В.В. Протопопова, М.В. Шевера // GEO&BIO.– 2019.– Vol. 17.– 116–135.
13. Тохтарь В.К. *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) – новый вид для Центрального Черноземья (Россия) / В.К. Тохтарь, А.Ю. Курской // Фиторазнообразия Восточной Европы, 2019.– Т. XIII, № 4.– С. 397–401. doi: 10.24411/2072–8816–2019–10058
14. Burda R.I. Invasion, distribution and naturalization of plants along railroads of the Ukrainian south-east / R.I. Burda, V.K. Tokhtar // Укр. ботан. журн.– 1992.– Т. 49, № 5.– С. 14–18.
15. Marchessi J.E. Presencia de *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) en la Provincia de Buenos Aires: morfología y anatomía de la especie / J.E. Marchessi, R. Subilis, R.L. Scaramuzzino, H.N. Crosta, M.F. Eiseiza, H.M. Saint Andre, V.F. Juan // Kurtziana. – 2011. – 36 (1).– pp. 45–53.
16. Oprea A. *Euphorbia davidii* Subilis (*Euphorbiaceae*) – an alien species new to the Romanian flora / A. Oprea, Z. Barina, C. Sirbu // Contribuții Botanice. – 2012.– 48.– pp. 7–12.
17. Pinke G. The first occurrence of *Euphorbia davidii* in Hungary / G. Pinke, S. Molnar, V. Garamvölgyi, Z. Barina // Növényvedelem. – 2012.– 48 (3).– pp. 117–120.
18. Purger D. *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*), a new alien species in the flora of Serbia / D. Purger, D. Vajgand, N. Mičić, K. Vajgand // Botanica Serbica. – 2015.– 39 (1).– pp. 49–52.
19. Rédei Dóra. First phytochemical investigation of secondary metabolites of *Euphorbia davidii* Subils. and antiproliferative activity of its extracts / Dóra Rédei, Norbert Kúsz, Máté Szabó, Gyula Pinke, István Zupkó, Judit Hohmannl // Acta Biologica Hungarica. – 2015.– 66(4).– pp. 464–467. DOI: 10.1556/018.66.2015.4.11
20. Vladimirov V. A new alien species of *Euphorbia* (*Euphorbiaceae*) to the Bulgarian flora / V. Vladimirov, A. S. Petrova // Phytologia Balcanica. – 2009.– 15 (3).– pp. 343–345.
21. Yena A.V. *Euphorbia davidii* Subils. Med-Checklist Notulae, 30 / A.V. Yena // Willdenowia. – 2011.– Vol. 41, № 4.– P. 317.
22. Zoltán Barina. Current distribution and spreading of *Euphorbia davidii* (*E. dentata* agg.) in Europe / Zoltán Barina, Myroslav Shevera, Culiță Sirbu, Gyula Pinke // Cent. Eur. J. Biol. – 2013.– Т. 8(1).– P. 87–95.

О. Ю. Бондаренко, С. Л. Миронов

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,
кафедра ботаніки,
вул. Дворянська, 2, Одеса, 65082, Україна

***EUPHORBIA DAVIDII* SUBILS (EUPHORBIACEAE) У ФЛОРИ ЗАЛІЗНИЧНИХ КОЛІЙ ДНІСТРОВСЬКОГО ПЕРЕСИПУ**

Резюме

Мета. Антропогенно перетворені екотопи є осередком для існування багатьох адвентивних видів. Поширення північноамериканського виду *Euphorbia davidii* підроду *Poinsettia* на різних континентах часто пов'язують із експортом зерна. Певний час науковці піднімали питання ідентифікації рослин *E. davidii* на нових територіях, оскільки цей вид морфологічно подібний до *E. dentata* agg.

Вид *E. davidii* характеризується високим інвазійним потенціалом, є кенофітом. На території України вид представлений окремими локалітетами практично на всій території. Пов'язаний із територіями портів, залізничних колій, необроблюваних земель.

Методи. У 2021 році, маршрутним методом, на ділянках залізничних колій Дністровського пересипу, між з/станціями Кароліна-Бугаз та Сонячна (загаль-

ною довжиною – до восьми кілометрів), виявлено сім локалітетів *E. davidii*; в публікації наведено їх координати. Обстежені екотопи характеризуються щербеним субстратом, з підвищеними температурами, а також специфічним вібраційним, інсоляційним та гідрологічним режимами.

Результати. Представлені як малочисленні локалітети (32 види), так і ділянки, де концентрація рослин становить понад 2000. Протяжність місцезростань – від двох метрів до двадцяти. Висота окремих, найбільш розвинених особин, становила 20 см.

Рослин у міжколіїному просторі, як правило – суттєво менше, проте вони краще розвинені, добре галузяться, мають більшу кількість суцвіть з плодами.

Висновки. Кількість рослин із південної сторони відкосів колій, як правило більша, проте екземпляри на південних відкосах (порівняно із північними) – гірше розвинені, менше галузяться та, станом на час проведення досліджень, були представлені меншою кількістю генеративних особин. На прилеглих до залізничних колій піщаних ділянках пересипу, рослини *E. davidii* практично не фіксовані. Знайдені нечисленні екземпляри мали пригнічений ріст, єдине стебло, практично не квітувати та не мали насіння.

Ключові слова: *Euphorbia davidii*; залізничні колії; Дністровський пересип

O. Yu. Bondarenko, S. L. Myronov

Odesa National Mechnykov University, Faculty of Biology,
Department of Botany
2 Dvorianska str., Odesa 65082, Ukraine

***EUPHORIA DAVIDII* SUBILS (*EUPHORBIACEAE*) IN FLORA OF RAILWAY TRACKS OF THE DNIESTER BAY BAR**

Abstract

Aim. Anthropogenically transformed ecotopes act as a centre for existence of many adventive species. The distribution of North-American species *Euphorbia davidii* subsp. *Poinsettia* across various continents is often attributed to the export of grain. For some time scientists have been bringing up the issue about identification of plants *E. davidii* in new territories, because the species is morphologically similar to *E. dentata* agg.

The species *E. davidii* is characterised by a high invasive potential, it is a neophyte. In Ukraine the species is represented by separate localities almost throughout the country. It is related to sectors of ports, railway tracks, and abandoned lands.

Methods. In the year 2021, by means of route method, in sectors of railway tracks of the Dniester bay bar, between the railway stops Karolina-Buhas and Soniachna (total length is up to eight kilometers) seven localities of *E. davidii* were distinguished; the coordinates of the locations are listed in the publication. The examined ecotopes are characterised by a crushed stone substratum, with higher temperatures, and also by specific vibrational, insolational and hydrological modes.

Results. Both inconsiderable in number of plants localities (32 exemplars) and zones, where the number of plants reaches over 2000 are represented. The extent of habitats ranges from 2 to 20 meters. The height of particular, the most developed individuals constituted 20 cm. As a rule, in the inter-rail space there is a considerably smaller number of plants, however, they are better developed, well-branched and have more inflorescences with fruits.

Conclusions. A number of plants from the southern slopes of the railways is typically bigger, however, the plants on the southern slopes (in comparison with the northern ones) are worse developed, branch out less and, at the time of conducting the research were represented by a smaller number of generative individuals. In sandy sectors of the bay bar adjoining the railway tracks the plants *E. davidii* were almost not noticed. The individuals found in the above-mentioned sectors are characterised by stunted growth, a single stem, almost did not bloom, and did not produce seeds.

Key words: *Euphorbia davidii*; railway tracks; the Dniester bay bar

References

- Bondarenko O. Yu. (2009). «A summary of the flora of lower Dniester – Tiligul interfluve» [«Konspekt flory ponyz'zja mezhirichcha Dnister-Tiligul»]. – Kyiv: Fitosotsiotsentr, 332 p.
- Bondarenko O. Yu. (2015). «Flora of lower Dniester-Tiligul interfluve»: PhD thesis. – Kyiv, 380 p.
- Vasylyeva, T.V. (2003). “A checklist of the flora South Bessarabia” [“Konspekt flory Pivdennoi Besarabii”]. I. I. Mechnikov Odesa National University, Odesa: 1–250.
- Geltman D. V. New localities of the quarantine weed *Euphorbia dentata* Michx. in Ukraine [Amerikanskii vid *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) vo flore Vostochnoi Evropy I Severnogo Kavkaza] // *Turczaninowia* 2012. – 15 (1): 37–39.
- Guzik Ya., Protopopova V. V., Kagalo O. O., Moyseenko I. I., Prots B. G., Shevera M. V. (1997). New localities of the quarantine weed *Euphorbia dentata* Michx. in Ukraine [Novi lokalitety karantynnogo buryanu *Euphorbia dentata* Michx. v Ukraini] // *Ukr. Botan. zhurn.* – 54 (3): 280–283.
- Dvirna T. S., Zvyagintseva K. O. (2013). Findings of *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) in the territory of forest steppe of Left-bank Ukraine [Znakhidky *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) na terytorii Livoberezhnogo Lisostepu Urkainy] // *Ukr. Botan. zhurn.* 70(3): 351–353.
- Didukh Ya. P., Shelyag-Sosonko Yu. R. (2003). «Geobotanical, zoning of Ukraine and adjusting territories» [Geobotanichne raionuvannya Ukrainy ta sumizhnykh oblastei]. *Ukr. botan. zhurn.* 60 (1): 6–17.
- “Invasive species in the flora of the Northern Black Sea coast” [Invasiini vydy u flori Pvnichnogo Prychornomorya] (2009) / [B. B. Protopopova, M. V. Shevera, C. J. Mosyakin ta in.]. – Kyiv: Fitosotsiotsentr, 56 p.
- Kovalenko S. G., Petrik S. P., Ruzhitskaya I. P., Vasylyeva-Nemertsalova T. V. (1993). New species of synanthropic flora in Odesa and Black Sea ports [Novi vydy synantropnoi flory m. Odesy ta prychnomorskikh portiv] // *Ukr. Botan. zhurn.* 50 (1): 114–117.
- Kovalenko S. G., Ruzhitskaya I. P., Petrik S. P. (1992). New findings of *Euphorbia dentata* in Black Sea coastal area [Novye nahodki *Euphorbia dentata* v Prichernomore] // *Biull. Glav. bot. sada.* Vyp. 163: 62.
- Protopopova V. V. (1991). Synanthropic flora of Ukraine and ways of its development. – Kyiv.: Nauk. dumka, 192 p.
- Protopopova V. V., Shevera M. V. (2019). Invasive species in the flora of Ukraine. I. Group of highly active species [Invasiini vydy u flori Ukrainy. I. Grypa vysokoaktyvnykh vydiv] // *GEO&BIO.* 17: 116–135.
- Tohtap V. K., Kurskoi A. Iu. (2019). *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) – a new species for Central Black Earth Region (Russia) [*Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) – novyi vid dlia Centralnogo Chernozemia (Rossia)] // *Fitoraznoobrazie Vostochnoi Evropy.* XIII (4): 397–401. doi: 10.24411/2072–8816–2019–10058
- Burda R. I. Tokhtar V. K. (1992). Invasion, distribution and naturalization of plants along railroads of the Ukrainian south-east // *Ukr. Botan. zhurn.* 49 (5): 14–18.

15. Marchessi J.E., Subilis R., Scaramuzzino R.L., Crosta H.N., Eseiza M.F., Saint Andre H.M., Juan V.F. (2011). Presencia de *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) en la Provincia de Buenos Aires: morfología y anatomía de la especie. *Kurtziana*. 36 (1): 45–53.
16. Oprea A., Barina Z., Sîrbu C. (2012). *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*) – an alien species new to the Romanian flora. *Contribuții Botanice*. 48: 7–12.
17. Pinke G., Molnar S., Garamvölgyi V., Barina Z. (2012). The first occurrence of *Euphorbia davidii* in Hungary. *Növényvédelem*. 48 (3): 117–120.
18. Purger D., Vajgand D., Mičić N., Vajgand K. (2015). *Euphorbia davidii* Subils (*Euphorbiaceae*), a new alien species in the flora of Serbia. *Botanica Serbica*. 39 (1): 49–52.
19. Rédei Dóra. (2015). First phytochemical investigation of secondary metabolites of *Euphorbia davidii* Subils. and antiproliferative activity of its extracts / Dóra Rédei, Norbert Kúsz, Máté Szabó, Gyula Pinke, István Zupkó, Judit Hohmann1 // *Acta Biologica Hungarica*. 66(4): 464–467. DOI: 10.1556/018.66.2015.4.11
20. Vladimirov V., Petrova A.S. (2009). A new alien species of *Euphorbia* (*Euphorbiaceae*) to the Bulgarian flora. *Phytologia Balcanica*. 15 (3): 343–345.
21. Yena A. V. (2011) / *Euphorbia davidii* Subils. *Med-Checklist Notulae*, 30 // *Willdenowia*. 41 (4): 317.
22. Zoltán Barina, Myroslav Shevera, Culiță Sîrbu, Gyula Pinke (2012). Current distribution and spreading of *Euphorbia davidii* (*E. dentata* agg.) in Europe // *Cent. Eur. J. Biol.* 8(1): 87–95.

doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246879

УДК 635.89(477.7)

Ф. П. Ткаченко, д. б. н., професор

О. М. Попова, к. б. н., доцент,

Одеський національний університет імені І.І. Мечникова,
біологічний факультет, кафедра ботаніки, вул. Дворянська, 2, Одеса,
65082, Україна, e-mail: e_popova@ukr.net

НОВА ЗНАХІДКА РІДКІСНОГО ГРИБА *PISOLITHUS ARHIZUS* (*SCLERODERMATACEAE*) НА ТЕРИТОРІЇ ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ

Наводиться інформація про нове місцезнаходження *Pisolithus arhizus* з узбережжя Тилігульського лиману, який входить до складу регіонального ландшафтного парку «Тилігульський» (Одеська область). На дослідженій території плодове тіло гриба знаходилося поруч з культивованим *Juniperus sabina*.

Ключові слова: рідкісний вид; Україна; Червона книга; регіональний ландшафтний парк «Тилігульський» (Одеська область).

Pisolithus arhizus (Scop.) Rauschert – єдиний вид роду *Pisolithus* Alb. & Schwein., поширений в Україні [3, 4, 9]. Цей гриб наведений у третьому виданні Червоної книги України (далі – ЧКУ) за категорією «рідкісний» [2]. Він також увійшов до Переліку видів рослин та грибів, що заносяться до Червоної книги України (рослинний світ), затвердженого наказом Міністерства захисту довкілля та природних ресурсів України № 111 від 15 лютого 2021 року. У третьому виданні ЧКУ (на 2009 рік) показані вісім місцезнаходжень гриба в Донецькій (1 місцезнаходження), Одеській (1), Полтавській (1), Харківській (1) і Херсонській (3) областях та АР Крим (1) [2]. На початок 2021 року в Україні *P. arhizus* відомий вже з 22 місцезнаходжень з Карпатських лісів, Центрального Полісся, Лівобережного Лісостепу, Харківського Лісостепу, Лівобережного злаково-лучного Степу, Старобільського злаково-лучного Степу, Правобережного злакового Степу, Лівобережного злакового Степу, Гірського Криму та Південного берегу Криму у Донецькій (1 місцезнаходження), Житомирській (4), Запорізькій (1), Івано-Франківській (1), Миколаївській (2), Одеській (3), Полтавській (1), Харківській (2), Херсонській (5) областях та АР Крим (2) [7]. Незважаючи на знахідки останніх років, *P. arhizus* є рідкісним видом в Україні, і пошук його нових місцезнаходжень, а також характе-

ристика цих місцезнаходжень залишаються актуальними.

Вид має цікаву біологію та екологію. Здавна було відомо, що *P. arhizus* утворює мікоризу з *Quercus robur* [5]. За пізнішими літературними даними коло симбіонтів *P. arhizus* виявилось значно ширшим: відмічена його мікориза з різними видами листяних та хвойних порід (з видами родів *Betula*, *Quercus*, *Pinus*, *Juniperus*) [8].

Цікаво, що як мікоризоутворювач, цей гриб рекомендують використовувати в лісовому господарстві при вирощуванні сосни та дуба [8, 11]. В Одеській області *P. arhizus* раніше був відомий тільки як симбіонт *Quercus robur* [7].

Одне плодове тіло *P. arhizus* (рис. 1) було знайдено 12.09.2021 р. у сухому стані на поверхні ґрунту біля узбережжя Тилігульського лиману на схилі балки «Ранжева», в околицях с. Любополь Лиманського (колишнього Комінтернівського) р-ну. Зараз це територія регіонального ландшафтного парку (далі – РЛП) «Тилігульський» (Одеська область)*.



Рис. 1. Зовнішній вигляд *Pisolithus arhizus*, зібраного на території регіонального ландшафтного парку «Тилігульський» (Одеська область)

*Примітка. Одноіменний регіональний ландшафтний парк «Тилігульський» існує навколо Тилігульського лиману в межах сусідньої Миколаївської області, тому для розрізнення цих об'єктів природно-заповідного фонду після назви у дужках вказується відповідна область.

Виявлене місцезростання *P. arhizus* знаходиться в межах Одеського геоботанічного округу злакових та полиново-злакових степів, засолених луків, солончаків і рослинності карбонатних відслонень; ця територія відноситься до найсухіших в Україні – вона відповідає суворо посушливій агрокліматичній зоні з гідротермічним коефіцієнтом менше 0,7 [6]. Це цілком узгоджується з літературними даними про те, що вид, на відміну від більшості макроміцетів, добре пристосований до посухи та високих температур і утворює плодове тіла навіть тоді, коли в інших грибів це не спостерігається [7, 10, 12].

Гриб зростав на покинутій садовій ділянці під молодим кущиком культивованого *Juniperus sabina* L., імовірно, як його симбіонт. Загальна довжина плодового тіла гриба становила 8,3 см, розширеної верхньої частини – 5,7 см. Стерильна ніжка була довжиною 2,8 см і товщиною 2,5 см. Це відповідає відомим морфометричним показникам виду [4]. Спори мали типову форму, будову і розміри (за [4]).

Отже, знахідка *P. arhizus* на узбережжі Тилігульського лиману є новою (23-ю) для України [7] та четвертою в Одеській області (рис. 2).

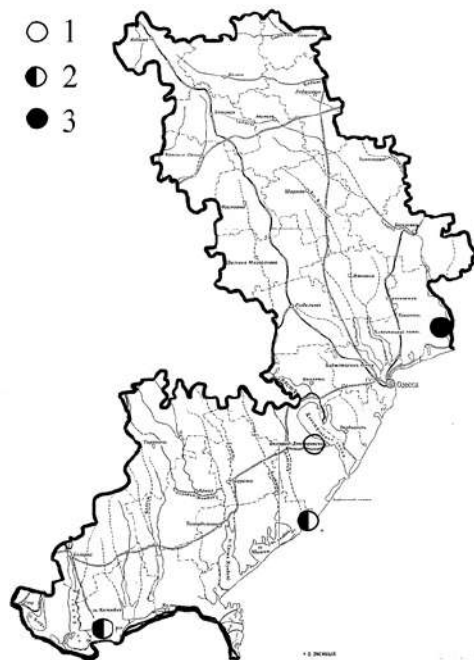


Рис. 2. Знахідки *Pisolithus arhizus* в Одеській області: 1 – у 1958 р., 2 – у 2014-2020 рр., 3 – нова знахідка 12.09.2021 р.

Вона також доповнює відомості про мікобіоту території РЛП «Тилігульський» (Одеська область). Втім, слід зазначити, що на даний час знахідки 1958 р. [1, 3] не підтверджені [7].

Характерний зовнішній вигляд плодових тіл *P. arhizus* робить можливим його розпізнавання у природі не тільки фахівцями, але й грибниками-любителями, і це має сприяти збільшенню його знахідок.

Стаття надійшла до редакції 01.11.2021

Список використаної літератури

1. Гелюта В. П. Нові місцезнаходження *Pisolithus arhizus* (Scop.) Rauschert (*Sclerodermataceae*) в Україні / В. П. Гелюта, В. В. Джаган, О. Є. Ходосовцев, І. Ю. Костіков, С. В. Волгін, М. Ф. Бойко, Ю. Я. Тихоненко // Чорноморський ботан. журн. – 2006. – Т. 2, № 2. – С. 118–122.
2. Дудка І. О. Пізоліт безкореневий / І. О. Дудка // Червона книга України. Рослинний світ. – Київ: Глобал-консалтинг, 2009. – С. 823.
3. Зерова М. Я. Знаходження двох гастероміцетів – *Phellorinia inquinans* Berk. та *Pisolithus tinctorius* (Pers.) Sotk. et Couch. f. *turgidus* (Fr.) Pilat на Україні / М. Я. Зерова // Укр. ботан. журн. – 1959. – Т. 16, № 2. – С. 88–91.
4. Зерова М. Я. Визначник грибів України, т. 5, кн. 2. / М. Я. Зерова, П. Є. Сосін, Г. Л. Роженко. – Київ: Наукова думка, 1979. – 564 с.
5. Ключник П. І. О грибах, образующих микоризу дуба / П. І. Ключник // Лесное хозяйство. – 1952. – № 8. – С. 63–65.
6. Національний атлас України / НАН України, Інститут географії, Державна служба геодезії, картографії та кадастру; голов. ред. Л. Г. Руденко; голова ред. кол. Б. Є. Патон. – К.: ДНВП «Картографія», 2007. – 435 с.
7. Попова О. М. Поширення в Україні рідкісного виду *Pisolithus arhizus* (*Boletales*, *Basidiomycota*) / О. М. Попова // Укр. ботан. журн. – 2021. – Т. 78, № 2. – С. 139–144. doi: <https://doi.org/10.15407/ukrbotj78.02.1398>.
8. Ребриев Ю. А. Пизолитус бескорневой / Ю. А. Ребриев // Красная книга Ростовской области. Изд. 2-е. Т. 2. Растения и грибы. – Ростов-на-Дону: Минприроды Ростовской области, 2014. – С. 268–273.
9. Akulov O. Yu. The preliminary checklist of boletoid fungi of Ukraine / O. Yu. Akulov, M. P. Prydiuk // *Pagine di Micologia*. – 2007. – Vol. 27. – P. 117–144.
10. Kuo M. *Pisolithus tinctorius* [Електронний ресурс] / M. Kuo. – 2006. Available at: http://www.mushroom-expert.com/pisolithus_tinctorius.html (Accessed 20 December 2020).
11. Martin F. Phylogeography of the ectomycorrhizal *Pisolithus* species as inferred from nuclear ribosomal DNA ITS sequences / F. Martin, J. Díez, B. Dell, C. Delaruelle // *New Phytologist*. – 2002. – Vol. 153. – P. 345–357. doi: <https://doi.org/10.1046/j.0028-646X.2001.00313.x>
12. Vellinga E. C. *Pisolithus arhizus* / E. C. Vellinga. – 2007. [Електронний ресурс] In: *Bay Area Mycological Society*. Available at: <http://bayareamushrooms.org/index.html> (Accessed 20 December 2020).

Ф. П. Ткаченко, О. М. Попова

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра ботаніки,
вул. Дворянська, 2, Одеса, 65082, Україна, e-mail: e_popova@ukr.net

НОВА ЗНАХІДКА РІДКІСНОГО ГРИБА *PISOLITHUS ARHIZUS* (*SCLERODERMATACEAE*) НА ТЕРИТОРІЇ ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ

Резюме

Проблема. Розповсюдження видів з Червоної книги України недостатньо досліджені. Це стосується також і рідкісного гриба *Pisolithus arrhizus* (Scop.) Rauschert. Отже, виявлення нових місцезростань раритетного виду є актуальним.

Мета. Метою роботи є характеристика нового місцезнаходження *P. arrhizus* з Одеської області, знайденого 12.09.2021 р.

Методи. Місцезнаходження виявлено при обстеженні узбережжя Тилігульського лиману маршрутним методом. Визначення виду проведено за Визначником грибів України.

Результати. Нове місцезнаходження *P. arrhizus* виявлено на березі Тилігульського лиману на схилі в околицях с. Любополь Лиманського р-ну Одеської області. Ця знахідка доповнює інформацію про мікобіоту регіонального ландшафтного парку «Тилігульський» (Одеська область). Знайдено один карпофор, морфометричні показники якого відповідали відомим у літературі. *Pisolithus arrhizus* є, імовірно, симбіонтом культивованого *Juniperus sabina* L.

Ключові слова: рідкісний вид; Україна; Червона книга; регіональний ландшафтний парк «Тилігульський» (Одеська область)

F. P. Tkachenko, O. M. Popova

Odesa National Mechnykov University, Department of Botany, 2 Dvorianska Str.,
Odesa, 65082, Ukraine, e-mail: e_popova@ukr.net

A NEW FINDING OF A RARE FUNGUS *PISOLITHUS ARHIZUS* (*BOLETALES, BASIDIOMYCOTA*) ON THE TERRITORY OF ODESA REGION

Abstract

Problem. The distribution of species from the Red Book of Ukraine has been studied insufficiently. This also applies to the rare fungus *Pisolithus arrhizus* (Scop.) Rauschert. Therefore, the discovery of new habitats of rare species is relevant.

Aim. The aim of the work is to characterize the new locality of *P. arrhizus* from Odesa region, found on September 12, 2021.

Methods. The site was found during a survey of the coast of the Tyligul estuary by a route method. The determination of the fungus was carried out according to the Determinant of fungi of Ukraine.

Results. A new locality of *P. arrhizus* was discovered on the bank of the Tyligul estuary in the vicinity of the village of Liubopol, Lyman district, Odesa region. This finding complements the information on the mycobiota of the regional landscape park “Tyligulskyi” (Odesa region). One carpophore was found, the morphometric parameters of which were known in the literature. It is possible that *Pisolithus arrhizus* is a symbiont of cultured *Juniperus sabina* L.

Key words: rare species; Ukraine; Red Book; Regional Landscape Park «Tyligulskyi» (Odesa region)

References

1. Heluta V.P., Dzhagan V.V., Khodosovtsev O. Ye., Kostikov I. Yu., Volgin S.O., Boiko M.F., Tykhonenko Yu. Ya. (2006) «New Records of *Pisolithus arrhizus* (Scop.) Rauschert (*Sclerodermataceae*) in Ukraine» [«Novi mistseznakhodzhennia *Pisolithus arrhizus* (Scop.) Rauschert (*Sclerodermataceae*) v Ukraini»], *Chornomorskyi botanichnyi zhurnal*, 2, 2, pp 118–122.
2. Dudka I.O. (2009). «Dyeball *Pisolithus arrhizus* (Scop.: Pers.) S. Rauschert” [«Pizolit bezkorenevyi *Pisolithus arrhizus* (Scop.: Pers.) S. Rauschert»], *Chervona knyha Ukrainy. Roslynnnyi svit (Red Data Book of Ukraine. Plant Kingdom)*. Ed. Ya.P. Didukh. Kyiv: Globalconsulting, p. 823.
3. Zerova M. Ya. (1959) «Finding of two gasteromycetes - *Phellorinia inquinans* Berk. and *Pisolithus tinctorius* Pers.) Cokker et Couch. f. *turgidus* (Fr.) Pilat in Ukraine» [«Znakhodzhennia dvokh hasteromitsetiv - *Phellorinia inquinans* Berk та *Pisolithus tinctorius* (Pers.) Cokker et Couch. f. *turgidus* (Fr.) Pilat na Ukraini»], *Ukrainian Botanical Journal*, 16, 2, pp 88–91.
4. Zerova M. Ya., Sosin P.E., Rozhenko H.L. (1979). *Keys to mushrooms of Ukraine* [Vyznachnyk hrybiv Ukrainy], vol. 5, book 2. Kyiv: Naukova dumka, 564 pp.
5. Klyushnik P.I. (1952) «About fungi that form oak mycorrhiza» [«O gribah, obrazuyuschih mikorizu duba»], *Lesnoe khozyaystvo*, 8, pp 63–65.
6. Rudenko L.H. (2007) National Atlas of Ukraine [Natsionalnyi atlas Ukrainy] / red. L.H. Rudenko, Kyiv, DNVP “Kartohrafiia”, 435 p.
7. Popova O.M. (2021) «Distribution of *Pisolithus arrhizus* (*Boletales, Basidiomycota*), a rare fungus in Ukraine» [«Poshyrennia v Ukraini riddisnoho vydu *Pisolithus arrhizus* (*Boletales, Basidiomycota*)»], *Ukrainian Botanical Journal*, 78, 2, pp 139–144.
8. Rebriv Y.A. (2014) “Dyeball” [“Pizolitus beskornevoy”], *Krasnaya kniga Rostovskoy oblasti*. Izdanie 2-e. T. 2. *Rasteniya i griby*. Rostov-na-Donu: Minprirody Rostovskoy oblasti, p. 268–273.
9. Akulov O. Yu., Prydiuk M.P. (2007) «The preliminary checklist of boletoid fungi of Ukraine», *Pagine di Micologia*, 27, pp. 117–144.
10. Kuo M. (2006) *Pisolithus tinctorius*. In: Retrieved from the MushroomExpert.Com Available at: http://www.mushroomexpert.com/pisolithus_tinctorius.html (Accessed 20 December 2020).
11. Martin F., Díez J., Dell B., Delaruelle C. (2002) «Phylogeography of the ectomycorrhizal *Pisolithus* species as inferred from nuclear ribosomal DNA ITS sequences», *New Phytologist*, 153, pp 345–357.
12. Vellinga E. C. (2007) «*Pisolithus arrhizus*», *Bay Area Mycological Society*. Available at: <http://bayareamushrooms.org/index.html> (Accessed 20 December 2020).

ЗІЗДИ ТА КОНФЕРЕНЦІЇ



doi 10.18524/2077-1746.2021.2(49).246982

БІОЛОГІЧНА СЕКЦІЯ – «ВАЖЛИВІСТЬ ІДЕЙ Г. А. ГАМОВА ДЛЯ БІОЛОГІЇ 21-ого СТОЛІТТЯ» XXI МІЖНАРОДНОЇ ГАМОВСЬКОЇ КОНФЕРЕНЦІЇ-ШКОЛИ, ЩО ВІДБУВАЛАСЯ У СЕРПНІ 2021 р. В ОДЕСЬКОМУ НАЦІОНАЛЬНОМУ УНІВЕРСИТЕТІ ІМЕНІ І.І. МЕЧНИКОВА

Третій рік поспіль в межах Гамовської конференції працює Біологічна секція: «Важливість ідей Г.А. Гамова для біології 21-ого століття», організація якої викликана великою повагою до особистості вченого Георгія Антоновича Гамова, наукові інтереси якого об'єднали астрофізику, космологію та молекулярну біологію.

Цього року Біологічна секція працювала в режимі on-line 17.08.2021.

Роботу секції розпочали з виступу професора Тобіуса Дельбрюка (Institute of Neuroinformatics – ETH and University of Zurich, Zurich, Switzerland), сина видатного фізика, Нобелівського лауреата Макса Дельбрюка (в певний період товариша Г.А. Гамова). Професор Тобіус Дельбрюк назвав свою доповідь – «Out of this world: Recounting Max's Delbruck memories of George Gamow». Ця доповідь, присвячена феноменальній особистості Г.А. Гамова, придала засіданню біологічної секції емоційну атмосферу наближення до великих ідей, що надали і зараз надають поштовх для розвитку молекулярної біології.

Значну зацікавленість учасників секції викликала доповідь Dr. V.N. Korzun (KWS SAAT SE & Co. KGaA (м. Айнбек, Німеччина) «Applications of genetic and genomic research in cereals», що продемонструвала впровадження в селекційний процес сучасних молекулярно-генетичних технологій. З доповіддю «DNA-protein interactions as a tool of synthetic biology», що присвячена високо технологічним розробкам зі створення біосенсорів науково-виробничою фірмою Exprogen LLC (EXG) (м. Львів, Україна) виступив к.б.н. Ю. Ребець. Наступна пленарна доповідь «Using the G.A. Gamow's ideas for molecular genetic diagnostics of infectious and somatic human diseases at the current stage of medical development» була представлена білоруськими вченими, а саме професор С.А. Костюк розповіла про молекулярно-генетичні дослідження, що виконуються в Білоруській медичній академії післядипломної освіти. Dr. Yu. Monchak з McGill University (м. Монреаль, Канада) також представив доповідь присвячену впровадженню ДНК-технологій в діагностику патології людини – «Targeted therapy, DNA sequence and the race against neoplasia». Ця доповідь викликала жваве обговорення.

Молоді науковці Іщенко О.О., Жарікова Д.О., Роман І.І., Доля Б., Рошка Н.М., Чубик І.Ю., Попович Ю.А., Топораш М.К., Пидюра М.О. – доктори філософії з біології, кандидати наук, аспіранти, що займаються дослідженнями в галузі молекулярної біології представили дев'ять доповідей, що відбивають результати виконаних досліджень у низці провідних університетів нашої країни, а саме у Львівському національному університеті імені І. Франка, у Одеському національному університеті імені І.І. Мечникова, у Чернівецькому національному університеті імені Юрія Федьковича та ДУ «Інститут харчової біотехнології та Геніміки» (м. Київ). Представлені доповіді викликали жвавий інтерес, а формат on-line дозволив об'єднати у роботі секції понад 35 учасників з різних країн – України, Білорусі, Швейцарії, Німеччини, Італії, Канади і Казахстану.

UDC 631.527

Viktor Korzun

KWS SAAT SE & Co. KGaA, Einbeck, Germany

viktor.korzun@kws.com

APPLICATION OF GENETIC AND GENOMIC RESEARCH IN CEREALS

The growing population of the 21st century is placing increasing demands on our food production, this is compounded by pressures from diminishing resources and more variable growing conditions. In Europe farmers and the agricultural industry also have to navigate the clearly defined targets from the EU Green Deal Strategy. In this context, genomics and associated molecular marker technology, and genome editing must play an important role in developing new varieties that are better adapted to address these key challenges.

Great advances have been made in recent years in systems to detect DNA variation and in the technologies used to identify DNA markers linked to useful traits. More recently, single nucleotide polymorphism (SNP) markers have been developed for major cereals and this marker system is predicted to accelerate advances in both marker development and implementation in breeding programs. Identification of markers linked to useful traits has been based on complete linkage maps, genetic mapping or/and on the whole genome wide association studies (GWAS). Use of genomic selection (GS) can greatly speed up the selection process and increase precision. In the presented work, the development of molecular genetic maps, application of molecular markers for characterisation of genetic resources, identification of abiotic and biotic stress tolerance loci in cereal crops and selected applications in breeding are presented and discussed. Further prospects for increasing the efficiency of agriculture are associated with the inclusion of high-throughput techniques and new tools for genome editing in the breeding strategy.

References

1. Gogolev Y. V. OMICs, Epigenetics, and Genome Editing Techniques for Food and Nutritional Security / Y. V. Gogolev, S. Ahmar, B. A. Akpinar... et al. ... V. Korzun // *Plants*. – 2021. – Vol. 10(7). – P. 1423 <https://doi.org/10.3390/plants10071423>
2. Hackauf B. Mapping of genes and QTL rye. *The Rye Genome* / B. Hackauf, T. Rabanus-Wallace, V. Korzun. – *The Rye Genome* / Rabanus-Wallace T., N. Stein (Eds.) // *Compendium of Plant Genomes*. Springer Nature Switzerland AG. – 2021. – P.135-180.
3. Rabanus-Wallace T. M. Chromosome-scale genome assembly provides insights into rye biology, evolution, and agronomic potential / T. M. Rabanus-Wallace ... V. Korzun et al. // *Nature Genet.* – 2021. – Vol. 53. – P. 564–573 <https://doi.org/10.1038/s41588-021-00807-0>
4. Reynolds M. Addressing Research Bottlenecks to Crop Productivity. / M. Reynolds ... V. Korzun et al. // *Trends in Plant Science*. – 2021. – Vol. 26. – P. 607-630. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2021.03.011>
5. Zhao Y. Unlocking big data doubled the accuracy in predicting the grain yield in hybrid wheat / Y. Zhao ... V. Korzun et al. // *Science Advances*. – 2021. – Vol. 7, N. 24. <https://doi.org/10.1126/sciadv.abf9106>

UDC 577.21

Rebets Y., Luzhetskyi A.

Explogen LLC, Lviv, Ukraine, e-mail: info@explogen.com.ua

DNA-PROTEIN INTERACTIONS AS A TOOL OF SYNTHETIC BIOLOGY

The progress in molecular biology, genetics and genomics has led to the clear understanding of basic mechanisms of genetic information realization. With this the biological science is transitioning from the era of analysis to the next step in its development – synthesis. This period is characterized by the utilization of available knowledge in order to build new unnatural biological devices with the predictable and controllable features and behavior.

The screening for new natural products with the certain chemical structure or activity is of a key goal of biology of antibiotics producing Actinobacteria. The currently used methods are mostly based on utilization of analytical instruments. Unfortunately, they do have a serious limitation first of all due to low throughput and poor possibilities for multiplexing. The synthetic biology makes it possible to overcome these limitations by development of compound-specific biological sensors.

Herein, we present the design, construction and tuning of the antibiotic-specific cell-based biosensor for the potent antimycobacterial compound pamamycin. The biosensor is built on the transcription factor PamR2 specifically interacting with the target compound. As a signal output part, the reporter gene and pamamycin-regulated promoter are used. The basic design had a low dynamic range and high noise to signal ration. The deep studies of the PamR2 functionality made it possible to replace the natural parts of the signal output module with the synthetic one, dramatically improving the biosensor performance. Solving the structure of the pamamycin-bound PamR2 allowed us to further improve the biosensor performance by shrinking the ligand-binding pocked and thus decreasing PamR2-pamamycin affinity. This led to the increase in operating range of the biosensor. As a result, the construct with the low signal to noise ratio and broadened range of concentration recognized by the sensor was built. The biosensor was utilized in the screening program to identify new producers of pamamycins.

UDC 577.21

Monczak Yu.

Division of Molecular Genetics McGill University Health Center,
McGill University and University of Montreal, Montreal, Canada

TARGETED THERAPY, DNA SEQUENCE AND THE RACE AGAINST NEOPLASIA

Recent discoveries, molecular characterizations and DNA sequencing of tumor-specific cell markers paved the way for the synthesis of novel therapeutic agents targeting specifically neoplastic cells without damaging normal tissue. The paradigm of targeted therapy in human anti-neoplastic treatment was imatinib [1], which revolutionized the approach to CML therapy, and ushered in the era of molecular medicine.

The cornerstone of targeted therapy is the presence of stable driver biomarkers on tumor cells which bind highly specific therapeutic molecules. Generally, such biomarkers are normal cell proteins whose genes have acquired specific mutations, giving the cells some form of growth advantage. Thus, the choice of specific therapy must now rely on information obtained by DNA sequencing of these genes, giving rise to the concept of “companion diagnostics”. Massive parallel sequencing, more commonly known as “next-generation sequencing” (NGS) enables very precise and sensitive methods for gene mutation analysis, and has now become the gold-standard in molecular diagnostics laboratories. The list of specific genes and their mutations that become targets of novel therapies is rapidly expanding, not only in neoplasia, but also in other areas of medical therapy.

Chronic lymphocytic leukemia (CLL) is the most common human leukemia, accounting for over 40% of all human hematologic neoplasia. A major breakthrough in CLL therapy was the correlation between the mutation status of the variable region of the immunoglobulin heavy-chain gene (*IGHV*), prognosis and therapy (ibrutinib or otherwise) [2]. Molecular diagnosis in this disease expands the notion of “gene mutations causing cancer”, since prognosis in CLL relies on the sequence of *IGHV* without any specific “malignant mutations”. Furthermore, specific “stereotyped subsets”, determined by a unique *IGHV* sequences, provide additional information that can change prognosis [3]. Although the mutation status of *TP53* gene has now also become a major determinant of disease progression [4], *IGHV* sequencing remains the most important prognostic indicator.

References

1. Deininger M. W. N. The tyrosine kinase inhibitor CGP57148B selectively inhibits the growth of BCR-ABL positive cells / M. W. N. Deininger, J. M. Goldman, N. B. Lydon, J. V. Melo // *Blood*. – 1997. – Vol. 90. – P. 3691-3698.
2. Damle R. N. et al. IgV gene mutation status and CD38 expression as novel prognostic indicators in chronic lymphocytic leukemia / R. N. Damle et al. // *Blood*. – 1999. – Vol. 94. – P.1840-1847.
3. Baliakas P. Not all *IGHV*3-21 chronic lymphocytic leukemias are equal: prognostic considerations / P. Baliakas, A. Agathangelidis, A. Hadzidimitriou, L. A. Sutton, E. Minga, A. Tsanousa, et al. // *Blood*. – 2015. – Vol. 125. – P. 856-859.
4. Rossi D. The prognostic value of *TP53* mutations in chronic lymphocytic leukemia is independent of *Del17p13*: Implications for overall survival and chemorefractoriness / D. Rossi, V. Cerri, C. Deambrogi, et al. // *Clin Cancer Res*. – 2009. – Vol. 15. – P. 995-1004.

UDC 577.113.5 + 582.76/.77

Ishchenko O. O., Yurashek A. M., Volkov R. A.

Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University; Chernivtsi, Ukraine

ORGANIZATION OF 5S RIBOSOMAL DNA IN THE GENUS *AESCULUS* (FAMILY SAPINDACEAE)

Molecular markers represent a convenient tool for assessing the genetic variability. Due to occurrence in the genomes of all eukaryotic organisms, evolutionary variable intergenic spacer (IGS) of 5S rDNA has been successfully used for the investigation of the evolution of repeated sequences as well as for molecular phylogeny. However, this genomic region still remains not investigated in many groups of plants, e.g. in the genus *Aesculus* (family Sapindaceae), which includes about 13 species distributed in North America, South Asia and the Mediterranean.

In plants, the 5S rDNA IGS can be used to evaluate relationships between closely related species, populations, and sometimes even between individuals. Accordingly, we cloned and sequenced this region for the *Aesculus octandra*, *Ae. pavia* and *Ae. chinensis* genomes and estimated the genetic distances between these species and other representatives of the family Sapindaceae.

Our data show that the IGS of *Aesculus* species contain sequence motives, which are similar to those ones involved in the 5S rDNA transcription in the species from other families of angiosperms [1]. These motives include putative “TATA”-box, GC and C elements, which are involved in the transcription initiation, as well as an oligo-dT region required for termination.

Besides, the data show that in *Ae. octandra* there is a nucleotide deletion at the 3'-end of IGS that affects the regulatory elements. At the same time, in some clones of *Ae. octandra* there is a sequence duplication in the same position of IGS, which may compensate the deletion.

Between different species of the genus *Aesculus*, the level of IGS similarity ranges from 68.6 to 88.2%. The level of similarity between IGS of genera *Aesculus* and *Acer* ranges from 54.1 to 55.5%.

Hence, polymorphism of the 5S rDNA IGS can be used to study the evolution and taxonomy of the genus *Aesculus*.

References

1. Douet J. Transcription of the 5S rRNA heterochromatic genes is epigenetically controlled in *Arabidopsis thaliana* and *Xenopus laevis* / J. Douet, S. Tourmente // Heredity.– 2007.– Vol. 99.– P. 5–13.

УДК 79.23; 579.22

Роман І. І.¹, Тістечок С. І.¹, Лужецький А. М.², Громико О. М.¹

¹Львівський національний університет ім. І. Франка, Львів, Україна, e-mail: ivan.roman@lnu.edu.ua

²Саарландський університет, Саарбрюккен, Німеччина

ГЕНЕТИЧНА ХАРАКТЕРИСТИКА АНТАРКТИЧНИХ АКТИНОБАКТЕРІЙ

Скринінг нових біоактивних сполук, головно антибіотиків, не втрачає своєї актуальності. Актинобактерії – продуценти майже 80% відомих на сьогодні антибіотиків [1]. Мешканці екстремальних біотопів, таких як Антарктика, можуть бути джерелом нових сполук. Аналіз геномів антарктичних мікроорганізмів може пролити світло на їхній біотехнологічний потенціал як продуцентів біоактивних речовин, в т. ч. нових.

Метою роботи була генетична характеристика актинобактерій ризосфери *Deschampsia antarctica* (о. Галіндез, Морська Антарктика). Аналіз гену 16S рРНК 43 ізолятів дозволив ідентифікувати представників 5 родів: *Streptomyces*, *Micromonospora*, *Kribbella*, *Micrococcus* та *Umezawaea*. Рідкісний рід *Umezawaea* в антарктичних біотопах ізолювано вперше. Детальний аналіз 11 ізолятів цього роду показав, що ізолят Da 62–02 не утворював клади з жодним описаним видом роду *Umezawaea*. Філогенетична віддаль ізоляту Da 62–02 може вказувати на його приналежність до нового виду.

Геном штаму Da 62–02 складає 11 469 175 п.н. із вмістом Г+Ц 70,62%. Анотація геному дозволила ідентифікувати 10140 генів, 61 ген тРНК, 3 гени рРНК, 22 регуляторні гени та 9 генів некодуючих РНК. Також виявлено гени стійкості до важких металів, гени деструкції ароматичних сполук та гени синтезу вітамінів. За допомогою програми antiSMASH v.6.0 виявлено 49 ймовірних кластерів генів біосинтезу вторинних метаболітів. Серед них по 6 кластерів синтезу нерибосомних пептидсинтаз та лантепептидів, 3 кластери полікетидсинтаз I типу, 8 кластерів синтезу терпенів, 2 кластери синтезу екстоїну та по 1 кластеру синтезу індолів, сидерофорів та олігосахаридів. Зокрема, було виявлено сім кластерів з високою гомологією до вже відомих кластерів генів біосинтезу: бафіломіцин В1 (61%), індигоїдин (80%), еритрепептин (75%), ізореніеретен (80%), геосмін (100%), алкілрезорцінол (100%) та макротерміцин (96%).

Отримані результати демонструють хороший потенціал *Umezawaea sp.* Da 62–02 як продуцента біологічно активних сполук. Подальша характеристика і аналіз послідовності чернетки геному цього штаму дадуть змогу відібрати кластери-кандидати для гетерологічної експресії в штаммах-господарях для визначення імовірно нових біологічно активних сполук.

Література

1. Hui M.L. The Extremophilic Actinobacteria: From Microbes to Medicine / M.L. Hui, L. T.H. Tan, V. Letchumanan, C.M. Fang, K.G. Chan, L.H. Lee // Antibiotics. – 2021. – Vol. 10(6). – P. 682–697.

UDC 579.873.1:577.181.4

Dolya B., Ostash B.

Department of Genetics and Biotechnology, Ivan Franko National University of Lviv, Lviv, Ukraine, e-mail: borys.dolya@gmail.com

MUTATION SPECTRA IN *STREPTOMYCES* AS INFERRED FROM GENOMIC ANALYSIS OF NINE *STREPTOMYCES ALBUS* J1074 STRAINS

The genus *Streptomyces* unites Gram-positive bacteria known for their complex differentiation cycle, extensive secondary metabolism, and large linear genomes with high GC content. The latter is a defining trait of the entire class *Actinobacteria*, which *Streptomyces* belong to. There is lively – and unresolved – debate on the origins and consequences of the GC composition in actinobacteria, and in bacteria in general [1, 2]. A better understanding of this issue should improve our knowledge of genome evolution in bacteria and will have a number of biotechnological ramifications. The current intensive investigations and development of genomic sequence databases has put us into position where various conjectures about GC content in streptomycetes can be systematically addressed through analysis of sequencing data gathered within and across species. We used *Streptomyces albus* J1074 as an experimental model to reveal genome-wide spectrum of mutation, which appears to be biased towards elevated GC content. The genomic GC content in streptomycetes varies from 75% to 66.5%, with median value being 72%. The GC content of secondary metabolic genes of *S. coelicolor* is less variable than that of primary metabolic genes, indicative of different selection pressure on these gene groups. Along with selective constraints, the peculiarities of *Streptomyces* DNA mismatch repair might contribute to the skewed GC content of their genomes.

References

1. Aslam S. Aerobic prokaryotes do not have higher GC contents than anaerobic prokaryotes, but obligate aerobic prokaryotes have / S. Aslam, X. Lan, B. Zhang, Z. Chen, L. Wang, D. Niu // BMC Evol Biol. – 2019. – Vol. 19. – P. 35. <https://doi.org/10.1186/s12862-019-1365-8>
2. Hershberg R. Evidence that mutation is universally biased towards AT in bacteria / R. Hershberg, D. Petrov // PLoS Genet. – 2010. – 6: e1001115. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1001115>

UDC575.113; 577.216

Pydiura N.¹, Breviario D.², Blume Ya.¹

¹Institute of Food Biotechnology and Genomics, National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine

²Istituto di Biologia e Biotechnologia Agraria IBBA-CNR, Milan, Italy

UTILISATION OF GENOME EDITING METHODS IN DIAGNOSTICS AND GENETIC ENGINEERING, A REVIEW

Recently we have studied the structural organisation of the flax tubulin, actin and cellulose synthase families of paralogous genes and their interactions during the deposition of the cellulose fibres. To further investigate the role of particular isotypes and the possibilities of the genome editing for the flax cellulose quality and quantity we have assessed a number of the novel genome editing methods. We have pointed out 1) the expression activation / repression of the genes of certain isotypes, 2) the sequence of the C-terminal tail, which is responsible for the protein-protein interactions and 3) post-translational modifications, as the three sensitive components of the cellulose synthesis.

Firstly, we suggest that the multiplex ability of a CRISPR-Cas9 system to edit highly homologous target sequences makes it possible to overcome the challenges of target identification in families of paralogous genes with high sequence homology and different or overlapping functions of each isotype, usual for the plant genomes polyploidy. Through the Cas9 system abilities of simultaneous targeted mutagenesis, synergistic or tuneable transcription activation / repression, simultaneous activation / repression of multiple genes it makes possible the modification of either all the paralogous genes at a time or a certain isotype. Deactivated Cas9 (dCas9) can be fused either to a transcriptional activator such as VP64 for overexpression or a transcriptional repressor such as SRDX for downregulation.

Another class of challenges are the regulation of the expression of different isotypes by non-coding RNAs originating from introns and the need to target tissue specific promoters as the expression of certain isotypes is tissue specific. We suggest Cas13 – an entirely new Class 2 effector, that acts exclusively on single-stranded RNA and opens a tremendous variety of application in the different fields of regulation of gene expression, RNA knockout, RNA binding and visualization, and RNA base editing and modification. Cas13 is also effective on non-coding RNAs, the ones from the introns, and it also can knock down tissue specific promoters.

Finally, the post-translational modifications, off-target effects, the presence of a protospacer adjacent motif (PAM) can be addressed with the selection of a more convenient genome-editing strategy. CRISPR-Cas systems that rely on synthetic single-guide RNAs (sgRNAs) are generally preferred. Cas12 is a useful alternative to Cas9, based on the recognition of a different PAM motif and the generation of staggered double-strand breaks and may provide a better experimental strategy.

The effectivity of the genetic modifications optionally can be validated by a number of CRISPR-based genetic diagnostic methods. These methods, are based on the Cas9, dCas9, Cas12a and Cas13 are highly accurate.

УДК 577.212.3 + 595.799

Рошка Н. М., Волков Р. А.Чернівецький національний університет ім. Юрія Федьковича, Чернівці,
Україна, n.roshka@chnu.edu.ua, r.volkov@chnu.edu.ua**СТРУКТУРНА ОРГАНІЗАЦІЯ ТА ПОЛІМОРФІЗМ
МІЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА 5S ДНК КАРПАТСЬКОЇ
БДЖОЛИ**

Природний ареал медоносної бджоли (*Apis mellifera* L.) охоплює Європу, Західну Азію та Африку. Пристосування до локальних умов існування призвели до формування чисельних підвидів та екотипів медоносної бджоли, на основі яких були створені породи та селекційні раси, які використовуються в різних країнах світу. Неконтрольована інтродукція порід медоносної бджоли, які належать до різних підвидів *A. mellifera*, на нові, не характерні для них території є причиною їх гібридизації із місцевими породами/расами, що в свою чергу спричиняє втрату цих аборигенних форм. Тому актуальним є питання збереження генофонду аборигенних форм *A. mellifera*, зокрема тих підвидів, які мешкають на території західної України. З'ясування походження та філогенії місцевих порід медоносної бджоли, їх приналежності до певних підвидів вимагає застосування сучасних молекулярно-генетичних методів. Зокрема, в якості маркерів можуть бути використані ділянки геному, які кодують 5S рРНК (5S рДНК), а саме – міжгенний спейсер (МГС), що входить до її складу.

Матеріалом для дослідження були робочі бджоли двох селекційних рас Карпатської породи, Рахівська та Говерла. Повторювану ділянку 5S рДНК було ампліфіковано за допомогою ПЛР. Надалі ПЛР-продукти клонували у плазмідний вектор, після чого сиквенували. Аналіз отриманих послідовностей показав, що всі досліджувані клони містять МГС, які з обох боків фланковані фрагментами кодувальної ділянки включно з використаними для ПЛР праймерами. Для порівняльного аналізу також використовувались ділянки 5S рДНК, знайдені в базі даних Genbank.

Встановлено, що в геномі *A. m. carnica* присутні щонайменше два класи 5S рДНК, кожен з яких містить декілька структурних варіантів. Геноми двох досліджених рас Карпатської породи та наявний у Genbank зразок *A. m. carnica* відрізняються за наборами таких варіантів, тоді як повторювані ділянки 5S рДНК *A. cerana* є ідентичними в межах геному. Отримані результати свідчать про високий внутрішньо- та міжгеномний поліморфізм 5S рДНК у *A. m. carnica*.

UDC 577.21

Chubyk I. Yu.¹, Stadnichenko S. V.², Chebotar S. V.¹

¹Odesa I. I. Mechnikov National University, Odesa, Ukraine,
e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

²Institute of Marine Biology NAS of Ukraine, Odesa, Ukraine,
e-mail: svestad63@gmail.com

**POLYMORPHISM ANALYZED BY ME15 / ME16 AND
MICROSATELLITE MARKERS IN POPULATION OF MYTILUS
GALLOPROVINCIALIS FROM THE NORTH-WESTERN
REGION OF THE BLACK SEA**

An important role in the ecology of the Black Sea is played by filter clams – mussels. Mussels are now a relevant object of fishing and aquaculture. The Black Sea mussels has been classified as *Mytilus galloprovincialis* (Lamarck, 1819) only for morphological features, including using multidimensional morphometry. In investigation of the Black Sea mussel population, it is very important to establish the genetic identity of the species and study the genetic structure of individual groups and populations, and especially their parameters such as the level of heterozygosity and polymorphism. Recently, molecular markers have been used to address controversial issues of taxonomy and to establish the genetic structure of populations.

Our aim was to analyze the genetic polymorphism of the studied groups of mussels of the North-Western region of the Black Sea using microsatellite markers and the molecular marker *Me 15–16* specific for the unique region of the mussel adhesive protein gene.

Samples of mussels were collected from six locations in the North-Western region of the Black Sea: in the Gulf of Odesa (location A coordinates – N: 46°26'28" / E: 30°46'20"; location E – N: 46°22'35" / E: 30°45'7"), in the area of 411 battery (location B – N: 46°22'2" / E: 30°43'45"), near Snake Island (location C – N: 45°15'18" / E: 30°12'15"), in the Sukhyi estuary (location D – N: 46°20'22" / E: 30°39'38") and the Tiligul estuary (location F – N: 46°40'46" / E: 30°9'26").

In our work 171 mussels from A (n=37), B (n=25), C (n=26), D (n=24), E (n=29), F (n=30) locations were analyzed by using *Me 15–16* and only the 126 bp allele was detected, therefore we revealed exclusively individuals of *M. galloprovincialis*.

Homozygous genotypes of mussels are found with high frequency in the locations (A, B, C) according to microsatellite analysis and are characterized by alleles of 234 bp, 238 bp, 242 bp at locus *Mch 5*; 202 bp, 210 bp, 214 bp, 216 bp – locus *Mch 8*; 179 bp, 185 bp – locus *MT 203*; 336 bp, 350 bp – locus *MT 282*.

The highest level of observed heterozygosity was determined by the MS locus *MT 282* (55%) in location C, where 7 alleles were detected (PIC=0.76); the lowest – at the MS locus *Mch 5* (7%) in location B, in which 5 alleles were detected (PIC=0.70); absence – at the MS locus *Mch 8* in location C, in which 5 alleles were detected (PIC=0.59).

We do not observe significant differences according to preliminary data of microsatellite analysis and molecular marker *Me 15–16* between mussels caught in different locations.

UDC 575.17:575.113.2:633.34

Popovych Yu. A.¹, Blagodarova O. M.², Chebotar S. V.^{1,2}¹Odesa I. I. Mechnikov National University, Odesa, Ukraine,
e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua²Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar
Investigations, Odesa, Ukraine**ASSOCIATION BETWEEN ALLELIC VARIANTS OF *GLI-B1*
LOCUS AND POLYMORPHISM OF MICROSATELLITE
LOCUS *TAGLGAP* IN BREAD WHEAT VARIETIES**

Gliadins are one of two main wheat storage proteins that form gluten complex and thus determine flour breadmaking properties. Therefore, gliadin genes are an important trait/marker for breeding. Gliadin genes are localized at six main loci on the 1-st and 6-th chromosomes of each subgenome and eight minor. Two classifications of gliadins are developed on the basis of acid PAGE method: by Sozinov and Popelya [1996] (often used in Ukraine) and by Metakovsky et al. [1995] (international). Every allelic variant in this case is a complex of linked polypeptide genes inherited as one simple Mendelian trait. Due to the complexity of APAGE method, it is possible to detect some allelic variants by PCR method during selection and breeding process. The aim of the study was to explore the polymorphism of microsatellite locus *Taglgap* and to analyze its association with polymorphism of allelic variants of gliadins.

A set of 71 modern Ukrainian bread wheat cultivars and 43 worldwide varieties were analyzed by acid PAGE method according to Popelya [1989]. A total of 19 allelic variants were detected in worldwide collection and nine in modern Ukrainian collection. The most common for Ukraine were Gli-B1b ($p=0,52$) and Gli-B1l ($p=0,31$).

Ten alleles of microsatellite locus *Taglgap* were found using PCR with primers developed by Devos et al. [1995]. Seven alleles – 213 bp, 237 bp, 246 bp, 250 bp, 265 bp, 270 and null were detected for Ukrainian cultivars, and nine alleles were found for worldwide collection – 210 bp, 213 bp, 237 bp, 246 bp, 248 bp, 250 bp, 270 bp, 285 bp and null. 265 bp allele of *Taglgap* locus was unique for Ukrainian wheat collection, and three alleles – 210 bp, 248 bp and 285 bp occurred only in worldwide collection.

We revealed an association between allelic variants of gliadins and alleles of *Taglgap* locus: Gli-B1a allelic variant corresponds to 285 bp allele of *Taglgap* locus; Gli-B1b (Ukrainian and Russian cultivars) and Gli-B1n, Gli-B1q, Gli-B1s – 213 bp; Gli-B1b (Canada, Australia) – 210 bp; Gli-B1c, Gli-B1e, Gli-B1g, Gli-B1f – 237 bp; Gli-B1i, Gli-B1j, Gli-B1k, Gli-B1m, Gli-B1p, Gli-B1o, Gli-B1r – 246 bp; Gli-B1h – 248 bp, 250 bp; Gli-B1d – 265 bp, 270 bp; Gli-B1l – null allele.

Therefore, microsatellite locus *Taglgap* is highly polymorphic and allows distinguishing Gli-B1a, Gli-B1d, Gli-B1h, Gli-B1l allelic variants of gliadins.

Nonetheless, for a number of allelic variants we should analyze polymorphism of more loci and more molecular markers to detect them by PCR.

References

1. Devos K. M. Application of two microsatellite sequences in wheat storage proteins as molecular markers / K. M. Devos, G. J. Bryan, A. J. Collins, P. Stephenson, M. D. Gale // *Theor. Appl. Genet.* – 1995. – V. 90. – P. 247–252. <https://doi.org/10.1007/BF00222209>
2. Metakovsky E. A catalog of gliadin alleles: Polymorphism of 20th-century common wheat germplasm / E. Metakovsky, V. Melnik, M. Rodriguez-Quijano, V. Upelniek, M. Carrillo // *The Crop Journal*, 2018 – V. 6. – P. 628–641. <https://doi.org/10.1016/j.cj.2018.02.003>
3. Metakovsky E. V. Gliadin allele identification in common wheat. II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat / E. V. Metakovsky // *Genet. Breed.* – 1991. – V. 45. – P. 325–344.
4. Sozinov A. A. Genetic classification of prolamins and its use for plant breeding / A. A. Sozinov, F. A. Popereya // *Ann. Technol. Agric.*, 1980. – V. 29. – P. 229–245.

УДК 577.21:575.22:632.4:581.2

Топораш М. К.¹, Моцний І. І.², Сурділ ь П.³, Чеботар С. В.^{1,2}

¹Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, Одеса, Україна
e-mail: toporash93@gmail.com

²Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення, Одеса, Україна

³Національний інститут агрономічних досліджень, Клермон-Ферран, Франція

КАСП-АНАЛІЗ ІНТРОГРЕСИВНИХ ЛІНІЙ М'ЯКОЇ ПШЕНИЦІ ЗА ДОПОМОГОЮ МАРКЕРІВ СПЕЦИФІЧНИХ ДО 1R ХРОМОСОМИ ЖИТА

1RS хромосома жита (*Secale cereale* L.) широко застосовується при інтрогресивній гібридизації з м'якою пшеницею (*Triticum aestivum* L.) для перенесення генів стійкості до борошнистої роси (*Pm8*), стеблової (*St31*), листової (*Lr26*) та смугастої (*Yr9*) іржі (Singh et al., 2015), а також для підвищення врожайності та толерантності пшениці до несприятливих кліматичних умов (Howell et al., 2014). Наявність в 1RS хромосомі *Sec-1* локусу, що кодує запасні білки жита секаліни та втрата гліадинових і глютенінових локусів з заміщених 1AS або 1BS хромосом пшениці негативно впливає на хлібопекарські характеристики борошна (Dhaliwal, MacRitchie, 1990).

Джерелом 1RS хромосоми для більшості сортів та ліній м'якої пшениці, що має 1RS.1BL транслокацію є сорт жита Petkus (2x) (Rabinovich, 1998). Іншим шляхом створення 1RS.1BL транслокації є гібридизація з використанням тритикале (8x) (Tsunewaki, 1964). Аргентинський сорт жита Insave F.A. та по-

хідний від нього сорт пшениці Amigo отриманий в 1976 році став основним донором транслокації 1RS.1AL (Sebesta et al., 1978).

Метою нашого дослідження є ідентифікація молекулярно-генетичного поліморфізму 1RS хромосоми з різних джерел за допомогою молекулярних SNP маркерів в спеціально створених інтрогресивних лініях і сортах пшениці.

Після молекулярного-генетичного аналізу з залученням 8 маркерів специфічних до 1RS і 15 маркерів специфічних до 1BS та електрофорезу запасних білків м'якої пшениці (гліадинів та глютенінів) з 63 оригінальних пшеничних ліній BC₁F₈, що були отримані I.I. Моцним від схрещування та беккросування інтрогресивної лінії Erythrospermum 125/03 (E125/03) та мутанта Chinese Spring *ph1b* (*CSph1b*) було відібрано 11 інтрогресивних ліній, що потенційно мають цікаві хромосомні перебудови.

Для ідентифікації молекулярно-генетичного поліморфізму 1RS хромосоми використовували KASP-аналіз із залученням 15 специфічних SNP праймерів розроблених KWS (Німеччина). Метод генотипування KASP заснований на конкурентній алель-специфічній ПЛР і дозволяє визначити одонуклеотидний поліморфізм в обох алелях, а також інсерцію або делецію певної області.

Результати KASP-аналізу підтверджують наявність/відсутність 1RS.1BL транслокацій та рекомбінацій між 1RS і 1BS у досліджених лініях. За допомогою KASP-аналізу було виявлено поліморфізм у досліджених сортах і лініях. Виявлено 3 групи ліній, що розрізнялися за типам короткого плеча 1RS хромосоми. Також, детектували гетерогенність у деяких зразків інтрогресивних ліній.

Висловлюємо подяку В. М. Корзуну з KWS Group (м. Айнбек, Німеччина) за сприяння у наших дослідженнях.

Список літератури

1. Singh R.P. Emergence and spread of new races of wheat stem rust fungus: Continued threat to food security and prospects of genetic control / R.P. Singh, D.P. Hodson, Y. Jin // *Phytopathology*. – 2015. – Vol. 105, N. 7 – P. 872–884.
2. Howell T. Mapping a region within the 1RS.1BL translocation in common wheat a water status / T. Howell, I. Hale, L. Jankuloski, M. Bonafede, M. Gilbert, J. Dubcovsky // *Theor Appl Genet* – 2014. – Vol. 127. – P. 2695–2709.
3. Dhaliwal A. S. Contributions of protein fractions to dough handling properties of wheat-rye translocation cultivars / A. S. Dhaliwal, F. MacRitchie // *J. Cereal Sci.* – 1990. – Vol. 12, No 7 – P. 113–122.
4. Rabinovich S. V. Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivar of *Triticum aestivum* L. / S. V. Rabinovich // *Euphytica* – 1998. – Vol. 100, No 1 – P. 323–340.
5. Tsunewaki K. Genetic studies of a 6x-derivative from an 8x Triticale / Tsunewaki K. // *Can J Genet Cytol.* – 1964 – No. 6 – P. 1–11.
6. Sebesta E. E. Transfer of greenbug resistance from rye to wheat with X-rays / E. E. Sebesta, E. A. Jr. Wood // *Agron. Abstr.* – 1978. – No. 70 – P. 61–62.

UDC 577.2: 633.34

Zharikova D. O.¹, Chebotar G. O.¹, Temchenko I. V.², Chebotar S. V.¹

¹Odesa I. I. Mechnikov National University, Odesa, Ukraine; e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

²Institute of Feeds and Agriculture of Podillia of NAAS, Vinnytsia, Ukraine

PCR-DIAGNOSTICS OF THE PHOTOPERIOD SENSITIVE *E* GENES IN UKRAINIAN SOYBEAN VARIETIES AND PERSPECTIVE LINES

Short-day plant soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) required absence or low sensitivity to photoperiod for adaptation to high latitudes. There are multiple loci known as *E* series or eleven major genes *E1* – *E11* and *J* gene, which generally controlled time to flowering and maturity, two traits that are highly influenced by photoperiod [1, 2]. Among these loci dysfunctional alleles of maturity genes *E3* and *E4*, which are phytochrome A genes, are involved in soybean photoperiodic insensitivity. For most genotypes of soybean varieties and lines created in different breeding centers of Ukraine, identification of alleles by allele-specific markers for loci *E3*, *E4* was not performed. Due to the contradictions and ambiguity of the results of our previous analysis with microsatellite markers associated with loci *E3*, *E4* [3], we decided to focus on the analysis of alleles of these genes, using allele-specific markers.

As material were used: cultivars Kobza, Mavka, Geba, Poltava, Romashka, Halyna, Zolotysta, Krynysia, Femida, Podilska 416, Podiaka, Oksana; control varieties – isoline Harosoy OT 89-5, Vilana, Maple Arrow, Cormoran AC and Ros; 19 lines (F₈₋₁₀) derivatives from crossing: Oksana x Labrador (5 lines), Mapple Belle x Sreska72 (7 lines), Linia103 x Korada (7 lines); 10 lines obtained by chemical mutagenesis: Oksana M2, Oksana M12, Oksana M13, Zolotysta M16, Zolotysta M20, Femida M29, Femida M32, Podilska 416 M33, Podilska 416 M38, Podilska 416 M40.

Genotyping was performed by using allele-specific DNA markers for *E3* gene: *E3-Mi*/*E3-Ha*/*e3-tr* alleles and *E4* gene: *E4/e4-SORE-1* alleles, as recommended by Xu et al. [4] and Kurasch et al. [5]. Field experiments were conducted for 3 years on the territory of Vinnitsia region of the Right Bank Forest-Steppe under field conditions of IFAP, 49°13' N (Vinnitsia, Ukraine).

Most varieties were carriers of the dominant alleles *E3* and *E4*. Recessive alleles of *e3-tr* were found only in varieties Zolotysta and Mavka. It should be noted that for variety Heba amplification fragments with primers to *E4* gene or *e4-SORE-1* allele were not detected. Therefore, it seems that this variety is a carrier of other recessive alleles at the *E4* gene.

We found that chemical mutagenesis induced variability in certain loci of the genome. These changes more affected *E3* locus. The dominant allele *E3-Ha* in the original variety Oksana was changed in the mutant lines (Oksana M12, Oksana M13) to recessive *e3-tr* and the similar situation was observed for Podilska 416 variety and

mutant line Podilska 416 M33. We observed restoration of the recessive allele *e3-tr* to the allele of dominant type *E3-Ha* for variety Zolotysta and its derivative lines Zolotysta M16 and Zolotysta M20. We did not observe any changes in the mutant lines at *E4* locus.

Derivatives of Oksana variety had a shortened stage of maturation, and derivatives of Femida variety matured later than the original variety. The derivative forms of the Oksana variety (lines M2, M12, M13) had significantly higher yields, but no significant difference was observed in the derived lines from variety Femida.

References

1. Watanabe S. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean / S. Watanabe, K. Harada, J. Abe // *Breed Sci* – 2012. – Vol. 61. – P. 531–543. doi: 10.1270/jsbbs.61.531
2. Xia Z. Positional cloning and characterization reveal the molecular basis for soybean maturity locus *E1* that regulates photoperiodic flowering / Z. Xia, S. Watanabe, T. Yamada, Y. Tsubokura, H. Nakashima, H. Zhai, T. Anai, S. Sato, T. Yamazaki, S. Lü, H. Wu, S. Tabata, K. Harada // *Proc Natl Acad Sci USA*. – 2012. – Vol. 109. P. E2155–2164. doi: 10.1073/pnas.1117982109
3. Zharikova D.O. Alleles of *E3* and *E4* genes in modern Ukrainian soybean varieties / D.O. Zharikova, G.O. Chebotar, S.V. Chebotar // PBGI–NCSCI International Scientific Conference. Breeding of cereals and legumes in the context of climate change: directions and priorities. – 2021. – P. 134–135.
4. Xu M. Genetic variation in four maturity genes affects photoperiod insensitivity and PHYA-regulated post-flowering responses of soybean. / M. Xu, Z. Xu, B. Liu, F. Kong, Y. Tsubokura, S. Watanabe, Z. Xia, K. Harada, A. Kanazawa, T. Yamada, J. Abe // *BMC Plant Biol.* – 2013. – Vol. 13. – P. 91–102. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-13-91>
5. Kurasch A. K. Identification of mega-environments in Europe and effect of allelic variation at maturity *E* loci on adaptation of European soybean / A. K. Kurasch, V. Hahn, W. L. Leiser, J. Vollmann, A. Schori, C.-A. Bétrix et al. // *Plant, Cell & Environment*. – 2017. – Vol. 40. P. 765–778. doi: 10.1111/pce.12896. **UD**

UDC 616.34–007.64–02–092

Kastsyuk S. A., Poluyan O. S., Zhauniaronak I. V., Kazyrevich M. A.

State Educational Establishment «Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education», Minsk, The Republic of Belarus, s.kostiuk@mail.ru

FEATURES OF MICROFLORA OF THE MAIN BIOTOPES IN VERY LOW BIRTH WEIGHT PREMATURE INFANTS AT INTRAUTERINE INFECTION

The high infection rate of the adult population with viruses and bacteria determines the significant prevalence of intrauterine infections. Intrauterine infection is more likely to cause premature birth, leading to infant death.

The aim of the work is to study the nature of microbiocenoses of the main biotopes in premature infants at intrauterine infection.

38 premature infants (up to 1500 g at birth) hospitalized at the neonatal intensive care unit were enrolled in this study. Microbiological examination using PCR method was carried out. As a material blood, scrapings from oropharynx and nasopharynx were taken for DNA detection of *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis*, *Ureaplasma urealyticum*, *Herpes simplex virus* type I, type II, *Cytomegalovirus*,

Epstein-Barr virus. Detection of microbial DNA was carried out by Real-Time PCR using test systems manufactured by NPF “DNA-Technology”.

Intrauterine infection of the oropharynx and nasopharynx was detected in 32 examined samples ($84.21 \pm 7.57\%$), while in 29 ($90.63 \pm 8.02\%$) the identified pathogens were present in the mixed infection: DNA of *Ureaplasma urealyticum* + *Herpes simplex virus* was detected in 12 samples ($37.50 \pm 5.74\%$), *Ureaplasma urealyticum* + *Cytomegalovirus* – in 9 samples ($28.12 \pm 5.06\%$), *Ureaplasma urealyticum* + *Mycoplasma hominis*, as well as *Herpes simplex virus* + *Cytomegalovirus* – in 8 samples ($28.12 \pm 5.06\%$, respectively). In the blood, the investigated pathogens were detected in 9 patients ($23.68 \pm 4.64\%$): DNA of *Cytomegalovirus* – in 2 ($22.22 \pm 4.67\%$), *Herpes simplex virus* + *Cytomegalovirus* – in 4 ($44.44 \pm 6.53\%$), *Ureaplasma urealyticum* + *Cytomegalovirus* – in 1 ($11.11 \pm 3.31\%$), *Ureaplasma urealyticum* + *Herpes simplex virus* – in 2 children ($22.22 \pm 4.67\%$).

The main microbiological factors of intrauterine infection in very low birth weight premature infants and in extremely low birth weight premature infants are *Ureaplasma urealyticum*, *Herpes simplex virus* types I, II, *Cytomegalovirus* and *Mycoplasma hominis*, at which pathological formation of microflora of the main biotopes occurs, the molecular genetic study of which is necessary for further correction of the formation of the normal flora of the main biotopes of the child's organism.

UDC 616.34–007.64–02–092

Kastiuk S.A., Poluyan O.S., Zhauniaronak I.V., Kazyrevich M.A.
State Educational Establishment «Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education», Minsk, The Republic of Belarus, s.kostiuk@mail.ru

RESULTS OF BREAST MILK TESTING FOR HERPESVIRAL INFECTIONS BY PCR

Early diagnosis of perinatal infections is one of the problems of Obstetrics and Neonatology. A standard examination of pregnant women is carried out at antenatal clinic and involves antibody detection to *Cytomegalovirus* (CMV), *Herpes simplex virus types* I, II (HSV) in the blood by enzyme immunoassay. The incidence of congenital herpes and cytomegalovirus infections among newborns registered in the neonatal department is 0.6% per year. In retrospective analysis, the incidence rises to 7.4% per year. Registration of these infections most often occurs in the department of children's infectious diseases.

The aim of the work is to study the possibility of using the PCR for examining the breast milk when making the diagnosis “congenital herpes and cytomegalovirus infection” in infants.

We examined 21 infants (first year of a baby's life) at the age of 1–4 months receiving life-saving therapies, as well as their mothers ($n = 21$). As a material, breast milk was taken from the mothers, venous blood was taken from infants, scraping of

epithelial cells from the oral cavity was taken from infants. In the studied biological material, DNA detection of *HSV*, *CMV* and *Epstein-Barr virus (EBV)* was carried out by Real-Time PCR.

Breast milk infection was detected in 19 mothers ($90.48 \pm 8.56\%$): mono-CMV infection was detected in 6 ($31.57 \pm 5.45\%$), *HSV* – in 2 samples ($10.53 \pm 3.21\%$); mixed infection *CMV* + *HSV* – in 9 ($47.37 \pm 6.56\%$), *CMV* + *EBV* – in 2 samples ($10.53 \pm 3.21\%$). In oropharyngeal scrapings, infection was detected in 17 infants ($80.95 \pm 8.20\%$): *CMV* DNA was detected in 5 ($29.41 \pm 5.28\%$), *HSV* – in 2 samples ($11.76 \pm 3.39\%$); *CMV* + *HSV* – in 9 ($52.95 \pm 6.94\%$), *CMV* + *EBV* – in 1 ($5.88 \pm 2.41\%$) sample. In the study of blood, infection was confirmed for 14 samples ($66.67 \pm 7.57\%$): *CMV* DNA was detected in 4 ($28.57 \pm 5.24\%$), *HSV* – in 2 samples ($14.29 \pm 3.74\%$), *CMV* + *HSV* – in 7 ($50.00 \pm 6.82\%$), *CMV* + *EBV* – in 1 sample ($7.14 \pm 2.66\%$).

The high degree of infection of infants in the 1st year of life, as well as their mothers, with the *CMV* virus makes it possible to consider this pathogen as the main cause of intrauterine infection. The studies prove the need for a parallel examination of infants in the 1st year of life and their mothers to establish the source of infection.

UDC 616.72–008.8–078.088.7:[579.882.11:579.887.111:57.022]-03

Poluyan O.S.¹, Kastsyuk S.A.¹, Benko A. V., Simirski M.²

¹State Educational Establishment «Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education», Minsk, The Republic of Belarus, e-mail: olga.poluyan@mail.ru

²Educational Institution “Belarusian State Medical University, Minsk, The Republic of Belarus, e-mail: simirski@mail.ru

CLINICAL IN-HOUSE TEST SYSTEM FOR DETECTING VIABLE FORMS OF *CHLAMYDIA TRACHOMATIS*, *CHLAMYDIA PNEUMONIAE* AND *MYCOPLASMA PNEUMONIAE* IN SYNOVIAL FLUID

Etiological diagnosis of joint diseases is based on the use of PCR to detect the DNA of arthritogenic pathogens. In this case, the test of cure is carried out 30–45 days after the last day of taking antibacterial drugs, which is very critical and unacceptable in present-day Orthopedics.

The aim of the work is to assess elimination efficiency of *Chlamydia trachomatis* (*C.tr.*), *Chlamydia pneumoniae* (*C.pn.*), *Mycoplasma pneumoniae* (*M.pn.*) using an in-house method for detecting RNA pathogens in the synovial fluid of patients with gonarthrosis.

68 patients with knee arthropathy of inflammatory etiology were examined: group 1 (n = 19) – patients who previously had *C.tr* DNA; group 2 (n = 17) – patients with *C.pn* DNA; group 3 (n = 15) – patients with *M.pn* DNA detected; group 4 (n = 17) – patients, for which the DNA of these pathogens was not detected.

At the first stage, we selected specific pairs of primers and probes, optimized the composition of the amplification mixture and the temperature profiles of the reaction. For groups 1–3, a 100% coincidence was found between the results of the presence of DNA and RNA pathogens; in group 4, *C.tr*:RNA. (n = 2), *C.pn*. (n = 1) and *M.pn*. (n = 1) was detected. 10 days after the end of antibiotic therapy RNA *C.tr*, *C.pn*, *M.pn* was not detected in any of the samples, while DNA continued to be detected in 41 samples, after 1 month – in 18 samples. At the same time, the results for the detection of RNA and DNA were completely identical only 3 months after the end of antibiotic therapy.

The developed NASBA-PCR method for the detection of viable forms *C.tr*, *C.pn*, *M.pn* can be used both in the complex diagnosis of inflammatory gonarthrosis of unspecified etiology, and for monitoring the effectiveness of antibacterial pharmacotherapy 10 days after the last day of drug intake.

UDC 616.728.3–007.248–035–08:615.382:615.032.758

Poluyan O. S.¹, Kastsyuk S. A.¹, Benko A. V.¹, Gerasimenko M. O.²

¹State Educational Establishment «Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education», Minsk, The Republic of Belarus, e-mail: olga.poluyan@mail.ru

²Educational Institution “Belarusian State Medical University, Minsk, The Republic of Belarus

TECHNOLOGY OF OBTAINING PLATELET-RICH AUTOPLASMA FOR INTRA-ARTICULAR ADMINISTRATION

The production and clinical use of autoplasm enriched with platelet growth factors is a promising area of present-day Traumatology using cellular technologies, the use of which will allow for pathogenetically based therapy aimed at stimulating regenerative and reparative processes in the joint cavity.

The aim of the work is to optimize the technique for obtaining platelet-rich autoplasm for intra-articular use in patients with knee arthropathies.

The blood serum of 15 patients with gonarthrosis was used as a biological material. The control group consisted of 15 apparently healthy individuals matched by sex and age, at the same time, the platelet count in the study groups did not differ statistically.

12 different modes of centrifugation of peripheral blood samples were tested: the number of revolutions (g) and time (min). For the first centrifugation, the 400 and 500 g modes were tested for 2–5 minutes, for the second – 1500, 2000 and 2500 g for 2–5 minutes. The upper layer of plasma was removed, and the lower layer was used to assess the number of platelets. It was found that there were no statistically significant ($p > 0.05$) differences in the content of the number of platelets when used in primary centrifugation at 400 g and 500 g and a time of 2–5 minutes. Centrifugation at 2500 g, regardless of the exposure time, also did not have a significant ($p > 0.05$) effect on the platelet count. Centrifugation at 1500 g produces autoplasm with a higher platelet count compared to centrifugation at 2000 g.

The optimal mode of obtaining platelet-rich autoplasm has been established; centrifugation 500 g 4 min + 1500 g 3 min, the final platelet count is 1859 (1647/2038) x 10⁹/L. The use of a drug with a platelet content of more than 2000 x 10⁹/L is not recommended for use due to the possibility of causing an inhibitory effect on the process of tissue regeneration or cell proliferation.

UDC 616.34–007.64–02–092

Poluyan O. S., Kastsyuk S. A., Varabei A. V., Hadji Ismail

State Educational Establishment «Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education», Minsk, The Republic of Belarus, e-mail: olga.poluyan@mail.ru

MICROBIAL INFECTION OF THE COLON AS A FACTOR IN THE DEVELOPMENT OF DIVERTICULAR DISEASE, ITS COMPLICATIONS AND RELAPSES

The most common cause of the formation of diverticular disease (DB) is a microbial factor; at the same time, in 7–42% of patients there is a recurrent nature of the course of the disease, the risk of relapse is 3–4% during the first year and increases to 90% in the first 5 years from the moment of the primary episode.

The aim of the work is to identify microbiological risk factors for the development of DB, its complications and relapses on the basis of an assessment of the translocation of the colon microflora into the mucous membrane and lymph nodes of the mesocolon.

99 patients with DB of the colon were examined: group 1 (n = 33) – patients with uncomplicated DB; group 2 (n = 35) – patients with complicated DB; group 3 (n = 31) – patients with recurrent DB.

Biopsy specimens of the diverticula and lymph nodes of the mesocolon were used as biological material. PCR method was used to identify the DNA of *Enterobacteriaceae* (*Ent.*), *Staphylococcus species* (*St.spp.*), *Streptococcus species* (*Str.spp.*); *Staphylococcus aureus* (*St.aur.*), *Herpes simplex virus types I, II* (*HSV*), *Cytomegalovirus* (*CMV*), *Epstein-Barr virus* (*EBV*).

Bacterial lesions of the colon were found in 93.94 ± 8.05% (n = 31) cases of patients in group 1, 96.77 ± 8.23% (n = 30) of cases in patients in group 3 and 100% of cases in patients in group 2; as well as viral infection of both the tissues of the colon (in 45.71 ± 6.20% (n = 16) cases of patients in group 2) and lymph nodes of the mesocolon (in 11.43 ± 5.29% (n = 4) of cases of patients group 2 and in 80.00 ± 7.80% (n = 24) cases of patients in group 3). It was found that when detecting DNA of *St. spp.* DNA detection frequency *St.aur.* was 33.33 ± 5.60% (n = 6) for group 1, 44.00 ± 6.26% (n = 11) for group 2 and 31.25 ± 5.45% (n = 5) for group 3.

In uncomplicated DB, tissue infection of diverticula with opportunistic microflora is observed. In complicated DB, there is a combined bacterial-viral infection of the tissues of diverticula with a viral lesion of the lymph nodes of the mesocolon. Recurrent DB is characterized by the presence of bacterial tissues infection of diverticula and viral infection of the lymph nodes.

UDC 616–006.4–02.152:576.893.161

Rudenkova T.V., Kastsiuk S.A., Gorbich Y.L.

Research Laboratory of State Educational Establishment “Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education”, Minsk, the Republic of Belarus, e-mail: s.kostiuk@mail.ru

**OPTIMIZATION OF *KLEBSIELLA PNEUMONIAE*
MOLECULAR-GENETIC IDENTIFICATION METHOD
IN BIOLOGICAL MATERIAL OF PATIENTS WITH SEPSIS
AND IN BACTERIAL CULTURES**

One of biggest challenges modern healthcare continue to face is mortality related to severe pneumonia and sepsis in patients. Annually sepsis affects 18–31.5 million people worldwide and takes 6–8 million lives. Gram-negative bacteria play the key role in the etiology of nosocomial sepsis. *Enterobacteriaceae* is a dominant family of Gram-negative bacteria. Of the pathogenic *Klebsiella* species, *K. pneumoniae* is the most clinically important [1, 2].

To achieve rapid study results when establishing the etiology of sepsis, it is urgent to develop rapid methods for identifying bacteria based on the use of a molecular genetic method.

The aim of the work is to optimize molecular genetic identification method of *K. pneumoniae* for detecting the DNA of the pathogen in biological material and bacterial cultures.

At the first stage of the study, the optimal set of reagents for the isolation of microbial DNA was selected based on the determination of the concentration and purity of the isolated DNA (NanoDrop 1000, Thermo scientific, USA). Significantly higher values, comparable to those of the reference method (phenol-chloroform extraction method), were established using the ArtDNA light reagent kit (ArtBioTech, the Republic of Belarus). Sequences of primers and probe were then selected to detect DNA *K. pneumoniae*. At the next stage, the composition of the amplification mixture and amplification programs were optimized. In the course of optimizing the composition of the amplification mixture, various addition concentration of primers, DNA and Mg²⁺ ions were tested.

An improved method for molecular genetic identification of *K. pneumoniae*, based on the use of specific primer pairs, optimized composition of the amplification mixture and amplification programs, allows the identification of the pathogen DNA in the biological material of patients with sepsis and bacterial cultures.

References

1. Daniels R. What next for sepsis? / R. Daniels // Lancet Infect Dis. – 2015. – Т. 15, № 5. – P. 499–501.
2. Interventions for rapid recognition and treatment of sepsis in the emergency department: a narrative review / J. W. Uffen [et al.] // Clin Microbiol Infect. – 2021. – Т. 27, № 2. – P. 192–203.

UDC 616–006.4–02:577.152.199.2

Rudenkova T. V., Kastsyuk S. A., Klimkovich N. N.

Research Laboratory of State Educational Establishment “Belarusian Medical Academy of Postgraduate Education”, Minsk, the Republic of Belarus, e-mail: s.kostiuk@mail.ru

MOLECULAR-GENETIC IDENTIFICATION OF RQNJ O QTRJ K'XCTKCPVUQHE/ R3C3. 'CYP2E1, CYP2D6 I GPGU'P 'DIFFERENT BIOLOGICAL MATERIAL

Research and study of factors that can influence the pharmacokinetics or pharmacodynamics of drugs are the topical directions in modern medicine [1].

The cytochrome P450 (CYP) system is a family of enzymes that are responsible for the oxidative metabolism of endogenous and exogenous compounds. Individual differences in the allelic profile of genes that control the synthesis of enzymes of biotransformation of xenobiotics cause differences in the levels of expression and activity of the enzymes controlled by them, the phenotypic manifestation of this is the variability of the individual sensitivity of a particular organism to the effects of xenobiotics [2].

The aim of the work is to study the possibility of using biological material obtained by a non-invasive method (scrapings of epithelial cells from the oral cavity) to identify polymorphic variants of the CYP1A1, CYP2E1 and CYP2D6 genes.

Peripheral blood taken from 31 healthy volunteers and scrapings of epithelial cells from the oral mucosa were used as biological material. After DNA isolation, the composition of the amplification mixture and amplification programs were optimized for gene fragments *CYP1A1*, *CYP2E1*, *CYP2D6*, then restriction analysis was performed using the enzymes StyI, Hinc II, BseMI, MspI, Pst I, DraI, RsaI, BstNI (Thermo Scientific). The coincidence of the results of detecting polymorphic variants of the *CYP1A1*, *CYP2E1*, *CYP2D6* genes in various biological material of patients (blood and scraping of epithelial cells) was 100%.

Molecular genetic identification method makes it possible to reliably identify polymorphic variants of the CYP1A1, CYP2E1, CYP2D6 genes both in the blood and in scrapings of epithelial cells from the oral cavity.

References

1. Gervasini G. Impact of genetic polymorphisms on chemotherapy toxicity in childhood acute lymphoblastic leukemia // G. Gervasini, J. M. Vagace // *Frontiers in Genetics. Pharmacogenetics and Pharmacogenomics.* – 2012. – Vol. 3. – P. 249–52.
2. Meyer U. A. The genetic polymorphism of debrisoquine/sparteine metabolism- molecular mechanisms / U. A. Meyer, R. C. Skoda, U. M. Zanger // *Pharmacology & Therapeutics.* – 1990. – Vol. 46, № 2. – P. 297–308.

UDC 616–074/-078:616–097:57.08:[616.36–002:578.891]

**Simirski V. V.¹, Poluyan O. S.¹, Kastsyuk S. A.¹, Sherban A. I.¹,
Zhavoronok S. V.², Anisko L. A.²**

¹Unitary Enterprise “Pilot Production of the Institute of Bioorganic Chemistry National Academy of Sciences of Belarus”, Minsk, the Republic of Belarus, e-mail: hopiboh.bel@gmail.com

²Educational Institution “Belarusian State Medical University”, Minsk, the Republic of Belarus

DESIGNING AN EXPERIMENTAL SAMPLE OF AN EIA-TEST SYSTEM FOR DETECTING ANTIBODIES TO THE HEPATITIS E VIRUS IN HUMANS

In the Republic of Belarus, there is a tendency for the growth of the circulation of hepatitis E virus (HEV) in the population. The development of domestic EIA test systems will contribute to the expansion of the share within the domestic market by creating a competitive national product. The aim of the study is to develop an experimental sample of a test system capable of detecting antibodies to HEV in human blood serum by means of the EIA method.

To test the developed test system, the blood serum of 30 patients diagnosed with HEV was used as a biological material, and 30 healthy donors, diagnosed negative for HEV RNA without IgG antibodies, were used as a negative control.

For the production of the test system, genetically engineered polypeptides with the antigenic sequence VGE1 conjugated with beta-galactosidase were used. The optimal concentration of polypeptides for sorption of ORF-2 and ORF-3 on polystyrene plates is 8 mcg/ml in a 0.005 M carbonate buffer pH 9.5. In the group of patients diagnosed with HEV using the developed test system, IgG antibodies to HEV were detected in 28 (93.33±8.20%) patients. No IgG antibodies to HEV were detected in the control group. Diagnostic sensitivity and specificity were 93.33% and 100%, the prognostic value of positive and negative test results was 93.33% and 100%, respectively; diagnostic efficiency was 96.67%.

The developed experimental sample of a diagnostic test system capable of detecting IgG antibodies to HEV in blood serum by means of the EIA method is a worthy analogue of diagnostic test systems produced abroad, on par with them in technical, analytical and diagnostic characteristics, and can be recommended for subsequent production and use in the market of diagnostic services of the Republic of Belarus by health service.

UDC 616–074/-078:616–097:[616.36–002:578.891]:619

Simirski V. V.¹, Poluyan O. S.¹, Kastsyuk S. A.¹, Sherban A. I.¹, Krasochko P. A.², Zhavoronok S. V.³

¹Unitary Enterprise “Pilot Production of the Institute of Bioorganic Chemistry National Academy of Sciences of Belarus”, Minsk, The Republic of Belarus
hopiboh.bel@gmail.com

²Educational Establishment “Vitebsk State Awarded the “Badge of Heonor” Order Veterinary Medicine Academy”, Vitebsk, The Republic of Belarus

³Educational Institution “Belarusian State Medical University”, Minsk, The Republic of Belarus

CREATION OF A LABORATORY SAMPLE OF AN EIA-TEST SYSTEM FOR DETECTING ANTIBODIES TO THE HEPATITIS E VIRUS IN ANIMALS

Viral hepatitis E (HEV) is a zoonanthropotic infection, however, to date, the full range of mammalian carriers has not been fully determined, and screening studies have not been conducted to establish the infection of animals, which may be due to the lack of diagnostic test systems on the domestic market. The aim of the study is to develop an experimental sample of a test system capable of detecting antibodies to HEV by means of the EIA method in the blood serum of pigs.

As a biological material, the blood serum of pigs diagnosed with HEV (n=30) positive for HEV RNA were used, as a negative control (OK) – the blood serum of 30 healthy pigs in which HEV RNA and IgG antibodies to HEV were not detected.

It was found that an increase in the conjugate concentration to 0.3 micrograms/ml led to a significant increase in the optical density of OK, that is, to a decrease in the diagnostic sensitivity (DF) (83.33%) of the test system, in which slightly positive samples (n=5, (16.67±3.98%)) were detected as negative. A decrease in the conjugate concentration to 0.01 mcg / ml led to a decrease in DH to 73.33%. When using a conjugate concentration of 0.1 micrograms/ml, almost complete alignment of the results obtained using the developed test system was established compared to the commercial variant (DH 90.00%). In this regard, high DC is the main criterion for screening studies.

The developed experimental sample of a diagnostic test system using a conjugate at a concentration of 0.1 micrograms / ml, which has high DH (90.00%) and specificity (100%), can be used in screening studies to identify seropositivity of pig livestock, including the process of pooling samples of biological material, without the loss of effectiveness.

ПРАВИЛА ДЛЯ АВТОРІВ

1. ПРОФІЛЬ ЖУРНАЛУ

1.1. «Вісник Одеського національного університету. Біологія» здійснює такі публікації:

1. Наукові статті.
2. Короткі повідомлення.
3. Матеріали конференцій.
4. Рецензії.
5. Матеріали з історії науки та університету.

1.2. У певному конкретному випуску один автор має право надрукувати тільки одну самостійну статтю.

1.3. Мова видання – українська, англійська.

1.4. До редакції «Вісника...» подається відредагований і погоджений з редакцією текст статті, записаної на електронному носії у форматі *.doc (гарнітура Times New Roman (Суг), кегль 14, відстань між рядками 1,5 інтервали; поля: ліве – 2,5 см, праве – 1,5 см, верхнє – 2 см, нижнє – 2 см), набраний без застосування функції «Розстановка переносів» та два екземпляри «роздруковки» з неї.

Резюме двома додатковими мовами (зразок оформлення публікації наведено наприкінці Правил).

Рекомендація кафедри або наукової установи до друку.

2. ПІДГОТОВКА СТАТТІ – ОБОВ'ЯЗКОВІ СКЛАДОВІ

Оригінальна стаття має включати:

2.1. Вступ, в якому обговорюють актуальність проблеми, формулюють мету та основні завдання дослідження.

2.2. Матеріали і методи дослідження.

2.3. Результати досліджень та їх обговорення.

2.4. Висновки.

2.5. Список використаної літератури.

2.6. Резюме подається українською та англійською мовами

2.7. Ключові слова.

3. ОФОРМЛЕННЯ РУКОПISУ, ОБСЯГ, ПОСЛІДОВНІСТЬ ТА РОЗТАШУВАННЯ ОБОВ'ЯЗКОВИХ СКЛАДОВИХ СТАТТІ

3.1. Обсяг рукопису наукової статті (з урахуванням малюнків, таблиць і підписів до них, резюме, списку літератури) – 10–18 сторінок друкованого тексту, оглядів – до 25 сторінок, коротких повідомлень – до 2–6 сторінок. Рукописи більшого обсягу приймаються до журналу тільки після попереднього узгодження з редколегією.

3.2. Послідовність друкування окремих складових наукової статті має бути такою:

1. УДК – в лівому верхньому кутку першого аркуша.
 2. Прізвище та ініціали автора (авторів) мовою статті, вчений ступінь та посада.
 3. Назва наукової установи (в тому числі відділу, кафедри, де виконано працю).
 4. Повна поштова адреса (за міжнародним стандартом).
 5. Назва статті. Вона повинна точно відбивати зміст праці, бути короткою (в межах 9–12 повнозначних слів), містити ключові слова.
 6. Анотація мовою оригіналу друкується перед початком статті з відступом 20 мм від лівого поля. Містить не більше 50 повнозначних слів і передує (окремим абзацом) основному тексту статті.
 7. Під анотацією друкуються ключові слова, які відокремлюються крапкою з комою.
 8. Далі йде текст статті, що включає основні змістові розділи, список використаної літератури.
 9. Таблиці та малюнки разом з підписами та необхідними поясненнями до них розміщуються у тексті статті, після першого згадування про них у тексті.
 10. На окремому аркуші подаються резюме (українською та англійською мовами), оформлених таким чином: прізвище та ініціали автора (авторів), назва наукової установи, повна поштова адреса установи, назва статті, слово «Резюме» (Abstract), текст резюме, ключові слова. Резюме повинне бути зрозумілим без звертання до самої публікації включати актуальність проблеми, мету, методи дослідження, основні результати дослідження, висновки та конкретні пропозиції автора. Об'єм резюме 250–280 слів. Додатково: телефон та електронна адреса (e-mail) для співпраці з авторами, ідентифікатор ORCID авторів.
З основними вимогами до «Резюме» можна ознайомитись на сайті <http://visbio.onu.edu.ua/about/submissions#authorGuidelines>.
- 3.3 Стаття повинна бути підписана автором (авторами).

4. МОВНЕ ОФОРМЛЕННЯ ТЕКСТУ: ТЕРМІНОЛОГІЯ. УМОВНІ СКОРОЧЕННЯ, ПОСИЛАННЯ. ТАБЛИЦІ, СХЕМИ, МАЛЮНКИ

4.1. Автори несуть повну відповідальність за бездоганне мовне оформлення тексту, за правильну українську наукову термінологію (її слід звіряти за фаховими термінологічними словниками).

4.2. Латинські біологічні терміни (назви видів, родів) подаються обов'язково латиницею і курсивом. За першого вживання латинської назви у дужках слід обов'язково подати український відповідник назви.

4.3. Якщо часто повторювані у тексті словосполучення автор вважає за потрібне скоротити, то такі аббревіатури за першого вживання наводять у дужках. Наприклад, селекційно-генетичний інститут (далі СГІ).

4.4. Посилання на літературу подаються у тексті статті, обов'язково у квадратних дужках, цифрами. Цифра в дужках позначає номер праці у «Списку використаної літератури». Назви праць у списку літератури розташовуються у алфавітному порядку і оформлюються за ГОСТ 7.1:2006.

4.5. Цифровий матеріал, по можливості, слід зводити у таблиці і не дублювати у тексті. Таблиці повинні бути компактними, мати порядковий номер; графи, колонки мають бути точно визначеними логічно і графічно. Цифровий матеріал таблиць повинен бути оброблений статистично. Матеріал таблиць (як і малюнків) повинен бути зрозумілим незалежно від тексту статті. При об'єднанні декількох рисунків або фотографій в один рисунок рекомендується позначати кожен з них прописними літерами знизу.

4.6. Рисунки виконуються у програмі «Діаграма Microsoft Excel» та вставляються у текст. Кожна крива на рисунку повинна мати номер, зміст кривих пояснюється у підписах під рисунком. На осях абсцис і ординат рисунка зазначається лише величина, що вимірюється, і розмірність в одиницях СІ (% , мм, г і т.п.). Математичні (хімічні) формули виконуються засобами внутрішнього редактора формул «Microsoft Equal» і, при потребі, нумеруються.

4.7. У розділі «Результати досліджень та їх обговорення» необхідно викласти виявлені ефекти, а також причинно-результативні зв'язки між встановленими ефектами, порівняти отриману інформацію з даними літератури і наголосити на виявлених нових даних. При аналізі слід посилатися на ілюстративний матеріал статті. Аналіз має закінчуватися відповіддю на питання, поставлені у вступі. При викладі результатів слід уникати повторення змісту таблиць та рисунків, а звертати увагу на найважливіші факти та певні закономірності, що з них випливають.

4.8. Редколегія має право редагувати текст статей, рисунків та підписів до них, погоджуючи відредагований варіант з автором, а також відхиляти рукописи, якщо вони не відповідають вимогам «Вісника ОНУ. Біологія». Рукописи статей, що прийняті до публікування, авторам не повертаються.

5. ЛІТЕРАТУРА

Список літератури друкується мовою оригіналу відповідної праці. Назви праць у списку літератури розташовуються у алфавітному порядку і оформлюються за ГОСТ 7.1:2006. Автор (автори) повинні посилатися на сучасну (останнє десятиріччя) літературу. У статтях при наявності обов'язково вказувати цифровий ідентифікатор об'єкта (Digital Object Identifier, або doi).

Додатково у електронному варіанті необхідно додати References оформлений згідно міжнародним стандартам за гарвардським стилем (BSI) на англійській мові. При оформленні українськомовного або російськомовного джерела іншою мовою після переведення джерела в [квадратних дужках] вказується транслітерування вихідного. Детальну інформацію та приклади можна отримати на сайті <http://visbio.onu.edu.ua/about/submissions#authorGuidelines>.

Приклади бібліографічних описань

Книги, монографії, атласи, словники

1. Горячковский А. М. Клиническая биохимия в лабораторной диагностике: [справочное пособие] / А. М. Горячковский. – Одесса: Екологія, 2005. – 616 с.
2. Медицинская микробиология: учебник для ВУЗов / под ред. В. И. Покровского. – М.: ГЭОТАР-МЕД, 2002. – 786 с.
3. Определитель высших растений Украины / Д. Н. Доброчаева, М. И. Котов, Ю. Н. Прокудин и др. – К.: Наукова думка, 1987. – 548 с.
4. Анатомія пам'яті: атлас схем і рисунків провідних шляхів і структур нервової системи, що беруть участь у процесах пам'яті: посіб. для студ. та лікарів / О. Л. Дроздов, Л. А. Дзяк, В. О. Козлов, В. Д. Маковецький. – 2-ге вид, розшир, та доповн. – Дніпропетровськ: Пороги, 2005. – 218с.
5. Українсько-німецький тематичний словник / [уклад. Н. Яцко та ін.]. – К.: Карпенко, 2007. – 219 с.

Статті із журналів

1. Писаренко В. М. Посухи в контексті змін клімату України / В. М. Писаренко, П. В. Писаренко, В. В. Писаренко, О. О. Горб, Т. О. Чайка // Вісник Полтавської державної аграрної академії. – 2019. – №. 1. – С. 134-146. doi 10.31210/visnyk2019.01.15.
2. Топтиков В. А. Генетико-биохимические особенности мутантных линий сои / В. А. Топтиков, Д. А. Жарикова, Г. А. Чеботарь, И. В. Темченко // Вісник ОНУ. Біологія. – 2018. – Т. 22, Вип. 2 (44). – С. 73–94. doi 10.18524/2077-1746.2018.2(43).147013.
3. Duan H. Effects of drought stress on growth and development of wheat seedlings / H. Duan, Y. Zhu, J. Li, W. Ding, H. Wang, L. Jiang, Y. Zhou // International Journal of Agriculture and Biology. – 2017. – V. 19, №. 5. – P. 1119-1124. doi: 10.17957/IJAB/15.0393.

Збірки

1. Спектр тканевых карбоксиэстераз в онтогенезе суслика крапчатого (*Spermophilus suslicus* Guld.) / А. М. Андриевский, Ю. Н. Олейник, В. А. Кучеров, А. С. Асманская // Генетика в современном обществе: науч. конф., 3–5 окт. 2004 г.: тезисы докл. – Харьков, 2004. – С. 12.
2. Селекция *in vitro* генотипов пшеницы с комплексной устойчивостью к фузариозу злаков / Е. А. Клечковская, С. А. Игнатова, А. И. Слепченко и др. // Биология клеток растений *in vitro*, биотехнология и сохранение генофонда: VII междунар. симп.: труды. – Москва, 2001. – С. 372.
3. Cell transfer and Interferon Studies / J. C. De Man, M. Rogosa, M. E. Sharpe // Abstracts of the V International symposium of immunopharmacology, 17–21 May 2004: proc. of conf, Quebec, 2004. – P. 31.

Дисертації, автореферати дисертації

1. Дослідження процесів перекисного окислення ліпідів та активності ферментів антиоксидантного захисту при цукровому діабеті: автореф. дис. на здобуття наук, ступеня, канд. біол. наук: 03.00.04 «Биохимия» / О. О. Олярник. – К., 2007. – 17 с.
2. Дослідження процесів перекисного окислення ліпідів та активності ферментів антиоксидантного захисту при цукровому діабеті: дис... канд. біол. наук: 03.00.04 / Олексій Олексійович Орляник. – Київ, 2007. – 117 с.

Депоновані наукові роботи, патенти, авторські свідоцтва

1. Микрофитобентос Филлофорного поля Зернова. – Севастополь: Деп. в ВИНТИ 11.07.91 г., № 2981. – В91, 1991. – 28 с.
2. Пат. 108514 Україна, № u201512317 на корисну модель. Спосіб отримання ліній рису / Шестопад О. Л., Замбриборщ І. С., Шпак Д. В.; Заявл. 14.12.2015 ; опубл. 25.07.2016, Бюл. № 14. – 5 с.

Приклади бібліографічних описань за BSI

Книги

1. Horiachkovskii A. M. (2005) *Clinical Biochemistry in laboratory diagnostics* [Klinicheskaiia biokhimiia v laboratornoi diahnostike], Odessa: Ecology, 616 p.
2. Dobrochaeva D. N., Kotov M. I., Prokudin Yu. N. (1987) *The determinant of higher plants of Ukraine* [Opredelitel visshih rastenii Ukrainy], Kiev, 548 p

Книги під редакцією

1. Pozdeev O. K. (2002) *Medical microbiology: a textbook for high schools*. In editor: Pokrovskiy V. I. [Meditsinskaia microbiologhiia: uchebnik dlia VUZ], Moskva: GEOTAR-MED, 786 p.

Статті, збірки

1. Andrievskii A. M., Katanenko S. V., Totskii V. N. (1982) «*Developmental features peptidgidrolazy activity of extracts of tissues Drosophila melanogaster*» [«Ontoheneticheskie osobennosti peptidhidrolazoni aktivnosti ekstraktov tkanei *Drosophila melanogaster*»], *Ukr. biochemistri J*, No 54, 5, pp 519–524.
2. Klechkovskaia E. A., Ihnatova C. A., Slepchenko A. I. (2010) «*Selection of in vitro wheat genotypes with complex resistance to fusarium cereals*», *Biology of plant cells in vitro, biotechnology and the preservation of the gene pool, VII International Symposium* [«Selektsiia in vitro henotipov pshenitsi s kompleksnoi ustoichivostiu k fuzariozu zlakov» Biologhiia kletok rastenii in vitro, biotekhnologhiia i sokhranenie henofonda], Moscow, p 372.
3. De Man J. C. (2004) «*Cell transfer and Interferon Studies*», Abstracts of the V International symposium of immunopharmacology, 17–21 May 2004: proc. of conf, Quebec, P. 31.

Дисертації, автореферати

1. Oliarnyk O. O. (2007) The study of lipid peroxidation and activity of antioxidant enzymes in diabetes [Doslidzhennia protsessiv perekysnoho okyslennia lipidiv ta aktyvnosti fermentiv antyoksydantnoho zakhystu pry tsukrovomu diabete. dis....kand. biol. nauk], Kiev, 117 p.

6. ЗРАЗОК ОФОРМЛЕННЯ ПУБЛІКАЦІЇ

О. Л. Шестопал¹, к.б.н., провідний науковий співробітник

І. С. Замбріборш¹, к.б.н., завідувачка лабораторією

Д. В. Шпак², зав. відділом селекції

Т. Г. Алексєєва³, к.б.н., доцент

О. А. Афіногенов¹, інженер

¹Селекційно-генетичний інститут–Національний центр насіннезнавства та сортовивчення,

Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса, 65036, Україна,

e-mail:izambriborsh@gmail.com

²Інститут рису Української академії аграрних наук,

с. Антонівка, Скадовський р-н, Херсонська обл., 75705, Україна

³Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра генетики та молекулярної біології, вул. Дворянська, 2, Одеса, 65082, Україна

ОЦІНКА РЕГЕНЕРАЦІЙНОГО ПОТЕНЦІАЛУ ГІБРИДНОГО МАТЕРІАЛУ РИСУ ПОСІВНОГО (*ORYZA SATIVA* L.)

Проведено тестування гаплопродукційного потенціалу у культурах пиляків п'яти гібридних популяцій F₃ рису *Oryza sativa* L. До культури *in vitro* було введено 30944 пиляків п'яти генотипів. Шляхом андрогенезу в культурі пиляків рису отримано 6542 новоутворень (21,14 ± 0,23 в середньому на 100 пиляків), які регенерували 539 зелених рослин (1,74 ± 0,07 в середньому на 100 пиляків). Найбільший регенераційний потенціал в культурі пиляків виявили у рослин гібридної популяції F₃ Labelle/Малиш (2,90 ± 0,17). На сучасний момент на етапі колосіння дорощуються 193 рослини-регенеранта (35,8 %).

Ключові слова: рис; андрогенез *in vitro*; калус; регенерація.

... Текст вступу до статті

Матеріали та методи досліджень

Текст матеріалів та методів роботи

Результати та їх обговорення

Висновки

Список використаної літератури

7. ЗРАЗОК ОФОРМЛЕННЯ РЕЗЮМЕ

**O. L. Shestopal¹, I. S. Zambriborshch¹, D. V. Shpak², T. G. Aliksieieva³,
O. A. Afinogenov¹**

¹Plant Breeding & Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation

Ukraine, 65036, Odesa, Ovidiopolska road 3, e-mail: izambriborsh@gmail.com

²Rice Research Institute at Ukrainian Academy of Agrarian Sciences

Ukraine, 75705, Kherson region, Skadovsk district, Antonovka village,

³Odesa Mechnykov National University, Department of Genetics and Molecular Biology,

2 Dvoranska Street, Odesa, 65082, Ukraine

EVALUATION OF REGENERATION POTENTIAL OF RICE (*ORYZA SATIVA* L.) HYBRID MATERIAL

Abstract

Introduction. *In vitro* anther culture is an important source of linear material propagation for efficient breeding of rice (*Oryza sativa* L.), in particular due to the reduction of reproduction cycles and the production of homozygous plants. Given the strong variation in the regenerative ability of microspores in different hybrid combinations, it is desirable to cover the maximum number of combinations of hybrids of different generations.

Aim. Evaluation of the haploproduction ability of microspores of promising breeding samples of rice.

Methods. The anthers of five promising hybrid F₃ populations obtained at the Rice Institute (Skadovsk) as a result of hybridization of carriers of various resistance genes to pyriculariosis were used. The inflorescences with microspores at the mid-late stage of development were cut and pretreated for sterilization; the isolated anthers were explanted in Petri dishes on a solid nutrient medium and cultured in the dark until neoplasms were obtained, after which they were transplanted (stage I – after 4-5 weeks). The next transplant event (II stage – after 7-8 weeks) and further cultivation was carried out under lighting to obtain green regenerants.

Results. The high sensitivity to *in vitro* cultivation conditions was shown for five combinations of F₃ rice hybrids. The rate of neoplasm formation varied from 6.4 % (Sirio / YiP4970) to 35 % (Sirio / Marshal). The ability to regenerate in the obtained neoplasms also varied greatly, since most of them were only capable of rhizogenesis, without forming shoots and leaves. Nevertheless, the regenerant plants were obtained for each hybrid combination and the proportion of albinos among the total number of regenerants was relatively small. On average about 40 % of the regenerants obtained in the culture die at the critical stage of adaptation of regenerated plants to *ex vitro* conditions; approximately the same number of plants die during the growing process, being unable to give seed generation.

Conclusions. The most productive from the point of view of plant formation adapted to *ex vitro* conditions was the hybrid population F₃ Labelle / Malish (101 adult plants),

and the least productive was Sirio / YiP4970 (5 adult plants) among the studied combinations. Thus, by androgenesis in anther culture, 336 plants adapted to *ex vitro* conditions were obtained. At the moment, 193 plants are at the earing stage, which is 35.81 % of the total number of green regenerants obtained in the culture.

Key words: rice, androgenesis *in vitro*, callus, regeneration

**О. Л. Шестопал¹, І. С. Замбрїборщ¹, Д. В. Шпак², Т. Г. Алексєєва³,
О. А. Афіногенов¹**

¹Селекційно-генетичний інститут–Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення,

Овідіопольська дорога, 3, м. Одеса, 65036, Україна,
e-mail:izambriborsh@gmail.com

²Інститут рису Української академії аграрних наук,
с. Антонівка, Скадовський р-н, Херсонська обл., 75705, Україна

³Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра генетики та молекулярної біології,
вул. Дворянська, 2, Одеса, 65082, Україна

ОЦІНКА РЕГЕНЕРАЦІЙНОГО ПОТЕНЦІАЛУ ГІБРИДНОГО МАТЕРІАЛУ РИСУ ПОСІВНОГО (*ORYZA SATIVA* L.)

Резюме

Проблема. Культура пиляків *in vitro* є найважливішим джерелом лінійного матеріалу для проведення ефективних селекційних робіт зі створення поліпшених сортів рослин, зокрема рису (*Oryza sativa* L.), завдяки скороченню циклів розмноження і отриманню повноцінних гомозиготних рослин. З урахуванням сильного варіювання показників регенераційної здатності мікроспор в різних гібридних комбінаціях бажано охоплювати максимальну кількість комбінацій гібридів різних поколінь.

Мета. Оцінка гаплопродукційної здатності мікроспор перспективних селекційних зразків рису посівного.

Методика. Використовували пиляки п'яти перспективних гібридних популяцій F₃, отриманих в Інституті рису (м. Скадовськ) в результаті гібридизації носіїв різних генів стійкості до збудника пірікуляріоза. Зрізані суцвіття з мікроспорами на середньо-пізній стадії розвитку піддавали передобробці, стерилізували; виділені пиляки експлантували у чашки Петрі на тверде живильне середовище і культивували у темряві до отримання новоутворень, після чого пересаджували (I етап – через 4–5 тижнів). Наступну пересадку (II етап – через 7–8 тижнів) і подальше культивування проводили при освітленні для отримання зелених регенерантів.

Основні результати. Для п'яти використаних комбінацій гібридів F₃ рису показана висока чутливість до умов культивування *in vitro*. Так, показник формуван-

ня новоутворень варіював від 6,4 % (Sirio / УіР4970) до 35 % (Sirio / Маршал). Здатність до регенерації у отриманих новоутворень також сильно варіювала, так як більша частина їх була здатна лише до ризогенезу, не утворюючи пагони і листя. Проте, для кожної гібридної комбінації були отримані рослини-регенеранти, причому частка альбіносів серед загального числа регенерантів була порівняно невелика. На критичному етапі адаптації рослин-регенерантів до умов *ex vitro* в середньому гине близько 40% отриманих в культурі регенерантів; приблизно така ж кількість рослин гине в процесі дорощування, виявляючись нездатними до продукції насіннєвого покоління.

Висновки. Серед вивчених комбінацій найбільш продуктивною з погляду формування рослин, адаптованих до умов *ex vitro* виявилася гібридна популяція F_3 Labelle / Малиш (101 доросла рослина), а найменш продуктивною Sirio / УіР4970 (5 дорослих рослин). Таким чином шляхом андрогенеза в культурі пилляків було отримано 336 рослин, адаптованих до умов *ex vitro*; на даний момент на етапі колосіння знаходиться 193 рослини, що становить 35,81 % від загальної кількості отриманих в культурі зелених регенерантів.

Ключові слова: рис; андрогенез *in vitro*; каллус; регенерація.

Підписано до друку 15.12.2021 р. Формат 70x108/16. Ум.-друк. арк. 13,30
Тираж 50 пр. Зам. № 2403.

Видавець і виготовлювач
Одеський національний університет імені І.І. Мечникова
Свідоцтво суб'єкта видавничої справи ДК № 4215 від 22.11.2011 р.
65082, м. Одеса, вул. Єлісаветинська, 12, Україна
Тел.: (048) 723 28 39
e-mail: druk@onu.edu.ua