

Національна академія наук України
Інститут молекулярної біології і генетики
Українське товариство генетиків і селекціонерів
ім. М.І. Вавилова

ФАКТОРИ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ ЕВОЛЮЦІЇ ОРГАНІЗМІВ

**ФАКТОРЫ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ
ЭВОЛЮЦИИ ОРГАНИЗМОВ**

**FACTORS IN EXPERIMENTAL
EVOLUTION OF ORGANISMS**

Збірник наукових праць

Видається з 2003 р.

ТОМ 18

Присвячено

*115-річчю від дня народження академіка АН УРСР
М.М. Гришка*

Київ – 2016

РЕДАКЦІЙНА КОЛЕГІЯ

Головний редактор **В.А. Кунах**

Заступник головного редактора **Н.М. Дробик**

І.В. Азізов (Азербайджан)	І.С. Карпова	М.А. Пілінська
А. Атанасов (Болгарія)	А.В. Кільчевський (Білорусь)	В.Г. Радченко
Я.Б. Блюм	І.А. Козерецька	С.Ю. Рубан
Р.А. Волков	В.А. Кордюм	А.А. Сибірний
Т.К. Горова	О.І. Корнелюк	В.А. Сідоров (Україна – США)
Н.Г. Горovenko	М.В. Кучук	О.О. Созінов
Д.М. Гродзинський	Л.Л. Лукаш	Т.К. Терновська
В.А. Драгавцев (Росія)	С.С. Малюта	О.М. Тищенко
О.В. Дубровна	В.Г. Михайлов	Г. Федак (Канада)
Г.В. Єльська	В.В. Моргун	

Відповідальний секретар **М.З. Мосула**

Адреса редакції:

Інститут молекулярної біології і генетики НАНУ, вул. Академіка Заболотного, 150, Київ 03680
e-mail: kunakh@imbg.org.ua <http://www.utgis.org.ua>

Editorial board

Editor-in-Chief **V.A. Kunakh**

Deputy editor **N.M. Drobyk**

I.V. Azizov (Azerbaijan)	I.S. Karpova	M.A. Pilinska
A. Atanasov (Bulgaria)	A.V. Kilchevsky (Belarus)	V.G. Radchenko
Ya.B. Blum	I.A. Kozeretska	S.Yu. Ruban
R.A. Volkov	V.A. Kordium	A.A. Sybirniy
T.K. Gorova	O.I. Kornelyuk	V.A. Sidorov (Ukraine – USA)
N.G. Gorovenko	N.V. Kuchuk	O.O. Sozinov
D.M. Grodzynskyy	L.L. Lukash	T.K. Ternovska
V.A. Dragavtsev (Russia)	S.S. Maliuta	O.M. Tyshchenko
O.V. Dubrovna	V.G. Mykhailov	G. Fedak (Canada)
A.V. El'ska	V.V. Morgun	

Responsible secretary – **M.Z. Mosula**

Editorial office address:

Institute of Molecular Biology and Genetics NAS of Ukraine, 150, Akademika Zabolotnogo str., Kyiv 03680
e-mail: kunakh@imbg.org.ua <http://www.utgis.org.ua>

Затверджено до друку рішенням вченої ради Інституту молекулярної біології і генетики НАН України (протокол № 9 від 24 травня 2016 р.)

Свідоцтво про державну реєстрацію друкованого засобу масової інформації
серія KB № 20936-10736ПП від 29.08.2014

Ф 18 **Фактори експериментальної еволюції організмів:** зб. наук. пр. / Національна академія наук України, Інститут молекулярної біології і генетики, Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова / редкол. В.А. Кунах (голов. ред.) [та ін.]. – К.: Укр. т-во генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова, 2016. – Т. 18. – 266 с. – ISSN 2219-3782

УДК 575.8+631.52+60](082)
ББК 28.04я43+45.3я43+41.3я43+42-3я43

© Українське товариство генетиків і селекціонерів ім. М.І. Вавилова, 2016

ФАКТОРИ ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЇ ЕВОЛЮЦІЇ ОРГАНІЗМІВ

ТОМ 18

2016

ФАКТОРЫ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНОЙ ЭВОЛЮЦИИ ОРГАНИЗМОВ FACTORS IN EXPERIMENTAL EVOLUTION OF ORGANISMS

ЗМІСТ

Від головного редактора. Кілька слів про Т.Х. Моргана і М.М. Гришка та про генетику й епігенетику (з нагоди проведення XI міжнародної наукової конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів»)

Вировець В.Г., Лайко І.М., Горшкова Л.М., Кириченко Г.І. Академік М.М. Гришко – основоположник наукової селекції конопель (до 115-річчя з дня народження)

Мищенко С.В., Лайко І.М., Вировець В.Г., Кириченко Г.І., Кмець І.Л., Лайко Г.М. Вчення академіка М.М. Гришка про статурний поліморфізм конопель у світлі сучасної теорії генетичного контролю статі та досягнутого рівня однодомності

ЕВОЛЮЦІЯ ГЕНОМІВ У ПРИРОДІ ТА ЕКСПЕРИМЕНТІ

Седельникова Т.С. Изменчивость числа хромосом как фактор микроэволюции и адаптации хвойных

Стегний В.Н. Пространственная реорганизация архитектуры хромосом в генеративной системе является механизмом сальтационного видообразования

Верголяс М.Р., Головков А.Н., Наниева А.В., Пелишенко А.В., Гончарук В.В. Генотоксическое влияние фтора питьевой воды

Воробьева М.М., Супранович П.К., Воронова Н.В. Генетическая структура вида *Macrosiphum gei* Koch, 1855, в Беларуси

Козеко Л.Є. Шаперони HSP90 як стабілізатор росту і формотворення рослин: мікроеволюційний аспект

Кравець Е.А., Плоховская С.Г., Горюнова И.И., Сидорчук Ю.В., Мурсалимов С.Р., Дейнеко Е.В., Емец А.И., Блум Я.Б. Конкурентное и кооперативное поведение клеток в микроспорогенезе покрытосеменных

Литвинов С.В., Рашидов Н.М. Изменение параметров морфогенеза *Arabidopsis thaliana* L. при хроническом облучении семян и проростков малыми дозами ред-коизирующей радиации

CONTENTS

8 *From the chief editor's desk.* In relation to the XIth International Scientific Conference «Factors in Experimental Evolution of Organisms»

13 *Vyrovets V.H., Layko I.M., Horshkova L.M., Kyrychenko H.I.* Academician M.M. Hryshko – founder of hemp scientific breeding the 115th anniversary

18 *Mishchenko S.V., Layko I.M., Vyrovets V.H., Kyrychenko H.I., Kmets I.L., Layko H.M.* Academician N.N. Hryshko doctrine about hemp sexual polymorphism as aspects of the modern theory of sex genetic control and achieved level monoecious

GENOME EVOLUTION IN NATURE AND IN EXPERIMENT

24 *Sedelnikova T.S.* Variability of chromosome numbers as factor of microevolution and adaptation of conifers

29 *Stegniy V.N.* The spatial reorganization of chromosome architecture generative system is a mechanism of saltational speciation

33 *Vergolyas M.R., Golovkov A.N., Naniieva A.V., Pelishenko F.V., Goncharuk V.V.* Genotoxic influence of fluorine drinking water

36 *Varabyova M.M., Supranovich P.K., Voronova N.V.* Genetic structure of species of *Macrosiphum gei* Koch, 1855, in Belarus

42 *Kozeko L.Ye.* Chaperones HSP90 as a stabilizer of plant growth and morphogenesis: a microevolutionary aspect

46 *Kravets E.A., Plohovskaya S.H., Horyunova I.I., Sidorchuk Yu.V., Mursalimov S.R., Deineko E.V., Yemets A.I., Blum Ya.B.* Competitive and cooperative behavior of cells in angiosperms microsporogenesis

51 *Litvinov S.V., Rashidov N.M.* Changes of parameters of the morphogenesis in *Arabidopsis thaliana* L. under chronic irradiation of seeds and seedlings by low doses of ionizing radiation

ПРИКЛАДНА ГЕНЕТИКА І СЕЛЕКЦІЯ

Акинина Г.Е., Тереняк Ю.Н., Шарыпина Я.Ю., Попов В.Н. Генетическая чистота семян – актуальный вопрос современной генетики и селекции растений

Блюм Р.Я., Бойчук Ю.М., Ємець А.І., Рахметова С.О., Блюм Я.Б., Рахметов Д.Б. Порівняльна оцінка жирнокислотного складу олій насіння форм та сортів тифону, редьки олійної і рижю як перспективної сировини для отримання біодизелю

Боднар І.В., Зубко О.С., Щербаківа О.В., Горбулінська С.М., Боднар Л.С. Виявлення змін на хромосомному рівні в еукаріотичних організмів за дії синтетичних ароматизаторів продуктів харчування та коригування їх за допомогою вітамінних хіміопреентерів

Богданова А.С., Горшкова Л.М. Кількісний і якісний склад каннабіноїдних сполук та їх співвідношення у сортів конопель *Cannabis sativa* L.

Голубкова І.М. Генетичний фонд та перспективи селекції *Persica* Mill. у НБС ім. М.М. Гришка НАН України

Жук І.В., Дмитрієв О.П., Лісова Г.М. Роль пероксидази у формуванні індукованої стійкості рослин пшениці за допомогою імуномодуляторів

Жук О.І. Продуктивність пагонів озимої пшениці за різного забезпечення мінеральним живленням

Карелов А.В., Козуб Н.О., Созінов І.О., Пилипенко Л.А., Блюм Я.Б. Аліельний стан гена *Cre8* стійкості до нематоди *Heterodera avenae* Woll. у сортів пшениці м'якої української селекції

Козаченко М.Р., Наумов О.Г., Васько Н.І., Солонечний П.М., Солонечна О.В., Важеніна О.Є., Садовой О.О. Селекція нових ліній ячменю ваху

Корнієва М.О., Ненька О.В. Створення генетичних джерел селекційно-цінних ліній запилювачів на основі діалельних гібридів цукрових буряків

Куліш О.Ю., Погреблюк М.В., Ковальчук З.В., Бабич В.О., Парій Я.Ф., Симоненко Ю.В., Парій М.Ф. Застосування методу експериментального мутагенезу для овочевої кукурудзи

Левчик Н.Я., Рахметов Д.Б., Левон В.Ф., Любінська А.В., Сапсай В.І., Климчук Д.О. Особливості морфології та стресостійкості рослин *Stevia rebaudiana* (Bert.) Bertoni залежно від форм та умов вирощування

Лысенко Н.Г., Колесник А.И., Горайчук И.В., Рубан С.Ю., Федота А.М. Ассоциация генов кальпаин-кальпастатиновой системы и параметров экстерьера животных абердин-ангусской породы

Маменко О.М., Ємець З.В. Генетико-математичний аналіз вмісту жиру в молоці корів і виходу молочного жиру за структурою стада чорно-рябої породи

APPLIED GENETICS AND BREEDING

56 Akinina G.E., Tereniak Yu.N., Sharypina Ya.Yu., Popov V.N. Genetic purity of seeds – actual question of modern genetics and plant breeding

61 Blume R.Ya., Boychuk Yu.M., Yemets A.I., Rakhmetova S.O., Blume Ya.B., Rakhmetov D.B. Comparative analysis of fatty acid composition for oils from seeds of tyfon, oil radish and camelina breeding forms and varieties as perspective source for biodiesel production

67 Bodnar I.V., Zubko O.S., Shcherbakova O.V., Gorbulska S.M., Bodnar L.S. Detection of changes in chromosomal level in eukaryotic organisms under the influence of food synthetic flavors and correcting them with vitamin chemioprotectors

72 Bohdanov A., Horshkova L. Quantitative and qualitative composition of cannabinoid compounds and their correlation in the species *Cannabis sativa* L.

77 Golubkova I.N. Selection and prospects gene pool *Persica* Mill. in M.M. Grishko NBS NAS of Ukraine

81 Zhuk I.V., Dmitriev A.P., Lysova G.M. The role of peroxidase in formation of nonspecific wheat plants tolerance via immunomodulators

85 Zhuk O.I. The productivity of winter wheat stems under different mineral nutrition

89 Karelov A.V., Kozub N.A., Sozinov I.A., Pylypenko L.A., Blume Ya.B. Allelic state of the *Cre8* gene conferring resistance to the nematode *Heterodera avenae* Woll. in common wheat cultivars of Ukrainian breeding

93 Kozachenko M.R., Naumov A.G., Vasko N.I., Solonechnyi P.N., Solonechna O.V., Vazhenina O.Ye., Sadovoi A.A. Breeding of new waxy barley lines

97 Kornieieva M.O., Nenka O.V. Creation of the genetic resources of breeding valuable pollinator lines based on diallel hybrids of sugar beet

102 Kulish O.Yu., Pogreblyuk M.V., Kovalchuk Z.V., Babych V.O., Parii Ya.F., Symonenko Yu.V., Parii M.F. Experimental mutagenesis of the vegetable maize

106 Levchik N.Ya., Rakhmetov D.B., Levon V.F., Lyybinska A.V., Sapsai V.I., Klymchuk D.O. Peculiarities of morphology and stress-resistance of plants *Stevia rebaudiana* (Bert.) Bertoni dependent on forms and growing conditions

111 Lysenko N.G., Kolisnyk A.I., Goraichuk I.V., Ruban S.Y., Fedota A.M. Association of calpain and calpastatin genes with exterior traits of aberdeen-angus

117 Mamenko A.M., Yemets Z.V. Heritability of fortified milk yield of cows depending on origin of groups in the structure among herd of black-and-white breed

- Моцний І.І., Петрова І.С., Чеботар С.В. Успадкування та ефекти доповненої хромосоми S¹ геному *Elymus sibiricus* з чужинними ознаками від амфіплоїда *Elytricum fertile* 121
- Моцний І.І., Петрова І.С., Чеботар С.В. Inheritance and effects of addition chromosome of *Elymus sibiricus* S¹ genome with alien characters from the amphiploid *Elytricum fertile*
- Опалко А.І., Конопелько А.В., Опалко О.А. Мобілізація генетичних ресурсів *Malus* spp. для селекційно-генетичного вдосконалення декоративних сортів яблуні 127
- Опалко А.І., Конопелько А.В., Опалко О.А. The genetic resources mobilization of *Malus* spp. for the genetic improvement and breeding of flowering crabapple cultivars
- Похилько С.Ю., Трояновська А.В., Степаненко А.І., Урбанович О.Ю., Дуган О.М., Рыбалка О.І., Моргу́н Б.В. Дослідження генотипів пшениці м'якої з перенесеним геном *GPC-B1* від *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* 132
- Похилько С.Ю., Трояновська А.В., Степаненко А.І., Урбанович О.Ю., Дуган О.М., Рыбалка О.І., Моргу́н Б.В. Studies of bread wheat genotypes with transferred gene *GPC-B1* of *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*
- Проценко О.В., Дудка О.А., Козерецька І.А., Фалалєєва Т.М., Берегова Т.В., Остапченко Л.І. Оцінка токсичності та генотоксичності меланіну на тест-системі *Drosophila melanogaster* 137
- Проценко О.В., Дудка О.А., Козерецька І.А., Фалалєєва Т.М., Берегова Т.В., Остапченко Л.І. Toxic and genotoxic of melanin in *Drosophila melanogaster*
- Рудь Ю.П., Залоїло О.В., Буцацький Л.П. Пошук статевоспецифічних ДНК-маркерів у лососевих видів риб 140
- Рудь Ю.П., Залоїло О.В., Буцацький Л.П. Determination of sex-linked DNA loci in salmonids
- Сергеева Л.Е., Бронникова Л.І., Дыкун М.О. Пролін у растений и клеточных культур кукурузы при действии осмотических стрессов *in vitro* 145
- Сергеева Л.Е., Бронникова Л.І., Дыкун М.О. Prolin in corn plants and cell cultures, cultivated under osmotic stress *in vitro*
- Січкач С.М., Моргу́н В.В., Дубровна О.В. Характер успадкування морфологічних ознак колоса у гібридів *Triticum spelta* × *Triticum aestivum* 149
- Січкач С.М., Моргу́н В.В., Дубровна О.В. Nature of inheritance of morphological characteristics spike in hybrids *Triticum spelta* × *Triticum aestivum*
- Созінов І.О., Козуб Н.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Озерненість та інші ознаки продуктивності рослин F₁ пшениці м'якої від схрещення форм з транслокаціями 1BL/1RS і 1AL/1RS 154
- Созінов І.О., Козуб Н.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Seed set and other productivity traits in common wheat F₁ plants with the 1BL/1RS and 1AL/1RS translocations
- Хаблак С.Г. Эпистатическое взаимодействие генов *GPA1* и *SLR1*, *CTR1* и *ALF3* при наследовании признаков корневой системы арабидопсиса 159
- Хаблак С.Г. Epistatic gene interactions *GPA1* and *SLR1*, *CTR1* and *ALF3* in inheritance of traits *Arabidopsis* root system
- Ханьшева М.А., Гасимова Ф.І., Азизов І.В. Действие хлоридного засоления на морфологические признаки генотипов твердой и мягкой пшеницы 162
- Ханьшева М.А., Гасимова Ф.І., Азизов І.В. Effect of chloride salinity on morphophysiological characteristics of durum and bread wheat genotypes
- Хохлов А.М., Барановский Д.І. Филогенетический анализ геномов популяций свиней европейского и азиатского происхождения 165
- Хохлов А.М., Барановский Д.І. Phylogenetic analysis of asian and european origin swine population genome
- Эйгес Н.С., Волченко Г.А., Волченко С.Г. Изучение возможностей прогнозирования эффективности мутагенных воздействий на примере озимой мягкой пшеницы 171
- Эйгес Н.С., Волченко Г.А., Волченко С.Г. Study the possibilities of prognosis the effectiveness of mutagenic influences on the example of winter wheat

АНАЛІЗ ТА ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНИХ РЕСУРСІВ

- Бугайов В.Д., Горенський В.М., Мамалига В.С. Оцінка генофонду люцерни та його використання в селекції за умов підвищеної кислотності ґрунтів 176
- Бугайов В.Д., Горенський В.М., Мамалига В.С. Estimation of alfalfa gene pool and its use for selection in conditions of increased soil acidity
- Козуб Н.О., Созінов І.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Генетична колекція *Aegilops biuncialis* Vis. 181
- Козуб Н.О., Созінов І.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Genetic collection of *Aegilops biuncialis* Vis.

EVALUATION AND ESTIMATION OF THE GENETIC RESOURCES

- Бугайов В.Д., Горенський В.М., Мамалига В.С. Оцінка генофонду люцерни та його використання в селекції за умов підвищеної кислотності ґрунтів 176
- Бугайов В.Д., Горенський В.М., Мамалига В.С. Estimation of alfalfa gene pool and its use for selection in conditions of increased soil acidity
- Козуб Н.О., Созінов І.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Генетична колекція *Aegilops biuncialis* Vis. 181
- Козуб Н.О., Созінов І.О., Бідник Г.Я., Дем'янова Н.О., Блюм Я.Б., Созінов О.О. Genetic collection of *Aegilops biuncialis* Vis.

- Лавров В.В., Блінкова О.І., Мірошник Н.В., Іваненко О.М. Синекологічні засади діагностики трансформації структурно-функціональної організації лісових екосистем в аспекті еволюції 186 *Lavrov V., Blinkova O., Miroshnyk N., Ivanenko O.* Synecological principles of diagnostics of transformation of structural and functional organization of forest ecosystems in the evolutionary aspect
- Мамедова А.Д., Алієв Р.Т., Мамедова З.Б., Ісламова Ф.М. Изучение биологических и основных хозяйственно-ценных признаков коллекционных сортов-образцов хлопчатника вида *G. barbadense* L. 191 *Mammadova A.D., Aliyev R.T., Mammadova Z.B., Islamova F.M.* The study of biological and main agriculturally important traits in collected varieties of *Gossypium barbadense* L. cotton
- Паренюк О.Ю., Шаванова К.С., Ілєнко В.В., Самофалова Д.О., Гудков І.М. Мікробіом ґрунту «рудого лісу»: як вплинуло забруднення радіонуклідами на структуру ґрунтової мікрофлори? 194 *Parenjuk O., Shavanova K., Illienko V., Samofalova D., Gudkov I.* «Red forest» soil microbiome: how does radionuclide contamination affect the structure of soil microflora?
- Радченко О.М., Дикун М.О., Сірант Л.В. Стійкість до передзбирального проростання у сортів м'якої пшениці 198 *Radchenko O.M., Dycun M.O., Sirant L.V.* Pre-harvest sprouting resistance the varieties of soft wheat
- Твердохлеб Е.В., Богуславский Р.Л., Акинина Г.Е., Попов В.Н., Анциферова О.В., Шелякина Т.А., Ильченко Н.К. Генетическое разнообразие культурных диплоидных видов пшеницы по ISSR-маркерам 201 *Tverdokhlebo E.V., Boguslavskiy R.L., Akinina G.Ye., Popov V.N., Antsiferova O.V., Shelyakina T.A., Il'chenko N.K.* Genetic diversity of cultural diploid wheat species inferred from the variation of ISSR-markers
- Шамилов Э.Н., Абдуллаев А.С., Кулиев Г.Н., Мамедрзаева Е.Т., Керимова З.М., Азизов И.В., Мамедов Г.М., Мурадов П.З. Эколого-морфологическая характеристика *Microtus socialis* центральной части южного склона Большого Кавказа Азербайджана 205 *Shamilov E.N., Abdullaev A.S., Guliyev G.N., Memmedrzayeva E.T., Kerimova Z.M., Azizov I.V., Mamedov G.M., Muradov P.Z.* Ecological and morphological characteristics of *Microtus socialis* from the central part of the southern slope of the Greater Caucasus in Azerbaijan
- Шыш С.Н., Скаковский Е.Д., Тычинская Л.Ю., Шутава А.Г., Спиридович Е.В. Биологически активные вещества перспективных видов *Nigella* L. и их изменения при обработке электромагнитным излучением 211 *Shysh S.N., Skakovskii E.D., Tychinskaya L.Yu., Shutava H.G., Spiridovizh E.V.* Biologically active compounds of perspective *Nigella* L. species and their changes under electromagnetic radiation
- ГЕНЕТИКА ЛЮДИНИ ТА МЕДИЧНА ГЕНЕТИКА**
- Акуленко О.А., Коцаренко К.В., Лило В.В., Черных С.І., Лукаш Л.Л. Зміна експресії репаративного ензиму MGMT та білка MARP при спільній дії цитокіну IFN- α 2b та алкілувальної сполуки MNNG на клітини людини *in vitro* 215 *Akulenko O.A., Kotsarenko K.V., Lylo V.V., Chernykh S.I., Lukash L.L.* Changes in expression of repair enzyme MGMT and protein MARP under the mutual action of cytokine IFN- α 2b and alkylating agent MNNG on human cells *in vitro*
- Балацький В.В., Акіменко І., Мацевич Л.Л., Півень О.О., Лукаш Л.Л. Альфа-Е-катенін у гістологічних перебудовах міокарда при старінні 219 *Balatskiyy V.V., Akimenko I., Macewicz L.L., Piven O.O., Lukash L.L.* Alpha-E-catenin in histological reconstruction of myocardium with aging
- Гонтарь Ю.В., Лакно Я.В., Ильин И.Е., Федота А.М. Анализ связи количественных характеристик женщин и полученных от них эмбрионов в программах ВРТ 223 *Gontar J.V., Lakhno Yu.V., Ilyin I.E., Fedota O.M.* The analysis of the relationship of women quantitative characteristics and their received embryos in assisted reproduction programs
- Горпинченко М.Ю., Атраментова Л.О. Показник «індекс місця» для локальних популяцій районного рівня (на прикладі Одеської області) 227 *Gorpynchenko M.Yu., Atramentova L.A.* Index «location indexes» for local populations district level (for example, the Odessa region)
- Жилкова Е.С., Чумакова Н.А., Тищенко А.А., Фесков А.М., Федота А.М. Анализ связи фрагментации ДНК и анеуплоидий спермы с параметрами ранних эмбрионов 231 *Zhylkova I.S., Chumakova N.O., Tischenko O.O., Feskov O.M., Fedota O.M.* Analysis of correlation of DNA fragmentation and aneuploidy in sperm with parameters of early embryos

- Курінний Д.А. Модифікація астаксантином радіаційно-індукованої хромосомної нестабільності в соматичних клітинах людини *in vitro* 236 Kurinnyi D.A. Modification of radiation-induced chromosome instability in human somatic cells *in vitro* using astaxanthin
- Міщук Я.М., Серга С.В., Стаховський Е.А., Вітрук Ю.В., Кононенко А.А., Шкляр С.С., Демидов С.В., Козерецька І.А. Соматична мутація R248C (742 C>T) гена *FGFR3* за раку сечового міхура 239 Mishchuk Ya.M., Serga S.V., Stakhovskiy E.A., Vitruk Yu.V., Kononenko A.A., Shklyar S.S., Demydov S.V., Kozeretetska I.A. *FGFR3* R249C (742 C>T) mutation in patients with bladder cancer
- Пальчевська О.Л., Хазєєва А.А., Мачушинець Н.В., Рубан Т.П., Мацевич Л.Л., Півень О.О. Вплив делеції гена β -катеніну на морфологію та фізіологію кардіомиоцитів за умов дії стимуляторів гіпертрофії 242 Palchevska O.L., Hazeeva A., Machushynets N.V., Ruban T.P., Macewicz L.L., Piven O.O. The effect of β -catenin deletion on morphology and physiology of cardiomyocytes under the conditions of hypertrophy stimulation
- Пискун Р.П., Савицкая Е.А., Лилевская А.А., Климчук И.Н. От генетики человека до генной терапии – эволюция понятий и терминов, знаний и практик 248 Piskyn R.P., Savitska E.A., Lilevska A.A., Klymchuk I.N. From human genetics to gene therapy – the evolution of terms and concepts, knowledge and practices
- Тиркус М.Я., Макух Г.В., Тенета М.М., Шуварська В.І., Заставна Д.В. Генетичний аналіз поліморфізму Val89Leu гена *SRD5a2* та гена *SRY* у пацієнтів з порушенням диференціації статі 253 Tyrkus M., Makukh H., Teneta M., Shuvarska V., Zastavna D. Genetic analysis of polymorphism of Val89Leu of *SRD5a2* and *SRY* genes in patients with disorders of sex differentiation
- Федота А.М., Роценюк Л.В., Горайчук І.В., Тызженко Т.В., Адмакіна А.В. Аналіз однонуклеотидних поліморфізмів генів *MTHFR* і *MTRR* у больних псоріазом 257 Fedota O.M., Roschenyuk L.V., Goraichuk I.V., Tyzhnenko T.V., Admakina A.V. Analysis of SNP's of *MTHFR* and *MTRR* genes in patients with psoriasis
- Шустикова М.В. Пол потомков как фактор пластичности фенотипов агрессивности родителей 262 Shustikova M.V. The sex of offspring as a factor of parents aggression phenotypes plasticity

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРА ВИДА *MACROSIPHUM GEI* KOCH, 1855, В БЕЛАРУСИ

В настоящее время в мире зарегистрировано большое количество видов и подвидов насекомых, многие из которых принадлежат к числу опасных вредителей сельскохозяйственных, плодово-ягодных, лекарственных и декоративных растений. Огромный интерес среди них представляют настоящие тли, освоившие практически все виды растений в качестве кормовых объектов [1].

Как известно, тли – это группа насекомых, относящаяся к числу наиболее жестко детерминированных в отношении выбора растения-хозяина. Отношения тлей и их кормовых растений во многом близки к отношениям «паразит – хозяин», причем степень зависимости тлей от наличия кормового растения конкретного вида на «правильной» стадии вегетативного цикла граничит с возможностью биологического выживания. Тем не менее, эта зависимость не абсолютна. Большинство известных видов тлей являются олигофагами и способны питаться на нескольких растениях близких родов. Эта способность позволяет тлям при благоприятных условиях мигрировать на другие растения того же семейства, формировать необходимые адаптации под действием жесткого движущего отбора и в итоге расширять спектр доступных кормовых ресурсов [2]. Как принято считать, именно такого рода процессы приводят к появлению новых подвидов, а при возникновении экологической изоляции – и видов тлей.

В середине XX века советский энтомолог Г.Х. Шапошников провел ряд экспериментов по смене кормовых растений у трех видов тлей. В результате было установлено, что искусственные пересадки тлей с типичного кормового растения на систематически близкое, но не входящее в перечень кормовых растений, через несколько поколений приводит к формированию морфологически измененной, репродуктивно изолированной формы. Предполагается, что это возможно благодаря облигатному партеногенезу, что приводит к быстрому отбору не отдельных

особей, а целых клонов мутантов, несущих важные адаптивные признаки. В природе процессы видообразования у тлей могут протекать по сходному сценарию. После длительного периода адаптации к новому кормовому растению может происходить изоляция отдельных форм, ассоциированных с разными кормовыми растениями, что приводит к внутривидовому полиморфизму или образованию новых видов [3]. Поскольку процессы, сходные с видообразованием у тлей, можно наблюдать, что называется, в эксперименте, можно сказать, что тли являются интересным и важным объектом для изучения микроэволюционных процессов у насекомых.

При изучении процессов видообразования у насекомых используют молекулярно-генетические маркеры, представляющие собой частичные последовательности более или менее консервативных областей генома. Митохондриальная ДНК – часть генома, наиболее широко используемая для дифференциации видов животных, а также для анализа внутривидового полиморфизма. Однако известно, что консервативность этой области генома у тлей настолько велика, что гомология ортологичных последовательностей у видов одного рода может достигать 99%, что не позволяет достоверно оценить изменения, происходящие на внутривидовом уровне [4]. Близкородственные виды тлей, подвергшиеся дивергенции сравнительно недавно, требуют привлечения более вариабельных ДНК-маркеров. В настоящее время для изучения внутривидовых процессов наиболее востребованы микросателлитные повторы (STR), представляющие собой области тандемно повторяющихся ди-, три- или тетра-нуклеотидных мотивов, равномерно диспергированных в эухроматиновой части геномов эукариот. Эти маркеры используются при проведении детального анализа популяционной и видовой структуры у тлей, а также для выявления различий между популяциями, видами или единичными особями [5].

Для изучения процессов видообразования в связи с ассоциацией с конкретным кормовым растением нами был выбран в качестве модельного вид тлей *Macrosiphum gei* Koch, 1855, состоящий в Беларуси из комплекса форм, связанных с разными кормовыми растениями. В наших ранних работах мы показали, что в Беларуси эти тли ассоциированы с гравилатом городским (*Geum urbanum* L.), бутеном ароматным (*Chaerophyllum aromaticum* L.), снытью обыкновенной (*Aegopodium podagraria* L.) и купырем лесным (*Anthriscus sylvestris* L.), причем как морфологически, так и по последовательности митохондриального гена субъединицы 1 цитохром-с-оксидазы (COI) формы, собранные с разных кормовых растений, явственно различаются. Мы предположили, что в настоящее время происходит дивергенция этого вида тлей на несколько самостоятельных групп в соответствии с предпочитаемым кормовым растением, поскольку все четыре растения существенно различаются составом вторичных метаболитов [6]. По нашему мнению, наличие в перечне вторичных метаболитов бутеня ароматного большого числа токсичных для насекомых веществ может быть причиной изоляции линий, питающихся на бутене. Однако поскольку, как было сказано, последовательность гена COI из-за чрезвычайно высокой консервативности не всегда отображает процессы, проходящие на внутривидовом уровне, в рамках настоящего исследования мы изучили генетическую структуру вида и изменчивость тлей *M. gei*, ассоциированных с четырьмя разными кормовыми растени-

ями, с использованием, в первую очередь, данных микросателлитного анализа.

Материалы и методы

Сборы тлей исследуемого вида проводили на протяжении 6 последовательных лет (2009–2015 гг.) на модельной территории, а именно на территории памятника природы «Дубрава» (Минский р-н, Беларусь) с четырех разных кормовых растений: гравилата городского, бутеня ароматного, сныти обыкновенной и купыря лесного.

Для выделения ДНК использовали набор DNA Purification Kit (Thermo scientific), адаптировав методику производителя для работы с единичными насекомыми.

Аmplification гена COI провели с использованием праймеров, представленных в табл. 1 [7, 8]. В результате амплификации участка COI были получены фрагменты длиной 453 п.н. в области с 79 по 531 нуклеотид полного гена. ПЦР осуществляли в режиме: 94 °C – 3 мин; 35 циклов по 94 °C – 20 сек, 50 °C – 30 сек, 72 °C – 90 сек; 72 °C – 5 мин. Для микросателлитного анализа использовали праймеры, предложенные Рабуди и соавторами [9] (табл. 1). ПЦР для получения STR-фрагментов проводили в режиме: 94 °C – 2 мин; 40 циклов по 94 °C – 1 мин, 54 °C – 1 мин, 72 °C – 1 мин; 72 °C – 5 мин. Реакционная смесь содержала в 25 мкл: 200 мкМ dNTP, 1 мМ праймера, 2,5 мМ MgCl₂, 1 × Taq Buffer (10 мМ Tris-HCl, 50 мМ KCl, 0,8% Nonidet P40), 1U Taq-полимеразы, 0,5 мкг ДНК-матрицы.

Таблица 1

Праймеры, использованные в исследовании

Праймеры, использованные для получения фрагмента COI		
Название	Последовательность, 5'–3'	
HCO2198	TAAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA	
LCO1490	GGTCAACAATCATAAAGATATTGG	
LepR	ATTCAACCAATCATAAAGATATTGG	
LepF	TAAACTTCTGGATGTCCAAAAAATCA	
Праймеры, использованные для получения STR-фрагментов		
Название	Мотив локуса	Последовательность, 5'–3'
Me1	(GT)17	TTCGCGAAAACTTTATGACC TCGCTGCGTTCCTATACTACC
Me5	(CT)14	GCAAATATTAAGGGTACAG CCAATTAAACAACCTTCGTGG
Me7	(AC)13	TTAAGTCACTGCCGGTTTCG ATTAGCTCGAGCTCGTAC
Me9	(TG)14	AGCGAAACCTCCCCTAATAG GCACAAATAAGCTCGAGTGC

Секвенирование ПЦР-продуктов провели специалисты компании Macrogen (Нидерланды) и Центра ДНК-штрихкодирования Института биоразнообразия Онтарио при университете Гуэлфа (Канада) с использованием тех же праймеров, что были применены для получения фрагмента. Учитывая, что последовательность гена COI у тлей обладает крайне низкой внутривидовой вариабельностью, последовательность COI была расшифрована для 4 имаго с каждого кормового растения, причем для забора материала использовали пространственно удаленные кормовые растения.

Множественное выравнивание, статистический анализ последовательностей и построение дендрограммы провели в программе MEGA6. Выравнивание последовательностей осуществили по алгоритму MUSCLE, процент нуклеотидного сходства рассчитали как отношение числа вариабельных сайтов к общей длине последовательности, филогенетическое дерево построили с использованием метода максимального правдоподобия (ML). При построении дендрограммы использовали последовательности других видов тлей, полученные из GenBank (коды последовательностей приведены в тексте). Определение длин STR фрагментов провели по электрофореграммам ПЦР-продуктов с использованием программы GelQuest 3.2.1. В приложении ClusterVis программы GelQuest построили бинарную дистанционную матрицу на основе взвешенных Эвклидовых дистанций. Статистическую обработку результатов выполнили в приложении ClusterVis методом Principal Coordinates Analysis (PoA).

Результаты и обсуждение

Как указывалось выше, *M. gei* в условиях Беларуси регистрируется на четырех растениях, отличающихся содержанием токсичных веществ, причем в листьях бутеня ароматного содержание токсичных веществ выше, чем в листьях гравилата городского, сныти обыкновенной или купыря лесного [6], что может препятствовать мигра-

ции тлей с других растений на бутень ароматный и, в конечном счете, привести к изоляции линий, питающихся на этом растении. В этом случае можно ожидать, что на разных кормовых растениях у образцов *M. gei* будут выявляться разные гаплотипы гена субъединицы I цитохром-с-оксидазы (COI), поскольку у тлей митохондриальный геном отличается строгой материальной передачей.

Как показывают проведенные ранее исследования, тли обладают крайне низким числом внутривидовых гаплотипов COI, обычно не превышающим 5 [10]. Гаплотипы COI у тлей чрезвычайно стабильны и не имеют географической приуроченности. В настоящее время 8 из размещенных в международных базах данных последовательностей COI *M. gei* получены нами (4 – в предыдущие годы и 4 – в рамках настоящего исследования) и одна последовательность депонирована исследователями из Великобритании. В результате нашей работы у *M. gei* всего было выявлено 2 гаплотипа COI, причем один был отмечен у тлей, собранных с более токсичных растений (а именно, с бутеня ароматного и сныти обыкновенной), а второй – менее токсичных (купыря лесного и гравилата городского) (рис. 1). Последовательности COI тлей с гравилата городского и купыря лесного отличались от последовательностей тлей с бутеня ароматного и сныти обыкновенной одной синонимичной нуклеотидной заменой: 84G↔A. Парные внутривидовые генетические дистанции между сравниваемыми последовательностями варьировали от 0,000 до 0,003 (стандартное отклонение 0,0013), причем максимальное генетическое расстояние наблюдалось между образцами, собранными с гравилата городского и бутеня ароматного.

На рис. 2 представлена дендрограмма филогенетических взаимоотношений по последовательности гена COI некоторых тлей рода *Macrosiphum* с видом *Acyrtosiphon pisum* Harris, 1776, использованным в качестве внешней группы.

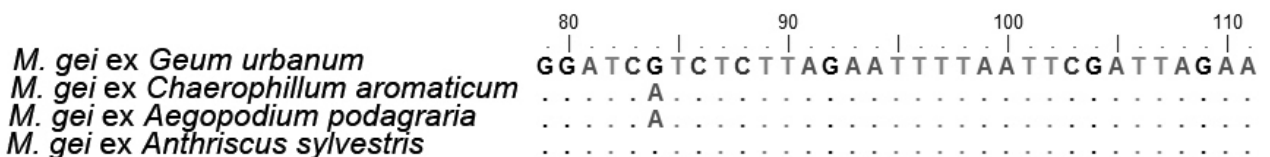


Рис. 1. Участок последовательности COI тлей *Macrosiphum gei* Koch, коллектированных с разных кормовых растений, содержащий нуклеотидные замены

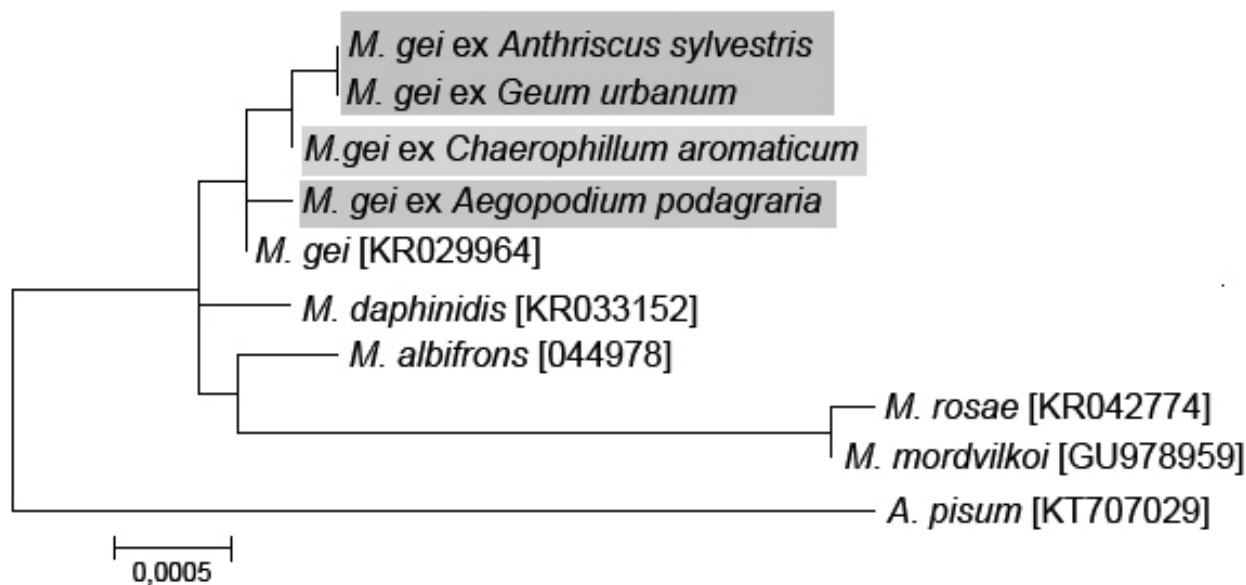


Рис. 2. Дендрограмма филогенетических взаимоотношений видов тлей рода *Macrosiphum*, построенная с использованием метода максимального правдоподобия (ML)

На дендрограмме все образцы *M. gei* образовали единую группу. Дополнительная последовательность, полученная исследователями Великобритании, также не отличалась от «белорусских», несмотря на географическую удаленность.

Сравнительный анализ микросателлитных локусов «белорусских» тлей *M. gei* провели по четырем низкоаллельным локусам (табл. 1), из которых наиболее вариабельными оказались локусы Me7 и Me9, в то время как по локусу Me1 вариабельности выявлено не было. Образцы тлей, собранные со всех кормовых растений, имели одинаковую длину STR-фрагментов по локусу Me1 (150 п.н.), в то время как по локусам Me5 (100–110 п.н.), M7 (179–190 п.н.) и Me9 (150–160 п.н.) размеры фрагментов незначительно варьировали. У образцов, собранных с бутеня ароматного, длины фрагментов отличались по двум локусам, а именно Me7 (200–240 п.н.) и Me9 (180–200 п.н.). В настоящем исследовании

не было выявлено носителей уникальных аллелей среди образцов *M. gei* ни по одному из исследованных локусов.

Среди четырех исследованных форм *M. gei* наибольший интерес, по нашему мнению, представляют тли с гравилата городского – титульного кормового растения *M. gei* и бутеня ароматного как растения, наиболее отличающегося по составу вторичных метаболитов от гравилата городского. Для того чтобы оценить уровень различия между этими тлями, мы рассчитали парные генетические дистанции отдельно для образцов тлей *M. gei*, коллектированных в Беларуси с гравилата городского и бутеня ароматного (табл. 2).

Как оказалось, значения генетических дистанций по каждому локусу между образцами с бутеня ароматного незначительно превышали значения генетических дистанций между образцами, собранными с гравилата городского, однако эти различия находились в пределах статисти-

Таблица 2

Генетические дистанции, рассчитанные по исследованным STR-локусам, между *Macrosiphum gei* Koch, коллектированными в Беларуси с гравилата городского и бутеня ароматного

Локус	Генетические дистанции	
	сборы тлей с гравилата городского, мин. – макс. (средн.)	сборы тлей с бутеня ароматного, мин. – макс. (средн.)
Me5	0,00000–0,66667 (0,45006)	0,00000–0,67937 (0,43861)
Me7	0,00000–0,59914 (0,42408)	0,00000–0,60945 (0,43885)
Me9	0,00000–0,66667 (0,44946)	0,00000–0,69749 (0,46951)

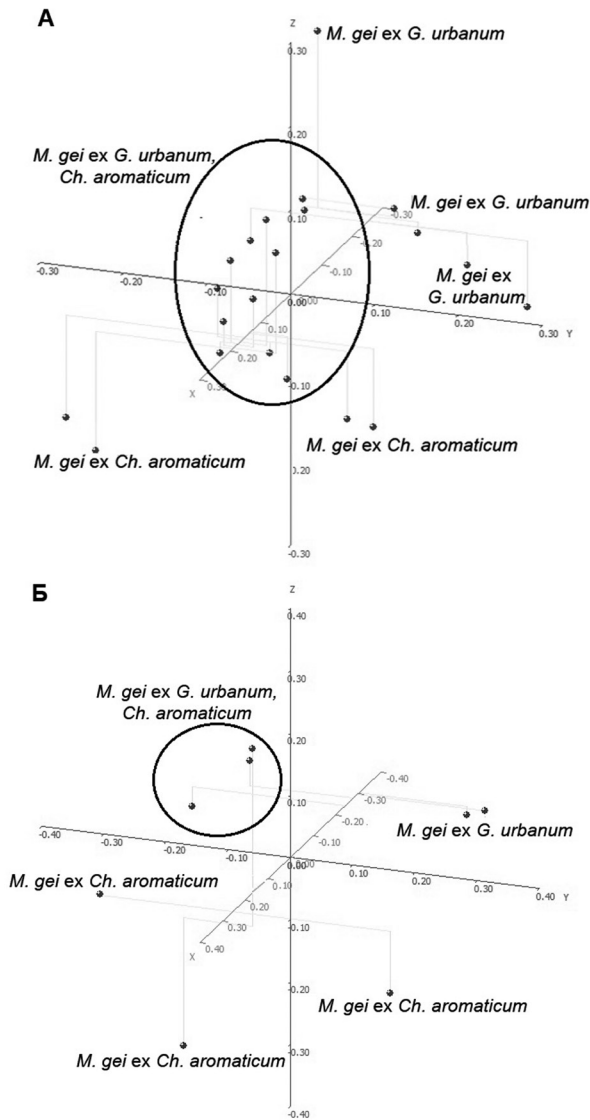


Рис. 3. Результаты анализа сходства микросателлитных локусов Me7 и Me9 тлей *Macrocephalus gei* Koch

ческой ошибки. Полученные данные свидетельствуют об общем низком уровне генетической вариабельности по всем STR-локусам у тлей *M. gei*.

Результаты координатного анализа всей выборки по локусам Me7 и Me9 показали, что образцы, собранные с гравилата городского и бутеня ароматного, на графике могут образовывать единую группу (рис. 3). Это указывает на отсутствие принципиальных различий по количеству аллелей, длине STR-локусов и значениям генетических дистанций между этими образцами. Кроме того, на графике обнаруживаются отделившиеся от группы единичные образцы, среди которых были как принадлежащие к форме с бутеня ароматного, так и образцы с гравилата городского. В общем случае по STR-локусам тли с бутеня ароматного оказались несколько более вариабельны, чем тли с гравилата городского. Исключение составил локус Me5.

Выводы

Тли *M. gei* в условиях Беларуси образуют комплекс, внутри которого выделяются формы, ассоциированные с конкретными кормовыми растениями и демонстрирующие некоторые генетические различия. Всего в Беларуси у *M. gei* было выявлено 2 гаплотипа COI, причем один был отмечен у тлей, собранных с бутеня ароматного и сныти обыкновенной, т.е. растений с высоким содержанием токсичных вторичных метаболитов, а второй – у насекомых с купыря лесного и гравилата городского, для которых ранее было показано меньшее содержание веществ с инсектицидной активностью. Анализ последовательностей COI показал высокий процент сходства (98%) между образцами, собранными со всех четырех кормовых растений.

Анализ микросателлитных локусов указывает на наличие генетических различий по двум локусам (Me7 и Me9) между образцами, собранными с гравилата городского и бутеня ароматного. Уровень генетической вариабельности по всем STR-локусам у тлей *M. gei*, собранных с разных кормовых растений, был невысоким.

ЛИТЕРАТУРА

1. Буга С.В. Тли (Homoptera, Aphididae) – вредители традиционных плодовых культур в условиях Беларуси: современное состояние и тенденции изменения состава и вредоносности // Плодоводство и ягодоводство России. – 2013. – 36, № 1. – С. 64–69.
2. Thieme T., Truberg B., Dixon A.F.G. Phenotypic plasticity in the response of aphids to host plant quality // European Journal of Environmental Sciences. – 2014. – 4, № 2. – P. 92–96.
3. Шапошников Г.Х. Специфичность и возникновение адаптации к новым хозяевам у тлей (Homoptera, Aphidoidea) в процессе естественного отбора (экспериментальное исследование) // Энт. обозр. – 1961. – XL, № 4. – С. 739–762.
4. Lagos-Kutz D., Favret C., Giordano R., Voegtlin D.J. Molecular and morphological differentiation between *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera, Aphididae) and related species, with particular reference to the North American Midwest // Zookeys. – 2014. – 459. – P. 49–72.
5. Margaritopoulos J.T., Malarky G., Tsitsipis J.A., Blackman R.L. Microsatellite DNA and behavioral studies provide evidence of host-mediated speciation in *Myzus persicae* (Hemiptera: Aphididae) // Biological J. of the Linnean Society. – 2007. – 91, № 4. – P. 687–702.
6. Воронова Н.В., Буга С.В., Курченко В.П. Генетический полиморфизм в комплексе *Macrosiphum gei* Koch, 1855 (Rhynchota: Homoptera: Aphididae) // Труды БГУ. Серия «Генетика». – 2010. – 5, ч. 1. – С. 171–177.
7. Folmer O., Black M., Hoeh W., Lutz R., Vrijenhoek R. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates // Molecular Marine Biology and Biotechnology. – 1994. – 3, № 5. – P. 294–299.
8. Hajibabae M., Janzen D.H., Burns J.M., Hallwachs W., Hebert P.D.N. DNA barcodes distinguish species of tropical Lepidoptera // Proceedings of the National Academy of Sciences. – 2006. – 103. – P. 968–971.
9. Raboudi F., Marrakchi M., Chavigny P., Vanlerberghe-Masutti F. Characterization of polymorphic microsatellite loci in the aphid species *Macrosiphum euphorbiae* (Hemiptera: Aphididae) // Molecular Ecology Notes. – 2005. – 5, № 3. – P. 490–492.
10. Воронова Н.В., Буга С.В., Курченко В.П. Выявление криптических подвидов в эволюционно молодых группах тлей (Rhynchota: Homoptera: Aphididae) с использованием гена субъединицы I цитохромоксидазы с (*COI*) в качестве филогенетического маркера // Доклады НАН Беларуси. – 2011. – 55, № 3. – С. 97–102.

VARABYOVA M.M., SUPRANOVICH P.K., VORONOVA N.V.

Belarusian State University,

Belarus, 220045, Minsk, Kurchatova str., 10, e-mail: varabmm@bsu.by

GENETIC STRUCTURE OF SPECIES OF *MACROSIPHUM GEI* KOCH, 1855, IN BELARUS

Aim. Aphids *Macrosiphum gei* Koch, 1855, are interesting objects for studying of speciation processes, because they are represented as a complex of forms in Belarus, that associated with different forage plants, viz *Geum urbanum* L., *Chaerophyllum aromaticum* L., *Aegopodium podagraria* L., *Anthriscus sylvestris* L. Moreover, according to previously conducted studies, these forms differ in morphological signs and mitochondrial sequences gene COI. **Methods.** Methods for analysis of non-coding (STR) and highly conserved (COI) DNA were used to study the level of genetic structure of species and variability of aphids *M. gei*. **Results.** The analysis of nucleotide sequences of COI aphids, collected from different forage plants, revealed two haplotypes. The first one was seen in aphids collected from *Ch. aromaticum* and *A. podagraria*, and the second one was seen in aphids collected from *G. urbanum* and *A. sylvestris*. In the analysis of phylogenetic relationships determined that the aphid *M. gei* generates a complex inside of which different forms educes, that are associated with different forage plants. The analysis of microsatellite loci is an evidence of genetic differences between the samples collected from *Ch. aromaticum* and *G. urbanum*. **Conclusions.** These results allow us to assume that there is a currently divergence of aphids *M. gei* several independent groups in accordance with the preferred food plant.

Keywords: aphids, *Macrosiphum gei* Koch, genetic variability, microsatellite loci, COI.