

ДО 90-ЛІТТЯ ВІД ЧАСУ ЗАСНУВАННЯ НАЦІОНАЛЬНОЇ АКАДЕМІЇ НАУК УКРАЇНИ

## Розвиток генетики в Національній академії наук України. 3. Сучасний стан генетичних досліджень

В. А. Кунах

Інститут молекулярної біології і генетики НАН України  
Вул. Академіка Заболотного, 150, Київ 03680, Україна

kunakh@imb.org.ua

---

*Коротко охарактеризовано основні тенденції сучасних генетичних досліджень. Представлено ключові напрями і головні досягнення генетичних і генетико-селекційних досліджень у системі НАН України на сучасному етапі. Проаналізовано наукову діяльність деяких науково-дослідних інститутів і провідних генетиків України.*

*Ключові слова: історія науки, історія генетики в СРСР, генетика і селекція в Україні, історія НАН України.*

---

Сучасна генетика характеризується все глибшим її проникненням в усі галузі біологічної науки, охорони довкілля, медицини тощо, що зумовлено бурхливим розвитком молекулярних методів дослідження спадковості і мінливості, структурно-функціональної організації генетичного матеріалу, міжгенної взаємодії та ін. Виникли такі нові напрями, як геноміка та функціональна геноміка, протеоміка, біоінформатика, молекулярні, генні та клітинні технології і т. п. В усьому діапазоні областей сучасної біології не залишилося жодної, де б не знайшли свого застосування ДНК-технології.

ДНК-технології включають методи клонування ДНК, ідентифікації генів, секвенування і синтез олігонуклеотидів, спрямованого мутагенезу ДНК,

оптимізації експресії синтезованих молекул ДНК, технологію рекомбінантної ДНК і способи введення останньої у живі клітини. Сутність геномної ДНК-технології полягає в цілеспрямованій перебудові геному організмів аж до створення нових видів. Практичне застосування рекомбінантних ДНК з різноманітних джерел становить основу рекомбінантної ДНК-технології. Теоретично всі структурні гени організмів (рослин, тварин, грибів, мікроорганізмів, людини) є доступними для експериментального аналізу. Тому за допомогою ДНК-технологій відкриваються перспективи одержання різноманітних речовин, необхідних для господарчого виробництва і людини.

Наразі ДНК-технології широко застосовують для розробки способів управління потоком генетичної інформації (селекція за допомогою молеку-

лярно-генетичних маркерів – MAS, для чого здійснюється картування, маркування головних генів кількісних ознак – QTL; збереження біорізноманіття на основі використання молекулярно-генетичних маркерів; розробка генетично обґрунтованих програм збереження, розведення (розмноження) і підбору батьківських форм тварин і рослин з урахуванням даних екологічної генетики), при створенні нових форм організмів, особливо тварин і рослин, для отримання «біореакторів» (продуцентів терапевтично важливих для людини речовин, зокрема білків), для вивчення генетичних механізмів розвитку і попередження різноманітних захворювань (онкопатологій, стійкості до канцерогенезу, різноманітних моно- і полігенних генетичних захворювань, підвищення ефективності ксеногенної трансплантації органів, генної і клітинної терапії з використанням соматичних і стовбурових клітин, у тому числі трансгенних), а також для фундаментальних досліджень, особливо міжгенної взаємодії (створення генних конструкцій із включенням структурно-функціональних елементів та аналіз впливу їхніх регуляторних ефектів на експресію різноманітних генів) тощо.

Останнім часом різко зріс інтерес до такого порівняно нового напрямку, як епігенетика, – розділу генетики, що вивчає формування і спадкове передавання специфічного функціонального стану геному. Епігенетика на відміну від класичної генетики (менделізму) вивчає спадковість не у статі (кількість одиниць спадковості, їхня локалізація у хромосомах, аналіз рекомбінаційних подій, нуклеотидних послідовностей в молекулах ДНК і РНК тощо), а в їхній динаміці (зміни і новоутворення, що відбуваються в самих одиницях спадковості протягом індивідуального розвитку особин). Оскільки такі набуті протягом онтогенезу ознаки можуть передаватися в спадок (наприкладі деяких рослин це вже науково доведений факт), що вступає у певне протиріччя із постулатами синтетичної теорії еволюції, то вивчення епігенетичної мінливості сучасними методами має важливе як загальнобіологічне та світоглядне, так і практичне значення, зокрема, для селекції. Все більше даних свідчать про те, що й канцерогенез може бути наслідком епігеномних змін соматичних клітин.

Практично всі зазначені напрями тією чи іншою мірою розвиваються і в Україні, перш за все, у системі закладів Національної академії наук. У біологічних відділеннях НАН України такі роботи розвивалися протягом 2000–2005 рр. у рамках цільових програм фундаментальних досліджень «Фізіолого-біохімічні та молекулярно-генетичні основи функціонування живих систем і розробка принципів керування ними» і «Генетична і клітинна інженерія як основа нової «Зеленої революції» в рослинництві», а з 2006 року – у рамках програм «Фундаментальні основи геноміки та протеоміки» і «Збереження біорізноманіття та його відтворення на основі біомаркерів, геноміки та біотехнологій». Започатковано вивчення фундаментальних засад генної терапії та з'ясування молекулярних, генетичних і клітинних особливостей онкогенезу для створення методів ранньої діагностики та нової стратегії терапії злоякісного процесу.

Для подальшої стимуляції досліджень у цих напрямках Президія НАН України заснувала у 2003 р. премію імені С. М. Гершензона за наукові роботи в галузі молекулярної біології та молекулярної генетики, яка присуджується раз на два роки. (Першим лауреатом премії ім. С. М. Гершензона стала в 2005 р. член-кореспондент НАН України А. В. Риндич за цикл робіт «Структура і експресія еукаріотичних і вірусних генів»). У 2007 р. цю премію присуджено також співробітникам Інституту молекулярної біології і генетики НАН України (ІМБіГ НАН України) – Л. А. Лівшиць та Л. Л. Лукаш за цикл праць «Мутаційний процес у популяціях клітин ссавців і природа генних мутацій, що спричиняють тяжкі спадкові захворювання людини».)

Провідним науковим закладом у розвитку перелічених та інших пріоритетних наукових напрямів генетики залишається ІМБіГ НАН України (директор академік НАН України Г. В. Єльська).

У відділі генетики клітинних популяцій ІМБіГ, яким завідує член-кореспондент НАН України В. А. Кунах, на основі методу пульс-електрофорезу розроблено підхід, що дозволяє аналізувати ДНК на рівні петлевих доменів хроматину, які формуються завдяки специфічній взаємодії ДНК і білків ядерного матриксу. Вперше встановлено, що різні геномні послідовності мають специфічну

організацію у вигляді петлевих доменів хроматину певних розмірів, а характер розщеплення ДНК топоізомеразою II на петлеві домени змінюється залежно від фізіологічної активності клітин. Показано, що в проліферативно неактивних клітинах зростає доступність асоційованих з матриксом ділянок для нуклеаз.

При старінні, наприклад, насіння жита разом із втратою схожості відбувається падіння активності ДНК-топоізомерази II. Остання відіграє важливу роль у процесах синтезу ДНК і РНК, репарації, необхідна для нормального розходження дочірних хромосом. Втрата активності цього ферменту в старому насінні може спричинити значні зміни в структурно-функціональній організації хроматину (В. А. Кунах, В. Т. Солов'ян, І. О. Андреев). Охарактеризовано послідовності ДНК у термінальних ділянках хромосом жита і зроблено картування цих послідовностей за допомогою флуоресцентної гібридизації *in situ* (О. Г. Алхімова). Отримані результати поглиблюють знання щодо ролі структурної організації ДНК у функціонуванні геному і мають важливе значення для розуміння, зокрема, процесів та механізмів старіння.

Продовжується вивчення причин, механізмів і способів регуляції структурно-функціональної мінливості геному в клітинних популяціях *in vitro* та *in vivo*, а також розробка на цій основі генетичних основ клітинної біотехнології. Показано, що культура клітин і тканин є зручною моделлю для дослідження мінливості рослинного геному за норми та в процесі адаптації до нових, зокрема стресових, умов існування. Доведено, що перебування геному (мінливість числа та морфології хромосом, зміни послідовностей ДНК), які відбуваються в клітинних популяціях у процесі їхньої адаптації до умов росту *in vitro*, корелюють з міжвидовими відмінностями, що виникли у рослин під час видоутворення. Припускають, що перебудови геному, які виявляються в культивованих клітинах та в рослинах-регенерантах, підкоряються закону гомологічних рядів у спадковій мінливості М. І. Вавилова. Розмах мінливості може виходити і за межі роду, а серед рослин-регенерантів розмах соматоклональної мінливості лише в окремих випадках переходить межі даного конкретного виду рос-

лин. Висловлено припущення, що в рослинній клітині існують механізми, які забезпечують мінливість її геному за стресових умов і активуються *in vitro*, а культивовані клітини можуть бути основою для реалізації всього спектра генетичних варіантів, існуючих серед споріднених видів (В. А. Кунах, І. О. Андреев, К. В. Спірідонова, В. М. Мельник, Н. М. Страшнюк).

Переглядається усталене уявлення про високий рівень так званої соматоклональної мінливості рослин – мінливості, що спонтанно виникає в культурі ізольованих клітин і тканин. Встановлено, що рівень і розмах молекулярно-генетичної мінливості на відміну від хромосомної, навіть за багаторічного вирощування клітин *in vitro*, може бути значно нижчим порівняно з внутрішньовидовим. Вирощування сформованих клітинних штабів – продуцентів біологічно активних речовин як за стандартних для них умов протягом щонайменше 15 років, так і за зміни умов культивування при переході до великомасштабного вирощування не супроводжується помітними змінами геному на молекулярному рівні (В. А. Кунах, І. О. Андреев, К. В. Спірідонова).

Поглибилися дослідження організації і експресії генів вищих організмів. Зокрема, у відділі біосинтезу нуклеїнових кислот ІМБіГ, очолюваному членом-кореспондентом НАН України В. М. Кавсаном, проводяться роботи з виділення та вивчення еволюції і регуляції експресії генів інсулінової родини. Клоновано гени інсуліну, інсуліноподібних факторів росту I і II лосося та визначено повні нуклеотидні послідовності цих генів і їхніх регуляторних ділянок, що стали першими розшифрованими нуклеотидними послідовностями для генів риб. Порівняльний аналіз дозволив зробити фундаментальні висновки стосовно еволюції даних генів.

Сучасні дослідження у цьому відділі спрямовані на визначення і характеристику потенційних молекулярних маркерів пухлин головного мозку людини та взаємодії цих маркерів з основними сигнальними шляхами в клітині (В. М. Кавсан, В. В. Дмитренко, К. О. Шостак), що необхідно не лише для розуміння процесу канцерогенезу, а й для виявлення механізмів функціонування нормально-

го головного мозку. За допомогою методів так званої «експресійної генетики» визначено близько 100 генів, які змінюють свою експресію більш ніж у 5 разів. Деякі з них є надекспресованими (потенційні онкогени), інші – із зниженою експресією (потенційні пухлиносупресорні гени). Більшість зазначених генів належить лише до кількох різних груп: гени, пов'язані з ангиогенезом, імунною системою, ЕСМ-білками, білками стійкості до ліків, каскадів протеїназ. Встановлено факт зниження експресії всіх мітохондріальних генів у гліобластомі людини – найзловякіснішій гліальній пухлині порівняно з нормальним головним мозком. Це може бути спричинено зниженням транскрипційної активності мітохондріального геному або наслідком підвищення інтенсивності мутацій ДНК (В. В. Дмитренко).

Серед найнадекспресованіших генів у гліобластомах знайдено ген *HC gp-39*, що ініціює клітинну відповідь, дуже схожу до дії IGF-I, участь якого в зловякісній трансформації показано для багатьох пухлин. Продукт цього гена придатний для аналізу стадії зловякісної прогресії астроцитарних гліом або для діагностики гліобластом. Кореляція високого рівня експресії гена з несприятливим перебігом захворювання дозволяє запропонувати його застосування як прогностичного маркера гліом. Виявлено інактивацию в пухлинах головного мозку потенційного супресорного гена *TSC-22* (К. О. Шостак). Генно-інженерні конструкції з *TSC-22* можуть мати практичне використання для генної терапії.

Подальша характеристика генів із зміненою в пухлинних клітинах експресією надасть важливу інформацію для глибшого розуміння виникнення і прогресії зловякісних пухлин. Це має важливе значення для вдосконалення діагностики, виявлення біологічних мішеней при розробці хімотерапевтичних препаратів. Прогностичні маркери були б дуже корисними і необхідними при ідентифікації пацієнтів, яким допомагають специфічні курси лікування.

Основою для розвитку фундаментальних досліджень в онкогенетиці та молекулярній ретровірусології стали також роботи із застосуванням зворотної транскрипції для вивчення структури і функціонування генів. Такі дослідження проводять

у відділі функціональної геноміки (до 2007 р. – відділ молекулярної онкогенетики) під керівництвом члена-кореспондента НАН України А. В. Риндич. Відкрито нові гостротрансформуючі ретровіруси та встановлено невідомі раніше механізми їхнього утворення (Б. А. Яцула, А. А. Михайлик); вперше досліджено шляхи адаптації ретровірусів сарком до неспецифічних хазяїв (В. І. Кашуба); доведено зв'язок експресії онковірусів з їхнього локалізацією в компартментах геному хазяїна, що має принципове значення для розробки ефективних векторів для генної інженерії; визначено існування двох класів ретровірусів за складом основ та показано специфічність їхньої інтеграції у геном хазяїна (С. В. Зубак, Л. О. Циба, Л. Г. Борисенко).

Розвиток досліджень з вивчення організації геному та його експресії дозволив відкрити нові гени, розміщені в ділянках пошкоджень 3-ї та 21-ї хромосом людини, асоційованих з лейкозами. Вперше показано існування нових міжгенних транскриптів 3-ї хромосоми людини, продукти яких представляють собою химерні білки, специфічні для деяких лейкозів (А. В. Риндич, Ю. А. Пекарський, Л. О. Циба, І. Я. Скрипкіна). При лейкозах вірусного походження доведено наявність та детально вивчено гігантські міжгенні транскрипти глобінових генів, які є компонентами ядерного матриксу, що передбачає неканонічні функції РНК. Розроблено мікрочипи на нових основах для аналізу потенційних маркерів епітеліальних пухлин, ендогенних вірусів як маркерів при лейкозах, а також для дослідження транскрипційного статусу низки генних доменів та їхньої регуляції при лейкозах вірусного походження (А. В. Риндич, В. І. Кашуба, І. Я. Скрипкіна, Л. О. Циба, В. В. Гордіюк). Проводяться інтенсивні дослідження регуляції експресії генів, зокрема, генів адапторних білків за участі альтернативного сплайсингу (Л. О. Циба, І. Я. Скрипкіна, О. В. Ніколасенко, Т. А. Грязнова).

Вивчаються особливості функціонування сигнальних систем клітини, а саме – R13/mTor/S6K-сигнального шляху, залученого до регуляції клітинного росту. Ідентифіковано та клоновано нові гени: -ізоформи кінази рибосомного білка S6 (S6K) та CoA-синтази (CoAsy). Виявлено та досліджуються нові сплайсові форми кінази mTor

, S6K та CoAsy, вміст і активність яких у клітині суттєво змінюються залежно від її фізіологічного стану, що спостерігається за різних патологій, у тому числі і при онкопатологіях. У цьому контексті сигнальні молекули, в першу чергу поверхневі рецептори клітини, є надзвичайно привабливими мішенями для імунотерапії онкологічних захворювань. Пошук подібних мішеней проводять із застосуванням технології SEREX (серологічна ідентифікація пухлиноасоційованих антигенів), що базується на серологічному аналізі кДНК-бібліотек генів, створених на основі пухлин людини (В. В. Філоненко, І. Т. Гут).

У відділі молекулярної генетики (завідувач член-кореспондент НАН України С. С. Малюта) однією з моделей вивчення проблеми злоякісної трансформації у людини обрано хронічну мієлоїдну лейкемію (ХМЛ), пов'язану з так званою філадельфійською хромосомою. Метою при вивченні ХМЛ було з'ясування механізмів переходу хронічної форми патології до гострого лімфобластного лейкозу (ГЛЛ), а також пошук засобів їхньої профілактики і терапії. Висунуто і значною мірою підтверджено припущення, що основною причиною переходу ХМЛ у ГЛЛ можуть бути вторинні мутації в транслокованому сегменті філадельфійської хромосоми. Розроблено методологію комплексної молекулярної діагностики цієї патології (С. С. Малюта, Г. Д. Телегєєв).

Під керівництвом члена-кореспондента НАН України, академіка АМН України В. А. Кордюма створено новий напрям – одержання за допомогою генної технології лікарських препаратів на основі принципів фагозалежного суперсинтезу. Один із продуктів розробленої технології – інтерферон  $\gamma_2$  – уже широко виробляється і використовується в медицині, ще кілька препаратів перебувають на останніх стадіях випробувань.

Важливими є експериментальні і теоретичні дослідження структурно-динамічних і фізико-хімічних властивостей деяких фармацевтичних сполук, особливо вивчення цитотоксичної стійкості, пов'язаної з гіпермутабільністю геному, які проводяться у відділі молекулярної та квантової біофізики (завідувач член-кореспондент НАН України Д. М. Говорун). Виявлено, що основою

такої гіпермінливості є багатолокусність і касетна організація генів, мутації яких забезпечують фенотип хемостійкості. Продовжується вивчення характеру мутацій генів та їхніх продуктів, що зумовлюють цей фенотип (Д. М. Говорун, О. Й. Черепенко).

У відділі білкової інженерії і біоінформатики (завідувач член-кореспондент НАН України О. І. Корнелюк) запроваджено генно-інженерні технології клонування та експресії еукаріотних білків і їхніх мутантів. На основі структурно-функціональних взаємозв'язків у молекулі білка формуються принципи модифікації його структури. Здійснено порівняльний аналіз будови генів цитоплазматичних тирозил-тРНК-синтетаз із 29 еукаріотних організмів, які належать до різних таксонів, передбачено їхню екзонно-інтронну структуру та будову промоторів. Експресію генів досліджують мікроарейним аналізом та методами біоінформатики (О. І. Корнелюк, М. О. Кордиш).

Ще у 1980-х роках Інститут молекулярної біології і генетики, завдячуючи високому рівню досліджень і досягнутим результатам, офіційно визнано головним у СРСР з досліджень у галузі генної терапії. Нині у відділі регуляторних механізмів клітини (завідувач В. А. Кордюм) продовжують вивчати можливості лікування масових патологій генними технологіями, здійснюють доклінічні випробовування розроблених в інституті способів генної терапії атеросклерозу і цукрового діабету.

У відділі біохімічної генетики (завідувач О. П. Соломко) розробляють методи керованого введення чужинної генетичної інформації до геному ссавців для одержання тварин з новими ознаками, аналізу структури та стабільності трансгеному. Отримано трансгенних мишей на основі плазмиди із вставкою провірусної ДНК вірусу саркоми Рауса птахів. Показано, що введений трансгеном зазнає значних структурних змін аж до втрати провірусних послідовностей. Поряд з інтеграцією чужинної ДНК виявлено екстрахромосомні кільцеві ДНК в органах трансгенних мишей, які частково зберегли послідовності введеної плазмиди. Досліджують також вплив взаємодії різних генотипів на потенціал розвитку химерних зародків мишей протягом до-



постімплантаційного періоду розвитку. З'ясування молекулярних механізмів взаємодії бластомерів, які перебувають на різних стадіях розвитку або відрізняються генетично, дозволить глибше зрозуміти процеси регуляції доімплантаційного розвитку, що відбуваються на міжклітинному рівні (О. П. Соломко, І. М. Вагіна, Л. М. Морозова).

Ще один важливий напрямок досліджень цього відділу – це молекулярна біологія бакуловірусів (вірусів комах) та створення на їхній базі генно-інженерної експресійної системи. На основі вірусу ядерного поліедрозу кільчастого шовкопряда та культури клітин комах створено експресійну векторну систему, що забезпечує одержання препаративних кількостей біологічно активних еукаріотних та вірусних білків, які характеризуються післятрансляційним процесингом. Отримано біологічно активний рекомбінантний пролактин людини та низку інших рекомбінантних білків (Л. І. Строковська, О. П. Соломко, І. М. Кіхно).

У відділі генетики людини ІМБіГ (завідувач Л. Л. Лукаш) успішно продовжують розвиватися дослідження біологічного мутагенезу, тобто мутаційних пошкоджень, спричинених вірусами, рекомбінантними ДНК, трансформуючими генами, білками, що використовуються у царині генної терапії, генної інженерії, біотехнології. Сформульовано і експериментально обґрунтовано концепцію регуляторно-інформаційного впливу біологічних чинників на мутаційну мінливість клітинних популяцій ссавців.

Групою дослідників різних відділів ІМБіГ з'ясовано, що нативні та алкіловані рекомбінантні ДНК, а також модифіковані основи здатні впливати на мутагенез через репаративні системи клітин. Так, під впливом  $O^6$ -бензилгуаніну, який інактивує специфічний репаративний фермент  $O^6$ -алкілгуанін-ДНК-алкілтрансферазу, значно підвищується мутагенний ефект хімічного канцерогена нітрозогуанідину (Л. Л. Лукаш). У досліджах на культурі клітин рослин показано, що нативні гомо- та гетерологічні РНК так само, як і продукти їхнього діалізу і гідролізу, володіють високою мутагенною активністю, підвищуючи рівень хромосомних аберацій і рівень плоідності клітин. Разом з тим, алкіловані (модифіковані тіофосфамідом) як гомо-

так і гетерологічні РНК спричиняють зниження рівня хромосомних аберацій і нормалізацію числа хромосом в популяціях культивованих клітин рослин, які характеризуються високим рівнем спонтанної генетичної мінливості (В. А. Кунах, А. І. Потопальський).

Ведеться розробка антимуутагенних, генопротекторних та антипухлинних препаратів природного походження на основі екстрактів із біомаси культивованих клітин деяких лікарських рослин. Розроблено і запатентовано кілька нових прокаріотних тест-систем для скринінгу препаратів на антимуутагенну та протипухлинну активність (В. А. Кунах, Т. П. Перерва, А. С. Дворник, Г. Ю. Мирюта, Л. П. Можилевська).

В експериментах з використанням різних модельних систем показано можливість модуляції мутагенного ефекту хімічних речовин за допомогою регуляторів пептидної природи: інсуліну і альбуміну людини, багатьох лектинів рослин (Л. Л. Лукаш, І. С. Карпова, О. В. Підпала), а в рослин – також фітогормонами і деякими синтетичними регуляторами росту, синтезованими в ІМБіГ НАН України на базі пуринових і піримідинових основ нуклеїнових кислот та їхніх похідних (В. А. Кунах).

Ці результати відкривають перспективу вивчення регуляції мутаційного процесу при введенні у клітини макромолекул визначеної структури і створення безпечних у генетичному відношенні молекулярних конструкцій, зокрема, для генної терапії спадкових захворювань.

Починаючи з середини 1980-х років активно досліджується молекулярно-генетична природа патогенезу найрозповсюдженіших в Україні моногенних спадкових захворювань та хвороб із спадковою схильністю у людини. Вивчаються природа та походження мутацій генів, що спричиняють ці патології, поширення згаданих мутацій у популяції населення України. Під керівництвом Л. А. Лівшиць у відділі геноміки людини ІМБіГ розробляються і впроваджуються в практику охорони здоров'я методи ДНК-діагностики (у тому числі пренатальної) та вторинної профілактики тяжких спадкових захворювань з ранньою дитячою смертністю і глибокою інвалідизацією, таких як муковісцидоз,

фенілкетонурія, спінальна м'язова атрофія, дистрофія Дюшенна та Беккера, гемофілія А, хорія Гентингтона, синдром Мартина-Белла, гемохроматоз, дистрофія рогівки ока тощо, для з'ясування природи генетично обумовлених порушень репродуктивного здоров'я (Л. А. Лівшиць, В. І. Гришко, О. Ю. Єкшиян, С. Г. Мальярчук, С. А. Кравченко). Досліджуються мутації генів, відповідальних за сперматогенез та оогенез (Г. Б. Лівшиць, О. А. Фесай). Зберігаються понад 2000 зібраних зразків ДНК членів родин високого ризику найрозповсюдженіших спадкових захворювань. Створено базу даних результатів генетичних тестів та клінічної інформації. Проаналізовано вплив іонізуючої радіації на рівень успадкованих мутацій у геномі дітей, які народилися після 1986 року в родинах ліквідаторів аварії на Чорнобильській АЕС.

Уже багато років вивчається генетична структура та біологічна історія населення з різних регіонів України. Створено колекцію ДНК-донорів з багатьох областей України, Російської Федерації та Білорусі, яка нараховує близько 900 зразків. Для дослідження різноманіття геному людини, біологічної історії та еволюції різних популяцій здійснюється аналіз алельних поліморфізмів міні-та мікросателітних локусів.

Розробляються та впроваджуються в практику судово-медичної експертизи нові методики і молекулярні маркери для проведення ДНК-аналізу в генотипоскопії для ідентифікації особи і встановлення біологічного батьківства (Л. А. Лівшиць, С. А. Кравченко).

У відділі ензимології білкового синтезу (завідувач М. А. Тукало) проводяться дослідження, спрямовані на визначення структурних основ декодування генетичної інформації, яке відбувається за біосинтезу білка на дорибосомному рівні і головними дійовими структурами якого є тРНК і ферменти аміноацил-тРНК синтетази (АРСази), що приєднують до тРНК необхідну амінокислоту. Показано, що процес синтезу специфічних продуктів АРСазами супроводжується конформаційними змінами в активному центрі ферментів і за його межами. Одержані дані дозволили висвітлити механізми активації амінокислот і зрозуміти молекулярні механізми впізнавання гомологічних тРНК та

їхнього аміноацилювання цими ферментами. Роботи з вивчення АРСаз поширено і на інші РНК-зв'язувальні білки: фактори термінації білкового синтезу, ферменти модифікації РНК, білкові фактори РНК-сплайсингу та на вивчення білків, які відіграють важливу роль у розвитку вірусних і злоякісних захворювань людини (М. А. Тукало, Г. Д. Яремчук, О. П. Коваленко, О. І. Гудзера).

У лабораторії білкового синтезу ІМБіГ (завідувач Б. С. Негруцький) досконально вивчається стадія елонгації білкового синтезу на рибосомах еукаріотів. Отримано результати, які свідчать про відмінності деяких стадій біосинтезу у вищих еукаріотів порівняно з прокаріотами, незважаючи на принципову однаковість процесу в цілому. Ці особливості можуть бути вирішальними для ефективності регуляції експресії еукаріотного геному на трансляційному рівні. Здійснюються також дослідження еспресії тканиноспецифічних генів та генів клітинного циклу еукаріотів, які активно проліферують або ж перебувають під впливом несприятливих умов – невеликі дози радіації, хімічне забруднення тощо (Г. В. Єльська, Б. С. Негруцький, А. П. Погрібна, В. Ф. Шалак, Т. А. Лукаш).

В Інституті клітинної біології та генетичної інженерії НАН України (директор академік НАН України Ю. Ю. Глеба) розвивається генетичний напрям, який останнім часом назвають «трансмісійною генетикою». Ця наука вивчає взаємодію геному організму з перенесеним генетичним матеріалом того самого або іншого організму. Перенесений генетичний матеріал може бути представлений або повним ядерним геномом, або його частиною, може бути хлоропластним чи мітохондріальним геномом. Такий процес відбувається при застосуванні соматичної гібридизації. Перенесення також може проходити на рівні окремих генів за генетичної трансформації. Розвиток «трансмісійної генетики» фактично порушив генетичні кордони між видами. Поряд з появою нових знань про функціонування та експресію перенесених геномів і генів розвиваються біотехнологічні методи, які дозволяють отримати організми з цінними ознаками та нові рекомбінантні білки, вакцини тощо, що було неможливим у рамках застосування методів класичної генетики.

Особливу увагу приділяють розробці ефективних методів генетичної трансформації та створенню трансгенних рослин сільськогосподарських культур сортів вітчизняної селекції (цукрового буряка, ріпаку, томатів, картоплі, гороху, квасолі тощо). Одержано стійкі до гербіцидів трансгенні рослини цукрового буряка, ріпаку, гороху, квасолі, а також перші модельні трансгенні клітинні лінії і рослини, які продукують рекомбінантні білки – вакцини проти туберкульозу. Розроблено альтернативні методи перенесення і експресії чужинних генів у рослинах з використанням гетерологічної системи транспозонів та системи *Cre/lox* рекомбінації, а також новий метод хлоропластної трансформації за допомогою рослини-посередника (clipboard-підхід).

Вперше показано експресію чужинних безпроторних генів із застосуванням системи *TRB-lox* у трансформованих рослинах. Досліджено можливість придатності соматичної гібридизації для перенесення трансформованих пластид, що дозволило переглянути уявлення про ядерно-цитоплазматичні взаємодії. Здійснено пластову трансформацію деяких представників родин хрестоцвітих і пасльонових, а також аналіз експресії генів у реконструйованих клітинних системах і рослинах. Доведено, що за допомогою генетичних конструкцій, які містять послідовності нуклеотидів, гомологічні пластові ріпаку, можна отримувати транспластичні клітинні лінії та рослини *Brassica* (Ю. Ю. Глеба, М. В. Кучук).

Під керівництвом академіка Я. Б. Блюма здійснено генетичну трансформацію однодольних (ячмінь, пальчасте просо) та дводольних (соя) рослин мутантним геном -тубуліну (білка цитоскелету рослин) гусячої трави (*Eleusine indica*) природного походження, що визначає стійкість до динітроанілінів. Розроблено технологію використання касетних векторів з мутантним геном -тубуліну гусячої трави для застосування як маркерного гена в селекції трансгенних рослин. Доведено пряме перенесення генів у протопласти деяких хрестоцвітих з наступною регенерацією трансгенних рослин, розроблено метод одночасного перенесення кількох генів у процесі трансформації рослин (Я. Б. Блюм, А. І. Ємець).

Досліджено експресію ядерного геному соматичних гібридів, отриманих внаслідок злиття протопластів між представниками різних видів рослин. Вивчено генетичну основу множинних фенотипових змін у створених методами клітинної інженерії цибридів *Nicotiana tabacum* + *Hyoscyamus niger*, які поєднують ядерний геном *N. tabacum*, пластом *H. niger* та рекомбінантні мітохондрії (Ю. Ю. Глеба).

Велика увага приділяється створенню систем синтезу рекомбінантних білків у рослинах з використанням тимчасової експресії перенесених генів. Проведено науково-дослідні роботи з конструювання генетичних векторів для експресії та tag-опосередкованого очищення рекомбінантних білків у рослинах. Створено генетичні конструкції, які дозволяють експресувати рекомбінантні білки (зелений флюоресцентний білок, соматотропний гормон людини та інтерферон) з приєднанням до С-кінця додатковим доменом, здатним зв'язувати хітин. Згадані генетичні конструкції використано при транзійтній експресії та одержанні трансгенних рослин різних видів тютюну для оцінки ефективності біосинтезу цільових білків та їхнього очищення. Розроблено генетичні конструкції для транзійтної експресії зв'язаних з tag рекомбінантних білків на основі модульної векторної системи, яка включає елементи вірусного геному. Створені конструкції в комбінації з іншими елементами модульної векторної системи використано при транзійтній експресії цільових білків, зв'язаних з тегом, у рослинах різних видів тютюну для їхнього подальшого ефективного очищення. Запропоновано нові принципи і технологічні розробки для використання рослин як біореакторів – продуцентів фармацевтичних білків за допомогою транзійтної експресії в рослинних системах та вперше отримано такі білки. Сконструйовано ефективну систему транзійтної експресії фармацевтичних білків у рослинах. У результаті інфільтрації листків рослин агробактеріями, що несуть відповідні генні конструкції, отримано рекомбінантні білки інтерферон та соматотропін людини (Ю. Ю. Глеба, М. В. Кучук).

Розроблено методи ідентифікації чужинної ДНК у харчових продуктах, що містять вихідні



компоненти з трансгенної сої, та в трансгенних сортах рослин (О. О. Созінов, Я. Б. Блюм, М. В. Кучук).

Вивчено філогенетичні відносини в роді *Nicotiana* за допомогою молекулярно-біологічних методів. Досліджено генетичну структуру сортів пшениці, ячменю, вівса, внесених до державного реєстру України і Росії, з'ясовано закономірності динаміки зміни коадаптивних асоціацій генів внаслідок селекції у ХХ столітті (О. О. Созінов).

За результатами аналізу 250 відомих на сьогодні геномів еубактерій визначено п'ять принципово нових схем аутогенного контролю експресії («вирізання») генів, які кодують рибосомні білки L1, L10, L11 та L12. Знайдено можливість горизонтального переносу між еубактеріями генів *rp11* та *rp110*, продуктами яких є регуляторні рибосомні білки L1 та L10. Здійснено порівняння схем аутогенного контролю експресії генів кластеру *rp1KAL* (чотири вищезазначених рибосомних білки) і їхніх особливостей, властивих окремим таксонам. Виявлено невідомий досі механізм регуляції всіх чотирьох генів лише одним регуляторним білком L1, що реалізується завдяки спряженій трансляції усіх чотирьох цистронів мРНК, які кодують згадані білки. В основі цього лежить висока структурна гомологія сайтів зв'язування регуляторного білка L1 між мРНК і рРНК (член-кореспондент НАН України Є. Б. Патон).

В Інституті фізіології рослин і генетики (ІФРГ) (директор академік НАН України В. В. Моргун) проводять дослідження з проблем гетерозису, генетичних основ мутаційної селекції, біотехнології, теоретичних основ селекції, створення нових сортів і гібридів сільськогосподарських культур. Науковцями інституту досягнуто значних успіхів у вивченні механізмів генетичних процесів для встановлення принципів управління спадковою мінливістю; у з'ясуванні молекулярно-біологічних закономірностей росту, розвитку і стійкості рослинних систем та в створенні на цій основі нових технологій і біотехнологій.

У відділі експериментального мутагенезу (завідувач В. В. Моргун) ведуться роботи з генетичного поліпшення за допомогою мутагенних чинників таких культур, як пшениця і кукурудза.

Встановлено особливості мутагенної активності низки факторів хімічної та фізичної природи, створено технології отримання індукованих мутацій в культурі клітин і тканин, одержано унікальні форми рослин, розроблено методи практичного використання індукованих мутацій, розвиваються наукові основи ведення насінництва. Значний внесок зроблено у розвиток теорії та методів створення нового типу напівкарликових сортів озимої пшениці, які поклали початок «зеленій революції» в Україні. Обґрунтовано генетичні основи та експериментальні підходи до селекції напівкарликових пшениць, які забезпечили зростання генетичного потенціалу цих рослин на 25–30 %. Цикл робіт «Генетичні основи, методи створення нових напівкарликових сортів озимої м'якої пшениці та їх впровадження у виробництво» удостоєно Державної премії України в галузі науки і техніки за 1997 рік (В. В. Моргун, В. Ф. Логвиненко).

В результаті успішної транслокації хромосом жита у геном пшениці в ІФРГ створено нове покоління сортів озимої пшениці, що обумовило отримання високих врожаїв в Україні: сорти Смулянка, Золотокоса та Фаворитка сформували у 2006–2007 рр. рекордний врожай зерна (115–124 ц/га). Нові сорти вдало поєднують високий генетичний потенціал продуктивності з хорошою якістю зерна та стійкістю до умов довкілля (В. В. Моргун, А. П. Артемчук).

Розробляються генетичні основи селекції кукурудзи на ранньостиглість та конкретні методи підвищення ефективності селекційної роботи, створено цінні лінії та гібриди кукурудзи. Одержані ранньостиглі гібриди кукурудзи сприяли значному підвищенню валових зборів зерна в Україні та країнах СНД. Генетичний потенціал нових гібридів кукурудзи Богун, Метеор, Аметист сягає 140–160 ц/га зерна і понад 1000 ц/га листостеблової маси. Вперше здійснено безвекторне перенесення низки генів від донора до реципієнта за типом генетичної трансформації та отримано перші в Україні трансгенні рослини кукурудзи (В. В. Моргун, К. А. Ларченко).

В ІФРГ створено 86 сортів та гібридів озимої пшениці, тритікале, жита, кукурудзи та інших культур, 64 з яких занесено до Державного реєстру

сортів України вже за період незалежності держави, багато з них висіваються на полях України та країн СНД. Площа їхнього посіву в різні роки становила від 1 до 5,5 млн га.

Співпраця академіка В. В. Моргуна з науковцями багатьох країн світу, експедиції зі збору генофонду і міжнародний авторитет відкрили реальні можливості для широкої інтродукції в Україну цінної світової генетичної плазми. Сформовану у відділі експериментального мутагенезу ІФРГ колекцію зразків пшениці і кукурудзи визнано науковим Національним надбанням України.

Основним напрямом роботи відділу генетичної інженерії ІФРГ (завідувач О. М. Тищенко) є розробка методів генетичної трансформації сільськогосподарських рослин. Запропоновано нові способи індукції регенерації прямим морфогенезом, які є перспективними для розробки системи методів генетичної трансформації селекційно цінних генотипів кукурудзи та соняшнику вітчизняної селекції. Отримано рослини-регенеранти соняшнику з транзійтною експресією гетерологічних генів. Вивчаються молекулярно-генетичні особливості морфогенезу культурних рослин *in vivo* та *in vitro*, основну увагу приділяють епігенетичним аспектам регуляції росту та диференціації клітин на різних етапах розвитку рослин, у тому числі з'ясуванню молекулярних механізмів фізіологічного старіння рослин (О. М. Тищенко, С. І. Михальська).

У відділі проводять також дослідження з розробки прийомів клітинної селекції на стійкість до комплексу стресових чинників довкілля (засолення, водного дефіциту, іонів важких металів). Експериментально підтверджено перспективність використання летальних доз іонів важких металів для гарантованого добору клітинних ліній тютюну і сої з комплексною стійкістю до посухи та засолення (Л. Є. Сергеева).

У відділі генетичних основ гетерозису ІФРГ (завідувач Т. В. Чугункова) комплексно вивчають селекційний матеріал цукрових і кормових буряків. Виявлено нові морфологічні мутації цих рослин, на основі яких розроблено та запропоновано способи контролю гібридності рослин, створення міжлінійних гібридів і закріплювачів стерильності цукрових буряків, які спрощують і скорочують

тривалість селекційного процесу (О. В. Дубровна, І. І. Лялько).

Важливим напрямом роботи відділу є створення ефективних біотехнологій, спрямованих на одержання рослин, стійких до хвороб та стресових чинників. Уперше в Україні отримано рослини-регенеранти буряків, стійкі як до окремих абіотичних і біотичних стресових чинників довкілля, так і до їхнього комплексу (токсину збудника бактеріозу, низьких і високих температур, хлоридного та сульфатного типів засолення). Встановлено цитогенетичні закономірності структурно-функціональної мінливості геному культивованих клітин буряків за дії стресових чинників, що поглиблює і уточнює знання про механізми геномної мінливості та сприяє розробці генетичних основ клітинної селекції (О. В. Дубровна).

Для інтенсифікації досліджень структури та особливостей функціонування апарату біосинтезу білка і вивчення змін генетичних структур клітини у 2000 р. на базі Львівського відділення регуляторних систем клітини Інституту біохімії ім. О. В. Палладіна створено нову установу – Інститут біології клітини НАН України, директором якого призначено А. А. Сибірського, нині члена-кореспондента НАН України. Основними науковими напрямками новоствореного інституту стали вивчення молекулярних, генетичних і біохімічних механізмів регулювання метаболізму у дріжджів та розробка нових біотехнологічних процесів і одержання продуктів на основі цих мікроорганізмів, а також дослідження молекулярних механізмів регуляції проліферації, диференціації та апоптозу у нормальних і пухлинних клітинах тварин і людини. Отримано важливі результати у створенні та вивченні трансформантів, а також селекції мутантних форм різних представників дріжджів зі зміненими особливостями трофіки, з підвищеною здатністю до синтезу практично важливих біологічно активних речовин, з модифікованою чутливістю до різних сполук, зокрема, з підвищеною резистентністю та адсорбційною здатністю до іонів важких металів тощо. Ведеться пошук генів та вивчається їхня взаємодія у процесах регуляції біосинтезу за зміни трофіки. Досліджується можливість застосування пермеабілізованих клітин рекомбінантних штамів

та деяких білків (ферментів) дріжджів у біоаналітичних цілях, зокрема, в клітинній діагностиці та біотехнології. Клоновано гени, відповідальні за біогенез та деградацію пероксисом у метилотрофних дріжджів. Розроблено систему генетичної трансформації клітин флавіногенних дріжджів, клоновано гени біосинтезу рибофлавіну для створення рекомбінантних штамів – продуцентів вітаміну В<sub>2</sub>. Застосовано підходи метаболічної інженерії до вивчення дріжджів. Клоновано гени біосинтезу глутатіону у метилотрофних дріжджів і на їхній основі створено рекомбінантні штами з підвищеною здатністю акумулювати катіони кадмію (А. А. Сибірний, М. В. Гончар).

В Інституті мікробіології і вірусології ім. Д. К. Заболотного, окрім досліджень, про які йшлося в попередньому повідомленні та очолюваних членом-кореспондентом НАН України Б. П. Мацелюхом у відділі генетики мікроорганізмів, під керівництвом і за безпосередньої участі професора Ф. І. Товкача значно активізувалися роботи у царині молекулярної генетики бактеріофагів (вірусів бактерій). Тут, у відділі молекулярної генетики бактеріофагів, ведуть пошук і вивчення життєздатних і дефектних помірних та вірулентних бактеріофагів трьох груп ервіній – пектолітичної *Erwinia carotovora*, аміловороподібної *E. horticola* і епіфітної бактерії *Pantoea agglomerans*, а також молекулярно-генетичні дослідження полівалентних фагів ентеробактерій T7, FE44 і P1 для визначення характеру фаго-фагової та фаго-плазмідної взаємодії у клітинах лізогенних ервіній і ешерихій.

Для модельного помірного ервініофага ZF40 родини *Myoviridae* означено генетичну структуру імунної області. Показано, що *c*-ділянка фага включає чотири цистрони. Описано функціональний стан профага ZF40 у клітинах *E. carotovora* та його вплив на резидентні дефектні профаги. Встановлено, що ZF40 може утворювати лізогени, які різняться за рівнем спонтанної та лізогенної індукції; він також здатний дестабілізувати дефектну лізогенію. У цій частині досліджень вперше описано лізогенну конверсію патогенності *E. carotovora*. При цьому виявлено, що лізогенізація фагом ZF40 бактеріальних клітин відновлює патогенні властивості слабовірулентного штаму-дисоціанта.

Встановлено, що надімунітет фага ZF40 і складна внутрішньогеномна організація його віріонної ДНК має аналогію з іншими ервініофагами – ZF49 і ZF59. Останні відрізняються від ZF40 будовою віріонів (родина *Syphoviridae*) і здійснюють інфекцію *E. horticola*. Така фагова мозаїка є особливо цікавою в тому сенсі, що подібність лізогенів різних бактерій можна пояснити спільністю їхніх екологічних ніш. Отже, не виключено, що фаги мають безпосереднє відношення до процесів адаптації своїх бактерій-хазяїв. Цю концепцію було підтверджено для кільцевих позакромосомних ДНК колекційних штамів *Pseudomonas aeruginosa* і клінічних ізолятів *Escherichia coli*. Виявилось, що плазмідні псевдомонад і ешерихій з однаковим розміром ДНК властиві певним екологічним нішам. Подібну закономірність встановлено для макромолекулярних каротоворіцинів типу фагових хвостових відростків, описаних для понад 100 штамів *E. carotovora*.

Результати зазначених досліджень показали, що фаги можуть бути свого роду генетичними «перемікачами» фенотипу у фітопатогенних ервіній за їхньої адаптації до умов довкілля. Специфічний набір і особливості функціонування таких перемікачів характеризують масштабність конкретної бактеріальної популяції. Знання окреслених процесів у різних бактерій має велику перспективу, поскільки допоможе встановити причини і загальні механізми виникнення вірусних епідемій.

У Національному ботанічному саду ім. М. М. Гришка (НБС) успішно тривають генетико-селекційні дослідження, започатковані академіком М. М. Гришком та його колегами. Зібрані в НБС унікальні колекції рослин з різних ботаніко-географічних регіонів світу (понад 10 тис. видів, сортів і форм) є базою для створення нових сортів та гібридів. Опрацьовуючи теоретичні основи селекції, досліджуються питання добору вихідного матеріалу для гібридизації, виділення батьківських форм, розробляються методики зберігання пилку і ефективні засоби кастрації і запилення, проводяться прямі і реципрокні схрещування, удосконалюються старі і розробляються нові методи подолання несхрещуваності і стерильності віддалених гібридів, ефективної оцінки

гібридних сіянців на ранніх етапах онтогенезу тощо. В результаті створено сотні нових сортів плодкових, кормових, квітничково-декоративних, пряно-смакових та овочевих культур.

Колекція плодкових рослин, яка стала основою для створення нових для півночі України сортів, нараховує близько 150 видів та 400 сортів (селекціонери І. М. Шайтан, С. В. Клименко, Р. Ф. Клеєва, П. А. Мороз, Л. М. Чуприна, Н. В. Скрипченко). Відділ нових культур є центром інтродукції та селекції нових кормових культур як в Україні, так і в країнах СНД (Ю. А. Утеуш, Д. Б. Рахметов, О. О. Абрамов, Н. О. Стаднічук, О. О. Перепелиця), а також овочевих (В. П. Гринь, Н. М. Смілянець, О. В. Правда) і пряно-смакових рослин (О. А. Корабльова, Л. Р. Романенко, Г. М. Рибак). Велику селекційну роботу проведено з квітничково-декоративними рослинами (Ф. С. Дудік, К. Д. Харченко, Л. М. Яременко, В. П. Яценко, В. Ф. Горобець). За період 1965–2004 рр. науковцями створено понад 260 сортів і отримано 262 авторських свідоцтва на нові сорти. До Державного Реєстру сортів рослин України (Реєстр на 2006 р.) занесено 211 сортів селекції НБС: квітничково-декоративних – 114, плодкових – 52, кормових – 29, пряно-смакових – 9, овочевих – 7.

З багатьох видів рослин НБС як селекційна установа є лідером або ж посідає чільне місце в Україні. Так, у Реєстрі сортами НБС на 100 % представлено флокса волотистого, на 70 % – жоржини, на 100 % – півонії, на 100 % – азалії. Нові кормові культури – дагуса, мальва, щавель гібридний (шавнат), сіда багаторічна; ягідні – актинідія, лимонник китайський; овочеві – цибуля слизун представлені в Реєстрі лише сортами НБС; 14 з 15 сортів кизилу в Реєстрі – селекції НБС, чотири з восьми сортів хеномелеса та п'ять з 13 сортів айви також виведено дослідниками цієї установи.

У Донецькому ботанічному саду одним із напрямів є розробка та застосування популяційно-генетичних методів селекції деяких порід дерев для створення хвойних насаджень в умовах індустріальних регіонів південного сходу України. При створенні лісонасінневих плантацій застосовують методи добору дерев, зокрема, сосни кримської та ялиці білої за ізоферментними локуса-

ми, при наявності яких рослини в природних популяціях продукують велику кількість гетерозиготного насіння. Вивчено генетичну структуру та здійснено генетичний контроль ізоферментів у різних природних популяціях модрини білої та ялини європейської в Українських Карпатах (І. І. Коршиков). Результати цих досліджень узагальнено в монографії, виданій спільно Донецьким і Криворізьким ботанічними садами (І. І. Коршиков, Н. С. Терлыга, С. А. Бычков «Популяційно-генетические проблемы дендротехнологической интродукции»). Донецьк: Лебедь, 2002, 328 с.). Створено і отримано авторські свідоцтва та патенти на 19 сортів рослин, перспективних для впровадження в Україні: 12 високопродуктивних сортів хризантеми дрібноквіткової, три сорти декоративних яблунь, сорт бузку, високопродуктивний солестійкий кормовий сорт пирію видовженого, два пряно-смакових сорти васильків звичайних (О. З. Глухов).

У Криворізькому ботанічному саду селекціоновано сім нових сортів лілійнику, які відрізняються високими декоративними характеристиками та успішною адаптацією до кліматичних умов степової зони України, а також до вирощування на територіях з підвищеним рівнем промислового забруднення (Р. К. Матяшук-Гришко).

У Національному дендрологічному парку «Софіївка» НАН України під керівництвом члена-кореспондента І. С. Косенка поряд з іншими проводяться генетико-селекційні дослідження переважно рідкісних, зникаючих і особливо цінних видів рослин. Створено кілька сортів рослин, зокрема груш (Ф. О. Заплічко, А. І. Опалко, О. А. Опалко). У відділі фізіології, генетики і мікроклонального розмноження рослин розроблено ефективні технології мікроклонального розмноження багатьох рідкісних видів рослин для подальшого генетично-селекційного відбору, при цьому застосовують методи клітинної селекції (І. С. Косенко, М. В. Небиков, А. І. Опалко, О. А. Опалко, Л. А. Колдар).

В Інституті зоології ім. І. І. Шмальгаузена НАН України вивчають закономірності перебігу популяційно-генетичних процесів, які сконцентровані переважно у відділі еволюційно-генетичних основ систематики (завідувач С. В. Межжерін). Головним



напрямом досліджень тут є вивчення гібридизації, поліплоїдного видоутворення і генетичної нестійкості у природних популяціях тварин. Важливими результатами із систематики і філогенетики палеоарктичних гризунів і амфібій є встановлення систематичного статусу низки спірних таксонів і опис нових видів хребетних, побудова адекватної системи відносин філогенезу в трьох наймасовіших групах палеоарктичних гризунів, ревізія найскладнішого серед палеоарктичних гризунів роду лісових і польових мишей. На підставі отриманих закономірностей сформульовано положення і концепції, що мають загальнобіологічне значення: еволюційного ритму, неоднозначності еволюційно-генетичного потенціалу східних і західних філумів (С. В. Межжерін).

Вивчаються особливості виникнення і структури гібридних диплоїдно-поліплоїдних комплексів риб і деяких безхребетних, які характеризуються клоновою організацією поселень. Дослідження, проведені на щипівках (*Cobitis*) – невеликих рибках родини в'юнових, довели високу здатність триплоїдних форм до експансії. Ретроспективний аналіз структури їхніх поселень показав, що після зміни гідрологічного режиму і зарегулювання головних річок у середині ХХ століття поліплоїди окупували всі басейни України.

З'ясовано, що поліплоїдні щипівки Дніпра та Сіверського Дінця виникли в Центральній Європі в результаті гібридизації дунайської та звичайної щипівки, знайдено унікальне поліклональне гібридне угруповання щипівки, до якого входять лише самки. Важливим є виявлення генетичної нестійкості в змішаних диплоїдно-поліплоїдних популяціях цих риб, яка виникла після інвазії у водоймище чужинних гібридів (С. В. Межжерін, Л. І. Павленко).

Генетичним маркуванням структури поселень карасів доведено наявність природних гібридів між облігатним триплоїдним гіногенетичним видом *Carassius gibelio* і диплоїдним амфіміктичним карасем золотистим *C. carassius*. Це свідчить, що гіногенез не може розглядатися як форма клонового розмноження, оскільки певна частина генетичної інформації сперматозоїда обов'язково передається нащадкам (С. В. Межжерін, С. В. Кокодій).

30-річні моніторингові дослідження генетичної структури популяцій малярійних комарів групи *Anopheles messae* Нижнього Дніпра показали несподівану зміну структури хромосомного поліморфізму, що припала на початок ХХ століття і пов'язується з різкими кліматичними змінами саме цього періоду (В. Б. Шуваліков).

Важливу роль у координації і організації генетичних досліджень в Україні, налагодженні і зміцненні наукових зв'язків і контактів як між ученими України, так і українських дослідників з науковцями інших країн відіграє Українське товариство генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова (УТГіС), засноване в 1967 р.

За час його існування відбулося вісім з'їздів УТГіС (1967, 1971, 1976, 1981, 1986, 1992, 2002, 2007). Першим президентом Товариства був д. б. н., професор П. К. Шкварніков, від 1976 р. – д. с.-г. н., професор, академік НАН України і УААН О. О. Созінов, від 1986 р. – д. б. н., професор, академік НАН України В. В. Моргун, від 2002 р. – д. с.-г. н., професор, академік УААН М. В. Роїк, від 2007 р. і по сьогодні д. б. н., професор, член-кореспондент НАН України В. А. Кунах. УТГіС, яке на початок 2008 р. налічувало близько 1500 членів, об'єднаних у 23 регіональних відділення, в останні роки провело значну наукову і науково-організаційну роботу.

Коштом членів Товариства та добровільних внесків опубліковано унікальні наукові праці: чотири томне видання «Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть» (головний редактор В. В. Моргун, К.: Логос, 2001, загальний обсяг видання становить 214 друк. арк.) та двотомник «Досягнення і проблеми генетики, селекції та біотехнології» (головний редактор В. А. Кунах, К.: Логос, 2007 р., загальний обсяг – 72 друк. арк.). У цих публікаціях зібрано практично всі останні наукові здобутки українських учених, а також багатьох закордонних дослідників у галузі генетики, селекції і біотехнології.

Лише за період між VII і VIII з'їздами УТГіС (2002–2007 рр.) Товариством організовано і проведено три Міжнародні конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів», матеріали яких опубліковано у вигляді збірників наукових праць

(Фактори експериментальної еволюції організмів, Київ: Аграрна наука, 2003, Т. 1, 464 с.; Фактори експериментальної еволюції організмів, Київ: Аграрна наука, 2004, Т. 2, 416 с.; Фактори експериментальної еволюції організмів, Київ: Логос, 2006, т. 3, 684 с.); III Міжнародну конференцію «Геном растений» (Одеса, 2003 р.); наукову конференцію «Генетично-модифіковані організми – перспективи та проблеми» (Київ, 2002 р.); науково-практичні конференції «Профілактика вроджених вад розвитку і спадкової патології» (Київ, 2004 р.) та «Проблеми екогенетики в Україні» (Яремче Івано-Франківської обл., 2005 р.); наукову конференцію «Сучасна біотехнологія у сільському господарстві та медицині» (Київ, 2005 р.) та ін. У роботі цих конференцій брали участь провідні біологи, аграрії, медики, викладачі, а також молоді вчені, аспіранти, студенти, представники підприємницьких установ не лише з України, а й з Росії, Білорусі, Вірменії, Азербайджану, Великої Британії, Австрії, Чехії, Польщі, Литви та інших країн.

Починаючи з 2003 року Товариством видається науково-практичний журнал «Вісник Українського товариства генетиків і селекціонерів» (головний редактор В. А. Кунах), який висвітлює теорію, стан і проблеми, методи і результати досліджень у галузі генетики, селекції та сучасної біотехнології, а також вплив цих наук на розвиток суміжних напрямів біології, медицини і сільськогосподарських наук. На його шпальтах друкуються матеріали експериментальних і оригінальних досліджень, оглядові та практичні праці з клітинних і молекулярних основ біотехнології, генетичної інженерії, клітинної та генної терапії, з молекулярних основ спадковості і мінливості організмів, у тому числі людини, тощо. До складу редакційної колегії і редакційної ради журналу входять, окрім провідних спеціалістів – членів УТГіС, також відомі вчені – генетики Росії, Білорусі, Болгарії, Канади. Журнал затверджено як фахове наукове видання ВАК України (Бюлетень ВАК України, № 9, 2005 р., список 2).

Насамкінець висловлюю щире подяку колегам, які виявили велику увагу і зацікавленість до підготовки цього огляду з історії генетики в НАН України, допомогли в пошуку первинних матеріалів, поділилися спогадами та надали узагальнені дані

власних досліджень і досліджень своїх колег. Особливо хочу подякувати за допомогу д. б. н., професору С. В. Клименко, академіку В. В. Моргуну, д. б. н., професору М. В. Кучуку, члену-кореспонденту В. М. Кавсану, члену-кореспонденту Б. П. Мацелюху, д. б. н., професору С. В. Межжеріну, д. б. н., професору Ф. І. Товкачу, к. б. н. П. Г. Сидоренку, а також завідувачу кафедри загальної та молекулярної генетики Київського національного університету імені Тараса Шевченка, д. б. н., професору С. В. Демидову, який був ініціатором цього дослідження.

*В. А. Кунах*

Развитие генетики в Национальной академии наук Украины.  
3. Современное состояние генетических исследований

Резюме

*Кратко охарактеризованы основные тенденции современных генетических исследований. Представлены ключевые направления и главные достижения генетических и генетико-селекционных исследований в системе НАН Украины на современном этапе. Проанализирована научная деятельность некоторых научно-исследовательских институтов и ведущих генетиков Украины.*

*Ключевые слова: история науки, история генетики в СССР, генетика и селекция в Украине, история НАН Украины.*

*V. A. Kunakh*

Development of genetics in the National Academy of Sciences of Ukraine.

3. Current state of the genetic investigations

Resume

*Major trends of the current genetic investigations are briefly characterized. The key directions and basic achievements of the genetic and genetically breeding researches within the system of NAS of Ukraine up to now are presented. Scientific activity of some research institutions and leading geneticists of Ukraine are analyzed.*

*Keywords: history of science, history of genetics in USSR, genetics and breeding in Ukraine, history of NAS of Ukraine.*

#### ПЕРЕЛІК ЛІТЕРАТУРИ

1. Академія наук України Національна. Енциклопедія сучасної України.–Київ, 2001.–Т. 1.–С. 250–286.
2. Академия наук Украинской ССР. 1982.–Киев: Наук. думка, 1983.–350 с.
3. Бабий Т. К., Коханова Л. Л., Костюк Г. Г. и др. Биологи: Биограф. справочник.–К.: Наук. думка, 1984.–816 с.
4. Інституту молекулярної біології і генетики НАН України – 30 років // Біополімери і клітина.–2004.–20, № 1–2.–С. 1–168.

5. *Вчені – генетики, селекціонери та рослинники.*–К.: Аграрна наука, 2003.–Кн. 7.–504 с.
6. *Генетика і селекція в Україні на межі тисячоліть: у 4 т.* – К.: Логос.–2001.
7. *Глеба Ю. Ю., Сошинов А. А.* Тропою генетики (К століттю со дня народження С. М. Гершензона) // *Цитология и генетика.*–2006.–**40**, № 2.–С. 79–80.
8. *Григорий Андреевич Левитский* // *Выдающиеся советские генетики.*–М.: Наука, 1980.–С. 24–36.
9. *Голда Д. М.* Генетика. Історія. Відкриття. Персоналії. Терміни.–Київ: Фітоцентр, 2004.–128 с.
10. *Гришко-Лесенко М. М.* Курс загальної генетики.–Харків; Київ: Держсільгоспвидав, 1933.–272 с.
11. *Гришко Н. Н., Делоне Л. Н.* Курс генетики. – М.: Сельхозгиз, 1938.–376 с.
12. *До 80-річчя Національної академії наук України.* Фотоальбом. – К.: АртЕк, 1998.–144 с.
13. *Достижения і проблеми генетики, селекції та біотехнології: у 2 т.*–Київ: Логос, 2007.
14. *Зосимович В. П., Шевцов И. А.* Цитология и генетика на Украине за 60 лет // *Цитология и генетика.*–1977.–**11**, № 5.–С. 384–394.
15. *История Академии наук Украинской ССР.*–К.: Наук. думка, 1979.–836 с.
16. *Классики советской генетики.*–Ленинград: Наука, 1968.–540 с.
17. *Клименко С. В.* Вклад академіка М. Ф. Кашенка у розвиток теорії і практики інтродукції рослин в Україні // *Інтродукція рослин.*–2003.–№ 4.–С. 3–16.
18. *Кунах В. А., Тіток Т. Г.* Професор П. Г. Сітько – фундатор та учасник відродження генетики в Україні (до 100-ліття від дня народження) // *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.*–2006.–**4**, № 2.–С. 287–290.
19. *Малюта С. С.* На передових рубежах генетики. До 100-річчя від дня народження С. М. Гершензона // *Фактори експериментальної еволюції організмів.*–Київ: Логос, 2006.–Т. 3.–С. 3–9.
20. *Манзюк В. Г.* Професор І. М. Поляков – видатний учений і історик біологічної науки // *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.*–2006.–**4**, № 2.–С. 291–297.
21. *Національна академія наук України. Персональний склад (1918–1998).*–К.: Фенікс, 1998.–280 с.
22. *О положении в биологической науке: Стеногр. отчет сессии Всесоюз. академии с.-х. наук имени В. И. Ленина.* 31 июля–7 августа.–Москва: ОГИС-Сельхозгиз, 1948.–536 с.
23. *Про підсумки роботи сесії Всесоюзної академії сільськогосподарських наук імені В. І. Леніна і про завдання дальшого розвитку мічуринської агробіології на Україні: Стеногр. звіт з респ. наради 30 серпня–7 вересня 1948 р.*–Харків: Держ. видав. с.-г. літ., 1948.
24. *Роїк М. В., Чеченєва Т. М.* VIII з'їзд Українського товариства генетиків і селекціонерів ім. М. І. Вавилова // *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.*–2007.–№ 1–2.–С. 178–192.
25. *Рубцова З. М.* Развитие эволюционной цитогенетики растений в СССР (1920–1940-е годы).–Ленинград: Наука, 1975.–172 с.
26. *Стрельчук С. І., Демідов С. В., Бердишев Г. Д., Голда Д. М.* Генетика з основами селекції.–Київ: Фітоцентр, 2000.–292 с.
27. *Труханов В. А.* «Было время» (Воспоминания участника I-го (Учредительного) съезда Укр. об-ва генетиков и селекционеров им. Н. И. Вавилова) // *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.*–2007.–**5**, № 1–2.–С. 174–177.
28. *Труханов В. А., Чеченєва Т. М., Кунах В. А.* Професор В. П. Зосимович – фундатор сучасної генетики в Україні (до 105-річчя від дня народження) // *Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів.* – 2004.–**2**, № 2.–С. 285–290.
29. *Шевцов И. А., Голда Д. М.* Генетика и генетические основы селекции растений на Украине за 70 лет // *Цитология и генетика.*–1988.–№ 1.–С. 3–14.

УДК 575.2

Надійшла до редакції 04.04.08