

УДК 577.346: 577.217+592/598:539.1.047

РОЛЬ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОГО ПОЛИМОРФИЗМА ПРОРОСТКОВ КУКУРУЗЫ В РЕАКЦИЯХ НА УФ-С ОБЛУЧЕНИЕ

Д.А. СОКОЛОВА, Г.С. ВЕНГЖЕН, А.П. КРАВЕЦ

*Институт клеточной биологии и генетической инженерии Национальной академии наук Украины
03680 Киев, ул. Академика Заболотного, 148
e-mail: kaplibra@gmail.com*

Изучена связь эпигенетического полиморфизма проростков кукурузы с особенностями их устойчивости и адаптации к УФ-С облучению. На основании исследования трех показателей — частоты хромосомных aberrаций в меристематических тканях, изменений профиля метилирования транскрибируемых последовательностей (ITS2 и ITS3), а также сателлитной ДНК показано, что проростки из медленно и быстро прорастающих семян, имеющие различный эпигеном, по-разному реагируют на повторное стрессовое воздействие: у проростков из быстро прорастающих семян адаптация формируется; у проростков из медленно прорастающих семян в исследованном режиме воздействия адаптивная реакция не формируется. Обсужден вопрос о биологическом значении эпигенетического полиморфизма семян как механизме обеспечения выживаемости организмов, популяций и видов.

Ключевые слова: стресс, адаптация, эпигенетический полиморфизм, профиль метилирования ДНК, транскрибируемая ДНК, сателлитная ДНК, хромосомные aberrации.

Современная популяционная генетика наряду с понятием генетического полиморфизма оперирует понятием эпигенетического полиморфизма, под которым подразумевается зависимость гетерогенности фенотипов от разнообразия их эпигенетических программ при сохранении тождества генотипа. С учетом современного состояния вопроса об экспрессии генов растений [2, 5, 13] можно предполагать, что эпигенетический полиморфизм определяется совокупностью механизмов, в которых одно из центральных мест занимает метилирование ДНК [16].

В предыдущих исследованиях были установлены сопряженность эпигенетического полиморфизма семян кукурузы со скоростью их прорастания, устойчивостью проростков к УФ-С облучению [14], различия профилей метилирования транскрибируемой и сателлитной ДНК, а также изменения этих показателей при УФ-С облучении проростков. Показаны различия исходного уровня хромосомных aberrаций у проростков из быстро (БП), медленно (МП) прорастающих семян и семян, прорастающих со средней скоростью (СП), а также изменения уровня хромосомных aberrаций при УФ-С облучении этих трех групп проростков.

Полученные данные свидетельствовали в пользу взаимосвязи эпигенетического статуса семян и различия скоростей их прорастания. Ва-

риабельность сроков прорастания семян, различия уровней устойчивости проростков и растений являются одними из возможных механизмов популяционного и видового гомеостаза в меняющихся условиях среды.

Целью настоящей работы было дальнейшее изучение связи полиморфизма семян с механизмами, обеспечивающими выживаемость организмов, популяций и видов, в частности с особенностями формирования ответов на повторяющиеся стрессовые воздействия у эпигенетически различающихся групп растений.

Методика

Исследовали семена и 3–6-суточные проростки кукурузы гибрида Полесский 177 МВ. Оригинаторами гибрида являются Институт физиологии растений и генетики НАН Украины и Черкасский институт агропромышленного производства НААН Украины. Семена проращивали на поддонах на увлажненной фильтровальной бумаге в термостате при температуре 22–23 °С. Повторность эксперимента семикратная.

На 2-е сутки прорастающие семена разделяли на три группы: а) быстро прорастающие (БП — длина первичного корня больше 10 мм); б) прорастающие со средней скоростью (СП — длина первичного корня больше 1 мм); в) медленно прорастающие (МП — не проросшие на 2-е сутки или только проклюнувшиеся, длина корня 1 мм).

Трехсуточные проростки подвергали УФ-С облучению (длина волны 253 нм, мощность — 6,2 Вт/м²) в режиме адаптирующее—ударное облучение с интервалами 4 ч и 1 сут). Использовали облучатель бактерицидный ОБН-150М (Украина) с лампами Philips Special TUV 30 W. Выбор дозы адаптирующего и ударного облучения основан на результатах предварительных экспериментов, показавших стабильность адаптирующих и повреждающих эффектов этих доз.

Материалом для цитогенетических исследований была апикальная меристема корня. Пробы для цитогенетического анализа отбирали на 4-е сутки после облучения. Отделенные от корня апексы помещали в фиксатор Бродского (уксусная кислота : этиловый спирт : формалин = 0,3 : 1 : 3) на 2 ч, затем отмывали 70 %-м этиловым спиртом (3–4 раза). Мацерацию проводили с помощью щелочного гидролиза 20 %-м раствором NaOH на протяжении 2 ч, после чего препараты 15 мин отмывали дистиллированной водой. Окрашивали их смесью ацетоорсеина и соляной кислоты (ацетоорсеин : 1 М HCl = 1 : 1) в течение 16–18 ч. Окрашенный материал промывали 45 %-м раствором CH₃COOH, затем готовили давленные препараты. Исследовали по 10 параллельных проб, анализировали по 5–10 тыс. клеток. Учитывая специфику растительных тканей, хромосомные aberrации определяли анафазно-телофазным методом. При этом выборка клеток в анафазе каждого препарата составляла не менее 300–350.

Выделяли ДНК из побегов 6-суточных проростков кукурузы с использованием набора реагентов DiatomTM DNA Prep 100 на основе NucleoS-сорбента, согласно протоколу фирмы-производителя. Концентрацию ДНК определяли с помощью спектрофотометра «BioPhotometer Plus Eppendorf v.1.35» стандартным методом [7]. ПЦР проводили в четырехканальном ДНК-амплификаторе «Терцик» («ДНК-технология», Москва) с использованием праймеров к минисателлитным последова-

тельностью ISSR (inter simple sequence repeat 15-соро, последовательность 5'-АСАСАСАСАСАСАСАС-С-3', фирма «Metabion», Германия), а также праймеров к транскрибируемым последовательностям ITS2-R (Forward) (internal transcribed spacer 2, последовательность 3'-TGT-GTTCTTCATCGATG-5' (далее по тексту — транскрибируемая ДНК)), ITS3-R (Reverse) (internal transcribed spacer 3, последовательность 3'-ATCGATGAAGAACACAG-5', фирма «ДНК-синтез», Украина) и набора реагентов GenPak^R PCR Core — лиофилизированных сухих смесей, готовых для амплификации ДНК.

Реакционная смесь для ITS-ПЦР объемом 20 мкл содержала: 1 ед. Таq-полимеразы, ингибированной для «горячего старта», 10 мкл ПЦР-буфера, 2,5 мМ MgCl₂, 200 мкМ каждого dNTP, по 0,05 мкМ каждого праймера (по 0,8 мкл), 200 нг ДНК (2 мкл), 6,4 мкл деионизированной воды. Смесь покрывали 20 мкл вазелинового масла. Протокол для проведения реакции разработан фирмой-производителем.

ПЦР при использовании ITS-праймеров включала следующие этапы: начальную денатурацию в течение 1,5 мин при 94 °С, 5 циклов; далее следовали дополнительно 40 циклов денатурации при 94 °С по 15 с; отжиг при температуре 55 °С — 15 с, элонгация при 72 °С — 15 с; «закрепление»: денатурация при 94 °С — 10 с, температура отжига — 55 °С — 10 с; элонгация при 72 °С — 10 с; конечная элонгация при 72 °С — 5 мин [8].

Реакционная смесь для ISSR-ПЦР объемом 20 мкл содержала: 1 ед. Таq-полимеразы, ингибированной для «горячего старта», 10 мкл ПЦР-растворителя, 2,5 мМ MgCl₂, 200 мкМ каждого dNTP, 0,1 мкМ праймера (1,6 мкл), 200 нг тотальной геномной ДНК (2 мкл), 6,4 мкл деионизированной воды. Смесь покрывали 20 мкл вазелинового масла. Протокол для проведения реакции разработан фирмой-производителем.

Амплификация с ISSR-праймерами включала следующие этапы: начальная денатурация 5 мин при 94 °С, 40 циклов; денатурация при 94 °С — 45 с, температура отжига 52 °С — 45 с, элонгация при 72 °С — 90 с; конечная элонгация при 72 °С — 7 мин [15].

Рестрикционный анализ, как и амплификацию, выполняли в четырехканальном ДНК-амплификаторе «Терцик» («ДНК-технология», Москва). Использовали три типа рестриктаз: MspI (5'...С*СGG...3'), HpaII (5'...CCGG...3') и MboI (5'...GATC...3') (фирма «Fermentas», Литва). Рестрикционный анализ проводили по стандартному протоколу фирмы-производителя. Рестриктию ДНК с ферментом MspI выполняли в буфере (25 мкл), содержащем 0,6 ед. фермента, 2 мкл 10×Buffer Tango, 500 нг ДНК, 17,1 мкл деионизированной воды; рестриктию ДНК с ферментом HpaII — в буфере (25 мкл), содержащем 0,2 ед. фермента, 2 мкл 10×Buffer Tango, 500 нг ДНК, 17,7 мкл деионизированной воды; рестриктию ДНК с ферментом MboI — в буфере (25 мкл), содержащем 0,2 ед. фермента, 2 мкл 10×Buffer R, 500 нг ДНК, 17,7 мкл деионизированной воды.

Условия проведения реакции рестрикции: 16 ч при 37 °С, остановка реакции — 20 мин при 65 °С (для HpaII и MboI) и 20 мин при 80 °С (для MspI). Полученные продукты ПЦР и рестрикционного анализа разделяли в 1 %-м агарозном геле в ТБЕ-буфере при наличии бромистого этидия и визуализировали на УФ-трансиллюминаторе. При проведении электрофореза ДНК наносили по 5 мкл реакционных смесей. В качестве маркера молекулярной массы использовали GeneRuler 50 bp DNA Ladder («Fermentas») с фрагментами 1000, 750, 500, 250 и 50 пн.

Сайты узнавания рестриктаз были следующими:

Рестриктаза	Сайт узнавания рестрикции
MspI	5'...C↓CGG...3' 3'...GGC↑C...5'
HpaII	5'...C↓CGG...3' 3'...GGC↑C...5'
Mbol	5'...C*↓GATC...3' 3'...CTAG↑*C...5'

*Метилирование остатка цитозина.

Статистическая обработка данных проведена стандартными методами.

Результаты и обсуждение

Цитогенетическими исследованиями апексов корней проростков выявлено различие частот хромосомных aberrаций во всех вариантах опытов с проростками из семян, прорастающих быстро, со средней скоростью и медленно. Во всех повторностях опыта частота хромосомных aberrаций у проростков из семян со средней скоростью прорастания сильно варьировала в зависимости от сезона, что может быть показателем гетерогенности указанной группы. В связи с этим в данной работе проанализирована сопряженность эпигенетического полиморфизма с особенностями формирования адаптивных реакций только для двух групп проростков — из БП- и МП-семян, давших стабильные результаты как по цитогенетическим, так и молекулярно-биологическим показателям.

Значимое различие наблюдалось в исходном выходе хромосомных aberrаций (Хр.аб., %) в группах проростков из БП- и МП-семян (рис. 1).

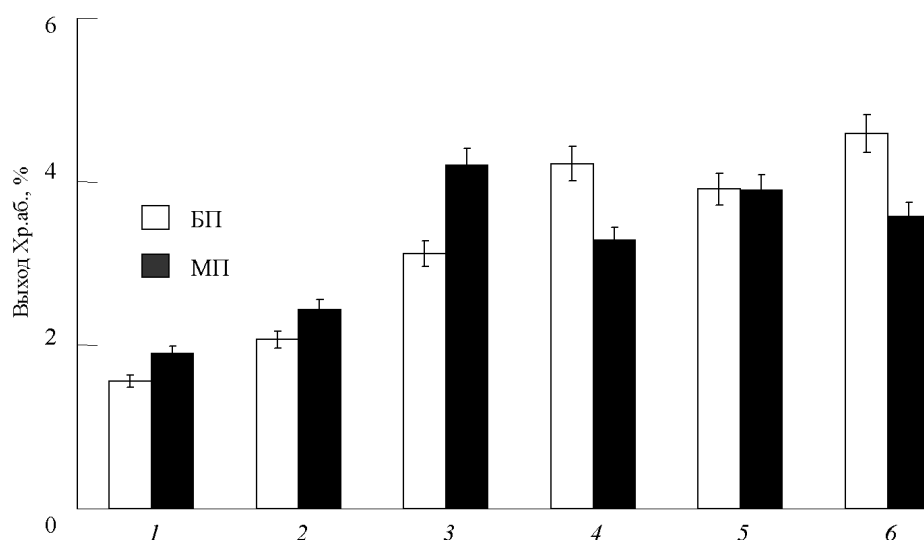


Рис. 1. Выход хромосомных aberrаций в апексах корней быстро (БП) и медленно (МП) прорастающих семян. Режимы облучения:

1 — контроль; 2 — 1 кДж/м²; 3 — 1 кДж/м² + 6,2 кДж/м² через 4 ч после адаптирующей дозы; 4 — полная доза 7,2 кДж/м² одновременно с облучением варианта 3 в ударной дозе; 5 — 1 кДж/м² + 6,2 кДж/м² через 1 сут после адаптирующей дозы; 6 — полная доза 7,2 кДж/м² одновременно с вариантом 5

У проростков из МП-семян наблюдался более высокий выход хромосомных aberrаций как в контрольном варианте, так и в варианте, получившем адаптирующую дозу. Сравнение выхода хромосомных aberrаций в режиме адаптирующее—ударное облучение с выходом хромосомных aberrаций при одномоментном облучении в полной дозе (7,2 кДж/м²) показало, что у проростков из БП-семян четко выражен адаптивный ответ при ударном облучении как через 4 ч, так и через 1 сут после адаптирующего. У проростков из МП-семян адаптивный ответ не наблюдался при обоих интервалах между адаптирующим и повреждающим облучением. Электрофореграмма контроля нативности ДНК, выделенной из 6-суточных проростков кукурузы БП- и МП-семян, приведена на рис. 2. Полученные данные свидетельствуют об отсутствии значимой фрагментации ДНК, потенциально возможной в результате облучения УФ-С.

Электрофореграмма, приведенная на рис. 3, а, свидетельствует о значительном разнообразии спектров ампликонов как для продуктов ITS-амплификации рестриктов HpaII контрольных образцов БП- и МП-семян (позиции 1 и 7), так и всех вариантов с УФ-С облучением. Сравнение цитогенетической реакции на облучение в адаптирующей дозе (см. рис. 1) с изменением спектров ампликонов для этих вариантов (позиции 2 и 8) показало, что более высокий выход хромосомных aberrаций у проростков из МП-семян связан со значительным увеличением числа ампликонов как большей, так и меньшей массы по сравнению с ампликонами контрольного варианта. Также сильно различаются спектром ампликонов позиции 3 и 9, соответствующие режиму адаптирующее—ударное облучение, позиции 4 и 10, 5 и 11, 6 и 12.

Таким образом, как исходные профили метилирования транскрибируемой ДНК по сайтам рестрикции фермента HpaII, так и их изменения при различных режимах УФ-С облучения проростков из БП- и МП-семян значительно отличаются.

Электрофореграмма продуктов ITS-амплификации ДНК, гидролизованной рестриктазой MspI (см. рис. 3, б), показала различия наборов ампликонов как в контрольных вариантах (позиции 1 и 7), так и при всех режимах облучения УФ-С. Это свидетельствует о различиях в про-

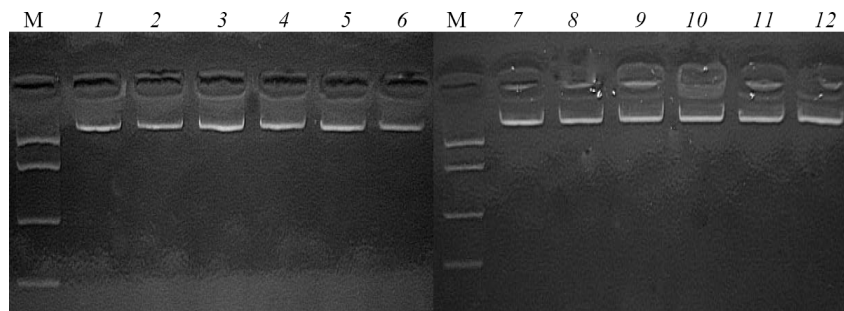
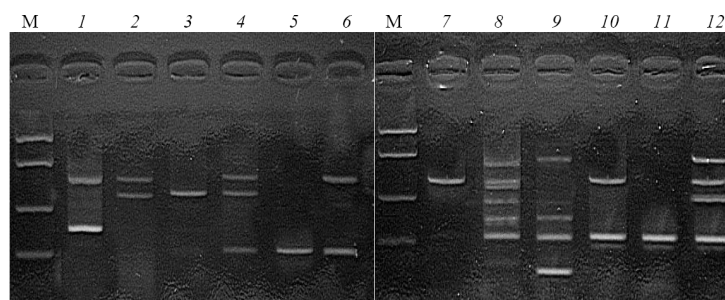
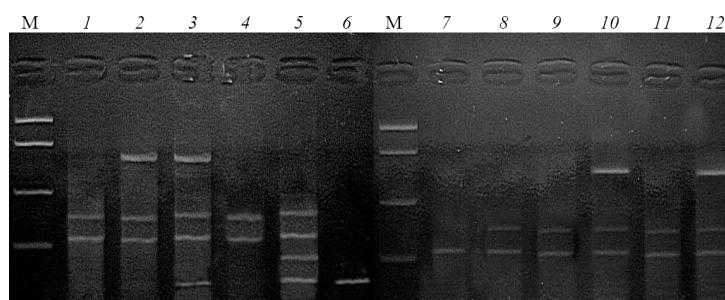


Рис. 2. Электрофореграмма контроля нативности ДНК, выделенной из 6-суточных проростков кукурузы быстро (1—6) и медленно (7—12) прорастающих семян. Здесь и на рис. 3, 4:

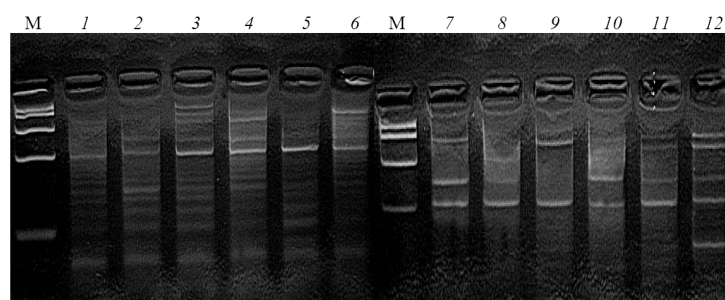
М — маркер молекулярной массы GeneRuler 50 bp DNA Ladder; 1 — БП, контроль; 2 — БП, 1 кДж/м²; 3 — БП, 1 кДж/м² + 6,2 кДж/м² через 4 ч после адаптирующей дозы; 4 — БП, 7,2 кДж/м² одновременно с облучением варианта 3 в ударной дозе; 5 — БП, 1 + 6,2 кДж/м² через 1 сут после адаптирующей дозы; 6 — БП, 7,2 кДж/м² одновременно с облучением варианта 5 в ударной дозе; 7 — МП, контроль; 8 — МП, 1 кДж/м²; 9 — МП, 1 кДж/м² + 6,2 кДж/м² через 4 ч после адаптирующей дозы; 10 — МП, 7,2 кДж/м² одновременно с облучением варианта 9 в ударной дозе; 11 — МП, 1 + 6,2 кДж/м² через 1 сут после адаптирующей дозы; 12 — МП, 7,2 кДж/м² одновременно с облучением варианта 11 в ударной дозе



a



б



в

Рис. 3. Электрофореграммы продуктов ITS-амплификации ДНК, гидролизованной рестриктазами HpaII (*a*), MspI (*б*), MboI (*в*)

фиях метилирования транскрибируемой ДНК всех образцов. Наибольшие различия профилей метилирования ДНК проростков из БП-семян наблюдались между всеми вариантами, включая контрольный. Появились ампликоны с большей массой (позиции 2 и 3), что отражало снижение в определенных участках ДНК сайтов рестрикции данного фермента, а также ампликоны с меньшей массой, что соответствовало увеличению числа сайтов рестрикции. Общее различие в изменениях спектров ампликонов, а значит, профилей метилирования ДНК по сайтам рестрикции MspI-фермента, заключается в их большем разнообразии у проростков из БП-семян при различных режимах воздействия, чем у проростков из МП-семян.

Электрофореграмма продуктов ITS-амплификации ДНК, гидролизованной рестриктазой MboI (см. рис. 3, *в*), также свидетельствует о значительном различии профилей метилирования по сайтам рестрикции

данного фермента как контрольных вариантов каждой из групп семян (позиции 1 и 7), так и изменения профилей их метилирования при различных режимах облучения. Сравнение изменений набора ампликонов при разных режимах воздействия УФ-С показало, что они происходят в основном вследствие появления ампликонов с молекулярными массами в интервале молекулярных масс ампликонов контрольного варианта. Эта особенность наиболее выражена у разных вариантов проростков из БП-семян. У проростков из МП-семян появляются ампликоны, выходящие за интервал масс ампликонов контрольного образца (см. рис. 3, в, позиция 12).

Существенно различаются электрофореграммы разделения продуктов ISSR-амплификации ДНК, гидролизованной рестриктазой HpaII (рис. 4). Наблюдаются изменения в профиле метилирования ДНК по сайтам рестрикции этого фермента между проростками, различающимися по скорости прорастания семян (позиции 1 и 7). Менее выражены они во всех вариантах опыта у проростков из МП-семян. Различия между изменениями профилей метилирования при проведении ISSR-амплификации с другими рестриктазами не зафиксированы.

Таким образом, полученные результаты свидетельствуют о существенном различии формирования реакций на повторное воздействие стрессового фактора у проростков с разными профилями метилирования ДНК. При этом наблюдались значительные перестройки профилей метилирования транскрибируемой ДНК, особенности которых различны у проростков разных эпигенетических групп. Более разнообразные изменения профилей метилирования транскрибируемой ДНК зафиксированы при всех режимах облучения у проростков из БП-семян. Они могут свидетельствовать об изменениях экспрессии генов, направленных на формирование различных защитных реакций. При этом стратегии защиты неодинаковы по механизмам и их эффективности у организмов, различающихся эпигенетически изначально.

Более сложно интерпретировать данные, указывающие на изменения в профилях метилирования сателлитной, нетранскрибируемой ДНК для проростков из МП- и БП-семян. В настоящее время функциональную значимость сателлитной ДНК частично объясняют ее структурной ролью в пространственной организации генома [9]. Различные профили метилирования сателлитной ДНК, отражающие и различия конформации хроматина, могут носить соподчиненный характер при ремоделировании хроматина. Определенные профили метилирования транскриби-

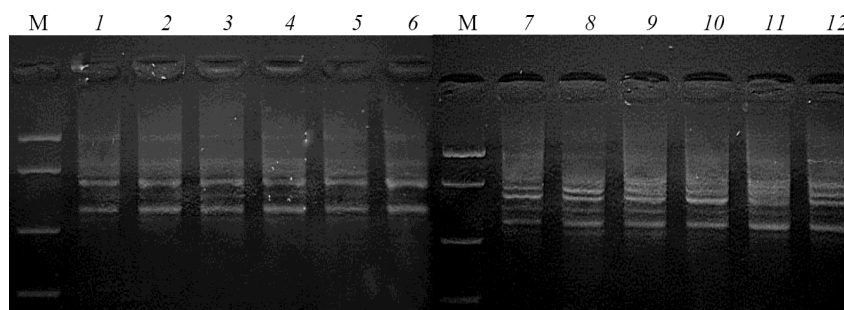


Рис. 4. Электрофореграмма продуктов ISSR-амплификации ДНК, гидролизованной рестриктазой HpaII

руемой ДНК могут реализоваться в транскрипционных процессах лишь при определенной конформации всего хроматина в целом.

Таким образом, установлено существование взаимосвязи формирования реакции на повторяющиеся воздействия стрессового фактора у семян с различными изменениями профилей метилирования как транскрибируемой, так и сателлитной ДНК.

Сопоставление результатов цитогенетического анализа с изменениями профилей метилирования транскрибируемой и сателлитной ДНК после облучения также указывает на их взаимосвязь с различной реакцией на повторяющиеся воздействия УФ-С облучения. Как уже отмечалось, для варианта БП-семян характерен более низкий исходный уровень хромосомных aberrаций по сравнению с другими вариантами. Возможно, это свидетельствует об эффективной работе не только систем репарации спонтанных повреждений ДНК, но и систем, ответственных за прохождение контрольных точек клеточного цикла и определяющих полноценное устранение двойных разрывов [1]. Известно, что успешное восстановление молекул ДНК по механизму гомологичной рекомбинации возможно лишь при определенном уровне релаксации хроматина [1, 11] и, таким образом, также непосредственно связано с конформацией сателлитной ДНК [6].

Данные последних лет свидетельствуют о значительной роли климатических факторов в определении эпигенетического полиморфизма популяций, передающегося по наследству в течение нескольких поколений и обеспечивающего приспособление к варьирующим условиям произрастания [12]. Выполненное исследование подтвердило, что эта пластичность, достигаемая эпигенетическими механизмами, является универсальным защитным механизмом, определяющим разнообразие ответов и на действие стрессовых факторов.

1. Газиев А.И. Низкая эффективность репарации критических повреждений ДНК, вызываемых малыми дозами радиации // Радиационная биология. Радиационная экология. — 2011. — 51, № 5. — С. 512—529.
2. Галицкий В.А. Гипотеза о механизме инициации малыми РНК метилирования ДНК de novo и аллельного исключения // Цитология. — 2008. — 50, № 4. — С. 277—286.
3. Кравец А.П., Соколова Д.А., Венгжен Г.С., Гродзинский Д.М. Изменение профиля метилирования ДНК при фракционированном УФ-С облучении проростков // Цитология и генетика. — 2013. — 47, № 1. — С. 37—43.
4. Тищенко О.М., Дубровна О.В., Топчий Н.М. Метилування ДНК в онтогенезі рослин. — К.: Логос, 2008. — 263 с.
5. Тищенко Е.Н., Дубровная О.В. Эпигенетическая регуляция. Метилирование ДНК генов и транскриптов растений. — Киев: Логос, 2004. — 232 с.
6. Хемлебен В., Беридзе Т.Г., Бахман Л. и др. Сателлитные ДНК // Успехи биол. химии. — 2003. — 43. — С. 267—306.
7. Ausubel F.M., Brent R., Kingston R.E. Current Protocols in Molecular Biology. — 2004. — A.3D.1-A.3D.12 Biophotometer — Operating Manual. <http://www.eppendorf.com>.
8. Bartlett J.M.S., Stirling D. PCR protocols. — Humana Press Inc., 2003. — 545 p.
9. Bilichak A., Ilynskyy Y., Hollunder J., Kovalchuk I. The progeny of *Arabidopsis thaliana* plants exposed to salt exhibit changes in DNA methylation, histone modifications and gene expression // PLoS One. — 2012. — 7, N 1. e30515 22291972.
10. Calarco J., Borges F., Donoghue M.T.A. et al. Reprogramming of DNA methylation in pollen guides epigenetic inheritance via small RNA // Cell. — 2012. — 151. — P. 194—205.
11. Coleman M.A., Yin E., Peterson L.E. et al. Low-dose irradiation alters the transcript profiles of human lymphoblastoid cells including genes associated with cytogenetic radioadaptive response // Radiat. Res. — 2005. — 164, N 4. — P. 369—382.
12. Hauser M.-T., Aufsatz W., Jonak C., Luschnig C. Transgenerational epigenetic inheritance in plants // Biochim. Biophys. Acta. — 2011. — doi:10.1016/j.bbarm.2011.03.007.

13. *Havecker E.R., Wallbridge L.M., Hardcastle T.J. et al.* The Arabidopsis RNA-directed DNA methylation argonautes functionally diverge based on their expression and interaction with target loci // *Plant. Cell.* — 2010. — **22**, N 2. — P. 321–334.
14. *Sokolova D.A., Vengzhen G.S., Kravets A.P.* An analysis of the correlation between the changes in satellite DNA methylation patterns and plant cell responses to the stress // *Cell Biol.* — 2013. — **2**. — P. 163–171.
15. *Tikunov Yu.M., Khrystaleva L.I.* Application of ISSR markers in the genus *Lycopersicon* // *Euphitica.* — 2003. — **131**. — P. 71–80.
16. *Zhang S., Liu X.* Does epigenetic polymorphism contribute to phenotypic variances in *Jatropha curcas* L.? // *BMC Plant Biol.* — 10:259 doi:10.1186/1471–2229–10–259.

Получено 28.10. 2013

РОЛЬ ЕПІГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ ПРОРОСТКІВ КУКУРУДЗИ
В РЕАКЦІЯХ НА УФ-С ОПРОМІНЕННЯ

Д.О. Соколова, [Г.С. Венгжен], О.П. Кравець

Інститут клітинної біології та генетичної інженерії Національної академії наук України,
Київ

Вивчено зв'язок епігенетичного поліморфізму проростків кукурудзи з особливостями їх стійкості та адаптації до УФ-С опромінення. На підставі дослідження трьох показників — частоти хромосомних аберацій у меристематичних тканинах, змін профілю метилування транскрибованих послідовностей (ITS2 та ITS3), а також сателітної ДНК встановлено, що проростки з повільно і швидко проростаючого насіння, які мають різний епігеном, порізному реагують на повторну стресову дію: у проростків зі швидко проростаючого насіння адаптація формується; у проростків з повільно проростаючого насіння за дослідженого режиму дії адаптивна реакція не формується. Обговорено питання щодо біологічного значення епігенетичного поліморфізму насіння як механізму забезпечення виживаності організмів, популяцій і видів.

THE ROLE OF EPIGENETIC POLYMORPHISM OF CORN SEEDLINGS IN RESPONSE
TO UV-C EXPOSURE

D.A. Sokolova, [G.S. Vengzhen], A.P. Kravets

Institute of Cell Biology and Genetic Engineering, National Academy of Sciences of Ukraine
148 Acad. Zabolotnogo St., Kyiv, 03680, Ukraine

The relation between epigenetic polymorphism of corn seedlings with features of their resistance and adaptation under UV-C exposure has been investigated. According to three indices — chromosome aberrations yield in the meristematic tissues, changes in methylation patterns in transcribed, and satellite DNA, it was shown that seedlings from slowly- and fast-grown seeds with different epigenome responded to chronic stress exposure differently. There was an adaptation of seedlings from fast-grown seeds and seedlings from slowly-grown seeds didn't show any adaptation under the same exposure mode. The issue about biological importance of seeds' epigenetic polymorphism as a life maintenance mechanism of organisms, populations and species has been discussed.

Key words: stress, adaptation, epigenetic polymorphism, DNA methylation pattern, transcribed DNA, satellite DNA, chromosome aberrations.