



**РОБОЧИЙ СЕМІНАР ФЄБТ  
«АДАПТАЦІЙНИЙ ПОТЕНЦІАЛ РОСЛИН»  
(FEBS Workshop «Adaptation potential in plants»)**

*(19–21 березня 2009, м. Відень, Австрія)*

Робочий семінар Федерації європейських біохімічних товариств (ФЄБТ) «Адаптаційний потенціал рослин» відбувся 19–21 березня 2009 р. у Відні (Австрія). Він проводився на базі Інституту молекулярної біології рослин ім. Грегора Менделя за фінансової підтримки ФЄБТ і Австрійського міністерства науки та досліджень (The Austrian Ministry for Science and Research).

У семінарі брали участь понад 120 науковців із 33 країн Європи, Азії, Північної Америки, Африки та Австралії, в тому числі з Австрії — 23 учасники, Німеччини — 13, Великої Британії — 11, США — 9, України — 6, по одному з Росії та Білорусі.

На семінарі, приуроченому до 200-річного ювілею Ч. Дарвіна, розглядалися різноманітні аспекти адаптації рослин до змін навколишнього середовища протягом індивідуального розвитку та в процесі еволюції, передусім генетичний поліморфізм, фенотипічна пластичність, епігенетичні системи контролю генної експресії. Підкреслювалось, що питання адаптаційного потенціалу рослин і пізнання механізмів їх пристосування до зовнішнього середовища безпосередньо пов'язані із завданнями збереження та відновлення біорізноманіття, а також отримання високої продуктивності сільськогосподарських культур за глобальних змін клімату. На семінарі працювали чотири секції — «Генетичні механізми», «Епігенетичні механізми», «Стресовий сигналінг» і «Ріст і розвиток» — і постерна сесія. На засіданнях заслухали 26 доповідей,

у тому числі 18 — провідних учених, запрошених організаційним комітетом, та 8 доповідей, обраних за поданими на конференцію тезами.

Роботу конференції відкрила доповідь І. Матіса (Франція) «Регуляція швидкості мутування навколишнім середовищем», в якій автор детально розглянув можливість зміни частоти адаптивних мутацій шляхом алельних варіацій генетичних систем, що контролюють точність реплікації та репарації ДНК. Жваву дискусію викликала доповідь Т. Мітчела-Олдса (США) «Еволюція та пристосованість локусів комплексних ознак у природі» за результатами масштабного дослідження генетичних основ мінливості ознак, важливих в адаптації рослин до екологічних змін. На прикладі природних популяцій *Boechna stricta* (виду, близького до *Arabidopsis*) у горах Колорадо і Монтана автор показав можливість кількісної оцінки процесів природного добору на основі аналізу поліморфізму локусів, які контролюють синтез токсичних для тварин глікозинолатів, і пов'язаного з цим ступеня їх поїдання тваринами.

Результати дослідження алополіплоїдів, представлені О. Паун у доповіді «Генетичні та епігенетичні відповіді керують адаптацією після алоплоїдизації в *Dactylorhiza* (*Orchidaceae*)», свідчать про наявність у тетраплоїдів підвищеної варіабельності генної експресії та значних епігенетичних змін, що може зумовлювати вищий рівень їх фенотипічної пластичності порівняно з батьками-диплоїдами.

Парадоксальною виявилась доповідь С. Лоллі (Канада) «Секс! Кому він потрібний? Чи можуть *hothead* змінюватись без нього?». У 2005 р. колектив дослідників Університету Парду (США) на чолі з Р. Прюїтом і за участю доповідача вперше повідомив про новий гіпотетичний механізм ДНК-репарації, який може бути причиною відхилень від законів класичної менделівської генетики. Дослідження проводились на мутанті *Arabidopsis thaliana*, в якому мутація за геном *hothead* призвела до змін властивостей епідермісу, внаслідок чого стало можливим злиття будь-яких його органів, наприклад квіток у суцвітті, і проростання пилку на будь-якій поверхні рослини. Всупереч законам спадковості самозапилення гомозиготних за цим геном рослин стабільно давало у наступних поколіннях 10 % рослин, які не мутували і мали нормальний фенотип, тобто наслідували ДНК, якої не було в хромосомному геномі батьків. Це явище назвали «відновленням» (restoration), воно започаткувало жваву критичну дискусію у широких колах наукової громадськості. Автори висловили думку, що рослини якимось чином «кешують» свої версії деяких генів кількох попередніх поколінь і використовують ці версії для корекції мутованого гена. Подальші дослідження показали, що рослини, ізольовані і захищені від чужорідного пилку, можуть давати потомство з генетичними маркерами, відсутніми у батьків. Крім того, показано, що окремі мутантні рослини є генетично мозаїчними за цим геном, тобто складаються з секторів, які відрізняються між собою за генетичною інформацією. Нові варіанти ДНК-последовностей можуть з'являтися в соматичних тканинах і передаватися наступному поколінню, якщо сектор, в якому вони з'явилися, включає

клітини, що формують гамети. Однак механізм цього явища залишається невідомим.

Значну увагу привернула доповідь У. Гроссніклауса (Швейцарія) «Роль епігенетичної спадковості в екології та еволюції рослин», де автор виклав результати багаторічних досліджень популяцій *Mimulus* spp., які зростають у гірських районах Каліфорнії та характеризуються значними морфологічними відмінностями, на підставі чого раніше їх відносили до різних видів. Генетичні та молекулярні дослідження довели, що рослини з червоними квітками, пристосованими для запилення птахами, і рослини з жовтими квітками, пристосованими до запилення комахами, є різними епігенетичними станами одного виду; водночас «гібридні» рослини з оранжевими квітками, пристосованими для запилення як птахами, так і комахами, являють собою перехідну між двома станами форму. Кожен такий стан може успадковуватися і проявляти себе як епімутація, але може бути оборотним. За припущенням доповідача, перехід між епігенетичними станами організму регулюється факторами середовища. Оскільки епігенетичні переходи позначаються на морфології, кольорі й ароматі квіток, то можуть призводити до репродуктивної ізоляції і, як наслідок, впливати на еволюційну траєкторію цього таксона.

Цікавою виявилася доповідь Е. Вірлінг (США) «Гени та генетичні шляхи, які контролюють стійкість до високої температури». Дослідниця довела, що до найважливіших ланок термостійкості рослин належать білок теплового шоку Hsp101 і S-нітрозоглутатіон, який відіграє вирішальну роль у сигнальних шляхах NO. Цей висновок зроблений на основі скринінгу мутантів *A. thaliana*, нездатних адаптуватися до теплового стресу, та повномасштабного аналізу змін у рівні транскрипції генів протягом процесу надбання термостійкості.

Стендові повідомлення демонструвалися протягом всіх днів роботи семінару. Загалом слід зазначити, що переважна більшість досліджень виконана на модельному об'єкті *A. thaliana*. Це дало можливість порівнювати й докладно обговорювати результати. Привернуло увагу широке використання функціональної геноміки та протеоміки, зокрема, аналізу мутантів за окремими генами і трансгенних рослин із специфічними генними конструкціями; кластерного аналізу генів, що сприяє з'ясуванню генетичних основ метаболічних ланцюгів. Для комплексного аналізу фенотипічних проявів генетичного поліморфізму дедалі ширше застосовують мінісеквенування на олігонуклеотидних мікробіочипах, яке уможливорює аналіз великої кількості генотипів за багатьма генами і ознаками.

Учасники семінару висловили глибоку вдячність організаційному комітету й адміністрації Інституту молекулярної біології рослин ім. Грегора Менделя за гостинність та чудові умови для плідної роботи семінару.

Л.Є. КОЗЕКО, Є.Л. КОРДЮМ