

## ГЕНЕТИКА

УДК 575.1

Т. Г. ВЕРБИЦКАЯ, к. б. н., зав. лаб.  
СГІ–НЦСС, Одесса  
Лаб. молекул.-генет. исслед. «Гермедтех»  
e-mail: tg.verbitska@gmail.com

### **ДНК-ТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ: ОТ КИНЕТИКИ РЕАССОЦИАЦИИ ДО ГЕННОЙ ИНЖЕНЕРИИ**

*Освещены основные научные достижения лаборатории молекулярной биологии ВСГИ в период ее становления. Изучение молекулярной структуры геномов сельскохозяйственных растений было начато под руководством Ю. М. Сиволапа. Кинетика реассоциации, анализ фракций генома, исследование полиморфизма длин рестрикционных фрагментов легли в основу создания ДНК-технологий по совершенствованию селекционного процесса. Одним из направлений работы лаборатории явилось изучение влияния экзогенной ДНК на наследственность растений. Работы лаборатории создали основу анализа организации, специфики и изменчивости генома сельскохозяйственных растений.*

Ключевые слова: геном, кинетика реассоциации, генная инженерия, ДНК-технология, сельскохозяйственные растения.

**Введение.** В 1971 году в ВСГИ была создана одна из первых профильных лабораторий в системе ВАСХНИЛ — лаборатория молекулярной биологии. Основателем и бессменным руководителем ее стал молодой, энергичный, вернувшийся со стажировки из США, к. с.-х. н. Сиволап Юрий Михайлович.

Открытие генетической роли ДНК, механизмов кодирования и синтеза белков, а также молекулярных механизмов основных генетических процессов позволило подойти к исследованию на молекулярно-генетическом уровне процессов, которые считались объектом чисто генетического изучения. Одной из первостепенных задач явилось исследование специфичности молекулы ДНК важных для сельского хозяйства высших растений.

Первый этап становления лаборатории был организационно-методический. Наш маленький коллектив из 6 человек составили как сотрудники с определенным багажом знаний Л. Ф. Дьяченко, А. Н. Котлов, К. А. Серова, так и молодые, с университетской скамьи, полные энтузиазма и желания сразу все познать. Мы самоотверженно овладевали

всеми тонкостями методов молекулярной биологии. Это — спектрофотометрия, ультрацентрифугирование, ультразвуковая дезинтеграция, электрофорез, изотопные методы, разные варианты перегонки реактивов, включая вакуумную, лиофильная сушка и т. д. Надо отметить, что, благодаря энергии Юрия Михайловича и соответствующему финансированию, за несколько лет лаборатория была прекрасно оснащена и достойно конкурировала с немногочисленными подобными лабораториями Москвы, Ленинграда, Киева.

Основным материалом молекулярно-биологических исследований того времени, в силу лучшей генетической изученности и более простого состава, были прокариоты. Взяв в качестве объекта исследования злаковые, сразу столкнулись с методическими трудностями. Первый наш учитель Юрий Михайлович основные методы и подходы анализа ДНК растений освоил в ведущей в мире по уровню исследований молекулярной биологии растений и животных лаборатории доктора Дж. Боннера (Калифорния, США). Но у Дж. Боннера модельным растительным материалом был горох, а ткани злаков оказались гораздо более сложным объектом молекулярной биологии. Несовершенство методов молекулярно-генетического анализа растений приходилось компенсировать количеством. Сейчас даже трудно представить, что для выделения ДНК из кукурузы необходимо было вырастить на пробковой крошке грамм 800 этиолированных проростков и измельчить их в мельнице с жидким азотом. Лизирующего буфера требовалось 3–4 литра, раствора для диализа 4–5 литров. Мы безмерно радовались, когда в литровом стакане всплывала «медуза» ДНК. Результатом упорного и творческого труда стали первые печатные работы по выделению ДНК и хроматина и его составных частей из тканей сельскохозяйственных растений [1–3].

По оборудованию и уровню квалификации научных работников лаборатория в середине 70-х годов уже занимала одно из ведущих мест в бывшем СССР и стала методическим центром по молекулярной биологии сельскохозяйственных растений и исследованию их генома. После первых опубликованных работ и первых конференций мы уже принимали стажеров из Черновцов, Киева, Уфы, Москвы, республик Средней Азии. Разработаны и изданы первые в стране методические пособия по выделению и исследованию молекулярных соединений из тканей растений [4].

Основным направлением стало определение специфичности генома растений методами молекулярной биологии и исследования генома путем анализа вторичной структуры ДНК. Исследование организации генома методами денатурации-ренатурации ДНК, особенно анализа кинетики реассоциации ДНК, сформировали современное представление о геноме растений как сложной динамической системе. В основу работы первой аспирантки лаборатории Т. Г. Вербицкой легло изучение молекулярной организации генома ячменя. В результате исследования тер-

мальной денатурации, кинетики реассоциации, ДНК/ДНК гибридизации выявлена интрамолекулярная гетерогенность ДНК ячменя. На основе данных электронно-микроскопического анализа, результатов гибридизации фрагментов разной длины, данных гиперхромизма, изучения материала, устойчивого к  $S_1$ -нуклеазе, определен характер распределения полинуклеотидных последовательностей в геноме и разработана модель молекулярной организации генома важной сельскохозяйственной культуры — ячменя, включающая 9 классов нуклеотидных последовательностей [5, 6].

Применение методов анализа интрамолекулярной гетерогенности генома послужило важным инструментом при установлении специфичности ДНК, что является необходимым для характеристики видов. При изучении генома тритикале (гибрида пшеницы и ржи), отмечено, что этой культуре свойственны черты каждой из родительских форм и присущ ряд индивидуальных особенностей. Анализ дифференциальных профилей плавления ДНК показал наличие общих субкомпонентов у тритикале, ржи и пшеницы и индивидуальных, характерных только для генома тритикале, т. е. геном тритикале представляет собой продукт взаимодействия, а не сумму геномов исходных родителей. Сравнение кинетики реассоциации ДНК у тритикале и родительских форм пшеницы и ржи показало, что у тритикале произошло увеличение фракции наиболее часто повторяющихся последовательностей нуклеотидов и уменьшение фракции средних повторов [7].

Оказалось, что у растений фракция часто повторяющихся последовательностей значительно больше, чем у животных, и была выдвинута гипотеза, что эта разница в организации ДНК связана с теми последовательностями нуклеотидов, которые отвечают за регуляторные реакции, обеспечивая жизнедеятельность растений в изменяющихся условиях окружающей среды. Обнаружено избыточное количество рибосомных генов у растений и несколько типов регуляции рДНК. Было установлено, что количество рибосомных генов может меняться в зависимости от уровня метаболической активности ткани. Класс средних повторов занимает большую часть генома высших растений, в частности злаков. Гены, кодирующие рибосомную, транспортную РНК и гистоны, составляют сравнительно небольшую часть ДНК с промежуточной повторяемостью. Основную долю этой фракции составляют последовательности — регуляторы активности генома, обеспечивающие функционирование и репродукцию растений в изменяющихся условиях окружающей среды. Последовательности нуклеотидов малокопийной фракции злаков не являются уникальными, а повторяются в определенной степени, например в геноме ячменя 4-кратное повторение. Выявление интрамолекулярной гетерогенности ДНК и выделение фракций последовательностей разных как по количеству копий, так и по функциям в генетической системе клетки, создало возможность дифференциальной оценки эволюцион-

ной изменчивости генома. Исследование фракций ДНК позволило по-новому сформировать понятие «геном» и осознать его изменчивость в процессе макро- и микроэволюции [8–10].

С помощью анализа данных молекулярной гибридизации установлен внутривидовой диапазон изменчивости фракции малокопийной ДНК у видов культурных злаков среди сортов *Triticum aestivum* и форм *Hordeum vulgare*. Было показано, что разница между шестирядным и двухрядным ячменем не превышает уровня внутривидовой изменчивости, что дало повод считать их подвидами, а не отдельными видами. Это была одна из первых попыток оценки внутривидовой дивергенции генома культурных злаков.

В формировании биологической специфичности организма значительная роль принадлежит хромосомным белкам, которые участвуют в контроле генной активности, обеспечивают выражение генетической информации и поддерживают структуру ДНК. При изучении негистоновых белков хроматина ячменя В. В. Чарским оценена межвидовая, внутривидовая и онтогенетическая специфичность. С помощью двумерного электрофореза в составе негистоновых белков хроматина ячменя обнаружена специфичная система протеиназа — ингибитор. Было высказано предположение, что она ответственна за катаболизм ядерных белков и посредством этого может оказывать влияние на выражение генов [11].

С 1975 года началось изучение влияния экзогенной ДНК на наследственность растений. Разработка эффективного метода трансформации привлекала возможностью создания принципиально новых подходов в селекции, возможностью создания нетрадиционных методов повышения их урожайности, качества продукции, устойчивости к неблагоприятным факторам. Особую актуальность приобрела проблема разработки метода генетической трансформации у растений в связи с успехами генетической инженерии у бактерий, позволяющей *in vitro* получать гибридные (рекомбинантные) молекулы ДНК и синтезировать новые гены. Однако вопрос о возможности генетической трансформации у высших организмов оставался открытым. В 60-х и начале 70-х годов на животных были получены многочисленные, но плохо воспроизводимые результаты. Первая работа по трансформации в нашей лаборатории показала возможность индуцирования признаков морозостойкости в ячмень с помощью экзогенной ДНК ржи, способной выдерживать низкие температуры. Растворы препаратов экзогенной ДНК ржи вводили с помощью инъекций в зерновки молочной спелости, что позволило получить 54–67 % растений ячменя, которые выживали после промораживания, 18 % — в контроле. Семьи с повышенной морозостойкостью выявлялись и в  $F_3$ , с частотой появления данного признака 30–40 %, при этом спектр запасных белков морозостойких растений выходил за пределы полиморфизма белков сорта-реципиента. Такие явления пытались

объяснять возможным присутствием эписом или экзосом, образующихся в клетках реципиента с экзогенной ДНК, и имеющих регуляторное влияние на его геном, а также возможными мутациями [12].

Исследование проблемы генетической трансформации и других биологических эффектов чужеродной ДНК у растений невозможно без исследования механизмов поглощения и дальнейшей судьбы экзогенного генетического материала в клетке.

Взаимодействие экзогенной гомологичной ДНК с ядрами, выделенными из проростков кукурузы, исследовано в диссертационной работе В. А. Топтикова. Показано, что при поглощении гомологичной ДНК изолированными ядрами не участвуют системы активного транспорта или облегченной диффузии. Большое значение в процессе накопления экзогенного гомологичного материала ядрами имеют сорбционные взаимодействия, в первую очередь электростатической природы. Проникновение и накопление ДНК происходит по ограниченному количеству участков на поверхности и мест связывания в ядре экзогенного материала. Максимальное количество гомологичной ДНК, которое способно поглотить растительное ядро *in vitro*, соответствует величине реципиентного генома. Экзогенная ДНК может влиять на жизненно важные процессы, стимулируя РНК-полимеразную активность ядер и индуцируя ДНКазную активность. Впервые для растительной системы показано, что индукция ДНКазной активности затрагивает не только экзогенный, но и эндогенный материал. В целом процесс поглощения ДНК ядрами — это физиологический процесс, в котором уровень накопления регулируется реципиентной системой и зависит от ее состояния [13]. Изучали трансформирующее действие не только тотальных препаратов ДНК, но выделенных геномных фракций [14].

Работы по трансформации проводились широкомасштабно и в полевых условиях. При введении ДНК из сорта гороха Одесский 58 (Le) в семена линии 858 (le) И. С. Образцовым в 1978 г. получено растение с химерными междоузлиями. Частота появления таких растений составила  $2.5 \times 10^{-4}$ . Однако возможность трансформации растений экзогенной ДНК подвергалась сомнению в связи с вероятной деградацией последней под действием нуклеаз тканей растения-хозяина [15]. Для разрешения данного вопроса И. С. Образцовым и Н. М. Бабак проведена изящная работа по исследованию биологической активности гетерологичной бактериальной ДНК в тканях гороха. Стерильные семена гороха инкубировали в растворе ДНК *Baciullus subtilis SHgw*. После инкубации в ДНК семена замачивали в воде и через определенные промежутки времени выделяли тотальную ДНК и использовали для трансформации реципиентного штамма *B. subtilis trp-*. Было установлено, что ДНК сенной палочки присутствует в тканях растений в недеградированном состоянии и сохраняет потенциальную способность к трансформации. Трансформационная активность прослеживалась на протяжении 240 часов после

инкубации, что свидетельствовало о полимерности экзогенной ДНК и, следовательно, о том, что ДНКазы гороха ее не деградировали [16].

Одним из главных условий получения большого количества генетически модифицированных злаков является разработка эффективного протокола регенерации растений. Показаны перспективные пути получения направленных наследственных изменений у сельскохозяйственных растений, в том числе с использованием каллусной культуры. Т. В. Авраамовой, М. С. Бальвинской исследован подбор условий оптимизации культуральных сред и гормонов, при культивировании каллусов ячменя для реализации их регенерационного потенциала. Однако четких данных о трансформации при введении тотальной ДНК в растения в этот период не было получено. Трансформация растений с помощью выделенной ДНК стала возможной после разработки методов идентификации и выделения отдельных генов, создания векторов, обеспечивающих перенос и встраивание в генетическую систему хозяина генно-инженерных конструкций, а также селективной системы регенерации трансформированных клеток.

Конечно, эти эксперименты были еще далеки от внедрения их результатов в селекционную практику, но они являлись основой анализа организации, специфики и изменчивости генома сельскохозяйственных растений. Большое значение для реализации работ имела возможность сотрудничать с селекционерами института, иметь соответствующий селекционный материал. К середине 70-х годов без участия сотрудников лаборатории «молби» не проходила ни одна научная конференция по молекулярной биологии. Создались тесные творческие контакты с лабораторией академика А. М. Белозерского (МГУ), Институтом молекулярной биологии (лаб. Г. П. Георгиева, Москва), Научно-исследовательским институтом генетики и селекции промышленных микроорганизмов (лаб. Ю. П. Винецкого, Москва), Институтом физиологии растений (Киев), Институтом молекулярной биологии и генетики НАН Украины (Киев), Черновицким университетом. Совместная работа с Институтом генетики и цитологии (Минск) была представлена на XIV Международном генетическом конгрессе [17]. На базе лаборатории проходили заседания Международного комитета по исследованию перспектив селекции растений, оргкомитета по программе «Геном растений», международные конференции.

Если анализ кинетики реассоциации ДНК выявил структурную организацию всего генома, то анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов ДНК позволил оценить организацию и изменчивость отдельных генов. Охарактеризован полиморфизм длины рестрикционных фрагментов ДНК ячменя в локусе Ног В (Ног 2) [18]. А. Л. Кензиором выделены гены теплового шока ячменя и показан их меж- и внутривидовой полиморфизм. Реализация работ по полиморфизму длин рестрикционных фрагментов не была бы возможна без скрупулезной работы А. Г. Бахтуриной по выделению ферментов рестрикции.

Исследования особенностей организации и изменчивости генома растений способствовали разработке в конце 80-х годов первых отечественных биотехнологий в растениеводстве. Л. А. Спозито разработан способ обнаружения цитоплазмы *Helianthus petiolaris* в клетках *H. annuus* путем гибридизации тотальной ДНК из раздавленных тканей со специфическим зондом, сконструированным на основе EcoRI-EcoRI-фрагмента ДНК *H. annuus* [19].

Е. В. Бойко разработана биотехнология гомеостатичности ячменя по показателям рДНК [20]. Создана и внедрена совместно с учеными Института виноградарства и виноделия имени В. Е. Таирова диагностика бактериального рака винограда [21]. К этому времени лабораторию представляет коллектив молекулярных генетиков с большим научным потенциалом, обладающий качествами, необходимыми, по словам Юрия Михайловича, для ученого: оптимизмом, фанатизмом и энтузиазмом.

Одним из главных направлений генетики является изучение структурной организации и функционирования наследственного аппарата, а также разработка приемов и методов конструирования новых генетических структур с целью создания клеток и целых организмов с заданными свойствами. Традиционные методы селекции не могут создать принципиально новые комбинации наследственной информации из-за барьеров межвидовой изоляции. Успешное их преодоление возможно с применением методов генетической инженерии растений, одним из основных элементов которых является выделение и последующее клонирование отдельных генов. Проведены работы по клонированию кДНК, синтезированной на поли(А)+мРНК из эндоспермов ячменя [22], освоена бесклеточная белоксинтезирующая система из зародышей пшеницы. С помощью трансляции *in vitro* полисом и мРНК из развивающихся зерновок ячменя получены данные о гетерогенности и сортовой специфичности гордеинов [23]. Т. Г. Вербицкой, Л. Ф. Дьяченко ведется работа по созданию геномной библиотеки ячменя рестриктазно-лигазным методом с последующим введением в клетку ДНК ячменя с помощью вектора на основе бактериофага лямбда. Однако дальнейшего развития данные работы не получили, т. к. начался новый этап в молекулярно-биологических исследованиях — эра полимеразной цепной реакции.

#### СПИСОК ИСПОЛЬЗОВАННОЙ ЛИТЕРАТУРЫ

1. Сиволап Ю. М. Получение хроматина и растворимого дезоксирибонуклеопротеина из тканей злаковых растений / Ю. М. Сиволап, Л. Ф. Дьяченко // Научно-техн. бюлл. Всес. селекц.-генет. ин-та. — 1974. — № 1. — С. 67–75.
2. Сиволап Ю. М. Выделение ДНК из тканей растений и фракционирование ее при помощи гидроксипатита / Ю. М. Сиволап, А. Н. Котлов // Науч.-техн. бюллетень Всес. селекц.-генет. ин-та. — 1974. — Вып. 21. — С. 76–81.
3. Сиволап Ю. М. Особенности выделения тотальной ДНК из тканей злаковых / Ю. М. Сиволап, О. В. Богданова // Научн.-техн. бюллетень Всес. селекц.-генет. ин-та. — 1975. — Вып. 24. — С. 20–24.

4. Методы выделения и анализа высокополимерных соединений из тканей сельскохозяйственных растений : [сб. науч. тр.] / [науч. ред. Сиволап Ю. М. и др.]. — Одесса : ВСГИ, 1983. — 100 с.
5. Сиволап Ю. М. Изучение молекулярной организации генома ячменя (*Hordeum vulgare*) / Ю. М. Сиволап, Т. Г. Вербицкая // Цитология и генетика. — 1976. — Т.10, № 6. — С. 511–515.
6. Сиволап Ю. М. Выделение и анализ фракций генома ячменя / Ю. М. Сиволап, Т. Г. Вербицкая, В. П. Чуенко // Цитология и генетика. — 1979. — Т.13, № 3. — С.175–180.
7. Сиволап Ю. М. Сравнительный анализ интрамолекулярной гетерогенности ДНК 56-хромосомного тритикале и его геномных доноров / Ю. М. Сиволап, В. П. Петрашевич, И. А. Балашова // Научно-технический бюллетень Всес. селекц.-генет. ин-та. — 1983. — Вып. 2(48). — С. 33–38.
8. Сиволап Ю. М. Исследование интермолекулярной гетерогенности ДНК растений / Ю. М. Сиволап, Л. Ф. Дьяченко, Т. Г. Вербицкая // Сб. : Научн. тр. Всес. селекц.-генет. ин-та. — 1976. — Вып. 13. — С.48–59.
9. Сиволап Ю. М. Некоторые особенности молекулярной структуры геномов растений / Ю. М. Сиволап, Л. Ф. Дьяченко, А. Н. Новоселов // Мол. биол. — 1977. — Т.11, № 4. — С.877– 883.
10. Сиволап Ю. М. Структурные особенности и биологическая активность ДНК, меченой радиоактивными изотопами / Ю. М. Сиволап, В. Л. Базелян // Молекулярная биология. — Киев : Наукова думка, 1980. — Вып. 26. — С. 19–23.
11. Сиволап Ю. М. Исследование специфичности компонентного состава негистоновых белков хромосом высших растений / Ю. М. Сиволап, В. В. Чарский // Цитология и генетика. — 1983. — Т.17, № 1. — С. 60–65.
12. Сиволап Ю. М. Эффект введения участков генома ржи растениям ячменя / Ю. М. Сиволап, Л. П. Хорошевская // Цитология и генетика. — 1976. — Т.10, № 4. — С. 320–325.
13. Топтиков В. А. Взаимодействие экзогенной гомологичной ДНК с изолированными клеточными ядрами из проростков кукурузы : автореф. дис. ... канд. биол. наук : спец. 03.00.03 «Молекулярная биология» / В. А. Топтиков. — Киев, 1983. — 24 с.
14. Цитогенетическое действие тотального препарата ДНК и его геномных фракций на облученные семена ячменя / О. В. Квитко, Н. А. Картель, Ю. М. Сиволап, Т. Г. Вербицкая // Молекуляр. биология. — Киев : Наукова думка, 1980. — № 25. — С. 15–17.
15. Сиволап Ю. М. Возможность генетической трансформации у высших растений / Ю. М. Сиволап, И. С. Образцов // Молекуляр. биология. — Киев : Наукова думка, 1980. — Вып. 26. — С. 3–8.
16. Сиволап Ю. М. Поглощение и особенности распределения ДНК *Bacillus subtilis* в тканях *Pisum sativum* / Ю. М. Сиволап, И. С. Образцов, Н. М. Бабак // Цитология и генетика. — 1979. — Т.13, № 4. — С.309–313.
17. Действие геномных фракций экзогенной ДНК на радиационные повреждения хромосом у ячменя / Н. А. Картель, О. В. Квитко, Ю. М. Сиволап, Н. В. Турбин // XIV Межд. генет. конгресс : Тез. докл. Часть II. — Москва, 1978. — С. 236.
18. Полиморфизм длины рестрикционных фрагментов ДНК ячменя в локусе Ног В (Ног 2) / Л. Ф. Дьяченко, В. П. Нецветаев, В. П. Петрашевич, А. И. Бун-



- товская // Геном ячменя и проблемы его улучшения : сб. науч. труд. — Одесса : ВСГИ, 1989. — С.19–21.
19. Пат. 1797625 Российская Федерация, к пат. 4901294/13. Способ обнаружения цитоплазмы *Helianthus petiolaris* в клетках *Helianthus annuus* / Сиволап Ю. М., Спозито Л. А. ; заявитель и патентообладатель Всесоюзный селекционно-генетический институт; заявл. 09.01.91 ; опубл. 23.02.93. Бюл. № 7.
  20. Пат. 1664846 Российская Федерация, к А.с.4400756/13. Способ определения гомеостатичности форм ярового ячменя / Сиволап Ю. М., Бойко Е. В. ; заявитель и патентообладатель Всесоюзный селекционно-генетический институт ; заявл. 30.03.88 ; опубл. : 23.07.91. Бюл. № 27.
  21. Биотехнологический метод диагностики бактериального рака / Ю. М. Сиволап, Л. Ф. Дьяченко, Б. Н. Милкус [и др.] // Биотехнология. — 1981. — № 5. — С. 82–85.
  22. Дьяченко Л. Ф. Использование принципа векторной системы Окаями — Берга для клонирования кДНК ячменя / Л. Ф. Дьяченко, Ю. М. Сиволап // Биополимеры и клетка. — 1985. — Т. 1, № 5. — С. 271–276.
  23. Тихонов П. С. Особенности биосинтеза проламинов ячменя (*Hordeum vulgare* L.) : автореф. дис. ... канд. биол. наук : спец. 03.00.03 «Молекулярная биология» / П. С. Тихонов. — Киев, 1986. — 17 с.

Надійшла 08.06.2015.

UDC 575.1

**Verbitska T. G.** Plant Breeding and Genetics Institute — National Center of Seed and Cultivar Investigations

### **DNA TECHNOLOGY IN PLANT BREEDING: FROM KINETICS OF REASSOCIATION TO GENETIC ENGINEERING**

The article highlights the major scientific achievements of the laboratory of molecular biology of the LIPBGJ in the period of formation. The study of the molecular structure of the genomes of economic agricultural plants started in the laboratory of molecular biology under the direction of Yuriy Sivolap. Reassociation kinetics, analysis of the fractions of the genome, the study of restriction fragments length polymorphism inspired the creation of DNA-based technologies for improving the breeding process. One of the research areas of the laboratory was to study the effect of exogenous DNA in plant heredity. Laboratory's research formed the basis for analysis of the organization, specificity and variability of the genome of crop plants.

УДК 575.1

**Вербицька Т. Г.**

**ДНК-ТЕХНОЛОГІЇ В СЕЛЕКЦІЇ РОСЛИН:  
ВІД КІНЕТИКИ РЕАСОЦІАЦІЇ ДО ГЕННОЇ ІНЖЕНЕРІЇ**

Висвітлені основні наукові досягнення лабораторії молекулярної біології ВСГІ в період її становлення. Вивчення молекулярної структури геномів сільськогосподарських рослин було розпочато в лабораторії молекулярної біології під керівництвом Ю. М. Сиволапа. Кінетика реасоціації, аналіз фракцій геному, дослідження поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів склали основу створення ДНК-технологій для вдосконалення селекційного процесу. Одним із напрямів роботи лабораторії було вивчення впливу екзогенної ДНК на спадковість рослин. Роботи лабораторії створили основу аналізу організації, специфіки та мінливості геному сільськогосподарських рослин.