

## ДОДАТОК

### ВИБРАНІ ТЕЗИ ДОПОВІДЕЙ на XIII Міжнародній науковій конференції «Фактори експериментальної еволюції організмів» (17–21 вересня 2018 р., Яремче, Україна)

**ВОЛКОВА Н.Е., ЗАХАРОВА О.О., КОРЧМАРЬОВ А.В.**

ТОВ «Котекна Україна Лімітед», Одеса, Україна

e-mail: natalia.volkova@cotecna.com

#### **ТЕХНОЛОГІЯ РЕКОМБІНАЗНОЇ ПОЛІМЕРАЗНОЇ АМПЛІФІКАЦІЇ ДЛЯ АНАЛІЗУВАННЯ НАСІННЯ ТА ПРОДУКТІВ ЙОГО ПЕРЕРОБКИ**

Технологія рекомбіназної полімеразної ампліфікації (recombinase polymerase amplification, RPA), вперше представлена в 2006 році британською компанією TwistDX Ltd, є альтернативою полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР). Ампліфікація цільової нуклеотидної послідовності проходить протягом 15–20 хв. в ізотермічних умовах. Оптимальний діапазон температур +37–+42 °С (з невеликою швидкістю реакція проходить за кімнатної температури).

Технологія RPA передбачає використання трьох ключових ензимів, двох праймерів та зонду (необов'язково) з простими вимогами до їх дизайну. Стадію теплової денатурації в ПЛР заміщують розкручуванням ДНК рекомбіназою RecA *Escherichia coli*, відпал праймерів здійснюється за допомогою протеїну, що зв'язується з одноланцюговою ДНК (single-strand DNA binding protein, SSB), а реплікація виконується ДНК-полімеразою. Перевагою RPA є можливість аналізу РНК без окремої процедури отримання кДНК за умови додавання в реакційну суміш зворотної транскриптази. Оскільки реакція ізотермічна, то можливо використовувати дешевше і простіше обладнання, наприклад, тверdotілий термостат замість коштовного термоциклера.

Таким чином, завдяки доступності (приблизно 4,3 долара США за тест), простоті (кілька нескладних практичних кроків), швидкості (результати протягом 15–20 хв.), чутливості (виявлення одиначної копії цільової послідовності), технологія RPA є незамінною для розробки недорогих, швидких, «польових» молекулярних діагностичних тестів.

На сьогодні технологія RPA широко використовується для виконання різноманітних задач, зокрема, виявлення ДНК/РНК, контролю якості харчової продукції, контролю якості навколишнього середовища (грунту, води, повітря). Технологія RPA стає перспективним інструментом для швидкого виявлення, діагностики, моніторингу патогенів людини, тварин рослин, аквакультур.

В аграрній галузі технологія RPA є надійним та високочутливим інструментом тестування насіння, ідентифікації збудників захворювань, у т.ч. вірусів, тестування автентичності видів, аналізу чужинного генетичного матеріалу в рослинній сировині, продуктах харчування і кормах. Важливим є той факт, що RPA-реагентика є відносно стійкою до фенольних речовин рослин та інших рослинних інгібіторів ПЛР. Також слід відмітити, що можливо з високою специфічністю виконувати ампліфікацію в необроблених (сирих) рослинних зразках, що виключає необхідність очистки нуклеїнових кислот.

На даний час ТОВ «Котекна Україна Лімітед» провадить опрацювання та валідацію технології RPA для виявлення *Salmonella* spp., *Listeria* spp., *Campylobacter* spp., *Xylella fastidiosa*, *Phytophthora sojae* і детекції трансгенних конструкцій у насінні та продуктах його переробки.

Завдяки мінімальним вимогам щодо підготовки зразків, низької робочої температури, наявності комерційних ліофілізованих реагентів та портативних (переносних) пристроїв, цей метод може застосовуватися поза оснащених лабораторій, у віддалених районах, у польових умовах, у лісах, в обмежених ресурсами лабораторіях або супутніх об'єктах.

---

**РОЖКО І.І., КУЛИК М.І.**

Полтавська державна аграрна академія МОН, Полтава, Україна  
e-mail: kulykmaksym@ukr.net

### **МОРФО-БІОЛОГІЧНІ ОСОБЛИВОСТІ ТА СОРТИ ПРОСА ПРУТОПОДІБНОГО (*PANICUM VIRGATUM* L.)**

Просо прутоподібне (*Panicum virgatum* L.) – багаторічна трав'яниста рослина, що досягає висоти від 100–150 до 210–250 см. Кількість продуктивних пагонів на рослині становить від 12–14 до 30–35 штук. Рослини залежно від форми бувають прямі і напіврозлогі. Кількість метамерів на стеблі становить від 3 до 7, а у окремих форм – до 9. Діаметр в основі стебла в середньому становить 4–6 мм, але зустрічаються форми з тонкими і товстими стеблами. Листкова пластинка досягає довжини 50–60 см, у деяких форм може бути значно довшою; ширина – у середньому 11–14 мм. За формою волоть буває розлогою, комоподібною, овальною, пірамідальною, стислою. Довжина волоті становить 30–40 см, ширина – 20–30 см. За масою 1000 шт. зернівки поділяють на три групи: з малою масою – до 1,5 г, із середньою масою – 1,5–1,8 г і з великою масою – понад 1,8 г. Багаторічні кореневища при вегетативному розмноженні можна розділити на 8–25 (до 80) частин залежно від року життя і форми рослин. Кожна посадкова одиниця має довжину 5–7 см.

На сьогодні сорти проса прутоподібного іноземної селекції інтродуковані в умовах України: Alamo, Cave-in-rock, Dacotah, Forestburg, Kanlow, Shelter, Sunburst та всебічно вивчаються вітчизняними вченими.

За екотипом сорти проса прутоподібного поділяють на височинні та низинні. Низинні типи більш вологолюбні, мають вищі та товстіші стебла, характеризуються підвищеною кустистістю і ростуть швидше, ніж височинні. Височинні типи ростуть у сухіших місцях, мають тонші, з широкою основою і часто напівнагнуті стебла.

Низинні сорти в основному тетраплоїдні, тоді як височинні – гекса-, гепта- та октоплоїдні, а деякі сорти не мають точно визначеного екотипу (Carthage=NJ-50, Falcon, Grenville, KY 1625, Nebraska 28, Sunburst та інші). Окрім цього, точний зв'язок між плоїдністю та екотипом проса прутоподібного до кінця все ще не вивчений.

За тривалістю вегетаційного періоду сорти проса прутоподібного поділяють на: ультрастигли, середньостигли та пізньостигли.

Урожайність надземної фітомаси рослин проса прутоподібного в період появи волоті становить 42–64 т/га, у період цвітіння – 42,7–70,2 т/га; сухої маси на час закінчення вегетації – 10–15 т/га; насіння – 500–600 (іноді до 1000) кг/га. Енергопродуктивність рослин – 40–60 (до 80) Гкал/га.

На сьогоднішній день час до реєстру сортів рослин України внесено два сорти проса прутоподібного української селекції: 'Зоряне', 'Морозко', які, поряд з адаптивними властивостями та господарсько-корисними ознаками, мають здатність забезпечувати високу та стабільну урожайність біомаси з високим вмістом сухої речовини в ній.

Враховуючи морфо-біологічні особливості культури та реакцію сортів проса прутоподібного на умови вирощування, виникає потреба їхнього районування по ґрунтово-кліматичних зонах України для повнішої реалізації потенціалу культури з метою отримання максимального виходу енергоємного біопалива із біомаси рослин.

**САТАРОВА Т.М.**

ДУ Інститут зернових культур НААН України, Дніпро, Україна,  
e-mail: satarova2008@ukr.net

### **ОДНОНУКЛЕОТИДНИЙ ПОЛІМОРФІЗМ У РОСЛИН**

Однонуклеотидний поліморфізм (Single nucleotide polymorphism, SNP) геномів представників одного виду, популяції, сорту є результатом точкових замін нуклеотидів у ланцюгу ДНК (пари

нуклеотидів у дволанцюговій молекулі ДНК). Заміни нуклеотидів відбуваються в результаті генних мутацій типу транзицій і трансверсій, які не змінюють довжину ДНК. У кодуючих послідовностях з урахуванням виродженості генетичного коду однонуклеотидні заміни ведуть до зміни в структурі кодованих білків, зокрема, залежно від місенс і нонсенс замін, змінюють амінокислотну послідовність протеїну або спричиняють передчасну зупинку трансляції. Для регуляції генної експресії суттєвими є однонуклеотидні заміни у регуляторних послідовностях ДНК. Поряд із цим, встановлено, що більшість однонуклеотидних замін локалізується в негенних та некодуючих ділянках геному або в положеннях кодонів, які не ведуть до замін у відповідних амінокислотних послідовностях і тому не відображаються у фенотипі. Саме такі заміни найчастіше використовують як SNP-маркери для аналізу загального поліморфізму рослин, зокрема, сільськогосподарських культур. Кількість однонуклеотидних замін у геномі, наприклад, такої важливої сільськогосподарської рослини як кукурудза оцінюється як 1 на 44–75 пар нуклеотидів, що в 10–20 разів перевищує цей показник у більшості видів тварин, при цьому однонуклеотидні заміни в некодуючих районах зустрічаються у чотири рази частіше, ніж у кодуючих (Ching et al., 2002; Gore et al., 2009; Ganai et al., 2011).

Існує значна кількість методик аналізу однонуклеотидного поліморфізму (SNP-аналізу), які розрізняються за принципом реакції для виявлення SNPs, форматом проб і методом детекції. Сучасні SNP-технології використовують такі принципи проведення реакцій для виявлення однонуклеотидних замін, як гібридизація з алель-специфічними пробами, лігування олігонуклеотидів, подовження однонуклеотидного праймера шляхом ПЛП та інші. Для детекції SNPs використовують методи непрямой колориметрії, мас-спектрометрії, флюоресценції, флуоресцентної поляризації, хемілюмінесценції. SNP-маркери завдяки розповсюдженості в геномі, придатності до використання у різних типах форматів і платформ, високій продуктивності та автоматизації, можливості обміну інформацією у публічних базах даних на сьогодні є найбільш використовуваними у світі маркерами для селекції рослин. SNP-маркери застосовують як у вигляді платформ при широкогеномному аналізі, так і як окремі функціональні маркери алельного стану генів важливих господарських ознак.

У теперішній час аналіз однонуклеотидного поліморфізму (SNP-аналіз) широко використовується в молекулярній систематиці, теорії еволюції та, найчастіше, в селекції рослин. Для багатьох культур відпрацьовано використання SNP-аналізу для прогнозування спорідненості зразків селекційного матеріалу за генетичними SNP-дистанціями, для кластеризації ліній і сортів з метою ефективного добору батьківських компонентів гібридів і прогнозування гетерозису; для маркування господарсько-цінних ознак і прогнозування їх фенотипового прояву у нащадків; для визначення відмінності, однорідності та стабільності ліній і сортів; для паспортизації, ідентифікації та реєстрації ліній, сортів, гібридів сільськогосподарських культур, захисту авторських прав; для моніторингу процесу інбридингу і створення нових ліній із синтетичних популяцій; для ідентифікації нових супералелів у поліпшенні агрономічних ознак; для диференціації селекційного матеріалу та розподілу інбредних ліній за гетерозисними групами; для моніторингу генетичного дрейфу, який супроводжує селекційне поліпшення культурної рослини та ін.

**СИВИК Т.Л., ДЯЧЕНКО Л.С., СИВИК А.Є.**

*Білоцерківський національний аграрний університет, лабораторія генної зооінженерії, Біла Церква, Україна*

*e-mail: dr.syvyk@hotmail.com*

## **УДОСКОНАЛЕНА ТЕХНОЛОГІЯ СТВОРЕННЯ ТРАНСГЕННИХ ТВАРИН ЧЕРЕЗ СПЕРМАТОГОНАЛЬНІ СТОВБУРОВІ КЛІТИНИ**

Трансгенез тварин – це швидкозростаючий економічно привабливий вид діяльності у секторі біотехнології. Удосконалена нами технологія створення трансгенних тварин через сперматогональні стовбурові клітини дозволяє створення лабораторних моделей тварин, які будуть найбільш оптимально відповідати вимогам до організмів, що використовуються у прикладних дослідженнях.

---

Приклиннічні дослідження лікарських препаратів є ключовою і найбільш слабкою ланкою «при переході» від відкриття лікарських препаратів до їх клінічного застосування. Запропонована унікальна технологія, аналогів якої не має ні в Європі, ні в Азії, дозволяє продукування найбільш оптимальні моделі у тих видах тварин, у яких традиційна технологія не працює, або дуже дорогавартісна.

Технологія створення трансгенних лабораторних моделей тварин використовує трансгенез, опосередкований модифікацією чоловічих статевих стовбурових клітин. Основою такої технології є здатність проводити генетичну модифікацію безпосередньо в статеві стовбурові клітини як *in vivo*, так і *in vitro*. Після модифікації сперматогонія може бути трансплантованою у сім'яники реципієнта, де буде розвиватися і диференціюватися у сперматозоїди, які нестимуть заплановану генетичну зміну. Після спаровування і розведення тварин модифікація буде передаватися наступним поколінням. Після нарощування модифікованої клітинної культури сперматогоній до необхідної кількості, їх трансплантують у сім'яники попередньо обробленого хімічно стерильного реципієнта. Трансплантація модифікованих стовбурових клітин генерує химерного самця-плідника, що продукує генетично модифіковану сперму.

Модифікація геному безпосередньо в чоловічих статевих стовбурових клітинах має переваги перед існуючими традиційними трансгенними технологіями, суть яких полягає: а) у прямій зміні геному в ооцитах; б) у введенні генетично модифікованої ембріональної стовбурової клітини в ранній ембріон. Стабільність статевих стовбурових клітин дозволяє проводити кілька одночасних або послідовних модифікацій та їх надійну ідентифікацію в одній клітинній лінії. Такий підхід різко скорочує термін створення складніших моделей тварин, які б в іншому випадку потребували створення окремих батьківських ліній тварин з їх наступним схрещуванням. Наявність двох сім'яників підвищує шанси на отримання бажаної тварини.

Такі методологічні особливості цієї технології виробництва трансгенних шурів створюють конкурентну перевагу, яка заощаджує час і кошти замовника за умов зменшення у 3–5 разів вартості трансгенної моделі тварини.

Налагодження технологічно ефективного і якісного виробництва трансгенних модельних тварин невід'ємно пов'язане з організацією першого в Україні банку генетичних мутацій лабораторних моделей, що забезпечить ведення контрольованого процесу накопичення бази даних наявних генетичних мутацій, а також зможе безперервно забезпечувати відновлення і створення модельної тварини у разі замовлення як вітчизняними, так і зарубіжними інституціями.

Можливість використовувати генетично модифіковані організми (щурі, морські свинки), що більш наближені до людини, аніж широкоживані на сьогодні миші, спричинить активне відкриття активних молекул, розробку ефективних медичних препаратів, встановлення сигнальних шляхів у разі виникнення хвороб, можливості їх профілактики та результативного лікування.

#### **ABDULNABI JWAID ABED**

*Department of Biology, College of Science for Women, University of Babylon, Hilla, Iraq*  
*e-mail: dr\_almamory59@yahoo.com*

#### **DETECTION OF BIOFILM GENES (GTF) IN *STREPTOCOCCUS MUTANS* ISOLATED FROM DENTAL CARIES**

*Streptococcus mutans* has been implicated as a primary etiologic agent of humans dental caries. An important virulence properties of the bacterium is its ability to form biofilm, known as dental plaque on tooth surfaces, this bacteria also produces glucosyltransferases, multiple glucan-binding proteins, collagen-binding protein, and protein antigen c, surface proteins that coordinate to produce dental plaque, thus inducing dental caries. This study aimed to detect *gtfB*, *gtfC* and *gtfD* genes in *Streptococcus mutans* isolated from dental caries patients in Babylon Province, Iraq.

Out of 35 clinical isolates of *S. mutans* were collected from patients with dental caries. The bacterial isolates were identified by standard laboratory protocols. Polymerase chain reaction (PCR) was used for detecting *gtfB*, *gtfC* and *gtfD* genes and Sequencing of *gtfD* genes confirmed of the results.

Out of, 35 isolates of *S. mutans*, 30 (85.7%) isolates had *gtfB* encode GtfB with 80 bp, 29 (82.8%) had *gtfC* encode GtfC with 81 bp, and 31 (88.57%) had *gtfD* with 324 bp, which explain their potential of biofilm formation.

Our study results were indicative of the presence of high frequency of *gtf* genes among the clinical isolates of *S. mutans* isolates in Babylon Province, Iraq.

**ABDULNABI JWAID ABED<sup>1</sup>, ZARICHNA O.V.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> *Department of Biology, College of Science for Women, University of Babylon, Hilla, Iraq*

<sup>2</sup> *Ternopil Secondary School #24, Ukraine*

*e-mail: dr\_almamory59@yahoo.com*

### **SINGLE NUCLEOTIDE POLYMORPHISM OF TNF ALPHA RELATIONSHIP WITH SOME SERUM FACTORS IN KIDNEY INJURY PATIENTS**

Acute and chronic kidney injury represents a great health problem worldwide, since several blood, electrolytes and immunological parameters influenced according to degree of this injury.

The current study is aimed to investigate the correlation between TNF alpha levels and its' single nucleotide polymorphism, in addition to evaluate the level of some electrolytes for the kidney injury patients.

Eighty blood samples were collected from kidney failure patients who admitted to hemodialysis unit at Marjan hospital, Hilla, Iraq. Tumor necrosis factor – alpha concentrations for patients were estimated by Elisa Sandwich assay, while the single nucleotide polymorphism of TNF – alpha were detected by ARMS-PCR technique.

Serum concentrations of TNF a show highly increased in patients compared with healthy persons but there is no significant differences, which appeared between patients before and after hemodialysis. Molecular investigations for TNF a – 380 A/C single nucleotide polymorphism show increasing in homozygous genotype AA than heterozygous AC and homozygous CC with a percentage of 60, 30 and 10% respectively, sodium and potassium concentrations also reveals a noticeable variations after hemodialysis processes.

Homozygous genotype AA of TNF alpha – 380 A/C appear more dominant in kidney injury patients than in healthy persons, furthermore TNF alpha level show increase in patients than in healthy persons.

**AHMED KUDHAIR OBAYES**

*Department of Biology, College of Science for Women, University of Babylon, Hilla, Iraq*

*e-mail: dr\_almamory59@yahoo.com*

### **MOLECULAR AND HORMONAL STUDY AMONG APPLICANTS FOR MARRIAGE AND BLOOD DONORS PEOPLES THAT INFECTED WITH *TOXOPLASMA GONDII* IN BABYLON PROVINCE, IRAQ**

*Toxoplasma gondii* is one of the common infectious pathogens of human and animals. It has been estimated that on third of the world population has been infected.

This object aimed to detection of *T. gondii* by polymerase chain reaction and studying of the relationship between toxoplasmosis, testosterone hormone and luteinizing hormone.

A total of 306 blood sample were collected from applicants for marriage and blood donors peoples, detection of parasite antibody was done by using (ELISA – IgG and ELISA – IgM ). Testosterone hormone and luteinizing hormone (LH) was also detected to perform its effect during toxoplasmosis infection and detection of parasite by PCR technique.

---

66 out of 306 blood samples were positive by using ELIZA in which 20 blood samples were positive by using PCR. The highest rate of infection in the females for positive cases of IgG (25%) and the lowest rates were in the males for positive cases of IgG (22%) in the (37-41) age groups. There were significant differences between blood group ( $P < 0.05$ ), the highest rates of the IgG focused in the blood group O (36.8%) and the lowest rates of the IgG focused in the blood group B (11.1%). The results show decrease in the mean of testosterone concentration in three groups (Married and have children, Married and have no children and not get married) as  $(6.63 \pm 1.8, 4.45 \pm 0.5$  and  $7.01 \pm 2)$  ng/ml, respectively, compared to control, whereas there were increasing in the means of luteinizing hormones concentration in two group of married persons and had children and married and had'nt children) as  $(5.62 \pm 2.4, 8.57 \pm 0.7)$  mIU/ml.

From the results of this study we conclude that the PCR technique is more accurate from another test (ELISA technique), peoples with blood groups O and AB were generally more exhibited to toxoplasmosis infection. Also testosterone hormone & luteinizing hormone (LH) were effects during toxoplasmosis infection.

**GRAUDA DACE<sup>1</sup>, BUTKAUSKAS DALIUS<sup>2</sup>, KRASNEVSKA NIKOLE<sup>1</sup>, MIKELSONE ANDRA<sup>1</sup>, VYSNIAUSKIENE REGINA<sup>2</sup>, RNCALIENE VIDA<sup>2</sup>, LASHENKO INGA<sup>3</sup>**

<sup>1</sup> *Institute of Biology, University of Latvia, LV-2169, Salaspils, Miera str., 3, Latvia*

<sup>2</sup> *Nature Research Centre, LT-08412, Vilnius, Akademijos str., 2, Lithuania*

<sup>3</sup> *JLU Technologies Ltd, LV-1082, Ilūkstes iela 107/1-16, Latvia*

#### **STUDY OF CELL RESPONSE ON NANO SIZE PARTICLES**

The first results of EUREKA project E!11170, IFSITEX (Innovative multifunctional biotextile, integrated with silica dioxide and succinite development, and its impact on biosystems) are presented. The project concept is related to comprehensive research based on development of innovative biotextile with the potential ability to protect living organisms affected by adverse external environment factors. The amber and silica dioxide nanoparticles will be studied as potential raw material that will be integrated in synthetic and natural fibres to produce novel bio textiles materials. Initially, investigation of influence of amber and silica dioxide nano particles is started using model organisms and cells. Based on the best practices of research-developed textiles (samples), they will be tested on the cells and on the model objects. Detection of influence of nanoparticles on molecular, nuclear and mitochondrial DNA levels (for example, induction of retrotransposone activity, comet test) has been carried out using the microscopy, flow cytometry, DNA sequencing methods. In cell level the immature pollen cultures in one nuclei stage was find as highly sensitive model system enabling detection of influence of different environmental factors. The genetically different clone cultures of freshwater macrophyte duckweeds (*Lemna minor*) and fruit fly (*Drosophila melanogaster*) were used as model systems for study of influence on nanoparticles on the whole organism level. The new method of flow cytometry (Non-destructive, rapid flow cytometry method for bio indication, LV Nr. 15191) elaborated in Environmental Genetic laboratory Institute of Biology University of Latvia were used for fast detection of cell response on nanoparticles. The fluorescence intensity difference between cells cultivated with and without amber (the powder of mix of amber nano und micro size ( $5 \text{ nm} < 3 \mu\text{m}$ ), particles prepared according to earlier elaborated method (Lyashenko, 2014)) were statistically significant for all plant species – flax (*Linum usitatissimum*), cyclamens (*Cyclamen persicum*), barley (*Hordeum vulgare*) and marguerite (*Argyranthemum frutescens*) cells using amber and silica dioxide (10–20 nm) nanoparticles suspension after incubation for both 2 and 24 hours.

*The international project E!11170, IFSITEX are financed by State Education Development Agency Republic of Latvia and Agency for Science, Innovation and Technology, Lithuania.*

**KRASNEVSKA NIKOLE<sup>1</sup>, GRAUDA DACE<sup>1</sup>, KRUCHONOK ALESYA<sup>2</sup>, RASHAL ISAAK<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>*Institute of Biology, University of Latvia, LV-2169, Salaspils, Miera str., 3, Latvia*

<sup>2</sup>*Central Botanical Garden of the National Academy of Sciences of Belarus, Minsk, Surganova str., 2v, 220012, Belarus*

### **GENETIC PARTICULARITIES OF POPULATIONS OF *DIANTHUS ARENARIUS* IN BALTIC REGION AND BELARUS**

Genetic diversity of populations reflects their adaptation to environmental conditions and its knowledge helps to choose appropriate protection measures for rare and endangered species. *Dianthus arenarius* is endangered perennial plant species, included in Annex II of the European Council Habitats Directive 92/43/EEC as well as in the Latvian endangered plant list. In Latvia, Lithuania and Belarus *D. arenarius* create a complex of several perennial subspecies. In this research genetic particularities of *D. arenarius* populations were studied in two aspects: genetic diversity within and between different localities and diversification of localities on plants chromosome level, including endopolyploidy. In total, 505 *D. arenarius* mature leaf samples were collected in 2015 and 2016 in middle of June from 12 localities in Baltic region and Belarus: 8 sampling sites from Latvia, 3 from Lithuania, and 1 from Belarus. Leaves were dried in silica gel and kept till analysis. For investigation of genetic diversity retrotransposon based markers iPBS were applied. 51 primers previously effective on different eukaryote species were tested and 3 of them which represent higher level of polymorphism were used for further population's characterisation. Differences in genetic variation between localities within and between countries were shown. Determination of DNA content (C-value) level of individual cells in leaves of mature plants was performed by the BD FACSJazz® cell sorter (BD Biosciences, USA) with flow cytometer function. Samples for flow cytometry were prepared with the DNA staining kit (Sysmex Partec, PI Absolute, GmbH, Germany), cells nuclei were stained with 10 µL propidium iodide. Cell counting events were triggered by forward-scattered signal. The excitation of the cell fluorescence was made by 488 nm Coherent Sapphire Solid State (blue) laser. Flow cytometry analysis of DNA content in *D. arenarius* leaves from different localities revealed presence of several relative fluorescence peaks from 2C up to 18C. Differences between localities regarding endopolyploidy were found.

**RASHYDOV N.M., NESTERENKO O.G., LITVINOV S.V.**

*Institute Cell Biology & Genetic Engineering of NAS of Ukraine, Kyiv*

*e-mail: nrashydov@yahoo.com*

### **TRANSGENERATIONAL EFFECTS OF THE PLANT INSIDE AND OUTSIDE CHERNOBYL ZONE**

The research was directed to provide fundamental aspects of understanding adjust of the metabolic pathways in living cells under chronic irradiation in contaminated by radioactive isotopes Chernobyl zone and inheritance its influence aftermath at outside on clean site. More than 30 years were passed after Chernobyl catastrophe on sequence there surrounding lands remain heavily contaminated by long-living radioactive isotopes for many years to come. A number of studies addressed numerous questions about changes in metabolic processes running by irradiated plants. For instance these include: genome hypermethylation, up regulation of antioxidant system, signal transduction system, adjusted of reparation enzymes, etc. Nevertheless, there is still no common understanding of how different metabolic pathways are playing together as a coordinated ensemble on the whole plant system level. Thus complex studies of Chernobyl grown plants using post genomic methodologies such as genomics, transcriptomics and proteomics might provide detailed insight into the biochemistry of living plant cells under influence chronic ionizing radiation.

This research identified some genetic changes during eight generation grown plant soybean and flax and a set of differentially synthesis proteins of the plants as results of adaptation toward increased level of

---

radiation between plants grown in Chernobyl high-level radio-contaminated environment. After transferred above mentioned plants and to sow at clean site, outside Chernobyl we also observed during four generation a lot of biophysical and molecular changes between previously chronic irradiated inside Chernobyl zone plant in compare of non-irradiated control variants.