

МІНІСТЕРСТВО ОСВІТИ І НАУКИ УКРАЇНИ  
ОДЕСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ УНІВЕРСИТЕТ ІМЕНІ І. І. МЕЧНИКОВА

Odesa National University Herald

# ВІСНИК ОДЕСЬКОГО НАЦІОНАЛЬНОГО УНІВЕРСИТЕТУ

Серія: *Біологія*

Науковий журнал  
Виходить 2 рази на рік  
Серія заснована у липні 2007 р.

**Том 27, випуск 2(51) 2022**

Одеса  
ОНУ  
2022

**Засновник та видавець:**

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова

**Редакційна рада журналу:**

В. І. Труба, д-р юр. наук (голова ред. ради); В. О. Іваниця, д-р біол. наук (заступник голови ред. ради); С. М. Андрієвський, д-р фіз.-мат. наук; В. В. Глебов, канд. іст. наук; Л. М. Голубенко, канд. філол. наук; Л. М. Дунаєва, д-р політ. наук; В. В. Заморов, канд. біол. наук; О. В. Запорожченко, канд. біол. наук; О. А. Іванова, д-р наук із соц. комунікацій; В. Є. Круглов, канд. фіз.-мат. наук; В. Г. Кушнір, д-р іст. наук; В. В. Менчук, канд. хім. наук; М. О. Подрезова, директор Наукової бібліотеки; Н. М. Крючкова, канд. екон. наук; Л. М. Токарчук, канд. юр. наук; М. І. Ніколаєва, канд. політ. наук; В. В. Яворська, д-р геогр. наук; Н. В. Кондратенко, д-р філол. наук.

**Редакційна колегія журналу:**

А. Бьорнер, д.б.н., професор (Німеччина); С. Верба, к.б.н. (Польща); В. В. Заморов, к.б.н., доцент (Україна); В. О. Іваниця, д.б.н., професор (Україна); К. Ковальчик, д.б.н., професор (Польща); С. Н. Оленін, професор (Литва), М. Ю. Русакова, к.б.н., доцент (Україна); З. Селка к.б.н., (Польща); В. А. Трач, к.б.н., доцент (Україна); Г. Федак, професор (Канада); П. М. Царенко, д.б.н., професор, член-кор. НАНУ (Україна); С. В. Чеботар, д.б.н., член-кор. НААНУ (Україна) – *науковий редактор*; Т. Г. Алексєєва, к.б.н., доцент (Україна) – *відповідальний секретар*; Г. В. Майкова, к.б.н., доцент (Україна) – *відповідальний секретар*.

«Вісник Одеського національного університету. Біологія»  
входить до Переліку наукових фахових видань України (категорія «Б»);  
Затверджено Наказом МОН України № 1301 від 15.10.2019 р.

Українською та англійською мовами

Свідоцтво про державну реєстрацію друкованого засобу інформації  
Серія КВ № 11455-328Р від 7.07.2006 р.

Затверджено до друку Вченою радою  
Одеського національного університету імені І. І. Мечникова.

Адреса редакції: 65082, м. Одеса, вул. Дворянська, 2  
Одеський національний університет імені І.І. Мечникова,  
Тел: (+380-48) 68-79-32  
E-mail: gerald.biology.onu@gmail.com

© Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, 2022

## ЗМІСТ

### ГЕНЕТИКА І МОЛЕКУЛЯРНА БІОЛОГІЯ

- Моцний І. І., Нарган Т. П., Наконечний М. Ю., Лифенко С. П.,  
Молодченкова О. О., Щербина З. В.**  
ВПЛИВ ЧУЖИННИХ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ ДО ПОШИРЕНИХ ХВОРОБ  
НА АГРОНОМІЧНІ ОЗНАКИ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ У ПОСУШЛИВИХ  
УМОВАХ ПІВДНЯ УКРАЇНИ ..... 9
- Чубик І. Ю., Чеботар С. В.**  
БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНІВ АДГЕЗИВНОГО БІЛКА СТОПИ  
МІДІЙ РОДУ *MYTILUS* ..... 30

### ГІДРОБІОЛОГІЯ ТА ЗАГАЛЬНА ЕКОЛОГІЯ

- Бондаренко О. С., Заморов В. В.**  
СТРУКТУРА МАКРОЗООБЕНТОСУ ОДЕСЬКОЇ ТА ДНІСТРОВСЬКОЇ БАНОК  
(ПІВНІЧНО-ЗАХІДНА ЧАСТИНА ЧОРНОГО МОРЯ) ..... 47

### ЗООЛОГІЯ

- Делі О. Ф., Підгорна С. Я., Черничко К. Й.**  
ПАВУКИ (ARACHNIDA, ARANEI) ТИЛГУЛЬСЬКОГО ЛИМАНУ  
ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ (УКРАЇНА) ..... 63

### ФІЗІОЛОГІЯ ЛЮДИНИ ТА ТВАРИН

- Сідлецький О. С., Майкова Г. В., Макаренко О. А.**  
ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНЕ ОБГРУНТУВАННЯ ПРОФІЛАКТИКИ ДЕСТРУКЦІЇ  
КІСТКОВОЇ ТКАНИНИ ПАРОДОНТА ЩУРІВ З ОВАРІОЕКТОМІЄЮ  
КАЛЬЦІЙВМІСНИМИ ПРЕПАРАТАМИ ..... 77
- Ходаков І. В., Макаренко О. А., Коломійчук Т. В., Соколов Д. В., Батурін Д. С.**  
ДОСЛІДЖЕННЯ МОЖЛИВОСТІ ПРОФІЛАКТИКИ МІНЕРОЛОМ ТОКСИЧНОГО  
ЕФЕКТУ ЙОНІВ АЛЮМІНІЮ НА КІСТКОВУ ТКАНИНУ ЩУРІВ ..... 88

### З'ЇЗДИ ТА КОНФЕРЕНЦІЇ

- БІОЛОГІЧНА СЕКЦІЯ – “THE IMPORTANCE OF G. GAMOW'S IDEAS  
FOR BIOLOGY OF THE 21<sup>ST</sup> CENTURY” XXII МІЖНАРОДНОЇ ГАМОВСЬКОЇ  
КОНФЕРЕНЦІЇ, ЩО ВІДБУВАЛАСЯ У СЕРПНІ 2022 Р. В ОДЕСЬКОМУ  
НАЦІОНАЛЬНОМУ УНІВЕРСИТЕТІ ІМЕНІ І.І. МЕЧНИКОВА
- Бьорнер А.**  
ГЕНЕТИЧНІ РЕСУРСИ РОСЛИН ДЛЯ ПІДВИЩЕННЯ СТРЕСОСТІЙКОСТІ –  
ПРИКЛАДИ ДЛЯ ЗЕРНОВИХ КУЛЬТУР ..... 105
- Карцева Т., Алькудах А.М., Александров В., Донєва Д., Бьорнер А., Мішева С.**  
ДОСЛІДЖЕННЯ ШИРОКО-ГЕНОМНИХ АССОЦІАЦІЙ ВИЯВИЛО ЛОКУСИ  
ТА ГЕНИ-КАНДИДАТИ ДЛЯ ВМІСТУ БІЛКУ ЗЕРНА В ХЛІБНІЙ ПШЕНИЦІ ..... 107
- Тинкевич Ю.О., Новіков А.В., Чорней І.І., Волков Р.А.**  
МОЛЕКУЛЯРНА ЕВОЛЮЦІЯ ТА ТАКСОНОМІЧНЕ ЗАСТОСУВАННЯ  
5S РДНК ДЛЯ РОДУ *ACONITUM* ..... 108

<b>Гріффітс С., Ван Ф., Вінген Л., Хоуксфорд М., Річе А., Леверінгтон-Вейт М., Орфорд С., Кол'єр С., Авал Р., Філл Ч., Бенсон А., Чают Н., Стюернагель Б., Горам Р., Ш'юрі П., Лавгроув А., Ченг Ш.</b> ПОДОЛАННЯ БАР'ЄРІВ СЕЛЕКЦІЇ ПШЕНИЦІ 1 І 2.....	109
<b>Вінген Л., Гріффітс С., Ван Ф., Хоуксфорд М., Річе А., Леверінгтон-Вейт М., Орфорд С., Кол'єр С., Авал Р., Філл Ч., Бенсон А., Чают Н., Стюернагель Б., Горам Р., Ш'юрі П., Лавгроув А., Ченг Ш.</b> ПОДОЛАННЯ БАР'ЄРІВ СЕЛЕКЦІЇ ПШЕНИЦІ 3, 4 ТА ... ..	110
<b>Попович Ю.А., Благодарова О.М., Чеботар С.В.</b> БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ НУКЛЕОТИДНИХ ПОСЛІДОВНОСТЕЙ ЛОКУСІВ <i>GLI-1 TRITICUM AESTIVUM L.</i> ....	111
<b>Прокоп'як М.З., Майорова О.Ю., Колісник Х.М., Грицак Л. Р., Дробик Н.М.</b> ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ <i>GENTIANA LUTEA L.</i> (ПОЛОНИНА КРАСНА, УКРАЇНСЬКІ КАРПАТИ) .....	113
<b>Мартинюк В.С., Громозова О.М., Цейслер Ю.В., Грецький І.О., Артеменко А.Ю.</b> ЧАСОВА ДИНАМІКА СПЕКТРІВ ФОНОВОГО СВІТІННЯ <i>RHOTOBACTERIUM PHOSPHOREUM</i> .....	114
<b>Тістечок С.І., Мироновський М., Федоренко В.О., Лужецький А.М., Громико О.М.</b> СКРИНІНГ ПРОДУЦЕНТІВ ТІОПЕПТИДНИХ АНТИБІОТИКІВ З ВИКОРИСТАННЯМ РЕПОРТЕРНОЇ СИСТЕМИ НА ОСНОВІ ПРОМОТОРА ГЕНА <i>tipA</i> .....	115
<b>Рошка Н.М., Волков Р.А.</b> ДОВГІ ТА КОРОТКІ ВАРІАНТИ 5S РДНК В ГЕНОМАХ ВИДІВ <i>APIS</i> .....	116
<b>Лівшиць Л., Сіроха Д., Городна О., Зелінська Н., Ярузельська Я., Куш-Замельчик К., Лаубер-Біасон А., Неф С.</b> НОВІ МУТАЦІЇ <i>STARD8</i> І <i>STARD9</i> , ВИЯВЛЕНІ В 46,XY ПАЦІЄНТІВ З ГОНАДАЛЬНИМ ДИСГЕНЕЗОМ, ПІДТРИМУЮТЬ ЦІ ГЕНИ ЯК ГЕНИ-КАНДИДАТИ, ЩО ОБУМОВЛЮЮТЬ ПРС (ПОРУШЕННЯ РОЗВИТКУ СТАТІ) .....	117
<b>Мончак Ю.</b> <i>MYD88</i> ТА <i>CXCR4</i> - ДВА ГЕНИ, ЯКІ ВІДІГРАЮТЬ ВАЖЛИВУ РОЛЬ У МАКРОГЛОБУЛІНЕМІЇ ВАЛЬДЕНСТРЕМА .....	118
<b>Серге Г.</b> ДЖОРДЖ ГАМОВ І ГЕНЕТИЧНИЙ КОД ДНК.....	120

## CONTENTS

### GENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY

- Motsnyi I. I., Nargan T. P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S. Ph., Molodchenkova O. O., Shcherbyna Z. V.**  
THE INFLUENCE OF ALIEN GENES OF RESISTANCE TO COMMON DISEASES ON AGRONOMIC CHARACTERS OF BREAD WINTER WHEAT IN THE DRY CONDITIONS OF SOUTHERN UKRAINE..... 9
- Chubyk I. Yu., Chebotar S. V.**  
BIOINFORMATIC ANALYSIS OF GENES OF ADHESIVE PROTEIN FOOT OF MUSSELS OF THE GENUS *MYTILUS* ..... 30

### HYDROBIOLOGY AND GENERAL ECOLOGY

- Bondarenko O. S., Zamorov V. V.**  
STRUCTURE OF MACROZOOBENTHOS COMMUNITIES ON ODES'KA AND DNISTROVS'KA BANKS (NORTH-WESTERN PART OF THE BLACK SEA) ..... 47

### ZOOLOGY

- Deli O. F., Pidhorna S. Ya., Chernychko K. Y.**  
SPIDERS (ARACHNIDA, ARANEI) OF THE TYLIGUL ESTUARY OF ODESA REGION (UKRAINE) ..... 63

### PHYSIOLOGY OF HUMAN AND ANIMALS

- Sidletsnyi O. S., Maikova H. V., Makarenko O. A.**  
EXPERIMENTAL JUSTIFICATION OF THE PREVENTION OF PERIODONTAL BONE TISSUE DESTRUCTION IN OVARIOECTOMIZED RATS WITH CALCIUM-CONTAINING ADDITIVES..... 77
- Khodakov I. V., Makarenko O. A., Kolomyichuk T. V., Sokolov D. V., Baturin D. S.**  
MINEROL IN THE PROBABLE PREVENTION OF TOXIC IMPACT OF ION ALUMINIUM ON BONES IN RATS ..... 88

### CONGRESSES AND CONFERENCES

- BIOLOGY SECTION – “THE IMPORTANCE OF G. GAMOW'S IDEAS FOR BIOLOGY OF THE 21<sup>ST</sup> CENTURY” XXII INTERNATIONAL CONFERENCE NAMED BY G. GAMOW THAT HAD TOOK PLACE AT AUGUST 2022 IN ONU I.I. MECHNIKOV
- Börner A.**  
PLANT GENETIC RESOURCES FOR IMPROVING STRESS TOLERANCE – EXAMPLES FOR CEREALS ..... 105
- Kartseva T., Alqudah A.M., Aleksandrov V., Doneva D., Börner A., Misheva S.**  
GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY REVEALS LOCI AND CANDIDATE GENES FOR GRAIN PROTEIN CONTENT IN BREAD WHEAT ..... 107
- Tynkevich Y.O., Novikov A.V., Chorney I.I., Volkov R.A.**  
MOLECULAR EVOLUTION AND TAXONOMIC APPLICATION OF 5S RDNA IN THE GENUS *ACONITUM* ..... 108

<b>Griffiths S., Wang F., Wingen L., Hawkesford M., Riche A., Leverington-Waite M., Orford S., Collier S., Awal R., Philp Ch., Banson A., Chayut N., Steuernagel B., Goram R., Shewry P., Lovegrove A., Cheng Sh.</b> BREAKING WHEAT BREEDING BARRIERS 1 AND 2 .....	109
<b>Wingen L., Griffiths S., Wang F., Hawkesford M., Riche A., Leverington-Waite M., Orford S., Collier S., Awal R., Philp Ch., Banson A., Chayut N., Steuernagel B., Goram R., Shewry P., Lovegrove A., Cheng Sh.</b> BREAKING WHEAT BREEDING BARRIERS 3, 4 AND ... ..	110
<b>Popovych Yu.A., Blagodarova O.M., Chebotar S.V.</b> BIOINFORMATICS ANALYSIS OF NUCLEOTIDE SEQUENCES OF <i>GLI-1</i> LOCI OF <i>TRITICUM AESTIVUM L.</i> .....	111
<b>Prokopyak M.Z., Mayorova O.Yu., Kolisnyk H.M., Hrytsak L.R., Drobyk N.M.</b> ASSESSMENT OF GENETIC POLYMORPHISM OF <i>GENTIANA LUTEA L.</i> (POLONYNA KRASNA, UKRAINIAN CARPATHIANS) .....	113
<b>Martyniuk V.S., Gromozova O.M., Tseysler Yu.V., Gretskey I.O., Artemenko A.Yu.</b> TIME DYNAMICS OF BACKGROUND LUMINESCENCE SPECTRA OF <i>PHOTOBACTERIUM PHOSPHOREUM</i> .....	114
<b>Tistechok S.I., Myronovskiy M., Fedorenko V.O., Luzhetskyi A.M., Gromyko O.M.</b> SCREENING OF PRODUCERS OF THIOPEPTIDE ANTIBIOTICS USING A REPORTER SYSTEM BASED ON THE <i>tipA</i> GENE PROMOTER.....	115
<b>Roshka N.M., Volkov R.A.</b> LONG AND SHORT 5S rDNA VARIANTS IN THE GENOMES OF <i>APIS</i> SPECIES .....	116
<b>Livshits L., Sirokha D., Gorodna O., Zelinska N., Jaruzelska J., Kusz-Zamelczyk K., Lauber-Biason A., Nef S.</b> NOVEL <i>STARD8</i> AND <i>STARD9</i> MUTATIONS IDENTIFIED IN 46, XY GONADAL DYSGENESIS PATIENTS LEND SUPPORT TO THESE GENES AS DSD CANDIDATES.....	117
<b>Monczak Yu.</b> <i>MYD88</i> AND <i>CXCR4</i> , TWO GENES THAT PLAY A CRUCIAL ROLE IN WALDENSTRÖM'S MACROGLOBULINEMIA .....	118
<b>Segrè G.</b> GEORGE GAMOW AND DNA'S GENETIC CODE .....	120

# **ГЕНЕТИКА І МОЛЕКУЛЯРНА БІОЛОГІЯ**







[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268652](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268652)

УДК 633.111.11:575.116

**І. І. Моцний**, к. б. н., с. н. с., провідний науковий співробітник,  
**Т. П. Нарган**, к. с.-г. н., провідний науковий співробітник,  
**М. Ю. Наконечний**, к. с.-г. н., завідувач лабораторії,  
**С. П. Лифенко**, д. с.-г. н., проф., академік НААН, Засл. діяч науки і техніки  
України, головний науковий співробітник,  
**О. О. Молодченкова**, д. б. н., с. н. с., завідувач лабораторії,  
**З. В. Щербина**, к. с.-г. н., с. н. с., провідний науковий співробітник.  
Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства  
та сортовивчення, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна,  
e-mail: motsnyui@gmail.com

## ВПЛИВ ЧУЖИННИХ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ ДО ПОШИРЕНИХ ХВОРОБ НА АГРОНОМІЧНІ ОЗНАКИ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ У ПОСУШЛИВИХ УМОВАХ ПІВДНЯ УКРАЇНИ

У результаті аналізу інтрогресивного матеріалу пшениці м'якої озимої встановлено, що лінії, отримані від зразка, що містить транслокацію 1BL.1RS у каріотипі та *T. timopheevii* у родоводі, є найбільш стійкими до видів іржі. Лінії, що містять чужинні гени *Lr42* і *Hs*, характеризуються вищою врожайністю, ніж рекурент та стандарти. Виявлено кореляції між урожайністю та вмістом білка в зерні ( $r = -0,40^{***}$ ), стійкістю до жовтої іржі ( $R_{sp} = 0,19^* \dots 0,26^{***}$ ), септоріозу ( $R_{sp} = 0,27^{***}$ ) та індексом посухостійкості ( $r^{sp} = 0,69^{***}$ ). Відібрано 18 перспективних ліній за комплексом ознак, 4 лінії – з високим індексом посухостійкості.

**Ключові слова:** пшениця; експериментальні лінії; стійкість до хвороб; індекс посухостійкості; агрономічні ознаки; продуктивність

Значна частина наявних на сьогодні агротехнологій ґрунтується на інтенсивному використанні генетичних ресурсів рослин, завдяки чому вдалося набагато збільшити потенційну врожайність пшениці і таким чином перевершити рубіж 100 ц/га [5, 8]. Так, потенційна врожайність сортів Селекційно-генетичного інституту – Національного центру насіннезнавства та сортовивчення (СГІ–НЦНС) Княгиня Ольга і Піра складає 117,4 та 125,7 ц/га, відповідно [6], а сорти Інституту фізіології рослин і генетики НАН України Смуглянка, Золотоколоса і Фаворитка вперше за всю історію України сформували рекордний урожай – від 124,0 до 131,8 ц/га [9]. У світі найвищий рівень урожайності – 174 ц/га був досягнутий у Новій Зеландії у 2020 році [21].

Проте, разом зі зростанням продуктивності сучасних сортів суттєво загострилася проблема генетичного підвищення їх стійкості до впливу стресових чинників, які можуть істотно знижувати врожай [22]. Зокрема, кліматичні змі-

ни, спричинені глобальним потеплінням, мають негативні наслідки для сільськогосподарства, спричиняючи зміну структури опадів, високу температуру, посуху, що спричиняє абіотичний стрес для рослин [6, 22]. Підвищення температури взимку прискорює еволюцію патогенів, частіше з'являються нові раси, які долають стійкість наявних сортів [18, 27, 35]. Цілком зрозуміло, що раціональна стратегія селекції озимої пшениці на стійкість має передбачати розширення різноманіття селекційного матеріалу у відношенні дефіцитних ознак, зокрема шляхом віддаленої гібридизації [7, 23, 28, 33].

Метою нашого дослідження було вивчення стійкості ліній, створених методом віддаленої гібридизації родичів пшениці з сучасними сортами, до основних хвороб пшениці та оцінка впливу чужинних генів на агрономічні ознаки у сприятливих і посушливих умовах Південного Степу України.

### Матеріали і методи дослідження

*Рослинний матеріал* налічував загалом 153 лінії пшениці м'якої озимої, одержані від схрещування сучасних сортів СГІ–НЦНС з колекційним зразком (Н74/90–245), оригінальними інтрогресивними лініями (E200/97–2, 592PH16 та E214/09–1) та амфіплоїдами за участі *Aegilops tauschii* Coss (АД Жирова, ES4, ES17, ES20 та ES25), а також рекурентний сорт (Одеська 267) та шість сортів-стандартів для посушливої кліматичної зони України (Антонівка, Куяльник, Мудрість, Ветеран, Оптима і Наснага). Експериментальні лінії характеризуються різним походженням та ступенем насиченості генетичним матеріалом сучасних сортів. Загальна інформація про їх родовід з детальним описом комбінацій схрещування, статус чужинних джерел і наявність чужинних ознак була представлена в наших попередніх публікаціях [10, 11].

Усі досліджувані лінії були виведені методом Pedigree у результаті перманентних індивідуальних доборів як при беккросуванні, так і після кожного самозапилення, починаючи з першого покоління, що розщеплювалося. Оскільки пріоритетом дослідження ліній була адаптивність, хімічний захист посівів не проводився, тому сформований рівень урожайності можна вважати результатом реалізації потенціалу продуктивності та генетично зумовленої стійкості кожної лінії в умовах впливу комплексу абіотичних та біотичних негативних чинників.

*Польові експерименти.* Виділені експериментальні лінії та сорти-стандарту вивчалися у контрольному розсаднику (КР) у двох екологічних пунктах (спеціальних сівозмінах) – у СГІ–НЦНС та на експериментальній базі інституту «Дачна» (ЕБ «Дачна», с. Дачна Біляївського району Одеської області). При цьому 144 лінії було вирощено у 2018–2019 рр. у СГІ–НЦНС, 152 лінії – у 2019–2020 рр. на ЕБ «Дачна», з них 143 – в обидва сезони. Разом зі стандартами матриця даних для статистичного аналізу для визначення адаптивних властивостей матеріалу складалася із 152 зразків. Крім того, вісімнадцять кращих лі-

ній повторно вирощувалися протягом 2020–2021 рр. на ЕБ «Дачна». Детальна інформація про сівбу, внесення добрив і збирання врожаю наведена в попередніх публікаціях [10, 29].

Стійкість до поширених захворювань (борошниста роса (*Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* March.), листкова (*Puccinia triticina* Erikss. & Henn.), стеблова (*Puccinia graminis* sp. *tritici* Erikss. & Henn.) та жовта (*Puccinia striiformis* West.) іржа, септоріоз пшениці (*Septoria tritici* Rob. ex Desm.)) досліджувалась у всіх 153 ліній на природному інфекційному фоні протягом 2015–2021 років за весь період створення та дослідження ліній. Паралельно оцінювали стійкість до листової та стеблової іржі на провокаційному фоні в інфекційному розсаднику відділу фітопатології та ентомології СГІ–НЦНС у 2016–2021 рр. Крім того, у 2021 р. були поширені піренофороз (*Pyrenophora tritici-repentis* Died.) та тверда сажка (*Tilletia caries* (DC.) Tul.). Ступінь ураження дорослих рослин визначали у фазі максимального розвитку хвороби за допомогою 9-бальної уніфікованої шкали [1] одноманітно: 1–2 – дуже сприйнятливі, 3 – високо сприйнятливі, 4 – сприйнятливі, 5 – помірно сприйнятливі, 6 – помірно стійкі, 7 – стійкі, 8 – високо стійкі, 9 – імунні.

Умови, в яких вирощувалися рослини, дуже різнилися залежно від року. Вегетаційний сезон 2018–2019 рр. характеризувався як помірно посушливий, але був переважно сприятливим із загальною кількістю опадів 172 мм [34]. Сезон 2019–2020 рр. відзначився тривалою сильною посухою із загальною кількістю опадів за зиму 26 мм та відсутністю продуктивних опадів навесні, що спричинило недостатню кількість вологи для розвитку рослин. Восени вегетаційного періоду 2020–21 рр. дощів не було, за винятком опадів (23 мм) 4–5 вересня. Висока температура повітря (до 31 °C у вересні та 24 °C у жовтні) призвела до дуже гострої ґрунтової посухи; протягом жовтня – грудня в орному шарі ґрунту майже не було запасів вологи. При посіві 10–12 жовтня насіння втратило енергію проростання на фоні провокативного зволоження (4 мм) ґрунту, сходи були надто пізні (повні сходи отримали лише в січні), слабкі і розріджені. Рослини пройшли яровизацію у стані зерна та паростків, що позначилося на слабкому кушціні навесні. Рясні весняно-літні дощі сприяли нарощуванню вегетативної маси вцілілих посівів, але не їх зернової продуктивності. Отже, індекс посухостійкості розраховували як частку врожайності в сезон гострої посухи 2020 або 2021 років відносно врожайності в задовільний сезон 2019 року: «Індекс посухостійкості»,% = («Урожайність зерна в 2020 або в 2021 рр.», ц/га / «Урожайність зерна у 2019 р.», ц/га) × 100%. На відміну від [15] та [11] індекс, який розраховується за цією формулою, прямо пропорційний рівню стійкості до посухи.

*Лабораторні методи.* Загальний вміст білка визначали методом К'ельдаля. Масу тисячі зернин (МТЗ) вимірювали за стандартною методикою (ДСТУ 4138–2002). Якість зерна визначали методом седиментації SDS30'K [12]. Розраховували також додаткові критерії: «Збір білка з одиниці площі», ц/га = («Уро-

жай зерна», ц/га  $\times$  «Загальний вміст білка в зерні»,%) / 100% і «Абсолютний вміст білка в перерахунку на 1000 зернин», г = («МТЗ», г  $\times$  «Загальний вміст білка»,%) / 100%, як запропоновано [3]. Це дозволяє нейтралізувати варіацію ознаки «вміст білка», зумовлену щуплістю зерна чи низькою урожайністю ліній під впливом неконтрольованих чинників.

*Статистичний аналіз.* Дані опрацьовували за допомогою дисперсійного та кореляційного аналізу [13] з використанням програмного забезпечення Statistica (StatSoft Inc.). Перед аналізом даних відсоткові значення були переведені в кутовий коефіцієнт Фішера ( $\varphi$ ) [4]. Для кількісних ознак розраховували коефіцієнт лінійної кореляції Пірсона ( $r$ ), а для бальних оцінок – непараметричний коефіцієнт рангової кореляції Спірмена ( $R_{sp}$ ). Для порівняння середніх значень ( $M$ ) та аналізу їхньої мінливості використовували найменшу істотну різницю ( $HP_{0,05}$ ), стандартне відхилення ( $SD$ ), межі варіації ( $LV$ ) і рівень статистичної значущості ( $p$ ). Визначені нами або взяті з літератури показники наводяться в таблицях і тексті з уніфікованими позначеннями їхньої вірогідності: \*, \*\* і \*\*\* – вірогідні при  $p < 0,05, 0,01, \text{ і } 0,001$  рівні значущості, відповідно.

### Результати досліджень та їх обговорення

Фітопатологічна оцінка виявила широку варіативність ступеня ураження експериментальних ліній борошнистою россою, листовою і жовтою іржею та септоріозом листя протягом років дослідження. Кореляції між оцінками одного і того ж захворювання, отримані на тих самих лініях у різні роки, становили  $R_{sp} = 0,42^{***}$  для борошнистої роси (між 2016 і 2019 роками), коливалися в межах  $R_{sp} = 0,45^{***} \dots 0,71^{***}$  для листової іржі (між 2016, 2018 і 2019 роками) і становили  $R_{sp} = 0,22^{**}$  для жовтої іржі (між 2015 і 2016 роками) та  $R_{sp} = 0,31^{***}$  для септоріозу (між 2016 і 2019 роками). Це відповідає коефіцієнтам рангової кореляції, одержаним в минулі роки на інших вибірках ліній [10], і може бути наслідком змін у расовому складі патогенів, про що свідчать роботи фітопатологів [1, 35]. Найбільш постійною протягом років була реакція на стеблову іржу [10, 29]; досліджувані лінії більше різнилися залежно від походження, ніж умов року. Ймовірно, це пов'язано з однаковим расовим складом штучного інфекційного фону захворювання (рис. 1а) протягом багатьох років і, отже, може розглядатися як маркер інтрогресії.

Більшість експериментальних ліній виявилися стійкими до одного з видів іржі (табл. 1), що пов'язано з успішною інтрогресією чужинних генів *Lr*, *Yr* або *Sr* з усіх джерел, залучених до гібридизації. Стійких до борошнистої роси ліній було мало, а стійкості до септоріозу не виявлено; кращі лінії показали помірну сприйнятливості (5 балів) на рівні стандартів. Стійкі до стеблової іржі лінії часто були стійкими також до листової (рис. 1б), але не до жовтої іржі. Проте виділено декілька ліній, стійких до всіх видів іржі (E212/09, AIL87PH18, AIL341/18 та ін.). У цьому відношенні найбільш ефективними виявилися по-



Рис. 1. Ураження рослин накопичувача стебловою іржею на штучному інфекційному фоні у карантинному розсаднику (а). Сійка до листкової і стеблової іржі лінія AIL236PH18 (б)

Таблиця 1

Середні показники стійкості 153 експериментальних ліній до поширених хвороб за 2015–2021 рр. та їхні кореляції з урожайністю

Хво-ро-ба <sup>1)</sup>	% ліній з реакцією (бали)					Статистичні параметри <sup>2)</sup>				
	Сприйнятливих			Стійких		<i>M</i>	<i>SD</i>	<i>LV</i>	<i>R<sub>sp</sub></i> 2019	<i>R<sub>sp</sub></i> 2020
	1–2	3–4	5	6–7	8–9					
PM	1,3	58,2	25,5	13,7	1,3	4,3	1,25	1–8	–0,04	0,11
LR	3,3	37,3	4,6	51,6	3,3	5,4	1,72	2–8	–0,08	–0,07
YR	4,6	45,8	3,9	44,4	1,3	5,1	1,63	2–8	0,19*	0,26***
SR	33,3	25,5	10,5	27,5	3,3	4,0	2,25	1–8	–0,08	0,07
STB	3,9	88,2	7,8	–	–	3,7	0,67	2–5	0,14	0,27***

<sup>1)</sup> PM – борошниста роса, LR – листкова іржа, YR – жовта іржа, SR – стеблова іржа (штучний інфекційний фон), STB – септоріоз листа; <sup>2)</sup> *M* – середнє значення ознаки по лініях, *SD* – стандартне відхилення, *LV* – межі варіації (min-max), *R<sub>sp</sub>* – непараметричний коефіцієнт кореляції Спірмена, \* та \*\*\* – вірогідно при  $p < 0,05$  та  $p < 0,001$ , відповідно.

хідні колекційного зразка H74/90–245 (Tom Pouce Blanc / AD (*T. timopheevii* Zhuk.-*Ae. tauschii* ssp. *strangulata* Coss.) // Аврора /3/ Rusalka), створеного у Болгарії у Добруджанському сільськогосподарському інституті-Генерал Тошево. Відомо, що комбінуючи чужинні гени стійкості з різних джерел, у цьому інституті було створено низку донорів стійкості до іржастих хвороб [2].

Слід зазначити, що у зразка H74/90–245 та його похідних за допомогою електрофорезу запасних білків була виявлена пшенично-житня транслокація 1BL.1RS типу Аврора [10, 11]. Їхні нащадки – деякі стійкі лінії, вивчені у чинному дослідженні, можливо, успадкували цю транслокацію. Відомо, що її коротке плече несе низку зчеплених генів стійкості *Lr26/Sr31/Yr9/Pm8* [25]. Хоча *Sr31* та *Yr9* досі ефективні в Україні [1, 9], все ж досягнутий рівень стійкості кращих ліній (табл. 1) не може бути зумовлений лише транслокацією 1BL.1RS. Зокрема відомо, що в генотипі сортів, що входять до родоводу удосконалених ліній, присутній генний кластер *Lr34/Sr57/Yr18/Pm38*, який у взаємодії з чужинними генами може підсилювати їх дію [10]. Можливо також, що деякі ефективні *Lr*, *Yr* і *Sr* гени походять від складових амфіплоїда AD(*T. timopheevii*-*Ae. tauschii*), який входить до родоводу зразка H74/90–245. Так, відомо, що гени *Sr36* і *Sr37* від *T. timopheevii* забезпечують помірну сприйнятливість (4–5 балів) до стеблової іржі в умовах півдня України [14].

Нажаль, генофонд *T. timopheevii* здебільшого ігнорується селекцією [19] через недостатню ефективність інтрогресивних процесів; хромосоми специфічних субгеномів A<sup>t</sup> і G структурно відрізняються від хромосом пшениці м'якої [20], що ускладнює інтрогресію генів стійкості. Їх генетичний матеріал переноситься в пшеницю зазвичай шляхом транслокації великих сегментів або заміщення цілих хромосом. При цьому наявність такої кількості чужинного хроматину спричиняє зниження продуктивності інтрогресивного матеріалу. Ймовірно, для мінімізації кількості чужинного генетичного матеріалу та успішного використання генів стійкості з геному A<sup>t</sup>G необхідна індукція пшенично-чужинного аlosиндезу [16, 36]. Більш ефективним видається використання донора D геному – *Ae. tauschii*, який характеризується великою різноманітністю за ознаками стійкості до хвороб, шкідників, абіотичних факторів [30]. Так, у *Ae. tauschii* ідентифіковані ефективні гени стійкості до збудника стеблової іржі пшениці, зокрема раси Ug99, [17]. Отже, вдале поєднання генів стійкості, розташованих у транслокації 1BL.1RS, з ефективними генами стійкості з інших джерел є перевагою даного дослідження.

Для визначення впливу чужинних генів стійкості досліджених ліній на їх урожайність проводили кореляційний аналіз, який виявив слабкий позитивний зв'язок урожайності лише зі стійкістю до жовтої іржі та септоріозу (табл. 1). Отже, ці хвороби найбільш шкідливі на півдні України. Відсутність кореляції між урожайністю та стійкістю до борошнистої роси, листової чи стеблової іржі в цілому відповідає нашим попереднім даним [10] і, очевидно, пов'язана з слабким природним фоном цих захворювань. В іншому дослідженні [11] була

виявлена слабка позитивна кореляція ( $R_{sp}=0,34^{**}$ ) між урожайністю та стійкістю до стеблової іржі, що пояснюється позитивним ефектом транслокації 1BL.1RS на обидві ознаки. Відсутність такої кореляції в даній (табл. 1) і попередній [10] роботах, можливо, пояснюється іншим набором ліній (невеликою часткою ліній з транслокацією) або дещо іншими умовами років дослідження.

Відсутність опадів навесні 2020 року знизил висоту рослин в середньому на 16 см, порівняно з 2019 роком. Показники МТЗ та вмісту білка змінювалися по роках неоднозначно; часто відбувалася зміна рангів. Проте, в середньому вони були дещо вищими у посушливому 2020 році, що відповідає літературним даним стосовно вмісту білка, але суперечить стосовно МТЗ [26]. Значно вищим був збір білка у 2019 році (6,8 ц/га проти 4,9 ц/га у 2020 р.). В основному на показник вплинула врожайність зерна, яка також була значно вищою у більш сприятливому 2019 році (64,0 ц/га проти 43,2 ц/га у 2020 р.). Проте за абсолютним вмістом білка в перерахунку на 1000 зернин спостерігається протилежна тенденція (3,94 г у 2019 р. проти 4,41 г у 2020 р.). За винятком дати колосіння, усі відмінності між середніми є значущими при  $p < 0,001$  (табл. 2).

Таблиця 2

**Вплив посухи на основні агрономічні ознаки ліній пшениці у 2020 р., порівняно з більш сприятливим вегетаційним періодом 2019 р.**

Ознака	Веgetаційний період		Вплив посухи	
	2018–2019	2019–2020	абсолютні значення	%
Дата колосіння, травень	12,4±1,99 <sup>1)</sup> (8–17)	12,0±1,76 (9–17)	–0,4	–3,2
Висота рослин, см	104,8±10,2 (73–140)	88,8±7,3 (60–115)	–16,0***	–15,3
Урожайність, ц/га	64,0±9,3 (40,0–88,0)	43,2±8,6 (11,1–60,8)	–20,8***	–32,5
Вміст білка, %	10,6±0,78 (8,6–13,6)	11,4±0,99 (9,3–15,9)	+0,83***	+7,8
Збір білка, ц/га	6,8±1,1 (4,3–10,2)	4,9±0,9 (1,3–7,0)	–1,9***	–27,7
Маса 1000 зернин, г	37,2±3,14 (23,4–47,0)	38,7±3,72 (23,1–51,5)	+1,45***	+3,9
Абсолютний вміст білка на 1000 зернин, г	3,94±0,42 (3,06–5,47)	4,41±0,55 (3,33–6,75)	+0,47***	+12,0

<sup>1)</sup> Середнє значення ± стандартне відхилення та межі варіації (в дужках).

\*\*\* – вірогідно при  $p < 0,001$ .

Посуха також вплинула на кореляційні зв'язки між ознаками в різні сезони. Так, вірогідна, хоча і слабка, кореляція врожайності з датою колосіння ( $r=0,22^{**}$ ), вмістом білка ( $r=-0,40^{***}$ ) та МТЗ ( $r=0,20^*$ ), а також між датою колосіння та МТЗ ( $r=-0,18^*$ ) була виявлена в гостро посушливому 2020 р. і не спостерігалась у більш сприятливому 2019 р. Навпаки, кореляція висоти рослин із вмістом білка, МТЗ та абсолютним вмістом білка у перерахунку на

1000 зернин, яка спостерігалася за сприятливих умов 2019 р., зникла у 2020 р. (табл. 3), що може бути зумовлено суттєвим зменшенням дисперсії ознаки висота рослин (табл. 2) під впливом посухи. Ознаки дата колосіння, висота рослин та МТЗ мали найвищі кореляції між середовищами (табл. 3), що свідчить про їх високу успадкованість.

За винятком двох ліній, загальна врожайність у 2019 р. була вищою, ніж у 2020 р. (табл. 2), що в цілому відповідає літературним даним [26]. При цьому лінія АІЛ391/18 (Куяльник /4/ Од. 267 / Н74/90–245 F<sub>2</sub> // Од. 267\*<sup>4</sup> /3/ Селянка F<sub>7</sub> /5/ Ватажок F<sub>6</sub>) мала однакову врожайність в обидва сезони (55,6 та 55,9 ц/га у 2019 та 2020 рр., відповідно). І лише лінія РІЛ906/16 (Селянка / ES20 F<sub>2</sub> // Од. 267 F<sub>8</sub>) була більш урожайною в умовах посухи 2020 р. (58,0 ц/га), але відзначилась надто низькою урожайністю у сприятливому 2019 р. (48,0 ц/га), що може бути спричинено неконтрольованими чинниками. Це призвело до появи значень частки врожайності зерна у 2020 р. від урожайності у 2019 р. більших, ніж 100% ( $\varphi > 3,142$ , рис. 2), які в цілому коливалися від 19,8% до 120,8% для дослідних ліній і від 63,3% до 83,1% для стандартів (табл. 4). Найгірша посухостійкість виявлена у лінії МА1 (24,2%), яка має модифіковану транслокацію 1BL.1RS<sub>m</sub> на генетичному фоні ярого сорту Равон 76 [24], та її похідних. Водночас, 11,2% мали індекс посухостійкості вище або на рівні стандартів.

Таблиця 3

Кореляції між агрономічними ознаками досліджених ліній у 2019 р. (під діагоналлю, N=144) та у 2020 р. (над діагоналлю, N=152)

Ознака	Дата колосіння	Висота рослин	Урожайність	Вміст білка	Збір білка	МТЗ <sup>1)</sup>	Абс. вміст білка на 1000 зернин
Дата колосіння	0,79*** <sup>2)</sup>	-0,10	0,08	0,22**	0,17*	-0,07	0,09
Висота рослин	0,09	0,70***	0,08	0,22**	0,16	0,26**	0,36***
Урожайність	0,22**	-0,03	0,49***	0,01	0,89***	0,12	0,10
Вміст білка	0,08	0,06	-0,40***	0,54***	0,45***	-0,10	0,58***
Збір білка	0,26***	0,01	0,92***	-0,03	0,42***	0,06	0,35***
МТЗ	-0,18*	0,13	0,20*	-0,12	0,18*	0,74***	0,75***
Абс. вміст білка на 1000 зернин	-0,10	0,14	-0,10	0,56***	0,13	0,75***	0,60***

<sup>1)</sup> МТЗ – маса тисячі зернин.

<sup>2)</sup> По діагоналі – між однаковими ознаками, на тих же самих 143 лініях, вирощених у різні вегетаційні сезони. \*, \*\*, \*\*\* – вірогідно при  $p < 0,05$ ,  $< 0,01$  та  $< 0,001$ , відповідно.



Переважно індекс посухостійкості визначався врожайністю в посушливих умовах 2020 р. ( $r = 0,69^{***}$ ), що цілком очевидно, оскільки посухостійкість матеріалу залежить від реалізації його потенційної продуктивності за відсутності адекватної кількості вологи. Однак, індекс посухостійкості також був обернено пропорційним значенням урожайності за сприятливих умов ( $r = -0,26^{**}$ ), що навряд чи має біологічне підґрунтя. Більш того, за винятком трьох ліній з максимальними значеннями індексу посухостійкості та трьох ліній з мінімальними його значеннями, переважна більшість точок на діаграмі розсіювання задовільно вписується в загальну тенденцію (рис. 2). Тобто, менш урожайні в 2019 р. лінії менше знижували врожайність у посушливому 2020 р. і, отже, були класифіковані як більш стійкі до посухи. Тому при визначенні посухостійкості матеріалу необхідно враховувати також його врожайність у сприятливих умовах. Майже ті ж самі значення коефіцієнтів кореляції виявлено між індексом посухостійкості та збором білка ( $r = -0,25^{**}$  у 2019 р. та  $r = 0,69^{***}$  у 2020 р.), що зумовлено значним внеском урожайності в цю ознаку. Між індексом посухостійкості та вмістом білка у 2020 році спостерігався суттєвий, хоча й дуже слабкий, кореляційний зв'язок ( $r = -0,17^*$ ). Очевидно, це пов'язано з негативною кореляцією між урожайністю ліній та вмістом білка ( $r = -0,42^{***}$ ) у 2020 р. Кореляційні зв'язки між індексом посухостійкості, з одного боку, та МТЗ, вмістом білка у 2019 р. і показниками абсолютного вмісту білка у перерахунку на 1000 зернин, з іншого, були невірними.

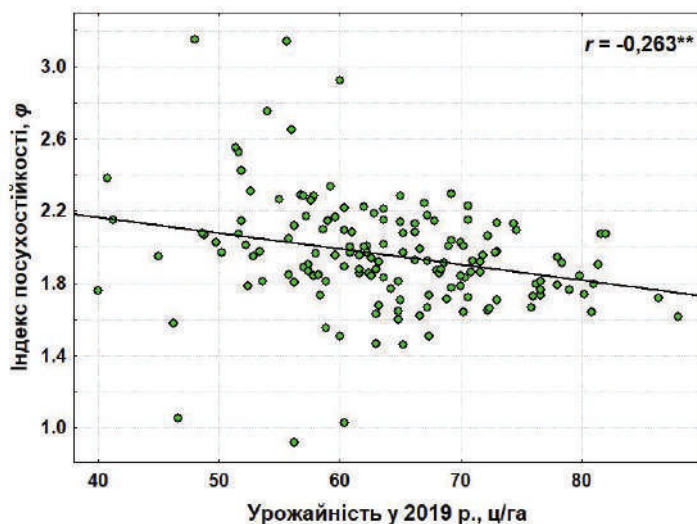


Рис. 2. Діаграма розсіювання між індексом посухостійкості (відсотки переведені у кутовий коефіцієнт  $\varphi$ ) та урожайністю зерна у КР 2019 р.

За даними 2020 р. було виділено та висіяно на наступний сезон 2020–2021 рр. вісімнадцять експериментальних ліній (NIL2, NIL4, AIL327/18, AIL341/18 та ін.) з різним рівнем стійкості до борошнистої роси чи видів іржі. Лінії поєднували високу загальну селекційну оцінку з продуктивністю на рівні або вище найближчого стандарту в умовах посухи 2020 р. та найвищим індексом посухостійкості (табл. 4).

Таблиця 4

**Показники стійкості та загальна селекційна оцінка  
виділених ліній за роки дослідження**

Сорт чи лінія <sup>1)</sup>	Стійкість до хвороб (бали) <sup>2)</sup> :						Індекс посухостійкості		Загальна селекційна оцінка бали <sup>3)</sup>
	PM	LR	YR	SR	STB	TS	2020 <sup>4)</sup>	2021 <sup>4)</sup>	
Од. 267 (Rec)	3–4 <sup>3</sup>	3–5	4–5	1–2	4–6	5	61,5	32,2	4...5-
NIL2	3–4	6–8	4–5	1–2	4–7	5	66,3	26,9	4+
NIL4	4	3–4	4–5	1–2	4–5	7	74,1	32,4	4+...5-
E212/09	7–8	5–7	6–7	5	3–4	4	80,6	34,1	4+...5+
E214/09–7	4–5	2–4	4–7	4–6	4–5	4	77,3	22,0	5+...2-
E2776/14	5	3–6	5–7	2–3	4–5	5	74,9	21,0	4...4+
E2778/14	6–8	3–6	5–7	3	4–5	7	73,6	30,6	4...5+
PIL860/16	6	3–5	6–7	2	4	4	98,8	24,8	5...5+
PIL906/16	6–8	7–8	4–7	2	4–5	4	120,8	34,4	5+...2-
BL1015/16	3	3–5	6	2–3	3–5	6	69,6	30,1	4+...5-
BL1024/16	5	3–5	4	2–4	4–5	8	72,4	34,4	4...5-
BL1025/16	4–5	3–5	4	2–4	4–5	6	82,8	42,8	4...5-
AIL327/18	5	3–4	4–7	2–3	4–5	5	74,1	23,4	4...5-
AIL341/18	4	6–7 <sup>1)</sup>	4–7	7	4–5	4	77,5	20,2	4...5-
AIL391/18	4	3–5	5–7	5–7	5	5	100,5	23,6	4...5-
AIL890/18	5	3–4	4	2–4	3–4	4	79,9	38,2	5...5+
AIL87PH18	4	5–7	5–7	6–8	3	6	85,9	13,0	4+...5+
AIL236PH18	4–6	5–7	5–6	6–8	3–5	4	76,6	9,5	5+...2-
PIL355PH18	4	6–7	7	2	5	6	76,7	29,5	4...5-
Куяльник (St)	3–4	3–4	4–5	2–3	3–6	4	74,1	37,4	4...5
Наснага (St)	3–4	3–4	3	2–3	4–5	4	70,4	37,9	4...5

<sup>1)</sup> E – Еритроспермум, NIL – майже ізогенна лінія, PIL – примітивна інтрогресивна лінія, AIL – удосконалена інтрогресивна лінія, BL – селекційна лінія, PH – лінія з польового інфекційного розсадника відділу фітопатології та ентомології; Rec – рекурентний сорт, St – стандарт.

<sup>2)</sup> PM, LR, YR, SR, STB, TS – стійкість, відповідно, до борошнистої роси, листкової, жовтої і стеблової іржі, септоріозу та піренофорозу. Бали відповідають інтенсивності ураження у відсотках: 1 відповідає 100%; 2–90%; 3–65%; 4–40%; 5–25%; 6–15%; 7–10%; 8–5%; і 9–0%. Ураження накопичувачів інфекції та індикаторів високої сприйнятливості до хвороб – 1 бал щороку.

<sup>3)</sup> Діапазон варіації бальних оцінок за роки дослідження. <sup>4)</sup> Відсоток від урожайності в 2019 р.

Шість із них були отримані від колекційного зразка Н74/90–245. Виходячи з наявної у них стійкості до стеблової іржі, ці лінії можуть нести транслокацію 1BL.1RS. За винятком NIL4 (Од.267 / E124/03 // Од.267\*<sup>10</sup> F<sub>7</sub>), жодна з 18 ліній не виявила чужинних морфологічних ознак. Здебільшого виділені лінії колювалися пізніше стандартів, за висотою рослин були на рівні, вище або трохи нижче стандартів (табл. 5).

Таблиця 5

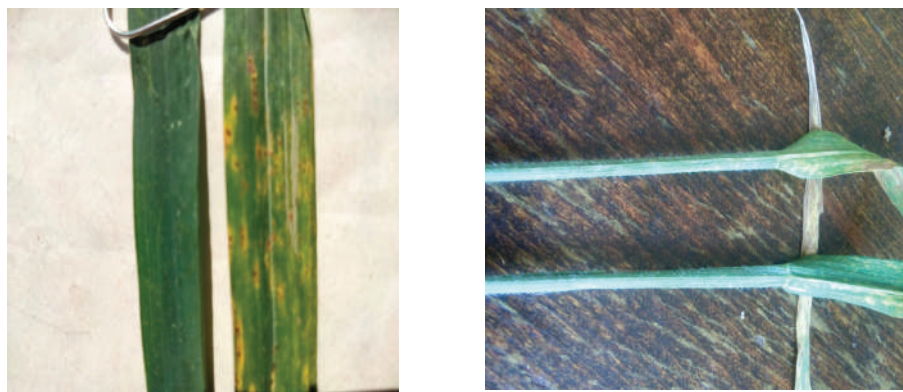
## Середні значення агрономічних ознак за 2019–2021 рр.

Сорт чи лінія	Дата колосіння травень	Висота рослин см	Урожай- ність ц/га	Вміст білка %	Збір білка ц/га	МТЗ г	Абс.вміст білка на 1000 зернин, г	Седимен- тація мл
Од.267 (Rec)	18,3	100,0	52,1	11,2	7,41	38,9	4,04	57
NIL2	17,3	94,3	52,4	11,4	7,74	43,6	4,69	74
NIL4	19,3	101,7	56,1	11,1	7,87	40,1	4,23	62
E212/09	18,3	82,3	51,2	11,1	7,06	44,0	4,80	56
E214/09–7	18,3	85,0	45,0	10,4	6,23	41,1	4,11	54
E2776/14	18,3	84,3	48,7	10,3	6,69	38,2	3,93	62
E2778/14	18,7	87,7	52,0	10,5	5,92	43,3	4,86	55
PII860/16	17,0	98,3	44,7	10,7	6,38	38,1	4,01	64
PII906/16	21,7	72,7	40,8	10,5	5,60	42,0	4,34	44
BL1015/16	17,7	84,0	48,6	10,6	6,46	43,9	4,60	57
BL1024/16	19,0	90,3	47,7	10,4	6,14	40,7	4,12	62
BL1025/16	18,7	85,3	48,9	10,6	6,27	39,4	4,11	58
AIL327/18	16,3	92,3	54,0	10,8	7,81	40,3	4,10	55
AIL341/18	19,3	97,0	46,5	12,1	7,65	35,7	4,30	57
AIL391/18	21,3	87,0	41,5	11,4	6,38	37,4	4,24	64
AIL890/18	17,3	84,0	46,2	9,3	5,28	40,1	3,62	60
AIL87PH18	18,0	87,0	39,5	11,1	6,15	35,4	3,92	58
AIL236PH18	17,3	81,7	46,2	10,2	6,65	38,4	3,87	51
PII355PH18	15,7	89,7	50,2	10,9	6,93	45,4	4,76	51
Куяльник(St)	16,8	90,8	48,3	10,1	6,04	37,5	3,80	62
Наснага (St)	17,1	90,5	50,8	10,4	6,33	37,1	4,26	54
НІР <sub>0,05</sub> <sup>2)</sup>	1,4	7,4	9,7	1,2	2,12	3,4	0,67	-

<sup>1)</sup> Лінії, відібрані для попереднього сортопробування, позначені жирним шрифтом. <sup>2)</sup> НІР<sub>0,05</sub> – найменша істотна різниця при  $p < 0,05$ .

Майже ізогенна лінія NIL2 (Од.267 / ПЕАГ // Од.267\*<sup>10</sup> F<sub>7</sub>) несе ген *Lr42* від амфіплоїда ПЕАГ (*T. dicoccum* Schuebl. / *Aegilops tauschii* Coss.) на генетичному фоні сорту Одеська 267. Окрім стійкості до листової іржі (табл. 4, рис. 3а), лінія була більш рання та нижча за рекурентний сорт і мала дещо вищі за стандарти показники врожайності, вмісту білка, МТЗ та седиментації (табл. 5), але

не посухостійкості. Лінія NIL4 з опушенням нижньої частини стебла (листочкових піхв) (рис. 3б) регулярно перевищувала за продуктивністю рекурентний сорт, а в даній роботі й стандарти. Лінії NIL2, E2776/14, P1L860/16, BL1015/16, A1L341/18, A1L391/18, A1L87PH18 і A1L236PH18 були сильно розріджені, а лінії E214/09–7, BL1015/16 і A1L236PH18 уражалися твердою сажкою і були вибракувані. Лінія P1L906/16, яка мала найвищий індекс посухостійкості у 2020 р., мала низьку загальну селекційну оцінку, була надто короткостебловою та мала низьку врожайність (16,5 ц/га) у 2021 р.



а

б

Рис. 3. Майже ізогенна лінія NIL2 з ознаками стійкості до листової іржі (зліва) та рекурентний сорт Од. 267 (справа) (а); майже ізогенна лінія NIL4 з опушенням нижньої частини стебла (листочкових піхв) (б)

Слід зазначити, що виділена лінія E2776/14 (**Vigen** / Од. 267 // Селянка F<sub>6</sub>), яка мала найвищу продуктивність та вміст білка в попередній публікації [11], не проявила свої переваги в умовах гострої осінньої посухи 2020–2021 рр. та показала урожайність 15,7 ц/га і вміст білка на рівні стандартів. Крім того, лінія P1L355PH18 (Селянка / **ES20** F<sub>2</sub> // Од. 267 F<sub>5</sub> /3/ Гурт F<sub>4</sub>), раніше відібрана за комплексом ознак (урожайність, вміст білка та крупне зерно) [10], у даній роботі показала найвищу МТЗ, але врожайність і вміст білка були на рівні стандартів і середніх значень інших ліній (табл. 5).

У 2021 році внаслідок гострої осінньої посухи абсолютно всі виділені дослідні лінії, а також стандарти, різко знизили врожайність; недоотримання зерна сягало близько 70% від урожаю 2019 р. (табл. 4). В настільки суворих умовах, незважаючи на високу потенційну продуктивність виділених ліній, середньорічні показники їх урожайності були загалом низькими, різниця між ними була майже відсутня, і лише декілька ліній вірогідно відрізнялися від рівня стандартів (табл. 5). Те ж саме відбувається по всьому світі [22], тому потрібні нові джерела генів стійкості до хвороб [1] або абіотичних стресорів [22].

Крім того, деякі лінії відрізнялися від стандартів за датою колосіння, високою рослин, вмістом білка в зерні, МТЗ та абсолютним вмістом білка в 1000 зернин (табл. 5). Відсутність суттєвих відмінностей між лініями за збором білка з одиниці площі пояснюється сильною варіативністю обох компонентів ознаки (урожайності та вмісту білка) в залежності від умов року. У результаті роботи чотири перспективні посухостійкі лінії: NIL4, E212/09 (**H242/97-1** / Од. 267\*<sup>3</sup> // Куяльник F<sub>∞</sub>), E2778/14 (**Vigen** / Од. 267 // Селянка F<sub>6</sub>) та AIL890/18 (Куяльник / **V241/09** F<sub>4</sub>) були відібрані для попереднього сортовипробування. Ці лінії показали найвищу врожайність у посушливому 2021 р., не уразилися твердою сажкою та мали якість (значення седиментації SDS30'K) на рівні стандартів. Незважаючи на те, що лінія AIL890/18 не перевищувала абсолютних значень середньої врожайності стандартів, мала низький вміст білка та не була стійкою до досліджуваних хвороб, вона показала найкращу загальну селекційну оцінку та найвищі показники посухостійкості після лінії BL1025/16 (табл. 4).

Незважаючи на те, що схрещування з дикими або спорідненими видами залишається привабливим методом поліпшення пшениці, ця стратегія вимагає ретельного вибору батьківського сорту, а також достатньої кількості зворотних схрещувань. Це пояснюється тим, що кожний сучасний сорт містить унікальну асоціацію генів адаптації до конкретних умов вирощування, що є результатом багатовікової селекції. Гібридизація, особливо віддалена, порушує сформований генний комплекс. Як наслідок, обмежена кількість корисних ознак, наданих дикими видами (таких як стійкість до хвороб), може бути переважена багатьма небажаними ознаками. Наприклад, суттєвим недоліком високопродуктивних інтрогресивних ліній є нестабільність врожаю в різних умовах [10, 11]. Крім того, при пересіві в селекційних підрозділах протягом кількох років лінії виявляють гетерогенність за стійкістю до хвороб – ознаками, за якими їх відбирали, або повністю втрачають стійкість. Так, серед 57 селекційних ліній, узятих із контрольного розсадника чи попереднього сортовипробування і пересіяних у 2021 році на провокаційному фоні, лише 20 виявилися константними за стійкістю до листової та стеблової іржі. Тому лише деякі з них стають сортами, що характерно не лише для СГІ–НЦНС [1, 6, 7], а й для інших селекційних установ [9, 32]. Зважаючи на обмежену вибірку рослин в перших генераціях, що розщеплюються, відновити втрачений генофон легше всього шляхом численних насичувальних схрещувань із сучасними високопродуктивними сортами при перманентному доборі цінних ознак.

Випробування інтрогресивних ліній у СГІ–НЦНС проводяться уже протягом багатьох років. Кожного сезону виділяються декілька ліній, які перевищують у даних умовах найближчі стандарти за врожайністю та мають деякі чужинні ознаки, головним чином стійкість до хвороб. Але при посіві цих ліній великими ділянками в 5–6 кратній повторності, вони, як правило, поступаються стандартам. Отже, шляхом віддаленої гібридизації можливо поліпшити пшеницю

м'яку озиму стосовно окремих характеристик (вміст білка, крупнозерність, стійкість до грибних хвороб чи абіотичних чинників), але не потенційної продуктивності. Очевидно, для подальшого підвищення саме продуктивності, яка, як відомо, досягається шляхом кращого поєднання елементів продуктивності [31] більш доцільно використовувати внутрішньовидову гібридизацію із застосуванням екологічно віддалених сортів.

### Висновки

1. Ступінь ураження матеріалу борошнистою россою, листовою та жовтою іржею, а також септоріозом листя має широкий діапазон мінливості за роками. Найбільш постійною була реакція на стеблову іржу; лінії більшою мірою різнилися залежно від свого походження, ніж умов року.

2. Стійкість до хвороб залежить від виду збудника та джерела чужинної мінливості. Стійкість до одного виду іржі була успішно передана з усіх джерел, залучених до гібридизації, але до всіх іржастих захворювань – переважно від зразка Н74/90–245, що містить транслокацію 1BL.1RS у каріотипі та *T. timopheevii* у родоводі. Виявлена низька частота ліній, стійких до борошнистої роси, відсутність стійкості до септоріозу, а також слабка позитивна кореляція врожайності зі стійкістю до жовтої іржі та толерантністю до септоріозу.

3. Посушливі умови спричинили зменшення висоти рослин, урожаю зерна і збору білка та підвищення показника МТЗ та вмісту білка, а також вплинули на кореляційні зв'язки між ознаками. Недоотримання врожайності становило 32,5% у 2020 р. та  $\approx 70\%$  у 2021 р. щодо сприятливого 2019 року. Дослідні лінії відрізнялися датою колосіння, висотою рослин, МТЗ, загальним вмістом білка, абсолютним вмістом білка на 1000 зернин, але не спостерігалось значної диференціації між лініями за урожайністю зерна та збором білка через сувору посуху. Деякі лінії, які поєднували високу продуктивність у посушливі періоди з найвищим індексом посухостійкості, були нестійкими або стійкими лише до однієї хвороби. Між вмістом білка та врожайністю зерна в умовах посухи 2020 р. спостерігався негативний кореляційний зв'язок ( $r = -0,40^{***}$ ). Найвищу успадковуваність (кореляції між середовищами) мали дата колосіння, висота рослини та МТЗ.

4. Індекс посухостійкості в основному визначається врожайністю матеріалу в умовах посухи і меншою мірою залежить від урожайності за сприятливих умов. При визначенні посухостійкості ліній необхідно враховувати не лише індекс посухостійкості, а і їх урожайність у сприятливих умовах.

5. В умовах посухи майже ізогенні лінії з чужинними генами *Lr42* і *Hs* на генфоні сорту Одеська 267 показали вищу продуктивність, порівняно з рекурентним сортом і стандартами. Отже кількість схрещувань з сучасними сортами важливі для отримання селекційно цінних ліній, особливо при обмеженій вибірці рослин в  $F_2$  чи  $BC_1$ .

6. Виділено 18 ліній-донорів зі стійкістю до хвороб, високими показниками МТЗ, вмісту білка, урожайності та посухостійкості, з яких для подальшої селекційної роботи відібрано чотири перспективні посухостійкі лінії. Кращі результати як за стійкістю до хвороб, так і за адаптивністю були отримані серед похідних зразка Н74/90–245, що може бути пов'язано з позитивним впливом транслокації 1BL.1RS на обидві ознаки. Хороші результати отримані також в комбінаціях з амфіплоїдами (*T. durum* / *Ae. tauschii*), які мають геномний склад AABBDD з високою спроможністю всіх їхніх хромосом до кон'югації з пшеничними хромосомами. Найгірші результати були у ліній з морфологічними ознаками диких видів, що може бути пов'язано з надто великою кількістю чужинного генетичного матеріалу, переданого в пшеницю внаслідок інтрогресії.

Стаття надійшла до редакції 31.10.2022

### Список літератури

1. Бабаянц О.В. Основы селекции и методология оценок устойчивости пшеницы к возбудителям болезней / О.В. Бабаянц, Л.Т. Бабаянц.– Одесса: ВМВ, 2014.– 401 с.
2. Даскалова Н. Получаване на синтетични амфилоиди в групата *Aegilops-Triticum-Secale-Dasyphyrum* и приложението им в селекцията на пшениците у нас / Н. Даскалова, П. Спецов.– Варна: Издателска къща СТЕНО, 2020.– 151 с.
3. Кириченко Ф.Г. Изучение и отбор высокобелковых образцов озимой мягкой пшеницы из коллекции ВИР как исходного материала для селекции / Ф.Г. Кириченко, Н.А. Литвиненко, В.Г. Адамовская // Докл. ВАСХНИЛ.– 1979.– № 11.– С. 6–9.
4. Лакин Г.Ф. Биометрия. Учебное пособие для университетов и педагогических институтов / Г.Ф. Лакин.– Москва: Высшая школа, 1973.– 343 с.
5. Литвиненко М. А. 100 років розвитку селекційних програм пшениці м'якої озимої / М. А. Литвиненко // Сортовивчення та охорона прав на сорти рослин.– 2016.– Т. 31, № 2.– С. 75–82. [https://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr\\_2016\\_2\\_14](https://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr_2016_2_14).
6. Литвиненко М. А. Створення сортів пшениці м'якої озимої (*Triticum aestivum* L.), адаптованих до змін клімату на Півдні України / М. А. Литвиненко // Збірник наукових праць СГП–НЦНС.– 2016.– Вип. 27 (67).– С. 36–53. [https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna\\_instityty/Zbirmik\\_naykovih\\_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf](https://old.sgi.in.ua/images/Vidanna_instityty/Zbirmik_naykovih_prac/Arhiv/Zb27672016.pdf).
7. Лифенко С.П. Інтрогресії в геном пшениці м'якої від різних донорів – проблемний, але перспективний напрям селекції / С.П. Лифенко, Т.П. Нарган, М.Ю. Наконечний // Селекція і насінництво.– 2014.– Вип. 105.– С. 39–50. doi: 10.30835/2413–7510.2014.42043.
8. Моргун В.В. Впровадження у виробництво нових, стійких до стресових факторів, високопродуктивних сортів озимої пшениці, створених на основі використання хромосомної інженерії та маркер-допоміжної селекції / В.В. Моргун, М.М. Гаврилюк, В.П. Оксьом, Б.В. Моргун, В.М. Починок // Наука та інновації.– 2014.– Т. 10, № 5.– С. 40–48. doi: 10.15407/scin10.05.040.
9. Моргун В.В. Стан та перспективи використання пшенично-житніх транслокацій у селекції озимої м'якої пшениці / В.В. Моргун // Физиология растений и генетика.– 2016.– Т. 48, № 4.– С. 324–343. <https://www.researchgate.net/publication/331608635>.
10. Моцний І.І. Створення інтрогресивних ліній пшениці м'якої озимої з ознаками стійкості до фітопатогенів / І.І. Моцний, О.О. Молодченкова, А.П. Смертенко, М.А. Литвиненко, Є.А. Голуб, Л.Т. Міщенко // Вісник ОНУ. Сер.: Біологія.– 2020.– Т. 25, вип. 2 (47).– С. 59–82. doi: 10.18524/2077–1746.2020.2(47).218058.
11. Моцний І.І. Різноманіття похідних віддаленої гібридизації озимої пшениці за стійкістю до хвороб та іншими чужинними ознаками / І.І. Моцний, Т.П. Нарган, М.Ю. Наконечний, С.П. Лифенко, О.О. Молодченкова, Л.Т. Міщенко // Вісник ОНУ. Сер.: Біологія.– 2021.– Т. 26, вип. 2 (49).– С. 51–72. doi: 10.18524/2077–1746.2021.2(49).246884.

12. Рибалка О.І. Наукове обґрунтування розробки нових методів оцінки хлібопекарської якості борошна пшениці / О.І. Рибалка, М.В. Червоніс, І.Г. Топораш, І.О. Сурженко, О.П. Боделан, З.В. Щербина // *Хранение и переработка зерна*. – 2006. – № 1 (79). – С. 43–48.
13. Рокицкий П. Ф. Биологическая статистика / П. Ф. Рокицкий. – Минск: Вышэйша школа, 1973. – 320 с.
14. Сауляк Н.І. Ефективність генів стійкості пшениці (*Triticum aestivum* L.) до *Puccinia graminis* Pers. f. зр. *tritici* Erikss et Henn в умовах України / Н.І. Сауляк, К.П. Терновий, О.В. Бабаянц, О.А. Васильєв, О.В. Галаєв // *Збірник наукових праць СГП–НЦНС*. – 2017. – Вип. 30 (70). – С. 61–69.
15. Чеботар Г.О. Апробація маркерного аналізу гена *TaSnRK2.8-A* на українських сортах пшениці м'якої озимої / Г.О. Чеботар, О.Є. Олійник, Ю.О. Лавриненко, С.В. Чеботар // *Вісник ОНУ. Біологія*. – 2020. – Т. 25, вип. 2 (47). – С. 83–94. doi: 10.18524/2077-1746.2020.2(47).218456.
16. Ashraf R. Identification of a small translocation from 6R possessing stripe rust resistance to wheat / R. Ashraf, E. Johansson, P. Vallenback, B.J. Steffenson, P. Bajgain, M. Rahmatov // *Plant Disease*. – 2022. doi: 10.1094/PDIS-07-22-1666-RE.
17. Athiyannan N. Haplotype variants of *Sr46* in *Aegilops tauschii*, the diploid D genome progenitor of wheat / N. Athiyannan, Yu. Long, H. Kang, S. Chandramohan, D. Bhatt, Q. Zhang, D. Klindworth, M. Rouse, T. Friesen, R. Mcintosh, P. Zhang, K. Forrest, M. Hayden, M. Patpour, M. S. Hovmøller, L. T. Hickey, M. Ayliffe, X. Cai, E. Lagudah, S. Periyannan, S. S. Xu // *Theor. Appl. Genet.* – 2022. – V. 135, № 8. – P. 2627–2639. doi: 10.1007/s00122-022-04132-w.
18. Babayants O.V. Race composition of *Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* in the South of Ukraine and effectiveness of *Pm*-genes in 2004–2013 / O. V. Babayants, L. T. Babayants, V. A. Traskovetskaya, A. F. Gorash, N. I. Saulyak, A. V. Galaev // *Cer. Res. Comm.* – 2015. – V. 43, № 3. – P. 449–458. doi: 10.1556/0806.43.2015.011.
19. Badaeva E.D. Genetic diversity, distribution and domestication history of the neglected GGA'A' gene pool of wheat / E.D. Badaeva, F.A. Kononov, H. Knüpfner, A. Fricano, A. S. Ruban, Z. Kehel, S.A. Zoshchuk, S.A. Surzhikov, K. Neumann, A. Graner, K. Hammer, A. Filatenko, A. Bogaard, G. Jones, H. Özkan, B. Kilian // *Theor. Appl. Genet.* – 2021. – V. 135, № 3. – P. 755–776. doi: 10.1007/s00122-021-03912-0.
20. Brown-Guedira G.L. Chromosome substitutions of *Triticum imopheevii* in common wheat and some observations on the evolution of polyploid wheat species / G.L. Brown-Guedira, E.D. Badaeva, B.S. Gill, T. S. Cox // *Theor. Appl. Genet.* – 1996. – V. 93, № 8. – P. 1291–1298. doi: 10.1007/BF00223462.
21. Highest-wheat-yield. [Електронний ресурс] – Режим доступу: (<https://www.guinnessworldrecords.com/world-records/highest-wheat-yield>).
22. Langridge P. Breeding for drought and heat tolerance in wheat / P. Langridge, M. Reynolds // *Theor. Appl. Genet.* – 2021. – V. 134, № 6. – P. 1753–1769. doi: 10.1007/s00122-021-03795-1.
23. Liu Ch. Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization / Ch. Liu, R. Han, X. Wang, W.P. Gong, D.G. Cheng, X.Y. Cao, A.F. Liu, H. Sh. Li, J.J. Liu // *Scientia Agricultura Sinica*. – 2020. – V. 53, № 7. – P. 1287–1308. doi: 10.3864/j.issn.0578-1752.2020.07.001.
24. Lukaszewski A. Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoelogous recombination / A. Lukaszewski // *Crop Sci.* – 2000. – V. 40, № 1. – P. 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
25. Mago R. High-resolution mapping and mutation analysis separate the rust resistance genes *Sr31*, *Lr26* and *Yr9* on the short arm of rye chromosome 1 / R. Mago, H. Miah, G.J. Lawrence, C. R. Wellings, W. Spielmeier, H. S. Bariana, R. A. McIntosh, A. J. Pryor, J. G. Ellis // *Theor. Appl. Genet.* – 2005. – V. 112, № 1. – P. 41–50. doi: 10.1007/s00122-005-0098-9.
26. Mahdavi S. Grain and flour quality of wheat genotypes grown under heat stress / S. Mahdavi, A. Arzani, S. A. M. M. Maibody, M. Kadivar // *Saudi Journal of Biological Sciences*. – 2022. – № 8. – P. 103–117. doi: 10.1016/j.sjbs.2022.103417.
27. Miedaner T. Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe / T. Miedaner, P. Juroszek // *Theor. Appl. Genet.* – 2021. – V. 134, № 6. – P. 1771–1785. doi: 10.1007/s00122-021-03807-0.
28. Morgounov A. High-yielding winter synthetic hexaploid wheats resistant to multiple diseases and pests / A. Morgounov, A. Abugalieva, K. Akan, B. Akin, S. Baenziger, M. Bhatta, Y. Zelenskiy // *Pl. Genet. Res.* – 2018. – Vol. 16(3). – P. 273–278. doi: 10.1017/S147926211700017X.
29. Motsnyi I.I. Selection evaluation of introgressive lines of soft winter wheat with signs of resistance to phytopathogens / I. I. Motsnyi, O. O. Molodchenkova, A. P. Smertenko, L. T. Mishchenko, A. I. Kryvenko, R. V. Solomonov // *Plant Archives*. – 2021. – V. 21, № 1. – P. 486–498. doi: 10.51470/PLANTARCHIVES.2021.v21.S1.076.
30. Ogbonnaya F.C. Synthetic hexaploids: harnessing species of the primary gene pool for wheat improvement / F. C. Ogbonnaya, O. Abdalla, A. Mujeeb-Kazi, A. G. Kazi, S. S. Xu, N. Gosman, E. S. Lagudah, D. Bonnett,



- M. E. Sorrells, H. Tsujimoto // Plant Breeding Reviews. – 2013. – V. 37. – P. 35–122. doi: 10.1002/9781118497869.CH2.
31. Qiao L. Genetic incorporation of genes for the optimal plant architecture in common wheat / L. Qiao, X. Zhang, X. Li, Z. Yang, R. Li, J. Jia, L. Yan, Z. Chang // Mol. Breeding. – 2022. – V. 42, № 10, 66. – P. 1–13. doi: 10.1007/s11032-022-01336-2.
  32. Shamanin V. P. Stem rust in Western Siberia – race composition and effective resistance genes / V. P. Shamanin, I. V. Pototskaya, S. S. Shepelev, V. E. Pozherukova, E. A. Salina, E. S. Skolotneva, D. Hodson, M. Hovmöller, M. Patpour, A. I. Morgounov // Vavilov Journal of Genetics and Breeding. – 2020. – V. 24, № 2. – P. 131–138. doi: 10.18699/VJ20.608.
  33. Sharma S. Introducing beneficial alleles from plant genetic resources into the wheat germplasm / S. Sharma, A. W. Schulthess, F. M. Bassi, E. D. Badaeva, K. Neumann, A. Graner, H. Özkan, P. Werner, H. Knüpfner, B. Kilian // Biology. – 2021. – V. 10, № 982. – P. 1–38. doi: 10.3390/biology10100982.
  34. Sidorenko M. V. The effect of drought on wheat plants at different growth stages / M. V. Sidorenko, S. V. Chebotar // Вісник ОНУ. Біологія. – 2020. – Т. 25, Вип. 1 (46). – С. 67–87. doi: 10.18524/2077-1746.2020.1(46).205848.
  35. Wellings C. R. Global status of stripe rust: a review of historical and current threats / C. R. Wellings // Euphytica. – 2011. – V. 179, № 1. – P. 129–141. doi: 10.1007/s10681-011-0360-y.
  36. Zhang W. Cytogenetic and genomic characterization of a novel tall wheatgrass-derived Fhb7 allele integrated into wheat B genome / W. Zhang, T. Danilova, M. Zhang, Sh. Ren, X. Zhu, Q. Zhang, Sh. Zhong, L. Dykes, J. Fiedler, S. Xu, K. Frels, S. Wegulo, J. Boehm, X. Cai // Theor. Appl. Genet. – 2022. doi: 10.21203/rs.3.rs-1965281/v1.

**І. І. Моцний, Т. П. Нарган, М. Ю. Наконечний, С. П. Лифенко,  
О. О. Молодченкова, З. В. Щербина**

Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортовивчення НААН України, Овідіопольська дорога, 3, Одеса, 65036, Україна, e-mail: motsnyuii@gmail.com,

## **ВПЛИВ ЧУЖИННИХ ГЕНІВ СТІЙКОСТІ ДО ПОШИРЕНИХ ХВОРОБ НА АГРОНОМІЧНІ ОЗНАКИ ПШЕНИЦІ М'ЯКОЇ ОЗИМОЇ У ПОСУШЛИВИХ УМОВАХ ПІВДНЯ УКРАЇНИ**

### **Резюме**

**Проблема.** Поєднання грибкових захворювань і посухи може спричинити значні втрати врожаю озимої пшениці (*Triticum aestivum* L.). Відомо, що чужинні ознаки, введені шляхом віддаленої гібридизації в геном пшениці, сприяють створенню сортів з вищим потенціалом продуктивності в посушливих умовах.

**Мета.** Проаналізовано вплив чужинних генів стійкості до поширених хвороб та морфологічних ознак на основні агрономічні ознаки в посушливих умовах Південного Степу України.

**Методика.** Лінії вирощували в контрольному розсаднику на ділянках площею 5 і 10 м<sup>2</sup> по чорному пару послідовно у вегетаційні періоди 2019–2021 р. в посушливих умовах без поливу. Рослинний матеріал включав 153 експериментальні лінії пшениці різного походження та шість сортів-стандартів для аридного кліматичного поясу України. Вісім агрономічних (кількісні оцінки) і шість фітопатологічних (бальні оцінки) ознак були оцінені та піддані статистичному аналізу для розуміння різноманітності та зв'язків між ознаками.

**Основні результати.** Завдяки успішній інтрогресії чужинних генів з усіх джерел, залучених до гібридизації, більшість ліній були стійкими до одного

з видів іржі. Лінії, отримані від зразка, що містить транслокацію 1BL.1RS у каріотипі та *Triticum timopheevii* Zhuk. у родоводі, були стійкі до всіх видів іржі. Лінії, що містять чужинні гени *Lr42* і *Hs*, показали вищу врожайність, ніж рекурентний сорт та стандарти. Між вмістом протеїну та врожайністю зерна у 2020 р. спостерігався негативний кореляційний зв'язок ( $r = -0,40^{***}$ ). Між врожайністю та стійкістю до жовтої іржі ( $R_{sp} = 0,19^*$  у 2019 р. та  $R_{sp} = 0,26^{***}$  у 2020 р.) або септоріозу ( $R_{sp} = 0,14$  у 2019 р. та  $R_{sp} = 0,27^{***}$  у 2020 р.) виявлено слабкий позитивний зв'язок. В умовах посухи в 2020 році врожайність знизилася на 32,5% і на 70% у 2021 році. Індекс посухостійкості прямо корелював з врожайністю в посушливих умовах 2020 р. ( $r = 0,69^{***}$ ), а також був обернено пропорційним до значень урожайності ( $r = -0,26^{**}$ ), одержаних в сприятливих умовах.

**Висновки.** Досліджені експериментальні лінії мають потенціал для використання в програмах поліпшення пшениці щодо стійкості до хвороб на півдні України. Для подальшої роботи відібрано 18 селекційних ліній з високою масою 1000 зернин, вмістом білка та врожайністю, стійкістю до посухи та хвороб, виділено чотири перспективні посухостійкі лінії.

**Ключові слова:** пшениця; експериментальні лінії; стійкість до хвороб; індекс посухостійкості; агрономічні ознаки; продуктивність

**I. I. Motsnyi, T. P. Nargan, M. Yu. Nakonechnyi, S. Ph. Lyfenko,  
O. O. Molodchenkova, Z. V. Shcherbyna**

Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation,  
3, Ovidiopolska doroga, Odesa, 65036, Ukraine

#### THE INFLUENCE OF ALIEN GENES OF RESISTANCE TO COMMON DISEASES ON AGRONOMIC CHARACTERS OF BREADWINTER WHEAT IN THE DRY CONDITIONS OF SOUTHERN UKRAINE

##### Abstract

**Introduction.** A combination of fungal diseases and drought can cause significant yield losses of winter wheat (*Triticum aestivum* L.). It is known that alien traits introduced through wide hybridisation into wheat genome contribute to breeding of cultivars with a higher yield potential in arid environments.

**Aim.** The impact of alien genes for resistance to widespread diseases and morphological characters on the main agronomic traits in the arid environments of the Southern Steppe of Ukraine was analysed.

**Methods.** The lines were grown in a control nursery designed in 5 and 10 m<sup>2</sup> plots on the black earth area in the 2019–2021 vegetative periods consecutively under the arid system without irrigation. The plant material included 153 experimental wheat lines of different origin with six check cultivars for the arid climate zone of Ukraine. The data on eight agronomic (quantitative scores) and six plant pathological (point

scores) traits were collected and subjected to statistical analysis to comprehend the contribution of the diversity and connections between the characters.

**Results.** Due to the successful introgression of alien genes from all sources involved in hybridisation, the majority of lines were resistant to one of the rust species. The lines derived from the sample containing the translocation 1BL.1RS in the karyotype and *Triticum timopheevii* Zhuk. in the pedigree were resistant to all rust species. The lines containing the alien genes *Lr42* and *Hs* showed a higher yield than the recurrent cultivar and standard ones. There was a negative correlation between the protein content and grain yield in 2020 ( $r = -0.40^{***}$ ). A weak positive correlation was found between the yield and resistance to yellow rust ( $R_{sp} = 0.19^*$  in 2019 and  $R_{sp} = 0.26^{***}$  in 2020) or tolerance to Septoria leaf blotch ( $R_{sp} = 0.14$  in 2019 and  $R_{sp} = 0.27^{***}$  in 2020). Under drought conditions, the yield reduced by 32.5% in 2020 and by 70% in 2021. The drought resistance index directly correlated with the yield in the dry conditions of 2020 ( $r = 0.69^{***}$ ), and also was inversely proportional to the yield values ( $r = -0.26^{**}$ ) obtained in favorable conditions.

**Conclusions.** The studied experimental lines have a potential for use in the wheat improvement programs for resistance to the diseases in Southern Ukraine. For further breeding, eighteen lines with a high weight of 1000 kernels, protein content, and yield, and resistance to drought or disease were identified, and four promising drought-tolerant lines have been selected.

**Key words:** wheat; experimental lines; disease resistance; drought resistance index; agronomic characters; productivity

## References

1. Babayants O. V., Babayants L. T. (2014) *Bases of breeding and methodology of assessments of wheat resistance to pathogens* [Osnovy selektsii i metodologiya otsenok ustoychivosti pshenitsy k vzbuditelnyam bolezney], Odessa, BMB, 401 p.
2. Daskalova, N., Spetsov, P. (2020) «Production of synthetic amphiploids in the group Aegilops-Triticum-Secale-Dasypyrum and their application in the home wheat breeding» [«Poluchavane na sintetichni amfiploidi v grupata Aegilops-Triticum-Secale-Dasypyrum i prilozhenieto im v selektsiyata na pshenitsite u nas»], *Varna, Izdatelska kashita STENO*, 151 p. <https://www.stenobooks.com>.
3. Kirichenko F. G., Litvinenko N. A., Adamovskaya V. G. (1979) «Study and selection of high protein samples of bread winter wheat from a collection of All-Soviet Union Crop Research Institute such as starting material for breeding» [«Izucheniye i otbor vysokobelkovykh obraztsov ozimoy myagkoy pshenitsy iz kolleksii VIR kak iskhodnogo materiala dlya selektsii»], *Proc. of All-Soviet Union Agr. Sc.*, 11, pp 6–9.
4. Lakin, G.F. (1973) «*Biometrics. Textbook for universities and pedagogical institutes*» [Biometriya. Uchebnoye posobiye dlya universitetov i pedagogicheskikh institutov], Moscow, Higher School, 1973, 343 p.
5. Lytvynenko M. A. (2016) «100-year history of the development of bread winter wheat breeding programs» [«100 rokov rozvytku selektsiynykh prohram pshenitsi m'yakoyi ozymoyi»], *Plant Varieties Studying and Protection*, 31 (2), pp 75–82. [https://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr\\_2016\\_2\\_14](https://nbuv.gov.ua/UJRN/stopnsr_2016_2_14)
6. Lytvynenko M. A. (2016) «Creation of winter bread wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) adapted to climatic changes in the South Ukraine» [«Stvorenniya sortiv pshenitsi m'yakoyi ozymoyi (*Triticum aestivum* L.), adaptovanykh do zmin klimatu na Pivdni Ukrainy»], *Collection of Sci. Articles of PBGI-NCSCI*, Odesa, 67(27), pp 36–53.
7. Lyfenko S. Ph., Nargan T.P., Nakonechny N. Ju. (2014) «Problematic but prospective direction of breeding: introgressions into genome of winter bread wheat different donors» [«Introhesiyyi v genom pshenitsi m'yakoyi vid riznykh donoriv – problemnyi, ale perspektyvnyi napryam selektsiyi»], *Breeding and seed production*, 105, pp 39–50. doi: 10.30835/2413–7510. 2014.42043.
8. Morgun V. V., Gavrilyuk M. M., Oksem V. P., Morgun B. V., Pochynok V. M. (2014) «Introduction of new, stress resistant, high-yielding winter wheat varieties based on chromosome engineering and marker-assisted breeding» [Vprovadzheniya u vyrobnytstva novykh, stiykykh do stresovykh faktoriv, vysokoproduktyvnykh sortiv

- ozymoyi pshenytsi, stvorenykh na osnovi vykorystannya khromosomnoyi inzheneriyi ta marker-dopomizhnoyi selektsiyi», Science and innovation, 10 (5), pp 40–48. <https://dx.doi.org/10.15407/scin10.05.040>
9. Morgun B. V. (2016) «State and perspectives of wheat-rye translocations use in winter wheat breeding» [Stan ta perspektyvy vykorystannya pshenychno-zhytnikh translokatsiy u selektsiyi ozymoyi m'yakoyi pshenytsi], *Plant Physiology and Genetics*, 48(4), pp 324–343. <https://www.researchgate.net/publication/331608635>
  10. Motsny I.I., Molodchenkova O.O., Smertenko A.P., Lytvynenko M.A., Golub E.A., Mishchenko L.T. (2020) «Creation of introgressive lines of soft winter wheat with signs of resistance to phytopathogens» [«Stvorennya introhresyvnnykh liniy m'yakoyi ozymoyi pshenytsi z oznakamy stiykosti do fitopatoheniv»], *Odesa National University Herald. Biology*, 25, 2(47). pp 59–82. doi: 10.18524/2077–1746.2020.2(47).218058.
  11. Motsnyi I.I., Nargan T.P., Nakonechnyi M. Yu., Lyfenko S.P., Molodchenkova O.O., Mishchenko L.T. (2021) «The variety of derivatives of remote hybridization of winter wheat by resistance to diseases and other alien traits» [«Riznomanittya pokhidnykh viddalenoji hibrydyzatsiyi ozymoyi pshenytsi za stiykystu do khvorob ta inshymy chuzhynnymy oznakamy»], *Odesa National University Herald. Biology*, 26, 2(49). pp 51–72. [https://doi.org/10.18524/2077–1746.2021.2\(49\).246884](https://doi.org/10.18524/2077–1746.2021.2(49).246884).
  12. Rybalka A.I., Chervonis M.V., Toporash I.G., Surzhenko I.O., Bodelan O.P., Shcherbyna Z.V. (2006) «Scientific rationale of new methods development of wheat flour bread-making quality estimation» [«Naukove obgruntuvannya rozrobky novykh metodiv otsinky khlibopekars'kykh yakostey pshenychnoho boroshna»], *Grain storage and processing*, 1 (79), pp 43–48.
  13. Rokitskyi P.F. (1973) «*Biological Statistics*» [«Biologicheskaya statistika»], Minsk: High school, 320 p.
  14. Sauliak, N.I., Ternovyi, K.P., Babayants, O.V., Vasyli'iev, O.A., and Galaev, O.V. (2017) «The efficiency of wheat (*Triticum aestivum* L.) genes resistance to *Puccinia graminis* Pers. f. sp. *tritici* Erikss et Henn under Ukraine environments» [«Efektyvnist' heniv stiykosti pshenytsi (*Triticum aestivum* L.) do *Puccinia graminis* Pers. f. zr. *tritici* Erikss et Henn v umovakh Ukrayiny»], *Coll. PBGI–NCSCI*, Odessa, 2017, 70(30), pp 61–69.
  15. Chebotar G. O., Oliinyk O. Ye., Lavrynenko Yu. O., Chebotar S.V. (2020) «Approbation of TaSnRK2.8-A gene marker analysis on Ukrainian bread winter wheat varieties» [«Aprobatsiya markernoho analizu hena TaSnRK2.8-A na ukrayins'kykh sortakh pshenytsi m'yakoyi ozymoyi»], *Odesa National University Herald. Biology*, 25(2), pp 83–94. doi: 10.18524/2077–1746.2020.2(47).218456.
  16. Ashraf R., Johansson E., Vallenback P., Steffenson B.J., Bajgain P., Rahmatov M. (2022) «Identification of a small translocation from 6R possessing stripe rust resistance to wheat» *Plant Disease*. doi: 10.1094/PDIS-07–22–1666-RE.
  17. Athiyannan N., Long Yu., Kang H., Chandramohan S., Bhatt D., Zhang Q., Klindworth D., Rouse M., Friesen T., Mcintosh R., Zhang P., Forrest K., Hayden M., Patpour M., Hovmøller M. S., Hickey L. T., Ayliffe M., Cai X., Lagudah E., Periyannan S., Xu S.S. (2022) «Haplotype variants of *Sr46* in *Aegilops tauschii*, the diploid D genome progenitor of wheat». *Theor. Appl. Genet.*, 135, 8. pp 2627–2639. doi: 10.1007/s00122–022–04132-w.
  18. Babayants O. V., Babayants L. T., Traskovetskaya V.A., Gorash A.F., Saulyak N.I., Galaev A.V. (2015) «Race composition of *Blumeria graminis* (DC) Speer f. sp. *tritici* in the South of Ukraine and effectiveness of *Pm*-genes in 2004–2013», *Cer. Res. Comm.*, 43(3), pp 449–458. doi: 10.1556/0806.43.2015.011.
  19. Badaeva E.D., Konovalov F.A., Knüpfner H., Fricano A., Ruban A. S., Kehel Z., Zoshchuk S.A., Surzhikov S.A., Neumann K., Graner A., Hammer K., Filatenko A., Bogaard A., Jones G., Özkan H., Kilian B. (2021) «Genetic diversity, distribution and domestication history of the neglected GGAtAt genepool of wheat», *Theoretical and Applied Genetics*, 135(3), pp 755–776. <https://doi.org/10.1007/s00122–021–03912–0>
  20. Brown-Guedira G.L., Badaeva E.D., Gill B.S., Cox T.S. (1996) «Chromosome substitutions of *Triticum imopheevii* in common wheat and some observations on the evolution of polyploid wheat species», *Theor. Appl. Genet.*, 93(8), pp 1291–1298. doi: 10.1007/BF00223462.
  21. Highest-wheat-yield. [Electronic resource] – Mode of access: (<https://www.guinnessworldrecords.com/world-records/highest-wheat-yield>).
  22. Langridge P., Reynolds M. (2021) «Breeding for drought and heat tolerance in wheat», *Theor. Appl. Genet.*, 134(6), pp 1753–1769. <https://doi.org/10.1007/s00122–021–03795–1>
  23. Liu Ch., Han R., Wang X., Gong W.P., Cheng D.G., Cao X.Y., Liu A.F., Li H. Sh., Liu J.J. (2020) «Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization», *Scientia Agricultura Sinica*, 53(7), pp 1287–1308. doi: 10.3864/j.issn.0578–1752.2020.07.001.
  24. Lukaszewski A. (2000) «Manipulation of the 1BL.1RS translocation in wheat by induced homoelogs recombination», *Crop Sci.*, 40(1), pp 216–225. doi: 10.2135/cropsci2000.401216x.
  25. Mago R., Miah H., Lawrence G.J., Wellings C.R., Spielmeier W., Bariana H.S., McIntosh R. A., Pryor A.J., Ellis J.G. (2005) «High-resolution mapping and mutation analysis separate the rust resistance genes *Sr31*, *Lr26* and *Yr9* on the short arm of rye chromosome 1», *Theor. Appl. Genet.*, 112, 1, pp 41–50. doi: 10.1007/s00122–005–0098–9.

26. Mahdavi S.; Arzani A.; Maibody S.A.M.M.; Kadivar M. (2022) «Grain and flour quality of wheat genotypes grown under heat stress», *Saudi Journal of Biological Sciences*, 22, 8, pp 103–117. doi 10.1016/j.sjbs.2022.103417.
27. Miedaner T., Juroszek P. (2021) «Climate change will influence disease resistance breeding in wheat in Northwestern Europe». *Theor. Appl. Genet.*, 134(6), pp 1771–1785. <https://doi.org/10.1007/s00122-021-03807-0>
28. Morgounov A., Abugalieva A., Akan K., Akın B., Baenziger S., Bhatta M., Zelenskiy Y. (2018) «High-yielding winter synthetic hexaploid wheats resistant to multiple diseases and pests», *Pl. Genet. Res.*, 16(3), pp 273–278. doi: 10.1017/S147926211700017X.
29. Motsnyi I. I., Molodchenkova O. O., Smertenko A. P., Mishchenko L. T., Kryvenko A. I., Solomonov R. V. (2021) «Selection evaluation of introgressive lines of soft winter wheat with signs of resistance to phytopathogens», *Plant Archives*, 21(1), pp 486–498. doi: 10.51470/PLANTARCHIVES.2021.v21.S1.076.
30. Ogbonnaya F. C., Abdalla O., Mujeeb-Kazi A., Kazi A. G., Xu S. S., Gosman N., Lagudah E. S., Bonnett D., Sorrells M. E., Tsujimoto H. (2013) «Synthetic hexaploids: harnessing species of the primary gene pool for wheat improvement», *Plant Breeding Reviews*, 37, pp 35–122. doi: 10.1002/9781118497869.CH2
31. Qiao L., Zhang X., Li X., Yang Z., Li R., Jia J., Yan L., Chang Z. (2022) «Genetic incorporation of genes for the optimal plant architecture in common wheat», *Mol. Breeding*, 42, 10, 66. pp 1–13. doi: 10.1007/s11032-022-01336-2.
32. Shamanin V. P., Pototskaya I. V., Shepelev S. S., Pozherukova V. E., Salina E. A., Skolotneva E. S., Hodson D., Hovmöller M., Patpour M., Morgounov A. I. (2020) «Stem rust in Western Siberia – race composition and effective resistance genes», *Vavilov Journal of Genetics and Breeding*, 24 (2), pp 131–138. <http://dx.doi.org/10.18699/VJ20.608>
33. Sharma S., Schulthess A. W., Bassi F. M., Badaeva E. D., Neumann K., Graner A., Özkan H., Werner P., Knüpffer H., Kilian B. (2021) «Introducing beneficial alleles from plant genetic resources into the wheat germplasm», *Biology*, 10 (982), pp 1–38. <https://doi.org/10.3390/biology10100982>
34. Sidorenko M. V., Chebotar S. V. (2020) «The effect of drought on wheat plants at different growth stages», *Odesa National University Herald. Biology*, 25(1), pp 67–87. doi: 10.18524/2077-1746.2020.1(46).205848.
35. Wellings C. R. (2011) «Global status of stripe rust: a review of historical and current threats», *Euphytica*, 179(1), pp 129–141. doi: 10.1007/s10681-011-0360-y.
36. Zhang W., Danilova T., Zhang M., Ren Sh., Zhu X., Zhang Q., Zhong Sh., Dykes L., Fiedler J., Xu S., Frels K., Wegulo S., Boehm J., Cai X. (2022) «Cytogenetic and genomic characterization of a novel tall wheatgrass-derived *Fhb7* allele integrated into wheat B genome», *Theor. Appl. Genet.* doi: 10.21203/rs.3.rs-1965281/v1.

[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268553](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268553)

УДК 575.17:575.113.1:594.124

**І. Ю. Чубик**<sup>1</sup>, аспірантка

**С. В. Чеботар**<sup>1,2</sup>, д. б. н., професор

<sup>1</sup>Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, біологічний факультет, кафедра молекулярної біології, біохімії та генетики, Одеса, вул. Дворянська, 2, 65082, Україна, e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

<sup>2</sup>Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннезнавства та сортівивчення, Одеса, Овідіопольська дор., 3, 65036, Україна

## БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНІВ АДГЕЗИВНОГО БІЛКА СТОПИ МІДІЙ РОДУ *MYTILUS*

Проведено біоінформатичний аналіз нуклеотидних послідовностей «варіабельної області» генів адгезивного білка стопи мідій. Показано наявність в цій області мутацій, які дозволяють розрізнити між собою чотири види мідій: *M. galloprovincialis*, *M. chilensis*, *M. edulis*, *M. trossulus*. Використовуючи методи біоінформатики, проведено аналіз первинної та вторинної структури адгезивного білка мідії виду *M. galloprovincialis*, характерного для Чорноморського регіону, та побудовано модель тривимірної структури для зазначеного білка.

**Ключові слова:** *Mytilus*; ген *Fp1*; адгезивний білок мідій; молекулярний маркер *Me 15–16*; біоінформатичний аналіз

Різноманітні водні безхребетні тварини для прикріплення під водою виділяють клейкі субстанції, що містять адгезивні білки. На даний час, найбільш вивчений механізм молекулярної адгезії білків стопи мідій – двостулкових молюсків роду *Mytilus* [1].

Підводна адгезія є важливою адаптацією для сидячих морських організмів, яка біохімічно формувалася протягом мільйонів років. Двостулкові молюски, такі, як мідія, здатні виробляти клейкоподібний матеріал, відомий як бісус, утворений білками стопи мідії (Mussel foot proteins, Mfps). Бісус складається, в основному, з чотирьох частин, а саме: бляшки, нитки, стебла та кореня. Окремі нитки проксимально зливаються разом, утворюючи стебло та основу стебла (кореня), глибоко закріпленого в основі ноги молюска. Кожна бісусна нитка закінчується дистально сплющеним нальотом, який опосередковує адгезію до субстрату [4, 6, 8, 9]. Кожна частина комплексу бісусних ниток утворюється в результаті самоскладання секреторних продуктів, що походять з чотирьох окремих залоз, укладених у ніжку мідії [9, 16].

Адгезивні білки стопи мідій (Mfps) мають здатність зв'язувати різноманітний субстрат за допомогою адгезивних бляшок. Основним компонентом в Mfps є 3,4-дигідроксифенілаланін (ДОФА), який утворюється в результаті

посттрансляційного гідроксилювання тирозину. Під час цієї посттрансляційної модифікації, поліфенолоксидази каталізують о-гідроксилювання монофенолів (тироzinу) до о-дифенолів (ДОФА). Кількість ДОФА впливає на адгезивну здатність Mfps [6, 16, 23, 25].

Відомо [2], що адгезивний наліт містить щонайменше шість окремих білків: Mefp-1, Mefp-2, Mefp-3, Mefp-4, Mefp-5, Mefp-6. Перші п'ять були виділені з *Mytilus edulis* та характерні і для інших представників мідій: *Mytilus californicus*, *Mytilus galloprovincialis* та *Mytilus coruscus*. В той же час Mefp-6 виділений тільки з *Mytilus californicus* [2, 25].

За даними Anand et al. [1] в базі даних NCBI [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>] для роду *Mytilus* доступно 65 послідовностей Mfps. Серед них 34 Mfps у *Mytilus californianus* Conrad, 1837; 26 у *Mytilus unguiculatus* Valenciennes, 1858 (синонім *Mytilus coruscus* Gould, 1861); три у *Mytilus galloprovincialis* Lamarck, 1819; два у *Mytilus edulis* Linnaeus, 1758. Наукові назви видів мідій були підтверджені у Світовому реєстрі морських видів (WoRMS) [<http://www.marinespecies.org/index.php>].

Починаючи із середини 1990-х років в дослідження біорізноманіття мідій активно залучали молекулярно-генетичні методи, які базувались на широкому спектрі маркерних систем, розроблених до гена поліфенольного адгезивного білка стопи мідій. Inoue et al. [10] розробили набір праймерів (*Me 15 / Me 16*) для генетичної ідентифікації трьох видів мідій (*M. edulis*, *M. trossulus* і *M. galloprovincialis*), а Santaclara et al. [19] з використанням молекулярного маркера *Me 15–16* та рестрикційного ферменту *Aci I* змогли відрізнити *M. chilensis* від *M. galloprovincialis* Північної півкулі. Rawson et al. [18] розробили молекулярні маркери для *Glu* гена: *Glu-5'*, який дозволяє ідентифікувати три види мідій Північної півкулі: *M. edulis*, *M. galloprovincialis* і *M. trossulus*, та *Glu-3'*, який відрізняє *M. edulis* від *M. galloprovincialis*. Fernández-Tajes et al. [5] використовували праймери *Myti-F/R* та подальше розщеплення рестрикційними ферментами (*Aci I* та *Acl I*) для диференціації комерційних видів *Mytilus*, тоді як Jilberto et al. [11] використовували пару праймерів PARM F/R з подальшим аналізом плавлення з високою роздільною здатністю (High resolution melting analysis) для диференціації *M. chilensis*, *M. edulis* та *M. galloprovincialis* та їх гібридів. Відзначається [13], що розроблені молекулярні маркери: *Me 15–16*, *Glu-5'*, *Myti* та PARM – націлені на одну й ту саму область в гені адгезивного білка стопи мідій.

В попередніх дослідженнях нами було використано молекулярний маркер *Me 15–16* (до неповторювальної області гена *Fp1* адгезивного білка мідій) для встановлення видової приналежності представників угруповань мідій Чорного моря [3].

Метою даної роботи є порівняння нуклеотидних послідовностей, які фланкуються праймерами *Me 15 / Me 16*, середземноморської мідії *M. galloprovincialis* з іншими видами мідій за допомогою методів біоінформатики, а також аналіз гена *Fp1* та структури адгезивного білка стопи Mefp-1 мідії виду *M. galloprovincialis*, що доволі поширена в Чорному морі.

### Матеріали і методи дослідження

Пошук нуклеотидних послідовностей генів адгезивного білка стопи мідій, представлених в базі даних GenBank (NCBI [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>]), проведено за алгоритмом BLAST. Як пошуковий запит використовували послідовність *M. trossulus* (D50553), яка була вказана розробниками праймерів *Me 15 / Me 16* [10]. Обрані послідовності наведені в табл. 1.

Мультиплексне вирівнювання взятих в роботу послідовностей проводили за допомогою алгоритму MAFFT [15]. Філогенетичне дерево було побудоване у програмному забезпеченні MEGA [12] із застосуванням методу UPGMA [20].

Для пошуку повної амінокислотної послідовності адгезивного білка стопи мідії середземноморської *M. galloprovincialis*, який кодується геном *Fp1*, використовували сервер UniProt [<https://www.uniprot.org>]. Фізико-хімічні параметри адгезивного білка для знайденої послідовності розраховували за допомогою програмного інструменту ProtParam (ExPASy [<https://web.expasy.org/protparam/>]).

На онлайн-платформі I-TASSER [22, 24] із обраної на сервері UniProt амінокислотної послідовності (Q27409) була побудована модель тривимірної структури гена адгезивного білка стопи мідії. Сервер I-TASSER дозволяє виявити білки-шаблони зі схожими складками (або супервторинними структурами) з бібліотеки PDB за допомогою LOMETS, локально встановленого методу метапотоків. Повнорозмірні моделі структури білка будуються шляхом повторної збірки структурних фрагментів із шаблонів з використанням обміну репліками за допомогою моделювання Монте-Карло. Побудовану тривимірну модель структури досліджуваного білка за допомогою серверу I-TASSER було порівняно з моделлю спрогнозованою програмою AlphaFold [<https://alphafold.ebi.ac.uk/entry/Q27409>].

### Результати дослідження та їх обговорення

Для проведення ідентифікації чотирьох видів мідій в роді *Mytilus* використовують молекулярний маркер *Me 15–16* та рестракційний фермент *Aci I* [19], які націлені на ген поліфенольного адгезивного білка, продукуючи продукти ПЛР довжиною 180 п.н. для *M. edulis*, 168 п.н. для *M. trossulus* та 126 п.н. для *M. chilensis* і *M. galloprovincialis*. Для того, щоб розрізнити *M. chilensis* і *M. galloprovincialis* за даним маркером, додатково використовують рестракційний фермент *Aci I*, який розрізає амплікони довжиною 126 п.н. на фрагменти 69 п.н. та 57 п.н. у *M. galloprovincialis*, залишаючи амплікон *M. chilensis* нерозрізаним через наявність точкової мутації в нуклеотидній послідовності, яка видаляє сайт *Aci I* [19]. У роботі Larraín et al. [14] було показано, що фермент *Aci I* розрізає амплікон 126 п.н. виду *M. galloprovincialis* на фрагменти 75 п.н. та 51 п.н., передбачалось, що досліджувані особини мідій можуть бути гібридами *M. chilensis* × *M. galloprovincialis*. Також, було описано фрагменти



Таблиця 1

## Характеристика нуклеотидних послідовностей взятих в роботу

№ п/п	Організм	Ідентифікатор у базі даних NCBI (ID)	Назва послідовності	Ділянка гена	Довжина, п. н.
1.	<i>M. galloprovincialis</i>	HQ257469	13 ген поліфенольного адгезивного білка стопи	Часткова	126
2.	<i>Mytilus</i> sp. JHX-2002	AF489933	мРНК попередника білка адгезивного нальоту	Повна	726
3.	<i>M. galloprovincialis</i>	D63778	мРНК білка адгезивного нальоту	Повна	2502
4.	<i>M. galloprovincialis</i>	KY549937	Ген адгезивного білка <i>Mytilus</i> SPT16	Часткова	159
5.	<i>M. galloprovincialis</i>	HQ257459	29 ген поліфенольного адгезивного білка стопи	Часткова	126
6.	<i>M. galloprovincialis</i>	KY549938	Ген адгезивного білка <i>Mytilus</i> SPT6	Часткова	159
7.	<i>M. galloprovincialis</i>	HQ257470	11 ген поліфенольного адгезивного білка стопи	Часткова	126
8.	<i>M. galloprovincialis</i>	HQ257468	6 ген поліфенольного адгезивного білка стопи	Часткова	126
9.	<i>M. galloprovincialis</i>	DQ640590	Ген поліфенольного адгезивного білка MgI1	Часткова	102
10.	<i>M. chilensis</i>	DQ640601	Ген поліфенольного адгезивного білка McI1	Часткова	102
11.	<i>M. edulis</i>	KY549934	Ген адгезивного білка <i>Mytilus</i> H23	Часткова	213
12.	<i>M. edulis</i>	AY845258	мРНК клону 21 гену білка стопи 1 (fp-1).	Повна	1698
13.	<i>M. edulis</i>	KY549936	Ген адгезивного білка <i>Mytilus</i> H12	Часткова	213
14.	<i>M. edulis</i>	X54422	Ген поліфенольного адгезивного білка	Повна	4636
15.	<i>M. edulis</i>	DQ640586	Ген поліфенольного адгезивного білка MeII2	Часткова	134
16.	<i>M. edulis</i>	DQ640587	Ген поліфенольного адгезивного білка MeIII4	Часткова	134
17.	<i>M. trossulus</i>	KY549940	Ген адгезивного білка <i>Mytilus</i> SC8	Часткова	201
18.	<i>M. californianus</i>	AY960602	Ген білка стопи 1 варіант 2 мРНК	Повна	2019
19.	<i>M. californianus</i>	AY960601	Ген білка стопи 1 варіант 1 мРНК	Повна	2199
20.	<i>M. coruscus</i>	D63777	мРНК білка матриці адгезивної бляшки	Повна	2816
21.	<i>M. trossulus</i>	D50553	Ген адгезивного білка	Часткова	122

розміром 77 п. н. та 49 п. н. [21], у північного виду *M. galloprovincialis*. Різниця, що спостерігається в розмірах розрізаних фрагментів, ймовірно, пов'язана з різними методами, які використовувалися для оцінки розміру (секвенування в порівнянні з електрофорезом у 8% поліакриламідному гелі).

Для кращого розуміння, яким чином використання праймерів *Me 15–16* дозволяє розрізнити видову приналежність мідій, ми провели порівняльний аналіз повних і часткових нуклеотидних послідовностей, «варіабельної області» генів адгезивного білка стопи мідій знайдених в базі даних GenBank, приклад наведено на рис. 1.

Показана на рис. 1 область, яка обмежується парою праймерів *Me 15 / Me 16* відрізняється у різних видів мідій наявністю делецій та однонуклеотидних поліморфізмів (SNP), і в літературі [10] називається «варіабельною областю».

При множинному вирівнюванні 21 нуклеотидної послідовності «варіабельної області» виявлено наявність трьох делецій. Перша делеція була розміром 54 п. н. і зустрічалася в послідовностях *M. galloprovincialis* та *M. chilensis*. Друга делеція була розміром 6 п. н. і зустрічалася у виду *M. trossulus*. Третя делеція мала два розміри – 12 п. н. і 18 п. н., і зустрічалася в послідовностях чотирьох видів мідій: *M. galloprovincialis*, *M. chilensis*, *M. edulis*, *M. trossulus*. Делеція розміром 18 п. н. була характерна тільки для *M. trossulus*. У послідовностях видів *M. californianus*, *M. coruscus* в досліджуваній області наявність делецій відсутня.

Серед дев'яти досліджених нуклеотидних послідовностей «варіабельної області» представлених для *M. galloprovincialis*, у двох з них – HQ257459 і HQ257468 з Нової Зеландії, зустрічається SNP. Такий же SNP (заміна нуклеотиду G на T) в одному і тому самому локусі характерний для *M. chilensis*, рис. 1. Шість послідовностей *M. edulis* характеризувалися наявністю однакових SNP (заміна нуклеотиду T на A). Також, зустрічається ще по одному SNP в послідовностях AY845258 і KY549936, які є не характерними для інших послідовностей *M. edulis*. Дві короткі послідовності *M. trossulus* характеризувалися наявністю SNP, частина з яких була спільна з послідовностями *M. californianus* і *M. coruscus*, рис. 1. У видів *M. californianus* та *M. coruscus* послідовність, яка відповідає праймерам *Me 15 / Me 16*, характеризується наявністю SNP. Тому, дані праймери не підходять для ідентифікації зазначених видів мідій. «Варіабельна область» видів *M. californianus* та *M. coruscus* значною мірою відрізняється від інших видів мідій за рядом SNP.

SNP, які простежуються у досліджуваних видів мідій, дозволяють говорити про спостережувану гомологічну мінливість: чим більша подібність гомологічних генів у хромосомах споріднених видів мідій, тим еволюційно більш близькими є види, які порівнюються.

Використовуючи знайдені послідовності у програмі MEGA було побудовано дендрограму, що представлена на рис. 2.



**Кольором позначено:**

- послідовності праймерів *Me 15 / Me 16* до гену адгезивного білка стопи мідії;
- SNP в праймерах *Me 15 / Me 16*;
- SNP в гені адгезивного білка стопи різних видів мідій, що фланкується парою праймерів *Me 15 / Me 16*.

*Рис. 1. Фрагмент мультиплексного вирівнювання нуклеотидних послідовностей генів адгезивного білка стопи представників роду *Mytilus*, здійснене за алгоритмом MAFFT.*



Рис. 2. Дендрограма, побудована методом незалежного парного порівняння кластерного аналізу UPGMA на основі генетичних дистанцій між нуклеотидними послідовностями адгезивного білка стопи мідій роду *Mytilus*. Числа на схемі – бутстреп індекс.

Представлена на рис. 2 дендрограма відображає філогенетичні відношення видів мідій в роді *Mytilus*, виявлені при порівнянні нуклеотидних послідовностей генів адгезивного білка стопи двостулкових моллюсків. Дендрограма розділилася на два кластери – один більший, складала послідовності видів: *M. galloprovincialis*, *M. chilensis*, *M. edulis*, *M. trossulus*; у другий увійшли – *M. californianus* та *M. coruscus* (відсоток спорідненості – 77%). Більший кластер утворює два субкластера відокремлюючи *M. galloprovincialis* і *M. chilensis* (відсоток спорідненості – 32%) від *M. edulis* і *M. trossulus* (відсоток спорідненості – 28%). Отриманий розподіл представників роду *Mytilus* за допомогою кластерного аналізу узгоджується із даними літератури щодо географічного поширення цих видів, які демонструють антитропічне розповсюдження: *M. trossulus*, *M. edulis*, *M. galloprovincialis*, *M. californianus* і *M. coruscus* зустрічаються в Північній півкулі; інтродукований вид *M. galloprovincialis* і *M. chilensis* – в Південній півкулі [7]. За даними філогенії [17], побудованої на основі варіації послідовності мітохондріального гену *COI*, також було виявлено більшу подібність між *M. californianus* і *M. coruscus*, та серед трьох видів: *M. galloprovincialis*, *M. edulis*, *M. trossulus*.

Другим етапом нашої роботи був аналіз первинної та вторинної структури адгезивного білка *M. galloprovincialis* поширеної в Чорному морі.

На сервері UniProt для виду *M. galloprovincialis* було знайдено повну амінокислотну послідовність адгезивного білка стопи Mefp-1 довжиною 751 амінокислота (Q27409), який кодується геном *Fpl*. Для даної послідовності за допомогою програмного інструменту ProtParam, розміщеного на сервері ExPASy, було розраховано молекулярну масу адгезивного білка – 85,791 Да та показано значне переважання в амінокислотній послідовності проліну (24,1%), лізину (19,2%) і тирозину (19%), а також серину (12%) і треоніну (10,4%).

Доцільність прогнозованих білкових моделей залежить від точності передбачення структури. Використаний в нашій роботі сервер I-TASSER був визнаний сервером № 1 для прогнозування структури білка в експериментах з критичного аналізу методів для структурних передбачень білків (CASP). Сервер постійно знаходиться в активній розробці для забезпечення найточнішого прогнозування структури та функції білка за допомогою найсучасніших алгоритмів.

За допомогою сервера I-TASSER була спрогнозована вторинна структура адгезивного білка *M. galloprovincialis* (Q27409). Слід зазначити, що I-TASSER було запропоновано п'ять моделей просторової структури адгезивного білка *M. galloprovincialis*. Приклад найбільш ймовірної тривимірної моделі даного білка представлено на рис. 3.

Як ми бачимо, в моделі присутні ділянки зі структурою альфа-спіралі і  $\beta$ -складчатою структурою, також виявлено неструктуровані ділянки. Для оцінки якості прогнозованих моделей I-TASSER використовують С-показник, який розраховується на основі значущості вирівнювання послідовності запиту відносно послідовності шаблону та параметрів конвергенції структури

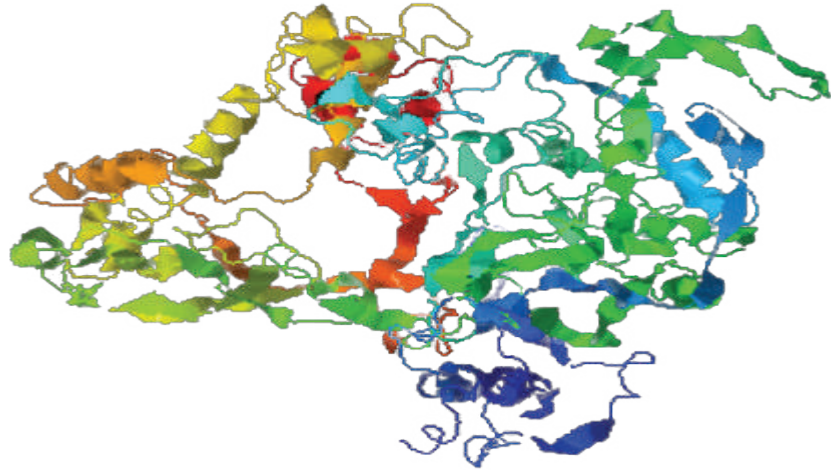


Рис. 3. Тривимірна модель адгезивного білка *M. galloprovincialis*, отримана за допомогою сервера I-TASSER.

моделювання складання [22]. Загалом, моделі з С-показником  $> -1,5$  мають правильну складку. Отримані нами значення С-показника ( $-0,70$ ), ТМ-оцінки ( $0,62 \pm 0,14$ ), RMSD ( $9,9 \pm 4,6$ ) та щільності кластера ( $0,2897$ ) для представленої моделі адгезивного білка *M. galloprovincialis* вказують на модель правильної глобальної топології.

Побудована тривимірна модель структури досліджуваного білка за допомогою серверу I-TASSER характеризувалася більшою достовірністю порівняно з моделлю спрогнозованою програмою AlphaFold. Спрогнозована програмою AlphaFold просторова структура адгезивного білка *M. galloprovincialis* характеризувалася низькими показниками достовірності, що на певних ділянках знаходилися в межах  $50 < \text{pLDDT} < 70$  або навіть нижче. В зв'язку з цим, ми надали перевагу моделі, спрогнозованій сервером I-TASSER.

### Висновки

Досліджувані нуклеотидні послідовності шести представників роду *Mytilus*, у межах «варіабельної області» гена *Fp1* адгезивного білка, відрізняються у різних видів мідій наявністю делецій та ряду однонуклеотидних поліморфізмів. Проведений кластерний аналіз зазначених послідовностей, свідчить про наявну мінливість на нуклеотидному рівні у представників роду *Mytilus* з окремих популяцій. За результатами біоінформатичного аналізу було визначено молекулярну масу та побудовано модель просторової структури адгезивного білка стопи *Mefp-1*, що кодується *Fp1* геном, для виду *M. galloprovincialis*.

Стаття надійшла до редакції 21.10.2022

## Список використаної літератури

1. Anand P.P. Computational modelling of wet adhesive mussel foot proteins (Bivalvia): Insights into the evolutionary convolution in diverse perspectives / P.P. Anand, Y.S. Vardhanan // Sci. Rep.– 2020.– Vol. 10.– 2612. doi: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59169-y>.
2. Bandara N. Marine mussel adhesion: biochemistry, mechanisms, and biomimetics / N. Bandara, H. Zeng, J. Wu // J. Adhes. Sci. Technol.– 2013.– Vol. 27(18–19).– P. 2139–2162. doi: <https://doi.org/10.1080/01694243.2012.697703>.
3. Chubyk I. Species affiliation of the North-Western region of the Black Sea mussels based on the results of molecular-genetic analysis // I. Chubyk, G. Chebotar, A. Bick, S. Chebotar // Hydrob. J.– 2022.– Vol. 58(3).– P. 68–75. doi: [10.1615/HydrobJ.v58.i3.60](https://doi.org/10.1615/HydrobJ.v58.i3.60).
4. DeMartini D. G. A cohort of new adhesive proteins identified from transcriptomic analysis of mussel foot glands // D.G. DeMartini, J.M. Errico, S. Sjoestroem, A. Fenster, H. Waite // J. R. Soc. Interface.– 2017.– Vol. 14(131).– 20170151. doi: [10.1098/rsif.2017.0151](https://doi.org/10.1098/rsif.2017.0151).
5. Fernández-Tajes J. Alternative PCR–RFLP methods for mussel *Mytilus* species identification / J. Fernández-Tajes, A. Longa, J. García-Gil, Y. W. Chiu, Y. S. Huang, J. Méndez, R. S. Lee // Eur. Food Res. Technol.– 2011.– Vol. 233(5). P. 791–796. doi: [10.1007/s00217-011-1574-x](https://doi.org/10.1007/s00217-011-1574-x).
6. Forooshani P.K. Recent approaches in designing bio-adhesive materials inspired by mussel adhesive protein / P.K. Forooshani, B. P. Lee // Poly. Chem.– 2016.– Vol. 55.– P. 9–33. doi: <https://doi.org/10.1002/pola.28368>.
7. Gaitán-Espitia J.D. Mitogenomics of Southern hemisphere blue mussels (Bivalvia: Pteriomorpha): Insights into the evolutionary characteristics of the *Mytilus edulis* complex / J.D. Gaitán-Espitia, J.F. Quintero-Galvis, A. Mesas, G. D'Elia // Sci. Res.– 2016.– Vol. 6.– 26853. doi: [10.1038/srep26853](https://doi.org/10.1038/srep26853).
8. Harper E. The evolutionary biology of the Bivalvia / E.M. Harper, J.D. Taylor, A. Crame // Geological Society of London, 2000.– Vol. 177.– P. 494. doi: <https://doi.org/10.1144/GSL.SP.2000.177>.
9. Hennebert E. Experimental strategies for the identification and characterization of adhesive proteins in animals: a review / E. Hennebert, B. Maldonado, P. Ladurner, P. Flammang, R. Santos // Interface Focus.– 2015.– Vol. 5.– 20140064. doi: <http://dx.doi.org/10.1098/rsfs.2014.0064>.
10. Inoue K. Interspecific variations in adhesive protein sequences of *Mytilus edulis*, *M. galloprovincialis* and *M. trossulus* / K. Inoue, J.H. Waite, M. Matsuoka, S. Odo, S. Harayama // Biol. Bull.– 1995.– Vol. 189(3).– P. 370–375. doi: [10.2307/1542155](https://doi.org/10.2307/1542155).
11. Jilberto F. High resolution melting analysis for identification of commercially-important *Mytilus* species / F. Jilberto, C. Araneda, M.A. Larraín // Food Chem.– 2017.– Vol. 229.– P. 716–720. doi: [10.1016/j.foodchem.2017.02.109](https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.02.109).
12. Kumar S. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms / S. Kumar, G. Stecher, M. Li, C. Knyaz, K. Tamura // Mol. Biol. Evol.– 2018.– Vol. 35(6).– P. 1547–1549. doi: [10.1093/molbev/msy096](https://doi.org/10.1093/molbev/msy096).
13. Larraín M.A. Comparison between single and multi-locus approaches for specimen identification in *Mytilus* mussels / M.A. Larraín, P. González, C. Pérez, C. Araneda // Sci. Rep.– 2019.– Vol. 9.– 19714. doi: [10.1038/s41598-019-55855-8](https://doi.org/10.1038/s41598-019-55855-8).
14. Larraín M.A. Genetic composition of *Mytilus* species in mussel populations from southern Chile / M.A. Larraín, N.F. Diaz, C. Lamas, C. Vargas, C. Araneda // Lat. Am. J. Aquat. Res.– 2012.– Vol. 40(4).– P. 1077–1084. doi: <https://dx.doi.org/10.3856/vol40-issue4-fulltext-23>.
15. Madeira F. The EMBL–EBI search and sequence analysis tools APIs in 2019 / F. Madeira, Y. Park, J. Lee, N. Buso, T. Gur, N. Madhusoodanan, P. Basutkar, A. R. N. Tivey, S. C. Potter, R. D. Finn, R. Lopez // Nucleic Acids Res.– 2019.– Vol. 47.– P. 636–641. doi: [10.1093/nar/gkz268](https://doi.org/10.1093/nar/gkz268).
16. Maier G.P. Adaptive synergy between catechol and lysine promotes wet adhesion by surface salt displacement / G.P. Maier, M. V. Rapp, J.H. Waite, J.N. Israelachvili, A. Butler // Science.– 2015.– Vol. 349(6248).– P. 628–632. doi: [10.1126/science.aab0556](https://doi.org/10.1126/science.aab0556).
17. Oyarzún P.A. Blue mussels of the *Mytilus edulis* species complex from South America: The application of species delimitation models to DNA sequence variation / P.A. Oyarzún, J.E. Toro, J.J. Nuñez, E.Y. Suárez-Villota, J. P.A. Gardner // PLoS ONE.– 2021.– Vol. 16(9).– e0256961. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256961>.

18. Rawson P.D. Evidence for intragenic recombination within a novel genetic marker that distinguishes mussels in the *Mytilus edulis* species complex / P.D. Rawson, K.L. Joyner, K. Meetze, T.J. Hilbush // *Heredity*. – 1996. – Vol. 77(6). – P. 599–607. doi: 10.1038/hdy.1996.187.
19. Santaclara F.J. Development of a method for the genetic identification of mussel species belonging to *Mytilus*, *Perna*, *Aulacomya*, and other genera / F.J. Santaclara, M. Espiñeira, A.G. Cabado, A. Aldasoro, N. Gonzalez-Lavin, J.M. Vieites // *J. Agric. Food Chem.* – 2006. – Vol. 54. – P. 8461–8470. doi: 10.1021/jf061400u.
20. Sneath P. H.A. Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification / P. H.A. Sneath, R. R. Sokal // San Francisco: Freeman, 1973. – P. 573.
21. Westfall K. M. Interlineage *Mytilus galloprovincialis* Lmk. 1819 hybridization 438 yields inconsistent genetic outcomes in the Southern hemisphere / K.M. Westfall, J.P. Gardner // *Biol. Invasions*. – 2013. – Vol. 15(7). – P. 1493–1506. doi: 10.1007/s10530-012-0385-8.
22. Yang J. I-TASSER server: new development for protein structure and function predictions / J. Yang, Y. Zhang // *Nucleic Acids Res.* – 2015. – Vol. 43. – P. 174–181. doi: 10.1093/nar/gkv342.
23. Yu J. Mussel protein adhesion depends on interprotein thiol-mediated redox modulation / J. Yu, W. Wei, E. Danner, R. K. Ashley, J.N. Israelachvili, J.H. Waite // *Nat. Chem. Biol.* – 2011. – Vol. 7(9). – P. 588–590. doi: 10.1038/nchembio.630.
24. Zhang C. Template-based and free modeling of I-TASSER and QUARK pipelines using predicted contact maps in CASP12 / C. Zhang, S. M. Mortuza, B. He, Y. Wang, Y. Zhang // *Proteins*. – 2018. – 86 Suppl. 1 (Suppl. 1). – P. 136–151. doi: 10.1002/prot.25414.
25. Zhao H. Linking adhesive and structural proteins in the attachment plaque of *Mytilus californianus* // H. Zhao, J.H. Waite // *J. Biol. Chem.* – 2006. – Vol. 281(36). – P. 26150–26158. doi: <https://doi.org/10.1074/jbc.M604357200>.

**І.Ю. Чубик<sup>1</sup>, С.В. Чеботар<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Одеський національний університет імені І.І. Мечникова, біологічний факультет, кафедра молекулярної біології, біохімії та генетики, Одеса, вул. Дворянська, 2, 65082, Україна, e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

<sup>2</sup>Селекційно-генетичний інститут – Національний центр насіннєзнавства та сортовивчення, Одеса, Овідіопольська дор., 3, 65036, Україна.

## **БІОІНФОРМАТИЧНИЙ АНАЛІЗ ГЕНІВ АДГЕЗИВНОГО БІЛКА СТОПИ МІДІЙ РОДУ *MYTILUS***

### **Резюме**

**Проблема.** На сьогоднішній день є актуальною ідентифікація та дослідження генів адгезивних білків, які сприяють адгезії морських мідій під водою та відіграють важливу роль у промисловості для комерціалізації водонепроникних клеїв. Мета нашого дослідження заснована на біоінформатичному аналізі, тому як моделювання в даний час є одним з передових методів.

**Мета.** Метою даної роботи було провести порівняння нуклеотидних послідовностей представників роду *Mytilus*, які фланкуються праймерами *Me 15*/*Me 16*, розробленими до неповторювальної області гена адгезивного білка мідій, а також біоінформатичний аналіз повної амінокислотної послідовності адгезивного білка стопи *MeFr-1*, що кодується геном *Fp1*, для виду *M. galloprovincialis*.

**Методика.** Нуклеотидні послідовності аналізували за допомогою BLAST (NCBI [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>]) та вирівнювали MAFFT [Madeira et al., 2019] методами. Філогенетичне дерево побудували у програмі MEGA [Kumar et al., 2018] методом UPGMA [Sneath, Sokal, 1973]. Фізико-хімічні параметри адгезивного білка для амінокислотної послідовності *M. galloprovincialis*



розраховували за допомогою програмного інструменту ProtParam (ExpASy [https://web.expasy.org/protparam/]). Моделі тривимірної структури адгезивного білка *M. galloprovincialis* побудовані на онлайн-платформі I-TASSER [Yang, Zhang, 2015; Zhang et al., 2018] та з використанням програми AlphaFold [https://alphafold.ebi.ac.uk/entry/Q27409].

**Основні результати.** Аналіз нуклеотидних послідовностей шести представників роду *Mytilus* в межах «варіабельної області», яка фланкується праймерами *Me 15 / Me 16*, показав наявність делецій і ряд однонуклеотидних поліморфізмів. Побудована дендрограма відобразила філогенетичні відношення видів мідій в роді *Mytilus*, при порівнянні нуклеотидних послідовностей генів адгезивного білка стопи мідій. Проведено аналіз первинної та вторинної структури адгезивного білка мідії виду *M. galloprovincialis*, характерної для Чорноморського регіону, та побудовано модель правильної глобальної топології тривимірної структури адгезивного білка для зазначеного виду.

**Висновки.** Виявлені мутації в досліджуваній «варіабельної області» нуклеотидних послідовностей генів адгезивного білка дозволяють молекулярному маркеру *Me 15–16* розрізняти між собою чотири види мідій: *M. galloprovincialis*, *M. chilensis*, *M. edulis*, *M. trossulus*. Отриманий розподіл представників роду *Mytilus* за допомогою кластерного аналізу узгоджується із даними літератури щодо територіального поширення цих видів. Розраховано молекулярну масу та побудовано модель просторової структури білка стопи мідії виду *M. galloprovincialis*.

**Ключові слова:** *Mytilus*; ген *Fp1*; адгезивний білок мідій; молекулярний маркер *Me 15–16*; біоінформатичний аналіз

**I. Yu. Chubyk<sup>1</sup>, S. V. Chebotar<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Odesa I. I. Mechnikov National University, Department of Molecular Biology, Biochemistry and Genetics, 2 Dvorianska Str., Odesa, 65082, Ukraine, e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

<sup>2</sup>Plant Breeding and Genetic Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigation, National Academy of Agrarian Sciences of Ukraine, 3 Ovidiopska Doroha, Odesa, 65036, Ukraine.

## BIOINFORMATIC ANALYSIS OF GENES OF ADHESIVE PROTEIN FOOT OF MUSSELS OF THE GENUS *MYTILUS*

### Abstract

**Introduction.** Today, it is relevant to identify and study the genes of adhesive proteins that contribute to the adhesion of marine mussels under water and play an important role in the industry for the commercialization of waterproof adhesives. The purpose of our research is based on bioinformatic analysis, because modeling is currently one of the advanced methods.

**Aim.** The purpose of this work was to compare the nucleotide sequences of representatives of the genus *Mytilus*, which are flanked by primers *Me 15 / Me 16*, designed for the non-repetitive region of the mussel adhesive protein gene, as well as bioinformatic analysis of the complete amino acid sequence of the foot adhesive protein Mefp-1, coded by *Fp1* gene by *Fp1* gene, for *M. galloprovincialis*.

**Methods.** Nucleotide sequences were analyzed using BLAST (NCBI [https://www.ncbi.nlm.nih.gov]) and aligned by MAFFT [Madeira et al., 2019] methods. The phylogenetic tree was built in the MEGA program [Kumar et al., 2018] using the UPGMA method [Sneath, Sokal, 1973]. The physicochemical parameters of the adhesive protein for the amino acid sequence of *M. galloprovincialis* were calculated using the ProtParam software tool (ExPASy [https://web.expasy.org/protparam/]). Models of the three-dimensional structure of the *M. galloprovincialis* adhesive protein were built on the I-TASSER online platform [Yang, Zhang, 2015; Zhang et al., 2018] and with application of the AlphaFold program [https://alphafold.ebi.ac.uk/entry/Q27409].

**The main results.** The analysis of the nucleotide sequences of six representatives of the genus *Mytilus* within the «variable region» flanked by primers *Me 15* / *Me 16* showed the presence of deletions and a number of SNPs. The constructed dendrogram reflected the phylogenetic relationships of mussel species in the genus *Mytilus*, when comparing the nucleotide sequences of the genes of the adhesive protein of the mussel foot. An analysis of the primary and secondary structure of the adhesive protein of the mussel species *M. galloprovincialis* characteristic of the Black Sea region was carried out, and model of the three-dimensional structure with correct global topology of the adhesive protein for the specified species was built.

**Conclusions.** The detected mutations in the studied «variable region» of the nucleotide sequences of the adhesive protein genes allow the molecular marker *Me 15–16* to distinguish between four types of mussels: *M. galloprovincialis*, *M. chilensis*, *M. edulis*, *M. trossulus*. The obtained distribution of representatives of the genus *Mytilus* by means of cluster analysis is consistent with the literature data on the territorial distribution of these species. The molecular weight was calculated and model of the foot adhesive protein of the mussel species *M. galloprovincialis* was constructed.

**Key words:** *Mytilus*; gene *Fp1*; adhesive protein of mussels; molecular marker *Me 15–16*; bioinformatic analysis

## References

1. Anand P. P., Vardhanan Y. S. (2020) «Computational modelling of wet adhesive mussel foot proteins (Bivalvia): Insights into the evolutionary convolution in diverse perspectives», *Sci. Rep.*, 10, 2612. doi: https://doi.org/10.1038/s41598-020-59169-y.
2. Bandara N., Zeng H., Wu J. (2013) «Marine mussel adhesion: biochemistry, mechanisms, and biomimetics», *J. Adhes. Sci. Technol.*, 27(18–19), pp 2139–2162, doi: https://doi.org/10.1080/01694243.2012.697703.
3. Chubyk I., Chebotar G., Bick A., Chebotar S. (2022) «Species affiliation of the North-Western region of the Black Sea mussels based on the results of molecular-genetic analysis», *Hydrob. J.*, 58(3), pp 68–75. doi: 10.1615/HydrobJ.v58.i3.60.
4. DeMartini D. G., Errico J. M., Sjoestroem S., Fenster A., Waite H. (2017) «A cohort of new adhesive proteins identified from transcriptomic analysis of mussel foot glands», *J.R. Soc. Interface*, 14(131), 20170151. doi: 10.1098/rsif.2017.0151.
5. Fernández-Tajes J., Longa A., García-Gil J., Chiu Y. W., Huang Y. S., Méndez J., Lee R. S. (2011) «Alternative PCR–RFLP methods for mussel *Mytilus* species identification», *Eur. Food Res. Technol.*, 233(5), pp 791–796. doi: 10.1007/s00217-011-1574-x.
6. Forooshani P. K., Lee B. P. (2016) «Recent approaches in designing bio-adhesive materials inspired by mussel adhesive protein», *Poly. Chem.*, 55, pp 9–33. doi: https://doi.org/10.1002/pola.28368.
7. Gaitán-Espitia J. D., Quintero-Galvis J. F., Mesas A., D'Elia G. (2016) «Mitogenomics of Southern hemisphere blue mussels (Bivalvia: Pteriomphina): Insights into the evolutionary characteristics of the *Mytilus edulis* complex», *Sci. Res.*, 6, 26853. doi: 10.1038/srep26853.
8. Harper E., Taylor J. D., Crame A. (2000) «The evolutionary biology of the Bivalvia», Geological Society of London, 177, P. 494. doi: https://doi.org/10.1144/GSL.SP.2000.177.

9. Hennebert E., Maldonado B., Ladurner P., Flammang P., Santos R. (2015) Experimental strategies for the identification and characterization of adhesive proteins in animals: a review», *Interface Focus*, 5, 20140064. doi: <http://dx.doi.org/10.1098/rsfs.2014.0064>.
10. Inoue K., Waite J.H., Matsuoka M., Odo S., Harayama S. (1995) «Interspecific variations in adhesive protein sequences of *Mytilus edulis*, *M. galloprovincialis* and *M. trossulus*», *Biol. Bull.*, 189(3), pp 370–375. doi: [10.2307/1542155](https://doi.org/10.2307/1542155).
11. Jilberto F., Araneda C., Larraín M.A. (2017) «High resolution melting analysis for identification of commercially-important *Mytilus* species», *Food Chem.*, 229, pp 716–720. doi: [10.1016/j.foodchem.2017.02.109](https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2017.02.109).
12. Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., Tamura K. (2018) «MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms», *Mol. Biol. Evol.*, 35(6), pp 1547–1549. doi: [10.1093/molbev/msy096](https://doi.org/10.1093/molbev/msy096).
13. Larraín M. A., González P., Pérez C., Araneda C. (2019) «Comparison between single and multi-locus approaches for specimen identification in *Mytilus* mussels», *Sci. Rep.*, 9, 19714. doi: [10.1038/s41598-019-55855-8](https://doi.org/10.1038/s41598-019-55855-8).
14. Larraín M. A., Diaz N.F., Lamas C., Vargas C., Araneda C. (2012) «Genetic composition of *Mytilus* species in mussel populations from southern Chile», *Lat. Am. J. Aquat. Res.*, 40(4), pp 1077–1084. doi: <http://dx.doi.org/10.3856/vol40-issue4-fulltext-23>.
15. Madeira F., Park Y., Lee J., Buso N., Gur T., Madhusoodanan N., Basutkar P., Tivey A.R. N., Potter S.C., Finn R.D., Lopez R. (2019) «The EMBL-EBI search and sequence analysis tools APIs in 2019», *Nucleic Acids Res.*, 47, pp 636–641. doi: [10.1093/nar/gkz268](https://doi.org/10.1093/nar/gkz268).
16. Maier G. P., Rapp M.V., Waite J.H., Israelachvili J.N., Butler A. (2015) «Adaptive synergy between catechol and lysine promotes wet adhesion by surface salt displacement», *Science*, 349(6248), pp 628–632. doi: [10.1126/science.aab0556](https://doi.org/10.1126/science.aab0556).
17. Oyarzún P.A., Toro J.E., Nuñez J.J., Suárez-Villota E. Y., Gardner J.P. A. (2021) «Blue mussels of the *Mytilus edulis* species complex from South America: The application of species delimitation models to DNA sequence variation», *PLoS ONE*, 16(9), e0256961. doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0256961>.
18. Rawson P. D., Joyner K.L., Meetze K., Hilbish T.J. (1996) «Evidence for intragenic recombination within a novel genetic marker that distinguishes mussels in the *Mytilus edulis* species complex», *Heredity*, 77(6), pp 599–607. doi: [10.1038/hdy.1996.187](https://doi.org/10.1038/hdy.1996.187).
19. Santaclara F. J., Espiñeira M., Cabado A. G., Aldasoro A., Gonzalez-Lavin N., Vieites J. M. (2006) «Development of a method for the genetic identification of mussel species belonging to *Mytilus*, *Perna*, *Aulacomya*, and other genera», *J. Agric. Food Chem.*, 54, pp 8461–8470. doi: [10.1021/jf061400u](https://doi.org/10.1021/jf061400u).
20. Sneath P. H. A., Sokal R.R. (1973) «Numerical Taxonomy: The Principles and Practice of Numerical Classification», San Francisco: Freeman, 1973. P. 573.
21. Westfall K. M., Gardner J.P. (2013) «Interlineage *Mytilus galloprovincialis* Lmk. 1819 hybridization 438 yields inconsistent genetic outcomes in the Southern hemisphere», *Biol. Invasions*, 15(7), pp 1493–1506. doi: [10.1007/s10530-012-0385-8](https://doi.org/10.1007/s10530-012-0385-8).
22. Yang J., Zhang Y. (2015) «I-TASSER server: new development for protein structure and function predictions», *Nucleic Acids Res.*, 43, pp 174–181. doi: [10.1093/nar/gkv342](https://doi.org/10.1093/nar/gkv342).
23. Yu J., Wei W., Danner E., Ashley R.K., Israelachvili J.N., Waite J.H. (2011) «Mussel protein adhesion depends on interprotein thiol-mediated redox modulation», *Nat. Chem. Biol.*, 7(9), pp 588–590. doi: [10.1038/nchembio.630](https://doi.org/10.1038/nchembio.630).
24. Zhang C., Mortuza S.M., He B., Wang Y., Zhang Y. (2018) «Template-based and free modeling of I-TASSER and QUARK pipelines using predicted contact maps in CASP12», *Proteins*, 86(Suppl. 1), pp 136–151. doi: [10.1002/prot.25414](https://doi.org/10.1002/prot.25414).
25. Zhao H., Waite J.H. (2006) «Linking adhesive and structural proteins in the attachment plaque of *Mytilus californianus*», *J. Biol. Chem.*, 281(36), pp 26150–26158. doi: <https://doi.org/10.1074/jbc.M604357200>.



**ГІДРОБІОЛОГІЯ  
ТА ЗАГАЛЬНА ЕКОЛОГІЯ**





[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268551](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268551)

УДК 591.142(262.5)

**О. С. Бондаренко**<sup>1</sup>, к. б. н., старший науковий співробітник  
**В. В. Заморов**<sup>2</sup>, к. б. н., доцент

<sup>1</sup> ДУ «Інститут морської біології НАН України»,  
відділ екології крайових угруповань, вул. Пушкінська, 37,  
Одеса, Україна, e-mail: olena.bondarenko@gmail.com

<sup>2</sup> Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,  
біологічний факультет, кафедра зоології, гідробіології та загальної екології,  
вул. Дворянська, 2, Одеса, Україна, e-mail: v.zamorov@onu.edu.ua

## СТРУКТУРА МАКРОЗООБЕНТОСУ ОДЕСЬКОЇ ТА ДНІСТРОВСЬКОЇ БАНОК (ПІВНІЧНО-ЗАХІДНА ЧАСТИНА ЧОРНОГО МОРЯ)

Визначено структуру угруповань макрозообентосу Одеської та Дністровської банок на різних типах субстрату. Встановлено їхні кількісні показники і відмінності структурної організації, проведена оцінка біорізноманіття. Показано, що структура досліджених угруповань в цілому відображає сучасні тенденції екологічних змін водного середовища в північно-західній частині Чорного моря.

**Ключові слова:** макрозообентос; структура; Одеська банка; Дністровська банка; північно-західна частина Чорного моря.

Шельф північно-західної частини Чорного моря (далі ПЗЧМ) є слабо горбистою рівниною [11]. Його поверхня розділена лінійними депресіями – жолобами, які поділяють шельфову рівнину на окремі підняття [12]. Найбільш крупними акумулятивними формами ПЗЧМ є Одеська та Дністровська банки [12]. Одеська банка, з глибинами до 10 м починається приблизно за 13 км на південний захід від входу в Аджалицький лиман і тягнеться вздовж берега до Кінбурнської коси, на півночі відділяється від суші Одеським жолобом. Донні відкладення на банці представлені пісками і черепашкою. Дністровська банка з глибинами до 10 м лежить на схід від Дністровсько-Цареградського гирла. Її північний край являє собою кам'яне пасмо завширшки 100–150 м, глибина над ним – 8,2 м [10].

Підводні банки, наряду з кам'яними мисами, затоками, гирлами річок та ін. являють собою основні елементи прибережної зони морів, що впливають на розподіл риб, утворюючи широкий спектр оселищ. В свою чергу, ареали риб та їх розподіл регулюються наявністю кормових ресурсів, що продукуються в тих чи інших біоценозах, які сформовані в умовах конкретних біотопів [3].

Тип субстрату в умовах ПЗЧМ є одним із значущих екологічних чинників, що визначає структурно-функціональну організацію угруповань бентосних організмів, а відтак і впливає на формування кормового ресурсу.

В ПЗЧМ дослідження макрозообентосу тривають протягом значного періоду часу [6, 8]. Сучасні дослідження встановлюють закономірності формування його біорізноманіття в різних біотопах та антропогенно змінених прибережних екосистемах. Також вивчають відгук їхньої структурно-функціональної організації на ряд природних та антропогенних чинників, зокрема на довготривалий вплив евтрофування [5, 7, 8]. В той же час даних про сучасний стан та структуру макрозообентосу локальних ділянок ПЗЧМ, у даному випадку Одеської та Дністровської банок, які відіграють важливу роль в формуванні біорізноманіття та функціонуванні морських екосистем, вкрай мало. Лише окремі матеріали містяться в роботах, присвячених вивченню бентосу в ПЗЧМ в цілому [7, 8, 9].

Метою роботи було визначення структури угруповань макрозообентосу на різних типах субстрату Одеської та Дністровської банок в сучасних умовах.

### Матеріал та методи досліджень

Структуру угруповань макрозообентосу вивчали на матеріалі, зібраному в районах Одеської та Дністровської банок в 2020 р. та 2021 р. на різних типах субстрату (табл. 1). Матеріал збирав к.б.н. Снігірьов С.М. з використанням легкого водолазного спорядження. Проби макрозообентосу відбирали рамкою кількісного обліку площею  $10 \times 10$  см. Зразки з трьох рамок об'єднували в одну інтегральну пробу, на кожній точці проби збирали у трьох повторях. Відібрані зразки фіксували 4-х% розчином формальдегіду. В лабораторії проби обробляли у відповідності до загальноприйнятої методики. Для збору організмів макрозообентосу використовували сито з діаметром вічка 1 мм. Для кожного таксону в окремих пробах визначали чисельність, шляхом прямого обліку особин, та загальну вологу вагу. Показники чисельності та біомаси перераховували на одиницю площі  $1 \text{ м}^2$ . Оцінку загальної біомаси угруповань проводили без урахування біомаси крупного рухливого виду *Rapana venosa* (Valenciennes, 1846), кількісний облік якого проводиться за іншою методикою.

За індексом Брея-Куртіса оцінена подібність між парами зразків та побудована матриця подібності з використанням показників чисельності. На основі отриманої матриці методом ієрархічної кластеризації виділенні окремі угруповання макрозообентосу. Достовірність відмінностей їхньої структури оцінено за допомогою SIMPROF тесту. Рівень неподібності угруповань та вклад окремих видів в даний показник визначено на основі SIMPER-аналізу. Для статистичного аналізу первинні дані були попередньо трансформовані шляхом вилучення кубічного кореня. Для оцінки біорізноманіття угруповань розраховували показник  $\alpha$ -різноманіття індекс Шенону ( $H'$ ,  $(\log_2)$ ) та індекс Пієлу ( $J$ ). Статистичне опрацювання матеріалу здійснено за допомогою пакетів прикладних програм PRIMER v. 6.1.15 та MS EXCEL 2016 (Microsoft™).



Таблиця 1

**Характеристика локацій відбору проб макрозообентосу  
в районах Одеської та Дністровської банок**

Район	Координати		Дата	Глибина, м	Тип субстрату
	N	E			
Одеська банка	46,582	31,298	07.2020	6,0	черепашка
	46,582	31,298	07.2020	7,0	черепашка, пісок
	46,567	31,017	06.2021	9,5	замулена черепашка
Дністровська банка	46,072	30,403	05.2021	9,0	черепашка, пісок
	46,072	30,403	05.2021	8,5	валуни
	46,072	30,403	09.2021	7,0	пісок

### Результати досліджень та їх обговорення

В період дослідження в районах Одеської та Дністровської банок зареєстровано 73 таксони макрозообентосу. Представники Nemertea, Platyhelminthes, Oligochaeta до таксонів нижчого рангу не визначали. Макрозообентос Одеської банки характеризувався різноманітнішим складом в порівнянні з бентосом Дністровської банки. В даному районі на черепашці та черепашці з піском більшою кількістю таксонів були представлені Vermes, на замуленій черепашці – Vermes та Mollusca. В районі Дністровської банки на черепашці з піском та валунах за кількістю таксонів переважали Vermes, на піску – Mollusca та Crustacea (рис. 1).

Аналіз структури угруповань макрозообентосу на основі матриці подібності зразків за індексом Брея–Куртиса розрахованого за чисельністю макрозообентосу з подальшою ієрархічною кластеризацією дозволив виділити окремі угруповання донних безхребетних в досліджуваних регіонах (рис. 2).

Достовірність відмінностей їхньої структури демонструють результати SIMPROF тесту. Як видно, реальний профіль подібності відрізняється від середнього випадкових профілів (рис. 3а), а реальне  $\pi = 8,65$  ( $p=0,1\%$ ) (рис. 3б).

На Одеській банці на черепашці формувалось найбільш щільне поселення серед виділених у даному дослідженні – так звана «мідійна щітка». У його складі зареєстровано 38 таксонів. Середні чисельність та біомаса донних безхребетних були найвищими (рис. 4) і сягали  $14075 \pm 1091$  екз. $\cdot$ м<sup>2</sup> та  $6905,7 \pm 623,1$  г $\cdot$ м<sup>2</sup> відповідно.

За чисельністю переважали *Prionospio cirrifera* Wirén, 1883 (24,5%), *Mytilus galloprovincialis* Lamarck, 1819 (21,1%) та *Mytilaster lineatus* (Gmelin, 1791) (14,4%), за біомасою домінувала *M. galloprovincialis* (90,6%). У складі угруповання відмічені три види-вселенці – *Polydora cornuta* Bosc, 1802, *Dipolydora quadrilobata* (Jacobi, 1883) та *Amphibalanus improvisus* (Darwin, 1854) (табл. 2).

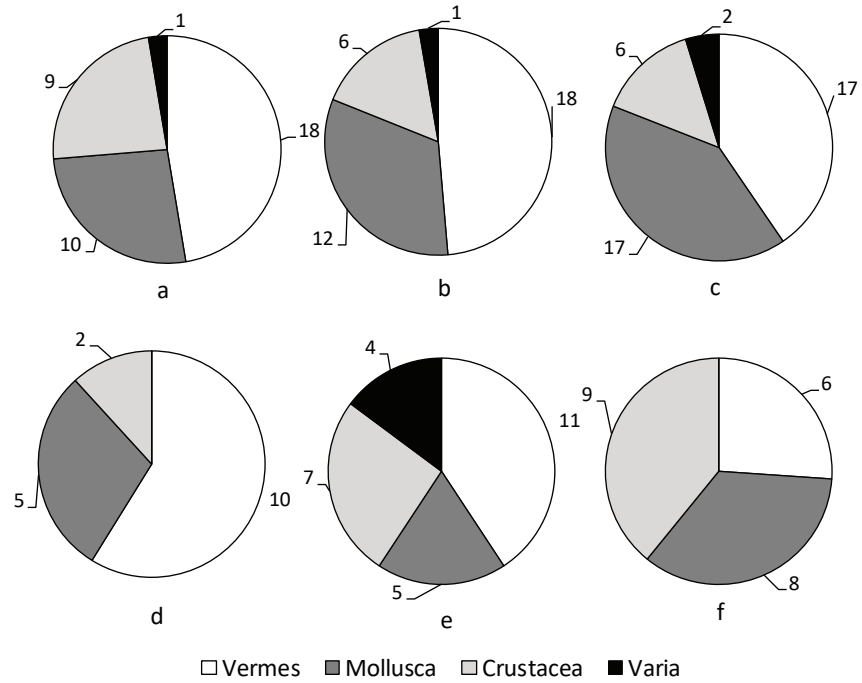


Рис. 1. Кількість видів великих таксономічних груп макрозообентосу Одеської банки (a – черепашка; b – черепашка, пісок; c – замулена черепашка) та Дністровської банки (d – черепашка, пісок; e – валуни; f – пісок)

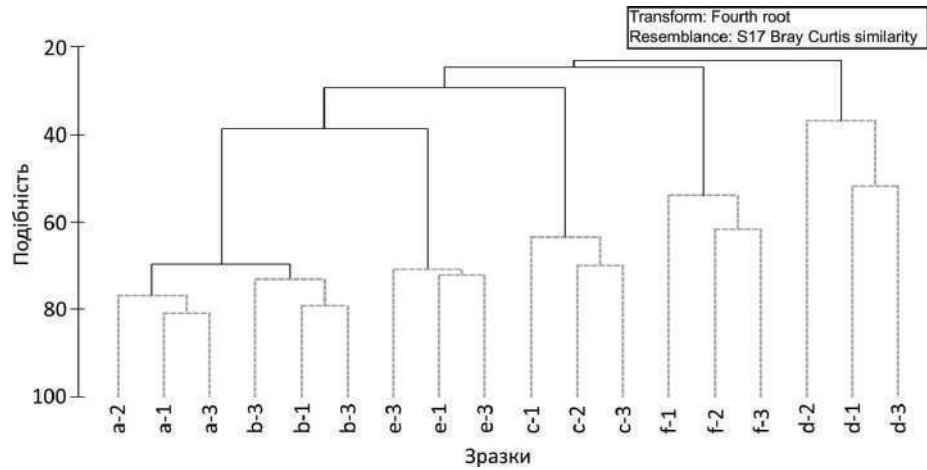


Рис. 2. Дендрограма подібності зразків за індексом Брея–Куртіса (на основі чисельності макрозообентосу), зібраних на різних субстратах Одеської банки (a – черепашка; b – черепашка, пісок; c – замулена черепашка) та Дністровської банки (d – черепашка, пісок; e – валуни; f – пісок)

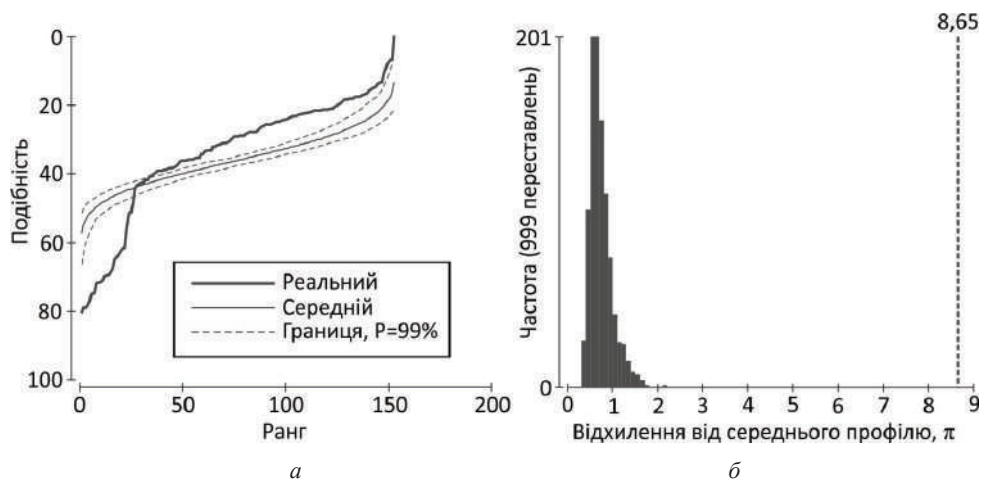


Рис. 3. Профіль подібності (а) і гістограма SIMPROF тесту (б) для всіх зразків

З них найбільш рясно була представлена *P. cornuta*, яка з 1960-х рр. широко розповсюдилась по всій акваторії північно-західного шельфу і в значній кількості трапляється і в сучасний період [2, 7, 8].

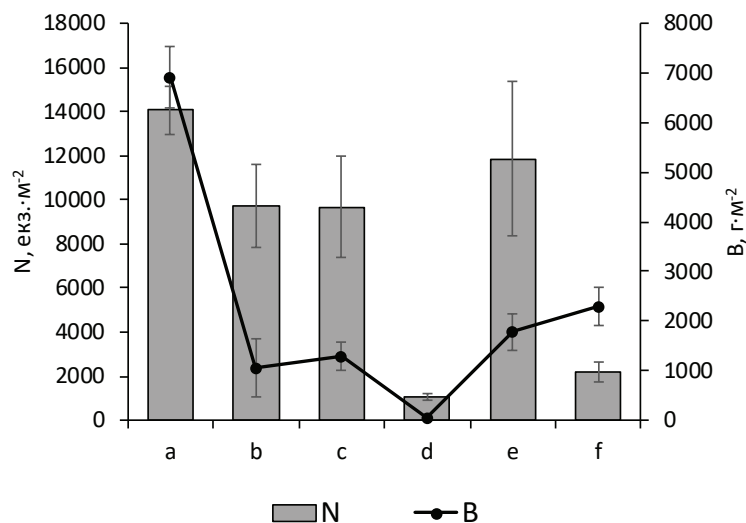


Рис. 4. Чисельність (N) та біомаса (B) макрозообентосу на різних субстратах Одеської банки (а – черепашка; б – черепашка, пісок; с – замулена черепашка) та Дністровської банки (d – черепашка, пісок; e – валуни; f – пісок)

Таблиця 2

## Таксономічна структура макрзообентосу Одеської та Дністровської банок на різних типах субстрату

Таксон	Одеська банка			Дністровська банка		
	черепашка	черепашка, пісок	замулена черепашка	черепашка, пісок	валуни	пісок
<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>	<i>4</i>	<i>5</i>	<i>6</i>	<i>7</i>
<i>Obelia longissima</i> (Pallas, 1766)	–	–	–	–	+	–
<i>Diadumene lineata</i> (Verrill, 1869)	–	–	+	–	+	–
Nemertea	+	+	–	+	–	–
Platyhelminthes	+	+	–	+	+	–
<i>Genetyllis tuberculata</i> (Bobretzky, 1868)	+	+	+	–	+	–
<i>Phylodoce mucosa</i> Örsted, 1843	–	+	+	–	–	–
<i>Mysta picta</i> (Quatrefages, 1866)	+	+	+	–	+	–
<i>Eulalia viridis</i> (Linnaeus, 1767)	+	–	–	–	–	–
<i>Harmothoe imbricata</i> (Linnaeus, 1767)	+	+	+	–	+	–
<i>Harmothoe reticulata</i> (Claparède, 1870)	+	+	–	–	+	–
<i>Pholoe inornata</i> Johnston, 1839	+	+	–	+	+	–
<i>Glycera tridactyla</i> Schmarda, 1861	+	+	–	–	–	–
<i>Nephtys hombergii</i> Savigny in Lamarck, 1818	–	–	+	–	–	–
<i>Alitta succinea</i> (Leuckart, 1847)	–	–	+	–	–	+
<i>Nereis zonata</i> Malmgren, 1867	+	+	–	+	+	–
<i>Perinereis cultrifera</i> (Grube, 1840)	+	+	+	+	–	–
<i>Platynereis dumerilii</i> (Audouin & Milne Edwards, 1833)	+	+	–	+	+	+
<i>Scolelepis (Parascolelepis) tridentata</i> (Southern, 1914)	–	–	+	–	–	–
<i>Spio filicornis</i> (Müller, 1776)	–	+	+	+	+	+
<i>Polydora cornuta</i> Bosc, 1802	+	–	+	–	+	+
<i>Dipolydora quadrilobata</i> (Jacobi, 1883)	+	–	–	–	–	–
<i>Prionospio cirrifera</i> Wirén, 1883	+	+	–	+	–	–
<i>Streblospio gynobranchiata</i> Rice & Levin, 1998	–	–	+	–	–	–
<i>Heteromastus filiformis</i> (Claparède, 1864)	+	+	+	–	–	–
<i>Capitella capitata</i> (Fabricius, 1780)	+	+	+	–	–	+
<i>Leiochone leiopygos</i> (Grube, 1860)	–	–	+	–	–	–
<i>Lagis neapolitana</i> (Claparède, 1869)	+	+	+	+	–	–
<i>Melinna palmata</i> Grube, 1870	–	–	+	–	–	–
<i>Amphitritides gracilis</i> (Grube, 1860)	–	–	–	+	+	–

Продовження табл. 2

1	2	3	4	5	6	7
Oligochaeta	-	+	+	-	-	+
<i>Phoronis euxinicola</i> Selys-Longchamps, 1907	+	+	+	-	-	-
<i>Pusillina lineolata</i> (Michaud, 1830)	-	-	+	-	-	-
<i>Rapana venosa</i> (Valenciennes, 1846)	-	-	+	+	+	+
<i>Bittium reticulatum</i> (da Costa, 1778)	+	+	+	-	+	-
<i>Mangelia costata</i> (Pennant, 1777)	+	-	+	-	-	-
<i>Anadara kagoshimensis</i> (Tokunaga, 1906)	+	-	+	-	-	+
<i>Mytilaster lineatus</i> (Gmelin, 1791)	+	+	+	+	+	+
<i>Mytilus galloprovincialis</i> Lamarck, 1819	+	+	+	+	+	+
<i>Lucinella divaricata</i> (Linnaeus, 1758)	+	+	-	-	-	-
<i>Loripes orbiculatus</i> Poli, 1795	+	-	-	-	-	-
<i>Kurtiella bidentata</i> (Montagu, 1803)	+	+	+	-	-	-
<i>Donax trunculus</i> Linnaeus, 1758	-	-	-	-	-	+
<i>Cerastoderma glaucum</i> (Bruguère, 1789)	-	+	+	-	+	-
<i>Parvicardium exiguum</i> (Gmelin, 1791)	+	+	+	+	-	-
<i>Pitar rudis</i> (Poli, 1795)	-	+	+	-	-	-
<i>Chamelea gallina</i> (Linnaeus, 1758)	+	+	+	+	-	+
<i>Polititapes aureus</i> (Gmelin, 1791)	-	-	+	-	-	-
<i>Spisula subtruncata</i> (da Costa, 1778)	-	-	+	-	-	-
<i>Abra segmentum</i> (Récluz, 1843)	-	+	+	-	-	+
<i>Abra nitida milachewichi</i> Neveeskaja, 1963	-	+	+	-	-	-
<i>Macomangulus tenuis</i> (da Costa, 1778)	-	-	-	-	-	+
<i>Mya arenaria</i> Linnaeus, 1758	-	-	+	-	-	-
<i>Amphibalanus improvisus</i> (Darwin, 1854)	+	+	+	-	+	+
<i>Athanas nitescens</i> (Leach, 1814)	+	-	-	-	-	-
<i>Diogenes pugilator</i> (Roux, 1829)	-	-	+	-	-	-
<i>Pisidia bluteli</i> (Risso, 1816)	+	-	-	-	-	-
<i>Pilumnus hirtellus</i> (Linnaeus, 1761)	+	+	-	-	-	-
<i>Rhithropanopeus harrisi</i> (Gould, 1841)	-	-	-	+	-	-
<i>Brachynotus sexdentatus</i> (Risso, 1827)	-	-	+	-	-	+
<i>Carcinus aestuarii</i> Nardo, 1847	-	-	-	-	-	+
<i>Iphinoe tenella</i> Sars, 1878	+	+	-	-	-	-
<i>Stenosoma capito</i> (Rathke, 1836)	+	+	-	-	-	-
<i>Ampelisca diadema</i> (Costa, 1853)	+	+	+	-	-	+
<i>Stenothoe monoculoides</i> (Montagu, 1813)	-	-	-	-	+	-
<i>Nototropis guttatus</i> Costa, 1853	-	-	-	-	+	+

Закінчення табл. 2

1	2	3	4	5	6	7
<i>Gammarus subtypicus</i> Stock, 1966	–	–	–	–	–	+
Gammaridae sp.	–	–	+	–	+	–
<i>Melita palmata</i> (Montagu, 1804)	+	+	–	–	–	+
<i>Dexamine spinosa</i> (Montagu, 1813)	–	–	–	–	+	+
<i>Microdeutopus gryllotalpa</i> Costa, 1853	+	+	+	+	+	+
<i>Crassikorophium bonellii</i> (H. Milne Edwards, 1830)	–	–	–	–	+	–
<i>Botryllus schlosseri</i> (Pallas, 1766)	–	–	–	–	+	–
Chordata	–	–	–	–	+	–
<b>Всього</b>	<b>38</b>	<b>37</b>	<b>42</b>	<b>17</b>	<b>27</b>	<b>23</b>

Для черепашки з піском Одеської банки характерне угруповання з домінуванням *P. cirrifera*, *M. lineatus* та *M. galloprovincialis*, яке нараховувало 37 таксонів, з середньою чисельністю  $9701 \pm 1871$  екз.·м<sup>-2</sup>, біомасою –  $1051,0 \pm 580,0$  г·м<sup>-2</sup>. *P. cirrifera* (27,2%) та *M. lineatus* (16,9%) переважали за чисельністю, *M. galloprovincialis* (84,2%) – за біомасою. Із видів-вселенців у даному угрупованні були зареєстровані поодинокі особини *A. improvisus*.

На замуленій черепащі Одеської банки зареєстровано досить різноманітне угруповання макрзообентосу з домінуванням *Spio filicornis* (Müller, 1776), *Melinna palmata* Grube, 1870, *M. galloprovincialis*, *Anadara kagoshimensis* (Tokunaga, 1906). Всього в ньому відмічено 42 таксони. Середні чисельність та біомаса склали  $9657 \pm 2299$  екз.·м<sup>-2</sup> та  $1287,4 \pm 283,4$  г·м<sup>-2</sup> відповідно. За чисельністю переважали *S. filicornis* (39,0%) та *M. palmata* (20,5%), за біомасою – *A. kagochimensis* (44,7%) та *M. galloprovincialis* (34,8%). У складі цього угруповання зареєстровано сім видів-вселенців – *Diadumene lineata* (Verrill, 1869), *P. cornuta*, *Streblospio gynobranchiata* Rice & Levin, 1998, *R. venosa*, *A. kagochimensis*, *Mya arenaria* Linnaeus, 1758 та *A. improvisus*. Серед них найбільш числено були представлені *P. cornuta* та *A. kagochimensis* (49,4% і 19,0% від загальної чисельності вселенців відповідно). *S. gynobranchiata* – недавній вселенець у Чорне море, в ПЗЧМ раніше був відмічений в Сухому лимані та пригирловому районі Дунаю [4, 13]. Наявність даного виду в районі Одеської банки свідчить про розширення його ареалу в ПЗЧМ.

В районі Дністровської банки на черепащі з піском відмічено відносно бідне угруповання (17 таксонів) з домінуванням дрібних поліхет. Його загальні чисельність та біомаса були найнижчими (рис. 4) і становили  $1066 \pm 183$  екз.·м<sup>-2</sup> та  $43,5 \pm 27,3$  г·м<sup>-2</sup> відповідно. За чисельністю переважали *Amphitritides gracilis* (Grube, 1860) (30,2%) та *S. folicornis* (27,1%), за біомасою – *A. gracilis* (30,1%) та *M. galloprovincialis* (27,9%). Із видів-вселенців траплялись поодинокі особини *R. venosa* та *Rhithropanopeus harrisi* (Gould, 1841).

На валунах Дністровської банки формувалось угруповання з домінуванням типових представників зоообростання в ПЗЧМ [1] – *M. galloprovincialis*, *M. lineatus* та *A. improvisus*. У його складі зареєстровано 27 таксонів макрозообентосу. Чисельність сягала  $11855 \pm 3509$  екз. $\cdot$ м<sup>2</sup>, біомаса –  $1784,2 \pm 378,0$  г $\cdot$ м<sup>2</sup>. Внесок мідії, мітілястера та амфібалянуса у формування загальної чисельності склав 33,4%, 30,1% та 16,5%, їхня частка у показнику загальної біомаси становила 38,4%, 21,1% та 31,2% відповідно. В угрупованні були присутні 4 види-вселенці – *D. lineata*, *P. cornuta*, *R. venosa* та *A. improvisus*. Високі показники чисельності та біомаси були характерними для *A. improvisus* ( $1954 \pm 308$  екз. $\cdot$ м<sup>2</sup>, біомаса –  $557,6 \pm 90,2$  г $\cdot$ м<sup>2</sup>).

На піску Дністровської банки зареєстровано угруповання з домінуванням *Chamelea gallina* (Linnaeus, 1758). Його структуру формували 23 таксони. Загальна чисельність складала  $2189 \pm 430$  екз. $\cdot$ м<sup>2</sup>, біомаса –  $2290,8 \pm 387,9$  г $\cdot$ м<sup>2</sup>. За чисельністю у даному угрупованні переважали *Ch. gallina* (32,0%) та *Donax trunculus* Linnaeus, 1758 (28,4%), за біомасою домінувала *Ch. gallina* (75,5%). Серед видів-вселенців були зареєстровані поодинокі особини *P. cornuta*, *R. venosa*, *A. kagochimensis* та *A. improvisus*.

Хижий вид-вселенець *R. venosa* був присутній у складі всіх угруповань Дністровської банки та на замуленій черепашці Одеської банки. Найбільша його щільність характерна для зоообростання валунів Дністровської банки, де зафіксували 6, 4 та 1 екземпляри у пробі, загальною вагою 186,4 г, 108,9 г та 27,6 г відповідно. Кількісний облік даного хижого виду-вселенця потребує відповідного методичного підходу, його присутність у зразках, відібраних бентосною рамкою малою площею, може нести суб'єктивний характер, та не дає надійних кількісних оцінок.

При попарному порівнянні структури виділених угруповань макрозообентосу (SIMPER-аналіз) встановлено, що найменшим рівнем неподібності характеризувались «мідійна щітка» (черепашка) та угруповання з домінуванням *P. cirrifera*, *M. lineatus* і *M. galloprovincialis* (черепашка, пісок) Одеської банки – всього 30,5%. При цьому основний внесок у достовірну відмінність цих угруповань вносили *M. galloprovincialis* (5,4%), чисельність якої була в 7 разів вищою у першому угрупованні, *Melita palmata* (Montagu, 1804) (6,0%), *P. cornuta* (5,9%), *A. kagochimensis* (4,4%), *Athanas nitescens* (Leach, 1814) (3,5%), що більшою чисельністю присутні в угрупованні «мідійної щітки» та були нечисленними або повністю відсутніми у порівняному угрупованні та ряд інших видів. Найбільший показник неподібності визначений для угруповань з домінуванням *S. filicornis*, *M. palmata* (Одеська банка, замулена черепашка) та дрібних поліхет на черепашці з піском (Дністровська банка) – 85,3%. Серед інших пар порівнюваних угруповань показник неподібності коливався від 60,2% до 80,2%.

В цілому угруповання макрозообентосу Одеської банки характеризувалися відносно високим біорізноманіттям. Показники  $\alpha$ -різноманіття виділених угруповань достовірно не відрізнялись, найвищі індекси Пієлу (*J*) та Шенону (*H'*) визначені в угрупованні черепашки з піском (табл. 3).

Таблиця 3

**Показники біорізноманіття угруповань макрозообентосу  
Одеської та Дністровської банок**

Район	Субстрат	$\alpha$ -різноманіття	Індекс Пієлу $J$	Індекс Шенону, $H'$ ( $\log_2$ )
Одеська банка	черепашка	28±2	0,71±0,01	3,40±0,02
	черепашка, пісок	26±3	0,75±0,01	3,53±0,08
	замулена черепашка	28±4	0,63±0,03	3,01±0,23
Дністровська банка	черепашка, пісок	9±1	0,76±0,09	2,34±0,24
	валуни	18±2	0,63±0,04	2,50±0,15
	пісок	13±1	0,70±0,03	2,61±0,18

Угрупування донних безхребетних, що формувалися на Дністровській банці, в порівнянні з угрупованнями Одеської банки, були біднішими та відрізнялися нижчими показниками  $\alpha$ -різноманіття та індексу Шенону ( $H'$ ), тоді як вирівняність за індексом Пієлу ( $J$ ) досліджених угруповань обох районів відрізнялася мало.

Інтенсивна евтрофікація з початку 1970-х років, призвела до значних коливань чисельності та біомаси домінуючих видів макрозообентосу, зміни структури угруповань та подекуди їхньої повної деградації [8]. Ще у 1977–1978 рр. майже дві третини Одеської банки займав біоценоз *M. galloprovincialis*, з чисельністю та біомасою 3610 екз.·м<sup>-2</sup> та 2635,9 г·м<sup>-2</sup> [9], з яких частка мідії становила відповідно 80,1% та 95,8%. Після ряду років з розвитком явищ задухи його структура суттєво змінилась. В 1983 р. загальна чисельність скоротилась до 923 екз.·м<sup>-2</sup>, біомаса – до 24,3 г м<sup>-2</sup>, а мідії – до 15 екз.·м<sup>-2</sup> та 1,5 г·м<sup>-2</sup> [9]. У складі біоценозу вже були відсутні *M. lineatus*, *Kurtiella bidentata* (Montagu, 1803), *Harmothoe imbricata* (Linnaeus, 1767), *H. reticulata* (Claparède, 1870). Типовий вид біоценозу *P. cirrifera* повністю був заміщений видом-опортуністом *P. cornuta*, значно зросла роль *Alitta succinea* (Leuckart, 1847) [9]. У сучасний період в угрупованні *M. galloprovincialis* на черепашці загальна чисельність та біомаса зообентосу були відповідно, в 3,9 та 2,6 разів вищі за показники біоценозу кінця 1970-х рр. Чисельність *M. galloprovincialis* не відрізнялася від періоду до розвитку явищ задухи, а її біомаса в 2,5 разів була вищою. В цілому значно зросла роль *M. lineatus*, в структурі знову присутні *H. imbricata* та *H. reticulata*, не реєструється *A. succinea*, за чисельністю домінує *P. cirrifera*, але в значній кількості присутня і *P. cornuta*. На черепашці з піском, де *M. galloprovincialis* переважає за біомасою, найбільш численно розвиваються дрібні *M. lineatus* та *P. cirrifera*. Таким чином в сучасний період на Одеській банці угруповання ма-



крозообентосу з домінуванням *M. galloprovincialis* формують характерні для нього види кінця 1970-х років, при цьому в його структурно-функціональній організації значно зросла роль дрібнорозмірних видів безхребетних.

З початку 2000-х рр. суттєві зміни в структурі угруповань макрозообентосу спостерігаються і на інших ділянках ПЗЧМ. В Одеському морському регіоні відбувається відновлення виду *M. palmata* та однойменного біоценозу [6, 7], на піщаних субстратах Одеського морського регіону та Одеської банки формується біоценоз *Ch. gallina*. Нами угруповання хамелії зареєстровано на піску Дністровської банки, в якому її чисельність становила  $700 \pm 190$  екз. $\cdot$ м<sup>-2</sup> і достовірно не відрізнялась від чисельності в біоценозі Одеського морського регіону ( $854$  екз. $\cdot$ м<sup>-2</sup>) [7], при цьому її біомаса на банці була в 3,4 рази вищою і сягала  $1730,4 \pm 504,8$  г $\cdot$ м<sup>-2</sup>. Особливістю угруповання на Дністровській банці став масовий розвиток *D. trunculus*, який у складі біоценозу *Ch. gallina* Одеського морського регіону та Одеської банки не реєстрували.

### Висновки

1. На різних типах субстрату Одеської та Дністровської банок з застосуванням кластерного аналізу виділено 6 достовірно відмінних за структурою угруповань макрозообентосу.

2. Найвищі чисельність ( $14075 \pm 1091$  екз. $\cdot$ м<sup>-2</sup>) та біомаса ( $6905,7 \pm 623,1$  г $\cdot$ м<sup>-2</sup>) макрозообентосу зареєстровані на черепашці Одеської банки, найнижчі – на черепашці з піском Дністровської банки ( $1066 \pm 183$  екз. $\cdot$ м<sup>-2</sup> та  $43,5 \pm 27,3$  г $\cdot$ м<sup>-2</sup> відповідно).

3. Макрозообентос Одеської банки відрізнявся високим біорізноманіттям, максимальний Індекс Шенону ( $H'$ ) сягав  $3,53 \pm 0,08$  біт $\cdot$ особина<sup>-1</sup> в угрупованні з домінуванням *Prionospio cirrifera*, *Mytilaster lineatus* і *Mytilus galloprovincialis*. Найнижчий його показник склав  $2,34 \pm 0,24$  біт $\cdot$ особина<sup>-1</sup> в угрупованні дрібних поліхет Дністровської банки.

4. На Одеській банці в угрупованні мідії відмічені характерні для нього види кінця 1970-х рр., але значно зросла роль дрібних безхребетних. На піску Дністровської банки зареєстроване угруповання *Chamelea gallina*, в якому масово розвивається *Donax trunculus*. Стан досліджених угруповань відображає тенденції змін структурної організації макрозообентосу північно-західної частини Чорного моря, що відбуваються в сучасний період.

Стаття надійшла до редакції 14.10.2022

### Список використаної літератури

1. Александров Б. Г. Гидробиологические основы управления состоянием прибрежных экосистем Черного моря / Б. Г. Александров. – Киев: Наукова думка, 2008–341 с.
2. Бондаренко А. С. Таксоцен полихет в приустьевом взморье реки Дунай / Бондаренко А. С. // Морський екологічний журнал. – 2011, Отд. вып., № 2. – С. 11–16.
3. Виноградов А. К. Экологические закономерности распределения морской прибрежной ихтиофауны (Черноморско-Азовский бассейн) / А. К. Виноградов, Ю. И. Богатова, И. А. Синегуб, С. А. Хуторной. – Одесса: Астропринт, 2017. – 416 с.
4. Виноградов А. К. Роль портов и судоходства в формировании морских биот (неполносолёные моря Европы) / А. К. Виноградов, Ю. И. Богатова, И. А. Синегуб. – Одесса, Астропринт, 2018. – 500 с.
5. Виноградов А. К. Экология морских портов (Черноморско-Азовский бассейн) / А. К. Виноградов, Ю. И. Богатова, И. А. Синегуб. – Одесса, Астропринт, 2014. – 568 с.
6. Воробьева Л. В. Одесский регион Черного моря: гидробиология пелагиали и бентали / Л. В. Воробьева, И. И. Кулакова, И. А. Синегуб [и др.] – Одесса: Астропринт, 2017. – 324 с.
7. Воробьева Л. В. Зообентос биоценозов Одесского морского региона Черного моря / Л. В. Воробьева, И. А. Синегуб // Экосистемы, их оптимизация и охрана. – 2014. – Вып. 11. – С. 198–206.
8. Зайцев Ю. П., Александров Б. Г., Миничева Г. Г. и др. Северо-западная часть Черного моря: биология и экология / Под ред.: Ю. П. Зайцев, Б. Г. Александров, Г. Г. Миничева. – Киев: Наукова думка, 2006. – 700 с.
9. Лосовская Г. В. Сукцессионные изменения биоценоза мидии в северо-западной части Черного моря как отражение флуктуации численности и биомассы руководящего вида под влиянием заморозов / Г. В. Лосовская // Экология моря. – 1988. – Вып. 28. – С. 33–35.
10. Лоція Чорного та Азовського морів на воді України № 101 / Київ, 2005. – 320 с.
11. Сафранов Т. А., Чугай А. В., Берлінський М. А. та ін. Стан і якість природного середовища прибережної зони Північно-Західного Причорномор'я / за ред. Т. А. Сафранова, А. В. Чугай. – Харків: ФОП Панов А. М., 2017. – 298 с.
12. Фесюнов О. Е. Геоэкология северо-западного шельфа Черного моря / О. Е. Фесюнов. – Одесса: Астропринт, 2000. – 100 с.
13. Radashevsky V. I., Records of *Polydora cornuta* and *Streblospio gynobranchiata* (Annelida, Spionidae) from the Black Sea / V. I. Radashevsky, Zh. P. Selifonova // Mediterranean Marine Science. – 2013. – No.14 (2). – P. 261–269.

### О. С. Бондаренко<sup>1</sup>, В. В. Заморов<sup>2</sup>

<sup>1</sup>ДУ «Інститут морської біології НАН України», відділ екології крайових угруповань, вул. Пушкінська, 37, Одеса, Україна,  
e-mail: olena.bondarenko@gmail.com

<sup>2</sup>Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,  
біологічний факультет, кафедра зоології, гідробіології та загальної екології,  
вул. Дворянська, 2, Одеса, Україна, e-mail: v.zamorov@onu.edu.ua

### СТРУКТУРА МАКРОЗООБЕНТОСУ ОДЕСЬКОЇ ТА ДНІСТРОВСЬКОЇ БАНОК (ПІВНІЧНО-ЗАХІДНА ЧАСТИНА ЧОРНОГО МОРЯ)

#### Резюме

**Проблема.** Підводні банки впливають на розподіл риб наявністю певних оселищ та кормових ресурсів, значна частина яких продукується в угрупованнях макрозообентосу, сформованих в різних біотопах. На сьогодні дані про стан та структуру макрозообентосу Одеської та Дністровської банок в сучасний період майже відсутні.

**Мета.** Метою роботи було визначення структури угруповань макрозообентосу на різних типах субстрату Одеської та Дністровської банок в сучасних умовах.

**Методика.** Матеріал збирали в районах Одеської та Дністровської банок рамкою кількісного обліку площею 10×10 см. з використанням легкого водолазного спорядження. В лабораторії проби обробляли у відповідності до загальноприйнятої методики. Математичне опрацювання даних проводили з використанням методів багатовимірної статистики.

**Основні результати.** На різних типах субстрату Одеської та Дністровської банок виділено шість достовірно відмінних за структурою угруповань макрозообентосу. Макрозообентос Одеської банки характеризується високими показниками чисельності, біомаси та індексами біорізноманіття, в порівнянні з угрупованнями Дністровської банки. В складі угруповання з домінуванням *Mytilus galloprovincialis* Одеської банки присутні види, які були характерні для нього до періоду розвитку явищ задухи. В угрупованні зростає роль *Mytilaster lineatus*, *Prionospio cirrifera*, не траплявся *Alitta succinea*. Угруповання з домінуванням *Chamelea gallina* на Дністровській банці характеризується значною біомасою та високою рясністю *Donax trunculus*.

**Висновки.** В районі Одеської та Дністровської банок розвиваються угруповання макрозообентосу з достовірно відмінною структурою. Їхній стан відображає тенденції структурних змін макрозообентосу в північно-західній частині Чорного моря в сучасний період.

**Ключові слова:** макрозообентос; структура; Одеська банка; Дністровська банка; північно-західна частина Чорного моря

**O. S. Bondarenko<sup>1</sup>, V. V. Zamorov<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> Institute of Marine Biology of the NAS of Ukraine, Department of Ecology of Marginal Communities, 37 Pushkinska St., Odesa, 65048 Ukraine, e-mail: olena.bondarenko@gmail.com

<sup>2</sup> Odesa I. I. Mechnikov National University, Faculty of Biology, Department of Zoology, Hydrobiology and General Ecology, 2 Dvorianska Str., Odesa, Ukraine, e-mail: v.zamorov@onu.edu.ua

## STRUCTURE OF MACROZOOBENTHOS COMMUNITIES ON ODES'KA AND DNISTROVS'KA BANKS (NORTH-WESTERN PART OF THE BLACK SEA)

### Abstract

**Introduction.** Underwater banks influence the distribution of fish due to the presence of certain habitats and feed resources, a significant part of which is produced in macrozoobenthos biocenoses formed in different biotopes. There exist very little data on the state and structure of the macrozoobenthos of Odes'ka and Dnistrovs'ka banks in the modern period.

**Aim.** The purpose of the work was to determine the structure of macrozoobenthos groupings on different types of substrate of Odes'ka and Dnistrovs'ka banks in modern conditions.

**Methods.** The material was collected in the districts of Odes'ka and Dnistrovs'ka banks with a 10×10 cm area quantitative accounting frame using light diving equipment. In the laboratory, the samples were processed in accordance with the

generally accepted methodology. Mathematical data processing was carried out with the introduction of multivariate statistics methods.

**Results.** On different types of the substrate of Odes'ka and Dnistrovs'ka banks, six communities of macrozoobenthos which significantly differed in structure were identified. The macrozoobenthos of Odes'ka Bank is characterized by high abundance, biomass and biodiversity indices compared to the macrozoobenthos of Dnistrovs'ka Bank. In the community of *Mytilus galloprovincialis* on Odes'ka Bank, species that were present in it before the period of intensive development of hypoxia were registered. In this community, the abundance of *Mytilaster lineatus*, *Prionospio cirrifera* increased, *Alitta succinea* was not found. The community of *Chamelea gallina* in Odes'ka Bank is characterized by high biomass and high abundance of *Donax trunculus*.

**Conclusion.** The structure of macrozoobenthos communities in the area of the Odes'ka and Dnistrovs'ka banks is significantly different. Their state reflects the trend of structural changes in macrozoobenthos in the northwestern part of the Black Sea in the modern period.

**Key words:** macrozoobenthos; structure; Odes'ka bank; Dnistrovs'ka bank; northwestern part of the Black Sea

## References

1. Aleksandrov B. G. (2008) *The Hydrobiological basis for managing of the Black Sea coastal ecosystems state* [Hidrobiolohicheskie osnovy upravleniia sostoianiem pribrezhnykh ekosystem Chernoho moria], Kyiv, Naukova dumka, 341 p.
2. Bondarenko O. S. (2011) *Polychaete taxocene in the seaside estuary of Danube River* [Taksotsen polikhet v priustevom vzmore reki Dunai], *Morskyi ekolohichnyi zhurnal*, 2, pp 11–16.
3. Vinogradov A. K. Bogatova Yu. I., Synyogub I. A., Khutornoi S. A. (2017) *Ecological patterns of marine littoral ichthyofauna distribution (the Black-Azov seas basin)* [Ekolohicheskie zakonomernosti raspredeleniia morskoi pribrezhnoi ikhtiofauny (Chernomorsko-Azovskii bassein)], Odesa, Astroprint, 416 p.
4. Vinogradov A. K. Bogatova Yu. I., Synyogub I. (2018) *The role of ports and shipping in the formation of marine biota* [Rol portov i sudokhodstva v formirovanii morskikh biot (nepolnsolenye moria evropy)], Odesa, Astroprint, 500 p.
5. Vinogradov A. K. Bogatova Yu. I., Synyogub I. A. (2014) *Marine ports ecology (the Black-Azov basin)* [Ekolohiia morskikh portov (Chernomorsko-Azovskii bassein)], Odesa, Astroprint, 568 p.
6. Vorobyova L. V., Kulakova I. I., Synyogub I. A. (2017) *Odessa region of the Black Sea: hydrobiology of pelagic and benthic areas* [Odesskyi rehion Chernoho moria: hidrobiolohiia pelahiali i bentali], Odesa, Astroprint, 324 p.
7. Vorobyova L. V., Synyogub I. A. (2014) *Zoobenthos of biocenoses of Odessa marineregion of the Black Sea* [Zoobentos biotsenozov Odesskoho morskoho rehiona Chernoho moria], *Ekosistemy, ikh Optimizatsiia i Okhrana*, 11, pp 198–206.
8. Zaitsev Yu. P., Aleksandrov B. G., Minicheva G. G. et al. (2006) *Northwestern part of the Black Sea: biology and ecology* [Severo-zapadnaia chast Chernoho moria: biolohiia i ekolohiia], Kyiv, Naukova dumka, 700 p.
9. Losovskaya G. V. (1988) «Successional changes in the biocenosis of mussels in the northwestern part of the Black Sea as a reflection of fluctuations in the abundance and biomass of the leading species under the influence of anoxia» [«Suktsessionnye izmeneniia biotsenoza midii v severo-zapadnoi chasti Chernoho moria kak otrazhenie fliuktuatsii chyslennosti y biomassy rukovodiashcheho vida pod vliianiem zamorov»], *Ekolohiia moria*, pp 33–35.
10. *Lotsia of the Black and Azov Seas to the waters of Ukraine № 101* (2005) [Lotsiia Chornoho ta Azovskoho moriv na vody Ukrainy], Kyiv, 320 p.
11. Safranov T. A., Chuhai A. V., Berlinskii M. A. et al. (2017) *State and quality of the natural environment of the coastal zone of the North-Western Black Sea region* [Stan i yakist pryrodnoho seredovyscha priberezhnoi zony Pivnichno-Zakhidnoho Prychornomia], Kharkiv, 298 p.
12. Fesiunov O. E. (2000) *Geoecology of the northwestern shelf of the Black Sea* [Heoekolohiia severo-zapadnoho shelfa Chernoho moria], 100 p.
13. Radashevsky V. I., Selifonova Zh. P. (2013) Records of *Polydora cornuta* and *Streblospio gynobranchiata* (Annelida, Spionidae) from the Black Sea, *Mediterranean Marine Science*. No.14 (2), p. 261–269.

# ЗООЛОГІЯ





[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268546](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268546)

УДК 595.4: 591.16 (477.74)

**О. Ф. Делі**, к. б. н., доцент

**С. Я. Підгорна**, к. б. н., доцент

**К. Й. Черничко**, к. б. н., доцент

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова,

біологічний факультет,

кафедра зоології, гідробіології та загальної екології, вул. Дворянська, 2,

Одеса, Україна, e-mail: delijka@ukr.net

## ПАВУКИ (ARACHNIDA, ARANEI) ТИЛІГУЛЬСЬКОГО ЛИМАНУ ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ (УКРАЇНА)

В статті наведено інформацію про видовий склад павуків Тилігульського лиману Одеської області. За період дослідження в 2016 та 2020 роках виявлено 57 видів павуків з 22 родин, з яких 42 види вперше відмічені для Тилігульського лиману. Вперше для Одеської області зареєстровано три види павуків: *Zelotes eugenei* Kovblyuk, 2009, *Zelotes longipes* (L. Koch, 1866) та *Clubiona pseudoneglecta* Wunderlich, 1994. До видів домінантів Тилігульського лиману можна віднести такі види павуків: *Argiope bruennichi*, *Pardosa lugubris*, *Misumena vatia* та *Runcinia grammica*. До субрецидентів досліджуваного регіону відносяться: *Atypus muralis*, *Agroeca brunnea* та *Eresus kollari*.

**Ключові слова:** павуки; Тилігульський лиман; Одеська область

Павуки один з великих рядів членистоногих, які зустрічаються у багатьох біотопах та різних кліматичних зонах. Павуки – неспеціалізовані хижаки з коротким життєвим циклом, які можуть використовуватись як зручна модельна група для встановлення фундаментальних закономірностей з екології та біогеографії [11]. Детальні знання про екологію та різноманітність павуків складають наукову базу для біологічної індикації, природоохоронних заходів, екологічного моніторингу та прогнозування, у тому числі довготривалих [6, 9].

Саме тому, вивчення видового складу павуків трансформованих територій та порівняння з цілиніми ділянками має дуже важливе теоретичне та практичне значення для збереження та моніторингу стану біоценозів. Прилеглі території Тилігульського лиману характеризуються наявністю різних біоценозів, в тому числі цілиніх. Видовий склад павуків Тилігульського лиману за літературними джерелами налічує 60 видів павуків, які відносяться до 12 родин [1, 2]. Метою роботи було продовження вивчення аранеофауни різних біоценозів Тилігульського лиману Одеської області.

### Матеріал та методи дослідження

Дослідження проводили на узбережжі Тилігульського лиману (околиці с. Любопілля ( $46^{\circ}43'15''$  пн. ш.  $31^{\circ}06'09''$  сх. д.) та с. Ранжево ( $46^{\circ}44'41''$  пн. ш.  $31^{\circ}04'38''$  сх. д.)) Одеської області в 2016 році з квітня по жовтень та в 2020 році з квітня по вересень (рис. 1). Тилігульський лиман є одним із найбільших у північно-західному Причорномор'ї. Лиман розташований на межі Одеської та Миколаївської областей. Тилігульський лиман є водоймою закритого типу з площею водного дзеркала близько  $170 \text{ км}^2$ . Площа його водозбору становить  $5240 \text{ км}^2$ , середньорічний об'єм води сягає  $250\text{--}600$  млн.  $\text{м}^3$  [3].

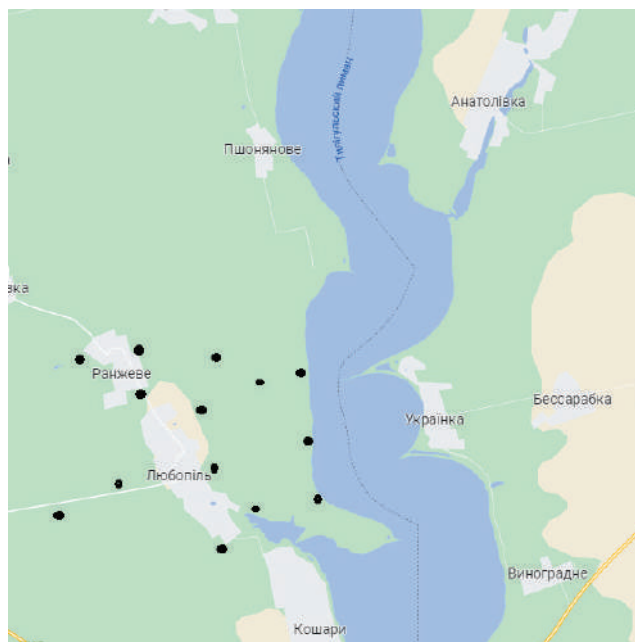


Рис. 1. Карта району дослідження [www.google.com],  
● – відмічені точки відбору матеріалу

Матеріал збирали в різних біотопах: агроценози (поля ячменю, пшениці, кукурудзи, рапсу), покинутий піщаний кар'єр, присадибні ділянки, будівлі, прилиманські схили, цілинні ділянки, лісосмуги (рис. 2).

Під час дослідження використано стандартні методи збору павуків, а саме ґрунтові пастки Барбера, ручний збір, косіння ентомологічним сачком [4].

Для визначення павуків використовували стереоскопічний мікроскоп МБС-10. Видову приналежність павуків визначали за ключами, які наведені в електронному визначнику [7]. Для встановлення ступеня подібності видових списків використовували індекс подібності Чекановського-Соренсена (ICS)





Рис. 2. Основні біотопи району дослідження (авторські фото)

[5]. Класи домінування встановлювали за системою Stöcker & Bergmann [10]: 31,7–100% – еудомінанти, 10,1–31,6% – домінанти, 3,2–10,0% – субдомінанти, 1,1–3,1% – рецеденти, < 1% – субрецеденти.

**Результати.** За період дослідження в 2016 та 2020 роках було виявлено 57 видів павуків з 22 родин, з яких 42 види вперше відмічені для Тилігульського лиману (табл. 1). Вперше в Одеській області зареєстровано три види павуків *Zelotes eugenei* Kovblyuk, 2009, *Zelotes longipes* (L. Koch, 1866) та *Clubiona pseudoneglecta* Wunderlich, 1994. Слід зауважити, що зазначені вище види раніше вказані для території Лівобережної України [8].

Найбільша кількість видів павуків була відмічена з родин: Araneidae (14% від загальної кількості), Lycosidae (14%), Thomisidae (10,5%) та Gnaphosidae (10,5%) (рис. 3). Павуки родини Theridiidae склали 7% від загальної кількості, родина Salticidae – 5%. По два види павуків (що склало по 3,5% для кожної родини відповідно) було визначено з родин: Agelenidae, Cheiracanthiidae, Dictynidae, Linyphiidae, Philodromidae, Pisauridae (рис. 3). Представники інших родин павуків, які були зареєстровані в районі дослідження, були відмічені поодинокими екземплярами і їх кількість становила 1,8% для кожної родини відповідно.

Таблиця 1

**Видовий склад та біотопічний розподіл павуків  
Тилігульського лиману**

Родина, види	Біотопи					
	Агроценози	Схили	Піщаний кар'єр	Будівлі	Цілині ділянки	Лісосмуги
<i>1</i>	<i>2</i>	<i>3</i>	<i>4</i>	<i>5</i>	<i>6</i>	<i>7</i>
<b>Agelenidae</b>						
<i>Agelena labyrinthica</i> (Clerck, 1757)*	+	+	–	–	+	+
<i>Tegenaria domestica</i> (Clerck, 1757)*	–	–	–	+	–	
<b>Araneidae</b>						
<i>Aculepeira ceropegia</i> (Walckenaer, 1802)*	+	+	–	–	–	+
<i>Araneus angulatus</i> Clerck, 1757*	+	+	–	+	+	+
<i>Araneus diadematus</i> Clerck, 1757*	+	+	–	+	+	+
<i>Araneilla cucurbitina</i> (Clerck, 1757)	+	–	–	–	+	+
<i>Argiope bruennichi</i> (Scopoli, 1772)	+	–	–	–	+	–
<i>Hypsosinga pygmaea</i> (Sundevall, 1831)	+	+	–	–	+	–
<i>Larinioides cornutus</i> (Clerck, 1757)	+	+	–	+	+	–
<i>Larinioides suspicax</i> (O. Pickard-Cambridge, 1876)*	+	+	–	–	–	–
<b>Atypidae</b>						
<i>Atypus muralis</i> Bertkau, 1890*	–	–	+	–	–	–
<b>Cheiracanthiidae</b>						
<i>Cheiracanthium mildei</i> L. Koch, 1864	+	+	–	–	–	–
<i>Cheiracanthium punctorium</i> (Villers, 1789)*	+	+	–	–	+	+
<b>Clubionidae</b>						
<i>Clubiona pseudoneglecta</i> Wunderlich, 1994**	–	–	+	–	–	+
<b>Dictynidae</b>						
<i>Dictyna arundinacea</i> (Linnaeus, 1758)*	+	+	+	–	+	–
<i>Dictyna uncinata</i> Thorell, 1856*	–	+	–	–	–	+

продовження табл. 1

1	2	3	4	5	6	7
<b>Dysderidae</b>						
<i>Dysdera crocata</i> C.L. Koch, 1838*	-	-	-	+	-	-
<b>Eresidae</b>						
<i>Eresus kollari</i> Rossi, 1846*	-	-	+	-	+	-
<b>Gnaphosidae</b>						
<i>Drassodes cupreus</i> (Blackwall, 1834)	+	+	-	-	+	+
<i>Drassodes villosus</i> (Thorell, 1856)*	-	-	-	-	+	-
<i>Gnaphosa taurica</i> Thorell, 1875*	-	+	-	-	+	-
<i>Haplodrassus signifer</i> (C.L. Koch, 1839)*	-	+	+	-	+	-
<i>Zelotes eugenei</i> Kovblyuk, 2009**	-	-	-	-	+	-
<i>Zelotes longipes</i> (L. Koch, 1866)**	-	-	-	-	+	-
<b>Linyphiidae</b>						
<i>Linyphia tenuipalpis</i> Simon, 1884*	-	-	-	-	-	+
<i>Linyphia triangularis</i> (Clerck, 1757)*	+	-	-	-	-	+
<b>Liocranidae</b>						
<i>Agroeca brunnea</i> (Blackwall, 1833)*	-	-	+	-	-	-
<b>Lycosidae</b>						
<i>Geolycosa vultuosa</i> (C.L. Koch, 1838)*	+	-	+	-	+	-
<i>Lycosa singoriensis</i> (Laxmann, 1770)	+	+	-	-	+	-
<i>Pardosa agrestis</i> (Westring, 1861)	-	+	-	-	+	-
<i>Pardosa lugubris</i> (Walckenaer, 1802)	+	+	-	-	+	+
<i>Pardosa prativaga</i> (L. Koch, 1870)	+	-	-	-	+	-
<i>Trochosa ruricola</i> (De Geer, 1778)	+	-	-	-	+	-
<i>Trochosa terricola</i> Thorell, 1856*	-	+	-	-	+	+
<i>Xerolycosa nemoralis</i> (Westring, 1861)*	+	+	-	-	+	-

продовження табл. 1

1	2	3	4	5	6	7
<b>Mimetidae</b>						
<i>Ero tuberculata</i> (De Geer, 1778)*	-	+	-	-	-	-
<b>Oxyopidae</b>						
<i>Oxyopes heterophthalmus</i> (Latreille, 1804)*	-	+	-	-	+	-
<b>Philodromidae</b>						
<i>Philodromus cespitum</i> (Walckenaer, 1802)*	-	+	-	-	+	-
<i>Tibellus maritimus</i> (Menge, 1875)*	-	+	-	-	-	-
<b>Pholcidae</b>						
<i>Pholcus phalangioides</i> (Fuesslin, 1775)*	-	-	-	+	-	-
<b>Pisauridae</b>						
<i>Pisaura mirabilis</i> (Clerck, 1757)*	+	-	-	-	+	-
<i>Pisaura novicia</i> (L. Koch, 1878)*	-	+	-	-	-	-
<b>Salticidae</b>						
<i>Heliophanus flavipes</i> (Hahn, 1832)*	-	+	-	-	+	-
<i>Salticus scenicus</i> (Clerck, 1757)*	-	-	-	+	-	-
<i>Salticus zebraneus</i> (C.L. Koch, 1837)*	-	-	-	+	-	+
<b>Scytodidae</b>						
<i>Scytodes thoracica</i> (Latreille, 1802)*	-	-	-	+	-	-
<b>Tetragnathidae</b>						
<i>Tetragnatha extensa</i> (Linnaeus, 1758)	+	+	-	-	-	+
<b>Theridiidae</b>						
<i>Latrodectus tredecimguttatus</i> (Rossi, 1790)*	+	+	-	-	-	-
<i>Steatoda albomaculata</i> (De Geer, 1778)*	-	+	+	+	-	-
<i>Steatoda castanea</i> (Clerck, 1757)*	-	-	-	+	-	-

закінчення табл. 1

<i>Steatoda triangulosa</i> (Walckenaer, 1802)*	–	–	–	+	–	–
<b>Thomisidae</b>						
<i>Misumena vatia</i> (Clerck, 1757)	+	+	–	–	+	–
<i>Ozyptila trux</i> (Blackwall, 1846)*	–	–	–	–	+	–
<i>Runcinia grammica</i> (C. L. Koch, 1837)	+	+	–	–	+	–
<i>Thomisus onustus</i> Walckenaer, 1805*	+	+	–	–	+	–
<i>Xysticus kochi</i> Thorell, 1872	+	+	–	–	+	–
<i>Xysticus ulmi</i> (Hahn, 1831)*	–	–	–	–	+	+
<b>Всього</b>	<b>27</b>	<b>32</b>	<b>7</b>	<b>12</b>	<b>34</b>	<b>16</b>

Примітка: “–” немає знахідок, “+” є знахідки, \* – вид вперше відмічений для району дослідження, \*\* – вид вперше відмічений для Одеської області.

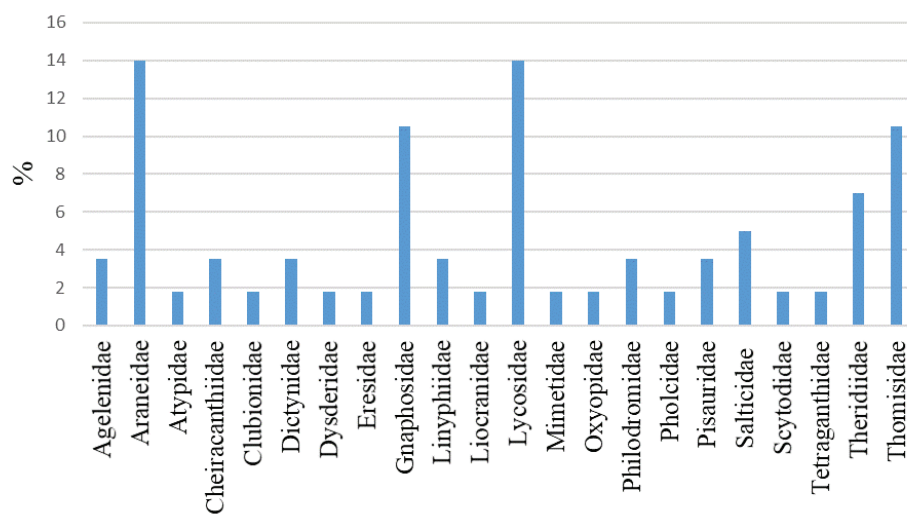


Рис. 3. Представленість родин павуків району дослідження

Аналіз біотопічного розподілу вказує на нерівномірність біотопічної приуроченості видів. Найбільша кількість видів павуків була відмічена на цілих ділянках – 34 види (табл. 1). На цілих ділянках за кількістю видів павуків домінували родини: Araneidae, Gnaphosidae, Lycosidae та Thomisidae (рис. 4).

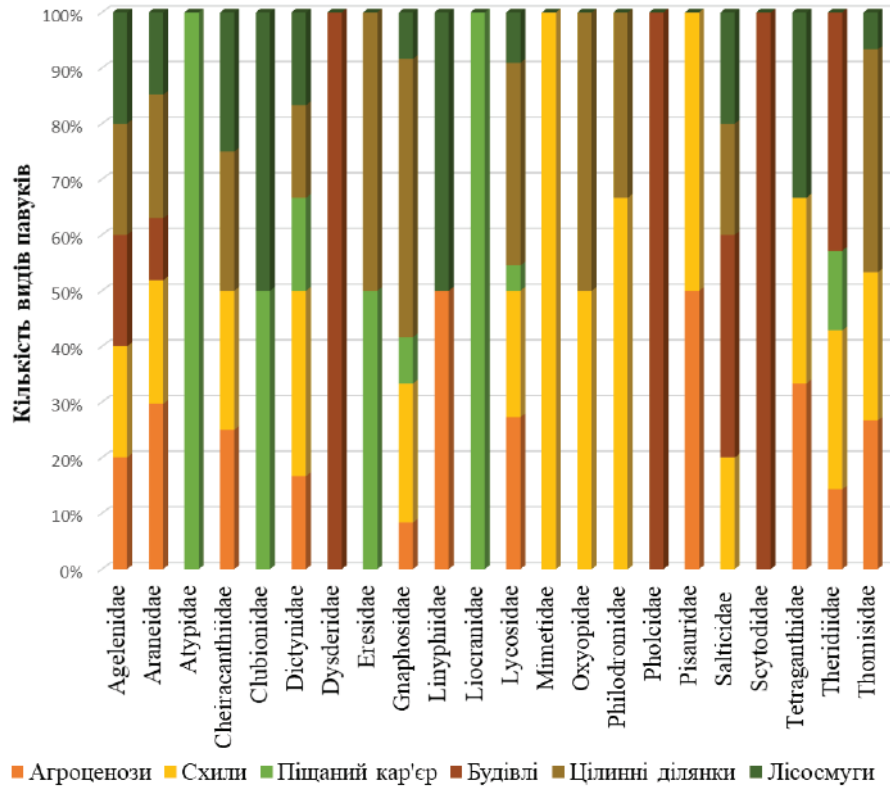


Рис. 4. Видова представленість родин павуків в досліджених біотопах прилеглих територій Тилігульського лиману

Представники інших родин павуків були в даному біотопі представлені поодинокими екземплярами (рис. 4).

На другому місці за кількістю видів павуків знаходяться прилиманські схили, де було відмічено 32 види (табл. 1). Найбільшу кількість видів павуків в цьому біотопі було виявлено з родин: Araneidae, Lycosidae та Thomisidae (рис. 4). В агроценозах знайдено 27 видів павуків, переважна кількість з яких представники родини Araneidae та Lycosidae (табл. 1, рис. 4). В лісосмугах було виявлено 16 видів павуків, переважно з родини Araneidae. Синантропні павуки були представлені 12 видами з 6 родин (табл. 1). Найменша кількість видів павуків була відмічена в покинутому піщаному кар'єрі – 7 видів.

За індексом подібності було встановлено, що за видовим складом павуків, найбільш подібні між собою цілині ділянки-агроценози, агроценози-схили та цілині ділянки-схили (табл. 2).

Найнижча подібність видових угруповань павуків була відмічена в будівлях та у піщаного кар'єру з усіма біотопами (табл. 2).

Таблиця 2

**Індекс подібності досліджених біотопів  
Тилігульського лиману**

	Агроценози	Схили	Піщаний кар'єр	Будівлі	Цілинні ділянки	Лісосмуги
Агроценози	-	0,68	0,12	0,12	0,69	0,46
Схили	0,68	-	0,15	0,18	0,61	0,42
Піщаний кар'єр	0,12	0,15	-	0,1	0,19	0,09
Будівлі	0,12	0,18	0,1	-	0,13	0,21
Цілинні ділянки	0,69	0,61	0,19	0,13	-	0,36
Лісосмуги	0,46	0,42	0,09	0,21	0,36	-

Найбільша кількість екземплярів павуків в зборах відмічалась на цілинних ділянках, найменша кількість була відмічена в піщаному кар'єрі.

До видів домінантів Тилігульського лиману можна віднести такі види павуків: *Argiope bruennichi*, *Pardosa lugubris*, *Misumena vatia* та *Runcinia grammica*. До субрецентів досліджуваного регіону відносяться: *Atypus muralis*, *Agroeca brunnea* та *Eresus kollari*.

Представлені дослідження значно розширили видовий список павуків Тилігульського лиману. Враховуючі попередні дослідження [1, 2] в інших населених пунктах узбережжя, на сьогодні аранеофауна Тилігульського лиману налічує близько 120 видів павуків з 22 родин.

### Висновки

1. В 2016 та 2020 роках на узбережжі Тилігульського лиману було виявлено 57 видів павуків з 22 родин, з них 42 види вперше відмічені для Тилігульського лиману.

2. Вперше в Одеській області зареєстровано три види павуків: *Zelotes eugenei* Kovblyuk, 2009, *Zelotes longipes* (L. Koch, 1866) та *Clubiona pseudoneglecta* Wunderlich, 1994.

3. Найбільша кількість павуків є представниками родин: Araneidae (14% від загальної кількості), Lycosidae (14%), Thomisidae (10,5%) та Gnaphosidae (10,5%).

4. Найбільша кількість видів павуків була відмічена на цілинних ділянках – 34 видів, найменша – в покинутому піщаному кар'єрі, 7 видів.

5. За результатами дослідження збільшено список павуків Тилігульського лиману до 120 видів.

Стаття надійшла до редакції 05.08.2022

### Список використаної літератури

1. Дели О.Ф. Фауна и экология пауков склоновых местообитаний Тилигульского лимана / О.Ф. Дели, В.Ф. Микитюк, С.Ф. Ужевская, В.Н. Портянко // Вісник Одеського національного університету імені І.І. Мечникова. Серія «Біологія». – 2008. – Т. 13. – В. 14. – С. 121–127.
2. Делі О.Ф. Павуки як агенти біологічного контролю на полях Одеської області / О. Ф. Делі, В.А. Трач // Аграрна наука: стан та перспективи розвитку: збірник тез Першої науково-практичної конференції (наукове електронне видання), 26 березня 2021 р. – Одеса: ОДАУ, 2021. – С. 12–13.
3. Ковтун О.А. Фитобентос Тилигульского лимана (Черное море, Украина) / О.А. Ковтун. – Sarbrücken: LAP LAMBERT Academic Publishing, 2012. – 353 с.
4. Методичні вказівки до великого спеціального курсу. Розділ «Павуки» для студентів 3 курсу денної форми навчання / О.Ф. Делі, С.Я. Підгорна, Д.А. Ківганов. – Одеса: чп «Майн-Рейн-Круиз», 2015. – 20 с.
5. Песенко Ю.А. Принципы и методы количественного анализа в фаунистических исследованиях / Ю.А. Песенко – М.: Наука, 1982. – 288 с.
6. Cardoso P. The use of Arachnids (Class Arachnida) in biodiversity evaluation and monitoring of Natural Areas / P. Cardoso. – Lisboa: Universidade de Lisboa, 2004. – 160 pp.
7. Nentwig W. Araneae – Spiders of Europe / W. Nentwig, T. Blick, D. Gloor, A. Hänggi, C. Kropf // – Електр. дан. – Режим доступу: <https://www.araneae.nmbe.ch>, accessed on {date of access}. – (дата звернення 20.07.2022). – Загол. з екрана.
8. Polchaninova N. Yu. An updated checklist of spiders (Arachnida: Araneae) of Left-Bank Ukraine / N. Yu Polchaninova, E. V. Prokopenko // Arachnologische Mitteilungen / Arachnology Letters. – 2019. – Vol. 57. – P. 60–64.
9. Scott A. G. Epigeic spiders as ecological indicators of conservation value for peat bogs / A. G. Scott, G. S. Oxford, P. A. Selden // Biological Conservation. – 2006. – Vol. 127, № 4. – P. 420–428.
10. Stöcker G. Ein Modell der Dominanzstruktur und seine Anwendung / G. Stöcker, A. Bergmann // Arch. Natursh. Landschaftsforsch. – 1977. – № 17(1). – P. 1–26.
11. Wise D. H. Spiders in ecological webs / D. H. Wise. – New York, NY: Cambridge University Press, 1993. – 328 p.

### О.Ф. Делі, С.Я. Підгорна, К.Й. Черничко

Одеський національний університет імені І.І. Мечникова,  
біологічний факультет, кафедра зоології, гідробіології та загальної екології,  
вул. Дворянська, 2, Одеса, Україна, e-mail: delijka@ukr.net

### ПАВУКИ (ARACHNIDA, ARANEI) ТИЛІГУЛЬСЬКОГО ЛИМАНУ ОДЕСЬКОЇ ОБЛАСТІ (УКРАЇНА)

#### Резюме

**Актуальність.** В статті наведено інформацію про видовий склад павуків Тилігульського лиману Одеської області.

**Мета.** Вивчення аранеофауни різних біоценозів Тилігульського лиману Одеської області.

**Методи.** Були використані стандартні методи збору павуків, а саме ґрунтові пастки Барбера, ручний збір, косіння ентомологічним сачком.

**Результати.** За період дослідження в 2016 та 2020 роках було виявлено 57 видів павуків з 22 родин, з яких 42 види вперше відмічені для Тилігульського лиману. Вперше в Одеській області зареєстровано три види павуків: *Zelotes eugenei* Kovblyuk, 2009, *Zelotes longipes* (L. Koch, 1866) та *Clubiona pseudoneglecta* Wunderlich, 1994. До видів домінантів Тилігульського лиману можна віднести такі види павуків: *Argiope bruennichi*, *Pardosa lugubris*, *Misumena vatia* та *Runcinia grammica*. До субрецидентів досліджуваного регіону відносяться: *Atypus muralis*, *Agroeca brunnea* та *Eresus kollari*.

**Ключові слова:** павуки; Тилігульський лиман; Одеська область



**O. F. Deli, S. Ya. Pidhorna, K. Y. Chernychko**

Odesa I. I. Mechnikov National University, Faculty of Biology, Department of Zoology, Hydrobiology and General Ecology, 2 Dvoryanska, Odesa, Ukraine, 65082, delijka@ukr.net

## **SPIDERS (ARACHNIDA, ARANEI) OF THE TYLIGUL ESTUARY OF ODESA REGION (UKRAINE)**

### **Abstract**

**Introduction.** The article provides information about the species composition of spiders in the Tyligul estuary of Odesa region.

**Aim.** Study of araneofauna of various biocenoses of the Tyligul estuary, Odesa region.

**Methods.** Standard methods of collecting spiders were applied. We used Barber soil traps, hand collection, mowing with an entomological net.

**Results.** During the research period between 2016 and 2020, 57 species of spiders from 22 families were discovered, among them 42 species were noted for the Tyligul estuary for the first time. For the first time, three species of spiders were noted for Odesa region: *Zelotes eugenei* Kovblyuk, 2009, *Zelotes longipes* (L. Koch, 1866) and *Clubiona pseudoneglecta* Wunderlich, 1994. The dominant species of the Tyligul estuary include the following species of spiders: *Argiope bruennichi*, *Pardosa lugubris*, *Misumena vatia* and *Runcinia grammica*. Subprecedents of the studied region include: *Atypus muralis*, *Agroeca brunnea* and *Eresus kollari*.

**Key words:** spiders; Tyligul estuary; Odesa region

### **References**

1. Deli O. F., Mikityuk V. F., Uzhevskaya S. F., Portyanko V. N. (2008) «Fauna and ecology of spiders in the slope habitats of the Tyligul Estuary» [«Fauna y ekolohiya paukov sklonovikh mestoobytnykh Tylyhul'skoho lymana»] *Odesa National University Herald. Biology*, 13, 14, pp 121–127.
2. Deli O. F., Trach V. A. (2021) «Spiders as agents of biological control in the fields of Odesa region», *Agrarian science: state and prospects of development: collection of theses of the First Scientific and Practical Conference (scientific electronic edition)*, March 26, 2021, [«Pavuky yak ahenty biolohichnoho kontroliu na poliakh Odeskoi oblasti»], Odesa, pp 12–13.
3. Kovtun O. A. (2012) *Phytobenthos of the Tylygul estuary (Black Sea, Ukraine)* [Fytobentos Tylyhul'skoho lymana (Chernoje more, Ukraina)] Saarbrücken: LAP LAMBERT Academic Publishing, 353 p.
4. Deli O. F., Pidgorna S. Ya., Kivganov D. A. (2015) Methodical instructions for a large special course. Section “Spiders” for students of the 3rd year of full-time study [Metodychni vказivky do velykoho spetsialnoho kursu. Rozdil «Pavuky» dlia studentiv 3 kursu dennoi formy navchannia], Odesa, Chp “Main-Rhine-Cruise”, 20 p.
5. Pesenko Yu. A. (1982) *Principles and methods of quantitative analysis in faunistic studies [Pryntsypy y metody kolychestvennoho analyza v faunystycheskykh yssledovaniakh]*, Moscow: Nauka, 288 p.
6. Cardoso P. (2004) The use of Arachnids (Class Arachnida) in biodiversity evaluation and monitoring of Natural Areas, Lisboa: Universidade de Lisboa, pp 160.
7. Nentwig W., Blick T., Gloor D., Hänggi A., Kropf C. (2022) Araneae Spiders of Europe. Online at <https://www.araneae.nmbe.ch>.
8. Polchaninova N. Yu., Prokopenko E. V. (2019) An updated checklist of spiders (Arachnida: Araneae) of Left-Bank Ukraine, *Arachnologische Mitteilungen / Arachnology Letters*, 57, pp 60–64.
9. Scott A. G., Oxford G. S., Selden P. A. (2006) Epigeic spiders as ecological indicators of conservation value for peat bogs, *Biological Conservation*, 127, 4, pp. 420–428.
10. Stöcker G., Bergmann A. (1977) Ein Modell der Dominanzstruktur und seine Anwendung, *Arch. Natursch. Landschaftsforsch.*, 17(1), pp 1–26.
11. Wise D. H. (1993) *Spiders in ecological webs*, New York, Cambridge University Press, 328 pp.



# ФІЗІОЛОГІЯ ЛЮДИНИ ТА ТВАРИН





[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268534](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268534)

УДК 616.7:616.31

**О. С. Сідлецький**, аспірант

**Г. В. Майкова**, к. б. н., доцент

**О. А. Макаренко**, д. б. н., проф., завідувач кафедри фізіології,  
здоров'я і безпеки людини та природничої освіти

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра фізіології,  
здоров'я і безпеки людини та природничої освіти, вул. Дворянська 2, Одеса,  
65082, Україна, e-mail: makolga29@gmail.com

### **ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНЕ ОБГРУНТУВАННЯ ПРОФІЛАКТИКИ ДЕСТРУКЦІЇ КІСТКОВОЇ ТКАНИНИ ПАРОДОНТА ЩУРІВ З ОВАРІОЕКТОМІЄЮ КАЛЬЦІЙВМІСНИМИ ПРЕПАРАТАМИ**

Досліджено вплив гіпоестрогенії хірургічного генезу та раціону з низьким вмістом кальцію та білка, а також біологічно-активних добавок, які містять у своєму складі кальцій на кісткову тканину пародонта. Встановлено, що в наслідок оваріоектомії відбувається підвищення ступеня атрофії альвеолярного відростка та маркерів резорбції; застосування профілактичних засобів, таких, як комплекс на основі цитрату кальцію з раковин чорноморських устриць та комплекс Мінерол сприяло нормалізації даних показників. Добавка, яка містила у складі цитрат кальцію, виявилася більш ефективною щодо посилення процесів мінералізації та попередження дистрофічних процесів.

**Ключові слова:** гіпоестрогенія; кісткова тканина пародонта; цитрат кальцію; кверцетин; Мінерол

Естрогени є основними жіночими статевими гормонами, які впливають майже на всі системи організму: сечовивідну, статеву, кровоносну, нервову опорно-рухову. Незважаючи на доволі широкий спектр дії естрогенів, одним із найбільш показових проявів дефіциту естрогенів (як менопаузального, так і передчасного) є остеопороз, який характеризується порушенням обміну речовин у кістковій тканині, переважанням процесів остеорезорбції та підвищеним ризиком переломів. У щелепно-лицьовій області резорбції зазнають в першу чергу альвеолярні відростки щелеп, що є однією з ознак розвитку пародонтиту. Сучасний підхід до корекції остеопоротичних станів полягає у зменшенні резорбції кістки, для чого широко застосовуються гормональні препарати, зокрема статеві гормони. Застосування таких препаратів часто супроводжується низкою побічних ефектів, серед яких є токсичні та алергічні ускладнення, а також ризик виникнення онкологічного процесу [1, 6, 13, 14].

В зв'язку з цим для профілактики посиленої резорбції кісткової тканини в умовах дефіциту естрогенів все більше уваги приділяється препаратам каль-

цію у сукупності з натуральними речовинами рослинного походження, а саме, біофлавоноїдами, які мають естрогеноподібну дію та в яких відсутні значні побічні прояви за тривалого прийому [8, 10, 15].

**Метою даної роботи** було дослідження пародонтопротекторних властивостей профілактичних комплексів на основі кальцію, кверцетину, вітамінів, макро- і мікроелементів у оваріоектомованих щурів з аліментарним дефіцитом білка і кальцію.

**Матеріали та методи.** Дослідження були проведені на 32 самках щурів стадного розведення, яких поділили на 4 групи (по 8 в кожній): 1 – інтактні тварини; 2 – тварини, яким провели оваріоектомію (ОЕ) та які знаходились на неповноцінній дієті (НД); 3 – тварини, які на тлі ОЕ та НД отримували комплекс на основі цитрату кальцію з раковин чорноморських устриць (ОЕ+ НД+У; далі – «комплекс У») у дозі 4,75 г/кг; 4 – тварини, які на тлі ОЕ та НД отримували кальцієвий комплекс на основі Мінеролу (ОЕ+ НД+М; далі – «комплекс М») у дозі 9,75 г/кг.

До складу неповноцінної дієти входили кукурудзяна крупа, буряк, гарбуз, яблуко у кількості, що відповідає вмісту 10–15 мг кальцію та 3–4 г білка на 100 г тварин. До складу профілактичного «комплексу У» входили цитрат кальцію з раковин чорноморських устриць, вітамін D<sub>3</sub>, селен, мідь, цинк, магній, вітамін С, кверцетин [17]. До складу «комплексу М» входив Мінерол, кверцетин, аскорбінова кислота, вітамін D<sub>3</sub>. Мінерол є дієтичною добавкою і природним джерелом макро- і мікроелементів [2]. Кількість вітамінів, макро- і мікроелементів у комплексах «У» та «М» була однаковою.

При проведенні експериментальних досліджень тварини знаходились в стандартних умовах віварію згідно з нормами і принципами Директиви Ради ЄС з питань захисту хребетних тварин, що використовуються для наукових цілей [16, 20].

Щурів через 4 місяця виводили з експерименту під тіопенталовим наркозом (внутрішньоочеревно в дозі 20 мг/кг), виділяли альвеолярний відросток нижньої щелепи для визначення атрофії за ступенем оголення коренів молярів, яку виражали у %. В гомогенатах альвеолярних кісток (75 мг на 1 мл 0,1 М цитратного буферу рН 6,7) визначали активність еластази та каталази, вміст малонового діальдегіда (МДА), активність кислої (КФ) та лужної (ЛФ) фосфатази. Активність еластази, лужної та кислої фосфатази виражали у мікрокаталах на 1 кг тканини (мк-кат/кг), активність каталази – у мілікаталах на 1 кг тканини (мкат/кг), вміст МДА – у мілімолях на 1 кг тканини (ммоль/кг) [9, 22].

### Результати досліджень та їх обговорення

Отримані результати свідчать, що у щурів в яких була проведена оваріоектомія та які знаходились на неповноцінній дієті (друга група) спостерігався найвищий ступінь атрофії альвеолярного відростка, він склав – 33,2%, що на

6,5% більше ніж у інтактній групі тварин (рис. 1). Це свідчить про тенденцію до посилення рецесії кісткової тканини пародонта за умов гіпоестрогенії та дефіциту білка і кальцію в раціоні [6, 11].

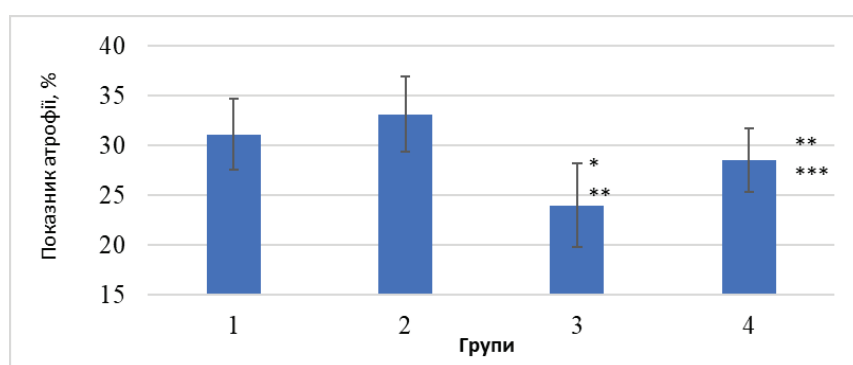


Рис. 1. Ступінь атрофії альвеолярного відростка.

Групи: 1 – контрольна група, 2 – оваріоектомія + низькокальцієва дієта,

3 – оваріоектомія + низькокальцієва дієта + комплекс на основі раковин устриць,

4 – оваріоектомія + низькокальцієва дієта + комплекс на основі Мінерола.

\* – достовірна відмінність від показника групи 1; \*\* – достовірна відмінність від показника групи 2; \*\*\* – достовірна відмінність від показника групи 3.

Обидва препарати, що досліджувались, сприяли достовірному зменшенню атрофії альвеолярного відростка відносно другої групи. Найменший ступінь атрофії альвеолярного відростка був зафіксований у тварин з третьої групи, яким з метою профілактики надавався біологічно-активний комплекс на основі раковин устриць.

Застосування даної добавки сприяло статистично значимому зменшенню ступеня атрофії альвеолярного відростка на 27,6% відносно другої групи ( $p_1 < 0,002$ ). Також даний показник був меншим, ніж у інтактній групі на 22,9% ( $p < 0,001$ ).

Порівнюючи ефективність зазначеного вище комплексу на основі раковин устриць з комплексом на основі біологічно-активної добавки Мінерол, тобто показниками щурів четвертої групи, можна побачити, що останній гірше сприяв відновленню кісткової тканини нижньої щелепи щурів. Так, ступінь атрофії альвеолярного відростка у тварин цієї групи був на 18,8% вищим, ніж у третій групі ( $p_2 < 0,05$ ); але слід зазначити, що отриманий показник був на 14,0% ( $p_1 < 0,05$ ) меншим, ніж у другій групі, а це також свідчить про гальмування резорбції кістки пародонту (рис. 1).

Отримані дані стосовно резорбції кістки нижньої щелепи при гіпоестрогенії та ефективного застосування біологічно-активних добавок з метою стимуляції остеогенезу підтверджуються також біохімічним дослідженням гомогенату альвеолярної кістки.

Як можна побачити з таблиці 1 у щурів при оваріоектомії та утриманні їх на неповноцінному раціоні за умови відсутності профілактики остеопорузу спостерігається достовірне підвищення активності фосфатаз. Активність КФ у цій групі збільшилась в 2,0 рази у порівнянні з контролем та склала  $12,14 \pm 0,56$  мк-кат/кг ( $p < 0,001$ ), що характеризує посилення резорбційних процесів у кістковій тканині, оскільки цей фермент є маркером остеокластів. Підвищення активності ЛФ (маркеру остеобластів) більш ніж у 2 рази ( $p < 0,05$ ) в цьому випадку може бути проявом компенсаторної реакції організму, яка направлена на збереження функціональної організації кістки за впливу патогенних чинників. Застосування біологічно-активних добавок сприяло достовірній оптимізації активності фосфатаз порівняно з показниками у тварин без профілактики, але, за умови вживання комплексу на основі раковин устриць активність КФ та ЛФ була максимально наближена до значень контрольної групи (табл. 1).

Таблиця 1

**Активність фосфатаз та еластази  
у гомогенаті альвеолярного відростку**

№	Групи тварин	Активність КФ, мк-кат/кг	Активність ЛФ, мк-кат/кг	Активність еластази, мк-кат/кг
1	Інтактна	$5,96 \pm 0,28$	$10,63 \pm 0,59$	$22,30 \pm 1,40$
2	ОЕ+НД	$12,14 \pm 0,56$ $p < 0,001$	$23,87 \pm 1,36$ $p < 0,05$	$30,73 \pm 1,57$ $p < 0,02$
3	ОЕ+НД+У	$6,65 \pm 0,20$ $p > 0,05$ $p_1 < 0,001$	$11,48 \pm 0,65$ $p > 0,001$ $p_1 < 0,001$	$18,66 \pm 1,52$ $p > 0,05$ $p_1 < 0,001$
4	ОЕ+НД+М	$10,32 \pm 0,58$ $p < 0,001$ $p_1 < 0,05$ $p_2 < 0,001$	$17,25 \pm 0,84$ $p < 0,001$ $p_1 < 0,05$ $p_2 < 0,05$	$21,53 \pm 1,67$ $p > 0,4$ $p_1 < 0,002$ $p_2 > 0,5$

Примітка:  $p$  – достовірність відмінностей від показника інтактної контрольної групи,  $p_1$  – достовірність відмінностей від показника другої групи,  $p_2$  – достовірність відмінностей від показника третьої групи, НД – низькокальцієва дієта, ОЕ – оваріоектомія, У – комплекс на основі раковин устриць, М – комплекс на основі Мінерола.

В свою чергу, з отриманих даних стосовно активності еластази у гомогенаті альвеолярного відростка також можна зробити висновок про посилення руйнування білкового матриксу кістковій тканин за дії протеолітичних ферментів за умов патології. Так, у щурів з 2-ої групи спостерігалось достовірне збільшення активності еластази на 37,8% відносно інтактної групи ( $p < 0,02$ ). Як відомо, еластаза відіграє руйнівну роль в патологічній та віковій остеорезорбції, оскільки існує специфічність еластази до колагену 1-го типу, який складає основу білкового матриксу кістки та, окрім цього, еластаза активує ряд метало-



протеїназ, які беруть участь у деструкції колагена кісткової тканини. За умов застосування профілактичних комплексів відбувалося достовірне зменшення активності кісткової еластази до нормальних значень ( $p_1 < 0,001$  та  $p_1 < 0,002$  відповідно для «комплексу У» і «комплексу М») [12, 21].

Отримані дані свідчать, що моделювання остеопорозу за допомогою ОЕ та раціону, який є дефіцитним за вмістом кальцію та білка, сприяє підвищенню маркерів деструкції кісткової тканини – активності КФ та еластази, а профілактика «комплексом У» пригнічувала деструкцію як мінерального, так і органічного компоненту альвеолярного відростку. Комплекс з Мінеролом гальмував лише гідроліз колагенової матриці кісткової тканини – активність еластази, і суттєво не впливав на підвищену активність кісткової КФ.

При остеопоротичних процесах пов'язаних із гіпоестрогенією, характерним є суттєві порушення в антиоксидантній системі кісткової тканини. В ході дослідження встановлено достовірне підвищення активності каталази у кістковій тканині щелеп щурів на 10,8%, ( $p < 0,001$ ). Це може бути пов'язано з підвищенням рівня  $H_2O_2$ , який виробляють остеокласти і підтверджує інтенсифікацію їх діяльності [5] (табл. 2).

Таблиця 2

**Активність каталази та вміст МДА  
у гомогенаті альвеолярного відростка**

№	Групи тварин	Активність каталази, мкат/кг	Вміст МДА, ммоль/кг
1	Інтактна	2,04±0,03	8,85±0,30
2	ОЕ+НД	2,26±0,04 $p < 0,001$	10,91±0,52 $p < 0,005$
3	ОЕ+НД+У	2,43±0,09 $p < 0,002$ $p_1 > 0,1$	8,79±0,67 $p > 0,5$ $p_1 < 0,05$
4	ОЕ+НД+М	2,12±0,06 $p > 0,2$ $p_1 > 0,05$ $p_2 < 0,02$	8,25±0,62 $p > 0,2$ $p_1 < 0,005$ $p_2 > 0,2$

Примітки як до таблиці 1.

Після профілактики комплексом з раковин устриць активність кісткової каталази зростає ще на 19,1% ( $p < 0,002$ ;  $p_1 > 0,1$ ), а комплекс з Мінеролом збільшує цей показник лише на 3,9% ( $p > 0,2$ ;  $0,005 < p_1 < 0,1$ ). Отримані дані свідчать про виражені антиоксидантні властивості «комплексу У» (табл. 2).

Іншим маркером порушень процесів ПОЛ є збільшення вісту МДА. Найбільший вміст МДА зареєстровано у кістковій тканині пародонту щурів з оваріоектомією та дієтою з дефіцитом білка і кальцію. Так, у випадку відсутності профілактики цей показник збільшився на 22,9% з високим ступенем досто-

вірності ( $p < 0,005$ ) та склав  $10,91 \pm 0,52$  ммоль/кг. При застосуванні профілактичних комплексів вміст МДА достовірно зменшувався на 19,5% ( $p_1 < 0,05$ ) за умови застосування «комплексу У» та на 24,3% при застосуванні «комплексу М» ( $p_1 < 0,005$ ) (табл. 2).

На основі отриманих даних можна побачити, що різниця у зменшенні вмісту МДА між групами, що вживали обидва комплекси не є статистично значимою ( $p_2 > 0,2$ ), а відмінність між вмістом каталази є достовірною ( $p_2 < 0,02$ ). Враховуючи викладене вище, можна зробити висновок про більш виражені антиоксидантні властивості «комплексу У».

Таким чином, двостороння оваріоектомія в поєднанні з дефіцитом кальцію і білка в раціоні призводить до метаболічних порушень у кістковій тканині щелеп тварин. Такі патологічні зміни виражаються в посиленій атрофії альвеолярного відростка, підвищенні активності фосфатаз та зокрема кислотої фосфатази, еластази, вмісту МДА на тлі збільшення активності антиоксидантного ферменту каталази.

Проведене дослідження також показало, що застосування препаратів кальцію разом із біофлавоноїдом кверцетином, вітамінами, макро- та мікроелементами, здатне попереджувати процеси деструкції кісткової тканини альвеолярного відростка, а також нормалізувати біохімічні показники, що супроводжують даний патологічний стан.

Більшу ефективність комплексу на основі цитрату кальцію з раковин чорноморських устриць можна пояснити високою біологічною доступністю даної сполуки; органічні солі кальцію легше піддаються метаболічним перетворенням в організмі та легше накопичуються в кістковій тканині. Наявність біофлавоноїду кверцетину, як потужного фітоестрогена, додатково сприяє відновленню кісткової тканини пародонта завдяки проестрогенній та капіляростабілізуючій дії. Слід згадати здатність кверцетину пригнічувати активність кісткової еластази; окрім цього кверцетин позитивним чином впливає на функціонування антиоксидантних ферментів, зменшує вміст МДА в уражених тканинах та нормалізує активність фосфатаз у кістці [7, 10, 14, 18, 19].

Присутність вітаміну D<sub>3</sub>, а також макро- та мікроелементів нормалізує стан як мінерального, так і органічного компонентів кістки, здійснює загальностимулювальний вплив на організм. Таким чином, за спільної дії компонентів даного комплексу – органічна сіль кальцію, біофлавоноїд, мікроелементи – виникає сумація їх пародонтопротекторної дії [3, 4, 13].

Менша ефективність комплексу на основі Мінеролу може пояснюватися тим, що у монтморілоніті (глиниста речовина, яка є основним компонентом Мінерола) знаходяться неорганічні форми кальцію, для яких є характерним повільний обмін в організмі, через що кальцій повільно відкладається у кістковій тканині, яка є одним з головних депо цього елементу. Також не можна виключати фактор індивідуальної чутливості тварин до даного комплексу [2].

## Висновки

1. У кістковій тканині альвеолярного відростку щелеп щурів з оваріоектомією та дефіцитом білка і кальцію встановлено збільшення ступеня атрофії на 6,5%, підвищення маркерів резорбції: активності еластази – на 37,8%, кислої фосфатази – на 103,6%, лужної фосфатази – на 124,5%; а також, збільшення активності антиоксидантного ферменту каталази у кістковій тканині щелеп щурів на 10,8% на тлі збільшення вмісту малонового діальдегіду на 22,9%.

2. Під впливом профілактичного введення комплексу з раковин устриць вдалось попередити активацію резорбційних процесів та перекисного окиснення ліпідів у кістковій тканині альвеолярного відростку щелеп щурів із остеопорозом. Так, у щурів, що вживали даний комплекс, ступінь атрофії альвеолярного відростка став меншим на 27,6%; активність еластази зменшилась на 39,3%, кислої фосфатази – на 45,2%, лужної фосфатази – на 51,9%; а також збільшення активності каталази на 7,5% на тлі зменшення вмісту МДА на 19,4%.

3. Профілактичний комплекс на основі біологічно-активної добавки Мінерол виявився менш ефективним. У щурів, що вживали даний комплекс, відмічалось зменшення ступеня атрофії альвеолярного відростка на 14,0%; активність еластази зменшилась на 29,9%, кислої фосфатази – на 15,0%, лужної фосфатази – на 27,7%; а також зменшення активності каталази на 6,2% на тлі зменшення вмісту МДА на 24,4%.

Стаття надійшла до редакції 18.07.2022

## Список літератури:

1. Блинов Д. В. Ранняя менопауза и преждевременная недостаточность яичников: проблемы и перспективы / Д. В. Блинов, П. Л. Хазан, А. Н. Мнацаканьян, Д. И. Корабельников, А. Т. Сафаров, Н. В. Павлова // Акушерство, гинекология и репродукция. – 2020. – Т. 14, № 3. – С. 328–345.
2. Борисенко Л. В. Формула здоровья / Л. В. Борисенко, Е. Г. Стародубцев. – Киев, 2015. – 56 с.
3. Головач І. Ю. Сучасні стратегії профілактики та лікування остеопорозу: роль кальцію і вітаміну D / І. Ю. Головач // Семейная медицина. – 2020. – № 4(90). – С. 28–31.
4. Денег І. С. Альтернативний підхід у місцевому лікуванні хворих на хронічний генералізований пародонтит / І. С. Денег, О. Р. Ріпещька, В. С. Гриновець, І. С. Гриновець // Експериментальна та клінічна стоматологія. – 2017. – № 1. – С. 10–13.
5. Захаров І. С. Роль оксидативного стресса в формуванні постменопаузального остеопороза / І. С. Захаров, Г. И. Колпинский, Г. А. Ушакова, Г. В. Вавин // Гинекология. – 2012. – Т. 16, № 1. – С. 41–43.
6. Левицкий А. П. Экспериментальная профилактика и терапия с помощью инулина и кверцетина атрофии костной ткани пародонта крыс с токсическим гепатитом / А. П. Левицкий, О. А. Макаренко, Л. Н. Россаханова, К. В. Скидан // Вісник стоматології. – 2010. – № 4. – С. 6–9.
7. Макаренко О. А. Обмін різних форм кальцію в організмі щурів з преднізолоним остеопорозом / О. А. Макаренко, Г. В. Майкова, Н. А. Кириленко, Л. В. Еберле // Вісник ОНУ. Біологія. – 2020. – Т. 25, № 146. – С. 123–131.
8. Масіброда Н. Г. Метаболізм естрогенів. Фактори, які сприяють порушенню обміну естрогенів // Н. Г. Масіброда, О. К. Тарасюк, М. С. Сторожук // Вісник Вінницького Національного медичного університету. – 2017. – Т. 21, № 1. – С. 356–361.
9. Методи дослідження стану кишечника та кісток у лабораторних щурів. Довідник / О. А. Макаренко, Л. М. Хромагіна, І. В. Ходаков, Г. В. Майкова, Л. М. Мудрик, В. В. Кіка, Т. В. Могілевська. – Одеса: видавець С. Л. Лазарчук, 2022. – 81 с.

10. Николаева А. В. Пародонтопротекторное действие растительных полифенолов женщин с гипострогенией / А. В. Николаева // Вісник стоматології. – 2015. – № 4. – С. 31–34.
11. Пилипчук І. С. Ендокринні зміни в клімактерії та їх вплив на функціональний стан кісткової тканини / І. С. Пилипчук, В. В. Флуд, З. Я. Петришин // Вісник стоматології. – 2021. – Т. 40, № 2. – С. 100–105.
12. Пилипчук І. С. Остеопоротичні зміни кісткової та хрящової тканини у жінок з гіпофункцією яєчників / І. С. Пилипчук // Вісник Вінницького національного медичного університету. – 2021. – Т. 25, № 4. – С. 657–662.
13. Поворознюк В. В. Захворювання кістково-м'язової системи в людей різного віку (вибрані лекції, огляди, статті) – Київ: Експрес, 2009. – Т. 3. – 664 с.
14. Поворознюк В. В. Остеоиммунология: иммунологические механизмы в патогенезе постменопаузального остеопороза // Репродуктивная эндокринология // В. В. Поворознюк, Н. А. Резниченко, Э. А. Майлян – 2014. – № 14 (November). – С. 17–21.
15. Поворознюк В. В. Застосування препаратів кальцію та вітаміну D у профілактиці та лікуванні остеопорозу / В. В. Поворознюк, Н. В. Григор'єва // Український ревматологічний журнал. – 2001. – № 3–4 (5–6). – С. 33–38.
16. Про захист тварин від жорстокого поводження // Відомості Верховної Ради України. – Офіц. вид. – 2006. – № 27. – С. 990.
17. Свідчення авторського права України № 111997 від 21.02.2022 р Комплекс для профілактики порушень кісткового метаболізму при гіпотиреозі / О. А. Макаренко, О. В. Задерей, І. В. Ходаков, Л. М. Хромагіна.
18. Agness W. Boot Health effects of quercetin from antioxidant to nutraceuticals / W. Boots Agness, R.M.M. Naenen Guido, Bast Aalt // European Journal of pharmacology – 2008. – V. 585, № 2. – P. 325–337.
19. Dong X. Antioxidant activities of quercetin and its complex for medical application / Xu Dong, Meng-Jiao Hu, Yan-Qui Wang, Yuan-Lu Cui // Molecules – 2019. – № 24. – P. 111–126.
20. European Convention for the protection of vertebrate animals used for experimental and other scientific purposes. – Strasburg: Council of Europe. – 1986. – V. 123. – 52 p.
21. Luisi S. Premature ovarian insufficiency: From pathogenesis to clinical management / S. Luisi, C. Orlandini, C. Regini // Endocrinology Investigation – 2015. – V. 5. – P. 597–603.
22. Makarenko O.A. Efficacy of using a complex of minerals and vitamins for prevention of complications in bone tissue and the digestive tract in rats with hypothyroidism / O.A. Makarenko, O.V. Zaderei, H.V. Maikova // Regulatory Mechanisms in Biosystems. – 2021. – 12(3) – P. 438–444. <https://doi.org/10.15421/022160>

**О. С. Сідлецький, Г. В. Майкова, О. А. Макаренко**

Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра фізіології, здоров'я і безпеки людини та природничої освіти, вул. Дворянська 2, Одеса, 65082, Україна, e-mail: makolga29@gmail.com

## **ЕКСПЕРИМЕНТАЛЬНЕ ОБГРУНТУВАННЯ ПРОФІЛАКТИКИ ДЕСТРУКЦІЇ КІСТКОВОЇ ТКАНИНИ ПАРОДОНТА ЩУРІВ З ОВАРІОЕКТОМІСІЮ КАЛЬЦІЙВІСНИМИ ПРЕПАРАТАМИ**

### **Резюме**

**Мета роботи.** Дослідження пародонтопротекторних властивостей профілактичних комплексів на основі кальцію, кверцетину, вітамінів, макро- і мікроелементів у оваріоектомованих щурів з аліментарним дефіцитом білка і кальцію.

**Матеріали та методи.** Дослідження було проведено на 32 самках щурів, в яких моделювалась патологія кісткової тканини пародонта, що зумовлена гіпоестрогенією; а також профілактика даної патології біологічно-активними

комплексами на основі цитрату кальцію з раковин чорноморських устриць та Мінеролу. Гіпоестрогенія викликала шляхом двосторонньої овариоектомії, негативний вплив якої на кісткову тканину додатково ускладнювався раціоном з низьким вмістом кальцію та білка. Через 5 місяців тварини виводилися з експерименту; визначався ступінь атрофії альвеолярного відростку на препаратах; у гомогенаті альвеолярного відростку визначався вміст кислої та лужної фосфатази, еластази, каталази та МДА.

**Результати.** Сполучення овариоектомії та неповноцінного раціону викликало характерні запально-дистрофічні зміни у кістковій тканині щелеп, які виражаються у підвищенні активності еластази, каталази, вмісту МДА у гомогенаті альвеолярної кістки. Також, за умови патології, спостерігалось збільшення ступеня атрофії альвеолярного відростка, підвищення активності кислої та лужної фосфатази, що свідчить про порушення процесів мінералізації. Профілактичне введення комплексу на основі цитрату кальцію з раковин чорноморських устриць та комплексу на основі біологічно-активної добавки Мінерол виявило виражений остеопротекторний ефект, який полягав у зниженні ступеня атрофії альвеолярного відростка, зменшенні активності маркерів кісткової резорбції та перекисного окислення ліпідів.

**Ключові слова:** гіпоестрогенія; кісткова тканина пародонта; цитрат кальцію; кверцетин; Мінерол

**O. S. Sidletskyi, H. V. Maikova, O. A. Makarenko**

Odesa I. I. Mechnikov National University, Department of Physiology, Health and Human Safety and Scientific Education, 2 Dvorianska str., Odesa, 65082, Ukraine, e-mail: makolga29@gmail.com

## **EXPERIMENTAL JUSTIFICATION OF THE PREVENTION OF PERIODONTAL BONE TISSUE DESTRUCTION IN OVARIOECTOMIZED RATS WITH CALCIUM-CONTAINING ADDITIVES**

### **Abstract**

**Purpose.** Study of periodontoprotective properties of preventive complexes based on calcium, quercetin, vitamins, macro- and microelements in ovariectomized rats with alimentary deficiency of protein and calcium.

**Materials and methods.** The study was conducted on 32 female rats in which pathology of periodontal bone tissue was simulated due to hypoestrogenicity; as well as the prevention of the said pathology with biologically active complexes based on calcium citrate from the shells of Black Sea oysters and Minerol. Hypoestrogenicity was caused by bilateral ovariectomy, the negative effect of which on bone tissue was further complicated by a diet with a low content of calcium and protein. After 5 months, the animals were removed from the experiment; the degree of atrophy of

the alveolar process was determined on the drugs; the content of acid and alkaline phosphatases, elastase, catalase and MDA was determined in the homogenate of the alveolar process.

**Results.** The combination of ovariectomy and an inferior diet caused characteristic inflammatory-dystrophic changes in the bone tissue of the jaws, which are expressed in an increase in the activity of elastase, catalase, and MDA content in the alveolar bone homogenate. Also, under the condition of pathology, an increase in the degree of atrophy of the alveolar process, an increase in the activity of acid and alkaline phosphatases was observed, which indicates a violation of mineralization processes. Prophylactic administration of a complex based on calcium citrate from the shells of Black Sea oysters and a complex based on the biologically active additive Minerol showed a pronounced osteoprotective effect, which consisted in the decrease of the degree of the alveolar process atrophy, reducing the activity of markers of bone resorption and peroxidation lipids.

**Keywords:** hypoestrogenicity; periodontal bone tissue; calcium citrate; quercetin; Minerol

## References

1. Blynov D. V., Khazan P. L., Mnatsakanian A. N., Korabelnykov D. Y., Safarov A. T., Pavlova N. V. (2020) «Early menopause and premature ovarian failure: problems and prospects» [«Ranniaia menopauza y prezhdvremennaia nedostatochnost yachnykov: problemy y perspektyvy»], *Akusherstvo, hynekolohiya y reproduktsiya*, 14,3, pp 328–345.
2. Borysenko L. V., Starodubtsev E. H. (2015) *Health Formula* [Formula zdorovia], Kiev, 56 p.
3. Holovach I. Yu. (2020) «Modern strategies for the prevention and treatment of osteoporosis: the role of calcium and vitamin D» [Suchasni stratehii profilaktyky ta likuvannia osteoporozu: rol kaltsiiu i vitaminu D], *Semeinaia medytsyna*, 4(90), pp 28–31.
4. Deneha I. S., Ripetska O. R., Hrynovets V. S., Hrynovets I. S. (2017) «An alternative approach in the local treatment of patients with chronic generalized periodontitis» [Alternatyvnyi pidkhd u mistsevomu likuvanni khvorykh na khronichni heneralizovanyi parodontyt], *Eksperymentalna ta klinichna stomatolohiia*, 1, pp 10–13.
5. Zakharov Y. S., Kolpynskiy H. Y., Ushakova H. A., Vavyn H. V. (2012) «The role of oxidative stress in the formation of postmenopausal osteoporosis» [Rol oksydatyvnoho stressa v formyrovanyi postmenopauzalnoho osteoporoza], *Hynekolohiya*, 16, 1, pp 41–43.
6. Levyskyi A. P., Makarenko O. A., Rossakhanova L. N., Skydan K. V. (2010) «Experimental prevention and therapy with inulin and quercetin of periodontal bone tissue atrophy in rats with toxic hepatitis» [Eksperymentalnaia profylaktyka y terapiya s pomoshchiu ynulyna y kvartsetyna atrofyy kostnoi tkany parodonta kryz s toksycheskym hepatytom], *Visnyk stomatolohii*, 4, pp 6–9.
7. Makarenko O. A., Maikova H. V., Kyrylenko N. A., Eberle L. V. (2020) «Exchange of different forms of calcium in the body of rats with prednisolone osteoporosis» [Obmin riznykh form kaltsiiu v orhanizmi shchuriv z prednizolonovym osteoporozom], *Visnyk ONU. Biolohiia*, 25, 146, pp 123–131.
8. Masibroda N. H., Tarasiuk O. K., Storozhuk M. S. (2017) «Metabolism of estrogens. Factors that contribute to disruption of estrogen metabolism» [Metabolizm estroheniv. Faktory, yaki spryiaut porushenniu obminu estroheniv], *Visnyk Vinnytskoho Natsionalnoho medychnoho universytetu*, 21, 1, pp 356–61.
9. Makarenko O. A., Khromahina L. M., Khodakov I. V., Maikova H. V., Mudryk L. M., Kika V. V., Mohilevska T. V. (2022) «Methods of researching the state of intestines and bones in laboratory rats. Directory» [Metody doslidzhennia stanu kyshechnyku ta kistok u laboratornykh shchuriv. Dovidnyk], Odesa, editor: Lazarchuk S. L., 81 p.
10. Nykolaeva A. N. (2015) «Periodontoprotective effect of plant polyphenols in women with hypoestrogenism» [Parodontoprotektoorne deistvye rastytelnykh polyfenolov u zhenshchyn s hypoestrogeniyei], *Visnyk stomatolohii*, 4, pp 31–34.

11. Pylypchuk I. S., Flud V. V., Petryshyn Z. Ya. (2021) «Endocrine changes in menopause and their impact on the functional state of bone tissue» [Endokrynni zminy v klimakterii ta yikh vplyv na funktsionalnyi stan kistkovoї tkanyny], *Visnyk stomatologii*, 40, 2, pp 100–105.
12. Pylypchuk I. S. (2021) «Osteoporotic changes in bone and cartilage tissue in women with ovarian hypofunction» [Osteoporotychni zminy kistkovoї ta khriashchovoї tkanyny u zhinok z hipofunktsiieiu yaiechnykyv], *Visnyk Vinnytskoho natsionalnoho medychnoho universytetu*, 25, 4, pp 657–662.
13. Povoroziuk V. V. (2009) *Diseases of the musculoskeletal system in people of different ages (selected lectures, reviews, articles)* [Zakhvoriuvannia kistkovo-miazovoї systemy v liudei riznoho viku (vybrani leksii, ohliady, statti)], Kiev, Express, V.3, 664 p.
14. Povoroziuk V. V., Reznichenko N. A., Mailian E. A. (2014) «Osteoimmunology: immunological mechanisms in the pathogenesis of postmenopausal osteoporosis» [Osteoimmunolohyia: immunolohycheskye mekhanyzmy v patoheneze postmenopauzalnoho osteoporozu], *Reproduktyvnaia endokrynolohyia*, 14, pp 17–21.
15. Povoroziuk V. V., Hryhorieva N. V. (2001) «The use of calcium and vitamin D preparations in the prevention and treatment of osteoporosis» [Zastosuvannia preparativ kaltsiiu ta vitaminu D u profilaktytsi ta likuvanni osteoporozu], *Ukrainskyi revmatolohichnyi zhurnal*, 3–4 (5–6), pp 33–38.
16. *On the protection of animals from cruelty. Information of the Verkhovna Rada of Ukraine. – Official publication* [Pro zakhyst tvaryn vid zhorstokoho povodzhennia. Vidomosti Verkhovnoi Rady Ukrainy. – Ofitsiine vydannia] (2006), 27, 990 p.
17. Makarenko O. A., Zaderei O. V., Khodakov I. V., Khromahina L. M. *Copyright certificate of Ukraine No. 111997 dated 21.02.2022 Complex for the prevention of bone metabolism disorders in hypothyroidism* [Svidotstvo avtorskoho prava Ukrainy № 111997 vid 21.02.2022 r Kompleks dlia profilaktyky porushen kistkovoho metabolizmu pry hipotyreozi].
18. Agness W. B., Haenen-Guido R. M., Aalt B. (2008) «Health effects of quercetin from antioxidant to nutraceuticals», *European Journal of pharmacology*, 585, 2, pp 325–337.
19. Dong X., Hu M.-J., Wang Y.-Q., Cui Y.-L. (2019) «Antioxidant activities of quercetin and its complex for medical application», *Molecules*, pp 111–126.
20. *European Convention for the protection of vertebrate animals used for experimental and other scientific purposes. Strasbourg: Council of Europe. – (1986), 123, 52 p.*
21. Luisi S., Orlandini C., Regini C. (2015) «Premature ovarian insufficiency: From pathogenesis to clinical management», *Endocrinology Investigation*, 5, pp 597–603.
23. Makarenko O. A., Zaderei O. V., Maikova H. V. (2021) «Efficacy of using a complex of minerals and vitamins for prevention of complications in bone tissue and the digestive tract in rats with hypothyroidism», *Regulatory Mechanisms in Biosystems*, 12(3), pp 438–444, <https://doi.org/10.15421/022160>

[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268541](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268541)

УДК 616.099: [59.085 + 611.018.4 + 616.03]

**І. В. Ходаков**<sup>1</sup>, науковий співробітник  
**О. А. Макаренко**<sup>2</sup>, д. б. н., завідувач кафедри  
**Т. В. Коломійчук**<sup>2</sup>, старший викладач  
**Д. В. Соколов**<sup>2</sup>, магістр  
**Д. С. Батурін**<sup>2</sup>, бакалавр

<sup>1</sup>Державна установа «Інститут стоматології та щелепно-лицевої хірургії НАМН України», лабораторія біохімії, вул. Рішельєвська, 11, 65026, Одеса, Україна, e-mail: flavan.ua@gmail.com

<sup>2</sup>Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра фізіології, здоров'я і безпеки людини та природничої освіти, вул. Дворянська 2, 65082, Одеса, Україна, e-mail: makolga29@gmail.com

## ДОСЛІДЖЕННЯ МОЖЛИВОСТІ ПРОФІЛАКТИКИ МІНЕРОЛОМ ТОКСИЧНОГО ЕФЕКТУ ЙОНІВ АЛЮМІНІЮ НА КІСТКОВУ ТКАНИНУ ЩУРІВ

Введення щурам сорбційного препарату Мінерол в дозі 1 г/кг маси тіла на тлі тривалої (2 місяці) інтоксикації  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  (240 мг/кг маси тіла) призвело до підвищення атрофії альвеолярного відростку щелеп, зменшення щільності кісток за рахунок зменшення вмісту мінерального компонента та затримки росту маси тіла щурів. Мінерол сприяв зниженню накопичення алюмінію в стегнових кістках.

**Ключові слова:** інтоксикація алюмінієм; щури; кістки; препарат Мінерол.

Алюміній та його сполуки використовується в різних областях життєдіяльності людства, що призводить до контакту організму людини, окремих його органів та тканин з цим елементом. Основними джерелами надходження алюмінію до організму людини є використання його в харчовій промисловості у вигляді харчових добавок (розпушувачів, барвників), посуду, пакувального та антикорозійного матеріалів, вживання досить великого спектру медичних препаратів (знеболюючі, сорбенти та ін.), професійна зайнятість в алюмінієвій промисловості; виробництво паперу, чорнил, лакофарбових матеріалів, скла, фумігаторів та пестицидів; забруднені водні джерела з підвищеним вмістом токсичних йонів  $Al^{3+}$  [1, 19]. Таке широке застосування алюмінію та його сполук призводить до накопичення його в різних тканинах організму людини. Хронічна інтоксикація алюмінієм та його сполуками може викликати появу і стимулювати розвиток захворювань печінки, легень, склерозу, епілепсії, аутистичних розладів, різних видів деменцій (захворювання Альцгеймера та Піка, Паркінсонова та семантична деменції та ін.) [8, 10, 14, 15].



Одним з проявів інтоксикації алюмінієм є порушення кісткового метаболізму внаслідок його акумуляції в кістковій тканині, інтенсивність якої з віком зростає [16]. Накопичення алюмінію в кістках може викликати та прискорювати розвиток остеомалачії, остеопорозу та інші патології, пов'язані з порушенням ремоделювання кісткової тканини через токсичну дію на клітини кісткової тканини [20, 24].

Тому наразі актуальним залишається пошук ефективних протекторів від негативного впливу алюмінію на організм, зокрема на кістковий метаболізм. Варіантом захисту кісткової системи організму від токсичної дії алюмінію може бути застосування сорбентів, здатних знижувати проникнення сполук алюмінію через слизову оболонку кишечника в організм за рахунок формування з ними стійких комплексів у травному тракті.

Мета роботи – дослідження можливої профілактичної дії сорбційного препарату Мінерол на кісткову систему білих щурів за тривалої інтоксикації хлоридом алюмінію.

### Матеріали та методи

Експеримент був проведений на 24 самцях білих лабораторних щурів лінії Wistar масою від 239 до 268 г. Щури знаходилися в однакових умовах на стандартному раціоні віварію, мали вільний доступ до стандартного повноцінного корму та поїлок.

Тривалість експерименту складала 2 місяці. Тварини були поділені на три групи по 8 щурів у кожній групі: 1 – інтактна (контрольна); 2 – інтоксикація йонами алюмінію ( $Al^{3+}$ ); 3 – профілактична група, шурам якої на тлі тривалої інтоксикації йонами алюмінію щоденно вводили препарат Мінерол в дозі 1 г/кг маси тіла перорально. Інтервал між введенням розчину  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  та Мінеролу складав 2 години.

Інтоксикацію алюмінієм створювали тваринам другої та третьої груп протягом 2 місяців шляхом щоденного перорального введення 0,5 мл 12%-го водного розчину  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ , що забезпечило надходження в організм щурів хлориду алюмінію у дозі 240 мг/кг маси тіла на добу. У виборі дози базувалися на інформації про вплив хлориду алюмінію на формування скелету зародків щурів, де використовувалася доза у 200 мг/кг маси тіла вагітних самок за тривалості експерименту 20 діб [18]. У запропонованій роботі дозу хлориду алюмінію збільшили до 240 мг/кг та подовжили тривалість дослідження до 2 місяців із використанням самців, чутливість яких до  $AlCl_3$  вища, ніж у самок, згідно з даними про застосування доз від 100 до 1000 мг/кг маси тіла щурів у 4–6 тижневих дослідженнях [13]. Встановлено, що середня  $LD_{50}$   $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  для щурів різних ліній складає 3630 мг/кг маси тіла для 24 годин обстеження (при повній летальній дозі не більше 6553 мг/кг) [21], тобто в цьому дослідженні використана доза хлориду алюмінію складає 1/15 від  $LD_{50}$ .

Виробник Мінеролу (НВМП «ГОБОР», Україна, м. Буча, U.S. FDA registration № 19847105946) пропонує цей препарат як природний сорбент і джерело мінералів. Сировина Мінеролу – глинистий мінерал монтморилоніт, що видобувається з глибини 70–80 м. Сорбційна активність препарату складає до 380 од., сорбційна поверхня – до 260 м<sup>2</sup>/г, катіонообмінна ємність – до 100 мг-екв. на 100 г речовини. Мінерол містить майже всі макро- та мікроелементи (кальцій, кремній, залізо, магній, натрій, сірку, марганець, калій, фосфор, йод, літій, цинкмідь, хром, селен), які необхідні для фізіологічних процесів [3].

Тварин виводили з експерименту шляхом тотального кровопускання з серця. Для подальших досліджень виділяли щелепи, стегнові кістки та поперекові хребці, ретельно очищуючи їх від м'язових тканин.

Стегнові кістки та поперекові хребці використовували для проведення морфометричних досліджень, щелепи – для визначення атрофії альвеолярного відростку.

В стегнових кістках визначали вміст алюмінію на атомно-абсорбційному спектрометрі AAS ContrAA800G [4].

Ступінь атрофії альвеолярного відростку оцінювали за оголенням коренів молярів внаслідок атрофії кісткової тканини щелеп як наслідок дистрофічного процесу [5]. Щільність кісток визначали на основі різниці свідчень ваг при зважуванні кісток у повітрі і в дистильованій воді з урахуванням фізичних параметрів води і дроту за способом [6]. Вміст мінерального і органічного компонентів у кістках визначали як вагову частку на основі вимірів маси вологих і висушених кісток та їх об'єму із застосуванням постійних фізичних параметрів органічного та мінерального компонентів за способом [5].

Статистичне опрацювання отриманих результатів проводили з використанням t-критерію Стьюдента при повтореннях  $n = 8$  з використанням поправки Холма-Бонферроні для рівня значущості при множинних порівняннях.

### Результати та їх обговорення

Середня маса тіла щурів 2-ої групи після тривалої інтоксикації хлоридом алюмінію по закінченню експерименту майже не відрізнялася від показника в інтактній групі. Разом з тим, у щурів 3-ьої групи, яким вводили Мінерол на тлі інтоксикації  $AlCl_3$ , виявлено вірогідне ( $p < 0,05$ ) зниження маси тіла на 16,8% у порівнянні з вагою щурів інтактної групи (рис. 1). Зменшення маси тіла тварин можна пояснити дефіцитом аліментарних компонентів, які, можливо, сорбував Мінерол.

Аналіз вмісту алюмінію в стегнових кістках щурів показав вірогідне підвищення цього показника (у 2,5 рази) у кістковій тканині щурів 2-ої групи, яку піддавали інтоксикації хлоридом алюмінію в порівнянні зі значенням у інтактної групи ( $p < 0,001$ , рис. 2). Профілактичне введення Мінеролу щурам 3-ої групи на тлі тривалої інтоксикації  $AlCl_3$  ефективно запобігало накопиченню

алюмінію у стегнових кістках тварин, оскільки цей показник був нижчим на 20,7% відносно рівня у 2-ї групі щурів ( $p_1 < 0,01$ ), хоча вміст алюмінію у кістковій тканині тварин, які отримували Мінерол на тлі інтоксикації  $AlCl_3$ , не досяг нормального рівня ( $p < 0,01$ , рис. 2).

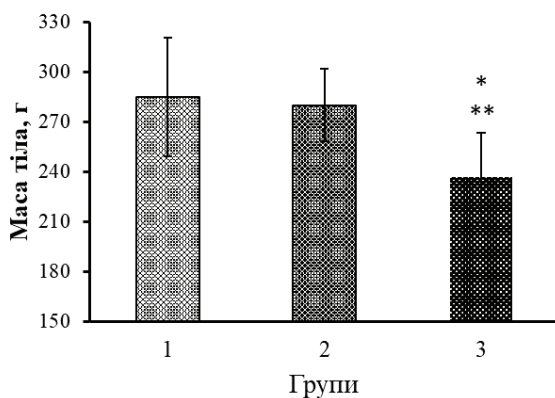


Рис. 1. Середня маса тіла щурів по закінченню експерименту з інтоксикації розчином  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  та введенню препарату Мінерол

Групи: 1 – інтактна (контроль), 2 – тварини з інтоксикацією  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ ,  
3 – профілактична: введення Мінеролу на тлі інтоксикації йонами  $Al^{3+}$ ;

\* – вірогідна відмінність від показника в інтактній групі ( $p < 0,05$ );

\*\* – вірогідна відмінність від показника в групі «Інтоксикація  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ » ( $p < 0,05$ ).

Довірчі інтервали приведені для  $p < 0,05$ .

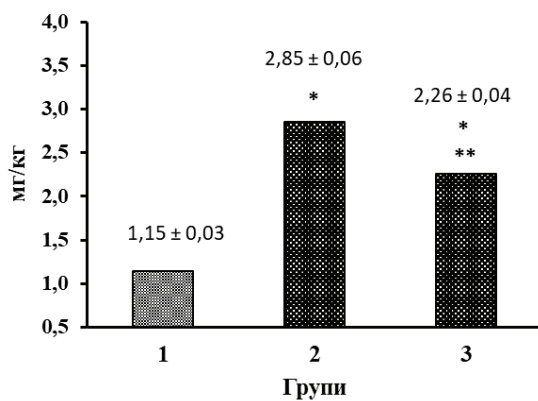


Рис. 2. Вміст  $Al(III)$  в стегнових кістках щурів за умов інтоксикації розчином  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  та введення препарату Мінерол

Групи: 1 – інтактна (контроль), 2 – тварини з інтоксикацією  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ ,  
3 – профілактична: введення Мінеролу на тлі інтоксикації йонами  $Al^{3+}$ ;

\* – вірогідна відмінність від показника в інтактній групі ( $p < 0,01$ );

\*\* – вірогідна відмінність від показника в групі «Інтоксикація  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ » ( $p < 0,01$ ).

Результати морфометричних параметрів стегнових кісток щурів, які наведені у таблиці 1, свідчать про тенденцію до зниження щільності цих кісток у тварин, яким вводили хлорид алюмінію в токсичній дозі. Після введення Мінеролу на тлі інтоксикації  $AlCl_3$  щурам 3-ої групи щільність їх стегнових кісток ще більше знизилася – вірогідно по відношенню до показника у інтактних щурів ( $p < 0,01$ ) (табл. 1).

В стегнових кістках щурів після тривалої інтоксикації хлоридом алюмінію також вірогідно знизився вміст мінерально-органічного комплексу (МОК) ( $p < 0,05$ ). Вміст МОК в стегнових кістках у щурів 3-ої групи, яким упродовж інтоксикації вводили Мінерол, був вірогідно нижче відносно показників інтактної групи ( $p < 0,01$ ) (табл. 1). Це пояснює суттєве зниження щільності стегнової кістки у щурів, що отримували Мінерол і тенденцію до зниження щільності кісток у щурів 2-ої групи після тривалої інтоксикації хлоридом алюмінію (табл. 1).

При визначенні органічного (ОК) і мінерального (МК) компонентів стегнових кісток було виявлено, що вірогідне зниження МОК в кістках у щурів 2-ої групи після інтоксикації хлоридом алюмінію зумовлено статистично незначним зменшенням вмісту обох компонентів МОК в кістках. Зниження щільності стегнової кістки, а також вмісту МОК у щурів 3-ої групи, які отримували Мінерол на тлі інтоксикації хлоридом алюмінію, сталося за рахунок вірогідного зниження МК кісток у порівнянні з показниками інтактної групи ( $p < 0,01$ ) і статистично незначного зниження вмісту ОК (табл. 1).

Маса та об'єм стегнової кістки суттєво не змінювалися у всіх групах, що спостерігали (табл. 1).

У таблиці 1 представлені морфометричні параметри поперекових хребців щурів досліджуваних груп. Відмічено статистично незначне підвищення щільності хребців у щурів 2-ої групи, яких піддавали інтоксикації  $AlCl_3$ . У щурів 3-ої групи, які отримували Мінерол на тлі інтоксикації  $AlCl_3$ , спостерігалось істотне зниження щільності хребців, також як і стегнових кісток, – значення цього показника було достовірно нижче, ніж в інших групах тварин ( $p$  і  $p_1 < 0,05$ ) (табл. 1).

Вміст мінерально-органічного комплексу кісткової тканини поперекових хребців щурів на тлі інтоксикації  $AlCl_3$  вірогідно підвищився ( $p < 0,05$ ) за рахунок збільшення частки органічного компоненту ( $p < 0,01$ ). Профілактичне введення Мінеролу тваринам 3-ої групи сприяло утриманню вмісту МОК, МК і ОК в хребцях близьким до рівня аналогічних показників в інтактній групі із тенденцією до зниження вмісту МК. При цьому в хребцях щурів 3-ої групи зареєстровано вірогідне зниження вмісту МОК ( $p < 0,01$ ), а також мінеральної ( $p < 0,05$ ) і органічної часток ( $p < 0,01$ ) відносно показників 2-ої групи тварин (табл. 1).

Таблиця 1

**Вплив профілактичного препарату Мінеролу на морфометричні показники стегнових кісток та поперекових хребців щурів за умов інтоксикації їх організму розчином  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  та введення препарату Мінерол**

Показник	Групи тварин		
	Інтактна	Тварини з інтоксикацією $AlCl_3 \cdot 6H_2O$	Профілактична: введення препарату Мінерол на тлі інтоксикації $AlCl_3 \cdot 6H_2O$
<b>Морфометричні показники стегнових кісток щурів</b>			
Щільність, мг/мм <sup>3</sup>	1,634±0,009	1,607±0,016	1,579±0,016 p < 0,01
Маса, мг	630,38±46,26	667,25±19,48	578,38±26,92
Об'єм, мм <sup>3</sup>	385,85±28,19	415,25±11,55	366,36± 16,53
Вміст МОК,% (вагова частка)	71,06±0,56	68,99 ± 0,52 p < 0,05	66,98±0,17 p < 0,01
Вміст МК,% (вагова частка)	46,82 ± 0,62	45,66 ± 0,89	44,31 ± 0,59 p < 0,05
Вміст ОК,% (вагова частка)	24,24±0,62	23,33±0,30	22,67 ± 0,68
<b>Морфометричні показники поперекових хребців щурів</b>			
Щільність, мг/мм <sup>3</sup>	1,466±0,010	1,495± 0,021	1,429±0,013 p < 0,05 p <sub>1</sub> < 0,05
Маса, мг	169,76±14,58	161,81± 7,06	163,49 ± 8,25
Об'єм, мм <sup>3</sup>	115,93±10,10	108,56±5,51	114,57 ± 6,21
Вміст МОК,% (вагова частка)	60,37 ± 0,53	64,08 ± 1,38 p < 0,05	58,26 ± 1,05 p <sub>1</sub> < 0,01
Вміст МК,% (вагова частка)	36,87 ± 0,85	37,32 ± 1,41	34,02 ± 0,95 p <sub>1</sub> < 0,05
Вміст ОК,% (вагова частка)	23,50 ± 0,47	26,76 ± 0,25 p < 0,01	24,23 ± 0,61 p <sub>1</sub> < 0,01

Примітка: p – вірогідність відмінностей від показника інтактної групи, p<sub>1</sub> – вірогідність відмінностей від показника групи тварин з інтоксикацією  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ , МОК – мінерально-органічний комплекс, МК – мінеральний компонент, ОК – органічний компонент.

Відмінності між відповідними показниками маси й об'єму поперекових хребців в досліджуваних групах тварин не були статистично суттєвими, проте, простежується зв'язок між вірогідним зростанням вмісту МОК в хребцях щурів 2-ої групи і тенденцією до зниження маси і об'єму цих хребців відносно показників інтактної групи (табл. 1). Застосування Мінеролу сприяло формуванню маси і об'єму хребців близькими до показників інтактної групи.

Тривала інтоксикація хлоридом алюмінію призвела до вірогідного збільшення атрофії альвеолярного відростку тварин на 17,1% ( $p < 0,01$ ), що свідчить про посилення резорбції кісткової тканини щелеп під впливом тривалої інтоксикації  $AlCl_3$  (табл. 2).

Таблиця 2

**Вплив профілактичного препарату Мінеролу на атрофію альвеолярної кістки щелеп щурів за умов інтоксикації їх організму розчином  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$**

№	Групи тварин	Атрофія альвеолярної кістки, %
1	Інтактна	$37,4 \pm 1,6$
2	Тварини з інтоксикацією $AlCl_3 \cdot 6H_2O$	$43,8 \pm 0,8$ $p < 0,01$
3	Профілактична: введення препарату Мінерол на тлі інтоксикації $AlCl_3 \cdot 6H_2O$	$48,9 \pm 2,5$ $p < 0,02$ $p_1 < 0,05$

Примітка:  $p$  – вірогідність відмінностей від показника інтактної групи,  $p_1$  – вірогідність відмінностей від показника групи тварин з інтоксикацією  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ .

Профілактичне ведення Мінеролу ще більше посилює резорбцію кісткової тканини щелеп, оскільки ступінь атрофії альвеолярного відростка цих тварин вірогідно збільшився як у порівнянні з рівнем в інтактній групі – на 30,7% ( $p < 0,02$ ), так і відносно показника у щурів 2-ої групи, яким проводили інтоксикацію хлоридом алюмінію – на 11,6% ( $p_1 < 0,02$ , табл. 2).

Таким чином, проведене дослідження дозволяє дійти таких висновків. Тривале введення  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  в означеній дозі призводить до підвищення вмісту алюмінію в стегнових кістках щурів. Отримані результати також свідчать про неоднакову чутливість різних кісток щурів до токсичної дії іонів  $Al^{3+}$ . Так, проведені морфометричні дослідження стегнових кісток і поперекових хребців спостережуваних щурів виявили, що інтоксикація хлоридом алюмінію (у перерахунку на  $Al^{3+}$ ) призвела до незначного зменшення щільності стегнових кісток та несуттєвого збільшення щільності поперекових хребців. При цьому встановлені різноспрямовані зміни вмісту мінерально-органічного комплексу

кісткової тканин цих кісток: у стегових – зменшення за рахунок як мінеральної, так і органічної частки, а у поперекових хребцях – збільшення за рахунок суттєвого підвищення органічної частки.

Зниження маси й об'єму поперекових хребців у групах тварин, яких піддавали інтоксикації хлоридом алюмінію у порівнянні зі зростанням МОК вказують на затримку зростання хребців і можливість накопичення органічного і мінерального компонентів у наявному об'ємі кісток навіть при зниженій інтенсивності синтезу остеїду і мінералізації, що може свідчити про більшу чутливість хребців до токсичної дії йонів  $Al^{3+}$  в порівнянні з стеговими кістками.

Разом з тим, відмічено значний ступінь атрофії в альвеолярній кістці, що свідчить про інтенсифікацію резорбційних процесів і значно більшу чутливість кісток щелепного апарату до інтоксикації хлоридом алюмінію, ніж трубчастих кісток і хребців.

Виявлені неоднозначні зміни морфометричних показників в умовах інтоксикації йонами  $Al^{3+}$ , які можна пояснити переважно вмістом різних типів кісткової тканини в стегових кістках та поперекових хребцях – компактною або трабекулярною відповідно, та підвищенням локальним впливом розчину хлориду алюмінію при всмоктуванні через слизову оболонку в ротовій порожнині на ступінь атрофії в нижній щелепі.

Як відомо з досліджень інших авторів, алюміній може індукувати зміни в метаболізмі кісток внаслідок порушення синтезу органічного матриксу шляхом прямого впливу на остеобласти та їх попередників, пригнічуючи їх проліферацію і диференціацію [16]. *In vitro*  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  за вмісту 0,126–0,252 мг/мл у живильному середовищі за експозиції 24 години викликає зниження виживання остеобластів та гальмування експресії генів m-RNA остеобластів факторів TGF- $\beta_1$ , BMP-2, IGF-2, Cbfa1, що регулюють функціонування та проліферацію клітин кісткової тканини [25]. За тривалого споживання (до 8 місяців) розчинів  $AlCl_3$  у дозах від 1,5 до 230 мг/кг маси тіла у щурів можливо інгібування й остеокластогенезу [12], порушення мінералізації через накопичення алюмінію в кістках у процесі конкурентної взаємодії із залізом, кальцієм, магнієм, фосфором, цинком і міддю [16], накопичення  $Al^{3+}$  в паразитовидних залозах, що призводить до зниження паратгормону [24]. Порушення ремоделювання при інтоксикації алюмінієм призводить до зниження щільності кісток, засвоєння фосфору, порушення фосфорно-кальцієвого обміну та процесів фосфорилування, наприклад, при синтезі АТФ, порушення мембранного транспорту, що впливає на стан мембранних ліпідів [9, 11]. Алюміній формує при накопиченні в кістках металоцитратний комплекс і нерозчинні фосфати, що перешкоджає зростанню кристалів гідроксиапатиту і пригнічує мінералізацію остеїду [2, 16]. Зниження щільності стегових кісток і вмісту мінерально-органічного компоненту в цих кістках та інтенсифікація резорбційних процесів в альвеолярній кістці щелеп, що ми спостерігали в цьому дослідженні, підтверджують вплив хлориду алюмінію на метаболізм кісткових тканин через вказані вище процеси.

Слід зауважити, що хлорид алюмінію у дозах значно менших, ніж у даному дослідженні – від 1,5 до 100 мг/кг маси тіла – за тривалості введення до 1–2 місяців стабільно викликає у щурів вірогідне погіршення біохімічних показників сироватки крові: підвищує вміст аланіамінотрансферази, аспаратамінотрансферази, лужної фосфатази, альбуміну, креатиніну, холестеролу, тригліцеридів, глюкози та інш.; це супроводжується негативними морфологічними змінами у тканинах печінки та нирок: вакуоляризацією і дегенерацією гепатоцитів та клітин тканин нирок, атрофією та некрозом клітин [7, 17, 22, 23].

Мінерол на тлі тривалої інтоксикації  $\text{AlCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$  вірогідно знижував вміст алюмінію в стегнових кістках, що чітко вказує на його властивості як ефективного сорбенту. Разом з тим, введення Мінеролу вірогідно погіршувало усі визначені параметри: щільність, вміст мінерально-органічного компоненту та мінеральної частки кісткової тканини стегнової кістки та поперекових хребців, а також ще більш підвищувало ступінь атрофії альвеолярного відростку щелеп тварин. Тобто, цей препарат за отриманими результатами суттєво посилював негативний вплив хлориду алюмінію на кісткову систему щурів.

Можна припустити, що Мінерол в дозі, яка застосовувалась в дослідженні, незважаючи на певну сорбційну ефективність щодо алюмінію, також вибірково сорбував і аліментарні компоненти, які необхідні для нормального процесу ремоделювання кісткової тканини стегнової кістки, поперекових хребців та щелеп – білок, кальцій, фосфор, магній, цинк і мідь.

Має бути й вагомим припущення, що погіршення морфометричних показників кісток після застосування Мінеролу відбувалося внаслідок можливого утворення токсичних сполук при взаємодії окремих компонентів Мінеролу з хлоридом алюмінію, ймовірно, з йонами хлору.

В даній роботі можливий вплив йонів хлору на морфометричні показники кісток не враховували через незначну дію хлориду алюмінію на кісткову тканину в обраній дозі. Але слід зауважити, що токсичний вплив хлориду алюмінію, як і інших сполук алюмінію, складається з дії всіх компонентів молекул сполук. Наприклад,  $\text{LD}_{50}$  для  $\text{Al}(\text{NO}_3)_3$  і  $\text{AlCl}_3 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$  для 24 годин після введення близькі – 3671 і 3630 мг/кг маси тіла щурів, при цьому надходження  $\text{Al}^{3+}$  до організму теж близьке – 463 і 403 мг/кг. Тоді як  $\text{LD}_{50}$  для  $\text{AlBr}_3$  складає 1598 мг/кг, що у 2,3 рази менше, ніж для вище вказаних сполук, а надходження  $\text{Al}^{3+}$  до організму – 162 мг/кг, тобто за меншої дози надходження  $\text{Al}^{3+}$  до організму токсичність  $\text{AlBr}_3$  значно вища внаслідок того, що йони брому більш токсичні, ніж йони хлору і нітрат-йони [21]. А така сполука, як  $\text{Al}(\text{OH})_3$ , має  $\text{LD}_{50} > 5000$  мг/кг при надходженні  $\text{Al}^{3+}$  до організму не менш 1731 мг/кг, тобто вона найменш токсична серед перелічених сполук, не зважаючи на те, що така доза забезпечує надходження алюмінію в 3,7–10,7 разів вище.

Отже, у дослідженнях застосування природних сорбентів на кшталт Мінеролу на тлі довготривалого вводу підвищених доз сполук алюмінію треба припускати токсичну дію йонів у складі молекул таких сполук і дію можливої взаємодії цих йонів з речовинами сорбентів. При цьому також необхідні дослі-



дження можливого негативного впливу на організм самих сорбентів, особливо за довготривалого застосування. В експериментах слід виділяти групи тварин для дослідження: 1) дії сполуки алюмінію; 2) дії залишків кислот (якщо це сіль) у вигляді неалюмінієвих сполук (наприклад, якщо застосовується хлорид алюмінію, дію йонів хлору можна дослідити з використанням хлориду кальцію у відповідній дозі); 3) дії сорбенту без вводу сполуки алюмінію; 4) дії сорбенту на тлі вводу сполуки алюмінію; 5) дії сорбенту на тлі вводу неалюмінієвої сілі для виявлення причини можливого посилення негативних показників внаслідок взаємодії з сорбентом.

Отримані результати передбачають подальші дослідження сорбційних властивостей Мінеролу з метою зниження інтоксикації алюмінієм. Плануються дослідження цього препарату у різних, у тому числі, й у більш високих дозах, і комбінацій Мінеролу з препаратами кальцію, фосфору та білка в умовах інтоксикації різними сполуками алюмінію з метою створення комплексних препаратів з вираженими профілактичними властивостями для запобігання або зниження наслідків інтоксикації алюмінієм, які будуть спрямовані також на підтримку індексу маси тіла й на компенсацію сорбції аліментарних речовин їжі.

### Висновки

1. Тривала інтоксикація  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  у щурів призвела до накопичення у кістковій тканині стегнових кісток алюмінію, вміст якого збільшився у 2,5 рази, та до підвищення атрофії альвеолярної кістки щелеп на 17,1%.

2. Введення  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  щурам сприяло несуттєвому зменшенню щільності стегнових кісток та збільшенню щільності поперекових хребців.

3. Встановлені різноспрямовані зміни вмісту мінерально-органічного комплексу кісткової тканин кісток внаслідок інтоксикації  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$ : у стегнових – зменшення за рахунок як мінеральної, так й органічної частки, а у поперекових хребцях – збільшення за рахунок суттєвого підвищення органічної частки.

4. Введення Мінеролу щурам на тлі інтоксикації  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  знижувало масу тіла щурів на 16,8% та вміст алюмінію ( $Al^{3+}$ ) в стегнових кістках на 20,7% відносно показників у групі з інтоксикацією  $Al^{3+}$ .

5. Застосування Мінеролу на тлі інтоксикації  $AlCl_3 \cdot 6H_2O$  зменшувало щільність, вміст мінерально-органічного компоненту, мінеральної частки кісткової тканини стегнової кістки та поперекових хребців, а також ще більш підвищувало ступінь атрофії альвеолярного відростку щелеп тварин відносно показників у групі з інтоксикацією  $Al^{3+}$ .

Стаття надійшла до редакції 15.07.2022

### Список використаної літератури

1. Андрусишина І.М. Алюміній у питній воді і здоров'я людини / І.М. Андрусишина.– Київ: УВО WATERNET, 2018.– 38 с.
2. Богущька К.І. Використання алюмінію та його сполук у біомедичних дослідженнях / К.І. Богущька, Ю.І. Прилуцький, Д.М. Ноздрен // Фізіол. журн.– 2014.–Т. 60, вип. 1.– С. 91–97.
3. Борисенко Л. Формула здоров'я. / Л. Борисенко, Е. Стародубцев.– 2013.– www.korrat.com.ua/minerol.pdf
4. ГОСТ 19251.7–93. Межгосударственный стандарт. Методы определения алюминия.– Межгосударственный совет по стандартизации, метрологии и сертификации.– Минск, 1993.– 12 с.
5. Методи дослідження стану кишечника та кісток у лабораторних щурів. Довідник / О.А. Макаренко, Л.М. Хромагіна, І.В. Ходаков, Г.В. Майкова, Л.М. Мудрик, В.В. Кіка, Т.В. Могілевська.– Одеса: видавець С.Л. Назарчук, 2022.– 81 с.
6. Ходаков І.В. Спосіб визначення щільності кісток лабораторних тварин / І.В. Ходаков // Досягнення біології та медицини.– 2004.– № 2(4).– С. 38–41.
7. Al-Hazmi M.A. Biochemical, histological, and neuro-physiological effects of long-term aluminum chloride exposure in rats / M.A. Al-Hazmi, S.M. Rawi, R.Z. Hamza // *Metabolic Brain Disease*.– 2021.– Vol. 36.– P. 429–436.
8. Aluminum and tau in neurofibrillary tangles in familial Alzheimer's disease / M.J. Mold, A. O'Farrell, B. Morris, C. Exley // *J. of Alzheimer's Disease Reports*.– 2021.– Vol. 5.– P. 283–294.
9. Aluminum chloride inhibits osteoblast mineralization via TGF- $\beta$ 1/Smad signaling pathway / X. Sun, Z. Cao, Q. Zhang, L. Han, Y. Li // *Chem. Biol. Interact.*– 2016.– Vol. 244.– P. 9–15.
10. Aluminium in brain tissue in multiple sclerosis / M. Mold, A. Chmielecka, M. R.R. Rodriguez, F. Thom, C. Linhart, A. King, C. Exley // *Int. J. Environ. Res. Public Health*.– 2018.– Vol. 15.– 1777.
11. Aluminum inhibits osteoblastic differentiation through inactivation of Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway in rat osteoblasts / Z. Cao, Y. Fu, X. Sun, Q. Zhang, F. Xu, Y. Li // *Environ. Toxicol. Pharmacol.*– 2016.– Vol. 42.– P. 198–204.
12. Bone impairment caused  $AlCl_3$  is associated with activation of JNK apoptotic pathway mediated by oxidative stress / X.K. Yang, K. Yu, H. Wang, H. Zhang, C. Bai, M. Song, Y. Han, B. Shao, Y. Li, X. Li // *Food. Chem. Toxicol.*– 2018.– Vol. 116 (Part B).– P. 307–314.
13. Evaluation of 28-day repeated oral dose toxicity of aluminum chloride in rats / J.–O. Lim, T.–Y. Jung, S.–J. Lee, S.–J. Park, W.–I. Rosm, S.–H. Park, J.–H. Kim, J.–D. Heo, Y.–B. Kim, J.–B. Shin, J.–C. Kim // *Drug and Chemical Toxicology*.– 2020.– www.tandfonline.com/loi/idct20; doi.org/10.1080/01480545.2020.1808670
14. Exley C. Aluminium in human brain tissue: how much is too much? / C. Exley, M.J. Mold // *Journal of Biological Inorganic Chemistry*.– 2019.– Vol. 24.– P. 1279–1282.
15. Exley C. An aluminium adjuvant in a vaccine is an acute exposure to aluminium / C. Exley // *J. of Trace Elements in Medicine and Biology*.– 2020.– Vol. 57.– P. 57–59.
16. Hellström H.–O. Bone and aluminium / H.–O. Hellström. // *Acta Universitatis Upsaliensis Uppsala*.– 2007.– Digit. Compr. Summ. Upsala Diss. Faculty of Medicine.– Vol. 271.– 86 p.
17. Hammoud G.M. Experimental evaluation of protective action of resveratrol against aluminum-induced toxicity in male rats / G.M. Hammoud, R.A. Shalaby // *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.*– 2019.– Vol. 6, № 1.– P. 11–24.
18. Hussein H.H. Effects of maternal administration of aluminum chloride on the development of the skeletal system of albino rat fetuses-protective role of saffron / H.H. Hussein, M. Mahmoud // *Eur. J. Anal.*– 2013.– Vol. 17, № 2.– P. 63–71.
19. Igbokwe O. Aluminium toxicosis: a review of toxic actions and effects / O. Igbokwe, E. Igwenagu, N.A. Igbokwe // *Interdiscip Toxicol.*– 2019.– Vol. 12(2).– P. 45–70.
20. Klein G.L. Aluminum toxicity to bone: A multisystem effect / G.L. Klein // *Osteoporos Sarcopenia*.– 2019.– Vol. 5(1).– P. 2–5.
21. Kumar S. Acute of aluminium chloride, acephate and their coexposure in male Wistar rat / S. Kumar // *International Journal of Toxicology*.– 2001.– Vol. 20.– P. 219–223.
22. Okail H.A. The protective effects of propolis against aluminum chloride-induced hepatorenal toxicity in albino rats / H.A. Okail, A.S. Ibrahim, A.H. Badr // *The Journal of Basic and Applied Zoology*.– 2020.– Vol. 81.– 34 p.
23. The protective effects of melatonin on aluminum-induced hepatotoxicity and nephrotoxicity in rats / M.S. Othman, M.A. Fared, R.S.A. Hameed, A.E.A. Moneim // *Oxidative Medicine and Cellular Longevity*.– 2020.– Article ID7375136.– 12 p.
24. Traditional and non-traditional risk factors for osteoporosis in CKD / H.S. Jørgensen, K. David, S. Salam, P. Evenepoel // *Calcified Tissue International*.– 2021.– Vol. 108.– P. 496–511.
25. The suppressive effects of aluminum chloride on the osteoblasts function / Y. Zhu, F. Xu, X. Yan, L. Miao, H. Li, C. Hu, Z. Wang, S. Lian, Z. Feng, Y. Li // *Environ. Toxicol. Pharmacol.*– 2016.– Vol. 48.– P. 125–129.

**І. В. Ходаков<sup>1</sup>, О. А. Макаренко<sup>2</sup>, Т. В. Коломійчук<sup>2</sup>, Д. В. Соколов<sup>2</sup>,  
Д. С. Батурін<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Державна установа «Інститут стоматології та щелепно-лицевої хірургії НАМН України», лабораторія біохімії, вул. Рішельєвська, 11, 65026, Одеса, Україна, e-mail: flavan.ua@gmail.com

<sup>2</sup>Одеський національний університет імені І. І. Мечникова, кафедра фізіології, здоров'я і безпеки людини та природничої освіти, вул. Дворянська, 2, 65082, Одеса, Україна, e-mail: makolga29@gmail.com

## **ДОСЛІДЖЕННЯ МОЖЛИВОСТІ ПРОФІЛАКТИКИ МІНЕРОЛОМ ТОКСИЧНОГО ЕФЕКТУ ЙОНІВ АЛЮМІНІЮ НА КІСТКОВУ ТКАНИНУ ЩУРІВ**

### **Резюме**

**Проблема.** Вживання медичних препаратів, що вміщують алюміній, професійна зайнятість в алюмінієвій промисловості, забруднені водні джерела та виробы харчової промисловості з підвищеним вмістом алюмінію негативно впливають на кісткову систему. Актуальним є пошук ефективних протекторів від шкідливої дії алюмінію на стан кісток.

**Мета.** Дослідження можливої профілактичної дії сорбенту Мінеролу на кісткову систему білих щурів за тривалої інтоксикації хлоридом алюмінію.

**Методика.** Дослідження проводили на лабораторних щурах-самцях, яких поділили на групи: 1 – інтактна, 2 – з моделюванням інтоксикації хлоридом алюмінію (240 мг/кг маси тіла); 3 – профілактична; на тлі інтоксикації  $AlCl_3$  щоденно вводили препарат Мінерол у дозі 1 г/кг. Тривалість експерименту складала 2 місяці. В стегнових кістках та поперекових хребцях визначали щільність, вміст мінерального і органічного компонентів, в щелепах – атрофію альвеолярного відростку. В стегнових кістках визначали вміст алюмінію.

**Основні результати.** Тривала інтоксикація  $AlCl_3$  призвела до збільшення у 2,5 рази алюмінію у стегнових кістках, підвищення атрофії альвеолярної відростку щелеп на 17,1%, несуттєвому зменшенню щільності стегнових кісток та збільшенню щільності поперекових хребців. Встановлені зміни вмісту мінерально-органічного комплексу кісток: у стегнових – зменшення за рахунок як мінеральної, так і органічної частки, а у поперекових хребцях – збільшення за рахунок суттєвого підвищення органічної частки. Введення Мінеролу щурам на тлі інтоксикації  $AlCl_3$  знижувало: вміст алюмінію в стегнових кістках на 20,7%, щільність, вміст мінерально-органічного компоненту, мінеральної частки кісткової тканини стегнової кістки та поперекових хребців, а також ще більш підвищувало ступінь атрофії альвеолярного відростку щелеп тварин.

**Висновки.** Мінерол у дозі, яка застосовувалася, мала сорбційний ефект, а також, можливо, зв'язувала аліментарні компоненти їжі, які необхідні для ремоделювання кісткової тканини (білок, кальцій, фосфор та ін.), через що погіршувались морфометричні показники кісток й спостерігалася затримка росту маси тіла щурів. Отримані результати передбачають подальші дослідження сорбційних властивостей Мінеролу в умовах інтоксикації алюмінієм у більш високих дозах та у поєднанні з препаратами кальцію, фосфору та білка.

**Ключові слова:** інтоксикація хлоридом алюмінію; щури; кістки; Мінерол

**I. V. Khodakov<sup>1</sup>, O. A. Makarenko<sup>2</sup>, T. V. Kolomyichuk<sup>2</sup>, D. V. Sokolov<sup>2</sup>,  
D. S. Baturin<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>State establishment “The Institute of stomatology and maxillo-facial surgery National Academy of Medical Sciences of Ukraine”, laboratory of biochemistry, Rishelievs`ka st., 11, 65026, Odesa, Ukraine, e-mail: flavan.ua@gmail.com

<sup>2</sup>Odesa I. I. Mechnikov National University, Department of Physiology, Health and Human Safety and Scientific Education, 2 Dvorianska str., Odesa, 65082, Ukraine, e-mail: makolga29@gmail.com

### **MINEROL IN THE PROBABLE PREVENTION OF TOXIC IMPACT OF ION ALUMINIUM ON BONES IN RATS**

#### **Abstract**

**Background.** The use of a variety of aluminium-containing medications, occupational exposure to alumina dust and fumes, and heavily contaminated water sources have been associated with an adverse effect on the organism, in particular, on bone system. The search for a preventive means against the impact of aluminium on the state of bones is topical.

**Objective.** To assess the probable prophylactic effect of sorbent Minerol on the skeletal system of white rats in long-term  $AlCl_3$  intoxication.

**Materials and methods.** In the 2-month study, male rats were grouped into: intact animals;  $AlCl_3$ -induced toxicity model (240 mg/kg of w.b.); and animals administered daily with Minerol 1g/kg of w.b. on the background  $AlCl_3$  intoxication. Density and content of mineral and organic components were determined in the femurs and lumbar vertebrae, with atrophy of the alveolar process being determined in the jaws. The aluminium content was determined in the femoral bones.

**Results.** A long-term exposure to  $AlCl_3$  resulted in the 2.5-fold increase in aluminium content in femoral bones, 17.1% increase of alveolar bone atrophy, the slight decrease of the density of femoral bones and the slight increase of the density of lumbar vertebrae. The following changes in the content of the mineral-organic complex of bones were indicated: in femurs – the decrease due to both mineral and organic fractions, and in lumbar vertebrae – the increase due to significant increase in the organic fraction. Minerol reduced the aluminium content in femurs by 20.7%, caused a decrease in the density, mineral-organic component and mineral fraction of bone tissue of the femur and lumbar vertebrae, and additionally increased the degree of atrophy of the alveolar bone against the background of  $AlCl_3$  intoxication.

**Conclusions.** In addition to the sorption effect, the dose of Minerol used in the study probably bound the nutritional components required for bone remodelling, i.e. protein, calcium, phosphorus etc. The results imply further investigations of the sorption properties of Minerol in prevention of the negative impact of  $AlCl_3$  in higher dose of the said sorbent and in combination with calcium, phosphorus and protein preparations.

**Keywords:** aluminium chloride intoxication; rats; bones; Minerol

## References

1. Andrusyshyna I. M. (2018) *Aluminium in drink water and the man health* [Алюміній у питній воді і здоров'я людини], Kyiv, UVO WATERNET, p 38.
2. Boguts'ka K. I., Pryluts'kyu Yu. I., Nozdren D. M. (2014) «The use of aluminium and its compounds in the biomedical purposes» [«Використання алюмінію та його сполук у біомедичних дослідженнях»], *Physiol. J.*, 60(1), pp 91–97.
3. Borisenko L., Starodubtsev E. (2013) *Health formula* [Formula zdorovia], [www.korrat.com.ua/minerol.pdf](http://www.korrat.com.ua/minerol.pdf)
4. *GOST 19251.7–93. Interstate standard. Methods of aluminium determination* (1993) [GOST 19251.7–93. Mezghosudarstvennyi standart. Metody opredeleniia aluminiuma.– Mezghosudarstvennyi sovet postandartizatsii, metrologii i sertifikatsii], Interstate council on standardization, metrology and certification, Minsk, p 12.
5. Makarenko O. A., Khromagina L. M., Khodakov I. V., Maykova G. V., Mudrik L. M., Kika V. V., Mogilevs'ka T. V. «Research methods for the state of intestines and bones in laboratory rats. Manuals» (2022) [«Metody doslidzhennia stanu kishchchnyku ta kistok u laboratornykh shchuriv. Dovidnyk»], Odesa: S. L. Nazarchuk, p 81.
6. Khodakov I. V. «The methods of determination of bone density of laboratory animals» (2004) [«Sposib vyznachennia shchilnosti kistok laboratornykh tvaryn»] *Achiv. of Biol. and Med.*, 2(4), pp 38–41.
7. Al-Hazmi M. A., Rawi S. M., Hamza R. Z. (2021) «Biochemical, histological, and neuro-physiological effects of long-term aluminum chloride exposure in rats», *Metabolic Brain Disease*, 36, pp 429–436.
8. Mold M. J., O'Farrell A., Morris B., Exley C. (2021) «Aluminum and tau in neurofibrillary tangles in familial Alzheimer's disease», *Journal of Alzheimer's Disease Reports*, 5, pp 283–294.
9. Sun X., Cao Z., Zhang Q., Han L., Li Y. (2016) «Aluminum chloride inhibits osteoblast mineralization via TGF- $\beta$ 1/Smad signaling pathway», *Chem. Biol. Interact.*, 244, pp 9–15.
10. Mold M., Chmielecka A., Rodriguez M. R. R., Thom F., Linhart C., King A., Exley C. (2018) «Aluminium in brain tissue in multiple sclerosis», *Int. J. Environ. Res. Public Health*, 15, 1777.
11. Cao Z., Fu Y., Sun X., Zhang Q., Xu F., Li Y. (2016) «Aluminum inhibits osteoblastic differentiation through inactivation of Wnt/ $\beta$ -catenin signaling pathway in rat osteoblasts», *Environ. Toxicol. Pharmacol.*, 42, pp 198–204.
12. Yang X. K., Yu K., Wang H., Zhang H., Bai C., Song M., Han Y., Shao B., Li Y., Li X. (2018) «Bone impairment caused by AlCl<sub>3</sub> is associated with activation of JNK apoptotic pathway mediated by oxidative stress», *Food. Chem. Toxicol.*, 116 (Part B), pp 307–314.
13. Lim J.-O., Jung T.-Y., Lee S.-J., Park S.-J., Rosm W.-I., Park S.-H., Kim J.-H., Heo J.-D., Kim Y.-B., Shin I.-S., Kim J.-C. (2020) «Evaluation of 28-day repeated oral dose toxicity of aluminum chloride in rats», *Drug and Chemical Toxicology*, [www.tandfonline.com/loi/idct20](http://www.tandfonline.com/loi/idct20); doi.org/10.1080/01480545.2020.1808670.
14. Exley C., Mold M. J. (2019) «Aluminium in human brain tissue: how much is too much?», *J. of Biological Inorganic Chemistry*, 24, pp 1279–1282.
15. Exley C. (2020) «An aluminium adjuvant in a vaccine is an acute exposure to aluminium», *J. of Trace Elements in Medicine and Biology*, 57, pp 57–59.
16. Hellström H.-O. (2007) «Bone and aluminium», *Acta Universitatis Upsaliensis Uppsala. Digit. Compr. Summ. Uppsala Diss. Faculty of Medicine*, 271, p 86.
17. Hammoud G. M., Shalaby R. A. (2019) «Experimental evaluation of protective action of resveratrol against aluminum-induced toxicity in male rats», *Int. J. Adv. Res. Biol. Sci.*, 6(1), pp 11–24.
18. Hussein H. H., Mahmoud M. (2013) «Effects of maternal administration of aluminum chloride on the development of the skeletal system of albino rat fetuses-protective role of saffron», *Eur. J. Anal.*, 17(2), pp 63–71.
19. Igbokwe O., Igwenagu E., Igbokwe N. A. (2019) «Aluminium toxicosis: a review of toxic actions and effects», *Interdiscip. Toxicol.*, 12(2), pp 45–70.
20. Klein G. L. (2019) «Aluminum toxicity to bone: A multisystem effect», *Osteoporos Sarcopenia*, 5(1), pp 2–5.
21. Kumar S. (2001) «Acute of aluminium chloride, acephate and their coexposure in male Wistar rat», *International Journal of Toxicology*, 20, pp 219–223.
22. Okail H. A., Ibrahim A. S., Badr A. H. (2020) «The protective effects of propolis against aluminum chloride-induced hepatorenal toxicity in albino rats», *The Journal of Basic and Applied Zoology*, 81, p 34.
23. Othman M. S., Fared M. A., Hameed R. S. A., Moneim A. E. A. (2020) «The protective effects of melatonin on aluminum-induced hepatotoxicity and nephrotoxicity in rats», *Oxidative Medicine and Cellular Longevity*, 7375136, p 12.
24. Jørgensen H. S., David K., Salam S., Evenepoel P. (2021) «Traditional and non-traditional risk factors for osteoporosis in CKD», *Calcified Tissue International*, 108, pp 496–511.
25. Zhu Y., Xu F., Yan X., Miao L., Li H., Hu C., Wang Z., Lian S., Feng Z., Li Y. (2016) «The suppressive effects of aluminum chloride on the osteoblasts function», *Environ. Toxicol. Pharmacol.*, 48, pp 125–129.



## **З'ЇЗДИ ТА КОНФЕРЕНЦІЇ**







[https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2\(51\).268554](https://doi.org/10.18524/2077-1746.2022.2(51).268554)

**БІОЛОГІЧНА СЕКЦІЯ –  
“THE IMPORTANCE OF G. GAMOW’S IDEAS FOR BIOLOGY  
OF THE 21<sup>ST</sup> CENTURY” XXII МІЖНАРОДНОЇ ГАМОВСЬКОЇ  
КОНФЕРЕНЦІЇ, ЩО ВІДБУВАЛАСЯ У СЕРПНІ 2022 р.  
В ОДЕСЬКОМУ НАЦІОНАЛЬНОМУ УНІВЕРСИТЕТІ  
ІМЕНІ І.І. МЕЧНИКОВА**

25.08.2022 відбулася робота Біологічної секції щорічної Міжнародної Гамовської конференції у режимі он-лайн на платформі Zoom. Традиційно Біологічна секція проходить під назвою “The Importance of G. Gamow’s Ideas for Biology of the 21<sup>st</sup> Century”.

У роботі секції брали участь відомі науковці, що ведуть дослідження в області молекулярної біології та генетики з провідних наукових установ України, Канади, США, Великої Британії і Німеччини, також брали участь аспіранти та студенти (загалом 52 учасники). Було представлено 13 усних доповідей, серед них доповіді – «Генетичні ресурси рослин для підвищення стресостійкості – на прикладі зернових культур» – проф., д.б.н. Бьорнера А. (Інститут генетики рослин і досліджень культурних рослин імені Лейбніца, Гатерслебен, Німеччина); «Дослідження загальногеномних асоціації для виявлення локусів та генів-кандидатів, що впливають на вміст білка в зерні пшениці м’якої» – проф., д.б.н. Мішевої С. (Інститут фізіології рослин і генетики Болгарської академії наук, Софія, Болгарія); «Дослідження молекулярної еволюції та таксономічне застосування 5S рДНК при аналізі роду *Aconitum*» – проф., д.б.н. Волкова Р. А. (Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна); «Подолання селекційних бар’єрів для пшениці» – проф. Гріффітса С. і докт. Вінген Л. У. (Центр Джона Іннеса, Норвіч, Велика Британія); «Оцінка сучасного стану популяцій *Gentiana lutea* L. Українських Карпат: Еколого-генетичні підходи» – доц., к.б.н. Прокоп’як М.З. (Тернопільський національний педагогічний університет імені Володимира Гнатюка, Тернопіль, Україна); «Часова динаміка спектрів фонового світіння *Photobacterium phosphoreum*» – проф., д.б.н. Мартинюка В. С. (Київський національний університет імені Тараса Шевченка, Київ, Україна.); «Нові мутації *STARD8* і *STARD9*, виявлені в 46,XY пацієнтів з гонадальним дисгенезом, підтримують ці гени як гени-кандидати, що обумовлюють ПРС (порушення розвитку статі)» – Сірохи Д. А. і проф., д.б.н. Лівшиць Л. А. (Інститут молекулярної біології і генетики НАН України, Київ, Україна); «*MYD88* і *CXCR4*, два гени, які відіграють вирішальну роль у макроглобулінемії Вальденстрема» – д.б.н. Мончака Ю. (зав. відділу молекулярної генетики, Центр охорони здоров’я університету Макгілла,

Університет Макгілла та Монреальський університет, Канада); «Джордж Гамов і генетичний код ДНК» – проф., д. ф. н. Сегре Г. (Університет Пенсільванії, США).

Серед підготовлених доповідей вважаємо необхідним відмітити високу якість та актуальність виконаних на сучасному рівні досліджень молодих науковців: «Біоінформатичний аналіз нуклеотидних послідовностей локусів *Gli-1 Triticum aestivum* L.» – аспірантки Попович Ю. А. (ОНУ імені І. І. Мечникова, Одеса, Україна); «Скринінг продуцентів тіопептидних антибіотиків за допомогою репортерної системи на основі промотору гена *tipA*» – аспіранта Тістечка С. І. (Львівський національний університет імені Івана Франка, Україна); «Довгі та короткі варіанти 5S рДНК у геномах видів *Apis*» – аспірантки Рошки Н. М. (Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича, Чернівці, Україна).

Як позитивну рису роботи біологічної секції було відмічено багатоплановість охопленої тематики, що має генетичне підґрунтя, та перспективність досліджень, що виконуються на стику наук.

Учасники Біологічної секції звернули увагу, що Г. А. Гамов зробив внесок у розвиток саме молекулярної біології, поставивши питання про розшифрування генетичного коду, тому необхідно у назву щорічної Гамівської конференції, яку організують астрономи і фізики ОНУ, додати – «Molecular biology», щоб назва конференції охоплювала всі напрямки досліджень, в розвиток яких зробив внесок Г. А. Гамов: «Astronomy and Beyond: Astrophysics, Cosmology and Gravitation, Astroparticle physics, Radioastronomy, Astrobiology and Molecular biology».

**UDC 581.633.1:577.21**

**Börner A.**

Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK), Gatersleben, Germany, e-mail: boerner@ipk-gatersleben.de

### **PLANT GENETIC RESOURCES FOR IMPROVING STRESS TOLERANCE – EXAMPLES FOR CEREALS**

Plant genetic resources for food and agriculture (PGRFA) play a major role for global food security. The most significant and widespread mean of conserving PGRFA is *ex situ* conservation. World-wide 7.4 million accessions are stored in about 1,750 *ex situ* genebanks. Plant *ex situ* genebank collections comprise seed genebanks, field genebanks as well as *in vitro* and cryo collections. Species whose seed can be dried, without damage, down to low moisture contents can be conserved in specially designed cold stores. Such “orthodox” seeds can be expected to maintain a high level of vigour and viability for decades. Field genebanks, *in vitro* and cryo

storage are used primarily for species which are either vegetatively propagated or which have non-orthodox seeds that cannot be dried and stored for long periods. With a total inventory of 150,000 accessions from 3,212 plant species and 776 genera, the 'Federal *ex situ* Genebank of Germany' in Gatersleben holds one of the most comprehensive collections worldwide. It comprises wild and primitive forms, landraces as well as old and more recent cultivars of mainly cereals but also other crops. Starting in the 1920's material was accumulated systematically. Seed storage is managed in large cold chambers at  $-18\text{ }^{\circ}\text{C}$ . Seeds are kept in glass jars, covered with bags containing silica gel (active collection) and in aluminum bags under vacuum (base collection). The maintenance of the collection requires regeneration. Each year between 8 and 10 thousand accessions are grown either in the field or in glasshouses. The collection has been widely characterized and evaluated. In the cereals, mainly wheat and barley, a number of bi-parental mapping populations and association mapping panels have been established to allow for the genetic analysis of various traits. The current focus covers resistance/tolerance to a number of biotic and abiotic stresses, in particular drought and cold.

UDC 575.111:633.11

**Kartseva T.<sup>1</sup>, Alqudah A. M.<sup>2</sup>, Aleksandrov V.<sup>1</sup>, Doneva D.<sup>1</sup>, Börner A.<sup>3</sup>,  
Misheva S.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Institute of Plant Physiology and Genetics, Bulgarian Academy of Sciences,  
Sofia, Bulgaria, e-mail: slandjeva@gmail.com

<sup>2</sup>Aarhus University, Aarhus, Denmark

<sup>3</sup>Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plants Research (IPK Gatersleben),  
Gatersleben, Germany

### **GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDY REVEALS LOCI AND CANDIDATE GENES FOR GRAIN PROTEIN CONTENT IN BREAD WHEAT**

Wheat is a primary source of nutrition for about 40% of the population and provides approximately 20% of calories and 22% of proteins in the human diet. The protein level in the grain of modern varieties is generally low, therefore improvement of the wheat nutritional quality, such as increased protein is a key breeding target. A considerable proportion of the variance in wheat grain protein content (GPC) is attributed to genetic factors. To identify genomic regions underlying the GPC, we evaluated a diverse panel of 255 wheat accessions from 27 countries from five continents using seeds from three-year field trials. The trait phenotyping revealed wide genetic variation. The association mapping performed with 17,093 SNP markers and based on the best linear unbiased estimations (BLUEs) over years

identified six significant marker-trait associations on chromosomes 1D, 3A, 3B, 3D and 5A. The candidate genes search revealed that most relevant putative candidate genes hit directly by the significant SNPs or present within a window of 2 Mbp from them, included sequences encoding: 11S globulin seed storage protein (“triticin”); a subtilisin-like serine protease; transporter proteins; transcription factors and proteins with post-translational regulatory functions; metabolic proteins involved in the biosynthesis of macromolecules, as well as a number of protective and structural proteins. For quantitative traits, finding associations with molecular markers within or near the detected putative candidate genes is a potential tool to reduce length of selection cycles and opens new possibilities for advancing crop improvement.

#### **Acknowledgments**

This work was supported by the Bulgarian National Science Fund (contract KP-06 N31/17)

**UDC 572.852:582.675**

**Tynkevich Y. O.<sup>1</sup>, Novikov A. V.<sup>2</sup>, Chorney I. I.<sup>1</sup>, Volkov R. A.<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine,  
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

<sup>2</sup> State Museum of Natural History, National Academy of Sciences of Ukraine,  
Lviv, Ukraine

### **MOLECULAR EVOLUTION AND TAXONOMIC APPLICATION OF 5S rDNA IN THE GENUS *ACONITUM***

The genus *Aconitum* L. includes a large number of poisonous and pharmaceutically important plants. One of the major diversity centers of this genus is located in the Eastern Carpathians area. In this region there are many representatives of the genus with unclear taxonomic status, in particular, members of the complex *A. anthora* s.l. The taxonomic position of this complex within the genus also remains controversial, as the regions of the chloroplast and nuclear genomes previously used for phylogenetic analysis appeared to be insufficiently variable. Therefore, the search for an optimal molecular marker with a high level of polymorphism within the genus *Aconitum* remains a relevant task.

The 5S rDNA intergenic spacer (IGS) is an evolutionarily variable region of the nuclear genome, which was previously successfully applied for phylogenetic reconstruction in many groups of angiosperms. Here we used analysis of IGS in order to clarify taxonomy of the genus *Aconitum*. Combining molecular cloning, sequencing, and bioinformatic methods, we obtained 5S rDNA IGS sequences for representatives of the *A. anthora* complex and phylogenetically distant species of the subgenera *Aconitum* and *Lycocotnum*. Analysis of IGS sequences showed that

this region is relatively long in species of the genus, ranging in length from 574 to 619 bp. The IGS variability is due to numerous nucleotide substitutions, while short oligonucleotide indels occur only at the 5'-end of the spacer. Four conserved regions were found in the IGS of *Aconitum*, two of which correspond to the external promoter and terminator elements of RNA polymerase III, while the function of the other two regions remains unknown. The first of them shows homology to the 5S rRNA coding region, while the second one demonstrates high similarity to the sequences from the genomes of representatives of taxonomically distant families of monocots and dicots, suggesting horizontal gene transfer. The phylogenetic analysis applying the 5S rDNA IGS supports the interpretation of *A. anthora* s.l. as a separate subgenus within the genus *Aconitum*.

**UDC 575.827:633.11**

**Griffiths S.<sup>1</sup>, Wang F.<sup>2</sup>, Wingen L.<sup>1</sup>, Hawkesford M.<sup>3</sup>, Riche A.<sup>3</sup>, Leverington-Waite M.<sup>1</sup>, Orford S.<sup>1</sup>, Collier S.<sup>1</sup>, Awal R.<sup>1</sup>, Philp Ch.<sup>1</sup>, Banson A.<sup>1</sup>, Chayut N.<sup>1</sup>, Steuernagel B.<sup>1</sup>, Goram R.<sup>1</sup>, Shewry P.<sup>3</sup>, Lovegrove A.<sup>3</sup>, Cheng Sh.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> John Innes Centre, Norwich, United Kingdom

<sup>2</sup> Guangdong Laboratory of Lingnan Modern Agriculture, Genome Analysis Laboratory, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Shenzhen, China

<sup>3</sup> Rothamsted Research, Harpenden, United Kingdom  
e-mail: simon.griffiths@jic.ac.uk

## **BREAKING WHEAT BREEDING BARRIERS 1 AND 2**

Wheat is an important crop, which provides about 20% of the calories consumed by the human population worldwide. Worryingly, world wheat production is under many threats, like heat and drought stress as consequences of climate chaos. Achieving food resilience is an important aim and breeding higher yielding and more resilient bread wheat varieties will be part of the solution.

The genetic, germplasm, and phenotypic resources of a large group of UK wheat scientists [1] has been combined with cutting edge technologies in genomics and innovative genomic analysis to give a unique insight into new and useful genetic variants in the AE Watkins landrace collection [2]. The genomics insights include the fact that the expansive diversity of the landraces are quite poorly represented in modern wheat and that many of these variants are functional. In many cases the new functions have clear benefits for the design of future wheat varieties. These include increased yield, mineral content, disease resistance and new alleles for adaptive variation. We show that these variants were missed by modern breeders by historical

and geographical chance and that there is no reason why unused ancestral groups cannot form the basis of new breeding gains for wheat. In addition, the wealth of phenotypic data derived from field experiments testing ~6000 recombinant inbred lines allows us to see why some traits, such as biomass, were difficult to select in early breeding programmes. Systematic labelling of chromosomal segments with haplotype analysis now allows us to select this missing variation and bring it into modern breeding. We think of these two barriers (breeding history and physiological antagonism) as breeding barriers 1 and 2.

### References

1. Moore G. Strategic pre-breeding for wheat improvement / G. Moore // *Nature Plants*. – 2015. – Vol. 1. – P. 15018. <https://doi.org/10.1038/nplants.2015.18>
2. Wingen L. U. Establishing the A. E. Watkins landrace cultivar collection as a resource for systematic gene discovery in bread wheat // L. U. Wingen, S. Orford, R. Goram, M. Leverington-Waite, L. Bilham, T. S. Patsiou, M. Ambrose, J. Dicks, S. Griffiths // *Theor Appl Genet*. – 2014. – Vol. 127. – № 8. – P. 1831–1842. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2344-5>

### UDC 575.827:633.11

**Wingen L.<sup>1</sup>, Griffiths S.<sup>1</sup>, Wang F.<sup>2</sup>, Hawkesford M.<sup>3</sup>, Riche A.<sup>3</sup>, Leverington-Waite M.<sup>1</sup>, Orford S.<sup>1</sup>, Collier S.<sup>1</sup>, Awal R.<sup>1</sup>, Philp Ch.<sup>1</sup>, Banson A.<sup>1</sup>, Chayut N.<sup>1</sup>, Steuernagel B.<sup>1</sup>, Goram R.<sup>1</sup>, Shewry P.<sup>3</sup>, Lovegrove A.<sup>3</sup>, Cheng Sh.<sup>2</sup>**

<sup>1</sup> John Innes Centre, Norwich, United Kingdom

<sup>2</sup> Guangdong Laboratory of Lingnan Modern Agriculture, Genome Analysis Laboratory, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Agricultural Genomics Institute at Shenzhen, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Shenzhen, China

<sup>3</sup> Rothamsted Research, Harpenden, United Kingdom

e-mail: luzie.wingen@jic.ac.uk

### **BREAKING WHEAT BREEDING BARRIERS 3, 4 AND ...**

The Designing Future Wheat programme [1] is developing novel wheat pre-breeding germplasm with increased yield potential, disease resistance, climate tolerance, bread making and nutritional qualities. Sets of new bread wheat lines, called Pre-Breeding Toolkits, aim to underpin the path to sustainable and productive agriculture. Novel genetic variety is coming, among different sources, from the A. E. Watkins bread wheat landrace collection [2]. Landrace cultivars from this near global collection are performing poorly under modern agricultural practices and are mostly not adapted to the UK environment. Putative useful genomic regions of individual landrace cultivars were previously identified by QTL mapping in the DFW landrace NAM panel [3]. In order to assess the benefit of a QTL in modern

adapted germplasm (the third breeding barrier), the genomic segment needs to be introgressed by markers assisted selection into this germplasm. The resulting Near-Isogenic-Lines (NILs) are evaluated in pairs or families for the QTL effect. The development of such freely available Toolkit-NIL-Sets is constantly ongoing in the DFW programme. Once a Toolkit-NIL-Set has reached the BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> generation, it is genotyped using the Axiom Bread Wheat Breeders' Array and evaluated in field trials at two sites for agronomical and morphological traits. The best performing lines of these sets are selected for the Breeders' Toolkit (BTK), a smaller panel that is assessed in another round of field trials at up to seven different breeding companies. Some outstanding introgressed QTL segments demonstrate robust benefits for the NILs carrying the QTL over sister NILs not carrying them. Field trial results are shared and breeders may chose to introduce these beneficial QTL into their commercial elite lines (the fourth breeding barrier).

## References

1. Moore G. Strategic pre-breeding for wheat improvement / G. Moore // *Nature Plants*. – 2015. – Vol. 1. – P. 15018. <https://doi.org/10.1038/nplants.2015.18>
2. Wingen L. U. Establishing the A. E. Watkins landrace cultivar collection as a resource for systematic gene discovery in bread wheat / L. U. Wingen, S. Orford, R. Goram, M. Leverington-Waite, L. Bilham, T. S. Patsiou, M. Ambrose, J. Dicks, S. Griffiths // *Theor Appl Genet*. – 2014. – Vol. 127. – № 8. – P. 1831–1842. <https://doi.org/10.1007/s00122-014-2344-5>
3. Wingen L. U. Wheat Landrace Genome Diversity / L. U. Wingen, C. West, M. Leverington-Waite, S. Collier, S. Orford, R. Goram, C. Y. Yang, J. King, A. M. Allen, A. Burridge, K. J. Edwards, S. Griffiths // *Genetics*. – 2017. – Vol. 205. – № 4. – P. 1657–1676. <https://doi.org/10.1534/genetics.116.194688>

UDC 575.17:575.113.2:633.34

**Popovych Yu. A.<sup>1</sup>, Blagodarova O. M.<sup>2</sup>, Chebotar S. V.<sup>1,2</sup>**

<sup>1</sup>Odesa I. I. Mechnikov National University, Ukraine,

e-mail: s.v.chebotar@onu.edu.ua

<sup>2</sup> Plant Breeding and Genetics Institute – National Center of Seed and Cultivar Investigations, Ukraine

## BIOINFORMATIC ANALYSIS OF NUCLEOTIDE SEQUENCES OF *GLI-1* LOCI OF *TRITICUM AESTIVUM* L.

The wheat seed storage protein, gliadin, has immense and well studied polymorphism based on the multiple allelism at each of the six main *Gli* loci. Therefore, gliadin alleles provide a set of suitable genetic markers for the identification and comparison of wheat genotypes.

Gliadin genes are highly polymorphic. There are two classifications of gliadins developed on the base of acid PAGE method: by Sozinov and Poperelya [1] (often used in Ukraine) and by Metakovsky et al. [4] (international). Moreover, there are

PCR primers, that could be used for identification some allelic variants of gliadins and polymorphism studying [2, 6]. Recently most scientific works are devoted to sequencing of gliadin genes. Thereby, the aim of the study was to analyze *Gli-I* loci and microsatellite locus *Taglgap* (that were studied by PCR in the previous investigations [3, 5]) in the nucleotide sequences from Genebank using bioinformatic tools.

A set of 121 nucleotide sequences from Genebank was found and analyzed for apparentness of *Gli-A1* sequence that could be detected using PCR primers developed by Zhang et al [2]. *Gli-A1.1* allele was found in 70,1% of *Triticum aestivum* sequences, when *Gli-A1.2* allele in 29,9%. We have found large sequences MG560140 and EF426565 that have two copies of *Gli-A1.1* allele and both alleles *Gli-A1.1* and *Gli-A1.2*, respectively. Similar to *Gli-A1*, 101 nucleotide sequences of *Gli-D1* locus were analyzed. *Gli-D1.1* and *Gli-D1.2* alleles were found in 97% and 3% of *Triticum aestivum* sequences respectively.

The frequency of *Gli-A1.1* and *Gli-A1.2* alleles have the same tendency both in sample of sequences from NCBI, in worldwide wheat collection and in Ukrainian wheat collection analyzed by PCR previously. The frequency of *Gli-A1.1* is higher than *Gli-A1.2* allele. The frequency of *Gli-D1.1* allele is very high in the sample from NCBI, *Gli-D1.2* allele also prevails in worldwide wheat collection, whereas in Ukrainian wheat collection *Gli-D1.2* is dominant.

Only 17 nucleotide sequences from Genebank containing microsatellite locus *Taglgap* were found. Six different alleles: 219 bp, 237 bp, 249 bp, 252 bp, 270 bp, 285 bp were detected for *T. aestivum*. Five of them, were detected also by PCR in the previous study.

## References

1. Sozinov A.A. Genetic classification of prolamins and its use for plant breeding / A.A. Sozinov, F.A. Poperelya // Ann. Technol. Agric. – 1980. – Vol. 29. – P. 229–245.
2. Zhang H. Identification of SNPs and development of allele-specific PCR markers for  $\gamma$ -gliadin alleles in *Triticum aestivum* / H. Zhang, M. Gianibelli, M. L. Rampling, K. R. Gale // Theoretical and Applied Genetics. – 2003. – Vol. 107. – P. 130–138.
3. Metakovsky E. Heteroalleles in common wheat: Multiple differences between allelic variants of the *Gli-B1* locus<sup>37</sup> / E. Metakovsky, L. Pasqual, P. Vaccino, M. Rodriguez-Quijano, Yu. Popovych, S. Chebotar, W. Rogers // Int. J. of Molecular Sciences. – 2021. – Vol. 22. – P. 1832.
4. Metakovsky E.V. Gliadin allele identification in common wheat. II. Catalogue of gliadin alleles in common wheat / E.V. Metakovsky // Genet. Breed. – 1991. – Vol. 45. – P. 325–344.
5. Popovych Yu.A. Polymorphism of microsatellite locus *Taglgap* and its connection with allelic variants of gliadins / Yu.A. Popovych, O.M. Blagodarova, S.V. Chebotar // Visnyk ONU. Biologia. – 2021. – Vol. 2, № 49. – P. 73–85.
6. Popovych Yu. Congruity of the polymorphisms in the expressed and noncoding parts of the *Gli-B1* locus in common wheat / Yu. Popovych, S. Chebotar, V. Melnik, M. Rodriguez-Quijano, L. Pascual, W.J. Rogers, E. Metakovsky // Agronomy. – 2020. – Vol.10 – P. 1510.



УДК 575.17: 582.923.1

**Прокоп'як М.З., Майорова О.Ю., Колісник Х.М., Грицак Л.Р.,  
Дробик Н.М.**

Тернопільський національний педагогічний університет  
імені Володимира Гнатюка, Тернопіль, Україна,  
e-mail: mosula@chem-bio.com.ua

**ОЦІНКА ГЕНЕТИЧНОГО ПОЛІМОРФІЗМУ  
*GENTIANA LUTEA* L.  
(ПОЛОНІНА КРАСНА, УКРАЇНСЬКІ КАРПАТИ)**

Дослідження генетичного поліморфізму і генетичної структури рідкісних видів рослин є необхідною складовою програм їх збереження та відновлення. До таких видів належить високогірний лікарський вид *Gentiana lutea* L., що має природоохоронний статус «вразливий». Мета роботи полягала у дослідженні генетичної різноманітності популяції *G. lutea* з полонини (пол.) Красна Українських Карпат. Ця популяція розташована на висоті 950–1450 н.р.м., займає площу 3 га та перебуває на межі зникнення через критично низьку щільність (5 ос./га).

Генетичний поліморфізм *G. lutea* оцінювали з використанням 9 ISSR (Inter Simple Sequence Repeats)-праймерів [1]. Показники генетичного поліморфізму популяції (частку поліморфних ампліконів (P), очікувану гетерозиготність (He), індекс Шеннона (S)) розраховували з використанням програми GenAlEx 6.5.

Показники генетичного поліморфізму рослин з пол. Красна становили: He: 0,110±0,017, S: 0,160±0,025; P: 27,5%. Значення усіх цих показників було нижче за усереднені дані досліджених нами раніше 4 популяцій *G. lutea* з Чорногірського масиву і 2 – зі Свидовця [2]. Найбільше (в 1,3 рази) від усереднених (34,5%) значень відрізнявся показник частки поліморфних ампліконів. Виявлено, що за показниками генетичного поліморфізму популяція з пол. Красна наближена до зникаючої популяції з г. Гутин Томнатик (хр. Чорногора), яка у минулому теж зазнавала значного пасторального навантаження. Тривалий інтенсивний випас призводить до зміни структурно-функціональної організації фітоценозу, що позначається на популяційних параметрах видів та їх біологічних особливостях [3]. Тому, навіть за зниження рівня пасторального навантаження стабілізація чисельності особин *G. lutea* у таких оселищах відбувається повільно [3].

Отже, отримані дані свідчать про низький рівень генетичного поліморфізму популяції *G. lutea* з пол. Красна, що свідчить про необхідність впровадження заходів охорони цієї популяції, а також її поновлення.

### Список використаної літератури

1. Mosula M.Z. Genetic polymorphism of *Gentiana lutea* L. (Gentianaceae) populations from the Chornohora ridge of the Ukrainian Carpathians / M.Z. Mosula, I.I. Konvalyuk, V.M. Mel'nyk et al. // Cytology and Genetics. – 2014. – V. 48, № 6. – P. 371–377.
2. Мосула М.З. Генетична структура і диференціація популяцій *Gentiana lutea* L. (Gentianaceae) в Українських Карпатах / М.З. Мосула, В.М. Мельник, І.І. Конвалюк та ін. // Вісн. Укр. тов-ва генетиків і селекціонерів. – 2014. – Т. 12, № 2. – С. 174–183.
3. Кияк В.Г. Зміни структури популяцій рідкісних та ендемічних видів рослин високогір'я Карпат під впливом антропогенних чинників / В.Г. Кияк // Наукові основи збереження біотичної різноманітності. – 2013. – Т. 4 (11), № 1. – С. 111–122.

UDC 577.336:579.843.083.13

**Martyniuk V.S.<sup>1</sup>, Gromozova O.M.<sup>2</sup>, Tseysler Yu.V.<sup>1</sup>, Gretskey I.O.<sup>2</sup>,  
Artemenko A. Yu.<sup>1</sup>**

1 Taras Shevchenko Kyiv National University, Kyiv, Ukraine,  
e-mail: vittorio.martini.office@gmail.com

2 Institute of Microbiology and Virology of the National Academy of Sciences  
of Ukraine, Kyiv, Ukraine, e-mail: gren.elen@gmail.com

### TIME DYNAMICS OF BACKGROUND LUMINESCENCE SPECTRA OF *PHOTOBACTERIUM PHOSPHOREUM*

The intensity of bacterial luminescence depends on many factors but one of the strange phenomena is the correlation of the bacterial glow with the dynamics of cosmogeophysical processes associated with space weather, in particular with variations of the natural electromagnetic background [1]. In previous studies, we revealed the coincidence of periods of the luminescence of *Photobacterium phosphoreum* and the physical-chemical properties of water, as well as their correspondence to the dynamics of space weather factors [2]. The purpose of this study was to find out the possible mechanisms of connection between these processes based on the analysis of the luminescence spectra of photobacteria.

We observed the bacterial luminescence in range from 240 to 700 nm with a dominant maximum at 460–500 nm which corresponded to the luminescence of FMN-containing proteins. It is known that the excitation of the electronic structure of FMN requires an energy of about 3 eV, which corresponds to the energy of light waves with a length of 412 nm. But we observed the bacterial suspensions also glow in the UV region of the spectrum that testify to much more energy generated in the enzymatic process of oxidation, which should exceed 5 eV. This fact allows us to assume the involvement in this process of active forms of oxygen, such as OH\* and HOO\* radicals, the recombination of which is accompanied by the emission of light quanta in the UV range. The generation of UV light in bacteria explains the nature of small local maxima in the bioluminescence spectra associated with the induced

fluorescence of aromatic amino acids – 270–290 nm (phenylalanine), 302–310 nm (tyrosine), 320–350 nm (tryptophan). At the same time, local maxima in the green, yellow, and red regions of the spectrum may be associated with the presence of other fluorophores, in particular fluorescent proteins *LumP*, etc. The analysis of the time variability of the background luminescence spectra of *P. phosphoreum* photobacteria in 240–700 nm showed the existence of periodic components of 20–25 min that are very close to the period of 18–19 min of collective spin ortho-para transitions in water molecules [3]. Such transitions can be sensitive to the influence of electromagnetic fields in wide frequency and amplitude ranges and are associated with changes in space weather, which requires additional study.

### References

1. Бержанская Л. Ю. Нестационарный характер бактериальной биолюминесценции в периоды возмущений геомагнитного поля / Л. Ю. Бержанская, В. Н. Бержанский, Т. Г. Старчевская // Биофизика. – 1998. – Т. 43, № 5. – С. 783–788.
2. Drozdov A. V. An analysis of the bioluminescence intensity dynamics of the luminous bacteria *Photobacterium phosphoreum* / A. V. Drozdov, E. N. Gromozova, I. A. Gretskey // Biophysics. – 2015. – V. 60 – P. 251–255.
3. Pendleton R. L. Oscillations in water luminescence recapitulate periodic changes attributed to ortho-para spin pairs of water hydrogens / R. L. Pendleton, D. M. Morré, S. V. Gudkov, S. D. Zakharov // J Phys Chem Biophys. – 2016. – Vol. 6 (2) – P. 1–4. DOI: 10.4172/2161-0398.1000211

УДК 79.23; 579.22

Тістечок С. І.<sup>1</sup>, Мироновський М.<sup>2</sup>, Федоренко В. О.<sup>1</sup>, Лужецький А. М.<sup>2</sup>, Громико О. М.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Львівський національний університет ім. І. Франка, Львів, Україна, e-mail: oleksandr.gromyko@lnu.edu.ua

<sup>2</sup>Саарландський університет, Саарбрюккен, Німеччина

### СКРИНІНГ ПРОДУЦЕНТІВ ТІОПЕПТИДНИХ АНТИБІОТИКІВ З ВИКОРИСТАННЯМ РЕПОРТЕРНОЇ СИСТЕМИ НА ОСНОВІ ПРОМОТОРА ГЕНА *tipA*

Одним із методів вирішення проблеми поширення інфекційних захворювань, часто спричинених мультирезистентними формами патогенних мікроорганізмів, є розробка нових терапевтичних засобів. Тіопептидні антибіотики привертають увагу дослідників через свою високу антибіотичну активність, в тому числі проти різних антибіотикорезистентних мікроорганізмів. Виявлення певних класів сполук з природних джерел стає значно ефективнішим за використання специфічних цільноклітинних біосенсорів [1].

У цій роботі ми зосередилися на скринінгу продуцентів тіопептидних антибіотиків серед природних штамів актинобактерій ризосфери *Juniperus excelsa*

(Vieб.), виділених на території Кримського п-ва. Для цього використали мікробний біосенсор *Streptomyces lividans* ТК24 рМО16, основою якого є індукцибельний промотор гена *tipA* злитий з геном *neo*, який забезпечує стійкість до неоміцину/канаміцину в присутності тіопептидів [2]. Протестувавши 372 штами актинобактерій ми виявили два штами Je 1–79 і Je 1–613, які індукувати ріст біосенсора. За допомогою дереплікативного аналізу в екстрактах цих штамів ідентифікували тіопептидні антибіотики бернінаміцин А та В. Філогенетичний аналіз на основі нуклеотидної послідовності гену 16S rRNA та п'яти генів домашнього господарства (*gyrB*, *atpD*, *recA*, *rpoB* і *trpB*) класифікував їх як представників двох різних видів із роду *Streptomyces*. В геномі *Streptomyces sp.* Je 1–79 виявили кластер генів біосинтезу бернінаміцину, який має високий рівень подібності (93%) з *ber*-кластером *S. bernensis* (GenBank: KC894738). Таким чином, використання штаму-біосенсора *S. lividans* ТК24 рМО16 є ефективним і може прискорити специфічне виявлення тіопептидних антибіотиків у природних ізолятах актиноміцетів.

#### Список використаної літератури

1. Rebets Y. Design, development and application of whole-cell based antibiotic-specific biosensor / Y. Rebets, S. Schmelz, O. Gromyko, S. Tistechok, L. Petzke, A. Scrima, A. Luzhetskyy // *Metab Eng.* – 2018. – Vol. 47. – P. 263–270. <https://doi.org/10.1016/j.ymben.2018.03.019>
2. Myronovskyy M. A gene cloning system for the siomycin producer *Streptomyces sioyaensis* NRRL-B5408 / M. Myronovskyy, B. Ostash, I. Ostash, V. Fedorenko // *Folia Microbiol (Praha)*. – 2009. – Vol. 54(2). – P. 91–96. <https://doi.org/10.1007/s12223-009-0013-x>.

UDC 577.212.3+595.799

**Roshka N. M., Volkov R. A.**

Department of Molecular Genetics and Biotechnology,  
Yuriy Fedkovych Chernivtsi National University, Chernivtsi, Ukraine,  
e-mail: r.volkov@chnu.edu.ua

#### LONG AND SHORT 5S rDNA VARIANTS IN THE GENOMES OF *APIS* SPECIES

5S rDNA belongs to the class of moderately repeated, tandemly arranged sequences present in the genomes of all eukaryotes. Each repeated unit of 5S rDNA consists of a highly conserved coding region of approximately 120 bp and a variable intergenic spacer region (IGS). The IGS comparison is successfully used to study microevolution and molecular taxonomy in plants and animals. However, insect 5S rDNA is still poorly characterized. In this work we describe the results of the sequencing and analysis of the 5S rDNA for some members of the genus *Apis*.

The 5S rDNA repeats of several *A. mellifera* subspecies were amplified by PCR. Then the PCR products were cloned using a plasmid vector and sequenced. The 5S rDNA sequences of *A. cerana* were found in the Genbank database and used for the analysis.

It was shown that at least two different length classes of 5S rDNA IGS are present in the genomes of all examined members of the genus *Apis*. The length of the short IGS class ranges from 239 to 253 bp while that of the long class ranges from 706 to 714 bp. In addition to the variability in length, the obtained IGS sequences differ significantly by nucleotide substitutions and short indels. Several putative elements of the 5S rDNA promoter and terminator, such as TATTT, GAGAGAGA and oligoT motifs were detected, respectively, upstream and downstream of the rRNA coding region in both long and short IGS classes. However, the exact role of these motifs in the transcription of 5S rDNA in insects is currently unknown. Putative specific functions of two length classes of 5S rDNA also require further clarification.

#### UDC 577.21:616.6

**Livshits L.<sup>1</sup>, Sirokha D.<sup>1</sup>, Gorodna O.<sup>1</sup>, Zelinska N.<sup>2</sup>, Jaruzelska J.<sup>3</sup>,  
Kusz-Zamelczyk K.<sup>3</sup>, Lauber-Biason A.<sup>4</sup>, Nef S.<sup>5</sup>**

<sup>1</sup> Laboratory of Human Genomics, Institute of Molecular Biology and Genetics, National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv, Ukraine, e-mail: Livshits@edu.imbg.org.ua

<sup>2</sup> Ukrainian Scientific and Practical Center for Endocrine Surgery, Transplantation of Endocrine Organs and Tissues, Ministry of Health of Ukraine, Kyiv, Ukraine

<sup>3</sup> Institute of Human Genetics, Polish Academy of Sciences, Poznań, Poland

<sup>4</sup> Department of Endocrinology, Metabolism and Cardiovascular Research, University of Fribourg, Fribourg, Switzerland

<sup>5</sup> Department of Genetic Medicine and Development, Faculty of Medicine, University of Geneva, Switzerland

#### **NOVEL *STARD8* AND *STARD9* MUTATIONS IDENTIFIED IN 46, XY GONADAL DYSGENESIS PATIENTS LEND SUPPORT TO THESE GENES AS DSD CANDIDATES**

Investigating mutation in genes, affecting gonad development is essential for understanding the genetic mechanisms causing Disorders/Differences in Sex Development (DSD). The aim of the research was to identify novel DSD genetic variants using whole exome sequencing (WES). The WES was performed for two unrelated 46, XY SRY positive patients with gonadal dysgenesis.

In the first patient the hemizygous missense mutation NM\_001142503.2 c.2659C>T (p. Arg887Cys) (rs766188656) in *STARD8* gene (MAF = 0.0000251)

was identified and confirmed as pathogenic using bioinformatic tools. After analysis of the second patient two different mutations in compound heterozygous state were identified in *STARD9* gene: NM\_020759.3 c.5585\_5590del (p. Ser1862\_Thr1863del) (rs528276071) – inframe deletion (MAF = 0.0019) combined with NM\_020759.3 c.3514C>T (p.Arg1172Cys) (rs12594837) – missense mutation (MAF = 0.00837). The analysis of genetic background, which was performed for both patients, did not reveal any pathogenic variants implicated in DSD phenotype. All detected mutant variants were inherited from healthy parents – heterozygous carriers and were not previously implicated in the pathogenesis of any disease. Bioinformatic analysis revealed that mutant variant in *STARD8* and both mutations in *STARD9* genes located in positions that are conserved in primates.

Based on the results obtained in current study, previous reports of *STARD* gene family mutations in DSD patients, expression patterns of *STADR8* and *STARD9* genes and steroidogenic properties of their protein products we conclude that *STADR8* and *STARD9* are considered as 46, XY DSD causing genes.

#### UDC 577.21

**Monczak Yu.**

Division of Molecular Genetics McGill University Health Center,  
McGill University and University of Montreal, Canada

#### ***MYD88* AND *CXCR4*, TWO GENES THAT PLAY A CRUCIAL ROLE IN WALDENSTRÖM'S MACROGLOBULINEMIA**

Waldenström's macroglobulinemia (WM) is a rare non-Hodgkin's lymphoma of clonal origin, classified as lymphoplasmacytic lymphoma in the REAL and WHO classification system. In Canada, with a population of approximately 38 million, 150–200 new cases of WM are noted each year (~5 cases per 1 million people), typically affecting twice as many males as females over the age of 65. This disease is considered a chronic, indolent lymphoproliferative neoplasm, and it usually presents itself with high levels of monoclonal IgM (immunoglobulin M) in the serum. It primarily manifests itself in the bone marrow, where abnormal B-lymphocytes replicate at an increased rate and crowd out normal leukocyte development. In time, high levels of IgM proteins from the malignant cells accumulate in the blood, impair circulation and cause further complications. If untreated, WM can become life-threatening, causing anemia, neutropenia and thrombocytopenia, among other complications.

Recently two genes, *MYD88* and *CXCR4* were discovered to play a pivotal role in the development and treatment of this disease. *MYD88* (myeloid differentiation

factor 88) was first described in 1990 as a differentiation factor and later as an adaptor for the IL-1R signaling pathway. It functions as a signal transducer of the NF- $\kappa$ B transcription factors. Using whole genome sequencing, Treon et al. [1] found a very specific mutation (nucleotide position 38182641 on chromosome 3p22.2) in the DNA of over 90% of WM cases. This mutation (T→C transversion) causes a single amino acid change, from leucine to proline (L265P), causing activation of a signal transduction pathway involving NF- $\kappa$ B, an event that is essential for the growth of the malignant WM cells. One of the key steps in *MYD88*-mediated activation is the constitutive phosphorylation of Bruton's tyrosine kinase (BTK), a critical step in B-cell signaling, immune response regulation and cell proliferation. The presence of the *MYD88* L265P mutation is used for molecular diagnosis of WM, which then justifies treatment with Ibrutinib, an effective BTK inhibitor.

The *CXCR4* (C-X-C motif chemokine receptor 4) gene codes for a transmembrane G-protein-coupled receptor involved in lymphopoiesis, having potent chemotactic activity for lymphocytes and is important, among other functions, in hematopoietic stem cell homing to the bone marrow. Some specific mutations (WHIM-type) [2] result in truncated or frame-shifted *CXCR4* protein in its carboxy (C)-terminus, resulting in increased and deregulated receptor activity. Such mutations are associated with bone marrow involvement and more aggressive disease at diagnosis. They confer significant resistance to Ibrutinib, a drug used in the treatment of WM [3], resulting in a shorter treatment-free survival compared to patients with unmutated *CXCR4*. Again, molecular detection of *CXCR4* mutations in the context of WM is essential [4].

## References

1. Treon S.P. MYD88 L265P somatic mutation in Waldenström's macroglobulinemia / S. P. Treon, L. Xu, G. Yang, Y. Zhou, X. Liu, Y. Cao, P. Sheehy, R. J. Manning, C. J. Patterson, C. Tripsas, L. Arcaini, G. S. Pinkus, S. J. Rodig, A. R. Sohani, N. L. Harris, J. M. Laramie, D. A. Skifter, S. E. Lincoln, Z. R. Hunter // *New England Journal of Medicine*. – 2012. – Vol. 367. – P. 826–833. <https://doi.org/10.1056/NEJMoa1200710>
2. Hunter Z.R. The genomic landscape of Waldenstrom macroglobulinemia is characterized by highly recurring MYD88 and WHIM-like CXCR4 mutations, and small somatic deletions associated with B-cell lymphomagenesis / Z.R. Hunter, L. Xu, G. Yang, Y. Zhou, Liu, X., Y. Cao, R.J. Manning, C. Tripsas, C.J. Patterson, P. Sheehy, S.P. Treon // *Blood*. – 2013. – Vol. 123. – P. 1637–1646. <https://doi.org/10.1182/blood-2013-09-525808>
3. Kaiser L.M. CXCR4 in Waldenström's Macroglobulinemia: chances and challenges / L. M. Kaiser, Z. R. Hunter, S. P. Treon, C. Buske // *Leukemia*. – 2021. – Vol. 35. – P. 333–345. <https://doi.org/10.1038/s41375-020-01102-3>
4. Castillo J.J. CXCR4 mutations affect presentation and outcomes in patients with Waldenström macroglobulinemia: A systematic review / J.J. Castillo, D.F. Mareno, M.I. Arbelaez, Z. R. Hunter, S.P. Treon // *Expert Rev of Hematol* – 2019. – 12(10):873–881 <https://doi.org/10.1080/17474086.2019.1649132>

**UDC 577.213/.215**

**Segrè G.**

University of Pennsylvania, Philadelphia, USA

### **GEORGE GAMOW AND DNA'S GENETIC CODE**

This talk is meant to introduce George Gamow's role as a visionary scientist, a unique educator of the young and old, a famous introducer of humor into science and finally, as a pioneer of molecular biology.

Gamow is responsible for more original, interesting science ideas than almost any other theorist of the 20th century. Many of these ideas were wrong in the details, but they always had an important, stimulating, far reaching quality. The ideas he proposed first include the nucleus as liquid drop, the importance of neutrinos in supernova collapse, the origin of the elements in the Periodic Table, the Universe's Big Bang and the existence of a genetic code in DNA for the creations of amino acids and then of proteins.

#### **References**

1. Segrè G. Ordinary Geniuses: Max Delbrück, George Gamow and the Origins of Molecular Biology and Big Bang Cosmology / Gino Segrè / New York: Viking – 2011. – 330 p.
2. Gamow G. My World Line: An Informal Autobiography / George Gamow / New York: The Viking Press – 1970. – 178 p.



Макет В.Г. Вітвицька

Підписано до друку 23.12.2022 р. Формат 70×108/16. Ум. друк. арк. 10,59.  
Тираж 50 прим. Зам. № 2513.

Видавець і виготовлювач

Одеський національний університет імені І.І. Мечникова  
Свідоцтво суб'єкта видавничої справи ДК № 4215 від 22.11.2011 р.  
65082, м. Одеса, вул. Єлісаветинська, 12, Україна  
Тел.: (048) 723 28 39  
e-mail: druk@onu.edu.ua