

2012. Вип. XVI. С. 10-23.  
<http://lib.pnu.edu.ua/files/Visniki/visnyk-biolog-2012-16.pdf>
3. Нікітін М. І. Екологічна характеристика структури популяції колорадського жука (*Leptinotarsa decemlineata* Say) в північному Степу України. Київ, 2006. 20 с.  
<http://base.dnsgb.com.ua/files/ard/2006/06nmipsu.pdf>
  4. Якубенко Д.С., Задорожня В.Ю. Фенотипічна структура популяції *leptinotarsa decemlineata say*, 1824 Михайлівського району Запорізької області. Вісник Запорізького національного університету 2013. С. 12-18.  
[http://sites.znu.edu.ua/bio-eco-chem-sci/issues/files/2013/11/47/6645\\_1385116869\\_4.pdf](http://sites.znu.edu.ua/bio-eco-chem-sci/issues/files/2013/11/47/6645_1385116869_4.pdf)

**УДК 575.174.015.3**

## **ПІДБІР ПОКАЗНИКІВ ІНФОРМАТИВНОСТІ ДЛЯ ОЦІНКИ ЕФЕКТИВНОСТІ ДНК-МАРКЕРІВ**

**Флячок А.І., Прокоп'як М.З., Дробик Н.М.**

Тернопільський національний педагогічний університет  
імені Володимира Гнатюка

E-mail: [mosula@chem-bio.com.ua](mailto:mosula@chem-bio.com.ua)

Однією із центральних проблем молекулярної генетики є вивчення поліморфізму геномів рослин. Її вирішення має як фундаментальне, так і практичне значення. На сьогодні методи молекулярно-генетичного аналізу на основі полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) є одними з найефективніших для вивчення генетичного поліморфізму рослин і тварин. Маркерна система нуклеотидної послідовності ДНК дозволяє тестувати генетичну різноманітність на рівні генів. Створення молекулярних маркерів і їх використання у біологічних дослідженнях дозволило детальніше вивчити генетичний поліморфізм і дослідити рівень спорідненості на між- і внутрішньовидовому рівнях. ДНК-маркери використовуються із різними цілями, наприклад для генетичного фінгерпринтування, картування хромосом, проведення філогенетичного аналізу, ідентифікації сортів і генів, паспортизації організмів й ін.

Вивчення генетичної структури популяцій рослин дає

змогу отримати інформацію про унікальність їх генотипу, а також дослідити рівень внутрішньопопуляційного і внутрішньовидового поліморфізму й встановити напрямки розвитку генетичних процесів у них. Вивчення популяційно-генетичної структури з використанням ДНК-маркерів дозволить прогнозувати можливі порушення її відтворення. Для цього насамперед необхідно підібрати оптимальні високоінформативні молекулярно-генетичні маркери й оцінити рівень їхньої інформативності. До сьогодні змінився ряд поколінь різних молекулярно-генетичних маркерів. Кожний з них має позитивні властивості й недоліки [2]. Актуальним сьогодні є підбір найінформативніших ДНК-маркерів для оцінки генетичного поліморфізму популяцій рослин й підбір найефективніших показників їх інформативності.

Метою роботи було підібрати найефективніший показник інформативності ДНК-маркерів (на прикладі вивчення генетичного поліморфізму представників роду *Gentiana* L.).

Відбір праймерів для дослідження генетичного різноманіття *Gentiana lutea* L. було розпочато з попереднього скринінгу, за допомогою якого оцінювали якість і кількість продуктів ампліфікації, утворюваних в ПЛР з ДНК однієї із рослин цього виду. У результаті попереднього скринінгу 9 з 13 ISSR (inter simple sequence repeats)-праймерів (69 %) виявилися найбільш інформативними.

Для оцінки інформативності праймерів розраховували наступні показники:

- загальну кількість ампліконів (ЗКА), кількість поліморфних ампліконів (КПА);
- показник інформативності (PIC) [1]:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^I p_i^2$$

де  $p_i$  – частота  $i$ -ї алелі маркера;  $I$  – число алелей маркера. Для домінантних маркерів максимальне значення PIC становить 0,5;

- індекс інформативності маркерів (marker index, MI) [3]:

MI = PIC × кількість поліморфних локусів;

- розпізнавальну здатність (discrimination power, D) [5]:

$$D = 1 - C,$$

де C – ймовірність невизначеності під час диференціації зразків, а саме того, що два довільно обрані генотипи з вибірки n будуть мати однакові набори фрагментів ДНК:

$$C = \sum_{i=1}^l p_i \frac{n \cdot p_i - 1}{n - 1};$$

- роздільну здатність (Rp) [4]:

$$R_p = \sum I_b,$$

де I<sub>b</sub> – інформативність амплікона, яку визначають, виходячи із частки генотипів, що його містять (p):

$$I_b = 1 - (2 \times |0,5 - p|);$$

Зв'язок між показниками інформативності праймерів розраховували за допомогою коефіцієнта кореляції Спірмена.  $r_s$  розраховували за формулою, запропонованою Sokal R.R. і Rohlf F.J. (1995):

$$r_s = 1 - \left[ \frac{6 \sum d_i^2}{n(n^2 - 1)} \right],$$

де n – кількість праймерів,  $x_i$ ,  $y_i$  – ранг показників ефективності праймерів,  $d_i$  – різниця показників  $x_i$  й  $y_i$  ( $x_i - y_i$ ).

Для обрахунку показників інформативності праймерів було використано програму iMEC: Online Marker Efficiency Calculator.

Найбільшу кількість ампліконів, синтезовано з використанням праймера UBC#811 (згідно даних дослідження семи популяцій (гг. Шешул-Павлик (Sh), пол. Лемська (Lem), г. Гутин Томнатик (HT), гг. Трояска-Татарука (Tr), пол. Крачунеска (Kr)), пол. Красна (Krs), г. Пожижевська (Pozh)) *G. lutea* у середньому 16,6), а найменшу – з використанням UBC#827. Найбільшу кількість поліморфних фрагментів отримано з допомогою UBC#811 – 14,7 на праймер (усереднене значення для семи популяцій), а найменшу з використанням

UBC#827 – 5,6 на праймер. Згідно усереднених даних для зразків із семи популяцій найвищі показники  $R_p$  серед усіх досліджених праймерів були у UBC#807 і UBC#811. Загалом значення  $R_p$  коливалися у межах 2,9–8,1. За значеннями PIC ISSR-праймери були подібними між собою, коливалися у межах від 0,189 до 0,500 і в середньому показник інформативності становив 0,433. Згідно усереднених даних для зразків із семи популяцій найвищі показники  $M_I$  із усіх досліджених праймерів були у UBC#811. Найменш інформативними за цим показником був UBC#827. Згідно усереднених даних для зразків із семи популяцій найвищі показники розпізнавальної здатності серед усіх досліджених праймерів були у UBC#807 і UBC#811 (0,751 і 0,746 відповідно). Найменш інформативними за цим показником був UBC#889 (0,368).

Взаємозв'язки між використаними параметрами оцінки ефективності праймерів ( $R_p$ , PIC,  $M_I$ , D, ЗКА, КПА), розраховані із використанням коефіцієнта кореляції Спірмена, характеризувалися високим рівнем достовірності ( $p < 0,001$ ,  $r = 0,05$ ), лише у деяких випадках воно було вищим, ніж 5 %.

Отже, показники  $R_p$ , PIC,  $M_I$ , D, імовірно, відображають різну інформативність праймерів. Ретельний первинний скринінг праймерів обраного ПЛР-методу є важливою умовою вибору найефективнішого методу дослідження. Показник ймовірності невизначеності  $C$ , може бути використаний для визначення мінімального необхідного набору праймерів, потрібного для диференціації аналізованої вибірки з  $N$  зразків. Вибір найоптимальніших найефективніших ISSR-праймерів найкраще здійснювати за показниками  $R_p$  і  $D$ .

#### Список літератури

1. Botstein D., White R.L., Skolnick M. et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 1980. Vol. 32. P. 314–331.
2. Mondini L., Noorani A., Pagnotta M.A. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity.* 2009. Vol. 1. P. 19–35.

3. Powell W., Morgante M., Andre C. et al. The comparison of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breeding*. 1996. Vol. 2, Is. 3. P. 225–228.
4. Saini A., Wilkinson M.J. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 1999. Vol. 98, Is. 1. P. 107–112.
5. Tessier C., David J., This P. et al. Optimization of the choice of molecular markers for varietal identification in *Vitis vinifera* L. *Theor. Appl. Genet.* 1999. Vol. 98, Is. 1. P. 171–177.

**УДК 374.147**

**ОРГАНІЗАЦІЯ НАВЧАЛЬНО-ДОСЛІДНОГО  
ПРАКТИКУМУ З ХІМІЇ В ПРОФІЛЬНІЙ ШКОЛІ**

**Ценайко О.М., Гладюк М.М.**

Тернопільський національний педагогічний університет  
імені Володимира Гнатюка

E-mail: nnglad@tnpu.edu.ua

Особистісно орієнтований підхід до навчання передбачає врахування індивідуальних психологічних особливостей учнів, їх інтересів, прагнень і професійної орієнтації. Один з шляхів реалізації такого підходу – профільне навчання.

Диференціація навчання, яку забезпечує навчання в профільній школі, покликана задовольнити різні пізнавальні запити учнів, розкрити їх задатки і здібності, адаптувати навчальний процес до особливостей учнів, сприяти їх творчому саморозвитку.

Аналіз літератури з теми дослідження засвідчив, що більшість дослідників цієї проблеми розрізняють два основних види диференціації – внутрішню і зовнішню. *Внутрішня диференціація* може здійснюватися як в традиційній формі врахування індивідуальних особливостей учнів, так і в формі рівневої диференціації на основі відповідного планування результатів навчання. Рівнева диференціація передбачає таку організацію навчання, при якій учні, навчаючись за однією