**УДК 575.86**

# ВИКОРИСТАННЯ ДНК-МАРКЕРІВ У ФІЛОГЕНЕТИЧНИХ ДОСЛІДЖЕННЯХ РОСЛИН

**Прокоп'як М.З., Дробик Н.М.**

Тернопільський національний педагогічний університет
імені Володимира Гнатюка
E-mail: mosula@chem-bio.com.ua

Для еволюційної біології використання ДНК як «документа» еволюційної історії має велику цінність. Порівняння послідовностей ДНК генів різних організмів може дати інформацію про їх взаємовідносини, що не може бути виявлено, базуючись на вивченні морфології, анатомії чи фізіологічних процесах організмів.

Щоб зрозуміти як давно два геноми розділили загального предка, можна дослідити кількість відмінностей послідовності нуклеотидів різних організмів, оскільки геноми еволюціонують шляхом поступового накопичення мутацій. Відомо, що два геноми, що розійшлися у недавньому минулому, повинні мати менше відмінностей, порівняно з тими, чий спільний предок є дуже давній. Вище згадане є основним завданням молекулярної філогенетики, яка намагається визначити швидкість і відмінності змін у ДНК, РНК, білках, щоб відновити еволюційну історію генів і організмів загалом. Використання молекулярно-генетичних методів у сучасній таксономії спричинило виникнення дискусій між традиційними і молекулярними систематиками. Щоб запобігти будь-яким розбіжностям, важливо було стандартизувати таксономічні категорії і Galimberti et al. представили концепцію інтегрованої оперативної таксономічної одиниці (Integrated Operational Taxonomic Units, IOTU). За IOTU види ідентифікують на основі вивчення молекулярних варіацій, але, окрім цього, застосовують принаймні ще одну таксономічну характеристику [2].

Молекулярну маркерну технологію на основі поліморфізму макромолекул почали використовувати ще у 60-х роках минулого століття. Спершу були проаналізовані запасні білки насіння й ізозими, а із розвитком технологій ці маркери були доповнені, а

згодом витіснені методами аналізу ДНК [1]. Із введенням молекулярних маркерів у практику біологічних досліджень з'явилися нові можливості вивчення генетичного поліморфізму, визначення спорідненості на внутрішньо- і міжвидовому рівнях, маркування генів, паспортизації рослин і проведення філогенетичного аналізу. Більш перспективним є використання в якості маркерної системи поліморфних нуклеотидних послідовностей ДНК і РНК. ДНК-маркери дозволяють маркувати практично будь-які ділянки ДНК. У сучасних таксономічних дослідженнях рослин використовують різноманітні ДНК-маркери, як домінантні, так і кодомінантні. За їх використання можна більш точно і детально встановити філогенетичні взаємовідносини рослин, а також припустити, які події були для цього підґрунтям.

Тому актуальним на сьогодні є встановлення філогенетичних взаємовідносин рослин з використанням даних молекулярно-філогенетичного аналізу та їх порівняння із результатами, отриманими за іншими критеріями.

Нами використано різні види домінантних маркерів під час вивчення рослин тирличу жовтого (*Gentiana lutea* L.). У наш час є декілька класифікацій роду *Gentiana* L., які базуються на морфо-анатомічних, екологічних, географічних й інших критеріях, проте цих даних не достатньо для створення сучасної систематики роду. Тому нами запропоновано використати для уточнення систематики цього роду різні генетичні маркери. Зокрема, першочергово було застосовано RAPD (random amplified polymophic DNA)-маркери, які є усіма фракціями геному і дозволяють отримати інформацію про мінливість не окремих ділянок, а більшої його частини, що важливо для визначення генетичних взаємовідносин у порівняльному аналізі та вивченні організмів, які є мало дослідженими із генетичного боку. Не менш яскраві дані отримано за використання ISSR (inter simple sequence repeats)-маркерів, які є міжмікросателітними послідовностями. Накопичення інформації про функціонально-важливі ділянки геному, зокрема кодувальні й регуляторні ділянки генів, стимулювало розробку нових методів ПЛР-аналізу, що базуються на використанні праймерів, гомологічних до консервативних мотивів цих ділянок. До таких належать CDDP

(conserved DNA-derived polymorphism)- і RGAP (resistance gene analog polymorphism)-аналіз. Вони також були використані нами у генетичних дослідженнях *G. lutea* [3].

Отже, у наш час основним критерієм філогенетичного аналізу залишається молекулярно-генетичний. У дослідженнях представників роду *Gentiana* L нами використано різні види ДНК-маркерів (RAPD, ISSR, CDDP, RGAP), що дозволило охарактеризувати геном за різними послідовностями ДНК.

Список літератури

1. Кунах В.А. Мобільні генетичні елементи і пластичність геному рослин. Київ : Логос, 2013. 288 с.
2. Galimberti A., Spada M., Russo D. et al. Integrated Operational Taxonomic Units (IOTUs) in Echolocating Bats: A Bridge between Molecular and Traditional Taxonomy. PLoS ONE. Vol. 7, Is. 6. e40122. doi: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0040122/.
3. Prokopiak M., Mayorova O., Hrytsak L., Meshko H., Drobyk N. The assessment of the current state of *Gentiana lutea* L. populations of the Ukrainian Carpathians: ecological and genetic approaches. *Folia Oecologica*. 2022. 48 (2). P. 42–50.

**УДК 598.2(477.89Под)(091)**

## ІСТОРІЯ ВИВЧЕННЯ ОРНІТОФАУНИ ЗАХІДНОГО ПОДІЛЛЯ

**Птиць Л.О., Шевчик Л.О.**

Тернопільський національний педагогічний університет
імені Володимира Гнатюка
E-mail: shevchyk@chem-bio.com.ua

Західне Поділля є цікавим регіоном у історичному, геологічному, ботанічному, рекреаційному та зоологічному аспектах, зокрема, з точки зору різноманіття орнітофауни.

Дослідження орнітофауни Західного Поділля відбувалося періодично протягом останніх двох століть з різними інтервалами. Перші повідомлення про птахів Поділля з'являються у літописних зведеннях XVII ст. та у щоденниках