Облікова картка ДіР

Image not found or type unknow

I. Загальні відомості

Державний обліковий номер: 0224U002828

Державний реєстраційний номер: 0122U001335

Особливі позначки: відкрита

Дата реєстрації: 05-03-2024

II. Етап виконання ДіР

Номер етапу: 1

Назва етапу: Баркодінг та оцінка генетичної мінливості рідкісних видів флори України

Початок етапу: 01.2022

Закінчення етапу: 12.2023

Вид звітного документа: Остаточний звіт

III. Відомості про виконавця ДіР

Повне найменування юридичної особи (або ПІБ фізичної особи): Чернівецький національний університет імені Юрія Федьковича

Код за ЄДРПОУ: 02071240

Місцезнаходження: вул. Коцюбинського, буд. 2, м. Чернівці, Чернівецька обл., 58012, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Міністерство освіти і науки України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Розмір організації:

Телефон: 380372584810, 380372552914

IV. Відомості про співвиконавців ДіР

V. Відомості про замовника ДіР

Повне найменування юридичної особи (або ПІБ фізичної особи): Міністерство освіти і науки України

Код за ЄДРПОУ: 38621185

Місцезнаходження: проспект Перемоги, буд. 10, м. Київ, 01135, Україна

Форма власності:

Сфера управління: Кабінет Міністрів України

Ідентифікатор ROR: Не застосовується

Розмір організації:

Телефон: 380444813221

VI. Джерела, напрями та обсяги фінансування ДіР

Підстава для проведення ДіР: 34 - договір (замовлення) з центральним органом виконавчої влади, академією наук (головними розпорядниками бюджетних коштів на проведення НДДКР)

Напрям фінансування: 2.2 - прикладні дослідження і розробки

Джерела фінансування

7713 - кошти держбюджету

Код програмної класифікації видатків і кредитування (КПКВК): 220 1040

Фактичний обсяг фінансування (тис. грн.): 1490.400

VII. Відомості про ДіР

Назва роботи українською:

Баркодінг та оцінка генетичної мінливості рідкісних видів флори України

Назва роботи англійською:

Barcoding and assessment of genetic variability of rare species of flora of Ukraine

Реферат українською:

Об'єкт дослідження — Біорізноманіття покритонасінних рослин Євразії, його збереження та раціональне використання. Мета роботи — Здійснити баркодинг, уточнити таксономічний статус та оцінити генетичне різноманіття рідкісних видів флори України. Методи дослідження – молекулярно-генетичні (ПЛР, молекулярні маркери, клонування фрагментів ДНК, сиквенування), біоінформатичні (аналіз послідовностей ДНК, побудова філодендрограм, робота з базами даних). Ефективний моніторинг флори, оцінка життєздатності наявних популяцій та раціональне управління біоресурсами неможливі без точної ідентифікації видів та оцінки генетичного різноманіття на між- та внутрішньовидовому рівнях. У роботі розшифровано ділянки хлоропластного (matK, trnT-L, trnL-F, trnS-G, trnH-psbA) та ядерного (ITS1-2 та 5S рДНК) геномів, проведено скринінг біоінформатичних баз даних, за допомогою молекулярного баркодингу визначено видову приналежність, уточнено таксономічний статус та оцінено генетичне різноманіття 45 рідкісних видів флори України, які належать до родів Aconitum, Lathyrus, Limonium/Goniolimon, Muscari та Tulipa. Для оцінки внутрішньовидової (популяційної) генетичної мінливості застосовано SRAP-маркери. Встановлена генетична унікальність українських представників комплексних видів A. anthora s. l. та T. sylvestris s. l. Показано, що українські зразки M. botryoides належать до нового, раніше неописаного виду. Підтверджено гіпотезу про можливість гібридизації між видами L. vernus і L. venetus, що може призводити до зникнення L. venetus у природних популяціях.

Реферат англійською:

The subject of the research is the biodiversity of angiosperms of Eurasia, their preservation, and rational use. The purpose of the work is to carry out barcoding, clarify the taxonomic status and assess the genetic diversity of rare species of the flora of Ukraine. Molecular genetic (PCR, molecular markers, cloning of DNA fragments, sequencing) and bioinformatics (analysis of DNA sequences, construction of philodendrograms, work with databases) methods were used. Effective monitoring of flora, assessment of viability of existing populations and rational management of biological resources are impossible without accurate identification of species and assessment of genetic diversity at the inter- and intra-species levels. In the work, selected regions of the chloroplast (matK, trnT-L, trnL-F, trnS-G, trnH-psbA) and the nuclear (ITS1-2 and 5S rDNA) genomes were sequnced, bioinformatics databases were searched, species affiliation was determined using molecular barcoding, the taxonomic status was clarifiedand and the genetic diversity was assessed for 45 rare species of the flora of Ukraine, which belong to the genera Aconitum, Lathyrus, Limonium/Goniolimon, Muscari and Tulipa. SRAP markers were used to assess intraspecific (population) genetic variability. The genetic uniqueness of Ukrainian representatives of the complex species A. anthora s. l. and T. sylvestris s. l. was demonstrated. It is shown that the Ukrainian samples of M. botryoides belong to a new, previously undescribed species. The hypothesis about the suspected hybridization between L. vernus and L. venetus species, which can lead to the disappearance of L. venetus in natural populations was confirmed.

Індекс УДК: 575.17, 575.113.1:616-076, 57.06, 577.21

Коди тематичних рубрик: 34.23.35, 34.23.07, 34.03.21, 62.37.99.07

Керівники роботи

Власне Прізвище Ім'я По-батькові:Волков Роман Анатолійович

Науковий ступінь: д.б.н.

Вчене звання: професор

Ідентифікатор ORCID ID:

Додаткова інформація:

VIII. Наукова (науково-технічна) продукція (НТП)

Назва НТП українською: Методика молекулярно-генетичної ідентифікації (баркодингу) батьківських форм та гібридів між рідкісними видами роду Lathyrus флори України

Назва НТП англійською: Methods of molecular genetic identification (barcoding) of parental forms and hybrids between rare species of the genus Lathyrus of the flora of Ukraine

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методи, теорії

Галузь застосування: Лабораторні дослідження

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Методика належить до галузі молекулярної генетики та може бути використана для ідентифікації (баркодингу) батьківських форм та гібридів між рідкісними видами роду Lathyrus (чина) при проведенні екологічних, ботанічних, біотехнологічних досліджень, розробці природоохоронних заходів та інших сферах практичної діяльності, які потребують високоточної ідентифікації близькоспоріднених рослин роду Lathyrus. Методика включає два етапи. На першому етапі використовується набір SRAP молекулярних маркерів для попереднього виявлення гібридних форм видів роду Lathyrus. На другому етапі здійснюється додаткова верифікація отриманих результатів. Для цього здійснюється ПЛР-ампліфікація високомінливих ділянок хлоропластного (psbA-trnH) та ядерного (ITS1-2) геномів та наступне сиквенування отриманих ампліфікатів. Порівняльний аналіз отриманих та еталонних послідовностей дозволяє достовірно розрізнити батьківські види та міжвидові гібриди у представників роду Lathyrus.

Соціально-економічна спрямованість НТП: Поліпшення стану навколишнього середовища

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу: 09.2023

Закінчення етапу: 12.2023

Споживачі продукції: Для магістрів, аспірантів і докторантів, науковців.

Перспективні ринки: Україна

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

Назва НТП українською: Метод ідентифікації функціональних повторів 5S рДНК у представників роду

Tulipa

Назва НТП англійською: Method for identification of functional 5S rDNA repeats in representatives of the genus Tulipa

НТП, яку передбачалося створити:

Причини, через які НТП не було створено:

Отримані результати: Методи, теорії

Галузь застосування: Лабораторні дослідження

Реєстраційний номер картки технології:

Опис НТП: Метод належить до галузі молекулярної генетики та може бути використана для таксономічної ідентифікації видів і внутрішньовидових форм представників роду Tulipa (тюльпан), паспортизації сортів та оптимізації селекції тюльпану садового – Tulipa gesneriana L., а також - у екологічних, природоохоронних, ботанічних, біотехнологічних дослідженнях та інших сферах практичної діяльності, які потребують високоточної ідентифікації близькоспоріднених форм тюльпанів. Метод використовується для ідентифікації близькоспоріднених форм тюльпанів з використанням полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) та сиквенування. Для цього розроблені праймери, які дозволяють специфічно ампліфікувати міжгенну спейсерну ділянку функціональних повторів 5S рДНК. При цьому наявні у геномах видів роду Tulipa псевдогени залишаються неампліфікованими. Отримані ПЛР-продукти сиквенуються. Порівняльний аналіз отриманих та еталонних послідовностей дозволяє здійснити ідентифікації близькоспоріднених форм тюльпанів.

Соціально-економічна спрямованість НТП: Поліпшення стану навколишнього середовища

Вплив НТП на довкілля:

Впровадження НТП: Впроваджено

Практична реалізація НТП

Початок етапу: 09.2023

Закінчення етапу: 12.2023

Споживачі продукції: Для магістрів, аспірантів і докторантів, науковців.

Перспективні ринки: Україна

Характер співробітництва з інвестором

Потрібний обсяг інвестицій, тис. грн.:

Права, що надаються інвестору після завершення роботи:

Наявність бізнес-плану:

Техніко-економічне обгрунтування:

Потенціальний обсяг продажу, тис. грн.:

Очікуваний термін окупності (років):

Додаткова інформація:

IX. Бібліографічний опис

Tynkevich, Y. O., Novikov, A. V., Chorney, I. I., & Volkov, R. A. (2022). Organization of the 5S rDNA intergenic spacer and its use in the molecular taxonomy of the genus Aconitum L. Cytology and Genetics, 56(6), 494-503

Tynkevich, Y.O., Shelyfist, A.Y., Kozub, L.V., Hemleben, V., Panchuk, I.I., & Volkov, R.A. (2022). 5S Ribosomal DNA of genus Solanum: molecular organization, evolution, and taxonomy. Frontiers in Plant Science, 13. 852406.

Tynkevich, Y. O., Boychuk, S. V., Shelyfist, A. Y., Chorney, I. I., & Volkov, R. A. (2023). Molecular phylogeny and genetic diversity of Carpathian members of the genus Muscari inferred from plastid DNA sequences. Cytology and Genetics, 57(5), 387-398

Tynkevich, Y. O., Valin M. O., Moysiyenko, I. I., Panchuk I. I., & Volkov, R. A. (2023). 5S Ribosomal DNA in the family Plumbaginaceae. Cytology and Genetics, 57(6), 524-537

Tynkevich Y. O., Panchuk, I.I., Tolenova A. D., Romaniuk Y. V., Ivashchenko A. A., Moysienko I. I., & Volkov R. A. Multisample phylogeny reconstruction revealed large-scale uncertainty of species boundaries in the genus Tulipa L. Taxon (подана до друку).

Moysiyenko, I., Sudnik-Wójcikowska, B., Dembicz, I., Zachwatowicz, M., & Skobel, N. (2023). The first dataset of vascular plant species occurrences on kurgans in Southern Ukraine. Biodiversity Data Journal, 10

Dembicz, I., Zachwatowicz, M., Moysiyenko, I., Shapoval, V., Smreczak, B., Zagorodniuk, N., ... & SudnikпWójcikowska, B. (2023). Rapid functional but slow species diversity recovery of steppe vegetation on former arable fields in southern Ukraine. Applied Vegetation Science, 26(4), e12756

Skobel, N., Moysiyenko, I., Sudnik-Wójcikowska, B., Dembicz, I., Zachwatowicz, M., Zakharova, M., ... & Dzerkal, V. (2023). Vascular plants of old cemeteries in the Lower Dnipro region (Southern Ukraine). Biodiversity Data Journal, 11, e99004

Тинкевич, Ю. О., Рошка Н. М., Тімканич Е. Е., Мойсієнко, І. І., & Волков, Р. А. (2023). Використання ділянки IGS 5S рДНК для ДНК-баркодингу та молекулярної таксономії українських видів роду Tulipa L. Вісник українського товариства генетиків і селекціонерів, 21(1-2), 6-13.

Тинкевич, Ю. О., Норд, К. В., Іванович Я. І., & Панчук, І. І. (2023). Аналіз таксономічного статусу Limonium caspium (Willd.) P. Fourn. з використанням ділянки ITS1-5.8S-ITS2 35S рДНК. Науковий вісник Чернівецького університету. Біологія (Біологічні системи), 15(2), 165-170.

Тинкевич, Ю. О., Біляй, Д. В., Череватов О. В., Кагало О. О., & Волков Р. А. (2023). Молекулярно-генетична характеристика українських представників комплексного виду Aconitum anthora на основі ділянки ITS1-5.8S-ITS2 ядерного геному. Вісник Одеського національного університету. Біологія, 28(2 (53)), 73-85.

Тинкевич, Ю. О., Мойсієнко, І. І., & Волков, Р. А. (2022). Використання міжгенної спейсерної ділянки psbA-trnH хлоропластного геному для аналізу таксономічного положення та генетичного поліморфізму українських популяцій тюльпану дібровного (Tulipa quercetorum Klokov et Zoz). Вісник українського товариства генетиків і селекціонерів, 20(1-2), 8-15

Тинкевич, Ю. О., Бойчук, С. В., Шелифіст, А. Є., & Чорней, І. І. (2022). Оцінка можливості використання ділянки хлоропластного геному psbA-trnH для вивчення генетичного поліморфізму українських популяцій Muscari botryoides (L.) Mill. Науковий вісник Чернівецького університету. Біологія (Біологічні системи), 14(2), 124-128

Тинкевич, Ю. О., Валін, М. О., Мойсієнко, І. І., & Волков, Р. А. (2022). Організація та поліморфізм ділянки хлоропластного геному psbA-trnH у представників роду Goniolimon Boiss. Науковий вісник Чернівецького університету. Біологія (Біологічні системи), 14(2), 137-142

Тинкевич, Ю. О., Біляй, Д. В., & Волков, Р. А. (2022). Використання ділянки psbA-trnH для ДНК-баркодінгу Aconitum anthora L. та споріднених таксонів. Фактори експериментальної еволюції організмів, 31, 134-141

Тинкевич, Ю. О., Деревенко, Т. О., & Чорней, І. І. (2022). Філогенетична спорідненість українських зразків чини рябої (Lathyrus venetus (Mill.) Wohlf.) та чини весняної (L. vernus (L.) Bernh.) за даними аналізу ділянки хлоропластного геному psbA-trnH. Науковий вісник Чернівецького університету. Біологія (Біологічні системи), 14(1), 39-44.

Атлас трав'яних біотопів України / А.А. Куземко, В.В. Буджак, Ю.А. Вашеняк, Д.С. Винокуров, Я.П. Дідух, Т.П. Дзюба, С.М. Ємельянова, О.О. Кучер, І.І. Мойсієнко, А.І. Токарюк, О.Є. Ходосовцев, І.І. Чорней, О.О. Чусова, В.В. Шаповал, Д.В. Ширяєва, І.О. Балашов, Н.О. Брусенцова, О.В. Василюк, С.Г. Вітер, М.Н. Гаврилюк, Ю.М. Геряк, В.О. Корнєєв, О.Ю. Марущак, О.Д. Некрасова, М.Ю. Русін, І.В. Куземко. – Чернівці: Друк Арт, 2022. – 244 с.

Тинкевич Ю. О., Панчук І. І., Волков Р. А. Спосіб ДНК-ідентифікації покритонасінних рослин з використанням ділянки ITS1-5.8S-ITS2 ядерної 35S ДНК. Патент на корисну модель. Заявка № u202400111 від 08.01.2024. 6 с.

Тинкевич Ю. О., Деревенко Т.О., Панчук І. І., Волков Р. А. Метод ПЛР-ампліфікації функціональних повторів 5S рДНК у представників роду Tulipa. Патент на корисну модель. Заявка № u202306388 від 28.12.2023. 7 с.

Тинкевич Ю. О., Панчук І. І., Волков Р. А. Спосіб ДНК-ідентифікації покритонасінних рослин з використанням хлоропластної ДНК. Патент на корисну модель. Заявка № u202305420 - від 13.11.2023. 9 с.

Tynkevich Y. O., Novikov A. V., Chorney I. I., Volkov R. A. (2023) 5S ribosomal DNA in the tribe Limonieae (Plumbaginaceae): molecular organization, polymorphism, and taxonomic application. 23-nd Gamow International Conference in Odessa: (23 серпня 2023 року м. Одеса), Вісник Одеського національного університету. Біологія, 28(2 (53)), 164-165.

Тімканич Е. Е., Тинкевич Ю. О., Волков Р. А. (2023) Особливості молекулярної еволюції IGS 5S рДНК у представників роду Tulipa. II Міжнародна науково-практична конференція «Молодіжна наука заради миру та розвитку» (Чернівці, Україна, 8-10 листопада 2023 р.). 91-92.

Шишкіна К. Д., Храпко А. С., Тинкевич Ю. О., Мойсієнко І. І., Волков Р. А. (2023) Перспективи використання 5S рДНК у філогенетичному аналізі та баркодінгу представників роду Limonium. VI Міжнародна наукова конференція «Регіональні аспекти флористичних і фауністичних досліджень» (Путила, Україна, 12-13 жовтня 2023 р.), С. 31-32

Рудь Д. В. Tynkevich Y. O., Чорней І. І., Volkov R. A. (2023) Використання ядерних та хлоропластних маркерів у філогенетичних дослідженнях роду Aconitum L. VI Міжнародна наукова конференція «Регіональні аспекти флористичних і фауністичних досліджень» (Путила, Україна, 12-13 жовтня 2023 р.), С.9-11

Tynkevich Y. O., Novikov A. V., Chorney I. I., Volkov R. A. (2022) Molecular evolution and taxonomic application of 5S rDNA in the genus Aconitum. 22-nd Gamow International Conference in Odessa: (25 серпня 2022 року м. Одеса), Вісник Одеського національного університету. Біологія, 27(2 (51)), 108-109

Biliai D. V., Tynkevich Y. O., Volkov R. A. (2022) 5S rDNA intergenic spacer of Aconitum species: molecular organization and application for barcoding. XVI IMBG all-Ukrainian conference on molecular and cell biology with international participation dedicated to the heroic struggle of the Ukrainian people against russian invaders, June 15-17, Kyiv. P. 121.

X. Заключні відомості

Керівник юридичної особи

Саміла Андрій Петрович
д. т. н., 05.12.13

Перелік осіб-виконавців

Іванович Ярослав Іванович
(к. б. н., 03.00.22)

Бойчук Світлана Василівна

Деревенко Тетяна Олександрівна
(к. б. н.)

Зароченцева Оксана Дмитрівна
(к. б. н., 03.00.16)

Мойсієнко Іван Іванович
(д. б. н., 03.00.05)

Панчук Ірина Ігорівна
(д.б.н., 03.00.22)

Рошка Надія Михайлівна

Тинкевич Юрій Олегович
(к. б. н., 03.00.22)

Чорней Ілля Ілліч
(д.б.н., 03.00.05)

Шелифіст Антоніна Євгенівна
(к. б. н., 03.00.04)

Відповідальний за підготовку облікових документів

Холодницька Любов Миколаївна

Телефон

+38 (037) 258-48-18

Реєстратор

Керівник відділу УкрІНТЕІ, що є відповідальним за реєстрацію наукової діяльності

