

виробникам скоріше інтегруватися на міжнародних ринках. Разом з тим молокопереробна галузь України продовжує працювати, виживати та шукати своє місце на глобальній мапі світу.

Список використаних джерел

1. <http://milkua.info/uk/post/ukrainska-molocna-galuz-v-umovah-vijni-hroniki-podij>
2. <https://uadairy.com/eksperty-obgovoryly-zminy-u-molochnij-galuzi-za-dva-roky-vijny/>
3. <https://foreignukraines.com/2023/11/19/how-the-russian-invasion-affected-the-milk-market-in-ukraine/>
4. <https://agronews.ua/news/nazvano-golovni-problemy-molochnyh-gospodarstv-cherez-vijnu-rosiyi-v-ukrayini/>
5. <https://propozitsiya.com/ua/molochna-ferma-zupynyty-sya-ne-mozhe-navit-v-umovah-viyny>

УДК: 636:612.6.052.4

ЗАЛЕЖНІСТЬ ЧАСТОТИ СОМАТИЧНИХ МУТАЦІЙ У ТВАРИН ВІД ВПЛИВУ РІЗНИХ ЧИННИКІВ

Ємець З.В., к. с. г. наук, доцент zoyaemets@gmail.com

Кузнецова Т.В., здобувач вищої освіти (Бакалавр) taisij2017@gmail.com

Одеський державний аграрний університет, м. Одеса, Україна

Актуальність. Соматичні мутації накопичуються у здорових клітинах протягом усього життя. Є припущення, що вони є однією з причин розвитку онкології та сприяють старінню. Закономірності соматичних мутацій та їх швидкість можна визначити тільки при порівняльному аналізі, котрий визначить рівень різноманіття мутагенезу тварин. Гіпотези про еволюцію частоти соматичних мутацій та їхню роль у старінні все більше набирають актуальності та обертів. Викликає увагу повногеномне секвенування кишкових крипт у тварин, котре дає інформацію про домінування ендогенних мутацій у соматичному мутагенезі. Частота соматичних мутацій сильно варіюється і часто демонструє сильний зворотний зв'язок із тривалістю життя тварин. З коливаннями тривалості життя змінюється частота соматичних мутацій та й рівень соматичних мутацій еволюційно обмежений і може бути фактором, що сприяє старінню [1].

Ключові слова. Мутації, генетика, частота, залежність, соматика, тривалість життя, клітини, екологічні чинники, тварини.

Мета. Метою написання тез є вивчення та аналіз соматичного мутагенезу для визначення частоти і різноманітності мутагенних процесів у тварин, а також аналіз інформації та наукових досліджень щодо еволюції частоти соматичних мутацій і їх ролі в передчасному старінні й розвитку онкології.

Матеріали і методи. Нами було використано загальнонаукові методи дослідження традиційні й сучасні, котрі використовуються для написання оглядової наукової роботи. А саме: аналіз літературних джерел; індукція та дедукція; спостереження; порівняння та аналогія; абстрагування та узагальнення; моделювання; системний підхід до об'єктів, які трактуються як складні; формалізація - вивчення джерел шляхом відображення їх змісту, структури, форми; метод ідеалізації - створення ідеальних моделей і порівняння ситуації, яка вивчалася, з ідеальним варіантом та аксіоматико-дедуктивний метод при вивченні фактичних і точних даних закордонних та українських вчених.

Результати. В результаті аналізу літературних джерел нами було вивчено та проаналізовано останні дані залежності частоти соматичних мутацій тварин в залежності від впливу різних чинників.

Десятиліттями існує гіпотеза про еволюцію частоти соматичних мутацій, котрі залежать від тривалості життя тварин, від живої маси та екологічних чинників і які прискорюють старіння та розвиток онкології. Деякі вчені констатують, що ризик розвитку раку зростає пропорційно росту кількості клітин, що проходять трансформацію. Однак, вчені встановили, кореляції між масою тіла та ризиком розвитку раку немає і що еволюція більших розмірів тіла, ймовірно, призводить до появи в організмі сильніших механізмів для придушення раку. Але залишається невідомим, чи еволюційне зниження ризику раку частково все ж таки досягається за рахунок зниження частоти соматичних мутацій [2].

Є наукові дані, що численні форми молекулярних пошкоджень, соматичні мутації, стирання теломер, епігенетичний дрейф і втрата протеостазу, сприяють старінню, але їх причинно-наслідкові ролі та відносний внесок залишаються дискутованими [3]. Еволюційна теорія передбачає, що організм в змозі розвивати механізми захисту або відновлення від небезпечних для життя ушкоджень, але це не затримає старіння та типову тривалість життя тварини в дикій природі. Якщо соматичні мутації сприяють старінню, теорія передбачає, що рівень соматичних мутацій може обернено корелювати з тривалістю життя різних видів [4].

Вивчення соматичних мутацій за допомогою стандартного повногеномного секвенування це виділення клональних груп клітин, котрі були отримані із одноклітинних. Для вивчення соматичних мутацій у різноманітному наборі ссавців, вчені виділили 208 окремих кишкових крипт у 56 особин 16 видів із широким діапазоном тривалості життя та розмірів тіла: чорно-біла мавпа колобус, кіт, корова, собака, тхір, жирафа,

морська свиня, кінь, людина, лев, миша, кролик, шур, кільцехвістий лемур і тигр. Кишкові крипти є гістологічно ідентифікованими одиницями які вистилають епітелій товстої і тонкої кишки і піддаються лазерній мікродиссекції. А окремі крипти стають клонально похідними від однієї стовбурової клітини і показують лінійне накопичення мутацій з віком, що дозволяє оцінити частоту соматичних мутацій шляхом секвенування геному окремих крипт. У більшості організмів соматичні мутації викликані спільними для інших ендегенними мутаційними процесами тканин, а не мутагенами навколишнього середовища [5, 6].

Вивчення та аналіз спадковості й мінливості соматичних клітин є необхідною умовою для вирішення багатьох важливих проблем. Вчені провели дослідження впливу генетичних чинників і мінливості на продуктивність корів, отримані результати проаналізували шляхом проведення серії однофакторних дисперсійних та кореляційних аналізів. У результаті досліджень виявили, що на якісні показники молока корів мають високий вплив такі генетичні чинники, як батько, мати корови, порода. Отже правильно підібрані пари та ефективний відбір здорових тварин також впливає на отримання найкращих потомків і з бажаною продуктивністю [7]. Та якщо організм розмножується тільки статевим шляхом, тоді соматичні мутації не будуть мати значення для еволюційних процесів і не будуть цінними для селекції.

Соматичні мутації також бувають, як наслідки дій екзогенних генотоксичних факторів: іонізуюче випромінювання, пестициди, радіація сонця тощо. Вони мають суттєвий вплив на процеси канцерогенезу.

Висновки. Отже, соматичні мутації успадковуються, виникають раптово, їх неможливо передбачити, не мають спрямованого характеру, можуть бути корисними, нейтральними або шкідливими для організму, подібні мутації можуть виникати неодноразово. Численна кількість генетичних процесів, котрі характерні для статевих клітин відбуваються в соматичних клітинах, а саме під час: мутацій, розщеплення, хромосомних перебудов, рекомбінацій, поліплоїдизації тощо. Вивчення, аналіз спадковості й мінливості соматичних клітин є необхідним та важливим у вирішенні багатьох нагальних проблем, особливо це проблема старіння, патології клітин, дія на організм різних екологічних та фізичних чинників, проблема диференціювання клітин в онтогенезі та інтеграція клітин в тканини.

Список використаних джерел

1. Alex Cagan et al. Somatic mutation rates scale with lifespan across mammals *Nature* volume 604 Publishing, 13 April 2022; pp. 517–524 <https://www.nature.com/articles/s41586-022-04618-z>
2. Peto, R. Epidemiology, multistage models, and short-term mutagenicity tests. *Int. J. Epidemiol.* 45, 621–637 (2016) <https://doi.org/10.1093/ije/dyv199>

3. Schumacher, B., Pothof, J., Vijg, J. & Hoeijmakers, J. H. J. The central role of DNA damage in the ageing process. *Nature* 592, 695–703 (2021) [https://doi.org/ 10.1038/s41586-021-03307-7](https://doi.org/10.1038/s41586-021-03307-7)
4. Ellis, P. et al. Reliable detection of somatic mutations in solid tissues by laser-capture microdissection and low-input DNA sequencing. *Nat. Protoc.* 16, 841–871 (2021) [DOI: 10.1038/s41596-020-00437-6](https://doi.org/10.1038/s41596-020-00437-6)
5. Lee-Six, H. et al. The landscape of somatic mutation in normal colorectal epithelial cells. *Nature* 574, 532–537 (2019) [DOI: 10.1038/s41586-019-1672-7](https://doi.org/10.1038/s41586-019-1672-7)
6. Abascal, F. et al. Somatic mutation landscapes at single-molecule resolution. *Nature* 593, 405–410 (2021) [DOI: 10.1038/s41586-021-03477-4](https://doi.org/10.1038/s41586-021-03477-4)
7. Ємець З.В. Розробка моделей селекційної оцінки вмісту жиру в молоці і виходу молочного жиру корів: автореф. дис. ... к. с.-г. н. 2009, 15 с.