

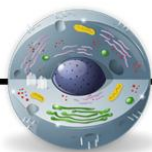
Міністерство освіти і науки України
Ніжинський державний університет імені Миколи Гоголя
ДЗ "Луганський національний університет імені Тараса Шевченка"
Природничий університет у Вроцлаві
Університет кардинала Стефана Вишинського у Варшаві
Телавський державний університет ім. Якова Гогебашвілі
Університет імені Сулеймана Деміреля в Іспарті

XI Міжнародна заочна науково-практична конференція

АКТУАЛЬНІ ПИТАННЯ БІОЛОГІЧНОЇ НАУКИ

**(до 220-ї річниці з дня заснування
Ніжинської вищої школи)**

Збірник статей



Ніжин
17 квітня 2025 року

Міністерство освіти і науки України
Ніжинський державний університет імені Миколи Гоголя
ДЗ "Луганський національний університет імені Тараса Шевченка"
Природничий університет у Вроцлаві
Університет кардинала Стефана Вишинського у Варшаві
Телавський державний університет ім. Якова Гогешвілі
Університет імені Сулеймана Деміреля в Іспарті

XI Міжнародна заочна науково-практична конференція

АКТУАЛЬНІ ПИТАННЯ БІОЛОГІЧНОЇ НАУКИ (до 220-ї річниці з дня заснування Ніжинської вищої школи)

Збірник статей

Ніжин
17 квітня 2025 року

Ministry of Education and Science of Ukraine
Nizhyn Mykola Gogol State University, Ukraine,
Luhansk Taras Shevchenko National University, Ukraine,
Cardinal Stefan Wyszynski University in Warsaw, Poland,
University of Environmental and Life Sciences, Wrocław, Poland
Iakob Gogebashvili Telavi State University, Georgia,
Süleyman Demirel University, Isparta, Turkey

XI International extramural scientific and practical Conference

CURRENT ISSUES OF BIOLOGICAL SCIENCE (for the 220th anniversary of the founding of Nizhyn Higher School)

Book of articles

Nizhyn
April 17, 2025

Зміст

1.	Рековець Л.І., Кузьменко Л.П. Орнітолог високого польоту	9
	Ботаніка і фізіологія рослин.....	14
2.	Zaiseva I.O., Bronnikova L.I., Bondarenko O.Yu. Study of pigments in biotech tobacco plants	15
3.	Богдан О. В., Приплавко С. О. Вплив комбінацій метаболічно активних речовин на ріст кореневої системи кукурудзи цукрової	23
4.	Божко В.М. Первоцвіти території півночі України: значення та проблеми	26
5.	Гавій В.В., Денисенко Ю.Ю., Паливода Ю.М. Ефективність впливу обробки саджанців комбінаціями метаболічно активних сполук на продуктивність суниці садової (<i>Fragaria ananassa</i> Duch.)	28
6.	Гавій В.М., Трибель А.Г., Ворона В.І. Вплив передпосівної обробки насіння метаболічно активними сполуками на вміст зелених фотосинтетичних пігментів у тканинах листків пшениці м'якої ярої у фазу виходу в трубку	31
7.	Дяченко І.І., Шумілова А.В., Шиян Н.М. Історія формування та склад історичної колекції «Гербарій М.В. Клокова» (KW)	35
8.	Зайцева І.О., Кургузіна А.Р. Екологічний стан видів роду <i>Picea</i> Dietr. в насадженнях житлових територій м. Дніпро	38
9.	Коваль Я.Г., Паливода Ю.М. Фізіологічні та біохімічні механізми формування солестійкості рослин	44
10.	Крук В. С. Горлянка повзуча: ботанічна та екологічна характеристика	48
11.	Лисенко Г.М., Пархоменко О.Г. Сучасний стан угруповань <i>Nuphareta luteae</i> , <i>Nymphaeeta albae</i> , <i>Nymphaeeta candidae</i> та <i>Utricularieta minoris</i> Зеленої книги України на території Ічнянського національного природного парку в умовах кліматичних та гідрологічних змін	52
12.	Мовчан В.О., Приплавко С.О., Донець Н.В. Енергія проростання і схожість перцю овочевого сорту Орфей за дії метаболічно активних речовин	57

13.	Соколовська-Сергієнко О.Г., Кірізій Д.А., Стасик О.О., Голоборода А.С., Тарасюк М.В. Активність фотосинтетичного апарату озимої пшениці за обробки добривом ЕКОЛАЙН Фосфітний (К)	60
14.	Шевченко В.В., Бондаренко О.Ю. Зміни вмісту захисних хлоропластних шаперонів родини 20-22 кД та активності фотосинтетичного апарату у сучасних сортів озимої пшениці за окремої та спільної дії посухи та високої температури	64
15.	Шекера А.І, Гавій В.М. Вплив метаболічно активних речовин на енергію проростання насіння пшениці твердої ярої	72
16.	Шмаровоз Є. Р. Зміни фотосинтетичної активності та пігментного складу листків проса під впливом біологічно активних сполук	75
	Зоологія.....	78
17.	Кузьменко Л.П., Вакулік Н.С. Орнітонаселення села Хотинівка у період весняних та осінніх міграцій	79
18.	Рековець Л.І., Кузьменко Л.П., Демешкант В.І. Актуалізація поглядів на ідею еволюції та еволюціонізм.....	84
	Біохімія і молекулярна біологія.....	93
19.	Бакуменко К., Михайлова А., Яніцька Л. Механізми хіміорезистентності пухлинних клітин: молекулярні аспекти	94
20.	Варич О.С., Михайлова А.Г., Яніцька Л.В. Використання CRISPR/Cas9 для вивчення та корекції генетичних мутацій при серцево-судинних захворюваннях	97
21.	Васічкіна Є.С., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Транскрипційна нестабільність ядерного та мітохондріального геному як молекулярна основа спадкових захворювань	101
22.	Вільховой В.А., Данілков М.О., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Пріони як інфекційні агенти: шляхи поширення та механізми нейродегенерації	105
23.	Войтешенко К. С., Михайлова А. Г., Яніцька Л.В. Перспективи використання мікроРНК у діагностиці, терапії та прогнозуванні розвитку меланоми	110
24.	Гавій Т.А., Кучменко О.Б. Окисна модифікація білків у пацієнтів з хронічною серцевою недостатністю	113

25. Гармаш В., Михайлова А., Яніцька Л. Роль протеїнкіназ RIPK1 та RIPK3 у механізмі некроптозу	116
26. Герасименко Д.С., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Секвенування наступного покоління (NGS): сучасний стан і перспективи.....	120
27. Гончаров Д.М., Ячна М.Г., Третяк О.П. Вплив мікотоксину T2 на вміст загальних ліпідів у тканинах карася.....	123
28. Іванова М., Михайлова А., Яніцька Л. Механізм і застосування CRISPR/Cas-9-опосередкованого редагування геному	127
29. Лавриненко В.І., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Молекулярні механізми загибелі клітини.....	131
30. Липлянська В.С., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Роль mtp53 в онкогенезі	136
31. Мінченко А.Ю., Михайлова А.Г., Яніцька Л.В. Терапевтичне використання наночастинок у лікуванні онкологічних захворювань.....	140
32. Мусійчук О.Є., Постернак Н.О., Яніцька Л.В. Роль ендоплазматичного ретикулуму в ініціації апоптозу	143
33. Петренко В. В., Бакатіна А. Ю. Молекулярно – генетичні механізми старіння.....	147
34. Черевко О.О., Кучменко О.Б. Сучасні уявлення про патогенетичні механізми взаємозв'язку між цукровим діабетом II типу та облітеруючим атеросклерозом....	154
35. Чечота К.О., Михайлова А.Г., Яніцька Л.В. Епігенетичне перепрограмування клітин як шлях до реверсивного старіння.....	160
Біотехнологія	163
36. Броннікова Л.І., Хоменко Л.О. Дія впливу фільтату гриба <i>Penicillium vitale</i> та метаболізм проліну і біотехнологічних рослин пшениці озимої	164
Біомедицина та фармакологія	170
37. Дубовик В. М. Вплив патології передміхурової залози на репродуктивну функцію у чоловіків молодого віку	171
38. Мазило С.С. Чинники ризику розвитку злоякісних новоутворень у жителів Чернігівської області.....	174

Секвенування наступного покоління (NGS): сучасний стан і перспективи

Національний медичний університет імені О.О.Богомольця, Україна

Next Generation Sequencing (NGS) is a high-performance technology for quickly and accurately reading genetic information. NGS allows you to simultaneously analyze millions of DNA fragments, which radically changes the approaches to genetic research. The technology includes DNA fragmentation, fragment amplification, nucleotide sequencing and bioinformatic analysis. NGS is actively used in the diagnosis of hereditary diseases, oncogenomics and personalized medicine.

Ключові слова: секвенування ДНК; NGS; секвенування наступного покоління; персоналізована медицина; генетичний аналіз; молекулярна діагностика.

Основний зміст. Сучасні технології NGS значно розширили можливості геномних досліджень за рахунок високої продуктивності, точності та зниження вартості. Ключові напрями розвитку NGS охоплюють різні методологічні підходи, впровадження автоматизації та штучного інтелекту, підвищення швидкості й ефективності, а також активне застосування в медицині. Розглянемо ці аспекти детальніше. Аналіз та вивчення джерельної бази, станом на 2023-2025 роки, свідчить, що провідними технологіями NGS є *Illumina*, *Oxford Nanopore*, *PacBio* (SMRT-секвенування), *Ion Torrent*, *BGI/MGI* [1].

Сучасні платформи секвенування наступного покоління (NGS) мають значні переваги, що робить їх незамінними інструментами у генетичних дослідженнях та клінічній практиці. Платформи, такі як *Illumina*, використовують метод синтезу ДНК із флуоресцентним зчитуванням, що забезпечує високу точність та масштабованість. Її застосовують у транскриптомних, екзомних та повногеномних дослідженнях [2]. *Oxford Nanopore*, з іншого боку, використовує нанопорову технологію, яка дозволяє отримувати довгі зчитування (long reads) в реальному часі, що дає змогу детектувати модифікації ДНК, такі як метилування, без додаткових реактивів [3]. *PacBio* (SMRT-секвенування) пропонує високу точність та здатність виявляти структурні варіації, мутації та епігенетичні модифікації, що робить її корисною для дослідження рідкісних генетичних варіантів [4]. *Ion Torrent* застосовує електрохімічний метод зчитування нуклеотидів, що дозволяє уникнути використання флуоресцентних маркерів, що робить його ефективним для клінічних досліджень [5]. Платформа *BGI/MGI*, є альтернативою *Illumina*, забезпечує високу продуктивність при знижених витратах, що дозволяє ефективно її використовувати для великих геномних проєктів [1,6].

Сучасні NGS-платформи активно інтегрують методи машинного навчання та штучного інтелекту для оптимізації аналізу великих обсягів даних. Використання спеціалізованих алгоритмів дозволяє підвищити точність прогнозування, полегшуючи додавання варіантів та збори компонентів. Завдяки інноваціям у технології довгого зчитування, платформи зменшують потребу у складних зборах даних і прискорюють процес секвенування геномів. NGS технології активно трансформують діагностику рідкісних захворювань, онкогенетику, мікробіологію та метагеноміку, а також сприяють розвитку технологій прямого генетичного тестування (direct-to-consumer genetic testing) [5].

Вивчення та аналіз наукових джерел доводить, що секвенування наступного покоління (NGS) стрімко розвивається, відкриваючи нові можливості для науки, медицини та біотехнологій. Подальший розвиток технології спрямований на підвищення точності, швидкості та розширення сфер застосування.

Одним із головних викликів залишається зниження рівня помилок, особливо у довгих зчитуваннях. Нові алгоритми обробки даних та покращення хімії секвенування допомагають усунути похибки. Наприклад, технології *HiFi reads* від *PacBio* дозволяють отримувати довгі зчитування з високою точністю, що критично для виявлення рідкісних мутацій [4].

Методи секвенування з довгими зчитуваннями, такі як *Oxford Nanopore* та *PacBio SMRT*, продовжують удосконалюватися. Вони особливо важливі для аналізу складних ділянок геному, повторюваних послідовностей та епігенетичних модифікацій. Очікується, що в майбутньому довгі зчитування стануть доступнішими та швидшими.

Швидке зростання обсягу даних, отриманих у результаті NGS, потребує ефективних алгоритмів обробки. Використання машинного навчання та штучного інтелекту допоможе прискорити аналіз, покращити ідентифікацію мутацій тощо. Наприклад, алгоритми глибокого навчання вже використовуються для реконструкції геномів та предиктивної медицини [4].

Технологія секвенування наступного покоління (NGS) активно інтегрується в клінічну практику, зокрема в онкогенетиці, де вона дозволяє визначати мутації, пов'язані з онкологічними захворюваннями, та здійснювати підбір таргетної терапії, орієнтуючись на молекулярно-генетичні характеристики пухлин. Пренатальна та неінвазивна діагностика за допомогою аналізу ДНК плода в крові матері дозволяє виявляти генетичні аномалії без ризику для здоров'я дитини. У сфері фармакогеноміки NGS сприяє індивідуалізації підбору ліків, враховуючи генетичні особливості пацієнта, що дозволяє покращити ефективність лікування та знизити ризик побічних ефектів. NGS у поєднанні з технологіями CRISPR відкриває нові можливості у генній терапії та персоналізованій медицині. Завдяки секвенуванню стає можливим

визначення мутацій, які підлягають корекції, і розробити терапевтичні стратегії для лікування спадкових захворювань.

Висновки. Перспективи розвитку NGS пов'язані з підвищенням точності, доступності та швидкості аналізу, а також з інтеграцією у клінічну практику, біоінформатику та персоналізовану медицину. Подальші інновації зроблять секвенування геному стандартною частиною діагностики та лікування багатьох захворювань, а також відкриють нові можливості у біотехнології та дослідженні довкілля. У найближчі роки розвиток технологій штучного інтелекту сприятиме вдосконаленню алгоритмів аналізу генетичних даних. Отже, секвенування наступного покоління є потужним інструментом сучасної науки, який відкриває нові можливості в медицині, біології та біотехнологіях. Подальший розвиток технологій сприятиме розширенню їх застосування та вдосконаленню методів аналізу генетичної інформації.

Література

1. Tenorio, R. B., Camargo, C. H. F., Donis, K. C., Almeida, C. C. B., & Teive, H. A. G. (2024). Diagnostic Yield of NGS Tests for Hereditary Ataxia: a Systematic Review. *Cerebellum* (London, England), 23(4), 1552–1565. URL:<https://doi.org/10.1007/s12311-023-01629-y>
2. Rolando, J. C., Melkonian, A. V., & Walt, D. R. (2024). The Present and Future Landscapes of Molecular Diagnostics. *Annual review of analytical chemistry* (Palo Alto, Calif.), 17(1), 459–474. URL: <https://doi.org/10.1146/annurev-anchem-061622-015112>
3. Sen, A., Masetty, M., Weerakoon, S., Morris, C., Yadav, J. S., Apewokin, S., Trannguyen, J., Broom, M., & Priye, A. (2024). Paper-based loop-mediated isothermal amplification and CRISPR integrated platform for on-site nucleic acid testing of pathogens. *Biosensors & bioelectronics*, 257, 116292. URL:<https://doi.org/10.1016/j.bios.2024.116292>
4. Wang, H., Huang, J., Fang, X., Liu, M., Fan, X., & Li, Y. (2025). Advances in next-generation sequencing (NGS) applications in drug discovery and development. *Expert opinion on drug discovery*, 1–14. Advance online publication. URL:<https://doi.org/10.1080/17460441.2025.2481262>
5. Zhong, Y., Xu, F., Wu, J., Schubert, J., & Li, M. M. (2021). Application of Next Generation Sequencing in Laboratory Medicine. *Annals of laboratory medicine*, 41(1), 25–43. URL:<https://doi.org/10.3343/alm.2021.41.1.25>
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7443516/#sec2>
6. Assessing Read Quality. URL: <https://datacarpentry.github.io/wrangling-genomics/02-quality-control.html>

Наукове видання

ХІ МІЖНАРОДНА ЗАОЧНА
НАУКОВО-ПРАКТИЧНА КОНФЕРЕНЦІЯ

АКТУАЛЬНІ ПИТАННЯ БІОЛОГІЧНОЇ НАУКИ
(ДО 220-Ї РІЧНИЦІ З ДНЯ ЗАСНУВАННЯ НІЖИНСЬКОЇ ВИЩОЇ ШКОЛИ)

Збірник статей

17 квітня 2025 року

Технічний редактор – І. П. Борис

Матеріали надруковані в авторській редакції

Підписано до друку 22.04.25 р.	Формат 60x84/16	Папір офсетний
Гарнітура Arial	Обл.-вид. арк. 16,5	Ел. вид-ня
Замовлення № 573	Ум. друк. арк. 15,3	



Ніжинський державний університет
імені Миколи Гоголя.

м. Ніжин, вул. Воздвиженська, 3^а
(04631) 7-19-72

E-mail: vidavn_ndu@ukr.net
www.ndu.edu.ua

Свідоцтво суб'єкта видавничої справи
ДК № 2137 від 29.03.05 р.