



СБОРНИК ТЕЗИСОВ

Всероссийской конференции

50 лет ВОГИС: успехи и перспективы

Москва, 8-10 ноября 2016 г.

www.vogis.org

ОРГАНИЗАТОРЫ

Российская академия наук



Вавиловское общество генетиков и селекционеров (ВОГиС)



Санкт-Петербургский государственный университет (СПбГУ)



Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН)



Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии (ВНИИСХМ)



Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук (ИЦиГ СО РАН)



Научный совет по генетике и селекции Российской академии наук

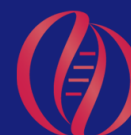
СПОНСОРЫ

Российский фонд фундаментальных исследований



РОССИЙСКИЙ
ФОНД
ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ
ИССЛЕДОВАНИЙ

ООО «АЛЬБИОГЕН»



АЛЬБИОГЕН

Организационный комитет **Всероссийской конференции с международным участием** **«50 лет ВОГиС: успехи и перспективы»**

Председатель оргкомитета и председатель конференции

ак. С.В. Шестаков

Заместители председателя

ак. С.Г. Инге-Вечтомов

ак. В.К. Шумный

ак. И.А. Тихонович

ак. Н.А. Колчанов

ак. Л.А. Беспалова

чл.-корр. Н.К. Янковский

Ученый секретарь

к.б.н. А.А. Нижников

Программный комитет (является частью Организационного комитета)

Председатель программного комитета

ак. И.А. Тихонович

Заместители председателя

ак. Н.А. Колчанов

чл.-корр. Н.К. Янковский

Члены комитета

ак. Л.А. Беспалова

ак. В.П. Пузырев

ак. К.Г. Скрыбин

чл.-корр. И.А. Захаров-Гезехус

д.б.н. А.Ю. Драгович

д.б.н. В.В. Зинченко

д.б.н. А.М. Кудрявцев

д.б.н. Е.К. Хлесткина

д.б.н. Э.К. Хуснутдинова

Локальный комитет (является частью Организационного комитета)

Председатель локального комитета

д.б.н. А.Ю. Драгович

Члены комитета

От ИОГен РАН

к.б.н. Т.В. Гришаева

к.б.н. М.М. Белоконь

к.б.н. А.А. Шишкина

д.б.н. С.А. Боринская

к.б.н. Т.В. Коростылева

Н.Ю. Юсова

А.А. Трифонова

Ю.С. Белоконь

Т.Б. Авруцкая

От ВНИИСХМ и СПбГУ

И.А. Колесник

Н.А. Тихова

Т.В. Филиппова

К.С. Антонец

П.Б. Дроздова

От ФИЦ ИЦиГ СО РАН

Т.Ф. Чалкова

С.В. Зубова

Е.А. Токпанов

Е.В. Морозова

Оглавление

ТЕЗИСЫ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ.....	- 31 -
50 ЛЕТ ВОГиС.....	- 31 -
<i>Инге-Вечтомов С.Г.</i>	
ВЗАИМОСВЯЗЬ РАЗВИТИЯ ГЕНЕТИКИ И РЕЗУЛЬТАТИВНОСТИ СЕЛЕКЦИИ	- 33 -
<i>Шумный В.К., Кочетов А.В.</i>	
ТЕЗИСЫ УСТНЫХ ДОКЛАДОВ	- 34 -
ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР К БОЛЕЗНЯМ: СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ВЫЯВЛЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ.....	- 34 -
<i>Афанасенко О.С.</i>	
ГЕНОГЕОГРАФИЯ В ПОЛНОГЕНОМНУЮ ЭРУ: ПЕРВЫЕ ИТОГИ РОССИЙСКОГО ПРОЕКТА ПОЛНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ Y-ХРОМОСОМЫ	- 35 -
<i>Балановский О.П.</i>	
ТРАНСГЕННЫЕ МОДЕЛИ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЧЕЛОВЕКА В ТРАНСЛЯЦИОННОЙ БИОМЕДИЦИНЕ	- 36 -
<i>Гайнетдинов Р.Р.</i>	
ФАКТОР ЯДЕРНОГО ЭКСПОРТА РНК (Dm NXF1) ОСУЩЕСТВЛЯЕТ СВЯЗЬ МЕЖДУ АППАРАТОМ ТРАНСПОРТА РНК И ЦИТОСКЕЛЕТОМ	- 37 -
<i>Голубкова Е.В., Гинанова В.Р., Якимова А.О., Ацапкина А.А., Кливер С.Ф., Мамон Л.А.</i>	
БИОТЕХНОЛОГИЯ АЦЕТОГЕНОВ	- 38 -
<i>Дебабов В.Г.</i>	
ПАУЗЫ ТРАНСКРИПЦИИ И ИХ РОЛЬ В РЕГУЛЯЦИИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ	- 39 -
<i>Есюнина Д.М., Петушков И.В., Агапов А.А., Пупов Д.В., Кульбачинский А.В.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ СПЕЦИФИЧНОСТИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ГОРОХА ПОСЕВНОГО (<i>Pisum sativum</i> L.) С КЛУБЕНЬКОВЫМИ БАКТЕРИЯМИ	- 40 -
<i>Жуков В.А., Сулима А.С., Афонин А.М., Тихонович И.А.</i>	
ПОЛНОГЕНОМНОЕ КАРТИРОВАНИЕ РАЙОНОВ ХРОМОСОМ, КОНТАКТИРУЮЩИХ С ЛАМИНОМ Dm0, C Pс И С HP1, В НЕЙРОНАХ ЛИЧИНОК ДРОЗОФИЛЫ	- 41 -
<i>Ильин А.А., Целебровский М.В., Ненашева В.В., Иванкин А.В., Пиндюрин А.В., Шевелев Ю.Я.</i>	
МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЦИТОГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ В ИНТЕГРАЦИИ ГЕНОМНЫХ ДАННЫХ	- 42 -
<i>Карлов Г.И., Хрусталева Л.И., Дивашук М.Г., Александров О.С., Крупин П.Ю., Разумова О.В., Почтовый А.А.</i>	

РЕГУЛЯЦИЯ МУТАЦИОННОГО ПРОЦЕССА И КОНТРОЛЬ КЛЕТОЧНОГО ЦИКЛА	- 43 -
<i>Королев В.Г.</i>	
ГЕНОМНЫЕ И ЭПИГЕНОМНЫЕ МЕХАНИЗМЫ АДАПТАЦИИ: СМЕНА ЭВОЛЮЦИОННОЙ ПАРАДИГМЫ И НОВЫЙ ЭВОЛЮЦИОННЫЙ СИНТЕЗ	- 44 -
<i>Крутовский К. В.</i>	
СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ГЕНЕТИКИ В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ	- 45 -
<i>Кудрявцев А.М.</i>	
ГЕНОМИКА ПОПУЛЯЦИЙ ВОЛГО-УРАЛЬСКОГО РЕГИОНА РОССИИ	- 46 -
<i>Литвинов С.С., Екомасова Н.В., Хусаинова Р.И., Ахметова В.Л., Хидиятова И.М., Карунас А.С., Джаубермезов М.А., Хуснутдинова Э.К.</i>	
ВЛИЯНИЕ ГЕНОВ Т-ДНК <i>Agrobacterium rhizogenes</i> НА СОДЕРЖАНИЕ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ У <i>Linaria maroccana</i>	- 47 -
<i>Матвеева Т.В., Сокорнова С.В., Доморацкая Д.А.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ И СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ: НОВЫЕ ВЫЗОВЫ	- 48 -
<i>Митрофанова О.П.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ РЕГУЛЯЦИЯ СТАРЕНИЯ И ДОЛГОЛЕТИЯ.....	- 49 -
<i>Москалев А.А., Шапошников М.В., Прошкина Е.Н., Земская Н.В., Добровольская Е.В.</i>	
АМИЛОИДЫ И ПРИОНЫ: ОТ ПАТОГЕНЕЗА К ФУНКЦИИ.....	- 50 -
<i>Нижников А.А., Антонец К.С., Инге-Вечтомов С.Г.</i>	
ГЕНОМИКА РАСТЕНИЙ В ЭПОХУ NGS	- 51 -
<i>Пенин А.А.</i>	
ПОПУЛЯЦИОННАЯ ГЕНОМИКА МУТУАЛИСТИЧЕСКОГО СИМБИОНТА СЕМЕЙСТВА <i>Fabaceae</i> НА ПРИМЕРЕ КЛУБЕНЬКОВЫХ БАКТЕРИЙ <i>Sinorhizobium meliloti</i>	- 52 -
<i>Румянцева М.Л., Симаров Б.В.</i>	
ИНТЕГРАЦИЯ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В СЕЛЕКЦИЮ РАСТЕНИЙ	- 53 -
<i>Салина Е.А.</i>	
НОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ АНАЛИЗА И КОРРЕКЦИИ ХРОМОСОМНЫХ ПЕРЕСТРОЕК, НАРУШАЮЩИХ НЕЙРОГЕНЕЗ ЧЕЛОВЕКА	- 54 -
<i>Серов О.Л., Лебедев И.Н.</i>	
ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И БОЛЕЗНИ ЧЕЛОВЕКА	- 55 -
<i>Степанов В.А.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СЕЛЕКЦИИ ЖИВОТНЫХ	- 56 -
<i>Столповский Ю.А., Нестерук Л.В.</i>	
ПОИСК РЕГУЛЯТОРОВ СОМАТИЧЕСКОГО ЭМБРИОГЕНЕЗА СРЕДИ ГЕНОВ <i>WOX</i> И <i>PIN</i> <i>Medicago truncatula</i>	- 57 -
<i>Творогова В.Е., Федорова Ю.А., Вашкевич Т.А., Лутова Л.А.</i>	

СОВРЕМЕННЫЕ СТРАТЕГИИ ПРЯМОЙ И ОБРАТНОЙ ГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ.....	- 58 -
<i>Хлесткина Е.К., Шоева О.Ю., Гордеева Е.И., Герасимова С.В.</i>	

МОЛЕКУЛЯРНЫЙ И КЛЕТОЧНЫЙ АППАРАТ БЕЛКОВОЙ НАСЛЕДСТВЕННОСТИ	- 59 -
<i>Чернов Ю.О.</i>	

GENOMICS, A PARADIGM SHIFT IN ANIMAL BREEDING: TOWARD THE GENOME-ASSISTED BARNYARD	- 60 -
<i>Eggen A.</i>	

ТЕЗИСЫ УЧАСТНИКОВ КОНФЕРЕНЦИИ..... - 61 -

ВНУТРИВИДОВАЯ ФИЛОГЕНИЯ КУЛЬТИВИРУЕМЫХ ТЕТРАПЛОИДНЫХ ПОЛИМОРФНЫХ ВИДОВ РОДА <i>Gossypium</i> L.....	- 61 -
<i>Абдуллаев А., Ризаева С.М., Эрназарова З.А., Эрназарова Д.К., Аманов Б.Х.</i>	

ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ <i>Bifidobacterium angulatum</i> ШТАММ GT102: ГЕНЫ АДАПТАЦИИ И КОММУНИКАЦИИ	- 62 -
<i>Аверина О.В., Захаревич Н.В., Незаметдинова В.З., Дьячкова М.С., Даниленко В.Н.</i>	

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ ГЕНОВ В СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТКАХ ЧЕЛОВЕКА С РАЗЛИЧНОЙ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬЮ.....	- 63 -
<i>Агаб А.В., Васильев С.А., Скрыбин Н.А., Беленко А.А., Климова А.С., Грибова О.В., Старцева Ж.А., Лебедев И.Н.</i>	

ТЮРКОЯЗЫЧНЫЕ НАРОДЫ КРЫМА В ГЕНЕТИЧЕСКОМ ПРОСТРАНСТВЕ СЕВЕРНОЙ ЕВРАЗИИ (АНАЛИЗ ГЕНОФОНДОВ КРЫМСКИХ ТАТАР И КАРАЙМОВ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ).....	- 64 -
<i>Агджоян А.Т., Кузнецова М. А., Качанов Н. В., Лукьянова Е. Н., Схаляхо Р. А., Балаганская О. А., Атраментова Л. А., Виллемс Р., Балановская Е. В., Балановский О. П.</i>	

РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ УЗКОЛИСТНОГО ЛЮПИНА ВО ВСЕРОССИЙСКОМ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОМ ИНСТИТУТЕ ЛЮПИНА.....	- 65 -
<i>Агеева П.А.</i>	

ИССЛЕДОВАНИЕ SSR-МАРКЕРОВ УСТОЙЧИВОСТИ РИСА К ДЛИТЕЛЬНОМУ ЗАТОПЛЕНИЮ	- 66 -
<i>Азарин К.В., Усатов А.В., Макаренко М.С., Костылев П.И., Ковалевич А.А.</i>	

ВЛИЯНИЕ СРОКОВ ЭКСПЛАНТАЦИИ НЕОПЫЛЕННЫХ ЗАВЯЗЕЙ КУКУРУЗЫ НА ЧАСТОТУ ЭМБРИОГЕНЕЗА <i>in vitro</i>	- 67 -
<i>Алаторцева Т.А.</i>	

КАРТИРОВАНИЕ ХРОМОСОМ <i>Cannabis sativa</i> L. С ПОМОЩЬЮ ДАННЫХ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ	- 68 -
<i>Александров О.С.</i>	

- МОРФОЛОГИЯ ХРОМАТИНА ЯДЕР ЦИСТОЦИТОВ *Calliphora erythrocephala* НА СТАДИИ S-ФАЗЫ КЛЕТОЧНОГО ЦИКЛА - 69 -
Ананьина Т.В., Федоришин Д.А., Даулетбаева С.Б.
- МИТОХОНДРИАЛЬНЫЕ ПСЕВДОГЕНЫ *atr6* И *cox3* АССОЦИИРОВАННЫЕ С ИНСЕРЦИЯМИ РЕТРОТРАНСПОЗОНА *Tv1* ВИДОСПЕЦИФИЧНЫ ДЛЯ ДРОЗОФИЛ ГРУППЫ *virilis* - 70 -
Андреанов Б.В., Романов Д.А.
- РОЛЬ АСПАРАГИН/ГЛУТАМИН-ОБОГАЩЕННЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ИНДУКЦИИ АМИЛОИДОГЕНЕЗА - 71 -
Антонец К.С., Нижников А.А., Галкин А.П.
- КОЛЛЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИ МАРКИРОВАННЫХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ С ПОВЫШЕННОЙ ЧАСТОТОЙ ПАРТЕНОГЕНЕЗА - 72 -
Апанасова Н.В., Юдакова О.И.
- ОЦЕНКА И ХАРАКТЕР НАСЛЕДОВАНИЯ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ВОЛОКНА НЕКОТОРЫХ ГИБРИДНЫХ ФОРМ ХЛОПЧАТНИКА - 73 -
Арсланов Д.М., Ризаева С.М.
- ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДНЫХ ПЛАНТАЦИЙ ЗИЗИФУСА И ЗЕМЛЯНИКИ НА АПШЕРОНЕ - 74 -
Ахундова Н.И., Гаджиева А.Ф.
- ПОИСК АССОЦИАЦИЙ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ С ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ - 75 -
Бабушкина Н.П., Брагина Е.Ю., Гараева А.Ф., Гончарова И.А., Рудко А.А., Цитриков Д.Ю., Гомбоева Д.Е., Фрейдин М.Б.
- ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ ТРАНСПОРТА СИДЕРОФОРОВ У *SYNECHOCYSTIS SP. PCC 6803* - 76 -
Бабыкин М.М., Обандо Т., Зинченко В.В.
- ВЛИЯНИЕ ИНГИБИТОРОВ QUORUM-SENSING НА ЧАСТОТУ СПОНТАННЫХ HIS⁺ РЕВЕРСИЙ У *Salmonella typhimurium* ПРИ РАЗЛИЧНОЙ ПЛОТНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КУЛЬТУРЫ - 77 -
Бабынин Э.В., Хамидуллин И.И.
- СКРИНИНГ СПАРЖЕВОЙ ВИГНЫ (*Vigna unguiculata subsp. sesquipedalis* (L.) Verdc.) В НИЖНЕВОЛЖСКОМ РЕГИОНЕ - 78 -
Багдалова А.З., Жужукин В.И.
- РОЛЬ С1473G ПОЛИМОРФИЗМА В ГЕНЕ ТРИПТОФАНГИДРОКСИЛАЗЫ-2 В МЕХАНИЗМАХ ДЕЙСТВИЯ ЭТАНОЛА НА ПОВЕДЕНИЕ И СЕРОТОНИНОВУЮ СИСТЕМУ МОЗГА У МЫШЕЙ - 79 -
Базовкина Д.В., Цыбко А.С., Фурсенко Д.В., Куликов А.В.
- ВЛИЯНИЕ ГЕНОТИПА НА ФУНКЦИОНИРОВАНИЕ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ СИСТЕМ У ЛИСИЦ - 80 -
Башиникова И.В., Ильина Т.Н., Илюха В.А., Антонова Е.П., Морозов А.В.

ДОВУЗОВСКИЙ ЭТАП ПОДГОТОВКИ НАУЧНЫХ КАДРОВ.....	- 81 -
<i>Баймак Т.Ю.</i>	
АССОЦИАЦИИ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ БИОТРАНСФОРМАЦИИ КСЕНОБИОТИКОВ И ХРОСОСОМНЫХ АБЕРРАЦИЙ У МУЖЧИН КЕМЕРОВСКОЙ ОБЛАСТИ БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО	- 82 -
<i>Баканова М. Л., Минина В. И., Савченко Я. А., Рыжкова А. В., Титов Р. А., Головина Т. А., Титов В. А., Вержбицкая Н. Е.</i>	
ЦЕНТРАЛЬНО-АЗИАТСКОЕ ВЛИЯНИЕ НА ГЕНОФОНД НАНАЙЦЕВ ВЕРХНЕГО И НИЖНЕГО АМУРА ПО ДАННЫМ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА ГАПЛОГРУППЫ С2-М217 Y-ХРОСОСОМЫ	- 83 -
<i>Балаганская О.А., Балановский О.П., Богоунов Ю.В., Мальцева О.В., Альборова И.А., Балановская Е.В.</i>	
ИСТОРИЯ СТАНОВЛЕНИЯ ГЕНЕТИКИ В КАЗАНИ.....	- 84 -
<i>Барабанчиков Б.И., Ермолаев А.И.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПАСПОРТ ВЧЕРА И СЕГОДНЯ	- 85 -
<i>Баранов В.С.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТЬ ЧЕЛОВЕКА К ЗАБОЛЕВАНИЯМ, ВЫЗЫВАЕМЫМ ФЛАВИВИРУСАМИ: КЛЕЩЕВОМУ ЭНЦЕФАЛИТУ И ХРОНИЧЕСКОМУ ГЕПАТИТУ С	- 86 -
<i>Бархаш А.В., Кочнева Г.В., Бабенко В.Н., Воевода М.И., Ромащенко А.Г.</i>	
СЕЛЕКЦИЯ ОВСА НА ЕВРОПЕЙСКОМ СЕВЕРО-ВОСТОКЕ	- 87 -
<i>Баталова Г.А.</i>	
РАЗРАБОТКА И УСОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ МЕТОДОВ БИОТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ И СЕМЕНОВОДСТВЕ КАРТОФЕЛЯ ДЛЯ СОЗДАНИЯ И РЕГЕНЕРАЦИИ АДАПТИВНЫХ И ИММУННЫХ СОРТОВ ДЛЯ ГОРНОЙ И ПРЕДГОРНОЙ ЗОН РСО-АЛАНИЯ	- 88 -
<i>Басиев С.С., Бекузарова С.А.</i>	
БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМА МУТАНТНОГО ШТАММА <i>S.</i> <i>fradiae</i> , УСТОЙЧИВОГО К ТИОЦИАНАТУ ОЛИГОМИЦИНА	- 89 -
<i>Беккер О.Б., Ватлин А.А., Даниленко В.Н.</i>	
ВЛИЯНИЕ ПРЕДПОСЕВНОЙ ОБРАБОТКИ СЕМЯН ХЛОПЧАТНИКА ЭЛЕКТРОМАГНИТНЫМИ ИМПУЛЬСАМИ НА ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬ РАСТЕНИЙ.....	- 90 -
<i>Бекмухамедов А.А., Тонких А.К., Ибрагимхаджаев С.У.</i>	
АНАЛИЗ ГЕТЕРОГЕННОСТИ ВИРУСА ГЕПАТИТА В МЕТОДОМ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ	- 91 -
<i>Беленикин М.С., Шанько А.В., Соколова М.В., Коноплева М.В., Кирьянов С.А., Семененко Т.А., Суслов А.П., Баженов А.И., Годков М.А., Туполева Т.А.</i>	

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ (БРАЧНОЕ ПОВЕДЕНИЕ, ФОРМА КРЫЛА, НАПРАВЛЕННАЯ АСИММЕТРИЯ ФОРМЫ КРЫЛА, ФОРМА ВНЕШНЕГО ПОЛОВОГО АППАРАТА САМЦОВ) У МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ <i>D. americana</i> И <i>D. virilis</i>	- 92 -
<i>Белкина Е.Г., Лазебный О.Е., Анисифоров Д.В., Сорокина С.Ю., Веденина В.Ю., Куликов А.М.</i>	
ПЕРСПЕКТИВЫ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ <i>in vitro</i> ЛАВАНДЫ УЗКОЛИСТНОЙ	- 93 -
<i>Белова М.М., Чередниченко М.Ю.</i>	
СОЗДАНИЕ НАЦИОНАЛЬНОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ПО ГЕНОФОНДУ ХЛОПЧАТНИКА	- 94 -
<i>Бобохужаев Ш.У., Санамьян М.Ф., Абдукаримов Ш.С., Абдуллаев Ф.Х.</i>	
МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ КОНСЕРВАТИЗМА И ИЗМЕНЧИВОСТИ МЕЙОЗА	- 95 -
<i>Богданов Ю.Ф., Гришаева Т.М.</i>	
ОПТИМИЗАЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА РЕКОМБИНАНТНОГО СПИДРОИНА В <i>Saccharomyces cerevisiae</i> И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЕГО ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ МАТЕРИАЛОВ ШИРОКОГО НАЗНАЧЕНИЯ.....	- 96 -
<i>Богущ В.Г., Козлов Д.Г., Сидорук К.Г., Чеперегин С.Э., Давыдова Л.И., Мойсенович М.М., Агапов И.И., Легонькова О.А., Дебабов В.Г.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВОДОРАСТВОРИМЫХ БЕЛКОВ ЗЕРНА ЯЧМЕНЯ ..	- 97 -
<i>Болдырев С.В., Поморцев А.А.</i>	
НОВЫЙ ХИМИЧЕСКИЙ МУТАГЕН ДЛЯ СОЗДАНИЯ БИОТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ <i>Triticum aestivum</i> L.	- 98 -
<i>Боме Н.А., Вайсфельд Л.И., Рипбергер Е.И., Боме А.Я.</i>	
“BetaSerpentine” – КОМПЬЮТЕРНАЯ ПРОГРАММА ДЛЯ РЕКОНСТРУКЦИИ АМИЛОИДНЫХ СТРУКТУР	- 99 -
<i>Бондарев С.А., Журавлева Г.А., Каява А.В.</i>	
БЕЛОК Rnq1 ЗАЩИЩАЕТ ПРИОН [PSI ⁺] ОТ НЕГАТИВНОГО ДЕЙСТВИЯ МУТАЦИИ SUP35-M2	- 100 -
<i>Бондарев С.А., Лихолетова Д.В., Журавлёва Г.А.</i>	
СЕЛЕКЦИЯ МЕДОНОСНЫХ ПЧЕЛ В РОССИИ.....	- 101 -
<i>Бородачев А.В., Савушкина Л.Н., Бородачев В.А.</i>	
МИНОРНЫЕ КАРИОТИПИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ В БОЛЬШОЙ ПРОБЛЕМЕ ВИДА	- 102 -
<i>Булатова Н.Ш., Павлова С.В.</i>	
НЕКОТОРЫЕ ИТОГИ СЕЛЕКЦИИ СМОРОДИНЫ ЗОЛОТИСТОЙ В РОССИИ....	- 103 -
<i>Бурменко Ю.В., Литвинова Л.С., Сорокопудов В.Н.</i>	
АГРЕССИВНОЕ ПОВЕДЕНИЕ ЧЕЛОВЕКА: ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ СЕРОТОНИНЕРГИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ (5-HTTLPR, HTR1A, HTR2A), ЭТНИЧЕСКАЯ ПРИНАДЛЕЖНОСТЬ И ГЕНДЕРНЫЕ РАЗЛИЧИЯ	- 104 -
<i>Бутовская М.Л., Лазебный О.Е., Бутовская П.Р., Куликов А.М., Рысков А.П.</i>	

- ВЛИЯНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА 1192-465A>G (Т/С) ГЕНА ЦИТОХРОМ P450 НА РАЗВИТИЕ АРТЕРИАЛЬНОЙ ГИПЕРТОНИИ - 105 -
Быканова М.А., Солодилова М.А.
- СТЕРИЛЬНАЯ ЦИТОПЛАЗМА КАК ФАКТОР, МОДИФИЦИРУЮЩИЙ ЭКСПРЕССИЮ БИОЛОГИЧЕСКИ И ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У ЗЕРНОВОГО СОРГО - 106 -
Бычкова В.В., Эльконин Л.А.
- ХИМИЧЕСКИЙ МУТАГЕНЕЗ И.А. РАПОПОРТА. ПРИМЕНЕНИЕ В СЕЛЕКЦИИ И РАСТЕНИЕВОДСТВЕ - 107 -
Вайсфельд Л.И., Бабаев Е.В.
- ОНКОМАРКЕРЫ РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ У СОБАК И КОШЕК - 108 -
Вакуленко М.Ю.
- ПРЕНАТАЛЬНОЕ УЗИ ИССЛЕДОВАНИЕ ПО ВЫЯВЛЕНИЮ ВРОЖДЕННЫХ РАСЩЕЛИН ГУБЫ И НЕБА В КРАСНОДАРСКОМ КРАЕ - 109 -
Васильев Ю.А., Редько А.Н., Удина И.Г.
- ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМА УСТОЙЧИВОСТИ МУТАНТНОГО ШТАММА *S. fradiae PadR-*, УСТОЙЧИВОГО К ПРОИЗВОДНОМУ ОЛИГОМИЦИНА А – НИТРОНОЛИГОМИЦИНУ - 110 -
Ватлин А.А., О.Б. Беккер, В.Н. Даниленко
- МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ НАРУШЕНИЯ В СТАБИЛЬНЫХ И НЕСТАБИЛЬНЫХ АЛЛЕЛЯХ WHITE-ГЕНА *Drosophila melanogaster* - 111 -
Ваулин О.В., Волошина М.А., Коромыслов Ю.А., Захаров И.К.
- РАДИАЦИОННО-ИНДУЦИРОВАННОЕ УВЕЛИЧЕНИЕ ПРОЛИФЕРАТИВНОГО ПОТЕНЦИАЛА ФИБРОБЛАСТОВ ЧЕЛОВЕКА - 112 -
Велегжанинов И.О., Ермакова А.В., Клоков Д.Ю.
- МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА КАК ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ДЕЛИМИТАЦИИ ВИДОВ ДВОЙНИКОВ (НА ПРИМЕРЕ БАБОЧЕК-ГОЛУБЯНОК КОМПЛЕКСА *Polyommatus ripartii* (*Lepidoptera, Lycaenidae*)) - 113 -
Вишневецкая М.С., Лухтанов В.А., Сайфитдинова А.Ф.
- ИССЛЕДОВАНИЕ ЗОЛЬНОГО СОСТАВА ПЕРИКАРПА ОБРАЗЦОВ *Lupinus angustifolius L.*, РАЗЛИЧАЮЩИХСЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К РАСТРЕСКИВАНИЮ БОБОВ - 114 -
Власова Е.В., Мотылева С.М., Мертвищева М.Е., Горбунова Ю.В.
- СОСТАВ БЕЛКОВ НА ПОВЕРХНОСТИ НАНОЧАСТИЦ СУЛЬФИДА СЕРЕБРА, ПОЛУЧЕННЫХ МЕТОДОМ БИОСИНТЕЗА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАЗЛИЧНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ - 115 -
Воейкова Т.А., Журавлева О.А., Булушова Н.В., Кубасова Т.С., Исмагулова Т.Т., Вейко В.П., Шайтан К.В., Дебабов В.Г.
- ИЗМЕНЧИВОСТЬ ЭКСПРЕССИВНОСТИ ПРИЗНАКА *radius incompletus Drosophila melanogaster* ПРИ ДОБАВЛЕНИИ В ПИЩУ МЕТАБОЛИТОВ ФОЛАТНО-МЕТИОНИНОВОГО ЦИКЛА - 116 -
Волкова Н. Е., Филипоненко Н. С., Воробьева Л. И.

- ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ НЕКОТОРЫХ ЦИТОКИНОВ ПРИ АНТРАКОСИЛИКОЗЕ РАБОТНИКОВ УГОЛЬНЫХ ШАХТ - 117 -
Волобаев В.П., Калюжная Е.Э.
- ВЫСОКАЯ МУТАБИЛЬНОСТЬ В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ *Drosophila melanogaster* САХАЛИНА..... - 118 -
Волошина М.А.
- ДЕТОКСИКАЦИЯ ПОЧВЫ АКТИВНЫМИ УГЛЯМИ И ПРОЦЕСС СЕЛЕКЦИИ - 119 -
Карпачев В.В., Спиридонов Ю.Я., Горшков В.И., Мухин В.М., Воропаева Н.Л.
- ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ ПО ДАННЫМ АНАЛИЗА ПОЛИМОРФИЗМА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ЯДЕРНОЙ И ОРГАНЕЛЬНЫХ ДНК - 120 -
Гавриленко Т.А., О.Ю. Антонова, Н.А. Швачко, Л.И. Костина, Л.Ю. Новикова, А.Р. Шувалова, Н.С. Клименко
- ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ (*Fragaria ananassa* Duch) В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА - 121 -
Гаджиева А.Ф.
- АМИЛОИДЫ НА СЛУЖБЕ ОРГАНИЗМА - ВЫЯВЛЕНИЕ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ АМИЛОИДОВ В МОЗГЕ МЛЕКОПИТАЮЩИХ И В КЛЕТКАХ НИЗШИХ ЭУКАРИОТ - 122 -
Галкин А.П., Рыжова Т.А., Сопова Ю.В., Задорский С.П., Нижников А.А., Шенфельд А.А., Кибарина М.Е., Синюкова В.А., Сергеева А.В., Чиринская А.В.
- ДОСТИЖЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ТРАНСГЕННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦ - 123 -
Гапоненко А.К., Мишуткина Я.В., Тимошенко А.А., Спеченкова Н.А.
- ВЛИЯНИЕ ОПЫЛЯЕМОСТИ НА УРОЖАЙНОСТЬ ИНЖИРА - 124 -
Гасанов Н.А., Асланова Г.С.
- ГЕНЫ *Nud* И *Vrs* ЯЧМЕНЯ: ОТ МАРКЁР-ОРИЕНТИРОВАННОЙ СЕЛЕКЦИИ К ГЕНОМНОМУ РЕДАКТИРОВАНИЮ - 125 -
Герасимова С.В., Короткова А.М., Кукоева Т.В., Хлесткина Е.К.
- ЭФФЕКТ «ЖЕЛАТЕЛЬНОГО ГЕНОТИПА» ГЕНА *ESR1* ДЛЯ ГИБРИДНЫХ СВИНОМАТОК F1 - 126 -
Гетманцева Л.В., Усатов А.В., Леонова М.А., Бакоев С.Ю.
- АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ, ЛОКАЛИЗОВАННЫХ В ОБЛАСТИ 11q13.5, С РАЗВИТИЕМ АТОПИЧЕСКОГО ДЕРМАТИТА В РЕСПУБЛИКЕ БАШКОРТОСТАН - 127 -
Гималова Г.Ф., Карунас А.С., Федорова Ю.Ю., Гуменная Э.Р., Левашева С.В., Бикташева А.Р., Эткина Э.И., Хуснутдинова Э.К.
- СЕМЕННИКОВО-СПЕЦИФИЧНЫЕ ПРОДУКТЫ ГЕНА *sbr* (*Dm nxf1*) У *Drosophila melanogaster* В НОРМЕ И У МУТАНТА *sbr12* С ДОМИНАНТНОЙ МУЖСКОЙ СТЕРИЛЬНОСТЬЮ - 128 -
Гинанова В.Р., Кливер С.Ф., Голубкова Е.В., Мамон Л.А.

- ХРОМОМЕРЫ: ВЧЕРА И СЕГОДНЯ..... - 129 -
Глазков М.В.
- АЦИДОТОЛЕРАНТНЫЙ ГРИБ *Penicillium ShG4C*, УСТОЙЧИВЫЙ К
ЭКСТРЕМАЛЬНО ВЫСОКИМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ МЕДИ И МЫШЬЯКА..... - 130 -
*Глухова Л.Б., Груздев Е.В., Белецкий А.В., Стрелкова Е.В., Карначук О.В., Равин Н.В.,
Марданов А.В.*
- К ВОПРОСУ О ДОМСТИКАЦИИ ЕВРОПЕЙСКОГО ЛОСЯ..... - 131 -
Голубев О.В.
- СЕЛЕКЦИЯ ЦМС-ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА, ТОЛЕРАНТНЫХ К
ВЫСОКОВИРУЛЕНТНЫМ РАСАМ ЗАРАЗИХИ (*Orobancha crotanana Wallr.*)..... - 132 -
Горбаченко Ф.И., Горбаченко О.Ф., Усащенко Т.В., Лучкин Н.С., Житник Н.А., Бурляева Е.Г.
- ИЗМЕНЕНИЕ ПРИСПОСОБЛЕННОСТИ ДРОЗОФИЛЫ НА РАЗНЫХ ЭТАПАХ
ОНТОГЕНЕЗА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ГЕНОТИПА ПРИ ДЕЙСТВИИ КОФЕИНА - 133 -
Горенская О.В.
- ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИСТОЧНИКИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОГО РАПСА В ЛЕСОСТЕПИ
ЦЧР РОССИИ - 134 -
Горшков В.И., Горшкова Э.К.
- СРАВНЕНИЕ КОНСЕРВАТИВНОСТИ КЛЮЧЕВЫХ БЕЛКОВ МЕЙОЗА И ИХ
ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ ДОМЕНОВ В РЯДУ ЭУКАРИОТ ОТ ДРОЖЖЕЙ ДО
ЧЕЛОВЕКА..... - 135 -
Гришаева Т.М., Богданов Ю.Ф.
- АНАЛИЗ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ-
ОНКОСУПРЕССОРОВ *RB, ING1* ПРИ ОНКОПАТОЛОГИИ..... - 136 -
Губаева Ю.Г., Воробьева Е.В., Горбунова В.Ю.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ У
РОССИЙСКИХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ..... - 137 -
Гультяева Е.И.
- ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ СЕЛЕКЦИИ СОРГО НА ДОНУ - 138 -
Гурский Н.Г., Исаков Я.И., Землянов А.Н., Землянов В.А.
- АДАПТИВНЫЙ СОРТ ЗЕРНОВОГО ГОРОХА ПАМЯТИ ХАНГИЛЬДИНА - 139 -
Давлетов Ф.А., Гайнуллина К.П.
- ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОФОНДА ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ ДЛЯ УЛУЧШЕНИЯ
МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В КРАСНОДАРСКОМ НИИСХ им. П.П. ЛУКЪЯНЕНКО . - 140 -
*Давоян Р.О., Бебякина И.В., Давоян Э.Р., Беспалова Л.А., Миков Д.С., Зубанова Ю.С., Зинченко
А.Н.*
- РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ СЕРОТОНИНОВОЙ СИСТЕМЫ В РАЗВИТИИ
ТРЕВОЖНОСТИ У СТУДЕНТОВ - 141 -
Давыдова Ю.Д.

- ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ, ИЛИ О ЧЕМ РАССКАЗЫВАЮТ ФЕРОМОНЫ
ДОМОВОЙ МЫШИ? - 142 -
Даев Е.В.
- МИКРОБНАЯ ЭНДОКРИНОЛОГИЯ И ОСЬ ГОЛОВНОЙ МОЗГ - ЖЕЛУДОЧНО-
КИШЕЧНЫЙ ТРАКТ - 143 -
Даниленко В.Н.
- ВАВИЛОВСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ - ОСНОВА
ПРОДОВОЛЬСТВЕННОЙ БЕЗОПАСНОСТИ РОССИИ - 144 -
Дзюбенко Н.И.
- АППРОКСИМАЦИЯ ДЕЙСТВИЯ ГЕНОВ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ ОТКЛОНЕНИЯ В
РАЗВИТИИ МЕРИСТЕМ *Arabidopsis thaliana* К МУТАНТНЫМ ФОРМАМ ЛЮЦЕРНЫ
..... - 145 -
Дзюбенко Е.А., Дзюбенко Н.И.
- К ВЫЯСНЕНИЮ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ (ЭКОЛОГО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ) ПРИРОДЫ
ТРАНСГРЕССИЙ ПРИЗНАКОВ ПРОДУКТИВНОСТИ РАСТЕНИЙ..... - 146 -
Драгавцев В.А.
- ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ДЕЙСТВИЯ МЕТИЛПАРАБЕНА НА
БИОЛОГИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ - 147 -
Дроздов. Г. В., Ковалева М. И., Тихомирова С. В.
- ОСОБЕННОСТИ СТАБИЛИЗАЦИИ КАРИОТИПОВ В ПОТОМСТВЕ ОТ
СКРЕЩИВАНИЯ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ С
ДИПЛОИДНОЙ РОЖЬЮ..... - 148 -
*Дубовец Н.И., Бондаревич Е.Б., Соловей Л.А., Сычева Е.А., Кабаненко Ю.Н., Логинова Д.Б.,
Силкова О.Г.*
- СТРУКТУРА МЕЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА РИБОСОМНОЙ ДНК КУРИЦЫ - 149 -
Дёмин А.Г., Фийон В., Галкина С.А., Сайфитдинова А.Ф., Кошель Е.И., Гагинская Е.Р.
- ДЕТАЛЬНАЯ ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ИЗБРАННЫХ ШТАММОВ *S.
cerevisiae*, ПРИНАДЛЕЖАЩИХ К ПЕТЕРГОФСКОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ
..... - 150 -
Дроздова П.Б., Тарасов О.В., А.Г. Матвеевко, Ю.В. Сопова, Д.Е. Полев, Инге-Вечтомов С.Г.
- ДНК-ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ВТОРИЧНЫХ РЕКОМБИНАНТНЫХ ЛИНИЙ
ТРИТИКАЛЕ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К ПОЛЕГАНИЮ И ПРЕДУБОРОЧНОМУ
ПРОРАСТАНИЮ - 151 -
Дубовец Н.И., Сычева Е.А., Дробот Н.И., Бондаревич Е.Б., Соловей Л.А.
- РОЛЬ ГЕНА ОРНИТИНАМИНОТРАНСФЕРАЗЫ В МЕТАБОЛИЗМЕ
ПРОЛИФЕРИРУЮЩИХ ТКАНЕЙ РАСТЕНИЙ - 152 -
Егорова А.А., Кочетов А.В., Герасимова С.В.
- ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ НАСЕЛЕНИЯ КАРАЧАЕВО-
ЧЕРКЕСИИ - 153 -
Ельчинова Г.И., Макаов А.Х-М., Петрин А.Н., Зинченко Р.А.

- БИОТИЧЕСКИЙ И АБИОТИЧЕСКИЙ СТРЕСС ВЫЗЫВАЕТ ИЗМЕНЕНИЕ ПРОФИЛЕЙ ЭКСПРЕССИИ И СПЛАЙСИНГА ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА WRKY
Arabidopsis thaliana - 154 -
Емелина К.В., Малошенок Л.Г., Вячеславова А.О., Абдеева И.А., Брускин С.А.
- ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕНОФОНДА НАРОДОВ ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ: УСПЕХИ И ПЕРСПЕКТИВЫ - 155 -
Жабагин М.К., Балановский О.П., Юсупов Ю.М., Турдикулова Ш.У., Исакова Ж.И., Нимадава П., Балановская Е.В.
- ХАРАКТЕР ПОВЕДЕНИЯ УНИВАЛЕНТА В АНАФАЗЕ I У СЕРИИ МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ КАК ПРОЯВЛЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ МЕЙОТИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ - 156 -
Жарков Н.А.
- ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ У ПРИРОДНЫХ ИЗОЛЯТОВ ГЕТЕРОЦИСТНОЙ ЦИАНОБАКТЕРИИ *Anabaena variabilis* - 157 -
Женавчук О.Ф., Карбышева Е.А., Мещерякова П.В., Михеева Л.Е.
- НЕОДНОЗНАЧНОСТЬ РЕЗУЛЬТАТОВ СРАВНИТЕЛЬНОГО МОЛЕКУЛЯРНОГО КАРИОТИПИРОВАНИЯ ДНК ИЗ ВНУТРИПОЛОСТНОЙ ЖИДКОСТИ БЛАСТОЦИСТЫ, ТРОФЭКТОДЕРМЫ И ВНУТРЕННЕЙ КЛЕТОЧНОЙ МАССЫ - 158 -
Жигалина Д.И., Скрыбин Н.А., Артюхова В.Г., Светлаков А.В., Лебедев И.Н.
- СОЗДАНИЕ КОМПОЗИЦИОННЫХ ПОЛИМЕРНЫХ МАТЕРИАЛОВ, СОДЕРЖАЩИХ НАНОЧАСТИЦЫ БИОГЕННОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ - 159 -
Журавлева О.А., Хаддаж М. Х., Гусев С.А., Грицкова И.А., Басырева Л.Ю., Застрожная И.Ю., Воейкова Т.А., Дебабов В.Г.
- ЗАКОНОМЕРНОСТИ ИНДУКЦИИ МУТАЦИЙ УФ-ИЗЛУЧЕНИЕМ: ФОРМА КРИВЫХ - 160 -
Жучкина Н. И., Кокорева А. Н., Шванева Н. В., Колтовая Н. А.
- АНТИРЕСТРИКЦИОННЫЕ ДНК-МИМИКРИРУЮЩИЕ БЕЛКИ (ArdA), КОДИРУЕМЫЕ ГЕНАМИ В ТРАНСМИССИВНЫХ ПЛАЗМИДАХ, АКТИВИРУЮТ ЭКСПРЕССИЮ Н-NS-ЗАВИСИМЫХ ГЕНОВ В БАКТЕРИАЛЬНОЙ КЛЕТКЕ ПРИ КОНЪЮГАТИВНОМ ПЕРЕНОСЕ - 161 -
Завильгельский Г.Б., Горянин И.И., Мелькина О.Е.
- ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДА ДИАЛЛЕЛЬНЫХ СКРЕЩИВАНИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ КОМБИНАЦИОННОЙ СПОСОБНОСТИ РАННЕСПЕЛЫХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ - 162 -
Зайцев С.А.
- ВЫЯВЛЕНИЕ НОВЫХ СУБЛИНИЙ *M.tuberculosis* НА ОСНОВАНИИ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ..... - 163 -
Зайчикова М.В., Михеечева Н.Е., Даниленко В.Н.
- МОДА НА НЕСТАБИЛЬНУЮ МУТАЦИЮ *yellow* В ПОПУЛЯЦИИ *Drosophila melanogaster* УМАНИ - РЕЗУЛЬТАТ ИНВЕРСИОННОГО ПОЛИМОРФИЗМА..... - 164 -
Захаренко Л.П., Захаров И.К.

СЕЛЕКЦИЯ НА РАСОНЕСПЕЦИФИЧЕСКУЮ УСТОЙЧИВОСТЬ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ В УЛЬЯНОВСКОМ НИИСХ	- 165 -
<i>Захаров В.Г., Тырышкин Л.Г.</i>	
СОХРАНЕНИЕ ГЕНОФОНДА КОРИАНДРА.....	- 166 -
<i>Збраилова Л.П., Картамышева Е.В., Реутин А.В., Лучкина Т.Н.</i>	
ИТОГИ 85-ЛЕТНЕЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ.....	- 167 -
<i>Зеленский Г.Л.</i>	
DamID-КАРТИРОВАНИЕ УЧАСТКОВ СВЯЗЫВАНИЯ Piwi В ГЕНОМЕ СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТОК ЯИЧНИКОВ ДРОЗОФИЛЫ.....	- 168 -
<i>Ильин А.А., Рязанский С.С., Оленкина О.М., Белякин С.Н., Иванкин А.В., Пиндюрин А.В., Гвоздев В.А., Шевелев Ю.Я.</i>	
СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ ADH1B*rs1229984, ALDH2*rs671, CYP2E1 rs3813867 В ПОПУЛЯЦИЯХ СИБИРСКИХ ТАТАР	- 169 -
<i>Имекина Д.О., Лавряшина М.Б., Ульянова М.В., Толстикова А.В.</i>	
ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ОКИСЛИТЕЛЬНОМ СТРЕССОМ (CAT, SOD1, SOD2) И СКЕЛЕТНЫЙ ФЛЮОРОЗ РАБОТНИКОВ АЛЮМИНИЕВОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ	- 170 -
<i>Калюжная Е.Э., Волобаев В.П.</i>	
СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ МАСЛИЧНЫХ КАПУСТНЫХ КУЛЬТУР В ФГБНУ ВНИИ РАПСА	- 171 -
<i>Карпачев В.В., Гориков В.И.</i>	
МОБИЛИЗАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ГОРЧИЦЫ САРЕПТСКОЙ ДЛЯ СОЗДАНИЯ НОВЫХ СОРТОВ	- 172 -
<i>Картамышева Е.В., Лучкина Т.Н., Реутин А.В., Кондаурова В.Е.</i>	
СЕЛЕКЦИЯ СОБОЛЯ РОССИИ: ПОСЛЕДСТВИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ПРОМЫШЛЕННОЙ ДОМЕСТИКАЦИИ.....	- 173 -
<i>Каитанов С.Н., Свищева Г.Р.</i>	
ВЛИЯНИЕ ТИПА СТЕРИЛЬНОСТИ НА КОМБИНАЦИОННУЮ СПОСОБНОСТЬ АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЦМС-ЛИНИЙ СОРГО.....	- 174 -
<i>Кибальник О.П.</i>	
БЕЛОК FXR1 - ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АМИЛОИД В МОЗГЕ КРЫСЫ <i>Rattus norvegicus</i>	- 175 -
<i>Кибарина М.Е., Шенфельд А.С., Чиринскайте А.В., Сопова Ю.В., Рыжова Т.А., Кошель Е.И., Галкин А.П.</i>	
СОСТАВ ЛЕЙКОЦИТОВ КРОВИ У АМЕРКАНСКОЙ НОРКИ (<i>Neovison vison</i>) ПРИ ОТБОРЕ ПО ПОВЕДЕНИЮ	- 176 -
<i>Кижина А.Г., Узенбаева Л.Б., Трапезов О.В., Трапезова Л.И., Илюха В.А., Тютюнник Н.Н.</i>	

- ВЫЯВЛЕНИЕ ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ ДОМАШНИХ СВИНЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОЛНОГЕНОМНЫХ SRA-ДАННЫХ ПРОЕКТОВ NGS - 177 -
Кипень В.Н., Котова С.А.
- НОВЫЙ ЛОКУС НА 5В ХРОМОСОМЕ, УЧАСТВУЮЩИЙ В РЕГУЛЯЦИИ ВРЕМЕНИ КОЛОШЕНИЯ ПШЕНИЦЫ - 178 -
Киселёва А.А., Щербань А.Б., Леонова И.Н., Салина Е.А.
- СИСТЕМЫ ТОКСИН-АНТИТОКСИН II ТИПА КАК ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ БИОМАРКЕРЫ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ШТАММОВОГО РАЗНООБРАЗИЯ В МЕТАГЕНОМАХ - 179 -
Климина К.М., Захаревич Н.В., Полуэктова Е.У., Касьянов А.С., Даниленко В.Н.
- ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ЗАГРЯЗНЕНИЯ ГОРОДСКИХ ТЕРРИТОРИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАСТИТЕЛЬНЫХ ТЕСТ-ОБЪЕКТОВ (НА ПРИМЕРЕ Г. ЯРОСЛАВЛЯ)..... - 180 -
Ковалева М.И., Прохорова И.М., Афонина Ю.В., Балашова Е.А.
- МЕЖВИДОВАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ СОИ, КАК ИНДУКТОР ГОМЕОЛОГИЧНОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕКОМБИНАЦИИ В МЕЙОЗЕ - 181 -
Козак М.Ф.
- ВЛИЯНИЕ ТРАНЗИЕНТНОЙ ЭКСПРЕССИИ РАЗЛИЧНЫХ ФОРМ БЕЛКА SET ЧЕЛОВЕКА НА РАЗВИТИЕ ЭМБРИОНОВ ВЬЮНА - 182 -
Козикова Л. В., Макарова И. В., Айед З., Слепцова Л. А., Хайдарова Н. В., Ненашева В. В., Андреева Л. Е.
- РЕГУЛЯТОРНЫЕ ФУНКЦИИ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ ЦИАНОБАКТЕРИЙ - 183 -
Кокшарова О.А.
- НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИССЛЕДОВАНИЮ МЕЙОЗА У ПАЦИЕНТОВ С НАРУШЕНИЯМИ СПЕРМАТОГЕНЕЗА - 184 -
Коломиец О.Л., Кашинцева А.А., Спангенберг В.Е., Габля М.Ю.
- ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ГОРМОНА РОСТА (GH) И ЕГО СВЯЗЬ С ПРОДУКТИВНЫМИ КАЧЕСТВАМИ СВИНЕЙ - 185 -
Колосов А.Ю., Леонова М.А.
- РЕГУЛЯЦИЯ КЛЕТОЧНЫМ ЦИКЛОМ РЕПАРАЦИИ ПОВРЕЖДЕНИЙ ДНК - 186 -
Колтовая Н.А.
- ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ЛИНИИ ТОМАТА Мо938 С НЕХАРАКТЕРНЫМ РАСПОЛОЖЕНИЕМ МАРКЕРНЫХ ГЕНОВ В ХРОМОСОМЕ 2 - 187 -
Кохмахин Р.А., Стрельникова С.Р., Жученко (ст.) А.А.
- ПРИЛОЖЕНИЕ SeedCounter И АЛГОРИТМ РАСПОЗНАВАНИЯ КОЛОСА ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПИРОВАНИЯ.... - 188 -
Комышев Е.Г., Генаев М.А., Акушкина А.В., Афонников Д.А.
- ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ ПАТОЛОГИИ ПОВЕДЕНИЯ НА МЫШАХ - 189 -
Кондаурова Е.М., Куликов А.В., Базовкина Д.В.

ВНЕШНИЕ ВОЗМОЖНОСТИ В ПРЕПОДАВАНИИ МЕДИЦИНСКОЙ ГЕНЕТИКИ	- 190 -
<i>Корженевская М.А., Розенфельд С.В., Лантнев С.А.</i>	
РЕЗУЛЬТАТЫ И НОВЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ ОВОЩНЫХ И БАХЧЕВЫХ КУЛЬТУР НА КУБАНИ.	- 191 -
<i>Королева С.В.</i>	
ВЫСОКАЯ МУТАБИЛЬНОСТЬ, ВОЗНИКАЮЩАЯ ПРИ РАЗЛИЧНЫХ ВАРИАНТАХ СКРЕЩИВАНИЙ ЛИНИИ 3NS <i>Drosophila melanogaster</i>	- 192 -
<i>Коромыслов Ю.А., Ваулин О.В., Захаров И.К.</i>	
ОСНОВЫ МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА НА УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕСС-ФАКТОРАМ	- 193 -
<i>Костылев П.И., Редькин А.А., Краснова Е.В., Шилов И.А., Макаренко М.С.</i>	
КАРИОТИПИЧЕСКАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ ЭРИТРОЦИТОВ МЯСНЫХ, ЯИЧНЫХ И МЯСОЯИЧНЫХ ПОРОД КУР	- 194 -
<i>Косякова Г.П.</i>	
ВЛИЯНИЕ СТИМУЛЯТОРОВ РОСТА НА ОКОРЕНЯЕМОСТЬ ПРИ ЗЕЛЕНОМ ЧЕРЕНОВАНИИ СЕМЕЙСТВА <i>Grossulariace</i>	- 195 -
<i>Кошева О.Н.</i>	
ОСОБЕННОСТИ ДИПЛОТЕННОЙ СТАДИИ МЕЙОЗА В ООГЕНЕЗЕ ПТИЦ	- 196 -
<i>Кошель Е.И., Давидьян А.Г., Демин А.Г., Саифитдинова А.Ф., Гагинская Е.Р.</i>	
ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ОСОБЕННОСТЕЙ МУЖСКОГО ГАМЕТОФИТА В СЕЛЕКЦИИ КУКУРУЗЫ	- 197 -
<i>Кравченко А.Н., Клименко О.А.</i>	
ИЗМЕНЧИВОСТЬ <i>Rodospora anserina</i> В ХОДЕ ЭВОЛЮЦИОННОГО ЭКСПЕРИМЕНТА.....	- 198 -
<i>Кудрявцева О.А., Сафина К.Р., Вахрушева О.А., Базыкин Г.А., Мажейка И.С., Буданова Е.В., Кондрашов А.С., Камзолкина О.В.</i>	
ПАТОФИЗИОЛОГИЧЕСКАЯ РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ АНТИОКСИДАНТНЫХ ФЕРМЕНТОВ ПРИ ЭНДОТОКСИКОЗЕ	- 199 -
<i>Кудряшова В.И., Трофимов А.В., Гудошникова Т.Н., Колмыкова Т.С., Трофимов В.А., Власов А.П.</i>	
МИГРАЦИЯ - ОСНОВНОЙ ФАКТОР ДИНАМИКИ ГЕНОФОНДА НАРОДОНАСЕЛЕНИЯ РОССИИ.....	- 200 -
<i>Курбатова О.Л.</i> - 200 -	
ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ ЦИТО- И ГЕНЕТИЧЕСКОГО ИЗУЧЕНИЯ СЛОЖНОГО КОМПЛЕКСА ИЗ ОДНОГО ПОДОТЯДА РЕПТИЛИЙ.....	- 201 -
<i>Куприянова Л.А., Сафронова Л.Д.</i>	
ГЕНЕТИКА МНОГОФАКТОРНЫХ БОЛЕЗНЕЙ И НУТРИГЕНОМИКА.....	- 202 -
<i>Кучер А.Н.</i>	

- ИССЛЕДОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА HP1 С
НЕТРАНСЛИРУЕМЫМИ ОБЛАСТЯМИ ЭРРАНТИВИРУСОВ *Drosophila melanogaster*
..... - 203 -
Лавренов А.Р., Кукушкина И.В., Миляева П.А.
- ГЕОГРАФИЧЕСКОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ К-АЛЛЕЛЯ ГЕНА ДИАЦИЛГЛИЦЕРОЛ-
АЦИЛТРАНСФЕРАЗЫ-1 (*DGAT1*) У ПОРОД *Bos Taurus* - 204 -
Лазебная И.В., Перчун А.В., Лазебный О.Е., Сулимова Г.Е.
- ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ - 205 -
Левитин М.М.
- АССОЦИАТИВНОЕ КАРТИРОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ,
ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ УСТОЙЧИВОСТЬ К ГРИБНЫМ БОЛЕЗНЯМ ЛИНИЙ МЯГКОЙ
ПШЕНИЦЫ С ИНТРОГРЕССИЯМИ ОТ ТЕТРАПЛОИДНЫХ ВИДОВ РОДА
TRITICUM..... - 206 -
Леонова И.Н., Орловская О.А., Хотылева Л.В., Салина Е.А.
- ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПОДБОРА ПАР ДЛЯ СКРЕЩИВАНИЯ НА ОСНОВЕ
АНАЛИЗА УРОЖАЙНОСТИ РОДИТЕЛЬСКИХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ. - 207 -
Лепехов С.Б.
- РЕЦЕНЗИЯ НА НОВУЮ КНИГУ: HEAVY METALS AND OTHER POLLUTANTS IN
CONTAMINATED ENVIRONMENTS. BIOLOGICAL ASPECTS. APPLE ACADEMIC
PRESS. 2016 - 208 -
Лисицын Е.М., Вайсфельд Л.И., Заиков Г.Е.
- ПРИМЕНЕНИЕ КОРМОВОЙ ДОБАВКИ АБИОПЕПТИД ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ
ПРОДУКТИВНОСТИ САМОК СОБОЛЕЙ..... - 209 -
Лоенко Н.Н., Чернова И.Е.
- УСТОЙЧИВОСТЬ РОДОВОЙ СТРУКТУРЫ КОРЕННОГО НАСЕЛЕНИЯ
РЕСПУБЛИКИ АЛТАЙ..... - 210 -
Лузина Ф.А., Флейшман А.Н., Дорошилова А.В.
- СОЗДАНИЕ АДАПТИВНЫХ СОРТОВ ЛЬНА МАСЛИЧНОГО - 211 -
Лучкина Т.Н., Картамышева Е.В.
- МОНИТОРИНГ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ЯРОВОГО ЯЧМЕНЯ В РФ ПО
АЛЛЕЛЯМ ГОРДЕИН-КОДИРУЮЩИХ ЛОКУСОВ - 212 -
Лялина Е.В., Болдырев С.В., Поморцев А.А.
- СТАРЕЕТ ЛИ БЫСТРОСТАРЕЮЩИЙ ГРИБ *Podospora anserina*? - 213 -
Мажейка И.С., Штаер О.В., Кудрявцева О.А., Камзолкина О.В.
- ПОИСК АССОЦИАЦИЙ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ
ПОДВЕРЖЕННОСТИ К НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНЫМ И НЕЙРОПСИХИЧЕСКИМ
ЗАБОЛЕВАНИЯМ С ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫМИ СПОСОБНОСТЯМИ СТУДЕНТОВ
МЕДИЦИНСКОГО ВУЗА - 214 -
Марусин А.В., Корнетов А.Н., Сваровская М.Г., Бочарова А.В., Степанов В.А.

- SSR-АНАЛИЗ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ОДНОЛЕТНИХ ВИДОВ
ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus L.*)..... - 215 -
Макаренко М.С., Усатов А.В., Толстая Т.Т., Гаврилова В.А., Ковалевич А.А.
- АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА G634С ГЕНА *VEGFA* С НАРУШЕНИЕМ
ТЕЧЕНИЯ БЕРЕМЕННОСТИ В ПЕРВОМ ТРИМЕСТРЕ - 216 -
Мараховская Т.А., Машкина Е.В.
- ДНК-МАРКЕРЫ УСТОЙЧИВОСТИ ПОДСОЛНЕЧНИКА К ЗАРАЗИХЕ
(*Orobanchе ситана Wallr.*)..... - 217 -
Маркин Н.В., Усатов А.В., Макаренко М.С., Усатенко Т.В., Горбаченко О.Ф., Азарин К.В.
- МЕТИЛИРОВАНИЕ CpG-САЙТОВ ГЕНОВ МИКРО-РНК В ТКАНЯХ СТЕНКИ
СОСУДОВ И ЛЕЙКОЦИТАХ КРОВИ ЧЕЛОВЕКА..... - 218 -
Марков А.В., Кучер А.Н., Назаренко М.С., Королева Ю.А., Пузырев В.П.
- ОТБОР ИНГИБИТОРОВ МИКОБАКТЕРИАЛЬНЫХ СЕРИН-ТРЕОНИНОВЫХ
ПРОТЕИНКИНАЗ КЛАССОВ АМИНОПИРИМИДИНОВ И АМИНОПИРИДИНОВ –
ПЕРСПЕКТИВНЫХ ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНЫХ ПРЕПАРАТОВ НОВОГО
МЕХАНИЗМА ДЕЙСТВИЯ..... - 219 -
Маслов Д.А., Беккер О.Б., Кравченко М.А., Алексеева М.Г., Даниленко В.Н.
- ИССЛЕДОВАНИЕ РАЗЛИЧНЫХ УРОВНЕЙ РЕГУЛЯЦИИ ТЕРМИНАЦИИ
ТРАНСЛЯЦИИ У ДРОЖЖЕЙ *S. cerevisiae*..... - 220 -
*Матвеевко А.Г., Барбитов Ю.А., Дроздова П.Б., Белоусов М.В., Москаленко С.Е., Бондарев
С.А., Журавлева Г.А.*
- ЭФФЕКТИВНОСТЬ ЭЛОНГАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ У ОДНОКЛЕТОЧНЫХ
ОРГАНИЗМОВ - 221 -
Матушкин Ю.Г., Соколов В.С.
- ОСОБЕННОСТИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА *Gagr*, ГЕНОМНОГО ГОМОЛОГА ГЕНА *gag*
ретровирусов, в линиях *Drosophila melanogaster* С ГЕНЕТИЧЕСКОЙ
НЕСТАБИЛЬНОСТЬЮ - 222 -
Махновский П.А., Балакирева Е.И., Кузьмин И.В.
- ИССЛЕДОВАНИЕ РОЛИ МЕТАЛЛОПРОТЕИНАЗ В ПАТОГЕНЕЗЕ ПСОРИАЗА
..... - 223 -
Мезенцев А.В., Золотаренко А.Д., Мозулевцева Ю., Соболев В.В., Соболева А.Г., Брускин С.А.
- ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ СТАТУС БУККАЛЬНЫХ ЭПИТЕЛИОЦИТОВ ШАХТЕРОВ
С ЛЕГОЧНЫМИ ПРОФЕССИОНАЛЬНЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ..... - 224 -
Мейер А.В., Толочко Т.А.
- СПЕЦИФИЧНЫЕ К АТ-ПАРАМ ОСНОВАНИЙ ДНК ЛИГАНДЫ, ДИМЕРНЫЕ
БИСБЕНЗИМИДАЗОЛЫ, КАК МОДУЛЯТОРЫ ЭКСПРЕССИИ Н-NS-ЗАВИСИМЫХ
ГЕНОВ И QUORUM SENSING РЕГУЛИРУЕМЫХ ОПЕРОНОВ У БАКТЕРИЙ - 225 -
Мелькина О.Е., Жузе А.Л., Завильгельский Г.Б.

- ФЕРТИЛЬНОСТЬ, САМОПЛОДНОСТЬ И ЖИЗНЕСПОСОБНОСТЬ ПЫЛЬЦЫ ГИБРИДНЫХ ФОРМ ПЕРСИКА СЕЛЕКЦИИ НИКИТСКОГО БОТАНИЧЕСКОГО САДА - 226 -
Месяц Наталья Васильевна, Смыков Анатолий Владимирович, Федорова Ольга Степановна
- ГЕН - ГЕННЫЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПРИ ФОРМИРОВАНИИ ХРОМОСОМНЫХ АБЕРРАЦИЙ У БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО - 227 -
Минина В.И., Баканова М.Л., Соболева О.А., Рыжкова А.В., Савченко Я. А., Титов Р.А., Воронина Е.Н.
- АДАПТАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ВОЗБУДИТЕЛЯ СЕТЧАТОЙ ПЯТНИСТОСТИ ЯЧМЕНЯ ГРИБА *Ryzenophora teres* - 228 -
Мироненко Н.В., Коваленко Н.М., Баранова О.А., Михайлова Л.А., Афанасенко О.С.
- МикроРНК И ГЕНЫ, КОНТРОЛИРУЮЩИЕ КЛЕТОЧНЫЙ ГОМЕОСТАЗ, КАК БИОМАРКЕРЫ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ И РАДИОРЕЗИСТЕНТНОСТИ КЛЕТОК ЧЕЛОВЕКА ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ ОБЛУЧЕНИЯ И АНТИМУТАГЕНОВ - 229 -
Михайлов В.Ф., Шуленина Л.В., Васильева И.М., Абишев С.К., Засухина Г.Д.
- ДНК-БАРКОДИНГ ПОПУЛЯЦИЙ ДИПЛОСТОМ (*Trematoda: Diplostomidae*) БЕЛАРУСИ - 230 -
Хрисанфова Г.Г., Акимова Л.Н., Можаровская Л.В., Жукова Т.В., Бычкова Е.И., Семенова С.К.
- ПОИСК МОЛЕКУЛЯРНЫХ ПАРТНЕРОВ, ВЗАИМОДЕЙСТВУЮЩИХ С РАСТИТЕЛЬНЫМИ ИММУНОФИЛИНАМИ В КЛЕТКАХ РАСТЕНИЙ, ПРИ БАКТЕРИАЛЬНОМ ЗАРАЖЕНИИ - 231 -
Абдеева И.А., Погорелко Г.В., Мокрякова М.В., Брускин С.А.
- ИЗУЧЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕХАНИЗМОВ ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТИ ЖИЗНИ И СТАРЕНИЯ НА МОДЕЛИ *Drosophila melanogaster* - 232 -
Москалев А.А., Прошкина Е.Н., Шапошников М.В., Шилова Л.А., Данилов А.А., Перегудова Д.О., Добровольская Е.В., Земская Н.В., Белый А.А., Соловьев И.О., Лашманова Е.А., Жикривецкая С.О., Кудрявцева А.В.
- ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ ГЕНОТИПОВ ЧЕРЕШНИ К КОККОМИКОЗУ ПО БИОХИМИЧЕСКИМ ПОКАЗАТЕЛЯМ ЛИСТА - 233 -
Мотылева С.М., Мертвищева М.Е.
- ПОЛУЧЕНИЕ РАСТЕНИЙ ГОРЧИЦЫ САРЕПТСКОЙ (*BRASSICA JUNCEA L.*) ИЗ КАЛЛУСНОЙ ТКАНИ - 234 -
Муравлёв А.А.
- ОЦЕНКА ГЕНОТОКСИЧНОСТИ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ РЫБИНСКОГО ВОДОХРАНИЛИЩА МЕТОДОМ ALLIUM TEST - 235 -
Мухина Д.О., Чуйко Г.М., Ковалева М.И., Прохорова И.М.
- УСПЕХИ РОССИЙСКОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА, ДОСТИГНУТЫЕ ПРИМЕНЕНИЕМ MAS (МАРКЕР-ОПОСРЕДОВАННАЯ СЕЛЕКЦИЯ)..... - 236 -
Мухина Ж.М., Гаркуша С.В., Супрун И.И., Дубина Е.В., Савенко Е.Г., Глазырина В.А., Шундрин Л.А., Епифанович Ю.В., Епифанович Н.В.

- СТРУКТУРНАЯ И ЭПИГЕНЕТИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ГЕНОМА ЧЕЛОВЕКА ПРИ АТЕРОСКЛЕРОТИЧЕСКОМ ПОРАЖЕНИИ АРТЕРИЙ - 237 -
Назаренко М.С., Слепцов А.А., Марков А.В., Лебедев И.Н., Скрябин Н.А., Барбараиш О.Л., Пузырев В.П.
- СПЕКТР И ЧАСТОТА МУТАЦИЙ У ПШЕНИЦЫ ОЗИМОЙ ПОД ДЕЙСТВИЕМ НИТРОЗОАЛКИЛМОЧЕВИН - 238 -
Назаренко Н.Н.
- ВИДОСПЕЦИФИЧЕСКИЙ КЛАСТЕР ГЕНОВ СЕРИН-ТРЕОНИНОВОЙ ПРОТЕИНКИНАЗЫ *pkb2* У *Bifidobacterium longum* - 239 -
Незаметдинова В.З., Мавлетова Д.А., Алексеева М.Г., Елизаров С.М., Даниленко В.Н.
- ИССЛЕДОВАНИЕ СВОЙСТВ ГЕНА *TRIM14* ЧЕЛОВЕКА И ЕГО МУТАНТНОЙ ФОРМЫ НА МОДЕЛИ ЭМБРИОНОВ ВЬЮНА - 240 -
Айед З., Макарова И. В., Хайдарова Н. В., Ненашева В. В., Андреева Л. Е., Тарантул В. З.
- ИССЛЕДОВАНИЕ МЕХАНИЗМОВ ИНТЕГРАЦИИ РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ У ДРОЗОФИЛЫ - 241 -
Нефедова Л.Н., Ким А.И.
- ВЛИЯНИЕ НЕЙРОТРОФИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ GDNF И BDNF НА ВЫЖИВАЕМОСТЬ ДОФАМИНЕРГИЧЕСКИХ НЕЙРОНОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ ИНДУЦИРОВАННЫХ ПЛЮРИПОТЕНТНЫХ СТЕЛОВЫХ КЛЕТОК ЧЕЛОВЕКА - 242 -
Новосадова Е.В., Арсеньева Е.Л., Мануилова Е.С., Грэфенштейн М.А., Зыкова А.А., Тарантул В.З., Иллариошкин С.Н., Гривенников И.А.
- ВЗГЛЯД ГЕНЕТИКА НА СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ФИЛОГЕНИИ ГОЛЬЦОВ РОДА *Salvelinus* - 243 -
Олейник А.Г.
- RNA-seq АНАЛИЗ СЕМЕННИКОВ *bam*-МУТАНТОВ УКАЗЫВАЕТ НА НАЛИЧИЕ ДОЗОВОЙ КОМПЕНСАЦИИ В РАННИХ ГЕРМИНАЛЬНЫХ КЛЕТКАХ САМЦОВ ДРОЗОФИЛЫ - 244 -
Лактионов П.П., Оленкина О.М., Белякин С.Н., Шевелев Ю.Я.
- СПЕКТР МУТАЦИЙ ГЕНА *CFTR* ПРИ МУКОВИСЦИДОЗЕ В СИБИРСКОМ РЕГИОНЕ - 245 -
Одинокова О.Н.
- СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ РАЦИОНАЛЬНОЙ АГРОКУЛЬТУРЫ В ЭКСТРЕМАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ АНТРОПОПРЕССИИ (РЕЦЕНЗИЯ НА КНИГУ «TEMPERATE CROP SCIENCE AND BREEDING: ECOLOGICAL AND GENETIC STUDIES») - 246 -
Опалко А.И., Вайсфельд Л.И., Заиков Г.Е.
- ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНЫЙ АЛЬТЕРНАТИВНЫЙ СПЛАЙСИНГ В ТКАНЯХ ГОЛОВНОГО МОЗГА КРЫС - 247 -
Орлов Ю.Л., Бабенко В.Н.

- АССОЦИАЦИЯ УРОВНЯ СОДЕРЖАНИЯ КАРОТИНОИДОВ В ЗЕРНЕ КУКУРУЗЫ С АЛЛЕЛЬНЫМ ПОЛИМОРФИЗМОМ САЙТА *InDel1* ГЕНА *Psy1* - 248 -
Орловская О.А., Вакула С.И., Хотылева Л.В., Кильчевский А.В.
- ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ (*Apis mellifera L.*) СИБИРСКОГО РЕГИОНА - 249 -
Островерхова Н.В., Кучер А.Н., Конусова О.Л., Киреева Т.Н.
- О ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПРИРОДЕ ГИНАНДРОМОРФИЗМА У НАСЕКОМЫХ - 250 -
Островский А.М.
- ГЕН *Gdnf* И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА ПРОЦЕССЫ ВОССТАНОВЛЕНИЯ НЕЙРОНОВ ПРИ ТРАВМАТИЧЕСКОЙ ИЛИ НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНОЙ ГИБЕЛИ У МЛЕКОПИТАЮЩИХ - 251 -
Павлова Г.В., Шамадыкова Д.В., Куст Н.Н., Пантелеев Д.Ю., Ревущин А.В.
- ФЕНОМЕН ФЕРТИЛЬНОСТИ ГИБРИДОВ: О ЧЕМ СВИДЕТЕЛЬСТВУЮТ ДАННЫЕ ИЗ ХРОСОМНЫХ ГИБРИДНЫХ ЗОН ОБЫКНОВЕННОЙ БУРОЗУБКИ (*Sorex araneus L.*) - 252 -
Павлова С.В., Матвеевский С.Н., Коломиец О.Л., Щипанов Н.А.
- ЦИРКУЛИРУЮЩАЯ ДНК КРОВИ КАК БИОМАРКЕР МЕТАСТАЗИРОВАНИЯ - 253 -
Паневина А.В., Горбачева Т.М., Солодских С.А., Баймаков В.Ю., Михайлов А.А., Мошуров И.П., Попов В.Н.
- ЭКСПРЕССИЯ СТРЕССОВЫХ ГЕНОВ КАРТОФЕЛЯ *in vitro* ПРИ ПАТОГЕНЕЗЕ И ТЕПЛОВОМ ВОЗДЕЙСТВИИ - 254 -
Перфильева А.И., Гарник Е.Ю., Рихванов Е.Г.
- ПОПУЛЯЦИОННАЯ СТРУКТУРА КАРАЧАЕВЦЕВ ПО ДЕВЯТИ ПОЛИМОРФНЫМ ДНК-ЛОКУСАМ ЯДЕРНОГО ГЕНОМА - 255 -
Петрова Н.В., Макаов А.Х.-М., Тимковская Е.Е., Васильева Т.А., Биканов Р., Зинченко Р.А.
- ИЗУЧЕНИЕ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО ГОМЕОСТАЗА В ПОПУЛЯЦИЯХ ОЗЕРНЫХ ЛЯГУШЕК (*Rana ridibunda*) ДЛЯ ОЦЕНКИ ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ОБСТАНОВКИ В КАЗАХСТАНСКОЙ ЧАСТИ ПРИКАСПИЯ - 256 -
Пилюгина А.Л., Чередниченко О.Г., Губицкая Е.Г.
- МИРНК-МРНК ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ – АНАЛИЗ ОСНОВНЫХ ХАРАКТЕРИСТИК И ПРЕДСКАЗАТЕЛЬНЫХ АЛГОРИТМОВ - 257 -
Плотникова О.М., Скоблов М.Ю.
- БЕЛОК Sup35(QA33/34KK) НЕ СПОСОБЕН ПОДДЕРЖИВАТЬ ПРИОН [PSI⁺] В КЛЕТКАХ ДРОЖЖЕЙ *Saccharomyces cerevisiae* - 258 -
Полещук О.И., Данилов Л.Г., Белоусов М.В., Бондарев С.А., Журавлева Г.А.
- СИНТЕЗ ГАММА-АМИНОМАСЛЯНОЙ КИСЛОТЫ (ГАМК) И НАЛИЧИЕ *gadB/gadC* ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ ИЗ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ ЧЕЛОВЕКА - 259 -
Полужтова Е.У., Юнес Р.А., Дьячкова М.С., Ковтун А.С., Климина К.М., Аверина О.В., Даниленко В.Н.
- МЕТОДЫ СОЗДАНИЯ СОРТОВ КЛЕВЕРА ЛУГОВОГО В СИБИРИ - 260 -
Полюдина Р.И.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПАСПОРТИЗАЦИЯ ХОЗЯЙСТВЕННО ЗНАЧИМЫХ НАСЕКОМЫХ И КЛЕЩЕЙ НА ОСНОВЕ БАРКОДИНГА ДНК.....	261 -
<i>Попов В.Н., Сыромятников М.Ю.</i>	
РОЛЬ НЕБЕЛКОВОЙ АМИНОКИСЛОТЫ БЕТА-МЕТИЛАМИНО-L-АЛАНИН (ВМАА) В РЕГУЛЯЦИИ ПРОЦЕССА	262 -
<i>Попова А.А., Кравцова Т.Р., Кокишарова О.А.</i>	
ПУТИ ЭФФЕКТИВНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ПРИ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОГО РАПСА 000-ТИПА В СИБИРИ.....	263 -
<i>Потапов Д.А., Осипова Г.М.</i>	
ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ ФАКТОР FRA1 УЧАСТВУЕТ В ОБРАЗОВАНИИ ПСОРИАТИЧЕСКИХ БЛЯШЕК НА КОЖЕ БОЛЬНЫХ.....	264 -
<i>Преловская А.Н., Брускин С.А., Золотаренко А.Д.</i>	
ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И БИОХИМИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА -	265 -
<i>Пчелина С.Н.</i>	
СОЗДАНИЕ И АНАЛИЗ ПОЛИПЛОИДНЫХ ФОРМ ХМЕЛЯ ЯПОНСКОГО – ДВУДОМНОГО РАСТЕНИЯ С МУЛЬТИХРОМОСОМНОЙ СИСТЕМОЙ ДЕТЕРМИНАЦИИ ПОЛА.....	266 -
<i>Разумова О.В., Александров О.С., Дивашук М.Г., Киров И.В., Карлов Г.И.</i>	
УСТАНОВЛЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ ВИДА <i>G.MUSTELINUM MIERS EX WATT.</i> С ПОЛИПЛОИДНЫМИ ВИДАМИ ХЛОПЧАТНИКА.....	267 -
<i>Рафиева Ф.У.</i>	
НОВЫЕ РОДИТЕЛЬСКИЕ ФОРМЫ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ УСТОЙЧИВОГО К ВРЕДНЫМ ОРГАНИЗМАМ: МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЙ, ФИТОПАТОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ.....	268 -
<i>Рогозина Е.В., Фадина О.А., Бирюкова В.А., Кузнецова М.А., Хавкин Э.Е.</i>	
ФИЗИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ ПРОТЕИН-КОДИРУЮЩИХ ГЕНОВ НА ХРОМОСОМАХ ЛУКА РЕПЧАТОГО (<i>Allium cepa L.</i>).....	269 -
<i>Романов Д.В., Киров И.В., Разумова О.В., Хрусталева Л.И.</i>	
ИЗУЧЕНИЕ СТРУКТУРЫ И ФУНКЦИЙ АМИНОГЛИКОЗИДФОСФОТРАНСФЕРАЗ ШТАММА <i>Streptomyces rimosus subsp. rimosus</i> ATCC 10970	270 -
<i>Рудакова Н.Н., Алексеева М.Г., Мавлетова Д.А., Даниленко В.Н.</i>	
МЕХАНИЗМЫ ТОНКОЙ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОЛА У ДРОЖЖЕЙ <i>Pichia pastoris</i>	271 -
<i>Румянцев А.М., Самбук Е.В., Падкина М.В.</i>	
ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ <i>XRCC2</i> , <i>XRCC3</i> У БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО	272 -
<i>Рыжкова А.В., Минина В.И., Соболева О.А.</i>	
МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОФОНДА ЯБЛОНИ ПО ГЕНАМ УСТОЙЧИВОСТИ К ПАРШЕ	273 -
<i>Савельев Н.И., Лыжин А.С., Савельева Н.Н.</i>	

- РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ СЕРТОНИНОВОЙ СИСТЕМЫ В
ФОРМИРОВАНИИ ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫХ СПОСОБНОСТЕЙ..... - 274 -
Садыкова Л.Р.
- АНАЛИЗ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПОЛИМОРФНОГО ВАРИАНТА ГЕНА *CYP19A1*
(АРОМАТАЗА) С ФОРМИРОВАНИЕМ ОНКОПАТОЛОГИИ..... - 275 -
Садыкова Р.Ф.
- РОЛЬ ПОВТОРЯЮЩИХСЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ЭВОЛЮЦИИ ПОЛОВЫХ
ХРОМОСОМ У ПТИЦ..... - 276 -
*Сайфитдинова А.Ф., Комиссаров А.С., Галкина С.А., Кошель Е.И., Кулак М.М., Дёмин А.Г.,
Гагинская Е.Р.*
- ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПОСЛЕДСТВИЙ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ В
КОСМОСЕ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM COMPACTUM HOST.*)..... - 277 -
Саматадзе Т.Е., Юркевич О.Ю., Зоцук В.А., Амосова А.В., Большева Н.Л., Муравенко О.В.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ МОНОСОМИКОВ ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВАНИИ
КОНЪЮГАЦИОННОГО ТЕСТА В МЕЙОЗЕ - 278 -
Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У.
- АМИЛОИДОГЕННЫЕ СВОЙСТВА БЕЛКА Toh1, АССОЦИИРОВАННОГО С
КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКОЙ ДРОЖЖЕЙ *Saccharomyces cerevisiae* - 279 -
Сергеева А.В., Задорский С.П., Синюкова В.А., Рыжова Т.А., Галкин А.П.
- РЕАКЦИЯ СЕЗОННО-РАЗМНОЖАЮЩИХСЯ МЛЕКОПИТАЮЩИХ НА
ИСКУССТВЕННОЕ СМЕЩЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ РИТМОВ ПОСРЕДСТВОМ
ЭКЗОГЕННОГО МЕЛАТОНИНА - 280 -
*Сергина С.Н., Илюха В.А., Узенбаева Л.Б., Кижина А.Г., Хижкин Е. А., Антонова Е.П.,
Латински С., Окулова И.И.*
- УВЕЛИЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА САРАТОВСКИХ ПШЕНИЦ. ИНТРОГРЕССИЯ
ЧУЖЕРОДНОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ..... - 281 -
*Сибикеев С.Н., Дружин А.Е., Крупнов В.А., Воронина С.А., Бадаева Е.Д., Сибикеева Ю.Е.,
Гультяева Е.И.*
- СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ЭВОЛЮЦИОННОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ
ГЕНА *Dras1* У ВИДОВ ГРУПП *D. melanogaster* (*Sophophora*) И *D. virilis* (*Drosophila*)
..... - 282 -
Сиволяс Е.А., Чекунова А.И., Куликов А.М.
- РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ОСНОВАНИЙ ПЕТЕЛЬ ХРОМАТИНА, ЗАКРЕПЛЕННЫХ НА
БОКОВЫХ ЭЛЕМЕНТАХ СИНАПТОНОМНОГО КОМПЛЕКСА В ПРОФАЗЕ I
МЕЙОЗА ГЕНОМА МЫШИ..... - 283 -
Сизова Т.В., Иванов И.А., Спангенберг В.Е., Карпова О.И.
- АНАЛИЗ АМИЛОИДНЫХ СВОЙСТВ БЕЛКА Ygp1 *S.cerevisiae* - 284 -
Синюкова В.А., Сергеева А.В., Рыжова Т.А., Задорский С.П., Галкин А.П.
- НАСЛЕДУЕМОСТЬ ПРИЗНАКА «МАССА ВОЛОКНА ОДНОЙ КОРОБОЧКИ» У
МЕЖГЕНОМНЫХ ДИПЛОИДНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА - 285 -
Сирожидинов Б.А.

- ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ И ФИЛОГЕОГРАФИЯ ТИХООКЕАНСКОЙ КОРЮШКИ *Osmerus mordax dentex* - 286 -
Скурихина Л. А., Олейник А. Г., Ковпак Н. Е., Кухлевский А. Д.
- СОМАТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРНАЯ ВАРИАбельНОСТЬ ГЕНОМА ПРИ АТЕРОСКЛЕРОЗЕ У ЧЕЛОВЕКА - 287 -
Слепцов А.А., Назаренко М.С., Скрыбин Н.А., Денисов Е.В., Таширева Л.А., Лебедев И.Н., Пузырев В.П.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОВЫХ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ ПШЕНИЦЫ (*T. aestivum* L.) НА ОСНОВЕ ГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ ... - 288 -
Слугина М.А., Кочиева Е.З., Филюшин М.А., Марданов А.В., Скрыбин К.Г.
- БАЗА ДАННЫХ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ ПШЕНИЦЫ К ПАТОГЕННЫМ ГРИБАМ - 289 -
Смирнова О.Г., Кочетов А.В.
- РОЛЬ СИСТЕМЫ рiРНК-САЙЛЕНСИНГА В ДИФФЕРЕНЦИРОВКЕ ГЕРМИНАЛЬНЫХ СТЕЛОВЫХ КЛЕТОК В ЯИЧНИКАХ *Drosophila* - 290 -
Соколова О., Харитонов С., Кленов М.
- ОСОБЕННОСТИ КОНКУРЕНТНОГО СИНАПСИСА ГОМЕОЛОГИЧНЫХ ХРОМОСОМ В МЕЙОЗЕ ПРИВОДЯТ К ТЕРАТОЗООСПЕРМИИ У ТРИПЛОИДНЫХ ГИБРИДОВ АРМЯНСКИХ СКАЛЬНЫХ ЯЩЕРИЦ - 291 -
Спангенберг В.Е., Аракелян М.С., Галоян Э.А., Матвеевский С.Н., Петросян Р.К., Даниелян Ф.Д., Коломиец О.Л.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ ВАРИАбельНОСТИ ТРАДИЦИОННЫХ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ *ITS1* И *ITS2* НА ВНУТРИОРГАНИЗМЕННОМ УРОВНЕ В ПАПОРОТНИКАХ РОДА *Dryopteris* С ПОМОЩЬЮ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ - 292 -
Сперанская А.С., Криницына А.А., Логачева М.Д., Купцов С.В., Беленикин М.С.
- ФОРМИРОВАНИЕ *Homo sapiens sapiens* В ВЕРХНЕМ ПАЛЕОЛИТЕ ПО ДАННЫМ СОВРЕМЕННОЙ ГЕНЕТИКИ В РАМКАХ КОНЦЕПЦИИ Н.И. ВАВИЛОВА..... - 293 -
Спицына Н.Х., Спицын В.А.
- ИЗУЧЕНИЕ И СОЗДАНИЕ ОКТОПЛОИДНЫХ И ГЕКСАПЛОИДНЫХ ТРИТИКАЛЕ С РАЗНЫМИ ДОМИНАНТНЫМИ ГЕНАМИ *VRN* - 294 -
Стёпочкин П.И.
- НАРУШЕНИЕ СИСТЕМЫ рiРНК У ДРОЗОФИЛЫ ПРИВОДИТ К НАКОПЛЕНИЮ ФРАГМЕНТОВ рРНК - 295 -
Столяренко А.Д., Кленов М.С.
- ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДОВ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ ПОРОД КУР С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЯДЕРНЫХ И МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ДНК-МАРКЕРОВ..... - 296 -
Сулимова Г.Е., Оюн Н.Ю., Севастьянова А.А., Александров А.В., Вахрамеев А.Б., Алимов А.А.
- СОПРЯЖЁННАЯ СЕЛЕКЦИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА - 297 -
Сюков В.В. , В.Г. Захаров, В.Г. Кривобочек, В.И. Никонов, Н.З. Василова, В.А. Ганеев, А.И.Менибаев

- ГЕНОФОНД НОГАЙЦЕВ В КОНТЕКСТЕ НАРОДОВ СТЕПНОГО ПОЯСА ЕВРАЗИИ (ПО МАРКЕРА Y-ХРОМОСОМЫ)..... - 298 -
Схаляхо Р.А., Юсупов Ю.М., Идрисов Э.Ш., Рыскулов Р.М., Елманбетов З.С., Асылгужин Р.Р., Жабагин М.Д., Агджоян А.Т., Дибирова Х.Д., Кагазежева Ж.А., Альборова И.Э., Почешхова Э.А., Балановский О.П.
- ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА *VKORC1 (C1173T)* У ПОТОМКОВ СМЕШАННЫХ БРАКОВ ТУНДРОВЫХ НЕНЦЕВ С РУССКИМИ..... - 299 -
Табиханова Л.Э., Осипова Л.П., Чуркина Т.В., Воронина Е.Н., Филипенко М.Л.
- ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТА ЧАБЕРА ГОРНОГО СОРТА АЛЬФА-14 ПО НЕКОТОРЫМ ХОЗЯЙСТВЕННО ПОЛЕЗНЫМ ПРИЗНАКАМ..... - 300 -
Тимчук К.С., Железняк Т.Г., Ворнику З.Н.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ КАНДИДАТНЫХ ГЕНОВ *Keratosis pilaris* НА ОСНОВЕ ЭКСПРЕССИОННОГО АНАЛИЗА У ПАЦИЕНТА С МИКРОДУПЛИКАЦИЯМИ 18p11.31-p11.32..... - 301 -
Толмачева Е. Н., Васильев С. А., Кашеварова А. А., Скрябин Н. А., Никитина Т. В., Лебедев И. Н.
- ФОРМООБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ПОСЛЕДСТВИЯ 19 ПОКОЛЕНИЙ ОТБОРА АМЕРИКАНСКИХ НОРОК (*NEOVISON VISON*) ПО ПОВЕДЕНИЮ - 302 -
Трапезов О.В., Трапезова Л.И.
- ОЦЕНКА ПЕРСПЕКТИВ ВОВЛЕЧЕНИЯ ОДНОЗЕРНЯНКИ КУЛЬТУРНОЙ В СЕЛЕКЦИОННЫЕ ПРОГРАММЫ ПО МЯГКОЙ И ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЕ - 303 -
Третьякова П.Я., Чередниченко М.Ю.
- ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ РАННЕГО ОТВЕТА И ПЕРЕКЛЮЧЕНИЕ ПРОГРАММ КЛЕТОЧНОГО ПОВЕДЕНИЯ ПРИ ЭНДОТОКСИКОЗЕ - 304 -
Трофимов В.А., Лопухова Е.Н., Сидоров Д.И., Трофимов А.В., Пузанов С.Ю., Громова И.А.
- НОНСЕНС-МУТАЦИИ В ГЕНЕ *SUP35* КАК МОДИФИКАТОРЫ АМИЛОИДОГЕНЕЗА В ДРОЖЖАХ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* - 305 -
Трубицина Н.П., Землянко О.М., Бондарев С.А., Журавлёва Г.А.
- ПРОБЛЕМА ДЕТЕРМИНАЦИИ ПОЛА У ПТИЦ..... - 306 -
Трухина А.В., Лукина Н.А., Некрасова А.А., Смирнов А.Ф.
- СОЗДАНИЕ СУДЕБНОЙ РЕФЕРЕНТНОЙ БАЗЫ ДАННЫХ ПО 18 АУТОСОМНЫМ STR ДЛЯ ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ - 307 -
Удина И.Г., Веремейчик В. М., С. А. Котова С. А., Цыбовский И.С.
- ВЛИЯНИЕ МУТАЦИИ *aleutian (a/a)* НА СТРУКТУРУ ЛЕЙКОЦИТОВ ПЕРИФЕРИЧЕСКОЙ КРОВИ У АМЕРИКАНСКОЙ НОРКИ (*NEOVISON VISON*) - 308 -
Узенбаева Л.Б., Кижина А.Г., Трапезов О.В., Трапезова Л.И., Илюха В.А., Тютюнник Н.Н.
- РЕПРОДУКТИВНЫЕ ПАРАМЕТРЫ И ОЦЕНКА ДАВЛЕНИЯ ЕСТЕСТВЕННОГО ОТБОРА В ПОПУЛЯЦИИ БАРАБИНСКИХ СИБИРСКИХ ТАТАР - 309 -
Ульянова М. В., Лавряшина М. Б., Затхеева Л. А.

- АНАЛИЗ ВКЛАДА ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ (RS6323, RS1137070) ГЕНА МОНОАМИНОКСИДАЗЫ А В ФОРМИРОВАНИЕ ПРИЗНАКА «ТИП НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ» - 310 -
Урманова А.А.
- СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОЛНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ХЛОРОПЛАСТНЫХ И МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ ДИКОРАСТУЩЕЙ И КУЛЬТУРНОЙ ФОРМ ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus annuus L.*)..... - 311 -
Усатов А.В., Макаренко М.С., Логачева М.Д., Маркин Н.В., Шамова Т.В.
- ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАЙОНОВ ПОЛИТЕННЫХ ХРОМОСОМ, КОНТАКТИРУЮЩИХ С ЯДЕРНОЙ ОБОЛОЧКОЙ В ТРОФОЦИТАХ ЯИЧНИКОВ *Drosophila melanogaster* - 312 -
Усов К.Е., Вассерлауф И.Э., Стегний В.Н.
- РАЗНООБРАЗИЕ СОРТОВ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (*Triticum aestivum L.*) СЕВЕРНОГО КАЗАХСТАНА НА ОСНОВЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЛИАДИНОВ - 313 -
Утебаев М.У.
- АНАЛИЗ ПОЛИМОРФНОГО ЛОКУСА -308 (G/A) TNF У БОЛЬНЫХ РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ - 314 -
Фахуртдинова З.Р., Васильева Э.М.
- ПОЛИМОРФИЗМ ДВУХ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ РАСПАДА КАТЕХОЛАМИНОВ (СОМТ И МАОА) У ЖЕНЩИН АФРИКАНСКИХ ЭТНОПОПУЛЯЦИЙ - 315 -
Фехретдинова Д.И., Суходольская Е.М., Лазебный О.Е., Бутовская М.Л., Рысков А.П., Васильев В.А.
- ГЕНОФОНД КОРЕННЫХ МАЛОЧИСЛЕННЫХ НАРОДОВ ДАГЕСТАНА ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ: ТЕРРИТОРИАЛЬНАЯ ПОДРАЗДЕЛЕННОСТЬ И КОРРЕЛЯЦИЯ С ЛИНГВИСТИЧЕСКОЙ КЛАССИФИКАЦИЕЙ - 316 -
Харьков В.Н., Раджабов М.О., Глазунова Е.О., Степанов В.А.
- ПРОБЛЕМА СЕЛЕКЦИИ ТЕТРАПЛОИДНОЙ КУКУРУЗЫ И ВОЗМОЖНЫЕ ПУТИ ЕЕ РЕШЕНИЯ..... - 317 -
Хатоефов Э.Б.
- ИЗУЧЕНИЕ ПЫЛЬЦЫ НЕКОТОРЫХ МЕСТНЫХ ФОРМ МИНДАЛЯ (*Prunus dulcis var. dulcis*) В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА - 318 -
Хидирова Е.С., Шириева Л.А., Мамедова Л.Х.
- ЛЕСНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В РОССИИ: НЕКОТОРЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ И ПРОБЛЕМЫ - 319 -
Царев А. П.
- ИДЕНТИФИКАЦИЯ И КАРТИРОВАНИЕ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ РЖИ, ВЕДУЩИХ К ПОСТЗИГОТИЧЕСКОЙ НЕСОВМЕСТИМОСТИ В СКРЕЩИВАНИЯХ С МЯГКОЙ ПШЕНИЦЕЙ..... - 320 -
Цветкова Н.В., Тихенко Н.Д., Войлоков А.В.
- ОПРЕДЕЛЕНИЕ АКТИВНОСТИ ПРОМОТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ГЕНОВ *PpPDI* И *PpKAR2* ДРОЖЖЕЙ *Pichia pastoris* - 321 -
Цыганков. М.А., Падкина М.В.

- КУЛЬТИВИРОВАНИЕ *IN VITRO* ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ СЕМЕЙСТВА ЯСНОТКОВЫЕ (*Lamiaceae Lindl.*) - 322 -
Чердниченко М.Ю.
- НЕОБХОДИМОСТЬ УЧЕТА ИНДИВИДУАЛЬНОЙ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ПРИ ДОЗИМЕТРИИ И ОЦЕНКЕ РИСКА РАДИАЦИОННОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ.. - 323 -
Чердниченко О.Г., Губицкая Е.Г., Пилюгина А.Л.
- АНАЛИЗ ГЕНОВ КОНТРОЛИРУЮЩИХ РАННИЕ ЭТАПЫ ЭМБРИОГЕНЕЗА ДЛЯ СОЗДАНИЯ ГАПЛОИДНЫХ И АПОМИКТИЧНЫХ ФОРМ КУКУРУЗЫ..... - 324 -
Чумаков М.И., Моисеева Е.М., Волохина И.В., Гуторова О.В., Апанасова Н.В.
- ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИСТОЧНИКИ ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫХ ПРИЗНАКОВ И СВОЙСТВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЛЕКАРСТВЕННЫХ ТРАВ - 325 -
Чумакова В.Вл., Чумаков В.Ф., Чумакова В.В.
- МЕНДЕЛЕВСКАЯ И МЕНДЕЛЕВСКАЯ ГЕНЕТИКА ХЛОРОПЛАСТОВ..... - 326 -
Чунаев А.С.
- ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОФОНДА НАРОДОВ ПЕРЕДНЕЙ АЗИИ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ: МОСТ ИЗ НАСТОЯЩЕГО В ПРОШЛОЕ..... - 327 -
Чухряева М.И., Альборова И.Э., Дибирова Х.Д., Схалыхо Р.А., Кагазежева Ж.А., Романов А.Г., Епископосян Л.М., Балановская Е.В.
- АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ И СТРАТЕГИЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ - 328 -
Шаманин В.П., Лихенко И.Е., Моргунов А.И., Потоцкая И.В.
- КОНКУРИРУЮЩИЕ ЭНДОГЕННЫЕ РНК КАК НОВЫЙ ПОСТТРАНСКРИПЦИОННЫЙ РЕГУЛЯТОРНЫЙ АСПЕКТ, СВЯЗАННЫЙ С ПРОГРЕССИЕЙ РАКА - 329 -
Шуленина Л.В., Михайлов В.Ф., Засухина Г.Д., Акоюн К.В., Раева Н.Ф., Виноградов В.В., Ханамиров А.А.
- ПРИРОДНАЯ ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ *Mycobacterium tuberculosis*, ОБУСЛОВЛЕННАЯ СИСТЕМОЙ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА *WhiB7* . - 330 -
Шур К.В., Маслов Д.А., Михеечева Н.Е., Беккер О.Б., Даниленко В.Н.
- ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ СЕРОТОНИНОВЫХ РЕЦЕПТОРОВ (5-НТ1В И 5-НТ2А) У МУЖЧИН ТРЕХ АФРИКАНСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ..... - 331 -
Щербакова О.И., Суходольская Е.М., Лазебный О.Е., Бутовская М.Л., Рысков А.П., Васильев В.А.
- НОВЫЙ СОРТ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СОЛНЕЧНАЯ, ПОЛУЧЕННЫЙ ПРИ ИНТЕГРАЦИИ МЕТОДА ХИМИЧЕСКОГО МУТАГЕНЕЗА С ТРАДИЦИОННОЙ СЕЛЕКЦИЕЙ ВКЛЮЧЁН В ГОСРЕЕСТР СЕЛЕКЦИОННЫХ ДОСТИЖЕНИЙ В 2016 - 332 -
Эйгес Н.С., Волченко Г.А., Волченко С.Г., Духанин Ю.А., Кузнецова Н.Л., Упелниек В.П., Александров Е.Н.
- ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКАЯ МУЖСКАЯ СТЕРИЛЬНОСТЬ КАК МОДЕЛЬ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ЭПИГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ - 333 -
Эльконин Л.А., Геращенко Г.А., Кожемякин В.В., Цветова М.И., Рожнова Н.А.

- ИЗУЧЕНИЕ ВЗАИМОСВЯЗИ В НАСЛЕДОВАНИИ ПРИЗНАКА «НАЛИЧИЕ-ОТСУТСТВИЕ» ГОССИПОЛЬНЫХ ЖЕЛЕЗОК И КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ХЛОПЧАТНИКА..... - 334 -
Эргашев М.М.
- ИЗМЕНЕНИЕ ТРАНСКРИПЦИОННОЙ АКТИВНОСТИ ГЕНОВ IL6/STAT3-СИГНАЛЬНОГО ПУТИ У ЛИЦ СТАРЧЕСКОГО ВОЗРАСТА И ДОЛГОЖИТЕЛЕЙ - 335 -
Эрдман В.В., Насибуллин Т.Р., Тимашева Я.Р., Туктарова И.А., Мустафина О.Е.
- ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВЗАИМООТНОШЕНИЯ С И Д-ГЕНОМНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА..... - 336 -
Эрназарова З.А.
- ЛИНИЯ КУКУРУЗЫ С ГАПЛОИНДУЦИРУЮЩЕЙ СПОСОБНОСТЬЮ И УНИВЕРСАЛЬНОЙ СИСТЕМОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАРКИРОВАНИЯ - 337 -
Гуторова О.В., Юдакова О.И.
- НОВЫЙ ПОДХОД К ОТБОРУ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ПСИХОБИОТИКОВ СРЕДИ ШТАММОВ ЛАКТОБАЦИЛЛ И БИФИДОБАКТЕРИЙ..... - 338 -
Юнес Р.А., Полуэктова Е.У., Дьякова М.С., Козловский Ю.Е., Орлова В.С., Даниленко В.Н.
- ИЗУЧЕНИЕ РОЛИ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ В ГЕНАХ АКТИНИНА И МИОЗИНА ПРИ ФОРМИРОВАНИИ ФИЗИЧЕСКОЙ РАБОТСПОСОБНОСТИ . - 339 -
Юсупова Э.И., Воробьева Е.В.
- ПЕРЕДАВАЕМАЯ ПОТОМКАМ ЮРЛОВСКОЙ ГОЛОСИСТОЙ И ПУШКИНСКОЙ ПОЛОСАТО-ПЕСТРОЙ ПОРОДАМ КАРИОТИПИЧЕСКАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ ЭРИТРОЦИТОВ ПТИЦ..... - 340 -
Косякова Г.П.
- THE COTTON GENEPOOL INFOSYSTEM IS BASIS OF THEIR EFFECTIVE USE. - 341 -
Abdullaev F.Kh., Arslanov D.M., Muminov Kh.A.
- SYNTHETIC HEXAPLOID WHEAT GENOTYPES TO IMPROVE GRAIN YIELD IN QUALITY IN AZERBAIJAN - 342 -
Gadimaliyeva G.A., Aminov N.Kh., Abugaliev A., Morgounov A.I.
- GENETIC DIVERGENCE AMONG ANIMAL TAXA AND LINEAGE RETICULATION: SUPPORT TO NEO-DARWINISM AND DNA BARCODING - 343 -
Kartavtsev Y.Ph.
- THE GENOTYPE ASPECT OF ANDROCLINIA INDUCTION AND THE EMBRYOLOGICAL STATUS OF INOCULATED WHEAT ANTERS..... - 344 -
Kruglova N.N., Seldimirova O.A., Zaytsev D.Yu., Zinatullina A.E., Galin I.R.
- MALE MEIOSIS WITHOUT Y CHROMOSOME: A CASE OF MOLE VOLE *Ellobius lutescens* - 345 -
Matveevsky S., Bakloushinskaya I., Tambovtseva V., Kolomiets O.
- TRANSGRESSIVE SEGRAGATION IN TRITICALE-WHEAT HYBRID POPULATIONS..... - 346 -
Mehdiyeva S.P., Aminov N.K.

USE OF DIPLOID COTTON SPECIES OF GENUS GOSSYPIUM L. IN GENETIC AND BREEDING RESEARCH - 347 -
Muminov Kh.A., Abdullaev F.Kh.

POTENTIAL USEFULNESS OF THE MORPHOLOGICAL TRAITS FOR EVALUATION OF DROUGHT RESISTANCE IN WINTER WHEAT - 348 -
Mursalova J.M., Akparov Z.I., Ojaghi J.M., Eldarov M.E., Morgounov A.I.

ТЕЗИСЫ ПЛЕНАРНЫХ ДОКЛАДОВ

50 ЛЕТ ВОГиС

Инге-Вечтомов С.Г. ^{1,2}

1. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Москва 119991
2. Санкт-Петербургский государственный университет

Докладчик: Сергей Георгиевич Инге-Вечтомов, ingevectomov@gmail.com

16 октября 1990 г указом Президента СССР М.С.Горбачева большая группа – генетиков, а также научных работников других специальностей нашей страны (около 50 человек) получила правительственные награды. Это событие символизировало признание несомненных заслуг ученых, переживших мрачный период лысенковщины, не только посвятивших свою жизнь отстаиванию истинной науки, но и внесших серьезный вклад в развитие генетики и селекции. Ранее, в мае 1966 г все они принимали деятельное участие в организации учредительного съезда Всесоюзного общества генетиков и селекционеров (ВОГиС) им. Н.И.Вавилова, которому предстояло объединить разрозненные силы генетиков и селекционеров в целях восстановления генетической науки и образования.

Лысенковщина отбросила нашу генетику на поколения назад с тех передовых позиций, которые она занимала в мировой науке в 20-е – 30-е гг. Достаточно напомнить достижения Н.К.Кольцова, его учеников и сотрудников - А.С.Серебровского, С.С.Четверикова, Н.В.Тимофеева-Ресовского, Б.Л.Астаурова, Н.И.Вавилова, Г.Д.Карпеченко; Ю.А.Филипченко, Г.А.Левитского, И.А.Рапопорта, А.А.Прокофьевой-Бельговской, М.Е.Лобашева; Г.А.Надсона, Г.С.Филиппова и др.

Половинчатая хрущевская «оттепель», тем не менее, ознаменовалась организацией нескольких центров исследовательской работы и преподавания генетики. Прежде всего - возобновление преподавания генетики в Ленинградском государственном университете (ЛГУ) с возвращением туда в 1956-57 г М.Е.Лобашева в качестве заведующего кафедрой генетики и селекции. Настоящий поворот в реабилитации генетики в СССР произошел после октябрьского (1964) пленума Политбюро ЦК КПСС, освободившего Н.С.Хрущева от обязанностей генерального секретаря ЦК КПСС. С 1965 г начал выходить журнал АН СССР «Генетика». В 1965 г на базе кафедры генетики МГУ, которой заведовал В.Н.Столетов, прошел Всесоюзный семинар преподавателей генетики. В 1966 г был организован Институт общей генетики АН СССР, созданный на базе упраздненного Института генетики и лаборатории радиобиологии Института биофизики АН СССР, руководимой Н.П.Дубининым, который стал первым директором нового Института.

Эти и другие события такого рода подготовили почву для создания ВОГиС, первым президентом которого стал в 1966 г акад. АН СССР Б.Л.Астауров. Всесоюзное общество генетиков и селекционеров, насчитывавшее более 10 000 членов, за период с 1966 по 1992 гг. провело 6 съездов. Последний, 6-ой съезд ВОГиС им. Н.И.Вавилова (Минск, 23-27 ноября 1992 г.) принял решение о прекращении работы ВОГиС им. Н.И.Вавилова в связи с ликвидацией СССР. В том же 1992 г. в Ленинграде, состоялась учредительная

конференция нового общества генетиков и селекционеров при Российской Академии наук, получившего название: Вавиловское общество генетиков и селекционеров (вновь ВОГиС). 1-й Съезд нового ВОГиС прошел в декабре 1994 г. в Саратове. Он открылся в той самой аудитории Саратовского университета, в которой Н.И.Вавилов в 1920 г. выступил с докладом “Гомологические ряды в наследственной изменчивости”, недалеко от того места, где в 1943 г. трагически оборвалась жизнь Н.И.Вавилова. Успешное проведение съезда в этот сложный период стало возможным в огромной степени благодаря усилиям коллектива кафедры генетики Саратовского государственного университета, с 1988 г., руководимой проф. В.С.Тырновым (1941-2015) и кафедры генетики и селекции ЛГУ.

10 февраля 1995 г. ВОГиС зарегистрировано в Минюсте России. Вавиловское общество генетиков и селекционеров стало официальным правопреемником ВОГиС им. Н.И.Вавилова и продолжает традиции, предшествующих поколений генетиков и селекционеров, поддерживает тесные контакты с Российским обществом медицинских генетиков (коллективный член ВОГиС с 2008 г). ВОГиС является членом Международной Генетической Федерации и Европейской Федерации генетических обществ с момента ее образования в 1993 г. на XVII Международном генетическом конгрессе в Бирмингеме, где генетики и селекционеры бывшего СССР в последний раз принимали участие как единая делегация.

В 2014 г. в Ростове-на-Дону на базе Южного научного центра РАН прошел VI съезд ВОГиС. Большой вклад в организацию съезда внес директор Института аридных зон член-корр. РАН Д.Г.Матишов. В состав ВОГиС тогда входили 29 региональных отделений, насчитывающих более 2500 членов. Свою работу ВОГиС координирует с Научным Советом РАН по проблемам генетики и селекции. Важнейшую роль в жизни генетического сообщества играют журналы генетического профиля: журнал «Генетика», отметивший в мае 2015 г. свое 50-летие; журнал «Экологическая генетика», рожденный в 2003 г. (Санкт-Петербургский университет); журнал «Медицинская генетика» (главный редактор Е.К.Гинтер); «Вавиловский журнал генетики и селекции», возникший в 2011 г. из «Информационного Вестника ВОГиС (Новосибирск).

ВЗАИМОСВЯЗЬ РАЗВИТИЯ ГЕНЕТИКИ И РЕЗУЛЬТАТИВНОСТИ СЕЛЕКЦИИ

Шумный В.К.¹, Кочетов А.В.¹

1. Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск

Докладчик: Владимир Константинович Шумный, shumny@bionet.nsc.ru

Созданное 50 лет тому назад общество генетиков и селекционеров имени Н.И. Вавилова объединяло в своих рядах активно работающих ученых, занимающихся исследованием фундаментальных основ наследственности, разработкой и применением генетических подходов для решения актуальных задач прикладного характера и созданием новых сортов растений и пород животных для сельского хозяйства страны. В докладе кратко рассмотрено развитие генетических технологий и их применение для успешного решения задач селекции растений.

ТЕЗИСЫ УСТНЫХ ДОКЛАДОВ

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ УСТОЙЧИВОСТИ ЗЕРНОВЫХ КУЛЬТУР К БОЛЕЗНЯМ: СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ВЫЯВЛЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ В СЕЛЕКЦИИ

Афанасенко О.С.¹

1. ФГБНУ "Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений"

Докладчик: Ольга Сильвестровна Афанасенко, olga.s.afan@gmail.com

Разработка эффективной генетической защиты зерновых культур от опасных болезней базируется на: (1) исследованиях механизмов изменчивости популяций фитопатогенов – определении адаптационного потенциала популяций патогенов в зоне возможного районирования генетически защищенного сорта, интенсивности генного потока и дрейфа генов, (2) создании банка генов, как качественной, так и количественной устойчивости (QTL) и (3) наличии эффективных биотехнологических методов в селекции устойчивых сортов. В лаборатории иммунитета растений к болезням ВИЗР исследования в данных направлениях проводят с возбудителями облигатных паразитов злаковых, возбудителях стеблевой и бурой ржавчины пшеницы и гемибіотрофных патогенов, возбудителей желтой и темно-бурой пятнистости пшеницы и сетчатой и темно-бурой пятнистостей ячменя. Исследование генетического разнообразия устойчивости зерновых культур к патогенам проводится, как с использованием молекулярных маркеров (ММ) на известные гены устойчивости, так и путем выявления новых генов устойчивости и разработке ММ для селекции. С использованием фитопатологического теста и ММ на 20 известных генов устойчивости к возбудителю стеблевой ржавчины проведен скрининг 160 образцов из российского сортимента, коллекционного и селекционного материала пшеницы на наличие эффективных против расы Ug99 генов и их комбинаций. Выявлены доноры эффективных генов устойчивости. Для идентификации новых генов устойчивости ячменя к возбудителям сетчатой и темно-бурой пятнистостям созданы четыре дигаплоидных картирующих популяций и с использованием SNPи DArT – маркеров проведено картирование генов устойчивости (совместные исследования с Аделаидским и Брисбанским университетами Австралии). Другой путь, используемый нами, связан с выявлением генетического разнообразия устойчивости ячменя путем ассоциативного картирования в созданной нами коллекции из 450 образцов (совместные исследования с институтом устойчивости и толерантности к стрессам JKI, Германия) .

Работа поддержана грантами РФФИ № 14-04-00400 и № 15-54-12365.

ГЕНОГЕОГРАФИЯ В ПОЛНОГЕНОМНУЮ ЭРУ: ПЕРВЫЕ ИТОГИ РОССИЙСКОГО ПРОЕКТА ПОЛНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ Y-ХРОМОСОМЫ

Балановский О.П.^{1,2}

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва
2. Медико-генетический научный центр, Москва 3Московский физико-технический институт, Москва

Докладчик: Олег Павлович Балановский, balanovsky@inbox.ru

Маркеры Y-хромосомы обладают наибольшей межпопуляционной изменчивостью среди всех частей генома и поэтому особенно информативны для анализа генофондов популяций человека и реконструкции их истории. Наше исследование генофонда балто-славянских популяций показало, что информативность даже классических панелей из 30-40 Y-маркеров не уступает информативности полногеномных панелей аутосомных маркеров. А полное секвенирование Y-хромосомы, выявляющее тысячи новых маркеров, приуроченных каждый к своему кругу популяций, создает беспрецедентную точность анализа генофондов.

Российский проект по секвенированию Y-хромосомы (нацеленный на гаплогруппы, распространенные в российских популяциях), был поддержан РНФ в 2014 году. Этот проект, выполняемый в Москве, хорошо дополняет проект полного секвенирования геномов ("Российские геномы"), начинающийся в Санкт-Петербургском университете, и проект по анализу российских экзомов, запущенный в Казанском университете. Но финансирование РНФ на порядок уступает двум остальным проектам. Поэтому массив экспериментальных данных, полученных по проекту РНФ, объединен с массивами, полученными в МФТИ и в проектах "гражданской науки", а анализ объединенного массива данных проводится в рамках проекта РНФ.

В доклад войдут итоги проекта, описанные в десятке статей (в журналах Nature, Science, Genome Research, American Journal of Human Genetics, PLoS One, BMC Biol Evol, "Генетика", Молекулярная биология" и других). Они включают калибровку скорости мутирования на Y-хромосоме, реконструкцию глобального филогенетического дерева Y-хромосомы и детальный анализ его ветвей (G1, N1, R1b и других), позволивший выявить ряд массовых миграций от бронзового века до средневековья.

Продление проекта РНФ еще на два года позволит воспользоваться уже отлаженной технологией для изучения ключевого, сложнейшего и наиболее распространенного в народонаселении России варианта Y-хромосомы - гаплогруппы R1a.

Исследование осуществлено при поддержке Российского научного фонда (грант № 14-14-00827), а также лаборатории исторической генетики МФТИ.

ТРАНСГЕННЫЕ МОДЕЛИ ЗАБОЛЕВАНИЙ ЧЕЛОВЕКА В ТРАНСЛЯЦИОННОЙ БИОМЕДИЦИНЕ

Гайнетдинов Р.Р.^{1,2}

1. Санкт-Петербургский государственный университет, Институт Трансляционной Биомедицины, Санкт-Петербург
2. Сколтех, Москва

Докладчик: Рауль Радикович Гайнетдинов, gainetdinov.raul@gmail.com

Одним из критических компонентов исследований в области трансляционной медицины является трансляция накопленных знаний по этиологии и патологии заболеваний полученными разнообразными методами, включающими в том числе генетический и протеомный анализ, в экспериментальные модели заболеваний человека на животных. В свою очередь, последующее изучение на этих моделях патологических процессов, идентификация потенциальных мишеней для терапевтического воздействия и поиск новых лекарственных средств должны транслироваться клинику в виде новых диагностических подходов или методов терапии. Таким образом, проблема создания наиболее адекватных экспериментальных моделей заболеваний человека на животных рассматривается как приоритетная в медицинских исследованиях. В связи с тем, что мыши, крысы, и люди имеют около 99% общих генов, грызуны являются прекрасной моделью для изучения функций человеческих генов и патологий. Манипулирование с их генами позволяет моделировать многие заболевания, описанные у человека. В ближайшие годы, использование генетически модифицированных мышей в качестве моделей болезней человека (с учетом определенных ограничений ввиду межвидовых различий) будет оставаться передовой областью исследований в доклинической фармакологии и трансляционной медицины. Недавно появившаяся возможность создавать генетически модифицированных крыс является дополнительным фактором, который значительно повышает научную новизну и значимость этого направления. Генетические модели заболеваний центральной нервной системы, такие как шизофрения, биполярное расстройство, депрессия, болезнь Паркинсона и синдром дефицита внимания и гиперактивности (СДВГ) являются ценным инструментом для изучения этиологии, патогенеза и поиска новых методов фармакологической коррекции этих расстройств. Будут представлены результаты исследований на трансгенных экспериментальных моделях этих заболеваний, созданных в последние годы на основе направленных генетических изменений в ключевых компонентах дофаминовой, серотониновой и глутаматной систем мозга.

ФАКТОР ЯДЕРНОГО ЭКСПОРТА РНК (Dm NXF1) ОСУЩЕСТВЛЯЕТ СВЯЗЬ МЕЖДУ АППАРАТОМ ТРАНСПОРТА РНК И ЦИТОСКЕЛЕТОМ

Голубкова Е.В.¹, Гинанова В.Р.¹, Якимова А.О.¹, Ацапкина А.А.¹, Кливер С.Ф.¹, Мамон Л.А.¹

1. СПбГУ, кафедра генетики и биотехнологии

Докладчик: Елена Валерьевна Голубкова, elena_golubkova@mail.ru

Цитоскелет - это динамичная клеточная структура, поддерживающая форму клетки, обеспечивающая ее рост и движение, связь с мембранами, доставку макромолекулярных комплексов и органелл в определенное место клетки и распределение генетического материала при делении ядра и клетки. С одной стороны, цитоскелет необходим для перемещения и закоривания долгоживущих временно нетранслируемых мРНК в определенном месте клетки, а с другой - для роста и преобразований цитоскелета нужна трансляция связанных с ним мРНК. В цитоплазме долгоживущие мРНК находятся в составе комплексов РНП, взаимодействуя с РНК-связывающими белками, в том числе и белками семейства NXF (Nuclear eXport Factor). Универсальной функцией генов *nxf1* у разных организмов является ядерный экспорт различных мРНК. Белок Dm NXF1 у *Drosophila melanogaster* присутствует не только в ядре или ядерной оболочке, но и в цитоплазме в составе гранул в отростках нервных клеток, маркирует веретено деления дроблений ядер в ранних эмбрионах и плотное тело в удлинённых сперматидях. Для различных мутантов по гену *Dm nxf1* характерны нарушения расхождения хромосом и аномалии веретена деления в мейозе у самок; нарушения ранних митозов в эмбриогенезе; неподвижность сперматозоидов, нарушения аксонемы, митохондриальных производных и цитокинеза в ходе сперматогенеза. Полученные результаты позволяют предположить, что белок Dm NXF1 участвует в транспорте специфичных мРНК в отростках нервных клеток и взаимодействует с долгоживущими мРНК, необходимыми для динамичных изменений цитоскелета.

БИОТЕХНОЛОГИЯ АЦЕТОГЕНОВ

Дебабов В.Г.¹

1. ФГУП «Государственный научно-исследовательский институт генетики и селекции промышленных микроорганизмов», г. Москва

Докладчик: Владимир Георгиевич Дебабов, debabov@genetika.ru

Существует несколько глобальных экономических и экологических проблем, которые можно было бы попытаться решить с помощью микробиологического синтеза. Существует проблема сокращения выбросов углекислого газа (CO₂) путем перехода к энергетике и химии не использующей сжигание ископаемого топлива и/или использующей утилизацию CO₂ вновь образующегося и уже накопившегося в атмосфере.

Микроорганизмы, обладающие разнообразными биохимическими путями утилизации CO₂, могут стать альтернативой фотосинтезу. Наиболее экономичным с точки зрения энергетики является путь Вуда-Люнгле, которым обладают бактерии-ацетогены. Основным продуктом жизнедеятельности ацетогенов является уксусная кислота, что и отражено в их названии.

В анаэробных условиях ацетогены фиксируют CO₂, используя в качестве восстановителя H₂ или окись углерода (CO). В отличие от всех других биологических процессов фиксации CO₂ путь Вуда-Люнгле сопровождается не расходом энергии (АТФ), а её образованием, что обеспечивает ацетогенам литотрофный рост на смеси газов. Технология получения топливного этанола на синтез-газе или на газах металлургического производства с помощью ацетогенов реализована в промышленных масштабах.

Некоторые ацетогены способны использовать для восстановления CO₂ прямо электроны с катода, осуществляя электробиосинтез уксусной кислоты. Этот процесс может расширить проблему консервации электроэнергии от ветровых и солнечных установок, отличающихся непостоянством в виде химических связей.

Практическое использование ацетогенов сдерживается низкой скоростью процесса усвоения СО и ограниченным спектром синтезируемых ими соединений. Требуются дальнейшие фундаментальные исследования по изучению молекулярных механизмов транспорта электронов в клетку и включения этих электронов в метаболические процессы. Разработка методов генетической инженерии, применительно к этим нетрадиционным объектам, сделает возможным внедрение новых метаболических путей в ацетогены или даже перенос пути Вуда-Люнгле и способности акцептировать электроны в хорошо изученные микроорганизмы.

В докладе будут рассмотрены последние достижения в перечисленных направлениях.

ПАУЗЫ ТРАНСКРИПЦИИ И ИХ РОЛЬ В РЕГУЛЯЦИИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ

Есюнина Д.М.¹, Петушков И.В.^{1,2}, Агапов А.А.^{1,2}, Пупов Д.В.¹, Кульбачинский А.В.^{1,2}

1. Институт молекулярной генетики Российской академии наук, г. Москва
2. Кафедра молекулярной биологии, Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, г. Москва

Докладчик: Андрей Владимирович Кульбачинский, akulb@img.ras.ru

Транскрипция, то есть синтез РНК по матрице ДНК, не является монотонным процессом, а прерывается многочисленными паузами, которые имеют различную природу и выполняют разнообразные функции в генетической регуляции. В докладе будут представлены результаты работы, посвященной изучению нескольких классов транскрипционных пауз у бактерий, и рассмотрена роль взаимодействий РНК-полимеразы с ДНК-матрицей, РНК-транскриптом и регуляторными факторами в формировании пауз. Полученные результаты показывают, что в узнавании сигналов пауз важную роль играют специфические контакты РНК-полимеразы с ДНК, а сама остановка транскрипции сопровождается значительными структурными перестройками РНК-полимеразы. В результате транскрипционный комплекс становится мишенью для действия различных регуляторных факторов, которые могут либо активировать, либо подавлять экспрессию данного гена.

Работа поддержана грантами РФ (14-14-01074) и РФФИ (14-04-01696, 15-34-20928).

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ СПЕЦИФИЧНОСТИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ГОРОХА ПОСЕВНОГО (*Pisum sativum* L.) С КЛУБЕНЬКОВЫМИ БАКТЕРИЯМИ

Жуков В.А.¹, Сулима А.С.¹, Афонин А.М.^{1,2}, Тихонович И.А.^{1,2}

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт сельскохозяйственной микробиологии»
2. Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии

Докладчик: Владимир Александрович Жуков, VZhukov@ARRIAM.ru

Растения семейства Бобовые (Fabaceae) способны формировать азотфиксирующий симбиоз с клубеньковыми бактериями. Данный симбиоз характеризуется крайне высокой специфичностью, основанной на биохимических механизмах, – симбиотические пары макро- и микросимбионтов образуются, если структура сигнальной молекулы, выделяемой бактериями (Nod-фактора), строго соответствует специфическому рецептору растения. Рецепторы Nod-фактора, идентифицированные у различных бобовых растений, представляют собой белки семейства рецепторных киназ, содержащие LysM-домены. Молекулярно-генетический анализ мутантов гороха с нарушениями развития начальных этапов азотфиксирующего симбиоза, а также природных генотипов гороха с различной специфичностью взаимодействия с клубеньковыми бактериями, позволил нам выявить последовательности генов *Sym37* и *Sym2* гороха, кодирующих рецепторы, распознающие структуру Nod-фактора. Было установлено, что аллельное состояние гена *Sym2* ассоциировано со способностью растения вступать в симбиоз с широким либо узким спектром штаммов клубеньковых бактерий, причем предполагаемая белковая последовательность рецепторного домена различается по одной или сразу по трем аминокислотным остаткам. На основании полученных данных нами предложена модель, в соответствии с которой сложная структура Nod-фактора (представляющего собой липохитоолигосахарид) распознается рецепторным комплексом, в котором белок *Sym37* связывает нередуцирующий конец Nod-фактора, а *Sym2* – его редуцирующий конец. Внесение определенных аллелей гена *Sym2* в новые сорта гороха позволит избирательно создавать высокоэффективные пары макро- и микросимбионта в естественных условиях, что обеспечит максимально эффективное применение биопрепаратов, содержащих клубеньковые бактерии, благодаря исчезновению конкурентного действия аборигенной почвенной микрофлоры.

Исследование поддержано грантами РНФ (14-24-00135 и 16-16-00118) и РФФИ (14-04-01442, 15-29-02737 и 16-04-01859).

ПОЛНОГЕНОМНОЕ КАРТИРОВАНИЕ РАЙОНОВ ХРОМОСОМ, КОНТАКТИРУЮЩИХ С ЛАМИНОМ Dm0, C Pc И C HP1, В НЕЙРОНАХ ЛИЧИНОК ДРОЗОФИЛЫ

Ильин А.А.¹, Целебровский М.В.¹, Ненашева В.В.¹, Иванкин А.В.², Пиндюрин А.В.², Шевелев Ю.Я.¹

1. ФГБУН Институт молекулярной генетики РАН
2. ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН

Докладчик: Юрий Ясенович Шевелев, shevelev@img.ras.ru

Методом тканеспецифичного DamID картирования в нейронах личинок дрозофилы впервые получены полногеномные профили контактов хромосом с тремя типа репрессоров – с ламином Dm0, с Pc и с HP1. Попарное сравнение профилей в нейронах и в эмбриональных клетках Kc167 выявило консерватизм структуры хромосомных доменов, обогащенных связыванием ламина Dm0 и Pc. В то же время, этот консерватизм отсутствовал для доменов HP1. Оказалось, что, в отличие от клеток Kc167, в нейронах более половины хромосомных районов связаны как с HP1, так и с ламином Dm0. Причем перекрывание доменов HP1 и ламина Dm0 наблюдается как в перицентромерных, так и во многих эухроматиновых районах хромосом. Чтобы проверить, действительно ли обогащенные HP1 перицентромерные районы хромосом находятся в нейронах вблизи от ядерной оболочки, было проведено иммуноокрашивание нейронов личинок третьего возраста и клеток Kc167 антителами к CenpA/CID, выявляющими центромеры, и антителами к ламину Dm0, визуализирующими ядерную оболочку. Подсчет расстояний между центромерами и оболочкой показал, что если в клетках Kc167 радиальное положение кластеров центромер носит случайный характер, то в нейронах это распределение сдвинуто к ядерной ламине. Таким образом, центромерный и перицентромерный гетерохроматин, обогащенный белком HP1, располагается в нейронах, в отличие от эмбриональных клеток Kc167, преимущественно около ядерной оболочки, тем самым создавая единый репрессорный компартмент из ядерной ламины и HP1. Мы полагаем, что в нейронах существует ранее не описанный у дрозофилы механизм репрессии генов, связанный одновременно с белком HP1 и с ядерной ламинной.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ 13-04-00602 и 16-04-00439.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ЦИТОГЕНЕТИКА РАСТЕНИЙ В ИНТЕГРАЦИИ ГЕНОМНЫХ ДАННЫХ

Карлов Г.И.¹, Хрусталева Л.И.¹, Дивашук М.Г.¹, Александров О.С.¹, Крупин П.Ю.¹, Разумова О.В.¹, Почтовый А.А.¹

1. Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А.Тимирязева, Центр молекулярной биотехнологии

Докладчик: Геннадий Ильич Карлов, karlovg@gmail.com ; karlov@timacad.ru

Благодаря появлению методов высокопроизводительного секвенирования в последнее время стали доступны данные «черновых» вариантов геномов большого количества растений. Если проблема высокопроизводительного секвенирования решена, то сборка геномов растений остается трудновыполнимой задачей. Эффективным инструментом в интеграции геномных данных становится молекулярная цитогенетика. Нами успешно проведена интеграция биоинформационных и цитогенетических методов анализа геномов растений принадлежащих к различным семействам и отличающихся по размерам генома и его организации у таких видов как *Ricinus communis*, *Allium cepa*, *Hippophae rhamnoides*, представителей семейства Cannabaceae (*Humulus lupulus*, *H.japonicus*, *Cannabis sativa*), трибы Triticeae и др. Результаты исследований показывают, что молекулярная цитогенетика является важным инструментом для картирования геномов и изучения их организации, как на уровне однокопийных, так и высокоповторяющихся последовательностей ДНК. Данные молекулярно-цитогенетических исследований могут быть использованы для решения прикладных и фундаментальных задач, а также для повышения эффективности анализа данных высокопроизводительного секвенирования при сборке геномов растений.

Исследования выполняются при финансовой поддержке РФФ грант №16-16-00097 и грант №16-16-10031, РФФИ грант 15-04-06244А и 16-34-00757 мол_а и гранта Президента Российской Федерации для поддержки ведущих научных школ НШ-8315.2016.11.

РЕГУЛЯЦИЯ МУТАЦИОННОГО ПРОЦЕССА И КОНТРОЛЬ КЛЕТОЧНОГО ЦИКЛА

Королев В.Г.¹

1. НИЦ «Курчатовский институт» Петербургский институт ядерной физики. г. Гатчина, Россия

Докладчик: Владимир Геннадиевич Королев, lge@omrb.pnpi.spb.ru

ДНК является информационно активным химическим компонентом генетического материала клеток. Эффективная и точная репарация повреждений ДНК является важным процессом для поддержания стабильности генома клетки. Механизмы репарации можно классифицировать на несколько основных путей, которые различаются способом ликвидации повреждений ДНК. Повреждения ДНК, которые остались неликвидированными репарационными системами перед входом в S фазу представляют серьезную проблему в течение репликации. Для решения этой проблемы все организмы используют так называемые пути толерантности к ДНК повреждениям, которые застраховывают клеточную выживаемость в присутствии повреждений, блокирующих работу ДНК-полимераз.

Эффективность элиминации повреждений ДНК эукариотических клеток усложняется тем, что эти повреждения должны детектироваться и репарироваться в контексте высоко конденсированного хроматина. Хорошо известно, что эти компактные структуры в значительной степени усложняют репарационный процесс. В результате возникает необходимость модификации и ремодулирования нуклеосом и их согласования с биохимическими стадиями поиска и удаления повреждений ДНК.

В лаборатории генетики эукариот ПИЯФ с целью изучения мутационного процесса у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* были выделены две коллекции мутантов, *him* (от **high induced mutagenesis**) и *hsm* (от **high spontaneous mutagenesis**). Полученные нами данные позволили подразделить эти гены на две эпистатические группы: группу *HSM3*, в которую вошли также гены *HIM1*, *HSM2* и *HSM6*; и *HIM2*, в которую вошли *HIM3* и *HIM17*. Мы изучили свойства генов группы *HSM3*, мутации в которых увеличивали частоту УФ-индуцированного мутагенеза. Полученные нами результаты, а также данные литературы, позволили заключить, что все гены этой эпистатической группы имеют отношение к регуляции состояния хроматина. Обширные исследования взаимодействия мутаций в этих генах, с мутациями в генах, контролирующими этапы различных путей репарации, мы заключили, что мутации в изучаемых генах дестабилизируют ключевой субстрат обеих ветвей пост-репликативной репарации (Rad5- и Rad52-пути), а именно D-петель, что приводит к резкому повышению роли ошибочной ветви этого репарационного пути (Rev3-путь) и, как следствие, значительному повышению уровня УФ-индуцированного мутагенеза в клетках мутантов.

ГЕНОМНЫЕ И ЭПИГЕНОМНЫЕ МЕХАНИЗМЫ АДАПТАЦИИ: СМЕНА ЭВОЛЮЦИОННОЙ ПАРАДИГМЫ И НОВЫЙ ЭВОЛЮЦИОННЫЙ СИНТЕЗ

Крутовский К. В.^{1,2,3,4}

1. Гёттингенский университет им. Георга-Августа, отделение лесной генетики и селекции, Гёттинген, Германия
2. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, лаборатория популяционной генетики, Москва, Россия
3. Сибирский федеральный университет, научно-образовательный центр геномных исследований, лаборатория лесной геномики, Красноярск, Россия
4. Техасский А&М университет, отделение экосистемных наук и управления, Колледж-Стейшен, Техас, США

Докладчик: Константин Валерьевич Крутовский, konstantin.krutovsky@forst.uni-goettingen.de

Эпигенетические изменения в геномах растений и животных, вызванные влиянием окружающей среды и влияющие на экспрессию генов и, таким образом, на фенотипы, известны давно. Но только в последнее время появились методы, позволяющие изучать эти изменения на полногеномном уровне и сравнивать их между разными особями внутри видов, между разными видами и в поколениях. Оказалось, что некоторые эпигенетические изменения, такие как метилирование ДНК и ацетилирование гистонов могут объяснить больше адаптивных фенотипических различий, чем нуклеотидные замены или другие типы генетических мутаций. Более того, несмотря на то, что эпигенетические изменения в отличие от генетических мутаций (если не считать редкие возвратные мутации) большей частью обратимы, недавно обнаружилось, что некоторые из них очень устойчивы и могут наследоваться в течение многих поколений. Это существенно меняет научную парадигму о ненаследуемости благоприобретённых признаков и их роли в эволюции. Предлагается к обсуждению неосинтетическая теория эволюции на основе синтеза идей Ч. Дарвина и Ж.-Б. Ламарка, интеграции генетики и эпигенетики в эволюционный процесс, в котором наследуемые эпигенетические модификации играют роль эволюционных промоутеров для генетических мутаций, со временем их замещающих и закрепляющих адаптивные изменения в последующих поколениях. В докладе будут представлены примеры такой «эпигенетической памяти» в разных видах, в том числе лесных древесных видах с высоким уровнем фенотипической пластичности. Кроме того, будут рассмотрены и обсуждены наиболее современные методы изучения метилирования ДНК (одного из основных эпигенетических механизмов регуляции экспрессии генов) и обнаружения эпигеномных маркёров с помощью полногеномного бисульфитного секвенирования и использования чувствительных к метилированию изоформ рестрикционных эндонуклеаз.

СОВРЕМЕННЫЕ МЕТОДЫ ГЕНЕТИКИ В СЕЛЕКЦИИ РАСТЕНИЙ

Кудрявцев А.М.¹

1. ФГБУН Институт общей генетики им. И.Н. Вавилова РАН

Докладчик: Александр Михайлович Кудрявцев, kudryav@vigg.ru

Развитие современных методов анализа генетической информации с начала 21 века обусловлено, главным образом, стремительным совершенствованием технологий секвенирования и биоинформатических методов, появлением так называемых OMICs технологий (геномика, транскриптомика, протеомика). В результате уже сейчас можно говорить о формировании совершенно новой стратегии селекции растений, которая в зарубежной литературе получило определение “Next Generation Breeding”. Стратегия этой селекции, наряду с «классическими методами» включает такие направления, как: Частная генетика и геномика сельскохозяйственных культур; Маркер опосредованная селекция; Геномная селекция; Биотехнология модификации геномов. Все эти подходы открывают перед селекционерами принципиально новые возможности, связанные с большим пониманием того как происходит формирование нужного фенотипа растения, с осознанным выбором путей формирования этого фенотипа, а в результате, с ускорением селекционного процесса, с возможностью достижения результатов трудно– или вообще не достижимых методами классической селекции.

ГЕНОМИКА ПОПУЛЯЦИЙ ВОЛГО-УРАЛЬСКОГО РЕГИОНА РОССИИ

Литвинов С.С.¹, Екомасова Н.В.², Хусаинова Р.И.³, Ахметова В.Л.¹, Хидиятова И.М.³, Карунас А.С.³, Джаубермезов М.А.², Хуснутдинова Э.К.³

1. Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН
2. Башкирский государственный университет, кафедра генетики и фундаментальной медицины
3. Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра РАН, Башкирский государственный университет, кафедра генетики и фундаментальной медицины

Докладчик: Сергей Сергеевич Литвинов, seregtg@gmail.com

В семи популяциях Волго-Уральского региона (башкир, татар, чувашей, марийцев, удмуртов, коми, мордвы) был проведен анализ Y-хромосомы, митохондриальной ДНК (мтДНК) и полногеномных данных. Полногеномный анализ проводился с использованием биоинформатических подходов и специализированных программ (ADMIXTURE, SmartPCA, BEAGLE, ChromoPainter, fineSTRUCTURE, GLOBETROTTER). Анализ распределения частот гаплогрупп Y-хромосомы в Волго-Уральском регионе показал, что основная доля приходится на три гаплогруппы: R1b-M269, R1a-M198 и N-M231, частоты которых в сумме в разных популяциях составляют от 49% до 100%. При анализе линий гаплогруппы R1a-M198 было выявлено, что для Волго-Уральского региона характерна R1a-M558, обнаруженная почти во всех изученных популяциях, за исключением башкир. У башкир основной субгаплогруппой является R1a-Z2125.

Изучение митохондриальной ДНК в Волго-Уральском регионе позволило выявить несколько новых гаплогрупп мтДНК, включая гаплогруппу H99, которая была найдена только у удмуртов. Большинство гаплогрупп мтДНК Волго-Уральского региона представлено западно-евразийскими вариантами (HV, H, V, J, T, U, R1, N1a, N1b, N1c, W, X). Восточноевразийский компонент представлен 12 гаплогруппами (A, B, C, D, F, G, Y, Z, M3a, R9, N11 и N9a). Нами также были получены полные последовательности гаплогрупп H, A, A10, N9a3, Z1a и выявлены филогенетические взаимоотношения между отдельными ветвями.

Полногеномный анализ показал близость популяций Волго-Уральского региона друг к другу. Исключение было показано только для башкир из Бурзянского района Республики Башкортостан, демонстрировавших близость к некоторым популяциям Сибири, и для популяции мордвы, оказавшейся ближе к популяции русских северной части России. Также на платформе Illumina были изучены расширенные выборки башкир (159), татар (229) и русских (285) из республики Башкортостан. Было показано, что башкиры являются гетерогенной популяцией, и индивиды из различных районов республики демонстрируют генетические отличия.

ВЛИЯНИЕ ГЕНОВ Т-ДНК *Agrobacterium rhizogenes* НА СОДЕРЖАНИЕ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ У *Linaria maroccana*

Матвеева Т.В.¹, Сокорнова С.В.², Доморацкая Д.А.³

1. Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии
2. Всероссийский институт защиты растений, Санкт-Петербург
3. ФГБОУ ВО РГАУ — МСХА имени К. А. Тимирязева, Москва

Докладчик: Татьяна Валерьевна Матвеева, radishlet@gmail.com

Агробактерии — это почвенные бактерии, способные встраивать фрагмент своей ДНК (Т-ДНК) в геномы растений. Экспрессия генов Т-ДНК приводит к развитию заболеваний, получивших названия корончатые галлы и косматые корни. То есть такие гипертрофированные трансгенные ткани на нетрансгенном растении — это проявление болезни, часто ведущей к гибели растения. Вместе с тем, в природе выявлено несколько родов растений в пределах которых встречаются виды, содержащие Т-ДНК. Такая Т-ДНК получила название клеточной (клТ-ДНК). Она стабильно наследуется и экспрессируется. Свидетельства неоднократной трансформации агробактериями растений в ходе эволюции наводят на мысль о важной эволюционной роли клТ-ДНК.

В рамках данной работы мы исследовали одну из возможных функций клТ-ДНК, связанную с активацией вторичного метаболизма. Для этого была оптимизирована методика получения косматых корней на эксплантах *L.maroccana*. Проведено сравнение пула экстрактов наземной части, интактных и трансгенных корней *Linaria maroccana*. Экстракцию проводили 30% метанолом в условиях оптимальных для получения иридоидных гликозидов. Экстракты анализировали с помощью ТСХ и ВЭЖХ (многоволновая детекция) (Høgedal, Mølgaard, 2000). Хроматографический анализ показал, что мажорными соединениями в экстрактах были иридоидные гликозиды.

Установлено, что количество антирринозида и антиррида в среднем в 1.5 раза выше в трансгенных тканях. Эти соединения являются основными компонентами конститутивного иммунитета растений рода *Linaria*. Ранее для природно-трансгенных видов было показано более высокое содержание этих веществ по сравнению с остальными видами льнянок. Таким образом, было получено косвенное подтверждение того, что Т-ДНК может, за счет увеличения пула вторичных метаболитов, повышающих защитные возможности растения, давать ему эволюционные преимущества.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ (проект № 16-16-10010).

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ РЕСУРСЫ И СЕЛЕКЦИЯ ПШЕНИЦЫ: НОВЫЕ ВЫЗОВЫ

Митрофанова О.П.¹

1. ФГБНУ «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова» (ВИР)

Докладчик: Ольга Павловна Митрофанова, o.mitrofanova@vir.nw.ru

Генетические ресурсы пшеницы, представленные в коллекции ВИР, остаются базой исходного материала для проведения фундаментальных исследований и решения практических селекционных задач. Благодаря исторически сложившейся схеме комплексного изучения ресурсов, отражающей основные направления селекции, были получены общие представления о потенциале их разнообразия по морфологическим, фенологическим, агрономическим признакам и биологическим свойствам. Выявляемые и регулярно передаваемые в селекционные учреждения многочисленные источники хозяйственно-важных признаков, несомненно, способствовали развитию и успехам селекции в России. В настоящее время появление новых молекулярных технологий, и скорости, с которыми их вводят в оценку генетического разнообразия пшеницы в различных странах мира, создали новые вызовы для предселекционного изучения сохраняемого в ВИРе генофонда и его использования. Эти вызовы состоят не только в необходимости воссоздания схемы комплексного фенотипического изучения образцов вследствие утери для нее исследовательской инфраструктуры, но и ее совершенствования в соответствии с новыми направлениями селекции, а также проведения широкомасштабного генотипирования коллекции, прежде всего, источников, рекомендуемых для селекции. Из всех сформированных в составе коллекции пшеницы ВИР целевых наборов источников генотипирована с использованием ДНК-маркеров лишь небольшая часть – в сравнении с районированными сортами источники устойчивости растений пшеницы к вредоносным болезням и разного типа развития. Масштабы выполненных исследований не соответствуют уровню задач, стоящих перед отечественной селекцией пшеницы. Требуется существенно расширить список признаков, увеличить объемы генотипирования, внедрить в селекционные программы вместе с источниками современные методы генотипирования, облегчающие и ускоряющие поиск и передачу ценных аллелей генов в создаваемые сорта. Это можно осуществить лишь в рамках специальной программы путем многостороннего сотрудничества. Приоритетной остается также задача по созданию общедоступной системы электронной документации мирового генетического разнообразия пшеницы, в том числе сохраняемого в коллекции ВИР.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ РЕГУЛЯЦИЯ СТАРЕНИЯ И ДОЛГОЛЕТИЯ

Москалев А.А.^{1,2,3}, Шапошников М.В.², Прошкина Е.Н.², Земская Н.В.², Добровольская Е.В.²

1. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН
2. Институт биологии Коми НЦ УрО РАН
3. Московский физико-технический институт, лаборатория генетики продолжительности жизни и старения

Докладчик: Алексей Александрович Москалев, amoskalev@list.ru

В докладе рассмотрены основные группы генов, определяющие скорость старения и продолжительность жизни модельных животных и человека. Основное внимание уделено генам инсулин/IGF-1-, PI3K-, TOR-, MAPK-, NF- κ B-, TGF- β -, WNT-сигнальных путей, генам стрессоустойчивости (шаперонам, генам антиоксидантной защиты, аутофагии, протеасомальной деградации белков, репарации ДНК) и генам клеточного старения (pRB, p21, p16, p53). Приведены оригинальные данные о влиянии сверхэкспрессии генов контроля стрессоустойчивости и циркадных ритмов на продолжительность жизни и скорость старения *Drosophila melanogaster*. Представлены механизмы долголетия летучей мыши *Myotis brandtii*.

АМИЛОИДЫ И ПРИОНЫ: ОТ ПАТОГЕНЕЗА К ФУНКЦИИ

Нижников А.А.^{1,2,3}, Антоненц К.С.^{1,2}, Инге-Вечтомов С.Г.^{1,3}

1. Санкт-Петербургский государственный университет
2. Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии
3. Санкт-Петербургский филиал ИОГен РАН

Докладчик: Антон Александрович Нижников, ant.nizhnikov@gmail.com

Амилоидами называют белковые фибриллы, обладающие структурой, называемой «кросс-бета». Этот термин означает, что мономеры в составе амилоидной фибриллы образуют межмолекулярные бета слои, расположенные перпендикулярно ее оси и сочлененные преимущественно за счет водородных связей. Такая структура придает амилоидам уникальные физико-химические свойства.

Более тридцати различных белков человека формируют амилоидные фибриллы, вызывающие или ассоциированные с неизлечимыми заболеваниями, получившими название амилоидозов. Амилоидозы могут быть локализованными или системными, а также иметь первичный (идиопатический), вторичный (приобретенный на фоне других патологий) или наследственный характер. Особую группу представляют нейродегенеративные амилоидозы (болезни Альцгеймера, Хантингтона, Паркинсона и другие), многие из которых развиваются преимущественно в пожилом возрасте, поэтому их социальная значимость неуклонно растет с ростом средней продолжительности жизни.

Несмотря на такое обилие данных по патологическим амилоидам, в настоящее время происходит смена парадигмы восприятия амилоидов как патогенов, связанная с возрастающим пониманием их роли как варианта четвертичной структуры белка, необходимого для жизнедеятельности клетки. Так, начиная с 2000 года, был опубликован ряд исследований, в которых показано, что амилоиды выполняют целый ряд биологических функций: от формирования биопленок у прокариот, до регуляции долговременной памяти у животных.

Особой группой являются прионы, представляющие собой амилоиды, обладающие инфекционными свойствами. Прионы обнаружены у животных и грибов-аскомицетов и могут быть как патологическими, так и функциональными. Именно открытие прионов аскомицетов, а прежде всего, дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*, дополнило Центральную Догму молекулярной биологии концепцией белковой наследственности, согласно которой в качестве матрицы, используемой для хранения и воспроизведения наследственной информации, может выступать не только линейная последовательность биологических макромолекул, но и их конформация.

Работа выполнена при поддержке грантов Президента Российской Федерации (МК-4854.2015.4), РФФИ (16-34-60153), СПбГУ (1.50.2543.2013) и Правительства Санкт-Петербурга.

ГЕНОМИКА РАСТЕНИЙ В ЭПОХУ NGS

Пенин А.А.¹

1. МГУ им. М.В. Ломоносова

Докладчик: Алексей Александрович Пенин, alekseypenin@gmail.com

В последние годы происходит бурное развитие технологий высокопроизводительного параллельного секвенирования (т.н. секвенирования нового поколения - Next-Generation Sequencing). В результате данные, полученные с его помощью, стали доступны для исследовательских групп и принципиально меняют подходы к решению многих задач генетики и геномики. При этом ключевым вопросом становится корректность в планировании экспериментов, обработке полученных результатов и их биологической интерпретации. На основе собственных и литературных данных в докладе будут освещены такие вопросы генетики и геномики растений как секвенирование и сборка геномов, локализация генов, создание генетических карт, массовый анализ экспрессии генов. В том числе будет уделено внимание возникающим техническим ошибкам и стратегиям их преодоления.

ПОПУЛЯЦИОННАЯ ГЕНОМИКА МУТУАЛИСТИЧЕСКОГО СИМБИОНТА СЕМЕЙСТВА *Fabaceae* НА ПРИМЕРЕ КЛУБЕНЬКОВЫХ БАКТЕРИЙ *Sinorhizobium meliloti*

Румянцева М.Л.¹, Симаров Б.В.¹

1. ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, шоссе Подбельского, д.3, 196608, Пушкин-8, Санкт-Петербург

Докладчик: Марина Львовна Румянцева, mrourmiantseva@yandex.ru

Клубеньковые бактерии *Sinorhizobium meliloti* вступают в мутуалистический азотфиксирующий симбиоз с растениями семейства *Fabaceae*. Для *S. meliloti* широко распространенным растением-хозяином является люцерна (*Medicago sativa*), виды которой различаются по способности расти на кислых, засушливых и засоленных почвах, что делает их, наряду с их хозяйственно-ценными свойствами, перспективными для восстановления плодородия деградированных почв. Эффективность растительно-микробного взаимодействия, выражающаяся на практике в повышении биологической массы растений, зависит непосредственно от генетических характеристик микро- и макросимбионта и от степени комплементарной «дополнительности» их геномов.

Гены *S. meliloti*, детерминирующие симбиотические свойства и «фитнес» микросимбионта в окружающей среде, расположены на хромосоме, плаزمиде, а также входят в состав «геномных островов». Сопряженный анализ полиморфизма 11-ти и 6-ти маркерных последовательностей хромосомы и мегаплазмиды, соответственно, позволил провести оценку геномотипического разнообразия клубеньковых бактерий в природных популяциях. Штаммы бактерий были выделены из районов произрастания растений-хозяев, относящихся к географически различным центрам разнообразия. Один из них – очаг разнообразия культурных растений, расположенный в районе Северного Кавказа, относящегося к первичному центру разнообразия, согласно исследованиям Н.И. Вавилова. Второй – современный центр интрагрессивной гибридизации люцерны, согласно исследованиям А.И. Иванова, подвергнут экстремальному засолению с середины 60-х годов 20 века. Сопряженный анализ структурного полиморфизма маркерных последовательностей корового и акцессорного геномов позволил выявить направление микроэволюционных процессов в географически различных популяциях клубеньковых бактерий, испытывающих разное влияние со стороны биотических и абиотических факторов.

ИНТЕГРАЦИЯ ГЕНОМНЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В СЕЛЕКЦИЮ РАСТЕНИЙ

Салина Е.А.¹

1. Институт цитологии и генетики СО РАН

Докладчик: Елена Артемовна Салина, salina@bionet.nsc.ru

Прогресс в секвенировании генома растений за последние годы очевиден, и в том числе в секвенировании и сборке *de novo* «референсных» геномов. Для генома пшеницы, в секвенировании которого принимают участие и Институты Российской Федерации, «референсная» ДНК последовательность будет опубликована в начале 2017 года.

На основе данных по секвенированию генома растений разработаны такие технологии как маркер-ориентированная и геномная селекции, геномное редактирование.

Методы маркер-ориентированной селекции (МОС) включают в себя контролирование наследования одного или нескольких генов с использованием молекулярных маркеров. Первые результаты с использованием МОС нами были получены в 2009. В настоящий момент разработаны схемы скрещивания и отбора для достижения различных моделей сорта. Одна из схем, включающая пирамидирование генов, способствовала получению сорта устойчивого к комплексу грибных заболеваний.

Геномная селекция - это контролирование в селекционном процессе всего генома, а не только целевого гена, как в МОС. Геномная селекция позволяет проводить полномасштабное генотипирование сортов растений и прогнозировать передачу количественных признаков (таких как, например, урожайность, холодоустойчивость, засухоустойчивость и т.д.). Разработаны основные этапы геномной селекции, на примере пшеницы и отмечены критические точки использования этой технологии в РФ.

Если методы МОС и геномной селекции направлены на расширение возможностей традиционной селекции, то методы геномного редактирования могут быть направлены на создание принципиально новых комбинаций генов. Кратко обсуждается наиболее эффективный метод геномного редактирования с использованием системы CRISPR/Cas9. Описываются перспективы использования методов геномного редактирования и возможные проблемы при их интеграции в селекцию.

НОВЫЕ ТЕХНОЛОГИИ АНАЛИЗА И КОРРЕКЦИИ ХРОМОСОМНЫХ ПЕРЕСТРОЕК, НАРУШАЮЩИХ НЕЙРОГЕНЕЗ ЧЕЛОВЕКА

Серов О.Л.¹, Лебедев И.Н.²

1. ФИЦ Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск
2. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, Томск

Докладчик: Олег Леонидович Серов, serov@bionet.nsc.ru

Развитие цитогенетических методов и применение технологий геномного секвенирования в разных популяциях позволило выявить широкое распространение хромосомных вариаций, затрагивающих относительно небольшие фрагменты ДНК, в пределах от сотен тысяч пар оснований до 1-2 мегабаз – явления, получившего название copy number variation (CNV). CNV является частой причиной многих наследственных патологий, связанных с нарушениями нейрогенеза. Примером может служить микроделеционный синдром 3pter-p25 (MIM 613792), обусловленный делециями, вовлекающими группу родственных генов адгезивных молекул суперсемейства иммуноглобулиновых белков. Клиническая выраженность патологий у носителей синдрома варьирует в широких пределах от умственной отсталости и деменции до нормального интеллектуального статуса, и зачастую проявляется на фоне гаплонедосточности, однако вклад каждого гена в области перестройки в формирование патологического фенотипа трудно оценить. Высокоразрешающее молекулярное кариотипирование (aCGH) позволило нам впервые описать пациентов с микроделециями и микродупликациями 3p26.3, затрагивающими единственный ген *CNTN6* в критической области синдрома, что открыло новые перспективы в изучении патогенеза заболевания. Исследование механизмов нарушения нейрогенеза при CNV осложняется тем, что у носителей нередко наблюдается соматический мозаицизм, одновременное присутствие мутантных и нормальных клеток. Кроме того, установлено, что экспрессия свыше 4000 генов у человека характеризуется как биаллельной, так и моноаллельной вариантами экспрессии во многих клетках, включая нейральные. Разработка технологии получения индуцированных плюрипотентных стволовых клеток (ИПСК) открыла возможности изучения наследственных нарушений нейрогенеза в клеточных культурах, поскольку индуцированная направленная дифференцировка ИПСК позволяет получать нейроны разной специализации *in vitro*. Более того, применение технологии направленного редактирования генома (CRISPR/cas) обеспечивает получение мутантных ИПСК по обоим аллелям интересующего гена. Совокупность современных технологий значительно расширяет возможности изучения патогенеза наследственных нарушений нейрогенеза на клеточном и молекулярном уровне.

Исследование выполнено при поддержке РФФ (№ 14-15-00772).

ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ И БОЛЕЗНИ ЧЕЛОВЕКА

Степанов В.А.^{1,2}

1. Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук (г. Томск)
2. Национальный исследовательский Томский государственный университет

Докладчик: Вадим Анатольевич Степанов, vadim.stepanov@medgenetics.ru

Установление механизмов возникновения и распространение комплексных многофакторных заболеваний (МФЗ) в современных популяциях человека требует нового взгляда, новых подходов, новых гипотез и парадигм. Одним из таких перспективных подходов в понимании природы болезней человека является изучение заболеваний человека в эволюционном контексте. В отличие от классических подходов, ориентированных на прикладные вопросы о структуре и механизмах развития болезни, эволюционный подход шире, так как позволяет рассматривать происхождение, распространение и поддержание высокой частоты патологических фенотипов в популяциях. В докладе мы попытаемся обобщить современные представления об эволюции генетического разнообразия человека, очертить контуры эволюционной медицины, проиллюстрировать эволюционно-медицинскую проблематику рядом современных концепций и собственными данными. Будут приведены данные поиска сигналов деканализации и адаптации в масштабе всего генома человека и связанных с этими сигналами биологических процессов и заболеваний. Некоторые гипотезы и концепции эволюционной медицины могут быть продуктивными для выявления механизмов возникновения, распространения и патогенетики МФЗ. Одной из таких концепций является гипотеза канализации-деканализации геном-феномных отношений под действием естественного отбора в ходе расселения современного человека. Вероятно, высокая частота аллелей, ассоциированных с комплексными болезнями в некоторых популяциях человека (а отчасти и высокая частота самих болезней многофакторной природы), может быть рассмотрена и объяснена в рамках этой гипотезы.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ АСПЕКТЫ СЕЛЕКЦИИ ЖИВОТНЫХ

Столповский Ю.А.¹, Нестерук Л.В.¹.

1. ФГБНУ «Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова» Российской академии наук

Докладчик: Юрий Анатольевич Столповский, stolpovsky@mail.ru

Основная цель работы заключалась в исследовании генетического разнообразия 11 российских и зарубежных пород овец на основе мультилокусного межмикросателлитного анализа ДНК, а также типирования полиморфизма гена эстрогенового рецептора. Сравнительный анализ ISSR-спектров позволил выявить породоспецифичные фрагменты ДНК. С помощью метода иерархического усреднения частот проведена реконструкция «протогенофонда» овец, которая показала, что наиболее древними из изученных пород являются эдильбаевские, тувинские и монгольские овцы. Впервые для изучения генофонда романовской породы был использован метод, основанный на классификации внутривидового разнообразия с помощью подсчитанных коэффициентов генетической оригинальности (КГО). Полученные результаты позволили систематизировать генофонд романовских овец и разработать технологическую концепцию по оценке генетических особенностей овец на основе использования различных типов маркирующих систем.

В настоящей работе впервые определены частоты аллелей и генотипов экзонов 1 и 4 гена эстрогенового рецептора (ESR1) у высоко плодовитой романовской породы овец. Для анализа генотипов локусов ESR-ex1 и ESR-ex4 гена рецептора эстрогена овец были применены метод аллель-специфичной ПЦР (с разработанными авторами аллель-специфичными праймерами) и метод ПЦР–ПДФ.

Результаты, полученные в ходе настоящего исследования, имеют существенное теоретическое и практическое значение для мониторинга состояния генофондов, расширения возможностей при изучении генетического разнообразия популяций сельскохозяйственных животных. Полученные данные по ISSR-анализу и изменчивости гена ESR1 и использованные способы оценок предлагается применять для контроля и сохранения существующего генетического разнообразия отечественных пород овец, для обоснования определенных путей оптимизации решения различных селекционных задач и, следовательно, повышения эффективности селекционно-племенной работы.

ПОИСК РЕГУЛЯТОРОВ СОМАТИЧЕСКОГО ЭМБРИОГЕНЕЗА СРЕДИ ГЕНОВ *WOX* И *PIN* *Medicago truncatula*

Творогова В.Е.¹, Федорова Ю.А.¹, Вашкевич Т.А.¹, Лутова Л.А.¹

1. Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии

Докладчик: Варвара Евгеньевна Творогова, krubaza@mail.ru

Соматический эмбриогенез (СЭ) - это особый вид регенерации у растений, при котором эмбрионы формируются не из зиготы, а из соматических клеток. СЭ широко применяется в биотехнологии растений для трансформации растений и получения искусственных семян.

Было показано, что транскрипционные факторы семейства WUSCHEL-related homeobox (*WOX*), а также транспортёры ауксина семейства *PIN* выполняют ряд важных функций в процессах регенерации. Тем не менее, вопрос об участии многих генов *WOX* и *PIN* в СЭ остаётся открытым. Поиск новых регуляторов СЭ среди генов этих семейств и стал целью настоящего исследования.

Мы обнаружили, что у *Medicago truncatula* повышение уровня экспрессии генов *STENOFOLIA (STF)*, *MtWOX9-1* и *MtWOX-11-like*, принадлежащих семейству *WOX*, а также гена *SMOOTH LEAF MARGIN 1 (SLM1)* из семейства *PIN*, ассоциировано с СЭ. В эмбриогенных каллусах промоторы генов *STF*, *MtWOX9-1* и *SLM1* активируются непосредственно в соматических эмбрионах, а также в прилежащих к ним участках. Нами также было показано, что сверхэкспрессия генов *STF* и *MtWOX9-1* ведёт к увеличению способности к СЭ и сопровождается изменениями уровней экспрессии ряда генов, для которых ранее было показано наличие связи с СЭ. Неожиданным образом, каллусы с потерей функции гена *STF* также характеризуются повышением степени эмбриогенности. Эти данные позволяют предположить, что транскрипционный фактор *STF* влияет на процесс СЭ посредством разных регуляторных путей.

В дальнейшем мы планируем более детально изучить механизмы работы вышеперечисленных генов *WOX* и *PIN* в СЭ с помощью локализации кодируемых ими белков, поиска мишеней (для транскрипционных факторов *WOX*), а также анализа мутантов.

Работа поддержана грантом РФФИ 1.15.1095.2015 и грантом СПбГУ 1.42.1288.2014.

СОВРЕМЕННЫЕ СТРАТЕГИИ ПРЯМОЙ И ОБРАТНОЙ ГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ

Хлесткина Е.К.¹, Шоева О.Ю.¹, Гордеева Е.И.¹, Герасимова С.В.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук» (ИЦиГ СО РАН)

Докладчик: Елена Константиновна Хлесткина, khlest@bionet.nsc.ru

В настоящее время накопление сведений о нуклеотидных последовательностях генов опережает изучение их роли в формировании фенотипа. В связи с этим получил распространение комплекс подходов так называемой обратной генетики. Путь обратной генетики – от гена к признаку – особенно широко используется на модельных видах растений, имеющих относительно небольшой и хорошо изученный геном. Иная картина наблюдается для ряда хозяйственно ценных видов растений, например, злаковых, имеющих сложные геномы с большим количеством повторяющихся последовательностей и дуплицированными генами, с неполными данными по секвенированию генома. Для выявления связей «признак-ген» у таких видов растений широко применяют методы прямой генетики. Путь прямой генетики – от признака к гену – включает в себя подходы классической генетики и ряд современных методов, таких как QTL-анализ (анализ локусов количественных признаков), GWAS (анализ полногеномных ассоциаций), сравнительный анализ транскриптома контрастных форм (методом RNAseq) и др. В первой части доклада приводятся примеры работ на пшеницы и ячмене, использующих эти подходы. Показан непростой путь от установления местоположения QTL на хромосоме до определения нуклеотидной последовательности гена-кандидата. Обсуждается эффективность выявления генов-кандидатов методом RNAseq. На заключительном этапе таких работ требуется доказательство того, что именно найденный ген-кандидат определяет проявление изучаемого признака. Для этого используют, в том числе, и методы обратной генетики. Во второй части доклада рассматриваются методы обратной генетики, используемые как для проверки функции отдельных генов, так и для широкомасштабного поиска соответствий «признак-ген». Особое внимание уделяется методам геномного сайленсинга, а также подходам, использующим мутагенез, в том числе современным методам направленного мутагенеза. Обсуждаются особенности использования геномного редактирования на злаковых растениях. Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда (проект № 16-14-00086).

МОЛЕКУЛЯРНЫЙ И КЛЕТОЧНЫЙ АППАРАТ БЕЛКОВОЙ НАСЛЕДСТВЕННОСТИ

Чернов Ю.О.^{1,2}

1. Факультет биологических наук, Технологический институт Джорджии, Атланта, Джорджия, США
2. Научная лаборатория биологии амилоидов и Институт трансляционной биомедицины, Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург 199034, Россия

Докладчик: Юрий Олегович Чернов, yury.chernoff@biology.gatech.edu

Инфекционные белковые полимеры (прионы) вызывают нейродегенеративные заболевания у человека и животных, и передают наследственные признаки у дрожжей и других грибов. Прионовые полимеры состоят из белковых молекул, соединённых друг с другом в результате межмолекулярного взаимодействия идентичных бета-структур. Предсуществующий прион определяет формирование и расположение бета-структур во вновь присоединяемой молекуле, тем самым выступая в роли структурной матрицы. Таким образом, прионы могут передавать по наследству изменения белковой структуры которые не записаны в последовательности ДНК. Первоначальное возникновение приона стимулируется временной сверхпродукцией соответствующего белка, которая приводит к образованию агрегатов и полимеризации. Размножение прионов и их передача новым организмам (при инфекции) или клеткам (при делении) осуществляются в результате фрагментации полимеров, что приводит к возникновению олигомеров, становящихся новыми центрами полимеризации. Фрагментация прионовых полимеров в клетках дрожжей осуществляется в результате действия тех же белков-шаперонов, которые защищают клетки от агрегации белков при стрессе. Таким образом, клеточный аппарат защиты от стресса выполняет также функции аппарата репликации прионов. Другие шапероны, отвечающие за пространственную укладку вновь синтезированных белков, контролируют процессы исходного возникновения прионов и могут взаимодействовать с аппаратом воспроизведения прионов. Цитоскелетные структуры и протеолитические системы также вовлечены в эти процессы. Динамика и взаимодействие шаперонов и других клеточных белков определяют эффекты физиологических условий и факторов среды на прионы. Расшифровка аппарата возникновения и воспроизведения прионов имеет важное значение как для борьбы с амилоидными заболеваниями, так и для понимания роли белковой наследственности в адаптации организмов к условиям обитания и в эволюции.

Работа поддержана грантами MCB-1516872 (National Science Foundation), P50AG025688 (National Institutes of Health), 14-50-00069 (Российский научный фонд), 15-04-06650 (Российский фонд фундаментальных исследований) и 15.61.2218.2013 (СПбГУ).

GENOMICS, A PARADIGM SHIFT IN ANIMAL BREEDING: TOWARD THE GENOME-ASSISTED BARNYARD

Eggen A.¹

1. AgriGenomics, Illumina

Speaker: André Eggen, aeggen@illumina.com

A big (r)evolution is taking place in the application of genomics to the design and implementation of livestock breeding programs, promising gains across the value chain. Sequencing and re-sequencing of economically important livestock species has resulted in the discovery of millions upon millions of SNPs. These SNPs are being deployed in massively parallel fashion on DNA microarrays, enabling genome-wide association studies (GWAS) to discover genotype-phenotype correlation for both simple, and more-importantly, complex traits. Driven by ever-increasing reductions in the cost to measure genetic variation, we are entering a new era where the information from the GWAS studies is now effectively used in routine testing using genomic selection. The presentation will cover how Illumina's technologies have been used to sequence whole genomes, perform efficient GWAS, implement genomic selection and facilitate the integration of whole genome sequence data together with high throughput genotyping on beadchips.

ТЕЗИСЫ УЧАСТНИКОВ КОНФЕРЕНЦИИ

ВНУТРИВИДОВАЯ ФИЛОГЕНИЯ КУЛЬТИВИРУЕМЫХ ТЕТРАПЛОИДНЫХ ПОЛИМОРФНЫХ ВИДОВ РОДА *Gossypium* L.

Абдуллаев А.¹, Ризаева С.М.¹, Эрназарова З.А.¹, Эрназарова Д.К.¹, Аманов Б.Х.¹

1. Институт генетики и экспериментальной биологии АН РУз, г. Ташкент

Автор, ответственный за переписку: Абдумавлян Абдуллаев, ziroat64@mail.ru

На основе комплексных классических методов как сравнительная морфология, внутри- и межвидовая гибридизация, генетический анализ, анатомия, цитология и цитогенетика, дана оценка морфобиологическим, хозяйственно ценным признакам диких, рудеральных, культурно-тропических и субтропических форм полиморфных видов *G.hirsutum* L., *G.barbadense* L. и *G.darwinii* Watt. Разработаны схемы филогенетического родства внутри- и межвидовых разновидностей полиморфных видов рода *Gossypium* L., позволяющие судить о степени родства или их генетической близости.

Выявлена обособленность *ssp.punctatum* var. *gambia* (*G.hirsutum* L.) и *ssp.ruderales* f. *pisco*, f. *ishan nigeria* (с белым волокном), *ssp.vitifolium* f. *brasiliense* (*G.barbadense* L.). Впервые, по результатам эколого-географических и цитогенетических исследований доказана видовая самостоятельность var. *gambia*, var. *microcarpum palmerii* (*G.hirsutum* L.). Выделена в ранг самостоятельного подвида форма var. *el-salvador* (*ssp.purpurascens*). Доказана принадлежность рудеральной формы *ssp.ruderales* f. *pisco* к диким подвидам *G.barbadense* L., а также примитивность в эволюционном отношении f. *brasiliense* и f. *pisco* внутри вида. Выявлена заметная эволюционная продвинутость вида *G.darwinii* Watt. в сторону культивируемых форм. Впервые, выявлены характер наследования и изменчивости морфобиологических и хозяйственно ценных признаков, а также особенности формообразования у внутри- и межвидовых гибридов F1, F2 и F1B1. Получены новые данные о возможности получения трансгрессивных форм с высокими показателями длины (35,0-42,9 мм), и выхода волокна (40,0%) в ранних поколениях F2 и F1B1, что заметно способствует ускорению генетико-селекционного процесса.

Полученные гибридные материалы послужат основой для выявления новых, неизведанных факторов эволюционной продвинутости, филогенетических взаимоотношений, таксономической принадлежности внутривидовых разновидностей полиморфных видов рода *Gossypium* L.

В практическом плане, внутривидовые гибриды представляют огромный интерес в качестве доноров хозяйственно ценных признаков и адаптационных свойств к биотическим и абиотическим стресс факторам внешней среды, в деле создания новых сортов и пополняют генетический потенциал генофонда хлопчатника.

ПОЛНОГЕНОМНОЕ СЕКВЕНИРОВАНИЕ *Bifidobacterium angulatum* ШТАММ GT102: ГЕНЫ АДАПТАЦИИ И КОММУНИКАЦИИ

Аверина О.В.¹, Захаревич Н.В.¹, Незаметдинова В.З.¹, Дьячкова М.С.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Институт Общей Генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Ольга Викторовна Аверина, olgavr06@mail.ru

В последние годы уделяется огромное внимание изучению двунаправленной сети коммуникаций между микрофлорой кишечника и мозгом человека. Бифидобактерии являются важными для здоровья представителями кишечной микробиоты. Было проведено полногеномное секвенирование штамма *Bifidobacterium angulatum* GT102, который демонстрировал способность синтезировать и секретировать гамма-аминомасляную кислоту - важнейшего нейромедиатора. Доступность генома позволила провести *in silico* анализ на содержание генов, участвующих в адаптации к изменяющимся условиям среды обитания и коммуникации бактерии с клетками микробиоты и человека. Из адаптивных внимание уделялось генам систем токсин-антитоксин, регуляторам транскрипции, генам адгезии. Представляли интерес гены, кодирующие гистидин киназы, серин/треониновые протеинкиназы в качестве потенциальных генов коммуникации и адаптации. Одиннадцать гистидин киназ из двухкомпонентной системы сигнальной трансдукции и пять серин/треонин протеинкиназ было найдено в геноме штамма GT102. Из генов, кодирующих гистидин киназы, обнаружен один ген, уникальный для штамма, три гена, уникальных для вида *B. angulatum*, четыре видоспецифичных гена и ген секретлируемой киназы, найденный только у видов *B. angulatum* и *B. merycicum*. Состав генов, кодирующих серин/треонин протеинкиназы, совпадал с генами, выявленными ранее у бифидобактерий. Из известных бактериальных структур, участвующих во взаимодействии с клетками хозяина, в геноме GT102 были выявлены различные генетические кластеры, участвующие в образовании полисахаридов, пилей/фимбрий и гены секретлируемых белков. Полученные результаты анализа генома являются первыми данными о *B. angulatum* - ранее неопisanном виде бифидобактерий.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО ЭКСПРЕССИРУЮЩИХСЯ ГЕНОВ В СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТКАХ ЧЕЛОВЕКА С РАЗЛИЧНОЙ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТЬЮ

Агаб А.В.¹, Васильев С.А.², Скрыбин Н.А.¹, Беленко А.А.³, Климова А.С.³, Грибова О.В.⁴, Старцева Ж.А.⁴, Лебедев И.Н.²

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ
2. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, Национальный исследовательский Томский государственный университет
3. Национальный исследовательский Томский государственный университет
4. Томский НИМЦ

Автор, ответственный за переписку: Алена Владимировна Агаб,
alenasafonova.ssmu@gmail.com

Гены, продукты которых определяют индивидуальную радиочувствительность организма, остаются в большей степени неизвестными. Целью настоящей работы явилась идентификация дифференциально экспрессирующихся генов в соматических клетках человека с различной радиочувствительностью.

Была оценена радиочувствительность лимфоцитов периферической крови 54 индивидов с помощью микроядерного теста в комбинации с флуоресцентной *in situ* гибридизацией (FISH). Базовый уровень двунитевых разрывов ДНК определялся с помощью оценки фокусов гистона γ H2AX. Затем были выделены группы (по 3 индивида) с высокой (высокий уровень радиационно-индуцированных микроядер) и низкой (низкий уровень микроядер после облучения) радиочувствительностью и проведен анализ экспрессии 27958 генов с помощью микрочипов (8×60K, Agilent Technologies). Было обнаружено, что в группе радиочувствительных индивидов с высокой частотой радиационно-индуцированных микроядер наблюдался низкий спонтанный уровень фокусов γ H2AX, сниженная экспрессия генов *ADAMTS1* и *WHSC1* и повышенная экспрессия гена *THBS1*.

Для подтверждения полученных результатов на другом типе клеток оценивали экспрессию идентифицированных генов в 18 первичных линиях фибробластов экстраэмбриональной мезодермы человека. В радиочувствительных клеточных линиях с высокой частотой радиационно-индуцированных микроядер, как и в лимфоцитах, наблюдался низкий уровень экспрессии генов *ADAMTS1* и *WHSC1*, но, напротив, уровень фокусов γ H2AX был повышен. Кроме того, частота микроядер значимо коррелировала с экспрессией *ADAMTS1* ($R=-0,55$, $p=0,041$) и *WHSC1* ($R=-0,55$, $p=0,043$). Таким образом, экспрессия генов *ADAMTS1* и *WHSC1*, по-видимому, в первую очередь связана с частотой радиационно-индуцированных микроядер в различных типах соматических клеток человека, а не определяется спонтанным уровнем фокусов γ H2AX, что делает изменение экспрессии исследованных генов потенциальным маркером индивидуальной радиочувствительности человека. Однако конкретные пороговые значения для выделения радиочувствительных индивидов требуют проведения клинических исследований на расширенной группе индивидов.

ТЮРКОЯЗЫЧНЫЕ НАРОДЫ КРЫМА В ГЕНЕТИЧЕСКОМ ПРОСТРАНСТВЕ СЕВЕРНОЙ ЕВРАЗИИ (АНАЛИЗ ГЕНОФОНДОВ КРЫМСКИХ ТАТАР И КАРАИМОВ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ)

Агджоян А.Т.¹, Кузнецова М. А.², Качанов Н. В.³, Лукьянова Е. Н.⁴, Схаляхо Р. А.², Балаганская О. А.¹, Атраментова Л. А.⁵, Виллемс Р.⁶, Балановская Е. В.², Балановский О. П.¹

1. ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, г. Москва, Россия
2. ФГБНУ "Медико-генетический научный центр", г. Москва, Россия
3. Караимское общество Москвы, г. Москва, Россия
4. Институт проблем передачи информации им. А.А.Харкевича РАН, г. Москва, Россия
5. Харьковский национальный университет им. В.Н. Каразина, г. Харьков, Украина
6. Эстонский Биоцентр, г. Тарту, Эстония

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Торосовна Агджоян,
aagdzhoyan@gmail.com

Крымский полуостров веками находился на перекрестке путей между Европой и Азией, что отразилось на истории его коренных народов. Этногенез крымских татар связан со средневековыми миграциями в Крым кочевников Евразийской степи, которые вливались в более раннее население полуострова. Крымские татары сохранили память о принадлежности своих предков к трем этногеографическим группам – степной, горной и южнобережной, хотя сейчас, после возвращения из депортации, проживают независимо от такого подразделения. Караимы - наиболее загадочный народ Крыма: сходство караимской религии с иудаизмом позволяет предполагать семитское происхождение, а тюркский язык – общность предков караимов с другими народами этой лингвистической группы. Изучение генофондов народов Крыма позволяет рассмотреть их происхождение и круг родственных популяций.

Анализ полиморфизма Y-хромосомы для 400 образцов ДНК представителей караимов и трех субэтносов крымских татар позволил определить структуру их генофондов. В генофонде караимов преобладает переднеазиатский компонент, что сближает их с народами Кавказа и южного побережья Каспийского моря, и небольшой вклад "степного" компонента, характерного для тюркоязычных народов Евразийской степи (ногайцев, узбеков, туркменов, каракалпаков, казахов). Генетическое сходство караимов с их современными географическими соседями – русскими и украинцами - не выявлено. Генетический компонент, преобладающий у восточно-средиземноморских народов (греков и турок), наиболее выражен у горных и южнобережных крымских татар. У степных крымских татар выявлен наибольший - среди всех крымских популяций - вклад степного компонента .

Полученные результаты свидетельствуют о более сложном этногенезе караимов, чем исключительно "еврейское" или "тюркское" происхождение, а также о том, что крымские татары сформировались на основе генетического наследия восточно-средиземноморских народов с меньшим вкладом населения Евразийской степи. Исследование поддержано грантом РФФИ №16-34-00506_ мол-а.

РЕЗУЛЬТАТЫ И ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ УЗКОЛИСТНОГО ЛЮПИНА ВО ВСЕРОССИЙСКОМ НАУЧНО-ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКОМ ИНСТИТУТЕ ЛЮПИНА

Агеева П.А.¹

1. ФГБНУ Всероссийский НИИ люпина

Автор, ответственный за переписку: Полина Алексеевна Агеева, infodepart@rambler.ru

Люпин узколистный это фактически новая высокобелковая кормовая культура, отличающаяся хорошей технологичностью. Он способен накапливать в семенах до 38 %, а в сухом веществе зеленой массы до 20 % высококачественного белка. Благодаря азотфиксирующей способности люпин обогащает почву экологически чистым симбиотическим азотом. Современные сорта узколистного люпина отличаются скороспелостью и толерантностью к антракнозу.

В Государственном реестре селекционных достижений РФ в настоящее время находятся десять сортов узколистного люпина нашей селекции, различающихся по морфотипу, биологическим требованиям, назначению хозяйственного использования. Это кормовые сорта с частичной блокировкой бокового ветвления Кристалл, Снежень и Радужный, универсальные Белозерный 110, Смена, Витязь, колосовидный, ультраскороспелый, зернофуражного типа использования Надежда. Также созданы сидеральные сорта для заправки на зеленое органическое удобрение Брянский сидерат и Сидерат 46. В настоящее время товарными сортами являются Витязь, Белозерный 110, Смена и Сидерат 46.

Новый сорт Витязь продуктивен по зерну (3,0-3,5 т/га) и зеленой массе (30-40 т/га), содержание сырого протеина в семенах составляет 35-38 %, алкалоидов 0,05 %. В Госкомиссию передан новый сорт узколистного люпина Брянский кормовой, который превышает стандарт по продуктивности на 15-20 %. Сидерат 46 внесен в Госреестр с 2015 года. Предназначен для выращивания и заправки в качестве зеленого органического удобрения. Отличается коротким периодом от всходов до технологической спелости зеленой массы (43-56 дней). В сельскохозяйственном производстве возделывать его можно поукосно, пожнивно и в занятом пару. За годы испытания урожайность зеленой массы составила 37-40 т/га, зерна 3-4 т/га.

Перспективным направлением селекционной работы является создание сортов люпина зеленоукосного типа использования с интенсивным накоплением биомассы. Внедрение сортов узколистного люпина в хозяйствах Нечерноземной зоны способствует снижению затрат при производстве сельскохозяйственной продукции.

ИССЛЕДОВАНИЕ SSR-МАРКЕРОВ УСТОЙЧИВОСТИ РИСА К ДЛИТЕЛЬНОМУ ЗАТОПЛЕНИЮ

Азарин К.В.¹, Усатов А.В.¹, Макаренко М.С.¹, Костылев П.И.², Ковалевич А.А.¹

1. Южный федеральный университет, г. Ростов-на-Дону
2. ВНИИ зерновых культур им. И.Г. Калининко, г. Зерноград

Автор, ответственный за переписку: Кирилл Витальевич Азарин, azkir@rambler.ru

Безгербицидная технология производства риса заключается в получение всходов из-под слоя воды (>30 см). Однако из-за недостатка кислорода зачастую наблюдается массовая гибель не только сорных растений, но и самой культуры. Необходимы сорта, сочетающие высокую продуктивность и способность прорасти из-под глубокого слоя воды. Разработка и внедрение в селекционную практику ДНК-маркеров локусов хозяйственно ценных признаков является одним из наиболее перспективных направлений создания таких сортов. В этой связи проведена оценка SSR-маркеров, ассоциированных с локусом устойчивости *Sub1A*, для маркер-опосредованной селекции риса на устойчивость к затоплению. В лабораторных испытаниях селекционные формы риса из генетической коллекции ВНИИЗК были разделены по степени устойчивости к длительному затоплению. Контрастные по данному признаку образцы генотипировали с помощью отобранных нами микросателлитных маркеров, расположенных на расстоянии 0,7-6,5 см от целевого локуса *Sub1A*. Из семи проанализированных SSR-маркеров (RM219, RM316, RM444, RM464, RM7481, RM8303, RM23877) только RM7481 показал высокий дискриминационный потенциал. С целью проверки информативности маркера RM7481 были получены гибридные комбинации F₁, а затем F₂ между чувствительными и резистентными формами. По результатам молекулярно-генетического анализа гибридов F₂ с искомым маркером выявлены образцы, несущие различные аллельные варианты *Sub1A* локуса, а сам маркер имел четкий кодоминантный характер наследования. Исследование фенотипического выражения интродуцируемого локуса в условиях затопления показало, что наиболее устойчивыми формами по показателю выживаемости были линии-доноры устойчивости и гибридные растения, несущие по данным молекулярно-генетического анализа *Sub1A* в гомозиготном и гетерозиготном состоянии. Таким образом, в результате исследования SSR-маркеров, ассоциированных с локусом устойчивости *Sub1A*, была показана высокая информативность кодоминантного маркера RM7481 для маркерной селекции устойчивых к глубоководному затоплению форм риса.

Работа выполнена при поддержке гранта Президента Российской Федерации № МК-6123.2016.11.

ВЛИЯНИЕ СРОКОВ ЭКСПЛАНТАЦИИ НЕОПЫЛЕННЫХ ЗАВЯЗЕЙ КУКУРУЗЫ НА ЧАСТОТУ ЭМБРИОГЕНЕЗА IN VITRO

Алаторцева Т.А.¹

1. Саратовский государственный университет им. Н.Г. Чернышевского, г.Саратов, Российская Федерация, ул. Астраханская, 83

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Алексеевна Алаторцева, alatorsevat@mail.ru

Для получения гаплоидных растений *in vitro* из клеток женского гаметофита важен правильный выбор «возраста» экспланта. С этой целью в течение трех сезонов проводилось сравнительное культивирование разновозрастных завязей кукурузы партеногенетической линии АТ-1. Завязи, срезанные с неопылённых початков материнских растений в разные сроки от момента появления пестичных нитей (от 1 до 17 суток, с интервалом в 2 дня), культивировали на питательной среде MS, дополненной сахарозой (9%) и 2,4 –Д (2,0 мг/л). Сравнение результатов разных лет исследования показало, что, количество завязей одного и того же возраста, образующих партеногенетические зародыши, значительно варьирует по годам, но в каждый год эксперимента можно выделить по два возраста эксплантов, характеризующихся максимальными частотами эмбриогенеза. На всех графиках кривая зависимости частоты эмбриогенеза от возраста инокулированных завязей имеет идентичную М-образную форму, где стабильно дважды демонстрируется тенденция к увеличению частоты эмбриогенеза при увеличении «возраста» эксплантированных завязей. В каждом случае можно выделить наиболее благоприятные сроки инокуляции неопылённых завязей, а также их «критический» возраст, когда культивирование оказывается неэффективным. Обобщая результаты можно заключить, что в условиях *in vitro* сравнительно молодые (1-5-суточные) завязи и старые (старше 14 суток) менее пригодны для развития в них апомиктических зародышей. Наибольшей частотой эмбриогенеза характеризуются завязи 7-13 суточного возраста. В этот возрастной промежуток попадает и «критический», индивидуальный для каждого года, период развития завязей, когда адаптация завязей к условиям *in vitro* затруднена. Вполне вероятно, что варьирование частоты эмбриогенеза в завязях одного возраста в разные годы эксперимента, обусловлено колебаниями температуры и других климатических параметров, приводящих к изменениям скорости созревания женского гаметофита и нарушениям сроков цветения.

КАРТИРОВАНИЕ ХРОМОСОМ *Cannabis sativa* L. С ПОМОЩЬЮ ДАННЫХ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Александров О.С.¹

1. Центр молекулярной биотехнологии ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева

Автор, ответственный за переписку: Олег Сергеевич Александров, olegsandrov@gmail.com

Конопля посевная (*Cannabis sativa* L.) – двудомное растение, издревле используемое человеком как ценная культура. Мужской пол у конопли гетерогаметный, причём хромосома Y больше хромосомы X, что отличает её от близкого сородича – хмеля обыкновенного. Молекулярно-генетическая и цитогенетическая характеристика генома конопли имеет большое значение, так как она является одним из модельных объектов для изучения пола у растений. Геном конопли посевной был секвенирован в черновом варианте Bakel et al. в 2011 году. Эти геномные данные были использованы для физического картирования хромосом конопли. Выделенные повторяющиеся (субтеломерный повтор GU831574, повтор CS-237) и уникальные (AGQN01106940, AGQN01166490 и др.) последовательности, а также часто используемые цитогенетические маркеры (45S и 5S рДНК) были локализованы с помощью FISH. Анализ сигналов и кариотипирование показали, что с помощью рассматриваемого комплекса цитогенетических маркеров могут быть идентифицированы хромосомы 3, 4, 8, 9 и половая хромосома Y.

Работа была выполнена при финансовой поддержке РФФИ 15-04-06244 а.

МОРФОЛОГИЯ ХРОМАТИНА ЯДЕР ЦИСТОЦИТОВ *Calliphora erythrocephala* НА СТАДИИ S-ФАЗЫ КЛЕТОЧНОГО ЦИКЛА

Ананьина Т.В.¹, Федоришин Д.А.¹, Даулетбаева С.Б.²

1. Национальный исследовательский Томский государственный университет, Россия, г. Томск
2. Казахский Национальный Университет имени аль-Фараби, Казахстан, г. Алматы

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Викторовна Ананьина, tany_a@list.ru

Понимание механизмов становления пространственной организации ядер недифференцированных клеток является основой для понимания процессов реорганизации хроматина в ходе клеточной дифференцировки. Удобной моделью для изучения этих процессов являются клетки генеративной линии в овариолах двукрылых насекомых. На переднем полюсе овариолы (в гермарию) в результате митотических делений цистобласта и клеток, производных от него, образуется сначала 2-х, затем – 4-х, 8 и 16-ти клеточный синцитий. Мы анализировали морфологию хроматина в ядрах клеток (цистоцитов), из отдельных синцитиев в гермариях мухи *Calliphora erythrocephala*. После окрашивания хроматина цистоцитов DAPI оказалось, что количество и расположение DAPI-позитивных районов различается даже у клеток, произошедших в результате одного митоза. Мы предположили, что причина этих различий — в рассинхронизированности протекания стадий интерфазы. Мухам делали инъекции бромдезоксимуридина, затем проводили иммунофлуоресцентное окрашивание конъюгированными с FITC антителами к BrdU. Анализ синцитиев, клетки которых содержали иммунофлуоресцентную метку, показал, что репликация хроматина в ядрах клеток происходит не синхронно: в одних ядрах метка локализовалась по всему ядру, в других ядрах окрашивались отдельные области, обычно содержащие DAPI-позитивные районы. Различные варианты включения бромдезоксимуридина в хроматин цистоцитов, вероятно, соответствуют различным стадиям S-фазы клеточного цикла.

Исследование проводилось при финансовой поддержке РФФИ № 16-34-50133 мол_нр

МИТОХОНДРИАЛЬНЫЕ ПСЕВДОГЕНЫ *atp6* И *cox3* АССОЦИИРОВАННЫЕ С ИНСЕРЦИЯМИ РЕТРОТРАНСПОЗОНА *Tv1* ВИДОСПЕЦИФИЧНЫ ДЛЯ ДРОЗОФИЛ ГРУППЫ *virilis*

Андрианов Б.В.¹, Романов Д.А.¹

1. Институт Общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН (Москва) Россия

Автор, ответственный за переписку: Борис Витальевич Андрианов, andrianovb@mail.ru

Мы проанализировали изменчивость митохондриальных псевдогенов *atp6* и *cox3* ассоциированных с инсерциями ретротранспозона *Tv1* у ряда видов дрозофил группы *virilis*. Все выделенные псевдогены этого типа локализованы на Y-хромосоме. Нуклеотидная изменчивость выделенных псевдогенов носит нейтральный характер и не зависит от положения нуклеотида в первой, второй или третьей позиции кодона соответствующего митохондриального гена. Выявленная нейтральность изменчивости позволила провести оценку времени переноса митохондриальных псевдогенов в ядро у разных видов дрозофил, принимая типичную для дрозофил частоту фиксированных нейтральных замен равной 0,011 на сайт за миллион лет. Измеренное время, в миллионах лет, составило для псевдогенов *D.virilis* - 3.9; *D.borealis* - 6.0; *D.montana* - 4.2; *D.lacicola* - 2.8. Полученные оценки времени близки к ожидаемому возрасту этих видов, и вероятно маркируют периоды геномной нестабильности сопровождаемые транспозиционными взрывами, переносом митохондриальной ДНК в ядро и формированием новых видов. Инсерции *Tv1* маркирующие митохондриальные псевдогены относятся к малочисленной группе наиболее старых копий ретротранспозона уже не функциональных из за многочисленных мутаций. Для *D.virilis* и *D.montana* проведен сравнительный анализ митохондриальных псевдогенов Y-хромосомы в линиях мух различного географического происхождения. Вид *D.virilis* мономорфен по изучаемому признаку, тогда как в некоторых линиях *D.montana* выявлена потеря анализируемых псевдогенов.

РОЛЬ АСПАРАГИН/ГЛУТАМИН-ОБОГАЩЕННЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ИНДУКЦИИ АМИЛОИДОГЕНЕЗА

Антонец К.С.^{1,2}, Нижников А.А.^{1,2,3}, Галкин А.П.^{1,3}

1. Санкт-Петербургский государственный университет
2. Всероссийский НИИ сельскохозяйственной микробиологии
3. Санкт-Петербургский филиал ИОГен РАН

Автор, ответственный за переписку: Кирилл Сергеевич Антонец, k.antonets@spbu.ru

Амилоидами называют белковые фибриллы, обладающие уникальной структурой, называемой «кросс-бета». Формирование таких структур может быть связано не только с развитием ряда неизлечимых заболеваний, но и быть необходимым для жизни организма. Важной особенностью многих белков, образующих амилоиды, является наличие участков с повышенным содержанием остатков глутамина и аспарагина. Наличие таких участков важно не только для формирования амилоидной структуры, но и для взаимодействия разных амилоидов между собой. В рамках настоящей работы мы решили проверить наличие связи между аминокислотным составом амилоидов и белков, агрегация которых ими индуцируется.

Для этого мы использовали два варианта N-домена белка Sup35 дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*: немодифицированный (Sup35Nwt) и вариант, где все остатки глутамина были заменены на аспарагин (Sup35NN). С помощью разработанного нами метода PSIA, было установлено, что сверхпродукция Sup35Nwt в дрожжевых клетках индуцирует формирование детергент-устойчивых агрегатов 4 белков, а сверхпродукция Sup35NN вызывает агрегацию 8 белков, причем только 2 белка из этого списка были выявлены в обоих случаях. Примечательно, что только 2 белка (Mad1 и Cat8) из 10 выявленных содержали участки, богатые глутамином и аспарагином.

Таким образом, хотя различающиеся по аминокислотному составу амилоиды и индуцируют агрегацию различных белков, четкая связь между аминокислотным составом белка, формирующего амилоид, и белка, агрегация которого индуцируется этим амилоидом, отсутствует.

Работа выполнена при поддержке грантов Президента Российской Федерации (МК-4854.2015.4), РФФИ (16-34-60153 и 16-34-00582), СПбГУ (1.50.2543.2013) и Правительства Санкт-Петербурга. Авторы благодарят ресурсный центр «Развитие молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ.

КОЛЛЕКЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИ МАРКИРОВАННЫХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ С ПОВЫШЕННОЙ ЧАСТОТОЙ ПАРТЕНОГЕНЕЗА

Апанасова Н.В.¹, Юдакова О.И.²

1. УНЦ "Ботанический сад" Саратовского государственного университета имени Н.Г. Чернышевского
2. Саратовский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского

Автор, ответственный за переписку: Наталия Владимировна Апанасова,
yudakovaoi@info.sgu.ru

Спонтанная частота образования гаплоидных растений крайне низка (0,01-0,1%), между тем, они являются ценным материалом для селекции и объектом изучения в области репродуктивной биологии. Ранее в Саратовском госуниверситете была получена линия кукурузы АТ-1, характеризующаяся высокой частотой гаплоидного партеногенеза (до 82,6%). Однако отсутствие у нее ярко выраженных маркерных рецессивных признаков осложняет идентификацию гаплоидов в потомстве. Для создания генетически маркированных линий растения линии АТ-1 опылили пыльцой растений Тестера Мангельсдорфа (ТМ), имеющего хорошо выраженные фенотипические признаки, контролируемые рецессивными генами, локализованными во всех десяти хромосомах. Гибриды F₁ самоопылили и в последующих поколениях отобрали формы, гомозиготные по рецессивным маркерным генам и характеризующиеся повышенной частотой появления гаплоидов и полиэмбрионов в их потомстве. Таким образом была создана коллекция линий, которым присвоили обозначение АТТМ с указанием в скобках рецессивных маркерных генов, присутствующих в гомозиготном состоянии: АТТМ (y1, lg1), АТТМ (y1, g1) и т. д. Количество гаплоидов в свободноопыленном потомстве растений этих линий варьировало от 0,34 до 1,30%, полиэмбрионов – от 0 до 1,02%. Наиболее высокая частота гаплоидов зарегистрирована у АТТМ (y1, bm2) и АТТМ (y1, bm2, lg1). В ходе проведенного цитоэмбриологического анализа изолированных соцветий, зафиксированных на 5-6 сутки после появления первых пестичных нитей, партеногенетический проэмбрио при интактных полярных ядрах был зарегистрирован в 6,75 и 1,33% зародышевых мешков, у АТТМ (y1, bm2) и АТТМ (y1, bm2, lg1), соответственно. Кроме того, были выявлены атипичные зародышевые мешки (с дополнительными яйцеклетками, тремя и более полярными ядрами и др.), которые часто рассматриваются как косвенные цитоэмбриологические признаки апомиксиса.

ОЦЕНКА И ХАРАКТЕР НАСЛЕДОВАНИЯ ТЕХНОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ВОЛОКНА НЕКОТОРЫХ ГИБРИДНЫХ ФОРМ ХЛОПЧАТНИКА

Арсланов Д.М.¹, Ризаева С.М.¹

1. Институт генетики и экспериментальной биологии растений Академии Наук Республики Узбекистан

Автор, ответственный за переписку: Дилмурод Муансурович Арсланов,
arslanovdm@yandex.ru

Проследить степень изменчивости и характер наследования технологических качеств волокна у внутри- и межгеномные гибридов F₁-F₅: *G.thurberi* x *G.raimondii*; *G.hirsutum* L. (сорт «Ташкент-1») x (*G.thurberi* x *G.raimondii*); (*G.thurberi* x *G.raimondii*) x *G.hirsutum* L.; *G.hirsutum* L. x (*G.harknessii* x *G.raimondii*) является целью данных исследований. Получены сведения об изменчивости и характере наследования признаков волокна: длина, выход и индекс, метрический номер, разрывная длина и крепость, массы 1000 семян у гибридных популяций разных поколений и уровня плоидности.

Длина волокна у всех межгеномных амфидиплоидов в F₁ наследуется промежуточно, но с явным уклоном к длиноволокнистому родителю. Наблюдается сильное расщепление с образованием непрерывного ряда изменчивости у F₂ тетраплоидных и гексаплоидных амфидиплоидов. Самый широкий спектр у комбинации *G.hirsutum* L. x (*G.thurberi* x *G.raimondii*), (*G.thurberi* x *G.raimondii*) x *G.hirsutum* L., где длина волокна варьирует в пределах от 20-40 мм и выше. Степень изменчивости амфидиплоидов по выходу волокна наиболее полно проявляется в F₃, где большинство генотипов распределяется по классам с высокими показателями, свидетельствующий о значительной стабилизации признаков в F₃-F₄. На фоне трансгрессивной изменчивости в F₃-F₄ выделены формы с высоким выходом (40%) и длиной (43 мм) волокна. Подтверждена отрицательная корреляция между выходом и длиной волокна во всех гибридных комбинациях. У межгеномных тетраплоидных и гексаплоидных гибридов в F₁ в основном промежуточный характер наследования выхода волокна, либо неполное доминирование признака в сторону высокочастотных родителей, имеющую широкую вариабельность (27,1-40,4%). Во всех гибридных комбинациях продолжительная правосторонняя трансгрессия. Обнаружена трансгрессия в F₂, превышающая не только родительские формы, но и промышленные сорта с высоким выходом волокна, указывающий на возможность получения высоко выходных форм с новой генетической основой.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДНЫХ ПЛАНТАЦИЙ ЗИЗИФУСА И ЗЕМЛЯНИКИ НА АПШЕРОНЕ

Ахундова Н.И.¹, Гаджиева А.Ф.¹

1. Институт Генетических Ресурсов НАН Азербайджана

Автор, ответственный за переписку: Наила Исмаил Ахундова, nailaakhund@mail.ru

Данная информация относится к созданной на Апшероне коллекции субтропической культуре зизифуса (унаби) и земляники. Генофонд зизифуса представлен местными сортами, крупноплодными интродуцентами и гибридами. Коллекция зизифуса является полиморфной. Наряду с образцами с $2n=24$ хромосом отмечены образцы $2n=36$ хромосом, один образец-Гибрид Обильный, созданный в результате гибридизации местного диплоидного сорта с триплоидным сортом Таян-гзао ($2n=24$, $2n=36$) хромосом. Хромосомный набор гибрида составил ($2n=24, 12, 28, 30, 36, 48$ хромосом в клетках). Выявлены различия по содержанию нуклеиновых кислот, транскрипционной активности у растений местных и интродуцированных сортов зизифуса. По содержанию ДНК в клетках местные мелкоплодные сорта в 1.5-2 раза уступают крупноплодным. Предположительно, у местных стародавних сортов существуют своеобразные механизмы регуляции, позволяющие им обходиться меньшим количеством ДНК за счет уменьшения числа повторяющихся последовательностей.

Генофондная коллекция земляники включает 64 сорта и формы местных и зарубежных сортов. Они все отличаются по величине, массе плодов, количеству хлорофилла в листьях от 2.04% у сорта Обильная до 8.67% у сорта Майская. Генофондная плантация земляники полиморфна, состоящая из образцов $2n=14, 28, 56$ хромосом.

По содержанию ДНК, РНК, ДНК/РНК образцы также отличаются друг от друга. Содержание ДНК в листьях составляет у сорта Лермантовская -2.95 мг на 100 г. сырого вещества, наибольший уровень этого показателя (9.53 мг/%) отмечен у Гибрида 237. Аналогичный сильный разброс содержания ДНК и РНК отмечен у сортов не только в ядерном геноме, но и в митохондриальном и хлоропластном геномах. Здесь разница в этом показателе иногда превышала 100%-ный уровень.

У обеих культур между крупноплодными и мелкоплодными сортами разница в показателях отмечена и по дескриптору. Паспортизация сортов по цитогенетическим показателям поможет отбирать формы для создания новых отечественных сортов.

ПОИСК АССОЦИАЦИЙ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ С ТУБЕРКУЛЕЗОМ ЛЕГКИХ

Бабушкина Н.П.¹, Брагина Е.Ю.¹, Гараева А.Ф.¹, Гончарова И.А.¹, Рудко А.А.¹, Цитриков Д.Ю.², Гомбоева Д.Е.², Фрейдин М.Б.¹

1. «Научно-исследовательский институт медицинской генетики» Федерального государственного бюджетного научного учреждения «Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук», Томск, Россия
2. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Сибирский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Томск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Надежда Петровна Бабушкина,
nad-babushkina@medgenetics.ru

Проанализированы 58 SNP, которые, вероятно, имеют заметный эффект в отношении риска развития туберкулеза легких (ТБ) и его отдельных клинических форм: 45 выбраны по результатам GWAS у больных из Ганы, Гамбии, Малави, Индонезии, ЮАР, России; 13 – в регуляторных последовательностях генов с высокой вероятной значимостью в патогенезе ТБ. Исследование выполнено в дизайне «случай-контроль» у 768 человек (323 больных туберкулезом и 445 здоровых индивидов) с помощью масс-спектрометрии MALDI-TOF, капиллярного электрофореза SNaPshot и высокоразрешающего плавления молекул ДНК (high-resolution melt, HRM). Статистическая обработка проведена с помощью стандартных статистических методов (χ^2 , OR).

Ассоциации выявлены для 8 SNP. К развитию ТБ предрасполагают: в гене *EBF1* (5q34) аллель T rs10515787 в гомо- и гетерозиготном состоянии (OR=3.63, p=0.00004); в гене *ASAP1* (8q24) в гомозиготном состоянии аллель A rs10956514 (A: OR=1.33, p=0.012; AA: OR=1.55, p=0.005) и аллель T rs4733781 (TT: OR=1.45, p=0.02); аллель G rs10245298 (7p12.1, межгенный регион) в гомозиготном состоянии (G: OR=1.46, p=0.008; GG: OR=1.63, p=0.004); аллель G rs958617 (4q21.1, межгенный регион) в гомозиготном состоянии (G: OR=1.31, p=0.029; GG: OR=1.40, p=0.028); аллель A rs5928363 (*LOC105373153*, Xp21.1) в гемизиготном состоянии у мужчин (OR=1.60, p=0.011). Для rs6538140 (*LOC105369858*, 12q21.2) выявлен протективный эффект гетерозиготного генотипа AG (OR=0.43, p=0.0007). Для rs40363 (*NAA60*, 16p13.3) выявлена ассоциация с первичным ТБ – предрасполагающим является аллель A в гомо- и гетерозиготном состоянии: как при сравнении с контролем (A: OR=1.62, p=0.019; GG: OR=0.56, p=0.022), так и при сравнении с группой со вторичным ТБ (A: OR=1.82, p=0.009; GG: OR=0.52, p=0.019).

Исследование финансировано Российском научным фондом (грант № 15-15-00074).

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОНТРОЛЬ ТРАНСПОРТА СИДЕРОФОРОВ У *Synechocystis* SP. PCC 6803

Бабыкин М.М.¹, Обандо Т.², Зинченко В.В.²

1. Международный учебно-научный биотехнологический центр МГУ имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия
2. Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, биологический факультет, кафедра генетики, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Владислав Владимирович Зинченко, vzinchenko@mail.ru

Железо необходимо для жизнедеятельности всех организмов, особенно фотосинтезирующих, таких как растения и цианобактерии, у которых оно является существенным кофактором фотосинтетического аппарата. Несмотря на то, что железо является четвертым наиболее распространенным элементом на Земле, в аэробных условиях оно находится в окисленной форме (FIII) и в присутствии воды образует плохо растворимые оксигидроксиды. Концентрация свободного железа в водных растворах составляет только 10^{-18} мол/л, что существенно ниже уровня необходимого для поддержания жизни бактерий. Одним из механизмов, с помощью которого бактерии в аэробных условиях обеспечивают себя железом, является синтез низкомолекулярных хелаторов железа, сидерофоров, которые секретируются в окружающую среду, связывают там с высокой эффективностью FIII, а затем транспортируются обратно в клетки. Согласно данным биоинформатического анализа, в геноме одноклеточной цианобактерии *Synechocystis* sp. PCC 6803 отсутствуют гены биосинтеза сидерофоров, однако присутствует кластер из 14 генов, кодирующих компоненты предполагаемых систем транспорта таких соединений. Нами впервые показано, что *Synechocystis* может использовать в качестве единственного источника железа чужеродные дигидроксаматные сидерофоры, такие как сидерофор нитчатой цианобактерии *Anabaena variabilis* ATCC 29413 и шизокинин. С помощью направленного инсерционного мутагенеза и функционального анализа генов указанного кластера установлено, что транспорт дигидроксаматных сидерофоров в клетки *Synechocystis* контролируется генами восемью генами, *iutA*, *fecB1*, *fecC*, *fecD*, *fecE*, *exbB*, *exbD* и *tonB* и осуществляется с помощью механизма, типичного для грамм-отрицательных бактерий. Сидерофор связывается со специфическим белком-транспортером IutA во внешней мембране и транспортируется в цитоплазму за счет энергии внутренней мембраны, которая передается транспортеру комплексом интегральных белков внутренней мембраны TonB-ExbB-ExbD. Транспорт сидерофора через внутреннюю мембрану нуждается в периплазматическом связывающем белке FecB1 и трехкомпонентном FecC-FecD-FecE ABC-транспортере.

ВЛИЯНИЕ ИНГИБИТОРОВ QUORUM-SENSING НА ЧАСТОТУ СПОНТАННЫХ HIS+ РЕВЕРСИЙ У *Salmonella typhimurium* ПРИ РАЗЛИЧНОЙ ПЛОТНОСТИ БАКТЕРИАЛЬНОЙ КУЛЬТУРЫ

Бабынин Э.В.¹, Хамидуллин И.И.¹

1. Казанский (Приволжский) федеральный университет

Автор, ответственный за переписку: Эдуард Викторович Бабынин, edward.b67@mail.ru

При исследовании факторов, влияющих на протекание адаптивного мутагенеза, было показано, что частота спонтанных His⁺ ревертантов имеет обратно пропорциональную зависимость от количества клеток в культуре [Бабынин, Гизатуллин, 1997]. Целью данной работы является установление роли ингибиторов АИ-1 системы Quorum-Sensing (QS) в возникновении плотностно-зависимых спонтанных His⁺ реверсий у *Salmonella typhimurium*. Чтобы подтвердить участие системы QS в адаптивном мутагенезе мы использовали различные производные фуранона, которые являются ингибиторами системы АИ-1. Было показано, что производные фуранона снижают отрицательную корреляцию между плотностью бактериальной культуры и частотой His⁺ ревертантов. Следует заметить, что эффект производных фуранона на плотностно-зависимый мутагенез был пропорционален ингибиторной активности этих соединений на QS.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда (Проект №15-14-00046).

СКРИНИНГ СПАРЖЕВОЙ ВИГНЫ (*Vigna unguiculata subsp. sesquipedalis* (L.) Verdc.) В НИЖНЕВОЛЖСКОМ РЕГИОНЕ

Багдалова А.З.¹, Жужукин В.И.¹

1. ФГБНУ РосНИИСК "Россорго"

Автор, ответственный за переписку: Алия Зягитовна Багдалова, bagdalova2804@mail.ru

В настоящее время накоплена определенная информация по биологии, агротехнике и использованию вигны, что способствовало возникновению интереса сельхозтоваропроизводителей и возделыванию ее в Нижневолжском регионе. В ФГБНУ РосНИИСК "Россорго" проводятся исследования по интродукции и созданию исходного материала для селекции вигны. На опытном поле института выращиваются сортообразцы коллекции ВИР и местный оригинальный материал. Экспериментально установлено, что у сортообразцов спаржевой вигны значимое взаимодействие "генотип-среда" морфофизиологических показателей (высота прикрепления нижнего соцветия, число побегов ветвления, число бобов на одном растении, число семян в бобе, масса 1000 семян, урожайность), однако по некоторым признакам не выявлено взаимодействие (продолжительность межфазного периода "всходы-цветение", длина растений, длина боба). Длина растений в среднем варьировала от 43,3 до 103,3 см, высота прикрепления нижнего соцветия - 19...34 см, число бобов - 4,7...17,7 шт., длина боба - 22,3...66,3 см, масса 1000 семян - 79,0...136,5 г, урожайность семян - 120,3...673,5 кг/га. Значение протеина в семенах варьировало в интервале от 24,2 до 27,5 %, жира - 1,1...1,8 %, золы - 3,9...6,8 %, клетчатки - 3,8...7,7 %, БЭВ - 60,7...65,4 %. Содержание альбуминов изменялось в диапазоне от 13,1 до 18,1 %, глобулинов - 2,4...3,7 %, проламинов - 1,1...0,7 %, глютелинов - 3,8...6,6 %. Содержание альбуминов в свежих зеленых бобах - 4,6...9,6 %, глобулинов - 0,9...2,1 %, проламинов - 0,1...1,3 %, глютелинов - 0,9...3,3 %. Созданы и включены в Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию 2 сорта овощной вигны (Майя и Алия) характеризующихся комплексом хозяйственно-ценных признаков. Разнообразие сортов вигны представляет возможность использования этой культуры для сельхозтоваропроизводства: кормопроизводства и расширения местного ассортимента новых и полезных продуктов питания.

РОЛЬ С1473G ПОЛИМОРФИЗМА В ГЕНЕ ТРИПТОФАНГИДРОКСИЛАЗЫ-2 В МЕХАНИЗМАХ ДЕЙСТВИЯ ЭТАНОЛА НА ПОВЕДЕНИЕ И СЕРОТОНИНОВУЮ СИСТЕМУ МОЗГА У МЫШЕЙ

Базовкина Д.В.¹, Цыбко А.С.¹, Фурсенко Д.В.¹, Куликов А.В.¹

1. Федеральный Исследовательский Центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск

Автор, ответственный за переписку: Дарья Владимировна Базовкина, daryabazovkina@gmail.com

Триптофангидроксилаза-2 (ТРН2) является ключевым ферментом синтеза нейромедиатора серотонина (5-НТ), участвующим в механизмах действия этанола. G аллель полиморфизма С1473G в гене, кодирующем ТРН2, обуславливает уменьшение скорости синтеза серотонина в мозге мышей.

Цель работы - изучить роль полиморфизма С1473G в гене *tph2* в эффектах острого и хронического введения этанола на поведение и серотониновую систему мозга с помощью мышей конгенных линий В6-1473С (С/С) и В6-1473G (G/G), полученных в результате девяти последовательных бэккроссирований F1[CC57BR(G/G)хC57BL/6(C/C)] самцов с самками линии C57BL/6.

Влияние острого введения этанола (1,6 г/кг) оценивали на 1) тревожное поведение в тестах «открытое поле», «свет/темнота» и депрессивноподобное в тесте «принудительное плавание» и 2) уровень 5-НТ и его основной метаболита 5-Н1АА в мозге. Влияние хронического действия этанола (1,6 г/кг, 10 дней) оценивали на 1) тревожное и депрессивноподобное поведение и 2) экспрессию генов, кодирующих 5-НТ1А, 5-НТ2А и 5-НТ3-рецепторы, ТРН2, 5-НТТ (переносчик серотонина), в головном мозге.

Острое введение этанола снижало двигательную активность у В6-1473С мышей (p<0.01), оказывало анксиолитический эффект у В6-1473G животных (p<0.01) и приводило к увеличению выраженности депрессивноподобного поведения у обеих линий (p<0.05). Также острая алкоголизация снижала уровень 5-НТ в среднем мозге (p<0.01) и индекса катаболизма серотонина (p<0.05) в стриатуме только у животных В6-1473G. Хроническое действие этанола привело к снижению тревожности (p<0.001) и увеличению выраженности депрессивноподобного поведения (p<0.05) у мышей В6-1473G, что сопровождалось у них падением уровня экспрессии гена 5-НТ1А во фронтальной коре (p<0.05) и гипоталамусе (p<0.001) и его повышением в гиппокампе (p<0.05).

Следовательно, В6-1473G мыши (со сниженной активностью ТРН2) оказались более чувствительны к эффектам острой и хронической алкоголизации.

Работа поддержана бюджетным проектом № 0324–2015-0004.

ВЛИЯНИЕ ГЕНОТИПА НА ФУНКЦИОНИРОВАНИЕ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ СИСТЕМ У ЛИСИЦ

Баишникова И.В.¹, Ильина Т.Н.¹, Илюха В.А.¹, Антонова Е.П.¹, Морозов А.В.¹

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение Институт биологии Карельского научного центра Российской академии наук

Автор, ответственный за переписку: Ирина Валерьевна Баишникова, iravbai@mail.ru

Изменение окраски волосяного покрова является одним из наиболее видимых результатов искусственного отбора и контролируется взаимодействием различных генов. Мутации, закрепленные в процессе направленного разведения, проявляются не только в изменении фенотипа, но влияют и на многие физиологические процессы, в основе которых лежит обмен веществ. Исследование антиоксидантной и пищеварительной систем у лисиц четырех генотипов: красная роцинская ($A/A B/B$), платиновая ($b/b W^{P/w}$), снежная или грузинская белая ($b/b W^{G/w}$) и жемчужная ($b/b p/p$) показало, что гены, затрагивающие окраску волосяного покрова, влияют на функционирование этих систем. Так, у животных разных цветовых типов были обнаружены отличия в активности антиоксидантных ферментов – супероксиддисмутазы и каталазы, а также в содержании низкомолекулярных антиоксидантов – глутатиона, витаминов А и Е в печени, почках и скелетной мышце. Генетические различия в большей степени отражались на содержании низкомолекулярных антиоксидантов. Уровень протеолитической активности в поджелудочной железе был наиболее высоким у красных роцинских лисиц, генотип которых наиболее близок к дикому типу. В то же время, высокая активность амилазы, обнаруженная у снежных лисиц, указывает на лучшую адаптацию пищеварительной системы животных этого генотипа к усвоению пищи с большей долей углеводов. Особенности функционирования антиоксидантной и пищеварительной систем у лисиц разных генотипов могут быть обусловлены влиянием мутаций, затрагивающих окраску волосяного покрова, на биогенез и функционирование секреторных органелл и, тем самым, на все процессы внутриклеточного транспорта.

ДОВУЗОВСКИЙ ЭТАП ПОДГОТОВКИ НАУЧНЫХ КАДРОВ

Баймак Т.Ю.¹

1. Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Юрьевна Баймак, baymak@bionet.nsc.ru

Когда мы говорим о подготовке научных кадров, то подразумеваем университетское образование и аспирантуру. Если жалуемся на низкое качество специалистов, опять же, ругаем ВУЗы и ЕГЭ, совсем не задумываясь о том, как школьники выбирают, где и чему учиться. При этом нельзя сказать, что у нас ничего не делается для привлечения талантливой молодежи в биологические науки – органы образования проводят олимпиады и конкурсы, ученые читают публичные лекции, учителя работают с талантливыми ребятами. И каждая группа трудится сама по себе, активно критикуя остальных! В результате мы упускаем самый ценный момент в становлении талантливых ребят – старшую школу.

Вследствии того, что среднее образование отделено от науки и высшей школы, мы имеем ряд слабо разрешимых проблем довузовского этапа образования.

1. Обособленность – ребенок успешен на школьном уровне, но не ощущает себя частью большого биологического сообщества, не видит его плюсов и минусов, возможностей для роста.
2. Отсутствие обратной связи и живого общения с практикующими учёными. Можно послушать лекцию в интернете, а задать вопрос и просто поговорить нельзя.
3. Невозможность попробовать себя в качестве исследователя. В России крайне мало мест, где ребенок может научиться основам экспериментальной работы. При этом в школах проводят научно-практические конференции, начиная с начального звена.
4. Консервативность среднего образования, когда ученик практически лишен возможностей смешанного образования.

Нам остро необходимы «точки сборки», в которых наука и среднее образование будут иметь потребность взаимодействовать и сотрудничать, а не спорить. Очевидно, это должны быть очно-заочные площадки, практикующие разные формы работы и объединяющие специалистов различных специальностей. Широкая сеть таких площадок поможет привлечь талантливых ребят в биологические ВУЗы значительно улучшить качество подготовки молодых специалистов .

АССОЦИАЦИИ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ БИОТРАНСФОРМАЦИИ КСЕНОБИОТИКОВ И ХРОМОСОМНЫХ АБЕРРАЦИЙ У МУЖЧИН КЕМЕРОВСКОЙ ОБЛАСТИ БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО

Баканова М. Л.¹, Минаева В. И.², Савченко Я. А.¹, Рыжкова А. В.¹, Титов Р. А.¹, Головина Т. А.³, Титов В. А.⁴, Вержбицкая Н. Е.⁵

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр угля и углекислоты Сибирского отделения Российской академии наук»
2. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр угля и углекислоты Сибирского отделения Российской академии наук»; ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет»
3. ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет»; Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр угля и углекислоты Сибирского отделения Российской академии наук»
4. Областной клинический онкологический диспансер
5. Кемеровское областное патолого-анатомическое бюро

Автор, ответственный за переписку: Марина Леонидовна Баканова, mari-bakano@ya.ru

Рак легкого (РЛ) занимает ведущее место в структуре онкологической заболеваемости. Мужчины болеют РЛ чаще, чем женщины. Были обследованы 177 мужчин Кемеровского областного клинического онкологического диспансера с диагнозом РЛ, и 187 здоровых доноров Кемеровского областного центра крови, которые составили группу сравнения. Материалом для анализа послужила цельная периферическая кровь, забиравшаяся до начала диагностических или лечебных процедур. Цель исследования: анализ ассоциаций полиморфных вариантов генов ферментов биотрансформации ксенобиотиков (БК): CYP1A1(3801T>C) rs4646903, CYP1A2(-163C>A) rs762551, GSTM1 (del), GSTT1 (del) и хромосомных aberrаций (ХА) у больных РЛ мужчин Кемеровской области. Культивирование лимфоцитов крови для получения препаратов хромосом осуществляли по стандартному полумикрометоду. Полиморфизм генов CYP1A1, CYP1A2, GSTM1, GSTT1 исследовали методом real-time PCR (ООО «СибДНК», г. Новосибирск). Статистическая обработка материала проводилась с использованием «Statistica 8.0». В результате проведенного исследования установлено, что средняя частота ХА у больных РЛ $3,21 \pm 1,90\%$, значительно выше, чем у группы сравнения - $1,69 \pm 1,50\%$ ($p = 0,000001$). Исследование полиморфных вариантов генов ферментов БК не выявило статистически значимых различий по распределению генотипов между группами. Анализ распределения частот генотипов показал соответствие равновесию Харди-Вайнберга всех изученных локусов. Повышенный уровень ХА был зарегистрирован у больных РЛ мужчин, имеющих делеционный генотип гена GSTM1 ($3,68 \pm 1,98\%$ против $2,84 \pm 1,77\%$ для генотипа без делеции, $p=0,005632$). Продукт гена GSTM1 – фермент второй фазы БК, осуществляющий детоксикацию мутагенных промежуточных метаболитов, образующихся в организме, под действием ферментов первой фазы БК. Делеции в GST приводят к отсутствию этих ферментов в организме, способствуя накоплению генотоксикантов в организме, что, вероятно, оказывает влияние на структурную целостность хромосом.

ЦЕНТРАЛЬНО-АЗИАТСКОЕ ВЛИЯНИЕ НА ГЕНОФОНД НАНАЙЦЕВ ВЕРХНЕГО И НИЖНЕГО АМУРА ПО ДАННЫМ ПОЛНОГЕНОМНОГО АНАЛИЗА ГАПЛОГРУППЫ C2-M217 Y-ХРОМОСОМЫ

Балаганская О.А.¹, Балановский О.П.², Богунов Ю.В.¹, Мальцева О.В.³, Альборова И.А.⁴,
Балановская Е.В.⁵

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва
2. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, г. Москва;
Медико-генетический научный центр, г. Москва
3. Институт археологии и этнографии СО РАН, г. Новосибирск
4. Московский физико-технический институт, г. Долгопрудный
5. Медико-генетический научный центр, г. Москва

Автор, ответственный за переписку: Ольга Алексеевна Балаганская,
olga.vasinskaja@mail.ru

Эра полногеномных исследований открыла эффективный инструмент для популяционно-генетических исследований. Цель исследования - на основе регион-специфичных маркеров, выявленных в ходе полногеномного секвенирования преобладающей в центрально-азиатском регионе гаплогруппы C2-M217 Y-хромосомы, уточнить историю формирования генофонда нанайцев.

В рамках проектов МФТИ и РНФ нашим коллективом проведено полное секвенирование гаплогруппы C2-M217, филогенетический анализ, выявление новых гаплогрупп внутри C2-M217 и скрининг более полутора тысяч образцов из популяций Северной Евразии на частоты встречаемости открытых гаплогрупп. В рамках данного исследования та же панель выявленных маркеров была генотипирована в трех популяциях нанайцев: верховых, горинских и низовых (N=212). У нанайцев выявлены две основные гаплогруппы внутри C2-M217. Первая – C2-14533880 - распространена широко и на глубине 4 тыс. лет демонстрирует связь нанайцев с народами Центральной Азии, Волго-уральского региона, Прикавказских степей и Сибири (тувинцами, хамнеганцами). Но не позднее тысячи лет назад внутри нее обособляется дальневосточная субветвь, характерная исключительно для народов Амура. В популяциях нанайцев эта субветвь встречается с частотой 7-12%. Распространение второй гаплогруппы - C2- 17882541 на глубине двух тысяч лет назад показывает связь нанайцев с популяциями монголов, тувинцев, бурят, хамнеган, эвенков. И также, не позднее тысячи лет назад формируется региональная субветвь, высокоспецифичная для верховых нанайцев (25%), а у низовых и горинских нанайцев не превышающая 5%.

Для нанайцев характерно сохранение родовой специфичности в распределении субгаплогрупп C2-M217: три наиболее частых варианта субветви характеризуются доминированием в генофонде соответствующего рода (*Бельды, Киле и Оненко*).

Эти результаты указывают на возможность не только сибирских, но и центральноазиатских корней в генофонде нанайцев в период от 1 до 2 тысяч лет назад.

Работа поддержана грантом РФФИ 14-06-00384 а

ИСТОРИЯ СТАНОВЛЕНИЯ ГЕНЕТИКИ В КАЗАНИ

Барабанщиков Б.И., Ермолаев А.И.¹

1. Санкт-Петербургский филиал Института истории естествознания и техники РАН

Автор, ответственный за переписку: Борис Иванович Барабанщиков, borgenet@rambler.ru

Как и в целом по России, интерес к генетике среди учёных Казанского университета (КУ) прослеживается с 1910-х гг. В 1914 г. В.И. Смирнов (1879—?) получил степень магистра ботаники за диссертацию под названием «Новейшие законы наследственности». Профессор медицинского факультета КУ В.С. Груздев (1866—1938) в 1914 г. публикует книгу «Уродства и уроды», а в 1917 году — очерк «Наследственность». В психиатрической клинике КУ, возглавлявшейся Т.И. Юдиным (1879–1949), велись клинико-генеалогические исследования, а в «Казанском медицинском журнале» до начала 1930-х гг. публиковались соответствующие статьи. Перу Т.И. Юдина принадлежит учебник «Евгеника», выдержавший два издания.

Первая генетическая лаборатория в Казани возникла в 1931 г., её организовал ученик А.С. Серебровского молодой профессор В.Н. Слепков (1902-1937), были начаты исследования на дрозофиле. Но в начале 1933 г. Слепков был арестован, а возглавляемая им в КУ кафедра ликвидирована.

Следующая кафедра генетики и дарвинизма была организована в КУ осенью 1948 г. в ответ на поставленную Августовской сессией ВАСХНИЛ задачу учить студентов «мичуринской генетике». Она просуществовала 3 года и далее была преобразована в «кабинет дарвинизма и генетики».

Во второй половине 1960-х гг. в казанские вузы возвращается преподавание менделевской генетики, а в 1976 г. в КУ открыта кафедра генетики (первый зав. – проф. Б.И. Барабанщиков). К этому времени относится и начало деятельности местного отделения ВОГиС, которое с тех пор вело деятельность по пропаганде генетических знаний среди жителей города, организационно оставаясь связано в первую очередь с КУ.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПАСПОРТ ВЧЕРА И СЕГОДНЯ

Баранов В.С.¹

1. ФГБНУ «НИИ акушерства гинекологии и репродуктологии им.Д.О.Отта

Автор, ответственный за переписку: Владислав Сергеевич Баранов,
baranov@vb2475.spb.edu

Краткий обзор эволюции понятия *предиктивной медицины* (ПМ), возникшей еще в 2000г. в результате активного внедрения в медицину данных по изучению генома человека с целью ранней диагностики, лечения и профилактики тяжелых хронических заболеваний с выраженной наследственной предрасположенностью. С тех пор ПМ претерпела сложную эволюцию, связанную с расшифровкой генома человека, появлением новых высокоэффективных методов его структурно-функционального анализа, успешным преодолением кризиса «недостающей наследуемости» («missing inheritability») в генетике МФЗ. Кратко рассмотрены основные этапы становления и развития ПМ, начиная от поиска и тестирования генов «предрасположенности», через трансляционную (таргетную) медицину к Предиктивной, Персонализированной, Превентивной медицине (медицине 3х и даже 4х П-participatory), до современной точной (precision) медицины, от индивидуального банка ДНК-данных генов «предрасположенности», составляющих основу *генетического паспорта* (ГП), через системную генетику к *электронной геномной карте здоровья*. Делается вывод, что зародившаяся в начале XXI века ПМ, квинтэссенцией которой является ГП, не только успешно преодолела все трудности, связанные со стремительным прогрессом наших знаний о структуре и функциях генома человека, но и благодаря новым технологиям, внедрению нового системно-генетического (биоинформационного) подхода стала главным научно-практическим направлением современной медицинской науки.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПРЕДРАСПОЛОЖЕННОСТЬ ЧЕЛОВЕКА К ЗАБОЛЕВАНИЯМ, ВЫЗЫВАЕМЫМ ФЛАВИВИРУСАМИ: КЛЕЩЕВОМУ ЭНЦЕФАЛИТУ И ХРОНИЧЕСКОМУ ГЕПАТИТУ С

Бархаш А.В.¹, Кочнева Г.В.², Бабенко В.Н.¹, Воевода М.И.³, Ромащенко А.Г.¹

1. Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, г. Новосибирск
2. Государственный научный центр вирусологии и биотехнологии «Вектор», р.п. Кольцово
3. Научно-исследовательский институт терапии и профилактической медицины, г. Новосибирск

Автор, ответственный за переписку: Андрей Владимирович Бархаш,
barkhash@bionet.nsc.ru

Несмотря на то, что клещевой энцефалит (КЭ) и хронический гепатит С (ХГС) значительно различаются по механизмам проникновения вызывающих их инфекционных агентов (трансмиссивный и парентеральный), тропизмом (нейротропность и гепатотропность), преимущественным течением заболевания (острое и хроническое), эти заболевания вызываются структурно сходными РНК-содержащими вирусами из семейства *Flaviviridae*. До конца не ясно, различаются ли молекулярные механизмы защиты организма человека против этих родственных вирусов. Структурные особенности генома человека (наряду с такими факторами, как генетические особенности вируса, иммунизация и т.д.) могут в значительной степени влиять на течение и исход вирусного заболевания. Мы впервые проводим систематический поиск генов, вовлеченных в формирование восприимчивости/устойчивости человека к вирусам КЭ и ХГС в одной и той же российской популяции (русские жители г. Новосибирска). В докладе будут представлен обзор полученных нами к настоящему времени данных по изучению возможной связи с предрасположенностью к КЭ и ХГС полиморфизма 15 генов-кандидатов (гены *OAS1*, *OAS2*, *OAS3*, *OASL*, *EIF2AK2*, *RNASEL*, *ADAR1*, *Mx1*, *CD209*, *TLR3*, *CCR5*, *IL28B*, *IL10*, *CCL2* и *CXCL10*). Продукты этих генов являются важнейшими компонентами неспецифического иммунного ответа человека. Впервые были выявлены определенные SNP в пределах генов *OAS2*, *CD209* и *IL10*, которые, по нашим данным, вносят вклад в формирование предрасположенности к двум разным заболеваниям, вызываемым вирусами семейства *Flaviviridae*. Полученные результаты позволяют нам предполагать существование общих защитных механизмов против вирусов КЭ и ХГС с участием продуктов этих трех генов человека. Работа поддержана грантами РФФИ № 14-04-00641а и 11-04-01206а.

СЕЛЕКЦИЯ ОВСА НА ЕВРОПЕЙСКОМ СЕВЕРО-ВОСТОКЕ

Баталова Г.А.¹

1. НИИСХ Северо-Востока, Киров, Россия

Автор, ответственный за переписку: Галина Аркадьевна Баталова, g.batalova@mail.ru

Значительное влияние на уровень и стабильность урожайности оказывает сортимент культуры. Группа сортов овса лидирующих в производстве представлена сортами ведущих селекционных центров России, среди них сорта Кречет и Гунтер селекции НИИСХ Северо-Востока и Фаленской СС. Госреестр РФ 2016 г. насчитывает 119 сортов овса, из них 11 вятской селекции, с 2016 г. включены пленчатые сорта Медведь, Сапсан. Медведь сочетает урожайность зерна (8,1 т/га) с практической устойчивостью к пыльной головне, толерантен к шведской мухе. Овес Сапсан имеет полевой устойчивостью к пыльной головне, корончатой и стеблевой ржавчинам, урожайность до 9,2 т/га. ГСИ проходят сорта Аватар – урожайность, устойчивость к пыльной головне, Сатур – урожайность до 8,6 т/га, высокое качество зерна (натура 581 г/л, пленчатость 26,6 %, сырой протеин 14,44 %, жир 2,87 %), устойчивость к пыльной головне и корончатой ржавчине, толерантен к шведской мухе. Перспективная для передачи на ГСИ линия 397h07 (Al³⁺₄₀) создана с использованием культуры клеток *in vitro* на селективных средах с алюминием, сочетает устойчивость к почвенной кислотности, засухе, с полевой устойчивостью к пыльной головне, фузариозу метелки.

Селективным отбором в различных экологических условиях создан пластичный сорт овса голозерного Бекас с урожайностью до 5,63 т/га, высоким качеством - белок 19,7 %, жир 6,7 %, крахмал 54,61 %, натура 712 г/л, выход ядра 95-98 %. Устойчив к осыпанию, красно-бурой пятнистости, корончатой ржавчине, толерантен к шведской мухе. Получены сорта овса голозерного Вятский, Першерон, выделены перспективные к передаче на ГСИ линии 1h07, 857h05, 766h05, 9h09 и др. с содержанием глютена менее 20 мг/г, для производства продуктов специального функционального назначения (*gluten free*), для людей страдающих глютеновой энтеропатией. Сорта Вятский, Першерон.

РАЗРАБОТКА И УСОВЕРШЕНСТВОВАНИЕ МЕТОДОВ БИОТЕХНОЛОГИИ В СЕЛЕКЦИИ И СЕМЕНОВОДСТВЕ КАРТОФЕЛЯ ДЛЯ СОЗДАНИЯ И РЕГЕНЕРАЦИИ АДАПТИВНЫХ И ИММУННЫХ СОРТОВ ДЛЯ ГОРНОЙ И ПРЕДГОРНОЙ ЗОН РСО-АЛАНИЯ

Басиев С.С.¹, Бекузарова С.А.¹

1. ФГБОУ ВО Горский ГАУ

Автор, ответственный за переписку: Солтан Сосланбекович Басиев, basiev_s@mail.ru

В условиях импортозамещения создание экологически пластичных конкурентоспособных сортов картофеля, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам среды является **актуальной задачей** данной селекционной программы.

Целью исследований является выведение высокопродуктивных со стабильно высоким иммунитетом к болезням сортов картофеля для горных и предгорных условий РСО – Алания и оздоровление ряда районированных сортов от вирусной инфекции.

Результаты исследований:

1. В процесс гибридизации задействовано 1411 гибридов: получено 830 генотипов I года для передачи в питомник сеянцев II года, 48 – для III года и 433 гибрида – для предварительного испытания.
2. Во Всероссийский пункт по испытанию на рак и золотистую картофельную нематоду было отправлено 6 гибридов 1-го года лабораторного испытания 11-й комбинации (10.11/870, 10.11/839, 10.11/1136, 10.11/770, 10.11/927, 10.11/926) и 4 гибрида 2-го года (10.3/228, 10.11/765, 10.11/763, 10.2/153).
3. Обоснованы параметры выращивания ростков при различных температурных режимах в условиях искусственного освещения: оптимальный режим температуры – 18-20⁰С в естественных условиях дневного освещения, при котором ростки перспективных сортов в 2-3 раза увеличивают продуктивность и приживаемость по сравнению с пророщенными при искусственном освещении.

В текущем году было получено 3 патента: №2558195 «Способ размножения селекционных образцов картофеля», № 2549293 «Способ подготовки клубней картофеля к посадке», № 2558194 «Способ возделывания картофеля». Поданы заявки на регистрацию изобретений № 2015 124 453 «Способ стимуляции меристемных растений картофеля», №2015 127 150 «Способ борьбы с колорадским жуком», а также «Базы данных гибридов картофеля».

БИОИНФОРМАТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОМА МУТАНТНОГО ШТАММА *S. fradiae*, УСТОЙЧИВОГО К ТИОЦИАНАТУ ОЛИГОМИЦИНА

Беккер О.Б.¹, Ватлин А.А.¹, Даниленко В.Н.¹

1. ФАНО России, ФГБУН «ИОГен им Н.И. Вавилова» РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Ольга Борисовна Беккер, obbekker@mail.ru

Макролидный антибиотик олигомицин А, механизм действия которого связан с подавлением активности F₀F₁ АТФ-синтаз, проявляет цитотоксическое действие в отношении опухолевых клеток, а также антибактериальное действие в отношении актинобактерий, в частности бактерий рода *Streptomyces*. Штамм *S. fradiae* ATCC19609 сверхчувствителен к олигомицину А. Нам не удалось получить спонтанные мутанты *S. fradiae*, устойчивые к олигомицину А, даже с частотой мутаций 1:10¹¹ степени. Это позволило предположить наличие дополнительных биомишеней олигомицина А в клетках *S. fradiae*. Для поиска возможных биомишеней был получен мутантный штамм, устойчивый к синтетическому производному олигомицина А – тиоцианату-олигомицина. Было проведено полногеномное секвенирование устойчивого к тиоцианату-олигомицина штамма *S. fradiae*. В процессе биоинформатического анализа геномов дикого и устойчивого к тиоцианату олигомицина штаммов, была выявлена единичная нуклеотидная замена С(1797)Т в гене хеликазы (KDS85476.1), которая привела к замене аминокислоты А(600)Т в регионе Р-loop NTPase. Данная хеликаза относится к IV классу ДНК-хеликаз, функции которых заключаются в участии в репликации, рекомбинации и репарации. Аминокислотные последовательности хеликаз IV гомологичны у актинобактерий по всей длине гена с % подобия от 43 до 94. Область, в которой произошла мутация, высоко консервативна у всех членов рода *Streptomyces*. При этом у большинства стрептомицетов в этой точке аминокислотной последовательности хеликазы находится треонин, в отличие от штамма дикого типа *S. fradiae* ATCC19609, где присутствует аланин. Аминокислотная замена А(600)Т привела к возникновению устойчивости мутантного штамма к тиоцианату олигомицина. Это позволило предположить причину возникновения сверхчувствительности *S. fradiae* к олигомицину А, а также существование молекулярного механизма, обуславливающего устойчивость к производному олигомицина А у мутантного штамма.

В дальнейшем мы планируем изучить возможную роль хеликазы IV в возникновении устойчивости мутантного штамма *S. fradiae* к тиоцианату-олигомицина.

ВЛИЯНИЕ ПРЕПОСЕВНОЙ ОБРАБОТКИ СЕМЯН ХЛОПЧАТНИКА ЭЛЕКТРОМАГНИТНЫМИ ИМПУЛЬСАМИ НА ЗАСУХОУСТОЙЧИВОСТЬ РАСТЕНИЙ

Бекмухамедов А.А.¹, Тонких А.К.¹, Ибрагимхаджаев С.У.¹

1. Национальный Университет Узбекистана им.М.Улугбека

Автор, ответственный за переписку: Абдукаюм Азимович Бекмухамедов, bobohujayev@mail.ru

Предпосевная закалка семян увеличивает устойчивость растений к различным вредным факторам среды. Целью работы является изучение предпосевной обработки семян хлопчатника (ЭМП) на устойчивость растений к недостатку влаги на ранних этапах развития.

В работе использовали семена сортов С-6524, АН-Баяут, Водий-28, Богдод и семена генетической коллекции хлопчатника Л-492, Л-4112, Л-608. Электромагнитную обработку семян проводили в течение 30 минут импульсами ЭМП с частотой следования импульсов 4 Гц. Семена хлопчатника выращивали в течение 14 суток при ежедневном поливе. Для создания водного дефицита количество поливов уменьшали в 2 раза.

При нормальном водообеспечении предпосевная обработка семян увеличивает рост всех проростков в следующем порядке: Л-492(на 40%) – АН-Баяут(на 27%) – Водий-28(на 20%) – С-6524(на 10%) – Л-4112(на 8%) – Л-608(на 1%) – Богдод(на 1%). При недостаточном водообеспечении предпосевная ЭМП обработка увеличивает рост проростков в следующем порядке: Богдод(на 68%) - АН-Баяут(на 43%) – Водий-28(на 40%) – Л-608(на 35%) – Л-4112(на 29%) – Л-492(на 9%) – С-6524(на 8%). В этом случаи более всего увеличивается рост проростков у сорта Богдод и менее – сорта С-6524.

Водный потенциал у семядольных листьев всех растений при нормальном водообеспечении примерно одинаков (8,7-9,4 бар) и оно не зависело от предобработки семян ЭМП, который объясняется, что водный потенциал зависит от водного потенциала почвы.

При дефиците воды в почве, водный потенциал семядольных листьев исходного материала по абсолютной величине повышен (13,8-15,9 бар), причем, чем выше засухоустойчивость сорта, тем выше водный потенциал. Электромагнитная обработка семян делает водный потенциал при дефиците влаги у всех сортов и линии по абсолютной величине ещё выше (14,9-16,8 бар).

АНАЛИЗ ГЕТЕРОГЕННОСТИ ВИРУСА ГЕПАТИТА В МЕТОДОМ ПОЛНОГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Беленикин М.С.¹, Шанько А.В.¹, Соколова М.В.¹, Коноплева М.В.¹, Кирьянов С.А.¹,
Семенов Т.А.¹, Суслов А.П.¹, Баженов А.И.², Годков М.А.², Туполева Т.А.³

1. ФГБУ "ФНИЦЭМ им. Н.Ф. Гамалеи" Минздрава России
2. НИИ скорой помощи им. Н.В.Склифосовского Департамента здравоохранения г. Москвы
3. ФГБУ "Гематологический научный центр" Минздрава России

Автор, ответственный за переписку: Максим Сергеевич Беленикин,
molecular.modeler@gmail.com

Вирусный гепатит В является одной из наиболее социально значимых проблем. В работе проведены исследования коллекции 58 изолятов вируса гепатита В (HBV) (2004-2015гг) больных хроническим гепатитом В, острым миелобластным лейкозом и хроническим лимфобластным лейкозом с помощью высокопроизводительного (секвенатор PGM, глубина прочтения ~1000-10000х) и капиллярного секвенирования. Большинство образцов имели явно выраженную гетерогенность (воспроизводимую при независимом секвенировании образцов) и относились к генотипу D. Субгенотипирование на основании литературных данных свидетельствует о возможности рекомбинантных событий между субгенотипами D. Построение филогенетических деревьев проводили как отдельно по последовательностям гена S, так и с использованием полных последовательностей более чем 300 HBV, включая найденные в NCBI рекомбинанты. Анализ построенных деревьев показал необходимость совершенствования системы классификации субгенотипов HBV. Вируса гепатита дельта ни в одном из исследованных образцов найдено не было. Особый интерес представил временной анализ серии изолятов, полученных с интервалом около года для одного из пациентов. Результаты секвенирования изолятов первых лет наблюдения были идентичны между собой, равно как и изоляты в ходе второго этапа наблюдения. Однако в ходе мониторинга наблюдалось появление ряда новых гетерогенных миссенс-мутаций. Сохранение уникального набора большого числа не меняющихся в ходе исследования нуклеотидных замен во всех образцах изученной временной серии однозначно свидетельствует об изменении вируса. Анализ данных секвенирования 58 изолятов и сравнение их с литературными данными позволил выявить ряд мутаций и полиморфизмов, потенциально ответственных за формирование устойчивости к антивирусной терапии.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ (БРАЧНОЕ ПОВЕДЕНИЕ, ФОРМА КРЫЛА, НАПРАВЛЕННАЯ АСИММЕТРИЯ ФОРМЫ КРЫЛА, ФОРМА ВНЕШНЕГО ПОЛОВОГО АППАРАТА САМЦОВ) У МЕЖВИДОВЫХ ГИБРИДОВ *D. americana* И *D. virilis*

Белкина Е.Г.¹, Лазебный О.Е.¹, Анисифоров Д.В.², Сорокина С.Ю.¹, Веденина В.Ю.³, Куликов А.М.¹

1. Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН
2. ООО Научно-испытательный центр «Черкизово»
3. Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича

Автор, ответственный за переписку: Алексей Михайлович Куликов, amkulikov@gmail.com

В лаборатории эволюционной генетики развития Института биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН на протяжении десятков лет успешно используется группа видов-двойников *Drosophila virilis* для изучения проблем эволюции и видообразования. В частности, исследуется эволюционная изменчивость брачного ритуала, формы полового аппарата самцов – ключевого признака с точки зрения видообразования в группе, формы крыловой пластины и асимметрии формы крыловой пластины.

С целью выявления генетических основ перечисленных количественных признаков в настоящее время проводится их генетическое картирование на основе модельной пары видов *D. virilis* и *D. americana*. Генетическая система скрещивания реализована по схеме рекомбинантно-инбредных линий (РИЛ), когда из межвидовых гибридов первого поколения закладываются индивидуальные линии, которые на протяжении нескольких десятков поколений ведутся в условиях жесткого инбридинга – скрещиваний полных сибсов. В результате образуется комплекс линий, геномы которых представляют собой уникальные мозаичные наборы различных по длине фрагментов двух исходных родительских геномов. Такой подход дает возможность проводить генетическое картирование любой точности контрастных видоспецифических признаков с помощью различных систем генетических маркеров (мобильные генетические элементы, микросателлитные локусы, однонуклеотидные полиморфизмы и др.). В нашем случае было заложено около 60 РИЛ из гибридов первого поколения скрещивания самок *D. americana* с самцами *D. virilis*. К 15-му поколению осталось 30 РИЛ, когда было решено провести оценку картируемых признаков и локализацию генетических маркеров. Для этого в каждой РИЛ ставятся поведенческие тесты (30 пар), готовятся препараты обоих крыльев и полового аппарата самцов, форма которых будет оцениваться методом геометрической морфометрии. Произведено выравнивание кодирующих областей геномов двух видов с целью выявления 100 видоспецифических замен, равномерно распределенных по геному. Для оценки состояния SNP-маркеров у гибридов 15-го поколения будет использовано микрочипирование.

ПЕРСПЕКТИВЫ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ *in vitro* ЛАВАНДЫ УЗКОЛИСТНОЙ

Белова М.М.¹, Чередниченко М.Ю.¹

1. ФГБОУ ВО РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Мария Максимовна Белова

Лаванда (*Lavandula* L.) – род растений семейства Яснотковые (Lamiaceae). Включает примерно 35-40 видов. Среди них ценные лекарственные растения: *L. dentata*, *L. angustifolia*, *L. latifolia*, *L. intermedia* (гибрид *L. angustifolia* и *L. latifolia*) и *L. stoechas*. Наиболее распространенным культурным видом с широким спектром сортов является лаванда узколистная (*L. angustifolia* Mill.). Лаванда узколистная имеет приятный сильный пряный запах. Обладает противовоспалительным и спазмолитическим свойствами. Успешно применяется в медицине, в производстве парфюмерно-косметических изделий, широко используется в кулинарии как пряность.

Наиболее эффективным для решения поставленных задач семеноводства может быть метод клонального микроразмножения на основе культуры изолированных меристем, который обеспечивает генетическую идентичность растений-регенерантов исходным формам и высокие коэффициенты размножения, оздоровление посадочного материала от грибной, бактериальной и вирусной инфекции.

Полезные свойства лаванды определяются содержанием в ней эфирного масла, главной составной частью которого являются сложные эфиры спирта L-линалоола и кислот (уксусной, масляной, валериановой и капроновой). Разработка технологий производства вторичных метаболитов лекарственных и пряно-ароматических растений приобретает всё большее значение, что позволяет получать необходимые вещества круглый год, для чего используют каллусную и суспензионную культуру.

Методы клеточной и генетической инженерии позволят получать новые формы представителей рода *Lavandula* L. с измененными характеристиками накопления вторичных метаболитов и их состава, а также с измененной морфологией цветка (в случае декоративного направления селекции видов рода).

На данном этапе исследований нами были изучены различные режимы стерилизации при введении семян *L. angustifolia* Mill. сорта Munstead (декоративная форма с пурпурно-синими цветками) в культуру *in vitro*, подобраны оптимальные условия клонального микроразмножения полученных растений, изучено влияние гормонального состава питательной среды на эффективность морфогенеза в культуре изолированных сегментов растительных тканей.

СОЗДАНИЕ НАЦИОНАЛЬНОЙ ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ПО ГЕНОФОНДУ ХЛОПЧАТНИКА

Бобохужаев Ш.У.¹, Санамьян М.Ф.¹, Абдукаримов Ш.С.¹, Абдуллаев Ф.Х.²

1. Национальный университет Узбекистана им. М.Улугбека
2. Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Автор, ответственный за переписку: Шухрат Умарович Бобохужаев,
sanam_marina@rambler.ru

Для сохранения генетического разнообразия сельскохозяйственных культур создаются генбанки, оснащенные новейшими информационными системами. За последние годы во многих странах мира начаты исследования по анализу гермоплазмы, документированию коллекций и созданию базы данных по генетическим ресурсам растений. В таких странах как США, Китай, Индия, Россия, наряду с сохранением коллекций в генбанках осуществляется постоянное документирование и мониторинг генофонда для его более эффективного использования в селекции.

На сегодняшний день наиболее подходящей системой описания хлопчатника является список дескрипторов (*Descriptor for cotton*) предложенный для общего пользования IPGRI (ныне *Bioversity International*) в 1985 году. В Узбекистане начата работа по формированию на научной основе Национальной информационной системы по генофонду хлопчатника, находящегося в научных учреждениях республики. С этой целью проведена работа по составлению основных дескрипторов по характеристикам генофонда хлопчатника на основе научно-обоснованной систематизации компонентов информационной системы. По Генетической коллекции Института генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз сформированы электронные таблицы информационной системы для единой базы данных, подготовленные на основе составленного ранее списка основных дескрипторов. Кроме того, введена информация по 15 показателям морфо-биологических и хозяйственно-ценных признаков для 5018 коллекционных образцов за период 1993-2006 годов изучения. По Цитогенетической коллекции Национального университета Узбекистана им. М.Улугбека также сформированы электронные таблицы информационной системы для единой базы данных, подготовленные на основе составленного ранее списка основных дескрипторов. Последние включили 36 показателей морфо-биологических и хозяйственно-ценных признаков, а также 8 цитогенетических дескрипторов, включая число и перестройки хромосом, мейотический индекс и фертильность пыльцы.

МОЛЕКУЛЯРНЫЕ ОСНОВЫ КОНСЕРВАТИЗМА И ИЗМЕНЧИВОСТИ МЕЙОЗА

Богданов Ю.Ф.¹, Гришаева Т.М.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Юрий Федорович Богданов, yuri.bogdanov34@mail.ru

Схема мейоза консервативна у одноклеточных и многоклеточных эукариот. Эволюционно мейоз возник на основе более древних механизмов гомологичной репарации и рекомбинации ДНК и сформировался в результате появления новых мейоз-специфичных белков. Они транслируются в компетентных клетках при инициации программируемых двуниевых разрывов ДНК, дающих начало мейотической рекомбинации. Это мейотические когезины и шугошины, белки осевых элементов хромосом и синаптонемных комплексов и другие. Эти белки гомологичны только в пределах таксономических классов и различаются у растений, грибов и животных. Однако они, как правило, имеют гомологичные функциональные домены или домены с одинаковой вторичной и третичной структурой, и это позволяет им формировать структурно сходные и одинаково функционирующие хромосомные оси, синаптонемные комплексы и неспособные к сегрегации в мейозе I центромеры сестринских хроматид. Многие примеры таких случаев консерватизма и изменчивости мейоз-специфичных белков у одноклеточных и многоклеточных эукариот были установлены нами (в том числе впервые) в результате 15-летних исследований, выполненных методами биоинформатики (1 – 5). Это позволило нам доказать независимость эволюции мейоза в разных филогенетических линиях эукариот и сформулировать принцип достаточности сходства вторичной и третичной структуры негомологичных белков для построения структурно и функционально сходных клеточных органелл, не только в мейотических клетках, но и в соматических клетках в ходе клеточного морфогенеза (2).

1. Bogdanov Yu.F. et al. *In Silico* 2003. 3. 173-185 – 2. Bogdanov Yu.F. et al. *Int. Rev. Cytol.* 2007. 257. 83-142 – 3. Гришаева Т.М. и др. *Молек. биол.* 2007. 41. 743-745 – 4. Гришаева Т.М. и др. *Вестник ВОГиС.* 2010. 10. 96-105 – 5. Гришаева Т.М. и др. *Вавиловский ж. ген. селек.* 2013. 17. 335-342.

ОПТИМИЗАЦИЯ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА РЕКОМБИНАНТНОГО СПИДРОИНА В *Saccharomyces cerevisiae* И ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ЕГО ДЛЯ ПОЛУЧЕНИЯ МАТЕРИАЛОВ ШИРОКОГО НАЗНАЧЕНИЯ

Богуш В.Г.¹, Козлов Д.Г.¹, Сидорук К.Г.¹, Чеперегин С.Э.¹, Давыдова Л.И.¹, Мойсенович М.М.², Агапов И.И.³, Легонькова О.А.⁴, Дебабов В.Г.¹

1. ФГУП Государственный научно-исследовательский институт генетики и селекции промышленных микроорганизмов Минобрнауки РФ, Москва
2. Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва
3. Федеральный научный центр трансплантологии и искусственных органов им. В.И. Шумакова Минздрава России, Москва
4. ФГБУ «Институт хирургии им. А.В. Вишневского» Минздрава России, Москва

Автор, ответственный за переписку: Владимир Григорьевич Богуш, vlbogush@mail.ru

Ранее нами был синтезирован ген, кодирующий аналог белка каркасной нити паука-кругопряда *Nephila clavipes* спидроина 1 (белок 1F9), и клонирован в клетках дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*. Белок имеет специфический состав – содержит 47% остатков Гли и 29% Ала. Преодоление дефицита соответствующих тРНК при экспрессии 1F9 в клетках дрожжей было достигнуто нами за счет гиперэкспрессии тРНК^{Ала} и тРНК^{Гли} введением дополнительных копий генов соответствующих тРНК в составе многокопийных векторов экспрессии, на которых размещены гены 1f9. Аналогичный эффект для повышения экспрессии генов белков паутины был продемонстрирован Xia с соавт. (2010) для системы *E.coli*, но для клеток дрожжей ранее описан не был. Проведенная генетическая модификация штамма – продуцента 1F9 позволила повысить выход рекомбинантного спидроина на 30%; еще на 60% был увеличен выход искомого белка при одновременном увеличении в 2,5 раза выхода биомассы с единицы объема в результате оптимизации ферментации. Все это позволило разработать рентабельную технологию получения высокоочищенного рекомбинантного спидроина в клетках дрожжей. Этот белок обладал всеми свойствами своего природного предшественника - высокой упругостью, устойчивостью к экстремальным температурам, способностью к агрегации и образованию нитей, а кроме того, к формированию надмолекулярных форм – пленок, гидрогелей, матриксов. Для гидрогелей на основе рекомбинантного спидроина показана высокая биосовместимость с клетками человека и животных, низкая иммуногенность, биodeградательность, устойчивость к реактиву Фентона, способность поддерживать адгезию и пролиферацию клеток, иннервацию и васкуляризацию вновь образуемых тканей, способность ускорять заживление ран и ожогов. Все это делает полученные материалы весьма перспективными для использования в регенеративной медицине и для культивирования клеток.

Работа поддержана Минобрнауки РФ (Соглашение о предоставлении субсидии № 14.579.21.0017 от 05.06.2014 г., уникальный идентификатор ПНИ RFMEFI57914X0017).

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ВОДОРАСТВОРИМЫХ БЕЛКОВ ЗЕРНА ЯЧМЕНЯ

Болдырев С.В.¹, Поморцев А.А.¹

1. ИОГен РАН

Автор, ответственный за переписку: Степан Вячеславович Болдырев,
beibaraban34@gmail.com

В настоящее время для генотипирования сортов ячменя часто используются спирторастворимые белки зерна – гордеины. Однако в связи с сужением генетического разнообразия по аллелям гордеин-кодирующих локусов, с помощью методики электрофореза гордеинов удастся дифференцировать только 80% современных сортов ярового ячменя. Таким образом, необходимы дополнительные генетические маркеры, в качестве которых можно использовать водорастворимые белки (ВРБ).

Проведен генетический анализ ВРБ относительно микросателлитов (*scsrr07759*, *HVNOTR1*, *GBM1475*, *GBM1465*, *GBM1323*, *EBMac0009*, *GBM1506*, *GBM1363*, *scsrr09041*, *GBM1326*, *Bmag0516*, *GBM1419*) на 2Н, 4Н, 5Н и 7Н хромосомах и шести морфологических маркеров (*Hsh* (4Н), *Pub* (3Н), *Kap* (4Н), *Cer-yy* (1Н), *Zeo* (2Н), *Blp* (1Н)) на растениях F₂ от скрещивания Изумруд х ДМ. Обнаружено сцепление (24±1,5 сМ) локуса, контролирующего белковые компоненты WSP2 и WSP3, с морфологическим признаком опушения листового влагалища – *Hsh*(4Н).

Проведен генетический анализ ВРБ 93-х дигиплоидных линий, от скрещивания Dom x Res. Для картирования выявленных нами белковых компонентов были использованы данные по 156 маркерам (RFLP, SSR, IFLP, NEPs). Картирование проводилось в программе JoinMap 4.1 по принципу максимального правдоподобия. По результатам генетического картирования найдено положение локусов, контролирующих компонент WSP2 и WSP3 дистально на 4Н хромосоме, с расстоянием к ближайшему маркеру X4,5 17,5 сМ и 9,3 сМ соответственно. Положение локуса, контролирующего компонент WSP1 на 3Н хромосоме, с расстоянием к маркеру Bmac0067 8,7 сМ и MWG602a – 8,5 сМ. Картирован локус, контролирующий компонент WSP4 на 2Н хромосоме, между маркерами EMac0415 и ABG072 с расстояниями 3,2 сМ и 10,1 сМ соответственно. Общее положение маркеров в группах сцепления соотносится с ранее опубликованными работами.

НОВЫЙ ХИМИЧЕСКИЙ МУТАГЕН ДЛЯ СОЗДАНИЯ БИОТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ *Triticum aestivum* L.

Боме Н.А.¹, Вайсфельд Л.И.², Рипбергер Е.И.¹, Боме А.Я.³

1. Тюменский государственный университет
2. Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля Российской академии наук
3. Всероссийский институт генетических ресурсов растений им. Н.И. Вавилова (ВИР)

Автор, ответственный за переписку: Нина Анатольевна Боме, bomena@mail.ru

Теоретические и прикладные аспекты химического мутагенеза, разработанные И.А. Рапопортом, значительно расширили возможности получения селекционного материала растений. Результатом огромной работы по испытанию, организации синтеза мутагенов, разработке методик исследований стали сорта, многие из которых успешно используются сельскохозяйственной практике. С уходом из жизни И.А. Рапопорта, резко ограничилось применение метода. Однако в условиях современного землепользования, на фоне климатических катаклизмов необходимо увеличение генетического разнообразия.

Для создания ценных генотипов яровой пшеницы изучена эффективность нового мутагена фосфемиды при обработке семян (концентрации 0,002; 0,01%, экспозиция 3 часа). Объекты исследования – сорта мировой коллекции ВИР Сага (var. *erythrospermum*, Мексика), Скэнт 3 (var. *lutescens*, Россия, Тюменская область) и гибрид F₄ от скрещивания этих сортов.

Сорта различались по высоте растений (Сага - 54,9 см, низкорослый, Скэнт 3 – 81,3 см, среднерослый), продолжительности вегетационного периода (Сага – 77 суток, Скэнт 3 – 83 суток) (2006-2008 гг.). Сага по данным GRIS - носитель гена устойчивости к листовой ржавчине *Lr13*, по нашим данным, сорт устойчив к мучнистой росе.

Гибрид Сага х Скэнт 3 (2010-2014 гг.) в географических пунктах Германии (Земля Баден-Вюртемберг, экспериментальный участок Вальдорфской школы и Земля Нижняя Саксония, опытная станция «Waldhof») и России (Тюменская область, биостанция «Озеро Кучак») устойчив к поражению листовой ржавчиной и мучнистой росой, что позволяет говорить о донорских свойствах сорта Сага.

По отношению к мутагену гибрид по сравнению с сортами характеризовался меньшей чувствительностью (M₁) и большим числом и спектром измененных признаков (M₂). Частота мутаций составила у сортов Сага 15,31%, Скэнт 3 – 28,46%, гибрида - 30,33%. Формы с полезными изменениями – ценный исходный материал для адаптивной селекции.

“BetaSerpentine” – КОМПЬЮТЕРНАЯ ПРОГРАММА ДЛЯ РЕКОНСТРУКЦИИ АМИЛОИДНЫХ СТРУКТУР

Бондарев С.А.¹, Журавлева Г.А.¹, Каява А.В.²

1. Кафедра генетики и биотехнологии и лаборатория биологии амилоидов Санкт-Петербургского государственного университета
2. Исследовательский центр клеточной биологии и Институт вычислительной биологии, Монпелье, Франция

Автор, ответственный за переписку: Станислав Александрович Бондарев,
stanislavspbgu@gmail.com

Как правило, амилоидные фибриллы имеют кросс- β структуру, которая обладает высокой устойчивостью к водород-дейтериевому обмену, а также обработке протеазами или денатурирующим агентам. Кросс- β структуры амилоидов, которые связаны с известными болезнями или естественными функциями, состоят из β -арок, имеющих два β -тяжа, соединенных поворотом. В свою очередь, β -арки упакованы стопками вдоль оси фибрилл. Размер одной β -арки может варьировать в пределах от 15 до 30 остатков, однако, уже описано большое количество амилоидов, в состав которых вовлечены более протяженные участки белка (до 80 а.к.). Ряд недавних экспериментов показал, что эти участки могут образовывать β -серпантинны состоящие из нескольких расположенных друг за другом β -арок. В 2015 году была опубликована программа “ArchCandy”, позволяющая предсказывать участки белков, вовлекаемые в амилоидные агрегаты, а также структуру их потенциальных β -арок. В данной работе мы разработали программу, названную “BetaSerpentine”, для предсказания более сложных структур амилоидов – β -серпантиннов. Эта программа успешно опробована на ряде белков, имеющих протяженные амилоидогенные участки и для которых получены экспериментальные данные об их β -серпантинной укладке. На основе этой работы мы предложили подход для реконструкции структуры амилоидов с учетом данных об эффектах точечных аминокислотных замен на стабильность этих амилоидов. Отдельно стоит отметить, что данные по мутациям, на которые мы опирались, были получены в системе *in vivo*, в то время как большинство известных сегодня способов определения структуры амилоидов основаны на экспериментах *in vitro*. В заключение необходимо отметить, что предложенный нами подход не имеет аналогов, и представляет собой востребованный инструмент для интерпретации экспериментальных данных связанных со структурой амилоидов.

Работа выполнена при поддержке грантов СПбГУ (1.41.682.2016 и 1.37.291.2015), а также РФФИ (16-34-00582).

БЕЛОК Rnq1 ЗАЩИЩАЕТ ПРИОН [PSI⁺] ОТ НЕГАТИВНОГО ДЕЙСТВИЯ МУТАЦИИ SUP35-M2

Бондарев С.А.¹, Лихолетова Д.В.², Журавлёва Г.А.¹

1. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, Лаборатория амилоидов, Санкт-Петербургский государственный университет
2. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Дарья Вадимовна Лихолетова, dary.spb@gmail.com

Прионы – инфекционные агенты белковой природы, открытые Прузинером в конце 20 века, а в последствии найденные во многих организмах. Прионы представляют собой амилоиды - агрегаты фибриллярной структуры, состоящие из растворимых в норме клеточных белков. В последние годы стали появляться данные о коагрегации разных белков в составе амилоидных агрегатов, и что агрегация одного белка может контролировать аналогичный процесс для другого. Обнаружение факторов [PSI⁺] и [PIN⁺] в дрожжах *Saccharomyces cerevisiae* стало первым примером существования «прионных сетей»: обязательным условием для появления [PSI⁺] de novo является присутствие [PIN⁺] в клетке. Прионные агрегаты Rnq1^p, которые присутствуют в клетках [PIN⁺], служат матрицей для агрегации белка Sup35^p, что приводит к появлению [PSI⁺]. При этом для последующей агрегации Sup35^p наличие другого фактора не обязательно. Данные исследований позволяют предположить наличие более сложных взаимодействий этими прионами. Белок Rnq1 с неизвестной клеточной функцией, может оказывать влияние на поддержание приона [PSI⁺]. В ходе работы мы охарактеризовали изменение свойств приона [PSI⁺] под действием двойных замен полярных аминокислот на заряженные Sup35^p в штамме с делецией гена *RNQ1*. В результате мы обнаружили, что эффект как минимум одной из исследованных мутаций (*sup35-M2*) зависит от наличия в клетке белка Rnq1, при его отсутствии она гораздо более эффективно изгоняет прион [PSI⁺]. Таким образом, если принять предположение, что белок Rnq1 может входить в агрегаты Sup35^p, то это, вероятно, может стабилизировать их, блокируя присоединение Sup35-M2^p, но оставляя возможность для присоединения белка дикого типа к фибрилле. Отсутствие такой «защиты» приводит к эффективной элиминации [PSI⁺].

Работа поддержана грантами РФФИ(16-04-00202, 16-34-60166), мероприятиями СПбГУ (1.50.1041.2014) и ресурсным центром «Молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ.

СЕЛЕКЦИЯ МЕДОНОСНЫХ ПЧЕЛ В РОССИИ

Бородачев А.В.¹, Савушкина Л.Н.¹, Бородачев В.А.¹

1. ФГБНУ "НИИ пчеловодства"

Автор, ответственный за переписку: Любовь Николаевна Савушкина,
gnuniirbee@mail.ryazan.ru

Исследования по селекции медоносных пчел направлены в последние годы на разработку новых методов сохранения генофонда, селекционное улучшение линий, типов, совершенствование приемов воспроизводства пчелиных маток.

Научно-исследовательский институт пчеловодства, определенный в качестве селекционно-информационного центра по породам пчел, обеспечивает научно-методическое руководство и координацию селекционно-племенной работы в отрасли, разработку селекционных программ, совершенствование методов селекции, подготовку научно-технической документации по ведению племенной работы с пчелами.

На огромной территории Российской Федерации вследствие разнообразия природно-климатических условий к разведению рекомендованы среднерусские, карпатские, серые горные кавказские и дальневосточные пчелы.

В результате целенаправленной селекционной работы на основе отобранного исходного материала выведены башкирская порода и ряд породных типов среднерусской породы: «Приокский», «Орловский», «Татарский», «Бурзьянская бортевая», карпатской – «Майкопский», серой горной кавказской – «Краснополянский», характеризующиеся повышенными продуктивными качествами и другими ценными признаками. В Государственный реестр Российской Федерации для разведения в России внесено 10 пород и породных типов пчел.

Сохранением пород, типов и популяций медоносных пчел занимаются заповедники, заказники и племенные хозяйства по разведению пчел.

Проведены исследования и дана молекулярно-генетическая характеристика аллелофонда среднерусской, карпатской, серой горной кавказской пород с использованием митохондриальной ДНК и микросателлитов ядерной ДНК.

Полученные данные по генетическим маркерам исследованных пород пчел будут использованы для разработки метода генетического контроля их происхождения и паспортизации.

Для ведения племенной работы в пчеловодстве подготовлен ряд нормативных документов: положение о государственном природном заказнике по сохранению генофонда аборигенной породы (популяции) медоносной пчелы, правила для отнесения хозяйств, занимающихся разведением пчел, к племенным, национальный стандарт на пчелиную матку, межгосударственный стандарт на пчелиную семью.

МИНОРНЫЕ КАРИОТИПИЧЕСКИЕ ПРИЗНАКИ В БОЛЬШОЙ ПРОБЛЕМЕ ВИДА

Булатова Н.Ш.,¹ Павлова С.В.¹

1. Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН (ИПЭЭ), Москва 119071, Ленинский пр 33

Автор, ответственный за переписку: Нина Шамильевна Булатова, ninbul@mail.ru

Увеличение биоразнообразия на генетической основе при изучении линнеевского вида заложено в методологии Н.И. Вавилова 1930-х г.г., следуя которой становится возможным и, более того, необходимым «... разграничивать основные категории, связанные с географическим и физиологическим обособлением, иногда сопровождаемым различиями по числу и по индивидуальности хромосом» (Вавилов, 1931). В этом ключе особого внимания заслуживает изучение разнообразия парапатрических геномных форм в природе, включая хромосомные, нередкие у видов млекопитающих и обнаруженные, в частности, с первых шагов кариотипирования одной из хорошо цитогенетически изученных групп российских грызунов - обыкновенных полевков. Эта группа *arvalis* (подрод и род *Microtus*), прежде единый евро-азиатский вид *Microtus arvalis* Pallas, уже почти полвека интересна для цитогенетики и ныне для геномики неистощимыми открытиями цитогенетической и генетической политипии. Минорные различия кариотипа на уровне локализации таких стандартных ядерных маркеров, как последовательности теломерной и рибосомальной ДНК, открытые ранее у двух кариоформ 46-хромосомного титульного вида группы, не вызывали особого внимания, пока не были выявлены у природного гибрида. Контрастные субхромосомные минорные различия, подобные ITS, рДНК и ЯОР, отмечены в морфологически стабильных парах 2 кариоформ и, следовательно, не могут быть объяснены классическим набором структурных преобразований хромосом. Их изучение ведет за рамки традиционных представлений о роли хромосомных перестроек для репродуктивной изоляции и, соответственно, возможном вкладе в видообразование. Исследование поддержано грантом РФФИ (15-04-03801).

НЕКОТОРЫЕ ИТОГИ СЕЛЕКЦИИ СМОРОДИНЫ ЗОЛОТИСТОЙ В РОССИИ

Бурменко Ю.В.¹, Литвинова Л.С.¹, Сорокопудов В.Н.²

1. ФГАОУ ВО «Белгородский государственный национальный исследовательский университет»
2. ФГБНУ "Всероссийский селекционно-технологический институт садоводства и питомниководства"

Автор, ответственный за переписку: Юлия Бурменко, burmenko_j@mail.ru

Первые сорта смородины золотистой в России получены М.Г. Абдеевой в Башкирском НИИСХ – Венера, Шафак, Ляйсан, районированные в 1999 г. Ей же в соавторстве в 2010 г. получены сорта Зарина, Находка и Фатима. С 1990 г. на Новосибирской ЗПЯОС им. И.В. Мичурина селекцией занимались В.Н. Сорокопудов и А.Е. Соловьева, которые вместе с Т.А.Кукушкиной из ЦСБС СО РАН в 2004 г. впервые для Сибири вывели сорта: Ермак, Изабелла и Мускат. С 1962 г. в НИИСС им. М.А. Лисавенко над выведением сортов работали П.С. Курочка и О.П. Елкина, затем работа была продолжена Л.С. Санкиным с В.С. Салькиной и И.П. Калининой. Итогом данной работы явилось создание сортов: Подарок Ариадне, Сибирское солнышко, Барнаульская, Левушка, Валентина, Ида, Дар Алтая, Отрада. Ю.К. Виноградовой вследствие работы по отбору образцов с выдающимися признаками в 1991 г. были выделены две формы: Хопер 2, Бузулук 3. В 2012 г. в Госсортоиспытание совместно с А.Г. Куклиной Ю.К. Виноградовой переданы сорта Мандаринка, Бузулук и Хопер. В Приуралье с 2000 г. Е.А. Гнусенковой на основе анализа изменчивых признаков в природных условиях Оренбургской области, было выделено 7 перспективных форм, которые на данный период времени проходят испытание на Оренбургской опытной станции ВСТИСП. В 2008 г. в ГНУ Бурятского НИИСХ Т.И. Ворониной и Н.К. Гусевой выведен сорт Байкальская Синева. Работа по селекции активна и в Мичуринске, там проходит интродукционное испытание 210 гибридных и 8 отборных сеянцев.

На сегодняшний день по РФ районировано 22 сорта смородины золотистой. Тем не менее, необходимость выведения устойчивых сортов для конкретных регионов из-за наличия разницы условий не снята и требует дальнейших исследований.

АГРЕССИВНОЕ ПОВЕДЕНИЕ ЧЕЛОВЕКА: ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ СЕРТОНИНЕРГИЧЕСКОЙ СИСТЕМЫ (5-HTTLPR, HTR1A, HTR2A), ЭТНИЧЕСКАЯ ПРИНАДЛЕЖНОСТЬ И ГЕНДЕРНЫЕ РАЗЛИЧИЯ

Бутовская М.Л.¹, Лазебный О.Е.², Бутовская П.Р.³, Куликов А.М.², Рысков А.П.⁴

1. ИЭА РАН
2. ИБР РАН
3. ИОГен РАН
4. ИБГ РАН

Автор, ответственный за переписку: Марина Львовна Бутовская,
marina.butovskaya@gmail.com

Современные знания о генетической основе агрессивного поведения человека противоречивы. Предполагается, что на генетическую предрасположенность к агрессии сильное влияние оказывают полиморфные генетические варианты серотонинергической системы через изменение уровня серотонина в центральной и периферической нервной системе. Известен ряд генов-кандидатов, связанных с функционированием серотонинергической системы, среди которых гены транспортера (5-HTT) и рецепторов серотонина (5-HT1A и 5-HT2A).

Большинство исследований, ориентированных на изучение связи между полиморфизмом генов серотонинергической системы и агрессивным поведением, были проведены в промышленных обществах, причем в основном имели дело с различными типами психопатологий и расстройств. Однако чтобы понять общие закономерности, необходимо кросс-культурное исследование, в том числе представителей традиционных и промышленных популяций. Цель настоящего исследования: оценить влияние трех генов, связанных с серотонинергической системой (транспортера серотонина, 5-HTTL, и двух рецепторов серотонина, S1A и S2A) и агрессии у представителей четырех популяций человека: двух сельских традиционных африканских племен, хадза и датога, и двух городских популяций из России, в лице русских и ханты-мансийских студентов. Размер общей выборки составил 853 человека со средним возрастом 29 лет и диапазоном возрастов от 18 до 80 лет. Уровень агрессивности оценивался с помощью стандартного опросника Басса-Перри, генотипирование исследованных локусов проводилось стандартными методами.

Результаты пятифакторного (полиморфизмы трех генов-кандидатов, пол и этничность) дисперсионного анализа показали сильное влияние пола на физическую агрессию, а также значимое влияние полиморфизма второго рецептора серотонина и этничности на физическую агрессию и гнев. Анализ влияния комбинаций аллелей исследованных локусов с помощью программы APSampler на физическую агрессию и гнев выявил ряд комбинаций от одного до пяти аллелей, оказывающих значимое влияние на изученные признаки. Полученные данные обсуждаются в свете этнических и культурных различий.

ВЛИЯНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА 1192-465A>G (T/C) ГЕНА ЦИТОХРОМ P450 НА РАЗВИТИЕ АРТЕРИАЛЬНОЙ ГИПЕРТОНИИ

Быканова М.А.¹, Солодилова М.А.¹

1. Курский государственный медицинский университет

Автор, ответственный за переписку: Марина Алексеевна Быканова,
marina.bickanova@yandex.ru

По данным исследования программы «Профилактика и лечение артериальной гипертонии (АГ) в Российской Федерации» от 2012г. количество больных с АГ достигает 41,6 млн. человек, хотя по данным официальной статистики, в нашей стране зарегистрировано всего 7,2 млн. больных. Особенно опасно, что АГ — это также фактор риска для многих других заболеваний, таких как инфаркт миокарда и мозговой инсульт. В родословных больных АГ можно проследить отягощенный семейный анамнез по данному заболеванию. Генетическая составляющая патогенеза не рассмотрена в полной мере, но установлены сотни генов-кандидатов предрасположенности к гипертонической болезни. Так ген цитохром P450 семейства 2 подсемейства J, вовлеченный в метаболизм некоторых ксенобиотиков, а также отвечающий за синтез ферментов метаболизма арахидоновой кислоты, возможно влияет на развитие заболевания.

В настоящем исследовании была изучена ассоциация полиморфизма 1192-465A>G (T/C) вышеуказанной группы семейства цитохромов P450 с развитием АГ.

В ходе исследования обследовано 820 больных АГ и 609 здоровых индивидов, русской национальности, проживающих на территории Курской области. Генотипирование образцов по полиморфизму 1192-465A>G (T/C) гена цитохром P450 проводилось методом мультиплексного генотипирования SNP с помощью масс-спектрометрии MALDI-TOF на основе аналитической платформы MassArray (фирма Sequenom). Распределения генотипов соответствовали равновесию Харди-Вайнберга для исследованного полиморфизма. Частоты генотипов AA, AG и GG полиморфизма 1192-465A>G (T/C) гена цитохром P450 были следующими: 68.0%, 30.0% и 2.0% у больных АГ и 73,7%, 24,5% и 1,8% у здоровых.

Результат показал, что сочетания генотипов полиморфных вариантов гена цитохром P450 между группами больных и здоровых значимо не отличаются ($p>0.05$), но гетерозиготный генотип у больных встречается чаще чем у здоровых. Исходя из полученных данных, определили что полиморфизм 1192-465A>G (T/C) не оказывает влияния на риск развития АГ в Курской популяции.

СТЕРИЛЬНАЯ ЦИТОПЛАЗМА КАК ФАКТОР, МОДИФИЦИРУЮЩИЙ ЭКСПРЕССИЮ БИОЛОГИЧЕСКИ И ХОЗЯЙСТВЕННО-ЦЕННЫХ ПРИЗНАКОВ У ЗЕРНОВОГО СОРГО

Бычкова В.В.¹, Эльконин Л.А.²

1. ФГБНУ «Российский научно-исследовательский и проектно-технологический институт сорго и кукурузы»
2. Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Юго-Востока

Автор, ответственный за переписку: Вера Валерьевна Бычкова, bychkova_vv@list.ru

Диверсификация типов стерильных цитоплазм позволяет расширять генетическое разнообразие ЦМС-линий, используемых в селекции гетерозисных гибридов. В течение 3 сезонов (2010, 2012, 2013) исследовали параметры фотосинтеза, урожайность зерна, биомассы и содержание белка в зерне у гибридов F₁ сорго, полученных на основе двух наборов изоядерных ЦМС-линий с разными типами стерильных цитоплазм: А3, А4, 9Е (с геномом линии Желтозерное 10) и М35-1А и 9Е (с геномом линии Пищевое 614). В качестве опылителей использовали сорта Меркурий и Пищевое 35. Установлено, что тип стерильной цитоплазмы влияет на величину фотосинтетического потенциала (ФП) и чистой продуктивности фотосинтеза (ЧПФ) у гибридов F₁. Проявление цитоплазматических различий зависит от условий внешней среды и генотипа опылителя. У гибридов с Меркурием значимые эффекты типа цитоплазмы на параметры фотосинтеза в среднем за 3 сезона наблюдались на всех стадиях онтогенеза, тогда как у гибридов с Пищевым 35 – только на стадии «кущение-выметывание». Цитоплазма А3 снижала величину ФП, цитоплазма 9Е повышала показатели ФП и ЧПФ, особенно в жарких и засушливых условиях. Цитоплазма М35-1А также снижала ФП, но значимые различия в среднем за 3 года наблюдались не на всех стадиях онтогенеза. Цитоплазма 9Е повышала урожайность биомассы (в комбинациях с Меркурием), как по сравнению с цитоплазмами А3 и А4, так и с М35-1А. В гибридных комбинациях Желтозерное 10 / Меркурий цитоплазма А3 значительно повышала урожайность зерна, тогда как в комбинациях Пищевое 614 / Пищевое 35 цитоплазма 9Е превосходила цитоплазму М35-1А как по урожайности зерна, так и по содержанию белка в зерне. Полученные данные свидетельствуют о влиянии типа стерильной цитоплазмы на проявление хозяйственно-ценных признаков у гибридов зернового сорго.

ХИМИЧЕСКИЙ МУТАГЕНЕЗ И.А. РАПОПОРТА. ПРИМЕНЕНИЕ В СЕЛЕКЦИИ И РАСТЕНИЕВОДСТВЕ

Вайсфельд Л.И.¹, Бабаев Е.В.²

1. Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля Российской академии наук
2. Химический факультет МГУ им. Ломоносова

Автор, ответственный за переписку: Лариса Ильинична Вайсфельд, liv11@yandex.ru

Химический мутагенез И.А. Рапопорта, внедренный им в сельскохозяйственную практику, значительно расширил возможности получения исходного селекционного материала в микробиологии и растениеводстве. Предварительно он испытал огромное число химических веществ, вызывающих мутации у дрожофилы и у сельскохозяйственных растений. В Институте химической физики РАН СССР И.А. организовал синтез мутагенов. К применению он предложил ряд нитрозосоединений, диметилсульфат и этиленимин. При поддержке АН СССР он создал научно-практическое направление, проводил ежегодное обучение специалистов СССР и стран социалистического лагеря. Это было особенно ценно после мрачных лет безграмотности периода лысенковщины. За 30 лет внедрения метода химического мутагенеза было создано около 400 сортов сельскохозяйственных растений. С уходом И.А. Рапопорта из жизни прекратился систематический синтез мутагенов, постепенно затухло их применение. Однако необходимость увеличения разнообразия селекционного материала осталась проблемой, особенно в современных условиях ведения хозяйства, промышленного загрязнения окружающей среды и на фоне климатических катаклизмов. В 2014 году удалось возобновить синтез препарата этилениминового ряда - 2-амидопиримидилфосфорная кислота, называемого фосфемид (синоним - фосфазин). В 60-70-е годы 20-го века фосфазин был синтезирован во Всесоюзном научно-исследовательском химико-фармацевтическом институте, испытан и рекомендован в качестве противоопухолевого препарата. В эти же годы нами был выявлен мутагенный эффект препарата на цитогенетическом уровне – на культуре фибробластов человека и мыши, на семенах и проростках *Crepis capillaris* L. В последние годы в Тюменском государственном университете при действии фосфемиды были созданы хозяйственно-ценные мутанты на яровой и озимой пшенице и на дрожжах *Candida mucosa*. На двух сортах яровой пшеницы из мировой коллекции ВИРа и их гибриде F₄ при действии фосфемиды получены устойчивые к болезням селекционно-ценные генотипы (см. Боме и соавторы в настоящем сборнике).

ОНКОМАРКЕРЫ РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ У СОБАК И КОШЕК

Вакуленко М.Ю.¹

1. ЮФУ

Автор, ответственный за переписку: Майя Юрьевна Вакуленко, nikdentella-22@yandex.ru

В современной медицине для диагностики и мониторинга лечения онкологических заболеваний широко используются различные онкомаркеры, но в ветеринарной практике их использование пока находится на стадии разработки. Опираясь на опубликованные данные, на сегодняшний день можно перечислить следующие онкомаркеры, приемлемые для использования в онкологической практике ветеринарной медицины. У собак, PCNA и Ki67 могут быть использованы как маркеры, показывающие соотношение пораженных раком клеток к общему количеству здоровых и больных клеток. PCNA индекс показал хорошую взаимосвязь с митотическим индексом. [1] PCNA и Ki67 имеют обратную корреляцию с экспрессией α рецепторов эстрогена. [2] Увеличение Ki67 индекса наблюдалось вместе с прогрессированием стадии рака, с увеличением индекса на последних стадиях карциномы. Высокие значения Ki67 индекса также были связаны с некоторыми клиническими и гистологическими изменениями, такими как размер лимфоузлов и вовлечение их в метастазирование, и, следовательно, время выживания значительно уменьшалось у собак с высоким уровнем Ki67 индекса. [3,4,5,6]. Для диагностики рака молочной железы у собак могут быть использованы такие продукты протоонкогенов как циклин А и циклин Д, уровень экспрессии которых повышается в злокачественных раковых клетках молочной железы у собак. [7] При анализе образцов аденом и метастазированных опухолей молочной железы у собак было выявлено понижение экспрессии SATB1. [8] У кошек в 55% образцах опухолей молочной железы подтвердилась оверэкспрессия ERBB2 и были выявлены 5 полиморфизмов данного гена 2 из которых, возможно связаны с возникновением и развитием рака молочной железы. Повышение экспрессии ERBB2 у кошек достоверно связано с неблагоприятным прогнозом течения болезни. [9] У собак образцы злокачественных опухолей молочной железы содержат повышенный уровень IGF1 по сравнению с образцами доброкачественных опухолей [10] Некоторые исследования показали, что с увеличением стадии злокачественности рака уменьшается экспрессия рецепторов эстрогена, по сравнению со здоровой тканью, так что, развитие раковой опухоли может сопровождаться возрастанием резистентности к пролиферативной стимуляции. [11,12] Поэтому, поведение стероидных рецепторов при появлении и развитии рака молочной железы у собак не может быть использовано как независимый фактор диагностики и мониторинга онкологии молочной железы. Снижение экспрессии гена BRCA1 и BRCA2 в образцах опухолей молочной железы, по мнению некоторых авторов, является возможным механизмом, объясняющим развитие опухоли молочной железы у собак и кошек.

Список литературы: [1] Klopffleisch R. et al. Vet. Path., 2011, 48(1), 98-116. [2] Geraldес M. et al., 2000, 146, 403–406. [3] Löhr C.V. et al., Vet. Path. 1997, 34, 212–221. [4] Penã L.L. et al., J Vet Diagn Invest, 1998,10, 237–246. [5] Preziosi R. et al., J Comp Pathol, 1995, 113,301–313. [6] Sarli G. et al., J Vet Diagn Invest, 2002, 14, 25–34. [7] Murakami Y. et al., J Vet Med Sci 2000, 62,743–750. [8] Klopffleisch R. et al., Vet Pathol,2010, 47, 446–454. [9] Santos S. et al., Int.J. Mol.Sci., 2012, 13, 2783-2800. [10] Queiroga F.L. et al., J Steroid Biochem Mol Biol, 2008, 110,76–11. [11] .Chang C.C. et al., J Am Vet Med Assoc, 2009, 235.391–396. [12] de Las Mulas J.M. et al., Vet Pathol, 2005, 42, 200–2.

ПРЕНАТАЛЬНОЕ УЗИ ИССЛЕДОВАНИЕ ПО ВЫЯВЛЕНИЮ ВРОЖДЕННЫХ РАСЩЕЛИН ГУБЫ И НЕБА В КРАСНОДАРСКОМ КРАЕ

Васильев Ю.А.¹, Редько А.Н.¹, Удина И.Г.²

1. Кубанский Государственный Медицинский Университет
2. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова, Россия, Москва, 119991

Автор, ответственный за переписку: Юрий Анатольевич Васильев, yurii-59@mail.ru

Пrenатальное 2D УЗИ исследование проводят три раза на 12, 18-24 и 32-34 неделях беременности. Изучено выявление расщелин губы и неба (диагнозы Q36, Q35 и Q37 по МКВ-10) с помощью УЗИ посредством устного опроса матерей, родивших детей с данной патологией в Краснодарском крае за период 2012-2014гг. (358 случаев). Расщелины выявлены на втором и третьем УЗИ: расщелины неба выявлены всего в 5,6% случаев, а расщелины губы (Q36 от Q37) в 33,8% случаев. Важность пренатального УЗИ выявления патологии предопределена не только необходимостью подготовки родителей для скорейшего и правильного проведения реабилитации больных детей, но и тем фактом, что зачастую расщелины губы и неба имеют сопутствующую патологию других органов, например, сердца, и хромосомные аномалии. Для изолированной расщелины неба сопутствующая патология составляет от 7,6% до 41,4%, а в сочетании с расщелиной неба - от 21,1% до 61,2%, для расщелины губы – от 22,2% до 78,3%. Хромосомные аномалии чаще наблюдают для случаев с сопутствующей патологией. Раннее выявление сопутствующих заболеваний важно для успешной реабилитации. Для выявления расщелины неба необходимо 3D УЗИ. Рассмотрение этических моментов возможного прерывания беременности из-за установленной патологии расщелины губы или неба необходимо для разработки соответствующих регламентов.

ИЗУЧЕНИЕ МЕХАНИЗМА УСТОЙЧИВОСТИ МУТАНТНОГО ШТАММА *S. fradiae* PadR-, УСТОЙЧИВОГО К ПРОИЗВОДНОМУ ОЛИГОМИЦИНА А – НИТРОНОЛИГОМИЦИНУ

Ватлин А.А.¹, О.Б. Беккер¹, В.Н. Даниленко¹

1. ФАНО России ФГБУН «ИОГен им Н.И. Вавилова» РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Алексей Александрович Ватлин,
vatlin_alexey123@mail.ru

Штамм *Streptomyces fradiae* ATCC19609 является сверхчувствительным к олигомицину А. Невозможность получения мутантов устойчивости позволило предположить наличие дополнительных биомишеней олигомицина А (кроме известной - F0F1 АТФ-синтазы). Для изучения механизма устойчивости нами был получен мутантный штамм, устойчивый к производному олигомицина А (нитрон-олигомицин) со сниженной активностью. Фенотип мутантного штамма – слабоспорулирующий. Нами было проведено полногеномное секвенирование мутантного штамма (LGSP01000001). При проведении сравнительного геномного анализа нами была обнаружена мутация в гене *padR* (KDS89815.1) – полифункциональном транскрипционном регуляторе, которая привела к аминокислотной замене Н(24)R в ДНК-связывающем высококонсервативном районе (98% гомологии у семейства стрептомицетов). Функция транскрипционных регуляторов семейства PadR может заключаться в контроле экспрессии генов, участвующих в процессе возникновения множественной лекарственной устойчивости бактерий. При проведении масс-спектрометрического анализа белковых фракций везикул было выявлено количественное изменение некоторых белков. У мутантного штамма наблюдалось количественное увеличение двух ABC транспортеров и щелочной фосфатазы, и отсутствовала аланиндегидрогеназа, которая вовлечена в процесс спорообразования у стрептомицетов.

Биоинформатический анализ генома *S. fradiae* ATCC19609 выявил предполагаемый сайт-связывания белка PadR. Он находится на расстоянии в 13 п.н. от транскрипционного фактора MarR, который вовлечен в процесс регуляции спорообразования у стрептомицетов. Для проверки предположения о регуляции белком PadR гена *marR* нами была проведена индукция мутантного штамма и штамма дикого типа нитрон-олигомицином. Наблюдалось значимое изменение экспрессии гена MarR у дикого типа, в то время как при индукции мутантного штамма изменение экспрессии не наблюдалось.

Это позволило выдвинуть предположение, что ген PadR, в котором мы обнаружили SNP у мутантного штамма, может быть вовлечен в контроль транспорта антибиотика из клетки, а также в контроль других генов, отвечающих за морфологию, развитие воздушного мицелия и спорообразования.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЕ НАРУШЕНИЯ В СТАБИЛЬНЫХ И НЕСТАБИЛЬНЫХ АЛЛЕЛЯХ WHITE-ГЕНА *Drosophila melanogaster*

Ваулин О.В.¹, Волошина М.А.¹, Коромыслов Ю.А.¹, Захаров И.К.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук

Автор, ответственный за переписку: Олег Викторович Ваулин, oleg.v.vaulin@mail.ru

Изучались линии *Drosophila melanogaster*, из популяций Сахалин, 2014 г. (линия S46) и Нальчик (Кабардино-Балкария, 2014 г., линия N119), которые характеризовались нестабильностью гена *white*. При лабораторном разведении этих линий выщеплялись аллели, имеющие нормальную, белую и промежуточные варианты окраски глаз. Проведено молекулярно-генетическое изучение таких аллелей, а так же других *white*-линий, из фонда лаборатории генетики популяций института. Подбирались пары праймеров, соответствующие различным участкам гена *white*. Шесть таких пар перекрывали кодирующую часть гена. Изучено 73 сублинии, из которых 13 - из фонда лаборатории, две исходные линии дикого типа, S46 и N119, давшие серии нестабильных *white*-мутаций, нестабильная по другим локусам линия NS13 из популяции Новосибирска, 20 линий, несущих аллель w^{S46} и его производных с Сахалина, 37 линий, несущих аллель w^{N119} и его производных, из Кабардино-Балкарии.

Большинство повреждений ДНК ограничивались участком, включающим 1-й экзон (34 сублинии). Среди них 4 случая сопровождалась встройками фрагментов ДНК, протяжённостью около 800 п.н., один – делецией, протяжённостью около 200 п.н.; в 29 случаях – ПЦР-продукт не получен.

Встроившиеся фрагменты ДНК не имеют гомологии с известными последовательностями *Drosophila melanogaster*. Полная делеция гена *white* отмечена в 4-х случаях с полным проявлением мутантного фенотипа, относящихся только к отводкам линии N119. В 22-х случаях для всех шести фрагментов ДНК получен нормальный ПЦР-продукт. Часть этих линий – ревертанты к дикому типу, часть – имеет мутантный цвет глаз (белый, вишневый или оранжевый). Обилие повреждений в начале гена может указывать на многочисленность сайтов предпочтительного встраивания мобильных элементов в этой части гена *white Drosophila melanogaster*.

Работа поддержана программой фундаментальных исследований СО РАН «Интеграция и развитие» 1.29.

РАДИАЦИОННО-ИНДУЦИРОВАННОЕ УВЕЛИЧЕНИЕ ПРОЛИФЕРАТИВНОГО ПОТЕНЦИАЛА ФИБРОБЛАСТОВ ЧЕЛОВЕКА

Велегжанинов И.О.¹, Ермакова А.В.¹, Клоков Д.Ю.²

1. Институт биологии Коми НЦ УрО РАН
2. Canadian Nuclear Laboratories

Автор, ответственный за переписку: Илья Олегович Велегжанинов, vellio@yandex.ru

Ионизирующее излучение в высоких дозах вызывает преждевременное наступление клеточного старения и подавляет пролиферацию клеток млекопитающих. Однако, за последние три десятилетия было многократно показано, что облучение в малых дозах, как острое, так и хроническое, может активировать сигнальные каскады MAPK/ERK и PI3K/AKT/mTOR, приводя к стимуляции пролиферации клеток. Мы поставили перед собой цель проанализировать, не приводит ли радиационно-индуцированное усиление пролиферации к ускоренному истощению пролиферативного потенциала и раннему наступлению клеточного старения. Мы облучили эмбриональные фибробласты лёгких человека (ФЛЭЧ-104) на 21-23 пассажах в дозах 1, 3, 5, 9, 12, 15, 20, 50, 100 и 200 сГр и проанализировали динамику накопления стареющих клеток в облучённых культурах в плоть до полной остановки роста. Долю стареющих клеток оценивали с помощью окрашивания X-gal. Кроме того, с помощью ОТ-ПЦР оценивали экспрессию генов *p21* и *p16*. В аналогичной серии экспериментов анализировали динамику пролиферации клеток путём оценки роста культуры простым подсчётом, а также с помощью метода FMCA. Впервые показано, что облучение в дозах 3 и 5 сГр приводит к замедлению клеточного старения фибробластов лёгких эмбриона человека и одновременной стимуляции пролиферации, то есть к увеличению пролиферативного потенциала. Мы предполагаем, что увеличение пролиферативного потенциала фибробластов является следствием более редкого наступления преждевременного стресс-индуцированного клеточного старения.

Работа поддержана грантом Российского Фонда Фундаментальных Исследований № 16-34-00367.

МОЛЕКУЛЯРНАЯ ФИЛОГЕНЕТИКА КАК ИНСТРУМЕНТ ДЛЯ ДЕЛИМИТАЦИИ ВИДОВ ДВОЙНИКОВ (НА ПРИМЕРЕ БАБОЧЕК-ГОЛУБЯНОК КОМПЛЕКСА *Polyommatus ripartii* (*Lepidoptera, Lycaenidae*))

Вишневецкая М.С.¹, Лухтанов В.А.², Сайфитдинова А.Ф.¹

1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Санкт-Петербургский государственный университет», г. Санкт-Петербург, Университетская наб., 7/9, 199034
2. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Зоологический институт Российской академии науки, г. Санкт-Петербург, Университетская наб. д. 1, 199034

Автор, ответственный за переписку: Мария Сергеевна Вишневецкая, wishm@yandex.ru

Комплекс *Polyommatus ripartii* можно назвать камнем преткновения в изучении систематики рода *Polyommatus* ввиду наличия большого количества криптических видов. Для решения проблемы идентификации видов в середине прошлого столетия начали использовать методы кариологии, что привело к описанию значительного числа новых видов на основе различий в хромосомных числах, которые в пределах всего рода варьируют от $n=19$ до $n=125$. Однако, цитогенетических данных не всегда достаточно для выделения новых видов. Поэтому для более точной делимитации видов были использованы методы молекулярной филогенетики.

В нашем исследовании, основываясь на методах молекулярной систематики и данных кариологии, мы попытались установить филогенетические взаимоотношения между таксонами, обитающими на территории Балканского полуострова. Были исследованы шесть таксонов, известных с этой территории: *ripartii*, *admetus*, *nephoiptamenos*, *aroaniensis*, *orphicus* и *eleniae*. Мы провели анализ молекулярных маркеров COI и ITS2, получили филограммы и сети, и соотнесли эти данные с цитогенетическими данными. Это позволило нам сделать следующие выводы: вид *P. ripartii* на Балканском полуострове представлен самостоятельным подвидом *pelopi*; таксон *P. admetus*, собранный на Балканском полуострове образует отдельный кластер от особей *admetus* из Передней Азии; таксон *nephoiptamenos* имеет точечный ареал обитания в Северной Греции, и сохраняет генетическую дискретность, несмотря на контакт с *ripartii*; таксоны *eleniae* и *orphicus* представляют самостоятельные виды; таксон *aroaniensis* также является самостоятельным видом, распространение которого ограничено южной Грецией. В целом, полученные данные указывают на то, что генетическое и таксономическое разнообразие комплекса значительно выше, чем это предполагалось ранее.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 14-14-00541, с использованием приборной базы ресурсных центров «Хромас» и «РМиКТ» (СПбГУ, Научный парк) и лаборатории Кариосистематики (ЗИН РАН)

ИССЛЕДОВАНИЕ ЗОЛЬНОГО СОСТАВА ПЕРИКАРПА ОБРАЗЦОВ *Lupinus angustifolius* L., РАЗЛИЧАЮЩИХСЯ ПО УСТОЙЧИВОСТИ К РАСТРЕСКИВАНИЮ БОБОВ

Власова Е.В.¹, Мотылева С.М.¹, Мертвищева М.Е.¹, Горбунова Ю.В.¹

1. ФГБНУ ВСТИСП

Автор, ответственный за переписку: Елена Викторовна Власова, stevlas@yandex.ru

В настоящее время известно два неаллельных гена *ta* и *le*, обеспечивающих устойчивость к растрескиванию бобов у селекционных форм *Lupinus angustifolius* L. Под влиянием гена *ta* происходит слияние двух противоположных тяжей склеренхимной ткани, окаймляющих проводящие пучки со стороны шва и средней жилки боба. Ген *le* экспрессируется в структурных изменениях в эндокарпе створок, препятствующих деформации плодов при созревании, а также пурпурно-коричневой пигментации пергаментного слоя. Действие каждого из генов приводит к снижению растрескиваемости бобов. Присутствие обоих генов в генотипе обеспечивает нерастрескиваемость.

С целью установления биохимических изменений в створках бобов под влиянием генов *ta* и *le* исследовали зольный состав перикарпия у трех групп образцов *L. angustifolius* L. из коллекции ВИР (по четыре образца в каждой группе): нерастрескивающиеся (с генами *ta* и *le*); с ограниченным растрескиванием (ген *le*); растрескивающиеся. Установлены достоверные различия между группами образцов по процентному содержанию серы, селена, натрия.

По сравнению с растрескивающимися формами, перикарпий образцов первой и второй групп (с двумя генами *ta* и *le* либо одним геном *le*) содержит больше селена (в 2,1 раза). У образцов с двумя генами *ta* и *le* обнаружено также повышенное содержание натрия (в 2,4 раза) и серы (в 1,4 раза). А у образцов с геном *le* содержание натрия понижено (в 1,9 раз).

Полученные данные позволяют выдвинуть предположение, что повышенное накопление селена в перикарпии связано с экспрессией гена *le*, а натрия и серы - с реализацией гена *ta*.

СОСТАВ БЕЛКОВ НА ПОВЕРХНОСТИ НАНОЧАСТИЦ СУЛЬФИДА СЕРЕБРА, ПОЛУЧЕННЫХ МЕТОДОМ БИОСИНТЕЗА С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАЗЛИЧНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ

Воейкова Т.А.¹, Журавлева О.А.^{1,2}, Булушова Н.В.¹, Кубасова Т.С.¹, Исагулова Т.Т.³,
Вейко В.П.⁴, Шайтан К.В.⁵, Дебабов В.Г.¹

1. ФГУП Государственный научно-исследовательский институт генетики и селекции промышленных микроорганизмов, 117545, Москва, 1 Дорожный проезд, д.1
2. Институт Биохимической технологии и нанотехнологии РУДН, 117198, Москва, ул. Миклухо-Маклая, д.10, к.2
3. МГУ имени М.В.Ломоносова, 119991, Москва, Ленинские горы, д.1
4. Институт биохимии им. А.Н. Баха РАН, 119071, Москва, Ленинский проспект, 33
5. МГУ имени М.В.Ломоносова, 119991, Москва, Ленинские горы, д.1. Институт химической физики им. Н.Н.Семенова РАН, 119334, Москва, ул. Косыгина, 4

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Александровна Воейкова,
voeikova.tatyana@yandex.ru

С помощью микроорганизмов можно получать наночастицы металлов, сульфидов и оксидов металлов. При биосинтезе образуются наночастицы различной формы и размера, стабильные, длительное время не агрегирующие в водных суспензиях. Однако механизмы бактериального синтеза наночастиц и их стабилизации полностью не выяснены. Показано, что в случае биогенного получения поверхность наночастиц покрыта гидрофильными молекулами – белкам/пептидами, полисахаридами и другими биополимерами. Удаление белков с поверхности наночастиц приводит к их агрегации. В научной литературе практически нет исследований, посвященных изучению качественного и количественного состава макромолекул, сорбированных на поверхности наночастиц. В настоящей работе мы провели анализ белков, адсорбированных на поверхности наночастиц сульфида серебра, полученных в растворе солей азотнокислого серебра и тиосульфата натрия в присутствии бактерий различных таксономических групп. Были использованы бактериальные штаммы *Shewanella oneidensis* MR-1, *Escherichia coli* K-12 и *Bacillus subtilis* 168, геномы которых полностью аннотированы. Размеры наночастиц в зависимости от использованного штамма варьировали от 5 до 40 нм. Белки с поверхности наночастиц сульфида серебра были экстрагированы в денатурирующих условиях, разделены методом белкового электрофореза в полиакриламидном геле и проанализированы методом MALDI –TOF/TOF масс-спектрометрии. Установлено, что состав белков, покрывающих наночастицы, различается в зависимости от вида микроорганизма, использованного для получения наночастиц, и повторяется в серии экспериментов. Наибольшее количество белков на поверхности наночастиц наблюдали при использовании *S. oneidensis* MR-1. Выявлено, что белки, сорбированные на поверхности наночастиц, являются белками внешних мембран микроорганизмов, использованных для биосинтеза наночастиц, и представлены различными поринами, семействами белков TonB, TolC, FadL, флагеллинами.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 16-04-00471), Программы Президиума РАН (№ 24) и Министерства образования и науки РФ.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ ЭКСПРЕССИВНОСТИ ПРИЗНАКА *radius incompletus Drosophila melanogaster* ПРИ ДОБАВЛЕНИИ В ПИЩУ МЕТАБОЛИТОВ ФОЛАТНО-МЕТИОНИНОВОГО ЦИКЛА

Волкова Н. Е.¹, Филипоненко Н. С.¹, Воробьёва Л. И.¹

1. Харьковский национальный университет имени В. Н. Каразина

Автор, ответственный за переписку: Наталья Евгеньевна Волкова, volkova_natalya@bk.ru

Целью данной работы было установить, каким образом избыток некоторых (ключевых) метаболитов фолатного-метионинового цикла (фармакологические препараты Фолиевая кислота и Метионин, биологически активная добавка «Бетаин») в рационе *Drosophila melanogaster* сказывается на экспрессивности признака *radius incompletus*. Обмен фолатов, как известно, является поставщиком одноуглеродных химических групп для ряда жизненно важных процессов клетки, таких как биосинтез пуриновых нуклеотидов, регенерация метионина и метилирование ДНК, РНК и белков, а, следовательно, непосредственно касается регуляции активности генов. Именно это обусловило выбор добавок для проведения исследования. Экспериментальную часть работы проводили с использованием линии *D. melanogaster* с генной мутацией *radius incompletus (ri)*. Экспрессивность признака *radius incompletus D. melanogaster* оказалась удобной моделью с хорошо изученным механизмом генетического контроля для оценки влияния различных факторов. Установлено, что избыток фолиевой кислоты, метионина или бетаина (в заданных концентрациях) в питательной среде влияет на экспрессивность признака *radius incompletus D. melanogaster* ($F = 10,80$, $p < 0,05$). Направление и сила действия зависит от пола особи ($F = 24,75$, $p < 0,05$), которая прошла полный цикл развития на среде с добавкой. Более чувствительными являются самки. Каждая из использованных добавок характеризовалась специфическим действием на экспрессивность признака *radius incompletus D. melanogaster*: под воздействием бетаина существенно снизилось проявление признака у самок, но не у самцов; при действии фолиевой кислоты в исследуемой концентрации сохраняются пол-специфические различия в значениях исследуемого показателя; на среде с метионином наблюдалось снижение средних значений изучаемого показателя при увеличении вариативности особей. Оценка по показателю флуктуирующей асимметрии подтвердила более стабильное развитие самцов в изменяющихся условиях, по сравнению с самками.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ НЕКОТОРЫХ ЦИТОКИНОВ ПРИ АНТРАКОСИЛИКОЗЕ РАБОТНИКОВ УГОЛЬНЫХ ШАХТ

Волобаев В.П., Калюжная Е.Э.¹

1. Кемеровский Государственный Университет

Автор, ответственный за переписку: Валентин Павлович Волобаев, kitsuneoni42@gmail.com

Антракосиликоз (АС) - тяжелое заболевание характеризующееся обширными фиброзными поражениями легочной ткани, которое может развиваться и прогрессировать даже после того, как хроническое воздействие угольной пыли прекращается. Хроническая экспозиция легочной ткани угольной пылью приводит к развитию воспаления и пролиферации интерстициальных клеток. Полиморфизмы генов провоспалительных цитокинов IL-1b T-511C (rs16944), IL-6 C-174G (rs 1800795), IL-12b A1188C (rs 3212227) и фактора роста эндотелиальных сосудов VEGFA C634G (rs2010963) оказывают влияние на функциональную активность вырабатываемых ферментов или величину их экспрессии, тем самым они должны оказывать влияние на развитие АС.

Материалом для исследования послужила венозная кровь 70 шахтеров мужского пола, работающих на угольных шахтах Кемеровской области и страдающих АС. В группу контроля вошли 80 работников без патологии. Средний возраст и стаж в группах был сравнительно идентичным. Экстракцию ДНК проводили фенол-хлороформным методом. Генотипирование проводили с помощью методики аллель специфичной ПЦР с электрофоретической схемой детекции результатов. Частоту генотипов в группах сравнивали при помощи критерия Стьюдента для выборочной доли, частоту аллелей – критерием χ^2 .

Для полиморфизма гена IL-6 C-174G выборке больных АС в сравнении с контрольной группой значимо увеличена частота генотипа G/G ($43,27 \pm 1,98$ против $17,76 \pm 4,88$, $\chi^2=4,97$, $df=2$, $p<0,05$). Полиморфизмы генов IL-1b T-511C, IL-12b A1188C не имели значимых ассоциаций с наличием АС. Частота генотипа G/G фактора роста эндотелиальных сосудов достоверно выше у рабочих страдающих АС ($28,15 \pm 3,18$ против $9,66 \pm 1,78$, $\chi^2=5,89$, $df=2$, $p<0,05$), частота генотипа C/C для этой выборки была наоборот снижена ($34,42 \pm 2,46$ против $61,93 \pm 4,77$, $\chi^2=6,12$, $df=2$, $p<0,05$).

В результате исследования выявлена ассоциация полиморфизмов генов IL-6 C-174G и VEGFA C634G с наличием АС.

ВЫСОКАЯ МУТАБИЛЬНОСТЬ В ПРИРОДНЫХ ПОПУЛЯЦИЯХ *Drosophila melanogaster* САХАЛИНА

Волошина М.А.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук

Автор, ответственный за переписку: Марина Александровна Волошина, marina5@bionet.nsc.ru

Проведен скрининг генофонда природных популяций *Drosophila melanogaster* острова Сахалин. Сбор мух проводился в 2014 (Томари) и 2015 (Южно-Сахалинск) годах. Оценивали концентрацию видимых мутаций, частоту возникновения доминантных мутаций и стабильность выделенных аллелей.

В популяции Томари-2014 из 109 основанных изосамочьих линий 66 % содержали хотя бы одну видимую мутацию, а в популяции Южно-Сахалинск-2015 из 257 линий – 38 %.

Часть вновь возникших мутаций оказались нестабильными. Из Томари-2014 выделены два нестабильных аллеля генов *lozenge* и *white* X-хромосомы, а также один доминантный нестабильный аллель в хромосоме 3. Отметим, что некоторые аллели были нестабильны в исходных линиях, без скрещивания с лабораторными. Также наблюдалась высокая частота возникновения доминантных мутаций в локусах *Notch* и *Delta* (в 7 линиях из 109). В популяции Южно-Сахалинск-2015 доминантные мутации возникли в 6 линиях из 257.

В популяции 2015 г. из локусов X-хромосомы наиболее часто мутирующим оказался *lozenge*: в двух различных линиях независимо возникли *de novo* два нестабильных аллеля - lz^{S27} и lz^{S53} . Частота их мутирования сразу после выделения достигала нескольких процентов. Среди мутантных производных есть как стабильные, так и нестабильные. Кроме того, в трех линиях возникли мутанты *singed*, два из них - нестабильны. Особенностью всех линий с нестабильными аллелями является периодическое возникновение в них мутаций и в других локусах: *white*, *yellow*, *rudimentary*, *furrowed*, *dusky*.

Здесь уместно отметить, что все линии из популяции Сахалина проявляют сильный гибридный дисгенез: стерильность потомков от скрещивания их с лабораторными мухами. Проведенное исследование позволяет сделать вывод о высокой мутационной активности в изученных популяциях и указывает на инсерционный характер мутагенеза.

ДЕТОКСИКАЦИЯ ПОЧВЫ АКТИВНЫМИ УГЛЯМИ И ПРОЦЕСС СЕЛЕКЦИИ

Карпачев В.В.¹, Спиридонов Ю.Я.², Горшков В.И.³, Мухин В.М.⁴, Воропаева Н.Л.¹

1. ФГБНУ «ВНИИ рапса»
2. ФГБНУ «ВНИИ фитопатологии»
3. ФФГБНУ «ВНИИ рапса»
4. ОАО «ЭНПО «Неорганика»

Автор, ответственный за переписку: Надежда Леонидовна Воропаева,
bionanotex_1@mail.ru

Вследствие неблагоприятных условий вегетации, обусловленных в том числе некоторыми антропогенными факторами, в частности, наличием поллютантов в почве, сорта не могут полностью реализовать свой генетический потенциал. Это негативное воздействие проявляется в том случае, если реакция генотипов на этот стресс-фактор не одинакова. В таких условиях более высокий урожай дают сорта, толерантные к используемым в селекционном севообороте гербицидам. Остаточные количества пестицидов в почве не только снижают показатели максимальной продуктивности генотипов, но также вносят искажения в сравнения разных сортов (гибридов) между собой.

Цель данной работы - нивелирование влияния остаточного количества гербицидов и других пестицидов в почве в процессе селекции путем детоксикации почв с использованием сорбционноемких материалов.

Опыты по углеадсорбционной детоксикации почв от остаточных количеств гербицидов в практической селекции масличных капустных культур проведены в лаборатории искусственного климата. В качестве тест-растений испытывали 8 сортов ярового рапса селекции ФГБНУ ВНИИ рапса: Ратник, Булат, Форвард, Риф, Альтаир, Арбалет, Ярило (ЛК-935-09), Фаворит (ЛК-063-10), в качестве детоксиканта использовали активные угли (АУ), в качестве «загрязнителя почвы» - поллютанта в данном опыте использовали гербицид Зингер, СП, широко применяемый в сельском хозяйстве России.

Полученные данные сравнительных испытаний АУ в качестве детоксиканта гербицида Зингер, СП на изученных сортах ярового рапса позволяют заключить о «дифференцированной» функции отклика различных сортов на воздействие гербицида в разных дозах применения и способности к «нивелированию» действия этого стресс-фактора с помощью АУ. Наивысшая детоксикационная эффективность АУ получена на сорте Фаворит (снижение действия гербицида на 55%). По результатам опытов сорта ярового рапса Арбалет, Ратник, Риф и Булат являются достаточно толерантными к воздействию гербицида Зингер, СП.

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ РАЗНООБРАЗИЕ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ СОРТОВ КАРТОФЕЛЯ ПО ДАНЫМ АНАЛИЗА ПОЛИМОРФИЗМА ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ЯДЕРНОЙ И ОРГАНЕЛЬНЫХ ДНК

Гавриленко Т.А.¹, О.Ю.Антонова¹, Н.А.Швачко¹, Л.И. Костина¹, Л.Ю.Новикова¹, А. Р. Шувалова¹, Н.С.Клименко¹

1. ФГБНУ ФИЦ "Всероссийский научно-исследовательский институт генетических ресурсов растений им.Н.И.Вавилова (ВИР)"

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Андреевна Гавриленко,
t.a.gavrilenko@vir.nw.ru

Правильный выбор исходного материала во многом определяет успех как традиционной селекции, так и современных селекционно-генетических программ, основанных на использовании методов геномики и биотехнологии. Поэтому в разных странах так актуальны программы по изучению и сохранению генетических ресурсов растений, включая коллекции селекционных сортов, образцов культурных и диких видов.

В данной работе изучено генетическое разнообразие российских сортов картофеля и сортов селекции стран ближнего зарубежья из коллекции ВИР. Генотипирование проводили с использованием монолокусных ядерных SSR маркеров (Ghislain et al.2009). Типы цитоплазм сортов определяли при помощи маркеров, специфичных к отдельным последовательностям хлДНК и мтДНК (Hosaka, Sanetomo, 2012). Дополнительно проведен молекулярный скрининг сортов с использованием 10 CAPS и SCAR маркеров, ассоциированных с *R* генами, детерминирующими устойчивость к двум карантинным патогенам (Антонова и др., 2016), а также маркеров *R* генов устойчивости к ЮБК. Данные молекулярного скрининга сопоставлялись с результатами Государственного испытания сортов на устойчивость к патогенам.

Набор аллелей в изученных SSR локусах был индивидуален для каждого сорта, что позволило нам однозначно различить и генотипировать все сорта выборки; выявить редкие и уникальные аллели этих локусов.

У проанализированных сортов выявлены три типа стерильных цитоплазм; не обнаружено ни одного сорта с фертильным типом цитоплазм.

Выделены сорта с комплексом маркеров *R* генов устойчивости, наиболее перспективные для включения в дальнейшую внутри- и межвидовую гибридизацию, с целью пирамидирования генов устойчивости для создания сортов нового поколения.

Обсуждается связь между родословными сортов, временем их создания, типами цитоплазм, составом выявленных гаплотипов, распространением в сортовом генофонде аллелей *R* генов, вовлеченных в контроль устойчивости растений к ряду патогенов.

Исследования выполнены при частичной поддержке гранта РНФ № 16-16-04125

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА ЗЕМЛЯНИКИ САДОВОЙ (*Fragaria ananassa* Duch) В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА

Гаджиева А.Ф.¹

1. Институт Генетических Ресурсов НАН Азербайджана

Автор, ответственный за переписку: Айнура Фирдовси Гаджиева,
gadjieva-aynura@rambler.ru

В Азербайджане за последние годы значительно увеличилось производство плодовых и ягодных культур.

Земляника садовая (*Fragaria ananassa* Duch.) - одна из наиболее значимых культур в ягодоводстве. Она является настоящей природной аптекой, содержащая фолевую кислоту, витамин С, калий, железо, йод, фтор, марганец, медь, кальций и др. Ее выращивание возможно в регионах с различным климатом, однако степень реализации этого потенциала зависит от генотипа сорта и условий выращивания. Исследования показали, что в последние годы увеличилась стрессорность погодных условий - дестабилизация термического и водного режима в наиболее значимые для растений периоды.

Чтобы иметь достоверное представление об исследуемых объектах, необходимо их всестороннее изучение (морфологическое, анатомическое, цитологическое, генетическое и т.д), что в целом позволит систематизировать собранные генетические ресурсы. В этой связи в Институте Генетических Ресурсов НАН Азербайджана проводится большая научно-исследовательская работа по выявлению, изучению, отбору, а также созданию новых сортов этой ценной культуры. В настоящее время генофонд земляники садовой состоит из 50 интродуцированных и 14 местных форм, характеризующиеся высокой урожайностью, крупностью плодов и высокими вкусовыми качествами ягод. Опыты показывают, что в условиях Апшерона земляника садовая может не только хорошо расти, но и давать высокие урожаи. На Апшероне созревание ягод, по сравнению с северными зонами, происходит на целый месяц раньше, что дает возможность в ранние сроки снабжать население ягодами земляники. Среди местных форм следует особо выделить формы: В/13, D/10, Хемишебахар содержащие высокий процент сахара, который колеблется в пределах 10-13%. Крупным размером ягод характеризуются формы: F/14, В/13, Хемишебахар и D/10, которые могут быть рекомендованы нами в качестве новых местных сортов. Все интродуцированные сорта и местные формы обладают прекрасными вкусовыми качествами ягод.

АМИЛОИДЫ НА СЛУЖБЕ ОРГАНИЗМА - ВЫЯВЛЕНИЕ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ АМИЛОИДОВ В МОЗГЕ МЛЕКОПИТАЮЩИХ И В КЛЕТКАХ НИЗШИХ ЭУКАРИОТ

Галкин А.П.¹, Рыжова Т.А.¹, Сопова Ю.В.¹, Задорский С.П.¹, Нижников А.А.², Шенфельд А.А.², Кибарина М.Е.², Синюкова В.А.², Сергеева А.В.², Чиринская А.В.²

1. Санкт-Петербургский Филиал Института Общей Генетики РАН им.Н.И. Вавилова
2. Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Алексей Петрович Галкин, argalkin@mail.ru

Амилоиды представляют собой поперечно-исчерченные белковые фибриллы, которые формируются за счёт образования упорядоченных межмолекулярных бета-складчатых слоёв. Зачастую формирование амилоидных фибрилл приводит к развитию социально значимых неизлечимых заболеваний, таких как болезнь Альцгеймера, Хантингтона, и Паркинсона. Вместе с тем, работы последних лет свидетельствуют о том, что некоторые амилоиды выполняют жизненно-важные функции. В частности, они регулируют долговременную память у *Aplysia californica* и *Drosophila melanogaster*. Поскольку до недавнего времени не существовало универсальных биохимических методов идентификации амилоидов, выявление каждого нового амилоида является заметным научным событием. Недавно мы разработали и опубликовали метод, позволяющий проводить скрининг и идентификацию амилоидов в протеомах различных организмов. Метод основан на выделении и очистке белковых полимеров, обладающих универсальным свойством амилоидов – устойчивостью к обработке ионными детергентами. С помощью данного метода мы идентифицировали целый ряд потенциальных кандидатов на роль функциональных амилоидов в клетках *Saccharomyces cerevisiae* и в мозге крыс *Rattus norvegicus*. Доказательства амилоидных свойств получены для дрожжевых белков Gas1, Ygp1 и Toh1, которые играют важную роль в стабилизации структуры клеточной стенки. В мозге молодых самцов крысы *Rattus norvegicus* белки FXR1, NSF, STXB1, RIMS1 и MBP формируют детергент устойчивые полимеры. С помощью дополнительных экспериментов мы подтвердили, что РНК-связывающий белок Fxr1, вовлечённый в регуляцию долговременной памяти, представлен в мозге крысы в виде амилоидных фибрилл, которые специфически окрашиваются тиофлавином S. Обобщая наши и литературные данные, можно заключить, что амилоиды вовлечены в регуляцию долговременной памяти у эволюционно отдалённых групп высших эукариот.

ДОСТИЖЕНИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ТРАНСГЕННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ В СЕЛЕКЦИИ ПШЕНИЦ

Гапоненко А.К.¹, Мишуткина Я.В.¹, Тимошенко А.А.¹, Спеченкова Н.А.¹

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологии развития им. Н.К. Кольцова РАН

Автор, ответственный за переписку: Александр Константинович Гапоненко,
akgaponenko@gmail.com

Для увеличения урожайности пшеницы в условиях быстро меняющегося климата, экстремальности погодных условий необходимы новые сорта, адаптивные к стрессам среды. Более 20 лет осуществляется улучшение сортов пшеницы методами трансгенных технологий. Продуктивным сортам придаются комплексы устойчивости к экстремальным температурам, засухе, засолению, патогенам и насекомым.

В базе данных ISB опубликованы итоги 585 испытаний трансгенной пшеницы (<http://www.isb.vt.edu/search-release-data.aspx>). Для создания улучшенных сортов необходимо наличие: 1) урожайных сортов; 2) генов устойчивости к стрессам; 3) системы генетической трансформации; 4) факторы регуляция экспрессии. Гены, кодирующие транскрипционные факторы (ТФ) интересны тем, что ТФ могут вызывать одновременное изменение экспрессии большого числа генов, ответа на стресс. Экспрессия генов в различных стрессовых ситуациях комбинаторно регулируема, путем использования подходящих ТФ, которые обеспечивают активацию или подавление транскрипции при определенных стрессовых ситуациях. Будут приведены данные о создании ГМ пшениц в мире и в нашей группе при использовании сортов НИИСХ им Лукьяненко и НИИСХ Немчиновка.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации (Соглашение №14.613.21.0052).

ВЛИЯНИЕ ОПЫЛЯЕМОСТИ НА УРОЖАЙНОСТЬ ИНЖИРА

Гасанов Н.А.¹, Асланова Г.С.¹

1. Институт Генетических Ресурсов НАН Азербайджана

Автор, ответственный за переписку: Нураддин Али Гасанов, hasanov39@mail.ru

Инжир широко распространен в большинстве районов Азербайджана. В Ширванской, Ленкоранской, Астаринской и западной зоне он достигает гигантских размеров- до 10-12 м высоты и до 0.5 м в диаметре. На Апшеронском полуострове, в основном, распространены раскидистые сорта и формы 5-6-ти м высоты. Здесь имеется разнообразный местный сортимент, а также и интродуцированные сорта с хорошими показателями.

Несмотря на давность культуры инжира и широкое распространение его, большинство практиков-садоводов не знают особенностей цветения и плодоношения инжира. Поэтому бесплодные мужские деревья-капрификусы, среди населения называемые «собачий инжир», «бешеный инжир», беспощадно вырубаются, а сорта инжира, требующие опыления сбрасывают весь урожай до созревания соплодий.

Инжир – двудомное растение. Мужские деревья называются каприфигами, женские- фигами. Инжир дает один, два и три урожая в год. Плоды первого урожая образуются на ветвях прироста прошлого года, а плоды второго и третьего урожая- на ветвях текущего прироста. Созревание плодов имеет растянутый период от 30 до 60-ти и более дней. Плоды инжира являются соплодиями, заполненными внутри массой плодиков (семян). Все цветки собраны вместе внутри соцветия, их можно видеть только при разрезании последнего. Само соцветие уже имеет внешний вид соплодия, но меньшего размера; при развитии оно постепенно увеличивается, развиваясь в соплодие. Цветки соцветий на мужских и женских деревьях устроены по разному. На мужском дереве соцветия имеют тычиночные цветки, расположенные у глазка и галловые по стенкам и дну соплодия. Пыльцевые мешочки сидят на коротких пыльцевых нитях.

Ведутся генетические исследования гибридов, созданных на основе местных и интродуцированных сортов. Районированы 2 сорта инжира «Шалала» и «Бол инжир». В питомнике отобраны лучшие формы, отличающиеся от родительских форм большей урожайностью и высококачеством плодов.

ГЕНЫ *Nud* И *Vrs* ЯЧМЕНЯ: ОТ МАРКЁР-ОРИЕНТИРОВАННОЙ СЕЛЕКЦИИ К ГЕНОМНОМУ РЕДАКТИРОВАНИЮ

Герасимова С.В.¹, Короткова А.М.¹, Кукоева Т.В.¹, Хлесткина Е.К.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук»

Автор, ответственный за переписку: Софья Викторовна Герасимова, gerson@bionet.nsc.ru

В работе испытываются два различных подхода к получению признаков голозерности и шестьюрядности у ячменя. Первый - маркер-ориентированная селекция (МОС).

Мутации по генам *Nud* (7Н) и *Vrs1* (2Н) ячменя приводят к изменению фенотипа с пленчатого на голозерный и с двурядного на шестьюрядный, соответственно. Для ускорения селекции по этим генам целесообразен отбор растений с нужным генотипом на стадии проростков, когда фенотип оценить еще нельзя, но можно провести отбор с помощью диагностических ДНК-маркеров. Так как последовательности этих генов уже известны, были разработаны внутригенные ПЦР-маркеры и апробированы на сибирской коллекции яровых сортов ячменя. Отобранные доминантные и кодоминантные маркеры, для которых наблюдается корреляция с фенотипом, будут далее использоваться в селекционном процессе.

Альтернативным подходом к получению желаемых признаков является современная безопасная технология геномного редактирования, которая позволяет за 1,5 – 2 года (быстрее чем с помощью МОС) получить модифицированные по целевому гену нетрансгенные растения. Запланировано создание растений-мутантов по генам *Nud* и *Vrs1* при помощи системы CRISPR/Cas. Система состоит из направляющей РНК (нРНК), имеющей участок гомологии с выбранным сайтом-мишенью на геномной ДНК, и нуклеазы Cas9, вносящей двуцепочечный разрыв. Метод получения нокаутов конкретных генов растений при помощи системы CRISPR/Cas включает подбор сайтов-мишеней, дизайн нРНК, конструирование генетических векторов, трансформацию растений, идентификацию полученных мутаций, получение нетрансгенных растений с модифицированными геномами.

Были подобраны целевые сайты в кодирующих последовательностях генов *Nud* и *Vrs1* ячменя, проведена идентификация потенциальных неспецифических сайтов связывания нРНК, обладающих участками гомологии с целевыми сайтами. Сконструирован вектор, несущий нРНК, специфичную к фрагменту первого экзона гена *Nud* и нуклеазу Cas9. Проводится генетическая трансформация эмбрионов и каллусов ячменя.

Исследование выполнено при поддержке Российского научного фонда (проект № 16-14-00086).

ЭФФЕКТ «ЖЕЛАТЕЛЬНОГО ГЕНОТИПА» ГЕНА *ESR1* ДЛЯ ГИБРИДНЫХ СВИНОМАТОК F1

Гетманцева Л.В.¹, Усатов А.В.², Леонова М.А.², Бакоев С.Ю.¹

1. Донской государственный аграрный университет
2. Южный федеральный университет

Автор, ответственный за переписку: Любовь Владимировна Гетманцева, ilonaluba@mail.ru

Воспроизводительная продуктивность животных является ключевым показателем эффективности производства. Центральную роль в формировании репродуктивных признаков играют стероидные гормоны или эстрогены, реализующие свое действие через эстрогеновые рецепторы (*ESR1* (ER- α)). У свиней ген *ESR1* расположен в первой хромосоме. Полиморфизм гена *ESR1*, диагностируемый методом ПЦР-ПДРФ, находит все более широкое применение как генетический маркер воспроизводительной продуктивности, главным образом для свиней крупной белой породы (КБ). С высокими воспроизводительными качествами свиней КБ связан аллель В и генотип ВВ. Для свиней породы ландрас (Л) характерна очень низкая частота аллеля В и практически отсутствие гомозиготного генотипа ВВ. Гибридных свиноматок F1 получают при скрещивании свиней породы КБ и Л по следующим формам: ♂Л x ♀КБ, либо ♂КБ x ♀Л. Целью работы было определить связь полиморфизма гена *ESR1* с многоплодием свиноматок F1, полученных при различных формах скрещивания. Исследования проводили на свиноматках F1 (♂Л x ♀КБ (n=144)) и (♂КБ x ♀Л (n=138)). Связь между факторными и результативными признаками определяли однофакторным дисперсионным анализом. Свиноматки F1 генотипа ВВ/*ESR1* отсутствовали в первой и во второй группе. Свиноматки F1 (♂Л x ♀КБ) генотипа АВ/*ESR1* имели многоплодие 13.1 гол., что на 1.1 гол. (8.95%; P=0.07) больше, по сравнению с аналогами генотипа АА/*ESR1*. В свою очередь, у свиноматок F1 (♂КБ x ♀Л) лучшее многоплодие связано с генотипом АА/*ESR1*, которое составило 13.3 гол., что на 0.8 гол. (6.32%; P=0.04) выше, относительно аналогов генотипа АВ/*ESR1*. На основании полученных результатов можно предположить, что эффект «желательного генотипа» гена *ESR1* передается по материнской линии.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки РФ, проект №40.91.2014/К.

АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ, ЛОКАЛИЗОВАННЫХ В ОБЛАСТИ 11q13.5, С РАЗВИТИЕМ АТОПИЧЕСКОГО ДЕРМАТИТА В РЕСПУБЛИКЕ БАШКОРТОСТАН

Гималова Г.Ф.¹, Карунас А.С.², Федорова Ю.Ю.¹, Гуменная Э.Р.³, Левашева С.В.⁴,
Бикташева А.Р.⁴, Эткина Э.И.⁴, Хуснутдинова Э.К.²

1. Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской академии наук, Уфа, Россия
2. Институт биохимии и генетики Уфимского научного центра Российской академии наук, Уфа, Россия; Башкирский государственный университет, Уфа, Россия
3. Республиканский кожно-венерологический диспансер, Уфа, Россия
4. Башкирский государственный медицинский университет, Уфа, Россия

Автор, ответственный за переписку: Галия Фуатовна Гималова, galiyagimalova@gmail.com

Атопический дерматит (АД) – хроническое воспалительное заболевание кожи, часто предшествующее астме и аллергическим заболеваниям. Показана многофакторная природа данного заболевания, обусловленная как генетической предрасположенностью, так и влиянием факторов окружающей среды. На сегодняшний день выполнено несколько полногеномных исследований АД. Полногеномный анализ АД, проведенный в 2009 г. в немецкой популяции, выявил ассоциацию данного заболевания с полиморфным локусом, расположенным в области 11q13.5 между генами *C11orf30* и *LRRC32*.

В данной работе мы провели исследование 9 однонуклеотидных полиморфных вариантов (ОНП), локализованных в данной хромосомной области (*rs7949258*, *rs2508760*, *rs2508755*, *rs2508747*, *rs10899234*, *rs6592656*, *rs1320644*, *rs6592657* и *rs947998*) у больных АД и здоровых индивидов. Группа больных включала 276 пациентов различной этнической принадлежности, проживающих в Республике Башкортостан. Контрольную группу составил 291 индивид соответствующего возраста и этнической принадлежности без признаков аллергических заболеваний. Выделение ДНК проводилось методом фенольно-хлороформной экстракции. Генотипирование ОНП осуществлялось методом ПЦР в реальном времени.

Статистически значимые различия между группами больных АД и контроля были выявлены при анализе ОНП *rs2508755* (*c.2195-1377G>A*) и *rs2508747* (*g.76271689G>A*) гена *C11orf30*. У больных по сравнению с контролем была выше частота аллеля *rs2508755*G* (62,2% и 52,4% соответственно, $p=0.0014$). Кроме того, у больных была выше частота аллеля *rs2508747*A* – 49,4% по сравнению с 42,4% в контроле ($p=0.0185$). Анализ остальных исследованных ОНП не выявил достоверных различий между больными АД и контролем.

По данным литературы, ассоциация ОНП данной области с развитием АД и других аллергических заболеваний обнаружена при полногеномных и репликативных исследованиях у немцев, ирландцев и японцев. Таким образом, полиморфные варианты *rs2508755* и *rs2508747* являются факторами риска развития атопического дерматита в Республике Башкортостан.

СЕМЕННИКОВО-СПЕЦИФИЧНЫЕ ПРОДУКТЫ ГЕНА *sbr* (*Dm nxf1*) У *Drosophila melanogaster* В НОРМЕ И У МУТАНТА *sbr12* С ДОМИНАНТНОЙ МУЖСКОЙ СТЕРИЛЬНОСТЬЮ

Гинанова В.Р.¹, Кливер С.Ф.¹, Голубкова Е.В.¹, Мамон Л.А.¹

1. Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Виктория Ринатовна Гинанова,
v.ginanova@gmail.com

Белок NXF1 (nuclear export factor 1) осуществляет экспорт мРНК из ядра в цитоплазму у животных и грибов. Многообразие транскриптов – характерная черта генов семейства *nxf*. Ранее в нашей группе были выявлены специфичные короткие транскрипты гена *nxf1* в семенниках *D. melanogaster*. В сперматогенезе особая регуляция экспрессии генов. Формирование сперматозоидов обеспечивают специфичные гены, работающие только в семенниках; регуляторные белки, не встречающиеся в других тканях; а также сайты регуляции для генов «домашнего хозяйства», использующиеся в семенниках, и не использующиеся в других тканях, что приводит к появлению альтернативных продуктов этих генов. В этой работе мы описываем несколько транскриптов гена *Dm nxf1*, специфичных для семенников, определяя промоторы и сайты полиаденилирования, по которым происходит разрезание транскриптов. Экспериментальные данные RACE-PCR мы подтверждаем компьютерным анализом транскриптомов CAGE-seq. Помимо транскриптов, мы описываем новую короткую форму белка *Dm NXF1* с помощью полученных нами антител, а также выявляем белки *Dm NXF1* без 10 аминокислот у стерильных самцов *D. melanogaster* с делецией в гене *Dm nxf1*. Поскольку причины мужского бесплодия часто остаются неизвестны, а отсутствие одного из генов семейства *nxf* человека полагается причиной олигозооспермии (снижение количества сперматозоидов), исследование семенниково-специфичной экспрессии генов позволяет выявлять новые гены, влияющие на фертильность, анализировать мутации в них и изменение регуляции экспрессии.

ХРОМОМЕРЫ: ВЧЕРА И СЕГОДНЯ

Глазков М.В.¹

1. ФГБУН Институт биологии развития им.Н.К. Кольцова РАН

Автор, ответственный за переписку: Михаил Васильевич Глазков, mvglazkov@yandex.ru

Одним из важных достижений классической цитогенетики явилось открытие хромомерной организации эукариотических хромосом, что в свою очередь позволило вскрыть многие аспекты структурно-функциональной организации хромосом как соматических, так и мейотических клеток.

В настоящее время структурно-функциональная организация хромосом интенсивно изучается молекулярными методами. Сформулированы представления о транскрипционных и репликативных фокусах, ламина-ассоциированных и топологически-ассоциированных доменах (Lamina Associated Domains, Topological Associated Domains). Многие из этих представлений не учитывают данные, полученные в классических цитогенетических исследованиях. При этом, например, организация генов в хромосомных субструктурах, изучаемая только молекулярными методами, остается малопонятной.

Сочетание цитогенетических, молекулярных и биоинформатических подходов начинает давать первые результаты в понимании генетического содержания и организации хромомеров и межхромомерных участков интерфазных хромосом. Хромомерная модель организации хромосом способна удовлетворительно объяснить существование в хромосомной организации таких структур, как ламина- и топологически ассоциированных доменов.

Хромомерная модель организации эукариотических хромосом в настоящее время развивается, пополняясь новыми данными, полученными как молекулярными, так биоинформатическими методами.

Таким образом, только единение цитологических, генетических, молекулярных и биоинформатических подходов позволит достичь значительно больших успехов в понимании структурно-функциональной организации хромосом.

АЦИДОТОЛЕРАНТНЫЙ ГРИБ *Penicillium ShG4C*, УСТОЙЧИВЫЙ К ЭКСТРЕМАЛЬНО ВЫСОКИМ КОНЦЕНТРАЦИЯМ МЕДИ И МЫШЬЯКА

Глухова Л.Б.¹, Груздев Е.В.², Белецкий А.В.², Стрелкова Е.В.¹, Карначук О.В.¹, Равин Н.В.², Марданов А.В.²

1. Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск.
2. Институт биоинженерии, ФИЦ Биотехнологии РАН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Любовь Борисовна Глухова, glb122@yandex.ru

Выделение и изучение новых микроорганизмов из экстремальных местообитаний позволяет изучать биогеохимические процессы, протекающие в таких экосистемах, а также находить организмы, перспективные для использования в биотехнологии. Одна из таких экстремальных экологических ниш – кислые шахтные дренажи (КШД), которые характеризуются высокими концентрациями растворенных металлов и низкими значениями pH. Биота кислых дренажей представлена как прокариотами, так и эукариотическими организмами, в основном одноклеточными водорослями и грибами. Функциональная роль эукариот в микробных сообществах КШД практически не охарактеризована.

Из отходов добычи полиметаллических руд месторождения Шерловая гора Забайкальского края нами был выделен гриб, относящийся к роду *Penicillium* sp. Изолят ShG4C является ацидотолерантным, при культивировании в лабораторных условиях он устойчив к концентрациям меди до 10 г/л и мышьяка до 9 г/л. При этом медь оказывала более выраженный ингибирующий эффект на рост мицелия ShG4C, чем мышьяк.

С помощью методов высокопроизводительного секвенирования мы определили нуклеотидную последовательность ядерного генома этого гриба, имеющую размер 30 млн. нт, и полную последовательность митохондриального генома. Митохондриальная ДНК представляет собой кольцевую молекулу длиной 26725 нт., с низким GC составом (25%), содержит 15 белок-кодирующих генов, 29 генов тРНК и 2 гена, кодирующих большую и малую субъединицу рибосомной РНК. Анализ генома *Penicillium ShG4C* позволил охарактеризовать филогенетическое положение нового штамма и выявить вероятные механизмы его устойчивости к экстремально высоким концентрациям мышьяка и тяжелых металлов.

К ВОПРОСУ О ДОМЕСТИКАЦИИ ЕВРОПЕЙСКОГО ЛОСЯ

Голубев О.В.¹

1. ООО Племязавод «Романовские фермы», г. Кострома

Автор, ответственный за переписку: Олег Валерьевич Голубев, golubev.oleg.v@yandex.ru

Проведено исследование свойств группировки европейского лося (*Alces alces* L.), разводимой в вольерах лосефермы ГПЗ «Сумароковский» (Костромская область) с 1965 года. Изучались особи с родословными в 15-20 поколений разведения.

Выявлены измененные формы поведения зверей: активно-положительная реакция на человека вне вольер на посторонних посетителей, склонность лосих к нахождению в группе и феномен постоянного присутствия одного взрослого самца в группе самок вне периода гона.

Установлен рост средней плодовитости семейств лосих с 0,94 до 1,99 детеныша на самку, увеличение количества троен. Вероятно, это связано с обильным кормлением и искусственным отбором на плодовитость.

Средняя продолжительность лактации лосих увеличилась незначительно (с 130 до 135 дней). Выявлены лосихи с повышенным уровнем молочной продуктивности (свыше 200 кг молока за лактацию). Их доля составила 17 % от общего числа дойных лосих.

Обнаружен полиморфизм окраски шерстного покрова у отдельных особей (четыре варианта). Установлена связь новых фенотипов с показателями живой массы лосят при рождении, репродуктивной способностью и молочной продуктивностью особей ($p < 0,05$). Средняя репродуктивная способность лосей с пегой окраской шерсти примерно в 2 раза выше, чем особей с дикой окраской шерсти. Годовая молочная продуктивность лактирующих пегих лосих также выше более чем в 2 раза.

Среди лосей с пятнистой окраской шерсти существенно преобладают (75 %) особи со спокойно-настороженной реакцией на персонал, а среди лосей с другими типами окраски – с активно-положительной реакцией на посторонних посетителей вне вольер лосефермы. Вероятно, новые фенотипы являются внешним проявлением положительно связанных признаков, закрепляемых искусственным отбором.

СЕЛЕКЦИЯ ЦМС-ЛИНИЙ ПОДСОЛНЕЧНИКА, ТОЛЕРАНТНЫХ К ВЫСОКОВИРУЛЕНТНЫМ РАСАМ ЗАРАЗИХИ (*Orobanche cumana* Wallr.)

Горбаченко Ф.И.¹, Горбаченко О.Ф.¹, Усатенко Т.В.¹, Лучкин Н.С.¹, Житник Н.А.¹,
Бурляева Е.Г.¹

1. ФГБНУ "ДОС ВНИИМК"

Автор, ответственный за переписку: Федор Иванович Горбаченко, gnudos@mail.ru

Актуальной задачей селекции подсолнечника на современном этапе является создание гибридов не только высокопродуктивных, но и толерантных к новым высоковирулентным расам заразихи. В результате сопряжённой эволюции паразита и хозяина возникают более вирулентные расы, которые преодолевают иммунитет устойчивых сортов и гибридов. К настоящему времени учеными дифференцировано более 8 рас патогена (А, В, С, D, E, F, G, H), наиболее агрессивные три последние. Вся история подсолнечника непрерывно связана с селекцией на устойчивость к эволюционирующим расам заразихи. Так как основная линия защиты против заразихи – генетическая, целью нашей работы было создание материнских линий гибридов подсолнечника с толерантностью к высоковирулентным расам заразихи. Для получения таких линий необходимым условием является достоверная оценка и наличие источников устойчивости. Оценка проводилась на полевом инфекционном семенами заразихи участке и в теплице. Перед посевом в почву вносили смесь семян заразихи, собранных в различных районах возделывания подсолнечника. В качестве контроля использовали набор линий-дифференциаторов и гибрид Донской 22, не обладающий устойчивостью к современным расам.

Применяя методы ручной кастрации, переноса пыльцы, анализирующих и насыщающих скрещиваний нам удалось создать выровненные по фенологии и высоте ЦМС-линии, толерантные к высоковирулентным расам заразихи, которые включены в работу по получению экспериментальных гибридных комбинаций подсолнечника. Два гибрида, полученные с этими линиями, переданы в государственное испытание с 2016 года.

ИЗМЕНЕНИЕ ПРИСПОСОБЛЕННОСТИ ДРОЗОФИЛЫ НА РАЗНЫХ ЭТАПАХ ОНТОГЕНЕЗА В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ГЕНОТИПА ПРИ ДЕЙСТВИИ КОФЕИНА

Горенская О.В.¹

1. Кафедра генетики и цитологии Харьковского национального университета имени В.Н. Каразина, Украина

Автор, ответственный за переписку: Ольга Владимировна Горенская, olgavg@bk.ru

Приспособленность организмов к действию биологически активных веществ в малых концентрациях сопровождается изменением комплекса адаптивно важных признаков. Наиболее часто употребляемым веществом умеренно токсического действия является кофеин. Очень малочисленны данные о роли генотипа в формировании приспособленности организмов к действию малых концентраций кофеина.

Целью работы было изучить вклад разных аллелей локуса *white* у выравненных по генотипу линий *Drosophila melanogaster* в проявление некоторых показателей приспособленности на различных стадиях онтогенеза при действии кофеина.

В работе использовалась неселектированная линия дикого типа *Canton-S* и линии с замещенным генотипом *white*_{C-S}, *white*^{apricot}_{C-S}, *white*^{satsuma}_{C-S} (мутации *white*, *white*^{apricot}, *white*^{satsuma} соответственно перенесены на генетический фон линии дикого типа *Canton-S* путем возвратных насыщающих скрещиваний) *Drosophila melanogaster*. Мух выращивали в стандартных условиях (контроль). В опытах в питательную среду добавляли кофеин в концентрации 0,25 мг/мл.

Действие кофеина приводит к снижению показателей реальной плодовитости ($h^2_{\text{генотипа}}=21,14\%$, $h^2_{\text{кофеина}}=18,12\%$) и жизнеспособности (сила влияния генотипа $h^2_{\text{♀}}=12,54\%$, $h^2_{\text{♂}}=23,74\%$, кофеина $h^2_{\text{♀}}=16,82\%$, $h^2_{\text{♂}}=30,62\%$), у всех изученных в работе линий. Наименьшие значения относительной приспособленности характерны для линии *white*_{C-S}. У линии дикого типа данный показатель практически равен единице.

Развитие дрозофилы на среде, содержащей кофеин, снижает устойчивость имаго к голоданию (показатель определяется генотипом особей ($h^2_{\text{♀}}=30,6\%$, $h^2_{\text{♂}}=32,9\%$), действием кофеина ($h^2_{\text{♀}}=27,97\%$, $h^2_{\text{♂}}=31,75\%$) и сочетанным действием обоих факторов ($h^2_{\text{♀}}=16,9\%$, $h^2_{\text{♂}}=4,3\%$). Активность алкогольдегидрогеназы понижается у 0-часовых предкуколок линий *white*_{C-S}, *white*^{apricot}_{C-S} и у имаго линии *white*^{apricot}_{C-S}. На активность фермента у 0-часовой предкуколки влияет генотип ($h^2=53,85\%$), кофеин ($h^2=15,38\%$) и совместное действие факторов ($h^2=30,77\%$); у имаго изучаемый показатель определяется внешним фактором – содержанием кофеина в питательной среде ($h^2=11,69\%$) и сочетанным действием генотипа и кофеина ($h^2=46,75\%$).

Обсуждаются генетические механизмы адаптации дрозофилы к действию малых концентраций кофеина.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИСТОЧНИКИ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОГО РАПСА В ЛЕСОСТЕПИ ЦЧР РОССИИ

Горшков В.И.¹, Горшкова Э.К.¹

1. ФГБНУ ВНИИ рапса

Автор, ответственный за переписку: Владимир Иванович Горшков, gorshkov.vi@yandex.ru

Комплексное изучение селекционной ценности основного генофонда ярового рапса как источника исходного материала для селекции имеет актуальное значение при разработке селекционных программ, прогнозировании селекционного эффекта, при оптимизации подбора родительских пар для скрещиваний, а также при отборах растений в ранних поколениях.

Цель нашей работы - подбор, изучение и выделение новых генетических источников хозяйственно ценных признаков для практической селекции ярового рапса в лесостепи ЦЧР России.

В 2011-2015 гг. в лаборатории селекции ВНИИ рапса (г. Липецк) оценивалось 278 образцов ярового рапса из разных стран мира: России, Белоруссии, Украины, Австралии, Австрии, Бразилии, Великобритании, Германии, Дании, Индии, Канады, США, Финляндии, Франции, Чехии, Чили и Швеции.

Скрининг генофонда ярового рапса проводили в коллекционном питомнике по методике ВИР (Л., 1976). В качестве стандарта использовали районированный в Липецкой области сорт Ратник (к-4920, ВНИИ рапса). Норма высева семян - 0,8-1,2 г/м².

Находившиеся в изучении коллекционные образцы оценивались по динамике прохождения фаз роста и развития, по продолжительности вегетационного и межфазных периодов, по семенной продуктивности, устойчивости к полеганию, растрескиваемости стручков, по поражению болезнями, а также по качеству масла и семян.

В результате многолетней оценки коллекции ярового рапса по комплексу показателей (урожайности, качеству масла и семян) были выделены лучшие сортообразцы: Риф, Набат, Вираз - Россия; Обрий - Украина; Y 3000 - Австралия; Canterra 1492, RGS 003, V 88131, Delight - Германия; Ribel - Швеция, которые рекомендуется использовать в селекционных программах в качестве генисточников хозяйственно ценных признаков.

Таким образом, проведенные нами исследования по комплексному изучению коллекционных образцов ярового рапса показывают перспективность дальнейшего использования в селекции мирового генофонда этой культуры.

СРАВНЕНИЕ КОНСЕРВАТИВНОСТИ КЛЮЧЕВЫХ БЕЛКОВ МЕЙОЗА И ИХ ФУНКЦИОНАЛЬНЫХ ДОМЕНОВ В РЯДУ ЭУКАРИОТ ОТ ДРОЖЖЕЙ ДО ЧЕЛОВЕКА

Гришаева Т.М.¹, Богданов Ю.Ф.¹

1. ИОГен РАН

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Михайловна Гришаева, grishaeva@vigg.ru

Проведено сравнение консервативности ряда ферментов и структурных белков хромосом у восьми видов эукариот от дрожжей до человека. Показано, что наиболее консервативным из изученных белков является фермент RAD51 (медиатор рекомбинации), работающий в митозе и мейозе. При сравнении ортологов из разных царств их сходство доходит до 76 % от максимально возможного, т.е. «самого на себя», а в пределах подтипа позвоночных – до 97 %. Его мейотический гомолог DMC1 менее консервативен, как и белок mismatch-репарации MHL1. Мейоз-специфичная эндонуклеаза SPO11 наименее консервативна из изученных нами ферментов (сходство между ортологами не превышает 32 % от максимально возможного). Структурные белки хромосом гораздо менее консервативны, чем ферменты (сходство достигает лишь 30 % от максимально возможного при сравнении ортологов из разных царств). При этом компонент когезинового комплекса RAD21, присутствующий в мейозе и митозе, консервативнее своего мейотического гомолога REC8. Промежуточной консервативностью между RAD21 и REC8 обладают белки латеральных элементов синаптонемных комплексов Hop1/ASY1/HIM-3/HORMAD1, несущие домен NORMA.

Сравнение функциональных доменов белков привело к неожиданным результатам. Два домена эндонуклеазы SPO11, а также один из доменов фермента MLH1 оказались не более консервативными, чем целые молекулы. Однако домен NORMA, входящий в состав белков синаптонемных комплексов, как и следовало ожидать, более консервативен, чем целая молекула.

Таким образом, и на уровне целых молекул, и на уровне их функциональных доменов мейоз-специфичные белки обладают гораздо меньшей консервативностью, чем универсальные белки мейоза. При этом уровень консервативности ферментов обеспечивается всей молекулой, а у белков синаптонемного комплекса сходство достигается в основном за счёт функционального домена.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 16-04-01447 а.

АНАЛИЗ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ-ОНКОСУПРЕССОРОВ *RB*, *ING1* ПРИ ОНКОПАТОЛОГИИ

Губаева Ю.Г.¹, Воробьева Е.В.¹, Горбунова В.Ю.¹

1. Башкирский государственный педагогический университет имени М. Акмуллы, Уфа, Россия

Автор, ответственный за переписку: Юлиана Германовна Губаева, gubaeva93@mail.ru

Основой канцерогенеза, независимо от локализации опухоли, является злокачественная трансформация клетки в результате нарушения клеточного цикла и угнетения апоптоза. В выявлении механизмов злокачественной трансформации клеток наиболее актуальным является изучение генов клеточного цикла и наиболее значимыми представителями являются гены *RB* и *ING1* ввиду широкого спектра выполняемых функций в процессах поддержания целостности генома и генетической стабильности клетки.

В работе использованы образцы ДНК 380 человек, из которых 200 здоровых индивидов и 180 онкологических больных. Генотипирование проводили с использованием метода ПЦР-ПДРФ и детекцией их продуктов в 7 % ПААГ.

В результате сравнительного анализа по полиморфному локусу *rs137853294(C/G)* гена *RB* в группе онкобольных выявлено достоверно значимое повышение гомозиготного генотипа *GG* и аллеля **G* ($p=0,0005, c^2=28,99$ и $p=0,004, c^2=8,68$ соответственно). В группе онкобольных по полиморфному локусу *rs121909250(C/G)* гена *ING1* выявлено достоверно значимое повышение гомозиготного генотипа *GG* и аллеля **G* ($p=0,0005, c^2=136,6$ и $p=0,0005, c^2=106$ соответственно).

Гаплотипический анализ показал, что в группе здоровых индивидов достоверно чаще встречается гаплотип **C/*C* ($p=0,0006, c^2=17,24$), сочетающий только протективные аллели. У онкобольных преобладает гаплотип **G/*G*, сочетающий только рисковые аллели ($p=0,0005, c^2=19,75$) по полиморфным локусам генов *RB* (*rs137853294*) и *ING1* (*rs121909250*) соответственно.

Таким образом, инактивация *RB* ослабляет работу сверхочной точки G1, не влияя на G2, и не блокируя *ING1*. Одновременная модификация белков *ING1* и *RB* приводит к срыву механизмов контроля в регуляции клеточного цикла. Полученные результаты позволяют говорить о ключевой роли аллельного состояния генов системы онкосупрессии в формировании риска злокачественной трансформации клетки.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ У РОССИЙСКИХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Гультияева Е.И.¹

1. ФГБНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений»

Автор, ответственный за переписку: Елена Ивановна Гультияева, eigulyaeva@gmail.com

Для обеспечения высокого уровня генетической защиты пшеницы от бурой ржавчины особую актуальность представляет разнообразие сортов по *Lr*-генам. Для этого с использованием молекулярных маркеров 21 *Lr*-гена (*Lr1*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr35*, *Lr37*, *Lr38*, *Lr41*, *Lr47*, *Lr50*, *Lr51*, *Lr66*) провели скрининг сортов мягкой пшеницы, включенных в Государственный реестр селекционных достижений в 2010-2015 гг, и изучили их устойчивость к бурой ржавчине. Показано возрастание в районировании числа яровых сортов с ювенильной устойчивостью и озимых с полевой. При этом выявлено их умеренное разнообразие по *Lr*-генам. Сохраняется тенденция возрастания числа яровых сортов с геном *Lr19* в Поволжье и с геном *Lr9* в Западной Сибири и на Урале. У яровых сортов отмечается высокое распространение малоэффективных генов *Lr10*, *Lr3a*, умеренное – генов *Lr1*, *Lr26*, *Lr34* и низкое – гена *Lr20*. У устойчивого сорта Челябин 75, полученного с участием *Aegilops speltoides*, отсутствовали маркеры спельтоидосных генов *Lr28*, *Lr35*, *Lr47*, *Lr51*, но выявлены маркеры 16-S13 и Sr39=22 генов *Lr66* и *Lr35*. У устойчивых озимых сортов не обнаружены гены возрастной устойчивости *Lr35* и *Lr21*, при этом широкое распространение имел ген частичной устойчивости *Lr34* и малоэффективные гены *Lr1*, *Lr3a*, *Lr10*, *Lr26*, встречающиеся по отдельности и в разных сочетаниях. У сорта Морозко, районированного в 2015 г., выявлен ген *Lr37*, ранее отсутствующий в российских сортах, но широко представленный в западноевропейских. У изученных сортов не обнаружено высокоэффективных генов *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr41*, *Lr47*, *Lr51*, в связи с чем, рекомендуется привлечение доноров этих и других новых *Lr*-генов в селекцию на устойчивость к бурой ржавчине в России.

ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ СЕЛЕКЦИИ СОРГО НА ДОНУ

Гурский Н.Г.¹, Исаков Я.И.², Землянов А.Н.³, Землянов В.А.³

3. Федеральное государственное бюджетное учреждение «Ростовский референтный центр Федеральной службы по ветеринарному и фитосанитарному надзору» (ФГБУ «Ростовский референтный центр Россельхознадзора»)
4. Научно-производственная фирма «Семена Дона», г. Ростов-на-Дону

Автор, ответственный за переписку: Николай Григорьевич Гурский,
swetlana.shukina2011@yandex.ru

В силу исключительной засухоустойчивости, жаростойкости, способности впадать в состояние анабиоза на продолжительный период времени и успешно выходить из этого состояния, способности корневой системы проникать на глубину до 1,5 м., культура сорго на Дону по праву получила название «Верблюд растительного царства».

Новые сорта и высококачественные семена на фоне общего снижения культуры земледелия, сокращения объёмов производства, внесения минеральных органических удобрений и средств защиты растений, являются наиболее эффективным механизмом увеличения урожайности сорго в Ростовской области.

Селекционная работа с сорго в зернограде была начата профессором Исаковым Я.И. в 1963 году. Благодаря его замечательным успехам в селекции были созданы десятки новых сортов и гибридов, 22 из которых районированы.

Несмотря на вышеуказанные достоинства, посевные площади этой культуры в нашей стране не превышают 500 тыс. га. Основной причиной недостаточного распространения сорго в России является неоправданное сокращение поголовья скота, птицы и рыбы, являющихся главными его потребителями, а также недостаточная информированность потенциальных переработчиков о кормовых и пищевых достоинствах культуры. Особенно много проблем, тормозящих более широкое распространение сорго, связано с позднеспелостью многих возделываемых сортов и гибридов. Зачастую формирование и созревание их семян протекает при неблагоприятных погодных условиях осени, что затрудняет уборку, снижает урожайность и качество выращиваемых семян. Наряду с селекционным совершенствованием создаваемых сортов и исходных родительских форм гибридов, актуальной остаётся проблема разработки новых и совершенствования существующих элементов технологии производства кондиционных семян. Именно в этом направлении нам видятся конкретные пути наращивания потенциала отрасли кормопроизводства, а в конечном итоге – продовольственной безопасности страны.

АДАПТИВНЫЙ СОРТ ЗЕРНОВОГО ГОРОХА ПАМЯТИ ХАНГИЛЬДИНА

Давлетов Ф.А.¹, Гайнуллина К.П.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Башкирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства"

Автор, ответственный за переписку: Фирзинат Аглямович Давлетов,
karina28021985@yandex.ru

Горох является основной зернобобовой культурой в России и Республике Башкортостан. Его доля в посевах зерновых бобовых культур достигает 82-85%. Однако объем производства зерна гороха не удовлетворяет растущих потребностей населения. Во многом это обусловлено недостаточной устойчивостью существующих сортов к неблагоприятным факторам среды, болезням и вредителям.

Новый сорт гороха Памяти Хангильдина характеризуется полукарликовым типом стебля с усатым типом листа. Отличается раннеспелостью (вегетационный период – 60-69 дней), высокой продуктивностью (масса 1000 семян – 229-280 г), засухоустойчивостью, устойчивостью к полеганию и осыпанию семян. Пригоден для механизированной уборки. Более устойчив к болезням и вредителям, чем стандарт Аксайский усатый 55.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ГЕНОФОНДА ДИКИХ СОРОДИЧЕЙ ДЛЯ УЛУЧШЕНИЯ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В КРАСНОДАРСКОМ НИИСХ им. П.П. ЛУКЬЯНЕНКО

Давоян Р.О.¹, Бебякина И.В.¹, Давоян Э.Р.¹, Беспалова Л.А.¹, Миков Д.С.¹, Зубанова Ю.С.¹, Зинченко А.Н.¹

1. КНИИСХ им. П.П. Лукьяненко

Автор, ответственный за переписку: Румик Оганесович Давоян, davoyanro@mail.ru

Генофонд многочисленных дикорастущих видов представляет неисчерпаемый резерв генетического разнообразия для улучшения культурной пшеницы. Синтетические геномно-замещенные формы Авродес (BBAASS), Аврозис (BBAAS^{sh}S^{sh}), Авролата (BBAUU), Авроале (BBAARR) и геномно-добавленные - *T. miguschovae* (GGA^tA^tDD), *Mutico italicum/Aegilops squarrosa* (BBAADD) использовались в качестве «мостиков» для передачи ценных признаков диких сородичей мягкой пшенице. В результате проведенных работ были получены вторичные синтетических формы, а также большое количество мейотически стабильных, генетически разнообразных интрогрессивных линий, сочетающих устойчивость к болезням с высоким содержанием белка, клейковины и другими ценными признаками. Цитологическим анализом определено, что генетический материал диких сородичей передается от синтетиков как в форме транслокаций, так и замещения целых хромосом. Некоторые линии могут нести в себе одновременно и транслокации, и замещенные хромосомы. Методом дифференциальной окраски хромосом выявлены линии с транслокацией 5BS.5BL-5GL и замещением 1D(1D^t) от *T. miguschovae*. Одной из главных задач при использовании синтетиков была передача устойчивости к листовой ржавчине. С использованием ДНК-маркеров проведен скрининг интрогрессивных линий, исходя из их родословной, на наличие маркеров сцепленных с генами устойчивости к листовой ржавчине: *Lr9*, *Lr19*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr35*, *Lr38*, *Lr39*, *Lr47*, *Lr50*. Искомые гены идентифицированы как в синтетических формах, так и в интрогрессивных линиях, в то же время у части устойчивых линий данные гены не выявлены. Предположительно, устойчивость к листовой ржавчине у этих линий контролируется другими генами. Установлено также различие линий между собой и сортами реципиентами по глиадинкодирующим аллелям. Интрогрессивные линии успешно используются в селекции мягкой пшеницы. К настоящему времени в КНИИСХ им. Лукьяненко получено 5 сортов: Жировка, Фишт, Восторг, ГРОМ и Баграт.

РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ СЕРОТОНИНОВОЙ СИСТЕМЫ В РАЗВИТИИ ТРЕВОЖНОСТИ У СТУДЕНТОВ

Давыдова Ю.Д.¹

1. БГПУ им. М. Акмуллы

Автор, ответственный за переписку: Юлия Дмитриевна Давыдова, xxtruexx@mail.ru

Понимание механизмов нормального и патологического поведения человека представляет собой одну из проблем современной нейробиологии и медицины. Тревожность является одним из основных факторов, который значительно снижает успеваемость студента в образовательной среде. Известно, что серотонинергическая нейромедиаторная система является важным регулятором поведения и эмоций человека. В качестве генов-кандидатов, экспрессия которых может влиять на уровень тревожности, были исследованы полиморфные варианты генов, продукты которых отвечают за биосинтез (*A218C* гена *TPH1*, *G-703T* гена *TPH2*) и рецепцию серотонина (*A-1438G* гена *5-HTT2A*).

У 216 неродственных индивидов были определены уровни ситуативной и личностной тревожности по методике Ч.Д. Спилбергера в адаптации Ю.Л. Ханина. Анализ генетических полиморфизмов осуществлен методом полимеразной цепной реакции с последующим ПДРФ-анализом.

В ходе проведённого исследования было выявлено, что полиморфные варианты генов, отвечающие за биосинтез серотонина, вносят определённый вклад в развитие различий по показателям тревожности. Установлено, что частота аллеля **A* (*A218C*, *TPH1*) выше в группе индивидов с высокими показателями (59,26%; $p=0,0363$), а частота генотипа **G/*G* (*G-703T*, *TPH2*) выше в группе с низкими показателями ситуативной тревожности (69,14%; $p=0,0136$). При исследовании межгенных взаимодействий полиморфных локусов генов с помощью программы GMDR (Generalized Multifactor-Dimensionality Reduction) определена двухфакторная модель взаимодействия генов, ответственных за биосинтез серотонина. Тестируемая точность модели составила 0,7413; чувствительность – 0,8529; специфичность – 0,6296; повторяемость результата – 10/10, $p=0,0107$. Наиболее значимым сочетанием, определяющим высокие показатели ситуативной тревожности, является сочетание *TPH1 *A/*A + TPH2 *T/*G*. Для низких показателей – *TPH1 *C/*C + TPH2 *G/*G*.

Таким образом, были показаны статистически значимые ассоциации полиморфных вариантов генов *TPH1*, *TPH2* и их взаимодействий с различиями по шкале ситуативной тревожности.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИЗМЕНЧИВОСТЬ, ИЛИ О ЧЕМ РАССКАЗЫВАЮТ ФЕРОМОНЫ ДОМОВОЙ МЫШИ?

Даев Е.В.¹

1. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, Университетская наб., 7/9, Санкт-Петербург, 199034, Россия; mouse_gene@mail.ru, тел.: +7(812)328-15-90

Автор, ответственный за переписку: Евгений Владиславович Даев, mouse_gene@mail.ru

Существование у млекопитающих праймер-феромонов, т.е. летучих хемосигналов, изменяющих опосредованно через систему органов обоняния гормональный статус и даже некоторые морфологические характеристики реципиентов, дало возможность использовать их для изучения влияния нервной системы на генетические процессы. Преимущества использования этих летучих хемосигналов заключаются в неинвазивных методах воздействия, возможности дозирования уже идентифицированных феромонов, и эффективности их действия при низких концентрациях. Кроме того, широкое использование естественных механизмов хемокоммуникации среди млекопитающих и, в особенности, грызунов делают феромональные воздействия у домового мыши перспективной моделью, адекватно отражающей процессы регуляции межорганизменных взаимоотношений у целого ряда видов-макросматиков.

Выявленные нами генотип-специфичные эффекты действия феромона-стрессора (2,5-диметилпиразина) показывают, что механизмом развития иммуносупрессии при стрессах является дестабилизация генома клеток костного мозга. Возникающая генетическая изменчивость и последующей интенсивный отбор антителообразующих клеток, ведут к снижению численности последних (Даев, 2006).

В половых клетках самцов мышей были выявлены сходные феромонально-индуцированные эффекты. Они вызывали повышение частоты аномальных сперматозоидов, снижение эффективности скрещиваний и повышение смертности потомства. Индукцию хромосомных aberrаций и других мейотических нарушений в сперматоцитах мышей можно рассматривать как механизм повышения уровня изменчивости в половых клетках при стрессах, которая поставляет дополнительный материал для естественного отбора (Даев, 2006). При этом на фоне угнетения репродукции меняется качество рождающегося потомства.

Таким образом, 2,5-диметилпиразин, выделяемый самками домового мыши в стрессовых условиях переуплотненного содержания в однополых группах, повышает генетическую изменчивость в клетках реципиентных организмов. С одной стороны, это ведет к снижению их общей приспособленности, а с другой – может ускорять микроэволюционные преобразования за счет генотип-специфического отбора. Используемая модель демонстрирует пути и механизмы угнетения иммунитета и репродукции у животных внешними стресс-факторами.

Поддержано грантом РФФИ 16-04-00678.

МИКРОБНАЯ ЭНДОКРИНОЛОГИЯ И ОСЬ ГОЛОВНОЙ МОЗГ - ЖЕЛУДОЧНО-КИШЕЧНЫЙ ТРАКТ

Даниленко В.Н.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Валерий Николаевич Даниленко, valerid@vigg.ru

Микробиота кишечника человека трактуется в настоящее время как новый эндокринный орган, играющий ключевую роль в становлении и поддержании иммунитета, поддержании общего гомеостаза человека, в том числе в формировании его нервно-психических и поведенческих особенностей. Композиция микробной составляющей ЖКТ является важнейшим показателем состояния постулируемого органа. Выдвигается идея, что микробиота кишечника человека – «второй мозг», ответственный за ряд поведенческих функций и способности к обучению. Бактерии ЖКТ способны продуцировать нейротрансмиттеры: гамма-аминомасляную кислоту (GABA), серотонин, дофамин, норадреналин и, возможно, нейропептиды. В свою очередь, бактерии ЖКТ воспринимают сигналы нейротрансмиттеров, нейропептидов и отвечают на эти сигналы, в том числе через иммунную систему, периферическую нервную систему и непосредственно через блуждающий нерв, передавая эту информацию в мозг. Таким образом, система кишечник-мозг (gut-brain axis) является двунаправленной коммуникационной системой, обеспечивающей сложное функционирование ЦНС и ЖКТ. Представляет огромный интерес выявление в микробиоте ЖКТ генов и их композиций контролирующих синтез продуктов способных модулировать прямо или опосредовано нейроактивность головного мозга. В нашей лаборатории сформирован каталог из более 60 таких генов и осуществлен анализ их распределения в метагеном ЖКТ здоровых людей (детей и взрослых). Проанализировано наличие генов ответственных за нейромодулирующую активность в геномах бифидобактерий и лактобацилл секвенированных в лаборатории и из международных баз данных. Созданы препараты психобиотиков на основе лактобактерий и бифидобактерий продуцирующих ГАМК и другие нейромодуляторы. Установлена способность адреналина, норадреналина и серотонина стимулировать рост и повышать адгезивную способность у некоторых штаммов лактобацилл и бифидобактерий. Осуществлен транскрипционный анализ экспрессии тагетных генов у этих штаммов после воздействия указанных нейротрансмиттеров. В экспериментах *in vitro* и *in vivo* (на грызунах) исследуется нейромодулирующая активность созданных штаммов пробиотиков.

ВАВИЛОВСКАЯ КОЛЛЕКЦИЯ КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ - ОСНОВА ПРОДОВОЛЬСТВЕННОЙ БЕЗОПАСНОСТИ РОССИИ

Дзюбенко Н.И.¹

1. Всероссийский Институт Генетических Ресурсов Растений им. Н.И. Вавилова

Автор, ответственный за переписку: Николай Иванович Дзюбенко,
nickolai.dzyubenko@gmail.com

Генетические ресурсы культурных растений (ГРР) являются одним из базовых компонентов, определяющих продовольственную безопасность каждого государства. В России проблемами мобилизации, сохранения и изучения ГРР на протяжении 120 лет занимается Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И.Вавилова (ВИР). Именно Н.И. Вавилов заложил фундамент национальной и мировой стратегии работы с ГРР. Теория академика Вавилова о центрах происхождения культурных растений, Закон гомологических рядов в наследственной изменчивости, концепция вида как системы, его труды о роли исходного материала для селекции получили международное признание и легли в основу деятельности по формированию коллекций культурных растений. Коллекция ВИР собиралась несколькими поколениями советских и российских учёных, в настоящее время работа по мониторингу, сбору, сохранению, документированию, всестороннему изучению и рациональному использованию ГРР продолжается и развивается на базе современных достижений науки с учётом новых экономических и политических тенденций. Коллекция института насчитывает более 325 тысяч образцов культурных растений и занимает четвёртое в мире место по численности, превосходя коллекции Индии, Китая и США по разнообразию, уникальности и изученности генофонда. Трудно переоценить значимость коллекции ВИР для отечественной селекции. Так, на основе коллекции ВИР селекционерами страны были созданы уникальные сорта, позволившие поднять урожайность зерновых в 2-5 раза и значительно увеличить валовые сборы зерна, благодаря чему Россия заняла лидирующее место в мире по производству пшеницы. 80 % сортов и гибридов сельскохозяйственных культур, возделываемых на полях страны, созданы на основе коллекции ВИР. Идентифицированный генофонд из коллекции ВИР – фундамент для селекции высокоурожайных, устойчивых, адаптивных отечественных сортов и надёжный залог продовольственной безопасности Российской Федерации.

АППРОКСИМАЦИЯ ДЕЙСТВИЯ ГЕНОВ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ ОТКЛОНЕНИЯ В РАЗВИТИИ МЕРИСТЕМ *Arabidopsis thaliana* К МУТАНТНЫМ ФОРМАМ ЛЮЦЕРНЫ

Дзюбенко Е.А.¹, Дзюбенко Н.И.¹

2. Всероссийский Институт Генетических Ресурсов Растений им. Н.И. Вавилова

Автор, ответственный за переписку: Николай Иванович Дзюбенко,
nickolai.dzyubenko@gmail.com

В частной генетике тех или иных таксонов накопились фактические данные о мутантных формах с нарушениями регуляции развития апикальных меристем (АМ) побега и флоральных меристем (ФМ). Такие формы поддерживаются вегетативно или хранятся в генетических коллекциях. В отделе многолетних кормовых культур ВИР имеется генетическая коллекция люцерны (*Medicago sativa*), в том числе формы с мутациями соцветий и детерминированным ростом побега. В генетике развития растений в качестве модельного объекта используется *Arabidopsis thaliana*, для которого определено несколько единичных генов, контролирующих структурные признаки соцветия. Основным геном, индуцирующим трансформацию АМ в ФМ, считается ген *LFY* (*LEAFY*). На стебле растений арабидопсиса, мутантных по гену *lfy*, вместо цветков в пазухах стеблевых листьев формируются боковые побеги. Ген *bri* (*branched inflorescence*) у люцерны вызывает формирование побегоподобных структур в листовых пазухах. Ген *AP1* у арабидопсиса обуславливает степень ветвления флоральных единиц – мутанты *ap1* характеризуются тем, что формируемые ими цветки обладают свойствами побегов, в пазухах их прицветников формируются дополнительные цветки. Для люцерны описан ген *pi-* (*panicle inflorescence*), вызывающий образование сложных метелковидных соцветий у люцерны с цветоносами 2 и 3 порядка. Двойные мутанты арабидопсиса по генам *ap1 cal* (*cauliflower*) вызывают превращение ФМ в меристему соцветия, похожего на цветную капусту. У люцерны двойные мутанты по генам *pi- cal* формируют метелковидные стерильные соцветия, которые аналогичны габитусу «цветная капуста». *TF1* (*Terminal flower*) у арабидопсиса вызывает превращение апикальной меристемы побега во флоральную, что приводит к образованию терминального цветка. У люцерны гены *ti*, *tiS* формируют терминальные верхушечные соцветия, придавая побегу детерминантный тип роста.

К ВЫЯСНЕНИЮ ЭПИГЕНЕТИЧЕСКОЙ (ЭКОЛОГО-ГЕНЕТИЧЕСКОЙ) ПРИРОДЫ ТРАНСГРЕССИЙ ПРИЗНАКОВ ПРОДУКТИВНОСТИ РАСТЕНИЙ

Драгавцев В.А.¹

1. Агрофизический институт

Автор, ответственный за переписку: Виктор Александрович Драгавцев, dravial@mail.ru

Традиционная генетическая гипотеза о механизме трансгрессий: $AAвв \times aaВВ = AABВ$ не имеет экспериментальных доказательств по отношению к признакам продуктивности. Из Теории эколого-генетической организации количественного признака (Т) вытекает новая гипотеза эпигенетической природы трансгрессий: если селекция на повышение продуктивности ведется в климате, где закладка признака "число зерен на растении" (ЧЗР) происходит (в фазу кущения) на фоне засухи, а "массы 1000 зерен" (МЗ) - (в фазе налива) - на фоне холода, то при скрещивании засухоустойчивого (ЗУ) сорта с холодостойким (ХС) будет получен гибрид с увеличенным ЧЗР за счет систем ЗУ материнского сорта, и увеличенной МЗ за счет систем ХС отцовского (по Т - смена спектров генов под признаком при смене лим-фактора среды). Из банка данных программы ДИАС выбрали набор сортов: 5 ЗУ, но не ХС (Саратовская 29; Кзыл-Бас; Грекум 114; Омская 9; Пиротрикс 28) и 5 ХС, но не ЗУ (Диамант; Новосибирская 67; Ранг; Стрела; Мильтурум 553). Рассчитаны генотипические корреляции - R_g (между средними значениями признаков ЧЗР и МЗ) в 3-х географических точках (Усть-Каменогорск, Тара, Тюмень), в которых были разные динамики лим-факторов среды. Усть-Каменогорск: лим-фактор - почвенная засуха - постоянная. ЗУ сорта увеличат оба признака, ХС уменьшат. R_g всего набора сортов должна быть около +1. Расчеты дали $R_g = +0,96 \pm 0,01$. Тара: в фазу кущения (закладка ЧЗР) - почвенная засуха, а в период налива (формирование МЗ) - комфортные условия. Гипотеза прогнозирует нулевую R_g . Расчеты дали: $+0,10 \pm 0,25$. В Тюмени - ЧЗР на засухе, а МЗ на холоде: гипотеза: высокая отрицательная R_g . Расчеты: $= -0,91 \pm 0,03$.

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ДЕЙСТВИЯ МЕТИЛПАРАБЕНА НА БИОЛОГИЧЕСКОЙ МОДЕЛИ

Дроздов. Г. В.¹, Ковалева М. И.², Тихомирова С. В.¹

1. Ярославский государственный медицинский университет
2. Ярославский государственный университет им. П.Г. Демидова

Автор, ответственный за переписку: Глеб Владимирович Дроздов, mockkind@mail.ru

Метилпарабен является консервантом в фармакологии и косметологии. Однако его генотоксическая активность изучена недостаточно.

Целью работы являлось изучение генотоксической и митозмодифицирующей активности метилпарабена с использованием двух тест-объектов: лука *Allium* сера и плодовой мушки *Drosophila melanogaster*.

Для оценки пролиферативной активности метилпарабена изучались давленные препараты корневых меристем *Allium* сера, окрашенные ацеторсеином, рассчитывался митотический и фазные индексы. Способность препарата индуцировать доминантные летальные мутации (ДЛМ) оценивалась на *Drosophila melanogaster*. Для анализа использовали раствор метилпарабен в концентрациях: 0,4%, 0,02% и 0,01%. В качестве контроля использовалась дистиллированная вода для лука и 5%-ный раствор сахарозы на дистиллированной воде для дрозофилы.

В эксперименте на *Allium* сера выяснилось, что концентрация 0,4% полностью подавляет рост корешков. При более низких концентрациях рост корешков происходит, однако отмечается значительное снижение митотического индекса до $1,62\% \pm 0,21\%$ при концентрации 0,02% и до $1,43\% \pm 0,14\%$ в концентрации 0,01% по сравнению с контрольным вариантом - $8,37\% \pm 1,15\%$.

Ана-телофазный анализ показал, что препарат в концентрации 0,02% приводит к увеличению частоты хромосомных aberrаций до $6,3\% \pm 2,17\%$ при $1,81\% \pm 0,61\%$ в контроле. Однако данные статистически недостоверны.

Результаты, полученные в тесте ДЛМ у дрозофил, показали, что метилпарабен приводит к увеличению процентного количества мутаций с $1,25\% \pm 0,03$ в контроле до $2,50\% \pm 0,03\%$ в концентрации 0,4%, до $2,59\% \pm 0,03\%$ в концентрации 0,02% и снижение этого количества до $0,90\% \pm 0,03\%$ в концентрации 0,01%. Что свидетельствует о мутагенной активности препарата. Также по мере нарастания концентрации выявлено снижение фертильности дрозофилы.

Таким образом, проведенное исследование показало, что метилпарабен обладает митозмодифицирующей и генотоксической активностью, кроме того снижает фертильность у *Drosophila melanogaster*. Поэтому говорить о безопасности метилпарабена нельзя, и необходимы дополнительные токсикогенетические исследования с использованием других биологических моделей.

ОСОБЕННОСТИ СТАБИЛИЗАЦИИ КАРИОТИПОВ В ПОТОМСТВЕ ОТ СКРЕЩИВАНИЯ ПШЕНИЧНО-РЖАНЫХ ЗАМЕЩЕННЫХ ЛИНИЙ С ДИПЛОИДНОЙ РОЖЬЮ

Дубовец Н.И.¹, Бондаревич Е.Б.¹, Соловей Л.А.¹, Сычева Е.А.¹, Кабаненко Ю.Н.²,
Логинова Д.Б.², Силкова О.Г.²

1. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси
2. Институт цитологии и генетики СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Надежда Ивановна Дубовец, n.i.dubovets@igc.by

Интрогрессия хроматина ржи *Secale cereale* L. в геном мягкой пшеницы используется в селекции для повышения адаптивных свойств культуры. В связи с этим создание новых форм пшенично-ржаных гибридов и выявление особенностей реорганизации их геномов на первых этапах интрогрессии чужеродного хроматина является актуальной задачей, решение которой способно повысить эффективность работ в данном направлении.

Нами проведен анализ хромосомного состава гибридов F₃ и F₅ от скрещивания пшенично-ржаных замещенных линий 1R(1A) и 6R(6A) с диплоидной рожью. Установлено, что в потомстве гибридов 1R(1A) × R происходит постепенная элиминация хромосом R-генома: в F₃ они выявлены в 1, 2 и 4-й гомеологичных группах, а в F₅ – в 1 и 4-й. При этом пара хромосом 1R замещает пару 1A, а пара 4R-хромосом является дополнительной к полному комплекту хромосом пшеницы и, скорее всего, будет подвержена элиминации из кариотипа. В то же время в потомстве одного растения F₄ (в F₅ проанализировано потомство 22-х растений F₄, полученных при размножении 3-х растений F₃) отмечен переход в моносомное состояние хромосомы 4D, что может привести к формированию 4R(4D)-замещения. В пользу этого свидетельствует факт обнаружения в потомстве другого растения F₄ 4R(4B)-замещения хромосом.

В противоположность этому в потомстве гибридов 6R(6A) × R четко прослеживается тенденция к сохранению полных наборов хромосом ржи и пшеницы и формированию вследствие этого октоплоидных тритикале (2n=8x=56, геном AABBDDRR). Из этого следует, что тип межгеномного замещения у включенных в гибридизацию форм оказывает существенное влияние на процесс стабилизации гибридного генома. Манипулируя набором замещенных линий можно создавать новые формы пшенично-ржаных гибридов различного уровня пloidности.

Работа выполнена при финансовой поддержке грантов БРФФИ Б15СО-030 и РНФ №16-16-00011.

СТРУКТУРА МЕЖГЕННОГО СПЕЙСЕРА РИБОСОМНОЙ ДНК КУРИЦЫ

Дёмин А.Г.¹, Фийон В.², Галкина С.А.¹, Сайфитдинова А.Ф.¹, Кошель Е.И.¹, Гагинская Е.Р.¹

1. Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия
2. Французский национальный институт сельскохозяйственных исследований, Тулуза, Франция

Автор, ответственный за переписку: Александр Геннадьевич Дёмин,
rustle.reed@gmail.com

Рибосомные повторы представляют важнейший элемент любого генома. На хромосомах они формируют ядрышкообразующие районы, функциональный статус которых определяет физиологическое состояние клетки. Каждый рибосомный повтор состоит из транскрибируемого кластера генов рРНК и межгенного спейсера (IGS), играющего ключевую роль в регуляции транскрипции рРНК. Несмотря на широкомасштабные исследования геномов животных, у многих позвоночных организация рДНК и, в частности, структура IGS, остаются слабо изученными. Ранее нами реконструирована последовательность кластера генов рРНК курицы (NCBI: KT445934), однако, данные о последовательности IGS птиц полностью отсутствовали.

В настоящем исследовании выполнен анализ структуры IGS курицы. Использованы неаннотированные контиги из сборки генома *GalGal 5.0* (NCBI, BioProject: PRJNA13342) и данные секвенирования ВАС-клона WAG137G04, содержащего фрагмент ядрышкового организатора курицы. Секвенирование выполнено методом PacBio на базе INRA (Тулуза, Франция).

Всего выявлено и проанализировано четыре полные последовательности IGS длиной от 14002 до 22627 п.о. Последовательность IGS курицы состоит из двух блоков повторов, разделенных уникальной высококонсервативной областью (≈ 1950 п.о.). Первый блок сформирован 3–6-ю GC-обогащенными повторами (≈ 140 п.о.), разделенными 2–5-ю AT-обогащенными повторами (≈ 300 п.о.). Второй блок образован четырьмя типами GC-обогащенных тандемных повторов (≈ 93 п.о.), предположительно имеющих общее происхождение. Длина второго блока варьирует от 10012 до 33237 п.о. в зависимости от числа повторов. На 3'-конце IGS располагается уникальная область (≈ 191 п.о.), предположительно содержащая регуляторные элементы промотора РНК-полимеразы I. Описанные повторы и уникальные последовательности не имеют гомологии с элементами IGS млекопитающих и амфибий, что указывает на обособленный путь эволюции регуляторных последовательностей рДНК у птиц.

Исследование реализовано при поддержке грантов СПбГУ #1.50.1043.2014 и РФФИ #15-04-05684, на базе РЦ СПбГУ ЦКП «Хромас».

ДЕТАЛЬНАЯ ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ИЗБРАННЫХ ШТАММОВ *S. cerevisiae*, ПРИНАДЛЕЖАЩИХ К ПЕТЕРГОФСКОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ КОЛЛЕКЦИИ

Дроздова П.Б.¹, Тарасов О.В.², А.Г. Матвеевко³, Ю.В. Сопова³, Д.Е. Полев⁴, Инге-Вечтомов С.Г.³

1. каф. генетики и биотехнологии СПбГУ
2. каф. генетики и биотехнологии СПбГУ, СПб НЦ РАН
3. Санкт-Петербургский филиал ИОГен РАН, каф. генетики и биотехнологии СПбГУ
4. РЦ «Центр Биобанк» СПбГУ

Автор, ответственный за переписку: Андрей Георгиевич Матвеевко,
studentmag01@gmail.com

Петергофская генетическая коллекция дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* (ПГК) была создана более полувека назад и включает штаммы Петергофских генетических линий (ПГЛ) и штаммы, полученные при скрещивании дрожжевых штаммов разных линий. Первые штаммы ПГЛ были приспособлены к использованию в лабораторных исследованиях независимо от других коллекций и происходят от промышленного изолята (ХII расы), использовавшегося в спиртовом производстве. Ряд штаммов ПГК широко используется в научных исследованиях в нашей стране и за рубежом.

Активное использование штаммов ПГК в исследованиях и их специфическое происхождение подчёркивают необходимость детальной характеристики их геномов. Мы выбрали пять штаммов: (1) 15В-П4, один из ближайших к промышленному предку ПГЛ, (2) 25-25-2В-П3982, полученный в результате многочисленных скрещиваний штаммов “петергофского” происхождения, (3) 1Б-Д1606, успешно применяемый в изучении терминации трансляции, (4) 74-Д694, один из наиболее распространённых штаммов в работах, посвящённых изучению приона [*PSI*], и (5) 6Р-33Г-Д373, произошедший от штамма, также применяемого в исследованиях терминации трансляции и прионов, и обладающий известной вариацией по копиям хромосомы VIII, — и проанализировали их геномы с помощью секвенирования нового поколения.

Полученные данные позволяют утверждать, что генетическое расстояние между 15В-П4 и S288С, референсным штаммом *S. cerevisiae*, сравнимо с расстоянием между популяциями *S. cerevisiae* разного происхождения, а из изученных на настоящее время штаммов дрожжей 15В-П4 наиболее близок к двум штаммам, используемым в хлебопекарном производстве. Геномы штаммов ПГК содержат некоторые гены, отсутствующие в референсном геноме, но ранее описанные для других штаммов дрожжей. Кроме того, мы уточнили молекулярную природу ряда описанных ранее мутаций ауксотрофности. Все полученные данные доступны в сети Интернет и будут полезны в исследованиях с использованием штаммов ПГК и родственных им штаммов.

ДНК-ГЕНОТИПИРОВАНИЕ ВТОРИЧНЫХ РЕКОМБИНАНТНЫХ ЛИНИЙ ТРИТИКАЛЕ НА УСТОЙЧИВОСТЬ К ПОЛЕГАНИЮ И ПРЕДУБОРОЧНОМУ ПРОРАСТАНИЮ

Дубовец Н.И.¹, Сычева Е.А.¹, Дробот Н.И.¹, Бондаревич Е.Б.¹, Соловей Л.А.¹

1. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси

Автор, ответственный за переписку: Надежда Ивановна Дубовец, n.i.dubovets@igc.by

Использование хромосомно-инженерных технологий в сочетании с ДНК-маркированием является перспективным подходом к расширению селекционного потенциала гексаплоидных тритикале. В сообщении представлены результаты изучения аллельного состояния генов короткостебельности *Rht-B1* и *Rht8* и гена *Vp-1B*, ассоциированного с устойчивостью к предуборочному прорастанию, у 31 вторичной рекомбинантной линии гексаплоидных тритикале (ВРЛ) F₅, из которых 15 содержат 1D(1A)-замещение хромосом, две - 2D(2B); две - 3D(3A); две - 6D(6B); две - 1D(1A) и 2D(2B); две - 1D(1A) и 6D(6B); одна - 1D(1A) и 6D(6A); одна - 2D(2B) и 3D(3A); одна - 1D(1A) и 3D(3A); две - 1D(1A), 2D(2B) и 3D(3A); одна - 1D(1A), 2D(2B) и 6D(6B)-замещения. Анализ по аллельному составу гена *Rht-B1* показал, что 8 ВРЛ являются гомозиготными по аллелю *Rht-B1a* (25,8%), 20 линий гомозиготны по аллелю *Rht-B1b* (64,5%). Линии ВРЛ-15, ВРЛ-18 и ВРЛ-28 неоднородны по аллельному составу гена *Rht-B1*. У семи ВРЛ, в геноме которых присутствует хромосома 2D, установлено присутствие аллеля дикого типа гена *Rht8* (*Rht8a*, 165 п.н.). При анализе по гену *Vp-1B* у ВРЛ идентифицированы два аллеля: *Vp-1Ba* и *Vp-1Bc*, с преобладанием последнего. Мутантный аллель *Vp-1Bc*, обуславливающий устойчивость к предуборочному прорастанию, содержали 19 рекомбинантных линий, 5 линий характеризовались наличием аллеля дикого типа *Vp-1Ba*. Семь вторичных рекомбинантных линий были неоднородны по аллельному составу гена *Vp-1B*. По совокупности полученных результатов выделены 10 вторичных рекомбинантных линий тритикале, сочетающих в генотипах мутантные аллели генов *Rht-B1* и *Vp-1B*. Данные линии будут использованы для дальнейшего насыщения их генотипов селекционно-ценными аллелями генов, локализованных в хромосомах D-генома пшеницы, с целью обогащения генофонда тритикале.

РОЛЬ ГЕНА ОРНИТИНАМИНОТРАНСФЕРАЗЫ В МЕТАБОЛИЗМЕ ПРОЛИФЕРИРУЮЩИХ ТКАНЕЙ РАСТЕНИЙ

Егорова А.А.¹, Кочетов А.В.², Герасимова С.В.²

1. ИЦиГ СО РАН, НГУ
2. ИЦиГ СО РАН, НГУ

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Александровна Егорова, sealin-nsk2@yandex.ru

Фермент дельта-орнитинаминотрансфераза (ОАТ) переносит дельта-аминогруппу орнитина на альфа-кетоглутарат с образованием пирролин-5-карбоксилата и глутамата. Эта реакция связывает несколько биохимических систем: цикл мочевины, цикл накопления и деградации пролина и путь биосинтеза полиаминов. Показано, что транскрипционная активность гена ОАТ ассоциирована с меристемами и зонами роста, наблюдается при прорастании семени (Герасимова и др., 2011). Известно, что ген ОАТ участвует в формировании определенных раковых опухолей у млекопитающих. (Zigmond *et al.*, 2015). Целью исследования является изучение роли гена ОАТ в метаболизме пролиферирующих тканей растений, в частности, при формировании галлов (индуцированных *Agrobacterium tumefaciens* опухолей).

Методом ОТ-ПЦР показано, что повышенная экспрессия гена ОАТ наблюдается в проростках до появления первой пары листьев, в верхушечной и пазушных почках, развивающихся листьях, местах инициации роста боковых и придаточных корней молодых растений, каллусах. Это согласуется с ранее полученными нами результатами (Герасимова, 2011).

Для исследования роли гена ОАТ при формировании корончатых галлов использовались трансгенные растения *N. tabacum* (SR1), несущие репортерную конструкцию, содержащую ген бета-глюкуронидазы *E. coli* (GUS) под контролем промотора гена ОАТ *A. thaliana*. Листовые экспланты заражали вирулентным штаммом A281 *A. tumefaciens*. Гистохимическим методом оценивалась активность промотора гена ОАТ, экспрессия ОАТ в полученных галлах оценивалась методом ОТ-ПЦР. По предварительным результатам экспрессия гена ОАТ активируется в ответ на механическое повреждение поверхности листа, наблюдается в клетках галла.

Результаты позволяют предположить, что ген ОАТ принимает участие в регуляции аминокислотного метаболизма пролиферирующих тканей растений, в частности при формировании опухолей.

Герасимова С.В. и др. Генетика. 2011. Т.47. №5. С.707-710.

Zigmond *et al.* ACS Med. Chem. Lett. 2015. V. 6, №8. P. 840–844.

Работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 14-04-01036 А).

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКОЕ ИЗУЧЕНИЕ НАСЕЛЕНИЯ КАРАЧАЕВО-ЧЕРКЕСИИ

Ельчинова Г.И.¹, Макаов А.Х.-М.², Петрин А.Н.³, Зинченко Р.А.¹

1. Медико-генетический научный центр, Москва
2. Хабезская центральная районная больница, Хабез
3. Московский государственный медико-стоматологический университет им. А.И.Евдокимова, Москва

Автор, ответственный за переписку: Галина Ивановна Ельчинова, elchinova@med-gen.ru

Стандартный протокол генетико-эпидемиологического обследования населения, разработанный в лаборатории генетической эпидемиологии ФГБНУ «МГНЦ» под руководством академика Е.К.Гинтера, помимо комплексного обследования населения выездной бригадой врачей-специалистов, молекулярно-генетической диагностики, составления баз данных и статистического анализа включает в себя и изучение популяционно-генетических характеристик, получаемых из небологических источников информации, таких как брачные записи, списки избирателей, анкеты опроса женщин пострепродуктивного возраста. Популяция Карачаево-Черкесии является полиэтнической, основные этносы – карачаевцы, черкесы, русские, ногайцы, абазины. Списки избирателей обработаны тотально (N=315889, частых – 211297, или 66,9%), брачные записи выкопированы из списков избирателей за 1990-2000 гг (тотально). Из анализа исключены браки супругов пострепродуктивного возраста, браки жителей других регионов, не имеющие отношения к данной популяции, браки с жителями крупных городов и иностранцами, предполагающие выезд из изучаемой популяции. В анализ вошло 28879 брачных записей. По нашей просьбе работниками местного здравоохранения опрошены 2983 женщины пострепродуктивного возраста. Подсчитаны и проанализированы значения случайного инбридинга и параметры Барраи для популяций ранга «район» и «сельсовет», составлены схемы фамильных ландшафтов, отразившие тухумную организацию социума, характерную для Северного Кавказа. Индекс эндогамии для районов оказался невысоким, элементарной популяцией является вся территория, занимаемая этносом. Несмотря на предпочтение вступления в моноэтнический брак и положительную брачную этническую ассортативность, интенсивность метисации высока, особенно в городском населении. Характер воспроизводства сельского населения (кроме русских) – расширенный, городского – простой. У сельских русских реализуется простой характер воспроизводства, у городских – суженный. Графический анализ индексов Кроу не выявил ни территориальной, ни этнической дифференциации населения по этому показателю. Работа выполнена в рамках плановых исследований лаборатории генетической эпидемиологии ФГБНУ «МГНЦ» при финансовой поддержке РФФИ (14-04-00525, 15-04-01859).

БИОТИЧЕСКИЙ И АБИОТИЧЕСКИЙ СТРЕСС ВЫЗЫВАЕТ ИЗМЕНЕНИЕ ПРОФИЛЕЙ ЭКСПРЕССИИ И СПЛАЙСИНГА ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА *WRKY Arabidopsis thaliana*

Емелина К.В.¹, Малошенок Л.Г.¹, Вячеславова А.О.¹, Абдеева И.А.¹, Брускин С.А.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Лилия Георгиевна Малошенок, maloshenoklg@mail.ru

Одним из способов регуляции активности транскрипционных факторов (ТФ) на белковом уровне является механизм белковой интерференции, в основе которого лежит принцип конкурентного ингибирования. Благодаря наличию у транскрипционных факторов вариантов альтернативного сплайсинга один ген может кодировать сразу несколько изоформ белка, одна из которых может осуществлять активацию транскрипционного белкового комплекса, а другая, вследствие нарушений в области ключевого домена ингибировать этот процесс. Явление белковой интерференции наблюдается у белков семейства *WRKY*, активно участвующих в растительном ответе, как на абиотические, так и на биотические стрессовые воздействия.

В данной работе в качестве объектов исследования были выбраны гены *WRKY15*, *WRKY39*, *WRKY55*, *WRKY43*, активность которых может регулироваться путем альтернативного сплайсинга, в результате которого образуются нефункциональные варианты ДНК-связывающего домена. Разработана система детекции полноразмерных и альтернативно сплайсированных вариантов генов *WRKY* на основе ПЦР в реальном времени. Установлены изменения в экспрессии изоформ генов *WRKY15* и *WRKY55*, позволяющих предположить у транскрипционных факторов *WRKY15* и *WRKY55* наличие механизма белковой интерференции в ответ на биотический стресс. Показаны изменения в экспрессии различных изоформ *WRKY39* и *WRKY55* в условиях низких температур, позволяющие предположить наличие белковой интерференции у транскрипционных факторов *WRKY39* и *WRKY55* в ответ на абиотический стресс.

Работа выполнена при поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 14-04-31927 мол_а.

ИССЛЕДОВАНИЯ ГЕНОФОНДА НАРОДОВ ЦЕНТРАЛЬНОЙ АЗИИ: УСПЕХИ И ПЕРСПЕКТИВЫ

Жабагин М.К.¹, Балановский О.П.², Юсупов Ю.М.³, Турдикулова Ш.У.⁴, Исакова Ж.И.⁵,
Нимадава П.⁶, Балановская Е.В.⁷

1. National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан
2. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва
3. Институт стратегических исследований Республики Башкортостан, Уфа
4. Центр высоких технологий, Ташкент, Узбекистан
5. НИИ молекулярной биологии и медицины МЗ КР, Бишкек, Кыргызстан
6. Монгольская Академия медицинских наук, Улан-Батор, Монголия
7. Медико-генетический научный центр, Москва

Автор, ответственный за переписку: Максат Кизатович Жабагин, mzhabagin@gmail.com

Представлено исследование центрального паззла в мозаике генофонда Евразии. В широком этно-историческом и физико-географическом понимании, Центральная Азия включает территорию Казахстана, Узбекистана, Кыргызстана, Таджикистана, Туркменистана, Монголии, Синьцзян-Уйгурской автономии Китая, Тибета и Афганистана. Через нее на протяжении тысячелетий проходили культурные и демические экспансии, на этой сцене развернулись сюжеты множества исторических драм.

В работе генофонд Центральной Азии охарактеризован на основе анализа Y-хромосомы у более 5000 тысяч образцов, включая SNP, STR маркеры и полное секвенирование Y-хромосомы. Ключевым инструментом изучения динамики генофонда Центральной Азии стала родоплеменная структура. Особой формой общественного устройства кочевой цивилизации, в отличие от земледельческой, являлась четко выраженная патронимия, прошедшая через все культурные экспансии и включившая их в структуру кланов. Многие представители современных популяций Центральной Азии до сих пор хранят самоидентификацию на родоплеменном уровне (Шежире). Название рода наследуется по отцовской линии от общего основателя рода аналогично наследованию Y-хромосомы – поэтому необходимо их совместное изучение. Важнейшая роль родоплеменной структуры в формировании генофонда центральноазиатских популяций - более важная, чем даже роль географического фактора - доказана анализом AMOVA (генетическая дифференциация между родоплеменными группами в среднем в 1,5 раза больше, чем между географическими субпопуляциями, причем эта закономерность выявлена для разных народов). Тест Мантеля определяет большую корреляцию генетических расстояний с квазигенетическими (сходство по родовому составу), нежели с географическими расстояниями.

Проведенное исследование обозначает успехи и перспективы сотрудничества генетических обществ Центральной Азии и России как наследия Всесоюзного общества генетиков и селекционеров.

Работа выполняется при поддержке гранта РФФ 14-14-00827, Программ Президиума РАН "Молекулярная и клеточная биология" и "Биоразнообразие природных систем", гранта РФФИ 16-06-00303 и МОН РК (№0114РК00492) Назарбаев Университет.

ХАРАКТЕР ПОВЕДЕНИЯ УНИВАЛЕНТА В АНАФАЗЕ I У СЕРИИ МОНОСОМНЫХ ЛИНИЙ ПШЕНИЦЫ КАК ПРОЯВЛЕНИЕ МЕХАНИЗМОВ МЕЙОТИЧЕСКИХ ПРОЦЕССОВ

Жарков Н.А.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение, Сибирский научно-исследовательский институт сельского хозяйства Российской академии наук (ФГБНУ «СИБНИИСХ», г. Омск)

Автор, ответственный за переписку: Николай Александрович Жарков, zh.nikolay@qip.ru

Проведенный цитологический анализ анафазы I у полной серии моносомных линий пшеницы показал, что по своей полюсной ориентации идентифицируется три основных типа поведения унивалента: униполярный, биполярный и аполярный. Согласно усредненным данным соотношение в процентном выражении составило 49,80; 29,75 и 19,43 соответственно. Постоянство проявления по всем линиям и относительно высокие показатели исключают возможность рассматривать их как аномалии. Полученное соотношение между двумя альтернативными группами (униполярный и биполярный + аполярный) близкое 1 к 1 показывает, что поведение унивалента в целом подчиняется одному из основных законов теории вероятности и менделевским законам наследственности. Это дает основание рассматривать аполярный тип поведения унивалента как частный случай проявления биполярной ориентации унивалента. Способность унивалента в среднем по серии с частотой в 50% вести себя по типу редукционного деления показывает, что пусковым механизмом перехода хромосом от митоза к мейозу является коориентация центромер в зоне исходного полюса одного гаплоидного набора. В это время второй гаплоидный набор сохраняет свою прежнюю митотическую ориентацию. Вероятность того какой из двух гомологов (а следовательно и унивалента) окажется в том или ином положении в среднем составляет 50 на 50%. Изменения положения одного из гомологов и сохранение его вторым гомологом обеспечивает приведение в соответствие гомологичных плеч хромосом. О дальнейшем характере поведения гомологичных пар свидетельствует третий тип поведения унивалент. Он показывает, что после контакта гомологов и начала их синапсиса те хромосомы, которые сохраняли свою прежнюю ориентацию, утрачивают связь с полюсом и восстанавливают ее по завершению конъюгации в положении, соответствующем редукционному делению. После этого между центромерами и зоной исходного полюса формируется кинетохорное веретено, образуя тем самым в прометафазе трехполюсное веретено деления. Сегрегация хромосом осуществляется путем разведения кинетохорного веретена и встраивания его в центральное веретено с последующей реализацией свойств кинетического порядка. Проведенный статистический анализ вариационного ряда частоты униполярного типа поведения унивалента и соответствующие графические построения показали, что отклонения от 50% уровня были вызваны вмешательством дополнительного генетического фактора, осуществляющего в критических ситуациях замену полюсной коориентации центромер одного гомолога на другой. Тем самым устранялась возможность синапсиса гомологов при пространственном разведении хромосом во время конъюгации. В целом характер поведения унивалента показывает, что конъюгация хромосом проходит при фиксированном положении центромер в зоне исходного полюса одного гаплоидного набора хромосом.

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ ПОЛИМОРФИЗМ У ПРИРОДНЫХ ИЗОЛЯТОВ ГЕТЕРОЦИСТНОЙ ЦИАНОБАКТЕРИИ *Anabaena variabilis*

Женавчук О.Ф.¹, Карбышева Е.А.², Мещерякова П.В.¹, Михеева Л.Е.²

1. Кафедра генетики биологического факультета МГУ им. М.В.Ломоносова
2. Кафедра генетики биологического факультета МГУ им.М.В.Ломоносова

Автор, ответственный за переписку: Оксана Федоровна Женавчук, yennifer.v@gmail.com

Нитчатые гетероцистные цианобактерии родов *Anabaena/Nostoc* имеют уникальное экологическое значение, они распространены повсеместно, способны к фото diazотрофному росту, морфологической дифференцировке клеток, образованию симбиоза с грибами и растениями. Небольшое число секвенированных геномов *Anabaena/Nostoc* ограничивает возможности анализа этой высокоорганизованной группы цианобактерий и установления филогенетических связей между изолятами.

Изоляты *Anabaena*, выделенные из полостей листьев папоротника *Azolla* или с листьев растений риса во Вьетнаме, по ряду молекулярно-генетических характеристик практически неотличимы от модельного штамма *Anabaena variabilis* ATCC29413. Цель данного исследования – углубленное генетическое изучение ассоциативных и симбиотических штаммов *Anabaena* из коллекции кафедры генетики Биологического факультета МГУ.

Данные RAPD-ПЦР и полногеномный анализ штаммов *Anabaena* sp. 182 и *Anabaena* sp. V5 показали высокую степень сходства геномов новых штаммов с референсным геномом *A.variabilis*. В геноме штамма V5, не отличающегося по изучавшимся морфофизиологическим характеристикам от модельного штамма, отсутствует линейный элемент генома размером около 37,5 т.п.н. (инцизионный элемент). В геноме штамма 182 обнаружена инсерция размером около 1 т.п.н. в гене *Ava_2562*, кодирующем двухкомпонентный гибридный сенсор-регулятор ответа. Эти результаты показывают, что исследованные штаммы являются вариантами *A.variabilis* ATCC 29413, выделенного в 1964 г. в Миссисипи. Очевидно, что особенности метаболизма *A.variabilis* позволяют легко вступать в симбиотические отношения с папоротником *Azolla*, но открытым остается вопрос, является ли этот штамм или его аналоги облигатным компонентом такого взаимодействия. Результаты анализа геномов исследованных штаммов указывают на высокую стабильность генома *A.variabilis*. Это подтверждается тем, что однонуклеотидные замены не только не накапливаются в результате длительного независимого культивирования штаммов, но и отсутствуют у близкородственных эпифитных и симбиотических штаммов-изолятов, выделенных в разное время из симбиоза с разными видами *Azollae*.

НЕОДНОЗНАЧНОСТЬ РЕЗУЛЬТАТОВ СРАВНИТЕЛЬНОГО МОЛЕКУЛЯРНОГО КАРИОТИПИРОВАНИЯ ДНК ИЗ ВНУТРИПОЛОСТНОЙ ЖИДКОСТИ БЛАСТОЦИСТЫ, ТРОФЭКТОДЕРМЫ И ВНУТРЕННЕЙ КЛЕТОЧНОЙ МАССЫ

Жигалина Д.И.¹, Скрыбин Н.А.², Артюхова В.Г.³, Светлаков А.В.³, Лебедев И.Н.⁴

1. ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск
2. ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск; НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, Томск
3. Общество с ограниченной ответственностью «Красноярский центр репродуктивной медицины», Красноярск
4. ФГАОУ ВО «Национальный исследовательский Томский государственный университет», Томск; НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, Томск; Государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Сибирский государственный медицинский университет» Министерства здравоохранения Российской Федерации, Томск

Автор, ответственный за переписку: Дарья Ивановна Жигалина, dasha_150291@mail.ru

Внеклеточную ДНК (внДНК) из внутриполостной жидкости бластоцисты можно рассматривать как дополнительный источник информации о кариотипе эмбриона. Однако вопрос о степени соответствия молекулярных кариотипов внДНК и клеток эмбриона остается открытым. Результаты сравнительного кариотипирования внДНК и клеток трофэктодермы (ТЭ) показали полное, частичное совпадение, либо его отсутствие в 82%, 15,4% и 2,6% случаев, соответственно (Gianaroli et al., 2014). В другом исследовании сравнение молекулярных кариотипов внДНК и ДНК из клеток внутренней клеточной массы (ВКМ) и ТЭ показало полное соответствие лишь в 48% случаев (Tobler et al., 2015).

Нами был проведен анализ 7 бластоцист хорошего качества, полученных в ходе циклов ЭКО после подписания пациентами информированного согласия. Разделение ВКМ и ТЭ производилось на 5 день развития эмбрионов. Лизис и полногеномная амплификация ДНК были проведены набором REPLIg Mini Kit (каталожный номер 150023, Qiagen) с модификациями. Анализ проводился методом сравнительной геномной гибридизации на метафазных хромосомах. Детекция гибридизационных сигналов производилась на флуоресцентном микроскопе Axio Imager.Z2 (Carl Zeiss). Успешное кариотипирование трех образцов от одной бластоцисты было выполнено в 5 случаях из 7. Полное, частичное соответствие, либо отсутствие совпадения молекулярных кариотипов внДНК и ВКМ было обнаружено в 0% (0/5), 80% (4/5), и 20% (1/5), соответственно. Для внДНК и ТЭ эти показатели составили 0% (0/6), 67% (4/6) и 33% (2/6), соответственно. В пересчете на одну хромосому совпадение результатов кариотипирования для внДНК и ВКМ было равно 50%, а для внДНК и ТЭ – только 37%. Полученные данные указывают на то, что внДНК может быть использована для целей преимплантационной генетической диагностики анеуплоидий, однако только в комбинации с традиционно применяемыми методами биопсии отдельных бластомеров или трофэктодермы.

СОЗДАНИЕ КОМПОЗИЦИОННЫХ ПОЛИМЕРНЫХ МАТЕРИАЛОВ, СОДЕРЖАЩИХ НАНОЧАСТИЦЫ БИОГЕННОГО ПРОИСХОЖДЕНИЯ

Журавлева О.А.¹, Хаддаж М. Х.², Гусев С.А.³, Грицкова И.А.⁴, Басырева Л.Ю.³,
Застрожная И.Ю.⁴, Воейкова Т.А.¹, Дебабов В.Г.¹

1. ФГУП Государственный научно-исследовательский институт генетики и селекции промышленных микроорганизмов, 117545, Москва, 1 Дорожный проезд, д.1. Институт Биохимической технологии и нанотехнологии РУДН, 117198, Москва, ул. Миклухо-Маклая, д.10, к.2
2. Институт Биохимической технологии и нанотехнологии РУДН, 117198, Москва, ул. Миклухо-Маклая, д.10, к.2
3. ФГБУ "Федеральный Научно-Клинический Центр Физико-химической Медицины Федерального Медико-биологического Агентства", 119435, Москва, ул. Малая Пироговская, д. 1а
4. Московский технологический университет, МИТХТ, 119571, Москва, Проспект Вернадского, д.86

Автор, ответственный за переписку: Ольга Алексеевна Журавлева, voeikova@genetika.ru

В настоящее время композиционные материалы, представляющие собой полимерные микросферы с иммобилизованными в них наночастицами оксидов и сульфидов металлов, магнетита, флюоресцирующих веществ, являются предметом широкого исследования фундаментальных и прикладных наук. В этом плане перспективно получение композиционных полимерных частиц, содержащих иммобилизованные наночастицы различного химического состава, размера, формы, поверхность которых покрыта биологическими молекулами, определяющими их стабильность в водных суспензиях. Наночастицы, содержащие на своей поверхности молекулы белков, полисахаридов, фосфолипидов и других биополимеров, получают методом биосинтеза с использованием микроорганизмов различных видов. Такие наночастицы, как правило, имеют узкое распределение по размерам. В настоящей работе представлены результаты, касающиеся создания и исследования некоторых свойств модельного полимерного композита на основе полистирольных микросфер, в состав которого в качестве наполнителя включены биогенные наночастицы сульфида серебра. Полистирольные микросферы с узким распределением по размерам были модифицированы аминокислотными веществами. Наночастицы сульфида серебра были получены в водном растворе солей азотнокислого серебра и тиосульфата натрия в присутствии бактерии *Shewanella oneidensis* MR-1, содержали на поверхности белки внешней мембраны бактериальной клетки и были стабильны в водных суспензиях. Наночастицы имели форму близкую к сферической и размер порядка 7±2 нм. Качественный и количественный физико-химический анализ исходных веществ и продуктов позволяет доказать факт иммобилизации наночастиц на поверхности микросфер, определить влияние белкового покрытия на кинетику процесса. Предполагается, что изменение плотности и гидрофобно-гидрофильных свойств поверхности нанонаполненных полимерных частиц, позволит найти им широкое применение в качестве носителей биополимеров при создании диагностических тест-систем и материалов для биологии и медицины.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 16-04-00471).

ЗАКОНОМЕРНОСТИ ИНДУКЦИИ МУТАЦИЙ УФ-ИЗЛУЧЕНИЕМ: ФОРМА КРИВЫХ

Жучкина Н. И.¹, Кокорева А. Н.¹, Шванева Н. В.¹, Колтовая Н. А.¹

1. Объединенный институт ядерных исследований, Дубна, Россия

Автор, ответственный за переписку: Надежда Игоревна Жучкина, gem_nadin@bk.ru

Несмотря на давнюю историю изучения молекулярных механизмов и закономерностей индукции мутаций УФ-излучением, исследования все еще продолжаются и остаются нерешенные проблемы. Принято считать, что у бактерий мутагенез описывается линейно-квадратичной зависимостью, и это объясняется наличием индуцибельной ошибочной SOS-репарации. У дрожжей обнаруживаются некоторые индуцибельные функции, участвующие в мутагенезе, но существование общей ошибочной репарационной активности, аналогичной бактериальной SOS- системе, не обнаружено, по крайней мере, в таком цельном виде. И какова же в таком случае в действительности, вне теоретических гипотез, форма кривых для разных типов мутаций у эукариот? У нас в наличии были тестерные системы для тестирования замен пар оснований, сдвига рамки считывания, прямых мутаций и перестроек ДНК. Анализ показал, что у эукариот кривые мутагенеза для различных типов мутаций фитируются либо степенной функцией, либо экспонентой. Например, частота генных мутаций у гаплоидов фитируется степенной функцией. В log-log масштабе наклон составляет от 2 до 4, причем он зависит от диапазона доз. Можно предположить, что кривая мутагенеза представляет собой суперпозицию нескольких кривых мутагенеза, полученных в результате функционирования различных путей репарации.

АНТИРЕСТРИКЦИОННЫЕ ДНК-МИМИКРИРУЮЩИЕ БЕЛКИ (ArdA), КОДИРУЕМЫЕ ГЕНАМИ В ТРАНСМИССИВНЫХ ПЛАЗМИДАХ, АКТИВИРУЮТ ЭКСПРЕССИЮ H-NS-ЗАВИСИМЫХ ГЕНОВ В БАКТЕРИАЛЬНОЙ КЛЕТКЕ ПРИ КОНЬЮГАТИВНОМ ПЕРЕНОСЕ

Завильгельский Г.Б.¹, Горянин И.И.¹, Мелькина О.Е.¹

1. ФГУП "ГосНИИгенетика"

Автор, ответственный за переписку: Геннадий Борисович Завильгельский, zavilgel@genetika.ru

Антирестрикционные белки ArdA, гены которых расположены в трансмиссивных плаزمидах, специфически ингибируют активность клеточных ферментов рестрикции-модификации типа I, тем самым способствуя эффективному горизонтальному переносу генов. Белки ArdA принадлежат семейству ДНК-мимикрирующих белков, т. к. их пространственная структура подобна структуре биспиральной ДНК в В-форме. Так как гистон-подобный белок H-NS образует в бактериальной ДНК комплексы с АТ-богатыми и соответственно изогнутыми участками, способствуя компактизации хромосомы и одновременно репрессируя транскрипцию нескольких сотен генов, то можно было предположить, что ДНК-мимикрирующие белки типа ArdA также способны формировать комплексы с H-NS. В результате можно ожидать значительное усиление экспрессии бактериальных генов, репрессированных белком H-NS. В настоящей работе на модели lux-биосенсорв – бактерий *Escherichia coli*, содержащих гибридные плазмиды с различными H-NS-зависимыми промоторами и регуляторными участками, транскрипционно слитыми с кассетой luxCDABE *Photobacterium luminescens* (гены-репортеры), показано, что *in vivo* ДНК-мимикрирующие белки ArdA, а также Ocr и Arn, кодируемые бактериофагами T7 и T4, в значительной степени снижают уровень H-NS-репрессии ряда бактериальных генов. Кроме того, показано, что при конъюгативном переносе трансмиссивных плазмид, содержащих ген *ardA*, в бактерии-реципиенте в процессе переноса также значительно усиливается экспрессия H-NS-зависимых генов. Основной вывод работы – антирестрикционные ДНК-мимикрирующие белки ArdA не только способствуют эффективности переноса плазмиды из одной группы бактерий в другую с иной системой рестрикции-модификации, но и в значительной степени изменяют метаболизм бактерии-реципиента, активируя экспрессию нескольких сотен генов, в состав которых входят, в частности, гены, привнесенные ранее в процессе горизонтального переноса, т. к. в области промоторов этих генов содержатся АТ-богатые участки.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ МЕТОДА ДИАЛЛЕЛЬНЫХ СКРЕЩИВАНИЙ ПРИ ИЗУЧЕНИИ КОМБИНАЦИОННОЙ СПОСОБНОСТИ РАННЕСПЕЛЫХ ЛИНИЙ КУКУРУЗЫ

Зайцев С.А.¹

1. Федеральное Государственное Бюджетное Научное Учреждение Российский научно-исследовательский и проектно-технологический институт сорго и кукурузы, «Россорго»

Автор, ответственный за переписку: Сергей Александрович Зайцев, zea_mays@mail.ru

Метод диаллельных скрещиваний позволяет вычислить ценность конкретной линии и наметить пути ее использования. Линию с высокой ОКС и низкой СКС лучше использовать в качестве компонентов синтетического гибридного сорта. Нецелесообразно браковать линии, у которых наряду с низкой ОКС высокая дисперсия СКС, так как такая линия может использоваться для выделения высокоурожайных комбинаций. Самоопыленные линии, у которых высокие значения дисперсии ОКС и СКС, могут быть использованы для включения в синтетический сорт и для выделения комбинаций с наиболее сильно выраженным изучаемым признаком. В эксперимент включены гибриды кукурузы, полученные по диаллельной схеме и 11 родительских линий (метод 2, модель 1 Гриффинга). Степень проявления комбинационной способности варьирует под влиянием условий возделывания. Отмечено, что у линий с коротким начальным периодом вегетации при скрещивании с другими формами формируется и более раннеспелое потомство в F₁. Подобная ситуация отмечена для линий: ИКВ18, В27, В72, Кд12L53, РСК3, РСК218. Гибриды полученные с участием РСК7, как правило удлиняют начальный период вегетации. Выявлено, что наибольшую ценность представляют линии, у которых отмечены высокие показатели общей и специфической комбинационной способности по урожайности зерна - Кд12L53, РСК3, РСК218, РСК7. Высокие эффекты ОКС и дисперсия СКС по содержанию сырого протеина в зерне отмечены у линий ИКВ18, РСК3, у гибридов, полученных с участием данных линий, отмечается большее содержание протеина в зерне, чем у других гибридов. Выделенные раннеспелые линии кукурузы с высокими показателями комбинационной способности (РСК3, РСК7, РСК218) использованы в качестве родительских компонентов в гибридах Инсайд, Радикал, Клинок, включенных в Государственный реестр селекционных достижений, допущенных к использованию (год включения 2014), в родословной синтетической популяции Стимул, проходящей государственное испытание.

ВЫЯВЛЕНИЕ НОВЫХ СУБЛИНИЙ *M. tuberculosis* НА ОСНОВАНИИ ОДНОНУКЛЕОТИДНЫХ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ ВИРУЛЕНТНОСТИ

Зайчикова М.В.¹, Михеечева Н.Е.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук

Автор, ответственный за переписку: Марина Викторовна Зайчикова, marinaz15@yandex.ru

В последние годы при диагностике и лечении туберкулеза (ТБ) все большее значение приобретает проблема распространения лекарственно-устойчивых штаммов штаммов *M. tuberculosis*, а также штаммов с повышенной вирулентностью и патогенностью [Forrellad et al, 2013]. Причиной этого является широкое применение в последние десятилетия противотуберкулезных препаратов, а также изменение иммунного статуса людей, в т.ч. вследствие широкого распространения хронических заболеваний.

Клинические проявления и эпидемиология ТБ определяется комплементарным взаимодействием и балансом между иммунной системой хозяина, системами вирулентности патогена и его адаптации. Генетические вариации как иммунной системы патогена, так и хозяина, а также их сочетание могут оказывать влияние на предрасположенность к заболеванию и его течение [Ogarkov O. et al, 2012].

Вирулентность определяется целым рядом факторов, большинство из которых генетически детерминированы. Геном *M. tuberculosis* включает значительное (более двухсот) число генов, кодирующих различные факторы вирулентности, включая гены, детерминирующие биосинтез миколовых кислот, трансляционные регуляторы WhiB, гены, кодирующие системы секреции VII типа, гены систем токсин-антитоксин и т.д. [Forrellad et al; 2015 Prozorov et al, 2014; Tiwari P et al, 2015]. Мутации в данных генах могут приводить к изменению свойств белка, и, как следствие, к изменению профиля вирулентности.

Целью работы было изучение роли функционально значимых полиморфизмов в генах, для которых экспериментально установлено участие в патогенности *M.tuberculosis*. Сформирована база данных из 520 секвенированных геномов охарактеризованных штаммов *M.tuberculosis*, в т.ч. выделенных у ВИЧ-положительных пациентов, а также каталог из 362 генов вирулентности. Разработана программа для автоматического поиска значимых полиморфизмов в отобранных генах, осуществлен анализ корреляции полиморфизмов генов вирулентности с ВИЧ-статусом пациентов, выявлены мутации, коррелирующие с изменением фенотипа вирулентности у изолятов *M.tuberculosis* генотипов LAM и B0.

МОДА НА НЕСТАБИЛЬНУЮ МУТАЦИЮ *yellow* В ПОПУЛЯЦИИ *Drosophila melanogaster* УМАНИ - РЕЗУЛЬТАТ ИНВЕРСИОННОГО ПОЛИМОРФИЗМА

Захаренко Л.П.¹, Захаров И.К.¹

1. Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН, Новосибирск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Людмила Павловна Захаренко, zakharlp@bionet.nsc.ru

В природных популяциях *Drosophila melanogaster* обнаружено явление, получившее название «мода на мутацию». Повышенная концентрация видимых мутаций могла быть локальной или глобальной и сохранялась в течение нескольких лет.

Считалось, что мода на мутацию по гену *yellow* в популяции Умани вызвана вспышкой мутабельности в этом гене и мутанты имеют независимое происхождение, поскольку несмотря на фенотипическую однородность, они имели разные генетические характеристики. Молекулярно-генетический анализ показал, что повышенная концентрация мутаций по гену *yellow* была вызвана распространением в популяции инверсии в регуляторной части этого гена между двумя копиями *hobo*-мобильного элемента. Даже спустя два десятилетия практически все линии, берущие начало от самок, оплодотворенных в природе, имели эту инверсию независимо от того, в каком году мутация была выделена. Большая часть линий, берущих начало от мутантных самцов, скрещенных с самками со сцепленными X-хромосомами для сохранения сцепленной с полом мутации *yellow*, через четверть века размножения в лаборатории вместо инверсии имела реинверсию, делецию или дупликацию, или же их комбинацию в регуляторной части гена. Практически во всех случаях рекомбинации с вовлечением гена *yellow* были уникальными, соответственно, и генетические характеристики разных мутантных производных различались. Встройка *hobo*-элемента в регуляторной зоне не влияла на работу «модного» гена, поэтому реинверсия между двумя *hobo*, окаймляющими инверсию, давала дикий фенотип и была основой для последующей нестабильности. Со временем нестабильность в линиях вместе с повышением уровня гомозиготности, как правило, затухала, но скрещивание со «свежими» самками в отдельных случаях вновь индуцировало нестабильность.

В целом, перемещение мобильных элементов и рекомбинации между ними и их дефектными производными – события одного порядка величин в нестабильных генах при инсерционном мутагенезе.

СЕЛЕКЦИЯ НА РАСОНЕСПЕЦИФИЧЕСКУЮ УСТОЙЧИВОСТЬ К БУРОЙ РЖАВЧИНЕ В УЛЬЯНОВСКОМ НИИСХ

Захаров В.Г.¹, Тырышкин Л.Г.²

1. ФГБНУ "Ульяновский НИИСХ
2. ФГБНУ ФИЦ ВИР

Автор, ответственный за переписку: Владимир Григорьевич Захаров, ulniish@mail.ru

Основным подходом для выведения устойчивых к бурой ржавчине (*Puccinia triticina* Erikss.) сортов в Ульяновском НИИСХ является селекция генотипов, характеризующихся слабым уровнем поражения листовой ржавчиной в полевых условиях. За последнее десятилетие созданы сорта, длительно сохраняющие высокий уровень полевой устойчивости. С помощью фитопатологического теста изучено присутствие известных *Lr* генов устойчивости у 6-ти сортов яровой мягкой пшеницы: Экада 66, Экада 70, Экада 97, Ульяновская 100, Маргарита и Симбирцит. Они были сильно восприимчивы к болезни в стадии проростков, что доказывает отсутствие генов ювенильной резистентности. Вместе с тем, по результатам фитопатологического тестирования у линий сортов Экада 66, Ульяновская 100 и Симбирцит не могут присутствовать идентифицируемые гены возрастной устойчивости пшеницы к листовой ржавчине. Таким образом, длительность устойчивости к листовой ржавчине изучаемых сортов может объясняться, во-первых, присутствием у них ранее неизвестных и, скорее всего, не используемых широко в селекции на резистентность генов устойчивости и, во-вторых, мультилинейностью данных сортов. В результате селекционной работы созданы многочисленные линии, длительно проявлявшие устойчивость к листовой ржавчине. Результаты указывают на возможное присутствие гена *Lr34* у образцов 700, 702, 707, 716, 718, 720; гена *Lr48* у образцов 702, 704, 705, 709, 710, 711, 713, 715, 717, 718, 719, 721 и гена *Lr13* у образцов 707, 716 и 720. Полученные данные указывают на возможную широкую представленность в селекционном материале Ульяновского НИИСХ гена *Lr48*. Выделенные в данном исследовании образцы мягкой пшеницы, с высокой долей вероятности защищены ранее неизвестными генами возрастной устойчивости, либо комбинацией известных генов резистентности *Lr13*, 34 и 48 и неизвестных генов.

СОХРАНЕНИЕ ГЕНОФОНДА КОРИАНДРА

Збраилова Л.П.¹, Каргамышева Е.В.¹, Реутина А.В.¹, Лучкина Т.Н.¹

1. ФГБНУ Донская опытная станция им. Л.А. Жданова Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур

Автор, ответственный за переписку: Людмила Павловна Збраилова,
zbrailovalyudmila@yandex.ru

Кориандр – культура многопланового использования, выращивается для получения эфирного масла, используемого в парфюмерии, мыловарении, медицине, в пищевой промышленности.

Площадь посева кориандра в мире занимает 300-350 тыс. га. Мировой объем сбора семян кориандра составляет приблизительно 600 тыс. тонн. В России кориандр одна из важнейших эфиромасличных культур. Посевная площадь под ним составляет примерно 170 тыс. га. В Ростовской области площадь посева кориандра нестабильна. В 2014 году она составляла 3,7 тыс. га, а в 2015 – 17,4 тыс. га.

В последние годы вырос спрос на эту культуру. Кориандр наиболее дешевый источник сырья многоцелевого использования. Содержание эфирного масла, в состав которого входит более 20 компонентов, в плодах кориандра от 0,2 до 2,16 %. Немаловажную роль в плодах играет жирное масло (от 18 до 28%) в состав которого входят: олеиновая, изолеиновая, линолевая, пальмитиновая, стеариновая, миристиновая и другие жирные кислоты.

В 2013 году из Алексеевской станции на Донскую опытную станцию передано 124 образца коллекции ВИР, из 33 стран Европы, Азии, Африки, Америки, а также России. В наших исследованиях по изучению коллекции кориандра проводилась оценка хозяйственно ценных признаков: урожайности, масличности, массы 1000 семян, вегетационного периода, периода от всходов до цветения, учтен ряд морфологических признаков.

Урожайность изучаемых коллекционных образцов кориандра составляла от 63 г/м² до 211 г/м². Масса 1000 семян варьировала от 3,3 г до 6,83 г

Отмечено 11 скороспелых (95-99 дней) образцов. Изученные образцы отличались окраской стебля, степенью рассеченности и размерами листовой пластинки.

Изучение разнообразия коллекционных образцов кориандра способствует сохранению генофонда. Выявление образцов с высоким проявлением отдельных признаков позволяет формировать генетическую коллекцию для селекции кориандра и создавать на её основе новые сорта культуры.

ИТОГИ 85-ЛЕТНЕЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА В РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ

Зеленский Г.Л.¹

1. ВНИИР, Краснодар, Россия

Автор, ответственный за переписку: Григорий Леонидович Зеленский, zelensky08@mail.ru

Для жителей России рис является ценным продовольственным, диетическим и лечебным продуктом. В объеме потребляемых круп его доля составляет более 40 %. Рис возделывают в 8 субъектах Российской Федерации. Основное производство российского риса, около 80 %, сосредоточено в Краснодарском крае.

В 2015 г. из 1220 тыс. т риса-сырца, произведенного в России, вклад Краснодарского края составил 945 тыс. т. При этом урожайность риса в регионе достигла 7,04 т/га за счет внедрения новых высокопродуктивных сортов и совершенствования технологии их возделывания.

В Краснодарском крае размещен основной селекционный центр по рису в стране – Всероссийский научно-исследовательский институт риса.

На 2016 год в Российской Федерации создано 69 сортов риса, из которых 55 внесены в Госреестр селекционных достижений, допущенных к использованию и 14 эксклюзивных сортов, защищенных патентом РФ.

Всю 85-летнюю историю селекции риса условно разделяют на шесть этапов. На первом этапе (1932–1950) было создано 7 сортов риса, допущенных к использованию, на втором этапе (1951–1969) – 5 сортов, на третьем (1970–1985) – 8, на четвертом (1986–1996) – 9, на пятом (1997–2006) – 15, на шестом этапе (2007–по н.в.) – 24 сорта риса. Как видно, последние 20 лет интенсивность и эффективность селекционной работы во ВНИИ риса значительно возросла.

Наряду с традиционными округлозерными сортами риса, российские селекционеры создают и сорта специального назначения: длиннозерные, глютинозные, также с окрашенным перикарпом – краснозерные и чернозерные. При этом в Госреестр России включены только сорта риса отечественной селекции.

Российские сорта риса хорошо известны за рубежом. Они проходят испытание в Австралии, Индии, Италии, Корее и Франции, также широко возделываются на Украине, в Казахстане, Болгарии, Румынии и Турции.

DamID-КАРТИРОВАНИЕ УЧАСТКОВ СВЯЗЫВАНИЯ Piwi В ГЕНОМЕ СОМАТИЧЕСКИХ КЛЕТОК ЯИЧНИКОВ ДРОЗОФИЛЫ

Ильин А.А.¹, Рязанский С.С.¹, Оленкина О.М.¹, Белякин С.Н.², Иванкин А.В.², Пиндюрин А.В.², Гвоздев В.А.¹, Шевелев Ю.Я.¹

1. ФГБУН Институт молекулярной генетики РАН
2. ФГБУН Институт молекулярной и клеточной биологии СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Артем Александрович Ильин, ilyin@img.ras.ru

Для подавления транспозиций мобильных элементов (МЭ) в гонадах дрозофилы Piwi сканирует ядерные транскрипты на наличие в них комплементарности с пулом piРНК, направленным против МЭ, но не клеточных генов. Обнаружение комплементарности является триггером, запускающим транскрипционный сайленсинг МЭ, в котором Piwi непосредственного участия не принимает. Как осуществляется сканирование - неизвестно.

Мы определили участки преимущественного контакта (либо связывания) Piwi с геномом соматических клеток яичников дрозофилы методом тканеспецифичного DamID-seq и идентифицировали около 3650 доменов, обогащенных Piwi. Домены Piwi на 44% перекрывались с участками контакта хроматина с ядерными порами в клетках Kc167 (Kalverda et al, 2010). Обогащение Piwi и ядерных пор на одних и тех же участках генома может происходить либо вследствие независимого связывания Piwi и ядерных пор с этими участками, либо в результате непосредственного взаимодействия Piwi с ядерными порами, либо в ходе импорта Piwi в ядро при его прохождении через ядерные поры, связанные с определенными геномными участками. Мы обнаружили, что Piwi локализуется на промоторах приблизительно 15% клеточных генов, однако, средний уровень экспрессии этих генов и генов, с которыми Piwi не взаимодействует, в соматических клетках яичников примерно одинаков, а деплеция Piwi не вызывает заметного изменения этого уровня. Из примерно 30 семейств МЭ, подвергающихся Piwi-зависимому сайленсингу, только для нескольких было обнаружено обогащение по Piwi. Полученные данные показывают необходимость лишь транзientного присутствия Piwi около МЭ для инициации сайленсинга и подтверждают неспособность Piwi подавлять транскрипцию клеточных генов в отсутствие комплементарности их транскриптов с короткими piРНК.

Работа выполнена при поддержке грантов РФФИ №14-14-01076, РФФИ №16-34-60176 и стипендии Сколтеха по программе Системной биологии.

СРАВНИТЕЛЬНОЕ ИССЛЕДОВАНИЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ *ADH1Brs1229984, *ALDH2**rs671, *CYP2E1* rs3813867 В ПОПУЛЯЦИЯХ СИБИРСКИХ ТАТАР**

Имекина Д.О.¹, Лавряшина М.Б.¹, Ульянова М.В.¹, Толстикова А.В.¹

1. ФГБОУ ВО «Кемеровский государственный университет»

Автор, ответственный за переписку: Дарья Имекина, dolinina_1993@mail.ru

Сибирские татары (тоболо-иртышские, барабинские, томские) – коренное население Западной Сибири, чьи этнические ареалы расположены в Новосибирской, Омской, Томской и Тюменской областях. Лишь в последние годы генофонд сибирских татар стал объектом систематического изучения, осуществляемого при сотрудничестве научных коллективов Москвы (ФГБНУ «МГНЦ») и Сибири (ФГБОУ ВО «Кемеровский государственный университет»).

Обсуждаются результаты сравнительного изучения особенностей характера распределения частот генотипов и аллелей генов биотрансформации этанола (*ADH1B**rs1229984, *ALDH2**rs671, *CYP2E1**rs3813867) в двух популяциях сибирских татар – татар-бухарцев и ялutorовских татар. Материал для исследования собран в экспедициях в Тюменскую область. К обследованию приглашались индивидуумы, не состоящие в кровном родстве, все предки которых относились к данной этнической группе на протяжении, как минимум, трех поколений. Сбор биологического материала (венозная кровь) осуществлялся с письменного информированного согласия обследуемого. Суммарный объем выборки составил 175 человек.

Проведенное исследование выявило специфичную генетическую структуру исследованных тюркоязычных народов Западной Сибири по генам *ADH1B**rs1229984, *ALDH2**rs671 и *CYP2E1**rs381386, что может обуславливать различия генетически детерминированной реакции исследованных популяций на этанол и другие ксенобиотики. Продемонстрирован ряд статистически значимых отличий в аллельных частотах исследованных генов при попарном сравнении групп. Показано, что у ялutorовских татар достоверно ниже ($p < 0,05$, $\chi^2 = 4,84$), чем у татар-бухарцев частота носителей аллеля *ALDH2**A, сопряженного с потерей активности фермента альдегиддегидрогеназы-2, при более высоких значениях частоты аллеля *CYP2E1**C ($p < 0,05$, $\chi^2 = 4,25$), который связан с повышенной активностью фермента. Сопоставление частоты аллелей гена *ADH1B**rs1229984 в двух популяциях сибирских татар достоверных отличий не выявило.

Исследование выполнено при поддержке фонда РФФИ проект № №14-06-00272-а.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ, СВЯЗАННЫХ С ОКИСЛИТЕЛЬНЫМ СТРЕССОМ (CAT, SOD1, SOD2) И СКЕЛЕТНЫЙ ФЛЮОРОЗ РАБОТНИКОВ АЛЮМИНИЕВОЙ ПРОМЫШЛЕННОСТИ

Калюжная Е.Э.¹, Волобаев В.П.¹

1. ФГБОУ ВПО "Кемеровский государственный университет", г. Кемерово

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Эдуардовна Калюжная,
ekaterina.eduardovna@yandex.ru

Хроническое экспонирование малыми дозами фторидов приводит к развитию эндемичного (зубного) флюороза, а поступление в организм больших доз фтористых соединений вызывает развитие фтористой интоксикации (скелетного флюороза). Фтористую интоксикацию принято считать профессиональным заболеванием работников предприятий алюминиевого производства, в связи с подавляющей их долей в структуре распространения скелетного флюороза. Установлено что фтористая интоксикация приводит к окислению мембранных фосфолипидов опосредованно через нарушение системы перекисного окисления, в связи с чем патогенные свойства фтора во многом определяется состоянием антиоксидантной системы. Известно, что некоторые полиморфизмы генов ферментов антиоксидантной системы, способны модулировать эффективность деятельности системы и поиск их ассоциации с наличием скелетного флюороза стал темой данного исследования.

Материалом для исследования послужила периферическая кровь 130 стажированных работников алюминиевого производства города Новокузнецк, страдающих хронической фтористой интоксикацией. В контрольную группу вошли 80 здоровых рабочих того же производства, со сходным стажем. Экстракцию ДНК проводили фенол-хлороформным методом. Генотипирование проводили аллель-специфичным ПЦР с электрофоретической детекцией результатов. В ходе исследования выявлялось наличие полиморфизмов генов кодирующих каталазу (CAT C-267T), супероксиддисмутазу первого типа (SOD1 G7958A) и супероксиддисмутазу второго типа (SOD2 Ala16Val). Статистическую обработку проводили с помощью пакета программ «Statistica 8.0» пользуясь критерием хи-квадрат.

Установлена ассоциация полиморфизма гена CAT C-267T с наличием профессионального флюороза. В выборке страдающих патологией, по сравнению с контрольной группой, доминировала частота генотипа Т/Т 11,96% против 3,03% ($\chi^2=4,86$ при $df=2$, $p<0,05$).

Таким образом, выявлено, что генотип Т/Т полиморфизма гена CAT C-267T характеризующийся снижением активности фермента, является фактором риска для развития скелетного флюороза.

СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ СЕЛЕКЦИИ МАСЛИЧНЫХ КАПУСТНЫХ КУЛЬТУР В ФГБНУ ВНИИ РАПСА

Карпачев В.В.¹, Горшков В.И.¹

1. ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт рапса, Липецк, Россия.

Автор, ответственный за переписку: Владимир Владимирович Карпачев, vniirapsa@mail.ru

Масличным капустным культурам, а среди них главным образом яровому рапсу и сурепице, принадлежит ключевая роль в решении важнейшей проблемы, стоящей перед сельским хозяйством Российской Федерации, увеличение и стабилизация производства пищевого растительного масла и кормового белка.

Яровой рапс и сурепицу можно успешно возделывать в зонах с умеренным климатом, то есть там, где невозможно выращивать подсолнечник - основную масличную культуру нашей страны.

Основными направлениями наращивания производства семян рапса в России является расширение его посевных площадей и повышение урожайности, которая пока остается на уровне 9,7-12,3 ц/га. В этой связи, создание и внедрение в производство новых, урожайных, с высоким качеством продукции сортов и гибридов ярового рапса имеет актуальное значение.

Цель работы - создание высокопродуктивных сортов ярового рапса, устойчивых к патогенам, вредителям, абиотическим стрессорам с высоким качеством масла и семян.

Выполнение данной работы осуществлялось в 2011-2015 гг. в лаборатории селекции ФГБНУ «ВНИИ рапса» (г. Липецк). Основными методами создания новых сортов ярового рапса в наших условиях является внутривидовая гибридизация и отбор.

В селекционном процессе для создания нового исходного материала использовали коллекционные образцы ВИР, селекционный материал ФГБНУ ВНИИ рапса, а также полученные непосредственно из отечественных и зарубежных научных учреждений сортообразцы.

По результатам оценки в КСИ в Государственное испытание РФ переданы сорта ярового рапса: Альтаир в 2011 году; Вираз, Арбалет - в 2012 году; Ярило - в 2013 году; Флагман - в 2014 году; Фаворит - в 2015 году. Сорта Альтаир (патент № 7519), Вираз (патент № 8047) и Арбалет (патент № 8048) в 2011-2015 гг. внесены в Госреестр РФ.

МОБИЛИЗАЦИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ГОРЧИЦЫ САРЕПТСКОЙ ДЛЯ СОЗДАНИЯ НОВЫХ СОРТОВ

Картамышева Е.В.¹, Лучкина Т.Н.¹, Реутин А.В.¹, Кондаурова В.Е.²

1. ФГБНУ Донская опытная станция им. Л.А. Жданова Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур
2. Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Иванковского ФГАОУ ЮФУ

Автор, ответственный за переписку: Елена Владимировна Картамышева, kartamisheva-elena@mail.ru

Н.И. Вавилов придавал огромное значение работам с коллекциями, считая ботанико-географическую основу познания культурных растений основой селекционно-генетической работы. Он подчеркивал: «...успех селекционной работы определяется в значительной мере исходным материалом. Учитывая большую ценность местного материала, подвергнутого длительному действию естественного отбора и приспособленного к конкретным условиям, необходимо в первую очередь использовать его в селекционной работе. Наряду с этим должно быть задействовано все ботаническое разнообразие мировых ресурсов» (1966).

Нами изучено более 1000 коллекционных образцов горчицы сарептской (сизой) (*Brassica juncea Czern.*) ВИР. В данной коллекции представлен целый спектр изменчивости по основным морфологическим и хозяйственным признакам. Выделены источники хозяйственно ценных признаков: высокой продуктивности семян (более 135 г/м²) – 9 образцов; высокой масличности (выше 40%) семян – 7 образцов; высокого содержания эфирного масла (более 0,8%) – 8 образцов; высококачественного пищевого масла с содержанием высоко ценных олеиновой и линолевой жирных кислот более 60 % – 2 образца. За последние 10 лет с участием коллекционных образцов получено свыше 300 гибридных комбинаций, которые оцениваются в селекционных питомниках. Наибольшее количество комбинаций (148) получено при скрещивании местных форм и отечественных сортов с образцами коллекции из Эфиопии (к-73, к-74), США (к-136), Китая (к-4111, к-4263), Канады (к-4383), Австралии (к-4398, к-4399). Коллекционные образцы служат основой генетического разнообразия. Выделение перспективных генотипов позволяет создать сорта с заданными свойствами и избежать однородности материала. Использование генетических ресурсов горчицы, сосредоточенных в ВИРе, позволило нам создать принципиально новые сорта горчицы сарептской Лера и Люкс с улучшенным качеством масла, а также разнообразный селекционный материал для дальнейшей работы.

Сорта Лера и Люкс характеризуются высокой продуктивностью (потенциальная урожайность масло семян составляет 2,5 т/га), повышенным содержанием эфирного аллилового масла в семенах. Масло сортов имеет достаточно высокую пищевую ценность и содержит 51-52 % олеиновой и 29-30 % линолевой жирных кислот при полном отсутствии высокомолекулярной эруковой кислоты. Сорта приспособлены к засушливым условиям и отличаются высокой степенью регенерации. Растения сорта Лера отличаются большим урожаем зеленой массы и могут использоваться для сидерации почв.

СЕЛЕКЦИЯ СОБОЛЯ РОССИИ: ПОСЛЕДСТВИЯ И ПЕРСПЕКТИВЫ ПРОМЫШЛЕННОЙ ДОМЕСТИКАЦИИ

Каштанов С.Н.¹, Свищева Г.Р.¹

1. Институт Общей генетики РАН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Сергей Николаевич Каштанов, snkashtanov@mail.ru

История промысла соболя за последние 400 лет показывает резкое снижение численности на всем ареале вида, от Предуралья до Дальнего Востока. Один из путей сохранения вида – промышленная доместикация. Селекция соболя позволяет в сравнительно короткие сроки насыщать рынок востребованной пушниной (по окрасу и качеству), что снижает промысловую нагрузку на природные популяции. К 1930 году в Подмоскowie формируется первая фермерская популяция соболей с привлечением генофонда около 10 географических регионов, как материковой, так островной частей ареала, природные популяции которых значительно различались по ряду признаков. Всего на начальной стадии разведения соболя было использовано около 1000 особей. Часть животных преодолела доместикационный барьер и смогла успешно размножиться в условиях фермерского содержания. Селекционерам потребовалось около десяти лет, чтобы отработать технологию разведения вида. Многовековой устойчивый спрос на темноокрашенную пушнину соболя определил направление селекции. В целом, за 85 лет разведения выявлена положительная динамика отбора по окраске волосяного покрова и качеству опушения, однако за достигнутые успехи фермерские популяции расплачиваются сокращением продолжительности жизни самок и изменением ряда признаков, коррелированных с селективируемыми. Кроме этого при жестком направленном отборе по окраске волосяного покрова отсутствует прогресс по воспроизводительным способностям самок. На основании проведенного генетического анализа можно предложить оптимальную схему селекции, направленную на получение соболей, обладающих признаками стабильно высокой плодовитости с приемлемыми показателями окраски и качества опушения животных. Исследовались генетические последствия доместикации и последующего отбора по количественным признакам на уровень генетической изменчивости современных фермерских популяций соболя. Проведен сравнительный анализ по данным ядерных и митохондриальных маркеров, позволивший оценить потери генетического разнообразия при адаптации вида в новых условиях существования.

ВЛИЯНИЕ ТИПА СТЕРИЛЬНОСТИ НА КОМБИНАЦИОННУЮ СПОСОБНОСТЬ АЛЛОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ ЦМС-ЛИНИЙ СОРГО

Кибальник О.П.¹

1. ФГБНУ РосНИИСК "Россорго"

Автор, ответственный за переписку: Оксана Павловна Кибальник, kibalnik79@yandex.ru

Масштабное производство гибридов сорго основано на использовании линий с цитоплазматической мужской стерильностью (ЦМС). У сорго известно большое число различных типов ЦМС (Reddy et al., 2005). Выявлено, что цитоплазматические эффекты разных типов стерильности оказывают влияние на некоторые селекционные признаки у гибридов F₁. Основным этапом в селекции сорго является оценка комбинационной способности (КС) родительских форм. Поэтому с целью практического применения цитоплазматических эффектов в гетерозисной селекции необходимо изучение влияния стерильных цитоплазм на общую (ОКС) и специфическую (СКС) комбинационную способность ЦМС-линий.

Комбинационную способность трех материнских форм (А3 Желтозерное 10, А4 Желтозерное 10, 9Е Желтозерное 10), различающихся только типом цитоплазмы, определяли по методу топкросса. Стерильные линии использовали в качестве тестеров. Опылителями являлись 18 сортов зернового сорго. Изучение различий комбинационной способности аллоплазматических ЦМС-линий проводили по следующим признакам: длине и ширине наибольшего листа, общей кустистости, урожайности биомассы.

Оценка КС материнских линий выявила наличие значимых различий по общей кустистости: общая комбинационная способность выше у ЦМС-линии 9Е Желтозерное 10, а специфическая – А3 Желтозерное 10. Не установлено существенных различий эффектов ОКС и дисперсии СКС между аллоплазматическими линиями на А3, А4, 9Е типах цитоплазм по размеру наибольшего листа, урожайности биомассы. Однако, показатели КС по длине листа выше у линии А3 Желтозерное 10 (эффект ОКС составил 0,72; дисперсия СКС 21,39), а по ширине листа и урожайности биомассы – у ЦМС-линии 9Е Желтозерное 10.

Таким образом, у аллоплазматических ЦМС-линий сорго, отличающихся только типом стерильности, установлено влияние цитоплазмы на комбинационную способность по общей кустистости. Полученные данные следует использовать в селекции на улучшение хозяйственно-ценных признаков гибридов F₁ сорго.

БЕЛОК FXR1 - ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АМИЛОИД В МОЗГЕ КРЫСЫ *Rattus norvegicus*

Кибарина М.Е.¹, Шенфельд А.С.¹, Чиринскайте А.В.¹, Сопова Ю.В.², Рыжова Т.А.³, Кошель Е.И.¹, Галкин А.П.²

1. СПбГУ
2. СПб филиал ИОГЕН РАН, СПбГУ
3. СПб филиал ИОГЕН РАН

Автор, ответственный за переписку: Юлия Викторовна Сопова, sopova@hotmail.com

Амилоиды - это белковые полимеры, которые образуются за счет формирования упорядоченных межмолекулярных бета-слоев. В первую очередь амилоиды известны нам как агенты тяжелых заболеваний человека и животных, называемых амилоидозами. Это нейродегенеративные болезни Альцгеймера, Паркинсона, а также инфекционные губчатые энцефалопатии. Биологическая роль амилоидных структур не ограничивается их связью с амилоидозами. Они могут участвовать в регуляции важных биологических процессов, таких как формирование долговременной памяти у моллюска *Aplysia californica* и полимеризация меланина у человека, т.е. быть функциональными. Вопрос о распространенности функциональных амилоидов в живой природе остается открытым. В нашей лаборатории разработан и успешно апробирован метод протеомного скрининга амилоидов, основанный на их общем биохимическом свойстве - повышенной устойчивости к обработке ионным детергентом додецил сульфатом (SDS). Среди белков, обнаруженных в SDS-устойчивой фракции в мозге молодых самцов крысы линии Вистар, особое внимание привлек белок FXR1. В клетке белок FXR1 регулирует транспорт и трансляцию специфичных мРНК. Делеция гена FXR1 из переднего мозга новорожденных мышей избирательно усиливает длительное хранение пространственных воспоминаний и долговременную потенцию в гиппокампе. Немаловажным фактом, говорящим в пользу амилоидных свойств FXR1, является способность N-терминального фрагмента (1-380 а.к.) к формированию фибриллярных структур *in vitro*. С помощью Вестерн-блот гибридизации мы показали, что в мозге крысы белок FXR1 представлен в виде SDS-устойчивых олигомеров и нерастворимых агрегатов, в то время как мономеры этого белка практически не детектируются. Также мы показали, что FXR1 в цитоплазме пирамидных нейронов коры головного мозга специфически окрашивается амилоид-специфическим красителем тиофлавин S. Таким образом, на основании экспериментальных данных, полученных в нашей лаборатории, мы можем утверждать, что белок FXR1 функционирует в мозге крысы в виде амилоидных конформеров.

СОСТАВ ЛЕЙКОЦИТОВ КРОВИ У АМЕРКАНСКОЙ НОРКИ (*Neovison vison*) ПРИ ОТБОРЕ ПО ПОВЕДЕНИЮ

Кижина А.Г.¹, Узенбаева Л.Б.¹, Трапезов О.В.², Трапезова Л.И.², Илюха В.А.¹, Тютюнник Н.Н.²

1. Лаборатория экологической физиологии животных Института биологии Карельского научного центра РАН
2. Новосибирский государственный университет, Лаборатория генетики и селекции пушных и сельскохозяйственных животных Института цитологии и генетики Сибирского отделения РАН

Автор, ответственный за переписку: Александра Геннадьевна Кижина, golubewa81@yandex.ru

Исследовали влияние длительной селекции (17 поколений) по поведению на состав лейкоцитарной формулы у американских норок (*Neovison vison*), разводимых в неволе. Лейкоцитарную формулу определяли в сентябре у 105 темно-коричневых норок на мазках крови, окрашенных по Паппенгейму. Поскольку в процессе доместикации изменяется состояние центральных регуляторных систем, можно предположить, что поведенческие типы различаются между собой по составу лейкоцитов крови. Исследуемых животных в соответствии с бальной оценкой типов поведения подразделили на группы – не затронутые отбором (контроль), с реакцией страха на человека (“0”), агрессивные (“-1”, “-2”) и ручные (“+3”, “+4”, “+5”).

Установлено, что между поведенческими типами норок наблюдаются различия в составе лейкоцитарной формулы. Наибольшее число достоверных различий обнаружено в относительном количестве эозинофилов и сегментоядерных нейтрофилов. В содержании моноцитов выявлены изменения между отдельными группами доместичированных норок или по отношению к контролю. Уровень эозинофилов у проявляющих реакцию страха (“0”), ручных (“+3”, “+4”, “+5”), а также с невысокой степенью агрессии норок (“-1”), выше, чем в контроле или у агрессивных (“-2”), а нейтрофилов ниже, чем у агрессивных (“-2”). По содержанию эозинофилов к контрольным, то есть неселекционированным животным, наиболее близки агрессивные норки (“-2”). Характерным отличием агрессивных норок из этой же группы является увеличенное количество базофилов.

Таким образом, поведенческие типы американских норок (*Neovison vison*) различаются между собой по составу лейкоцитов крови. Особенности гемопоза у селекционируемых по поведению животных могут быть обусловлены изменениями в сложноорганизованной системе регуляции, в которой важнейшая роль принадлежит центральным нейроэндокринным механизмам, обеспечивающим стресс-реактивность и адаптацию к факторам среды.

Работа выполнена на средств Федерального бюджета, выполнение государственного задания (№ темы: 0221-2014-0001)

ВЫЯВЛЕНИЕ ПОРОДОСПЕЦИФИЧНЫХ SNP-МАРКЕРОВ ДЛЯ КРУПНОЙ БЕЛОЙ ПОРОДЫ ДОМАШНИХ СВИНЕЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОЛНОГЕНОМНЫХ SRA-ДАННЫХ ПРОЕКТОВ NGS

Кипень В.Н.¹, Котова С.А.¹

1. ГУ "НПЦ Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь"

Автор, ответственный за переписку: Вячеслав Николаевич Кипень, slavakipen@rambler.ru

В Республике Беларусь распространены следующие породы домашней свиньи: крупная белая, дюрок, ландрас, пьетрен, мейшань и др. Крупная белая свинья, а также созданные на ее основе заводские типы, доминируют в племенном поголовье, на долю же этих пяти пород приходится более 98% всего поголовья *Sus scrofa domesticus* в Республике Беларусь.

Часто перед селекционерами стоит задача по оценке чистопородности племенных животных для корректировки значений инбридинга с целью сохранения продуктивных показателей породы. Задачей данного исследования являлся поиск породоспецифичных SNP для крупной белой свиньи относительно других пород: ландрас, пьетрен, дюрок, мейшань, – при анализе SRA-данных по полногеномному секвенированию (NGS), размещенных в открытом доступе на облачном сервисе DNAnexus (<http://sra.dnexus.com/>). Поисковой основой служили ранее опубликованные результаты исследования Ramos A. (2011 г.), полученные с использованием SNP-чипа «PorcineSNP60» (Illumina).

Анализ был выполнен с помощью алгоритма SRA Nucleotide BLAST и программы BioEdit v.7.2.5. Количество включенных в анализ SNP – 193; число полногеномных прочтений для крупной белой свиньи – 19, для других пород – 72 (ландрас – 23, пьетрена – 6, дюрок – 28, мейшань – 15). Общее количество проанализированных сиквенсов – 32 754 738 518.

В результате, из 193 SNP было обнаружено 6 специфичных для крупной белой породы, частота распространенности минорной аллели для которых находилась в диапазоне 7,9-23,7% (ALGA0019968, ALGA0091472, ASGA0025498, H3GA0017134, H3GA0026949, H3GA0051716).

В совокупности с другими породоспецифичными SNP, выявленными в ходе исследования для пород: ландрас, пьетрен, дюрок, мейшань, – предполагается разработать генетическую панель SNP-маркеров для дифференциации данных пород домашних свиней.

НОВЫЙ ЛОКУС НА 5В ХРОМОСОМЕ, УЧАСТВУЮЩИЙ В РЕГУЛЯЦИИ ВРЕМЕНИ КОЛОШЕНИЯ ПШЕНИЦЫ

Киселёва А.А.¹, Щербань А.Б.¹, Леонова И.Н.¹, Салина Е.А.¹

1. ИЦиГ СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Антонина Андреевна Киселёва,
antkiseleva@bionet.nsc.ru

Варьирование времени колошения помогает адаптировать пшеницу к различным климатическим условиям. Поэтому для селекции злаковых важно выявление новых генов, влияющих на формирование данного признака. В данном исследовании были использованы 116 рекомбинантных инбредных хромосомных линий (RICLs), полученных от скрещивания сорта Chinese Spring и линии Chinese Spring, у которой 5В хромосома замещена на хромосому 5В *T. dicoccoides*. Разница во времени колошения неярвизированных родительских сортов составляла 15 дней, линии также значительно различались по времени колошения. Для ярвизированных растений значительных различий не наблюдалось.

Популяция RICLs была генотипирована с использованием SNP чипа Illumina Infinium 15k Wheat и ряда SSR маркеров. Было выявлено 409 5В-специфичных маркеров, и построена генетическая карта, состоящая из 85 скелетных маркеров. QTL анализ выявил локус в прицентромержной области 5В хромосомы, в значительной степени ($LOD=6.5-8.5$, при значимом уровне $LOD(99\%)=5.1$) ассоциированный со временем колошения при развитии без ярвизации. В данном участке хромосомы располагается 5 скелетных (всего 78) маркеров.

В результате сравнения последовательностей SNP маркеров из данного локуса с кодирующими последовательностями риса, брахиподиума, ячменя, мягкой пшеницы, *T. urartu*, *A. taushii* и мягкой пшеницы из баз данных, было выявлено три гена - кандидата, *WRKY*, *ERF/AP2* и *FHY3/FAR1*, которые могут быть ассоциированы с различиями по времени колошения. Ранее было показано, что эти транскрипционные факторы (*WRKY*, *ERF/AP2* и *FHY3/FAR1*) участвуют в регуляции времени цветения у многих растений, но данных по их участию в модуляции времени цветения пшеницы пока нет. В настоящее время ведутся работы по уточнению нуклеотидных последовательностей этих генов у родительских линий и анализ паттернов суточной экспрессии для оценки степени коэкспрессии с известными генами времени колошения.

СИСТЕМЫ ТОКСИН-АНТИТОКСИН II ТИПА КАК ФУНКЦИОНАЛЬНЫЕ БИОМАРКЕРЫ ДЛЯ ИЗУЧЕНИЯ ШТАММОВОГО РАЗНООБРАЗИЯ В МЕТАГЕНОМАХ

Климина К.М.¹, Захаревич Н.В.¹, Полуэктова Е.У.¹, Касьянов А.С.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Ксения Михайловна Климина, ppp843@yandex.ru

Видовое и штаммовое разнообразие бактерий в микробиоте носит индивидуальный, этносоциальный и региональный характер. Важнейшей проблемой при изучении микробиоты человека является отсутствие эффективных генов-биомаркеров видовой и штаммовой идентификации бактериальных компонентов. Разработка таких маркеров и технологий для диагностики состава микробиоты человека является актуальным вопросом как научных, так и прикладных исследований общей и персонализированной медицины.

Мы предлагаем использовать для видовой и штаммовой идентификации лактобацилл и бифидобактерий новый генетический маркер – гены систем токсин-антитоксин (ТАС) II типа. Подавляющее большинство генов ТАС видоспецифичны. Ранее мы обнаружили, что исследованным штаммам *L. rhamnosus* [Klimina K.M. et al.2013] и *Bifidobacterium* sp. [Averina et al.2013] свойственен различный набор ТАС RelBE и MazEF типа. Нами была проведена расширенная аннотация ТАС у бактерий рода *Lactobacillus* и *Bifidobacterium* из GenBank, имеющих полногеномный сиквенс на стадии «complete» и сконструирована база генов Т и А. На основе проведенной аннотации по генам Т и А в геномах лактобацилл и бифидобактерий мы показали, что данные гены можно использовать для идентификации видов и штаммов бактерий рода *Lactobacillus* и *Bifidobacterium*. Наиболее отдаленные виды не имеют пересекающихся генов Т и А. Штаммы, относящиеся к одному виду бактерий, имеют сходный, но не всегда идентичный набор генов. Была разработана программа по анализу метагеномов по ТАС и проведена ее валидация. Предложенный нами метод видовой и штаммовой идентификации может быть использован как для характеристики отдельных штаммов, так и для характеристики сообщества микроорганизмов, например, в микробиоте человека.

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОТОКСИЧЕСКОГО ЗАГРЯЗНЕНИЯ ГОРОДСКИХ ТЕРРИТОРИЙ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ РАСТИТЕЛЬНЫХ ТЕСТ-ОБЪЕКТОВ (НА ПРИМЕРЕ Г. ЯРОСЛАВЛЯ)

Ковалева М.И.¹, Прохорова И.М.¹, Афонина Ю.В.¹, Балашова Е.А.¹

1. Ярославский государственный университет им. П.Г.Демидова

Автор, ответственный за переписку: Маргарита Игоревна Ковалева,
kovalevamargo@rambler.ru

Ярославль является одним из крупнейших промышленных центров Верхневолжья, с развитой машиностроительной, нефтехимической и лакокрасочной промышленностью, в котором проживает более 46% населения Ярославской области.

Изучение и мониторинг генотоксического загрязнения городской среды является для Ярославля актуальной проблемой и до настоящего времени не исследованной. Наиболее удобным и часто используемым объектом для подобного исследования являются снежный покров и пробы почв, уровень мутагенной активности которых является интегральным показателем и используется для изучения генотоксического загрязнения атмосферы.

В ходе работы проведено исследование снежного и почвенного покрова г. Ярославля. Пробы обирались на 14 станциях из разных районов попарно в 5 и 200 м от крупных автомагистралей города Ярославля. Определение генотоксического загрязнения проб проводилось по *суммарной мутагенной активности (СМА)*.

Для определения мутагенной активности проб нами использовалась система, состоящая из двух растительных тест-объектов:

- 1) одноклеточная зеленая водоросль *Chlorella vulgaris* (Beijer.) - метод макроколоний,
- 2) лук репчатыйго *Allium cepa* (L.) - ана-телофазный анализ.

Проведенное исследование позволяет отметить следующее.

Уровень суммарной мутагенной активности снежного покрова и почв может использоваться как один из экологических показателей состояния городской среды.

Проведенный анализ пространственного распределения мутагенной активности проб почв и снега показал неравномерность генотоксического загрязнения г. Ярославля.

Максимальный уровень загрязнения генотоксикантами отмечается в центральной части города. В среднем частота выявленных нарушений в 2,5 раза превышает спонтанный уровень. Выявлено, что транспорт г. Ярославля является одним из ведущих источников загрязнения атмосферы города генотоксикантами: на большинстве изученных станций пробы, отобранные на расстоянии 5 метров от автомагистрали, проявляют бóльшую мутагенную активность, чем пробы, отобранные в 200 метрах от проезжей части.

МЕЖВИДОВАЯ ГИБРИДИЗАЦИЯ СОИ, КАК ИНДУКТОР ГОМЕОЛОГИЧНОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ РЕКОМБИНАЦИИ В МЕЙОЗЕ

Козак М.Ф.¹

1. The Astrakhan state university, Department biological, Shaumyana Square 1, Astrakhan 414000, Russia

Автор, ответственный за переписку: Маргарита Федоровна Козак, sovetei@rambler.ru

Изменчивость мейоза в микроспорогенезе исследовалась в F₁ гибридов между представителями культурной сои, *Glycine max.* (L.) Merr., (2n=40), и дикорастущей уссурийской сои, *G. soja* Sieb. и Zucc. (2n=40), на препаратах, окрашенных «по Фёльгену». Гибриды F₁ были фертильными, имели диплоидное число хромосом 2n=40 и признаки обеих родительских видов, циркадные ритмы митоза, близкие родительским видам. У родительских форм в диакинезе обнаружено по двадцать четких бивалентов. Конъюгация хромосом гибридов F₁ проходила с существенными отклонениями. В диплотене-диакинезе обнаружено 18 бивалентов и 4 унивалента. Среднее число открытых бивалентов на клетку составило 0,8. Уменьшение числа ассоциаций хромосом от пахитены к метафазе-1 свидетельствовало о генетически индуцированном десинаптическом эффекте. В метафазе-1 обнаружено циклическое (круговое) расположение хромосом. В метафазе-1 (вид с полюса) хромосомы расположены в двух группах по 8 бивалентов и два бивалента расположены обособленно. Объединение хромосом в две ассоциации сохраняется в анафазе-1. Кроме разделившихся хромосом, в анафазе-1 присутствуют униваленты в экваториальной плоскости и за пределами митотического аппарата в количестве четырех и более. Объединение хромосом в цепочки и кольца, отмеченное в первом делении мейоза, сохраняется во втором. В метафазе-2 обнаружено соединение каждой из двух цепочек хромосом в круговую фигуру. В метафазе-2 (вид с полюса) наблюдаются картины сегрегации хромосом, аналогичные расположению двух ассоциаций в метафазе первого деления мейоза, снова происходит обособление в группы хромосом каждого вида. Отклонения от нормального хода мейоза гибридов, снижение фертильности и вариабельность размеров пыльцы доказывают отсутствие идентичности геномов скрещиваемых видов. Гомеология хромосом, обособление наборов, конъюгация хромосом внутри каждого из них индуцируют образование трансгрессивных рекомбинантов, и подтверждает гипотезу о роли полиплоидии в филогенезе исследуемых видов.

ВЛИЯНИЕ ТРАНЗИЕНТНОЙ ЭКСПРЕССИИ РАЗЛИЧНЫХ ФОРМ БЕЛКА SET ЧЕЛОВЕКА НА РАЗВИТИЕ ЭМБРИОНОВ ВЬЮНА

Козикова Л. В.¹, Макарова И. В.², Айдед З.², Слепцова Л. А.³, Хайдарова Н. В.², Ненашева В. В.², Андреева Л. Е.²

1. Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения с.х. животных, РАСХН. Санкт-Петербург-Пушкин, Россия
2. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной генетики РАН, Москва, Россия
3. МБЦ МГУ им. М.В. Ломоносова

Автор, ответственный за переписку: Лариса Васильевна Козикова, larkozik@list.ru

Белок, кодируемый геном SET (TAF-1 β /I2PP2A), является многофункциональным. Он участвует в контроле клеточного цикла, регуляции транскрипции, апоптозе, клеточной миграции и эпигенетической регуляции в клетке. Так же, SET играет важную роль в пролиферации клеток и является известным онкогеном. Однако, другая изоформа белка – TAF-1 α – мало изучена. TAF-1 α отличается от TAF-1 β 24-мя аминокислотами на N-конце. Известно, что обе формы участвуют в репликации ДНК генома аденовируса и ингибировании ацетилирования гистонов, причем специфичность TAF-1 β выше.

В своей работе мы анализировали влияние двух форм белка SET человека (TAF-1 α и TAF-1 β) на развитие эмбрионов вьюна, а также на транскрипцию ряда генов вьюна, участвующих в процессах апоптоза. Инъекция двух вариантов плазмид, кодирующих α и β формы белка (pSET α и pSET β), показала снижение выживаемости зародышей на протяжении 4-х суток развития по сравнению с контролем (интактные зародыши и икринки, инъектированные плазмидой pCIneo), достоверное увеличение количества митозов, при этом выживаемость зародышей с трансгеном pSET α достоверно не отличалась от эмбрионов с pSET β , но количество митозов заметно снижалось в эмбрионах с pSET α по сравнению с pSET β . С помощью количественной ПЦР в реальном времени на кДНК, полученной с мРНК, выделенной из 4-суточных эмбрионов, инъектированных трансгенами pSET α и pSET β , обнаружено значительное увеличение уровня мРНК генов *bax*, *caspr3* и *p53* в зародышах вьюнов с pSET α формой по сравнению с pSET β формой трансгена. Полученные данные позволяют предположить, что свойства изоформы TAF-1 α отличаются от свойств TAF-1 β : TAF-1 α слабее влияет на пролиферацию клеток, но усиливает клеточный апоптоз.

Работа поддержана программой фундаментальных исследований Президиума РАН «Живая природа».

РЕГУЛЯТОРНЫЕ ФУНКЦИИ ВТОРИЧНЫХ МЕТАБОЛИТОВ ЦИАНОБАКТЕРИЙ

Кокшарова О.А.¹

1. Московский государственный университет им. М.В.Ломоносова, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Ольга Алексеевна Кокшарова,
oa-koksharova@rambler.ru

Цианобактерии - древнейшие фотоавтотрофные прокариоты, вносящие значительный вклад в углеродный и азотный природные циклы. Многие вторичные метаболиты цианобактерий (пептиды, небелковые аминокислоты, алкалоиды и другие) представляют большой интерес как с точки зрения воздействия на окружающую среду, в том числе на здоровье человека, так и с точки зрения использования их в фармакологии. Многие метаболиты цианобактерий обладают гепатотоксическим, нейротоксическим и дерматотоксическим действием, вследствие чего они получили общее название – цианотоксины. Известно, что пик синтеза цианотоксинов приходится на период массового разрастания популяций цианобактерий. До сих пор нет полного понимания цели образования цианотоксинов в клетках цианобактерий. Наибольшее число исследований посвящено микроцистинам и нодуляринам – коротким циклическим гепатотоксичным пептидам. Менее изучено действие алкалоидов (цилиндропермопсина, анатоксина-а, сакситоксина и некоторых других) на метаболизм цианобактерий. Повышенный интерес возник в последнее время к изучению небелковой аминокислоты β-метиламино-L-аланина (ВМАА). Это связано с возможной связью биоаккумуляции ВМАА в организме человека и развитием тяжелых болезней нервной системы, таких как болезнь Альцгеймера, Пакринсона, боковой амиотрофической склероз. В нашей работе приведены результаты исследований действия ВМАА на клетки самих цианобактерий. С этой целью мы используем методы транспозонного и инсерционного мутагенеза, геномики, транскриптомики и протеомики, а также биохимические и биофизические методы, методы электронной микроскопии. Наши результаты указывают, что ВМАА может влиять на протекание процессов фотосинтеза и азотфиксации, клеточного деления и дифференцировки. Исследования функциональной роли вторичных метаболитов в клетках цианобактерий позволят глубже понять регуляторные механизмы, управляющие адаптацией к окружающей среде природных популяций этих микроорганизмов.

Работа посвящена памяти Кокшаровой Тамары Афанасьевны, активного члена ВОГИС.

Работа поддержана грантом РФФИ 14-04-00656.

НОВЫЕ ПОДХОДЫ К ИССЛЕДОВАНИЮ МЕЙОЗА У ПАЦИЕНТОВ С НАРУШЕНИЯМИ СПЕРМАТОГЕНЕЗА

Коломиец О.Л.¹, Кашинцова А.А.¹, Спангенберг В.Е.¹, Габля М.Ю.²

1. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН
2. Кафедра клинической андрологии РУДН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Оксана Леонидовна Коломиец, olkolomiets@mail.ru

Внедрение в практику лечения бесплодия метода интрацитоплазматической инъекции сперматозоида (ИКСИ) позволяет иметь потомство мужчинам с олиго- и азооспермией. ИКСИ удается не всегда, причина нарушения сперматогенеза и неудач ИКСИ, часто остаются неустановленными.

Для выявления мейотических нарушений, приводящих к нарушению сперматогенеза и несущих риски формирования анеуплоидии сперматозоидов, использован метод иммуноцитологического анализа тотальных препаратов синаптонемных комплексов (СК).

Сперматоциты I порядка получены в трех клиниках Москвы методом TESE из тестикулярных канальцев, из которых извлечены сперматозоиды. От пациентов получено информированное согласие на проведение исследований сперматоцитов. Материал для исследования получали в день проведения процедуры TESE или из криоконсервированных биоптатов.

Для оценки состояния сперматогенеза проводили количественную и качественную оценку суспензии клеток тестикулярной ткани. Для оценки нарушений мейоза использовали метод многоаундового иммуноокрашивания препаратов, что дает возможность в одном и том же ядре идентифицировать более 5 антигенов (SCP3, ACA, RAD51, MLH1, gammaH2AX).

В результате сравнительного анализа СК пациентов с установленными делециями локуса AZF показано, что криоконсервация не снижает, качества иммуноокрашивания ядер и не влияет на их структуру. Таким образом подтверждена возможность анализа мейоза спустя длительное время после проведения TESE, что важно, когда попытки ИКСИ не удалась.

У 11 из 44 исследованных пациентов с азооспермией арест сперматогенеза наступал еще до вступления клеток в мейоз. У пациентов с олиго- и азооспермией наиболее часто обнаруживались нарушения архитектоники ядер; типичные признаки пахитенного ареста; заякоривание полового бивалента без ассоциации с аутосомами. Нарушение формирования хиазм, несущее риск формирования анеуплоидных сперматозоидов, чаще выявлялось в XY биваленте, чем в аутосомах. У четырех пациентов с нормальным кариотипом соматических клеток, в сперматоцитах выявлена ломкость хромосом, формирование кольцевых хромосом.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА ГОРМОНА РОСТА (GH) И ЕГО СВЯЗЬ С ПРОДУКТИВНЫМИ КАЧЕСТВАМИ СВИНЕЙ

Колосов А.Ю.¹, Леонова М.А.¹

1. ФГБОУ ВО Донской государственной аграрный университет

Автор, ответственный за переписку: Анатолий Юрьевич Колосов, kolosov777@gmail.com

Формирование продуктивных качеств у свиней регулируется сложным и лишь частично изученным каскадом совокупных действий центральной нервной системы, ряда секреторных тканей и тканей-мишеней. Регулирование этих процессов является важным инструментом в наборе решений по управлению фермой, т.к. производительность свиней напрямую определяет прибыль. Для решения этой задачи главную роль отводят молекулярно-генетическим факторам, которые предопределяют генетически обусловленные параметры продуктивности. В качестве перспективного маркера продуктивности свиней рассматривается ген гормона роста (GH), который имеет большое значение для регулирования ростовых процессов, клеточной пролиферации и дифференцировки у всех видов млекопитающих. Целью наших исследований стало изучение влияния полиморфизма гена GH на продуктивные качества свиней породы ландрас. Для определения генетической структуры по данным полиморфизма гена GH были отобраны свиньи породы ландрас (n=95). Полиморфизм гена GH оценивали методом ПЦР-ПДРФ. Рестрикцию амплифицированного фрагмента гена GH длиной 604 п.н. проводили с рестриктазой FokI. Размер продуктов рестрикции фрагмента гена GH оценивали методом электрофореза в 2 %-м агарозном геле. В результате исследований изучена генетическая структура свиней породы ландрас по гену гормона роста (GH). Установлена связь полиморфизма гена GH с показателями продуктивности. Определены аллельные варианты гена, закрепление которых в популяции будет способствовать повышению продуктивных **качеств**. Работа выполнена за счет средств гранта Президента Российской Федерации для государственной поддержки молодых российских ученых-кандидатов наук - договор № 14.W01.16.7781-МК «14» марта 2016 г.

РЕГУЛЯЦИЯ КЛЕТОЧНЫМ ЦИКЛОМ РЕПАРАЦИИ ПОВРЕЖДЕНИЙ ДНК

Колтовая Н.А.¹

1. Объединенный институт ядерных исследований, Дубна

Автор, ответственный за переписку: Наталия Алексеевна Колтовая, koltovaya@jinr.ru

Существуют разные механизмы регуляции репарации. Известно, что повреждения ДНК индуцируют изменение экспрессии некоторых белков, необходимых для репарации. Это проявляется не только в увеличении транскрипции, как правило, у эукариот не более чем в 2-5 раза. На порядок большее увеличение количества белка может происходить за счет ингибирования его лизиса и увеличения времени жизни. Кроме того, происходят активация за счет химической модификации или изменение локализации белка.

Оказалось, что многие важные белки репарации не только индуцируются и активируются повреждениями ДНК, но и регулируются клеточным циклом даже в отсутствии внешнего повреждающего агента. Этот малоизученный механизм регуляции репарации, по-видимому, имеет биологическое значение. С одной стороны, происходит синтез белков в нужной стадии клеточного цикла, когда может реализоваться соответствующий путь репарации, например в фазе G2/M белки гомологичной рекомбинации. С другой стороны, экспрессия белков ингибирована на тех стадиях клеточного цикла, на которых они могут нанести вред клетке, например синтез рекомбинационных белков во время репликации. Таким же образом минимизируется мутагенное действие ошибочных путей репарации. Функционирование ошибочных TLS-полимераз было бы не желательно во время репликации, поэтому их экспрессия и активация ограничены фазами G2/M. Кроме того, синтез и химическая модификация белков репарации в невозмущенных клетках свидетельствует, по-видимому, об образовании большого количества спонтанных повреждений, с которыми связываются синтезированные белки. Хотя нельзя исключить того, что белки имеют дополнительные функции, не связанные с репарацией и чекпойнт-контролем.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ЛИНИИ ТОМАТА Мо938 С НЕХАРАКТЕРНЫМ РАСПОЛОЖЕНИЕМ МАРКЕРНЫХ ГЕНОВ В ХРОМОСОМЕ 2

Комахин Р.А.¹, Стрельникова С.Р.¹, Жученко (ст.) А.А.

1. ФГБНУ ВНИИСБ

Автор, ответственный за переписку: Роман Александрович Комахин,
recombination@iab.ac.ru

Установлено, что у гибридов томата частота кроссинговера между одними и теми же маркерными генами различалась в зависимости от используемых в скрещиваниях маркерных линий. У гибридов (Марглоб х Мо938) *rf* составляла между генами *wv-aw* $48.1 \pm 1.5\%$, *aw-d* 45.3 ± 1.2 и *wv-d* $25.8 \pm 0.7\%$, что не согласуется с генетической картой, соответственно, 18, 11 и 29 %, и с *rf aw-d* $14.3 \pm 1.7\%$ у других гибридов (Марглоб х Мо500) и (Марглоб х Мо504). В целом у гибридов (Марглоб х Мо938) *aw* оказался наиболее удаленным от *wv* и *d*, которые стали наиболее близко расположенными, что предполагало либо инверсию участка *aw-d* хромосомы 2 у линии Мо938, либо наличие у нее другого гена с фенотипическим проявлением аналогичным *aw*.

Цитологический анализ гибридов (Марглоб х Мо938) не выявил в пахитене и диакинезе инверсионных петель в биваленте 2, подтвердил нормальную сегрегацию хромосом в анафазе I и II и высокий уровень фертильной пыльцы. В совокупности с моногенным наследованием маркерных аллелей хромосомы 2 в потомстве эти результаты свидетельствовали против гетерозиготности по инверсии на участке *aw-d* у гибридов (Марглоб х Мо938). Однако в сравнении с бивалентами 2 сорта Марглоб и линии Мо938, бивалент 2 гибридов (Марглоб х Мо938) имел заметное утолщение в области короткого плеча, центромеры и прилежащей области длинного плеча, что свидетельствовало о возможном гетероморфизме составляющих его гомологов.

Функциональный тест на аллелизм путем гибридизация Мо938 с Мо504 (*aw*) и Мо755 (*aa*) показал, что Мо938 содержит ген неаллельный *aw* и *aa*.

В целом высока вероятность расположение обнаруженного гена в коротком плече хромосомы 2 томата, которое сравнительно невелико и имеет единственный известный фенотипический маркер *sulf*.

Работа выполнена по государственному заданию (№0574-2015-0005).

ПРИЛОЖЕНИЕ SeedCounter И АЛГОРИТМ РАСПОЗНАВАНИЯ КОЛОСА ПШЕНИЦЫ ДЛЯ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО ФЕНОТИПИРОВАНИЯ

Комышев Е.Г.¹, Генаев М.А.¹, Акушкина А.В.², Афонников Д.А.³

1. Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск, Россия
2. Новосибирский Государственный Аграрный Университет, Новосибирск, Россия
3. Институт Цитологии и Генетики СО РАН, Новосибирск, Россия; Новосибирский Национальный Исследовательский Государственный Университет, Новосибирск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Евгений Геннадьевич Комышев,
komyshev@bionet.nsc.ru

Качественный и количественный анализ морфологических характеристик пшеницы является важным этапом при выведении новых, высокоурожайных сортов. Традиционно, анализ колосьев проводится вручную, помимо взвешивания, визуально определяя тип колоса, количество зерен в нем, размеры, остистость, цвет и др. Измерение определенных параметров (длина, ширина, форма, округлость для зерен и тип колоса, его размеры, профиль, цвет для колосьев) существенно затруднено. Для высокопроизводительного фенотипирования зерен пшеницы мы реализовали мобильное приложение на платформе Android[1], которое распознает зерна пшеницы на листе бумаги и измеряет их количественные характеристики. Для массового фенотипирования колосьев пшеницы мы разработали алгоритм их распознавания и параметризации. Алгоритм распознает колос на листе формата А4, определяет его контур и рассчитывает необходимые параметры. Для разработки мобильного приложения была выбрана широко распространенная платформа Android с открытым исходным кодом, используемая в большинстве доступных мобильных устройств. Алгоритм распознавания колосьев пшеницы реализован на языке программирования Java. Для обработки изображений используется библиотека OpenCV[2]. Входные данные программ – это изображения зерен и колосьев пшеницы, расположенные на белом листе бумаги. Разработанный алгоритм распознавания колосьев пшеницы и приложение SeedCounter могут быть использованы для высокопроизводительного фенотипирования пшеницы как в полевых условиях, когда использования специального оборудования затруднено, так и в лабораторных. Приложение SeedCounter доступно на GooglePlay:
<https://play.google.com/store/apps/details?id=org.wheatdb.seedcounter>

Работа выполнена при поддержке РФФИ (16-37-00304).

Литература

Android: Программная платформа с открытым исходным кодом для широкого спектра мобильных устройств, разработанная и развиваемая компанией Google.
<http://www.android.com>.

OpenCV: Программная библиотека алгоритмов компьютерного зрения, обработки изображений и численных алгоритмов общего назначения с открытым исходным кодом.
<http://opencv.org>.

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ МОДЕЛИ ПАТОЛОГИИ ПОВЕДЕНИЯ НА МЫШАХ

Кондаурова Е.М.¹, Куликов А.В.¹, Базовкина Д.В.¹

1. ФИЦ ИЦиГ СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Елена Михайловна Кондаурова,
kond_em@bionet.nsc.ru

Выявление молекулярных и физиологических механизмов трансдукции, закодированной в ДНК информации в сложный поведенческий признак, является главной задачей нейрогеномики поведения, в которой соприкасаются проблемы физиологии, молекулярной биологии и генетики. Моделирование патологий на животных основывается на концепции о том, что в основе психопатологий лежат нарушения механизмов поведенческой адаптации, гомологичные у человека и животных. Создание генетических моделей патологий поведения на мышах является актуальной проблемой современной нейробиологии.

Каталепсия наблюдается у человека при некоторых тяжелых формах нервных и психических патологий или как негативный эффект лечения нейролептиками. В результате длительной селекции на повышенную предрасположенность к каталепсии была создана линия мышей ASC (Antidepressant Sensitive Cataleptics) - модель генетической предрасположенности к депрессии. Мыши данной линии соответствуют всем критериям предъявляемым к моделям депрессии.

Также была получена рекомбинантная линия мышей AKR.CBA-D13Mit76C путем переноса главного локуса каталепсии, содержащегося в дистальном фрагменте хромосомы 13, от каталептической линии CBA в геном некаталептической линии AKR. Мыши линии AKR.CBA-D13Mit76C характеризуются не только предрасположенностью к каталепсии, но и необычайно высоким уровнем агрессивного поведения.

Для исследования генетико-молекулярных механизмов регуляции поведения при переносе дистального фрагмента хромосомы 13, содержащего ген 5-HT_{1A} серотонинового рецептора и главный ген каталепсии, созданы новые рекомбинантные линии мышей C57BL6.CBA-D13Mit76C или C57BL6.CBA-D13Mit76B, несущие CBA или C57BL/6 аллели фрагмента хромосомы 13 в геноме мышей C57BL/6, соответственно. Мыши линии C57BL/6 - общепринятый стандарт генетического фона в исследованиях по трансгенезу, поэтому создание линии мышей, несущих CBA аллель главного гена каталепсии в геноме C57BL/6, является актуальным, в теоретическом, и в практическом смысле. Около 14% мышей линии C57BL6.CBA-D13Mit76C проявляют каталепсию и являются более чувствительными к действию агониста 5HT_{1A} рецептора.

Работа поддержала бюджетным проектом № 0324–2015-0004

ВНЕШНИЕ ВОЗМОЖНОСТИ В ПРЕПОДАВАНИИ МЕДИЦИНСКОЙ ГЕНЕТИКИ

Корженевская М.А.¹, Розенфельд С.В.¹, Лаптев С.А.¹

1. ПСПбГМУ им. акад. И.П. Павлова

Автор, ответственный за переписку: Марина Анатольевна Корженевская, korgmar@rambler.ru

Введение. Преподавание медицинской генетики в Вузе направлено на повышение качества образования путем внедрения генетических знаний в клиническое мышление будущего врача. Поэтому новые формы трансляции знаний и взаимодействия педагога с учащимися, подкрепляемые наглядным материалом, активизирует интерес и внимание, позволяют лучше понять и осознать генетику, и тем самым повысить качество обучения. Кафедра медицинской биологии и генетики с 2013 года проводит для студентов 1 курса выездное наглядно-практическое занятие-экскурсию по генетике человека в «Кабинете редкостей» Кунсткамеры, которая широко известна своей богатой и уникальной тератологической коллекцией.

Цель. Повышение качества образования по генетике человека с помощью наглядно-практического занятия-экскурсии.

Материалы и методы. Студенты 1 курса лечебного факультета ПСПбГМУ им акад. И.П. Павлова и тератологическая коллекция.

Результаты и обсуждения. Визуальное знакомство с врожденными пороками развития воспринимаются студентами не только как познавательная музейная экскурсия, но и оказывается новой формой трансляции знаний по генетике человека. Для сравнения качества знаний по медицинской генетике до и после внедрения практического занятия-экскурсии мы проводили анонимное анкетирование первокурсников в 2012 и в 2016 годах, которое показало, что за последние 3 года у первокурсников наблюдается повышение качества знаний в области генетики. Более, чем в 2 раза увеличилось количество студентов, правильно ориентирующихся во врожденной патологии человека, в 7 раз расширился спектр знакомых студентам наследственных заболеваний и синдромов, на 20% повысился уровень владения генетической терминологией. Кроме того, практическое занятие-экскурсия в Кунсткамере, идеально вписывается в феномен «культурных и образовательных традиций», основанный на сигнальной наследственности, что способствует информационно-наглядной преемственности знаний по генетике.

Выводы. Занятие-экскурсия по генетике человека является оригинальным творческим и продуктивным методом педагогической деятельности, повышает качество знаний и позволяет обеспечить информационно-наглядную преемственность знаний.

РЕЗУЛЬТАТЫ И НОВЫЕ НАПРАВЛЕНИЯ СЕЛЕКЦИИ ОВОЩНЫХ И БАХЧЕВЫХ КУЛЬТУР НА КУБАНИ.

Королева С.В.¹

1. ФГБНУ "ВНИИриса"

Автор, ответственный за переписку: Светлана Викторовна Королева, agrotransfer@mail.ru

Для юга России необходимы сорта и гибриды овощных бахчевых культур, сочетающие в себе высокую продуктивность и качество продукции с жаростойкостью, устойчивостью к недостатку влаги в почве, низкой влажности воздуха и наиболее вредоносным болезням. Селекция капусты белокочанной, перца сладкого направлена на создание гибридов F1. Внедрение в производство гетерозисных гибридов перца сладкого – это путь к повышению качества продукции, дружности созревания и увеличению ранней урожайности. Использование ядерно-цитоплазматической мужской стерильности позволяет снизить стоимость гибридных семян перца сладкого. Включены в Государственный реестр 3 гибрида на базе ЦМС с конусовидными плодами. Создан новый селекционный материал - восстановители фертильности и стерильные линии с призмовидными и кубовидными плодами с высокой комбинационной способностью по признакам продуктивности с целью расширения конкурентно способного сортимента. Селекция гибридов F1 капусты белокочанной базируется на использовании спорофитной самонесовместимости и цитоплазматической мужской стерильности. Созданы и включены в Госреестр гибриды разного срока созревания. В настоящее время стоит задача повышения качества создаваемых гибридов за счет устойчивости к сосудистому бактериозу и наиболее опасному вредителю на юге – табачному трипсу. Выделены перспективные линии, на базе которых ведется работа по созданию жаростойких гибридов среднепозднего созревания с комплексной устойчивостью. Для селекции томата для открытого грунта является актуальным создание сортов и гибридов F1 различного назначения (для потребления в свежем виде, цельноплодного консервирования, производства томатопродуктов и т.д.) с учетом повышения их адаптивности к абиотическим факторам среды (высокая температура воздуха и почвы, солнечная инсоляция). В результате селекционной работы в 2006 – 2015 гг. создано четыре сорта и один гибрид F1 томата различного назначения. Совместно с Селекционной станцией им. Н.Н. Тимофеева открыта программа по созданию гибридов F1 на базе функциональной мужской стерильности. Селекция фасоли овощной и зерновой выполняется с привлечением селекционного материала Крымской ООС и наработанного ранее материала КНИИОКХ и направлена на выведение новых сортов фасоли овощной и луцильной, пригодных к современным технологиям производства и переработки (консервирование, заморозка) адаптированных к почвенно-климатическим условиям Краснодарского края. Селекционная программа по чесноку направлена на создание сортов озимого чеснока с высоким адаптационным потенциалом. Сорта тыквы получили широкое распространение на Кубани и ее пределами (Витаминная, Прикубанская, Мраморная и др.). Из новых сортов следует отметить универсальный сорт Ромашечка. Ведутся исследования по созданию сортов и гибридов F1 тыквы порционного направления, востребованных на рынке. Создан сортимент арбуза и дыни, который характеризуется устойчивостью к абиотическим стрессам, высокой продуктивностью и лежкостью. Созданные сорта дыни и арбуза - разного срока созревания, что обеспечивает конвейерное поступление продукции с поля.

ВЫСОКАЯ МУТАБИЛЬНОСТЬ, ВОЗНИКАЮЩАЯ ПРИ РАЗЛИЧНЫХ ВАРИАНТАХ СКРЕЩИВАНИЙ ЛИНИИ 3NS *Drosophila melanogaster*

Коромыслов Ю.А.¹, Ваулин О.В.¹, Захаров И.К.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук

Автор, ответственный за переписку: Юрий Александрович Коромыслов,
koromyslov@ngs.ru

Из популяции *Drosophila melanogaster* Новосибирской области была выделена изосамочья линия 3NS, имевшая исходно аутосомную рецессивную мутацию *heavy vein* в хромосоме 2, и характеризующаяся повышенной мутабельностью в разных генах: *y*, *cv*, *f* и *car* (X-хромосома, частота мутирования $1,6 \times 10^{-4}$); *arc* (хромосома 2); и в *se* (хромосома 3). После проведения рекомбинационного теста мутации *heavy vein* с лабораторной линией 2-20, несущей мутацию *brown*, в F3 и F4 в X-хромосоме возник спектр видимых мутаций: *y*, *N*, *sn*, *dy*, *fw*, *v* и неидентифицированная мутация «уменьшенные бобовидные глаза». Частота мутирования по этим генам варьирует от $3,7 \times 10^{-4}$ до $1,1 \times 10^{-3}$.

Все возникшие видимые мутации X-хромосомы были проверены на нестабильность. Мутации *sn* и *fw* оказались генетически нестабильными. Для гена *fw* нестабильное состояние выявлено впервые. Всего по гену *fw* зафиксировано 6 мутационных событий. Вновь возникающие ревертанты, *sn*⁺ и *fw*⁺, были также нестабильными. Частота реверсий достигала значений от $3,5 \times 10^{-4}$ до $2,3 \times 10^{-3}$.

Повышение мутабельности, произошедшее после скрещиваний в рекомбинационном тесте, может быть следствием активации неидентифицированного мобильного элемента линии 3NS.

Работа поддержана программой фундаментальных исследований СО РАН «Интеграция и развитие» 1.29.

ОСНОВЫ МАРКЕРНОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА НА УСТОЙЧИВОСТЬ К СТРЕСС-ФАКТОРАМ

Костылев П.И.¹, Редькин А.А.¹, Краснова Е.В.¹, Шилов И.А.², Макаренко М.С.³

1. ВНИИ зерновых культур им. И.Г. Калининко
2. ВНИИСХБ
3. Академия биологии и биотехнологии ЮФУ

Автор, ответственный за переписку: Павел Иванович Костылев, p-kostylev@mail.ru

Рис является основной пищевой культурой для более половины населения мира. Различные стресс-факторы являются основными препятствиями на пути расширения производства риса. Снижение урожайности риса в неблагоприятных условиях угрожает продовольственной безопасности. Одна пятая часть орошаемых земель в мире и в России испытывает неблагоприятное воздействие высокой солености почвы. Снижение урожайности может быть преодолено путем создания и внедрения в производство толерантных сортов риса.

Азиатскими учеными был найден ген Sub1, способствующий толерантности к длительному погружению в воду. В России его можно использовать для создания сортов, устойчивых в фазу всходов к большому слою воды, что позволит защитить рис от сорных растений без гербицидов.

К опасным заболеваниям риса относится пирикулярриоз, вызывающий большие потери урожая в годы эпифитотий. Наиболее эффективным способом защиты риса без фунгицидов является выращивание устойчивых к пирикулярриозу сортов. Известны многие гены устойчивости к этому патогену. Объединение нескольких эффективных генов устойчивости со своим вкладом на генетической основе элитных сортов – это результативная стратегия селекции на устойчивость к переменным грибным патогенам.

Устойчивость к различным биотическим и абиотическим факторам относится к трудно оцениваемым признакам, когда оценка селекционного материала возможна лишь при наличии соответствующего стрессового фактора. Использование ДНК-маркеров позволяет ускорить оценку и проводить отбор без фенотипической оценки, на ранних стадиях, независимо от внешних условий. Целью исследований являлось создание с использованием ПЦР-анализа линий риса для селекции сортов, устойчивых к биотическим и абиотическим стресс-факторам среды.

В результате исследований на основе MAS в сочетании с традиционной селекцией выделены скороспелые линии риса с генами устойчивости к засолению Saltol, затоплению Sub 1, пирикулярриозу Pi-1, Pi-2, Pi-33, Pi-ta, Pi-b, пригодные для выращивания в Ростовской области.

КАРИОТИПИЧЕСКАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ ЭРИТРОЦИТОВ МЯСНЫХ, ЯИЧНЫХ И МЯСОЯИЧНЫХ ПОРОД КУР

Косякова Г.П.¹

1. ВНИИГРЖ, Санкт -Петербург

Автор, ответственный за переписку: Галина Павловна Косякова, galkos1@mail.ru

В экспериментальном хозяйстве ВНИИГРЖ нами изучались две основные группы по типу использования: мясные и мясо-яичные (общепользовательные) куры. Учитывали клетки (эритроциты) с нарушениями морфологии ядер в виде хроматина, отставшего от материнского ядра и сформировавшего в цитоплазме материнской клетки микроядро, т.е. клетки с микроядрами, и клетки (эритроциты) с выпячиваниями хроматина, которые по форме напоминают “хвосты”, т.е. клетки с “хвостатыми” ядрами. Как следует из у кур юрловской-голосистой ЧЭМ в среднем составила $1,79 \pm 0,11$ ‰, чем у пушкинской полосато-пестрой породы кур $1,42 \pm 0,13$ ‰ ($P < 0,05$), что значительно отличалось от средней частоты эритроцитов с микроядрами в крови белоснежки - $1,26 \pm 0,12$ ‰ ($P < 0,01$). Такая же тенденция наблюдается у брама светлой породы кур по сравнению с курами корниш породы мясного направления $1,55 \pm 0,14$ ‰ ($P < 0,05$). Нарушение морфологии ядер эритроцитов по типу “хвостатые ядра” также достоверно чаще обнаруживалось в периферической крови кур мясо-яичных пород юрловской голосистой ($0,84 \pm 0,05$ ‰) по сравнению с курами белоснежки и пушкинской полосато-пестрой породы ($0,55 \pm 0,09$; $0,49 \pm 0,03$ ‰; t-критерий Стьюдента, $P < 0,05$). Нарушение морфологии ядер эритроцитов по типу “хвостатые ядра” также достоверно чаще обнаруживалось в периферической крови кур ($0,88 \pm 0,06$ ‰) по сравнению с петухами ($0,40 \pm 0,13$ ‰; $P < 0,05$). Можно предположить, что одной из причин повышенных спонтанных частот нарушений морфологии ядер в эритроцитах кур является следствием влияния отбора на продуктивность. Таким образом, полученные нами результаты о частотах нарушений морфологии ядер в эритроцитах периферической крови птиц мясных и мясо-яичных пород указывают, что признаки ЧЭМ и ЧЭХЯ являются информативными показателями и могут использоваться для комплексной оценки нестабильности генома кур в зависимости от породной принадлежности.

ВЛИЯНИЕ СТИМУЛЯТОРОВ РОСТА НА ОКОРЕНЯЕМОСТЬ ПРИ ЗЕЛЕНОМ ЧЕРЕНОВАНИИ СЕМЕЙСТВА *Grossulariace*

Кошева О.Н.¹

1. ИЦиГ Со РАН Филиал СибНИИРС

Автор, ответственный за переписку: Олеся Николаевна Кошева, koscheva.olesia@yandex.ru

Зеленое черенкование это интенсивный способ размножения, позволяющий с единицы площади маточных насаждений смородины заготавливать зеленых черенков в 3-4 раза больше, чем одревесневших.

Имеет большое значение при размножении новых сортов и перспективных гибридов, когда очень мало исходного материала. Размножение зелеными черенками способствует оздоровлению посадочного материала от галлиц, стеклянниц и почкового клеща.

Исследования проводились в 2014-2015 г. в теплицах с туманообразующей установкой на Новосибирской Зональной опытной станции, в питомнике. Объектами исследований являлись однолетние зеленые побеги черной, красной и золотистой смородины,

Для ускорения корнеобразования перед посадкой черенки смородины обрабатывались водными растворами регуляторов роста Эпин экстра в концентрации 0,5 мл/л, Биостим 0,05г, Циркон 0,5 мл/л.

Результаты исследований размножения семейства крыжовниковых межвидовых растений показали, стимуляторы роста положительно влияют на окореняемость зеленых черенков. Так, окореняемость зеленых черенков черной смородины по средним показателям за 2 года варьировала от 90,6% у гибрида 195-9-81с применением Циркона 0,5 мл/л до 100% у гибрида 2-13 и сортообразца Глариоза с применением Биостима.

Для сортообразцов вида красной смородины наибольший процент окоренения был в 2015 году у сортообразца Розита в контрольном варианте- 90,3% и с применением Эпин экстра 0,5 мл/л – 86,6 %.

Если сравнивать средние показатели окоренения за два года, то самый большой процент окоренения дает применение Биостима для сорта Мускат и гибрида №19, и составляет 85,5 %. Для сорта Ермак наилучшим образом влияет Эпин экстра 0,5 мл/л. И дает окоренение 82%.

Таким образом, для семейства *Grossulariace* представленных сортообразцов смородины применение различных стимуляторов роста целесообразно и их применение индивидуально для каждого сорта, так как все сорта отличаются генотипическим происхождением, условиями произрастания и другими не уточненными факторами.

ОСОБЕННОСТИ ДИПЛОТЕННОЙ СТАДИИ МЕЙОЗА В ООГЕНЕЗЕ ПТИЦ

Кошель Е.И.¹, Давидьян А.Г.¹, Демин А.Г.¹, Саифитдинова А.Ф.¹, Гагинская Е.Р.¹

1. Санкт-Петербургский Государственный Университет

Автор, ответственный за переписку: Елена Ивановна Кошель, opossum39@mail.ru

На диплотенной стадии профазы мейоза I в ооцитах птиц хромосомы существуют в виде гигантских транскрипционно активных хромосом типа ламповых щеток, что характеризует гипертранскрипционный тип оогенеза. Тем не менее, в ооцитах половозрелых птиц гены рибосомных РНК в ядрышковом организаторе (ЯОР) инактивированы, и ядрышко не формируется на протяжении всех стадий роста ооцита. В то же время, в яичниках неполовозрелых птиц описаны две морфологические формы ооцитов, которые различаются по присутствию ядрышка в зародышевом пузырьке. До настоящего времени проблема активации и функционирования рибосомных генов в оогенезе птиц остается практически не изученной.

Используя методы флуоресцентной микроскопии и 3D-анализа биологических объектов, нам удалось исследовать функциональную активность ЯОР на диплотенной стадии профазы мейоза I в ооцитах цыплят *Gallus gallus domesticus* от вылупления до наступления половой зрелости. Ядрышки в ооцитах были детектированы с помощью флуоресцентной иммуногистохимии (антитела против нуклеофозмина, фибрилларина, UBF1) и гибридизации нуклеиновых кислот *in situ* (зонд 45S рРНК) у цыплят от 6 суток до 5 месяцев. Количественный анализ, выполненный с использованием 3D-реконструкции яичников на основе серийных гистологических срезов, показал, что ЯОР активен в подавляющем большинстве ооцитов на протяжении всего периода полового созревания птицы. В крупных ооцитах 5-месячных цыплят на стадии поздней диплотены выявлена остановка экспрессии рРНК генов, сопровождающаяся фрагментацией белкового компонента ядрышка.

Полученные в настоящей работе данные об особенностях функционирования рибосомных генов на стадии диплотены профазы мейоза I в оогенезе птиц вносят вклад в представления о разнообразии сценариев гаметогенеза.

Исследование реализовано при поддержке грантов СПбГУ #1.50.1043.2014 и РФФИ #15-04-05684, а также при использовании оборудования РЦ СПбГУ «Хромас».

ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ОСОБЕННОСТЕЙ МУЖСКОГО ГАМЕТОФИТА В СЕЛЕКЦИИ КУКУРУЗЫ

Кравченко А.Н., Клименко О.А.¹

1. Институт Генетики, Физиологии и Защиты Растений Академии Наук Республики Молдова.

Автор, ответственный за переписку: Анатолий Николаевич Кравченко,
climenco_2010@mail.ru

В настоящее время широко используются генетические и цитологические подходы для исследования признаков мужского гаметофита в селекции кукурузы. Анализ изменчивости размера пыльцы у 25 инбредных линий кукурузы в течение 3 лет показал, что у 10 линий этот признак не изменялся, и они обладают хорошей адаптивностью к условиям выращивания и могут быть использованы в селекционном процессе. На основе анализа процессов при взаимодействии гаметофита с тканями спорофита, разработан метод отбора генотипов, обладающих системами с высоким уровнем аттракции пластических веществ. Изучение изменчивости этого показателя у 22 линий за три года по схеме двухфакторного дисперсионного анализа показало, что у пяти линий отмечаются стабильно очень хорошие системы аттракции. Следовательно, такой подход может быть использован в селекции кукурузы. Весьма перспективным методом дифференциации генотипов является проращивание пыльцы на питательной среде на фоне пониженной и повышенной температур и определение ее устойчивости к этим факторам. Двухфакторный метод дисперсионного анализа позволяет оценить устойчивость каждого генотипа к каждому температурному фактору и одновременно к этим факторам, что указывает на сочетание в одном генотипе, соответственно, двух генетических систем устойчивости. Изменение размера пыльцы в разных растворах сорбита позволяет судить о ее водопоглощающей и водоудерживающей способности. Установлено, что растворы сорбита с осмотическим давлением 27 Ат и 81,7 Ат позволяют дифференцировать генотипы, обладающие слабой водоудерживающей способностью. Из 15 линий выделяются генотипы, которые на осмотическом фоне теряют воду, сохраняют и даже поглощают ее. Это позволяет отбирать лучшие из них.

ИЗМЕНЧИВОСТЬ *Podospora anserina* В ХОДЕ ЭВОЛЮЦИОННОГО ЭКСПЕРИМЕНТА

Кудрявцева О.А.¹, Сафина К.Р.², Вахрушева О.А.³, Базыкин Г.А.², Мажейка И.С.⁴, Буданова Е.В.¹, Кондрашов А.С.⁵, Камзолкина О.В.¹

1. Биологический факультет МГУ имени М.В.Ломоносова
2. НИИ ФХБ им. А. Н. Белозерского МГУ, ИППИ РАН
3. ИППИ РАН
4. Биологический факультет МГУ имени М.В.Ломоносова, Институт общей генетики им. И.Н. Вавилова РАН
5. University of Michigan

Автор, ответственный за переписку: Ольга Александровна Кудрявцева,
for-ol-ga@yandex.ru

В 2012 году на кафедре микологии и альгологии МГУ имени М.В.Ломоносова был заложен многолетний эволюционный эксперимент с использованием аскомицетного гриба *Podospora anserina* в качестве модельного объекта. Восемь независимых мицелиальных линий, произведенных от двух исходных моноспоровых гомокариотических штаммов, растут в условиях погруженного качалочного культивирования и поддерживаются путем периодических серийных пассажей.

Адаптация *P. anserina* к росту в жидкой среде сопровождается множеством необратимых изменений, важнейшие среди которых – отключение характерного для данного вида гриба репликативного старения, переход к нелимитированному вегетативному росту, интенсификация накопления биомассы, прекращение синтеза темноокрашенного пигмента, утрата функциональных половых структур. На ультраструктурном уровне у полностью адаптированных линий не было выявлено морфологических признаков, присущих стареющему мицелию *P. anserina*. Напротив, характер морфологии внутриклеточных компонентов указывает на интенсивное протекание метаболических процессов.

Биоинформатический анализ данных, полученных методом полногеномного секвенирования трех экспериментальных линий *P. anserina* и соответствующего исходного дикого штамма, позволил выявить целый ряд высокочастотных (>80%) однонуклеотидных полиморфизмов, уникальных для каждой линии. В первой временной точке, соответствующей 64 пассажам, было обнаружено относительно небольшое число мутаций: 2 – в первой линии, 3 – во второй и 5 – в третьей. Однако увеличение числа пассажей до 130 привело к появлению дополнительных замен: 1 – в первой линии, 10 – во второй и 2 – в третьей. Важно отметить, что каждый из закрепившихся в первой временной точке полиморфизмов был найден в соответствующей линии и во второй временной точке. Количество несинонимических и нонсенс-мутаций значительно выше, чем ожидалось бы при попадании обнаруженных замен в случайные участки генома, что может указывать на адаптивную роль этих мутаций.

Работа поддержана грантами РФФИ №№ 16-04-01845, 16-04-00814 и 14-04-00864.

ПАТОФИЗИОЛОГИЧЕСКАЯ РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМОВ ГЕНОВ АНТИОКСИДАНТНЫХ ФЕРМЕНТОВ ПРИ ЭНДОТОКСИКОЗЕ

Кудряшова В.И.¹, Трофимов А.В.¹, Гудошникова Т.Н.¹, Колмыкова Т.С.¹, Трофимов В.А.¹, Власов А.П.¹

1. Национальный исследовательский Мордовский государственный университет имени Н.П. Огарёва

Автор, ответственный за переписку: Вероника Игоревна Кудряшова,
kudryashovav@yandex.ru

Эндотоксикоз, как ведущее патогенетическое звено различных воспалительных заболеваний, связан с критическим воздействием цитотоксических соединений, включая активные формы кислорода и продукты перекисидации липидов на клетки и повреждением ДНК. Для выяснения механизмов генерализации воспалительного процесса, связанных с нарушением антирадикальной функции организма, нами исследуется роль полиморфизмов генов ферментов антиоксидантной системы в патогенезе эндотоксикоза.

В крови больных эндотоксикозом отмечается устойчивая динамика повышения содержания продуктов перекисидации липидов, развития клеточных дисфункций и усиления проапоптотических явлений в организме на фоне непропорционального изменения активности ключевых ферментов, включая супероксиддисмутазу, каталазу в зависимости от тяжести заболевания.

В гене *SOD2* замена (С47Т), приводящая к снижению супероксиддисмутазной активности в митохондриях, имеет доказанное клиническое значение, поскольку связана с повышением восприимчивости к окислительному стрессу. Нами выявлено, что у людей носителей «патологического» аллеля риск развития эндотоксикоза, при наличии сопутствующих повреждающих факторов, выше. И, наоборот, у больных с легкой формой эндотоксикоза преобладает желательный аллель, причем частота встречаемости данного аллеля даже ниже, чем в исследуемой выборке здоровых людей.

В гене каталазы (*CAT*) наиболее значимая мутация (-262 С/Т) встречается в промоторе, в области связывания факторов транскрипции. У больных с легким эндотоксикозом доминирует гетерозиготный генотип, «патологический» генотип незначительно преобладает над желательным генотипом, при этом «патологический» аллель встречается в 1,5 раза чаще, чем в контрольной выборке. У больных с тяжелым эндотоксикозом наблюдается значительное преобладание (более чем в 3 раза) «патологического» генотипа.

Наличие мутаций, приводящих к изменению активности антиоксидантных ферментов и их регуляции и, как следствие, к диспропорциональным изменениям фондов активных форм кислорода и продуктов липоперекисидации, может способствовать развитию дисрегуляторных процессов в организме и формированию эндотоксикоза.

МИГРАЦИЯ - ОСНОВНОЙ ФАКТОР ДИНАМИКИ ГЕНОФОНДА НАРОДОНАСЕЛЕНИЯ РОССИИ

Курбатова О.Л.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Ольга Леонидовна Курбатова, okurbat@list.ru

Миграционные процессы, ставшие острой проблемой современности, влияют на все стороны жизни общества, в том числе на этнический состав населения, его генофонд, спектр патологий. Процессы миграции и эмиграции имеют селективный характер в отношении целого ряда генетически-значимых этнодемографических признаков. Гендерные особенности миграции обуславливают неодинаковую временную динамику частот генов разной локализации (аутосомных, сцепленных с полом и митохондриальных) в принимающей популяции. Для населения Москвы рассчитан прогноз динамики в поколениях частот ряда генетических маркеров, в том числе ассоциированных с устойчивостью к социально-значимым заболеваниям и моногенных патологий. Стратегия адаптации "дальних" мигрантов в условиях мегаполиса состоит в консолидации этноконфессиональных групп (компактное расселение на городской территории и положительная брачная ассортативность). Показано, что благодаря интенсивному притоку мигрантов и потокам генов между этническими группами в результате межэтнических браков, население мегаполиса представляет собой популяцию смешанного происхождения в этническом, антропологическом и генетическом аспектах. Большинство (95-98%) жителей изученных мегаполисов имеют в своих родословных предков разных национальностей и уроженцев других регионов, что предопределяет необходимость формирования для мегаполисов особых баз генетических данных в целях медицинской генетики и криминалистики (ДНК-идентификация).

ИТОГИ И ПЕРСПЕКТИВЫ ЦИТО- И ГЕНЕТИЧЕСКОГО ИЗУЧЕНИЯ СЛОЖНОГО КОМПЛЕКСА ИЗ ОДНОГО ПОДОТРЯДА РЕПТИЛИЙ

Куприянова Л.А.¹, Сафронова Л.Д.²

1. Зоологический институт Российской академии наук, Санкт-Петербург 199034
2. Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н.Северцова Российской академии наук, Москва 119071

Автор, ответственный за переписку: Лариса Андреевна Куприянова, larissakup@zin.ru , ldsafronova@gmail.com

Рептилии занимают ключевую позицию в основании филогенетического древа наземных позвоночных. Один из подотрядов рептилий, ящерицы, характеризуются температурным и генетическим определением пола. К тому же у ящериц установлены мужская и женская гетерогаметия, большое разнообразие полоопределяющих механизмов и доказано их независимое происхождение. В семействе настоящих ящериц, *Lacertidae*, примерно у 50 из 100 проанализированных видов отмечены ZW половые хромосомы и у четырех видов обнаружены множественные Z_1Z_2W половые хромосомы. Кроме того, у одного из четырех видов, *Zootoca vivipara*, наблюдается редко встречающаяся интенсивная реорганизация W- половой хромосомы. Многолетние цитогенетические и молекулярные исследования половых и аутохромосом последнего обнаружили, что вид представляет собой сложный комплекс, состоящий из нескольких ранее неизвестных хромосомным форм, подвидов и, вероятно, самостоятельных видов с собственными ареалами и ограниченными зонами вторичных контактов (Kupriyanova *et al.* 2014).

В итоге было продемонстрировано, что данные о гаплотипах и кариотипах *Z. vivipara* позволяют решать вопросы, связанные с процессами детерминации и регуляции пола, с ролью перестроек половых хромосом в формо-, подвидо- и видообразовании. Было обнаружено активное участие Z_1 половой хромосомы (5-я) в перестройках и в образовании множественных Z_1Z_2W половых хромосом, сопровождающееся формированием новых таксонов. Важно подчеркнуть, что Z - половая хромосома (5-я) вида *Lacerta agilis* этого семейства, согласно молекулярно-цитогенетическому картированию хромосом (Skikulnath *et al.*, 2014), имеет частичную гомологию с хромосомами 6 и 9 курицы. Такие факты ясно указывали на необходимость детального сравнительного анализа, в первую очередь, Z - половых хромосом разных групп наземных позвоночных.

В связи с вышеизложенным авторами исследованы хромосомы самцов одной из хромосомных форм *Z. vivipara* на стадиях пахитены и метафазы первого мейотического и митотического делений. Впервые получены и изучены тотальные препараты распластанных синаптонемных комплексов (СК) и визуализированы особенности и отличия в морфологии СК Z_1Z_1 – хромосом. Результаты свидетельствуют о перспективности комплексного подхода при оценке роли половых хромосом и их вклада в эволюционные процессы в разных группах наземных позвоночных.

ГЕНЕТИКА МНОГОФАКТОРНЫХ БОЛЕЗНЕЙ И НУТРИГЕНОМИКА

Кучер А.Н.¹

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ

Автор, ответственный за переписку: Аксана Николаевна Кучер,
aksana.kucher@medgenetics.ru

В современном обществе серьезные изменения претерпели характер питания (не соответствует эволюционно сложившимся потребностям), образ жизни (стрессовые нагрузки, малоподвижный образ жизни и др.), экология. Болезнь развивается, если организм обладает генетическими вариантами, не позволяющими адекватно реагировать на изменение среды обитания и/или когда испытывает дефицит/избыток жизненно-необходимых нутриентов. Потребности в нутриентах (микро-, макроэлементы, витамины и др.) генетически детерминированы и отражают сформировавшуюся на протяжении многих поколений адаптированность генофондов к определенным условиям среды. Поэтому одни и те же генетические варианты в зависимости от характера диеты могут по-разному проявлять свой эффект: повышать, снижать, либо не влиять на риск развития болезни.

С одной стороны, и гены, и нутриенты обладают плеiotропными эффектами, что может определять формирование коморбидных состояний, с другой – одна и та же болезнь может развиваться при нарушениях в работе разных генов и/или дефиците разных нутриентов. Так, для иммунозависимых болезней, характеризующихся высокой коморбидностью, регистрируются некоторое перекрытие в спектре предрасполагающих генетических маркеров и высокая общность микро- и макроэлементов (ионы Zn, Mg и др.), функционально связанных с генами, ассоциированными с данными болезнями. Сходная картина наблюдается для других коморбидных состояний. Гены, вовлеченные в поддержание гомеостаза магния, показывают ассоциации с широким спектром болезней, одной из причин которых рассматривается дефицит этого макроэлемента. Риск развития ожирения (эндотип многих болезней) зависит как от генетического статуса, так и от дефицита нутриентов (ионов Fe, Ca, витамина D).

Характер диеты и отдельные нутриенты могут менять экспрессию генов, в том числе, посредством эпигенетических модификаций. В частности, нутриенты (ретиноевая кислота, омега-3 ПНЖК) влияют на уровень экспрессии ряда микро-РНК, задействованных в патогенезе атеросклероза.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФИ (№ 16-15-10150)

ИССЛЕДОВАНИЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА HP1 С НЕТРАНСЛИРУЕМЫМИ ОБЛАСТЯМИ ЭРРАНТИВИРУСОВ *Drosophila melanogaster*

Лавренов А.Р.¹, Кукушкина И.В.¹, Миляева П.А.¹

1. Биологический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова, кафедра генетики

Автор, ответственный за переписку: Антон Русланович Лавренов, overtaki@mail.ru

В геноме эукариот одна из основных функций белков семейства HP1 — регуляторная. Белки HP1 занимаются не только регуляцией экспрессии генов, но и регуляцией активности ретротранспозонов, поддерживая стабильность генома. Целью нашей работы было проанализировать взаимодействие трех белков HP1a, HP1b и HP1c с регуляторными областями эрративирuсов дрозофилы - ретротранспозонов группы *gypsy*.

Для этого нами были получены рекомбинантные белки HP1a, HP1b и HP1c. Мы провели гель-шифт анализ связывания всех трех белков семейства HP1 с нетранслируемыми областями ретротранспозонов группы *gypsy*. В качестве матрицы для связывания мы использовали амплификаты, содержащие 5'UTR области элементов *ZAM*, *tirant*, *17,6*, *rover*, *gypsy* и *Springer*.

В результате было показано, что все три белка способны связываться со всеми классами элементов группы *gypsy*. При этом наибольшей аффинностью к регуляторным областям обладает белок HP1a, а наименьшей - HP1c.

Нами было установлено, что белок HP1a предпочтительнее связывается с нетранслируемыми областями элементов, содержащих тандемные повторы в 5'UTR, богатые АТ-последовательностями. По этой причине хуже всего связывание белка прошло с элементами *Springer* и *gypsy*. В случае элементов *ZAM* и *tirant* белок HP1a в различных разведениях предпочтительнее связывался с копиями элементов, содержащих наибольшее количество тандемных повторов.

Таким образом, нами было показано, что белки семейства HP1 принимают участие в регуляции транспозиции элементов группы *gypsy*. Скорее всего тандемные повторы, имеющиеся в нетранслируемой области, выступают в качестве сайтов связывания с белками HP1. Сравнительный анализ показал, что белок HP1c проявляет наименьшую аффинность в отношении нетранслируемых областей ретроэлементов группы *gypsy* по сравнению с белками HP1b и HP1a.

Работа поддержана грантами РФФИ 16-34-00729 мол_а и 14-04-01450 А

ГЕОГРАФИЧЕСКОЕ РАСПРЕДЕЛЕНИЕ К-АЛЛЕЛЯ ГЕНА ДИАЦИЛГЛИЦЕРОЛ-АЦИЛТРАНСФЕРАЗЫ-1 (*DGAT1*) У ПОРОД *Bos Taurus*

Лазебная И.В.¹, Перчун А.В.¹, Лазебный О.Е.², Сулимова Г.Е.¹

1. ИОГен РАН
2. ИБГ РАН

Автор, ответственный за переписку: Ирина Викторовна Лазебная, lazebnaya@mail.ru

Ген *DGAT1* кодирует фермент диацилглицерол-ацилтрансферазу-1, играющий ключевую роль в синтезе триацилглицеролов – основных липидов молока. Известна несинонимичная замена АА на GC в экзоне 8 гена *DGAT1* (лизин→аланин) в позиции 232 белкового продукта. Установлена ассоциация К-аллеля с высоким содержанием молочного и межмышечного жира у крупного рогатого скота. Учитывая потенциальную селекционную значимость аллеля, актуальной является информация о его породной и региональной представленности. С этой целью нами проведено сравнение российских и зарубежных пород крупного рогатого скота по полиморфизму гена *DGAT1* ($n \approx 2000$ образцов), включающее европейские, азиатские, турецкие и российские породы, такие как джерсейская польская, голштинская немецкая, голштино-фризская ирландская, калмыцкая, турецкие анатолийские черная и красная, турецкая серая. Российские породы представлены собственными данными по костромской породе (7 популяций, 577 образцов), бурой швицкой российской селекции ($n=100$) и опубликованными данными по изменчивости гена *DGAT1* у казахской белоголовой российской селекции, калмыцкой породы. Из азиатских пород включены в анализ монгольская хогорога и белоголовая казахской селекции. У большинства пород частоты генотипов находятся в соответствии с равновесием Харди-Вайнберга. Определены интервалы частот аллелей, наиболее перспективный из которых для использования в селекции, аллель К, имеет частоту: 0.01-0.93. Выявлена высокая внутривидовая дифференциация у костромского скота ($F_{st}=0.25$). Рассмотренные нами турецкие породы не дифференцируются друг от друга и четко дифференцируются от костромского скота, бурой швицкой, а также от казахской белоголовой обеих типов селекции, монгольской хогорога и калмыцкого скота (F_{st} до 0.95). Установлена высокая географическая изменчивость по исследованному SNP ($F_{st}=0.15$). Учитывая, что направленная селекция на высокую частоту аллеля К в большинстве пород не проводилась, скорее всего, обнаруженная широкая изменчивость частоты данного аллеля может являться следствием различного происхождения пород.

ПОПУЛЯЦИОННЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ФИТОПАТОГЕННЫХ ГРИБОВ

Левитин М.М.¹

1. ФБГНУ «Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, Санкт-Петербург – Пушкин, Россия

Автор, ответственный за переписку: Марк Михайлович Левитин, mark_levitin@rambler.ru

В развитии популяционных исследований фитопатогенных грибов в последние 15-20 лет произошел скачок, который связан с разработкой новых типов молекулярных маркеров (SNP и микросателлиты = SSR), техники скоростного секвенирования, а также внедрения новых аналитических программ. Использование современных методов анализа популяций позволило установить ареалы популяций многих экономически значимых возбудителей болезней, выявить пути их миграции и предложить стратегию размещения генов устойчивости растений к болезням. В наших исследованиях анализировались популяции разных видов фитопатогенных грибов. Некоторые виды имели широкий ареал распределения в пространстве. К ним относятся ржавчинные грибы, как например, *Puccinia triticina*, *P. graminis*, *P. striiformis* и некоторые виды гемибиотрофных грибов - *Cochliobolus sativus*, *Mycosphaerella graminicola* и *Phaeosphaeria nodorum*. Другие обладали узкой локализацией в пространстве, например, *Pyrenophora teres* и *Fusarium oxysporum*. Узколокальное распределение в пространстве популяций возбудителей болезней требует иного подхода в использовании генов устойчивости, чем для популяций, имеющих широкий ареал. Разный тип распределения группировок в пространстве зависит от биологических особенностей вида, радиуса его индивидуальной активности, адаптационных возможностей и наличия физико-географических и биологических барьеров. Популяционные исследования фитопатогенных грибов имеют важное практическое значение. В зависимости от степени локализации популяций должна строиться стратегия территориального размещения генов устойчивости растений. Знание ареала популяции и миграционных возможностей патогена позволяет ставить научно-обоснованный прогноз распространения и локализации опасных заболеваний растений и разрабатывать эффективные системы защиты растений с наименьшей опасностью для окружающей среды.

АССОЦИАТИВНОЕ КАРТИРОВАНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ, ОПРЕДЕЛЯЮЩИХ УСТОЙЧИВОСТЬ К ГРИБНЫМ БОЛЕЗНЯМ ЛИНИЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ С ИНТРОГРЕССИЯМИ ОТ ТЕТРАПЛОИДНЫХ ВИДОВ РОДА *Triticum*

Леонова И.Н.¹, Орловская О.А.², Хотылева Л.В.², Салина Е.А.¹

1. Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики СО РАН
2. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси

Автор, ответственный за переписку: Ирина Николаевна Леонова, leonova@bionet.nsc.ru

Расширение генетического разнообразия современных сортов мягкой пшеницы путем интрогрессии ценных локусов из генома родичей является перспективным подходом современной генетики и селекции. Интрогрессивные линии мягкой пшеницы с генетическим материалом тетраплоидных видов рода *Triticum* проявляют эффективную устойчивость к листовостебельным инфекциям в различных экологических условиях. Для выявления вклада чужеродного генетического материала в формирование устойчивости к грибным патогенам было исследовано 32 линии мягкой пшеницы, содержащие фрагменты интрогрессии от *T. durum*, *T. dicoccum* и *T. dicoccoides*. Генотипирование линий микросателлитными маркерами, специфичными для гексаплоидной пшеницы *T. aestivum*, выявило в их геноме от 4 до 12 чужеродных фрагментов. Для поиска ассоциаций маркер-признак использовано 128 SSR локусов. Анализ данных, полученных при проверке восприимчивости линий к бурой и стеблевой ржавчине, мучнистой росе и септориозу в нескольких регионах России и Республики Беларусь, выявил 55 значимых ассоциаций. Наибольшее число ассоциаций выявлено для признака устойчивости к мучнистой росе (хромосомы 1D, 2B, 5B и 7B). Достоверную связь с устойчивостью к бурой ржавчине показали маркеры, локализованные в хромосомах 2BS и 7BS. SSR маркеры, картированные в хромосомах 2A, 4A и 6A, проявили ассоциацию с устойчивостью к септориозу. Для устойчивости к стеблевой ржавчине установлена достоверная ассоциация только с маркерами хромосомы 2B. Анализ продуктов амплификации показал, что большая часть выявленных SSR маркеров (за исключением хромосом 1D, 4A и 7B) находится в местах локализации фрагментов чужеродного генома. Полученные результаты могут быть использованы для картирования генетических локусов, ответственных за устойчивость линий мягкой пшеницы к грибным болезням.

Работа выполнена при финансовой поддержке проекта №18 Совместных проектов фундаментальных исследований НАН Беларуси и СО РАН и БРФФИ (грант № Б15СО-030).

ОЦЕНКА ЭФФЕКТИВНОСТИ ПОДБОРА ПАР ДЛЯ СКРЕЩИВАНИЯ НА ОСНОВЕ АНАЛИЗА УРОЖАЙНОСТИ РОДИТЕЛЬСКИХ СОРТОВ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ

Лепехов С.Б.¹

1. ФГБНУ Алтайский НИИСХ

Автор, ответственный за переписку: Сергей Борисович Лепехов, sergei.lepehov@yandex.ru

В ходе ретроспективного анализа провели оценку урожайности родительских форм яровой мягкой пшеницы (2010-2012 гг.) и линий 12-15 поколений (2013-2015 гг.), полученных от них в результате топ-кроссных скрещиваний и последующего индивидуального отбора. Тестером являлся засухоустойчивый, экстенсивный сорт Саратовская 70, тестируемыми сортами – Алтайская степная, Алтайская 105, Омская 28, Голубковская. Урожайность линий от первых двух комбинаций скрещивания в среднем за три года находилась ниже и на уровне стандарта соответственно, а урожайность линий от двух вторых – выше. В рассматриваемом нами случае, когда второй родитель (Алтайская степная) характеризовался достаточной засухоустойчивостью, но слабой отзывчивостью на улучшение условий возделывания, единственная линия из этой комбинации скрещивания, тестируемая в контрольном питомнике, уступала стандарту по средней урожайности за ряд лет. Привлечение в скрещивание интенсивного сорта с низкой засухоустойчивостью и высоким потенциалом урожайности (Алтайская 105) позволило отобрать среднеурожайную во все годы исследования линию. Высокопродуктивные линии, испытываемые в контрольном питомнике, получены в двух комбинациях скрещивания, где второй родитель (Омская 28 и Голубковская) имел прибавки к стандарту и в засушливые, и в благоприятные годы. Отбор линий из комбинации Омская 28 × Саратовская 70 с высоким и близким значением среднегодовой урожайности, но существенно различающихся в отдельные годы, свидетельствует об ограниченной возможности прогноза поведения будущих линий только на основе анализа урожайности родительских сортов.

РЕЦЕНЗИЯ НА НОВУЮ КНИГУ: HEAVY METALS AND OTHER POLLUTANTS IN CONTAMINATED ENVIRONMENTS. BIOLOGICAL ASPECTS. APPLE ACADEMIC PRESS. 2016

Лисицын Е.М.¹, Вайсфельд Л.И.², Заиков Г.Е.²

1. Зональный научно-исследовательский институт сельского хозяйства северо-востока имени Н.В. Рудницкого северо-востока им. Рудницкого, Россия, Вятская сельскохозяйственная академия, Киров
2. Институт биохимической физики им. Н.М. Эммануэля

Автор, ответственный за переписку: Евгений Михайлович Лисицын, edaphic@mail.ru

До сих пор среди экологов нет единого мнения об использовании терминов "тяжелые металлы" (химические элементы с атомной плотностью выше 6 g/cm^3) или "микроэлементы" (концентрации в материнских породах составляют меньше чем 100 mg/kg). Все они ядовиты для живых организмов при высоких концентрациях, но некоторые из них являются необходимыми для нормального роста в малых дозах. Поэтому некоторые авторы предпочитают использовать термин "потенциально токсичные элементы". Написано много книг о различных аспектах воздействия поллютантов на растения и животных, теперь мы больше понимаем физические и биологические процессы взаимодействия живых организмов и тяжелых металлов. Новые аспекты общей проблемы появляются в связи с развитием технологий. Представлены данные по распределению тяжелых металлов в почвах и материнских породах естественных и сельскохозяйственных угодий, необходимые, чтобы оценить их биодоступность для растений. Предлагаемая коллективная монография предназначена для экологов - специалистов в области охраны окружающей среды и сохранения биологического разнообразия. Экспериментальные данные получены крупными учеными из России, Украины и Беларуси - специалистами каждый в своей области и представляющие исследовательские центры из регионов, значительно различающихся по природным условиям. Авторы охватывают проблемы снижения техногенной нагрузки на природу сельской местности, а также оценивают возможности устойчивого развития сельского хозяйства. Книга представляет интерес для практикующих экологов, генетиков, физиологов и других смежных специалистов. Книга будет полезна для преподавателей, студентов и аспирантов, интересующихся проблемами взаимодействия между живыми организмами и абиотической среды. Материалы книги будут важны для учителей, преподающих курсы: «Влияние тяжелых металлов на природные системы», «Экология растений, животных и микроорганизмов», «Восстановление естественных биологических систем после антропогенного загрязнения», "Устойчивое развитие сельского хозяйства". Книга рекомендована для библиотек университетов и сельскохозяйственных учреждений.

ПРИМЕНЕНИЕ КОРМОВОЙ ДОБАВКИ АБИОПЕПТИД ДЛЯ ПОВЫШЕНИЯ ПРОДУКТИВНОСТИ САМОК СОБОЛЕЙ

Лоенко Н.Н.¹, Чернова И.Е.²

1. ФГБНУ «Научно-исследовательский институт пушного звероводства и кролиководства имени В.А. Афанасьева»
2. ФГУП «Русский соболь»

Автор, ответственный за переписку: Наталья Николаевна Лоенко, niipzk-zver.krol@mail.ru

Целью исследований было изучение действия кормовой добавки Абиопептид на продуктивность самок соболей. Гидролизат соевого белка Абиопептид представляет собой концентрированный 25% раствор всех незаменимых аминокислот и пептидов.

Научно-хозяйственные опыты проводили в ОАО «Племзавод Пушкинский» Московской области на самках черной породы соболей в периоды беременности и лактации. Первый опыт был проведен с 13 февраля по 4 июня 2009 г. Сформировали две группы взрослых самок соболей с учетом возраста (3- 10-летние), по 60-61 голове в каждой группе. Опытная группа самок дополнительно ежедневно с кормом получала Абиопептид по 1,0 мл на голову, вторая группа самок была контрольной. Для изучения влияния разных сроков введения добавки провели второй эксперимент с 14 августа 2009 г. по 15 июня 2010 г. Сформировали две группы взрослых самок соболей с учетом возраста (3- 10-летние), по 50-55 голов в каждой группе и введение препарата проводили в той же дозировке.

Анализ результатов воспроизводства самок в первом опыте показал, что в опытной группе на 7,9% меньше пропустовало самок, на 5,7% снизился отход молодняка. Это обеспечило повышение выхода молодняка в опытной группе на 0,3 (15,6%) щенка на основную самку (2,22±0,23 против 1,92±0,22 щенка). Во втором опыте применение Абиопептида уменьшило число пропустовавших самок на 1,1%, способствовало снижению процента мертворожденных щенков на 1,4% и отхода молодняка на -12,0%. Выход молодняка в опытной группе увеличился на 0,27 (14,4%) щенка на основную самку (2,14±0,25 против 1,87±0,24 щенка) по сравнению с контрольной группой.

Для более полной реализации репродуктивного потенциала целесообразно применение Абиопептида в рационах самок соболей как длительно – до года, так и кратковременно - только в периоды истинной беременности и лактации.

УСТОЙЧИВОСТЬ РОДОВОЙ СТРУКТУРЫ КОРЕННОГО НАСЕЛЕНИЯ РЕСПУБЛИКИ АЛТАЙ

Лузина Ф.А.¹, Флейшман А.Н.², Дорошилова А.В.²

1. ФГБНУ «НИИ комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний», г. Новокузнецк
2. ФГБНУ «НИИ комплексных проблем гигиены и профессиональных заболеваний»

Автор, ответственный за переписку: Фаина Анисимовна Лузина, luzina45@mail.ru

Работа посвящена исследованию феномена устойчивости родовой структуры коренного населения Республики Алтай. Особенностью коренных народов Алтая является наличие рода (сеока), где счет родства ведется по мужской линии и при заключении браков соблюдается принцип родовой экзогамии.

Родовая принадлежность нами определена у 34356 человек – представителей всех коренных народов Республики Алтай (теленгитов, алтай-кижи, тубаларов, челканцев, кумандинцев). Сравнение номенклатуры родов и их численности (по данным переписи населения 1897 года и собственных полевых исследований 1980-1985 гг., 2009-2012 гг.) показало, что за исследуемый период родовой состав у алтайцев существенных изменений не претерпел. Наиболее распространенными родами являются тодош (11,3%), кобек (9,6%), кыпчак (9,5%), найман (7,6%), телес (7,5%), ирkit (7,1%), 24 сеока – не превышают 1%.

Сохраняется дифференциация родовой структуры на уровне этнических групп. Каждый коренной малочисленный народ имеет свой «родовой портрет». Иерархически подразделенная популяция проявляет большую стабильность по сравнению с бесструктурной панмиктической группой (Алтухов, Рычков, 1970).

Для всех коренных народов Республики Алтай характерно наличие 3-4х доминирующих по численности родов, что свидетельствует о дрейфе генов и эффекте родоначальника. Коэффициент инбридинга (по числу родов), остается стабильным на протяжении 100-летнего периода ($F=0,005$), что обеспечивается системой экзогамных браков.

Сохранение территории и исконной среды обитания, традиционных систем жизнеобеспечения, культурных ценностей, традиционного образа жизни также являются факторами, способствующими устойчивости родовой структуры.

Родовая структура коренных народов Республики Алтай – это сложная, открытая пространственно-временная система, между составляющими которой происходит взаимодействие, вследствие чего сложная система приобретает новые качества, в том числе устойчивости.

Феномен устойчивости родовой структуры определяет сохранение генофонда коренных народов и их дальнейшее развитие.

СОЗДАНИЕ АДАПТИВНЫХ СОРТОВ ЛЬНА МАСЛИЧНОГО

Лучкина Т.Н.¹, Картамышева Е.В.¹

1. ФГБНУ Донская опытная станция им. Л.А. Жданова ВНИИМК

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Николаевна Лучкина,
luchkina.tanya@yandex.ru

В современных условиях каждая возделываемая культура должна давать максимальный доход и обладать высокой конкурентоспособностью на отечественном и мировом рынке. Актуальность исследований заключается в создании нового исходного материала для получения высокоурожайных сортов льна с повышенным содержанием масла в семенах, дружно созревающих, пригодных для двойного использования на масло и волокно, адаптированных к условиям зоны недостаточного увлажнения Ростовской области. Лучшие отечественные сорта льна были получены с привлечением генетического материала мировой коллекции ВИР, которая является неисчерпаемым источником создания исходного материала. В качестве родительских форм эффективно использовать сорта, максимально приспособленные к условиям возделывания, с высокими показателями хозяйственных признаков: ВНИИМК 620, Сокол, Циан, Ручеек, Небесный. Улучшить генетическое разнообразие позволяют коллекционные образцы различного эколого-географического происхождения. Нами выделены коллекционные образцы к-533056 (Австралия), к-6307 (США), к-6307 (США), к-7821 (ВНИИМК), к-7648 (Франция), к-7773 (Чехия), обладающие высокой степенью проявления хозяйственных признаков. Данные сорта и образцы коллекции льна масличного имеют высокую специфическую и общую комбинационную способность. Они могут использоваться в качестве родительских форм при создании высокопродуктивных гибридов и сортов льна. Выделены 64 линии с содержанием масла в семенах более 48 %. Они отобраны из комбинаций, созданных с участием сортов и образцов Донской селекции. Первыми районированными сортами Донской селекции были: Донской 166, Донской 95, Успех, Союз. Масличность их семян не превышала 43 %. Включенные в Госреестр новые сорта льна масличного Радуга и Светлячок содержат масла в семенах более 50 %. Высокая продуктивность сортов сочетается с комплексом хозяйственно ценных признаков. Потенциал урожайности маслосемян достигает 2,2-2,5 т/га. Эти сорта характеризуются высокой степенью адаптации к природным условиям возделывания, технологичностью возделывания и дают высокий экономический эффект.

МОНИТОРИНГ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ЯРОВОГО ЯЧМЕНЯ В РФ ПО АЛЛЕЛЯМ ГОРДЕИН-КОДИРУЮЩИХ ЛОКУСОВ

Лялина Е.В.¹, Болдырев С.В.¹, Поморцев А.А.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Владимировна Лялина, lialina7@yandex.ru

Ячмень – важнейшая зерновая культура, широко используемая в народном хозяйстве. На протяжении XX века у сортов ярового ячменя, возделывавшихся на территории РФ, наблюдалось постепенное снижение внутрисортовой гетерогенности и сужение генетического разнообразия в процессе селекции. К настоящему времени сортимент культуры существенно изменился, что потребовало проведение очередного этапа мониторинга. Методом электрофореза в крахмальном геле изучен полиморфизм гордеинов, контролируемых локусами *Hrd A*, *Hrd B* и *Hrd F*, у 211 сортов ярового ячменя. Проведен сравнительный анализ аллельного разнообразия и частот встречаемости аллелей гордеин-кодирующих локусов у двух выборок сортов ярового ячменя, допущенный к использованию на территории РФ в 1999г. и в 2014г. Показано, что наблюдаемая в настоящее время тенденция снижения доли гетерогенных сортов ярового ячменя происходит, в основном, за счет интродукции гомогенных по гордеин-кодирующим локусам сортов иностранной селекции, число которых за исследуемый период увеличилось более чем в 5 раз. Полиморфизм гордеин-кодирующих локусов у современных сортов ярового ячменя расширился. Число аллелей для локуса *Hrd A* увеличилось на 5, а для локуса *Hrd B* – на 9 аллелей. Наряду с ранее встречавшимися аллелями в популяциях местных и селекционных сортов ячменя, выведенных в XX веке, обнаружены новые – 3 для локуса *Hrd A* и 4 для локуса *Hrd B*. Число аллелей локуса *Hrd F* осталось неизменным – 4, а их частоты изменились несущественно. Для некоторых аллелей локусов *Hrd A* и *Hrd B*, различия в частотах были статистически значимы. Вновь идентифицируемые аллели гордеин-кодирующих локусов встречались с низкими частотами 0,003-0,006, поэтому, несмотря на возросшее число аллелей, достоверного увеличения генетического разнообразия по показателям μ и *PIC* не установлено.

СТАРЕЕТ ЛИ БЫСТРОСТАРЕЮЩИЙ ГРИБ *Podospora anserina*?

Мажейка И.С.¹, Штаер О.В.², Кудрявцева О.А.², Камзолкина О.В.²

1. Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова и Институт общей генетики им. И.Н. Вавилова РАН, Москва
2. Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва

Автор, ответственный за переписку: Игорь Стасисович Мажейка, mycol@yandex.ru

Аскомицет *Podospora anserina* – традиционный генетический объект. Еще в середине прошлого века показали, что у данного гриба выражено репликативное старение. При пассировании культуры *P. anserina* в стандартных чашках Петри, используя для инокуляции краевые зоны колонии, гриб можно выращивать не более 3-4 пассажей, затем передний фронт колонии гибнет. В 70-80-х годах прошлого века установили, что в митохондриях гриба в ходе клеточных делений накапливаются senDNA – кольцевые конкатемеры мобильного интрона mt-гена *COX1*, приводящие к дисфункции митохондрий. Позже показали, что senDNA, скорее, акселераторы старения, репликативное старение *P. anserina* выражено и без их участия.

P. anserina исследована нами с помощью метода иммунного дот-блоттинга. Анализ интенсивности сигналов иммунного мечения карбонильных белковых групп (связанных с DNP-группой) в разных пассажах *P. anserina* показал: а) содержание карбонилированных белков в мицелии *P. anserina* намного ниже, чем у других изученных нами грибов; б) три последовательных пассажа *P. anserina* не различаются между собой по уровню сигналов; в) с увеличением хронологического возраста мицелий *P. anserina* накапливает карбонилированные белки слабее других грибов; г) обработка мицелия *P. anserina* H₂O₂ не влияет на силу иммунного сигнала (у других грибов увеличивает).

Полученные результаты указывают на возможное отсутствие старения мицелия *P. anserina* во время его роста. Биологически мицелий *P. anserina* в целом значительно моложе своих хронологических сверстников среди ряда других грибов, культивируемых в тех же условиях. Полученные данные, предположительно, указывают на перманентно высокую активность системы защитных клеточных механизмов, стимулируемую нарушениями в митохондриоми и способную даже нейтрализовать действие экзогенного H₂O₂. Однако более весомые выводы можно будет делать после анализа нескольких маркеров старения.

Работа поддержана грантами РФФИ №№ 16-04-00814, 14-04-00864 и 16-04-01845.

ПОИСК АССОЦИАЦИЙ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ ГЕНОВ ПОДВЕРЖЕННОСТИ К НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНЫМ И НЕЙРОПСИХИЧЕСКИМ ЗАБОЛЕВАНИЯМ С ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫМИ СПОСОБНОСТЯМИ СТУДЕНТОВ МЕДИЦИНСКОГО ВУЗА

Марусин А.В.¹, Корнетов А.Н.², Сваровская М.Г.¹, Бочарова А.В.¹, Степанов В.А.¹

1. НИИ медицинской генетики, г. Томск, РФ
2. Сибирский государственный медицинский университет, г. Томск, РФ

Автор, ответственный за переписку: Андрей Викторович Марусин,
andrey-marusin@medgenetics.ru

Ещё в 1960-ых и 1970-ых годах прошлого века была показана сильная генетическая предопределённость интеллекта. Верхняя оценка наследуемости наследуемости составляет около 80 %. В настоящее время не полностью идентифицированы гены, ассоциированные с интеллектом, а данные по ряду обнаруженных ассоциаций противоречивы.

Задачей данного исследования являлось – проведение анализа взаимосвязи 29 SNP, ранее показавших ассоциацию с болезнью Альцгеймера, шизофренией или когнитивными способностями по данным широкогеномных исследований (GWAS), с интеллектуальными способностями студентов-медиков.

Обследуемую группу составили 38 мужчин и 110 женщин (n=148) в среднем возрасте 22,8 года (более 97 % русские). Мультиплексное генотипирование 29 SNP проведено методом MALDI-TOF масс-спектрометрии. Для оценки выраженности личностных интеллектуальных способностей использовали тесты Кеттелла (16PF) и Айзенка (IQ). Для анализа ассоциаций применён непараметрический тест Манна-Уитни. При этом гомо- и гетерозиготные носители минорного аллеля были объединены в одну группу и сравнение проведено с группой гомозиготных носителей мажорного аллеля.

Выявлены ассоциации генов *BIN1* (rs12989701, rs7561528; p=0,038 и p=0,043, соответственно), *BRD1* (rs138880; p=0,047) и *TCF4* (rs17594526; p=0,011) с личностным фактором В (интеллектуальность) теста 16PF. По другим шкалам группы интеллектуальных факторов теста 16PF: М (мечтательность), N (дипломатичность) и Q1 (восприимчивость к новому) для этих SNP статистически значимых ассоциаций не выявлено. Также не обнаружено ассоциации ни одного из 29 SNP с параметром IQ.

Ранее были показаны ассоциации SNP гена *BIN1* с болезнью Альцгеймера, генов *BRD1* и *TCF4* с шизофренией.

Таким образом, полученные данные, вероятно, свидетельствуют об общем генетическом паттерне наследуемости когнитивных способностей и подверженности к нейродегенеративным и нейропсихическим болезням.

Исследование поддержано Российским научным фондом (проект № 16-14-00020).

SSR-АНАЛИЗ МИТОХОНДРИАЛЬНОЙ ДНК ОДНОЛЕТНИХ ВИДОВ ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus L.*)

Макаренко М.С.¹, Усатов А.В.¹, Толстая Т.Т.², Гаврилова В.А.³, Ковалевич А.А.¹

1. Южный федеральный университет
2. Кубанская опытная станция ВНИИР
3. Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова

Автор, ответственный за переписку: М.С. Макаренко, mcmakarenko@yandex.ru

Эффективным методом анализа генетического разнообразия организмов является SSR-анализ. Материнский тип наследования и относительный консерватизм однонуклеотидных tandemных повторов митохондриальной ДНК (мтДНК) делают перспективным исследование ее структуры для определения уровня внутри и межвидовой изменчивости растений. Целью работы является исследование полиморфизма SSR-локусов мтДНК у однолетних видов подсолнечника.

Материалом исследования служили 10 линий культурного подсолнечника и образцы дикорастущих однолетних видов, различных номеров интродукции – *H. annuus* (386813, 440630, 440688, 441071, 441164, 545506, 545512, 545574), *H. petiolaris* (503232), *H. praecox* (545647, 560400, 560402), *H. debilis* (560388, 560395), *H. argophyllus* (1000) из коллекции ВИР. Исходя из полной последовательности митохондриального генома культурного подсолнечника, представленной в базе NCBI (NC_023337.1) нами были разработаны 9 SSR маркеров и проведен анализ полиморфизма мтДНК. Каждый исследуемый образец интродукции был представлен не менее 6-ю растениями.

Всего по 9 микросателлитным локусам мтДНК у исследованных образцов подсолнечника было выявлено 26 аллелей. Один из SSR-локусов оказался мономорфным, а остальные 8 имели от 2 до 6 аллелей. У пяти однолетних видов дикорастущего подсолнечника, представленного 15 образцами ВИР мы идентифицировали 10 митотипов. В том числе у 8 образцов *H. annuus* - 4 митотипа, а у остальных видов каждый образец, кроме *H. praecox* (№560402) и *H. debilis* (№560395) имел уникальный митотип. Для дискриминации этих двух образцов чувствительность маркерной системы оказалась недостаточной. Также все растения одного номера интродукции характеризовались единым митотипом, что может свидетельствовать о генетической однородности коллекционных образцов ВИР. 10 культурных линий были представлены одним уникальным митотипом, который не был обнаружен среди всех исследованных образцов дикорастущего подсолнечника.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки РФ, проект № 40.91.2014/К

АССОЦИАЦИЯ ПОЛИМОРФИЗМА G634C ГЕНА *VEGFA* С НАРУШЕНИЕМ ТЕЧЕНИЯ БЕРЕМЕННОСТИ В ПЕРВОМ ТРИМЕСТРЕ

Мараховская Т.А.¹, Машкина Е.В.¹

1. Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского Южного федерального университета

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Алексеевна Мараховская, tmarakhovskaya@mail.ru

Одной из генетических причин нарушения ранних этапов эмбрионального развития человека может быть изменение функционирования генов, контролирующих важнейшие этапы раннего эмбриогенеза – имплантацию, ангиогенез, плацентацию. Особенности экспрессии генов могут быть обусловлены SNP. Эндотелиальный фактор роста сосудов (*VEGFA*) является одним из главных регуляторов ангиогенеза как при нормальном процессе роста и репарации, так и при патологических состояниях, таких как злокачественные новообразования. У эмбрионов мышей, утративших хотя бы одну аллель гена, наблюдалась гибель. Нарушение экспрессии *VEGFA* влияет на особенности функционирования связанных с ним генов, таких как *PIGF*, рецепторы *KDR*, *MMP9*, что может быть причиной ранней потери беременности.

Целью данной работы явился анализ ассоциации полиморфного варианта *G634C* (rs2010963) гена *VEGFA* с невынашиванием беременности первого триместра. Для молекулярно-генетического исследования использовали образцы ДНК, выделенной из лейкоцитов периферической крови 187 женщин с невынашиванием беременности в первом триместре. В контрольную группу вошли 145 женщин с физиологически протекающей беременностью, у которых в анамнезе отсутствовали спонтанный аборт и/или неразвивающаяся беременность.

Нами была установлена ассоциация наличия полиморфизма *G634C* гена *VEGFA* в генотипе женщин с ранними эмбриональными потерями в первом триместре ($p=0.03$). Доля гомозигот по аллели *634C* составила 4.8% и 9.1% в контроле и группе сравнения соответственно. Гетерозиготы по полиморфизму *G634C* гена *VEGFA* характеризуются пониженным риском невынашивания беременности (OR 0.58; 95%; CI 0.37-0.90).

Полиморфизм *G634C* гена *VEGFA* локализован в 5'-нетранслируемой области. Аллель *634C* ведет к повышению концентрации *VEGF* в плазме крови. Дисбаланс факторов роста может приводить к нарушению формирования полноценной сосудистой системы и развитию патологии, в частности потери беременности.

Работа выполнена при финансовой поддержке Министерства образования и науки Российской Федерации (проект 6.98.2014/К).

ДНК-МАРКЕРЫ УСТОЙЧИВОСТИ ПОДСОЛНЕЧНИКА К ЗАРАЗИХЕ (*Orobanche cumanica* Wallr.)

Маркин Н.В.¹, Усатов А.В.², Макаренко М.С.², Усатенко Т.В.³, Горбаченко О.Ф.⁴, Азарин К.В.²

1. Южный федеральный университет, г. Ростов-на-Дону, 344090
2. Южный федеральный университет
3. Донская опытная станция им. Л.А. Жданова Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур, п. Опорный Ростовской области, 346754
4. Донская опытная станция им. Л.А. Жданова Всероссийского научно-исследовательского института масличных культур

Автор, ответственный за переписку: Николай Викторович Маркин, nmarkin@mail.ru

Внедрение молекулярно-генетических маркеров в практику биологических исследований расширило возможности маркирования селекционных признаков растений. В работе исследовали информативность ДНК-маркеров устойчивости подсолнечника к заразихе *O. cumanica*. С этой целью на инфекционном фоне в оранжерее из генетической коллекции ДОС ВНИИ масличных культур были выделены образцы, контрастно различающиеся по устойчивости/чувствительности к наиболее вирулентным в Ростовской области расам заразихи. В оценке информативности ДНК-маркеров использовали 18 RAPD, 11 SSR и 9 SCAR маркеров, ассоциированных, по данным литературы, с устойчивостью подсолнечника к *O. cumanica*.

Среди 18 RAPD маркеров наиболее информативными оказались - OPA17_1800 и UBC685_1500, с помощью которых были определены 86 % чувствительных образцов. Однако, среди исследованных RAPD-спектров мы не обнаружили строго уникальных продуктов амплификации у устойчивых/чувствительных к заразихе растений. 11 SSR-маркеров взятые в анализ также не позволили идентифицировать генотипы подсолнечника с *Or* генами (гены устойчивости к заразихе). Среди изученных 9 SCAR-маркеров отсутствие амплификации двух- RTS 40 и RTS 40_1 позволили выделить группу устойчивых образцов. Прямое секвенирование этих двух ампликонов - RTS 40 и RTS 40_1 и их выравнивание с помощью программы Blast в GenBank NCBI выявило гомологию с последовательностью семейства генов NBS-LRR, контролирующей устойчивость подсолнечника к комплексу патогенов. Далее, мы синтезировали 11 пар новых праймеров маркеров генов NBS-LRR и межгенных регионов локуса № HQ222362.1 (GenBank NCBI). Среди них только два маркера Zar1 и Zar2 оказались информативными для идентификации генотипов устойчивых к заразихе, которые целесообразно использовать в дальнейшей селекции подсолнечника.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки РФ, проект № 40.91.2014/К.

МЕТИЛИРОВАНИЕ CpG-САЙТОВ ГЕНОВ МИКРО-РНК В ТКАНЯХ СТЕНКИ СОСУДОВ И ЛЕЙКОЦИТАХ КРОВИ ЧЕЛОВЕКА

Марков А.В.¹, Кучер А.Н.¹, Назаренко М.С.¹, Королева Ю.А.¹, Пузырев В.П.¹

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ

Автор, ответственный за переписку: Антон Владимирович Марков,
anton.markov@medgenetics.ru

Метилирование CpG-сайтов является одним из механизмов регулирования экспрессии генов и может быть специфично в различных тканях и при разных функциональных состояниях организма.

Изучен уровень метилирования 71 CpG-сайта 22 генов и 1 кластера микро-РНК с использованием микрочипов “Infinium Human Methylation27 BeadChip” в образцах атеросклеротических бляшек правых коронарных артерий (АБКА), морфологически неизменных внутренних грудных артерий (ВГА), больших подкожных вен (БПВ) нижних конечностей и лейкоцитов крови (ЛК) у больных атеросклерозом мужчин. Среди изученных сайтов 47 оказались низковариабельны по уровню метилирования (различия величины β между всеми образцами $<0,10$), в том числе 9 – гиперметилированы, 37 – гипометилированы, для 1 сайта показан средний уровень метилирования. Высокий уровень вариабельности в значительной степени был обусловлен межтканевыми различиями статуса метилирования: один кластер образуют ВГА и БПВ, другой – ЛК, АБКА занимают промежуточное положение между ними. Межиндивидуальные различия уровня метилирования свыше 25% зарегистрированы в ЛК для *MIR10A* (cg21546671), *MIR564* (cg26889990), в БПВ – для *MIR564* (cg23844090), в ВГА – для *MIR26B* (cg01264826) и *MIR675* (cg15317267), в АБКА – для *MIR10A* (cg21460081), *MIR564* (cg23844090), *MIR611* (cg15963971) и *MIR639* (cg00061059). Для 8 CpG-сайтов статус метилирования в АБКА отличался от такового в ВГА и был ближе к уровню метилирования в ЛК. Низкие межтканевые различия по статусу метилирования у индивидов показаны для *MIR10A* (cg14458834), *MIR10B* (cg00767581), *MIR26B* (cg01264826), *MIR611* (cg15963971), *MIR638* (cg08207256), что предполагает возможный системный сдвиг в статусе метилирования вне зависимости от тканей.

В ряде случаев уровень метилирования CpG-сайтов различался между индивидами в зависимости от наличия болезней и/или приема препаратов, но такие зависимости были неравнозначны для разных тканей.

Исследование поддержано грантом РФФИ (№ 16-15-10150).

ОТБОР ИНГИБИТОРОВ МИКОБАКТЕРИАЛЬНЫХ СЕРИН-ТРЕОНИНОВЫХ ПРОТЕИНКИНАЗ КЛАССОВ АМИНОПИРИМИДИНОВ И АМИНОПИРИДИНОВ – ПЕРСПЕКТИВНЫХ ПРОТИВОТУБЕРКУЛЕЗНЫХ ПРЕПАРАТОВ НОВОГО МЕХАНИЗМА ДЕЙСТВИЯ

Маслов Д.А.¹, Беккер О.Б.¹, Кравченко М.А.², Алексеева М.Г.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Институт Общей Генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва
2. Уральский научно-исследовательский институт фтизиопульмонологии, Министерство Здравоохранения Российской Федерации, Екатеринбург

Автор, ответственный за переписку: Дмитрий Антонович Маслов, maslov_da@vigg.ru

На сегодняшний день, основным осложнением противотуберкулезной химиотерапии является наличие у штамма возбудителя множественной или широкой лекарственной устойчивости, возникающей на фоне долгого применения одного и того же набора лекарственных препаратов. В связи с этим остро стоит проблема разработки новых противотуберкулезных препаратов из числа новых классов химических соединений, поражающих новые биомишени.

Аминопиримидины и аминокипридины являются новым классом химических соединений с предсказанным воздействием на серин-треониновые протеинкиназы (СТПК) – привлекательные биомишени, отвечающие за рост и деление, природную лекарственную устойчивость, взаимодействие с организмом-хозяином и вирулентность микобактерий.

В ранее сконструированной и валидированной нами тест-системе *M. smegmatis aphVIII+*, позволяющей проводить на клеточном уровне отбор ингибиторов микобактериальных СТПК, в том числе жизненно важной протеинкиназы PknA, проведен скрининг 192 соединений классов аминокипридинов и аминокипримидинов. Для 53 веществ удалось подобрать субингибирующие концентрации до 100 нмоль/диск, из которых для 11 веществ – до 10 нмоль/диск. 22 вещества проявили активность в тест-системе, как ингибиторы СТПК. Все эти 22 соединения также показали ингибирующую активность *in vitro* по отношению к белку PknA *M. tuberculosis*. Наивысшая показанная активность составила 26,9±6,1% ингибирования при молярном соотношении 154:1 (ингибитор:белок).

Отобранные соединения тестировали на токсичность, которая является важным фактором в противотуберкулезной терапии, *in vivo* по отношению к клеткам ФЭЧ-4. В результате МТТ-теста вещества разделились по степени токсичности на сильнотоксичные <10 мкг/мл (7 веществ), среднетоксичные от 10 до 50 мкг/мл (8 веществ), нетоксичные >50 мкг/мл (1 вещество). Три самых слаботоксичных соединения показали МИК в отношении лабораторного штамма *M. tuberculosis* H37Rv на уровне 12,5 мкг/мл.

Отобранные в результате исследования 3 соединения являются перспективными для разработки как противотуберкулезные препараты с новым механизмом действия.

ИССЛЕДОВАНИЕ РАЗЛИЧНЫХ УРОВНЕЙ РЕГУЛЯЦИИ ТЕРМИНАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ У ДРОЖЖЕЙ *S. cerevisiae*

Матвеевко А.Г.¹, Барбитов Ю.А.², Дроздова П.Б.², Белоусов М.В.², Москаленко С.Е.³, Бондарев С.А.², Журавлева Г.А.²

1. СПбФИОГен РАН; каф. генетики и биотехнологии СПбГУ
2. каф. генетики и биотехнологии СПбГУ
3. СПбФИОГен РАН

Автор, ответственный за переписку: Андрей Георгиевич Матвеевко, studentmag01@gmail.com

Терминация трансляции обеспечивается у эукариот главным образом двумя белковыми факторами eRF1 и eRF3, которые у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* кодируются генами *SUP45* и *SUP35* соответственно. Отличительным свойством белка Sup35 является способность формировать прион $[PSI^+]$, что приводит к уменьшению функциональной формы фактора терминации и, соответственно, снижению его активности. Следует отметить, что терминация является наименее изученной стадией трансляции, и, возможно, многие аспекты этого процесса до сих пор остаются неизвестными.

Проведённый нами скрининг геномной библиотеки, направленный на поиск генов, влияющих на эффективность терминации трансляции, позволил выявить факторы, действующие на уровне транскрипции, трансляции и через посттрансляционную регуляцию. Мы установили, что транскрипционные регуляторы *GLN3*, *MCM1*, *MOT3* и *SFP1* могут прямо или опосредованно влиять на уровень мРНК *SUP35* в клетке, что в случае *SFP1* может приводить к $[PSI^+]$ зависимой токсичности. Белок Sfp1 способен агрегировать, и, таким образом, может влиять на $[PSI^+]$ и на посттрансляционном уровне. Скрининг также выявил ген *TEF2*, кодирующий дрожжевой фактор элонгации трансляции eEF1A. *TEF2* оказался универсальным мультикопийным аллосупрессором, так как его сверхэкспрессия усиливала нонсенс-супрессию как на фоне мутаций *sup45*, так и в присутствии приона $[PSI^+]$. Особые свойства были обнаружены у выявленного при скрининге фактора сортировки шаперонов Cur1. Мы обнаружили, что его избыток в клетке приводит к усилению приона $[PSI^+]$, несмотря на то, что независимые исследования указывают на его антиприонные свойства. Мы продемонстрировали, что влияние Cur1 на прионы, по-видимому, опосредовано его взаимодействием с шапероном Sis1 (Hsp40).

Таким образом, регуляция терминации трансляции происходит на различных уровнях экспрессии генетической информации.

Работа выполнена при поддержке РЦРМиКТ и грантов СПбГУ (1.50.1041.2014, 1.37.291.2015, 1.42.1376.2015, 15.61.2218.2013, 1.50.2543.2013) и РФФИ (16-04-00202, 16-34-60153).

ЭФФЕКТИВНОСТЬ ЭЛОНГАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ У ОДНОКЛЕТОЧНЫХ ОРГАНИЗМОВ

Матушкин Ю.Г.¹, Соколов В.С.¹

1. Институт цитологии и генетики СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Юрий Георгиевич Матушкин, mat@bionet.nsc.ru

С помощью разработанной программы EloE проведена классификация 2771 генома различных одноклеточных организмов (бактерии, археи, эукариоты) по пяти типам эволюционной оптимизации процесса элонгации трансляции. Показано различие между бактериями и археями по предпочтительному типу оптимизации: у большинства проанализированных бактерий (45,35% от 2582) основную роль в определении эффективности элонгации трансляции играет только кодонный состав генов; у большинства архей (58,79% от 165) – кодонный состав генов и количество локальных инвертированных повторов в мРНК.

Выявлено наличие достоверной отрицательной корреляции между GC-составом генома и степенью эволюционной оптимизации первичной структуры генов архей для повышения эффективности элонгации трансляции.

Также выявлено наличие достоверной отрицательной корреляции между GC-составом генома и степенью эволюционной оптимизации первичной структуры генов *Mycoplasma* для повышения эффективности элонгации трансляции.

Показано, что у семи видов *Mycoplasma* (*C. M. haemolamae*, *M. haemocanis*, *M. wenyonii*, *M. haemofelis*, *M. pneumonia*, *C. M. haemominutum*, *M. suis*), в отличие от 20 других, в процессе эволюции прошла массовая минимизация количества локальных совершенных инвертированных повторов (потенциальных шпилек) в мРНК. Кроме того, анализ профилей стабильности потенциальных вторичных структур в мРНК у *Mycoplasma* показал, что *M. haemofelis* радикально отличается от остальных видов микоплазм наличием более стабильных потенциальных вторичных структур в мРНК в районе стартового кодона трансляции.

Для эффективной экспрессии генов необходимы согласованно оптимизированные процессы транскрипции и трансляции, в частности – инициации транскрипции и элонгации трансляции (гипотеза лимитирующего звена). Показано наличие значимой корреляции между потенциалом формирования нуклеосом и индексом эффективности элонгации (ИЭЭ) трансляции генов *S. cerevisiae* и *S. pombe*. ИЭЭ трансляции генов *S. cerevisiae* значимо коррелирует с экспериментально определенной плотностью нуклеосомной упаковки во фланкирующем 5'-районе ДНК выше старта трансляции мРНК.

ОСОБЕННОСТИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА *Gagr*, ГЕНОМНОГО ГОМОЛОГА ГЕНА *gag* ретровирусов, в линиях *Drosophila melanogaster* С ГЕНЕТИЧЕСКОЙ НЕСТАБИЛЬНОСТЬЮ

Махновский П.А.¹, Балакирева Е.И.¹, Кузьмин И.В.¹

1. Биологический факультет МГУ им. М.В.Ломоносова

Автор, ответственный за переписку: Павел Александрович Махновский,
maxpauel@gmail.com

Ген *Gagr* (*Gag related protein*) представлен в геномах всех секвенированных видов рода *Drosophila* и является результатом давней молекулярной доместикации. Последовательность *Gagr* имеет значительное сходство с *gag* ДКП-ретротранспозона *Transpac* из группы *gypsy*. Функция и особенности регуляции *Gagr* мало изучены.

В данной работе исследованы особенности тканеспецифической и онтогенетической экспрессии гена *Gagr* у *D.melanogaster* и влияние ретротранспозона *gypsy* на эту экспрессию. Для оценки экспрессии использовались методы qPCR и вестерн-блот гибридизация. Использовались линии с нарушенным контролем транспозиции ретротранспозонов (SS и MS), одна из которых (MS) имеет активную копию *gypsy* в геноме, также использовали контрольную линию дикого типа Д-32.

Показано, что вставка активного *gypsy* приводит к увеличению экспрессии *Gagr* как на транскрипционном, так и на трансляционном уровне, причем различия наиболее выражены у ранних куколок. Это сопровождается значительным увеличением экспрессии *vir-1*, что указывает на вирусную активацию сигнального пути Jak-STAT. Кроме того, активация Jak-STAT и увеличение экспрессии *Gagr* наблюдается у самок в каркасе головы и брюшка, а также в задней кишке. Интересно, что у самцов наличие активной копии *gypsy* (на фоне нарушения контроля ретротранспозонов) не влияет ни на активацию Jak-STAT, ни на экспрессию *Gagr* в исследованных органах. Заметим, что активная копия *gypsy* у мух линии MS локализована в гене *f*, что не исключает участие этого гена в контроле экспрессии *Gagr*.

Таким образом, для гена *Gagr* показан специфичный для разных стадий развития и органов ответ на присутствие в геноме активной копии *gypsy*. Обнаружено, что для такого ответа, как правило, характерна вирус-индуцируемая активация сигнального пути Jak-STAT.

Работа поддержана грантами РФФИ 16-34-00729 мол_а и 14-04-01450 А.

ИССЛЕДОВАНИЕ РОЛИ МЕТАЛЛОПРОТЕИНАЗ В ПАТОГЕНЕЗЕ ПСОРИАЗА

Мезенцев А.В.¹, Золотаренко А.Д.², Могулевцева Ю.³, Соболев В.В.¹, Соболева А.Г.¹, Брускин С.А.¹

1. Федеральное Бюджетное Учреждение Науки, Институт Общей Генетики им. Н.И. Вавилова. Москва
2. Федеральное Бюджетное Учреждение Науки, Институт Общей Генетики им. Н.И. Вавилова. Москва,
3. Федеральное Государственное Бюджетное Образовательное Учреждение Высшего Образования, Российский Государственный Аграрный Университет - МСХА им. К.А. Тимирязева, Москва

Автор, ответственный за переписку: Александр Викторович Мезенцев, mesentsev@vigg.ru

Введение: В представленной работе проанализирована роль металлопротеиназ в патогенезе псориаза. Псориаз это одно из наиболее распространенных дерматологических заболеваний, в котором роль движущей силы отводится активации эпидермальных кератиноцитов клетками иммунной системы. Металлопротеиназы – группа ферментов, необходимых, главным образом, для поддержания постоянства состава межклеточного матрикса.

Целью настоящей работы было исследовать вклад металлопротеиназ в патогенез болезни и обобщить экспериментальные данные по распределению и экспрессии металлопротеиназ в визуально неповрежденной и поврежденной псориазом коже больных.

Результаты: При проведении исследования было показано, что при псориазе металлопротеиназы участвуют в структурных перестройках эпидермиса, модифицируя межклеточные контакты и состав межклеточного матрикса. Металлопротеиназы также способствуют росту новых капилляров в дерме и проникновению в эпидермис клеток иммунной системы. Нарушения в экспрессии некоторых металлопротеиназ совпадают по времени с обострением болезни, а их уровень коррелирует со степенью ее тяжести. При этом применение современных методов лечения: фототерапии, лазерного облучения низкой интенсивности, а также терапевтических антител нормализует экспрессию металлопротеиназ в коже больных псориазом людей.

Заключение: Таким образом, проведенный нами анализ свидетельствует о важной роли металлопротеиназ в патогенезе псориаза, а также о принципиальной возможности использовать ингибирование металлопротеиназ для ускорения достижения ремиссии болезни.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ СТАТУС БУККАЛЬНЫХ ЭПИТЕЛИОЦИТОВ ШАХТЕРОВ С ЛЕГОЧНЫМИ ПРОФЕССИОНАЛЬНЫМИ ЗАБОЛЕВАНИЯМИ

Мейер А.В.¹, Толочко Т.А.¹

1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Кемеровский государственный университет»

Автор, ответственный за переписку: Алина Викторовна Мейер, shapo-alina@yandex.ru

Воздействие комплекса производственных факторов на угледобывающих предприятиях способно при длительном и регулярном пребывании в шахте и, особенно, при интенсивной физической нагрузке приводить к окислительному стрессу, результатом которого является развитие заболеваний органов дыхания. Целью исследования стало изучение уровня цитогенетических повреждений буккальных эпителиоцитов шахтеров Кемеровской области с наличием и отсутствием в анамнезе профессиональных легочных патологий.

Образцы биоматериала получены от 49 шахтёров (средний возраст $51,08 \pm 0,51$ лет), имеющих в анамнезе легочные профессиональные заболевания (ЛПЗ), и от 55 шахтеров (средний возраст $50,96 \pm 0,37$ лет) без ЛПЗ. Учитывали 4 типа повреждений: микроядро, протрузии типа «пузырек», «разбитое яйцо», «язык».

Для группы с ЛПЗ установлено превышение частоты встречаемости клеток с микроядрами ($1,69 \pm 0,18\%$) и протрузиями «пузырек» ($2,43 \pm 0,29\%$) относительно группы сравнения ($0,73 \pm 0,13\%$ ($P=0,0000$); $1,20 \pm 0,20\%$ ($P=0,0012$) соответственно).

Средний стаж работы в угольной отрасли для группы с ЛПЗ составил $22,63 \pm 0,48$ лет (14-30 лет); в группе сравнения - $22,33 \pm 0,41$ лет (16-30 лет) соответственно. Корреляционный анализ зависимости уровня цитогенетических повреждений от стажа работы не выявил значимых отличий в обследованных группах.

Дифференцированный анализ показателей в зависимости от формы легочной патологии выявил превышение частоты встречаемости клеток с протрузией «пузырек» в группе с пневмокониозом ($N=17$) относительно группы с хроническим пылевым бронхитом ($N=32$), средние значения показателя - $3,3 \pm 0,72\%$ и $1,37 \pm 0,49\%$ соответственно ($P < 0,05$). Влияния стадии заболевания (ремиссия, не полная ремиссия) не установлено.

Таким образом, цитогенетический статус буккальных эпителиоцитов шахтеров с ЛПЗ характеризуется повышенным уровнем микроядер и протрузий типа «пузырек» относительно внутрипроизводственного контроля; наибольший вклад в развитие кариологических нарушений (протрузии типа «пузырек») определяется наличием в анамнезе пневмокониозов.

Работа выполнена при финансовой поддержке грантов РФФИ № 16-44-420087 p_a, РФФИ № 16-15-00034 и Государственного задания Минобрнауки РФ №2014/64.

СПЕЦИФИЧНЫЕ К АТ-ПАРАМ ОСНОВАНИЙ ДНК ЛИГАНДЫ, ДИМЕРНЫЕ БИСБЕНЗИМИДАЗОЛЫ, КАК МОДУЛЯТОРЫ ЭКСПРЕССИИ H-NS-ЗАВИСИМЫХ ГЕНОВ И QUORUM SENSING РЕГУЛИРУЕМЫХ ОПЕРОНОВ У БАКТЕРИЙ

Мелькина О.Е.¹, Жузе А.Л.², Завильгельский Г.Б.¹

1. ФГУП "ГосНИИгенетика"
2. Институт молекулярной биологии и. В.А. Энгельгардта РАН

Автор, ответственный за переписку: Ольга Евгеньевна Мелькина, compleanno@mail.ru

Высокоспецифичные лиганды, - низкомолекулярные соединения, образующие комплексы с АТ- парами нуклеотидов в биспиральной ДНК, могут быть использованы для изучения регуляции транскрипции генов. Наиболее перспективными в этом плане являются низкомолекулярные соединения, взаимодействующие нековалентно с азотистыми основаниями ДНК по узкой бороздке. Они не повреждают ДНК, не вызывают значительного искажения ее пространственной структуры и свободны от побочного мутагенного эффекта.

В настоящей работе используется серия симметричных димерных бисбензимидазолов DBP(n), у которых бисбензимидазольные фрагменты связаны олигометиленовым линкером, с остатком 1,4-пиперазина в его центре. Молекулы DBP(n) различаются числом метиленовых групп n (n = 1, 2, 3, 4), содержащихся в линкере. Длина линкеров: DBP(1) – 14,5 А, DBP(2) - 17,6 А, DBP(3) – 20,6 А, DBP(4) – 23,6 А. DBP(n) формирует водородные связи между донорами N1 – атомами бензимидазолов и акцепторами в нуклеотидах – А (атом N3) и Т (атом O2).

На модели lux-биосенсоров, клеток *Escherichia coli*, содержащих гибридные плазмиды с встроенными различными бактериальными промоторами и регуляторными участками, транскрипционно слитыми с кассетой *luxCDABE Photorhabdus luminescens* (гены-репортеры), показано: 1) лиганды DBP(n) *in vivo* значительно снижают репрессорную активность гистон-подобного белка H-NS (H-NS образует комплексы с ДНК в основном с АТ-богатými участками), и 2) практически полностью ингибируют активность белка-регулятора LuxR системы Quorum Sensing. Обнаружена высокая специфичность в действии лиганлов DBP(n): активность проявляет лишь лиганд с двумя метильными группами в линкере – DBP(2). Полученные результаты позволяют определить расположение ключевых нуклеотидов в сайтах, ответственных за связь с белком-репрессором или активатором. Предполагается использовать специфические лиганды типа DBP для селективного влияния *in vivo* на транскрипцию различных групп генов в бактериальном геноме.

ФЕРТИЛЬНОСТЬ, САМОПЛОДНОСТЬ И ЖИЗНЕСПОСОБНОСТЬ ПЫЛЬЦЫ ГИБРИДНЫХ ФОРМ ПЕРСИКА СЕЛЕКЦИИ НИКИТСКОГО БОТАНИЧЕСКОГО САДА

Месяц Наталья Васильевна¹, Смыков Анатолий Владимирович¹, Федорова Ольга Степановна¹

1. ФГБУН «Никитский ботанический сад – Национальный научный центр РАН», Российская Федерация, г. Ялта, п.г.т. Никита, Никитский спуск, 52

Автор, ответственный за переписку: Наталья Васильевна Месяц, vlasova_natali.zxcv@mail.ru

Для селекционной работы большое значение имеет качество пыльцы. Принято различать термины жизнеспособность, самоплодность и фертильность пыльцы. Необходимость проверки качественных показателей пыльцы возникает чаще всего в селекционной работе при получении исходного материала из гибридных семян.

Коллективом отдела плодовых культур Никитского ботанического сада (НБС) в 2012-2015 г.г. проведено изучение фертильности (Рябов И.Н., 1975), самоплодности (Костина К.Ф., Доманская Э.Н., 1956) и жизнеспособности пыльцы (Голубинский И.Н., 1974) 25 гибридных форм персика селекции НБС.

В результате исследования отмечено, что пыльцевые зерна гибридных форм персика треугольной (три поры) или овальной формы (две поры). Диаметр пыльцевых зерен у форм варьировал от 37,3 до 42,6 мкм. Жизнеспособность пыльцевых зерен гибридных форм составила 22,4- 70,5 %. Максимальные значения были у форм В х ФМ 80-686 (70,5 %), ЗМ х ПР 84-3071 (69,8 %), М х Н 83-954 (68,5 %), Ц х К III 1/3 (65,3 %), Ц х К III 2/5 (64,6 %). Показатели фертильности колебались от 13,5 до 52,3 %. Высокими значениями отметили формы Т х (I_{1 26-76}) 85-197 (52,3 %), ПК св.оп. х Т 85-104 (51,8 %), Р х С 80-635 (48,2 %). Процент образования плодов от самоопыления гибридных форм персика достигал 82,7 %. Максимальные показатели были у форм Ц х К III 1/3 (82,7 %), М х Н 83-936 (66,9 %), Р св.оп. 59-14 (69,7 %), М х Н 83-954 (62,3 %).

Полученные результаты представляют интерес для дальнейшей селекционной работы плодового отдела.

Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда № 14-50-00079.

ГЕН - ГЕННЫЕ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПРИ ФОРМИРОВАНИИ ХРОМОСОМНЫХ АБЕРРАЦИЙ У БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО

Минина В.И.¹, Баканова М.Л.², Соболева О.А.², Рыжкова А.В.², Савченко Я. А.², Титов Р.А.², Воронина Е.Н.³

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр угля и углехимии Сибирского отделения Российской академии наук», 650043, Кемерово, Россия; 2 ФГБОУ ВПО «Кемеровский государственный университет», 650043, Кемерово, Россия
2. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр угля и углехимии Сибирского отделения Российской академии наук», 650043, Кемерово, Россия
3. Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Варвара Ивановна Минина, vminina@mail.ru

Генетические механизмы формирования рака легкого (РЛ) в последние годы стали объектом широкомасштабных исследований во всем мире. Установлено, что в условиях высокой канцерогенной нагрузки индивидуальный риск в значительной мере связан с унаследованными вариантами локусов, кодирующих ферменты различных систем защиты генома. Цель исследования: охарактеризовать взаимодействия генов различных защитных систем при формировании хромосомных aberrаций у больных РЛ Кемеровской области.

Были обследованы 215 мужчин русской национальности, поступивших на лечение (первично) в Кемеровский областной клинический онкологический диспансер с диагнозом плоскоклеточный РЛ и 263 здоровых русских мужчины. Материалом для анализа послужила цельная периферическая кровь, забиравшаяся до начала диагностических или лечебных процедур.

Полиморфные варианты генов: XRCC2 (*rs3218536*), XRCC3 (*rs861539*), GPx (*rs1050450*), SOD2 (*rs4880*), MTHFR (*rs1801133*), MTR (*rs1825087*), GSTP1 (*rs1695*, *rs1138272*), GSTM1 del, GSTT1 del, TP53 (*rs1042522*), CYP1A1 (*rs1048943*), CYP1A2 (*rs762551*), XRCC1 (*rs25489*, *rs25487*, *rs1799782*), APEX1 (*rs1130409*), hOGG1 (*rs1052133*), ADPRT (*rs1136410*), XPG (*rs17655*), XPD (*rs13181*), XPC (*rs2228001*), ATM (*rs1801516*), NBS1 (*rs1805794*), CYP1A1 (*rs1048943*) типировали методом real-time ПЦР с использованием технологии конкурирующих TaqMan-зондов. Для получения препаратов хромосом осуществляли культивирование лимфоцитов крови по стандартному полумикрометоду. Для исследования межгенных взаимодействий использовали метод MDR (Multifactor Dimensionality Reduction).

Установлено, что повышенный уровень хромосомных нарушений у больных раком легкого связан с полиморфными локусами GSTM1 del, APEX1 (*rs1130409*) и XPD (*rs13181*). Выявлены наиболее информативные модели межгенных взаимодействий, детерминирующих формирование хромосомных aberrаций у мужчин больных РЛ: GPx1 *rs105045*, CAT *rs1001179*, TP53 *rs1042522*; APE1 *rs1130409*, XPD *rs13181*, hOGG1 *rs1052133*, а у здоровых взрослых мужчин: ATM(*5557G>A*), XPG(*3310G>C*), GSTP1(*313A>G*).

АДАПТАЦИОННЫЙ ПОТЕНЦИАЛ ВОЗБУДИТЕЛЯ СЕТЧАТОЙ ПЯТНИСТОСТИ ЯЧМЕНЯ ГРИБА

Pyrenophora teres

Мироненко Н.В.¹, Коваленко Н.М.¹, Баранова О.А.¹, Михайлова Л.А.¹, Афанасенко О.С.¹

1. ФГБНУ Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений

Автор, ответственный за переписку: Нина Васильевна Мироненко, nina2601mir@mail.ru

Механизмы генетической изменчивости фитопатогенных грибов позволяют им преодолевать устойчивость основного растения-хозяина и занимать новые экологические ниши, в частности, новые виды растений-хозяев. В результате смены хозяина может образоваться новый вид патогена, адаптированный к новому растению-хозяину, что является частным случаем, так называемого экологического видообразования (Giraud et al., 2010). Адаптационный потенциал фитопатогенных грибов для освоения новых видов растений-хозяев, зависит от генетического пула признаков, скрытого в популяции патогена, позволяющих ему адаптироваться и преодолевать как «хозяйскую», так и «нехозяйскую» устойчивость. Фитопатогенный аскомицетный гетероталлический гриб *Pyrenophora teres* f. *teres* характеризуется высокой пластичностью генома (Ellwood et al., 2010). Мы оценили адаптационный потенциал *P. teres* f. *teres* путем сравнения популяций по вирулентности и SSR маркерам, обитающих на разных сортах ячменя и других видах растений. *P. teres* f. *teres* был впервые обнаружен нами на несвойственных для него хозяевах – пшенице и тритикале. Охарактеризована генетическая дифференциация популяций гриба, выделенных из пораженных пятнистостями листьев ячменя, пшеницы и тритикале. С помощью программы AMOVA обнаружены различия между популяциями по частотам отдельных аллелей. Коэффициенты генетической дифференциации (F_{st}) между тремя популяциями были значительны (0.22-0.39), что свидетельствует о наличии существенных генетических различий между ними. Среднее генное разнообразие было самым высоким в «ячменной» популяции -0.60, в «пшеничной» - 0.52 и в популяции из листьев тритикале – 0.41. Очевидно, что мы наблюдаем и можем изучать начало процессов генетической и физиологической специализации гриба *P. teres* в качестве нового патогена пшеницы и тритикале.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 14-04-00399а.

МИКРОРНК И ГЕНЫ, КОНТРОЛИРУЮЩИЕ КЛЕТОЧНЫЙ ГОМЕОСТАЗ, КАК БИОМАРКЕРЫ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ И РАДИОРЕЗИСТЕНТНОСТИ КЛЕТОК ЧЕЛОВЕКА ПРИ ВОЗДЕЙСТВИИ ОБЛУЧЕНИЯ И АНТИМУТАГЕНОВ

Михайлов В.Ф.¹, Шуленина Л.В.¹, Васильева И.М.², Абилев С.К.², Засухина Г.Д.²

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение «Государственный научный центр Российской Федерации – Федеральный медицинский биофизический центр имени А.И.Бурназяна» ФМБА России
2. Федеральное Государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им.Н.И.Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Владимир Федорович Михайлов, vfmi@mail.ru

Преобладающая часть генома транскрибирует не кодирующие белки РНК, представителями которых являются микроРНК. МикроРНК модулируют экспрессию генов и тесно связаны с развитием заболеваний, включая раковые новообразования. Экзосомы с микроРНК, выделяемые из клеток, циркулируют в крови и могут давать информацию о патологических процессах. Нами были исследованы микроРНК и экспрессия генов в крови человека, в радиорезистентных клеточных линиях (RD и Jurkat) и как установлено Г.Д.Засухиной и др.[2006-2011], D.Nizetic et.al.[2012] в радиочувствительных и дефектных по репарации индуцированных повреждений ДНК клетках крови пациентов с синдромом Дауна. При облучении радиорезистентных и радиочувствительных клеток были определены изменения экспрессии ряда микроРНК (миР-21, миР-34 и др.) и генов, контролирующих клеточный гомеостаз, выявлены различия по этим показателям. Предобработка клеток природными (компоненты растений) или синтетическими (краун-соединения, синтезированные в Центре фотохимии РАН) соединениями увеличивала устойчивость клеток к воздействию радиации и сопровождалась изменением уровней экспрессии как микроРНК, так и исследуемых генов [В.Ф.Михайлов, Г.Д.Засухина и др.,2015]. Тиокинон, выделенный из тмина черного (*Nigella sativa*), защищает клетки от действия ионизирующей радиации [Cemek et.al. 2006; Assayed, 2010], обладает антиканцерогенным действием, активирует процессы апоптоза и ингибирует пролиферацию раковых клеток. Нами установлено, что при обработке уже облученных (10Гр) клеток Jurkat тиокинон изменяет экспрессию генов и в 3 раза увеличивает клеточную выживаемость. Пептид тионин Ns-W2, выделенный из *Nigella sativa*, обладал высоким цитотоксическим действием к RD и Jurkat клеткам, по сравнению с нормальными клетками, снижал экспрессию микроРНК и генов, участвующих в процессе онкотрансформации.

Полученные результаты демонстрируют, что экспрессия микроРНК и генов может использоваться для оценки эффективности систем антимутагенеза-антиканцерогенеза в клетках человека при воздействии мутагенов.

ДНК-БАРКОДИНГ ПОПУЛЯЦИЙ ДИПЛОСТОМ (*Trematoda: Diplostomidae*) БЕЛАРУСИ

Хрисанфова Г.Г.¹, Акимова Л.Н.², Можаровская Л.В.¹, Жукова Т.В.³, Бычкова Е.И.², Семенова С.К.¹

1. Институт биологии гена РАН, Москва, Россия
2. ГНПО «Научно-практический центр Национальной академии наук Беларуси по биоресурсам», Минск, Беларусь
3. Учебно-научный центр "Нарочанская биологическая станция" имени Г.Г. Винберга, Минская область, Беларусь

Автор, ответственный за переписку: Людмила Валентиновна Можаровская, milamozh@yandex.ru

ДНК-баркодинг – метод идентификации организмов, в основе которого лежит использование универсального генетического маркера: участка митохондриального гена *cox1*. Жизненный цикл трематод рода *Diplostomum* сложный, со сменой трех хозяев с высоким уровнем фенотипической изменчивости паразита, что обуславливает эффективность использования ДНК-баркодинга для определения видов и линий. Применение данного метода сравнительно недавно позволило идентифицировать 19 видов и линий в Северной Америке, 5 в Азии, 11 в Центральной и Северной Европе.

Цель настоящей работы состоит в определении видового разнообразия диплостом на территории Беларуси с использованием ДНК-баркодинга. Материал был собран в четырех водоёмах Республики Беларусь (оз.Нарочь и Б.Швакшты, водохранилище Дрозды (Минск), р.Припять). ДНК выделяли из церкарий, паразитирующих в пресноводных моллюсках родов *Lymnaea* и *Radix* (n=13); 22 метацеркарий, инфицирующих 8 видов карповых рыб (сем. Cyprinidae) и трехиглую колюшку (сем. Gasterosteidae); 13 марит, обнаруженных в кишечнике утиных птиц

(*A.platyrynchos*) и чаек (*L.canus*, *L.ridibundus*). Для сравнения использовали известные гаплотипы диплостом, принадлежащие 3 валидным и 21 неидентифицированным видам и линиям, а также 4 криптическим видовым комплексам диплостом обитающих на территории Голарктики.

На основании филогенетических реконструкций показано, что исследуемые изоляты принадлежат видам: *D.pseudospathaceum*, *D.spathaceum* (церкарии, метацеркарии и мариты), видовым комплексам ‘*D. mergi*’ (метацеркарии и церкария известной линии *mergi2*) и ‘*D. baeri*’ (церкарии и мариты исландской LIN4), а также двум исландским линиям (видам) LIN2 и LIN6 (метацеркарии). Для всех идентифицированных видов и линий получены новые данные о промежуточных, дополнительных и дефинитивных хозяевах. Обсуждаются особенности распространения диплостом и их связь с миграцией водно-болотных птиц, а также возникновение гостальной специфичности на стадии моллюска и рыбы.

Работа финансирована грантом РФФИ №14-14-00832.

ПОИСК МОЛЕКУЛЯРНЫХ ПАРТНЕРОВ, ВЗАИМОДЕЙСТВУЮЩИХ С РАСТИТЕЛЬНЫМИ ИММУНОФИЛИНАМИ В КЛЕТКАХ РАСТЕНИЙ, ПРИ БАКТЕРИАЛЬНОМ ЗАРАЖЕНИИ

Абдеева И.А.¹, Погорелко Г.В.¹, Мокрякова М.В.¹, Брускин С.А.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: М.В. Мокрякова, insaz@yandex.ru

Для выявления и определения непосредственных молекулярных партнеров, с которыми взаимодействуют исследуемые нами растительные иммунофилины (ROC3, CYP57 и FKBP65) в клетках растений, мы использовали дрожжевой двугибридный анализ (Y2H). С этой целью были созданы вектора для дрожжевой двугибридной системы: в качестве «bait»-векторов были использованы плазмиды, несущие кДНК исследуемых пептидил-пролил цис/транс изомераз, а в качестве «prey»- вектора использовали плазмиду pGADT7 с клонированной в нее библиотекой кДНК *A.thaliana*. Для обогащения библиотеки транскриптами генов, участвующих в защитных реакциях организма, была использована матрица РНК, выделенная из растительных клеток подвергнутых биотическому стрессу (обработка растений флагеллином и заражение растений фитопатогеном *P.syringae*).

Основываясь на полученных в ходе Y2H скрининга данных, были отобраны четыре белка-партнера исследуемых PPIase. Это белки, кодируемые генами AT1G70790 (AT1), AT2G30020 (AT2), AT5G65620 (TOP1) и AT4G00895 (AT4). AT1 и AT2 – белки-партнеры для FKBP65. Из литературных данных известно, что AT2- фосфатаза работает как MAPK –фосфатаза, которая отрицательно регулирует MPK4 и MPK6 киназы, участвующие в защитных механизмах растений. TOP1 и AT4 – белки-партнеры для ROC3. Известно, что TOP1 является мишенью салициловой кислоты, которая модулирует салицил-зависимый сигнальный путь и иммунный ответ растения. Что касается CYP57, то для него в результате Y2H скрининга выявить взаимодействующие с ним белки-мишени не удалось. Возможно, это связано с ферментативной активностью иммунофилинов (пептидил-пролил цис/транс изомеразами). При взаимодействии иммунофилина с белком-мишенью возможно структурное изменение второго белка, вследствие чего взаимодействие может прекращаться и дрожжевые клетки могут утрачивать способность расти на селективных средах. Таким образом, нами были отобраны молекулярные партнеры, взаимодействующие с ROC3 FKBP65, и предложен механизм их взаимодействия.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 16-04-01002.

ИЗУЧЕНИЕ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ МЕХАНИЗМОВ ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТИ ЖИЗНИ И СТАРЕНИЯ НА МОДЕЛИ *Drosophila melanogaster*

Москалев А.А.¹, Прошкина Е.Н.¹, Шапошников М.В.¹, Шилова Л.А.¹, Данилов А.А.¹,
Перегудова Д.О.¹, Добровольская Е.В.¹, Земская Н.В.¹, Белый А.А.¹, Соловьев И.О.¹,
Лашманова Е.А.², Жикривецкая С.О.², Кудрявцева А.В.³

1. Институт биологии Коми НЦ УрО РАН
2. МФТИ
3. Институт молекулярной биологии

Автор, ответственный за переписку: Алексей Александрович Москалев, amoskalev@list.ru

В исследованиях на *Drosophila melanogaster* выявлены новые механизмы стимулирующего действия малых доз ионизирующих излучений (радиационного гормезиса) и механизмы воздействия на продолжительность жизни различных стресс-факторов. Установлены геропротекторные свойства фармпрепаратов, ингибирующих старение-ассоциированные сигнальные пути PI3K и NF-κB. На модели дрозофилы показано, что сверхэкспрессия генов репарации ДНК *GADD45*, *Hus1*, *mnk*, *mei-9*, *mus210*, и *WRN* приводит к увеличению продолжительности жизни и стрессоустойчивости.

ОЦЕНКА УСТОЙЧИВОСТИ ГЕНОТИПОВ ЧЕРЕШНИ К КОККОМИКОЗУ ПО БИОХИМИЧЕСКИМ ПОКАЗАТЕЛЯМ ЛИСТА

Мотылева С.М.¹, Мертвищева М.Е.¹

1. ФГБНУ ВСТИСП

Автор, ответственный за переписку: Светлана Михайловна Мотылева,
motyleva_svetlana@mail.ru

Получены экспериментальные данные изучения листового аппарата 13 генотипов черешни по биохимическим показателям для разработки способа диагностики устойчивости черешни к биотическим факторам среды и формирования новых подходов к ускорению селекционного процесса. Содержание АК в листьях черешни колеблется в пределах 93,6 – 243,7 (мг/100г). Минимальное содержание АК отмечено в листьях Дикой черешни и сорта Бахор и (97,2 и 93,7 мг/100г); максимальное - в листьях сортов Поэзия, Малыш и Орловская янтарная (202,6; 231,8 и 242,1) мг/100г, соответственно. По мере снижения устойчивости содержание аскорбиновой кислоты возрастает с 117,9 мг % (балл поражения 0 и 1) до 220,1 мг % (балл поражения 3). Минимальное содержание хлорогеновой кислоты обнаружено в листьях сортов Подарок Орлу (0,029 мг/100г) и Поэзия (0,076 мг/100г); максимальное - в листьях сортов Бахор, Ипуть, Компактная, Мак - 0,350, 0,365, 0,375 и 0,412 мг/100г соответственно. Устойчивые сорта характеризуются самыми высокими значениями хлорогеновой кислоты, в среднем 0,328 мг %, по сравнению с неустойчивыми сортами (0,029 – 0,079) мг %. Был рассчитан коэффициент устойчивости - отношение аскорбиновой и хлорогеновой кислот, который может использоваться в качестве дополнительного маркерного признака при оценке устойчивости черешни к коккомикозу. Устойчивые к коккомикозу генотипы черешни имеют стабильные близкие значения коэффициента устойчивости ($KU_{cp} = 0,5$) и высокий коэффициент корреляции ($R = 0,99$) по сравнению с неустойчивыми сортами, у которых значение коэффициента устойчивости выше и колеблется в широких пределах от 0,6 до 2,1, а коэффициент корреляции снижается до $R = 0,66$ и $R = - 0,23$. Взаимосвязи между содержанием аскорбиновой и хлорогеновой кислот указывают на их совместное участие в сопряженных реакциях обмена в листьях черешни.

ПОЛУЧЕНИЕ РАСТЕНИЙ ГОРЧИЦЫ САРЕПТСКОЙ (*Brassica juncea L.*) ИЗ КАЛЛУСНОЙ ТКАНИ

Муравлёв А.А.¹

1. ФГБНУ ВНИИ рапса

Автор, ответственный за переписку: А.А. Муравлёв, anatoly-muravleff@ya.ru

Разработка технологий получения растений горчицы сарептской, открывает новые возможности в получении исходного материала для селекции этой культуры. Соматональные растения получены у многих сельскохозяйственных культур. Поиск, оптимальных условий получения каллуса и регенерация растений из зародышей зрелых семян, является актуальной.

Цель работы – разработать регламент получения растений горчицы сарептской.

Материалы и методика. Для получения каллусной культуры использовали зрелые зародыши сортов Золушка, Росинка. Семена в марлевых мешочках выдерживали в воде 3-4 часа, стерилизовали 1 минуту в 70% спирте и 10 минут в 7% растворе «Domestos», трижды промывали стерильной водой. Изолированные зародыши помещали на среду Мурасиге и Скуга содержащая 2,4-Д в концентрациях 0,5, 2,0, 3,5, 5,0 6,5, 8,0 мг/л.

Образовавшийся каллус пересаживали на среды МС с добавлением 6-бензиламинопурина – 0,5, 1,5, 3,0 мг/л, нафтилуксусной кислоты – 0,1, 0,5 мг/л, кинетина 1,0, 3,0, 6,0 мг/л. Проростки отделяли от каллуса и переносили на среду Мурасиге и Скуга без гормонов, с 1,0% сахарозы.

Результаты исследований. Зародыши сортов Золушка, Росинка культивируемые на изучаемых вариантах формировали каллус с частотой 90,0, 80,0%, соответственно. Различия по частоте дедифференциации на вариантах содержащих 0,5, 2,0, 3,5, 5,0 мг/л 2,4-Д, между сортами достоверные ($НСР_{0,05} = 2,12$).

Частота дедифференциации зародышей в варианте (8,0 мг/л) составила 95,0%, различия между сортами не достоверны.

Органогенез каллусной ткани получили на вариантах МС с 6-БАП - 0,5 мг/л, НУК - 0,1 мг/л и 6-БАП – 3,0 мг/л, кинетин - 6,0 мг/л.

Анализ растений показал, что три регенеранта не формировали семя при самоопылении, одно растение формировало тёмные семена, остальные 13 регенерантов не отличались от донорных растений.

ОЦЕНКА ГЕНОТОКСИЧНОСТИ ДОННЫХ ОТЛОЖЕНИЙ РЫБИНСКОГО ВОДОХРАНИЛИЩА МЕТОДОМ ALLIUM TEST

Мухина Д.О.¹, Чуйко Г.М.², Ковалева М.И.¹, Прохорова И.М.¹

1. ЯрГУ им. П.Г. Демидова
2. Институт биологии внутренних вод им И.Д. Папанина РАН

Автор, ответственный за переписку: Дарья Олеговна Мухина, domukhina@gmail.com

Оценка генотоксичности компонентов окружающей водной среды – актуальная задача современной экотоксикологии. Рыбинское водохранилище – крупнейший водный объект в Верхневолжском бассейне, являющийся источником формирования и сохранения биоразнообразия гидробионтов и имеющий большое значение для рыбохозяйственного, рекреационного и хозяйственно-питьевого водопользования в регионе.

Изучена генотоксичность водных и гексано-спиртовых вытяжек и цельных донных отложений (ДО) Рыбинского водохранилища в 2010-2013 гг. на 9 станциях из районов с различной антропогенной нагрузкой, что позволило отдельно выявить наличие водорастворимых и нерастворимых мутагенов. Подсчет хромосомных перестроек осуществлялся ана-телофазным методом, применялся классический вариант Allium теста и его модификации. Зарегистрированы следующие типы нарушений: мосты, отставания и фрагменты хромосом.

Установлено, что мутагены присутствуют в ДО на всех исследованных участках водохранилища. На одних станциях мутагенная активность обусловлена преимущественно спирторастворимыми, а на других - водорастворимыми генотоксическими веществами. Характер распределения загрязнения генотоксикантами неравномерен, наблюдается тенденция понижения уровня мутагенной активности по мере удаления вниз по течению от промышленно-коммунального комплекса г. Череповца. Максимальный уровень загрязнения мутагенами регистрируется в ДО Шекснинского плеса при использовании спиртовых вытяжек. Выявлена прямая корреляция между генотоксичностью и содержанием в ДО полихлорированных бифенилов. Проведено сравнительное изучение мутагенной активности водных вытяжек ДО на двух тест-объектах: семенах и луковичах *Allium cepa*. Показано, что луковича обладают большей чувствительностью к действию генотоксикантов, чем семена, и могут быть рекомендованы для использования при экологогенетическом мониторинге. Наиболее благополучная токсико-генетическая ситуация зарегистрирована в Центральном и Волжском плесах, наименее – в Шекснинском плесе. Выявленные различия хорошо согласуются с установленным ранее характером пространственного распределения загрязняющих веществ в ДО водохранилища.

УСПЕХИ РОССИЙСКОЙ СЕЛЕКЦИИ РИСА, ДОСТИГНУТЫЕ ПРИМЕНЕНИЕМ MAS (МАРКЕР-ОПОСРЕДОВАННАЯ СЕЛЕКЦИЯ)

Мухина Ж.М.¹, Гаркуша С.В.¹, Супрун И.И.¹, Дубина Е.В.¹, Савенко Е.Г.¹, Глазырина В.А.¹, Шундрин Л.А.¹, Елифанович Ю.В.¹, Елифанович Н.В.¹

1. ФГБНУ ВНИИ риса

Автор, ответственный за переписку: Жанна Михайловна Мухина, agroplazma@gmail.com

Во ВНИИ риса активно ведутся программы маркерной селекции на повышение качества зерна, холодостойкость устойчивость риса к пирикулярриозу и другие важные признаки. Селекционно-семеноводческие схемы сопровождаются маркерным контролем целевых генов (гены устойчивости к грибному патогену: *Pib*, *Pita*, *Piz*, *Pi9*, *Pi40* и др.; гены, определяющие кулинарное качество зерна: *Waxy* и др., гены красной окраски зерновки, *Rc* и др.; QTLs холодостойкости) на всех этапах создания селекционных образцов с заданными признаками.

В ходе этих программ создаются ценные селекционные ресурсы риса. В частности, в селекционном питомнике института в настоящее время оцениваются сотни линий с внедренными, в том числе – с пирамидированными 3 – 5 генами устойчивости к пирикулярриозу. Некоторые из них уже проходят государственное испытание для регистрации в качестве сортов. В докладе будет сделан обзор полученного методом MAS селекционного материала.

В первичных звеньях семеноводства для контроля качества производимых семян риса также используется молекулярно-генетический подход. Так, контроль генетической чистоты размножаемых сортов и отсутствия краснозерной примеси проводится с применением методов ДНК-маркирования.

Для маркирования указанных выше признаков мы используем как маркеры, известные из литературы, так и созданные в лаборатории биотехнологии ВНИИ риса.

Для ускорения селекционных схем специалисты лаборатории применяют также методы клеточной инженерии (экспериментальная гаплоидия). Ежегодно селекционерам передаем 1500-2000 удвоенных гаплоидных линий риса.

СТРУКТУРНАЯ И ЭПИГЕНЕТИЧЕСКАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ГЕНОМА ЧЕЛОВЕКА ПРИ АТЕРОСКЛЕРОТИЧЕСКОМ ПОРАЖЕНИИ АРТЕРИЙ

Назаренко М.С.¹, Слепцов А.А.¹, Марков А.В.¹, Лебедев И.Н.¹, Скрябин Н.А.¹, Барбараш О.Л.², Пузырев В.П.¹

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ
2. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение "Научно-исследовательский институт комплексных проблем сердечно-сосудистых заболеваний"

Автор, ответственный за переписку: Мария Сергеевна Назаренко,
maria.nazarenko@medgenetics.ru

Экспериментальные работы, связанные с изучением варибельности генома на его различных уровнях организации, у человека при атеросклерозе *in vivo*, единичны. Цель настоящего исследования заключалась в характеристике структурной и эпигенетической варибельности генома в лейкоцитах и клетках сосудов различной локализации у больных с атеросклеротическим поражением сонных и коронарных артерий с использованием микрочиповых технологий. В результате с помощью матричной сравнительной геномной гибридизации на платформе SurePrint G3 Human CGH 60K Microarray (Agilent Technologies, США) получены данные о спектре микроструктурных вариаций генома, а также идентифицированы гены-кандидаты, которые могут быть вовлечены в формирование предрасположенности атеросклероза. Кроме того, использование микрочипов Infinium HumanMethylation27 BeadChip (Illumina, США) позволило установить различия в профиле метилирования ДНК анализируемых клеток, были выявлены дифференциально метилированные регионы и выполнена функциональная аннотация белковых продуктов генов. В целом, результаты проведенного исследования дополняют имеющиеся представления о молекулярно-генетической картине атеросклероза с точки зрения цитогенетических и эпигенетических параметров соматического мутагенеза. Исследование выполнено при частичной финансовой поддержке гранта РФФ (№ 16-15-10150).

СПЕКТР И ЧАСТОТА МУТАЦИЙ У ПШЕНИЦЫ ОЗИМОЙ ПОД ДЕЙСТВИЕМ НИТРОЗОАЛКИЛМОЧЕВИН

Назаренко Н.Н.¹

1. Днепропетровский государственный аграрно-экономический университет, ул. Ворошилова, 25 а, г. Днепропетровск, Украина

Автор, ответственный за переписку: Н.Н. Назаренко, nik_nazarenko@ukr.net

В данной работе представлены результаты по исследованию частоты и спектра мутаций у различных сортов пшеницы озимой мягкой украинской селекции. Целью было изучить частоту и спектр мутаций при действии оптимальных для селекционной практики концентраций нитрозоалкилмочевин (используемых для этих целей в национальной и мировой практике), выделить селекционно- и генетически-ценные мутантные линии, выявить возможное генотип-мутагенное взаимодействие в зависимости от метода получения сорта.

Обработку мутагеном проводили замачиванием семян следующих сортов пшеницы мягкой озимой (далее в скобках метод получения сорта): Фаворитка, Ласуня, Хуртовына (облучение исходного материала гамма-лучами), линия 418, Колос Мироновщины (гибридизация), Сонечко (химический мутагенез, НДММ, 0,005%) и Калинова (химический мутагенез, ДАБ 0,1%), Волошкова (термомутагенез) в растворах НММ (нитрозометилмочевины) 0,0125, 0,025% и НЭМ (нитрозоэтилмочевины) 0,01, 0,025% в течение 18 часов. Мутации выявлялись путём фенологических наблюдений и учёта в $M_2 - M_6$ с проверкой наследования в дальнейшем.

В результате проведенных исследований находим, что наибольшая частота мутаций выявлена у сортов Волошкова (15,0 %, при НМС 0,025% и 15,8% при НЕС 0,025%), наименьшая у сорта Сонечко (4,2 %, при НМС 0,025% и 3,6% при НЕС 0,025%). Также низкая частота мутаций отмечена у сорта Калинова. Уровень изменчивости (число признаков в варианте по которым отмечены изменения на часть мутантных семей в варианте, который более полно характеризует действие мутагена) варьировал сходным образом. НМС индуцировал большее число мутаций. В спектре выделено 35 мутантных признаков.

Всего выделено 7 более высокоурожайных мутантных линий, которые проходят в данный момент предварительное испытание. Сорта, полученные с помощью химического мутагенеза демонстрировали существенно более низкую мутабельность, особенно при воздействии мутагена той же природы.

ВИДОСПЕЦИФИЧЕСКИЙ КЛАСТЕР ГЕНОВ СЕРИН-ТРЕОНИНОВОЙ ПРОТЕИНКИНАЗЫ *pkb2* У *Bifidobacterium longum*

Незаметдинова В.З.¹, Мавлетова Д.А.¹, Алексеева М.Г.¹, Елизаров С.М.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Венера Закировна Незаметдинова, veneranez@rambler.ru

Представители рода *Bifidobacterium* составляют существенную часть облигатной микрофлоры кишечника здорового человека, играют важнейшую роль в поддержании здоровья человека и оказывают выраженное иммуностимулирующее действие, существенно влияют на нейрофизиологические процессы. Впервые были идентифицированы и охарактеризованы шесть генов серин-треониновых протеинкиназ, являющихся частью системы сигнальной трансдукции у бифидобактерий; показана способность протеинкиназ к автофосфорилированию. Обнаружен ген *pkb2*, кодирующий уникальную видоспецифическую протеинкиназу, встречающуюся только у бифидобактерий.

Биоинформатический анализ генетического окружения гена *pkb2* в геномах 48 видов и подвидов бифидобактерий выявил наличие единого кластера генов в ближайшем генетическом окружении *pkb2*. Кластер состоит из трех генов: ген *pkb2*; ген, кодирующий белок, содержащий фибронектиновые домены с цитокиновыми рецепторами; ген AAA-АТФазы. Кластер генов присутствует в одной копии на геном, гены расположены друг за другом, последовательности генов не перекрываются, транскрипция осуществляется с одной цепи, не исключена оперонная организация локуса. Гены сцеплены, так как в ряде штаммов бифидобактерий отсутствует ген *pkb2*, и так же отсутствуют гены, кодирующие фибронектиновый белок и AAA-АТФазу. Закономерности внутривидовой и межвидовой гомологии аминокислотных последовательностей белков, кодируемых генами кластера совпадают: внутри вида 96-100% идентичности, между видами 47-75%. Все белки кластера являются видоспецифическими.

Из литературных источников известно, что гены протеинкиназ часто расположены в геноме рядом или в одном опероне с генами, кодирующими их субстраты для фосфорилирования. Гены кластера из генома штамма *B. longum subsp. Longum* GT15, выделенного и секвенированного в нашей лаборатории, были клонированы в экспрессионном векторе в клетках *E. coli*, были выделены и очищены соответствующие белки и проведена киназная реакция в присутствии [γ -³²P]-АТФ. Показано, что фибронектиновый белок не фосфорилируется протеинкиназой Pkb2, а AAA-АТФаза является субстратом для Pkb2 и фосфорилируется очень активно.

ИССЛЕДОВАНИЕ СВОЙСТВ ГЕНА *TRIM14* ЧЕЛОВЕКА И ЕГО МУТАНТНОЙ ФОРМЫ НА МОДЕЛИ ЭМБРИОНОВ ВЬЮНА

Айед З.¹, Макарова И. В.¹, Хайдарова Н. В.¹, Ненашева В. В.¹, Андреева Л. Е.¹, Тарантул В. З.¹

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт молекулярной генетики РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Валентина Валерьевна Ненашева, val-nenasheva@mail.ru

Белок TRIM14 относится к семейству TRIM белков, вовлеченных в широкий спектр биологических процессов. Ранее мы показали, что ген *trim14* человека влияет на дифференцировку ЭСК мыши, и обнаружили гены, повышение транскрипции которых коррелирует с повышенной экспрессией гена *trim14* (*hsp90ab1*, *prp13*, *hbp1*, *spi.1*, *junb*, *pdgfrb*, *baffr*, *taci*, *hlx1*). В литературе описан ген *trim14* с мутацией (P207L), который повышено транскрибируется в клетках глиобластомы (Parsons et al. 2008). Мы предположили, что данная мутация может влиять на свойства *trim14*.

С целью изучения свойств гена *trim14 in vivo* нами были получены личинки речного вьюна (*Misgurnus fossilis L.*) с транзгентной экспрессией гена *trim14* человека и его мутантной формы. По результатам экспериментов не наблюдалось значительной разницы по выживаемости зародышей к 5-м суткам развития у эмбрионов, содержащих как исходный, так и мутантный ген *trim14* человека, по сравнению с контролем. Анализ экспрессии генов *hsp90ab1*, *hbp1*, *spi.1*, *junb*, *pdgfrb*, *hlx1* в трансгенных вьюнах показал, что в случае исходной формы гена наблюдается повышение экспрессии всех этих генов, однако, при транзгентной экспрессии мутантной формы незначительно повышалась только транскрипция генов *hsp90ab1* и *spi.1* по сравнению с контрольными вьюнами (трансфекция плазмидой pCIneo).

Анализ в трансгенных эмбрионах экспрессии ряда генов, связанных с апоптозом и клеточной пролиферацией (*bax*, *bcl2*, *casp3*, *casp9*, *p21*, *pcna*), показал увеличение транскрипции *casp3* и уменьшение транскрипции генов *p21* и *pcna* в эмбрионах с нормальной формой *trim14* человека и отсутствие этих изменений в эмбрионах с мутантным геном.

Таким образом, на модели эмбрионов вьюна мы показали, что появление мутации в гене *trim14* приводит к изменению его свойств.

Работа поддержана грантами РФФИ № 15-04-07752, 16-04-00475.

ИССЛЕДОВАНИЕ МЕХАНИЗМОВ ИНТЕГРАЦИИ РЕТРОТРАНСПОЗОНОВ У ДРОЗОФИЛЫ

Нефедова Л.Н.¹, Ким А.И.²

1. Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, биологический факультет
2. Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, биологический факультет

Автор, ответственный за переписку: Лидия Николаевна Нефедова, lidia_nefedova@mail.ru

Интеграция в хромосомную ДНК – один из важнейших этапов транспозиции мобильных элементов и жизненного цикла ретровирусов. В ряду мобильных элементов особое место занимают ретротранспозоны с длинными концевыми повторами (ДКП-транспозоны), имеющие три открытые рамки считывания (ОРС) и сходные по структуре с ретровирусами позвоночных. Среди таких мобильных элементов у дрозофилы обнаружены инфекционные ДКП-ретротранспозоны, которые относят к группе *gypsy* и называют эррантивирисами (эндогенными ретровирусами насекомых). Эррантивирисы служат хорошей моделью для изучения механизмов интеграции ретровирусов. В работе проведен анализ нуклеотидного состава сайтов-мишеней, концевых последовательностей ДКП и последовательностей интеграз ДКП-ретроэлементов.

Ранее было показано, что ретровирусы позвоночных, в частности вирус иммунодефицита человека, не имеет специфичности интеграции. При исследовании мишеней транспозиции десяти семейств эррантивирисов у дрозофилы было обнаружено, что они имеют специфичность в отношении сайта-мишени и предпочитают для интеграции определенные шестинуклеотидные последовательности, образуя при встраивании четырехнуклеотидные дубликации сайта-мишени. Согласно специфичности интеграции, инфекционные ДКП-ретротранспозоны группы *gypsy* можно разделить на три подгруппы, которые мы назвали *gypsy*, *ZAM* и *Idefix*. Специфичная интеграция обнаружена только у ДКП-ретротранспозонов с тремя ОРС, но не у ДКП-ретротранспозонов с одной и двумя ОРС.

Сравнительный анализ механизмов интеграции ретровирусов позвоночных (лентивирусов) и ДКП-ретротранспозонов дрозофилы показал, что по особенностям интеграции (нуклеотидный состав сайтов мишеней и концевых последовательностей ДКП, количество дублицированных нуклеотидов сайта мишени, структурные особенности интеграз) наиболее близки к лентивирусам не эррантивирисы, как следовало бы ожидать согласно их структуре, а ДКП-ретротранспозоны дрозофилы групп *BEL* и *coria* с одной ОРС, не имеющие задокументированных инфекционных свойств.

Полученные данные позволяют предположить, что ДКП-ретротранспозоны дрозофилы групп *coria* и *BEL* могут рассматриваться как переходное звено в эволюции лентивирусов.

Работа поддержана грантом РФФИ 14-04-01450 А.

ВЛИЯНИЕ НЕЙРОТРОФИЧЕСКИХ ФАКТОРОВ GDNF И BDNF НА ВЫЖИВАЕМОСТЬ ДОФАМИНЕРГИЧЕСКИХ НЕЙРОНОВ, ПОЛУЧЕННЫХ ИЗ ИНДУЦИРОВАННЫХ ПЛЮРИПОТЕНТНЫХ СТВОЛОВЫХ КЛЕТОК ЧЕЛОВЕКА

Новосадова Е.В.¹, Арсеньева Е.Л.¹, Мануилова Е.С.¹, Грешенштейн М.А.¹, Зыкова А.А.¹, Тарантул В.З.¹, Иллариошкин С.Н.², Гривенников И.А.¹

1. ФГБУН Институт молекулярной генетики РАН
2. ФГБУ Научный центр неврологии РАМН

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Вячеславовна Новосадова, novek-img@mail.ru

Индукцированные плюрипотентные стволовые клетки человека (ИПСК) являются уникальным источником для получения широкого разнообразия дифференцированных клеток. В нашей работе использовались ИПСК от пациентов с одним из самых распространенных нейродегенеративных заболеваний человека – болезнью Паркинсона (БП). Болезнь сопровождается поражением структур экстрапирамидной моторной системы, при этом происходит прогрессирующее разрушение и гибель дофаминергических нейронов. ИПСК от пациентов с наследственной и спорадической формами БП были дифференцированы в нейрональном направлении и получены дофаминергические нейроны. Для получения дофаминергических нейронов в среду для культивирования добавляют специфичные экзогенные факторы и добавки, в том числе глиальный нейротрофический фактор (GDNF) и нейротрофический фактор головного мозга (BDNF). Нейротрофические факторы (НТФ) участвуют в определении фенотипа клеток и играют ключевую роль на всех этапах пре- и постнатального нейрогенеза, они стимулируют формирование новых синапсов, способствуют выживанию и регенерации нейронов. У пациентов с БП выявлена связь уровня BDNF с продолжительностью заболевания и тяжестью моторных нарушений. Было исследовано влияние НТФ BDNF и GDNF на выживаемость дофаминергических нейронов полученных из ИПСК от пациентов со спорадической и наследственной формами БП, а также от неврологически здорового донора. Было показано, что при полном исключении (в течение суток) из культуральной среды экзогенных факторов BDNF и GDNF количество дофаминергических нейронов снижается в 2 раза по сравнению с контролем. Сходные результаты были получены на всех исследуемых линиях. Таким образом, было показано, что факторы BDNF и GDNF необходимы для поддержания жизнеспособности дофаминергических нейронов человека и даже суточное культивирование в отсутствие этих факторов приводит к 50-ти процентной гибели данной популяции клеток.

Работа поддержана грантами РФФИ №14-08-01089, РФФИ 14-15-01047.

ВЗГЛЯД ГЕНЕТИКА НА СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ ФИЛОГЕНИИ ГОЛЬЦОВ РОДА *Salvelinus*

Олейник А.Г.¹

1. Институт биологии моря им. А.В. Жирмунского ДВО РАН

Автор, ответственный за переписку: Алла Геннадьевна Олейник, alla_oleinik@mail.ru

Гольцы рода *Salvelinus* являются важной составной частью арктических и субарктических пресноводных экосистем. Феноменальная морфоэкологическая изменчивость гольцов представляет богатый материал для изучения процессов микроэволюции, но создает филогенетические и таксономические проблемы при описании биоразнообразия. Один из ключевых вопросов заключается в том, как оценить ранее описанные, идентифицируемые таксоны и реально существующие виды. Теоретический анализ показывает, что внутри рода есть отличия в эволюционной динамике морфологических и молекулярно-генетических признаков. Дивергенция филогенетических групп не полностью воспроизводит фенотипический и экологический полиморфизм гольцов. Это проявляется в низком уровне дивергенции между морфологически дифференцируемыми таксонами, и в отсутствии связи между дифференциацией, основанной преимущественно на морфологических признаках, и генетической дивергенцией. Предложенная в прошлом веке гипотеза существования вида *S. alpinus* complex (Савваитова, 1989), которая трансформировалась в представления о *S. alpinus* - *S. malma* complex или *S. alpinus* complex и *S. malma* complex (Behke, 1984, 1989; Taylor, 2016), пыталась объединить таксономический и филогенетический аспекты происхождения биоразнообразия. Анализ собственных и литературных данных свидетельствует, что систематика рода *Salvelinus* слабо отражает филогению, поскольку основана на гомопластичных морфологических и экологических признаках.

Реконструкция филогении рода *Salvelinus* выявила парафилетичность видов *S. alpinus* и *S. malma*, объединяющих таксоны, дивергировавшие в разное время и от разных предковых линий. В докладе будет проведена ревизия филогенетических групп, родственные отношения которых невозможно разрешить внутри *S. alpinus* - *S. malma* complex, и предложена новая система гольцов, основанная на молекулярно-генетических данных. Выдвинута и обоснована оригинальная гипотеза о четырех последовательных этапах дивергенции мтДНК в филогенезе монофилетической группы *Salvelinus*, обусловленных глобальными климатическими и географическими изменениями в позднем кайнозое.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (№ 15-04-01000).

RNA-seq АНАЛИЗ СЕМЕННИКОВ *bam*-МУТАНТОВ УКАЗЫВАЕТ НА НАЛИЧИЕ ДОЗОВОЙ КОМПЕНСАЦИИ В РАННИХ ГЕРМИНАЛЬНЫХ КЛЕТКАХ САМЦОВ ДРОЗОФИЛЫ

Лактионов П.П.¹, Оленкина О.М.², Белякин С.Н.¹, Шевелев Ю.Я.²

1. ФГБУН ИМКБ СО РАН
2. ФГБУН ИМГ РАН

Автор, ответственный за переписку: Оксана Михайловна Оленкина, olenkina@img.ras.ru

В соматических клетках дрозофилы гены, находящиеся на X-хромосоме самцов, подвергаются дозовой компенсации, в результате чего их активность оказывается выровненной с генами пары X-хромосом самок. Дозовая компенсация обеспечивается привлечением к X-хромосоме самцов комплекса DCC, содержащего ацетилтрансферазу MOF, гиперацетилирующую X по H4K16ac. В отличие от соматических, в герминальных клетках самцов дрозофилы ряд субъединиц комплекса DCC не экспрессируется, а H4K16ac детектируется лишь в сперматогониях без преимущественной локализации на X-хромосоме. Анализ транскриптома семенников *bam*-мутантов, в которых размножена стадия сперматогониев, не показал заметной разницы в медианном уровне экспрессии генов, находящихся на X и на аутосомах, что указывало на существование DCC-независимого механизма выравнивания экспрессии генов на ранних стадиях сперматогенеза дрозофилы (Deng et al, 2011). Однако, присутствие соматических клеток, в которых дозовая компенсация заведомо осуществляется, в семенниках *bam*-мутантов гипотетически могло бы объяснять наблюдаемый эффект. Чтобы прояснить этот вопрос мы провели RNA-seq анализ семенников *bam*-мутантов и сравнили медианные уровни экспрессии генов, находящихся на X и на аутосомах, для разных пулов генов. Отношение медианной экспрессии генов на X-хромосоме к аутосомам (X/A) для всех экспрессирующихся генов в семенниках *bam*-мутантов оказалось равно 0.9, что хорошо согласуется с результатами (Deng et al, 2011). Для генов с «вездесущей» экспрессией отношение X/A=0.92, а для тканеспецифичных генов, экспрессирующихся в семенниках *bam*-мутантов, X/A=0.93. Важно отметить, что для генов, не экспрессирующихся в других тканях кроме семенников *bam*-мутантов, т.е. экспрессирующихся специфично в сперматогониях, это отношение оказалось даже больше единицы (X/A=1.49), что однозначно указывает на наличие гиперактивированной экспрессии генов на X-хромосоме в ранних герминальных клетках самцов дрозофилы.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №16-04-01764.

СПЕКТР МУТАЦИЙ ГЕНА *CFTR* ПРИ МУКОВИСЦИДОЗЕ В СИБИРСКОМ РЕГИОНЕ

Одинокова О.Н.¹

1. Научно-исследовательский институт медицинской генетики, Томский национальный исследовательский медицинский центр, г.Томск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Ольга Николаевна Одинокова,
olga.odinokova@medgenetics.ru

Цель работы: расширенный поиск мутаций гена *CFTR* у больных муковисцидозом, проживающих в сибирском регионе.

Исследовались образцы ДНК МВ-пациентов (n=70), у которых ранее определены только по 1 мутантному варианту гена *CFTR*, либо обе мутации были неизвестны, а также их ближайшие родственники (n=57).

Использовались два методических подхода. На первом этапе осуществлялся ДНК-анализ на 50 частых европейских мутаций гена *CFTR* (набор «Elucigene® CF-EU2v1», «Gen-Probe»). На последующем этапе проводился поиск мутаций посредством секвенирования кодирующих участков и фланкирующих их интронных регионов гена *CFTR*.

По итогам расширенного поиска мутаций гена у МВ-больных выявлено 38 видов мутаций гена *CFTR*, связанных с заболеванием.

Помимо основного генного дефекта F508del, следующие мутации были выявлены с частотой >4%: CFTRdele2,3(del21kb), E92K, 2184insA, R1066C; с частотой >2%: G542X, 3849+10kbC>T, R1162X, 2143delT, L138ins, E217G, и функционально значимый вариант 5T (IVS8-5T). Кроме того, были определены мутации (~1% каждая): 2184delA, 394delTT, W1282X, N1303K, R347P, R553X, 3821delT, R117C, Y569C, 3791delC, 2789+5G>A, L1335P, 4015delA, 4040delA, W1310X, R1158X, 1898+1G>C, 1898+1G>A, 1898+2T>C, S1196X, G228R, Q98R, 3944delGT, I148T, 4382delA и крупная внутригенная делеция: c.(?_274)_(1584_?)del.

Значимая доля мутаций ранее не выявлялась в регионе. Для мутаций E92K, 3849+10kbC>T, R1066C, R1162X, варианта IVS8-5T показана существенная диагностическая значимость. Новые мутации среди российских больных: c.293A>G (p.Gln98Arg), c.682G>C (p.Gly228Arg), c.3883delA (p.Le1295PhefsX33), c.4251delA (p.Glu1418ArgfsX14).

Охарактеризован спектр мутаций у коренных народностей Сибири (буряты, хакасы, тувинцы, алтайцы): F508del, c.650A>G, c.293A>G, c.682G>C. Две последние новые мутации, мутация c.650A>G зафиксирована в исследовании только у коренных народов (тувинцы, алтайцы).

Таким образом, существенно расширен спектр выявляемых мутаций и принципиально улучшена молекулярная диагностика муковисцидоза в сибирском регионе. Работа выполнена при финансовой поддержке Благотворительного фонда «Острова».

СОВРЕМЕННЫЕ ПРОБЛЕМЫ РАЦИОНАЛЬНОЙ АГРОКУЛЬТУРЫ В ЭКСТРЕМАЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ АНТРОПОПРЕССИИ (РЕЦЕНЗИЯ НА КНИГУ «TEMPERATE CROP SCIENCE AND BREEDING: ECOLOGICAL AND GENETIC STUDIES»)

Опалко А.И.¹, Вайсфельд Л.И.², Заиков Г.Е.²

1. Национальный дендрологический парк «Софиевка» НАН Украины, Умань
2. Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Лариса Ильинична Вайсфельд, liv11@yandex.ru

В мае 2016 года в американо-канадском издательстве Apple Academic Press (AAP) вышла в свет очередная, подготовленная сотрудниками ведущих научных учреждений Беларуси, России и Украины коллективная монография *Temperate Crop Science and Breeding: Ecological and Genetic Studies*. Созданное в 2008 г. издательство AAP является партнёром CRC Press и членом группы крупнейших международных книжных издательств Taylor & Francis Group, которые с середины 19 столетия специализируются на публикации академической литературы и научных журналов, распространяемых по всему миру. Рецензируемая монография издаётся при содействии Института биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН и продолжает серию книг, посвященных теоретическим и прикладным аспектам возделывания сельскохозяйственных культур в стрессовых условиях глобального экологического кризиса, в том числе вызываемых антропогенным загрязнением окружающей среды. В шести главах книги анализируются особенности селекции зерновых культур для выращивания на кислых почвах Северо-Востока России и засоленных почвах Западной Сибири, селекции кормовых культур в Беларуси; проблемы возделывания традиционных и введения новых плодовых и ягодных культур в Украине, рассматриваются возможности детоксикации почв и снижения накопления тяжелых металлов в почвах Предгорий Северного Кавказа. Обсуждаются особенности интродукции клевера в регионе, методы визуализации его семян и проблемы кормопроизводства в России, в т.ч. фуража в Башкортостане. Описаны минеральные источники Северной Осетии–Алании; сделано предположение о связи цитогенетических аномалий человеческой популяции в РСО-Алания с промышленным загрязнением окружающей среды. Работы учёных России и Украины посвящены вопросам антропопрессии и ботанико-географического зонирования. Учёными Института биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН анализируются пути использования растений в качестве противоопухолевых препаратов. С анонсом издания можно ознакомиться на сайте: <http://www.appleacademicpress.com/title.php?id=9781771882255>.

ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНЫЙ АЛЬТЕРНАТИВНЫЙ СПЛАЙСИНГ В ТКАНЯХ ГОЛОВНОГО МОЗГА КРЫС

Орлов Ю.Л.¹, Бабенко В.Н.¹

1. ИЦиГ СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Юрий Львович Орлов, orlov@bionet.nsc.ru

Альтернативный сплайсинг - неотъемлемая часть процесса дифференциации и функционирования генов нервной ткани высших эукариот. Процесс специализации тканеспецифической экспрессии является многоуровневым, включающим в себя процессы репликации, транскрипции и сплайсинга, а также факторы микро-РНК, участвующие в регуляции сплайсинга экспрессии генов нервной ткани. Особенностью многих нейроспецифических генов является их необычно большая длина генов. Степень интенсивности сплайсинга, в свою очередь, связана с размером интронов и числом экзонов. Эпигенетические факторы, такие как модификации гистонов и метилирование ДНК, могут быть вовлечены в определение процесса сплайсинга. В нашей работе рассмотрен дифференциальный альтернативный сплайсинг генов при сравнении двух линий крыс – агрессивных и ручных на основе анализа данных RNA-Seq. Использовали образцы тканей из нескольких отделов головного мозга, связанных с агрессивным поведением у крыс. С помощью РНК-профилирования определен основной класс нейронных альтернативно сплайсирующихся генов, таких как гены синаптической специализации, среди которых выделены профили дифференциально сплайсирующихся изоформ. Наблюдаемое достоверное различие пропорций альтернативных транскриптов в ряде генов синапса при анализе трех отделов мозга между агрессивными и ручными крысами может обуславливать соответствующее специфическое поведение. Отклонения пропорций транскриптов синапса может быть обусловлено изменением экспрессии нейроспецифических РНК-связывающих белков сплайсинга, таких как SLM1(2), NOVA, PTB2. Выявлены нейроспецифические энхансеры сплайсинга, одновременно модифицирующие структуру мРНК значительного числа генов: NOVA1/2, FOX1/2, nSR100/SRM4 а также сайленсеры PTB1/2. Показана динамическая конкуренция указанных энхансеров и репрессора PTB1, различная в отделах мозга и стадиях его развития.

АССОЦИАЦИЯ УРОВНЯ СОДЕРЖАНИЯ КАРОТИНОИДОВ В ЗЕРНЕ КУКУРУЗЫ С АЛЛЕЛЬНЫМ ПОЛИМОРФИЗМОМ САЙТА *InDel1* ГЕНА *Psy1*

Орловская О.А.¹, Вакула С.И.¹, Хотылева Л.В.¹, Кильчевский А.В.²

1. Институт генетики и цитологии НАН Беларуси
2. Национальная академия наук Беларуси

Автор, ответственный за переписку: Ольга Александровна Орловская, flaxol@tut.by

Витамин А является одним из наиболее дефицитных витаминов, необходимых для жизнедеятельности человека. Кукуруза – единственная из основных зерновых культур, способная накапливать значительное количество каротиноидов, которые являются главным источником провитамина А (про-А). В ряде работ показано, что концентрацию данного провитамина можно повысить селекционным путем, используя природную генетическую изменчивость уровня каротиноидов в зерне кукурузы. Высокий уровень естественной изменчивости компонентов про-А во многом связан с повышением активности гена *Psy1*. Известно, что с общим уровнем каротиноидов достоверно коррелируют два полиморфных сайта *Psy1* - *InDel1* и *SNP7*. Целью нашего исследования было оценить ассоциацию уровня каротиноидов в зерне кукурузы и аллельного полиморфизма *Psy1 InDel1* в коллекции образцов кукурузы различного эколого-географического происхождения. В результате изучения данного полиморфизма благоприятный аллель 0 (с делецией 378 п.н.) выявлен у 40 генотипов из 54 изученных нами образцов кукурузы. Делеция 378 п.н. встречалась с высокой частотой у большинства линий селекции РНДУП «Полесский институт растениеводства» (95%) и ГНУ «Всероссийский НИИ кукурузы» (80%). В коллекции ВИРа генотипов с благоприятным аллелем обнаружено меньше – 59,1%.

У 22 генотипов кукурузы было определено общее содержание каротиноидов в зерне методом спектрофотометрии. Анализ содержания каротиноидов в зерне образцов кукурузы, различающихся аллельным составом полиморфизма *Psy1 InDel1* показал, что в эндосперме генотипов, несущих благоприятный аллель *InDel1*, содержание каротиноидов в среднем составило 0,6 мг/100 г, что достоверно выше содержания каротиноидов, показанных для линий с неблагоприятным аллелем (0,43 мг/100 г). Таким образом, использование молекулярно-генетических маркеров к полиморфизму *Psy1 InDel1* является надежным методом идентификации перспективных генотипов кукурузы с высоким уровнем содержания каротиноидов в зерне.

ПОПУЛЯЦИОННО-ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА МЕДОНОСНОЙ ПЧЕЛЫ (*Apis mellifera* L.) СИБИРСКОГО РЕГИОНА

Островерхова Н.В.¹, Кучер А.Н.¹, Конусова О.Л.¹, Киреева Т.Н.¹

1. Национальный исследовательский Томский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Надежда Васильевна Островерхова, nvostrov@mail.ru

Проведено популяционно-генетическое исследование медоносных пчел, обитающих на территории Сибири (Томская область, Красноярский и Алтайский края), методами морфометрического (параметры крыла) и молекулярно-генетического (СОI-СОII мтДНК, более 20 микросателлитных локусов) анализа. В Томской области около 64% пчел имеют происхождение по материнской линии от среднерусской пчелы *Apis mellifera mellifera* (выявлены варианты PQQ и PQQQ локуса СОI-СОII). Эта порода завезена в Сибирь около 230 лет назад, прекрасно адаптировалась к местным климатическим условиям и традиционно культивировалась на пасеках. Бесконтрольный активный завоз в последние десятилетия пчел «южных» пород (карпатская – *A. m. carpatica*, кавказская – *A. m. caucasica*, имеют вариант Q локуса СОI-СОII) привел к массовой гибридизации пчел и распространению болезней, ранее не регистрируемых на пасеках (например, нозематоза типа С). В настоящее время в Томской области (как и в Алтайском крае) преобладают пчелы гибридного происхождения, только на отдельных пасеках пчелы соответствуют стандарту среднерусской породы. Уникальной популяцией *A. m. mellifera* является енисейская популяция (Красноярский край), существующая изолированно в тайге более 50 лет.

Сравнительный анализ генетического разнообразия по микросателлитным локусам пчел, обитающих в Сибири, Башкортостане (бурзянская популяция) и на территории Европы, позволил высказать предположение о том, что в Сибири сформировался особый экотип *A. m. mellifera*, характеризующийся специфическим спектром и частотами аллелей ряда локусов (A008, A007 и др.). При этом, гибриды на основе как среднерусской, так и «южных» пород по генетической структуре показывают большее сходство с *A. m. mellifera*, чем с «южными» пчелами. Ряд вариантов микросателлитных локусов A008, A024 и A113 можно отнести к категории адаптивно-значимых.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ и Администрации Томской области в рамках научного проекта №16-44-700902р_а.

О ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ПРИРОДЕ ГИНАНДРОМОРФИЗМА У НАСЕКОМЫХ

Островский А.М.¹

1. УО "ГомГМУ"

Автор, ответственный за переписку: Артем Михайлович Островский, arti301989@mail.ru

Гинандроморфизм – наличие у одного организма групп клеток, тканей или органов с набором хромосом, характерным для разных полов; является частным случаем мозаицизма. О роли генетических нарушений в происхождении данного феномена свидетельствуют исследования, проведенные на дрозофилах еще в конце прошлого столетия. Было установлено, что билатеральный гинандроморфизм у этих мух развивается при утрате X-хромосомы одной из клеток на стадии первого деления зиготы. В результате половина тела, развивающаяся из клетки с нормальным кариотипом (2АХХ), несет признаки самки, а другая половина, клетки которой лишены одной X-хромосомы (2АХО), имеет признаки самца. Если такие нарушения происходят на поздних стадиях деления зиготы, то могут появиться мозаичные гинандроморфы. В случае мозаичного гинандроморфизма нет четкого разделения признаков и они могут располагаться по всему телу насекомого.

Кроме того, причиной гинандроморфизма может быть образование в яйцеклетке двух женских пронуклеусов, оплодотворение их разными в отношении половых хромосом сперматозоидами (полиспермия) и дальнейшее развитие одного организма из такой двухъядерной зиготы.

У бабочек вследствие выраженного полового диморфизма такие различия более заметны. В качестве примера можно привести редчайший экземпляр – гинандроморф рапсовой белянки, который был пойман 17.VI.2016. на суходольном лугу в окрестностях деревни Головинцы Гомельского района Гомельской области (Республика Беларусь). У данной особи продольная часть тела, в частности крылья, имеет ярко выраженные женские и мужские признаки. Таким образом, левая половина этой бабочки соответствует самцу, а правая – самке. В природе такие экземпляры попадаются крайне редко. Чаще встречаются бабочки, у которых лишь отдельные участки крыльев соответствуют другому полу. Объяснение подобных случаев аналогично гинандроморфизму у дрозофилы, однако у бабочек гинандроморфы начинают развиваться как мужские особи из зиготы с генотипом ХХ.

ГЕН *Gdnf* И ЕГО ВЛИЯНИЕ НА ПРОЦЕССЫ ВОССТАНОВЛЕНИЯ НЕЙРОНОВ ПРИ ТРАВМАТИЧЕСКОЙ ИЛИ НЕЙРОДЕГЕНЕРАТИВНОЙ ГИБЕЛИ У МЛЕКОПИТАЮЩИХ

Павлова Г.В.¹, Шамадыкова Д.В.¹, Куст Н.Н.¹, Пантелеев Д.Ю.¹, Ревещин А.В.¹

1. ИБГ РАН, Россия, Москва, ул. Вавилова 34/5, тел. +7 (499) 1352541

Автор, ответственный за переписку: Галина Валерьевна Павлова, lkorosnkin@mail.ru

GDNF является одним из главных факторов выживания для дофаминэргических нейронов среднего мозга. GDNF обеспечивает рост аксонов и гипертрофию нейронов этого типа. Однако проведение II фазы клинических испытаний рекомбинантного GDNF показало отсутствие обнаруженного эффекта у пациентов с болезнью Паркинсона. Причина отсутствия эффекта может быть связана с использованием не той изоформы GDNF, которая необходима именно для стимуляции нейральной дифференцировки прогениторных клеток. На данный момент показано, что у человека ген GDNF кодирует два варианта GDNF мРНК, *pre-(α)pro-GDNF* и укороченный *pre-(β)pro-GDNF*. Было обнаружено, что *pre-(α)pro-GDNF*, секретируется через аппарат Гольджи, а *pre-(β)pro-GDNF* - в основном через секреторные везикулы минуя его. Вероятно, *pre-(α)pro-GDNF* необходим для выживания нейронов в норме, тогда как *pre-(β)pro-GDNF* необходим как SOS система регенерации при травматической гибели нейронов или при нейродегенеративных заболеваниях. Для исследования значимости *pro*-области для быстрого транспорта и изменения индуктивных свойств фактора нами были сделаны несколько вариантов модифицированных GDNF (Kust et al 2015). Модифицированные GDNF были трансплантированы в клетки HEK293. Секреция факторов в среду была доказана Вестерн-блоттингом. Среда, кондиционированная культивированием клеток с модифицированными GDNF добавлялась в среду культивируемого эмбрионального спинального ганглия крысы, и анализировалось образование нейральных отростков. Было обнаружено, что удаление *pro*-области значительно повышает эффект GDNF, как нейрального индуктора. Аналогичный результат был получен при исследовании культуры разрушенного спинального ганглия и подсчете количества нейральных отростков от клеток.

Исследования были проведены также и *in vivo*. Была использована модель болезни Паркинсона, которая получали путем подкожной инъекции МРТР мышам линии C57Bl/6. Имплантация клеток, продуцирующих *mGDNF* в каудатум-путамен, сглаживала симптомы болезни Паркинсона в тестах на двигательную активность. Работа поддержана РФФИ №14-15-00942.

ФЕНОМЕН ФЕРТИЛЬНОСТИ ГИБРИДОВ: О ЧЕМ СВИДЕТЕЛЬСТВУЮТ ДАННЫЕ ИЗ ХРОМОСОМНЫХ ГИБРИДНЫХ ЗОН ОБЫКНОВЕННОЙ БУРОЗУБКИ (*Sorex araneus L.*)

Павлова С.В.¹, Матвеевский С.Н.², Коломиец О.Л.², Щипанов Н.А.³

1. Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН
2. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва
3. Институт проблем экологии и эволюции им. А.Н. Северцова РАН, Москва

Автор, ответственный за переписку: Светлана Владимировна Павлова, svetpavlova@yandex.ru

Робертсоновские (Rb) транслокации, приводящие к формированию Rb метацентриков за счет центральных слияний двух негомологичных аacroцентриков, широко распространены в природе. Известна их роль в дивергенции видов и нарушениях сперматогенеза, к которым может приводить гетерозиготность по Rb метацентрикам у человека.

Некоторые виды демонстрируют особую внутривидовую кариотипическую изменчивость, обусловленную формированием рас с разным числом Rb метацентриков. В этом отношении среди млекопитающих уникальными видами являются *Mus musculus*, *Ellobius tancrei* и *Sorex araneus*.

На всем ареале *S. araneus* известно 75 парапатричных хромосомных рас и более 35 межрасовых гибридных зон (ГЗ). В России известно 24 расы и 15 ГЗ. Целью этой работы было исследование особенностей синапсиса хромосом в мейозе у природных гибридов F1 из двух гибридных зон, между расами Москва и Нерусса, Москва и Селигер, и ответ на вопрос об их фертильности.

С помощью иммуноморфологического и электронно-микроскопического анализа распластанных ядер сперматоцитов I порядка установлено, что у гибридов F1 между Москва и Нерусса 4 непарных монобрахиально гомологичных метацентрика (диагностическая часть кариотипа) формируют в профазе I мейоза конфигурацию «ring-of-4» (RIV) (закрытый тетравалент *gm/go/no/nm*), тогда как у гибридов F1 между Москва и Селигер (расы с максимальными из возможных кариотипическими различиями) обнаружен открытый мультивалент - «chain-of-11» (CXI) *g/gm/mq/qr/pr/kr/ik/hi/hn/no/o*.

Несмотря на сложные мейотические конфигурации, сперматоциты в обоих случаях проходят мейотические деления и завершают сперматогенез формированием зрелых сперматозоидов с типичной для гомозиготных рас обыкновенной бурозубки морфологией. Это дает основание предполагать фертильность подобных гетерозигот (гибридов), возможно сниженную из-за трудностей расхождения хромосом в анафазе I мейоза.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 15-04-04759 и Гранта Президента РФ для государственной поддержки молодых российских ученых МК-4496.2015.4.

ЦИРКУЛИРУЮЩАЯ ДНК КРОВИ КАК БИОМАРКЕР МЕТАСТАЗИРОВАНИЯ

Паневина А.В.¹, Горбачева Т.М.¹, Солодских С.А.¹, Башмаков В.Ю.¹, Михайлов А.А.²,
Мошуров И.П.², Попов В.Н.¹

1. Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего образования «Воронежский государственный университет»
2. Бюджетное учреждение здравоохранения Воронежской области «Воронежский областной клинический онкологический диспансер»

Автор, ответственный за переписку: А.В. Паневина, anna-panevina@yandex.ru

Цель выполнения исследования - разработка методического подхода для персонифицированной ранней диагностики образования метастазов первичной опухоли. Объектами исследования являлись 10 пациентов Воронежского областного клинического онкологического диспансера в возрасте от 50 до 75 лет с гистологически подтвержденным светлоклеточным почечно -клеточным раком. гДНК и сцДНК выделялась из ткани почки и крови соответственно. Для секвенирования исходного образца (опухоли) использовался секвенатор производства фирмы Life Technologies (США) Ion Torrent PGM и набор праймеров Comprehensive Cancer Panel для целевого ресеквенирования кодирующих последовательностей (экзонов) наиболее значимых онкогенов и первичного анализа генетического материала опухоли. Последовательности ДНК из опухолевого образца почки сравнивались с ДНК из здоровой ткани для установления индивидуального профиля соматических перестроек, характерных только для данного пациента и данной опухоли. Далее нами разрабатывался персонифицированный набор праймеров для проведения количественной полимеразной цепной реакции для определения концентрации опухолевой ДНК, т.е. фрагментов ДНК, несущих характеристические мутации в неклеточной свободно циркулирующей ДНК крови. При помощи аллель-специфической ПЦР оценивалась мутационная нагрузка и вероятность наличия метастазов. Результатом исследования является разработка методики определения мутаций ДНК как биомаркера для систематического мониторинга сцДНК пациента с целью ранней диагностики метастазирования и/или рецидива опухоли.

ЭКСПРЕССИЯ СТРЕССОВЫХ ГЕНОВ КАРТОФЕЛЯ *in vitro* ПРИ ПАТОГЕНЕЗЕ И ТЕПЛОВОМ ВОЗДЕЙСТВИИ

Перфильева А.И.¹, Гарник Е.Ю.¹, Рихванов Е.Г.¹

1. Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН (СИФИБР СО РАН)

Автор, ответственный за переписку: Алла Иннокентьевна Перфильева, alla.light@mail.ru

Растительная клетка защищается от стрессового влияния путем синтеза защитных белков. При тепловом воздействии активируется экспрессия белков теплового шока (БТШ, HSP), а при биотическом экспрессия генов PR (pathogenesis related) белков. Экспрессия генов, кодирующих PR и БТШ регулируется одними и теми же молекулами-мессенджерами, содержание которых повышается при патогенезе и тепловом воздействии на растение. Вероятно, в регуляции экспрессии генов PR и БТШ важную роль играют митохондрии, т.к. большинство сигнальных путей связаны с ее функционированием. Митохондрии с помощью изменения митохондриального потенциала способны влиять на экспрессию генов (митохондриальная ретроградная регуляция). Специфичность реакции клетки на стресс достигается в результате строго определенной для каждого стрессового воздействия пространственной и временной динамики изменения митохондриального потенциала. В этой связи представляет интерес как комбинированный эффект теплового и биотического воздействий скажется на экспрессию генов стрессовых белков PR и БТШ. Нами были проведены эксперименты на модельной системе: картофель *in vitro* - возбудитель кольцевой гнили картофеля (*Clavibacter michiganensis* ssp. *sepedonicus*) при тепловом воздействии. Анализировали изменение уровня экспрессии генов: PR-2, PR-4, HSP101, HSP17.8, HSP60, EF1a, а также содержание белков теплового шока: HSP101, HSP17.8, HSP60. Используемые в работе методы: Вестерн-блоттинг, РТ-ПЦР, микробиологические высевы из растений. Выявлено максимальное повышение содержания HSP в картофеле при тепловом воздействии 39°C, 2 ч. При такой температуре значительно повышался уровень экспрессии генов HSP101, HSP17.8, а также содержание их белков в тканях картофеля. Однако такое тепловое воздействие усиливало колонизацию картофеля патогеном. Заражение растений приводило к повышению экспрессии генов PR-2 (1,3-глюкозидаза), PR-4 (хитиназа). Наблюдалось незначительное усиление экспрессии PR генов при тепловом стрессе. Заражение растений в комбинации с тепловым воздействием способствовало максимальной экспрессии PR генов.

ПОПУЛЯЦИОННАЯ СТРУКТУРА КАРАЧАЕВЦЕВ ПО ДЕВЯТИ ПОЛИМОРФНЫМ ДНК-ЛОКУСАМ ЯДЕРНОГО ГЕНОМА

Петрова Н.В.¹, Макаов А.Х.-М.², Тимковская Е.Е.¹, Васильева Т.А.¹, Биканов Р.¹, Зинченко Р.А.³

1. Федеральное государственное научное бюджетное учреждение «Медико-генетический научный центр», Москва
2. Муниципальное бюджетное учреждение МЗ «Хабезская центральная районная больница», Хабез, Республика Карачаево-Черкессия
3. Федеральное государственное научное бюджетное учреждение «Медико-генетический научный центр», Москва; Федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение «Российский национальный исследовательский медицинский университет им. Н.И. Пирогова» Министерства здравоохранения России

Автор, ответственный за переписку: Ника Валентиновна Петрова, npetrova63@mail.ru

Карачаевцы – тюрко-язычный народ Северного Кавказа, коренной этнос Республики Карачаево-Черкессия. Их численность в республике равна 194 тыс. человек, что составляет более 40% населения. Проведено изучение популяции карачаевцев на основе анализа девяти полиморфных ДНК-локусов ядерного генома (*CCR5Δ32*, *ID/ACE*, *D7S23(KM19)*, *STR/TH01*, *STR/FABP2*, *STR/IVS6aGATT(CFTR)*, *VNTR/PAH*, *VNTR/DAT1*, *VNTR/NOS3*). В работу включены выборки из четырех районов Карачаевского, Прикубанского, Малокарачаевского, Усть-Джегутинского и г. Черкесска, популяции компактного проживания карачаевцев в Республике Карачаево-Черкессия. Материалом для исследования служили образцы ДНК, выделенные из крови 383 неродственных индивидов, собранные в ходе генетико-эпидемиологических экспедиций 2012-2015 гг.. От всех индивидов получено письменное информированное согласие. Исследование проводили методами ПДАФ и ПДРФ анализа. В выборках карачаевцев из пяти популяций определены частоты аллелей и генотипов девяти ДНК-локусов. Среднее значение наблюдаемой гетерозиготности на локус в общей выборке карачаевцев составляет 0,4565, варьируя от 0,4377 в Карачаевском до 0,4889 в Усть-Джегутинском районах. Наибольший уровень разнообразия для карачаевцев по диаллельной системе установлен по локусу *ID/ACE*, $H_{obs}=0,4960$, по мультиаллельной - по локусу *STR/TH01*, $H_{obs}=0,7804$. Коэффициент локальной генетической дифференциации у карачаевцев выше ($F_{ST}=0,0101$), чем у ранее изученных по данным локусам народов: марийцев ($F_{ST}=0,0024$), удмуртов ($F_{ST}=0,0048$), чувашей ($F_{ST}=0,006$), татар ($F_{ST}=0,0075$) и башкир ($F_{ST}=0,008$). На основании данных о частотах аллелей девяти изученных полиморфных ДНК-локусов получена матрица генетических расстояний между субпопуляциями карачаевцев и ранее изученными народами европейской части России. Проведен кластерный анализ, позволивший показать генетическую отдаленность кластера, образованного популяциями карачаевцев, от кластера, образованного субкластером, объединившим популяции татар, удмуртов, чувашей, марийцев, и последовательно присоединившим популяции башкир, а затем русских Кировской области.

Работа выполнена при частичном финансировании грантов РФФИ №14-04-00525 и №15-04-01859.

ИЗУЧЕНИЕ ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКОГО ГОМЕОСТАЗА В ПОПУЛЯЦИЯХ ОЗЕРНЫХ ЛЯГУШЕК (*Rana ridibunda*) ДЛЯ ОЦЕНКИ ЭКОЛОГИЧЕСКОЙ ОБСТАНОВКИ В КАЗАХСТАНСКОЙ ЧАСТИ ПРИКАСПИЯ

Пилюгина А.Л.¹, Чередниченко О.Г.¹, Губицкая Е.Г.¹

1. «Институт общей генетики и цитологии» Алматы Казахстан

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Леонидовна Пилюгина,
labgenmon@mail.ru

Исследования проводились в Прикаспийском регионе Атырауской области в июне-июле 2015 г. Объектом изучения являлись природные популяции озерной лягушки (*R. ridibunda*) Прикаспийского региона (пригороды г.г. Атырау, Кульсары и природоохранной территории Атырауской области пгт. Индерборг), в качестве региона сравнения выбраны пруды на окраине г. Алматы с проточной водой из артезианских источников. В каждом регионе для исследования микроядерным тестом производили отлов по 10-12 лягушек. В обследуемых точках Приаральского региона также проводили определение компонентного состава и наличия загрязнителей окружающей среды в пробах донных отложений.

Определение компонентного состава образцов донных отложений выявило, что приоритетными загрязнителями среды Атырауской области Прикаспийского являются некоторые тяжелые металлы (никель и хром) и углеводороды. Наиболее загрязненной территорией является Черная речка, правобережные окрестности г.Атырау. Окрестности г. Кульсары и пгт Индерборг по содержанию тяжелых металлов, также как и при анализе содержания углеводородов и нефтепродуктов в донных отложениях, находятся на одном уровне загрязнения.

Цитогенетические исследования популяций *Rana ridibunda* показали, что наибольшее количество клеток с микроядрами обнаружено в эритроцитах лягушек и рыб, отловленных в окрестностях г. Атырау. Это свидетельствует о мутагенной опасности загрязнения водной среды на данной территории, причем, судя по характеру нарушений, антропогенная нагрузка имеет химическую и радиационную составляющую. Отсутствие достоверных отличий полученных данных (химическое загрязнение, частота микроядер у лягушек) в г. Кульсары и природоохранной территорией Индерборг свидетельствует об общей загрязненности прикаспийских территорий Атырауской области.

Отмечено соответствие между содержанием клеток с микроядрами в эритроцитах крови лягушек и рыб и результатами содержания техногенных загрязнителей в образцах донных отложений взятых в местах отлова исследуемых животных.

миРНК-мРНК ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ – АНАЛИЗ ОСНОВНЫХ ХАРАКТЕРИСТИК И ПРЕДСКАЗАТЕЛЬНЫХ АЛГОРИТМОВ

Плотникова О.М.¹, Скоблов М.Ю.²

1. Московский физико-технический институт (государственный университет)
2. Медико-Генетический Научный центр, Московский физико-технический институт (государственный университет)

Автор, ответственный за переписку: Ольга Михайловна Плотникова,
plotnikova@phystech.edu

миРНК играют ключевую роль в регуляции экспрессии генов в клетках. Для человека на сегодняшний день известно более 2500 миРНК, однако вопрос об определении сайта связывания миРНК с мРНК до сих пор остается открытым. Для предсказания миРНК-мРНК взаимодействий широко используется пять программ: TargetScan, PicTar, PITA, RNA22 и miRanda, но нет возможности определить, какая из программ предсказывает лучше и можно ли доверять их результатам. Однако недавно был разработан метод “CLASH”, который позволяет определять миРНК-мРНК взаимодействия.

Нами был разработан алгоритм для предсказания пятью данными программами на регионах мРНК, подтвержденных как взаимодействующие с миРНК (согласно методу “CLASH”) и дальнейшему сравнению с экспериментальными данными. Также были использованы данные из FANTOM5 и GEO для анализа уровней экспрессии.

Мы провели сравнение предсказаний (сделанных всеми пятью программами) и экспериментально подтвержденных данных по следующим параметрам: чувствительность, положительная прогностическая значимость, анализ взаимодействующих регионов мРНК (по функциональности, распределения энергии взаимодействия, каноничности взаимодействия). Также нами было проведено сравнение результат программ по предсказанию с набором случайны данных. Был проведен глубокий анализ миРНК и мРНК, участвующих в взаимодействии друг с другом.

Сравнение программ по предсказанию миРНК-мРНК взаимодействий показало низкий уровень эффективности работы, а также несостоятельность получаемых предсказаний.

БЕЛОК Sup35(QA33/34KK) НЕ СПОСОБЕН ПОДДЕРЖИВАТЬ ПРИОН [*PSI*⁺] В КЛЕТКАХ ДРОЖЖЕЙ *Saccharomyces cerevisiae*

Полещук О.И.¹, Данилов Л.Г.¹, Белоусов М.В.¹, Бондарев С.А.², Журавлева Г.А.²

1. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет
2. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, Лаборатория амилоидов, Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Ольга Игоревна Полещук, poleshchukolala@gmail.com

Впервые прионы были обнаружены, как агенты, вызывающие неизлечимые заболевания человека и животных, в то время как у низших эукариот они могут проявлять адаптивные свойства. Прион [*PSI*⁺] был найден у дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*, он представляет собой изоформу белка Sup35, фактора терминации трансляции. В ходе прионизации он формирует в клетке амилоидные агрегаты, что приводит к его частичной инактивации и снижению эффективности терминации трансляции.

В нашей лаборатории ведется работа по изучению влияния замен в прионизующем домене Sup35_r на свойства приона [*PSI*⁺]. В первую очередь это замены полярных аминокислот на заряженные, которые с теоретической точки зрения должны дестабилизировать структуру агрегатов Sup35_r. В частности, мы показали, что мутация *sup35-M0* (замены в белке Q33K и A34K) изгоняет [*PSI*⁺] с высокой эффективностью. При этом белок с соответствующими заменами способен формировать амилоидные агрегаты *in vitro*, которые оказываются инфекционными для дрожжевых клеток. Сверхпродукция N-концевого участка белка Sup35 (Sup35_{NM}), необходимого для формирования приона в клетках с интактным геном *SUP35*, приводит к появлению приона. Этого не происходит в присутствии аллели *sup35-M0*. Более того, сверхэкспрессия *sup35NM-M0* в клетках с мутантной аллелью также не приводит к индукции [*PSI*⁺]. На основании полученных данных мы сделали вывод о том, что *sup35-M0* не способна поддерживать прион. Вероятно, это связано с нарушением взаимодействий агрегатов этого белка с шаперонами, необходимыми для появления новых «зерен» приона и, как следствие, передачи приона из одной клетки в другую.

Работа поддержана грантами РФФИ(16-04-00202, 16-34-60166), мероприятиями СПбГУ (1.50.1041.2014) и ресурсным центром «Молекулярных и клеточных технологий» СПбГУ.

СИНТЕЗ ГАММА-АМИНОМАСЛЯНОЙ КИСЛОТЫ (ГАМК) И НАЛИЧИЕ *gadB/gadC* ГЕНОВ У БАКТЕРИЙ ИЗ КИШЕЧНОЙ МИКРОБИОТЫ ЧЕЛОВЕКА

Полуэктова Е.У.¹, Юнес Р.А.², Дьячкова М.С.¹, Ковтун А.С.³, Климина К.М.¹, Аверина О.В.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Москва
2. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Москва; Университет дружбы народов, Москва
3. Институт общей генетики им. Н.И.Вавилова РАН, Москва; Московский физико-технический институт, департамент биологической и медицинской физики

Автор, ответственный за переписку: Елена Ульриховна Полуэктова, epolu@vigg.ru

Пробиотические бактерии оказывают существенное влияние на организм человека, в том числе на развитие и функционирование нервной системы, на поведение и эмоциональное состояние. Один из путей взаимодействия бактерий с макроорганизмом осуществляется посредством низкомолекулярных веществ – нейротрансмиттеров, синтезируемых и секретируемых бактериями. К таким веществам относится ГАМК, основной тормозной нейромедиатор нервной системы. Многие молочнокислые бактерии, выделенные из пищевых продуктов, являются продуцентами ГАМК, однако способность синтезировать ГАМК лактобациллами, бифидобактериями и другими бактериями из кишечной микробиоты человека не изучена. В данной работе была проверена на способность синтезировать ГАМК коллекция из 114 штаммов лактобацилл и бифидобактерий, выделенных из организма жителей центрального региона России, и показано, что эта способность является видоспецифической, ею обладают все представители видов *L.plantarum*, *L.brevis*, *B.adolescentis*, *B.angulatum*, *B.dentium* (58 штаммов). Наибольшее количество ГАМК продуцировали штаммы бифидобактерий (до 6 г/л). Для штаммов *L.plantarum* 90sk, *L.brevis* 15f, *B.adolescentis* 150, *B.angulatum* GT102 была исследована кинетика синтеза ГАМК и ее зависимость от наличия кофактора фермента глутаматдекарбоксилазы пиридоксальфосфата; определена нуклеотидная последовательность ДНК штаммов и идентифицированы гены *gadB* (глутаматдекарбоксилазы) и *gadC* (глутамат-гамма-бутират антипортера), определяющие синтез и экспорт ГАМК из бактериальной клетки; исследована транскрипционная активность генов. С использованием новой компьютерной программы Neurohunter проанализировано 14 метагеномов здоровых людей и показано, что гены *gadB* и *gadC* в кишечной микробиоте человека присутствуют в геномах следующих типов (родов) бактерий: *Bacteroidetes* (*Bacteroides*, *Parabacteroides*, *Alistipes*, *Odoribacter*, *Prevotella*), *Proteobacterium* (*Escherichia*), *Firmicutes* (*Enterococcus*), *Actinobacteria* (*Bifidobacterium*). Полученные данные позволяют утверждать, что ГАМК-продуцирующие бактерии широко представлены в кишечной микробиоте человека, а изученные штаммы могут быть использованы для создания психобиотиков – пробиотиков, обладающих свойствами психотропных препаратов.

МЕТОДЫ СОЗДАНИЯ СОРТОВ КЛЕВЕРА ЛУГОВОГО В СИБИРИ

Полюдина Р.И.¹

1. ФБГНУ Сибирский НИИ кормов

Автор, ответственный за переписку: Ревмира Ивановна Полюдина, polyudina@ngs.ru

На примере селекции клевера лугового показана эффективность применения как отдельных методов (поликросса, мутагенеза, полиплоидии, гибридизации, отборов), так и их сочетания. Один из наиболее эффективных методов селекции для клевера лугового является использование эффекта гетерозиса при создании синтетических и сложногибридных популяций методом поликросса.

Сложногибридные популяции (сорта) СибНИИК-10 и Родник Сибири сформированы из лучших поликроссных потомств, обладающих высоким эффектом гетерозиса (+11...147%).

Синтетические популяции (Syn_0) сорт Атлант включали исходные материнские формы с высокой общей (+23...125%) комбинационной способностью по кормовой продуктивности. Этот сорт показал высокую пластичность и включен в Государственный реестр по 6 регионам РФ.

В результате многократного массового отбора на повышение семенной продуктивности по сопряженным признакам, создан сорт Огонек, обладающий высокой зимостойкостью (96%) на уровне гетерозисных сортов. Урожайность зеленой массы до 496 ц/га. Содержание протеина в сухой массе – 15,3%, клетчатки – 20,7% [15].

В результате сочетания методов мутагенеза, полиплоидии, гибридизации и отбора в жестких климатических условиях Западной Сибири впервые создан раннеспелый (двуукосный) зимостойкий на тетраплоидной основе сорт Метеор, где преодолена генетическая отрицательная корреляционная связь между признаками зимостойкости и скороспелости генотипов клевера лугового. Максимальная урожайность за два укоса у сорта установлена 700 ц/га – 112% к стандарту.

В результате экологической селекции по программе ТОС «Клевер» создан раннеспелый, зимостойкий, высокоурожайный, на тетраплоидной основе сорт Памяти Лисицына.

Таким образом, на основании обобщения и анализа результатов многолетних исследований (1976 – 2014 гг.) теоретически обоснованы и практически реализованы новые направления, определены эффективные методы селекции клевера лугового при создании сортов нового поколения разной спелости на диплоидном и тетраплоидном уровнях, пригодных для возделывания в условиях Западной Сибири.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ПАСПОРТИЗАЦИЯ ХОЗЯЙСТВЕННО ЗНАЧИМЫХ НАСЕКОМЫХ И КЛЕЩЕЙ НА ОСНОВЕ БАРКОДИНГА ДНК

Попов В.Н.¹, Сыромятников М.Ю.¹

1. Воронежский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Василий Николаевич Попов, pvn@bio.vsu.ru

В настоящее время правильная видовая идентификация насекомых и клещей важна не только с научной точки зрения, но и с экономической. Обусловлено это разной степенью влияния насекомых и клещей, которые могут быть морфологически очень сходными между собой, на хозяйственную деятельность человека. К хозяйственно значимым насекомым и клещам чаще всего относят вредителей, опылителей и энтомофагов. Реализуемый на кафедре генетики, цитологии и биоинженерии Воронежского государственного университета, в сотрудничестве с ведущими институтами и предприятиями в области пчеловодства, шмелеводства, с/х вредителей и энтомофагов, проект направлен на разработку генетической дифференциации изучаемых организмов между собой. На данный момент разработаны системы дифференциации на основе рестрикционного анализа предварительно секвенированных участков митохондриальной и ядерной ДНК для первостепенных вредителей зерновых (клопы рода *Eurygaster*), а также важнейших энтомофагов против трипса и белокрылки – клещей рода *Amblyseius*. Осуществлено штрих-кодирование ДНК более 50 видов трудно дифференцируемых вредителей. Работы по баркодингу ДНК вредителей и их генетической дифференциации продолжаются. Уже имеется библиотека ДНК более 100 вредителей. Осуществляются работы по генетической паспортизации различных пород пчел, разрабатывается система по генетической дифференциации различных видов шмелей. При апробации разрабатываемых методов в некоторых тепличных хозяйствах выявлена неправильная маркировка выращиваемых энтомофагов, в частности, клещей рода *Amblyseius*, хозяйственная значимость которых сильно отличается в зависимости от конкретного вида. На основе морфологического анализа и баркодинга ДНК идентифицирован новый вид энтомофага рода *Feltiella*, выращиваемого лабораториями ВИЗР. Результатом реализации проекта станет создание электронной базы данных по штрих-кодированию ДНК хозяйственно значимых насекомых и клещей с указанием маркеров для их быстрой идентификации.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФ № 16-14-00176.

РОЛЬ НЕБЕЛКОВОЙ АМИНОКИСЛОТЫ БЕТА-МЕТИЛАМИНО-L-АЛАНИН (ВМАА) В РЕГУЛЯЦИИ ПРОЦЕССА

Попова А.А.¹, Кравцова Т.Р.², Кокшарова О.А.²

1. Институт молекулярной генетики РАН (Москва), Россия
2. МГУ им. М.В. Ломоносова (Москва), Россия

Автор, ответственный за переписку: Александра Антоновна Попова,
alexandra.a.popova@gmail.com

Небелковые аминокислоты, синтезируемые растениями и микроорганизмами, являются биологически активными веществами, выполняющими защитные (ответ на стресс) и регуляторные (передача сигналов) функции. С точки зрения экотоксикологии большой интерес представляет небелковая аминокислота бета-метиламино-L-аланин (ВМАА), продуцируемая цианобактериями, древнейшими фотоавтотрофными бактериями. Накапливаясь в цепях питания и попадая в организм человека, ВМАА приводит к нейродегенеративным заболеваниям. Функциональная роль этой аминокислоты в метаболизме самих цианобактерий изучена еще недостаточно.

В ходе проведенного нами исследования было показано, что добавление к бактериальной культуре микромолярных концентраций ВМАА приводит к подавлению активности фермента нитрогеназы в зрелых гетероцистах цианобактерии *N. 7120*, растущей в условиях азотфиксации. С помощью qRT-PCR было обнаружено, что при действии ВМАА на diaзотрофную культуру *N. 7120* происходит подавление экспрессии гена *nifH*, кодирующего компонент нитрогеназы - динитрогеназу-редуктазу.

С помощью флуоресцентной микроскопии нами впервые показано, что добавление экзогенного ВМАА приводит к ингибированию формирования гетероцист в условиях голодания по азоту в культуре дикого типа цианобактерии *N. 7120*. Обнаружено, что в присутствии ВМАА репрессированы гены *hetR* и *hepA*, ответственные за формирование гетероцист.

Таким образом, можно заключить, что ВМАА участвует в регуляции экспрессии генов, вовлеченных в синтез фермента азотфиксации – нитрогеназы, а также генов, вовлеченных в дифференцировку специализированных клеток цианобактерий - гетероцист.

Работа поддержана грантом РФФИ № 14-04-00656.

ПУТИ ЭФФЕКТИВНОГО ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ РЕСУРСОВ ПРИ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОГО РАПСА 000-ТИПА В СИБИРИ

Потапов Д.А.¹, Осипова Г.М.¹

1. ФГБНУ Сибирский научно-исследовательский институт кормов

Автор, ответственный за переписку: Дмитрий Анатольевич Потапов, d_potapov@ngs.ru

Яровой рапс одна из основных масличных культур, успешно возделываемых в экстремальных условиях Сибири для разных направлений использования. Создание сортов ярового рапса 000-типа, т.е. безэруковых, низкоглюкозинолатных и желтосемянных, является приоритетным направлением в селекции этой культуры. Желтая окраска оболочки семян у рапса определяет более высокое его качество — повышенное содержание масла и белка, и пониженное клетчатки. Для суровых условий Сибири актуальным является создание сортов не только с высоким качественным составом семян, но также – скороспелых и приспособленных к неблагоприятным факторам среды.

Наша селекционная программа включает следующие подходы к созданию 000-форм ярового рапса.

1. Изучение коллекции светлосемянных видов семейства Brassicaceae в полевых условиях на провокационных фонах в пространстве и во времени. Это позволяет выделять скороспелые, стабильные по продуктивности, устойчивые к болезням и вредителям формы, которые вовлекаются в селекционный процесс с использованием разных методов: гибридизация, инбридинг, *in vitro* в сочетании с отборами.
2. Отдаленная гибридизация как метод увеличения генетического разнообразия с целью переноса генов, контролирующих желтую окраску семян в яровой рапс.
3. Генетический анализ признака окраски оболочки семян и выявление его связей с другими признаками для оптимизации селекционного процесса.
4. Использование метода инбридинга в сочетании с отборами для генотипической дифференциации гетерозиготного исходного материала.
5. Систематизация и оперативный поиск необходимой информации для оптимизации использования генетических ресурсов с помощью баз данных.

Таким образом, разработка этих направлений в селекционной работе позволила создать разнообразный исходный и селекционный материал ярового рапса 000-типа для условий Сибири, который проходит испытание на разных этапах селекционного процесса.

ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ ФАКТОР *FRA1* УЧАСТВУЕТ В ОБРАЗОВАНИИ ПСОРИАТИЧЕСКИХ БЛЯШЕК НА КОЖЕ БОЛЬНЫХ

Преловская А.Н.¹, Брускин С.А.¹, Золотаренко А.Д.¹

1. ИОГен РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Алена Дмитриевна Золотаренко,
zalenkainbox@gmail.com

Важной характеристикой псориаза является образование на коже больных характерных повреждений – утолщенных красноватых шелушащихся бляшек. Они представляют собой области гиперпролиферации кератиноцитов, воспаления, повышенного накопления иммунных клеток и разрастания сосудистой сети. Именно бляшки на коже причиняют больным наибольшие неудобства.

Ранее при помощи полногеномного секвенирования транскриптома мы показали, что семейство AP1 является одним из основных регуляторов сигнальных каскадов, связанных с развитием псориаза. Белки семейства по-разному экспрессируются в разных слоях эпидермиса и на различных стадиях дифференцировки кератиноцитов, и связаны с регуляцией пролиферации и дифференцировки клеток. Однако, конкретный вклад данного семейства в развитие псориазных бляшек до сих пор не охарактеризован.

Таким образом, целью данного исследования стала оценка роли *FRA1*, одного из белков семейства AP1, в образовании псориазных повреждений на коже больных. При помощи индуцибельной сверхэкспрессии гена *FRA1* в кератиноцитах линии HaCaT были выявлены гены-мишени данного транскрипционного фактора, которые играют важную роль в нарушенных при псориазе процессах дифференцировки, пролиферации и миграции кератиноцитов. Показано, что сверхэкспрессия *FRA1*, которая возникает в коже больных в ответ на провоспалительное окружение, в кератиноцитах приводит к изменению фенотипа клеток на мезенхимально-подобный. При этом клетки способны более активно пролиферировать и мигрировать – то есть они приобретают характеристики, важные для образования псориазных бляшек. Кроме того, она запускает петлю аутоамплификации воспаления, поскольку под воздействием *FRA1* кератиноциты продуцируют повышенные количества провоспалительных цитокинов, активирующих как сами кератиноциты, так и иммунные клетки, присутствующие в коже.

Результаты данного исследования могут быть использованы для разработки подходов к терапии заболевания, направленных на нормализацию характеристик структурных клеток кожи при псориазе.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 16-34-01356 мол_а

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ И БИОХИМИЧЕСКИЕ МАРКЕРЫ БОЛЕЗНИ ПАРКИНСОНА

Пчелина С.Н.¹

1. Петербургский институт ядерной физики им. Б. П. Константинова, Национальный исследовательский центр "Курчатовский институт", Первый Санкт-Петербургский государственный медицинский университет имени академика И. П. Павлова

Автор, ответственный за переписку: Софья Николаевна Пчелина, sofya_pchelina@mail.ru

Болезнь Паркинсона (БП) является распространенным нейродегенеративным заболеванием. Ключевым событием в патогенезе заболевания является агрегация белка альфа-синуклеина. В настоящее время в отсутствие лабораторных диагностических тестов диагноз БП ставится при дегенерации около 80% дофаминергических нейронов черной субстанции мозга, что затрудняет поиск подходов для нейропротекторной терапии.

Целью настоящего исследования явилось изучение молекулярных механизмов развития БП, а также поиск генетических и биохимических маркеров развития заболевания.

В исследование вошло 450 пациентов с БП, обследованных в клиниках ПСПбГМУ им.акад. И.П.Павлова и в центре нейродегенеративных заболеваний клиники ИЭМ, Санкт-Петербург. Нами был осуществлен скрининг мутаций в генах *SNCA*, *LRRK2*, *GBA*. У пациентов с ранней формой заболевания, не принимавших лечения препаратами Л-ДОФА, а также в группах пациентов с БП различной этиологии проведена оценка уровня общего и олигомерного (нейротоксичные формы) альфа-синуклеина плазмы и клеток крови. Показано, что мутация G6055A (G2019S) *LRRK2* - наиболее распространенная причиной развития наследственных форм. Мутация T1448C (L444P) *GBA* является наиболее распространенным и значимым фактором высокого риска развития БП, повышая риск развития заболевания с ранним началом (до 50 лет) в 15 раз. Впервые у носителей мутаций в гене *GBA* на фоне снижения активности глюкоцереброзидазы (*GBA*) выявлено повышение олигомерных форм альфа-синуклеина плазмы крови, что объясняет молекулярный механизм развития *GBA*-ассоциированной БП и открывает перспективы разработки подходов к терапии данной формы заболевания с использованием фармакологических шаперонов *GBA*. Впервые показано, что оценка уровня олигомерного альфа-синуклеина в CD45 клетках крови может быть перспективным маркером БП.

Предложенный алгоритм молекулярно-генетического обследования позволяет выявлять наследственные формы БП, формировать группы высокого риска развития заболевания. Полученные результаты открывают перспективу для разработки нейропротекторной терапии заболевания.

РФФИ № 16-04-00764 А; №16-54-76009 ЭРА_а.

СОЗДАНИЕ И АНАЛИЗ ПОЛИПЛОИДНЫХ ФОРМ ХМЕЛЯ ЯПОНСКОГО – ДВУДОМНОГО РАСТЕНИЯ С МУЛЬТИХРОМОСОМНОЙ СИСТЕМОЙ ДЕТЕРМИНАЦИИ ПОЛА

Разумова О.В.¹, Александров О.С.¹, Дивашук М.Г.¹, Киров И.В.¹, Карлов Г.И.¹

1. Центр молекулярной биотехнологии Российского государственного аграрного университета - МСХА имени К.А. Тимирязева

Автор, ответственный за переписку: Ольга Владимировна Разумова,
razumovao@gmail.com

Хмель японский (*Humulus japonicus*) – однолетнее двудомное растение семейства Cannabaceae. Мужские растения имеют в своем кариотипе 14 аутосом и 3 половых хромосомы – XY₁Y₂, женские – 14 аутосом и две X- хромосомы. Несмотря на то, что кариотип хмеля японского хорошо изучен и найдены и разработаны ДНК-маркеры, позволяющие определить пол растения на ранних стадиях онтогенеза, вопрос детерминации пола у данного вида по-прежнему остается открытым. В частности, не ясен вклад каждой Y-хромосомы, не известно, является ли наличие обоих мужских половых хромосом существенным для образования жизнеспособных фертильных пыльников, или же важно лишь соотношение X хромосом к аутосомам. Помочь пролить свет на данные проблемы могут эксперименты с полиплоидными формами с различным числом хромосом, отношением X/A и разным фенотипическим проявлением пола.

В нашей лаборатории путем колхицинирования получены первичные тетраплоидные фертильные мужские и женские растения хмеля японского. Скрещивая данные формы между собой и с диплоидными растениями, мы получили тетраплоидные и триплоидные растения хмеля японского с различными хромосомными числами и сочетанием половых хромосом. Фенотипически только 2 растения из вторичных тетраплоидов проявили мужской пол, остальные были женскими или однодомными. Все триплоиды имели как мужские, так и женские цветки, и были стерильны. Пол, определенный с использованием молекулярных маркеров, не всегда совпадал с реальным полом, определенным по фенотипу. При анализе кариотипов растений вторичных тетраплоидов выявлено от 28 до 34 хромосом. В дальнейшем планируется провести FISH и self-GISH, которые позволят выявить половые хромосомы и, совместно с использованием молекулярных маркеров, определить их вклад в формирование пола.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ Договор № 26 16-34-00757\16.

УСТАНОВЛЕНИЕ ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИХ СВЯЗЕЙ ВИДА *G. mustelinum* Miers ex Watt. С ПОЛИПЛОИДНЫМИ ВИДАМИ ХЛОПЧАТНИКА

Рафиева Ф.У.¹

1. Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Автор, ответственный за переписку: Феруза Умидуллоевна Рафиева, feruza.al@mail.ru

Для создания новых форм селекционеры привлекают все новые виды, способные передать культурным растениям устойчивость к неблагоприятным условиям, болезням и вредителям, повысить урожайность и качество производимой продукции и т.д. В этом деле огромное значение имеют дикие сородичи культурных растений, т.е. те виды, которые спонтанно или с помощью человека принимали участия в формировании сортов культурных растений.

Цель данных исследований является изучение и определение степени филогенетического родства дикого вида хлопчатника *G. mustelinum* Miers ex Watt. и выявление возможностей вовлечения и эффективного их использования в генетико-селекционных работах. Данный вид входит в таксономическую группу- подрода *Karpas* Raf. рода *Gossypium* L.

G. mustelinum Miers ex Watt. дикий тетраплоидный ($2n = 52$) хлопчатник с геномной формулой «AD₄». Куст высокий, сильно облиственный, опушенный, многолетний кустарник до 4 м, с мощно развитыми моноподиальными и слабо развитыми симподиальными ветвями, зеленый, со слабым антоциановым загаром. Коробочки средние (масса 1,5 г), округло-яйцевидные с острым носиком, трехгнездные, сильно раскрывающиеся. Поверхность незрелой коробочки ямчато-бугристая, с неяркими, средней величины и густоты, госсиполовыми вместилищами. В одной коробочке по 12-15 семян. Семена треугольно-грушевидной формы, густо опушенные, подпушек 10-12 мм длины, светло-бурый. Строго фотопериодичен, первая плодовая ветвь закладывается только при коротком световом дне на 28-30 узле. В естественных условиях симподиальные ветви не образуются. Пыльники начинают растрескиваться в 9 часов утра. В одном цветке до 120 пыльников, пыльцы много, ее жизнеспособность от 55 до 95%. Плодоношение среднее. Время созревания коробочки 41-46 дней.

Вид свободно скрещивается с *G. hirsutum*, *G. tricuspidatum* *G. barbadense* с образованием высокоплодовитых, строго фотопериодичных гибридов. При скрещивании *G. darwinii* дают потомство с низкой продуктивностью и фотопериодичностью, а с *G. raimondii* гибриды стерильные.

НОВЫЕ РОДИТЕЛЬСКИЕ ФОРМЫ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ КАРТОФЕЛЯ УСТОЙЧИВОГО К ВРЕДНЫМ ОРГАНИЗМАМ: МОРФОФИЗИОЛОГИЧЕСКИЙ, ФИТОПАТОЛОГИЧЕСКИЙ И МОЛЕКУЛЯРНЫЙ АНАЛИЗ

Рогозина Е.В.¹, Фадина О.А.², Бирюкова В.А.³, Кузнецова М.А.⁴, Хавкин Э.Е.²

1. ФГБНУ Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова
2. Всероссийский институт сельскохозяйственной биотехнологии
3. Всероссийский институт картофельного хозяйства имени А.Г. Лорха
4. Всероссийский институт фитопатологии

Автор, ответственный за переписку: Елена Вячеславовна Рогозина, rogozinaelena@gmail.com

Межвидовая гибридизация диких южноамериканских клубнеобразующих *Solanum*, ранее не использованных в селекции картофеля, с успехом применена в ВИР для расширения генетической базы селекционного материала. Образцы 16 видов: *S. abancayense*, *S. alandiae*, *S. ambosinum*, *S. avilesii*, *S. doddsii*, *S. famatinae*, *S. gandarillasii*, *S. hondelmannii*, *S. incamayoense*, *S. marinasense*, *S. multidissectum*, *S. multiinterruptum*, *S. okadae*, *S. oplocense*, *S. venturii*, *S. vidadurrei*, произрастающих в Перу, Боливии или Аргентине, вовлечены в скрещивания с культурными формами картофеля или другим диким видом - посредником. Предварительный скрининг выявил отдельные образцы этих видов, обладающие устойчивостью к разным видам нематод, фитофторозу, вирусам и колорадскому жуку (Bamberg et al. 1986). Наиболее перспективное потомство получено в двух комбинациях скрещивания: дигаплоида сорта Atzimba (n=24) в качестве материнской формы с растениями *S. alandiae* (к-21140) или при использовании дикого вида *S. chacoense* (к-19759) в качестве опылителя растений *S. okadae* (к-20921). Лучшие клоны поколения F1 (Atzimba × *S. alandiae* к-21140) скрещивали с сортовым картофелем. В поколениях BF1 выделены клоны с комплексом положительных признаков (устойчивость к фитофторозу и золотистой картофельной нематодой патотип Ro1, продуктивность, скороспелость, хорошая морфология и высокие потребительские качества клубней). Фитопатологические тесты и ДНК анализ выявили у гибридных клонов картофеля полиморфизм ДНК-фрагментов, ассоциированных с генами *Rpi* (контролирующими устойчивость к фитофторозу) и геном *H1* (устойчивость к золотистой нематодой патотипов Ro1, Ro4). Гибридные формы, созданные в результате интрогрессии генетического материала эндемичного вида Боливии *S. alandiae*, содержат пирамиду *Rpi* генов разной специфичности в сочетании с генами устойчивости к нематодам и X-вирусу картофеля и обладают высокой степенью сходства с культурным картофелем по морфофизиологическим признакам.

ФИЗИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ ПРОТЕИН-КОДИРУЮЩИХ ГЕНОВ НА ХРОМОСОМАХ ЛУКА РЕПЧАТОГО (*Allium cepa* L.)

Романов Д.В.¹, Киров И.В.¹, Разумова О.В.¹, Хрусталева Л.И.¹

1. Центр молекулярной биотехнологии РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева

Автор, ответственный за переписку: Дмитрий Викторович Романов,
akabos1987@gmail.com

Лук репчатый (*Allium cepa* L.) является второй важнейшей овощной культурой, уступая лишь томату (FAO, 2016). Обилие витаминов и их удачная комбинация в луке способствуют профилактике многих заболеваний. Содержащиеся в луке сульфорганические соединения обладают выраженным противораковым эффектом и предупреждают образование тромбов (Imai et al., 2002; Ranjani et al., 2012; Голубев и др., 2003)

Попытки картировать отдельные гены с использованием обычного FISH метода были малоэффективны, т.к. частота встречаемости сигнала гибридизации была крайне низкой (5-10%) (Chen and Gustafson, 1995; Ma et al., 2001). Самым чувствительным методом оказался метод с использованием фенольных соединений - тирамидов (Tyramide-FISH) (Raap et al., 1995; Khurstaleva and Kik, 2001; Perez et al., 2009).

Для Tyramide-FISH картирования на хромосомах *A. cepa* нами были использованы клоны EST-библиотеки лука репчатого. Последовательности EST-клонов включают только экзоны, и не включают интроны. Этот подход создания ДНК-пробы позволил уменьшить количество «шума» при гибридизации *in situ*, поскольку в интронах часто присутствуют повторяющиеся элементы генома.

Tyramide-FISH картирование EST-клонов выявило сигналы гибридизации, расположенные на различных хромосомах *A. cepa*. Полученные результаты свидетельствуют о том, что Tyramide-FISH является ценным инструментом для детектирования небольших фрагментов ДНК на растительной хромосоме. Это позволяет более эффективно проводить картирование отдельных генов и интегрирование физических и генетических карт, что может быть использовано в практической селекции для прогнозирования переноса генов и определения размеров популяции.

В работе обсуждается зависимость частоты встречаемости сигналов гибридизации от размера EST-клонов.

Работа выполнена частично при финансовой поддержке РФФИ (проект № 16-04-01747 А) и частично при финансовой поддержке гранта Президента Российской Федерации для государственной поддержки молодых российских ученых - кандидатов наук (проект № МК-6066.2016.11).

ИЗУЧЕНИЕ СТРУКТУРЫ И ФУНКЦИЙ АМИНОГЛИКОЗИДФОСФОТРАНСФЕРАЗ ШТАММА *Streptomyces rimosus subsp. rimosus* ATCC 10970

Рудакова Н.Н.¹, Алексеева М.Г.¹, Мавлетова Д.А.¹, Даниленко В.Н.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Россия, г. Москва

Автор, ответственный за переписку: Наталья Николаевна Рудакова, natachka92@mail.ru

Наибольшее число антибиотиков (не менее 70%), применяемых в медицинской практике, относится к веществам, образуемым актиномицетами (порядок *Actinomycetales*), в частности представителями рода *Streptomyces*. Для защиты от действия продуцируемых антибиотиков, а также антибиотиков, вырабатываемых другими почвенными микроорганизмами, стрептомицеты в ходе эволюции выработали несколько механизмов устойчивости. Одним из самых распространенных механизмов устойчивости является модификация функциональных групп антибиотиков ферментами, в том числе аминогликозидфосфотрансферазами (APHs). Важно отметить, что у представителей рода *Streptomyces* установлено широкое распространение генов *Aph*.

Биоинформатический анализ, проведенный нами, показал, что геном *Streptomyces rimosus* ATCC 10970 содержит 14 *aph* генов.

Ранее в штамме *Streptomyces rimosus* ATCC 10970 была идентифицирована и охарактеризована аминогликозид-3'-фосфотрансфераза нового типа – *AphVIII* (SRIM_10156), обеспечивающая устойчивость к канамицину, неомицину и паромомицину, получена 3D структура фермента.

Ген *aph* (SRIM_08058), имеющий наиболее высокую гомологию с *aphVIII*, клонирован в *E.coli*, изучен спектр и уровень устойчивости к аминогликозидным антибиотикам, на основании выявленной субстратной специфичности и устойчивости к стрептомицину ген SRIM_08058 был обозначен нами как *aph(3'')-IIa*. Выделен рекомбинантный белок в нативной форме, показана высокая способность белка к автофосфорилированию, получена 3D структура фермента.

В настоящее время проводится клонирование остальных 12 генов *aph* в *E.coli*, с целью изучения спектра и уровня устойчивости к аминогликозидным антибиотикам, субстратной специфичности, а также для выделения рекомбинантных белков с целью исследования способности к автофосфорилированию. На основании полученных 3D структур будет проводиться докинг *in silico* ингибиторов *Aph* белков разных типов и скрининг отобранных потенциальных ингибиторов *in vitro* на различных клеточных моделях. Ингибирование белков, обеспечивающих природный уровень устойчивости бактерий к аминогликозидным антибиотикам, позволит расширить спектр применяемых медицинских препаратов за счет синергичного эффекта антибиотика с соединением-ингибитором *Aph*.

МЕХАНИЗМЫ ТОНКОЙ РЕГУЛЯЦИИ ГЕНОВ МЕТАБОЛИЗМА МЕТАНОЛА У ДРОЖЖЕЙ *Pichia pastoris*

Румянцев А.М.¹, Самбук Е.В.¹, Падкина М.В.¹

1. Санкт-Петербургский государственный университет, кафедра генетики и биотехнологии

Автор, ответственный за переписку: Андрей Михайлович Румянцев,
rumyantsev-am@mail.ru

Изучение генетических механизмов, лежащих в основе адаптации организмов к условиям окружающей среды, является фундаментальной проблемой биологии. Возникшие в ходе эволюции регуляторные системы координируют сигналы, поступающие из внешней среды, с ответом клетки. Для обеспечения специфичности ответа различные сигнальные пути взаимодействуют между собой, формируя единые регуляторные сети. Подобная интеграция обеспечивает согласованную регуляцию не просто отдельных генов, а целых генных комплексов, контролирующих различные метаболические пути и состояние клеточных органелл.

Дрожжи *Pichia pastoris* способны использовать метиловый спирт в качестве единственного источника углерода в среде. Промоторы генов метаболизма метанола (*MUT*-генов), в частности промотор гена алкогольоксидазы I, широко используются в современной биотехнологии при синтезе гетерологичных белков.

В ходе работы было показано, что экспрессия *MUT*-генов, а так же генов, кодирующих белки, вовлеченные в биогенез и функционирование пероксисом (*PEX*-генов) у *P. pastoris*, зависит от источника азота в среде. Для всех исследованных генов наблюдали репрессию в средах с пролином, а для гена *AOX1* показано так же снижение активности в средах с глутаматом и аспарагином. Ключевую роль в обеспечении данной регуляции играет Торкиназа.

Помимо регуляции *MUT*- и *PEX*- генов пролином было обнаружено, что экспрессия этих генов так же изменяется в ответ на дефицит ортофосфата в среде. Активность этих генов возрастает в средах с высокими концентрациями ортофосфата.

Наши результаты показали, что дрожжи *P. pastoris* обладают сигнальной системой, которая координированно регулирует экспрессию генов ферментов метаболизма метанола и генов, кодирующих белки пероксисом. Эта система не только реагирует на изменение источника азота в среде, но и обеспечивает оптимальные уровни экспрессии *MUT*- и *PEX*- генов в средах с различными концентрациями ортофосфата.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ XRCC2, XRCC3 У БОЛЬНЫХ РАКОМ ЛЕГКОГО

Рыжкова А.В.¹, Минина В.И.¹, Соболева О.А.¹

1. Федеральный исследовательский центр угля и углекислоты Сибирского отделения Российской академии наук, г. Кемерово

Автор, ответственный за переписку: А.В. Рыжкова, a.vryzhkova@yandex.ru

Рак лёгкого (РЛ) является серьёзной медицинской и социальной проблемой, занимает первое место в онкозаболеваемости мужского населения России и Кемеровской области. Рядом исследований показано, что мутации ДНК - репарирующих генов увеличивают риск возникновения опухолевой трансформации. В связи с этим, целью данного исследования стало изучение полиморфизма генов ферментов репарации двуниевых разрывов ДНК: XRCC2 Arg188His (rs3218536), XRCC3 Thr241Met (rs861539) у больных РЛ и здоровых жителей Кемеровской области. Объектом исследования явились 433 больных РЛ, поступивших на лечение в Кемеровский областной онкологический диспансер и 362 условно здоровых лиц. Все обследованные подписывали протокол информированного согласия. Кровь забиралась из локтевой вены, выделение ДНК проводили методом фенол - хлороформной экстракции. Генотипирование полиморфных маркеров XRCC2, XRCC3 анализировали методом real-time PCR. Статистическая обработка результатов проводилась с использованием пакета прикладных программ «STATISTICA for Windows 8.0». Было установлено, что генотип Thr/Thr гена XRCC3 в 1,2 раза встречается чаще у здоровых (52,2% против 44,5%; $p = 0,0380$). При анализе распределений полиморфных локусов в группах, дифференцированных по гендерному признаку, наблюдались статистически значимые различия между РЛ и контролем у мужчин по генотипу Thr/Thr гена XRCC3 ($\chi^2 = 4,89$; $p = 0,0271$). Среди этиологических факторов рака легкого наибольшее внимание уделяется курению. Фактор курения способен существенно модифицировать рисковую значимость генотипов. В группе курящих пациентов было установлено повышение частоты встречаемости минорного генотипа Met/Met гена XRCC3 ($\chi^2 = 4,22$; $p = 0,0399$). Анализ, выполненный в группе курящих мужчин позволил выявить статистически значимое отличие частоты встречаемости генотипа Met/Met ($\chi^2 = 3,98$; $p = 0,0460$). Таким образом, полученные данные могут быть использованы в биомедицинских целях, например, при формировании групп индивидуального риска РЛ.

МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ГЕНОФОНДА ЯБЛОНИ ПО ГЕНАМ УСТОЙЧИВОСТИ К ПАРШЕ

Савельев Н.И.¹, Лыжин А.С.¹, Савельева Н.Н.¹

1. ФГБНУ ВНИИГиСПР им. И.В. Мичурина

Автор, ответственный за переписку: Николай Иванович Савельев

Устойчивость к парше – важный биологический и селекционный признак яблони. К настоящему времени известно 17 олигогенов, детерминирующих иммунитет яблони к различным расам парши. С использованием внутригенного маркера Vfc ген *Rvi6* идентифицирован у дикорастущих видов *M. floribunda*, *M. hupehensis* и *M. robusta* 43199. Ген *Rvi4* (маркер AD13-SCAR) – у *M. asiatica* 2343, *M. sieversii* 13280, *M. niedzwetzkyana* 13279, *M. purpurea* 2392, *M. orientalis* 41623, *M. orientalis* 29476, *M. orientalis* 29460, *M. spectabilis* v. *albi plena*, *M. spectabilis* v. *rubra plena*, *M. robusta* v. *persicifolia*, а также исходной формы R12740-7A. Ген *Rvi5* (маркер Hi07h02) выявлен у формы SR0523. Среди культивируемых форм ген *Rvi6* присутствует у сортов Былина, Чародейка, Красуля, Кандиль орловский, Академик Казаков, Топаз, Дьямант, Прима, Рождественское, Благовест, Скала, Вымпел, Имант, Фрегат, Фридом, Галарина, Успенское. С использованием кодоминантного маркера AL07-SCAR проанализировано аллельное состояние гена *Rvi6* иммунных к парше генотипов. Большинство изучаемых форм с иммунитетом к парше характеризуются гетерозиготным состоянием гена *Rvi6* (*Rvi6rvi6*). Сорт Фридом является доминантной гомозиготой по гену *Rvi6* (*Rvi6Rvi6*). В результате анализа гибридного потомства комбинации скрещивания Валюта (*Rvi6rvi6*) x Успенское (*Rvi6rvi6*) идентифицировано три варианта аллельных комбинаций гена – *Rvi6Rvi6* (доминантная гомозигота), *Rvi6rvi6* (гетерозигота), *rvi6rvi6* (рецессивная гомозигота). Количество иммунных к парше форм (генотип *Rvi6Rvi6* и *Rvi6rvi6*) составило 77,8%. При этом 55,6% семян характеризуются гетерозиготным, а 22,2% – доминантным гомозиготным генотипом. Статистический анализ результатов наследования подтвердил соответствие фактического расщепления теоретически ожидаемому: по фенотипу – 3:1 ($\chi^2=0,222$), по генотипу – 1:2:1 ($\chi^2=0,666$). Таким образом, ДНК-маркеры позволяют на молекулярном уровне выявить устойчивые генотипы для дальнейшего использования в маркер-опосредованной селекции.

РОЛЬ ПОЛИМОРФИЗМА ГЕНОВ СЕРТОНИНОВОЙ СИСТЕМЫ В ФОРМИРОВАНИИ ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНЫХ СПОСОБНОСТЕЙ

Садыкова Л.Р.¹

1. БГПУ им. М.Акмиллы

Автор, ответственный за переписку: Лиана Рафаэлевна Садыкова, lianka4444@mail.ru

В эпоху постиндустриального общества интеллектуальный потенциал населения приобретает большую значимость. Исследование молекулярно-генетических основ интеллекта поможет выявить данный потенциал с точностью, превышающей классические психологические тестирования.

Целью настоящего исследования явилось изучение роли межгенных взаимодействий аллелей генов серотониновой системы и поиск сочетаний генотипов при различных показателях интеллектуальных способностей для молекулярно-генетической диагностики интеллектуального потенциала.

Впервые проведен анализ роли взаимодействий аллелей генов серотонинергической системы (переносчика серотонина *SLC6A4(5-HTTLPR)*, рецептора серотонина *2C5HTR2C(G68C)*, рецептора серотонина *1A 5HTR1A(C(-1019)G)*) в формировании интеллектуальных способностей.

Материалом исследования послужили образцы ДНК 170 индивидов. ДНК выделена из периферической крови методом фенольно-хлороформной экстракции. Оценка показателей вербального и невербального интеллекта проводилась с помощью методик Г.Айзенка и Р.Кеттелла. Типирование локусов осуществлялось методами ПЦР и ПДРФ-анализа. Анализ межгенных взаимодействий проводился с использованием программы Generalized Multifactor-Dimensionality Reduction(GMDR).

GMDR-анализ выявил трехфакторные модели сочетаний генотипов, коррелирующих с различными показателями интеллекта. Для невербального интеллекта статистически значимыми сочетаниями явились *SLC6A4*L/*L + 5HTR2C*G/*G + 5HTR1A*C/*C* (высокие показатели) и *SLC6A4*S/*S + 5HTR2C*G/*G + 5HTR1A*C/*G* (низкие) при $p = 0,0397$.

Для вербального интеллекта выявлены сочетания: *SLC6A4*L/*L + 5HTR2C*G/*G + 5HTR1A*G/*G* (высокие показатели) и *SLC6A4*S/*S + 5HTR2C*G/*G + 5HTR1A*C/*G* (низкие) при $p = 0,0486$.

В ходе GMDR-анализа было показано преобладание в комбинациях, коррелирующих с высокими показателями интеллекта, высокоактивных аллелей генов, что возможно определяет быструю и точную передачу нервных импульсов. В сочетаниях генотипов, коррелирующих с низкими показателями интеллекта, преобладают низкоактивные аллели, ухудшающие качество передачи нервных импульсов.

Результаты исследования могут быть использованы в качестве материала для предиктивных мер по выбору оптимальной воспитательной детской среды.

АНАЛИЗ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ ПОЛИМОРФНОГО ВАРИАНТА ГЕНА *CYP19A1* (АРОМАТАЗА) С ФОРМИРОВАНИЕМ ОНКОПАТОЛОГИИ

Садыкова Р.Ф.¹

1. Башкирский Государственный Педагогический Университет им. М.Акмуллы

Автор, ответственный за переписку: Регина Фардусовна Садыкова, rin1609@yandex.ru

В настоящее время рак молочной железы является одной из самых распространенных онкопатологий. По данным ВОЗ смертность от этого заболевания составляет более 15%. Не однократно доказано, что формирование рака молочной железы напрямую связано с уровнем эстрогена в организме в целом и в различных его частях. Одним из основных факторов регулирующих данный показатель является активность фермента ароматазы, которая участвует в превращение тестостерона в эстрадиол. Изучение влияния различных мутаций в гене ароматазы (*CYP19A1*) на данный процесс является ключевым для понимания причин образования злокачественных опухолей.

Материалом для работы послужили образцы ДНК 394 человек, из которых 241 здоровый индивид и 153 онкологических больных. Генотипирование проводили с использованием метода ПЦР-ПДРФ и детекцией их продуктов в 7 % ПААГ.

В результате сравнительного анализа по полиморфному локусу *rs80051519* (*C/T*) гена *CYP19A1* в группе онкобольных выявлено достоверно значимое повышение не мутантного гомозиготного генотипа *CC* и аллеля **C* ($p=0,0005, c^2=18,4$ и $p=0,0005, c^2=18,1$ соответственно). В группе здоровых индивидов напротив по данному локусу выявлено достоверно значимое повышение мутантного гомозиготного генотипа *TT* и аллеля **T* ($p=0,02, c^2=5,39$ и $p=0,0005, c^2=18,14$ соответственно).

В работах исследователей по всему миру неоднократно было доказано, что повышенная активность ароматазы приводит к формированию некоторых видов онкопатологий. По полученным результатам видно, что полиморфизм *rs80051519* напротив приводит к снижению активности фермента, о чем говорит преобладание мутантного аллеля у здоровых индивидов.

РОЛЬ ПОВТОРЯЮЩИХСЯ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ В ЭВОЛЮЦИИ ПОЛОВЫХ ХРОМОСОМ У ПТИЦ

Сайфитдинова А.Ф.¹, Комиссаров А.С.², Галкина С.А.¹, Кошель Е.И.², Кулак М.М.²,
Дёмин А.Г.², Гагинская Е.Р.²

1. Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербургский союз ученых
2. Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Алсу Фаритовна Сайфитдинова,
a.saifitdinova@spbu.ru

Несмотря на существенные различия в уровне организации и развития, число генов, кодирующих белки, меняется незначительно не только у разных представителей позвоночных, но и в пределах многоклеточных организмов в целом. В то же время, результаты сравнительного анализа геномов показали, что доля некодирующих последовательностей лавинообразно нарастает по мере усложнения плана строения. В настоящее время не вызывает сомнения, что, наряду с остальной некодирующей ДНК, повторяющиеся элементы генома играют важную роль в регуляции дифференциальной экспрессии генов и, следовательно, определяют особенности онтогенеза. В геномах птиц общее содержание повторяющихся последовательностей существенно ниже, чем в геномах представителей других классов позвоночных. При этом значительная часть tandemных повторов приходится на долю половых хромосом. Эволюция половых хромосом у птиц происходила независимо, однако, как и у других организмов с генетическим определением пола, сопровождалась процессами подавления кроссинговера и деградацией одного из гомологов.

Для получения новых данных о наиболее распространенных повторяющихся последовательностях в геноме курицы мы проанализировали данные текущей версии собранного и аннотированного генома *Gallus gallus*. Кроме того, поиск высокоповторяющихся последовательностей и оценку их копийности проводили по результатам анализа необработанных данных высокопроизводительного геномного секвенирования. Основываясь на литературных и собственных данных о распределении и транскрипционной активности различных повторяющихся элементов генома в составе половых хромосом и используя модель хромосом типа ламповых щеток курицы, мы сформулировали гипотезу о роли повторяющихся элементов генома в организации и функционировании половых хромосом у птиц.

Источники финансирования: СПбГУ (1.50.1043.2014) и РФФИ (16-04-01823а). Приборная база: ресурсный центр ЦКП «Хромас» Научного парка СПбГУ и Центр геномной биоинформатики им. Ф.Г.Добржанского.

ЦИТОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ПОСЛЕДСТВИЙ КУЛЬТИВИРОВАНИЯ В КОСМОСЕ ПШЕНИЦЫ (*TRITICUM COMPACTUM* HOST.).

Саматадзе Т.Е.¹, Юркевич О.Ю.¹, Зошук В.А.¹, Амосова А.В.¹, Большева Н.Л.¹, Муравенко О.В.¹

1. ИМБ РАН

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Егоровна Саматадзе, tsamatadze@gmail.com

Одним из приоритетных направлений исследований растений в условиях космического полета становится изучение генетических последствий длительного культивирования их в космосе. С использованием методов оценки анализа средней суммарной площади С-позитивно окрашенных районов профазных ядер и анализа мейоза проведено цитогенетическое изучение генома карликовой пшеницы (*Triticum compactum* Host) ($2n=6x=42$, *AuAuBBDD*). Растения в течение ряда поколений выращивались в космической оранжерее «Лада» на борту Российского Сегмента Международной космической станции. В качестве контроля использовали семена растений, выращенные на Земле. Семена получены из Института медико-биологических проблем РАН (Москва, Россия). Площадь темноокрашенных областей ядер и хромосом определяли используя компьютерные программы анализа изображения Карио 1.5 (ВидеоТест, Санкт-Петербург) и ImageJ 1.38 (www.rsbl.info.nih.gov/ij/). Измерение площади гетерохроматических районов в профазных ядрах выявило, что этот показатель в группе исследованных форм изменялся от формы к форме плавно, и достоверных отличий между соседними парами не обнаружено, а сами формы не образовывали изолированных групп. Анализ мейоза у пшеницы проводили на стадиях метафазы I и II, анафазы I и II, а также стадии тетрады. Установлено, что во всех клетках изучаемых образцов обнаружено незначительное число клеток с отклонениями (2,3%), такими как: образование «мостов», отставание хромосом и др.

Таким образом, проведенный цитогенетический анализ не выявил значимых различий между кариотипами всех изученных «космических» и «земного» образцов, что говорит о высокой стабильности кариотипов растений. Полученные результаты показывают, что культивирование пшеницы в космической оранжерее «Лада» на борту РС МКС по принципу выращивания «seed-to-seed» не оказывает явного негативного влияния на кариотип опытных растений.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 15-08-04564.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ МОНОСОМИКОВ ХЛОПЧАТНИКА НА ОСНОВАНИИ КОНЬЮГАЦИОННОГО ТЕСТА В МЕЙОЗЕ

Санамьян М.Ф., Бобохужаев Ш.У.¹

1. Национальный Университет Узбекистана

Автор, ответственный за переписку: Марина Феликсовна Санамьян,
sanam_marina@rambler.ru

Отсутствие полной серии линий с нехватками отдельных хромосом у хлопчатника *G. hirsutum* L. затрудняет проведение исследований по хромосомной локализации маркерных генов. Создание новых моносомных линий хлопчатника в Узбекистане потребовало унифицированной идентификации моносом с помощью тестерной серии идентифицированных транслокаций, полученной от Д. Стелли (USA). В результате проведенных исследований была обнаружена гомологичность моносомы у моносомной линии Mo19 с одной из хромосом в обменах у транслокационных линий TT 2L-6R и TT 2R-8Rb, поскольку у моносомных гибридов в метафазе I мейоза наблюдалось 24 бивалента плюс один тривалент. Участие в двух транслокациях одной и той же хромосомы указало на моносомию по хромосоме 2 A₁-субгенома хлопчатника. Изучение моносомной линии Mo27 выявило гомологичность моносомы с хромосомой 7 A₁-субгенома, поскольку у моносомных транслокационных гибридов с участием линий TT 1L-7L и TT 7R-21R наблюдались тривалентные ассоциации. Анализ моносомной линии Mo75 обнаружил гомологичность моносомы с хромосомой 4 A₁-субгенома, поскольку у моносомных транслокационных гибридов с участием линий TT 4L-19R и TT 4R-15L наблюдались триваленты. Исследование моносомных линий Mo16, Mo67 и Mo71 выявило гомологичность моносом с одной из хромосом в обменах TT 2R-14R, TT 6L-7L и TT 4R-15L, соответственно, поскольку у моносомных гибридов в метафазе I наблюдались триваленты. Так как микросателлитные маркеры BNL3971, BNL3590, GH-198; BNL1064, BNL2884, BNL3650 и др.; BNL2572, CIR122, GH-107, соответственно, были локализованы на моносоммах Mo16, Mo67 и Mo71, а ранее они были приписаны к хромосомам 2, 6 и 4 A₁-субгенома, можно считать, что эти моносомные линии имеют нехватки по хромосомам 2, 6 и 4 A₁-субгенома хлопчатника.

АМИЛОИДОГЕННЫЕ СВОЙСТВА БЕЛКА Toh1, АССОЦИИРОВАННОГО С КЛЕТОЧНОЙ СТЕНКОЙ ДРОЖЖЕЙ *Saccharomyces cerevisiae*

Сергеева А.В.¹, Задорский С.П.², Синюкова В.А.¹, Рыжова Т.А.², Галкин А. П.²

1. Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета
2. Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета; Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики РАН.

Автор, ответственный за переписку: Александра Владимировна Сергеева, alexghost21a@mail.ru

Амилоидные фибриллы – неветвящиеся белковые полимеры с упорядоченной межмолекулярной бета-складчатой структурой. Помимо патологических амилоидов, ассоциированных с рядом заболеваний человека и животных, выделяют и функциональные амилоиды - белки, выполняющие свою функцию в амилоидной конформации. Их функции разнообразны: от образования биопленок у бактерий до регуляции долговременной памяти у животных. Функциональные амилоиды обнаружены в клеточной стенке дрожжей - фибриллы белка Als3 *Candida albicans* участвуют в клеточной адгезии, белок Bgl2 в амилоидной изоформе стабилизирует структуру клеточной стенки *S. cerevisiae*. Выявление новых амилоидогенных белков поможет лучше понять процесс амилоидогенеза, а также более полно изучить биологическую роль амилоидов. Универсальным инструментом для выявления как патогенных, так и функциональных амилоидов является разработанный в нашей лаборатории метод протеомного скрининга для идентификации амилоидных белков (PSIA), позволивший составить список потенциально амилоидогенных белков *Saccharomyces cerevisiae*. Одним из таких белков является Toh1. Это GPI-заякоренный белок клеточной стенки с неизвестной функцией. Экспрессия гена *TOH1* увеличивается в ответ на повреждение клеточной стенки. Биоинформатический анализ последовательности Toh1 выявил потенциально амилоидогенные участки. Для подтверждения амилоидогенных свойств Toh1 мы показали методом флуоресцентной микроскопии, что гибридный белок Toh1-Yfp при экспрессии соответствующего гена как под собственным, так и под индуцибельным промотором *CUP1* образует агрегаты, расположенные преимущественно по периферии клетки *S. cerevisiae*. При помощи методов полуденатурирующего электрофореза и Gel Entry мы продемонстрировали наличие SDS-устойчивых агрегатов гибридного белка Toh1-Yfp в лизате клеток *S. cerevisiae*. В отличие от большинства амилоидных агрегатов, агрегаты Toh1-Yfp устойчивы к кипячению в 2,5% SDS, что указывает на более прочную амилоидную структуру. Полученные данные говорят о том, что белок Toh1 является потенциальным функциональным амилоидом клеточной стенки *S. cerevisiae*.

РЕАКЦИЯ СЕЗОННО-РАЗМНОЖАЮЩИХСЯ МЛЕКОПИТАЮЩИХ НА ИСКУССТВЕННОЕ СМЕЩЕНИЕ БИОЛОГИЧЕСКИХ РИТМОВ ПОСРЕДСТВОМ ЭКЗОГЕННОГО МЕЛАТОНИНА

Сергина С.Н.¹, Илюха В.А.¹, Узенбаева Л.Б.¹, Кижина А.Г.¹, Хижкин Е. А.¹, Антонова Е.П.¹, Лапински С.², Окулова И.И.³

1. Институт биологии Карельского научного центра РАН, г. Петрозаводск, Россия
2. Краковский сельскохозяйственный институт, Краков, Польша.
3. ГНУ Всероссийский научно-исследовательский институт охотничьего хозяйства и звероводства им. проф. Б.М.Житкова РАСХН, Киров, Россия

Автор, ответственный за переписку: Светлана Николаевна Сергина, svetnick@yandex.ru

Цель работы - изучить влияние экзогенного мелатонина на уровень тканевых антиоксидантов и состав лейкоцитов периферической крови у серебристо-чёрных лисиц и вуалевых песцов.

Лисицы и песцы двух возрастных категорий (1 год и 3-5 лет) были разделены на подопытную и контрольную группы. Особям подопытных групп в июне подкожно был имплантирован препарат, содержащий 12 мг мелатонина. Подобная форма предохраняет гормон от быстрого разрушения и позволяет дозировать его равномерное выделение в течение длительного времени. Имплантированный при длинном световом дне мелатонин способствовал ускоренному возникновению зимнего фенотипа животных (увеличение массы и формирование зимнего волосяного покрова). Реакция и чувствительность антиоксидантов и состава лейкоцитов на экзогенный мелатонин зависели от возраста и вида животных, а также от реактивности функциональных систем. У лисиц с возрастом происходило увеличение уровней GSH и супероксиддисмутазы, но не каталазы, почти во всех изученных тканях. Воздействие мелатонина на антиоксиданты отмечалось только у более молодых особей лисиц и выражалось в увеличении их уровня до значений, характерных для животных старшей возрастной группы. Мелатонин приближал соотношение сегментоядерные нейтрофилы / лимфоциты более взрослых особей к уровню молодых животных.

У песцов, напротив, не отмечалось возрастных изменений состава лейкоцитов периферической крови. Влияние мелатонина выразилось в снижении уровня лимфоцитов и увеличении количества сегментоядерных нейтрофилов только у 3-летних особей.

Выявленные возрастные и видовые особенности реакции изученных показателей на изменение эндогенного цикла мелатонина, вызванного введением экзогенного гормона, свидетельствуют об экологической специфике приспособлений у животных со строгой сезонной регуляцией биологических процессов.

Финансовое обеспечение осуществлялось из средств Федерального бюджета на выполнение государственного задания (№ темы: 0221-2014-0001) и гранта РФФИ мол_а 16-34-0038916 с использованием научного оборудования центра коллективного пользования ИБ КарНЦ РАН.

УВЕЛИЧЕНИЕ ГЕНОФОНДА САРАТОВСКИХ ПШЕНИЦ. ИНТРОГРЕССИЯ ЧУЖЕРОДНОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ

Сибикеев С.Н.¹, Дружин А.Е.¹, Крупнов В.А.¹, Воронина С.А.¹, Бадаева Е.Д.², Сибикеева Ю.Е.,¹ Гультяева Е.И.³

1. Федеральное Государственное Научное Учреждение «НИИСХ Юго-Востока» г. Саратов ул. Тулайкова 7
2. Государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН
3. Всероссийский научно-исследовательский институт защиты растений, 196608 г. Санкт-Петербург-Пушкин, ш. Подбельского, 3

Автор, ответственный за переписку: Сергей Николаевич Сибикеев, sibikeev_sergey@mail.ru

В зародышевой плазме мягкой пшеницы все труднее найти нужные необходимые для селекции гены (признаки), что не позволяет решать такие исключительно важные задачи, как защита растений от вредителей, возбудителей заболеваний, повышение устойчивости к абиотическим стрессорам и многое другое. Все это побуждает генетиков и селекционеров искать соответствующие гены у различных сородичей мягкой пшеницы. В целом, вторая половина XX и начало XXI века прошла под знаком интенсивного использования межвидовых и межродовых скрещиваний для улучшения мягкой пшеницы. Более чем вековой опыт селекционеров НИИСХ Юго-Востока показал, что селекция шла от оценки и отбора из местного материала (крестьянские сорта-популяции), географически-отдалённых скрещиваний (привлечение инорайонных сортов) и прямой отдалённой гибридизации (межвидовые и межродовые скрещивания) к использованию отдельных хромосом родственных видов, транслокаций и их комбинаций. Хромосомная инженерия показала свою эффективность и на её основе складывается и развивается интрогрессивная селекция мягкой пшеницы. Для увеличения генофонда саратовских пшениц и интрогрессии чужеродной генетической изменчивости в лаборатории генетики и цитологии НИИСХ Юго-Востока широко привлекают диких сородичей мягкой пшеницы, как первичного, так и вторичного и третичного генпулов. При этом исследования интрогрессивного материала проводятся по следующим направлениям: 1) цитогенетическое изучение комплексом методов; 2) изучение передачи интрогрессивного материала в связи с разнообразным генотип-зависимым наследованием; 3) идентификация интрогрессивных генов как гибридологическим, так и ДНК-маркерным методом, а в случае с генами устойчивости и набором изолятов патогена; 4) пребридинговое изучение влияния интрогрессивного материала на агрономические признаки. Исследования получили не только теоретическое значение, но и практический результат – сорта с чужеродными хромосомами, транслокациями и их комбинациями.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ХАРАКТЕРИСТИКА ЭВОЛЮЦИОННОЙ ИЗМЕНЧИВОСТИ ГЕНА *Dras1* У ВИДОВ ГРУПП *D. melanogaster* (*Sophophora*) И *D. virilis* (*Drosophila*)

Сивопляс Е.А.¹, Чекунова А.И.², Куликов А.М.²

1. МПГУ
2. ИБР

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Александровна Сивопляс,
sivoplyas-ekater@mail.ru

Родственные группы видов *D. melanogaster* и *D. virilis* являются известными модельными объектами по изучению закономерностей эволюции с установленной филогенией. Нами проведено сравнение эволюционной изменчивости локуса *Dras1* в рамках этих групп видов, являющихся представителями подродов *Drosophila* и *Sophophora*, соответственно. Продемонстрировано существенное отличие предпромоторной области и точки старта транскрипции гена *Dras1* у дрозофил группы *virilis* по сравнению с *D. melanogaster*. У представителей обеих групп видов ген *Dras1* расположен на противоположных цепях ДНК и граничит со стороны промотора с различными наборами генов, что указывает на границу инверсионной перестройки в районе промотора данного гена. Размер межгенного спейсера со стороны промотора *Dras1* варьирует в пределах 259-268 п.н. у видов группы *D. melanogaster* и 1177-2180 п.н. у видов группы *D. virilis*. Точка старта транскрипции удалена от открытой рамки считывания гена на 750-800 п.н. в обеих группах видов. Значимая гомология последовательности локуса *Dras1* сравниваемых групп видов дрозофил начинается в области 5' UTR, примерно в 238 п.н. от точки старта транскрипции (TSS) у видов группы *melanogaster* и в 188 п.н. – у видов группы *virilis*. Скорость накопления замен в интронах и экзонах гена, а также в регуляторной области с учетом инсерционно-делеционного полиморфизма существенно различается в обеих группах видов. Если для дрозофил группы *melanogaster* характерен равномерный ход молекулярных часов, то для дрозофил группы *virilis* показан неравномерный темп накопления изменчивости. Мы предполагаем, что характер накопления генетической изменчивости локуса *Dras1* связан с изменением структуры промоторной области.

РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ОСНОВАНИЙ ПЕТЕЛЬ ХРОМАТИНА, ЗАКРЕПЛЕННЫХ НА БОКОВЫХ ЭЛЕМЕНТАХ СИНАПТОНОМНОГО КОМПЛЕКСА В ПРОФАЗЕ I МЕЙОЗА ГЕНОМА МЫШИ

Сизова Т.В.¹, Иванов И.А.², Спангенберг В.Е.¹, Карпова О.И.³

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской Академии Наук, Москва
2. Московский авиационный институт (государственный технический университет), Москва
3. Московский государственный университет им М.В. Ломоносова, Москва

Автор, ответственный за переписку: Татьяна Викторовна Сизова, olonare@mail.ru

На стадии профазы I мейоза хромосомы представляют собой петли, закрепленные на боковых элементах синаптонемного комплекса. Считается, что в пределах биологического вида длина петель хроматина варьирует не более чем в два раза и нет различия по их длине между районами G- и R-бэндов. Это означает, что распределение оснований петель хроматина вдоль оси хромосом должно быть относительно гомогенно.

В настоящее время доступна база данных фрагментов ДНК общей длиной 10,2 МБ, содержащая 64283 последовательности. На стадии профазы I мейоза данные последовательности связаны с белком SCP3, который формирует боковые элементы синаптонемного комплекса и располагается по всей длине хромосом в геноме мыши (*Mus musculus*). Ее геном полностью секвенирован и аннотирован. Существует программное обеспечение, позволяющее выравнивать последовательность ДНК с полным геномом.

Молекулярной основой хромосомного бэндинга являются изохоры – протяженные (в среднем около 1 млн. пар оснований), относительно гомогенные участки ДНК, связанные с основными структурными и функциональными свойствами генома, такими, как плотность генов, время репликации и т.д. В геноме мыши определены границы изохор.

Мы выравнивали со сборкой GRCm38.p3 генома мыши все последовательности ДНК из указанной выше базы данных и отобрали те из них, чье положение в геноме определяется однозначно. Затем мы сравнили локализацию этих последовательностей с распределением изохор. Полученные данные свидетельствуют о гетерогенном распределении оснований петель хроматина вдоль оси хромосом на стадии профазы I мейоза. Они позволяют предположить, что длина петель, расположенных вдоль одной хромосомы, может различаться на порядок. При этом в состав длинных петель входят участки ДНК, соответствующие GC-бедным изохорам (основа R- бэндов), а коротких - GC-богатым изохорам (основа G- бэндов).

Работа поддержана грантом РФФИ №16-04-01-447А.

АНАЛИЗ АМИЛОИДНЫХ СВОЙСТВ БЕЛКА Ygp1 *S.cerevisiae*

Синюкова В.А.¹, Сергеева А.В.¹, Рыжова Т.А.², Задорский С.П.², Галкин А.П.²

1. Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета
2. Кафедра генетики и биотехнологии Санкт-Петербургского государственного университета; Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики РАН

Автор, ответственный за переписку: Вера Александровна Синюкова, veleenna@yandex.ru

Амилоиды представляют собой белковые фибриллы, образующие кросс-β-структуру. Традиционно амилоиды характеризуют как патологические соединения, ассоциированные с десятками неизлечимых заболеваний человека. Однако в последнее десятилетие все чаще рассматриваются функциональные амилоиды, в норме присутствующие в клетках широкого спектра живых организмов и выполняющие жизненно важные функции, от образования биопленки бактерий и до регуляции долгосрочной памяти эукариот. Для данной работы модельным объектом были выбраны дрожжи *S. cerevisiae*, так как они являются удобным объектом для выявления инфекционных и неинфекционных амилоидов и, кроме того, для них ранее было показано наличие функциональных амилоидов (напр. Vgl2). В нашей лаборатории был разработан универсальный метод протеомного скрининга амилоидов, основанный на устойчивости амилоидных фибрилл к ионным детергентам. С помощью этого метода был составлен список белков, являющихся кандидатами на роль функциональных дрожжевых амилоидов. Одним из наиболее многообещающих претендентов является белок Ygp1 – секреторный гликопротеин, связанный с клеточной стенкой дрожжей. С помощью флуоресцентной микроскопии мы показали, что химерный белок Ygp1-YFP образует в клетках дрожжей агрегаты, размер и количество которых возрастает при понижении концентрации глюкозы в среде. Также, используя методы SDD AGE и GelEntry, мы показали, что агрегаты Ygp1-YFP характеризуются высокой устойчивостью к SDS. Полученные результаты позволяют полагать, что амилоидные фибриллы белка Ygp1 играют роль в стабилизации их клеточной стенки дрожжей *S. cerevisiae*. В дальнейшем планируется проверка амилоидных свойств Ygp1 *in vitro*.

НАСЛЕДУЕМОСТЬ ПРИЗНАКА «МАССА ВОЛОКНА ОДНОЙ КОРОБОЧКИ» У МЕЖГЕНОМНЫХ ДИПЛОИДНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА

Сирожидинов Б.А.¹

1. Институт генетики и экспериментальной биологии растений АН РУз

Автор, ответственный за переписку: Бехзод Арабджонович Сирожидинов, behzod_arabdjonovich@mail.ru

Генофонд диких сородичей хлопчатника следует шире использовать в отдаленной гибридизации при выведении новых сортов культурных растений, обладающих ценными биологическими и хозяйственными особенностями.

Изучено наследуемость признака «масса волокна одной коробочки» у видового разнообразия *G.arboreum*: *ssp. obtusifolium*, *ssp. obtusifolium var. indicum*, *ssp. perenne*, *ssp. nanking* (с бурым и белым волокном) и австралийских (*G.australe* и *G.nelsonii*) видов хлопчатника. Среди изученного набора образцов *ssp. perenne* и *ssp. nanking* (с бурым и белым волокном) имели крупные коробочки с высокой массой волокна (1,8 г). Представители австралийского хлопчатника формировали более мелкие коробочки с массой волокна от 0,13 до 0,19 г.

Установлена положительная и отрицательная степень наследуемости признака «масса волокна одной коробочки» у межгеномных гибридах F₁ между индокитайскими и австралийскими видами хлопчатника. Высокая степень наследуемости признака отмечена у гибридов: *ssp. obtusifolium var. indicum* x *G.australe* (*hp*= 1,4) и *ssp. nanking* (с бурым волокном) x *G.nelsonii* (*hp*= 1,1), где наблюдается положительный гетерозис. Положительное доминантное наследование (*hp*= 1,0) выявлено у гибрида *ssp. nanking* (с белым волокном) x *G.australe*. Неполное положительное доминирование наблюдалось у гибридов *ssp. nanking* (с белым волокном) x *G.australe* (*hp*= 0,9) и *ssp. nanking* (с белым волокном) x *G.nelsonii* (*hp*= 0,8). Явление отрицательного сверхдоминирования или отрицательный гетерозис отмечено у гибридов *G.nelsonii* x *ssp. perenne* (*hp*= -1,0); *G.australe* x *ssp. obtusifolium*, *G.australe* x *ssp. nanking* (с бурым волокном), *G.nelsonii* x *ssp. nanking* (с бурым волокном) (*hp*= -1,1); *G.australe* x *ssp. obtusifolium var. indicum* (*hp*= -1,2).

Следовательно, признак «масса волокна одной коробочки» проявляет различную степень наследуемости в гибридах F₁, полученных на основе межгеномных скрещиваний между индокитайских и австралийских видов хлопчатника.

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ДИФФЕРЕНЦИАЦИЯ И ФИЛОГЕОГРАФИЯ ТИХООКЕАНСКОЙ КОРЮШКИ *Osmerus mordax dentex*

Скурихина Л. А., Олейник А. Г., Ковпак Н. Е., Кухлевский А. Д.¹

1. Институт биологии моря им. А. В. Жирмунского ДВО РАН

Автор, ответственный за переписку: Любовь Андреевна Скурихина, skurikhina@gmail.com

Тихоокеанская (азиатская зубатая, *pacific* или *arctic rainbow smelt*) корюшка *O. m. dentex* представляет несомненный интерес для выяснения разных аспектов эволюции циркумполярных видов рыб. Применение филогеографического подхода позволяет сравнить генетическое разнообразие и особенности популяционной структурированности вида, современный ареал которого занимает территории, находившиеся в прошлом как под воздействием ледниковых покровов, так и не подвергавшихся оледенениям.

На оригинальном материале мы оценили влияние глобальных климатических и геологических изменений на формирование популяционно-генетической структуры *O. m. dentex* на большей части ареала (Баренцева, Карского, Берингова, Охотского и Японского морей). Анализ распределения молекулярного разнообразия митохондриальной ДНК, показатели внутривидовой дивергенции, кластер-анализ свидетельствуют о слабой пространственной дифференциации *O. m. dentex*, поскольку основная часть молекулярного разнообразия тихоокеанской корюшки заключена внутри выборок (89 - 98%). Вероятно, современная генетическая структура таксона отражает историческую изоляцию популяций в предковом рефугиуме, с последующим расселением вдоль восточного и арктического побережий Евразии в периоды трансгрессий мирового океана. Мы предполагаем, что основной рефугиум *O. m. dentex* находился в северо-западной Пацифике. Несколько фактов поддерживают это предположение: (1) распределение гаплотипического разнообразия и основных филогенетических групп, выделенных на основе генеалогического анализа, в направлении от Японского моря к Берингову и морям Арктического бассейна; (2) вероятная фрагментация ареала с границей по проливу Невельского, связанная с бассейнами Японского и Охотского морей; (3) палеогеографические реконструкции на территории предполагаемого рефугиума. Кроме основного, показано существование в позднем плейстоцене дополнительного небольшого рефугиума в Белом море. Получено подтверждение выдвинутой ранее гипотезы (Oleinik et al., 2007), что Японское море и южная часть Охотского моря являются одним из центров видообразования рыб, и, одновременно, рефугиумом в плиоцене-плейстоцене.

СОМАТИЧЕСКАЯ СТРУКТУРНАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ГЕНОМА ПРИ АТЕРОСКЛЕРОЗЕ У ЧЕЛОВЕКА

Слепцов А.А.¹, Назаренко М.С.¹, Скрыбин Н.А.¹, Денисов Е.В.², Таширева Л.А.², Лебедев И.Н.¹, Пузырев В.П.¹

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, г. Томск
2. Томский НИМЦ, г. Томск

Автор, ответственный за переписку: Алексей Антольевич Слепцов,
alexei.sleptcov@medgenetics.ru

Как известно, соматические вариации генома участвуют в патогенезе широкого спектра заболеваний человека. Тем не менее, вклад соматических вариаций генома в развитие атеросклероза недооценен. Стоит отметить, что существуют отдельные сообщения об аномалиях кариотипа в гладкомышечных клетках артерий с атеросклеротическими изменениями, полученные с использованием методов классической цитогенетики.

Цель настоящего исследования заключалась в оценке спектра структурных вариаций генома макрофагов, выделенных из области атеросклеротических бляшек коронарных артерий, и лейкоцитов больных атеросклерозом (n=8). Структурная вариабельность генома между двумя типами клеток оценивалась с помощью матричной сравнительной геномной гибридизации (array-CGH, SurePrint G3 Human CGH Bundle, 8x60K), после проведения иммуногистохимического окрашивания свежемороженых образцов коронарных артерий с использованием антител к рецептору CD68 (клон KP1, RTU, Dako), последующей лазерной микродиссекции (Carl Zeiss PALM MicroBeam, Carl Zeiss) и полногеномной амплификации пула макрофагов и лейкоцитов (PicoPLEX WGA kit, Rubicon Genomics). Статистический анализ проводился в программной среде R с использованием пакетов limma, CGHcall, DNACopy, BSgenome, doParallel.

В среднем на образец макрофагов в сравнении с лейкоцитами приходилось 16 изменений числа копий участков ДНК (CNAs - copy number alterations). В 60% случаев наблюдались амплификации. В 6-ой и 9-ой хромосомах с относительно высокой частотой встречались CNAs, 15 и 12, соответственно. В 5-ти образцах макрофагов выявлена трисомия по 22-ой хромосоме, в трех образцах по 19-ой хромосоме, в остальных случаях наблюдались единичные анеуплоидии. Стоит отметить, что в 6-ти образцах макрофагов была выявлена амплификация в хромосомном регионе 9q34.3, размером 2,5 млн.п.о. (arr[hg19]9q34.3(138517786-141008863)x3).

Таким образом, атеросклеротическое поражение артерий сопровождается разнообразными соматическими структурными изменениями генома макрофагов и лейкоцитов.

Исследование поддержано грантом РФФ (№ 14-15-00305).

ИДЕНТИФИКАЦИЯ НОВЫХ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ К ЛИСТОВОЙ РЖАВЧИНЕ ПШЕНИЦЫ (*T. aestivum* L.) НА ОСНОВЕ ГЕНОМНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Слугина М.А.¹, Кочиева Е.З.^{1,2}, Филюшин М.А.², Марданов А.В.², Скрыбин К.Г.^{1,2}

1. Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, кафедра биотехнологии, Москва, Россия
2. Федеральный исследовательский центр Фундаментальные основы биотехнологии Российской академии наук, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Елена Зауровна Кочиева, kochieva@biengi.ac.ru

Известно, что потери урожая мягкой пшеницы от листовой ржавчины (возбудитель *Puccinia triticina*) могут достигать 30-50%. Эффективная защита мягкой пшеницы от листовой ржавчины предполагает поиск новых генов резистентности.

Было проведено секвенирование 500 ВАС-клонов из ген-обогащённых районов хромосом мягкой пшеницы, в результате получено 2,065 млрд. нуклеотидов. С использованием биоинформационных методов проведен анализ последовательностей контигов и было выявлено 8908 генов, включая последовательности 21 нового гена устойчивости, имеющих NBS-домены. Среди них было идентифицировано 3 новых гена пшеницы, высоко гомологичных известным *Lr*-генам устойчивости к листовой ржавчине: *Lr34B* и *Lr34B-1*, гомологичные известному гену *Lr34* и ген *Lr10-1*- гомологичный гену *Lr10*. Длина найденных новых последовательностей генов-гомологов составила 12747 п.н. (*Lr34B*), 12636 п.н. (*Lr34B-1*) и 3900 п.н. (*Lr10-1*). Идентифицированы границы интронов и экзонов генов, охарактеризована их вариабельность. В целом, идентифицированные последовательности генов-гомологов *Lr34* характеризовались высокой консервативностью. Общий уровень вариабельности последовательностей составил 3,71% для *Lr34B* и 4,27% для *Lr34B-1*. Уровень полиморфизма аминокислотных последовательностей *Lr10* и *Lr10-1* составил 18 %. Исходя из наличия всех необходимых функциональных доменов и мотивов, сделано предположение, что данные гены, подобно *Lr34* и *Lr10*, могут определять устойчивость пшеницы к листовой ржавчине и в дальнейшем использоваться для селекции новых устойчивых форм мягкой пшеницы.

Работа выполнена при финансовой поддержке субсидии Министерства образования и науки №14.604.21.0107 (RFMEFI60414X0107).

БАЗА ДАННЫХ ГЕНОВ УСТОЙЧИВОСТИ ПШЕНИЦЫ К ПАТОГЕННЫМ ГРИБАМ

Смирнова О.Г.¹, Кочетов А.В.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», Новосибирск, Россия; Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», Новосибирск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Ольга Григорьевна Смирнова, planta@bionet.nsc.ru

В последние годы идентифицировано большое число генов, принимающих участие в формировании защитного ответа пшеницы и ее сородичей к действию патогенных грибов. База данных генов устойчивости растений к грибным патогенам (PRG, Pathogenesis-Related Genes) расположена по адресу http://srsb.bionet.nsc.ru/srsbbin/cgi-bin/wgetz?page+top+newId_ В базе представлены нуклеотидные последовательности генов устойчивости, а также данные об отдельных однонуклеотидных полиморфизмах генов, ассоциированных с различными уровнями устойчивости к заболеваниям. В базе представлена информация о продукте гена и его функциях. Приводятся данные о патогене и заболевании, хромосомной локализации гена устойчивости, даются ссылки на сопутствующие ресурсы. В базе приводится важная информация об изменении экспрессии гена в ответ на действие патогенов, гормонов, а также на изменения условий окружающей среды. Информация вносится в базу в результате аннотирования научных публикаций. В настоящее время в базе содержится информация о 66 генах, представленных 75 аллельными вариантами. База PRG разработана на платформе SRS, что позволяет проводить множественный поиск по полям базы. База данных PRG предназначена для исследователей, занимающихся изучением генетического контроля устойчивости к патогенам и созданием форм пшеницы с улучшенными свойствами.

Работа выполнена при финансовой поддержке субсидии Министерства образования и науки №14.604.21.0107 (RFMEFI60414X0107).

РОЛЬ СИСТЕМЫ piРНК-САЙЛЕНСИНГА В ДИФФЕРЕНЦИРОВКЕ ГЕРМИНАЛЬНЫХ СТВОЛОВЫХ КЛЕТОК В ЯИЧНИКАХ *Drosophila*

Соколова О.¹, Харитонов С.¹, Кленов М.¹

1. Отдел молекулярной генетики клетки, Институт молекулярной генетики РАН, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Олеся Соколова, sokolova@img.ras.ru

Система piРНК-сайленсинга в соматических клетках яичников *Drosophila* необходима как для репрессии мобильных элементов, так и для самообновления и дифференцировки герминальных стволовых клеток (ГСК). В настоящее время не известны причины нарушения дифференцировки ГСК у мутантов по соматическим компонентам piРНК-пути. Предполагается, что наблюдаемые нарушения вызваны либо дерепрессией мобильных элементов, либо влиянием piРНК-системы на клеточные гены и/или клеточные сигнальные пути.

Мутации piРНК-связывающего белка Piwi и соматического piРНК кластера *flamenco* приводят к образованию опухолеподобных структур в гермариях яичников *Drosophila*. Данные структуры состоят из нескольких десятков недифференцированных герминальных клеток, тогда как в норме гермарии содержат в среднем три таких клетки. Мы показали, что данные клетки не экспрессируют фактор дифференцировки *Bam*, экспрессия которого регулируется с помощью сигнального пути BMP. Этот путь необходим для передачи сигналов от соматических клеток ниши к ГСК, обеспечивая поддержание их определенного количества. Кроме того, герминальные опухоли могут возникать из-за гибели или повреждения соматических эскортных клеток, которые формируют нишу для дифференцировки ГСК. Обнаружено, что число таких клеток у *flamenco* мутантов уменьшается незначительно, и, по-видимому, это не является основной причиной образования опухолей в яичниках. Мы также показали, что уровни дерепрессия транспозонов у различных *flamenco* мутантов не коррелируют с тяжестью опухолевых фенотипов (количеством недифференцированных ГСК).

Мы провели анализ транскриптома (RNA-seq) у мутантов *piwi* на фоне нарушения гена *bam*, что позволяет исследовать экспрессию генов на ранних этапах оогенеза. С помощью такого подхода нами было выявлено несколько компонентов сигнальных путей, которые нарушаются в клетках ниши при нарушении соматической piРНК-системы, что, в свою очередь, может быть причиной неопластической трансформации герминальных клеток.

Работа поддержана грантом РФФИ мол_a 16-34-01015.

ОСОБЕННОСТИ КОНКУРЕНТНОГО СИНАПСИСА ГОМЕОЛОГИЧНЫХ ХРОМОСОМ В МЕЙОЗЕ ПРИВОДЯТ К ТЕРАТОЗООСПЕРМИИ У ТРИПЛОИДНЫХ ГИБРИДОВ АРМЯНСКИХ СКАЛЬНЫХ ЯЩЕРИЦ

Спангенберг В.Е.¹, Аракелян М.С.², Галоян Э.А.³, Матвеевский С.Н.¹, Петросян Р.К.², Даниелян Ф.Д.², Коломиец О.Л.¹

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва, Россия
2. Ереванский государственный университет, биологический факультет, Ереван, Армения
3. Зоологический музей, Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Автор, ответственный за переписку: Виктор Евгеньевич Спангенберг, vspangenberg@gmail.com

Естественная гибридизация двуполовых видов скальных ящериц рода *Darevskia*: *D.valentini* ($2n=38$) и *D.raddei nairensis* ($2n=38$) привела к появлению диплоидного клонального партеногенетического вида *D.unisexualis* ($2n=38$). Однако партеногенетические самки *D.unisexualis* могут скрещиваться с самцами *D.valentini*. Гибридные особи от таких скрещиваний, как правило, триплоидны ($3n=57wZZ$). Среди них встречаются как самцы, так и самки.

Настоящая работа посвящена исследованию сперматогенеза у самцов *D.valentini* и *D.raddei nairensis*, самцов триплоидных гибридов *D.valentiniXD.unisexualis*, выловленных нами в зонах совместного обитания родительских видов.

Впервые проведено сравнительное электронно-микроскопическое и иммуно-цитохимическое исследование распластанных ядер сперматоцитов I порядка диплоидных ящериц и триплоидных гибридов с использованием антител к белкам осевых структур синаптонемных комплексов, белкам-маркерам репарации ДРДНК и мейотической рекомбинации. У диплоидных самцов детали синапсиса хромосом принципиально не отличаются от того, что известно о синапсисе у самок млекопитающих. Это сходство объясняется тем, что у ящериц гомозиготны (ZZ) самцы. Кариотип триплоидов складывается из двух условно гомологичных наборов хромосом: один от самца, второй от самки *D.unisexualis*, и третий, гомеологичный им (*D.raddei nairensis*) - от самки *D.unisexualis*. В профазе I мейоза это должно приводить к формированию 18 аутомных СК-тривалентов, в которых по три аутосомы синаптируют "бок о бок", и полового wZZ-тривалента, или ZZ-бивалента и w-унивалента.

Нами впервые проанализированы детали конкурентного синапсиса хромосом, хронология мис-матч репарации в профазе I мейоза. Ни в одной из 120 исследованных клеток синапсис и репарация ДР не были завершены полностью. Однако у трех из четырех триплоидов обнаружены зрелые, но атипичные сперматозоиды, впервые исследованные нами электронно-микроскопически. Причиной выраженной тератозооспермии может являться анеуплоидия сперматозоидов, вызванная, скорее всего, нарушением синапсиса и хиазмобразования в мейозе. Работа поддержана грантом РФФИ №15-54-05058Арм_a/15-RF-048.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТИ ТРАДИЦИОННЫХ МОЛЕКУЛЯРНЫХ МАРКЕРОВ *ITS1* И *ITS2* НА ВНУТРИОРГАНИЗМЕННОМ УРОВНЕ В ПАПОРОТНИКАХ РОДА *Dryopteris* С ПОМОЩЬЮ ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНОГО СЕКВЕНИРОВАНИЯ

Сперанская А.С.¹, Криницына А.А.¹, Логачева М.Д.², Купцов С.В.³, Беленикин М.С.¹

1. МГУ им. М.В.Ломоносова, биологический факультет
2. МГУ им. М.В.Ломоносова, факультет биоинформатики и биоинженерии
3. МГУ им. М.В.Ломоносова, ботанический сад

Автор, ответственный за переписку: Анна Сергеевна Сперанская, hanna.s.939@gmail.com

Вариабельность традиционных маркеров имеет важное практическое значение для идентификации и реконструкции предыстории видов, а также популяционной генетики. Одним из наиболее широко используемых молекулярных маркеров, применяемых для баркодирования растений, являются внутренние транскрибируемыми спейсеры большой субъединицы рибосомальной ДНК. Традиционный подход к определению последовательностей *ITS1* и *ITS2*, фланкирующих 5,8S рРНК, подразумевает их амплификацию с последующим секвенированием по Сэнгеру. Ограничения этого метода таковы, что полиморфизм анализируемых участков, не может быть определен, если содержание минорного варианта в смеси составляет менее 20% (Zagordi и др. 2010). Альтернативный подход (высокопроизводительное секвенирование) обладает значительно большей чувствительностью и позволяет идентифицировать наличие менее 1% минорных вариантов (Debeljak и др. 2015). Мы исследовали растения рода *Dryopteris*, которому свойственна сетчатая эволюция: большое количество близкородственных, морфологически плохо отличимых видов этого рода предположительно являются следствием многократного скрещивания и диверсификации предковых форм. Высокопроизводительное секвенирование участка ядерного генома *ITS1-5.8S rRNA-ITS2* показало, что в геноме некоторых представителей этого рода присутствует несколько вариантов последовательностей *ITS1* и *ITS2*. Так, в одном растении *Dryopteris blanfordii* subsp. *nigrosquamosa* (Ching) Fraser-Jenkins было найдено два варианта: минорный (по нашим оценкам, он был представлен 14% ридов) и мажорный (86% ридов), которые отличались друг от друга в 10 нуклеотидных позициях. В работах Campbell *et al.* 1997, Muir *et al.* 2001, Feliner *et al.* 2004, Zagordi *et al.* 2010 было показано, что вариабельность маркерного региона *ITS1-5.8S rRNA-ITS2* обнаруживается также у других видов растений. Возможно, внутривидовой или внутриорганизменный полиморфизм маркеров *ITS1* и *ITS2*, значительно более распространенное явление, чем было принято считать до недавнего времени.

Работа поддержана грантами РФФИ №14-04-01852а и №РНФ 14-50-00029

ФОРМИРОВАНИЕ *Homo sapiens sapiens* В ВЕРХНЕМ ПАЛЕОЛИТЕ ПО ДАННЫМ СОВРЕМЕННОЙ ГЕНЕТИКИ В РАМКАХ КОНЦЕПЦИИ Н.И. ВАВИЛОВА

Спицына Н.Х.¹, Спицын В.А.²

1. ИЭА РАН
2. ФБГУН "МГНЦ"

Автор, ответственный за переписку: Виктор Алексеевич Спицын, nailya.47@mail.ru

Это сообщение, включая собственные данные, посвящено актуальной проблеме хронологической периодизации в эволюции *Homo sapiens* и обоснованию концепции комплексных исследований с привлечением различных дисциплин. Современная информация по молекулярно-генетическому разнообразию человека позволяет объективно рассматривать этапы формирования человека современного вида. Подчеркивается точка зрения о неравнозначной таксономической ценности полиморфных генов в решении вопросов эволюционной истории *Homo sapiens*. Не обязательно, что увеличение численности генетических систем ведет к получению более точных и надежных результатов в решении проблем становления человека современного вида. Рассмотрена динамика эволюционных процессов в крупных группах современного человека с использованием таксономически эффективных генетических маркеров АРО Е и иммуноглобулинов Gm. Анализ обширной базы данных, включающей мировые и собственные данные о распределении генотипов и аллелей гена АРО Е, показал, что предковая форма АРО Е*4 с наиболее высокой частотой сосредоточена в периферических популяциях ойкумены. Для исследования привлечена обширная база данных о палеоантропологических находках верхнего палеолита. Полагается, что векторы распространения *Homo sapiens* из Восточной тропической Африки по ойкумене соответствуют специфической волновой динамике. Формирование крупных популяционных систем в верхнем палеолите определялось серией последовательных дискретных во времени волн. Эволюцию человека в пространстве и времени нельзя рассматривать изолированно от воздействия окружающей среды. Подчеркивается необходимость комплексного подхода к его изучению. В сообщении приводятся современные данные о сопряженной эволюции человека и эндогенных ретровирусов, а также материалы по метагеномике и нутригеномике.

ИЗУЧЕНИЕ И СОЗДАНИЕ ОКТОПЛОИДНЫХ И ГЕКСАПЛОИДНЫХ ТРИТИКАЛЕ С РАЗНЫМИ ДОМИНАНТНЫМИ ГЕНАМИ *Vrn*

Стёпочкин П.И.¹

1. СибНИИРС - филиал ИЦиГ СО РАН

Автор, ответственный за переписку: М.В.Емцева, emtseva@bionet.nsc.ru

В искусственных и естественных условиях выращивания в СибНИИРС – филиал ИЦиГ СО РАН были изучены октоплоидные (8х) тритикале, несущие по одному из доминантных генов *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Vrn-D4*, полученные ранее путём скрещивания изогенных линий мягкой пшеницы Triple Dirk, несущих эти гены, с озимой диплоидной рожью Короткостебельная 69, и последующего удвоения числа хромосом у гибридов F₁ (Стёпочкин, 2009). В каждой комбинации скрещивания было создано по несколько семей. Разные семьи тритикале с одним доминантным геном *Vrn* иногда значительно различались по времени колошения; в некоторых семьях с доминантными генами *Vrn-D1* и *Vrn-D4* среди яровых растений наблюдалось выщепление озимых растений и двуручек. Такие различия по времени колошения можно объяснить потерей хромосом вследствие анеуплоидии, характерной для 8х тритикале, а также возможной гетерогаметностью родительской формы ржи вследствие склонности её к перекрёстному опылению.

78 яровых гексаплоидных (6х) сортов и образцов тритикале из мировой коллекции ВИР выколашивались раньше, чем 8х тритикале с доминантными генами *Vrn*, что подтверждает данные о том, что 8х тритикале более позднеспелые, чем 6х тритикале (Каминская и др., 2005). Во II сроке посева (через 18 дней после I срока) большинство образцов тритикале (82%) выколашивалось на 1-9 дней раньше, на что, возможно, повлияло сокращение во II сроке посева у большинства образцов на 1-7 дней длительности межфазного периода «всходы – первый узел».

Нами создаются 8х тритикале с комбинациями двух разных доминантных генов *Vrn*, а также 6х тритикале, несущие по одному из доминантных генов *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1*, *Vrn-D4* – путём деполиплоидизации 8х тритикале, несущих эти гены. Работа поддержана бюджетным проектом ИЦиГ СО РАН №0324-2015-0005.

НАРУШЕНИЕ СИСТЕМЫ piРНК У ДРОЗОФИЛЫ ПРИВОДИТ К НАКОПЛЕНИЮ ФРАГМЕНТОВ pРНК

Столяренко А.Д.¹, Кленов М.С.¹

1. Институт молекулярной генетики РАН

Автор, ответственный за переписку: Анастасия Дмитриевна Столяренко,
mailstol@yandex.ru

Эволюционно-консервативная система piРНК в гонадах животных от дрозофилы до млекопитающих является защитным механизмом для предотвращения вредоносной экспрессии транспозонов, сопровождающейся бесплодием. Известно, что ключевым компонентом системы piРНК у дрозофилы является консервативный белок Piwi, связывающий короткие piРНК. Формирование комплексов Piwi с piРНК позволяет белку Piwi локализоваться в ядрах герминальных клеток. Нами ранее было впервые показано, что сайтом концентрации Piwi в ядре является ядрышко - место синтеза и созревания рибосомных РНК (pРНК). Большая часть других белков, необходимых для функционирования системы piРНК, локализуется в цитоплазме (например, РНК-хеликазы Armi и Spn-E).

Мутации гена *piwi*, приводящие к запрету локализации белка Piwi в ядре или отсутствию его образования, вызывают накопление фрагментов pРНК разного размера, детектируемых Нозерн-анализом. Эти фрагменты образуются также на фоне нарушения РНК-хеликазы Armi, участвующей в формировании комплексов Piwi с piРНК, но не РНК-хеликазы Spn-E. Таким образом, отсутствие ключевого белка системы piРНК Piwi в ядре коррелирует с накоплением фрагментов pРНК.

Работа поддержана грантом РФФИ № 16-34-01014.

ХАРАКТЕРИСТИКА ГЕНОФОНДОВ ОТЕЧЕСТВЕННЫХ ПОРОД КУР С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЯДЕРНЫХ И МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ДНК-МАРКЕРОВ

Сулимова Г.Е.¹, Оюн Н.Ю.¹, Севастьянова А.А.², Александров А.В.², Вахрамеев А.Б.³,
Алимов А.А.¹

1. ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН
2. ФГБУН Всероссийский научно-исследовательский и технологический институт птицеводства
3. ГНУ Всероссийский научно-исследовательский институт генетики и разведения сельскохозяйственных животных

Автор, ответственный за переписку: Галина Ефимовна Сулимова, galina_sulimova@mail.ru

Современное состояние генофондов отечественных пород кур (орловской ситцевой, юрловской голосистой, павловской (реконструированной) и русской белой) охарактеризовано с использованием трех ДНК-маркерных систем (полиморфизм мтДНК, микросателлитный анализ, межмикросателлитный анализ). На основе анализа нуклеотидных замен в гипервариабельном контрольном сегменте D-петли описаны гаплотипы и гаплогруппы мтДНК в исследованных породах. У орловских ситцевых кур выявлено 7 гаплотипов, относящихся к четырем гаплогруппам: А, В, С и Е, у русской белой – 2 гаплотипа (гаплогруппа Е), у юрловской голосистой – 4 гаплотипа (гаплогруппа Е). Описаны новые гаплотипы, встречающиеся только у юрловской голосистой (Ela001a) и у орловской ситцевой (ORL-2) пород. У большинства изученных особей мтДНК относится к гаплогруппе Е, гаплогруппы А, В и С встречаются у единичных особей в популяции генофондного хозяйства ВНИИГРЖ и в частном секторе. Впервые среди отечественных пород выявлено несколько особей с гетероплазмией (т.е. одна особь содержала два гаплотипа мтДНК). Это достаточно редкое явление и в литературе описаны лишь несколько случаев гетероплазмии мтДНК у кур.

Для оценки геномного полиморфизма отечественных пород кур применен метод межмикросателлитного анализа (ISSR). Исследованные породы имеют сходный характер спектра ISSR-фрагментов и различаются, главным образом, по их частотам. Показан высокий уровень генетического сходства между отечественными породами кур. Наибольшие отличия отмечены для орловской ситцевой. Изучен аллельный полиморфизм высокополиморфного микросателлитного маркера LEI0258, тесно сцепленного с гаплотипами главного комплекса гистосовместимости, у орловской породы кур ситцевой разновидности. Наиболее высокий уровень генетического полиморфизма по всем трем маркерным системам отмечен для популяции орловских ситцевых кур из ВНИИГРЖ. Продемонстрировано, что использованный комплексный подход позволяет четко дифференцировать породы и популяции кур и выявлять их генетические особенности.

СОПРЯЖЁННАЯ СЕЛЕКЦИЯ: ТЕОРИЯ И ПРАКТИКА

Сюков В.В.¹, В.Г. Захаров², В.Г. Кривобочек³, В.И. Никонов⁴, Н.З. Василова⁵, В.А. Ганеев⁶, А.И.Менибаев¹

1. ФГБНУ Самарский НИИСХ им.Н.М.Тулайкова, г.Безенчук, Россия
2. ФГБНУ Ульяновский НИИСХ, п.Тимирязевский, Россия
3. ФГБНУ Пензенский НИИСХ, п.Лунино, Россия
4. ФГБНУ Башкирский НИИСХ, п.Чишмы, Россия
5. ФГБНУ Татарский НИИСХ, г.Казань, Россия
6. ТОО НПФ «Фитон», п.Карабалык, Казахстан

Автор, ответственный за переписку: Валерий Владимирович Сюков

Отбор высокогемеоадаптивных сортов на основе реакций экспрессии полигенов, адекватных изменению комплекса факторов среды, и должно являться **предметом** экологической селекции. Создание сортов с широкой нормой реакции невозможно без учёта эпигенетической (генотип-средовой) составляющей, а, значит и без создания искусственного экологического градиента. Именно использование такого искусственного экологического градиента, именуемого нами «экологический вектор», является основным **методом** экологической селекции.

Техника применения этого метода может быть различной, но все эти методики, в конечном счете, можно свести к двум типам. Во-первых, это так называемая «**челночная селекция**».

Второй тип организации экологической селекции можно назвать «**сопряжённой селекции**». Он организован под названием программа «Экада» и включает три основных модуля. 1. Формирование **экологического вектора** – совокупности естественных сред, которая способствует эффективному отбору по генотип-средовой компоненте вдоль создаваемого ею градиента; 2. Выбор статистических параметров, адекватно оценивающих различия по **гемеоадаптивности**; 3. Создание схемы движения селекционного материала вдоль экологического вектора.

Экологический вектор «Экада» представлен шестью экологическими точками в исторически сложившихся селекционных центрах: ГНУ Самарский НИИСХ Россельхозакадемии (Безенчук, далее **Б**), ГНУ Ульяновский НИИСХ Россельхозакадемии (Тимирязевский, далее **У**), ГНУ Пензенский НИИСХ Россельхозакадемии (Лунино, далее **Л**), ГНУ Башкирский НИИСХ Россельхозакадемии (Чишмы, далее **Ч**), ГНУ Татарский НИИСХ Россельхозакадемии (Казань, далее **К**), НПФ «Фитон» (Карабалык, Кустанайская область, Р Казахстан, далее **Ф**).

Практическим результатом работы временного творческого коллектива «Экада» стало создание серии сортов яровой мягкой пшеницы. Экада 6 (Крестьянка/Самсар), Экада 70 (Волжанка/Нја 21677//Тулайковская юбилейная), Экада 66 (Волжанка/Нја 21677//Тулайковская юбилейная), и Экада 109 (Отечественная / Лютесценс 62//Саратовская 29/3/Безостая 1/Саратовская 29 /4/Кутулукская /5/ Л-503/6/ Харьковская 12) и Экада 113 (Скала БР-2098/Юлия) включены в Госреестр селекционных достижений РФ.

ГЕНОФОНД НОГАЙЦЕВ В КОНТЕКСТЕ НАРОДОВ СТЕПНОГО ПОЯСА ЕВРАЗИИ (ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ)

Схаляхо Р.А.¹, Юсупов Ю.М.², Идрисов Э.Ш.³, Рыскулов Р.М.², Елманбетов З.С.⁴, Асылгужин Р.Р.², Жабагин М.Д.⁵, Агджоян А.Т.⁶, Дибирова Х.Д.¹, Кагазежева Ж.А.⁷, Альборова И.Э.⁸, Почешхова Э.А.⁷, Балановский О.П.⁶

1. Медико-генетический научный центр (МГНЦ), г. Москва, Россия; Институт общей генетики РАН (ИОГен РАН), г. Москва, Россия
2. ГАНУ «Институт стратегических исследований Республики Башкортостан», Уфа, Россия
3. Астраханский филиал Российской академии народного хозяйства при Президенте РФ, Астрахань, Россия
4. Администрация Нефтекумского района Ставропольского края, Нефтекумск, Россия
5. National Laboratory Astana, Назарбаев Университет, Астана, Казахстан, e-mail: sh
6. Институт общей генетики РАН (ИОГен РАН), г. Москва, Россия; Медико-генетический научный центр (МГНЦ), г. Москва, Россия
7. ФГБОУ ВО Кубанский государственный медицинский университет Минздрава России, Краснодар
8. ФГАОУ ВО «Московский физико-технический институт (государственный университет), Долгопрудный

Автор, ответственный за переписку: Роза Арамбиевна Схаляхо, shalyaho.roza@yandex.ru

Реконструкция этногенеза народонаселения на основе изучения его генетического разнообразия является одной из наиболее интенсивно изучаемых проблем на стыке гуманитарных и естественных наук, при этом Y-хромосома выступает новым и надежным историческим источником. По отцовской линии наследования (единой панели SNP и STR маркерам Y-хромосомы) изучены четыре группы ногайцев: астраханские (N=72), ставропольские (N=62), кубанские (N=90) ногайцы и караногайцы Дагестана (N=150). Обширный спектр выявленных вариантов (Y-гаплогрупп) указывает на значительную гетерогенность генофонда ногайцев в целом. К наиболее частым относятся гаплогруппы **R1a** (29%), **C3** (16%), **R1b** (13%) и **N1c** (11%). Но каждая из четырех групп ногайцев отличается столь своеобразным «генетическим портретом», что ни одна из этих гаплогрупп не является доминирующей во всех популяциях: астраханские ногайцы отличаются сочетанием высоких частот гаплогрупп **C3** и **J2**, кубанские ногайцы – необычайно высоким уровнем гаплогруппы **R1a** и её «европейской» субветви **R1a-M458**, караногайцы – мажорной гаплогруппой **N1c**, а ставропольские – редким для Европы сочетанием гаплогрупп **R1a** и **C3**. Анализ положения изученных популяций в генетическом пространстве народов Евразии показал резкие различия между генофондами ногайцев даже в евразийском масштабе и их отдаленность от генофондов татар Поволжья. Истоки столь ярко выраженного своеобразия генофонда каждой из четырех групп ногайцев интерпретированы на основе результатов полного секвенирования Y-хромосомы для северо-евразийской гаплогруппы **N1c** и центрально-азиатской гаплогруппы **C3**; выявления новых субветвей филогенетических деревьев этих гаплогрупп; массового скрининга распространения выявленных субветвей в популяциях ногайцев и связанных в этногенезе татар Поволжья, башкир, казахов и других народов Евразии; выявления генетических потоков, принесших эти гаплогруппы в генофонды ногайцев. РНФ № 14-14-00827, РФФИ № 16-06-00364_a, РФФИ № 16-06-00303_a, РФФИ № 16-36-50051 мол_нр

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНА *VKORC1* (*C1173T*) У ПОТОМКОВ СМЕШАННЫХ БРАКОВ ТУНДРОВЫХ НЕНЦЕВ С РУССКИМИ

Табиханова Л.Э.¹, Осипова Л.П.^{1,2}, Чуркина Т.В.¹, Воронина Е.Н.^{2,3}, Филипенко М.Л.^{2,3}

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», Новосибирск, Россия
2. Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», Новосибирск, Россия
3. Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт химической биологии и фундаментальной медицины Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

Автор, ответственный за переписку: Людмила Эдмундовна Табиханова, tabikhan@bionet.nsc.ru

Ген *VKORC1* кодирует субъединицу 1 комплекса эпоксидредуктазы витамина К. Этот фермент переводит неактивную форму витамина К в активную, участвующую в посттрансляционном карбоксилировании витамин-К-зависимых факторов свертывания крови. Полиморфные варианты гена *VKORC1* связывают с индивидуальными различиями в функциональной активности фермента, поэтому знания генотипа пациента могут использоваться в фармакогенетических алгоритмах назначения антикоагулянтов. В данной работе был исследован полиморфизм гена *VKORC1* (*C1173T*) (rs9934438). У людей с мутантным генотипом *VKORC1 1173 T/T* скорость синтеза и концентрация фермента витамин К-эпоксидредуктазы минимальны, что обуславливает склонность к гипокоагуляции, и является протективным фактором относительно венозной тромбоэмболии. При лечении сердечно-сосудистых заболеваний таким пациентам следует уменьшать дозу антикоагулянтов. Генотип *VKORC1 1173 C/C*, напротив, обуславливает максимальную активность фермента, и повышенный риск гиперкоагуляции. Исследования распространённости варианта *VKORC1 1173T* проведены во многих мировых популяциях, в том числе у тундровых ненцев Ямало-Ненецкого автономного округа (Корчагина и др., 2012). Было показано, что у ненцев частота аллеля *1173T* равна 74,7 %, что достоверно выше ($p < 0,001$), чем в выборке русских Северной Сибири - 36,8 %. Таким образом, у ненцев прогнозируется сниженный популяционный риск развития тромбозоассоциированных заболеваний, по сравнению с русскими. В настоящее время наблюдается увеличение числа браков между коренными жителями Сибири и пришлым населением, поэтому изучение полиморфизма *VKORC1* (*C1173T*) у метисов представляется актуальным. Нами изучено 155 потомков 1-го и 2-го поколений от смешанных браков ненцев с русскими. Генотипирование проводили с помощью ПЦР в режиме реального времени с использованием конкурирующих TaqMan-зондов. Вариант *1173T* в метисной выборке встретился с промежуточной частотой 55,8 %. Таким образом, генофонд потомков смешанных браков ненцев с русскими отличается от родительских популяций, и в настоящей выборке можно предположить некоторое повышение риска тромбозоассоциированных заболеваний по сравнению с ненцами.

Поддержано комплексной программой Сибирского отделения РАН II.2. № 0324-2015-0006.

ХАРАКТЕРИСТИКА СОРТА ЧАБЕРА ГОРНОГО СОРТА АЛЬФА-14 ПО НЕКОТОРЫМ ХОЗЯЙСТВЕННО ПОЛЕЗНЫМ ПРИЗНАКАМ

Тимчук К.С.¹, Железняк Т.Г.¹, Ворнику З.Н.¹

1. Институт генетики, физиологии и защиты растений АНМ

Автор, ответственный за переписку: Константин Степанович Тимчук,
galinajelezneac@gmail.com

В Молдове популяция чабера горного впервые была интродуцирована из Никитского ботанического сада, где почвенно-климатические условия оказались благоприятными для его возделывания. Были проведены работы по улучшению интродуцированной и получению улучшенной местной популяции этой культуры. В результате проведенных селекционных работ был создан новый высокопродуктивный зимостойкий и засухоустойчивый сорт чабера горного Альфа-14, приспособленного для возделывания в Республике Молдова. В данном сообщении приводится сравнительная характеристика продуктивности и качества нового сорта и улучшенной местной популяции (контроль). Сорт Альфа-14 значительно превосходит контроль по урожайности, содержанию и сбору эфирного масла, является среднеспелым, имеет компактную форму куста, что делает его пригодным для механизированной уборки. В третьем году вегетации (втором году учета урожайности) количество однолетних побегов достигло 720 против 520 у контроля, высота куста 50-52 см против 48 см, диаметр куста 79-82 см против 77 см. Урожайность за 2 года составила в среднем 9,4-10 т/га, у контроля 5,7-6,3 т/га. Содержание эфирного масла, полученного из надземной части растений в период массового цветения варьирует в пределах 0,583-0,629% в свежем сырье и 1,606-1,792% в абсолютно сухом и соответственно 0,461-0,503% и 1,379- 1,413% у контроля. Сбор эфирного масла в чабере горном сорта Альфа-14 достигает 57,1-59,0 кг/га, что превышает контроль на 95%. Масло чабера имеет сложный химический состав, включающий фенолы, углеводы, спирты, сложные эфиры и др. Хроматографически было идентифицировано свыше 20 компонентов, основными из которых являются фенолы (карвакрол и тимол), суммарное количество которых достигает 79-81% у чабера сорта Альфа-14 и 72% у контроля, в состав масла входит также пара-цимен 3,5-4,1%. Чабер горный сорта Альфа-14 включен в Регистр Сорт Растений Республики Молдова.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ КАНДИДАТНЫХ ГЕНОВ *Keratosis pilaris* НА ОСНОВЕ ЭКСПРЕССИОННОГО АНАЛИЗА У ПАЦИЕНТА С МИКРОДУПЛИКАЦИЯМИ 18p11.31-p11.32

Толмачева Е. Н.¹, Васильев С. А.¹, Кашеварова А. А.¹, Скрыбин Н. А.¹, Никитина Т. В.¹,
Лебедев И. Н.¹

1. НИИ медицинской генетики, Томский НИМЦ, г. Томск

Автор, ответственный за переписку: Екатерина Николаевна Толмачева,
kate.tolmacheva@medgenetics.ru

Keratosis pilaris является наиболее распространенной формой фолликулярного кератоза – группы наследственных нарушений, связанных с кератинизацией волосяных фолликулов, сопровождающейся воспалением и последующей атрофией. В нескольких исследованиях была показана ассоциация этого заболевания с частичной моносомией 18p и было высказано предположение, что хромосомная делеция может привести к манифестации рецессивной мутации, оказавшейся в гемизиготном состоянии на нормальном гомологе. Однако до настоящего времени ген заболевания так и не идентифицирован. Мы провели анализ экспрессии нескольких генов в культурах фибробластов пациента с *keratosis pilaris* и умственной отсталостью, на 18 хромосоме которого были обнаружены две микродупликации. Одна микродупликация в субсегменте 18p11.32 захватывала четыре гена - *NDS80*, *METTL4*, *SMCHD1* и *LOC645158*, а вторая микродупликация в 18p11.31, затрагивала 2-4 экзона гена *LAMA1*. Экспрессия генов *METTL4* и *SMCHD1* у пациента возрастала в среднем в 1,5-2 раза по сравнению с тремя здоровыми донорами, тогда как уровень экспрессии генов *NDC80* и *LAMA1* оставался неизменным. Кроме того, в два раза была понижена экспрессия одного из кандидатных генов заболевания *EMILIN2*, локализованного в субсегменте 18p11.32, но не затронутого делецией, тогда как экспрессия другого кандидатного гена *LPIN2* (18p11.31) не изменялась.

Гены *METTL4* и *SMCHD1* являются эпигенетическими регуляторами экспрессии генов и увеличение дозы их транскриптов может привести к репрессии таких генов как *EMILIN2*. Ген *LAMA1* тоже является кандидатным геном *keratosis pilaris* и дупликация в гене сама по себе может быть приводить к синтезу патологического белка и, соответственно, к формированию фенотипа заболевания.

Исследование выполнено при поддержке гранта РФФ № 14-15-00772.

ФОРМООБРАЗОВАТЕЛЬНЫЕ ПОСЛЕДСТВИЯ 19 ПОКОЛЕНИЙ ОТБОРА АМЕРИКАНСКИХ НОРОК (*Neovison vison*) ПО ПОВЕДЕНИЮ

Трапезов О.В., Трапезова Л.И.¹

1. Институт цитологии и генетики СО РАН

Автор, ответственный за переписку: Олег Васильевич Трапезов, trapezov@bionet.nsc.ru

Многолетний эксперимент по селекционному преобразованию оборонительной реакции норок клеточного разведения на человека показал, что на самых первых этапах такой отбор сопровождается изменением степени пигментации волосяного и кожного покрова. При этом селекция на агрессивность сопровождалась гиперпигментацией кожи и волоса. Молекулярно-генетический анализ показал, что у агрессивных норок присутствуют большие дупликации участков генома, содержащих различные гены. Один из них, продуцирует нейропептид нейротензин, экстракопии которого усиливают, как пигментацию, так и экспрессивность агрессивного поведения. В ходе отбора на ручное поведение зафиксировано появление *de novo* с частотой 10–3 двух полудоминантных мутаций окраски: Серебристая (S X/+) и Черный хрусталь (CR /+); а также с частотой 10–3, 10–4 морфологических аббераций: укорочение и спиральное закручивание хвоста, вислоухости. В 19-м поколении отбора на ручное поведение зарегистрировано появление *de novo* животных с ручным поведением, выходящим за пределы поведенческого полиморфизма, характерного для американских норок на промышленных зверофермах.

Экспериментальный материал также показал, что затрагиваемые отбором на поведение гены обладают также функцией генов скоростей развития. Так, разница в сроках открытия глаз между агрессивными и ручными норчатами составляет 4,1 суток ($P < 0.001$). Кроме того, зафиксированы гемопоэтические эффекты отбора по поведению: лейкоформула ручных норок выглядит “моложе”, чем у агрессивных. Такую задержку ювенильного признака в раннем постнатальном онтогенезе норок при отборе на ручное поведение следует отнести к явлению неотении. Можно допустить, что отбор по поведению приводит к сдвигу в тайминге эмбриогенеза, что сопровождается появлением в потомстве новых морфофизиологических свойств.

ОЦЕНКА ПЕРСПЕКТИВ ВОВЛЕЧЕНИЯ ОДНОЗЕРНЯНКИ КУЛЬТУРНОЙ В СЕЛЕКЦИОННЫЕ ПРОГРАММЫ ПО МЯГКОЙ И ТВЕРДОЙ ПШЕНИЦЕ

Третьякова П.Я.¹, Чередниченко М.Ю.¹

1. ФГБОУ ВО Российский государственный аграрный университет – МСХА имени К.А. Тимирязева

Автор, ответственный за переписку: Полина Яковлевна Третьякова,
polina.tretiakova@yandex.ru

Растущий интерес к питательным характеристикам пищевых продуктов и текущие тенденции в требованиях к продукции, которая помимо функции обеспечения организма питательными веществами должна обладать оздоровительными свойствами и предупреждать возникновение различных заболеваний, укрепили особую роль злаковых в питании человека и усилили внимание к некоторым видам, которые практически не используются в пищевой промышленности. Однозернянка культурная, *Triticum monosocum* L. subsp. *monosocum*, – диплоидный вид плёночной пшеницы, напрямую связанный с мягкой и твердой пшеницей, – рассматривается как высокопитательный злак, особенно богатый белком и антиоксидантами.

Однозернянка может составить идеальную модель для изучения многообразия важнейших признаков и генетического разнообразия после одомашнивания. По результатам некоторых исследований был сделан вывод, что однозернянка является многообещающим кандидатом для разработки новых специальных продуктов питания, обладающих высокими питательными характеристиками. Несмотря на некоторые отрицательные свойства (высокоактивная полифенолоксидаза, низкий уровень связанных полифенолов, ломкость колоса, низкая семенная продуктивность, позднеспелость и сложность вымолачивания), *T. monosocum* является хорошим донором полезных признаков, связанных с устойчивостью к различным заболеваниям, химическим составом и т.д., и может использоваться в селекционных программах для улучшения свойств мягкой и твердой пшеницы.

В ходе характеристики однозернянки как потенциального источника хозяйственно-ценных признаков был проведен анализ важнейших количественных и качественных признаков *T. monosocum* и определены признаки, в отношении которых может быть проведена селекция; оценено влияние генотипа на вариацию признаков; проанализирована взаимосвязь между изучаемыми признаками и выявлены корреляции между ними; рассчитана наследуемость важнейших количественных и качественных признаков.

Правильный подход к исследованию данного вида позволит обеспечить селекционеров генетическим материалом для проведения различных экспериментов, направленных на создание сортов, устойчивых к биотическим и абиотическим факторам, а также сортов с улучшенной питательной ценностью.

ЭКСПРЕССИЯ ГЕНОВ РАННЕГО ОТВЕТА И ПЕРЕКЛЮЧЕНИЕ ПРОГРАММ КЛЕТОЧНОГО ПОВЕДЕНИЯ ПРИ ЭНДОТОКСИКОЗЕ

Трофимов В.А.¹, Лопухова Е.Н.¹, Сидоров Д.И.¹, Трофимов А.В.¹, Пузанов С.Ю.¹, Громова И.А.¹

1. Национальный исследовательский Мордовский государственный университет им. Н. П. Огарёва

Автор, ответственный за переписку: Владимир Александрович Трофимов, geneticlab@yandex.ru

Гены раннего ответа, в число которых входят *c-fos*, *p53* и другие гены, кодирующие транскрипционные факторы, первыми реагируют изменением экспрессивной активности на различные внешние воздействия и участвуют в запуске и формировании адаптационно-компенсаторных реакций в клетках. Гены раннего ответа функционируют в самом верху иерархии сложноподчиненных генных сетей, управляющих жизненно важными клеточными процессами, в число которых входят рост, пролиферативная активность, жизнеспособность и другие. Главенствующая роль генов раннего ответа в регуляции клеточных, органных и организменных функций, определяет их возможное участие в развитии клеточных дисфункций как патогенетического звена различных заболеваний. Известно, что неадекватная продукция регуляторных белков, кодируемых генами раннего ответа, может способствовать развитию атеросклероза, ишемической болезни сердца, воспалению дыхательных путей, генерализованной липодистрофии и других. Гены раннего ответа имеют тонко организованную структурную организацию, с большим числом разно чувствительных к внешним воздействиям регуляторных элементов. Поэтому ключевую, но не однозначную роль в изменении экспрессивной активности генов раннего ответа могут играть генные мутации, включая однонуклеотидные полиморфизмы, возникающие в области промотора и регуляторно-значимых участках генома, приводящие к изменению экспрессивной активности генов. Нами исследуется роль генных мутаций в регуляторно-промоторных участках генов раннего ответа в развитии патогенетических механизмов эндотоксикоза, включающих глубокие биохимические перестройки и системные изменения метаболизма при хроническом воспалении. В реализации эндотоксического процесса роль генов *c-fos*, *p53* в изменении выраженности апоптотических процессов в организме определяется уровнем их экспрессивной активности, модулируемой мутационной изменчивостью, в зависимости от фона провоспалительных медиаторов и факторов, степени тяжести выраженности эндотоксикоза. Полученные данные позволяют рассматривать изменения экспрессивной активности генов раннего ответа как важнейший молекулярно-генетический механизм возникновения патофизиологических изменений в организме при эндотоксикозе.

НОНСЕНС-МУТАЦИИ В ГЕНЕ *SUP35* КАК МОДИФИКАТОРЫ АМИЛОИДОГЕНЕЗА В ДРОЖЖАХ *Saccharomyces cerevisiae*

Трубицина Н.П.¹, Землянко О.М.², Бондарев С.А.², Журавлёва Г.А.²

1. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет
2. Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, Лаборатория амилоидов, Санкт-Петербургский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Нина Павловна Трубицина, studentka_tno@mail.ru

Различные нарушения в белке могут приводить к его аномальной агрегации. Известны амилоидные и прионные заболевания человека и млекопитающих, ассоциированные с нонсенс-мутациями. Возникающие в этом случае укороченные фрагменты белков оказываются крайне амилоидогенными. В связи с этим большой интерес представляет изучение связи амилоидогенеза с нонсенс-мутациями. Удобным модельным объектом для этого являются дрожжи *Saccharomyces cerevisiae*, для которых описано множество собственных амилоидов. Также в их клетках можно моделировать агрегацию белков, связанных с амилоидозами человека. Наиболее изученный дрожжевой прион, [PSI+], связан с формированием амилоидных агрегатов белка Sup35. Поскольку Sup35p является фактором терминации трансляции, его агрегированная форма, а также мутации в гене *SUP35* приводят к возникновению нонсенс-супрессии. В нашей лаборатории была получена коллекция нонсенс-мутаций *sup35*, которые приводят к появлению укороченных фрагментов белка наряду с полноразмерным. Некоторые из них вызывают индукцию [PSI+].

Мы полагаем, что укороченные фрагменты, образующиеся у штаммов с нонсенс-мутациями *sup35*, могут служить затравками для прионизации, как это было показано в искусственных системах. В связи с этим также возникла необходимость проверить, могут ли они оказывать влияние на свойства предсуществующего [PSI+]. Было показано, что сочетание определенных мутаций с прионом приводит к гибели клетки, некоторые мутации приводили к потере приона, другие ослабляли его.

Исследованные нонсенс-мутации были получены спонтанно и затрагивают разные участки *SUP35*, этим можно объяснить их различное влияние на поддержание приона, а также разную эффективность индукции [PSI+]. В заключение важно отметить, что такого рода исследование было проведено впервые для приона [PSI+].

Работа поддержана грантами РФФИ (16-04-00202, 16-34-60153), мероприятиями СПбГУ (1.50.1041.2014, 1.37.291.2015) и ресурсным центром “Молекулярных и клеточных технологий” СПбГУ.

ПРОБЛЕМА ДЕТЕРМИНАЦИИ ПОЛА У ПТИЦ

Трухина А.В.¹, Лукина Н.А.², Некрасова А.А.², Смирнов А.Ф.¹

1. СПбГУ, кафедра генетики и биотехнологии
2. СПбГУ

Автор, ответственный за переписку: Антонина Владимировна Трухина,
trukhina_ant@mail.ru

Пол – признак, имеющий важнейшее значение для существования всего живого, это основа полового размножения. В последние годы достигнуты определенные успехи в его изучении: расшифрованы в первом приближении принципы его детерминации у ряда таксонов, описаны группы полоопределяющих генов. Вместе с тем существование разнообразных вариантов детерминации пола, наличие двух систем его определения (генетической и эпигамной), а также его регуляция не позволяют в полной мере представить четкую картину этого феномена. Имеются лишь общие представления о взаимосвязи гаметного и гонадного пола, закономерностях вхождения первичных половых клеток в мейоз.

В связи с указанными сложностями и ограничениями желательно использовать в исследованиях подобных явлений удобные, подходящие объекты. Курица особенно удобна для таких работ ввиду возможности оперировать с ранними эмбрионами, первичными половыми клетками, а также благодаря наличию некоторых данных по генетике пола. Кроме того, имеется и практический аспект этих исследований — необходимость определения пола эмбриона до завершения инкубации при получении бройлеров.

Система детерминации пола у птиц отлична от таковой у млекопитающих и характеризуется гетерогаметностью самок. При этом практически отсутствуют данные о роли в этом процессе W-хромосомы. В настоящее время накоплена некоторая информация о частичном влиянии стероидных гормонов на первичное определение пола, наличии Z-хромосомного полоопределяющего гена DMRT1 с гипотетическим эпигенетическим контролем его выключения у самок, на фоне отсутствия SRY-подобного гена млекопитающих.

Механизм генетической детерминации пола (GSD) у птиц чрезвычайно своеобразен и остается не до конца выясненным. Детальное понимание этих механизмов приблизит нас к разработке эффективных методов прижизненного определения пола эмбрионов и к возможности контроля и смещения полового соотношения.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект 14-04-00994-а).

СОЗДАНИЕ СУДЕБНОЙ РЕФЕРЕНТНОЙ БАЗЫ ДАННЫХ ПО 18 АУТОСОМНЫМ STR ДЛЯ ДНК-ИДЕНТИФИКАЦИИ В РЕСПУБЛИКЕ БЕЛАРУСЬ

Удина И.Г.¹, Веремейчик В. М.², С. А. Котова С. А.³, Цыбовский И.С.⁴

1. Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова, Россия, Москва, 119991
2. Государственное учреждение "Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь" Беларусь, Минск, 220073
3. 2 Государственное учреждение "Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Республики Беларусь", Республика Беларусь, Минск, 220073
4. 2 Государственное учреждение "Научно-практический центр Государственного комитета судебных экспертиз Респика Беларусь, Минск, 220073

Автор, ответственный за переписку: Ирина Геннадьевна Удина, irina_udina@mail.ru

Для населения Республики Беларусь описано создание судебной референтной базы данных на основе 18-ти аутосомных микросателлитов (STR) с использованием популяционных данных (N=1040), «семейного» массива генотипов (N=2550), полученного при проведении экспертиз по установлению отцовства, и массива генотипов из базы криминалистического учета (N=8756). Изученные популяционные выборки состоят на 80% из этнических белорусов и на 20% из лиц другой национальности или смешанных по происхождению (по данным анкетирования). В объединенную выборку включены генотипы 12346 жителей Республики Беларусь из 118 региональных выборок, изученных по 18 аутосомным микросателлитам: 16 тетрануклеотидных STR (D2S1338, TPOX, D3S1358, CSF1PO, D5S818, D8S1179, D7S820, THO1, vWA, D13S317, D16S539, D18S51, D19S433, D21S11, F13B и FGA) и два пентануклеотидных STR (Penta D и Penta E). По распределению генотипов 18 STR исследованные выборки находятся в равновесии Харди-Вайнберга. Достоверные отличия не выявлены как между отдельными популяциями, так и между выборками из различных историко-этнографических регионов Республики Беларусь (Западное и Восточное Полесье, Поднепровье, Понеманье, Поозерье и Центр), что указывает на отсутствие выраженной генетической подразделенности. Достоверных различий между изученными массивами генотипов также не выявлено, что позволило их объединить и рассматривать суммарную выборку как единую судебную референтную базу данных для 18 «криминалистических» STR-локусов. Отличия между референтной базой Республики Беларусь и русскими и украинцами по распределению спектра аутосомных STR также не выявлены, что соответствует близкому генетическому родству трех восточнославянских народов, обусловленному общим происхождением и интенсивными взаимными миграциями. По отдельным STR-локусам установлены достоверные различия между референтной базой Республики Беларусь и популяциями южных и западных славян. Показана необходимость использования собственной референтной базы данных для обеспечения судебно-экспертной практики в Республике Беларусь.

ВЛИЯНИЕ МУТАЦИИ *aleutian* (*a/a*) НА СТРУКТУРУ ЛЕЙКОЦИТОВ ПЕРИФЕРИЧЕСКОЙ КРОВИ У АМЕРИКАНСКОЙ НОРКИ (*Neovison vison*)

Узенбаева Л.Б.¹, Кижина А.Г.¹, Трапезов О.В.², Трапезова Л.И.², Илюха В.А.¹, Тютюнник Н.Н.¹

1. Лаборатория экологической физиологии животных Института биологии Карельского научного центра РАН
2. Новосибирский государственный университет, Лаборатория генетики и селекции пушных и сельскохозяйственных животных Института цитологии и генетики Сибирского отделения РАН

Автор, ответственный за переписку: Людмила Борисовна Узенбаева, utzenb@bio.krc.karelia.ru

На светомикроскопическом уровне исследовали структуру и морфометрические параметры лейкоцитов периферической крови и костного мозга у темно-коричневой норки и различных мутантных форм. Установлено, что лейкоциты у темно-коричневой, а также у других окрасов, в генотипе которых отсутствует алеутский ген (*a/a*) – серебристо-голубой (*p/p*), пастель (*b/b*), белая-хедлунд (*h/h*), жемчуг двойной (*k/k p/p*), финский топаз (*t^S/t^S b/b*), Королевской серебристой (*S^R/+*), Леопард стандартный (*S^K/+*), Черный хрусталь (*C_R/+*), Куйтежской пестрой (*S^K/+ b/b*), Снежный топаз (*S^R/+ t^S/t^S b/b*), имеют типичную для млекопитающих морфологию.

У норок с геном *aleutian* (*a/a*) – алеутской (*a/a*), сапфировой (*a/a p/p*), лавандовой (*m/m a/a*), фиолет (*m/m a/a p/p*), Крестовка сапфир (*S/+ a/a p/p*), Шёдоу-сапфир (*S^H/+ a/a p/p*) и Сапфировый леопард (*S^K/+ a/a p/p*), в лейкоцитах наблюдаются аномальные гранулы. Патология выявлена во всех эозинофилах, базофилах, некоторых нейтрофилах, редко в лимфоцитах и очень редко в моноцитах. Морфологические особенности свидетельствуют, что в лейкоцитах происходит объединение гранул в структуру, ограниченную мембраной. Наличие аномальных гранул приводит к нарушению функций фагоцитов и дефекту естественных киллеров.

Исследованиями, проведенными на препаратах костного мозга сапфировых норок, продемонстрировано, что аномальные гранулы формируются при созревании нейтрофилов и эозинофилов в процессе гранулогенеза. Увеличенные гранулы в лейкоцитах крови сапфировых норок, как показано цитохимическими методами, содержат лизосомальные ферменты, катионный протеин и пероксидазу.

Изменению функций меланосом у норок – носителей гена *aleutian* (*a/a*), сопутствует расстройство гранулогенеза и дисфункция лейкоцитов. Деструктивный эффект аллеля *a/a* может модифицироваться генетическим окружением, что влияет на различия в степени нарушения (величину и количество гранул) в лейкоцитах у цветных форм, полученных от скрещивания с алеутской норкой.

Работа выполнена с использованием научного оборудования ЦКП ИБ КарНЦ РАН.

РЕПРОДУКТИВНЫЕ ПАРАМЕТРЫ И ОЦЕНКА ДАВЛЕНИЯ ЕСТЕСТВЕННОГО ОТБОРА В ПОПУЛЯЦИИ БАРАБИНСКИХ СИБИРСКИХ ТАТАР

Ульянова М. В.¹, Лавряшина М. Б.¹, Затхеева Л. А.¹

1. Кемеровский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Марина Владиславовна Ульянова, ulmar2003@mail.ru

Репродуктивные особенности, такие как средние значения исходов беременностей у женщин пострепродуктивного возраста позволяют оценить давление естественного отбора в той или иной популяции. Такая оценка важна для определения адаптационного потенциала популяции в отношении среды обитания.

Исследование проводилось в популяции сибирских татар барабинской группы барабинско-турашской подгруппы. Эта группа является самой многочисленной среди всех барабинских сибирских татар и занимает центральное положение в этническом ареале этого народа. По данным демографических анкет был проведен анализ возрастных и витальных характеристик у 169 женщин завершеного репродуктивного периода, которые были разделены на две группы (от 45 до 64 лет включительно и 65 лет и старше).

В целом, для татарских женщин показана стабильная продолжительность физиологического (33,16 и 32,85 лет, соответственно в двух поколениях) и реального репродуктивного (8,23 и 7,08 года) периодов. Выявлены негативные тенденции, такие как снижение среднего числа живорождений (в 1,5 раза), рост числа медицинских аборт (в 1,2 раза). Позитивная динамика отмечена в отношении дорепродуктивных потерь (детской смертности), уровень которых за поколение снизился в 11,7 раза.

Величину потенциально возможного естественного отбора оценивали по индексу Кроу (I_{tot}) и его компонентам. Величина I_{tot} составила в общей группе женщин 0,38, в структуре индекса преобладает компонента дифференциальной плодовитости ($I_f = 0,33$). За поколение регистрируется уменьшение величины индекса с 0,48 до 0,27, падение компоненты дифференциальной смертности (с 0,10 до 0,01) и ее вклада в общую структуру индекса (с 19,89% до 4,14%). Полученные данные свидетельствуют об ослаблении отбора во времени в популяции барабинских сибирских татар.

Исследование выполнено при финансовой поддержке грантов, РФФИ № 14-06-00272, Государственного задания Минобрнауки № 2014/164.

АНАЛИЗ ВКЛАДА ПОЛИМОРФНЫХ ЛОКУСОВ (RS6323, RS1137070) ГЕНА МОНОАМИНОКСИДАЗЫ А В ФОРМИРОВАНИЕ ПРИЗНАКА «ТИП НЕРВНОЙ СИСТЕМЫ»

Урманова А.А.¹

1. БГПУ им. М. Акмуллы

Автор, ответственный за переписку: А.А. Урманова, angelina71292@rambler.ru

Проведена генетическая оценка совместного вклада полиморфных локусов *rs6323*, *rs1137070* гена MAOA в формирование признака тип нервной системы. Обнаружены достоверные различия по данным локусам у лиц с сильным и слабым типом нервной системы.

Материалом исследования послужили ДНК 86 студентов БГПУ им. М. Акмуллы. Все они были протестированы для определения типов нервной деятельности. Материалом исследования служили образцы ДНК, полученные из цельной венозной крови. Забор крови осуществлялся с добровольного согласия исследуемых.

К сочетаниям, определяющим сильный тип нервной системы, отнесены 6 различных комбинаций генотипов, из которых наиболее значимой оказалась:

*MAO A rs1137070*488/*456 - MAO A rs6323*460/*460.*

К сочетаниям, определяющим слабый тип нервной системы, были отнесены 3 различные комбинации генотипов, каждая из которых статистически значима:

*MAO A rs1137070*488/*456 - MAO A rs6323*488/*460;*

*MAO A rs1137070*488/*456 - MAO A rs6323*488/*488;*

*MAO A rs1137070*488/*488 - MAO A rs6323*488/*460.*

Также была определена однофакторная модель по гену моноаминоксидазы MAO A (*rs6323* полиморфизм) в выборке студентов с различными показателями типа нервной системы. Установлено, что генотип MAOA *rs6323*460/*460* определяет сильный тип нервной системы, а генотипы MAOA *rs6323*488/*488* и MA A *rs6323*488/*460* – слабый тип нервной системы.

Таким образом, проведенный анализ показал значительные ген-генные взаимодействия между локусами *rs1137070* и *rs6323* гена MAOA. Было показано, что определяющая роль среди изученных генов дофаминергической нейромедиаторной системы в формировании фенотипических различий по признаку «тип нервной системы», принадлежит полиморфизму *rs6323* гена моноаминоксидазы А, и присутствие аллеля *rs6323*488* MAOA определяет более низкие показатели теппинг-теста и характеризует более слабый тип нервной системы.

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОЛНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ХЛОРОПЛАСТНЫХ И МИТОХОНДРИАЛЬНЫХ ГЕНОМОВ ДИКОРАСТУЩЕЙ И КУЛЬТУРНОЙ ФОРМ ПОДСОЛНЕЧНИКА (*Helianthus annuus L.*)

Усатов А.В.¹, Макаренко М.С.¹, Логачева М.Д.², Маркин Н.В.¹, Шамова Т.В.¹

1. Южный федеральный университет
2. Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, Институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского

Автор, ответственный за переписку: Александр Вячеславович Усатов, usatova@mail.ru

Изменчивость внеядерных геномов растений является предметом многочисленных филогенетических, популяционных и др. исследований. Кроме того она актуальна для изучения различных аспектов ядерно-цитоплазматических взаимодействий. В связи с этим, сравнительный анализ полных нуклеотидных последовательностей внеядерных геномов культурного и дикорастущего подсолнечника представляет несомненный интерес.

Материалом исследования служили инбредные линии культурной (№ 3629) и дикорастущей (№ 398941) форм подсолнечника из генетической коллекции Южного федерального университета. Полногеномное секвенирование проводили на секвенаторе HiSeq2000 (Illumina, США). Полученные риды картировали на референсные хлоропластный и митохондриальный геномы подсолнечника из базы данных NCBI (NC_007977.1, NC_023337.1).

В результате обнаружены 44 полиморфных сайта в хлоропластной ДНК (хлДНК) и 14 - в митохондриальной ДНК (мтДНК). В хлоропластных геномах выявлена одна делеция, 21 SSR и 22 SNP полиморфизмов. Делеция (8 п.н.) в хлДНК дикорастущей формы была локализована в межгенном регионе (*ndhC – trnV-UAC*). Из 22 обнаруженных SNP, 13 локализованы в интронах или межгенных регионах, а 9 – в кодирующих участках генов (*rpoC2, rps2, atpA, psaA, trnF-GAA, rpl16, rrr23, ycf1, ndhG, ndhF*). В митохондриальных геномах выявлены 2 делеции, 4 SSR и 8 SNP полиморфизмов. Однонуклеотидная и динуклеотидная делеции в мтДНК дикорастущей формы были обнаружены в межгенных регионах *rpl5-trnD* и *atp1-ccmFn*, соответственно; 7 SNP - в некодирующих областях митохондриального генома и 1 SNP - в гене *nad6*.

Размер митохондриального генома (300,9 т.п.н.) *Helianthus annuus L.* примерно в два раза превышает размер хлоропластного генома (151,1 т.п.н.), однако, при сравнении дикорастущей и культурной форм, уровень изменчивости мтДНК приблизительно в три раза меньше, чем хлДНК.

Работа выполнена при поддержке Министерства образования и науки РФ, проект № 40.91.2014/К.

ОПРЕДЕЛЕНИЕ РАЙОНОВ ПОЛИТЕННЫХ ХРОМОСОМ, КОНТАКТИРУЮЩИХ С ЯДЕРНОЙ ОБОЛОЧКОЙ В ТРОФОЦИТАХ ЯИЧНИКОВ *Drosophila melanogaster*

Усов К.Е.¹, Вассерлауф И.Э.¹, Стегний В.Н.¹

1. Томский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Константин Евгеньевич Усов, usovke@rambler.ru

Архитектура ядер трофоцитов *D. melanogaster* видоспецифична и определяется взаимоотношением хромосом между собой и главным образом с ядерной оболочкой. Ранее было изучено взаимное расположение политенных хромосом в ядрах трофоцитов яичников *D. melanogaster* (Стегний, Вассерлауф, 1994). Однако важный вопрос, касающийся хромосомно-мембранных взаимодействий, так и остался нерешенным. В связи с этим, поставлена цель работы: изучить локализацию белков на политенных хромосомах трофоцитов яичников *D. melanogaster*, обеспечивающих контакты хромосом с ядерной оболочкой. В качестве объекта в настоящем исследовании была использована мутантная линия *otu[11]* *D. melanogaster*, так как у нее в ядрах трофоцитов яичников развиваются политенные хромосомы с хорошо развитой дисковой исчерченностью, которые можно картировать. Для определения районов политенных хромосом, контактирующих с ядерной оболочкой была проведена иммунофлуоресцентная локализация моноклональных антител против белка ламина Dm0 («DSHB», USA) на давленных препаратах политенных хромосом трофоцитов *D. melanogaster*. Сайты локализации ламина на хромосомах свидетельствуют о взаимодействии этих районов хромосом с ядерной оболочкой. Таким образом, ламин был выявлен в прицентромерных и прителомерных районах хромосомных плеч XL, 2R, 2L, 3R, за исключением хромосомного плеча 3L. Кроме того, ламин был обнаружен в прицентромерном районе хромосомы 4. Следует отметить, что наиболее яркие сигналы ламина были детектированы в прицентромерных районах хромосомного плеча 2R и хромосомы 4, а также в прителомерном районе хромосомного плеча XL, что свидетельствует, вероятно, о наиболее прочном контакте данных районов с ядерной оболочкой. Кроме того, ламин был обнаружен в определенных интеркалярных районах всех хромосом. Таким образом, вышеперечисленные районы политенных хромосом, в которых был обнаружен ламин, имеют контакт с ядерной оболочкой.

Источник финансирования работы – «Научный фонд им. Д.И. Менделеева Томского государственного университета».

РАЗНООБРАЗИЕ СОРТОВ ЯРОВОЙ ПШЕНИЦЫ (*Triticum aestivum* L.) СЕВЕРНОГО КАЗАХСТАНА НА ОСНОВЕ ПОЛИМОРФИЗМА ГЛИАДИНОВ

Утебаев М.У.¹

1. Научно-производственный центр зернового хозяйства им. А.И. Бараева

Автор, ответственный за переписку: Марал Уралович Утебаев, chemplant@mail.ru

Важной задачей маркерной селекции является изучение комбинаций полезных генов, сцепленных с хозяйственно-ценными признаками. В качестве маркера для анализа генотипов сортов мягкой пшеницы может служить запасной белок пшеницы – глиадин. Электрофоретический спектр глиадина является сортоспецифичными, не зависят от места и условий произрастания растений, и может служить в качестве «отпечатка пальцев». Методом электрофореза глиадина, в полиакриламидном геле (рН 3.1) были идентифицированы 57 аллелей по 6 глиадинкодирующим локусам в 43 сортах яровой мягкой пшеницы. Аллели Gli-A1f, Gli-B1e, Gli-D1a, Gli-A2p, Gli-B2d и Gli-D2a имеют максимальную частоту встречаемости у пшениц из Северного Казахстана. На основании анализа генетического полиморфизма глиадина у мягкой пшеницы, как у местных, так и у зарубежных образцов пшеницы, были обнаружены уникальные аллели характерные для пшениц из Северного Казахстана. Предполагается, что аллели с более высокой частотой встречаемости, могут быть связаны со свойствами, представляющими селекционную значимость в изучаемом регионе.

АНАЛИЗ ПОЛИМОРФНОГО ЛОКУСА -308 (G/A) TNF У БОЛЬНЫХ РАКОМ МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ

Фахуртдинова З.Р.¹, Васильева Э.М.¹

1. ФГБОУВО Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы

Автор, ответственный за переписку: Зарина Ринатовна Фахуртдинова,
zarina-malina1995@mail.ru

В настоящее время известно, что цитокин относящийся к факторам некроза опухолей, а именно фактор некроза опухолей- α (α -TNF), вовлечен в патогенез злокачественных новообразований. Полиморфный вариант гена -308 (G/A) (rs1800629) ассоциирован с инфекционными, аутоиммунными и онкологическими заболеваниями. Задача данного исследования состояла в исследовании ассоциации данного полиморфного локуса с раком молочной железы (РМЖ) и определение концентрации α -TNF в сыворотке крови у больных РМЖ и практически здоровых индивидов методом иммуноферментного анализа. Аллельные варианты -308(G/A) TNF определяли методом ПЦР-ПДРФ. Выборку больных РМЖ составили 150 женщин находившихся на стационарном лечении в на стационарном лечении в Республиканском клиническом онкологическом диспансере МЗ Республики Башкортостан. В исследование включены больные со стадиями, соответственно, клинкоморфологической (TNM) классификации опухолей: T₁₋₄N₀₋₂M₀. В качестве группы сравнения были взяты практически здоровые индивиды без отягощенного онкологического анамнеза (n=192). Распределение частот генотипов и аллелей в изучаемых выборках не отличалось от ожидаемого распределения Харди-Вайнберга (p>0,05). При сравнительном анализе распределения частот аллелей и генотипов по изученному полиморфному локусу -308 (G/A) у TNF больных РМЖ и группы контроля достоверных статистических различий не выявлено.

Анализ содержания α -TNF в сыворотке крови установил достоверное понижение его уровня у больных РМЖ по сравнению с практически здоровыми индивидами (p<0,0001). Согласно литературным данным снижение выработки α -TNF ассоциируется с ангиогенезом и ростом опухоли, так как низкие концентрации ведут к недостаточности противоопухолевой защиты.

Полученные результаты говорят о том, что данный полиморфный локус не имеет этиологического значения в развитии рака молочной железы, но сам цитокин может играть определенную роль в патогенезе данного заболевания.

ПОЛИМОРФИЗМ ДВУХ ГЕНОВ ФЕРМЕНТОВ РАСПАДА КАТЕХОЛАМИНОВ (СОМТ И МАОА) У ЖЕНЩИН АФРИКАНСКИХ ЭТНОПОПУЛЯЦИЙ

Фехретдинова Д.И.¹, Суходольская Е.М.¹, Лазебный О.Е.², Бутовская М.Л.³, Рысков А.П.¹,
Васильев В.А.¹

1. Институт биологии гена РАН
2. Институт биологии развития РАН
3. Институт этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая РАН

Автор, ответственный за переписку: Дания Илдусовна Фехретдинова,
fekhretdinovadaniya@gmail.com

Поиск причины возникновения и проявлений агрессии является основной задачей науки психогенетики, в связи с актуальностью данной проблемы для общества.

Ключевая роль в формировании и развитии агрессивного поведения отводится катехоламинергическим системам мозга, поэтому цель настоящей работы – изучение генетической вариабельности двух генов, кодирующих ферменты распада катехоламинов (*СОМТ* и *МАОА*), у женщин в традиционных африканских племенных обществах, характеризующихся разным уровнем культурно допустимой агрессии – хадза и датога.

С помощью локус-специфичной ПЦР у хадза (n=158) и датога (n=232) изучались функционально значимые полиморфизмы по типу VNTR (*МАОА*-uVNTR) и SNP (*СОМТ* rs4680), предположительно ассоциированные с агрессивным поведением.

Полиморфизм гена *СОМТ* обусловлен SNP, который приводит к замене в кодирующей последовательности аминокислоты валин (Val) на метионин (Met). Анализ распределений частот аллелей и генотипов данного локуса не выявил достоверных различий между выборками (P=0.066).

В промоторном регионе гена *МАОА* находится VNTR-маркер, представленный повторяющимися последовательностями, длиной 30 п.н., каждая. Распределения аллельных вариантов и генотипов данного локуса в выборках достоверно отличались (P=0.023). В популяции датога было обнаружено 4 аллельных варианта и 7 генотипов с 2, 3, 4 и 5 повторами, у хадза – 3 аллельных варианта и 6 генотипов, содержащие 2, 3 и 4 повтора. Выборки значительно отличались по распределениям частот преобладающего генотипа 3/4 - 0.368 у хадза и 0.453 у датога, и гомозиготного генотипа 4/4 – 0.253 у хадза, 0.168 у датога, соответственно.

Мы предполагаем, что различия по распределению частот аллелей и генотипов могут быть обусловлены различными адаптациями к социальной конкуренции в популяциях хадза и датога.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты №№16-34-00-644, 16-04-00-458) и программы Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология».

ГЕНОФОНД КОРЕННЫХ МАЛОЧИСЛЕННЫХ НАРОДОВ ДАГЕСТАНА ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ: ТЕРРИТОРИАЛЬНАЯ ПОДРАЗДЕЛЕННОСТЬ И КОРРЕЛЯЦИЯ С ЛИНГВИСТИЧЕСКОЙ КЛАССИФИКАЦИЕЙ

Харьков В.Н.¹, Раджабов М.О.², Глазунова Е.О.¹, Степанов В.А.¹

1. НИИ медицинской генетики ФГБНУ "Томский национальный исследовательский медицинский центр Российской академии наук", Томск
2. Аналитический центр коллективного пользования ДНЦ РАН, Махачкала

Автор, ответственный за переписку: Владимир Николаевич Харьков,
vladimir.kharkov@medgenetics.ru

Целью настоящей работы была характеристика структуры генофондов коренных малочисленных этносов Дагестана, принадлежащих к нахско-дагестанской языковой семье по диаллельным и микросателлитным маркерам нерекombинирующей части Y-хромосомы. Исследованы популяции представляющие лезгинскую, цезскую и андийскую языковую группу. Материал составили образцы ДНК неродственных между собой мужчин из различных локальных популяций представляющих лезгинскую языковую группу (агулы (N=97), рутульцы (N=74), цахуры (N=93) и арчинцы (N=49)), дидойскую языковую группу (бежтинцы (N=86), гунзибцы (N=49), цезы (дидойцы) (N=128) и гинухцы (N=31), андийскую языковую группу (каратинцы (N=56), багулалы (N=77), ахвахцы (N=34) и чамалалы (N=95)). Были прогенотипированы 65 диаллельных и 36 STR маркеров Y-хромосомы. Совокупность данных по структуре гаплогрупп Y-хромосомы свидетельствует об общности современного генофонда населения Дагестана и наличии в нем значительных региональных различий. Основными чертами генофонда исследованных народов Дагестана по гаплогруппам Y-хромосомы являются тесная связь генетических расстояний между популяциями с их лингвистической принадлежностью. Все три языковые группы – лезгинская, андийская и цезская отличаются друг от друга как по составу гаплогрупп и общему уровню генетического разнообразия, так и по спектру YSTR-гаплотипов и уровню межпопуляционной и межэтнической дифференциации. Большинство пар сравниваемых выборок демонстрируют статистически значимые различия между разными лингвистическими группами и отсутствие различий внутри групп. Для дидойской и андийской лингвистических групп показано очень низкое генетическое разнообразие. В различных популяциях наблюдаются сильные эффекты основателя по разным гаплогруппам. Практически все этносы демонстрируют следы значительного роста численности, проявляющиеся в присутствии на медианных сетях этноспецифичных звездообразных кластеров гаплотипов с выраженным гаплотипом-основателем, в пределах отдельных населенных пунктов.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 16-34-60222 мол_а_дк.

ПРОБЛЕМА СЕЛЕКЦИИ ТЕТРАПЛОИДНОЙ КУКУРУЗЫ И ВОЗМОЖНЫЕ ПУТИ ЕЕ РЕШЕНИЯ

Хатефов Э.Б.¹

1. Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Всероссийский институт генетических ресурсов растений имени Н.И. Вавилова»

Автор, ответственный за переписку: Эдуард Балилович Хатефов, khatefov@vir.nw.ru

Ранние работы многих исследователей показали перспективность селекции автотетраплоидной кукурузы, но ее низкая семенная продуктивность не позволяет быстро создавать коммерческие сорта и гибриды. Этот факт, в свою очередь, резко снизили энтузиазм исследователей. Мнения ученых на причины, вызывающие низкую семенную продуктивность у автотетраплоидов, различаются. Классическая концепция о причинах снижения семенной эффективности основана на данных исследования цитологии мейоза у автотетраплоидов. Анализ мейоцитов тетраплоидной кукурузы показал поливалентную ассоциацию гомологичных хромосом. В результате этого в мейозе у автотетраплоидов, формируются гаметы с несбалансированным набором хромосом, которые и являются причиной снижения ее семенной продуктивности вследствие возникновения анеуплоидов. Был проведен длительный позитивный отбор в популяциях автотетраплоидной кукурузы по признакам высоко коррелирующим с семенной продуктивностью. Среди исходной популяции были выявлены генотипы с высокой частотой бивалентов на мейоцит. Эти генотипы переопылялись между собой. Затем среди их потомства были отобраны высокопродуктивные генотипы по определенным критериям в каждом цикле. В общей сложности было проведено 6 циклов позитивного отбора. Динамика изменчивости количественных признаков в период с 1998 по 2010 года показала, что семенная продуктивность в популяции увеличилась с 44% до 81%, фертильность пыльцы увеличилась от 85,8 до 97,7, и число зерен на початке выросло с 550 до 900. В целях поддержания популяции на таком высоком уровне плодовитости рекомендуется проводить периодическую браковку генотипов с низкой фертильностью пыльцы и семенной плодовитостью початка. Для предотвращения нарушения сбалансированности гамет необходимо соблюдать пространственную изоляцию между диплоидной и тетраплоидной кукурузой.

ИЗУЧЕНИЕ ПЫЛЬЦЫ НЕКОТОРЫХ МЕСТНЫХ ФОРМ МИНДАЛЯ (*Prunus dulcis var.dulcis*) В УСЛОВИЯХ АПШЕРОНА

Хидирова Е.С.¹, Шириева Л.А.¹, Мамедова Л.Х.¹

1. Институт Генетических Ресурсов НАН Азербайджана

Автор, ответственный за переписку: Евгения Сергеевна Хидирова,
ilahaguseynova@gmail.com

Миндаль (*Prunus dulcis var.dulcis*) является ценной орехоплодной культурой, плоды которого широко используются в пищевой, медицинской и парфюмерной промышленности. Эта ценная ранневесенняя медоносная культура, продуцирующая нектар и много пыльцы. Цветки миндаля генетически самостерильны и нуждаются в опылении насекомыми, в основном пчелами и нахождение поблизости растений других сортов(сортов опылителей). Для получения хорошего урожая миндаля важно произвести правильное расположение основного сорта и опылителей. Для этого деревья того сорта миндаля, который будет в насаждениях основным нужно сажать в 2-3 ряда подряд, затем сажается один ряд миндаля, который является опылителем для основного сорта. В этой связи изучение качества пыльцы миндаля имеет важное значение для подбора сортов опылителей. Работа выполнена в Институте Генетических Ресурсов НАН Азербайджана.

В данном тезисе представлены материалы по изучению пыльцевых зерен у некоторых местных форм миндаля. Проведенные исследования 6-ти местных хозяйственно-ценных форм миндаля в условиях Апшерона позволили установить фертильность, стерильность, а также размер пыльцевых зерен миндаля. Изучение фертильности пыльцевых зерен у миндаля проведено по методике З.П.Паушевой (1974). Исследованиями выявлено, что в зависимости от форм длина пыльцевых зерен миндаля варьирует в пределах 38.09-47.26 мкм, ширина 34.29-44.28 мкм. Нами установлено, что фертильность пыльцы у исследованных местных форм (1/3, 1/5, 2/15, 3/5, 3/10 и 5/31) довольно высокая и варьирует в пределах 95.07-99.20%. Самая высокая фертильность обнаружена у местной формы 3/5, которая составляет 99.20%. Наибольший процент деформированных пыльцевых зерен наблюдался у формы 1/3.

Все эти формы могут быть использованы в качестве опылителей при закладке маточных миндальных насаждений и новых плодовых плантаций.

ЛЕСНАЯ СЕЛЕКЦИЯ В РОССИИ: НЕКОТОРЫЕ ДОСТИЖЕНИЯ И ПРОБЛЕМЫ

Царев А. П.¹

1. Петрозаводский госуниверситет и ВНИИЛГИСбиотех

Автор, ответственный за переписку: Анатолий Петрович Царев, antsa-55@yandex.ru

К настоящему времени в лесной селекции наибольшая результативность, несмотря на ряд упущений и недостатков, получена при выполнении государственной программы географических испытаний основных лесных древесных пород России, развитии плюсовой селекции, создании лесосеменных плантаций первого порядка, некоторых опытов по частной селекции и сортоиспытанию отдельных древесных видов, что позволило вывести и зарегистрировать в Госсортокмиссии РФ ряд лесных сортов. Начаты опыты по генетической паспортизации и исследованиям географического происхождения и распространения тех или иных видов и популяций.

Однако нельзя не отметить, что в последние годы в стране возникли проблемы, как с развитием собственно лесной селекции, так и целого комплекса других наук лесного направления в связи с наметившимися застойными явлениями в лесном хозяйстве в целом и падением его престижности. Ряд НИИ лишились опытно-производственных подразделений и земель, на которых были созданы многолетние экспериментальные лесонасаждения. Грантовая система финансирования науки рассчитана на краткосрочные работы и не позволяет проводить долгосрочные исследования и испытания, без которых развитие лесной селекции становится практически мало результативным. Эти и другие проблемы требуют решения.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ И КАРТИРОВАНИЕ МУТАНТНЫХ ГЕНОВ РЖИ, ВЕДУЩИХ К ПОСТЗИГОТИЧЕСКОЙ НЕСОВМЕСТИМОСТИ В СКРЕЩИВАНИЯХ С МЯГКОЙ ПШЕНИЦЕЙ

Цветкова Н.В.¹, Тихенко Н.Д.², Войлоков А.В.²

1. Санкт-Петербургский государственный университет
2. Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН

Автор, ответственный за переписку: Наталья Владимировна Цветкова, ntsvetkova@mail.ru
n.tswetkowspbu.ru

У ржи обнаружены мутантные гены, ведущие к эмбриональной (*Eml-R1*) и проростковой (*Hdw-R1*) летальности пшенично-ржаных гибридов. Эмбриональная летальность выражается в прекращении делений и гибели клеток стеблевой меристемы гибридных зародышей. Проростковая летальность проявляется в остановке развития на стадии трёх листьев с последующей гибелью гибридов. Соответствующие гены идентифицированы в тройных скрещиваниях – пшеница Chinese Spring x межлинейный F1 гибрид ржи. Каждый из генов представлен у инбредных линий ржи нормальной (совместимой) и редкой мутантной (несовместимой) аллелями. Обнаружено по две линии независимого происхождения, несущих мутантные аллели этих генов. Картирование генов *Eml-R1* и *Hdw-R1* с помощью микросателлитных маркёров показало, что оба гена локализованы в одной и той же группе сцепления в хромосоме 6R. Ген *Eml-R1* был картирован с помощью специально созданных рекомбинантных инбредных линий, ген *Hdw-R1* картировали с использованием тройных скрещиваний. Генетическая карта хромосомы 6R ржи, включающая ген эмбриональной летальности пшенично-ржаных гибридов, состоит из восьми микросателлитных локусов. Впервые установлено сцепление гена проростковой летальности с одним из локусов (*GRM902*), входящих в установленную группу сцепления. Расположение мутантных генов относительно фланговых маркёров указывает на отсутствие аллелизма мутаций несовместимости. Сегрегационный тест на аллелизм подтвердил принадлежность мутаций разным генам. Появление рекомбинантных генотипов (11 из 708) при их ожидаемом отсутствии в случае аллелизма свидетельствует в пользу сцепления генов межродовой несовместимости *Eml-R1* и *Hdw-R1*. Показано, что ген пшеницы *Eml-A1*, комплементарный гену *Eml-R1* ржи в проявлении эмбриональной летальности, не обладает таким же эффектом в отношении гена проростковой летальности.

Работа финансируется из средств Гранта Президента РФ по поддержке ведущих научных школ НШ-9513.2016.4 и программы фундаментальных исследований Президиума РАН «Биоразнообразие природных систем».

ОПРЕДЕЛЕНИЕ АКТИВНОСТИ ПРОМОТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ГЕНОВ *PpPDI* И *PpKAR2* ДРОЖЖЕЙ *Pichia pastoris*

Цыганков. М.А.¹, Падкина М.В.¹

1. СПбГУ, кафедра генетики и биотехнологии, лаборатория биохимической генетики

Автор, ответственный за переписку: Михаил Александрович Цыганков,
mial.tsygankov@yandex.ru

Дрожжи *P. pastoris* широко используются для синтеза гетерологичных белков, спектр таких белков постоянно расширяется, идет изучение подходов к повышению продуктивности процесса. Литературные данные показывают, что выход белка не всегда линейно связан с силой используемого промотора, поэтому поиск промоторов с различной активностью и способом регуляции для использования при гетерологичной экспрессии является актуальной задачей.

Нами впервые были проклонированы промоторные области генов *PpPDI* и *PpKAR2* - шаперонов дрожжей *P.pastoris*. Протеиндисульфидизомераза (PDI) - фермент, замыкающий дисульфидные связи и обладающий активностью шаперона. Шаперон Kar2p относится к семейству белков теплового шока Hsp70. После анализа областей перед структурными генами для клонирования нами была выбрана область в 254 нуклеотида перед структурным геном *PpPDI* и область в 311 нуклеотида перед структурным геном *PpKAR2*. В качестве репортерной системы, позволяющей оценить активность промоторных областей использовалась система на основе репрессибельной кислой фосфатазы (КФ) дрожжей *Saccharomyces cerevisiae*, разработанная в нашей лаборатории ранее. Конструкциями на основе вектора *pPIC9*, где перед структурным геном *PHO5* находятся изучаемые промоторы был трансформирован штамм дрожжей *P.pastoris* GS115. Измеренная активность КФ у полученных штаммов была в 6-8 раз выше по сравнению с контрольным штаммом, что свидетельствует об активной транскрипции с клонированных промоторных участков. Первые эксперименты показали, что активность промотора P_{PDI} составила 16%, а промотора P_{KAR2} 20% от активности сильного индуцибельного промотора алкогольоксидазы-1 дрожжей *P.pastoris* (AOX1) при условиях его индукции в той же среде. В дальнейшем будут изучены факторы, которые влияют на активность изучаемых промоторов.

Для оценки продуктивности промоторов при синтезе гетерологичных белков нами были получены штаммы дрожжей, где под контролем промоторов P_{PDI} и P_{KAR2} находится структурный ген интерферона-альфа16 человека.

КУЛЬТИВИРОВАНИЕ *IN VITRO* ПРЕДСТАВИТЕЛЕЙ СЕМЕЙСТВА ЯСНОТКОВЫЕ (*Lamiaceae Lindl.*)

Чередниченко М.Ю.¹

1. ФГБОУ ВО Российский государственный аграрный университет - МСХА имени К.А. Тимирязева

Автор, ответственный за переписку: Михаил Юрьевич Чередниченко,
michael.tsch@gmail.com

Поиск новых источников биологически активных веществ (БАВ) (в том числе активных фармацевтических ингредиентов (АФИ)) часто вступает в противоречие с необходимостью сохранения биоразнообразия, так как в исследования вовлекается всё большее число растений и животных, среди которых встречаются редкие и исчезающие виды.

Семейство Яснотковые (*Lamiaceae Lindl.*) представлено многочисленными родами эфиромасличных растений, которые имеют лекарственное, пищевое или кормовое значение: наряду с широко известными (мята, душица, тимьян (чабрец), шалфей и др.) в это семейство входят и менее изученные виды – эльсгольция, чабер, зопник, плектрантус и др.

Культивирование эфиромасличных, в частности лекарственных, растений *in vitro* позволяет круглый год получать растительный материал для анализа и переработки, дает возможность оптимизации как количества и состава БАВ и АФИ, так и технологии их получения. По литературным данным известно, что культивирование изолированных клеток и тканей растений при сохранении их способности ко вторичному синтезу приводит к изменению метаболизма, что, в свою очередь, ведет к изменению абсолютного и относительного содержания отдельных компонентов.

В биотехнологической лаборатории кафедры генетики, биотехнологии, селекции и семеноводства РГАУ-МСХА имени К.А. Тимирязева проводятся эксперименты по культивированию *in vitro* лекарственных и эфиромасличных растений – представителей семейства Яснотковые: многоколосник *Agastache* spp., змеелоговник молдавский *Dracocephalum moldavica*, эльсгольция реснитчатая *Elsholtzia ciliata*, иссоп лекарственный *Hyssopus officinalis*, лаванда *Lavandula* spp., мята *Mentha* spp., базилик *Ocimum* spp., зопник *Phlomis* spp., плектрантус шлемниковидный *Plectranthus scutellarioides*, розмарин лекарственный *Rosmarinus officinalis*, шалфей *Salvia* spp., чабер *Satureja* spp., тимьян *Thymus* spp. Изучается введение в культуру *in vitro* перечисленных видов, особенности клонального микроразмножения, возможности управления процессами морфогенеза в культуре каллусных тканей и накоплением вторичных метаболитов различных классов в разных системах культивирования.

НЕОБХОДИМОСТЬ УЧЕТА ИНДИВИДУАЛЬНОЙ РАДИОЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ ПРИ ДОЗИМЕТРИИ И ОЦЕНКЕ РИСКА РАДИАЦИОННОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ

Чередниченко О.Г.¹, Губицкая Е.Г.¹, Пилюгина А.Л.¹

1. Институт общей генетики и цитологии КН МОН РК, Алматы, Казахстан

Автор, ответственный за переписку: Оксана Геннадьевна Чередниченко, cherogen70@mail.ru

Широкое использование ионизирующей радиации приводит к повышению радиационной нагрузки и определяет настоятельную необходимость оценки дозиметрического воздействия и прогнозирования отдаленных медико-биологических последствий для конкретного человека. Эффективность цитогенетического анализа для дозиметрии доказана при многочисленных обследованиях лиц, подвергшихся влиянию радиационных факторов, тем не менее, существуют проблемы связанные с индивидуальной радиочувствительностью.

Проведены эксперименты по изучению радиочувствительности у двух групп людей – здоровых доноров и людей, профессионально подвергающихся воздействию радиации. Образцы их крови *in vitro* облучали дозами 0,01; 0,05; 0,1; 0,3; 0,5; 1 и 2 Гр γ -излучения (0,1 Гр/мин). В клетках людей, согласно своим индивидуальным, генетическим особенностям наблюдается различная радиочувствительность. Этому свидетельствует вариация в значительных пределах, как спонтанной частоты хромосомных aberrаций (ХА), так и после *in vitro* облучения. У здоровых доноров между крайними значениями частоты ХА при облучении лимфоцитов разными дозами наблюдается 1,7-3,5 кратная вариация, у «профессионалов» реакция на облучение колеблется в ещё больших пределах от 2,5 до 5,5 кратных показателей. Все эти различия в радиочувствительности и определяют широкий спектр индивидуальной варибельности спонтанной частоты хромосомных aberrаций в любой конкретной группе людей, особенно если это касается людей, подвергавшихся радиационному воздействию.

Поэтому для оценки дозовой нагрузки на организм человека при индивидуальной дозиметрии становится актуальной задача установления количественных характеристик степени радиочувствительности, что может значительно уменьшить величину неопределенности при определении величины дозы облучения. Эти показатели могут служить прогностически важными критериями при оценке риска радиационного воздействия. Также проведение этих исследований необходимы для определения степени радиочувствительности людей при приеме на работу, связанную с влиянием радиационных факторов или планированием лучевой терапии у онкобольных.

АНАЛИЗ ГЕНОВ КОНТРОЛИРУЮЩИХ РАННИЕ ЭТАПЫ ЭМБРИОГЕНЕЗА ДЛЯ СОЗДАНИЯ ГАПЛОИДНЫХ И АПОМИКТИЧНЫХ ФОРМ КУКУРУЗЫ

Чумаков М.И.¹, Моисеева Е.М.¹, Волохина И.В.¹, Гуторова О.В.², Апанасова Н. В.²

1. Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов Российской академии наук, просп. Энтузиастов, 13, Саратов, 410049, Россия
2. Саратовский государственный университет им Н.Г. Чернышевского, ул. Астраханская 83, Саратов, 410012, Россия

Автор, ответственный за переписку: Михаил Иосифович Чумаков, chumakovmi@gmail.com

В первой части доклада анализируется состояние проблемы апомиксиса у растений, способе размножения, при котором семена формируются без оплодотворения и приведен анализ генов, связанных с апомиктичным развитием. Апомиксис, редко встречается у культурных форм растений, возможно потому, что их селекция человеком путем полового отбора привела к изменению генов, контролирующего переключение апомиктичного и полового способа размножения и исключению апомиктичного способа размножения. Перевод культурных форм растений на апомиктичное размножение может стать революционным биотехнологическим приемом, поскольку может сократить затраты на воспроизводство семян, стабилизировать уже полученные ценные сельскохозяйственные сорта. Во второй части доклада анализируются гены автономного и индуцированного партеногенеза у кукурузы. У гаплоиндуцирующей (ЗМСП) линии кукурузы нами впервые найдены и исследована экспрессия генов *Zm_hap2*, *Zm_gex2*, контролирующей слияние спермия и яйцеклетки. Секвенирование генов *Zm_hap2* и *Zm_gex2* кукурузы показало, что они полностью идентичны (за исключением двух однонуклеотидных замен у *Zm_gex2*) с соответствующими последовательностями кукурузы линии В73 из базы данных GenBank. Рассмотрен также ряд генов тетраспанинового семейства, мутации по которым приводят к возникновению гаплоидных растений (индуцированный партеногенез). Приведены собственные экспериментальные данные по исследованию автономного развития зародыша и экспрессии генов метилирования ДНК кукурузы. В частности, установлено, что при экспериментальной задержке опыления у кукурузы линии АТ-3, наблюдается развитие партеногенетического проэмбрио (зародыша) из неоплодотворенных яйцеклеток. Получены данные об экспрессии генов метилирования (*dmt102*, *dmt103*, *hon101*, *hdt104*, *chr106*) у партеногенетической линии кукурузы АТ-3 до и после опыления. В заключительной части доклада приведены литературные и собственные представления о возможных направлениях создания технологий получения гаплоидных и апомиктичных форм растений.

Работа частично поддержана грантом Российского фонда фундаментальных исследований (15-04-08413).

ГЕНЕТИЧЕСКИЕ ИСТОЧНИКИ ХОЗЯЙСТВЕННО-ПОЛЕЗНЫХ ПРИЗНАКОВ И СВОЙСТВ ДЛЯ СЕЛЕКЦИИ ЛЕКАРСТВЕННЫХ ТРАВ

Чумакова В.Вл.¹, Чумаков В.Ф.¹, Чумакова В.В.²

1. ФГБНУ Ставропольский НИИСХ ФАНО России
2. Северо-Кавказский Государственный технологический университет

Автор, ответственный за переписку: Вера Владимировна Чумакова, sosna777@bk.ru

Научные исследования по интродукции и селекции лекарственных растений с целью оценки их важнейших хозяйственно-ценных признаков при создании высокопродуктивных сортов для юга России в Ставропольском НИИСХ продолжаются с начала 90-х годов прошлого века.

В настоящее время генофонд лекарственных, пряно-ароматических, эфирно-масличных, медоносных и овощных растений включает около 3000 образцов 105 видов различного эколого-географического происхождения.

Многолетние исследования показали высокую интродукционную способность различных видов и образцов лопуха, ромашки, змееголовника, шалфея, иссопа, тысячелистника, девясила, аниса, тмина, фенхеля, зверобоя, амаранта, котовника, Melissa, душицы, мяты, чистотела и других.

Успешное решение задач по созданию новых сортов лекарственных и пряно-ароматических растений, адаптированных к условиям юга России, потребовало как применения традиционных методов селекции, так и их совершенствования, что позволило получить качественно новый исходный материал для селекции и создать 15 новых сортов, которые успешно прошли экспертные оценки и внесены в Госреестр селекционных достижений России.

В работе с душицей, зверобоем и пустырником лучшими исходными формами оказались местные дикорастущие популяции. Опыт интродукции и селекционной доработки змееголовника, амаранта, лопуха, шалфея лекарственного и мускатного, фенхеля и иссопа еще раз доказал необходимость широкого привлечения к работе мировой коллекции ВИР.

Привлеченный и созданный селекционный материал отличался довольно высокой вариабельностью по всем хозяйственно-биологическим признакам и свойствам. Это позволило выделить как в дикорастущих, так и в гибридных популяциях перспективные родоначальные растения и биотипы, которые стали основой для создания новых сортов.

Для вовлечения в селекционный процесс выделено 40 генетических источников по скороспелости, 28 – по устойчивости к засухе, болезням и вредителям, 30 – по продуктивности фитомассы и семян, 23 – по содержанию биологически активных веществ, 12 – по крупности семян.

НЕМЕНДЕЛЕВСКАЯ И МЕНДЕЛЕВСКАЯ ГЕНЕТИКА ХЛОРОПЛАСТОВ

Чунаев А.С.¹

1. кафедра генетики и биотехнологии СПбГУ

Автор, ответственный за переписку: Александр Сергеевич Чунаев, chunaev_as@mail.ru

Биотехнологические проекты, целью которых является изменение признаков хлоропластов, реализуются путём внедрения чужеродных генов либо в ядерный, либо в хлоропластный геном. В отличие от преподавания генетики ядерных генов, начинающегося с изучения законов Менделя, введение в генетику хлоропластов происходит при знакомстве с явлениями нехромосомной и цитоплазматической наследственности. Вследствие этого, студенты, как правило, упрощённо представляют себе становление современных направлений исследований по генетике хлоропластов. В магистерской программе «Генетика органелл» предпринята попытка внести ясность в противоречивую историю генетики хлоропластов, чтобы магистры соответствовали требованиям, предъявляемым к исследователям в области генетики и биотехнологии органелл. Во-первых, подчёркивается, что само появление термина «пластидная наследственность» было предметом спора между первооткрывателями этого явления, оказавшегося, к тому же, единственным доказанным случаем неменделевского наследования ко времени формулирования хромосомной теории наследственности. Во-вторых, демонстрируются доказательства генетической дискретности хлоропластных генов. При рассмотрении ядерных генов, кодирующих белки хлоропласта, студентам предлагается обратить внимание на тот факт, что их изучение было начато ещё в классической работе Грегора Менделя 1866 года. Три из семи признаков гороха, подвергнутых им гибридологическому анализу, оказались признаками хлоропласта, причём два из них – это те самые признаки семян, описание наследования которых присутствует во всех учебниках генетики. Приведены примеры кооперативного участия генов ядра и хлоропласта в определении отдельных признаков хлоропласта. В разделе программы о геномике хлоропластов приводятся данные о количестве генов ядра и хлоропласта, участвующих в биогенезе этой органеллы, в сопоставлении с количеством генов свободноживущих цианобактерий. Филогенетические деревья, построенные на основе анализа потерь генов хлоропластами зелёных водорослей и наземных растений в ходе эволюции, указывают на монофилетичность их происхождения от цианобактерий – вероятных эволюционных предков хлоропластов.

ИССЛЕДОВАНИЕ ГЕНОФОНДА НАРОДОВ ПЕРЕДНЕЙ АЗИИ ПО МАРКЕРАМ Y-ХРОМОСОМЫ: МОСТ ИЗ НАСТОЯЩЕГО В ПРОШЛОЕ

Чухряева М.И.¹, Альборова И.Э.², Дибирова Х.Д.³, Схаляхо Р.А.³, Кагазежева Ж.А.⁴, Романов А.Г.⁵, Епископосян Л.М.⁶, Балановская Е.В.⁵

1. Медико-генетический научный центр, Москва; Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва
2. Московский физико-технический институт, Москва
3. Медико-генетический научный центр, Москва; Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук, Москва
4. Кубанский государственный медицинский университет, Краснодар
5. Медико-генетический научный центр, Москва
6. Институт молекулярной биологии Национальной академии наук Республики Армения, Ереван

Автор, ответственный за переписку: Марина Игоревна Чухряева,
m.chukhryaeva@yandex.ru

Фундаментальная проблема взаимодействия народов Передней Азии, Закавказья и Северного Кавказа интенсивно разрабатывается не только антропологами, лингвистами и археологами, но и генетиками, причем особый интерес она вызывает в контексте индоевропейской проблематики.

В своей работе мы изучили генофонд исторической Армении, ключевой для понимания взаимодействий в регионе Кавказ-Закавказье-Передняя Азия, и курдов-езидов, тесно связанных с историей этого региона. Традиционно езиды считались курдской этноконфессиональной группой, говорящей на курманджийском языке иранской группы индоевропейской семьи. Езидизм как конфессиональное учение сформировался в XI-XIII вв. на Севере Ирака. Однако время формирования езидов, как этнической группы точно не известно. Езиды никогда не становились объектом изучения популяционных генетиков - их изучение позволит впервые установить, структуру их генофонда. Нами были генотипированы по SNP и STR маркерам Y-хромосомы 447 образцов армян из 4 популяций и 90 образцов езидов Армении. По полученным данным нами была построена серия карт генетических расстояний от популяций изучаемого региона. Карта, построенная для армян, показывает зону генетического сходства, хорошо совпадающую с границами исторической Армении. Это указывает на то, что в данном регионе сохранился генофонд присущий коренному населению, несмотря на последующие миграции. Карта генетических расстояний от иранцев практически совпадает с картой от курдов, что свидетельствует об их высоком генетическом сходстве. В целом, популяции Переднеазиатского нагорья, формируют единую зону генетического сходства. Однако спектр гаплогрупп предварительно выявленный у езидов, указывает на их некоторые отличия от генофонда курдов: гаплогруппы R-M198 и E-M96, распространенные среди курдов Ирана, у езидов встречаются в два раза реже. Полученные результаты свидетельствуют о генетическом своеобразии езидов, отличии их генофонда от генофонда от курдов.

Исследование осуществлено при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований, грант № 16-36-00122_мол_а.

АКТУАЛЬНЫЕ ПРОБЛЕМЫ И СТРАТЕГИЯ СЕЛЕКЦИИ ЯРОВОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ В ЗАПАДНОЙ СИБИРИ

Шаманин В.П.¹, Лихенко И.Е.², Моргунов А.И.³, Потоцкая И.В.¹

1. ФГБОУ ВО Омский ГАУ
2. ИЦиГ СО РАН
3. Международный центр улучшения пшеницы и кукурузы

Автор, ответственный за переписку: Владимир Петрович Шаманин,
vpshamanin@rambler.ru

В настоящее время сельское хозяйство стремительно развивается, меняется экологическая ситуация, агроценозы, появляются новые агротехнологии, расы и болезни растений. С 2007 г. в Западной Сибири отмечают значительное поражение посевов пшеницы стеблевой ржавчиной. В этой связи особую актуальность приобретают исследования по использованию молекулярных маркеров для идентификации генов устойчивости. Информация о составе популяций патогенов также важна для предупреждения массового распространения новых агрессивных рас, прогноза сроков сохранения эффективности генов устойчивости. В условиях Западной Сибири проведена оценка челночного селекционного материала яровой пшеницы и показана возможность создания устойчивых к болезням и засухе сортов на основе использования генотипического разнообразия популяций, созданных по международной программе СИММИТ-Казахстан-Россия. Рекомендованы эффективные *Sr*-гены для селекции на устойчивость к стеблевой ржавчине. На Государственное сортоиспытание передан сорт яровой мягкой пшеницы Элемент 22 с потенциалом урожайности выше 6,0 т/га с групповой устойчивостью к ржавчинным болезням (ген *Sr35*, *Lr26*). Высокоурожайные синтетические линии, полученные от скрещивания мягкой пшеницы с дикими злаками *T.dicoccon* и *Ae.squarrosa*, включены в селекционный процесс и доведены до конкурсного сортоиспытания. Стратегия селекции в современных условиях предусматривает: 1. Планирование программы скрещиваний с использованием разнообразных эффективных генов устойчивости к стеблевой и бурой ржавчине, включая гены возрастной устойчивости; 2. Создание и использование надежных инфекционных фонов в нескольких пунктах изучения, начиная скрининг с расщепляющихся гибридных популяций; 3. Скрининг устойчивости в стадии проростков в теплице для идентификации типа устойчивости; 4. Использование молекулярных маркеров для идентификации генов устойчивости в селекционном материале; 5. Проведение оценки перспективного материала в Кении на устойчивость к агрессивной расе *Ug99* стеблевой ржавчины; 6. Региональное и международное сотрудничество в рамках программ по устойчивости к ржавчине и засухе.

КОНКУРИРУЮЩИЕ ЭНДОГЕННЫЕ РНК КАК НОВЫЙ ПОСТТРАНСКРИПЦИОННЫЙ РЕГУЛЯТОРНЫЙ АСПЕКТ, СВЯЗАННЫЙ С ПРОГРЕССИЕЙ РАКА

Шуленина Л.В.¹, Михайлов В.Ф.¹, Засухина Г.Д.², Акопян К.В.³, Раева Н.Ф.¹, Виноградов В.В.³, Ханамиров А.А.³

1. Федеральное государственное бюджетное учреждение «Государственный научный центр Российской Федерации – Федеральный медицинский биофизический центр имени А.И.Бурназяна» ФМБА России
2. Федеральное Государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им.Н.И.Вавилова РАН
3. Федеральный научно-клинический центр отоларингологии ФМБА России

Автор, ответственный за переписку: Лилия Викторовна Шуленина, shulenina2010@mail.ru

Кодирующие и некодирующие белки РНК-транскрипты имеют специфичные микроРНК-респонсивные элементы, благодаря которым осуществляется активное взаимодействие мРНК, микроРНК и длинных некодирующих РНК друг с другом. Эти взаимодействия регулируют экспрессию белок кодирующих генов на транскрипционном и посттранскрипционном уровнях, определяя фенотип клеток.

При различных онкологических заболеваниях изменяется экспрессия сотен микроРНК и длинных некодирующих РНК. Так, при раке пищевода, гортани и полости рта часто наблюдаются геномные изменения в области хромосомы 11q13, сопровождающиеся увеличением экспрессии генов циклин D1 и ORA0V1. Гиперэкспрессия первого гена способствует усилению пролиферации и снижению репарации повреждений ДНК, а второго, как показывают работы зарубежных ученых, может быть маркером неблагоприятного прогноза заболевания. В наших исследованиях установлено, что при этих заболеваниях снижается эффективность функционирования p53-зависимой системы сохранения стабильности генома и наоборот, увеличена экспрессия miR-21, являющейся антагонистом этой системы. Показано, что увеличение экспрессии длинной некодирующей РНК LOC401317, представляющей мишень транскрипционного фактора p53, ингибирует рост клеток носоглоточной карциномы и индуцирует их апоптоз [Zh. Gong et.al. 2015]. Введение в клетки карциномы CNE2 длинной некодирующей РНК AK294004, мишенью которой является циклин D1, также вызывало подавление пролиферации и клеточную гибель.

Изменения взаимодействия между мРНК, длинными некодирующими РНК и микроРНК могут быть важным звеном для инициации и развития онкотрансформации, иметь диагностическое, прогностическое и терапевтическое значение. Потенциал знаний, полученный при комплексном исследовании длинных некодирующих РНК, микроРНК и мРНК генов может быть использован в онкологии для выбора эффективной персонализированной терапевтической стратегии.

ПРИРОДНАЯ ЛЕКАРСТВЕННАЯ УСТОЙЧИВОСТЬ *Mycobacterium tuberculosis*, ОБУСЛОВЛЕННАЯ СИСТЕМОЙ ТРАНСКРИПЦИОННОГО ФАКТОРА *WhiB7*

Шур К.В.¹, Маслов Д.А.¹, Михеечева Н.Е.¹, Беккер О.Б.¹, Даниленко В.Н.¹

1. ФГБУН Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, ФАНО России

Автор, ответственный за переписку: Кирилл Владимирович Шур, shurkirill@gmail.com

Mycobacterium tuberculosis является возбудителем туберкулеза – лидирующим по смертности бактериальным инфекционным заболеванием, ежегодно уносящим жизни более 1.5 миллионов человек. Помимо лекарственной устойчивости, возникающей вследствие проведения противотуберкулезной химиотерапии, у *M. tuberculosis* существует система природной лекарственной устойчивости, направленная на защиту микроорганизма от действия низких доз антибиотиков. Наличие такой системы может осложнять проведение противотуберкулезной химиотерапии, а также лечение сопутствующих заболеваний.

Система природной лекарственной устойчивости, состоит из множества генов (резистом), включая: клеточные насосы, белки-модификаторы лекарств, транскрипционные факторы, контролирующие экспрессию генов отвечающих за лекарственную устойчивость. Одним из наиболее интересных и изучаемых генов-регуляторов является *whiB7*. Он контролирует экспрессию генов собственного регулона, включающего в себя клеточные транспортеры, рибосомальные белки, а также гены выживаемости в макрофагах и вирулентности.

В нашем исследовании мы анализировали влияние на природную лекарственную устойчивость генов *whiB7* и *tap*, а также их мутантных форм. Мутанты, обнаруженные в линии Beijing и EAI/Manila, позволили нам исследовать новые роли данных генов в реализации природной лекарственной устойчивости у микобактерий. Нами был показан новый фенотип устойчивости, определяемый геном *whiB7* (устойчивость к β-лактамным антибиотикам), а также геном *tap* – устойчивость к макролидам и антибиотикам группы фторхинолонов. Также мы провели общий статистический анализ мутаций в этих генах среди штаммов, последовательности геномов которых доступны в GenBank. Нами было обнаружено, что ген *tap* имеет мутантную форму (*insC581*), специфичную для штаммов линии Beijing (коэф. корр. $r=0.81$), а ген *whiB7* – делецию $\Delta G191$, высокоспецифичную для группы EAI/Manila (коэф. корр. $r=0.92$).

Таким образом, нами выявлены новые фенотипы природной лекарственной устойчивости, обуславливаемые генами *whiB7* и *tap*, а также выявлены мутации, позволяющие дополнительно отслеживать микроэволюцию *M. tuberculosis*.

ПОЛИМОРФИЗМ ГЕНОВ СЕРТОНИНОВЫХ РЕЦЕПТОРОВ (5-HT_{1B} И 5-HT_{2A}) У МУЖЧИН ТРЕХ АФРИКАНСКИХ ПОПУЛЯЦИЙ

Щербакова О.И.¹, Суходольская Е.М.², Лазебный О.Е.³, Бутовская М.Л.⁴, Рысков А.П.², Васильев В.А.²

1. Московский педагогический государственный университет
2. Институт биологии гена РАН
3. Институт биологии развития РАН
4. Институт этнологии и антропологии им. Н.Н. Миклухо-Маклая РАН

Автор, ответственный за переписку: Ольга Игоревна Щербакова, shh-olja@rambler.ru

Агрессия является одной из серьезных проблем в современном мире. Известно, что серотонинергическая система участвует в формировании различных форм социального поведения. Целью настоящей работы явилось изучение генетической вариабельности генов серотониновых рецепторов, ассоциированных с агрессивным поведением (5-HT_{1B} и 5-HT_{2A}) у мужчин трех африканских популяций Танзании – Хадза, Датога и Исанзу.

Для анализа использовалась геномная ДНК. Полиморфизм локусов 5-HT_{1B} (rs6296) и 5-HT_{2A} (rs6311) изучали с помощью ПЦР анализа с локус-специфичными праймерами. Для выявления SNP-полиморфизмов генов продукты амплификации в течение ночи обрабатывали эндонуклеазами *HTR2A* (MspI), *HTR1B* (HincII). Детекцию продуктов рестрикции и амплификации проводили в 1,5% агарозе в присутствии бромистого этидия.

Согласно результатам теста на соответствие равновесию Харди-Вайнберга исследуемые популяции находятся в состоянии равновесия по изученным локусам.

Впервые были установлены частоты распределения аллелей и генотипов для популяции Исанзу (n=156). При исследовании ДНК данной популяции были выявлены следующие распределения: по локусу 5-HT_{2A} частота аллелей составила: А-0,417, G- 0,583; генотипов: АА- 0,192, АG-0,449, GG – 0,359. Частота аллелей по локусу 5-HT_{1B} – С-0,184, G-0,816; генотипов: СС-0,026, СG-0,316, GG-0,658. Ранее нами проводились аналогичные исследования популяций Хадза и Датога. Анализ результатов проведенных исследований показал достоверные отличия в распределении частот аллелей локусов 5-HT_{1B} (P =0.000) и 5-HT_{2A} (P=0.00735) только между популяциями Хадза и Исанзу. Аналогичное распределение наблюдается и по генотипам.

Индекс фиксации Райта подтверждает большую дифференциацию по обоим локусам между популяциями Хадза и Исанзу (Fst = 0,020) по сравнению с популяциями Исанзу и Датога.

Выяснение возможных связей аллельных вариантов данных локусов с различными формами агрессивного поведения является предметом нашей дальнейшей работы.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (гранты №№16-34-00-644, 16-04-00-458) и программы Президиума РАН «Молекулярная и клеточная биология».

НОВЫЙ СОРТ ОЗИМОЙ МЯГКОЙ ПШЕНИЦЫ СОЛНЕЧНАЯ, ПОЛУЧЕННЫЙ ПРИ ИНТЕГРАЦИИ МЕТОДА ХИМИЧЕСКОГО МУТАГЕНЕЗА С ТРАДИЦИОННОЙ СЕЛЕКЦИЕЙ ВКЛЮЧЁН В ГОСРЕЕСТР СЕЛЕКЦИОННЫХ ДОСТИЖЕНИЙ В 2016

Эйгес Н.С.¹, Волченко Г.А.¹, Волченко С.Г.², Духанин Ю.А.³, Кузнецова Н.Л.⁴, Упельник В.П.⁴, Александров Е.Н.¹

1. ФГБУН Институт биохимической физики им. Н.М. Эммануэля РАН. Москва.
2. Союз писателей Москвы
3. ФГБУ Министерство сельского хозяйства и продовольствия. Правительство Московской области. Москва
4. ФГБУН Главный ботанический сад им. Н.В. Цицина РАН. Москва

Автор, ответственный за переписку: Наталья Сергеевна Эйгес, volchenkos@mail.ru

Предварительно сорт прошёл 4-х летние испытания на Госсортоучастках. В 35% случаев отмечались превышения урожаев над стандартными сортами. В 69% областей были превышения урожаев сорта Солнечная над стандартами. В Центральном регионе наиболее стабильными были прибавки урожаев на Госсортоучастках Ивановской области. Наибольшая – 8,6ц/га.

Сорт Солнечная получен в результате скрещивания высокопродуктивного, устойчивого к фитопатогенам хемомутанта с сортом Мироновская 808. Оба компонента скрещивания показали высокую комбинационную способность, выразившуюся в широком разнообразии признаков гибридного потомства и в разнообразных комбинациях, составивших комплексы, включая сочетания признаков, которые получить вне метода химического мутагенеза трудно, чаще невозможно из-за генетических барьеров, определяющих эволюционно сложившиеся корреляционные связи между признаками. Ослабление этих связей в результате множественных генных мутаций в оптимальных вариантах воздействия химическим супермутагеном этиленимином позволило сочетать в одной форме например такие трудно сочетаемые признаки, как стабильно-высокие урожайность, адаптивные и хлебопекарные свойства, регулярно проявляющиеся по годам. Таким комплексом свойств обладает сорт Солнечная. Высокая адаптивность сорта проявляется не только в неблагоприятные годы по Центральному региону, но и в Западно-Сибирском, когда на Госсортоучастках Алтайского края, в областях Новосибирской (Маслянинский район) и Тюменской (Нижнее-Тавдинский район) наблюдалось превышение по урожаю сорта Солнечная над стандартами на 5 – 9ц/га. Эти данные подтверждают наличие высокоадаптивных свойств сорта.

Высокие хлебопекарные свойства наблюдаются у сорта на опытных полях и в хозяйствах, в том числе на низких агрофонах, при перестоях на корню. Хлебопекарные оценки: от 4,2 (хорошие) до 4,7 – 5,0 (отличные). Наличие данного комплекса признаков позволяет надеяться на получение достаточного количества продовольственного зерна озимой пшеницы как альтернативы к преобладающему сейчас производству фуражного зерна.

ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКАЯ МУЖСКАЯ СТЕРИЛЬНОСТЬ КАК МОДЕЛЬ ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ЭПИГЕНЕТИКИ РАСТЕНИЙ

Эльконин Л.А.¹, Геращенко Г.А.², Кожемякин В.В.¹, Цветова М.И.¹, Рожнова Н.А.²

1. ФГБНУ "Научно-исследовательский институт сельского хозяйства Юго-Востока", г. Саратов
2. Институт биохимии и генетики УНЦ РАН, г. Уфа

Автор, ответственный за переписку: Лев Александрович Эльконин, lelkonin@gmail.com

Выявление механизмов, управляющих эпигенетической наследственностью у растений, является одной из актуальных задач современной генетики. Изучение восстановления фертильности в некоторых типах стерильных цитоплазм сорго, общим свойством которых является нарушение раскрытия пыльников (A₃, A₄, 9E, M35-1A), показало, что важным фактором, определяющим фертильность гибридов F₁ с ЦМС-линиями на этих типах цитоплазм, является уровень влагообеспеченности растений на этапе микроспорогенеза. «Индукцированная» высоким уровнем влагообеспеченности фертильность проявляется в самоопыленном потомстве гибридов, выращенном в «неиндуктивных» условиях, при этом в большинстве семей сохраняется доминантный характер экспрессии генов-восстановителей, однако в тест-кроссах фертильных линий, полученных в результате самоопыления гибридов F₁ с ЦМС-линиями, экспрессия «индуцированной» фертильности вновь зависит от условий влагообеспеченности. Эти данные свидетельствуют, что функциональный статус генов в ряде случаев устанавливается под действием условий внешней среды в F₁ и наследуется в поколениях. Для выявления возможных причин утраты функциональной активности генов-восстановителей в геноме гибридов F₁ на цитоплазме 9E в условиях засухи был проведен MSAP-анализ ДНК фертильных и стерильных растений с использованием праймеров к ряду генов, участвующих в регуляции развития пыльников и пыльцы. Установлено изменение характера метилирования гена транскрипционного регулятора MYB46, коррелирующее с восстановлением фертильности, при этом в спектрах стерильных гибридов присутствует маркерный ампликон, отсутствующий у фертильных ревертантов. В ЦМС A₃, фертильные линии, отобранные при высокой влагообеспеченности, обладают способностью к восстановлению фертильности гибридов F₁, тогда как фертильные линии, отобранные в условиях засухи, утрачивают эту способность. Эти различия, возможно, связаны с эпигенетическими изменениями в генах-восстановителях, индуцируемыми условиями выращивания. Таким образом, эпигенетические изменения в ядерном геноме могут быть одним из механизмов восстановления мужской фертильности при ЦМС.

Работа выполнена при финансовой поддержке РФФИ, грант 16-04-01131.

ИЗУЧЕНИЕ ВЗАИМОСВЯЗИ В НАСЛЕДОВАНИИ ПРИЗНАКА «НАЛИЧИЕ-ОТСУТСТВИЕ» ГОССИПОЛЬНЫХ ЖЕЛЕЗОК И КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ ХЛОПЧАТНИКА

Эргашев М.М.¹

1. Гулистанский государственный университет

Автор, ответственный за переписку: Маъруф Максудович Эргашев, bobohujayev@mail.ru

Особи в любой популяции-природной или культурной-изучаются по их фенотипу, коэффициент же корреляции, вычисленный из непосредственно фактических данных, будет коэффициентом фенотипической корреляции.

Для анализа наследования признака «наличие-отсутствие» госсипольных железок линии Л-453 была скрещена с линией Л-479. Линия Л-453 имеет госсипольные железки на стеблях листьев и на других органах растения. Другая родительская пара-Л-479-не обладает госсипольными железками. Растения F₁, полученные от скрещивания этих линий, имеют госсипольные железки. В F₂ происходит расщепление по «наличие-отсутствие» госсипольных железок на 2 класса: а) растения с госсипольными железками; б) растения без госсипольными железками. Соотношение этих классов 3:1.

Растения F₁ по выходу волокна превосходили обе родительские формы. Выход волокна у них равен $39,48 \pm 0,16\%$. В F₂ происходит расщепление как по выходу волокна, так и по наличию-отсутствию госсипольных железок. По выходу волокна имеет место непрерывная изменчивость. Размах изменчивости по этому признаку составляет от 29 до 45%, среднее значения $38,13 \pm 0,11\%$.

Анализ «наличие-отсутствие» госсипольных железок и выхода волокна в двух фенотипических классах показал незначительные различия по этому признаку. Средние показатели значений выхода волокна для этих классов следующие: растения с госсипольными железками- $38,34 \pm 0,14\%$, растения с госсипольных железок- $37,65 \pm 0,18\%$.

Получены следующие показатели: коэффициент корреляции $r=0,115$; стандартная ошибка коэффициента корреляции $Sr=0,0425$.

Итак, разность между средними значениями выхода волокна в F₂ у разных фенотипических классов по «наличию-отсутствию» госсипольных железок существенно, имеется слабая коррелятивная связь.

Дробный анализ расщепления в F₂ по индексу волокна показал, что средние показатели этих двух классов не различаются. Средние значения индекса волокна для них следующие: растения с госсипольных железками- $8,76 \pm 0,05\text{г}$., растения без госсипольных железок- $8,71 \pm 0,08\text{г}$.

Анализ коэффициента корреляции между признаком «наличие-отсутствие» госсипольных железок и индексом волокна показал следующее: $r=0,020$; $Sr=0,042$.

ИЗМЕНЕНИЕ ТРАНСКРИПЦИОННОЙ АКТИВНОСТИ ГЕНОВ IL6/STAT3-СИГНАЛЬНОГО ПУТИ У ЛИЦ СТАРЧЕСКОГО ВОЗРАСТА И ДОЛГОЖИТЕЛЕЙ

Эрдман В.В.¹, Насибуллин Т.Р.¹, Тимашева Я.Р.¹, Туктарова И.А.¹, Мустафина О.Е.¹

1. Институт биохимии и генетики УНЦ РАН

Автор, ответственный за переписку: Вера Викторовна Эрдман, danivera@mail.ru

Предполагается, что изменения, свойственные организму при старении, являются нарушением баланса между воспалительными и противовоспалительными системами, что приводит к развитию хронического вялотекущего системного воспаления. В реализации множественных эффектов широкого спектра цитокинов и факторов роста, а также при регулировании дифференцировки, про- и противовоспалительной активности иммунных клеток важную роль играет IL6/STAT3-путь сигнальной трансдукции.

Цель работы состояла в функциональном анализе транскрипционной активности (ТА) генов IL6/STAT3-сигнального пути у лиц старческого возраста и долгожителей.

В группу исследования включили 12 женщин в возрасте от 26 до 100 лет, не родственных между собой, этнических татар. Образцы РНК получали из лимфоцитов периферической венозной крови. Для анализа ТА 84 генов использовали планшет RT²Profiler™ PCR Array Human IL6/STAT3 Signaling Pathway (Qiagen, США). Определение относительного уровня мРНК исследуемых генов проводили с помощью qCt-метода.

Уровень ТА генов *CXCL10*, *IL1A*, *TNF*, *IL3*, *IL23A*, *FASLG* и *CD40* понижен у лиц старческого возраста и долгожителей по сравнению с таковым у лиц зрелого возраста (FR<-2.0, p<0.05). В старческом возрасте, по сравнению со зрелым, ниже показатели ТА генов *IL10* (FR=-2.58), *IL11* (FR=-2.44), *LIF* (FR=-2.84) и выше ТА гена *NFKB1* (FR=2.67). Среди долгожителей ТА генов *LTA* (FR=-3.92), *HGF* (FR=-3.06), *MYC* (FR=-3.15), *SOCS1* (FR=-2.78) ниже, чем у лиц зрелого возраста. Уровень ТА гена *NFKB1* в группе долгожителей, по сравнению группой лиц зрелого возраста, снижен (FR=-2.72).

Таким образом, выявленные нами гены с измененной ТА относятся к генам цитокинов и белков, участвующих в IL6/STAT3- и NFκB-сигнальной трансдукции. Это свидетельствует в пользу гипотезы о существенных изменениях в регуляторных контурах IL6/STAT-сигнального пути в старческом возрасте и у долгожителей.

Работа поддержана грантами РФФИ (№14-04-01169а, 14-04-97094а).

ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВЗАИМООТНОШЕНИЯ С И Д-ГЕНОМНЫХ ВИДОВ ХЛОПЧАТНИКА

Эрназарова З.А.¹

1. Институт генетики и экспериментальной биологии АН РУз, г. Ташкент

Автор, ответственный за переписку: Зироатхон Абдуазимовна Эрназарова,
e-mail: ziroat64@mail.ru

На основе методов сравнительной морфологии, цитологии, кариологии и отдалённой гибридизации выявлены признаки сходства и различий, биологические особенности и хозяйственно-ценные признаки представителей подродов *Sturtia* Tod. (С-геном) и *Houzingenia* Fyuh. (Д-геном), а также внутри- и межгеномных гибридов. Установлена степень совместимости видов и её специфические особенности при межвидовой и отдалённой гибридизации.

Для австралийских видов характерны 2 типа цветения: хазмогамный и клейстогамный, для американских - только хазмогамный тип цветения. В условиях интродукции в Узбекистане не совпадают фазы репродуктивного периода.

Среди австралийской группы филогенетически близки виды *G. sturtianum* var. *sturtianum* и *G. sturtianum* var. *nandenvarensense*, *G. australe* и *G. nelsonii*. На основании отличительных признаков *G. bickii* выделен в отдельную подсекцию.

Австралийские виды филогенетически далеки от американских видов. Наиболее близок к австралийским видам *G. klotzschianum* Andress (Д-геном).

Высокий мейотический индекс у гибридов не во всех случаях является основополагающим в определении фертильности пыльцы. Возможно, это явление объясняется тем, что при межвидовых скрещиваниях возможны многочисленные мелкие структурные различия гомологичных хромосом, существенно не влияющие на конъюгацию и не обнаруживаемые цитологическими методами. В подобных ситуациях, обозначаемых термином «криптическая структурная гибридность», кросинговер может приводить к образованию несбалансированных гамет с делециями и дупликациями.

В кариотипах гибридов происходят морфологические структурные изменения: укорочение или удлинение хромосом, соотношение количества мета-субметацентрических хромосом, расположение спутников и вторичных перетяжек.

Выявлено, что признак окраски нектарников листьев сопряжён с плодовитостью. Более плодовиты гибриды с ярко окрашенными (красный, оранжевый) листовыми нектарниками.

Разработаны схемы филогенетического родства внутри (С) и с представителями Д-геномной группы, облегчающие подбор исходного материала и обеспечивающие эффективность получения новых гибридных форм.

ЛИНИЯ КУКУРУЗЫ С ГАПЛОИНДУЦИРУЮЩЕЙ СПОСОБНОСТЬЮ И УНИВЕРСАЛЬНОЙ СИСТЕМОЙ ГЕНЕТИЧЕСКОГО МАРКИРОВАНИЯ

Гуторова О.В.¹, Юдакова О.И.¹

1. Саратовский государственный университет имени Н.Г. Чернышевского

Автор, ответственный за переписку: Ольга Ивановна Юдакова, yudakovaoi@info.sgu.ru

Для получения гаплоидных растений кукурузы, необходимых для ускоренного создания гомозиготных линий, эффективно используются линии-гаплоиндукторы, пыльца которых стимулирует партеногенетическое развитие зародышей у материнских форм. Как правило, такие линии несут доминантные гены окраски зародыша и эндосперма (ACR-nj: *cludu Pr b pl* у *Rwg*). Это дает возможность отбирать гаплоиды среди сухих зерновок и проростков до 4 дня развития. Целью проведенной работы было создание линии-гаплоиндуктора с пурпурной окраской листьев и стебля (доминантные признаки), что позволило бы выявлять гаплоиды среди взрослых растений в полевых условиях. При создании новой линии в качестве материнского родителя использовали растения линии-гаплоиндуктора ЗМС-8, в качестве отцовского - нелинейные формы кукурузы с пурпурной окраской стебля, листьев и метелок. Полученные гибриды самоопыляли и в течение нескольких последующих поколений проводили отбор растений по следующим признакам: высокая частота гаплоиндукции, ярко выраженная пурпурная окраска вегетативных частей растения, зародыша и эндосперма. Учитывались также высота растения, неполегаемость, хорошая метелка и др. Поскольку гаплоиндукторы используют в качестве опылителей, важно, чтобы высота растений была выше места расположения початков на материнских формах, метелки имели большую продуктивность. В результате были отобраны растения с частотой гаплоиндукции до 10%, имеющие пурпурную окраску всех вегетативных частей взрослого растения, высотой около $155,0 \pm 7,9$ см, характеризующиеся наименьшей полегаемостью, с хорошо маркированным зародышем и эндоспермом на стадии сухих зерновок. Данная линия растений была названа ЗМС-П1 (Зародышевый маркер саратовский пурпурный 1). Наличие универсальной системы маркирования у этой линии (гены пурпурной окраски зародыша, алейрона, стебля, листьев и метелок) позволяет с высокой точностью отбирать гаплоиды среди гибридов на любой стадии развития от зерновки до взрослого растения.

НОВЫЙ ПОДХОД К ОТБОРУ ПОТЕНЦИАЛЬНЫХ ПСИХОБИОТИКОВ СРЕДИ ШТАММОВ ЛАКТОБАЦИЛЛ И БИФИДОБАКТЕРИЙ

Юнес Р.А.¹, Полуэктова Е.У.¹, Дьякова М.С.¹, Козловский Ю.Е.², Орлова В.С.³, Даниленко В.Н.¹

1. ИОГен РАН
2. Научно-исследовательский институт морфологии человека РАМН
3. РУДН

Автор, ответственный за переписку: Роман Абдаллаевич Юнес, romanyunes@gmail.com

Психобиотики - это живые микроорганизмы, которые при употреблении в адекватных количествах способны воздействовать на ось кишечник-мозг и оказывать положительное влияние на течение таких заболеваний как аутизм, депрессия, хроническая усталость, тревожные расстройства. Показано, что отдельные штаммы лактобацилл и бифидобактерий способны модулировать поведение и настроение человека и животных. Однако такая способность присуща только отдельным штаммам; актуальной задачей является разработка подходов к поиску и отбору таких штаммов-психобиотиков, Основными критериями отбора штаммов бактерий родов *Lactobacillus* и *Bifidobacterium*, применёнными в данной работе, были способность к синтезу гамма-аминомасляной кислоты (ГАМК) и способность реагировать на добавление в среду катехоламинов и серотонина. ГАМК – основной тормозной медиатор нервной системы человека, в то же время синтезируется многими бактериями. Катехоламины - группа химических соединений, выполняющих роль посредников (медиаторов и нейрогормонов) в организме млекопитающих, выбрасываются в больших количествах в кровь во время стресса. У бактерий идентифицированы специфические системы, реагирующие на присутствие катехоламинов.

Была исследована коллекция штаммов лактобацилл и бифидобактерий 14 видов, выделенных из организма жителей России (около 200 штаммов), отобраны штаммы, синтезирующие ГАМК (около 60) и способные увеличивать рост на 1-4 порядка в присутствии норадреналина (47), адреналина (41), дофамина (44) и серотонина (26). По основным пробиотическим свойствам, способности синтезировать ГАМК и реагировать на присутствие катехоламинов и серотонина отобраны штаммы *L.plantarum*90sk, *L.brevis*15f, *B.adolescentis*150, *B.angulatum*GT102. Для штамма *L.plantarum* 90sk оптимизированы условия синтеза ГАМК и изучено влияние норадреналина на экспрессию ряда генов; в опытах на крысах показано, что введение штамма животным в условиях стресса увеличивает содержание ГАМК в крови и снижает количество гормона пролактина. Отобранные штаммы являются потенциальными психобиотиками.

ИЗУЧЕНИЕ РОЛИ ПОЛИМОРФНЫХ ВАРИАНТОВ В ГЕНАХ АКТИНИНА И МИОЗИНА ПРИ ФОРМИРОВАНИИ ФИЗИЧЕСКОЙ РАБОТОСПОСОБНОСТИ

Юсупова Э.И.¹, Воробьева Е.В.¹

1. Башкирский государственный педагогический университет им. М. Акмуллы, г.Уфа

Автор, ответственный за переписку: Э.И. Юсупова, usyurova17.05.1993@mail.ru

Генетический контроль за синтезом белков мышечной ткани привлекает большое внимание исследователей в результате того, что на этом уровне обеспечивается формирование характерного набора белков, а нарушения процессов приводят к появлению различных форм наследственной патологии человека.

Ген *MYH7* локализован на 14 хромосоме в позиции 14q12 (Matsuoka, 1989), состоит из 22883 пар нуклеотидных оснований, кодирующих протеин из 1935 аминокислот (Jaenicke, 1990). Ген бета тяжелой цепи сердечного миозина человека кодирует белок, ассоциированный с гипертрофической кардиомиопатией. Ген *ACTN3* картирован на длинном плече 11 хромосомы (11q13-q14), состоит из 20 экзонов и 19 интронов. Продукт гена *ACTN3* отвечает за синтез альфа-актинина-3, являющегося основным компонентом Z-линий мышечных саркомеров, который определяет развитие быстрых мышечных волокон II типа (Дружевская, 2006).

Материалом исследования служили образцы ДНК, полученные из цельной венозной крови 110 человек.

Вся изученная выборка студентов была разделена на группы в зависимости от значения физиологических показателей (расчет индекс Кердо, коэффициент выносливости, коэффициент экономичности кровообращения).

При попарном сравнении частот генотипов и аллелей с косвенными показателями ССС не обнаружено достоверного повышения частот генотипов и аллелей генов *MYH7* и *ACTN3*. Распределения частот генотипов и аллелей в выборках с увеличением и уменьшением значений по данным показателям соответствуют распределению Харди-Вайнберга, наблюдаемые результаты соответствуют теоретически ожидаемым ($P > 0.05$) согласно критерию хи-квадрат.

Таким образом, исходя из анализа полученных данных, не выявлено статистических достоверных различий генов *MYH7* (*Arg719Gln*) и *ACTN3* (*R577X*) с физиологическими показателями функционирования сердечно-сосудистой системы.

ПЕРЕДАВАЕМАЯ ПОТОМКАМ ЮРЛОВСКОЙ ГОЛОСИСТОЙ И ПУШКИНСКОЙ ПОЛОСАТО-ПЕСТРОЙ ПОРОДАМ КАРИОТИПИЧЕСКАЯ НЕСТАБИЛЬНОСТЬ ЭРИТРОЦИТОВ ПТИЦ

Косякова Г.П.¹

1. ФГБНУ ВНИИ генетики и разведения сельскохозяйственных животных ФАНО, Санкт-Петербург, Пушкин, Россия.

Автор, ответственный за переписку: Галина Павловна Косякова, galkos1@mail.ru

Для передачи потомкам не только продуктивных признаков, экстерьерных особенностей, фенотипических данных, устойчивости к определенным заболеваниям, но и особенности генотипа, которые присущи разным породам птиц, передаются из поколения в поколение. На основе таких принципов в селекции кур продолжается работа по результатам отбора и подбора по продуктивности, с учетом жизнеспособности и яйценоскости в условиях содержания экспериментального хозяйства ВНИИГРЖ. Уже на протяжении многих лет разводятся уникальные породы кур юрловская голосистая и пушкинская полосато-пестрая и их потомки. Встает вопрос как передаются потомкам генотипические признаки их родителей. В связи с этим представляется перспективным оценить кариотипическую нестабильность генома юрловской голосистой и пушкинской полосато-пестрой породы птиц и их потомков в зависимости от живой массы. **Целью** являлось оценить в периферической крови птиц юрловской голосистой и пушкинской полосато-пестрой породах и их потомках спонтанные нарушения морфологии ядер по признакам “частота эритроцитов с микроядрами(ЧЭМ)” и “частота эритроцитов с хвостатыми ядрами” (ЧЭХЯ), а также изучить породную принадлежность петухов и кур двух пород по живой массе и маркерам кариотипической нестабильности эритроцитов в зависимости от породной принадлежности птиц и их потомков. Как следует у кур ЧЭМ в среднем составила $1,98 \pm 0,10\%$ у юрловской голосистой, что значительно отличалось от средней частоты эритроцитов с микроядрами в крови петухов - $1,27 \pm 0,13\%$ ($P < 0,001$). Такая же тенденция наблюдается у пушкинской черно-пестрой породы. Нарушение морфологии ядер эритроцитов по типу “хвостатые ядра” также достоверно чаще обнаруживалось в периферической крови кур по сравнению с петухами ($P < 0,05$) Можно предположить, что одной из причин повышенных спонтанных частот нарушений морфологии ядер в эритроцитах кур является следствием влияния половых гормонов самок.

THE COTTON GENEPOOL INFOSYSTEM IS BASIS OF THEIR EFFECTIVE USE

Abdullaev F.Kh.¹, Arslanov D.M.¹, Muminov Kh.A.¹

1. Institute of Genetics and Plant Experimental Biology of AS RUz

Corresponding author: F.Kh. Abdullaev, f_abdullaev@yahoo.com

Plant genetic resources are the valuable and strategic capital of any state. Saving and rational usage of plant genetic resources is a key to boosting productivity and positive stability of agricultural crops. Genetics banks of plants sustain collections of a plant material for the purpose saving of its viability and properties on advantage to future generations of humankind and an environment. Two most important tasks in the information management of genebanks are documentation and characterization which include criteria of the fundamental identification, or so-called «passport data» and descriptions of the fundamental morphological and agronomic parameters (*accordingly known as the characteristics or the given estimation*), essential to management genebank and breeders.

The genepool of the world cotton diversity in Uzbekistan has a strategic importance, and consists of 32580 accessions, including: *G.hirsutum* L.- 24571 acc., *G.barbadense* L.- 4190 acc., *G.arboreum* L.- 1623 acc., *G.herbaceum* L.- 1292 acc., other species- 937 acc. This rich genetic pool is the basis of fundamental and applied research in different fields of science and the basis for successful development of cotton production in the country.

Conducted on scientific basis the research will allow establishing the National information system on cotton genepool. It will correspond to the international standards. Documentation and development of the National information system on cotton genepool will allow to operatively systematize, analyze the information and to carry out cooperating on a global scale, which will provide an effective utilization of genetic resources for the benefit of future generation.

SYNTHETIC HEXAPLOID WHEAT GENOTYPES TO IMPROVE GRAIN YIELD IN QUALITY IN AZERBAIJAN

Gadimaliyeva G.A.¹, Aminov N.Kh.¹, Abugaliev A.², Morgounov A.I.³

1. Genetic Resources Institute of Azerbaijan National Academy of Sciences
2. Kazakh Research Institute of Farming, Almaty, Kazakhstan
3. International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT, Turkey)

Corresponding author: G.A. Gadimaliyeva, gular_genetic@yahoo.com

Tolerance of synthetic hexaploid wheat genotypes to abiotic and biotic stress factors were studied in different soil and climatic conditions (irrigated, rain-fed and saline) of Azerbaijan. The genotypes were grown at three different regions and evaluated in comparison with standard varieties based on physiological parameters and yield components. The following parameters were calculated: plant height, heading date, spike length, spike weight, spikelet number per spike, grain number per spike, grain weight per spike, the number of spikes m⁻², 1000 grain weight and harvest index. Results showed that studied parameters didn't exceed standard in all three conditions. Harvest index and 1000 grain weight were relatively higher in salinity condition. Pearson correlation revealed significant correlations at the 5% and 1% level probability between certain traits. Grain weight and grain number per spike showed significant correlation at P<0.01** level. Harvest index and grain weight per spike also exhibited significant positive correlation ($r = 0.746$) at the 1% level probability.

In addition grain quality parameters of synthetic hexaploids were also evaluated. The parameters taken were: grain weight, vitreousness, gluten content, gluten index (quality), gluten deformation index, total protein content and protein quality (SDS-Sedimentation volume).

The synthetic hexaploids had significantly higher protein content (14.6 – 19.3 %). Eleven accessions of synthetic hexaploids showed SDS-S values (35 – 39 ml) close to standard (41 ml). Gluten deformation indices of 15 genotypes were 80-85.

Among studied collection high productive genotypes with high grain quality were selected (16SYNT-ELITE-13, 16SYNT-ELITE-7, 16SYNT-ELITE-11 etc.).

GENETIC DIVERGENCE AMONG ANIMAL TAXA AND LINEAGE RETICULATION: SUPPORT TO NEO-DARWINISM AND DNA BARCODING

Kartavtsev Y.Ph.¹

1. A.V. Zhirmunsky Institute of Marine Biology of the Far Eastern Branch of the Russian Academy of Sciences, Vladivostok 690041; Far Eastern Federal University, Vladivostok 690095, Russia

Автор, ответственный за переписку: Юрий Федорович Картавец,
yuri.kartavtsev48@hotmail.com

In the presentation evidence are considered on impact of genetic introgression on animal species integrity and its evolutionary fate, which must inevitably caused pattern of molecular genetic divergence and reticulation of phylogenetic lineages among existing taxa under certain mode of evolution. Newest molecular evolutionary data are gathered and their consistency with the main modern paradigm, Neo-Darwinism and its part, Biological Species Concept (BSC), considered. Three points for the discussion are summarized. 1. Methods for the hybrid detection and genetic introgression. 2. Facts obtained on genetic introgression by mtDNA and nDNA markers. 3. Correspondence of data on molecular diversity in lineages with BSC. Concluded that claims on the inadequacy of modern BSC paradigm due to wide-scale genetic introgression and phylogeny reticulation are too premature, especially keeping in mind the long history of many hybrid zones. Contrary to that, evidence summarized in the literature shows that molecular genetic data are concordant with BSC and Neo-Darwinism. It is clear that genetic introgression exists, although, for example, even in a wide zone of *Mytilus* ex. gr. *edulis* (Mollusca, Mytilidae) it may be quite restricted or be asymmetric, so holding intact at least the “source” taxa. If we accept that sexually reproducing species in marine and terrestrial realms are introgressed, then we should recognize that the orthodox biological species concept, in terms of complete gene flow absence among species, is inadequate in a sense that many zoological species are not biological species yet. However, later in time most of them definitely become biological species.

THE GENOTYPE ASPECT OF ANDROCLINIA INDUCTION AND THE EMBRYOLOGICAL STATUS OF INOCULATED WHEAT ANTHERS

Kruglova N.N.¹, Seldimirova O.A.¹, Zaytsev D.Yu.¹, Zinatullina A.E.¹, Galin I.R.¹

1. Ufa Institute of Biology of RAS

Автор, ответственный за переписку: Наталья Николаевна Круглова, kruglova@anrb.ru

Androclina is the phenomenon of formation of plant regenerant in in vitro conditions from the anther sporogenous cell via the formation of androclinc structure. This phenomenon is the foundation of the anther culture method which is the perspective experimental approach in genetical investigations. The purpose of the research was the investigation of such important aspect of genotype influence on the induction of sporophytic pathway of sporogenous cell development as the embryological status of anthers at the moment of its inoculation into cultural medium. 186 cultivars of spring soft wheat from the collection of Bashkirian Agricultural Institute were used during 12 years. The frequency of androclinc structure formation was counted as the percentage from number of inoculated anthers. The anthers of all wheat genotypes at the moment of inoculation were at the period of maturing which included the sporogenous cells at the stage of microspore (the phases of unvacuolated, feebly-vacuolated and strongly-vacuolated microspores) and at the stage of pollen grain (the phase of 2- and 3-cell pollen grain). Thus there was the polymorphism of sporogenous cells in this anthers depending on its asynchronous development in vivo. It has been established that the anthers that contained preponderating number (more than 70 %) of microspore in strongly-vacuolated phase had the greatest responsiveness on the cultural conditions for all obtained genotypes. Such microspores were named morphogenic. The anther loculus wall of wheat including the morphogenic microspores was represented by well-developed exothecium and endothecium cells and by degenerating middle layer and tapetum cells.

MALE MEIOSIS WITHOUT Y CHROMOSOME: A CASE OF MOLE VOLE *Ellobius lutescens*

Matveevsky S.¹, Bakloushinskaya I.², Tambovtseva V.², Kolomiets O.¹

1. Vavilov Institute of General Genetics, Russian Academy of Sciences, Moscow
2. Koltzov Institute of Developmental Biology, Russian Academy of Sciences, Moscow

Автор, ответственный за переписку: С.Н.Матвеевский, sergey8585@mail.ru

Mole vole *Ellobius lutescens* is an exclusive species among mammals, because it has an odd number of chromosomes ($2n = 17$) and a unique system of sex chromosomes - XO♂♀. It is still not clear which genes are responsible for the sex determination in this species.

In this study, we conducted an immuno-analysis of synapsis and inactivation of the chromatin in spermatocytes of *E.lutescens*. We used antibodies to the protein of axial/lateral elements of synaptonemal complex (SC) - SYCP3, to the centromeric proteins (CREST), to the proteins of chromatin inactivation.

At the zygotene stage, γ H2AFX signals were detected in unpaired regions. At the pachytene stage, X chromosome was shifted to the periphery of nucleus. ATR- and SUMO-1 signals were immunodetected only within chromatin of the sex univalent. γ H2AFX signals were visualized in chromatin of X univalent and as specific foci within SC. At meiotic prophase I, the male X chromosome formed a typical sex body similar to the XY in mammalian males.

Previously we have studied male sex chromosomes of *E.talpinus* and *E.tancrei* (XX♂♀). Although XX had some unusual morphology and specific patterns of inactivation proteins distribution, a typical sex body formed on the periphery of meiotic nuclei. In females of these species, XX chromosomes were synapsed along the entire length and showed no signs of transcriptional silencing. Thus, the study of meiotic behavior of single X in *E.lutescens* females is crucial for understanding the biology of sex chromosomes in *Ellobius*. This work was supported by grant (RFBR №15-29-02649).

TRANSGRESSIVE SEGRAGATION IN TRITICALE-WHEAT HYBRID POPULATIONS

Mehdiyeva S.P.¹, Aminov N.K.¹

1. Genetic Resources Institute of ANAS

Corresponding author: Sabina Parvin Mehdiyeva, mora-kasper@rambler.ru

Transgressive segregation in hybrid populations is leading to phenotypic values that exceed (positive transgression) or concede (negative transgression) those of either parental line. The aim of our study was the identification of transgressive variations in hybrid populations of wheat-rye amphiploid ABDR ($2n = 42$, ABD/R) with different wheats: (Bezostaya 1 ($2n = 42$, ABD), Grekum 75/50 ($2n = 42$, ABD), *T. aestivum* var. *velutinum* ($2n = 42$, ABD), *T. macha* Dek. et Men. ($2n = 42$, ABD), a synthetic wheat ADS [*T. beoticum* x *Ae. taushii*] x *Ae. speltooides*] ($2n = 42$, ADS) and *T. dicoccum* ($2n = 28$, AB) during the four generations (F₂ -F₅). Transgressions (positive and negative) were studied starting from the second generation on four quantitative traits: plant height (PH), spike length (SL), number of spikelet per spike (NSS), spike density (SD). The common case for all of the investigated hybrid populations during the four generations was the presence of negative transgressions on the PH trait (except the F₂ hybrids in combination ABDR x *T. dicoccum*) and positive transgressions on the SD trait, as well as the absence of positive transgressions on the NSS trait (exceptions were branched spike forms), and on SL trait (exceptions were some forms in the later generations (F₄, F₅) from combination of ABDR x *T. dicoccum*).

Transgressive forms on the four quantitative traits derived in this study may be used as objects for studying genetics of mentioned traits as well as used in breeding programs as a donor to improve varieties for these traits.

USE OF DIPLOID COTTON SPECIES OF GENUS *Gossypium* L. IN GENETIC AND BREEDING RESEARCH

Muminov Kh.A.¹, Abdullaev F.Kh.¹

1. Institute of Genetics and Plant Experimental Biology of AS RUz

Corresponding author: Khasan Alikulovich Muminov, khasan.muminov.82@gmail.com

Use of the valuable cotton wild-growing relatives germplasm of *Gossypium* L. is for the present limited by a blank in our knowledge of all biological and morphological diversity. Many wild species of interest, as they have genes carrying extremely valuable traits that are absent in cultural forms: high fiber quality, adaptive potential to abiotic and biotic factors of the environment. Involving them to the hybridization in the future will allow combining the valuable properties and traits, far fragmented in the course of evolution and develop a wide diversity of new genotypes. The aim of this research was morphological and biological estimation the representatives of the Afro-Asian and Indochinese cotton from the cotton genepool, conserved at the IGPEB AS RUz. In the result of study and estimation of representatives of diversity of *G.herbaceum* L. and *G.arboreum* L. and their F₁-F₂ hybrids showed the difference and the wide variation in valuable traits (vegetation period duration, length and output of fiber and also cotton raw weight per boll). The nature of inheritance of the studied set of traits was determined. In general, they are characterized by photoperiodicity and low rates of raw cotton weight per boll, length and output of fiber was determined. It should be noted that the low levels of the components of fertility, photoperiodicity and late maturity indicate their wild nature.

Consequently, the attraction of wild and ruderal forms in breeding programs as a initial material give the chance for enrichment of genotypes in the development of new cotton cultivars.

POTENTIAL USEFULNESS OF THE MORPHOLOGICAL TRAITS FOR EVALUATION OF DROUGHT RESISTANCE IN WINTER WHEAT

Mursalova J.M.¹, Akparov Z.I.¹, Ojaghi J.M.¹, Eldarov M.E.¹, Morgounov A.I.²

1. Azerbaijan Genetic Resources Institute of ANAS
2. CIMMYT

Corresponding author: Jamala Mahammad Mursalova, m.jamala85@gmail.com

Breeding for drought resistant wheat is an important task and objective in semiarid regions. The main objective of this study was to evaluate morphological parameters usable as selection criteria under watered and moisture stressed conditions. This investigation was conducted in Transitional Zone Agricultural Institute, Turkey in 2012-2013 agricultural years under IWWIP. The experimental materials consisted of 48 varieties of winter wheat; a completely randomized block design with four replications was conducted for each environment. Based on grain yield under rain-fed and irrigated conditions drought tolerance indices i.e., STI, SSI, TOL, MP and GMP were calculated. The results of analysis of variance for peduncle number, plant height, heading date, grain yield, total weight, stems number, spikes number, spikelet length, spikelet number, 5 spikes seeds weight, 5 spikes seeds number, bundle spikes seeds weight and thousand kernel weight in rain-fed and irrigated conditions indicated that genotypic differences were highly significant. A positive and significant correlation was observed between yield under irrigated and rain-fed conditions and STI, GMP and MP. Based on principle component analysis a significantly positive correlation was observed between stress susceptibility index and tolerance. These indices were able to select the susceptible genotypes. Cluster analysis based on morphological traits and Ward method classified the all of the studied genotypes into three groups for each condition, while the resistant genotypes were placed in the same group. Breeders can choose better (i.e., more stress-resistant) wheat genotypes based on some indices (e.g. MP, GMP and STI).



ООО «АЛЬБИОГЕН» - молодая, активно развивающаяся компания, специализирующаяся на предоставлении полного комплекса услуг, связанного с продвижением, всесторонней поддержкой пользователей и сервисным обслуживанием продукции компании Illumina.

- Наша команда состоит из специалистов самого высокого уровня с большим опытом работы как с продукцией компании Illumina, так и в области продвижения и поддержки.
- Мы с гордостью можем предложить Вам высочайший уровень логистики, который позволяет бережно и в кратчайшие сроки доставлять нашу продукцию до конечного пользователя.

Компания Illumina Inc. (Сан-Диего, США) инновационная, стремительно развивающаяся компания, являющаяся мировым лидером в области секвенирования нового поколения (NGS). Секвенаторы Illumina позволяют осуществлять генетические исследования для науки, медицины, сельского хозяйства, ветеринарии и криминалистики. Более 90% научных статей, связанных с технологиями секвенирования нового поколения, сделаны на основе работы на платформах Illumina.



Деятельность компании АЛЬБИОГЕН направлена на то, чтобы сделать технологии NGS и биочипового анализа более доступными на территории Российской Федерации и в странах СНГ. Компания АЛЬБИОГЕН является единственным официальным представителем Illumina в Российской Федерации, Республике Беларусь и Казахстане. Нашей задачей является обеспечение полного доступа клиентов к передовым технологиям и сервисам Illumina, включая наиболее современные системы NGS, биочиповые технологии и весь спектр реактивов

Контактные данные: ООО «АЛЬБИОГЕН»
тел. +7 (499) 550 15 25
info@albiogen.ru, www.albiogen.ru
Адрес: 129085, г. Москва, ул. Звездный бульвар дом 21,
строение 3, пом. I, ком.5

Мероприятие проведено при финансовой поддержке
Российского фонда фундаментальных исследований,
Проект № 16-04-20781