

ГЕНЕТИЧЕСКОЕ КАРТИРОВАНИЕ СИМБИОТИЧЕСКИХ ГЕНОВ ГОРОХА ПОСЕВНОГО (*PISUM SATIVUM* L.)

Крюков А.А., Жуков В.А., Тихонович И.А.

ФГБНУ ВНИИ сельскохозяйственной микробиологии, Санкт-Петербург, Россия

rainniar@rambler.ru

Горох посевной является одной из наиболее ценных для сельского хозяйства бобовых культур, поэтому изучение генетического контроля взаимодействия гороха с полезными почвенными микроорганизмами представляет собой актуальную задачу современной биологии.

В лаборатории генетики растительно-микробных взаимодействий ФГБНУ ВНИИСХМ проводится генетическое картирование ряда симбиотических генов при помощи ген-специфичных молекулярных маркеров. В данной работе гены *Sym5*, *Sym16* и *Sym32* были картированы относительно маркеров с известной локализацией в геноме («якорных маркеров»). Была уточнена позиция гена *Sym5* в I группе сцепления (между маркерами PSU81288 (расстояние между маркером и геном 13,5 cM) и AS-2 (35,0 cM)). Ген *Sym16* был картирован относительно маркеров PGD (23,1 cM) и Rbcs (20,3 cM) в V группе сцепления. Самый значительный успех был достигнут в картировании гена *Sym32*, который был локализован нами на генетической карте относительно 6 маркеров в диапазоне 1,2 cM. Фланкирующие *Sym32* ген-специфичные маркеры гомологичны генам Medtr3g079330.1 и Medtr3g080240.1 люцерны слабоусеченной (*Medicago truncatula* Gaertn). Недавно выявленный симбиотический ген люцерны SymCRK (Medtr3g079850.1) расположен именно между указанными генами, и потому рассматривается нами как наиболее вероятный кандидат на роль гомолога *Sym32*. Для проверки этой гипотезы ген, гомологичный SymCRK, будет секвенирован у мутантных линий гороха RisFixO и RisFixL, несущих мутацию в гене *Sym32*, для поиска точковой замены в кодирующей части.

Эта работа, в совокупности с другими похожими, будет использована для дальнейшей работы с симбиотическими генами гороха. Генетическое картирование – это лишь одна из первых ступенек в понимании того, как взаимодействует горох и его симбионты, а также как нам улучшить это взаимодействие.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (№13-04-01703_а), гранта Президента РФ (НШ-4603.2014.4) и РФФИ (№14-24-00135).

ГЕНОТИПИРОВАНИЕ БИОПТАТОВ ЭМБРИОНОВ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ПОЛНОГЕНОМНОЙ АМПЛИФИКАЦИИ

Кудина Е.П.

ФГБНУ ВНИИ животноводства им. академика Л.К. Эрнста, Московская обл., Россия

kelenakam@mail.ru

Развитие животноводства в Российской Федерации невозможно без использования современных методов генетики и молекулярной биологии. Использование данных методов в селекционно-племенной работе в скотоводстве позволяет независимо от возраста, пола и физиологического состояния учитывать генетический потенциал животного. ДНК-диагностику животных можно выполнять в самом раннем их возрасте, что существенно повышает эффективность отбора. Новое направление ранней диагностики наследственных заболеваний связано с развитием преимплантационной генетической диагностики (ПГД). Такая диагностика делает возможным проведение генетического обследования не только до рождения особи, но и до наступления беременности – на самых ранних этапах эмбрионального развития с использованием минимального количества генетического материала.

Целью данной работы является разработать методику генотипирования эмбрионов КРС на основе ДНК-анализа.

Исследования проводятся на базе лабораторий молекулярной генетики животных и эмбриологии и биологии воспроизводства животных центра биотехнологии и молекулярной диагностики животных Всероссийского научно-исследовательского института животноводства имени академика Л.К. Эрнста.

Предмет исследований - эмбрионы крупного рогатого скота, полученные *in vitro*.