

ПОЛУЧЕНИЕ ФРАКЦИИ ГЕНОМНОЙ ДНК ДЛЯ ВЫСШИХ УЭКАРИОТ, ОБОГАЩЕННОЙ БЕЛОК-КОДИРУЮЩИМИ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЯМИ ГЕНОВ

**Новаковская А.П., Увашов А.О., Тагиманова Д.С., Абдрашева К.К.,
Купешев Ж.С., Хапилина О.Н., Календарь Р.Н.**

РГП «Национальный центр биотехнологии», Астана, Казахстан

anna_novak84@mail.ru

Необходимость сохранения и рационального использования всего многообразия мировых генетических ресурсов стала насущной как никогда ранее. Необходимо создание приоритетных планов и мероприятий, которые могут использовать имеющуюся широкую гамму разнообразных генетических ресурсов, обеспечивая при этом устойчивый приток улучшенных сортов, задействуя их лучшие свойства для повышения качества продовольствия в объёмах, позволяющих удовлетворять быстро растущие потребности. Эффективность селекции на урожайность, устойчивость к неблагоприятным условиям и повышения качества пищевых продуктов для здорового питания определяется многими факторами, среди которых решающее значение имеют генетические ресурсы. Особое значение имеет источник повышения качества пищевых продуктов для здорового питания и устойчивость к неблагоприятным условиям. Наиболее надежными являются дикие сородичи культурных растений, о чем писал Н.И. Вавилов еще в 1935 г. Внедрение современных молекулярно-генетических методов исследования вносит весомый вклад в структурно-функциональные исследования геномов. С помощью новых технологий секвенирования можно быстро идентифицировать новые аллели генов и генных областей, как у индивидуальных линий, так и у диких форм. Использование параллельного секвенирования генетически-отдалённых линий, содержащих разнообразный набор аллельных вариантов генома данного вида, позволит изучить природу полиморфизма на белковом уровне и использовать эти знания для разработки технологий быстрой и полной идентификации селекционных линий по всем исследуемым генам одновременно. Анализ последовательностей генов и их аллельных вариантов высших растений или животных с помощью NGS секвенирования проблематичен, так как хромосомная ДНК высших растений содержит, главным образом, последовательности повторов – ретротранспозонов, tandemных и сателлитных повторов, и некодирующие последовательности. На кодирующую часть генома приходится, в зависимости от конкретного вида, от 1% до 30% всей геномной ДНК. В этой связи нами была разработана технология получения фракции геномной ДНК, обогащенной последовательностями генов, включая интрон-экзонные и промоторные участки для высших эукариот. Принцип технологии основан на избирательной гибридизации кДНК с ядерной фракцией исследуемого организма. В результате получают смесь ПЦР фрагментов, обогащенных последовательностями генов (экзонов), которые используются для секвенирования NGS методом с помощью GS FLX+ Roche 454 секвенатора.

TRAR (TRNA-ASSOCIATED REPEATS) – КОРОТКИЕ ПОВТОРЫ ДНК С НЕИЗВЕСТНОЙ ФУНКЦИЕЙ

Новолаев Т.И., Остерман И.А.

Научно-исследовательский институт физико-химической биологии им.
А.Н. Белозерского, ФГБОУ ВО МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

timofei_novolaev@mail.ru

Транспортные РНК служат ключевым элементом в биосинтезе белка, являясь своеобразным адаптером, доставляющим аминокислоты к месту синтеза белка. В бактериальном геноме гены тРНК организованы в опероны. Эти опероны, помимо самих генов тРНК, содержат такие элементы, как TRAR'ы (*от англ. tRNA-associated repeats*). TRAR'ы – это короткие 18-ти нуклеотидные повторы, с последовательностью нуклеотидов, схожей с 3'-концом соответствующего гена тРНК, за которым они расположены. Несмотря на то, что эти повторы изучаются уже достаточно давно, до сих пор нет точной информации об их функциональном назначении в геноме. Только для оперона, кодирующего тирозиновую тРНК,