

контроль экспрессии трансгена, осуществляемый опухолеспецифическим промотором. Мы сравнили активность такого промотора (*Survivin*) с активностью промоторов генов, для которых ранее была показана повышенная экспрессия в строме опухоли поджелудочной железы. Были созданы конструкции, несущие ген-репортер люциферазы под контролем одного из промоторов (промотор гена *Survivin* или “стромальных” промоторов генов *IGFBP2*, *JAG1* и *SDF1*). Далее провели *in vitro* исследование активности выбранных промоторов путем трансфекции клеточных линий человека, включающей линии рака поджелудочной железы – PANC-1, MIA PaCa-2, AsPC-1, рак легкого Calu-1 и культуры фибробластов поджелудочной железы человека IVP-9TS.

Мы показали, что участок промотора гена *IGFBP2* [-636;-2] работает сопоставимо с промотором SV40 только в двух клеточных линиях – PANC-1 и AsPC-1, его активность сравнима с промотором *Survivin* в клеточной линии PANC-1. В опухолевых фибробластах активность промотора *IGFBP2* примерно в 3 раза выше активности промотора *Survivin*. Промоторы генов *JAG1* и *SDF1* проявляют минимум в два раза меньшую активность по сравнению с промотором *IGFBP2* в линиях опухолей поджелудочной железы, при этом промотор гена *SDF1* практически не активен в опухолевых фибробластах, а активность промотора *JAG1* составляет 60% от активности промотора *IGFBP2* и на 50% выше активности гена *Survivin* в фибробластах поджелудочной железы.

Таким образом, исследованные “стромоспецифические” промоторы в целом проявляют достаточно слабую активность в клетках опухолей поджелудочной железы по сравнению со стандартно используемым опухолеспецифическим промотором, однако в опухолевых фибробластах некоторые из них (*IGFBP2* и *JAG1*) более эффективны. Большее сродство “стромальных” промоторов к клеткам опухолевого микроокружения может дать им некоторые преимущества при использовании в терапии опухолей с высоким стромальным содержанием.

Исследование выполнено за счет гранта Российского научного фонда (проект № 14-50-00131).

ИЗУЧЕНИЕ ГЕНЕТИЧЕСКОГО РАЗНООБРАЗИЯ ПШЕНИЦЫ

Увашов А.О., Тагиманова Д.С., Новаковская А.П., Хапилина О.Н.,

Купешев Ж.С., Абдрашева К.К.

РГП «Национальный центр биотехнологии» РК, Астана, Казахстан

gemeni-kz@mail.ru

Чем больше и разнообразнее источников устойчивости включается в селекцию, тем больше возникает возможностей получения новых форм растений с обогащенным генофондом. Проблема сохранения биологического разнообразия на уровне генов является весьма актуальной. Одной из задач является выбор подходов, технологий и критериев оценки генетического разнообразия. К приоритетным направлениям науки относятся развитие технологий анализа геномов растений. Формирование коллекции линий пшеницы является одним из основополагающих этапов по изучению генетического разнообразия пшеницы. Была сформирована коллекция генетически удаленных форм и видов пшеницы из географически удаленных регионов мира. Виды были получены из генетических банков – ВИРа и коллекции USDA. Эта коллекция включает сорта и линии, произрастающие в контрастных природных условиях и несущие генетически разнообразные аллельные формы генов. С помощью технологий секвенирования можно идентифицировать новые аллели генов и генных областей, как у индивидуальных линий, так и у диких форм видов пшеницы. Современные технологии секвенирования ДНК позволяют быстро и дешево полностью секвенировать последовательность нескольких геномов индивидуальных линии данного вида. Кроме того, до сих пор имеется мало информации о природе различий в аллельных вариантах важнейших генов пшеницы, включая изоферменты, гены устойчивости к болезням и стрессам, гены запасных белков и т.д. Сравнительный анализ между этими различными геномами позволил определить консервативные участки генов, которые могут быть исследованы с использованием молекулярных (Conserved Orthologous Set) маркеров для выявления генов-кандидатов, кодирующих признаки, которые хорошо сохраняются между видами. Использование параллельного секвенирования генетически отдалённых линий, содержащих весь набор