

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ И НАУКИ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
Федеральное государственное автономное образовательное
учреждение высшего образования
«ЮЖНЫЙ ФЕДЕРАЛЬНЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского

ЦКП «Высокие технологии»

ГЕНЕТИКА – ФУНДАМЕНТАЛЬНАЯ ОСНОВА ИННОВАЦИЙ В МЕДИЦИНЕ И СЕЛЕКЦИИ

Материалы
Научно-практической конференции с международным участием
(Ростов-на-Дону, 2–4 ноября 2017 г.)

Ростов-на-Дону – Таганрог
2017

ББК 28.04я43

Г34

*Конференция поддержана Российским фондом фундаментальных исследований:
«Проект организации Научно-практической конференции с международным участием
«Генетика – фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции"»
(проект № 17-04-20580)*

Главные редакторы:

доктор биологических наук, профессор *Т. П. Шкурат*;
доктор биологических наук, профессор *А. В. Усатов*;
доктор технических наук, профессор *А. Е. Панич*

Редакционная коллегия:

доктор биологических наук, профессор *М. М. Асланян*;
доктор биологических наук, профессор *А. М. Менджерский*;
доктор биологических наук, профессор *Е. В. Машкина*;
доктор биологических наук *В. А. Чистяков*

Г34 **Генетика – фундаментальная основа инноваций в медицине и селекции** : материалы Научно-практической конференции с международным участием (Ростов-на-Дону, 2–4 ноября 2017 г.) / Южный федеральный университет ; [гл. ред.: Т. П. Шкурат, А. В. Усатов, А. Е. Панич]. – Ростов-на-Дону ; Таганрог : Издательство Южного федерального университета, 2017. – 158 с.

ISBN 978-5-9275-2542-3

Конференция широко известна и очень популярна как в российских научных кругах (Москва, Санкт-Петербург, Новосибирск, Ростов-на-Дону, Краснодар, Ставрополь, Томск, Красноярск, Челябинск, Казань), так и среди ученых ближнего и дальнего зарубежья (Беларусь, Украина, Армения, Казахстан, Германия, США). В конференции традиционно принимают участие более 300 научных сотрудников и студентов, специалистов в области генетики, фармакогенетики, селекции, биотехнологии.

В настоящем сборнике представлены результаты исследований по клинической генетике и персонализированной медицине, организации генома и биоинформатике, клеточным и геномным технологиям, генетическим основам биотехнологии и селекции.

УДК 575(063)

ББК 28.04я43

ISBN 978-5-9275-2542-3

© Южный федеральный университет, 2017

Обнаружена высокая корреляция числа микроРНК и показателей репродуктивной системы. Наибольшее число корреляционных зависимостей между показателями репродуктивной системы и числом локализованных микроРНК в межгенном пространстве обнаружено с геном *альфа-цепи* гонадотропного гормона *CGA*, который кодирует альфа-цепь для четырех гормонов – фолликулостимулирующего, лютеинизирующего, тиреотропного и хорионического гонадотропина.

Расчет коэффициентов корреляции позволил установить зависимости между числом найденных зрелых микроРНК в окрестностях генов *CGA* и *FSHB* и показателями репродуктивной системы. Число локализованных молекул микроРНК вокруг гена *CGA* у всех исследуемых животных положительно коррелировалось с продолжительностью беременности $r=0,89$; весом при рождении $r=0,86$; интервалом между родами $r=0,79$ и с продолжительностью жизни вида $r=0,7$. Отрицательная корреляция обнаружена с продолжительностью овуляции (эструса) $r=-0,83$; количеством детенышей в выводке $r=-0,82$; количеством выводков в год $r=-0,74$.

Число локализованных молекул микроРНК вокруг гена *FSHB* положительно коррелировалось с возрастом начала половой зрелости у самок $r=0,77$; интервалом между родами, $r=0,87$; количеством выводков в год $r=0,74$, продолжительностью жизни $r=0,79$; продолжительностью цикла $r=0,678$.

Дальнейшая идентификация miRNAs и их целевых мРНК, а также построение их регуляторных сетей могут дать новое представление о биологических процессах формирования одноплодной и многоплодной беременности у животных.

УДК 631.52; 630*165.3

СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ПОЛНЫХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ ДНК В МУТАНТНЫХ ПЛАСТИДАХ У ВНЕЯДЕРНЫХ ПЕСТРОЛИСТНЫХ ХИМЕР ПОДСОЛНЕЧНИКА

*М.С. Макаренко¹, М.Д. Логачева², А.В. Усатова¹,
К.В. Азарин¹, И.А. Дремук³, Н.В. Маркин¹*

¹ Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского, 344090, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1

² Институт физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского, Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, 119992, Российская Федерация, г. Москва, Ленинские горы, 1, стр. 40

³ Институт биофизики и клеточной инженерии НАНБ, 220072, Республика Беларусь, г. Минск, ул. Академическая, 27

E-mail: usatova@mail.ru

Хлорофилл-дефицитные мутанты различной генетической природы широко используются для изучения механизмов, регулирующих синтез пигментных и белковых компонентов фотосинтетического аппарата. При этом внеядерные хлорофильные мутанты априори не несут повреждений генов биосинтеза хлорофилла, а могут влиять на синтез пигментов только посредством ретроградной сигнализации. Поэтому исследования хлорофилл-дефицитных мутантов с внеядерным типом наследования представляют особый интерес для исследований, как в области генетики фотосинтеза, так и в области ядерно-цитоплазматических взаимодействий.

Объектами исследования служили растения подсолнечника (*Helianthus annuus*) исходной инбредной линии 3629 и трех внеядерных пестролистных мутантов, полученных на генетической основе линии 3629 с помощью индуцированного нитрозометилмочевинной мутагенеза. Мутантные линии имеют различную степень хлорофильной недостаточности и, соответственно, окраску мутантной ткани растений: желтую – *variegated-1*, *variegated-15* и белую – *variegated-17*. Методом высокопроизводительного параллельного секвенирования (NGS) с последующим картированием коротких чтений на референсный пластидный геном (линии 3629) были получены полные нуклеотидные последовательности ДНК пластид хлорофильных мутантов.

Сравнительный анализ пластидных геномов мутантов и исходной линии 3629 позволил выявить уникальные для каждой мутантной линии варианты сайты. В пластидном геноме линии *variegated-1* был выявлен только один SNP, приводящий к несинонимичной замене в гене *psaA* (Gly734 Glu). В пластидном геноме линии *variegated-15* было обнаружено 4 SNP, 3 из которых влияли на кодирующую часть генов *petD* (*Pro72Leu*), *rpl36* (*Arg35Lys*), *ccsA* (*Glu259Lys*), а последний SNP был локализован в межгенном регионе *gps8-rpl14*. Наибольшее число полиморфных сайтов было выявлено в хлДНК мутантной линии *variegated-17* - 8 SNP. Две из восьми обнаруженных мутаций не затрагивали кодирующую часть генома и имели межгенную локализацию – *rpl16-rps3* и *ndhI-ndhG*. Две других SNP приводили к синонимичным заменам в генах *psbI* и *rpoB*, а еще 2 – к несинонимичным заменам в гене *rps4* (*Arg27Lys*, *Gly29Arg*). Наибольший интерес представляют последние две несинонимичные мутации, приводящие к возникновению преждевременного стоп кодона в *rpoC1* (*Trp672Ter*) и сдвигу рамки считыванию в *rpoA*. Именно эти нарушения, в результате которых происходит укорочение полипептидной цепи на 18 и 69 аминокислот в β' - и α -субъединицах пластидной РНК полимеразы, вероятнее всего, являются причиной пестролистного фенотипа у линии *variegated-17*. При сравнении с ранее полученными нами результатами [1] (Markin et al., 2016) генотипирования двух других (*variegated-10* и *variegated-13* с белыми и желтыми секторами на листьях растений, соответственно) мутантных линий из коллекции Южного федерального университета можно выявить следующую закономерность. Белая окраска мутантной ткани связана с серьезными нарушениями кодирующей последовательности генов пластидной РНК-полимеразы – *rpoC1* (*variegated-17*), *rpoC2* (*variegated-10*) и *rpoA* (обе линии), а желтая – с нарушениями в фотосинтетических генах – *psaA* (*variegated-1*), *petD* (*variegated-13*) and *ycf3* (*variegated-15*).

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта № 17-54-04075, на оборудование ЦКП «Высокие технологии» Южного федерального университета.

ЛИТЕРАТУРА

1. Markin N., Usatov A., Logacheva M., Vasilenko V., Klimenko A., Kolokolova N., Bibov M., Getmantseva L. Variability of Chloroplast DNA of Extranuclear Sunflower Mutants // American Journal of Biochemistry and Biotechnology. 2016. Vol. 12. № 1. P. 72–78.

УДК 57:51-76; 57.02:001.57

ЗАКОНОМЕРНОСТИ В ОРГАНИЗАЦИИ ГЕНОМА В ОКРЕСТНОСТЯХ ГЕНОВ, РЕГУЛИРУЮЩИХ МАССУ И РАЗМЕР ТЕЛА

МЛЕКОПИТАЮЩИХ

Д.Е. Романов, Т.П. Шкурат

Южный федеральный университет, Академия биологии и биотехнологии им. Д.И. Ивановского, 344090, Российская Федерация, г. Ростов-на-Дону, пр. Стачки, 194/1
E-mail: rdme@ya.ru, tshkurat@yandex.ru

Постепенное замедление скорости роста млекопитающих контролируется по большей части локальными, а не системными механизмами. Полногеномный анализ экспрессии генов в различных тканях у разных видов млекопитающих показывает, что замедление скорости роста животного ассоциировано с уменьшением экспрессии следующих 10 генов: *Ezh2*, *Gpc3*, *Mdk*, *Mest*, *Mycn*, *Peg3*, *Plagl1*, *Smo*, *Igf2* и *E2f3* [1–3].

Тем не менее, остаются открытыми вопросы, чем обеспечивается согласованное уменьшение экспрессии этих генов и что лежит в основе изменения хода соответствующей генетической программы у млекопитающих разного размера [1, 4].

Различие в характере уменьшения с возрастом уровня экспрессии указанных генов у разных млекопитающих может быть обусловлено различием в расположении *cis*-регуляторных элементов в окрестностях указанных генов. Многие *cis*-регуляторные элементы являются одновременно и консервативными