

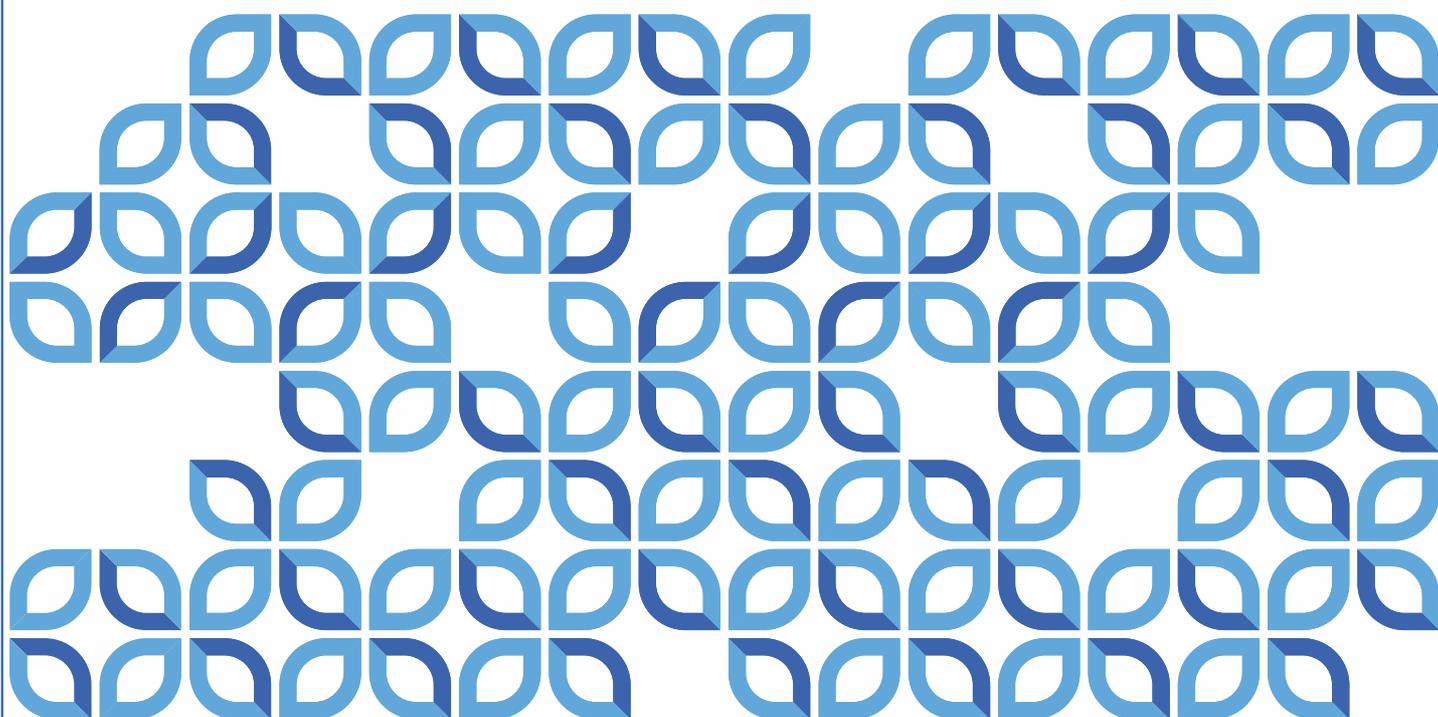


БИОЛОГИЯ
наука XXI века



школа-конференция
МОЛОДЫХ УЧЕНЫХ

Сборник тезисов



Пушино, 9-13 апреля 2023 г.

Федеральный исследовательский центр
«Пушкинский научный центр биологических исследований
Российской академии наук»
Институт теоретической и экспериментальной биофизики
Российской академии наук
Институт белка Российской академии наук

26-ая Пушкинская школа-конференция молодых
ученых с международным участием

«БИОЛОГИЯ – НАУКА XXI ВЕКА»

СБОРНИК ТЕЗИСОВ

Пушино, 2023

УДК 576:577:579:578:574
ББК 28.07 + 28.4
С23

С23 Сборник тезисов 26-ой Пушкинской школы-конференции молодых ученых с международным участием «БИОЛОГИЯ – НАУКА XXI ВЕКА».
Пушино: ФИЦ ПНЦБИ РАН, 2023. – 358 с.

С 9 по 13 апреля 2023 года в г. Пушино проходила 26-я Пушкинская школа-конференция молодых ученых с международным участием «Биология – наука XXI века». На конференции были рассмотрены новейшие достижения и результаты исследований молодых ученых, специализирующихся в различных областях биологической науки. Были проведены мастер-классы и пленарные лекции ведущих ученых. В сборнике представлены тезисы 336 докладов участников конференции по следующим направлениям:

- молекулярная биология и биоинформатика;
- клеточные технологии;
- микробиология и вирусология;
- физиология животных и биомедицина;
- физиология и биохимия фотосинтезирующих организмов;
- экология и почвоведение.

Публикуется в авторской редакции

УДК 576:577:579:578:574
ББК 28.07 + 28.4

© Коллектив авторов
© Федеральное государственное бюджетное учреждение науки «Федеральный исследовательский центр «Пушинский научный центр биологических исследований Российской академии наук», 2023

нового поколения (NGS). NGS позволяет прочитывать нуклеотидные последовательности множества образцов за один раз и определять реальное соотношение всех типов внесенных мутаций. Ограничениями метода является его высокая стоимость и трудоемкость в анализе результатов. Поэтому существует необходимость в предварительном скрининге предположительно отредактированных образцов перед последующим секвенированием NGS. Подход с амплификацией участка и его последующим клонированием может быть осложнен большим количеством клонов и секвенирование по Сэнгеру в данном случае малопродуктивно и нецелесообразно. Решением данной проблемы является применение фрагментного анализа. Суть метода заключается в постановке ПЦР с флуоресцентно мечеными праймерами. Далее считывание сигнала в детекторе при капиллярном электрофорезе позволяет определить длину амплифицируемого продукта и детектировать наличие indel-мутаций в образце по сравнению с диким типом.

Нами было проведено сравнение двух методов для анализа мутаций в картофеле, внесенных системой CRISPR-Cas9. Ранее был создан вектор для геномного редактирования и осуществлена агробактериальная трансформация *Solanum tuberosum*, получены растения-регенеранты. Далее была выделена геномная ДНК по методике СТАВ, подобраны и заказаны праймеры с флуоресцентным красителем ROX для детекции редактирования. Проведены ПЦР и фрагментный анализ с амплифицированным целевым участком на приборе Нанофор-05. На полученной хроматограмме пики интенсивности сигнала стандартной ДНК (СД450) соответствовали определенной длине фрагментов, что позволяло установить время прохождения меченой цепи в канале прибора и определить длину фрагмента исследуемых образцов. По результатам анализа в растениях обнаружены мутации в несколько пар нуклеотидов. Далее те же образцы секвенировали с помощью Illumina. Сравнение результатов двух анализов подтвердило точность и эффективность фрагментного анализа для предварительного скрининга отредактированных образцов. Фрагментный анализ позволяет сократить выборку образцов и снизить стоимость анализа.

Работа поддержана грантом РФФИ офи_м №17-29-08024.

ВЫСОКОРАЗРЕШАЮЩЕЕ КАРТИРОВАНИЕ ЦЕНТРОМЕРНЫХ САТЕЛЛИТОВ *TGUT191A* И *TGUT716A* НА ХРОМОСОМАХ ТИПА ЛАМПОВЫХ ЩЕТОК ЗЕБРОВОЙ АМАДИНЫ

Такки О.Д.¹, Жукова Ю.С.², Галкина С.А.¹

¹Санкт-Петербургский государственный университет, Санкт-Петербург, Россия

²Российский государственный педагогический университет имени А. И. Герцена,
Санкт-Петербург, Россия

st071188@student.spbu.ru

Несмотря на успехи современных методов секвенирования и биоинформатических инструментов для сборки геномов, центромерные участки хромосом не поддаются расшифровке из-за обогащенности тандемными повторами и часто опускаются в полногеномных аннотациях. Поэтому изучение центромерных участков требует разработки

программ, способных идентифицировать тандемные повторы, а положение найденных последовательностей необходимо подтверждать с помощью цитогенетических методов.

Ранее мы охарактеризовали тандемные повторы у зебровой амадины (*Taeniopygia guttata*), модельного объекта нейробиологии, биологии поведения и эволюционной геномики. Нам удалось описать тандемные повторы *Tgut191A* и *Tgut716A* и картировать их в области центромеры на митотических хромосомах. Мы показали, что *Tgut716A* и *Tgut191A* в разном соотношении представлены на макрохромосомах, а повтор *Tgut716A* более распространен в микрохромосомах и центромерных участках половых хромосом Z и W. Для более детальной характеристики повторов *Tgut191A* и *Tgut716A* мы провели их высокоразрешающее картирование на хромосомах типа ламповых щеток (ЛЩ) методом FISH. Как и ожидалось, при гибридизации с *Tgut191A* и *Tgut716A* мы наблюдали яркие сигналы в макрохромосомах, что позволило соотнести не описанные ранее хромосомы типа ЛЩ зебровой амадины с их метафазными формами по распределению сигналов центромерных зондов и центромерному индексу. В составе микрохромосом ЛЩ сигналы от зондов *Tgut191A* и *Tgut716A* обнаруживаются не только в центромерных, но и в субтеломерных участках в области хиазм, а также наблюдается накопление РНК-продуктов повторов *Tgut191A* и *Tgut716A* на хромосомах и особых РНК-накапливающих структурах – терминальных гигантских петлях.

Среди птиц присутствие центромерных последовательностей в субтеломерных участках хромосом уже было описано при высокоразрешающем картировании центромерных повторов PO41 и *BgIII* на хромосомах типа ЛЩ у японского перепела, а также при картировании повтора CNM у домашней курицы. Эти данные, полученные для хромосом трёх самых изученных видов птиц, могут свидетельствовать о том, что среди птиц накопление одинаковых тандемных повторов в субтеломерных и центромерных участках – это распространенное явление, которое не было описано ранее в связи с малоизученностью центромерных последовательностей в целом.

Авторы выражают благодарность РЦ «ЦКП Хромас».

РАЗРАБОТКА ИНСТРУМЕНТОВ ДЛЯ ПОИСКА ДНК ШТРИХ-КОДА

Тихомирова Т.С.

Институт биологического приборостроения – обособленное подразделение ФИЦ Пушкинский научный центр биологических исследований РАН, Пушино, Россия

tts05@mail.ru

Штрих-кодирование ДНК широко применяется для каталогизации биоразнообразия с использованием коротких стандартных генетических маркеров. Согласно проекту International Barcode of Life (iBOL) критерии оценки потенциальных штрих-кодов для эукариот включают в себя универсальность для рассматриваемых таксонов, что позволяет разрабатывать широкодиапазонные ПЦР тесты, а также существование исчерпывающего набора эталонных последовательностей для надежной идентификации. Критически важным для разделения таксонов является так называемый «разрыв штрих-кода» [1], характеризующий разницу между внутривидовым и межвидовым эволюционным расстоянием последовательности штрих-кода.