

www.mosbiotechworld.ru

МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА

VIII Московский международный конгресс
**«Биотехнология: состояние
и перспективы развития»**

Россия, Москва, Новый Арбат, 36 (Здание Правительства Москвы)

При поддержке
Правительства Москвы и
Российского фонда
фундаментальных исследований



SUPPORT:
Department of science,
industrial policy and
entrepreneurship of Moscow and
Russian Fund of Fundamental
Researches

17 - 20 марта

2015

March, 17 – 20



Спонсор Конкурса молодых ученых:

ОАО «Институт биотехнологий
ветеринарной медицины»

Russia, Moscow, Novy Arbat, 36/9 (the House of Moscow Government)

VIII MOSCOW INTERNATIONAL CONGRESS
**“BIOTECHNOLOGY: STATE OF THE ART AND
PROSPECTS OF DEVELOPMENT”**

CONGRESS PROCEEDINGS

www.mosbiotechworld.ru

УДК 575.1/2+612.017/1
ББК 28.072
Б63

**VIII МОСКОВСКИЙ МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС «БИОТЕХНОЛОГИЯ:
СОСТОЯНИЕ И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ» 17-20 МАРТА 2015 г.**

материалы VIII Московского Международного Конгресса «Биотехнология:
Состояние и Перспективы Развития» 17-20 Марта 2015 г.
М.: ЗАО «Экспо-биохим-технологии», РХТУ им. Д.И. Менделеева,
2015 – 44 с.

ISSN 2312-640X

УДК 575.1/2+612.017/1
ББК 28.072

ISSN 2312-640X

Настоящие материалы конгресса созданы в
ООО «Экспоконсалтинг» на основании
информации, предоставленной организаторами,
экспонентами и рекламодателями выставки и конгресса.
Заказчик: © 2015 ЗАО «Экспо-биохим-технологии»
Материалы тезисов публикуются в авторской версии.
Организаторы не несут ответственности за неточности
и упущения в названиях и адресах, представленных в данном
сборнике.

**VIII MOSCOW INTERNATIONAL CONGRESS
“BIOTECHNOLOGY: STATE OF THE ART AND PROSPECTS OF DEVELOPMENT”**

Proceedings of the VIII Moscow International Congress
“Biotechnology: State of the Art and Prospects of Development” (March 17-20, 2015, Moscow, Russia),
Moscow: JSC “Expo-biochem-technologies”, D.I. Mendeleev University of Chemistry and Technology of Russia,
2015 – 44 p.

ISSN 2312-640X

This Congress proceedings is issued by Expoconsulting, LTD
by order of organizers of exhibition and congress on the basis
of information given by exhibitors and advertisers.
The customer: © 2015 JSC «Expo-biochem-technologies»
The abstracts materials are published in author’s version.
The Organizers do not bear responsibility for any errors
or omissions regarding the names and addresses of the congress
participants, presented in the collection.

СЕКЦИЯ «БИОТЕХНОЛОГИЯ И МЕДИЦИНА»
SECTION "BIOTECHNOLOGIES AND MEDICINE"

**КОЛИЧЕСТВЕННОЕ ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНОВ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ФЕРМЕНТОВ
БЕТА-ЛАКТАМАЗ НА КРЕМНИЕВЫХ МИКРОЧИПАХ МЕТОДОМ
СКАНИРУЮЩЕЙ ЭЛЕКТРОННОЙ МИКРОСКОПИИ**

Преснова Г.В.¹, Рубцова М.Ю.¹, Преснов Д.Е.^{2,3}, Григоренко В.Г.¹,
Егоров А.М.¹

¹ Химический факультет МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва

² НИИ Ядерной Физики им. Д.В. Скобельцына, МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва

³ Физический факультет МГУ имени М.В. Ломоносова, Москва

Разработан количественный метод определения полноразмерных генов, кодирующих бактериальные ферменты бета-лактамазы, ответственных за развитие устойчивости бактерий к бета-лактамамным антибиотикам. Определение генов проводится методом гибридизационного анализа с использованием наночастиц золота в качестве метки. В результате взаимодействия олигонуклеотидных зондов с ДНК-мишенью, меченой биотином, на поверхности микрочипа образуются дуплексы ДНК, которые затем выявляются конъюгатом стрептавидина с наночастицами золота. Конъюгат стрептавидина с золотом получали методом ковалентного связывания с использованием меркаптоянтарной кислоты. Наночастицы на поверхности выявляли методом сканирующей электронной микроскопии (СЭМ). Определение числа дуплексов ДНК на поверхности проводили подсчетом числа наночастиц золота в зонах микрочипа.

В ходе работы была проведена оптимизация условий гибридизационного анализа и статистической обработки экспериментальных данных. Проведено сравнительное изучение методов атомно-силовой микроскопии (АСМ) и СЭМ для исследования поверхностей кремния с иммобилизованными олигонуклеотидными зондами и дуплексами ДНК. Для контроля процессов, происходящих на поверхности, был применен метод анализа сколов образцов кремния методом СЭМ. Было установлено, что часть золотых наночастиц может быть погружена в приповерхностный слой носителя, что затрудняет применение метода АСМ, но не влияет на результаты, полученные методом СЭМ.

Разработанный метод впервые применен для количественного определения полноразмерной ДНК бета-лактамаз разных типов. Предел обнаружения гена бета-лактамазы VIM-2 составил 25 рМ, гена бета-лактамазы CTX-M-5 – 5рМ.

Разработанный метод характеризуется высокой чувствительностью и специфичностью, а также высоким отношением аналитический сигнал/фон.

QUANTITATIVE DETERMINATION OF GENES CODING BACTERIAL ENZYMES BETA-LACTAMASES ON SILICON MICROCHIPS BY THE SCANNING ELECTRONIC MICROSCOPY

Presnova G.V.¹, Rubtsova M.Yu.¹, Presnov D.E.^{2,3}, Grigorenko V.G.¹, Egorov A.M.¹

¹Chemistry Faculty, M.V. Lomonosov Moscow State University, Moscow

²Skobeltsyn Institute of Nuclear Physics, M.V. Lomonosov Moscow State University, Moscow

³Faculty of Physics, M.V. Lomonosov Moscow State University, Moscow

The quantitative method of determination of full-size genes coding bacterial enzymes beta-lactamases responsible for the emergence and spread of resistance towards beta-lactam antibiotics. The method is based on the hybridization analysis on silicon microchips using gold nanoparticles as labels. DNA duplexes are formed on the surface of the microchip in a result of the interaction of complementary oligonucleotide probes and target DNA labeled by biotin, than they are developed with a conjugate of streptavidin-gold nanoparticles. The conjugate of a streptavidin with gold nanoparticles of 25 nm was obtained by covalent binding with the use of mercaptosuccinic acid. The nanoparticles on the surface were identified by scanning electron microscopy (SEM). Determination of the number of DNA duplexes on the surface was performed by counting the number of gold nanoparticles in the areas of the microchip.

A comparative study of the use of atomic force microscopy (AFM) and SEM to study the surfaces of the silicon microchips covered with the modifying agent, then oligonucleotides and DNA duplexes was performed. Comparable data were obtained to determine the height of layers formed by modification of the surface during hybridization analysis. The analysis of chipping pieces of silicon at different angles by SEM was applied to control the processes at the surface of silicon in the process of successive layers of capacity. The part of gold nanoparticles was established to be shipped in a near-surface layer, and it complicates the application of the AFM method, but doesn't influence on the results received by SEM.

We developed a method for quantitative determination of full-size genes of different beta-lactamases. The detection limit for the gene of beta-lactamase VIM-2 was of 25 pM, and for the gene of beta-lactamase CTX-M-5 – 5 pM. The method is characterized by high sensitivity and specificity, and a high ratio of the analytical signal/background ratio as well.

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ИССЛЕДОВАНИЙ РЕОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ КРОВИ ТЕКСТУРНЫМ АНАЛИЗОМ И ПО КЛИНИЧЕСКОМУ АНАЛИЗУ КРОВИ ПРИ ГЕМОРРАГИЧЕСКОМ ШОКЕ

Манцкава М.М., Момцелидзе Н.Г., Давлианидзе Л.Ш.

*Центр Экспериментальной биомедицины им. Бериташвили
0160, Тбилиси, Грузия, ул. Готуа 14.
e-mail: manskavamaka@rambler.ru*

Ключевые слова: Геморрагический шок, гемореология.

При клинических и экспериментальных исследованиях геморрагического шока мы определяли гемореологический статус путем измерения агрегируемости эритроцитов текстурным методом и исследованием клинической картины крови при помощи аппарата HUMACOUNT, HUMAN. Как альтернатива, нами был предложен расчет агрегируемости эритроцитов на основе исследования клинической картины крови.

При геморрагическом шоке, начиная с начальной стадии, состояние макроциркуляции претерпевает сильное нарушение. Микроциркуляционные изменения несут особую ответственность за кровопотерю, которая в последней стадии заканчивается катастрофой кровообращения. Микроциркуляция в начальной стадии геморагического шока обеспечивает компенсаторные реакции, и по мере дальнейшего развития шоковых ситуаций всегда играет определяющую роль. Поэтому столь важно при геморагическом шоке мониторировать реологию крови. Именно реологические свойства крови определяют исход процесса. При клинических и экспериментальных исследованиях мы определяли гемореологический статус путем измерения агрегируемости эритроцитов текстурным методом и исследованием клинической картины крови при помощи аппарата HUMACOUNT, HUMAN. При помощи специальных подпрограмм биологической статистики оказалось, что методы дают высокую валидность. При геморрагическом шоке в реанимации и медицине катастроф безопасность больного заслуживает особого внимания. Не всегда имеется возможность исследования реологических свойств крови. Это может быть связано с недостаточностью материально-технической базы, с нехваткой специалистов, работающих в этой области лабораторных исследований, с недостаточностью экономических факторов. Как альтернатива, нами был предложен расчет агрегируемости эритроцитов на основе исследования клинической картины крови. Дальнейшая доработка и внедрение этого метода в современные клиники является актуальным для развития биотехнологического процесса в медицине. **Благодарность.** Грузинскому Национальному научному фонду им. Шота Руставели (грант FR/420/7-270/12).

COMPARATIVE EVALUATION OF RESEARCH BLOOD RHEOLOGY AND TEXTURE ANALYSIS ON CLINICAL BLOOD TESTS IN HEMORRHAGIC SHOCK

Mantskava M.M., Momtselidze N.G., Davlianidze L. Sh.

Beritashvili Center for Experimental Biomedicine
0160, Tbilisi, Georgia, Gotua str. 14
e-mail: mantskavamaka@rambler.ru

In hemorrhagic shock, starting from the initial stage, the state of the microcirculation is undergoing a strong violation. Microcirculatory changes have a special responsibility for the loss of blood, which at the last stage ends with disaster for circulation. Microcirculation in the early stages of hemorrhagic shock provides compensatory responses, and the evolution of the shock situations always plays a specific role. Therefore, it is important to monitor blood rheology during hemorrhagic shock. It is rheological properties of blood that determines the outcome of the process. During clinical and experimental studies, we determined hemorheological status by measuring aggregated erythrocytes by texture methods, and by the research of clinical picture of blood using the device HUMACOUNT, HUMAN. With special biological statistics routines proved that the methods are granted high validity. During hemorrhagic shock in intensive care and catastrophe medicine patient safety deserves special attention. It is not always possible to study the rheological properties of blood. This may be due to the lack of material and technical base, a shortage of professionals working in the field of laboratory studies with insufficient economic factors. As an alternative, we have proposed a calculation of aggregated erythrocytes based on a study of the clinical picture of blood. Further elaboration and implementation of this method in the modern clinic is relevant for the development of biotechnological processes in medicine. **Acknowledgement.** Shota Rustaveli National Science Foundation (FR/420/7-270/12)

Reference.

- Манцкава М.М., Момцелидзе Н.Г., Гобечия Л.Ш. Новая классификация. Конференция Российского Национального общества по изучению шока. Москва.2013. Стр.42-43.
- Коваленко Н.Я., Мациевский Д.Д. Сердечно-сосудистая система у крыс с различной устойчивостью к острой кровопотере//Патол. физиология и эксперим. терапия.1998. №2.стр32-36.
- Baskurt O., Neu B., Meiselman H.RBC Aggregation CRS Press.2012.Pp.1-26
- Mchedlishvili G., Beritashvili N., Lominadze D., Tsinamdzgvrishvili B. Technique for direct and quantitative evaluation of erythrocyte aggregability on blood samples//Biorheology,1993. № 2. 2:153-161.

ТЕЛОМЕРАЗНЫЕ ИНГИБИТОРЫ – НОВАЯ ОСНОВА ДЛЯ РАЗРАБОТКИ ПРОТИВООПУХОЛЕВЫХ ПРЕПАРАТОВ

Мария Зверева¹, Дулат Ажибек^{1,2}, Дмитрий Скворцов¹, Мария Рубцова¹,
Александр Мажуга¹, Тимофей Зацепин^{1,2}, Ольга Донцова¹

¹Химический факультет МГУ имени М.В. Ломоносова,

²Сколковский институт науки и технологии.

Теломераза является ключевым ферментом системы поддержания длины теломер, которая определяет пролиферативный потенциал клетки. В примерно 90% типов опухолей человека происходит активация теломеразы, активность теломеразы в соматических клетках не обнаруживается. Ингибиторы теломеразы могут быть основой для разработки противоопухолевых препаратов. Для поиска новых ингибиторов теломеразы мы использовали два подхода: скрининг малых молекул, ингибирующих теломеразы и новый подход, основанный на нарушении сборки теломеразы человека за счет применения бифункциональных химерных олигонуклеотидов. Мы протестировали ряд соединений на ингибирование теломеразы и цитотоксический эффект. Соединение лучше всех ингибирующее теломеразу, не встраивается в ДНК, ингибирует ряд других полимераз, накапливается в клеточном ядре, и является причиной деградации ДНК. Предварительные исследования показали, что это соединение ингибирует рост аденокарциномы молочной железы у мышей¹. Химерные олигонуклеотиды из второго подхода содержат две олигонуклеотидных части, комплементарные разным функциональным областям теломеразной РНК. Эти части соединены ненуклеотидным линкером в различных ориентациях. Химеры ингибируют теломеразу в клетке в концентрациях нМ, преимущественно за счет их влияния на сборку и димеризацию теломеразы². Этот подход может быть использован для создания новых ингибиторов работы любого РНК-белкового комплекса.

TELOMERASE INHIBITORS ARE NOVEL BASIS FOR ANTI-CANCER DRUG DEVELOPMENT

Zvereva Maria¹, Azhibek Dulat^{1,2}, Skvortsov Dmitry¹, Rubtsova Maria¹,
Maguga Alexandr¹, Zatsepin Timofey^{1,2}, Dontsova Olga¹

¹*Department of Chemistry, Moscow State University;*

²*Skolkovo Institute of Science and Technology*

Telomerase is the key enzyme in the maintenance of telomere length connected to proliferative potential of the cell. Telomerase is active in about 90% types of human tumors and telomerase activity usually is undetectable in somatic cells. Telomerase inhibitors could be basis of an anti-cancer drug development. To search for new inhibitors of telomerase we were used two approaches: the screening of small molecules¹ and block of human telomerase assembly with the application of chimeric oligonucleotides². We tested a panel of compounds for telomerase inhibition and for cytotoxic effect. We have found that telomerase-inhibiting compound did not intercalate DNA, inhibited number of other polymerases, accumulated in the cell nucleus, and caused DNA degradation. Preliminary studies revealed that lead compound inhibited breast adenocarcinoma growth in mice model. Chimeric bifunctional oligonucleotides for telomerase inhibition contain two oligonucleotide parts complementary to the functional domains of telomerase RNA connected with non-nucleotide linkers in different orientations. Chimeras inhibited telomerase in vivo in nM concentrations, predominantly due to their effect on telomerase assembly and dimerization.

УДК 577.115

ЛИПОСОМАЛЬНЫЕ НАНОКОНТЕЙНЕРЫ ДЛЯ АДРЕСНОЙ ДОСТАВКИ ЦИСПЛАТИНА В ОПУХОЛЬ ГОЛОВНОГО МОЗГА С ПОВЫШЕННОЙ ЭКСПРЕССИЕЙ ФАКТОРА РОСТА ЭНДОТЕЛИЯ СОСУДОВ

**Кузнецов И.И., Шейн С.А., Корчагина А.А., Бычков Д.А., Гриненко Н.Ф.,
Кабанов А.В., Нуколова Н.В., Чехонин В.П.**

*Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Москва, Россия
119991, Москва, Ленинские горы, д. 1/3
Email: kuznec505@gmail.com*

Получены стабильные липосомальные наноконтейнеры для адресной доставки цисплатина в опухоль головного мозга с повышенной экспрессией фактора роста эндотелия сосудов (VEGF). Использование моноклональных антител к VEGFR2 показало увеличение токсичности системы приблизительно вдвое по сравнению с контролем (невекторные липосомы и неселективные IgG-липосомы).

Ключевые слова: адресная доставка лекарств, противоопухолевые препараты, липосомальные наноконтейнеры.

Производные платины широко используются при лечении онкологических заболеваний, однако, они обладают высокой системной токсичностью и быстро выводятся из организма. Для увеличения максимально переносимой дозы и улучшения фармакокинетических характеристик такие лекарства могут быть инкапсулированы в различные наноконтейнерные системы. Для селективной доставки наноконтейнерные системы модифицируют различными векторными группами, например, моноклональными антителами к рецептору фактору роста эндотелия сосудов типа 2 (VEGFR2).

Целью данной работы является разработка стабильных VEGFR2-конъюгированных липосом, эффективно загруженных цисплатином (CDDP) и цис-диаминдинитратплатиной II (CDDP3).

В результате работы были успешно синтезированы стабильные отрицательно заряженные векторные липосомы. Максимальная емкость загрузки составила 24 ± 4 % для липосом с CDDP3, что существенно превышает загрузку коммерчески доступных липосомальных наночастиц (Lipoplatin), у которых она составляет 10 %. Использование моноклональных антител к VEGFR2 показало увеличение токсичности системы приблизительно вдвое по сравнению с контролем (невекторные липосомы и неселективные IgG-липосомы).

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 14-15-00698, Договор о проведении НИИР № 182-MRA между МГУ имени М.В. Ломоносова, "Сколковским институтом науки и технологий" и Массачусетским технологическим институтом (США).

УДК 577.115

LIPOSOMAL NANOCONTAINERS FOR TARGETED CISPLATIN DELIVERY TO BRAIN TUMOR WITH OVEREXPRESSION OF VASCULAR ENDOTHELIAL GROWTH FACTOR

**Kuznetsov I.I., Shein S.A., Korchagina A.A., Bychkov D.A., Grinenko N.F.,
Kabanov A.V., Nukolova N.V., Chekhonin V.P.**

*Lomonosov Moscow State University, Moscow, Russia
119991, Moscow, Leninskie Gory, 1/3
Email: kuznec505@gmail.com*

Liposomal nanocontainers for targeted cisplatin delivery to brain tumor with overexpression of vascular endothelial growth factor were obtained. Conjugated mAbs to VEGFR2 allowed to increase the cytotoxicity of the system compared to controls (untargeted liposomes and nonselective IgG-liposomes) as well as accumulation of targeted liposomes in the glioma C6 cells.

Keywords: targeted drug delivery, anticancer drugs, liposomal nanocontainers.

Platinum derivatives are widely used for treatment of cancer, but they characterized by low solubility, high systemic toxicity and rapid elimination from the body. To increase the maximum tolerated dose of such drugs and improve pharmacokinetic characteristics, they can be encapsulated into nanocontainers. For selective delivery of drug to the specific tissue in the body these containers can be modified by different targeting groups, such as monoclonal antibodies (mAbs) to VEGF receptor type 2 (VEGFR2).

The goal of this work was to develop the stable VEGFR2-targeted liposomes, efficiently loaded with cisplatin (CDDP) and cis-diaminedinitratplatin (II) (CDDP3).

As a result we obtained the stable negatively charged targeted-liposomes. The maximum loading capacity of liposomes (LC) was 24 ± 4 % for CDDP3, which is substantially exceed the loading of commercially available liposomal nanoparticles (Lipoplatin, LC=10%). Conjugated mAbs to VEGFR2 retained activity (up to 80% from initial affinity) and allowed to increase the cytotoxicity of the system compared to controls (untargeted liposomes and nonselective IgG-liposomes) as well as accumulation of targeted liposomes in the glioma C6 cells.

This work was supported by grant of RSF 14-15-00698, contract №182-MRA between non-profit organization for higher education "Skolkovo Institute of Science and Technology", MSU and MIT (USA).

ПРАВОВЫЕ ПРОБЛЕМЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ИМПЛАНТИРУЕМЫХ БИОСЕНСОРОВ В МЕДИЦИНСКОЙ ПРАКТИКЕ

Белозерова Н.В. , Жулего В.Г.

НИЦ «Курчатовский институт»

Использование имплантируемых биосенсоров можно отнести к новой, инновационной области медицины, которая получила бурное развитие именно в последние годы. Использование имплантируемых биосенсоров породило как новые надежды, так и новые проблемы, в частности в правовой сфере. Своевременное нормативное регулирование в этой сфере в большой мере определит и ее темпы развития и доступность таких услуг в ближайшем будущем. В этой связи возникает задача формирования, как общей законодательной базы, так и унификации законодательства, регулирующего использование имплантируемых биосенсоров.

Большое количество деклараций и документов морально-этического характера, принимаемых национальными и профессиональными международными медицинскими ассоциациями, свидетельствует о понимании со стороны специалистов медицины той ответственности, которая связана с современными проблемами. Задача правоведов состоит в том, чтобы своевременно переложить все эти медицинские документы на правовой язык и имплементировать новые нормы и законы в правовое поле страны. При этом, нормативное регулирование с одной стороны не должно противоречить международным соглашениям в этой области, с другой стороны – не должно сдерживать научные исследования и разработки в этой области. Это особенно важно, если учитывать традиционное российское отставание в инновациях, обусловленное не только недостатком финансирования, но и невниманием к этим проблемам правоведов. В этой связи следует сформулировать наиболее актуальные правовые проблемы, которые уже с достаточной степенью ясности осознаны научным сообществом. К таким проблемам относятся:

1. Проблема правового регулирования охраны персональных данных, собираемых имплантируемыми биосенсорами. Это проблема, при недостаточном к ней внимании, уже в ближайшем будущем может стать одним из камней преткновения на пути развития дистанционной медицины. Учитывая тот факт, что 100% надежность сохранности данных при многократной передаче и последующем их хранении обеспечить невозможно, необходимо адекватно оценивать риски на каждом этапе передачи этой информации, и предусмотреть страхование этих рисков.
2. Кто и как должен обеспечивать гарантии работоспособности имплантированных биосенсоров? Например, если все эти риски отнести на счет производителей биосенсоров, то стоимость биосенсоров может оказаться такой, что они окажутся недоступными для большинства потенциальных пользователей. В то же время дистанционная медицина может развиваться, только если окажется массово востребована.

3. Ввиду особой сложности предполагаемых услуг велика вероятность монополизации такого рынка. Правила работы на таком рынке с самого начала должны быть сформулированы так, что бы предотвратить возможную монополизацию.
4. Необходимо регулировать проблему, возникающую при необходимости обрабатывать массивы аккумулируемых данных, для выявления корреляций и последующего анализа на предмет определения предвестников заболеваний. Кто и как будет давать согласие на обработку таких данных?
5. Вопрос принятия решения о воздействии биосенсора на организм (переход от пассивного мониторинга к дистанционной медицине): кто принимает решение и кто отвечает за последствия воздействия биосенсора на организм пациента?

СЕКЦИЯ «БИОКАТАЛИЗ И БИОКАТАЛИТИЧЕСКИЕ
ТЕХНОЛОГИИ»

SECTION "BIOCATALYSIS AND BIOCATALYTIC
TECHNOLOGIES"

**СИНТЕЗ НАНОКОМПОЗИТА НА ОСНОВЕ ЭЛЕКТРОПРОВОДЯЩЕГО
ПОИАНИЛИНА И УГЛЕРОДНЫХ НАНОТРУБОК С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ
ЛАККАЗА-МЕДИАТОРНОЙ СИСТЕМЫ И РАЗРАБОТКА НА ЕГО ОСНОВЕ
ГИБКОГО ТОНКОГО СУПЕРКОНДЕНСАТОРА**

**Ярополов А.И., Шумакович Г.П., Отрохов Г.В., Хлупова М.Е., Васильева И.С.,
Морозова О.В.**

ИНБИ РАН, Ленинский пр-кт, д. 33, стр. 2, 119071 Москва

Лакказы-медиаторная система на основе октоцианомолибдата (4+) калия была использована для ускорения реакции полимеризации анилина. Предложенный подход является экологически приемлемым, кинетически контролируемым и позволяет получать электропроводящий полимер с улучшенными физико-химическими свойствами. Проведено сравнение образцов полианилина, полученных с использованием одной лакказы и лакказы-медиаторной системы методами УФ-видимой, ИК-спектроскопии с преобразованием Фурье, просвечивающей электронной микроскопии и масс-спектрометрии. Методом *in situ* синтезирован наноккомпозит полианилин/карбоксилированные многостенные углеродные нанотрубки (ПАНИ/МУНТ) с использованием лакказы-медиаторной системы. Полученный наноккомпозит был использован в качестве электрохимически активного материала электродов гибкого тонкого симметричного суперконденсатора. Электрохимическая емкость ферментативно синтезированного композита состояла из электрической емкости двойного электрического слоя и псевдоемкости электропроводящего полианилина. Удельная емкость композита ПАНИ/МУНТ, измеренная методом циклической вольтамперметрии при скорости развертки потенциала 5 мВ/с, составляла ~440 Ф/г. Изготовленный суперконденсатор имел следующие характеристики: толщина 300-400 мкм, плотность энергии 25,3 кДж/кг, плотность мощности 5,2 кВт/кг.

Исследование выполнено при финансовой поддержке РФФИ в рамках научного проекта №15-08-00142.

LACCASE - MEDIATOR SYNTHESIS OF NANOCOMPOSITE BASED ON CONDUCTING POLYANILINE AND CARBON NANOTUBES AND ITS APPLICATION FOR THIN AND FLEXIBLE SUPERCAPACITOR DEVELOPMENT

Yaropolov A.I., Shumakovich G.P., Otrohov G.V., Khlupova M.E., Vasil'eva I.S., Morozova O.V.

*A.N. Bach Institute of Biochemistry of the Russian Academy of Sciences
Leninsky pr. 33-2, 119071 Moscow, Russia*

Laccase-mediator system based on potassium octocyanomolybdate (4+) was used for acceleration of the enzymatic aniline polymerization. The proposed approach is environmentally benign, permit a higher degree of control over the kinetic of the reaction and, hence, the synthesis of a conducting polymer with improved physicochemical properties. The characterization of the polymer obtained by either a laccase-catalyzed method or a laccase-mediator method was carried out using UV-vis, FTIR spectroscopies, TEM investigation and the MALDI TOF mass spectrometry. The conducting polyaniline/carboxylic acid functionalized multiwalled carbon nanotubes (PANI/MWCNT) nanocomposite has been synthesized by in situ enzymatic oxidative polymerization of aniline monomer using laccase-mediator system. The obtained PANI/fMWCNT composite was used as electroactive material for thin and flexible electrodes of high performance symmetric supercapacitor. The electrochemical capacitance of the enzymatically synthesized composite consists of an electrical double layer capacitance as well as pseudocapitance of conducting polyaniline. The specific capacitance of the obtained PANI/MWCNT composite was about 440 F/g measured by cyclic voltammetry at potential scan rate of 5 mV/s. The overall thickness of the device can be varied from 300 to 400 μm . The supercapacitor show energy density and power density approximately of 25,3 kJ/kg and 5,2 kW/kg, respectively.

The supercapacitor made had the following characteristics: thickness of 300-400 microns, the energy density of 25.3 kJ / kg, a power density of 5.2 kW / kg.

The reported study was partially supported by RFBR, research project No. 15-08-00142.

КРУГЛЫЙ СТОЛ: «ЛЕСНАЯ БИОТЕХНОЛОГИЯ:
ОТ ИССЛЕДОВАНИЙ К ИННОВАЦИЯМ».

ROUND TABLE: "FOREST BIOTECHNOLOGY:
FROM RESEARCH TO INNOVATION."

ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ТРАНСФОРМАЦИЯ ТОПОЛЯ БЕРЛИНСКОГО ГЕНОМ *AtGA20ox1*

Павличенко В.В., Протопопова М.В., Войников В.К.

*Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН, Иркутск, Россия
664033, Иркутск, ул. Лермонтова, 132, e-mail: vpavlichenko@gmail.com*

Получены трансгенные растения тополя берлинского со встроенным геном *AtGA20Ox1* из *Arabidopsis thaliana*. Показано, что полученные трансформанты тополя берлинского по гену *AtGA20Ox1* более устойчивы к канамицину по сравнению с контрольными растениями, однако в присутствии канамицина у них наблюдается угнетение образования корней.

Ключевые слова: гормоны роста растений, генетическая трансформация растений, древесные растения, гиббереллин оксидазы, *Populus berolinensis*.

Работа направлена на изучение возможности использования генетической трансформации для создания быстрорастущих древесных растений. В качестве объекта исследования был выбран тополь берлинский (*Populus berolinensis* Dippel). Подготовку векторной системы для генетической трансформации осуществляли на основе бинарного вектора pBI121, содержащего генеральный вирусный промотор CaMV35S и селективный ген устойчивости к канамицину - *nptII*. В качестве целевого гена использовали кодирующую последовательность гиббереллин 20-оксидазы 1, полученную из *Arabidopsis thaliana* (*AtGA20Ox1*). Генетическую трансформацию растений осуществляли при помощи инкубации растительных эксплантов в суспензии *A. tumefaciens* с использованием селективных сред. В результате работы была подобрана рабочая концентрация антибиотика (канамицин, 12 мг/л), которая может эффективно использоваться для селективного отбора трансгенов тополя на питательных средах. Было показано, что полученные трансформанты тополя берлинского по гену *AtGA20Ox1* более устойчивы к канамицину по сравнению с контрольными растениями, однако в присутствии канамицина у них наблюдается угнетение образования корней. ПЦР анализ трансформантов по гену *AtGA20Ox1* показал слабopоложительную реакцию на присутствие гена *nptII* и *AtGA20Ox1* в геномной ДНК.

Работа выполнена при частичной финансовой поддержке гранта РФФИ № 14-04-31681 мол_a и некоммерческого партнерства «Глобальная энергия».

УДК 577.21

GENETIC TRANSFORMATION OF POPULUS BEROLIENSIS BY *AtGA20ox1* GENE

Pavlichenko V.V., Protopopova M.V., Voinikov V.K.

Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry SB RAS, Irkutsk, Russia
664033, Irkutsk, Lermontov Str. 132, e-mail: vpavlichenko@gmail.com

Transgenic poplar with *AtGA20ox1* gene was created. Transgenic plants were more resistant to the kanamycin than the control individuals, however, inhibition of root formation was found out.

Key words: plant growth hormones, genetic transformation of plants, woody plants, gibberellin oxidase, *Populus berolinensis*.

The study is addressed to the fundamental problem of genetic engineering of plants - the genetic transformation efficiency for the development of the woody plant forms, which are characterized by increased growth rate and biomass accumulation. *Populus berolinensis* was chosen as an object of the transformation. Binary vector was performed on the basis of commercial vector pBI121 containing the general promoter CaMV35S and selective kanamycin resistance gene - *nptII*. As gene of interest gibberellin 20-oxidase 1 (*AtGA20ox1*) was used. Genetic transformation of *Populus* was carried out by incubation of stem explants in the *A. tumefaciens* suspension. As a result of the study the selective concentration of kanamycin (12 mg / l) was chosen, it can be effectively used for the selection of transgenes on the nutrient media. Transgenic poplar with *AtGA20ox1* gene was created. Transgenic plants were more resistant to the kanamycin than the control individuals, however, inhibition of root formation was found out. The PCR analysis showed the weak positive reaction on *nptII* and *AtGA20ox1* genes in genomic DNA of obtained transgenes.

The study was partially financially supported by Russian Foundation for Basic Research (project № 14-04-31681 mol_a) and The Global Energy Non-profit Partnership.

РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРООРГАНИЗМОВ, УСТОЙЧИВЫХ К ЦИАНИДСОДЕРЖАЩИМ СОЕДИНЕНИЯМ

Белых М.П., Петров В.Ф., Чикин А.Ю., Белькова Н.Л.

ОАО «Иркутский научно-исследовательский институт благородных и редких металлов и алмазов»,
г. Иркутск, Россия, 664025, бульвар Гагарина, 38
E-mail: belykhMarina606@gmail.com

Для решения экологических задач по детоксикации отходов кучного выщелачивания (КВ) золота, особый интерес представляют методы биологического обезвреживания, которые по сравнению с химическими являются более экономичными и исключают повторное загрязнение окружающей среды используемыми реагентами. Целью настоящего исследования стало изучение разнообразия и биотехнологического потенциала бактерий, изолированных из отходов одного из месторождений Красноярского края.

Пробы рудного штабеля КВ анализировали химически и использовали для получения накопительных и чистых культур микроорганизмов, устойчивых к цианид-содержащим соединениям.

Водная фаза руды характеризовалась содержанием высоких концентраций цианидов (2640.0 ПДК), тиоцианатов (190.0 ПДК), а также значительным содержанием тяжелых металлов: алюминия (53.0 ПДК), меди (50.0 ПДК), никеля (187.0 ПДК) и цинка (1.4 ПДК).

Из накопительных культур, осуществляющих деструкцию цианида и тиоцианата изолировано по 9 цианид- и тиоцианатрезистентных штаммов. Цианидрезистентные бактерии молекулярно-генетически идентифицированы как *Escherichia* sp., *Paenochrobactrum* sp., *Pseudomonas* spp., *Microbacterium* spp. и *Dietzia* sp. Штаммы, проявляющие устойчивость к тиоцианату, отнесены к родам: *Spirosoma*, *Salinibacterium*, *Methylobacterium*, *Microbacterium*, *Paenochrobactrum* и *Sphingomonas*.

Полученные данные подтверждают распространенность представителей родов *Pseudomonas*, *Hydrogenophaga* и *Methylobacterium* в отходах КВ горнодобывающих предприятий, а так же их перспективность использования для решения экологических проблем загрязнения окружающей среды цианидсодержащими соединениями.

УДК [669.2/8.053.4:576.8]:628.54

DIVERSITY AND BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF MICROORGANISMS RESISTANT TO CYANIDE-BEARING COMPOUNDS

Belykh M.P., Petrov V.F., Chikin A.Yu., Belkova N.L.

*Irkutsk Research Institute of Rare and Precious Metals and Diamonds
38, Gagarina blvd., Irkutsk, 664025, Russia
E-mail: belykhmarina606@gmail.com*

The methods of biological detoxification are of special interest when solving the environmental problems of gold heap leaching wastes remediation. Compared to chemical approach, they offer costs reduction and are environmentally friendly since do not comprise a recontamination of the reagents used. This study aims the investigation of the diversity and biotechnological potential of the bacteria isolated from the wastes of a deposit from Krasnoyarsk region.

The heap leaching samples were chemically analyzed and used for enriched culture and isolation of microorganisms resistant to cyanide-bearing compounds.

The aqueous phase of the ore contained high concentrations of cyanides (maximum allowable concentration was 2640.0), thiocyanates (190.0) as well as heavy metals, i.e. aluminium (53.0), copper (50.0), nickel (187.0) and zinc (1.4).

Enriched cultures were obtained which destruct cyanide and thiocyanate. Totally 18 cyanide- and thiocyanate-resistant strains were isolated. Cyanide-resistant bacteria were identified as *Escherichia* sp., *Paenochrobactrum* sp., *Pseudomonas* spp., *Microbacterium* spp., and *Dietzia* sp. by molecular methods. Thiocyanate-resistant strains belonged to genera *Spirosoma*, *Salinibacterium*, *Methylobacterium*, *Microbacterium*, *Paenochrobactrum*, and *Sphingomonas*.

The data obtained confirmed the abundance of representatives of *Pseudomonas*, *Hydrogenophaga*, and *Methylobacterium* in heap leaching wastes of mining enterprises as well as their potential to solve environmental pollution problems caused by cyanide-bearing compounds.

СЕКЦИЯ «БИОТЕХНОЛОГИЯ И ПРОМЫШЛЕННОСТЬ»
SECTION "BIOTECHNOLOGY AND INDUSTRY"

УДК 577.21

**СТРУКТУРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНА ЦИТРАТСИНТАЗЫ, КЛЮЧЕВОГО
ФЕРМЕНТА СИНТЕЗА ЛИМОННОЙ КИСЛОТЫ**

Алексеев К.В., Ильичева Е.Ю., Никифорова Т.А., Комов В.П.*

*Санкт-Петербургская государственная химико-фармацевтическая академия, Санкт-Петербург,
Россия, 197376, ул. проф. Попова, 14*

* e-mail: komov.vadim@yandex.ru

Изучение структурной организации гена, кодирующего синтез цитратсинтазы гриба *A. niger* с целью идентификации возможных механизмов его регуляции, что в дальнейшем может быть использовано для генетической модификации штамма-продуцента.

Ключевые слова: цитратсинтаза, *Aspergillus niger*, биосинтез цитрата.

В РФ лимонная кислота производится в промышленных масштабах, посредством глубоинной ферментации селекционного штамма гриба *A. niger*. Цитратсинтаза является ключевым ферментом синтеза лимонной кислоты, поэтому информация полученная об этом ферменте, дает возможность увеличить синтез целевого продукта посредством внесения целенаправленных изменений в его геном гриба. Нами разработана методика выделения нуклеиновых кислот из клеток гриба *A. niger*. Посредством ОТ-ПЦР с ген-специфичными праймерами получен фрагмент гена цитратсинтазы, подвергнутый секвенированию и соответствующий первой трети кодирующей последовательности нуклеотидов. В дальнейшем планируется провести полное секвенирование гена с последующим мета-анализом результатов, полученных для различных штаммов гриба *A. niger*; а также изучение профиля экспрессии гена цитратсинтазы в динамике роста гриба в условиях ферментации цитрата. Полученные данные могут быть использованы для дальнейшей генно-инженерной модификации штамма-продуцента.

ЛИТЕРАТУРА

- Plassard C., Fransson P. Regulation of low-molecular weight organic acid production in fungi//Fungal Biology Reviews. 2009.Vol. 23. P. 30-39.
Dhillon, G. S., Brar S. K., Verma M., Tyagi R. D. Utilization of different agro-industrial wastes for sustainable bioproduction of citric acid by *Aspergillus niger*//Biochem.Eng. J. 2011.Vol. 54. P. 83-92.
Kirimura K. Comprehensive Biotechnology. — Tokyo: Elsevier, 2011. — P.135-142.

STRUCTURAL ORGANIZATION OF CITRATE SYNTHASE GENE OF A KEY ENZYME OF CITRIC ACID SYNTHESIS

Alekseev K.V., Il'icheva E.Yu., Nikiforova T.A., Komov V.P.*

*St. Petersburg State Chemical-Pharmaceutical Academy, St. Petersburg, Russia, 197376,
Street. prof. Popov, 14*

Nowadays in Russian Federation in industrial scale citric acid is produced by submerged fermentation of selected strain of the fungus *A. niger*. Citrate synthase is the key enzyme in the synthesis of citric acid, therefore information obtained about this enzyme gives the opportunity to increase the synthesis of the desired product by targeted changes in genome of the fungus. We have developed a method for the isolation of nucleic acids from cells of the fungus *A. niger*. The sequenced fragment of citrate synthase gene was obtained by RT-PCR with gene-specific primers which corresponds to the first third of the coding region. In the future we plan to carry out a full gene sequencing followed by a meta-analysis of the results obtained for different strains of the fungus *A. niger*; and also to study the gene expression profile of citrate synthase in the dynamics of growth of the fungus in the citrate fermentation conditions. The obtained data can be used for further genetic engineering modifications of the strain-producer.

Plassard C., Fransson P. Regulation of low-molecular weight organic acid production in fungi//Fungal Biology Reviews. 2009.Vol. 23. P. 30-39.

Dhillon, G. S., Brar S. K., Verma M., Tyagi R. D. Utilization of different agro-industrial wastes for sustainable bioproduction of citric acid by *Aspergillus niger*//Biochem.Eng. J. 2011.Vol. 54. P. 83-92.

Kirimura K. Comprehensive Biotechnology. — Tokyo: Elsevier, 2011. — P.135-142.

СЕКЦИЯ «СЕЛЬСКОХОЗЯЙСТВЕННАЯ БИОТЕХНОЛОГИЯ»
SECTION "AGRICULTURAL BIOTECHNOLOGY"

УДК 577.121: 575.167

**МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ СТАТУС КОРОВ ВО ВЗАИМОСВЯЗИ С
ИНФИЦИРОВАННОСТЬЮ ВИРУСОМ ЛЕЙКОЗА**

**Виноградова И.В., Гладырь Е.А., Гусев И.В., Рыков Р.А., Крамаренко А.С,
Зиновьева Н.А.**

*Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства
имени академика Л.К. Эрнста(ВИЖ им. Л.К. Эрнста), 142132,
Московская область Подольский р-н, пос. Дубровицы, д. 60
e-mail: sirnik07@mail.ru*

Исследовалась кровь от коров с разным статусом по ВЛКРС (РИД- и РИД+). По результатам исследований выполнена предварительная идентификация показателей, которые могут быть использованы в качестве биомаркеров метаболического стресса у коров.

Ключевые слова: молочный скот, вирус лейкоза крупного рогатого, восприимчивость, биомаркеры, биохимия крови

Повышенную восприимчивость высокопродуктивных молочных коров к заболеваниям связывают с состоянием так называемого метаболического стресса, который развивается в транзитный период на фоне отрицательного баланса энергии (Oltenucu P.A., Broom D.M., 2010, E. Trevisi et al., 2012).

Экспериментальные исследования выполнялись на коровах черно-пестрой породы (n=150). Лейкозный статус животных определялся посредством метода реакции иммунной диффузии (РИД). Экспериментальные группы формировались с учетом статуса коров по ВЛКРС: носители ВЛКРС (ВЛ+, n=130) и не носители ВЛКРС (ВЛ-, n=20). Животные с разным статусом по ВЛКРС содержались в рамках одной фермы с одинаковым рационом и условиями содержания. Для интерпретации экспериментальных данных использованы методы: логистической регрессии для анализа бинарных данных (<http://www.statistica-help.ru/node/28>), линейная модель ANOVA, где в качестве случайного фактора взят показатель РИД и коэффициент корреляции. Оценку статистической значимости различий между группами проводили с помощью t-критерия Стьюдента.

Анализ концентрации метаболитов азотистого обмена в крови коров с разным иммунным статусом по ВЛКРС показал, что вирусоносительство приводит к достоверному повышению общего белка в крови (на 8,8%, $p < 0,01$), которое достигается, главным образом, за счет повышения содержания глобулина (на 13,8%, $p < 0,04$), мочевины (на 29,1%, $p < 0,0006$) и билирубина (на 6,2%, $p < 0,001$), и что указывает на важную роль печени в проведении обмена. Анализ концентрации метаболитов углеводного и липидного обмена показал достоверное снижение концентрации глюкозы в крови коров ВЛ+ (на 14,4%, $p < 0,0007$) и концентрации триглицеридов (на 17,7%, $p < 0,006$). Уменьшение уровня триглицеридов в крови можно рассматривать как показатель снижения их использования в процессе синтеза и отложения липидов и, в частности, триглицеридов в адипоцитах жировой ткани.

Установленные по результатам исследований зависимости будут использованы для разработки системы биомаркеров метаболического стресса высокопродуктивных молочных коров с целью нормализации обмена веществ и повышения устойчивости к заболеваниям. *Исследования выполнены при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 14-16-00046 (http://213.208.189.135/prjcard_int?14-16-00046).*

Список литературы

1. <http://www.statistica-help.ru/node/28> (дата обращения: 01.02.2015)
2. http://213.208.189.135/prjcard_int?14-16-00046 (дата обращения: 27.01.2015)
3. Oltenacu P.A., Broom D.M. The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows// *Animal welfare* 2010. №19(S). P. 39-49.
4. Trevisi E. Metabolic stress and inflammatory response in high-yielding, periparturient dairy cows// *Research in Veterinary Science* 2012. № 93. P. 695-704.

УДК 577.121: 575.167

CORELATION OF METABOLIC STRESS COWS WITH INFECTION OF BOVINE LEUKEMIA VIRUS.

Vinogradova I.V., Gladyr E.A., Gusev I.V., Rykov R.A., Kramarenko A.S.,

Zinovieva N.A.

*L.K. Ernst Institute of Animal Husbandry. Russia, 142132, Moscow region,
Podolsk district, settlement Dubrovitsy 60
e-mail: sirnik07@mail.ru*

We investigated the blood of cows with different BLV status (RID«-» and RID«+»). According to the research carried out preliminary identification of indicators can be used as biomarkers of cows metabolic stress.

Keywords: dairy cattle, bovine leukemia virus, susceptibility, biomarkers, blood biochemistry

Increased susceptibility of highly productive dairy cows to diseases is associated with condition of metabolic stress that develops in the transitory period on the background of a negative energy balance (Oltenucu P.A., Broom D.M., 2010, E. Trevisi et al., 2012).

Experimental studies were carried out on black and white cows (n = 150). Leukemic status of the animals was determined by the method of reaction of the immune diffusion (RID). Experimental groups were formed based on BLV status : carriers of BLV (BLV +, n = 130) and non-carriers of BLV (BLV-, n = 20). Animals with different BLV status contained within the same farm with the same feeding and conditions of living. For the interpretation of the experimental data were used methods: logistic regression analysis of binary data, (<http://www.statistica-help.ru/node/28>), linear model ANOVA, where as a random factor was taken the indicator RID and the coefficient of correlation. The estimation of statistical significance of differences between groups was performed using Student t-test.

Analysis concentrations of metabolite of nitrogen metabolism in blood of cows with different immune status of BLV was showed that carriers of virus leads to a significant increase of the total protein in the blood (by 8,8%, p <0,01), which is achieved mainly by increasing the content of globulin (by 13,8%, p <0,04), urea (at 29,1%, p <0,0006) and bilirubin (at 6,2%, p <0,001), and that points to the important role of the liver in the metabolism.

Analysis concentrations of metabolite of carbohydrate and lipid metabolism was showed a significant decrease concentration of glucose in the blood of cows BLV + (by 14,4%, p1 <0,0007) and triglycerides (by 17,7%, p2 <0,006). Decreasing level of triglyceride in blood can be regarded as a indicator to reduce their use in the synthesis of lipids and fat, and in particular, triglycerides in adipocytes of adipose tissue.

Relations was obtained from the results of research will be used for the development system of biomarkers of metabolic stress highly productive dairy cows in order to normalize the metabolism and increasing of resistance to disease. The research was supported by the Russian Science Foundation, project number 14-16-00046 (http://213.208.189.135/prjcard_int?14-16-00046).

References

1. <http://www.statistica-help.ru/node/28> (data of visit: 01.02.2015)
2. http://213.208.189.135/prjcard_int?14-16-00046 (data of visit: 27.01.2015)
3. Oltenucu P.A., Broom D.M. The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows// Animal welfare 2010. №19(S). P. 39-49.
4. Trevisi E. Metabolic stress and inflammatory response in high-yielding, periparturient dairy cows// Research in Veterinary Science 2012. № 93. P. 695-704.

УДК 577.29: 636.082: 575.113.2

ПОЛНОГЕНОМНЫЕ АССОЦИАТИВНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ВЫЯВИЛИ ПОЛИМОРФИЗМ В ГЕНЕ ТИРЕОГЛОБУЛИНА, ДОСТОВЕРНО АССОЦИИРОВАННЫЙ С СОДЕРЖАНИЕМ ЖИРА В МОЛОКЕ КОРОВ

Харзинова В.Р., Сермягин А.С., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А.

*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста» (ВИЖ им. Л.К. Эрнста)
142132, Московская область Подольский р-н, пос. Дубровицы, д. 60
e-mail: veronika0784@mail.ru*

Проведены полногеномные ассоциативные исследования между мононуклеотидными заменами (SNP) и племенной ценностью (EBV) быков-производителей голштинской и голштинизированной черно-пестрой пород по показателям молочной продуктивности. Установлена высоко достоверная связь SNP ARS-BFGL-BAC-18370 ($p \leq 0,00058$), локализованного в гене тиреоглобулина (TG), с показателем содержания жира в молоке. Дискутируется возможность использования данного SNP в качестве ДНК-маркера жирномолочности коров.

Ключевые слова: полногеномные ассоциации, племенная ценность, ген тиреоглобулин, молочная продуктивность.

Актуальность. Содержание жира в молоке является одним из селекционно-значимых признаков продуктивности пород скота молочного направления продуктивности. В системе отбора племенных животных все большее значение приобретает использование ассоциаций между единичными нуклеотидными полиморфизмами (SNP) и признаками продуктивности (Meuwissen T., 2001). Результатом полногеномных ассоциативных исследований (GWAS) стало выявление генов и участков генома, достоверно ассоциированных с генетической изменчивостью продуктивных показателей, в том числе с содержанием жира в молоке (Signorelli F. et al., 2009, Kaminski S. et al., 2006, Hayes V.J. et al., 2010). В нескольких независимых исследованиях, проведенных на различных породах и популяциях молочного скота, установлена связь целого ряда SNP, локализованных на хромосоме 14 с содержанием жира в молоке (Cohen-Zinder M. et al., 2005; Kaupе B. et al., 2007, Sanders K. et al., 2006).

Целью исследований явилось идентификация SNP, ассоциированных с показателем содержания жира в молоке, на основании GWAS, проведенных в популяции голштинского и голштинизированного черно-пестрого скота Московской области.

Материалы и методы исследований. Выделение ДНК проводили с использованием колонок фирмы Nexttec (Германия) согласно рекомендациям фирмы-изготовителя. Для генотипирования быков использовался чип Illumina BovineSNP50 BeadChip V2 плотностью 54609 SNP (San Diego, CA, USA). Контроль качества SNPs проводился с помощью программного обеспечения Plink v.1.0.7 (USA). Оценка племенной ценности быков-производителей по показателю содержания жира в молоке (МДЖ, %) была проведена по методу BLUP Animal Model (Henderson C.R., 1984).

Результаты исследований. По результатам контроля качества для проведения GWAS было отобрано 41010 SNP. Наибольшее число SNP, достоверно ассоциированных с племенной ценностью (EBV) по МДЖ, было обнаружено на BTA5, BTA9, BTA14 и BTA21, что свидетельствовало о локализации на них потенциальных QTL по показателю МДЖ. Один из SNP (ARS-BFGL-BAC-18370), локализованный в области центромеры хромосомы 14, расположен в 5'-нетранслируемой области гена тиреоглобулина (TG) был достоверно ассоциирован с МДЖ ($p=5.8 \times 10^{-4}$, $-\log_{10}(p)=3.24$). TG - гликопротеид, предшественник тиреоидных гормонов трийодтиронина и тетраiodтиронина, которые играют важную роль в регуляции обмена веществ и участвуют в процессах образования жировых клеток (Barendse W., et al., 2004).

Максимальная частота встречаемости была отмечена для генотипа AG (47,9%), минимальная - для генотипа AA (9,6%). Было установлено высоко значимое влияние фиксированного фактора генотипа по TG на EBV по МДЖ: +0,045 ($Rel=0.942$) для генотипа GG против -0,025 и -0,020 для генотипов AA и AG, соответственно. Кроме того, отмечено достоверное влияние SNP в гене TG на процентное содержание белка в молоке: +0,008 против -0,003 и 0,005, соответственно. Полученные данные свидетельствуют о возможном использовании данного SNP в гене TG в качестве потенциального ДНК-маркера, ассоциированного, в первую очередь, с жирномолочностью, а также белковомолочностью голштинского и голштинизированного черно-пестрого скота России. Это позволит более эффективно проводить селекционно-племенную работу и подбор быков, используя методы геномной и маркерной селекции.

Для подтверждения полученных результатов нами запланированы дополнительные исследования по изучению полиморфизма гена TG на популяции коров, в том числе в аспекте влияния на другие хозяйственно-полезные качества молочных коров.

Исследования выполнены при поддержке государства в лице Минобрнауки РФ, проект № 14.604.21.0062 (уникальный идентификатор проекта уникальный идентификатор проекта RFMEFI60414X0062)

Литература.

1. Barendse W.J., Bunch R., Thomas M. et al. The TG5 thyroglobulin gene test for a marbling quantitative trait loci evaluated in feedlot cattle // Australian Journal of Experimental Agriculture. 2004. V.44. P.669-674.
2. Cohen-Zinder M., Seroussi E., Larkin DM., et al. Identification of a missense mutation in the bovine ABCG2 gene with a major effect on the QTL on chromosome 6 affecting milk yield and composition in Holstein cattle // Genome Research. 2005. 15:936-44.
3. Hayes B., Pryce J., Chamberlain A., Bowman P., Goddard ME. Genetic Architecture of Complex Traits and Accuracy of Genomic Prediction: Coat Colour, Milk-Fat Percentage, and Type in Holstein Cattle as Contrasting Model Traits // PLoS Genet 6. 2010. e 1001139. doi:10.1371/journal.pgen.1001139

4. Henderson C.R. Applications of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph, Canada. 1984. 344 p.
5. Kaminski S., Brym P., Rusc A., Wojcik E., Ahman A., Magi R. Associations between milk performance traits in Holstein cows and 16 candidate SNPs identified by arrayed primer extension (APEX) microarray // Animal Biotechnology. 2006.17:1–11
6. Kaupe B., Brandt H., Prinzenberg EM., Erhardt G. Joint analysis of the influence of CYP11B1 and DGAT1 genetic variation on milk production, somatic cell score, conformation, reproduction, and productive lifespan in German Holstein cattle // Journal of Animal Science. 2007. 85:11–21.
7. Meuwissen, T. H., Hayes B. J., Goddard M. E. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps // Genetics. 2001. № 157. P.1819–1829.
8. Sanders K., Bennewitz J., Reinsch N., Thaller G., Prinzenberg EM., Kuhn C., Kalm E. Characterization of the DGAT1 mutations and the CSN1S1 promoter in the German Angeln dairy cattle population // Journal of Dairy Science. 2006. 89:3164–74
9. Signorelli F., Orru` L., Napolitano F., De Matteis G., Scata` MC., et al. Exploring polymorphisms and effects on milk traits of the DGAT1, SCD1 and GHR genes in four cattle breeds // Livestock Science. 2009. 125: 74–79.

GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES HAVE DETECTED POLYMORPHISMS OF THYROGLOBULIN GENE SIGNIFICANTLY CORRELATED WITH FAT CONTENT OF THE MILK OF COWS.

Kharzinova V.R., Sermyagin A.S., Gladyr E.A., Zinovieva N.A.

Federal State Budget Scientific Institution "All-Russian Research Institute of Animal Husbandry Named After Academician LK Ernst".

142132, Moscow region Podolsk district, pos. Dubrovitzy, d. 60

e-mail: veronika0784@mail.ru

We carried out the whole genome association studies between mononucleotide substitutions (SNP) and the breeding value (EBV) of sires of Russian Holstein and Black-and-White cattle improved by Holstein breeds in terms of milk production. The highly significant association of the SNP ARS-BFGL-BAC-18370 ($p < 0,00058$), localized in the gene thyroglobulin (TG), with a measure of the fat content of milk were found out. Our aim is to verify the possibility to apply this SNP as DNA marker of butterfat in cows

Key words: whole genome association, breeding value, thyroglobulin gene, milk production

Introduction. The fat content of milk is one of the significant traits of breeding livestock productivity of dairy production. Using the association between single nucleotide polymorphism (SNP) and traits of productivity has increasingly been considered an useful tool in the selection system of pedigree animals (Meuwissen T., 2001). The result of the whole association studies (GWAS) was an identification of the genes and the genome regions significantly associated with the genetic variation of productive indicators, including the fat content of milk (Signorelli F. et al., 2009, Kaminski S. et al., 2006, Hayes B.J. et al., 2010). In several independent studies conducted among different breeds and populations of dairy cattle, was observed a connection between a number of SNPs and the fat content of milk, located on chromosome 14 (Cohen-Zinder M. et al., 2005; Kaupе B. et al., 2007, Sanders K. et al., 2006).

The aim of our research was the identification of the SNP, associated with an indicator of fat content of milk, based on GWAS, in the population of Holstein and Black-and-White cattle improved by Holstein of the Moscow region.

Materials and methods. DNA was extracted from tissue samples using a Nextech column (Agrobiogen Biotechnology GmbH, Munich, Germany) according to the manufacturer's recommendations. We used the Illumina BovineSNP50 BeadChip V2 density 54,609 SNP (San Diego, CA, USA) for genotyping of sires. The quality control of SNPs was performed using the software Plink v.1.0.7 (USA). The estimation of breeding values of sires in terms of fat content of milk (%) was carried out through the BLUP Animal Model method (Henderson C.R., 1984).

Results. According to the results of quality control carried out on GWAS 41010 SNPs were selected. The largest number of SNPs, significantly associated with breeding values (EBV) by FP, was found on BTA5, BTA9, BTA14 and BTA21, which indicated the localization of QTL in these regions. One SNP (ARS-BFGL-BAC-18370), localized in centromere region of chromosome 14 in the 5'-untranslated region of the gene thyroglobulin (TG) was significantly associated with the FP ($p = 5.8 \times 10^{-4}$, $-\log_{10}(p) = 3.24$). TG - glycoprotein is the precursor of such thyroid hormones as triiodothyronine and tetraiodothyronine, which play an important role in the regulation of metabolic processes and are involved in the formation of fat cells (Barendse W., et al., 2004).

The maximum frequency was found for genotype AG (47,9%) and the minimum for genotype AA (9,6%). The significant effect of the fixed factor of the TG genotype was +0,045 (Rel = 0.942) for EBV by FP, +0,045 (Rel = 0.942); for the GG genotype versus -0.025 and -0.020 for genotypes AA and AG respectively. Furthermore, there was a significant effect of SNP of gene of TG on percentage of protein content in milk: 0.008, 0.005 and -0.003, respectively.

This suggests that the SNP in the gene TG may be used as a potential DNA marker primarily associated with fat milk yield and high protein content of Russian Holstein and Black-and-White improved by Holstein breed. This will be useful for more effective breeding work and selection of traits, using genomic techniques and marker selection. For further confirmation, we have planned to conduct additional studies of polymorphism of TG gene in populations of cows, including the impact on other economically important traits of dairy cows.

Research was performed by the Ministry of Education of the Russian Federation, in the project № 14.604.21.0062 (unique ID project a unique ID project RFMEFI60414X0062)

УДК 575.174: 638.123.54

СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК ИЗОЛИРОВАННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ СЕРОЙ ГОРНОЙ КАВКАЗСКОЙ ПЧЕЛЫ (*APIS MELLIFERA CAUCASICA*)

**Форнара М.С.¹, Свистунов С.В.², Крамаренко А.С.³, Любимов Е.М.²,
Сокольский С.С.², Зиновьева Н.А.¹**

¹*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста» (ВИЖ им. Л.К. Эрнста)*

142132, Московская область Подольский р-н, пос. Дубровицы, д. 60

e-mail: margaretfornara@gmail.com

²*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Краснополянская опытная станция пчеловодства»*

³*Николевский национальный аграрный университет*

Проведена сравнительная оценка морфометрических и молекулярно-генетических характеристик изолированных популяций серой горной кавказской пчелы (*A. m. caucasica*). Показано, что использование морфометрических показателей, не позволяет выявить различия между популяциями с высокой достоверностью, поэтому в исследованиях необходимо использовать ДНК-маркеры.

Ключевые слова: медоносная пчела, ДНК-маркеры, морфометрия, популяция, биоразнообразие.

Актуальность. ДНК-технологии открывают новые возможности в характеристике экотипов и других более мелких таксономических единиц медоносной пчелы (*Apis Mellifera*). Исследование по ДНК рассматривается сегодня в качестве дополнения к традиционному анализу по морфометрическим критериям, признакам, которые в той или иной мере подвержены влиянию факторов внешней среды (Кривцов Н.И. и др., 2009; Островерхова Н.В. и др., 2013).

Одним из информативных типов маркеров для этих целей являются микросателлиты (МС) (Кривцов Н.И. и др. 2011).

Цель исследований: сравнительная оценка морфометрических и молекулярно-генетических характеристик изолированных популяций серой горной кавказской пчелы (*A. m. caucasica*).

Материалы и методы исследований. Материалом для исследования послужили рабочие пчелы серой горной кавказской породы (n=1470), отобранные с 5 пасек, каждая из которых строго ориентирована на получение материала с заведомо известными хозяйственно-полезными признаками. Выделение ДНК проводили с использованием метода экстракции перхлоратом. Методами морфометрического анализа измерена длина хоботка, кубитальный индекс и ширина 3-го тергита. Мультиплексный анализ 7-ми локусов МС (A024, A88, A113, AP043, HB-C16-05, HB-THE-03, HB-C16-01) выполняли на генетическом анализаторе ABI3130xl (Applied Biosystems, США). Статистическую обработку результатов проводили с использованием программного обеспечения GenAlEx (ver. 6.4).

Результаты исследований. На основании полученных данных морфометрического анализа можно сделать вывод, что пчелы из разных популяций достоверно отличались в отношении длины хоботка (ДХ) и ширины третьего тергита (ШЗТ). Тогда как, в отношении кубитального индекса (КИ) различий как между популяциями так и между семьями не было обнаружено. Самый высокий уровень межсемейной изменчивости отмечен для популяции 19Мед по ДХ ($Mst = 0,275$) и для популяции 49КО по ДХ ($Mst = 0,2892$). По ДЗТ высокий уровень межсемейного разнообразия отмечен для популяции 13КП ($Mst = 0,1355$) и 34Аибга ($Mst = 0,1263$).

В аспекте генетического анализа исследуемые нами популяции *A. m. caucasica* характеризовались относительно высоким уровнем генетического разнообразия: эффективное число аллелей варьировало от 12,40 по локусу NB-C16-01 у КО до 1,381 по локусу NB-C16-05 у MED.

В соответствии с результатами анализа молекулярной изменчивости (AMOVA) по локусам MC, отмеченные для пчел из разных популяций, можно утверждать про значимое ($\Phi_{st} = 0,084$) генетическое различие между исследуемыми популяциями пчел при уровне достоверности $p=0,001$. Парные оценки генетической дифференциации (Φ_{st}) по локусам MC, отмеченные для пчел из разных популяций, даже при учете поправки Бонферрони для множественных сравнений, были значимыми. Все популяции почти по всем локусам значимо отклонялись от равновесного состояния Харди-Вайнберга. Исключение составлял лишь локус AP043, находящийся в равновесии у всех популяций кроме MED. За исключением *Fis*, все оценки индексов Фишера были значимы и лежали в пределах 95% доверительного интервала.

Полученные данные позволили нам построить дендрограмму подобия пяти популяций пчел, рассчитанную на основе матрицы попарных генетических дистанций M.Нея для семи локусов MC и дендрограмму подобия пяти популяций пчел, рассчитанную на основе матрицы евклидовых дистанций для 3 морфометрических признаков. Наиболее удалены популяции КО и AIGBA от близких между собой популяций KP13 и MED и KP 12.

Дендрограмма, построенная на основании данных генетического анализа, соответствует данным хозяйственно-полезных признаков, в то время как дендрограмма, построенная на основании морфометрических данных, немного искаженно отражает реальную картину на пасаках.

Широко применяемый морфометрический анализ пчел для определения их чистопородности обеспечивает выявление различий между породами, но исключает такую возможность в отношении популяций внутри породы.

Применение микросателлитных маркеров пчел дает возможность определять корреляцию между хозяйственно-полезными признаками и определяющими их генетическими структурами, проводить селекционную работу с линиями, популяциями, породами и семьями, а так же вести отбор пчел с желательными признаками.

Исследования выполнены при поддержке государства в лице ФАНО, тема 19. № 0600-2014-0004.3 и при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 14-36-00039

Литература.

1. Кривцов Н.И., Горячева И.И. Генетический анализ внутривидовой структуры пчелы медоносной // Пчеловодство. 2009. Т.10. С. 8-10.
2. Островерхова Н.В., Конусова О.Л., Кучер А.Н., Погорелов Ю.Л., Белых Е.А., Воротов А.А. Популяционно-генетическая структура медоносной пчелы (*Apis Mellifera L.*) в районе д. Леботёр Чаинского района Томской области // Вестник Томского государственного университета. 2013. Т.1 (21). С. 161-172.
3. Кривцов Н.И., Гладырь Е.А., Волкова В.В., Форнара М.С., Лебедев В.И., Зиновьева Н.А. Характеристика аллелофонда трех пород медоносной пчелы России с использованием микросателлитов // Проблемы биологии продуктивных животных. 2011. Т. 1. С. 41-4

COMPARATIVE EVALUATION OF MORPHOMETRIC AND MOLECULAR GENETIC CHARACTERISTICS OF ISOLATED POPULATIONS OF GRAY MOUNTAIN CAUCASIAN BEES (*APIS MELLIFERA CAUCASICA*)

Fornara M.S.¹, Svistunov S.V.², Kramarenko A.S.³, Lyubimov E.M.², Sokolsky S.S.², Zinovieva N.A.¹

¹*Federal State Budget Scientific Institution "All-Russian Research Institute of Animal Husbandry Named After Academician L.K. Ernst".*

142132, Moscow region Podolsk district, pos. Dubrovitzы, d. 60

e-mail: margaretfornara@gmail.com

²*Federal State Budget Scientific Institution "Krasnopolyanskaya experimental station of beekeeping".*

³*Mykolayiv National Agrarian University.*

Comparative evaluation of morphometric and molecular genetic characteristics of isolated populations of Gray Mountain Caucasian bees (*A. m. Caucasica*) was carried out. It was shown that using morphometric parameters does not reveal differences between populations with high reliability, so necessary to use DNA markers.

Keywords: honey bee, DNA markers, morphometric characteristics, population, biodiversity.

Introduction. New possibilities in the characterization of ecotypes and other smaller taxonomic units of the honey bee (*Apis Mellifera*) has been opened up using DNA technology. These researches are considered as an addition to traditional analysis by morphometric criteria, characteristics which are influenced by environmental factors. (Krivtsov N.I. et al., 2009; Ostroverkhova N.V. et al., 2013).

One of the types of informative markers for these purposes were microsatellites (MS) (Krivtsov N.I. et al. 2011).

The aim of our research was comparative evaluation of morphometric and molecular genetic characteristics of the populations evaluated in the Gray Mountain Caucasian bee (*A.m.caucasica*).

Materials and methods. Material for this study was the worker bees of Gray Mountain Caucasian breed (n = 1470) which were selected with 5 apiaries, each of them is targeted to produce a material with a well-known economically important traits. DNA was extracted using perchlorate method. Length of the proboscis, cubital index and width of the third tergite were measured by morphometric analysis techniques. Multiplex analysis of 7 MS loci (A024, A88, A113, AP043, HB-C16-05, HB-THE-03, HB-C16-01) was carried out on genetic analyzer AVI3130xl (Applied Biosystems, USA). Statistical analysis was carried out using the software GenAlEx (ver. 6.4).

Results. On the strength of morphometric analysis data we can conclude that bees from different populations differed significantly by the length of the proboscis (LP) and the width of the third tergite (WTT). Whereas, the differences between populations and families were not detected according to cubital index (CI). The highest level of variation between families was marked for population 19Med by LP ($Mst = 0,275$) and for the 49KO population by LP ($Mst = 0,2892$). A high level of inter-family diversity was marked for 13KP ($Mst = 0,1355$) and 34Aibga ($Mst = 0,1263$) populations by WTT.

In the aspect of genetic analysis studied population *A. m. caucasica* characterized by a high level genetic diversity: the effective number of alleles ranged from 12.40 locus HB-C16-01 in KO population to 1,381 locus HB-C16-05 in MED population. In according to the results of the analysis of molecular variation (AMOVA) for MS loci marked for bees from different populations, we can argue about significant ($F_{st} = 0.084$) genetic differences between study populations of bees at a confidence level of $p = 0,001$. Pairwise genetic differentiation (F_{st}) by MS loci for bees from different populations were significant even using the Bonferroni correction for multiple comparisons. All populations in almost all loci significantly deviated from the Hardy-Weinberg equilibrium, except for locus AP043 which was in equilibrium in all populations except MED. All estimates Fisher index were significant and were within the 95% confidence interval, except for *Fis*.

The findings allowed us to build a dendrogram of similarity five populations of bees, calculated on the basis of the matrix of pairwise genetic Nei distances by seven MS loci and the dendrogram of similarity five populations of bees, calculated on the basis of the matrix of Euclidean distances for three morphometric traits. KO and AIBGA population were farthest from closely related MED and KP13, KP12 populations

Dendrogram constructed on the basis of genetic analysis is consistent with economical important traits, while dendrogram constructed on the basis of data, a little wryly reflects the real picture of apiaries.

Widely used morphometric analysis of bees for determination their purebred provides the identification of differences between breeds, but excludes that possibility in relation to populations within a species.

Microsatellite markers application permit to determine the correlation between economic-useful traits and their determined genetic structures, to conduct breeding work with lines, populations, species and families, as well as to conduct the selection of bees with desirable traits.

Research was performed by the Federal Agency of scientific organizations, object 19. № 0600-2014-0004.3 and under financial support of Russian scientific foundation, project No 14-36-00039.

УДК 575.17

БИОРАЗНООБРАЗИЕ СНЕЖНОГО БАРАНА (*OVIS NIVICOLA*)

Денискова Т. Е.¹, Охлопков И. М.², Гладырь Е. А.¹, Багиров В.А.¹, Иванов Р.В.³,
Зиновьева Н. А.¹

¹Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Всероссийский научно-исследовательский институт животноводства имени академика Л.К. Эрнста» (ВИЖ им. Л.К. Эрнста), п. Дубровицы, Россия

142132, Московская область Подольский р-н, пос. Дубровицы, д. 60

e-mail: horarka@yandex.ru

²Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт биологических проблем криолитозоны СО РАН, г. Якутск, Россия

677890, г. Якутск, проспект Ленина, 41

³Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Якутский научно-исследовательский институт сельского хозяйства, г. Якутск, Россия

677001, г. Якутск, ул. Бестужева-Марлинского, 23/1,

Дана молекулярно-генетическая оценка биоразнообразия снежного барана (*Ovis nivicola*) якутской популяции на основе анализа 11 микросателлитных локусов. Проведен сравнительный анализ основных генетических параметров снежных баранов и домашних овец (*Ovis aries*) локальной породы Буубей, разводимой в том же регионе.

Ключевые слова: *Ovis nivicola*; биоразнообразие; микросателлитный анализ; аллельные профили.

Актуальность.

Повышение биологического разнообразия сельскохозяйственных животных является одной из актуальных задач современной биологической науки. Для домашних овец (*Ovis aries*) потенциальным резервуаром генетической изменчивости может стать снежный баран (*Ovis nivicola*) [1]. Снежный баран (*Ovis nivicola*) – это единственный представитель горных копытных на Северо-Востоке Азии. Якутский подвид снежного барана населяет горные хребты Верхоянья от Хараулахских гор, горную систему хребта Черского от Полоусного хребта на севере до хребтов Улахан-Чистай, Тас-Кыстабыт и Оймяконского нагорья на юге, а также весь Момский хребет [5].

В качестве объекта интродукции снежный баран может передать домашней овце свои наиболее важные особенности такие, как высокая выносливость и морозоустойчивость. Именно эти качества необходимы для разведения пород домашних овец в суровых климатических условиях Республики Якутии [6].

В связи с этим целью нашего исследования явилась молекулярно-генетическая характеристика разнообразия якутской популяции снежного барана (*Ovis nivicola*).

Материалы и методы исследований

Образцы ткани (мышцы) были получены от 22 снежных баранов (*Ovis nivicola*), обитающих в различных регионах Якутии, включая Момский хребет (2 головы), Сиегинденский хребет (3 головы), хребет Орулган (13 голов), Верхоянский хребет (3 головы) и Оймяконский район (1 голова). В качестве группы сравнения были выбраны овцы породы Буубей (n=22), созданной на основе аборигенных бурятских овец, для разведения в Якутском регионе [2, 3].

Выделение ДНК производилось на колонках Nextech (Agrobiogen Biotechnology GmbH, Мюнхен, Германия) согласно рекомендациям производителя. Для изучения генетического разнообразия снежного барана были выбраны 11 микросателлитных локусов OarCP49, INRA063, HSC, OarAE129, MAF214, OarFCB11, INRA005, SPS113, INRA23, MAF65 и McM527. Продукты амплификации микросателлитов анализировали на капиллярном генетическом анализаторе ABI 3131xl (Applied Biosystems). Размеры аллелей были получены с помощью программного обеспечения Gene Mapper, версия 4. Статистическую обработку данных проводили с использованием программы GenAIEx 6.4.1[4].

Результаты исследований

Среднее число аллелей на локус по 11 микросателлитам составило $8,818 \pm 0,784$ аллелей для представителей вида *Ovis nivicola* и $8,455 \pm 0,767$ аллелей для домашних овец.

Число эффективных аллелей у снежного барана составило $5,246 \pm 0,601$ по сравнению с $4,642 \pm 0,377$ у домашних овец. Снежные бараны характеризовались несколько более высоким наличием информативных аллелей (с частотой встречаемости более 5%), чем представители *Ovis aries*: $5,000 \pm 0,505$ и $4,909 \pm 0,315$ аллелей, соответственно. Количество приватных аллелей у снежного барана составило $4,636 \pm 0,956$, а овцы породы Буубэй этот же показатель равнялся $4,273 \pm 0,864$ аллелей.

Уровень фактической (наблюдаемой) гетерозиготности составил $0,828 \pm 0,059$ у снежного барана и $0,904 \pm 0,025$ у Буубей; по уровню ожидаемой гетерозиготности наблюдались несущественные различия: $0,779 \pm 0,029$ и $0,770 \pm 0,018$ у *Ovis nivicola* и *Ovis aries*, соответственно. Высокий уровень гетерозиготности может показывать низкий уровень селекционного давления и большое число аллелей в популяции.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского научного фонда, проект № 14-36-00039.

Литература

1. Багиров В.А., Кленовицкий П.М., Иолчиев Б.С., Зиновьева Н. А. Цитогенетическая характеристика архара *Ovis ammon ammon*, снежного барана *O. nivicola borealis* и их гибридов// Сельскохозяйственная биология. — 2012. — № 6. — С. 43-48.
2. Тайшин В.А., Лхасаранов Б.Б., Шабанова Р.Г. Основные признаки отбора аборигенных бурятских овец // Овцы, козы, шерстяное дело. — 2001. — №1. — С. 12-14
3. Тайшин В. А., Лхасаранов Б. Б. Аборигенная бурятская овца. Улан-Удэ: Изд-во БНЦ СО РАН, 1997, 123 с.
4. Peakall R., Smouse P. E. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research//Molecular Ecology Notes. 2006. № 6. P. 288-295.
5. <http://www.rors.ru/ru/activity/trofei/maket3/baran.htm> (дата обращения 02.10.2014)
6. <http://smartnews.ru/regions/yakutsk/12533.html> (дата обращения 20.01.2015)

BIODIVERSITY OF SNOW SHEEP (OVIS NIVICOLA)

**Deniskova T. E.¹, Okhlopov I. M.², Gladyr E. A.¹, Bagirov V.A.¹, Ivanov R.V.³,
Zinovieva N. A.¹**

¹*Federal State Budget Scientific Institution "All-Russian Research Institute of Animal Husbandry Named After Academician LK Ernst", p. Dubrovitzky, Russia
142132, Moscow region Podolsk district, pos. Dubrovitzky, d. 60
e-mail: horarka@yandex.ru*

²*Federal State Institution of Science Institute of Biological Problems Cryolithozone, Yakutsk, Russia
677890, Yakutsk, Lenin Avenue, 41*

³*Federal State Budget Scientific Institution Yakut Research Institute of Agriculture, Yakutsk, Russia
677001, Yakutsk, st. Bestuzhev-Marly, 23/1,*

The molecular genetic evaluation of biodiversity assessment of snow sheep (*Ovis nivicola*) of Yakutia population was conducted using of 11 microsatellite loci. A comparative analysis of the general genetic parameters of snow sheep with the one of breeds of domestic sheep (*Ovis aries*), which are breeding in the same region, was done.

Keywords: *Ovis nivicola*; biodiversity; microsatellite analysis; allelic profiles.

Introduction

Increasing the level of biodiversity of farm animals is one of the essential problems of modern biological science. Snow sheep (*Ovis nivicola*) might be used as a reservoir of genetic variation for domestic sheep (*Ovis aries*) [1]. Snow sheep (*Ovis nivicola*) is the only representative of mountain ungulates in North-East Asia. Yakut subspecies of snow sheep inhabit the mountain ridges of Verkhoyanya from Kharaulakh Mountains, the Cherskii Range from Polousnogo ridge in the north to the ridges of Ulakhan-Chistay, Tas-Kystabyt and Oimyakon Plateau in the south, as well as all the Moma Range [5].

As the object of the introduction, show sheep can transfer to domestic sheep their most important features such as high endurance and resistance to the extremely low temperatures. These qualities are necessary for breeding domestic sheep in the harsh climate of the Republic of Yakutia [6].

Therefore, the aim of our study is an estimation of molecular genetic characteristics of diversity of Yakut population of snow sheep (*Ovis nivicola*).

Materials and methods

Samples of tissue were collected from 22 snow sheep (*Ovis nivicola*) inhabited the different parts of Yakutia including Moma Range (n=2), Sietindensky Range (n=3), Orulgan Ridge (n=13), Verkhoyansky Range (n=3) and Oimyakon area (n=1). As a comparison group sheep of Buubei breed (n = 22), which was based on the local Buryat sheep and was created for breeding in Yakut region, were selected [2, 3].

DNA was extracted from tissue samples using Nextech column (Agrobiogen Biotechnology GmbH, Munich, Germany) according to recommendation of manufacture. To study the genetic diversity 11 microsatellite loci were chosen: OarCP49, INRA063, HSC, OarAE129, MAF214, OarFCB11, INRA005, SPS113, INRA23, MAF65 and McM527. Products of the microsatellite amplification were analyzed on ABI 3131xl genetic analyzer (Applied Biosystems). Allele sizes were obtained using Gene Mapper v. 4 software. Microsatellite allele frequencies, effective number of alleles, observed and expected heterozygosity were calculated using the GenAIEx 6.4.1[4].

Results

The average number of alleles per locus of 11 microsatellites was $8,818 \pm 0,784$ alleles for representatives of the species *Ovis nivicola* and $8,455 \pm 0,767$ alleles for domestic sheep.

The number of effective alleles in snow sheep was $5,246 \pm 0,601$ in comparison with $4,642 \pm 0,377$ alleles in domestic sheep. Snow sheep were characterized by a slightly higher presence of informative alleles (with a frequency more than 5%) than those in *Ovis aries*: $5,000 \pm 0,505$ and $4,909 \pm 0,315$ alleles, respectively. The number of private alleles in snow sheep was $4,636 \pm 0,956$, and the sheep of Buubei breed the same figure was $4,273 \pm 0,864$ alleles.

The level of actual (observed) heterozygosity was $0,828 \pm 0,059$ in snow sheep and $0,904 \pm 0,025$ in Buubei; and insignificant differences in the levels of expected heterozygosity were obtained: $0,779 \pm 0,029$ and $0,770 \pm 0,018$ in *Ovis nivicola* and *Ovis aries*, respectively. The high level of heterozygosity may show low levels of selection pressure and a large number of alleles in the population.

Study was performed under financial support of Russian scientific foundation, project № 14-36-00039.

СЕКЦИЯ «БИОТЕХНОЛОГИЯ ПИЩИ. ПРОДУКТЫ ЗДОРОВОГО ПИТАНИЯ»
SECTION "BIOTECHNOLOGY FOOD. HEALTH FOOD PRODUCTS"

УДК 661.734.1:577

ИНГИБИТОРЫ АЛЬФА-ГЛЮКОЗИДАЗ – БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫЕ ДОБАВКИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ ПРОДУКТОВ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО НАЗНАЧЕНИЯ

Шарова Н.Ю.

*Федеральное государственное бюджетное научное учреждение Всероссийский научно-исследовательский институт пищевых добавок, Санкт-Петербург, Россия 191014, Санкт-Петербург, Литейный пр., д. 55
e-mail: natalya_sharova1@mail.ru*

Выделены ингибиторы α -глюкозидаз, продуцируемые штаммами стрептомицетов. Установлено подавляющее действие ингибиторов на α -глюкозидазы различного происхождения и выявлен гипогликемический эффект.

Ключевые слова: ингибиторы α -глюкозидаз, обмен углеводов, пищевые добавки.

Ингибиторы α -глюкозидаз вызывают интерес в связи со способностью подавлять активность ферментов углеводного обмена. В организме человека они способствуют снижению уровня глюкозы в крови. Это свойство позволяет использовать ингибиторы α -глюкозидаз в качестве биологически активных добавок для создания продуктов функционального назначения.

Практическое применение нашли микробные ингибиторы α -глюкозидаз. Наиболее распространенными продуцентами являются актиномицеты. В результате селекционных работ, проведённых в институте, выбраны штаммы *Streptomyces lucensis* и *Streptomyces violaceus*, способные при биоконверсии растворимого крахмала направленно синтезировать ингибиторы панкреатической α -амилазы. Этот фермент по специфичности действия близок к амилазе из поджелудочной железы человека. В зависимости от химической природы углеводного субстрата и его концентрации селектированные штаммы актиномицетов продуцируют ингибиторы с различной специфичностью действия на α -глюкозидазы. Ингибиторы проявляют одинаково высокое сродство к α -амилазе из крови человека, к свиной панкреатической α -амилазе, угнетают α -амилазу *B. subtilis*, α -амилазу и глюкоамилазу *A. niger*. Подавление ферментов носит обратимый характер и проявляется по конкурентному типу. По сравнению с Акарбозой (действующее вещество антидиабетического препарата Глюкобай ("Bayer AG", Германия)), ингибиторы более активны к бактериальной амилазе.

Получен стабильный препарат ингибитора α -глюкозидаз с активностью (700000±1000) ИЕ/г. Пероральное введение его лабораторным животным вызывает снижение уровня глюкозы в крови животных на 40-60 % без изменения их поведения и общего состояния. Испытания препарата и пищевых добавок с ингибитором при приготовлении хлеба показали возможность его введения в рецептуры изделий пшеничных сортов для снижения гликемического индекса.

UDC 661.734.1:577

INHIBITORS OF ALPHA-GLUCOSIDASES – DIETARY SUPPLEMENTS FOR CREATION OF PRODUCTS OF A FUNCTIONAL PURPOSE

Sharova N. Yu.

*Federal State Budget Scientific Institution All-Russian Research Institute of food additives,
St. Petersburg, Russia 191014, St. Petersburg, Liteyny prospect, 55
e-mails: natalya_sharova1@mail.ru*

Inhibitors of α -glucosidases, produced by strains of streptomitsetes are emitted. Overwhelming effect of various inhibitors on α -glucosidases is established and the hypoglycemic effect is revealed.

Keywords: inhibitors of α -glucosidases, exchange of carbohydrates, food additives.

Inhibitors of α -glucosidases cause interest in connection with ability to suppress activity of enzymes of a carbohydrate exchange. In a human body they promote decrease in level of glucose in blood. This property allows to use inhibitors of α -glucosidases as dietary supplements for creation of products of a functional purpose.

Practical application was found by microbic inhibitors of α -glucosidases. The most widespread producers are actinomycetes. As a result of the selection works which are carried out at institute the strains of *Streptomyces lucensis* and *Streptomyces violaceus* capable at bioconversion of soluble starch are chosen is directed to synthesize inhibitors of pancreatic α -amylase. This enzyme on specificity of action is close to amylase from a pancreas of the person. Depending on the chemical nature of a carbohydrate substratum and its concentration the selected strains of actinomycetes produce inhibitors with various specificity of action on α -glucosidase. Inhibitors show equally high affinity to α -amylase from blood of the person, to pig pancreatic α -amylase, oppress α -amylase *B. subtilis*, α -amylase and glucoamylase of *A. niger*. Suppression of enzymes has reversible character and is shown on competitive type. In comparison with Acarbose (the operating beginning of an anti-diabetic preparation of Glucobay (“Bayer AG”, Germany)), the studied inhibitors show bigger affinity to bacterial amylase.

The stable preparation of inhibitor with activity (700000±1000) IE/g is received. Oral introduction of inhibitor a laboratory animal causes decrease in level of glucose in blood of animals for 40-60% without change of their behavior and the general state. Inhibitor and food additives with inhibitor of α -glucosidases tests at preparation of bread showed possibility of its introduction to compoundings of products of wheaten grades for decrease in a glycemic index.

КРУГЛЫЙ СТОЛ: «ЛЕСНАЯ БИОТЕХНОЛОГИЯ:
ОТ ИССЛЕДОВАНИЙ К ИННОВАЦИЯМ».

ROUND TABLE: "FOREST BIOTECHNOLOGY:
FROM RESEARCH TO INNOVATION."

УДК 575.174.015.3
577.2.08

ОЦЕНКА ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ СОСТОЯНИЯ УНИКАЛЬНЫХ РАСТИТЕЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ БАЙКАЛЬСКОЙ СИБИРИ

Протопопова М.В., Павличенко В.В., Чепинога В.В.

*Сибирский институт физиологии и биохимии растений СО РАН
664033, г. Иркутск, Россия, ул. Лермонтова, 132
Институт географии им. В.Б. Сочавы СО РАН,
664033, г. Иркутск, Россия, ул. Улан-Баторская, 1
e-mail: marina.v.protopopova@gmail.com*

В работе представлены данные о возможном использовании некоторых генетических маркеров (*ITS1*, *ITS2*, *rps12-rpl20*, *psbA-trnH*) для оценки состояния двух реликтовых видов растений Байкальской Сибири.

Ключевые слова: Байкальская природная территория, молекулярно-генетические маркеры, реликтовые виды, экологический мониторинг.

Уникальный видовой состав флоры Байкальской Сибири обуславливает необходимость разработки эффективных методов мониторинга состояния природных объектов этой территории. Данная работа направлена на поиск молекулярных маркеров, эффективно отражающих степень генетического полиморфизма популяций модельных видов растений для их возможного применения в оценке состояния реликтового комплекса Байкальской Сибири. В работе рассматривается возможность использования некоторых генетических маркеров (*ITS1*, *ITS2*, *rps12-rpl20*, *psbA-trnH*) для оценки состояния модельных реликтовых видов растений Байкальской Сибири: *Anemone baicalensis* Turcz. и *Eranthis sibirica* Turcz.. Результаты показали, что использованные генетические маркеры отражают некоторые особенности видовой структуры *A. baicalensis*, однако их чувствительности недостаточно для оценки и мониторинга состояния этого вида. Большой интерес представляет *E. sibirica*, у которого была выявлена высокая степень внутри- и межпопуляционного полиморфизма *ITS1* и *ITS2* регионов, что обуславливает потенциальную возможность их использования для оценки состояния реликтового комплекса Байкальской Сибири. Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ № 14-04-31350-мол_a.

POSSIBILITY OF GENETIC MARKERS APPLICATION FOR ECOLOGICAL STATUS ASSESSMENT OF THE UNIQUE PLANT COMMUNITIES OF BAIKAL SIBERIA

Protopopova M.V., Pavlichenko V.V., Chepinoga V.V.

*Siberian Institute of Plant Physiology and Biochemistry (SIPPB SB RAS)
Lermontov str., 132, Irkutsk, Russia, 664033*

*V.B. Sochava Institute of Geography SB RAS
Ulan-Batorskaya St., Irkutsk, Russia, 664033*

e-mail: marina.v.protopopova@gmail.com

The paper presents data on the possible use of several genetic markers (ITS1, ITS2, rps12-rpl20, psbA-trnH) in the ecological status assessment of two relict plant species.

Key words: Baikal natural territory, Molecular genetic markers, Relict species, Environmental monitoring

The development of the effective approaches for ecological monitoring of Baikalian Siberia becoming more and more important mainly because of unique plant communities inhabiting this territory. The present study was aimed to the finding of effective molecular markers for estimation of the level of genetic variation in the model species populations for their potential use in ecological status assessment of the relict communities of Baikalian Siberia. The study estimates the possible use of several genetic markers (ITS1, ITS2, rps12-rpl20, psbA-trnH) in the ecological status assessment of two relict plant species: *Anemone baicalensis* Turcz. and *Eranthis sibirica* Turcz. The results showed that studied genetic markers reflect well the several peculiarities of the species structure of *A. baicalensis*, however their sensitivity level is not sufficient for the effective status assessment of this species. *E. sibirica* is attracted more interest, because high level of inter- and intrapopulation polymorphism of ITS1 and ITS2 regions were found. This fact makes these regions the potential genetic markers for ecological assessment of relict community of Baikalian Siberia.

The reported study was partially supported by RFBR, research project No. 14-04-31350-mol_a.

ОГЛАВЛЕНИЕ

CONTENTS

КОЛИЧЕСТВЕННОЕ ОПРЕДЕЛЕНИЕ ГЕНОВ БАКТЕРИАЛЬНЫХ ФЕРМЕНТОВ БЕТА-ЛАКТАМАЗ НА КРЕМНИЕВЫХ МИКРОЧИПАХ МЕТОДОМ СКАНИРУЮЩЕЙ ЭЛЕКТРОННОЙ МИКРОСКОПИИ Преснова Г.В., Рубцова М.Ю., Преснов Д.Е., Григоренко В.Г., Егоров А.М.	3
QUANTITATIVE DETERMINATION OF GENES CODING BACTERIAL ENZYMES BETA-LACTAMASES ON SILICON MICROCHIPS BY THE SCANNING ELECTRONIC MICROSCOPY Presnova G.V., Rubtsova M.Yu., Presnov D.E., Grigorenko V.G., Egorov A.M.	4
СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА ИССЛЕДОВАНИЙ РЕОЛОГИЧЕСКИХ СВОЙСТВ КРОВИ ТЕКСТУРНЫМ АНАЛИЗОМ И ПО КЛИНИЧЕСКОМУ АНАЛИЗУ КРОВИ ПРИ ГЕМОРРАГИЧЕСКОМ ШОКЕ <u>Манцкава М.М.</u> , Момцелидзе Н.Г., Давлианидзе Л.Ш.	5
COMPARATIVE EVALUATION OF RESEARCH BLOOD RHEOLOGY AND TEXTURE ANALYSIS ON CLINICAL BLOOD TESTS IN HEMORRHAGIC SHOCK <u>Mantskava M.M.</u> , Momtselidze N.G., Davlianidze L. Sh.	6
ТЕЛОМЕРАЗНЫЕ ИНГИБИТОРЫ – НОВАЯ ОСНОВА ДЛЯ РАЗРАБОТКИ ПРОТИВООПУХОЛЕВЫХ ПРЕПАРАТОВ Мария Зверева, Дулат Ажибек, Дмитрий Скворцов, Мария Рубцова, Александр Мажуга, Тимофей Зацепин, Ольга Донцова	7
TELOMERASE INHIBITORS ARE NOVEL BASIS FOR ANTI-CANCER DRUG DEVELOPMENT Zvereva Maria, Azhibek Dulat, Skvortsov Dmitry, Rubtsova Maria, Maguga Alexandr, Zatsepin Timofey, Dontsova Olga	8
ЛИПОСОМАЛЬНЫЕ НАНОКОНТЕЙНЕРЫ ДЛЯ АДРЕСНОЙ ДОСТАВКИ ЦИСПЛАТИНА В ОПУХОЛЬ ГОЛОВНОГО МОЗГА С ПОВЫШЕННОЙ ЭКСПРЕССИЕЙ ФАКТОРА РОСТА ЭНДОТЕЛИЯ СОСУДОВ <u>Кузнецов И.И.</u> , Шейн С.А., Корчагина А.А., Бычков Д.А., Гриненко Н.Ф., Кабанов А.В., Нуколова Н.В., Чехонин В.П.	9
LIPOSOMAL NANOCONTAINERS FOR TARGETED CISPLATIN DELIVERY TO BRAIN TUMOR WITH OVEREXPRESSION OF VASCULAR ENDOTHELIAL GROWTH FACTOR <u>Kuznetsov I.I.</u> , Shein S.A., Korchagina A.A., Bychkov D.A., Grinenko N.F., Kabanov A.V., Nukolova N.V., Chekhonin V.P.	10
ПРАВОВЫЕ ПРОБЛЕМЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ИМПЛАНТИРУЕМЫХ БИОСЕНСОРОВ В МЕДИЦИНСКОЙ ПРАКТИКЕ Белозерова Н.В., Жулего В.Г.	11
СИНТЕЗ НАНОКОМПОЗИТА НА ОСНОВЕ ЭЛЕКТРОПРОВОДЯЩЕГО ПОЛИАНИЛИНА И УГЛЕРОДНЫХ НАНОТРУБОК С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ЛАККЗА-МЕДИАТОРНОЙ СИСТЕМЫ И РАЗРАБОТКА НА ЕГО ОСНОВЕ ГИБКОГО ТОНКОГО СУПЕРКОНДЕНСАТОРА <u>Ярополов А.И.</u> , Шумакович Г.П., Отрохов Г.В., Хлупова М.Е., Васильева И.С., Морозова О.В.	13
LACCASE - MEDIATOR SYNTHESIS OF NANOCOMPOSITE BASED ON CONDUCTING POLYANILINE AND CARBON NANOTUBES AND ITS APPLICATION FOR THIN AND FLEXIBLE SUPERCAPACITOR DEVELOPMENT <u>Yaropolov A.I.</u> , Shumakovich G.P., Otrohov G.V., Khlupova M.E., Vasil'eva I.S., Morozova O.V.	14
ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ТРАНСФОРМАЦИЯ ТОПОЛЯ БЕРЛИНСКОГО ГЕНОМ <i>AtGA20ox1</i> <u>Павличенко В.В.</u> , Протопопова М.В., Войников В.К.	15
GENETIC TRANSFORMATION OF POPULUS BEROLIENSIS BY <i>AtGA20ox1</i> GENE <u>Pavlichenko V.V.</u> , Protopopova M.V., Voinikov V.K.	16

РАЗНООБРАЗИЕ И БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЙ ПОТЕНЦИАЛ МИКРООРГАНИЗМОВ, УСТОЙЧИВЫХ К ЦИАНИДСОДЕРЖАЩИМ СОЕДИНЕНИЯМ <u>Белых М.П.</u> , Петров В.Ф., Чикин А.Ю., Белькова Н.Л.	17
DIVERSITY AND BIOTECHNOLOGICAL POTENTIAL OF MICROORGANISMS RESISTANT TO CYANIDE-BEARING COMPOUNDS <u>Belykh M.P.</u> , Petrov V.F., Chikin A.Yu., Belkova N.L.	18
СТРУКТУРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНА ЦИТРАТСИНТАЗЫ, КЛЮЧЕВОГО ФЕРМЕНТА СИНТЕЗА ЛИМОННОЙ КИСЛОТЫ Алексеев К.В., Ильичева Е.Ю., Никифорова Т.А., <u>Комов В.П.*</u>	19
STRUCTURAL ORGANIZATION OF CITRATE SYNTHASE GENE OF A KEY ENZYME OF CITRIC ACID SYNTHESIS Aleksseev K.V., Il'icheva E.Yu., Nikiforova T.A., <u>Komov V.P.</u>	20
МЕТАБОЛИЧЕСКИЙ СТАТУС КОРОВ ВО ВЗАИМОСВЯЗИ С ИНФИЦИРОВАННОСТЬЮ ВИРУСОМ ЛЕЙКОЗА <u>Виноградова И.В.</u> , Гладырь Е.А., Гусев И.В., Рыков Р.А., Крамаренко А.С., Зиновьева Н.А.	21
CORELATION OF METABOLIC STRESS COWS WITH INFECTION OF BOVINE LEUKEMIA VIRUS. <u>Vinogradova I.V.</u> , Gladyr E.A., Gusev I.V., Rykov R.A., Kramarenko A.S., Zinovieva N.A.	22
ПОЛНОГЕНОМНЫЕ АССОЦИАТИВНЫЕ ИССЛЕДОВАНИЯ ВЫЯВИЛИ ПОЛИМОРФИЗМ В ГЕНЕ ТИРЕОГЛОБУЛИНА, ДОСТОВЕРНО АССОЦИИРОВАННЫЙ С СОДЕРЖАНИЕМ ЖИРА В МОЛОКЕ КОРОВ <u>Харзинова В.Р.</u> , Сермягин А.С., Гладырь Е.А., Зиновьева Н.А.	24
GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES HAVE DETECTED POLYMORPHISMS OF THYROGLOBULIN GENE SIGNIFICANTLY CORRELATED WITH FAT CONTENT OF THE MILK OF COWS. <u>Kharzinova V.R.</u> , Sermyagin A.S., Gladyr E.A., Zinovieva N.A.	26
GENOME-WIDE ASSOCIATION STUDIES HAVE DETECTED POLYMORPHISMS OF THYROGLOBULIN GENE SIGNIFICANTLY CORRELATED WITH FAT CONTENT OF THE MILK OF COWS. <u>Kharzinova V.R.</u> , Sermyagin A.S., Gladyr E.A., Zinovieva N.A.	27
СРАВНИТЕЛЬНАЯ ОЦЕНКА МОРФОМЕТРИЧЕСКИХ И МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКИХ ХАРАКТЕРИСТИК ИЗОЛИРОВАННЫХ ПОПУЛЯЦИЙ СЕРОЙ ГОРНОЙ КАВКАЗСКОЙ ПЧЕЛЫ (<i>APIS MELLIFERA CAUCASICA</i>) <u>Форнара М.С.</u> , Свистунов С.В., Крамаренко А.С., Любимов Е.М., Сокольский С.С., Зиновьева Н.А.	29
COMPARATIVE EVALUATION OF MORPHOMETRIC AND MOLECULAR GENETIC CHARACTERISTICS OF ISOLATED POPULATIONS OF GRAY MOUNTAIN CAUCASIAN BEES (<i>APIS MELLIFERA CAUCASICA</i>) <u>Fornara M.S.</u> , Svistunov S.V., Kramarenko A.S., Lyubimov E.M., Sokolsky S.S., Zinovieva N.A.	32
БИОРАЗНООБРАЗИЕ СНЕЖНОГО БАРАНА (<i>OVIS NIVICOLA</i>) <u>Денискова Т. Е.</u> , Охлопков И. М., Гладырь Е. А., Багиров В.А., Иванов Р.В. ³ , Зиновьева Н. А.	34
BIODIVERSITY OF SNOW SHEEP (<i>OVIS NIVICOLA</i>) <u>Deniskova T. E.</u> , Okhlopkov I. M., Gladyr E. A., Bagirov V.A., Ivanov R.V., Zinovieva N. A.	36
ИНГИБИТОРЫ АЛЬФА-ГЛЮКОЗИДАЗ – БИОЛОГИЧЕСКИ АКТИВНЫЕ ДОБАВКИ ДЛЯ СОЗДАНИЯ ПРОДУКТОВ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО НАЗНАЧЕНИЯ Шарова Н.Ю.	38
INHIBITORS of ALPHA-GLUCOSIDASES – DIETARY SUPPLEMENTS FOR CREATION OF PRODUCTS OF A FUNCTIONAL PURPOSE Sharova N. Yu.	39

ОЦЕНКА ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ ГЕНЕТИЧЕСКИХ МАРКЕРОВ ДЛЯ ОЦЕНКИ СОСТОЯНИЯ УНИКАЛЬНЫХ РАСТИТЕЛЬНЫХ СООБЩЕСТВ БАЙКАЛЬСКОЙ СИБИРИ <u>Протопопова М.В.</u> , Павличенко В.В., Чепинога В.В.	40
POSSIBILITY OF GENETIC MARKERS APPLICATION FOR ECOLOGICAL STATUS ASSESSMENT OF THE UNIQUE PLANT COMMUNITIES OF BAIKAL SIBERIA <u>Protopopova M.V.</u> , Pavlichenko V.V., Chepinoga V.V	41
ОГЛАВЛЕНИЕ	42

