

Отчет работы Центра коллективного пользования научным оборудованием «Молекулярная биология» на 2012-2014 г.

2012-2013 гг.

Лаборатория биохимии и биотехнологии

Наименование и номер проекта, темы НИР	<p>Тема НИР: «Оценка ресурсного и биотехнологического потенциала растений и микроорганизмов на европейском северо-востоке России»</p> <p>Проект интеграционных научных исследований УрО РАН «Ресурсный и биотехнологический потенциал растений Урала и сопредельной территории европейского северо-востока России – продуцентов важнейших групп биологически активных веществ» 12-И-4-2072</p>	<p>Статья: Володин В. В., Шадрин Д.М., Пылина Я.И., Друзь Ю.И., Володина С.О., Чадин И.Ф., Дайнан Л. Молекулярная филогения и хемотаксономия экдистероидсодержащих растений семейств <i>Caryophyllaceae</i> Juss. и <i>Asteraceae</i> Dumort // Вестник биотехнологии и физико-химической биологии им. Ю.А. Овчинникова. 2013. Т. 9. № 1. С. 21-27.</p> <p>Расход: 104 000 руб</p>
Объект исследований	Виды растений семейств Asteraceae, Caryophyllaceae	
Метод	Определение последовательности ДНК по Сэнгеру	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	45 (90 секвенсовых реакций)	

Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Уточнение филогенетических связей между видами - продуцентами экистероидов на внутрисемейственном уровне с использованием методов молекулярно-филогенетического анализа позволит разработать хемотаксономический прогноз обнаружения новых источников экистероидов в семействах Caryophyllaceae и Asteraceae.</p> <p>Цель: исследование закономерностей распространения фитоэкистероидов в растениях сем. Asteraceae и сем. Caryophyllaceae.</p> <p>Задачи: Проведение молекулярно-филогенетического анализа, основанного на сравнении последовательностей внутренних транскрибируемых спейсеров (ITS1 и ITS2) и гена 5.8S ядерных рРНК видов семейств:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Asteraceae (20 видов растений) 2. Caryophyllaceae (25 видов растений). 	
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	3й квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	1й квартал 2013 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	Molecular phylogeny and chemotaxonomy of ecdysteroid-containing plants of families Caryophyllaceae Juss. and Asteraceae Dumort.	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Вестник биотехнологии Овчиникова	

Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	В.В. Володин, Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина, Ю.И. Друзь	

Лаборатория биохимии и биотехнологии

Наименование и номер проекта, темы НИР	<p>Тема НИР: «Оценка ресурсного и биотехнологического потенциала растений и микроорганизмов на европейском северо-востоке России»</p> <p>Проект интеграционных научных исследований УрО РАН «Ресурсный и биотехнологический потенциал растений Урала и сопредельной территории европейского северо-востока России – продуцентов важнейших групп биологически активных веществ» 12-И-4-2072</p>	<p>Выделена ДНК из 50 образцов 9 популяций <i>A. lycoctonum</i> различного географического происхождения (Приполярный Урал, Северный Урал, Южный Тиман, Сыктывкар). Получены AFLP-профили образцов растений. Выполнен анализ частоты встречаемости аллелей и установлены возможные филогенетические связи между изученными популяциями (ценопопуляциями) <i>A. lycoctonum</i>.</p> <p>Расход: 80 000 руб</p>
Объект исследований	Растения <i>Aconitum lycoctonum</i> L. из популяций разного географического происхождения (Приполярный Урал, Северный Урал, Южный Тиман, Сыктывкар)	
Метод	AFLP (полиморфизм длин амплифицированных фрагментов ДНК)	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	50	

Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Количественная характеристика генетического разнообразия популяций ресурсных видов растений необходима для решения фундаментальных вопросов ботанической географии, эволюции, истории формирования растительного покрова, решения прикладных вопросов ботанического ресурсоведения.</p> <p>Цель исследования: оценить взаимосвязь пространственного распространения и генетической структуры популяций (ценопопуляций) <i>Aconitum lycoctonum</i> (syn. <i>A. septentrionale</i>) на территории европейского северо-востока России</p> <p>Задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Выделить ДНК из 50 образцов не менее 8 популяций <i>A. lycoctonum</i> различного географического происхождения (Приполярный Урал, Северный Урал, Южный Тиман, Сыктывкар) 2. Получить AFLP-профили образцов растений 3. Выполнить анализ частоты встречаемости аллелей и установить возможные филогенетические связи между изученными популяциями (ценопопуляциями) <i>A. lycoctonum</i>. Оценить взаимосвязь между генетической структурой популяций (ценопопуляций) и их географическим расположением. 	
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	3й квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	1й квартал 2013 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	Genetic Structure of <i>Aconitum lycoctonum</i> L. Population In European North-East Russia	

Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	PLoS ONE	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	И.Ф. Чадин, Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	В.В. Володин, Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	

Отдел радиозкологии

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР «Оценка последствий хронического воздействия тяжелых естественных радионуклидов на организмы, популяции и сообщества»	Не предоставлены образцы
Объект исследований	Drosophila melanogaster	
Метод	Определение последовательности ДНК по Сэнгеру	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	60 образцов (120 секвенсовых реакций)	

<p>Обоснование (актуальность, цели, задачи)</p>	<p>Планируется проведение эксперимента по определению изменчивости/стабильности некоторых локусов (yellow, Adh) в популяциях малой численности <i>Drosophila melanogaster</i>, подвергавшихся хроническому γ-излучению на протяжении нескольких поколений. Необходимость данного исследования вызвана, прежде всего, тем, что природные популяции организмов постоянно сталкиваются с низкоинтенсивными воздействиями радиации. Это может стать причиной возникновения новых вариантов последовательностей отдельных генов, включая yellow, Adh, дающих преимущество популяциям при смене условий окружающей среды.</p> <p>Цель работы – изучить динамику изменчивости геномной ДНК (по локусам yellow, Adh) в популяциях <i>Drosophila melanogaster</i>, подвергавшихся хроническому γ-излучению на протяжении нескольких поколений.</p> <p>В связи с этим необходимо решить следующие задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Описать изменчивость нуклеотидных последовательностей гена алкогольдегидрогеназы (Adh) в популяциях дрозофилы, находящихся в условиях хронического облучения на протяжении нескольких поколений. 2. Оценить вариабельность генной последовательности yellow в хронически облученных популяциях дрозофилы в ряду поколений. 	
<p>Исходный материал</p>	<p><u>биологический образец</u>, геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).</p>	
<p>Срок получения данных</p>	<p>Декабрь 2012</p>	
<p>Ожидаемый срок направления публикации в научные издания</p>	<p>Март 2013</p>	

Ожидаемые наименования публикаций	Изменчивость локусов yellow и Adh Drosophila melanogaster, индуцированная хроническим гамма - облучением.	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Генетика, Радиационная биология. Радиоэкология	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина, И.О. Велегжанинов	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	В.Г. Зайнуллин, Е.А. Юшкова, О.А. Старцева	

Отдел радиозкологии

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР «Оценка последствий хронического воздействия тяжелых естественных радионуклидов на организмы, популяции и сообщества»	Статья: Велегжанинов И.О., Шадрин Д.М., Пылина Я.И., Пыстина А.В., Шосталь О.А., Белых Е.С., Канева А.В., Ермакова О.В. Поиск механизмов формирования нелинейности кривой доза-эффект при воздействии ионизирующего излучения на нормальные фибробласты человека //
Объект исследований	Культура нормальных фибробластов лёгкого человека	
Метод	Полимеразная цепная реакция с этапом обратной транскрипции	
Основное оборудование	MiniOpticon Real-Time PCR System, Bio Rad.	
Количество образцов	~ 120 (7200 реакции ПЦР, или 146 загрузок прибора).	

<p>Обоснование (актуальность, цели, задачи)</p>	<p>Существует огромный массив работ, в которых для множества объектов, в том числе для нормальных фибробластов человека, показана нелинейность кривой доза-эффект при облучении ионизирующим излучением в диапазоне малых доз (до 30 сГр). По различным показателям (колониеобразующая способность, апоптоз, число микроядер, число фокусов фосфорилированного гистона H2AX) наблюдается гиперрадиочувствительность и/или гормезис (при различных дозах). На основе анализа литературы в 2003 году Feinendegen предположил, что обнаруживаемая нелинейность кривой доза-эффект складывается из трёх компонент: линейного прироста числа повреждений ДНК с дозой облучения, нелинейного ответа различных систем стресс-ответа клеток и организма и постоянного высокого фонового уровня повреждений, получаемых от эндогенных повреждающих факторов, образующихся при нормальном метаболизме. В подтверждение данному предположению служит, например факт, что активация АТМ-зависимой остановки клеточного цикла происходит только при достаточно интенсивном облучении в дозе 25-40 сГр. Не смотря на это, в литературе не встречается работ, в которых сделана попытка проанализировать множество кривых доза-эффект по уровням экспрессии генов различных систем стресс-ответа на объекте, показывающем гиперрадиочувствительность или гормезис. Возможной причиной этого может быть сложность в детекции изменений экспрессии генов с высоким разрешением. Решением данной проблемы может быть статистический анализ многократных (10-15) полных повторностей анализа при каждом экспериментальном условии.</p> <p>Цель: экспериментально проверить вклад нелинейности экспрессионной активации генов различных систем стресс-ответа (репарации ДНК, детоксификации свободных радикалов, апоптоза, контроля клеточного цикла, изменения метаболизма) в нелинейность кривой доза-эффект при облучении ионизирующим излучением в диапазоне малых доз (до 30 сГр).</p>	<p>Актуальные проблемы гуманитарных и естественных наук. 2013. 12(3). С.18-21. Статья на стадии рецензирования: Velegzhaninov I. O., Shadrin D. M., Pylina Y. I., Pystina A. V., Shostal O. A., Belykh E. S., Kaneva A. V., Ermakova O. V., Klokov D. Y. Differential DNA repair and molecular stress responses to low compared to high doses of ionizing radiation in normal human fibroblasts // Dose-response.</p> <p>Расход: ~ 53000 руб.</p>
--	--	--

Исходный материал	биологический образец, геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).
Срок получения данных	IV квартал 2012 г – II квартал 2013 г. (при условии наличия средств на расходные материалы и линию клеток, предположительно по гранту РФФИ «Мой первый грант»)
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	II - III – квартал 2013 г.
Ожидаемые наименования публикаций	Зависит от соответствия/не соответствия гипотезе о нелинейной активации транскрипции генов различных систем стресс ответа.
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Radiation Research, Mutation Research
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Велегжанинов И.О., Шадрин Д.М., Пылина Я.И.
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	Велегжанинов И.О., ...?

Отдел экологии животных

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР: «Разнообразие и экология животных естественных и антропогенных ландшафтов европейского Северо-Востока России» (№ Гр 0120.0 603505). Науч. рук.: зав. отд., д.б.н. М.М.Долгин	<p>Проработана литература. Выделена ДНК из предоставленных десяти образцов лягушек. Произведен подбор праймеров. Амплифицирован ген COX1 у восьми из десяти предоставленных образцов (два образца в непригодном для анализа состоянии). У всех проанализированных образцов установлена последовательность гена из 620 пар оснований.</p> <p>Анализ данных в сравнении с данными генбанка показал, что все проанализированные образцы по гену COX1 схожи с видом <i>Rana temporaria</i>. Результаты переданы Кочанову С.К.</p> <p>Расход: 16 000 руб</p>
Объект исследований	<i>Rana temporaria</i> и <i>Rana arvalis</i>	
Метод	Секвенирование гена COX1	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	15	
Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>В настоящее время на европейском Северо-Востоке обитают много видов/подвидов наземных позвоночных, систематический статус которых неопределен или сомнителен. Например, есть подозрение (как гипотеза), что в условиях крайнего севера травяная и остромордая лягушка дают жизнеспособные гибриды.</p> <p>Цель исследования: Определить генетическое расстояние между <i>Rana temporaria</i> и <i>Rana arvalis</i> и гибридом этих видов</p>	
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных		
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	III квартал 2013	
Ожидаемые наименования публикаций		

Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Экология	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	И.Ф. Чадин, Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	С.К. Кочанов, Е.А. Порошин	

Отдел флоры и растительности Севера

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР: Растительный покров западного макросклона Урала и Пай-Хоя: структура, разнообразие, динамика». № Гранта 01201050904. 2010-2012 гг. Отдел флоры и растительности Севера. Науч. рук.: зав. отд., д.б.н. С.В. Дегтева.	<p>Выделена ДНК из предоставленных семи образцов семи популяций <i>Nostoc commune</i> различного географического происхождения. Получены AFLP-профили образцов цианобактерий. Выполнен анализ частоты встречаемости аллелей и установлены возможные филогенетические связи между изученными популяциями (ценопопуляциями) <i>Nostoc commune</i>.</p> <p>Результаты переданы Патовой Е.Н. Расход: 40 000 руб</p>
Объект исследований	<i>Nostoc commune</i>	
Метод	Определение последовательности ДНК по Сэнгеру (После дополнительного обсуждения пришли к выводу, что AFLP более подходящий анализ)	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	8 (16 секвенсовых реакций)	
Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Цель: Генотипирование образцов <i>Nostoc commune</i> из географически удаленных районов Арктики, Полярного и Приполярного Урала путем определения последовательности гена 16s рибосомальной РНК</p> <p>Задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Определить последовательность ДНК гена 16s рибосомальной РНК из 8 образцов географически удаленных популяций <i>Nostoc commune</i>. 2. Выполнить филогенетический анализ с использованием полученных последовательностей ДНК и последовательностей, опубликованных в базе данных «GenBank» 	
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	3 квартал 2012 г.	

Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	2 квартал 2013 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	Genetic diversity population of Nostoc commune in mountain and arctic region	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Arctic and Alpine researcher	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	Е.Н. Патова, И.В. Новаковская	

Отдел флоры и растительности Севера

<p>Наименование и номер проекта, темы НИР</p>	<p>Тема НИР: Растительный покров западного макросклона Урала и Пай-Хоя: структура, разнообразие, динамика». № Гранта 01201050904. 2010-2012 гг. Отдел флоры и растительности Севера. Науч. рук.: зав. отд., д.б.н. С.В. Дегтева.</p>	<p>Выделена ДНК из 10 предоставленных образцов водорослей.</p> <p>Произведен подбор праймеров. У всех образцов Амплифицирован участок ITS1 – ген 5.8S – ITS2.</p> <p>Установлена ДНК последовательность данного участка у всех 10 видов.</p> <p>Произведен филогенетический анализ.</p> <p>Результаты переданы Патовой Е.Н.</p> <p>Расход: 20 000 руб</p>
<p>Объект исследований</p>	<p>Сине-зеленые и зеленые водоросли</p>	
<p>Метод</p>	<p>Определение последовательности ДНК по Сэнгеру</p>	
<p>Основное оборудование</p>	<p>ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro</p>	
<p>Количество образцов</p>	<p>12 (24 секвенсовые реакции)</p>	
<p>Обоснование (актуальность, цели, задачи)</p>	<p>Цель: Генотипирование 12 видов зеленых водорослей, перспективных для использования в качестве сырья для производства биотоплива, по участку внутреннего транскрибируемого спейсера рибосомальной ДНК (ITS rDNA):</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Bracteacoccus aggregatus Tereg 2. Bracteacoccus minor (Chod.) Petrová 3. Chlorella vulgaris Beijer. f. globosa V. Andr. 4. Chlorococcum infusionum (Schränk) Menegh. 5. Dictyococcus varians Gern. 6. Elliptochloris bilobata Tsch.-Woess 7. Elliptochloris reniformis (Watanabe) Ettl et Gärtner 8. Halochlorella rubescens Dangeard 9. Mychonastes homosphaera (Skuja) Kalina et Punč. 10. Pseudococcomyxa simplex (Mainx) Fott 11. Scotiellopsis levicostata (Hollerbah) Punč. et Kalina 12. Scotiellopsis terrestris (Reisigl) Punč. et Kalina <p>Задачи:</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Определение последовательности участка ITS рибосомальной ДНК у 12 видов зеленых водорослей 2. Подготовка проекта паспортов штаммов микроводорослей 	

Исходный материал	биологический образец, геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	4 квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	4 квартал 2013	
Ожидаемые наименования публикаций	Генетическая характеристика двенадцати видов зеленых водорослей из горно-тундровых сообществ Полярного и Приполярного Урала (условное название)	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Applied phycology	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	Е.Н. Патова, И.В. Новаковская	

Отдел флоры и растительности Севера

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР «Растительный покров западного макросклона Урала и Пай-Хоя: структура, разнообразие, динамика».	Выделена ДНК из 10 образцов <i>Gypsophila uralensis</i> Less. и <i>G. uralensis</i> Less. subsp. <i>pinogensis</i> (Perf.) Kamelin, различного географического происхождения. Получены AFLP-профили образцов растений. Выполнен анализ частоты встречаемости аллелей и установлены возможные филогенетические связи между
Объект исследований	1) <i>Gypsophila uralensis</i> Less. и <i>G. uralensis</i> Less. subsp. <i>pinogensis</i> (Perf.) Kamelin, 2) <i>Gymnadenia conopsea</i> (L.) R.Br. и <i>G. conopsea</i> var. <i>alpina</i> Rchb. f. ex Beck	
Метод	Определение последовательности ДНК по Сэнгеру	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Eско SWIFT MiniPro	

Количество образцов	<p>1) 24 образца – Урал (6), Беломоро-Кулойское плато (6), Тиман (12 - два подвида).</p> <p>2) 18 образцов - с известняков Южного Тимана (6), с известняков Среднего Тимана (6 – типичная форма <i>Gymnadenia conopsea</i> s. str. и 6 - <i>G. conopsea</i> var. <i>alpina</i>)</p>	изученными популяциями <i>Gypsophila uralensis</i> Less. и <i>G. uralensis</i> Less. subsp. <i>pinogensis</i> (Perf.) Kamelin.
Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Цель исследований <u>первого объекта</u> – уточнить систематическое положение <i>Gypsophila uralensis</i> Less. с изолированных местонахождений на Среднем Тимане и обосновать объективность выделения <i>G. uralensis</i> subsp. <i>pinogensis</i> (подвид с р. Пинега Архангельской обл., включен в Красную книгу России (2008)).</p> <p>Задача: выявить генотипические различия между растениями <i>Gypsophila uralensis</i> из основной части ареала (Урал), и двумя реликтовыми популяциями - с Беломоро-Кулойского плато (<i>G. uralensis</i> subsp. <i>pinogensis</i>) и Тимана (часть гербарных сборов отнесена к типичной форме <i>G. uralensis</i>, часть – к <i>G. uralensis</i> subsp. <i>pinogensis</i>).</p> <p>Цель исследований <u>второго объекта</u> - оценить степень полиморфизма <i>Gymnadenia conopsea</i> на Среднем Тимане и определить уровень дивергенции между популяциями типичной формы и <i>G. conopsea</i> var. <i>alpina</i>.</p> <p>Задача: определить генетическое расстояние между популяциями <i>Gymnadenia conopsea</i> s. str. и <i>G. conopsea</i> var. <i>alpina</i>.</p>	<p>Расход: 50 000 руб</p> <p>Выделена ДНК из 20 образцов 10 популяций <i>Gymnadenia conopsea</i> различного географического происхождения. Получены AFLP-профили образцов растений. Выполнен анализ частоты встречаемости аллелей и установлены возможные филогенетические связи между изученными популяциями (ценопопуляциями) <i>Gymnadenia conopsea</i>.</p> <p>Расход: 100 000 руб</p>
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	4 квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	3-4 квартал 2013 г.	

Ожидаемые наименования публикаций	«Генетическая структура <i>Gypsophila uralensis</i> Less. на Европейском Северо-Востоке России»; «Генетическая изменчивость популяций <i>Gymnadenia conopsea</i> (L.) R.Br. на известняках европейского Северо-Востока России»	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Ботанический журнал	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	Л.В. Тетерюк, О.Е. Валуйских.	

Отдел лесобиологических проблем Севера

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР	<p>Результаты переданы Сизоненко Т.</p> <p>Расход: 12 000 руб</p>
Объект исследований	Микоризные корневые окончания <i>Picea obovata</i> Ledeb.	
Метод	Полимеразная цепная реакция	
Основное оборудование	MiniOpticon Real-Time PCR System, Bio Rad	
Количество образцов	20 образцов (66 ПЦР реакции)	
Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Функциональное состояние эктомикориз зависит от состава микобионтов, образующих чехол на корневых окончаниях дерева. Состав микобионтов может меняться в течение сезона</p> <p>Цель: идентификация микобионта в микоризе ели сибирской позволит сопоставить полученные данные с функциональным состоянием микориз.</p> <p>Задача:</p> <p>1. Экстрагировать тотальную ДНК ели и микобионта и амплифицировать в ПЦР ядерную рДНК микобионта.</p>	
Срок получения данных	4 квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	1 квартал 2013 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	Состав микобионтов в эктомикоризах <i>Picea obovata</i> Ledeb. в ельнике чернично-сфагновом средней тайги	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Микология	

Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина, И.О. Велегжанинов	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	С.В. Загирова, Т.А. Сизоненко	

Отдел лесобиологических проблем Севера

Наименование и номер проекта, темы НИР	Тема НИР Бюджет углерода лесных и болотных экосистем на северо-востоке Русской равнины в условиях изменяющегося климата	<p>Произведен подбор праймеров. Выделена ДНК из предоставленных трех образцов <i>Juniperus communis</i> и <i>Juniperus sibirica</i>.</p> <p>Оптимизированны условия ПЦР для наработки последовательностей межгенного спейсера генов хлоропластной ДНК trn L - trn F. Определена последовательность данного участка ДНК и произведен анализ. Сравнение последовательностей не выявило различий между тремя образцами, так же сравнивали полученные нами последовательности с последовательностью межгенного спейсера trnL-trnF из генбанка они один в один совпадают с <i>Juniperus communis</i>.</p> <p>Расход: 6000 руб.</p>
Объект исследований	<i>Juniperus communis</i> , <i>Juniperus sibirica</i>	
Метод	Определение последовательности ДНК по Сэнгеру	
Основное оборудование	ДНК Анализатор ABI Prism 310, ПЦР амплификатор – Esco SWIFT MiniPro	
Количество образцов	5 образцов (10 Секвенсовых реакций)	
Обоснование (актуальность, цели, задачи)	<p>Цель: Определить генетическое расстояние между двумя видами можжевельников произрастающих на территории Северо-Востока европейской части России.</p> <p>Задачи</p> <ol style="list-style-type: none"> 1. Определить последовательность (с 5' стороны) межгенного участка trn L (UAA) - trn F (GAA) хлоропластной ДНК пяти географически удаленных популяций <i>J. communis</i> (равнинные и предгорные территории) и <i>J. sibirica</i> (западный макросклон Северного и Приполярного Урала, Средний Тиман). 2. Выполнить филогенетический анализ полученных данных 	
Исходный материал	<u>биологический образец</u> , геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).	
Срок получения данных	4 квартал 2012 г.	
Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	4 квартал 2013 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	Фенотипические и генетические различия видов р. <i>Juniperus</i> на европейском Северо-Востоке России	

Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Ботанический журнал	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	С.В. Загирова, Н.В. Герлинг	

Лаборатория экологической физиологии растений

<p>Наименование и номер проекта, темы НИР</p>	<p>Тема НИР «Физиолого-биохимические механизмы адаптации растений к неблагоприятным воздействиям природных и антропогенных факторов» (№ Гр 01201150200 (2011-13 гг.) Инициативный проект УрО РАН «Роль альтернативного (цианидустойчивого) пути дыхания в оптимизации фотосинтеза растений и защите от фотоокисления» (№ 12-У-4-1008) Polish-Russian Joint Research Project “Physiological mechanisms responsible for increased stress tolerance in plants”</p>	<p>Задача по . Растения <i>Triticum aestivum</i> L. выполнена, в дополнение к задаче был выполнен анализ на ряде дополнительных генов, Расход ~ 11400 руб.</p> <p>Статья принята в печать в журнал Journal of Plant Physiology (иф 3,3)</p> <p><i>Arabidopsis thaliana</i> находится на стадии выполнения.</p>
<p>Объект исследований</p>	<p>1. Растения <i>Triticum aestivum</i> L., <i>Arabidopsis thaliana</i>, выращенные в лабораторных экспериментах по изучению роли альтернативного пути дыхания в защите растений от фотоокисления действия повышенных доз УФ.</p>	
<p>Метод</p>	<p>Определение уровня транскрипции генов методом ОТ-ПЦР-РВ</p>	
<p>Основное оборудование</p>	<p>Детектирующий амплификатор MiniOpticon</p>	
<p>Количество образцов</p>	<p>50 образцов тотальной клеточной РНК</p>	
<p>Обоснование (актуальность, цели, задачи)</p>	<p>Выявление регуляции светом активности митохондриального дыхания и вовлечения альтернативного пути дыхания как энергодиссипирующей и антиоксидантной системы в защите клеток от фотоокисления и поддержании метаболического взаимодействия между хлоропластами и митохондриями. Цель исследования: анализ уровня экспрессии генов ключевых митохондриальных белков с использованием геноспецифических праймеров (Aox1a, Aox1c, nda2, ndb2, Whucp1a, Whucp1b).</p>	
<p>Исходный материал</p>	<p><u>биологический образец</u>, геномная ДНК или очищенный/неочищенный ПЦР продукт (нужное подчеркнуть).</p>	
<p>Срок получения данных</p>	<p>II-III й квартал 2013 г.</p>	

Ожидаемый срок направления публикации в научные издания	IV й квартал 2013 г. – II й квартал 2014 г.	
Ожидаемые наименования публикаций	<ol style="list-style-type: none"> 1. Light-induced regulation of mitochondrial respiration during wheat seedlings greening 2. Role of alternative oxidase in defense against excess UF radiation in <i>Arabidopsis thaliana</i>. 3. Violaxanthin cycle operation during adaptation of <i>Ajuga reptans</i> to different light conditions 	
Журналы, в которых могут быть опубликованы результаты	Journal of Plant Physiology Physiologia Plantarum Физиология растений	
Ответственные исполнители со стороны ЦКП	И.О. Велегжанинов, Д.М. Шадрин, Я.И. Пылина	
Ответственные исполнители со стороны научного подразделения	Е.В. Гармаш, О.В. Дымова, И.Г. Захожий, Е.В. Коковкина	

2013-2014 гг.

<p>Лаборатория биохимии и биотехнологии Генетический полиморфизм растений <i>Allium schoenoprasum</i> L., произрастающих на европейском северо-востоке России</p>	<p>Цель - проведение анализа полиморфизма ISSR-маркеров пяти географически удаленных популяций <i>Allium schoenoprasum</i> L., произрастающих во флоре европейского северо-востока России.</p>	<p>Статья в журнале «Актуальная биотехнология», декабрь, 2014. Шадрин Д.М., Пылина Я.И., Матистов Н.В. Генетический полиморфизм <i>Allium schoenoprasum</i> L., произрастающих на европейском северо-востоке России. Расход: 30 000 руб.</p>
<p>Отдел Радиозэкологии</p>	<p>Оценка генетического разнообразия <i>Lumbricus tubellus</i> (дождевой червь) и относительной скорости мутационного процесса в популяциях с территорий, различающихся уровнем радиоактивного загрязнения почвы.</p>	<p>Проведен AFLP анализ 100 образцов дождевых червей. Результаты переданы Велегжанинову И.О. и находятся на стадии обработки. Расход: 250 000 руб.</p>
<p>Отдел Радиозэкологии</p>	<p>Оценка уровня экспрессии металлотионеинов (Mt1, Mt2), генов детоксификации свободных радикалов (каталаза, супероксид дисмутаза) и транскрипционного фактора</p>	<p>Статья в журнале Радиационная биология. Радиозэкология, февраль, 2015. Канева А.В., Белых Е.С., Майстренко Т.А., Шадрин Д.М., Пылина Я.И., Зайнуллин В.Г., Велегжанинов И.О. Уровень повреждения и скорость репарации ДНК в клетках дождевых червей из популяций, длительное время обитающих в почве с повышенным содержанием радионуклидов и других химических мутагенов Расход: 62000,00</p>
<p>Отдел Флоры и растительности Севера</p>	<p>Определить видоспецифичность <i>Gypsophila uralensis</i> Less., и <i>G. uralensis</i> Less. subsp. <i>pinagensis</i> (Perf.) Kamelin на основании сравнения последовательностей ITS1-5.8S- ITS2</p>	<p>В результате анализа получены последовательности ITS1-5.8S-ITS2 для 8 образцов, которые оказались идентичными. Анализ не позволил установить подвидовую принадлежность образцов. Расход: 16 000 руб.</p>

Отдел Флоры и растительности Севера	Генотипирование образцов <i>Nostoc commune</i> из географически удаленных районов Арктики, Полярного и Приполярного Урала путем определения последовательности гена 16S рибосомальной РНК.	Полученные последовательности зарегистрированы в базе данных Генбанк. Результаты переданы Е.Н. Патовой. Расход: 32 000 руб.
Отдел Флоры и растительности Севера	Генотипирование образцов водорослей из коллекции Института биологии путем определения последовательности гена 18s рибосомальной РНК.	Полученные последовательности зарегистрированы в базе данных Генбанк. Результаты переданы Е.Н. Патовой. Расход: 20 000 руб.
Отдел Экологии животных	Проанализировать генетическую структуру популяции пеночки-теньковки на территории Республики Коми (ISSR-анализ).	Результаты обработаны и переданы заказчику. Расход: 60 000 руб.
Лаборатория Экологической физиологии растений	Определение видового статуса образцов <i>Plantago media</i> (секвенирование по ITS1-5.8S-ITS2).	В результате проведенного анализа было установлено, что все образцы принадлежат к виду <i>Plantago media</i> . Результаты переданы Коковкиной Е. Расход: 12 000 руб
Лаборатория Экологической физиологии растений	Выявление роли белков-переносчиков основного и альтернативных путей переноса электронов в ЭТЦ митохондрий в процессе старения листа пшеницы.	Результаты переданы Е. Гармаш Расход: 2000
Отдел Экологии животных	Определение происхождения популяций некоторых видов рыб, населяющих искусственные водоемы.	Работа выполнена. Результаты переданы Рафикову Р.Р. Расход: 100 000 руб
ЦКП Молекулярная биология	Определение уровня генетического полиморфизма в популяциях бурозубок.	Статья в журнале Актуальные проблемы гуманитарных и естественных наук «Соотношение морфологической и генетической изменчивости землероек (<i>Insectivora</i> , <i>Soricidae</i>) на европейском

		северо-востоке России», 2014, декабрь. Расход: 100 000 руб
--	--	--

<p>Отдел Радиэкологии</p>	<p>Оценить гетерогенность природных популяций амфибий <i>Rana arvalis</i> и вариабельность их реакций на воздействие естественных радионуклидов. (AFLP).</p>	<p>Выделена ДНК из 20 образцов природных популяций <i>Rana arvalis</i> из контрольных и радиоактивно загрязненных территорий (Ухтинский район, пос. Водный). Получены AFLP-аллельные профили образцов животных. Проведена оценка частоты встречаемости аллелей в популяциях амфибий <i>Rana arvalis</i>. Установлены генетическое сходство и генетическая дистанция между изученными популяциями амфибий. Определена доля внутрипопуляционного и межпопуляционного генетического разнообразия изучаемых популяций <i>R. arvalis</i>.</p> <p>Полученные данные находятся на стадии обсуждения, планируется подготовка публикации.</p> <p>На базе ЦКП (вне плана) был проведен ПЦР-анализ ДНК полноразмерного <i>hobo</i>-элемента <i>D. melanogaster</i> после хронического облучения и индуцирующих скрещиваний. Эти данные вошли в статью: Юшкова Е.А., Зайнуллин В.Г. Индукция транспозиций <i>hobo</i>-элементов в хронически облученных клетках дисгенных и недисгенных особей <i>Drosophila melanogaster</i> // Генетика. 2014. Т. 50. № 5. С. 515-521. (Yushkova E.A., Zainullin V.G. Induction of Transpositions of <i>Hobo</i>-Elements in Chronically Irradiated Cells of Dysgenetic and Non-Dysgenetic Individuals of <i>Drosophila melanogaster</i> // Rus. J. Genetics. 2014. V. 50. №. 5. P. 515–521).</p>
----------------------------------	--	---

		Расход: 50 000 руб
--	--	---------------------------