

Разработка методик для выявления и идентификации целевых генов и новых регуляторных последовательностей генно-инженерно-модифицированных организмов. Этап 1

Структурное подразделение	Отделение биотехнологии
Область научной разработки	Естественная. Рациональное природопользование
Тема	Разработка методик для выявления и идентификации целевых генов и новых регуляторных последовательностей генно-инженерно-модифицированных организмов
Содержание научной разработки в 2016 г.	<p>Приобретение расходных материалов. Оптимизация «Методики выявления генетических конструкций СТР2 – СР4-epsps, pat, pSsuAra, tE9, для скрининговых исследований на присутствие в продукции ГМ компонентов растительного происхождения».</p> <p>Подбор и синтез новых праймеров и зондов для выявления элементов pSsuAra, tE9. Оптимизация условий ПЦР.</p> <p>Разработка контрольных образцов ПКО на основе плазмидных препаратов. Валидационные испытания методики. Определение чувствительности и специфичности.</p> <p>Сбор и обработка литературных данных. Подбор и синтез праймеров и зондов для идентификации ГМ линий рапса GT73, Mon88302, MS1, MS8, T45, RF1, RF2, RF3, TOPAS19/2.</p> <p>Определение чувствительности и специфичности методик.</p> <p>Разработка контрольных образцов ПКО. Разработка плазмидных калибраторов для методик количественного определения. Метрологическая экспертиза методик количественного определения, аттестация методик</p>
Перспективы	<p>Будет оптимизирована «Методика выявления генетических конструкций СТР2–СР4-epsps, pat, pSsuAra, tE9, для скрининговых исследований на присутствие в продукции ГМ компонентов растительного происхождения (ФГБУ «ВГНКИ» № 1326/4)</p> <p>Будет разработана методика идентификации и количественного определения ГМ линий рапса. По результатам метрологической экспертизы методика количественного определения должна быть аттестована в качестве методики измеренияю</p>