

Разработка методик для выявления и идентификации целевых генов и новых регуляторных последовательностей ГМО. Этап 3.

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. Этап 3.
Актуальность	С каждым годом увеличивается количество ГМО, возрастает сложность генетических конструкций, вовлекаются новые гены и регуляторные элементы, а также увеличивается объем импортируемых продуктов, содержащих новые генетические линии. Наибольший потенциальный риск для потребителя несут незарегистрированные линии ГМО, так как для них не проводились испытания безопасности в РФ. Для снижения рисков, связанных с распространением незарегистрированных ГМ линий, необходимо разрабатывать и внедрять новые скрининговые методы, расширяющие спектр выявляемых регуляторных и функциональных элементов трансгенных растений.
Содержание научной разработки (2018)	<p>Проведение, сбор и обработка литературных данных и изучение генетических особенностей различных трансгенных конструкций ГМ растений. Оценка встречаемости маркеров ГМО в различных сельскохозяйственных культурах (соя, кукуруза, рапс, картофель, рис и др.). На основании разработанных на первых этапах НИР методик выявления генетических элементов и конструкций, а именно, <i>bar</i>, <i>cp4epsps</i>, <i>nptII</i>, <i>P-rice-Act1</i>, <i>T-35S</i>, <i>СТР2-CP4-epsps</i>, <i>pat</i>, <i>pSsuAra</i>, <i>tE9</i>, предложение для каждого вида сельскохозяйственных растений эффективных сочетаний элементов, позволяющих оптимизировать проведение скрининговых исследований.</p> <p>Разработка критериев валидации методик на основе цифровой ПЦР. Разработка и оптимизация методики идентификации и количественного определения сои линии MON89788 с использованием цифровой ПЦР</p>
Перспективы	<p>Будет разработан оптимальный алгоритм проведения ГМО скрининга для наиболее важных сельскохозяйственных культур на основании разработанных на первых этапах НИР методик выявления генетических элементов и конструкций, а именно, <i>bar</i>, <i>cp4epsps</i>, <i>nptII</i>, <i>P-rice-Act1</i>, <i>T-35S</i>, <i>СТР2-CP4-epsps</i>, <i>pat</i>, <i>pSsuAra</i>, <i>tE9</i>. Подход будет основан на выборе эффективных сочетаний элементов, позволяющих оптимизировать проведение скрининговых исследований.</p> <p>Будут оценены возможности использования новых технологий для выявления ГМО (цифровая ПЦР) с разработкой критериев валидации методики на основе цифровой ПЦР. Работа будет проведена на примере одной из наиболее распространённых ГМ линий сои MON89788 - разработка методики идентификации и количественного определения с использованием цифровой ПЦР.</p>