

сложных матрицах. В то же время широкому распространению масс-спектрометрии часто препятствует стоимость оборудования.

Корпорация Waters смогла решить проблему удешевления технологии и разработала масс-спектрометрический детектор для жидкостной хроматографии ACQUITY QDa. Отличительными особенностями этого детектора также являются: небольшой размер, простота в использовании, быстрый выход на режим, возможность интегрирования с оптическими детекторами для одновременного получения нескольких сигналов, надежные и воспроизводимые результаты при анализе сложных матриц. Детектор решает задачи по идентификации и количественному определению соединений со слабым поглощением в ультрафиолетовой и видимой области спектра, определению коэлюируемых веществ. Благодаря предустановленным оптимальным настройкам, детектор ACQUITY QDa позволяет полностью автоматизировать и значительно ускорить анализ образцов.

В сочетании с ВЭЖХ масс-спектрометрический детектор ACQUITY QDa может успешно использоваться для решения широкого круга задач при анализе различных объектов:

- определения витаминного состава продуктов питания;
- определения искусственных подсластителей и натуральных сахаров в продуктах питания и напитках;
- определение регламентированных микотоксинов в продуктах питания;
- определения остаточных количеств пестицидов в продукции растениеводства;
- определения антибиотиков в продукции животноводства и др.

При этом, использование детектора ACQUITY QDa позволяет объединить несколько методов в один и заменить сразу несколько детекторов, обычно используемых для этих целей: ультрафиолетовый или диодно-матричный, флуоресцентный, рефрактометрический, испарительный детектор светорассеяния и др. При этом достигаются лучшая избирательность метода и более низкие пределы количественного определения.

Детектор ACQUITY QDa также нашел применение для решения аналитических задач в таких областях, как: контроль качества на производстве, определение примесей в различных растительных материалах, контроль качества пищевой продукции, анализ объектов окружающей среды, анализ в области фармацевтики и биофармацевтики, судебная экспертиза и др.

### **5'-НТО - важный регуляторный элемент на этапе инициации трансляции гетерологичных генов в растительных клетках**

**Кабардаева К.В.<sup>А\*</sup>, Мустафаев О.<sup>Б</sup>, Павленко О.С.<sup>А</sup>, Тюрин А.А.<sup>А</sup>,  
Голденкова-Павлова И.В.<sup>А</sup>**

<sup>А</sup>Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Российская Федерация. \*Email: kabardaewa@yandex.ru

<sup>Б</sup>Бакинский государственный университет, Баку, Азербайджан

Применение растений для наработки целевых белков позволяет частично или полностью решить ряд проблем, возникающих при экспрессии гетерологичных генов в других организмах. Но, наряду с этим, существует потребность контролировать экспрессию целевых генов в растительных системах более точно, по возможности, имея достаточный уровень рекомбинантного белка, при этом, не меняя

в значительной степени биохимический профиль клеток-продуцентов, и обеспечивая стабильность целевых белков и их доступность для выделения. Следует отметить, что 5'-НТО представляется весьма важным регуляторным элементом, способным оказать разнообразное влияние на обеспечение стабильности мРНК и эффективность ее трансляции. Поэтому, на наш взгляд, при разработке кассет для экспрессии трансгенов в растениях важно учитывать состав области, предшествующей стартовому кодону. Поиску консенсусной 5'-НТО для генов растений, на примере *A. thaliana*, и оценки ее влияния на эффективность трансляции гетерологичного гена в растительных клетках посвящена данная работа. Для того, чтобы выяснить есть ли взаимосвязь между уровнем экспрессии гена (на этапе трансляции) и наличием или отсутствием у него 5'-НТО, мы провели теоретические и экспериментальные исследования. Результаты *in silico* анализа позволили выявить следующую закономерность: средний размер 5'-НТО для большинства генов *A. thaliana* с высоким уровнем экспрессии варьирует от 80 до 120 п.н. со средним содержанием GC – 36,5%. На основании результатов выравнивания определена консенсусная 5'-НТО, как новый регуляторный элемент, который потенциально может обеспечить высокоэффективную экспрессию и синтез целевого продукта в растениях. Продемонстрировано, что консенсусная 5'-НТО обеспечивает увеличение накопления бирепортерного белка более, чем на 25%, тем самым выступает в качестве потенциального позитивного регуляторного элемента в эффективности трансляции. Работа выполнена при поддержке гранта Российского научного фонда №18-04-00026.

#### **Взаимосвязь маркеров цитоплазматической ДНК и фенов у *Picea abies* (L.) Karst.**

**Каган Д.И., Маркевич Т.С.\*, Падутов В.Е.**

ГНУ «Институт леса НАН Беларуси», Гомель, Беларусь

\*Email: Tatjana2002\_21@inbox.ru

Изучены особенности формирования популяционной структуры *P. abies* с использованием фено- и ДНК-маркеров. Комплексный анализ распространения фенов, маркеров митохондриальной и хлоропластной ДНК показал, что еловая формация Беларуси характеризуется крайне сложной, разнородной структурой. Установлено, что ее формирование тесно связано с характером наследования. Передача митохондриальной ДНК (мтДНК) у хвойных видов осуществляется по материнской линии, т.е. семенами. В свою очередь, хлоропластная ДНК (хпДНК) наследуется только по отцовской линии и передается в ряду поколений с помощью пыльцы. Результаты анализа хпДНК еловой формации Беларуси свидетельствуют о высоком разнообразии хлоротипов (аллельных сочетаний локусов хпДНК) и отсутствии, в отличие от митотипов, их географической локализации. Полученные данные объясняют выявленные в ходе исследований различия в распространении по территории Беларуси фено- и ДНК-маркеров, диагностирующих историческое происхождение *P. abies*. Проявление фенов контролируется ядерной ДНК, передающейся по обеим родительским линиям и характеризующейся, в отличие от мтДНК и хпДНК, высокой степенью рекомбинации. Этим, по-видимому, обусловлено высокое разнообразие фенов *P. abies*. Фенетическая структура популяций исследуемого вида более соответствует генетической структуре, образуемой хлоропластной ДНК (отцовской), чем митохондриальной (материнской).