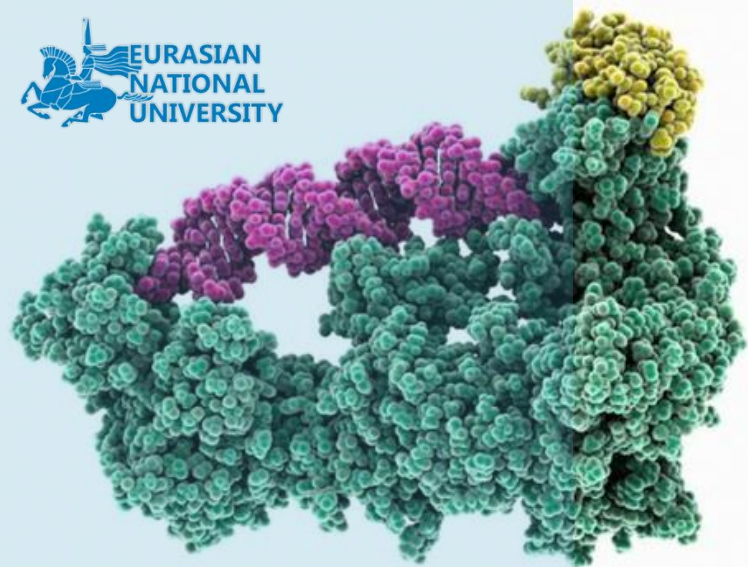


ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ
МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ



Л. Н. ГУМИЛЕВА АТЫНДАҒЫ
ЕУРАЗИЯ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ

ЕВРАЗИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ
УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ
Л. Н. ГУМИЛЕВА

АСТАНА, ҚАЗАҚСТАН
14 СӘУІР 2023 ЖЫЛ

АСТАНА, КАЗАХСТАН
14 АПРЕЛЯ 2023 ГОД

"ОМАРОВ ОҚУЛАРЫ: ХХІ
ҒАСЫРДЫҢ БИОЛОГИЯ ЖӘНЕ
БИОТЕХНОЛОГИЯСЫ" АТТЫ
ХАЛЫҚАРАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ
ФОРУМНЫҢ БАЯНДАМАЛАР
ЖИНАҒЫ

СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ
МЕЖДУНАРОДНОГО НАУЧНОГО
ФОРУМА "ОМАРОВСКИЕ ЧТЕНИЯ:
БИОЛОГИЯ И БИОТЕХНОЛОГИЯ
XXI ВЕКА"

УДК 57 (063)
ББК 28.0
Ж 66

Жалпы редакцияны басқарған т.ғ.д., профессор Е.Б. Сыдықов
Под редакцией д.и.н., профессора Е.Б. Сыдыкова

Редакция алқасы:
Редакционная коллегия:

Ж.К. Масалимов, А.Б. Курманбаева, А.Ж. Акбасова, С.Б. Жангазин, Н.Н. Иқсат.

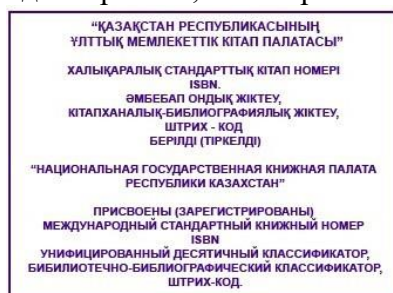
«Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» халықаралық ғылыми форумының баяндамалар жинағы. – Астана: Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, 2023. – 298 б., қазақша, орысша, ағылшынша.

Сборник материалов международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». – Астана. Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023. – 298 с., казахский, русский, английский.

ISBN 978-601-337-847-3

Жинақ «Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» атты халықаралық ғылыми форумына қатысушылардың баяндамаларымен құрастырылған. Бұл басылымда биология, биотехнология, молекулалық биология және генетиканың маңызды мәселелері қарастырылған. Жинақ ғылыми қызметкерлерге, PhD докторанттарға, магистранттарға, сәйкес мамандықтағы студенттерге арналған.

Сборник составлен по материалам, представленным участниками международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». Издание освещает актуальные вопросы биологии, биотехнологии, молекулярной биологии и генетики. Сборник рассчитан на научных работников, PhD докторантов, магистрантов, студентов соответствующих специальностей.



УДК 57
ББК 28
О-58

©Коллектив авторов, 2023
©Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023

УДК 57.085.23
**ОБЗОР МЕТОДОВ МОЛЕКУЛЯРНО-ГЕНЕТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА
ДЛЯ ОПРЕДЕЛЕНИЯ ВИДОВОЙ ПРИНАДЛЕЖНОСТИ КЛЕТОЧНЫХ
КУЛЬТУР**

Айтуганова А.Б., Аубакирова К.М.

Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, Астана,
Казахстан
albina201552@gmail.com

Культуры клеток широко используются в различных областях экспериментальной биологии и медицины для исследования и решения проблем вирусологии, онкологии, биохимии, биотехнологии и других областях. Для обеспечения точности и чистоты используемой модели, которой часто являются постоянные клеточные культуры, необходима надежная идентификация. Разработка методов идентификации клеточных культур предполагает изучение стабильных клеточных признаков [1].

Использование молекулярно-генетических методов в микробиологии позволяет более точно идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма, расшифровывать их геномы, оценивать устойчивость к антибиотикам и выявлять ее причины на генетическом уровне, а также определять специфические свойства отдельных микробных штаммов. Для достижения более точных и надежных результатов исследований в этой области все чаще применяют сочетание стандартных микробиологических методов культивирования и визуального наблюдения с методами молекулярной биологии и генетики, помогающими различать виды и штаммы микроорганизмов на уровне молекул ДНК или РНК [2].

Современная биология не может обойтись без молекулярно-генетических методов, которые позволяют идентифицировать микроорганизмы до вида и штамма, расшифровывать их геномы, оценивать устойчивость к антибиотикам и выявлять ее причины на генетическом уровне, а также определять специфические свойства отдельных микробных штаммов. В настоящее время большинство исследователей и лабораторий переходят на анализ полиморфизма нуклеиновых кислот, так как методы ДНК-анализа позволяют изучать как ядерный, так и плазмидный и митохондриальный геномы [3].

Молекулярно-генетические методы активно используются в исследованиях растений для выявления генетического полиморфизма природных популяций, анализа чистоты сортов, выявления гибридов, выявления филогенетических связей видов, родов и таксонов более высокого уровня, а также анализа транскрипционной активности генов.

В современной биологии широко применяются молекулярно-генетические методы, которые позволяют идентифицировать микроорганизмы, расшифровывать их геномы и выявлять устойчивость к антибиотикам на генетическом уровне. Одним из наиболее востребованных методов в биологических и медицинских лабораториях является ПЦР, который позволяет амплифицировать фрагменты ДНК и используется для диагностики наследственных и инфекционных заболеваний, установления отцовства, клонирования генов, оценки экспрессии генов и других целей. Этот метод основан на многократном избирательном копировании участка молекулы ДНК при помощи ферментов в искусственных условиях (*in vitro*), что необходимо из-за сложностей в детекции единичных молекул ДНК [4].

Проблема идентификации клеток в культуре стала очевидной еще в 50-60-е годы XX века, когда при анализе хромосомных наборов и видоспецифических антигенов ряда клеточных линий человека и животных были выявлены случаи межвидовой клеточной контаминации. В большинстве случаев контаминация происходила клетками.

Для решения данной проблемы разработан ряд методов, основанных на кариологическом анализе, изучении полиморфизма изоферментов и иммунологическом исследовании клеточных культур. С использованием предложенных подходов было показано широкое распространение явления межвидовой и внутривидовой клеточной контаминации во многих лабораториях. Однако длительность проведения анализа и необходимость глубоких профессиональных навыков при исследовании кариотипа и спектра изоферментов клеточной линии делают эти методы анализа трудоемкими и сложными для интерпретации. Невозможность стандартизации этапов анализа и последующего сравнения результатов между лабораториями затрудняет их применение в повседневной практике [5,6].

В последнее десятилетие широкое распространение получили молекулярно-генетические методы идентификации биологических объектов. Наиболее известным и эффективным стал метод полимеразной цепной реакции (ПЦР). Принцип ПЦР основан на многократном умножении исследуемой части генома с последующей детекцией продукта с использованием различных методик. Время анализа снижается до одного дня, а эффективность превосходит традиционные методы идентификации клеток в культуре. Существует ряд аналитических систем для видовой идентификации биологического материала на основе ПЦР. Но их высокая стоимость и узкий спектр идентифицируемых видов животных являются существенным препятствием для широкого применения в области сертификации клеточных культур. В связи с этим становится актуальным и необходимым разрабатывать новые и адаптировать уже имеющиеся методики определения видовой принадлежности длительно-перевиваемых клеточных культур [7].

В связи с этим в современной биологии и медицине широко используется метод ПЦР, основанный на многократном избирательном копировании участка молекулы ДНК при помощи термостабильной ДНК-полимеразы в искусственных условиях (*in vitro*). При этом происходит копирование только того участка, который удовлетворяет заданным условиям и присутствует в исследуемом образце. С помощью ПЦР амплифицируются относительно короткие участки ДНК, но при использовании специальных добавок и различных полимераз длина фрагмента может достигать более 20 тысяч пар нуклеотидов.

Для проведения ПЦР необходимы ДНК-матрица, два праймера и термостабильная ДНК-полимераза, которая сохраняет активность при высокой температуре длительное время. Наиболее распространенная полимеразы выделена из бактерии *Thermus aquaticus* и называется Taq-полимеразой. ПЦР используется для диагностики наследственных и инфекционных заболеваний, установления отцовства, клонирования генов, оценки экспрессии генов и других целей.

В методе ПЦР используются мономеры дезоксирибонуклеозидтрифосфаты (dATP, dGTP, dCTP, dTTP), которые служат для построения растущей цепочки ДНК. Для работы полимеразы необходимы ионы Mg^{2+} , а также буферный раствор, который обеспечивает требуемые параметры pH и ионную силу раствора, содержащий соли и бычий сывороточный альбумин. ПЦР проводят в амплификаторе, который периодически охлаждает и нагревает пробирки. Чтобы избежать испарения реакционной смеси, в пробирку добавляют минеральное масло или используют

амплификатор с подогревающейся крышкой. Специфичность ПЦР основана на образовании комплементарных комплексов между матрицей и праймерами, короткими синтетическими олигонуклеотидами длиной 18–30 оснований. Каждый из праймеров комплементарен одной из цепей двухцепочечной матрицы и ограничивает начало и конец амплифицируемого участка. После гибридизации матрицы с праймером (отжиг) последний служит затравкой для ДНК-полимеразы при синтезе комплементарной цепи матрицы. Важнейшая характеристика праймеров — температура плавления комплекса праймер–матрица. В случае неверного выбора длины и нуклеотидного состава праймера или температуры отжига возможно образование частично комплементарных комплексов с другими участками матричной ДНК, что может привести к появлению неспецифических продуктов [8].

Метод ПДРФ (Полиморфизм длин рестриционных фрагментов) используется для определения вариаций между индивидуумами по размерам фрагментов ДНК, получаемых при расщеплении рестриционными ферментами. Мутации в участках расщепления, внедрение мобильных элементов между сайтами рестрикции или удлинение микросателлитов могут вызвать полиморфизм длин рестриционных фрагментов. Анализ ПДРФ включает выделение геномной ДНК, ее рестрикцию специфической эндонуклеазой, электрофоретическое разделение образующихся фрагментов ДНК и идентификацию фрагментов ДНК, содержащих полиморфный сайт рестрикции, путем блот-гибридизации по Саузерну. Мутационная изменчивость в сайтах рестрикции может быть обнаружена по изменению длины рестриционных фрагментов ДНК, гибридизующихся со специфическими ДНК-зондами. При отсутствии рестрикции в полиморфном сайте на электрофореграммах будет выявляться один крупный фрагмент, соответствующий по длине последовательности ДНК между двумя соседними константными сайтами рестрикции для той же эндонуклеазы, а при наличии рестрикции — меньший по размерам фрагмент, равный расстоянию между полиморфным сайтом рестрикции и одним из ближайших константных сайтов рестрикции [9].

Целью данного обзора являлось изучение современных методов определения видовой принадлежности клеточных культур, которые будут необходимы для проведения исследовательской работы по теме диссертации.

Таким образом на данный момент времени существует обширный перечень методов определения видовой принадлежности клеточных культур. К таким относятся следующие методы молекулярно-генетического анализа: видеоспецифичная ПЦР, ПЦР-РВ, полиморфизм длин рестриционных фрагментов.

Список использованных источников

1. Загоскина Н.В., Назаренко Л.В., Калашникова Е.А., Живухина Е.А. Биотехнология: теория и практика. — М.: Оникс, 2009.- 496 с.
2. Левитес Е. В. Генетика изоферментов растений. Новосибирск : Наука, Сиб. отд-ние, 1986. -143 с.
3. Fehe'r A., Pasternak T.P., Dudits D. Transition of somatic plant cell to an embryogenic state// Plant Cell, Tissue and Organ Culture. -2003. -V. 74. -P. 201-228
4. Nelson-Rees, W.A. Banded marker chromosomes as indicators of intraspecies cellular contamination /Nelson-Rees W.A., Flandermeyer R.R., Hawthorne P.K.// Science.-1974.-Vol. 184, № 4141.-P. 1093-1096.
5. O'Brien, S.J. A molecular approach to the identification and individualization., of human and animal cells in culture: isozyme and allozyme genetic signatures /O'Brien S.J., Shannon J.E., Gail M.H.// In Vitro.- 1980. Vol. 16, № 2. - P. 119-135.
6. Stulberg, C.S. Identification of cells in culture /Stulberg C.S., Peterson W.D., Jr., Simpson W.F.// Am J Hematol.- 1976. Vol. 1, № 2. - P. 237-242.

7. Ребриков Д.В., Саматов Г.А., Трофимов Д.Ю., Семенов П.А., Савилова А.М., Кофиади И.А., Абрамов Д.Д., Ребриков Д.В. ПЦР «в реальном времени». 3-е изд. / Под общей ред. Д.В. Ребрикова. М.: БИНОМ. Лаборатория знаний, 2011:223.

8. Next-generation sequencing: Current technologies and applications / Ed. Jianping Xu. Caister Academic Press, 2014. <http://www.horizonpress.com/hsp/pdf/flyer/nextgenseq.pdf>.

9. Румянцева Н.И., Шамай Й., Энзикат Х. Й., Сальников В.В., Костюкова Ю.А., Балущка Ф., Фолькманн Д. Изменение поверхностной сети экстраклеточного матрикса в процессе циклического воспроизводства проэмбриональных клеточных комплексов в морфогенном каллусе Gaertn.// Докл. РАН.- 2003-. Т. 391.- С. 123–127.

УДК 636.085.12

ЭФФЕКТЫ ДОБАВОК НА ОСНОВЕ ДИАТОМИТА НА РОСТ И РАЗВИТИЕ ДОМАШНЕГО СКОТА И КУЛЬТУРНЫХ РАСТЕНИЙ

Солод Артём Александрович, Аликулов Зерекбай Аликулович

Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилёва, Астана,
Казахстан

solod2and2artyom@gmail.com

Введение. В последние годы наблюдается значительный рост интереса к кремнию в качестве микроэлемента, играющего важную роль в росте и развитии как животных, так и растений [1]. Кремний участвует в метаболизме соединительной ткани, а также необходим для биосинтеза коллагена и гликозаминогликанов, которые являются важными компонентами формирования костей [2-4]. Кроме того, кремний необходим для работы полигидроксилазы, которая отвечает за образование соединительных тканей, таких как коллаген, эластан и хрящи [5, 6]. Кремний откладывается и хранится в различных тканях, таких как аорта, трахея, сухожилия, кости и кожа, при этом запасы кремния с возрастом уменьшаются [7-9].

В растительном мире, хотя кремний не является жизненно важным элементом, он всё же способствует борьбе с различными видами стресса и повышению урожая [10]. Одним из наиболее важных соединений кремния является кремнезём (диоксид кремния) [11].

Диатомит – это осадочная биогенная порода бледного цвета, получаемая из окаменелых скелетных остатков кремнистых морских организмов и пресноводных одноклеточных видов, включая диатомные водоросли. Диатомит является крупнейшим источником органического аморфного кремнезёма в мире (содержание кремния составляет от 79% до 94%), который необходим для хорошего роста костей и важен с точки зрения питания для предотвращения определенных форм хронических заболеваний, связанных со старением [12, 13]. Диатомит является достаточно распространённым ископаемым, которым промышляют во многих странах мира, включая Казахстан [14].

В связи с полезными свойствами диатомита всё больше возрастает интерес к его использованию в качестве добавки в удобрения для растений, корм для животных, а также в качестве добавки в пищу человека. Данная статья нацелена на освещение основных моментов, касаемых влияния добавок, сделанных на основе диатомита на рост и развитие растений и животных.

Влияние диатомных добавок на домашний скот