

10,76 мг/100 г сырой массы. Полученные данные позволяют обосновать перспективность использования борщевика Сосновского как источника ряда соединений с высокой биологической активностью.

Высокопроизводительный генетический анализ для биотехнологии растений Наталин П.Б.

Руководитель отдела генетического анализа, Россия и СНГ, Thermo Fisher Scientific

*Email: Pavel.Natalin@thermofisher.com

Фундаментальные исследования биологии растений является залогом успешного развития прикладных направлений биотехнологии растений. Перед ними стоит важная задача: обеспечить продовольствием постоянно растущее население нашей планеты. Доклад посвящен обзору современных методов высокопроизводительного генетического анализа, которые используются для расшифровки *de novo* геномов и транскриптомов растений, картирования количественных признаков, поиска новых генетических маркеров, геномной селекции, выявления ГМО. Также рассматриваются современные подходы к генетической инженерии растений, включая редактирование генома, а также работу с культурами растительных клеток.

JetGene – интегрированная база данных для создания и анализа узкоспецифичных выборок нуклеотидных последовательностей Садовская Н.С.^{А*}, Мустафаев О.^{Б}, Тюрин А.А.^А, Голденкова-Павлова И.В.^А**

^А Институт физиологии растений им. К.А. Тимирязева РАН, Москва

*Email: nataliya.sadovskaya@gmail.com

^Б Бакинский государственный университет, Баку, Азербайджан

**Email: orkhan@bioset.org

Усовершенствование методов секвенирования нового поколения привело к резкому возрастанию количества полностью и частично завершенных геномных и транскриптомных проектов, которые охватывают огромное разнообразие живых организмов. Это повлекло за собой создание многочисленных баз данных, содержащих колоссальный объем информации о нуклеотидных последовательностях, начиная от последовательностей генов и заканчивая картами метаболических путей. Тем не менее, подобные информационные ресурсы в значительной степени предназначены для широкомасштабного биоинформационного анализа. Они не позволяют составлять выборки нуклеотидных последовательностей по различным параметрам, удовлетворяющим нетривиальным запросам экспериментатора, без привлечения вспомогательного программного обеспечения. Нами создана, пополняется и поддерживается база данных JetGene, охватывающая информацию о шести основных группах живых организмов: позвоночных, беспозвоночных, растениях, грибах, одноклеточных и бактериях. Она представляет собой многосторонний ресурс, позволяющий формировать и анализировать индивидуальные выборки нуклеотидных последовательностей, согласно критериям пользователя. Интуитивно понятный интерфейс JetGene включает в себя графическое отображение результатов и дает возможность получить итоговый набор последовательностей в fasta-формате. Пользователь может сформировать многоступенчатый запрос и провести сравнительный анализ кодирующих (CDS и cDNA) и некодирующих последовательностей (5'- и 3'-UTR) по 10 основным (size, CpG island, GC-content, nucleotide by position, nucleotide A/C/G/T,