

УТВЕРЖДАЮ
Вице-президент РАН,
Председатель СО РАН

академик  А.Л. Асеев

«22»  2013 г.



СОГЛАСОВАНО

Председатель Объединенного ученого совета СО РАН
по биологическим наукам

академик  В.В. Власов

«15»  2013 г.



План научно-исследовательской работы (государственное задание)

Федерального государственного бюджетного учреждения науки

Института молекулярной и клеточной биологии Сибирского отделения

Российской академии наук

на 2013 год

Новосибирск, 2013

Наименование государственной работы -

**Фундаментальные научные исследования в соответствии с
Программой фундаментальных научных исследований (ФНИ)
государственных академий наук на 2013-2016 годы**

2. Характеристика работы

<p>Пункт программы ФНИ государственных академий наук на 2013-2020 годы и наименование направления исследований в части:</p>	<p align="center">Содержание работы</p>	<p align="center">Объем финансирования в 2013 г.</p>	<p align="center">Планируемый результат выполнения работы, подразделение научного учреждения СО РАН и руководитель работы</p>	<p align="center">Область применения результатов, принадлежность к направлениям модернизации экономики РФ* предприятия-потенциальные потребители и заказчики результатов</p>
<p>Приоритетное направление VI. 50. Биология развития и эволюция живых систем. Программа VI. 50.1. Организация геномов и экспрессия наследственной информации. Координатор программы: ак. Жимулев И.Ф., ИМКБ СО РАН.</p>	<p>Сравнительный анализ геномов видов основных отрядов млекопитающих методами молекулярной биологии и цитогенетики в т.ч. с использованием метода хромосомной живописи.</p> <p>Исследование роли добавочных хромосом и сегментных дупликаций в эволюции кариотипа, изучение половых хромосом пресмыкающихся (ящериц и черепах) и рыб.</p>	<p>11'627'720</p>	<p>Будет завершен сравнительный анализ хромосом грызунов группы Cricetidae. Будет получена сравнительная карта геномов человека и морской свинки, человека и альпаки, вилорога и других видов парнокопытных. Будет начато изучение генома байкальской нерпы.</p> <p>Будет изучена транскрипционная активность сегментных дупликаций генома на добавочных хромосомах сибирской косули. Будет проведен анализ вырождения гетероморфных половых хромосом рептилий и рыб с помощью qPCR и секвенирования.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство культуры РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>

<p>Проект VI. 50.1.1. Молекулярно-цитогенетические подходы к изучению геномного многообразия у человека и животных.</p> <p>№ гос. регистрации 01201370509</p>	<p>Реконструкции популяционной истории коренных обитателей древней Берингии с целью получения новых молекулярно-генетических данных, необходимых для выявления истоков ранних миграций человека в северные широты Азии и Америки.</p> <p>Поиск новых семейных и спорадических случаев наследственной атрофии зрительного нерва (болезнь Лебера, LHON) и митохондриального сахарного диабета (MDD). Молекулярный анализ мтДНК на геномном уровне.</p> <p>Изучение цитогенетического аспекта разнообразия геномов полевков: выявление кариотипического полиморфизма полевков из группы “maximowiczii” (п/р Alexandromys).</p>		<p>Будут подвергнуты детальному анализу на уровне мтДНК-гаплотипов (SNPs) образцы ДНК юкагиров, чукчей, коряков, азиатских эскимосов и других автохтонов (22 малых популяции). Будут выборочно секвенированы ~270 митохондриальных геномов и интегрированы в глобальную сеть (GenBank). Будут получены достоверные данные в пользу единства происхождения сирениковских эскимосов, палеоэскимосов Гренландии и алеутов Командорских островов.</p> <p>Будет расширен спектр известных мтДНК-мутаций на территории Сибири. Будут описаны новые данные и проведена их интерпретация в эволюционном контексте.</p> <p>Будет уточнена разработанная ранее номенклатура хромосом полевков из группы “maximowiczii”. Будет проведена идентификация всех элементов хромосомного набора, что позволит точно определить акроцентрики и метацентрики, входящие в гетероморфные пары. Будут выявлены основные элементы кариотипа, в которых наиболее часто происходят внутри- и межхромосомные перестройки.</p> <p>Лаборатории: цитогенетики животных (зав. лаб. д.б.н. Графодатский А.С.), сравнительной геномики (зав. лаб. к.б.н. Трифионов В.А.), молекулярной генетики человека (зав. лаб. д.б.н. Сукерник Р.И.) Руководитель проекта: д.б.н. Графодатский А.С.</p>	
--	---	--	--	--

<p>Проект VI. 50.1.2. Молекулярно-генетическая организация хромосом.</p> <p>№ гос. регистрации 01201370510</p>	<p>Идентификация междисков на молекулярно-генетической карте дрозофилы. Локализация тканеспецифичных генов и генов домашнего хозяйства в пределах генома и выявление особенностей их расположения относительно междисков.</p> <p>Исследование распределения белка SU(VAR)3-9 в хромосомах слюнных желез, мозговых ганглиев и питающих клеток ооцитов.</p> <p>Исследование влияния эктопического связывания белка SUUR на свойства хроматина, динамику репликации и транскрипцию, с использованием генетической системы hsGal4-SUUR>UAS.</p> <p>Исследование роли белка SUUR в процессе формировании хроматина во время делений дробления в эмбрионах <i>D. melanogaster</i>.</p> <p>Исследование эволюции районов интеркалярного гетерохроматина в хромосомах разных видов дрозофил.</p>	<p>29'557'335</p>	<p>С помощью компьютерного анализа базы данных modENCODE, а также цитогенетических и молекулярных методов на молекулярной карте дрозофилы будут идентифицированы междиски политенных хромосом и будет проведено сравнение их положения с распределением разных типов генов.</p> <p>С помощью метода DamID будет определено распределение белка SU(VAR)3-9 в хромосомах слюнных желез, мозговых ганглиев и питающих клеток ооцитов в норме, а также при мутации SUUR что позволит определить роль SUUR в связывании SU(VAR)3-9 с хромосомами.</p> <p>Будет проведено эктопическое связывание белка SUUR с разными районами хромосом и определено изменение времени репликации района, его транскрипция и состав хроматина.</p> <p>С использованием конфокальной микроскопии и непрямого иммуноокрашивания будет определена динамика белка SUUR в клеточных циклах на стадии делений дробления эмбриона <i>D. melanogaster</i>.</p> <p>Будут определены тенденции по изменению размеров индивидуальных районов интеркалярного гетерохроматина в эволюции, основываясь на том, что эти районы соответствуют протяженным синтенным блокам генов разных видов дрозофил.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Агро-промышленный комплекс</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство сельского хозяйства России</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>
---	---	-------------------	--	--

	<p>Исследование с помощью метода DamID распределения белков открытого хроматина CHRIZ/Chromator, WDS, BEAF32 в хромосомах разных типов клеток: диплоидных клетках мозговых ганглиев и политенных клетках слюнных желез личинок.</p> <p>Исследование процесса возобновления репрессивных гистоновых модификаций в процессе репликации ДНК на модельном объекте <i>D. melanogaster</i>.</p> <p>Изучение клеточной локализации белка Hrg. Изучение изменений клеточного цикла под действием опухолевых супрессоров.</p> <p>Изучение цитогенетического контроля апомиктического способа размножения у кукурузно-трипсакумных гибридов.</p> <p>Выявление роли особенностей структуры ДНК (нуклеотидного контекста) субтеломерных районов</p>	<p>Будет определено на молекулярном уровне распределение белков открытого хроматина CHRIZ, WDS, BEAF32, имеющих преимущественно междисковую локализацию, в хромосомах слюнных желез и мозговых ганглиев в норме. Будет выявлена роль этих белков в формировании и поддержании структуры интерфазных хромосом в разных типах клеток.</p> <p>Будут проведены эксперименты по замене в выборочных тканях дрозофилы нормального гистона H3 на мутантные варианты, неспособные к метилированию по положениям K9 и K27. Будут исследованы сопутствующие эффекты нарушения формирования репрессированного хроматина в этих тканях.</p> <p>Будет установлена клеточная локализация полноразмерного белка Hrg и его усеченных форм в генеративной и соматической ткани дрозофилы. Будет найден и применен к изучению опухолевых супрессоров высокоточный метод определения физической длительности фаз клеточного цикла.</p> <p>Будут выявлены хромосомы дикого сородича кукурузы, отвечающие за отдельные элементы апомиксиса, полученного при межродовой гибридизации кукурузы и трипсакума, и установлено их влияние на проявление гетерозиса.</p> <p>Будет выявлена роль нуклеотидного контекста в формировании нуклеосомного потенциала доменов субтеломерного хроматина, имеющих различную</p>	
--	---	---	--

	<p>хромосом ржи на формирование нуклеосомного потенциала.</p> <p>Анализ геномной и хромосомной организации ряда онкомикроРНК. Выявление уровня экспрессии онкомикро-РНК в норме и его изменения в опухолевых тканях щитовидной железы (доброкачественных и злокачественных) на послеоперационном материале, определение диагностических значений колебаний уровня экспрессии выбранных микроРНК.</p> <p>Исследование структуры ДНК и белковых комплексов в районах интеркалярного гетерохроматина у дрозофилы. Выявление тенденций изменения структуры и генетического содержания районов интеркалярного гетерохроматина у разных видов дрозофилы.</p>		<p>молекулярную природу.</p> <p>Будет установлена эволюция онкомикроРНК X хромосомы и их филогенетическое происхождение, выявлены роли отдельных генов в молекулярных механизмах онкологических заболеваний. Будут разработаны критерии диагностики онкологических патологий с использованием платформ микроРНК. Будет установлена статистически значимая ассоциативная связь диагностических и прогностических значений со стандартным гистологическим заключением.</p> <p>Будет установлено направление молекулярной эволюции в районах интеркалярного гетерохроматина дрозофилы по данным о геномах 12 разных видов рода <i>Drosophila</i>.</p> <p>Лаборатории: молекулярной цитогенетики (зав. лаб. ак. Жимулев И.Ф.), хромосомной инженерии (зав. лаб. д.б.н. Демаков С.А.), геномики (зав. лаб. к.б.н. Белякин С.Н.), генетики клеточного цикла (зав. лаб. д.б.н. Омелянчук Л.В.), цитологии и апомиксиса растений (зав. лаб. д.б.н. Соколов В.А.), молекулярной генетики (зав. лаб. д.б.н. Вершинин А.В.).</p> <p>Руководитель проекта: ак. Жимулев И.Ф.</p>	
--	--	--	---	--

<p>Приоритетное направление РАН VI.59. Молекулярные механизмы клеточной дифференцировки, иммунитета и онкогенеза.</p> <p>Программа VI. 59.1. Молекулярные основы иммунитета, диагностика и коррекция иммунопатологических процессов.</p> <p>Координатор программы: д.б.н. Таранин А.В.</p> <p>Проект VI. 59.1.3. Регуляция эффекторных функций клеток иммунной системы.</p> <p>№ гос. регистрации 01201370511</p>	<p>Исследование функциональной роли иммунорегуляторных рецепторов человека в норме и при патологии.</p> <p>Изучение молекулярной эволюции иммунорегуляторных рецепторов.</p>	<p>5'813'710</p>	<p>Будет определен профиль экспрессии рецепторов PD-1 и FCRL6 у ВИЧ-инфицированных пациентов в зависимости от вирусной нагрузки, потенциала пролиферации Т-лимфоцитов, активности Т-клеток. Будут исследованы функциональные свойства FCRL6 на моделях FCRL6-продуцирующих Т-клеток человека. Будет определен профиль экспрессии SLAMF9 человека в лимфоидных тканях. Будут созданы генетические конструкции для эктопической экспрессии новой изоформы SLAMF1/CD150 в различных клеточных линиях с целью определения функциональных свойств этой изоформы. Будет расширена база данных последовательностей иммунорегуляторных рецепторов позвоночных для проведения филогенетического анализа и реконструкции молекулярной эволюции иммунной системы.</p> <p>Лаборатория иммуногенетики (зав. лаб. д.б.н. Таранин А.В.). Руководитель проекта: д.б.н. Таранин А.В.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>
	<p>Обеспечение научных исследований</p>	<p>3'295'861</p>	<p>Обеспечение научных исследований</p>	

Междисциплинарные интеграционные проекты фундаментальных исследований СО РАН

<p>Приоритетное направление VI.50. Биология развития и эволюция живых систем.</p> <p>Проект № 13. Палеоэкология первобытного человека и палеогеномика окружающего животного мира на территории Российского Алтая.</p> <p>Координаторы проекта д.и.н. Шуньков М.В., ИАЭТ СО РАН; д.б.н. Графодатский А.С., ИМКБ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261448</p>	<p>Анализ древней ДНК крупных млекопитающих Сибири, включая новые образцы ранее исследованных видов и образцы новых видов крупных млекопитающих.</p>	<p>1'300'000</p>	<p>Будет изучен геном самой древней собаки из Разбойничьей пещеры Алтая. Будет проанализирован митохондриальный геном малого пещерного медведя Денисовой пещеры. Будет начато исследование геномов плейстоценовых волков Сибири.</p> <p>Лаборатории: цитогенетики животных (зав. лаб. д.б.н. Графодатский А.С.), сравнительной геномики (зав. лаб. к.б.н. Трифонов В.А.).</p> <p>Ответственный исполнитель от ИМКБ СО РАН д.б.н. Графодатский А.С..</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>
<p>Проект № 51. Динамичность молекулярной организации хроматина в специфических</p>	<p>Подбор методов точного измерения количества ДНК в ядре для количественной оценки изменений при диминуции хроматина у циклопов. Оптимизация методов учета светорассеяния на ядре при</p>	<p>2'300'000</p>	<p>Будет достигнута близкая к доле процента точность измерений количества ДНК в ядре с помощью Фельгеновской цитометрии.</p> <p>Будет определена точность измерений количества ДНК в ядре с помощью ПЦР в реальном времени.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p>

<p>доменах геномов эукариот. Координатор проекта ак. Жимулев И.Ф., ИМКБ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261467</p>	<p>Фельгеновской цитометрии. Тщательная стандартизация условий реакции ПЦР-РВ (полимеразная цепная реакция в реальном времени). Определение количества ДНК в ядрах разных видов циклопов оз. Байкал одним или двумя методами. Определение относительного содержания основных фракций повторенных последовательностей в геноме <i>Cyclops kolensis</i> методом кинетики реассоциации ДНК. Анализ филогенетических связей циклопов. Определение структуры ДНК доменов центромерной модификации гистона H3, CENH3, у различных видов ржи. Сравнительный анализ структурной организации доменов CENH3 у различных видов пшеницы и ячменя.</p>		<p>Будет измерено количество ДНК в ядрах циклопов оз. Байкал <i>Acanthocyclops incolotaenia</i>, <i>Diacyclops galbinus</i>, <i>Acanthocyclops arenosus</i>, <i>Eucyclops serrulatus baicalocorrepus</i>, <i>Eucyclops macruroides</i> и <i>Mesocyclops leuckarti</i>.</p> <p>Будет определено соотношение различных фракций ДНК в геноме <i>Cyclops kolensis</i>, высокоповторенных, низкоповторенных и уникальных последовательностей. Будут проанализированы молекулярные данные филогенетических связей у циклопов и сопоставлены с данными по измерению процента диминуции хроматина.</p> <p>Будет определена степень гетерогенности консервативной и вариабельной частей центромерной модификации молекулы гистона H3 у различных видов злаков. Будет выявлена эволюционная динамика важнейшего района хромосом – центромеры.</p> <p>Лаборатории: молекулярной цитогенетики (зав. лаб. ак. Жимулев И.Ф.), генетики клеточного цикла (зав. лаб. д.б.н. Омелянчук Л.В.), молекулярной генетики (зав. лаб. д.б.н. Вершинин А.В.)</p>	<p>Министерство образования и науки РФ</p>
---	---	--	--	--

<p>Приоритетное направление VI.52. Биологическое разнообразие. Проект № 140. Структура и климатически обусловленная динамика разнообразия 5-хвойных сосен России. Координатор проекта д.б.н. Горошкевич С.Н., ИМКЭС СО РАН. № гос. регистрации 01201261465</p>	<p>Изучение таксономических взаимоотношений 5-хвойных сосен и выяснение эколого-генетических факторов их географического распространения.</p>	<p>200'000</p>	<p>Будут приведены свидетельства внутривидовых различий и таксономического родства кедр сибирского и кедрового стланика, а также их гибридов из ареалов Восточной Сибири, Камчатки и Дальнего Востока.</p> <p>Лаборатория цитологии и апомиксиса растений (зав. лаб. д.б.н. Соколов В.А.). Ответственный исполнитель от ИМКБ СО РАН д.б.н. Соколов В.А.</p>	<p>Агро-промышленный комплекс</p> <p>Министерство сельского хозяйства России</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>
<p>Приоритетное направление VI.59. Молекулярные механизмы клеточной дифференцировки, иммунитета и онкогенеза. Проект № 59. Молекулярные механизмы функционирования защитно-</p>	<p>Определение клеточных мишеней абзимов и их прочных надмолекулярных комплексов из крови и молока человека с помощью методов иммунофлуоресцентной цитометрии и иммуногистохимии.</p>	<p>300'000</p>	<p>Будут фенотипически охарактеризованы лейкоциты крови человека, связывающие различные абзимы и их комплексы из молока и крови человека in vitro.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>

<p>репарационных систем человека; разработ-ка дифференциальных комплексных методов диагностики и терапии заболеваний с аутоиммун-ными, онкологическими патологиями и заболевани-ями пожилого возраста. Координатор проекта д.х.н. Невинский Г.А., ИХБФМ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261462</p>			<p>Лаборатория иммуногенетики (зав. лаб. д.б.н. Таранин А.В.). Ответственный исполнитель от ИМКБ СО РАН д.б.н. Таранин А.В.</p>	
<p>Приоритетное направление VI.62. Биотехнология. Проект № 7. Разработка научных основ технологии длительного хранения семян сельскохозяйственны х, редких, исчезающих,</p>	<p>Исследование роли коротких микроРНК, участвующих в регуляции экспрессии генов, с целью изучения изменений химических компонентов семян под воздействием хранения и их влияния на жизнеспособность материала и его генетическую идентичность с изначально заложенными образцами.</p>	<p>350'000</p>	<p>Будут получены спектры микроРНК в семенах различных видов растений и проанализированы на наличие корреляции с жизнеспособностью материала и его генетической идентичностью в зависимости от сроков пребывания семян при низких температурах.</p>	<p>Агро-промышленный комплекс</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>

<p>древесных и других хозяйственно ценных и перспективных видов растений в толще многолетне-мерзлых пород.</p> <p>Координатор проекта д.б.н. Кершенгольц Б.М., ИБПК СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261464</p>			<p>Лаборатория цитологии и апомиксиса растений (зав. лаб. д.б.н. Соколов В.А.).</p> <p>Ответственный исполнитель от ИМКБ СО РАН д.б.н. Соколов В.А.</p>	
--	--	--	---	--

Проекты партнерских фундаментальных исследований СО РАН на 2012-2014 годы

<p>Приоритетное направление VI.50. Биология развития и эволюция живых систем.</p> <p>Проект № 81. Исследование роли генов контроля клеточного цикла, опухолесупрессии и эпигенетической регуляции в механизмах старения и долголетия на модели <i>Drosophila melanogaster</i>.</p> <p>Координатор</p>	<p>Изучение изменения продолжительности жизни, возникающие у особей дрозофилы с РНК-и конструктами генов группы Polycomb и Trithorax при индукции сайленсинга соответствующих генов в позднем развитии с помощью кассеты Act5C-Switch-Gal4, активация синтеза белка Gal4 которой находится под контролем гормон-зависимого промотора.</p>	<p>'950'000</p>	<p>Будет проведено сравнение увеличения продолжительности жизни особей дрозофилы под действием некоторых генов семейств Polycomb и Trithorax. Будет достигнута высокая точность полученных результатов за счет устранения влияния генетического фона.</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>
--	---	-----------------	---	---

<p>проекта д.б.н. Омелянчук Л.В., ИМКБ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261460</p>			<p>Лаборатория генетики клеточного цикла (зав. лаб. д.б.н. Омелянчук Л.В.).</p>	
<p>Проект № 82. Структурно-функциональная организация хромосом в клеточном цикле. Координатор проекта ак. Жимулев И.Ф., ИМКБ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации 01201261468</p>	<p>Сравнительный биоинформационный и филогенетический анализ распределения характерных для междисков белков в масштабе всего генома дрозофилы. Электронно-микроскопический анализ политенных хромосом в районах сайт-специфичных встроек фрагментов ДНК из междисков.</p> <p>Анализ взаимодействия хроматиновых белков D1, гистона H1 и SUUR у дрозофилы в разных тканях, а также распределения этих белков и Lamin Dm0, HP1 в эмбрионах дрозофилы на этапах делений дробления.</p> <p>Детальное картирование</p>	<p>900'000</p>	<p>На основании анализа распределения белков на физической карте дрозофилы будут уточнены хромомерные карты интерфазных хромосом диплоидных клеток разных типов и проведено их сравнение с дисковым рисунком политенных хромосом. Будут предсказаны потенциальные функциональные сайты междисков посредством филогенетического анализа их ДНК. При помощи направленной сайт-специфичной attP/attB интеграции в диск 10A1-2 X-хромосомы будут экспериментально определены последовательности ДНК из районов 3C6/C7, 10A4-5/A6 и 10A7/A8-9, 61C7/C8, необходимые для формирования данных междисков.</p> <p>Методом конфокальной микроскопии будет определено взаимодействие между белками D1, SUUR и гистоном H1, динамика их связывания с отдельными районами хромосом в клеточном цикле и взаимосвязь с изменениями в пространственной организации ядра.</p> <p>Будет детализовано влияние белка ламин А-типа на пространственно-временную регуляцию репликации в клетках. Временные характеристики репликации районов, полученные посредством цитологического</p>	<p>Медицинские технологии</p> <p>Министерство здравоохранения РФ</p> <p>Министерство образования и науки РФ</p>

	<p>последовательности репликации районов политенных хромосом у мутантов по генам <i>SuUR</i> и <i>Lamin C.</i>, Разработка алгоритма предсказания времени репликации районов генома на базе полученных данных и данных проекта ModEncode.</p>		<p>картирования, будут сопоставлены с их генетическим содержанием и особенностями хроматина.</p> <p>Лаборатории молекулярной цитогенетики (зав. лаб. ак. Жимулев И.Ф.), хромосомной инженерии (зав. лаб. д.б.н. Демаков С.А.).</p>	
<p>Проект № 98. Геномы и хромосомы позвоночных Евразии. Координатор проекта д.б.н. Графодатский А.С., ИМКБ СО РАН. № гос. регистрации 01201261447</p>	<p>Анализ хромосомной организации геномов различных видов млекопитающих и птиц Сибири, Дальнего Востока, России и сопредельных стран из наполняющейся лабораторной коллекции образцов тканей, ДНК и клеточных культур этих животных.</p>	700'000	<p>Будут получены данные о хромосомной структуре полиморфных видов дальневосточной полевки Максимовича и китайской полевки. Будет выделена и проанализирована митохондриальная ДНК медведей Западной Сибири и Якутии.</p> <p>Лаборатории: цитогенетики животных (зав. лаб. д.б.н. Графодатский А.С.), сравнительной геномики (зав. лаб. к.б.н. Трифионов В.А.).</p>	<p>Медицинские технологии Министерство здравоохранения РФ Министерство образования и науки РФ</p>
<p>Приоритетное направление VI.56. Физиология и биохимия растений, фотосинтез, взаимодействие растений с другими организмами Проект № 84. Использование малых интерферирующих РНК (siRNA) и</p>	<p>Выяснение роли малых интерферирующих РНК растений в обеспечении устойчивости растений к биотическим и абиотическим факторам среды.</p>	250'000	<p>Будет изучена экспрессия генов малых интерферирующих РНК у трансгенных растений и их роль в обеспечении устойчивости растений к холодовому шоку.</p>	<p>Агро-промышленный комплекс Министерство образования и науки РФ</p>

<p>коротких ДНК для изучения и модуляции устойчивости растений к биотическим и абиотическим стрессам и получения растений, свободных от внутриклеточных патогенов.</p> <p>Координатор проекта д.б.н. Войников В.К., СИФИБР СО РАН. № гос. регистрации 01201261466</p>			<p>Лаборатория цитологии и апомиксиса растений (зав. лаб. д.б.н. Соколов В.А.). Ответственный исполнитель от ИМКБ СО РАН д.б.н. Соколов В.А.</p>	
<p>Приоритетное направление VI.59. Молекулярные механизмы клеточной дифференцировки, иммунитета и онкогенеза. Проект № 83. Механизмы функционального истощения вирус-специфических CD8+ и CD4+ Т-лимфоцитов при</p>	<p>Изучение механизмов функционального истощения вирус-специфических CD8+ и CD4+ Т-лимфоцитов при развитии ВИЧ-инфекции и определение роли рецептора FCRL6 в этом процессе.</p>	<p>1'000'00</p>	<p>Будет установлено наличие/отсутствие связи между экспрессией FCRL6 и функциональной анергией Т-лимфоцитов у ВИЧ-инфицированных пациентов. Будет определена роль FCRL6 в модулировании Т-клеточных функций на модели трансфицированных Т-лимфоцитов в первичной культуре клеток.</p>	<p>Медицинские технологии Министерство здравоохранения РФ Министерство образования и науки РФ</p>

<p>развитии ВИЧ-инфекции. Координатор проекта д.б.н. Таранин А.В., ИМКБ СО РАН. № гос. регистрации 01201261463</p>			<p>Лаборатория иммуногенетики (зав. лаб. д,б.н. Таранин А.В.).</p>	
--	--	--	---	--

Совместные проекты в области фундаментальных исследований СО РАН и НАН Украины

<p>Приоритетное направление VI.59. Молекулярные механизмы клеточной дифференцировки, иммунитета и онкогенеза. Проект 3 Рецепторы CD150/SLAM-семейства: регуляция клеточных функций и возможные клинические приложения Руководители проекта д.б.н. Таранин А.В.(ИМКБ СО РАН) д.б.н. Сидоренко С.П. (ИЭПОР НАНУ)</p>	<p>Анализ изоформ CD150 в клетках глиом U87 and 343 с помощью 3'- и 5'- RACE.. Исследование экспрессии pCD150 в различных клетках и тканях.</p>	<p>500'000</p>	<p>Будет клонирована полноразмерная кДНК новой изоформы pCD150 в различные векторные системы для детального исследования свойств изоформы. Будет установлен профиль экспрессии mCD150 и pCD150 в клеточных линиях различного происхождения и, в том числе, в злокачественно трансформированных клетках</p> <p>Лаборатория иммуногенетики (зав. лаб. д,б.н. Таранин А.В.).</p>	<p>Медицинские технологии Министерство здравоохранения РФ Министерство образования и науки РФ</p>
--	---	----------------	--	---

Совместные проекты в области фундаментальных исследований СО РАН – CRDF

<p>Приоритетное направление VI. 50. Биология развития и эволюция живых систем. Проект RUB2-7055-NO-11. Генетический анализ гена RNase ZL дрозофилы – гомолога гена восприимчивости рака предстательной железы ELAC2 у человека. Координатор проекта: ак. Жимулев И.Ф., ИМКБ СО РАН.</p> <p>№ гос. регистрации <i>01201261469</i></p>	<p>Продолжение исследований гена <i>RNase Z^L</i> дрозофилы – гомолога гена восприимчивости рака предстательной железы <i>ELAC2</i> у человека.</p>	<p>500'000</p>	<p>Будет получена и проверена на функциональность базовая линия мух, в которой ген <i>dRNase^L</i> и фланкирующие его участки будут заменены сайтом <i>attP</i>. Будут созданы направленно измененные варианты гена <i>dRNase Z</i> для их последующей $\Phi C31$-опосредованной интеграции в данный <i>attP</i> сайт.</p> <p>Лаборатория хромосомной инженерии (зав. лаб. д.б.н. Демаков С.А.).</p>	<p>Медицинские технологии</p>
---	---	----------------	--	-------------------------------

Утверждено Ученым советом ИМКБ СО РАН

Протокол заседания Ученого совета от «_04_» февраля 2013 № 02



Директор ИМКБ СО РАН,
академик РАН

И.Ф. Жимулев