

II Московский международный Конгресс  
**БИОТЕХНОЛОГИЯ:**  
**СОСТОЯНИЕ**  
**И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ**

*Новый Арбат, 36/9 (Здание Правительства Москвы)*

**МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА**  
**CONGRESS PROCEEDINGS**  
**ЧАСТЬ 1 | PART 1**



**ГЕНЕРАЛЬНЫЙ СПОНСОР:**  
**GENERAL SPONSOR:**

Russian Foundation for Technological  
Development (RFTD) of the  
Ministry of Industry,  
Science and Technologies  
of the Russian Federation



ГУ "Российский фонд  
технологического развития"  
Минпромнауки России

МОСКВА, РОССИЯ

10-14 ноября

**2003**

November, 10-14

MOSCOW, RUSSIA

II Moscow International Congress  
**BIOTECHNOLOGY:**  
**STATE OF THE ART AND**  
**PROSPECTS OF DEVELOPMENT**

*Moscow, Novy Arbat, 36/9 (the House of Moscow Government)*

II Московский международный Конгресс  
**БИОТЕХНОЛОГИЯ:**  
**СОСТОЯНИЕ**  
**И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ**

*Новый Арбат, 36/9 (Здание Правительства Москвы)*



II Moscow International Congress  
**BIOTECHNOLOGY:**  
**STATE OF THE ART AND**  
**PROSPECTS OF DEVELOPMENT**

*Moscow, Novy Arbat, 36/9 (the House of Moscow Government)*

**МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА**

**CONGRESS PROCEEDINGS**

November, 10-14

**2003**

10-14 ноября

**ЧАСТЬ 1 | PART 1**

POLYMORPHISM OF BLACK MEDIC (*MEDICAGO LUPULINA*) FOR THE EFFICIENCY OF THE SYMBIOSIS WITH  
ENDOMYCORRHIZAL FUNGUS *GLOMUS INTRARADICES*

Yurkov A.P.<sup>1</sup>, Jacobi L.M.<sup>2</sup>, Dzyubenko N.I.<sup>3</sup>, Roumiantseva M.L.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>St. Petersburg State University,  
199034, Russia, St.-Petersburg, 7/9 Universitetskaya emb.,

<sup>2</sup>All-Russia Research Institute for Agricultural Microbiology,  
189620, Russia, St. Petersburg-Pushkin-8, Podbelsky Sh., 3

<sup>3</sup>N.I. Vavilov All-Russia Research Institute for Plant Industry,  
190000, Russia, St. Petersburg, Bol'shaya Morskaya st., 42  
E-mail: yurkovandrey@yandex.ru

The present study is aimed to analyze the role of the host plant in the efficiency of vesicular-arbuscular mycorrhiza (VAM), formed with fungi of the order Glomales. The object for studying is black medic (*Medicago lupulina*) - self-pollinating diploid species characterized by broad ecological amplitude and genetic polymorphism. In order to study the intraspecific variation of black medic for the efficiency of mycorrhiza formation with *Glomus intraradices* two wild-growing populations (Pavlovskaya and Yuntolovskaya) and one primitive cultivar (cv. Mira) were analyzed. The pot experiment showed that mycorrhization accelerated the plant growth and stimulated the shoot formation under conditions of low available P content in sterilized soddy podzolic soil. At 88<sup>th</sup> day after sowing the air-dried biomass increase of inoculated plants was significant (41-73%) in comparison to uninoculated control. The coefficients of variation (CV) increased for plant height and biomass, but decreased for stooling. The observed changes in population structure upon inoculation suggest their genetic polymorphism for efficiency of symbiosis with AMF. As a result the contrasting plant genotypes were selected for further investigation of the lines. Financial support was provided by CRDF ST-012, Russian Ministry of Education.

ИСПОЛЬЗОВАНИЕ ПЦР ДЛЯ ПРОВЕДЕНИЯ РЕГИСТРАЦИИ И МОНИТОРИНГА ГЕНЕТИЧЕСКИ-  
МОДИФИЦИРОВАННЫХ ИСТОЧНИКОВ В КОРМАХ ДЛЯ ЖИВОТНЫХ

Яцьшина С. Б., Обухов И. Л., Панин А. Н.

ФГУ ВГНКИ, 123022, г. Москва, Звенигородское шоссе, д. 5

Необходимость контролировать распространение ГМИ на Российском рынке в сельскохозяйственных зерновых культурах и изделиях из них производит спрос на аналитические методы, способные обнаруживать, идентифицировать и определять количество генетически-модифицированной ДНК.

Большинство генетически-модифицированных растений, присутствующих на Российском рынке получены баллистическим методом, который позволяет встраивать различные генно-инженерные конструкции (фрагменты векторов), состоящие из промотора 35S Cauliflower mosaic virus, специфических последовательностей генов, экспрессирующих чужеродные протеины, обладающие необходимыми свойствами, и терминатора NOS *Agrobacterium tumefaciens*.

Для выявления генетически-модифицированного растительного сырья и продуктов из него была разработана тест-система, включающая методику выделения ДНК, основанную на использовании силикагеля и систему праймеров в мультиплексном формате для амплификации последовательности промотора 35S и однокопийных генов сои и кукурузы одновременно в одной пробирке, что позволяет контролировать наличие в образце ДНК сои или кукурузы. Контроль содержания ДНК сои или кукурузы в образцах позволяет избежать появления ложно - отрицательных результатов анализа при наличии ингибиторов ПЦР в пробах, недостаточном количестве полученной ДНК или ошибках проведения исследования.

Разработанная методика выделения ДНК позволяет получать около 2,5 мкг ДНК сои и 1 мкг ДНК кукурузы из 20 мг тестируемого образца.

Чувствительность тест-системы определялась при тестировании панели образцов сои и кукурузы с различным содержанием ГМИ (5%, 1%, 0,1% и 0,01%) в немодифицированных образцах и составила 0,1%.

THE APPLICATION OF PCR FOR DETECTION AND MONITORING OF GENETICALLY MODIFIED  
SOURCES IN ANIMAL FORAGE.

Yatsyshina S. B., Obukhov I. L., Panin A. N.

FGU VGNKI, Zvenigorodskoe shosse 5, Moscow, 123022, Russia

Analytical methods that allow detecting, identifying and determining the quantity of genetically modified DNA are necessary to control the distribution of genetically modified sources (GMS) in cereals and grain products on the Russian market.

The largest part of genetically modified plants on the Russian market is made by the ballistic method. This method allows to insert various engineering structures (vector fragments), consisting of 35S Cauliflower mosaic virus promoter, specific gene sequences that express heterogeneous proteins with required properties, and NOS *Agrobacterium tumefaciens* terminator.

A test system was developed to detect genetically modified plants and products. The test system includes silica gel based DNA extraction method and multiplex primer system for simultaneous amplification of 35S promoter and soy and corn single-copy genes in