РОССИЙСКАЯ ФЕДЕРАЦИЯ

ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА
ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ

(19) **RU** (11) **2021 132 728** (13) **A**

(51) МПК
C12N 15/11 (2006.01)

(12) ЗАЯВКА НА ИЗОБРЕТЕНИЕ

(21)(22) Заявка: **2021132728, 10.11.2021**

Приоритет(ы):
(22) Дата подачи заявки: **10.11.2021**

(43) Дата публикации заявки: **11.05.2023** Бюл. № **14**

Адрес для переписки:
119991, Москва, ул. Губкина, 3, ИОГен РАН, Кудрявцев Александр Михайлович

(71) Заявитель(и):
Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова Российской академии наук (ИОГен РАН) (RU)

(72) Автор(ы):
Андреева Татьяна Владимировна (RU),
Григоренко Анастасия Петровна (RU),
Гусев Фёдор Евгеньевич (RU)

(54) **Способ получения полноразмерной последовательности митохондриальной ДНК человека с использованием набора олигонуклеотидов методом мультиплексной амплификации для работы с образцами деградированной ДНК**

(57) Формула изобретения

Формула изобретения

1. Способ получения полноразмерной последовательности митохондриальной ДНК человека с использованием набора олигонуклеотидов методом мультиплексной амплификации для работы с образцами деградированной ДНК, характеризующийся тем, что для генотипирования митохондриальной ДНК используется композиция из 447 оригинальных синтетических олигонуклеотидных праймеров для проведения мультиплексной полимеразной цепной реакции (ПЦР), позволяющие амплифицировать короткие перекрывающиеся участки митохондриальной ДНК человека.

2. Способ по п.1, отличающийся тем, композиция для генотипирования образована 446 синтетических оригинальных олигонуклеотидных праймеров, выбранных из группы SEQ ID NO: 1- SEQ ID NO 446, представленных в Табл.1.

3. Способ получения полноразмерной последовательности митохондриальной ДНК человека по п.1, включающий генетическое исследования биологического образца, содержащего ДНК, выделенную из любого биологического материала в соответствии со стандартными методами, обеспечивающими качественную очистку ДНК от белков и примесей, с использованием мультиплексной полимеразно-цепной реакции (мультиплексной ПЦР) и последующего определения нуклеотидной последовательности продуктов амплификации, содержащих короткие перекрывающиеся участки митохондриальной ДНК человека.

4. Способ по п 3., отличающийся тем, что олигонуклеотидные праймеры для мультиплексной ПЦР выбрана из композиции по п.2,

5. Способ по п.3, отличающийся тем, что размер полученных ПЦР-продуктов составляет не более 145 п.н.

6. Способ по п.3, отличающийся тем, что полученные в результате мультиплексной амплификации ПЦР продукты, содержащие короткие перекрывающиеся участки

RU 2021132728 A

RU 2021132728 A

митохондриальной ДНК человека используются в качестве матрицы для различных методов генетического определения нуклеотидной последовательности.

7. Способ по п.3, отличающийся тем, что определение нуклеотидной последовательности продуктов амплификации (ПЦР-продуктов) проводят секвенированием по методу “массового параллельного секвенирования” (NGS), секвенированием по методу Сэнгера, методом TaqMan Real-Time PCR, а также проводят любым доступным способом определения нуклеотидной последовательности.

8. Способ по п.3, отличающийся тем, что биологический образец содержит деградированную ДНК.

9. Набор для генотипирования (тест-система ДНК) индивида для осуществления способа по п.1, используемый для получения полноразмерной последовательности митохондриальной ДНК человека, включающий, по крайней мере одну нуклеотидную последовательность выбранную из группы, состоящей из SEQ ID NO: 1- SEQ ID NO 446; и их любых комбинаций.

10. Применения способа по п.1 для получения полноразмерной последовательности митохондриальной ДНК человека, для идентификации личности в российских популяциях.

RU 2021132728 A

RU 2021132728 A