
МЕЖДУНАРОДНАЯ АССОЦИАЦИЯ АКАДЕМИЙ НАУК (МААН)
СОЮЗ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ОБЩЕСТВ СТРАН СНГ
ФЕДЕРАЦИЯ ЕВРОПЕЙСКИХ БИОХИМИЧЕСКИХ ОБЩЕСТВ (FEBS)
РОССИЙСКОЕ ОБЩЕСТВО БИОХИМИКОВ И МОЛЕКУЛЯРНЫХ БИОЛОГОВ
РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
РОССИЙСКИЙ ФОНД ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ
РОССИЙСКИЙ НАУЧНЫЙ ФОНД
РОССИЙСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ ДРУЖБЫ НАРОДОВ
ИНСТИТУТ ИММУНОФИЗИОЛОГИИ

НАУЧНЫЕ ТРУДЫ

V СЪЕЗД ФИЗИОЛОГОВ СНГ ♦ V СЪЕЗД БИОХИМИКОВ РОССИИ ♦ КОНФЕРЕНЦИЯ ADFLIM

Под редакцией

А.И. Григорьева, Ю.В. Наточина, Р.И. Сепиашвили

А.Г. Габибова, В.Т. Иванова, А.П. Савицкого

Сочи – Дагомыс, Россия
4–8 октября 2016

УДК 612(06)
ББК 28.707.3
НЗ4



НАУЧНЫЕ ТРУДЫ V Съезда физиологов СНГ V Съезда биохимиков России Конференции ADFLIM

*Под редакцией
А.И. Григорьева, Ю.В. Наточина, Р.И. Сепиашвили,
А.Г. Габиева, В.Т. Иванова, А.П. Савицкого*

Содержание

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Химия и биология нуклеиновых кислот	3
Белки: разнообразие функций	30
Омиксные технологии	110
Биохимия и молекулярная медицина	129
Биоинженерия: фундаментальные основы и приложения	197
Общая биохимия	см. т. 1

АВТОРСКИЙ УКАЗАТЕЛЬ

245

Научные труды V Съезда физиологов СНГ, V Съезда биохимиков России, Конференции ADFLIM. — АСТА NATURAE | СПЕЦВЫПУСК Том 2 — Под ред. А.И. Григорьева, Ю.В. Наточина, Р.И. Сепиашвили, А.Г. Габиева, В.Т. Иванова, А.П. Савицкого — 2016. — 253 с.— ISBN 978-5-9902238-4-4.

Сборник научных трудов включает материалы актов и пленарных лекций, симпозиальных докладов, выступлений на заседаниях круглых столов и стендовых докладов, представленных на V Съезде физиологов СНГ, V Съезде биохимиков России и Конференции ADFLIM, состоявшихся в рамках единого научного форума в Сочи–Дагомысе, 4–9 октября 2016 года.

Книга рассчитана не только на специалистов, работающих в разных областях биомедицинских наук, но и на студентов, аспирантов, преподавателей и научных работников, интересующихся проблемами наук о жизни.

ISBN 978-5-9902238-4-4

ББК 28.0707.3

© Союз физиологических обществ стран СНГ, 2016

© Российское общество биохимиков и молекулярных биологов

искать новые подходы к лечению. Однако выявленные в ходе GWAS полиморфизмы не обязательно являются истинно действующими в патогенезе, а могут быть лишь генетически сцеплены с таковыми. Большинство выявляемых в GWAS полиморфизмов находятся в некодирующих областях генома и, как ожидается, должны оказывать свое влияние через изменение связывания белковых факторов. С помощью программы PERFECTOS-APE [Vorontsov I. et al. (2015). PERFECTOS-APE – Predicting Regulatory Functional Effect of SNPs by Approximate P-value Estimation. In Proceedings of the International Conference on Bioinformatics Models, Methods and Algorithms (BIOSTEC 2015), pp102-108] мы оценили способность полиморфизмов, ассоциированных с рассеянным склерозом и находящихся в пределах 10 тыс. пар нуклеотидов выше старта транскрипции и в первых интронах иммунологически релевантных генов, изменять связывание транскрипционных факторов. Для альтернативных аллелей полиморфизма rs12722489, находящегося в первом интроне гена IL2RA, наблюдалась значимая разница в силе связывания эстрогеновых рецепторов (ER) α и β . С помощью метода задержки в нуклеопротеиновом геле (Electrophoretic Mobility Shift Assay, EMSA) мы показали, что аллельный вариант Rs12722489 действительно влияет на связывание очищенного ER α человека в контексте 32-нуклеотидного фрагмента. По данным люциферазного теста участок интрона длиной 1 тыс. пар нуклеотидов, содержащий только один из вариантов полиморфизма, является эстроген-зависимым энхансером по отношению к промотору IL2RA. Эффект зависел от трансфицируемой клеточной линии. *Работа поддержана грантом РНФ №14-14-01140.*

ЭВОЛЮЦИЯ ГЕНОВ ЦИСТЕИНОВЫХ КАТЕПСИНОВ У НАСЕКОМЫХ

Е.Н. Элпидина¹, А.Г. Мартынов², М.А. Климова³, Е.А. Воротникова¹, Б. Опперт⁴, И.Ю. Филиппова³

¹Химический факультет, ²Факультет биоинженерии и биоинформатики, ³НИИ физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского, МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия; ⁴Центр исследования зерна и здоровья животных, Манхэттен, Канзас, США

Цистеиновые катепсины семейства C1 папаина являются важными участниками лизосомальной деградации белков, а также вовлечены в ряд нормальных и патологических физиологических процессов. Одна из специфических функций цистеиновых катепсинов была выявлена у насекомых, где у некоторых таксономических групп они являются главными пищеварительными ферментами. Появление новых функций ферментов привело к изменениям в структуре генов и, соответственно, к образованию новых видов пептидаз. Мы провели аннотацию и детальный анализ цистеиновых пептидаз в геномах 12 насекомых в рамках глобального проекта i5K (5000 геномов насекомых и других членистоногих). Различные виды насекомых содержали от пяти генов катепсинов у паразитического перепончатокрылого *Orussus abietinus* до 50 у жука фитофага *Leptinotarsa decemlineata*. На основании филогенетического анализа мы определили восемь консервативных групп генов-ортологов и несколько видоспецифичных неконсервативных групп генов пептидаз. Консервативные группы генов представлены катепсинами B, F, L, O и тремя новыми видами пептидаз, подобных, но отличных от катепсина L (катепсины I, LI и La). Видоспецифичные группы генов были найдены в виде кластеров генов у жуков *L. decemlineata*, *Tribolium castaneum*, *Tenebrio molitor*, у таракана *Blattella germanica* и у ручейника *Cataglyphis aquilonaris*. Эти кластеры содержали гены катепсин B- и/или катепсин L-подобных пептидаз. Эволюция неконсервативных групп генов предположительно базировалась на дупликации одного или нескольких генов независимо у разных организмов. Подробное исследование пищеварительных пептидаз жуков-требрионид *T. castaneum* и *T. molitor* показало, что их главные пищеварительные цистеиновые пептидазы являются ортологами и относятся к группе специфичных для этих жуков катепсин L-подобных пептидаз. Рекombинантный препарат главной пищеварительной катепсин L-подобной пептидазы *T. castaneum* значительно эффективнее гидролизует трудногидролизуемые пептиды главных пищевых белков этого насекомого по сравнению с консервативным лизосомальным катепсином L человека, что указывает на приспособительную эволюцию видоспецифичных цистеиновых пептидаз. *Работа поддержана грантом РФФИ №15-04-08689_а.*

РАСПРЕДЕЛЕНИЕ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ СЕМЕЙСТВА NF1 В ХРОМАТИНЕ ПРОМОТОРНОЙ ОБЛАСТИ ГЕНА ТРИПТОФАНДИОКСИГЕНАЗЫ КРЫСЫ В АКТИВНО ТРАНСКРИБИРУЕМОМ И РЕПРЕССИРОВАННОМ СОСТОЯНИИ

Е.В. Романовская, М.В. Вихнина, Ю.В. Нужина, Г.И. Чихиржина | Санкт-Петербургский государственный университет, Россия

Формирование компетентной к транскрипции структуры хроматина промоторных областей индуцибельных генов, характеризующейся нарушенной нуклеосомной структурой, является необходимым условием для успешной регуляции их экспрессии. Для регуляторной области глюкокортикоид-зависимого гена триптофандиоксигеназы (tdo) крысы было показано наличие нескольких участков гиперчувствительности к ДНКазе I, при этом с помощью биоинформатического анализа было обнаружено несколько сайтов связывания транскрипционного фактора NF1 (nuclear factor 1), ассоциированных с зонами гиперчувствительности. Дальнейшие исследования подтвердили специфическое связывание белков семейства NF1 с промоторной областью гена tdo крысы *in vitro*. Основываясь на этих данных, было выдвинуто предположение, что белки семейства NF1 могут участвовать в поддержании компетентной к транскрипции структуры хроматина регуляторных областей глюкокортикоид-зависимых генов. Цель данной работы состояла в исследовании распределения *in vivo* транскрипционных факторов семейства NF1 в хроматине промоторной области тканеспецифического гена tdo крысы, экспрессирующегося в тканях печени. В рамках поставленной цели был проведен сравнительный количественный анализ степени обогащения фактором NF1 хроматина регуляторной области гена tdo в состоянии активной и репрессированной транскрипции, которые представлены хроматином печени и почек крыс соответственно. Фрагменты хроматина после иммунопреципитации были проанализированы методом ПЦР в реальном времени с использованием пересчета данных на исходное количество ДНК, не подвергавшейся иммуноосаждению. В результате были выявлены статистически достоверные различия в уровне обогащения фактором NF1 регуляторной области гена tdo (-259/-135 п.о.) между печенью и почками при $p < 0,05$. В случае референсной последовательности регуляторной области гена actb статистически достоверные отличия между уровнем обогащения фактором NF1 для печени и почек не были выявлены при $p < 0,05$, что является ожидаемым результатом для референсной последовательности, показатели для которой не зависят от типа ткани. Полученные результаты подтверждают наше предположение, что транскрипционные факторы семейства NF1 способны участвовать в процессе ремоделирования хроматина и установлении тканеспецифичной экспрессии генов.