

16+

ISSN 2304-4691

# Актуальная биотехнология



№ 3(30)

2019

**ISSN 2304-4691**

**Основан в 2012г.  
г. Воронеж**

# **Актуальная биотехнология**

**№ 3 (30)**

**2019**

**16+**

ГИДРОТЕРМАЛЬНОЕ СЖИЖЕНИЕ БИОМАССЫ МИКРОВОДОРОСЛЕЙ И ВОДНОЙ РАСТИТЕЛЬНОСТИ В ПРИСУТСТВИИ КАТАЛИЗАТОРА М.С. Власкин, М.С. Котелев .....	538
ИЗУЧЕНИЕ ВОЗМОЖНОСТИ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКОГО МЕТОДА БОРЬБЫ С ИНВАЗИОННЫМИ ЗОЛОТАРНИКАМИ А.Н. Панкрушина, В.М. Шмелёв .....	540
ВЛИЯНИЕ ЭЛЕКТРОПРОВОДЯЩИХ МАТЕРИАЛОВ НА СКОРОСТЬ ОБРАЗОВАНИЯ БИОГАЗА И НА СОСТАВ МЕТАНОГЕННОГО МИКРОБНОГО СООБЩЕСТВА В ТЕРМОФИЛЬНЫХ УСЛОВИЯХ Ю.И. Русскова, Ю.В. Литти, Н.А. Чернова, А.Н. Ножевникова.....	541
ТВЕРДОФАЗНАЯ АНАЭРОБНАЯ ПЕРЕРАБОТКА ОРГАНИЧЕСКОЙ ФРАКЦИИ ТВЕРДЫХ БЫТОВЫХ ОТХОДОВ, ПРЕДОБРАБОТАННЫХ В АППАРАТЕ ВИХРЕВОГО СЛОЯ ФЕРРОМАГНИТНЫХ ЧАСТИЦ Э.Р. Михеева, И.В. Катраева .....	543
ВИДОВОЙ СОСТАВ ДРЕВО-КУСТАРНИКОВЫХ НАСАЖДЕНИЙ НА ТЕРРИТОРИЯХ ОБЩЕОБРАЗОВАТЕЛЬНЫХ УЧРЕЖДЕНИЙ Г. РОСТОВА-НА-ДОНУ Т.В. Денисова, Ю.В. Дзигунова, В.В. Лагутина .....	546
ИСПОЛЬЗОВАНИЕ КОНСОРЦИУМА НЕСПОРООБРАЗУЮЩИХ МИКРООРГАНИЗМОВ ДЛЯ РЕМЕДИАЦИИ ПОЧВ, ЗАГРЯЗНЁННЫХ ПОЛИАРОМАТИЧЕСКИМИ УГЛЕВОДОРОДАМИ А.С. Нартов, А.И. Сидякин, Э.О. Байрамалиева.....	548
ИНТЕНСИФИКАЦИИ ПРОЦЕССОВ НИТРИФИКАЦИИ В БИОФИЛЬТРАХ С ИСПОЛЬЗОВАНИЕМ ТЕХНОЛОГИИ БИОАУГМЕНТАЦИИ Т.В. Вдовина, А.С. Дмитриев, А.А. Хасанова, Н.И. Кириллова, Й.В. Кобелева, А.С. Сироткин.....	550
БИОТЕХНОЛОГИЧЕСКИЕ МЕТОДЫ ПЕРЕРАБОТКИ ОТХОДОВ И.Д. Бельский, Е.В. Верёвочкина, О.В. Ягольницер .....	551

## СЕКЦИЯ 4. БИОИНФОРМАТИКА И ИТ

БИОИНФОРМАЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ИЗОФОРМ ГЕНОВ СЕМЕЙСТВА PITX В ТКАНЯХ ХВОСТАТЫХ АМФИБИЙ: СПЕЦИФИЧНОСТЬ ЭКСПРЕССИИ В РЕГЕНЕРИРУЮЩЕЙ СЕТЧАТКЕ ТРИТОНОВ В.Н. Смирский, Ю.В. Маркитантова .....	553
ПОИСК ИНГИБИТОРОВ ПИРИМИДИН НУКЛЕОЗИДФОСФОРИЛАЗ ИЗ <i>B. SUBTILIS</i> МЕТОДАМИ МОЛЕКУЛЯРНОГО ДОКИНГА И ДИНАМИКИ. П.А. Эйстрих-Геллер, С.В. Рубинский, А.А. Лашков .....	555
ПРИМЕНЕНИЕ ИНФОРМАЦИОННЫХ ТЕХНОЛОГИЙ ДЛЯ РЕШЕНИЯ ИССЛЕДОВАТЕЛЬСКИХ И ПРОИЗВОДСТВЕННЫХ ЗАДАЧ Т.Ц. Дамдинова, Л.Ю. Прудова, Т.Е. Данилова .....	557
АНАЛИЗ ПОКАЗАТЕЛЕЙ КРОВИ В ХОДЕ ЛЕЧЕНИЯ ГЛОМЕРУЛОНЕФРИТА СРЕДСТВАМИ ПАКЕТА MS EXCEL К.А. Мороз, А.С. Ткаченко, К.В. Шилесев .....	560
ЭКДИЗОНОВЫЙ РЕЦЕПТОР НАСЕКОМЫХ-ВРЕДИТЕЛЕЙ КАК МИШЕНЬ ДЛЯ ФАРМАКОФОРНОГО ПОИСКА НОВЫХ ИНСЕКТИЦИДОВ М.С. Кондратьев .....	564
АНАЛИЗ МУТАЦИОННОЙ НАГРУЗКИ ПРИ КАРОТИДНЫХ ПАРААНГЛИОМАХ А.В. Снежкина, Е.Н. Лукьянова, М.С. Федорова, А.Ф. Садритдинова, Е.А. Пудова, Д.В. Калинин, А.Л. Головюк, В.С. Павлов, Г.С. Краснов, А.В. Кудрявцева .....	564
THE PROPERTIES OF MIRNA INTERACTION WITH 5' AND 3' UTR MRNA GENES HAVING NUCLEOTIDE REPEATS А.М. Belkozhayev, R.E. Niyazova .....	566
CHARACTERISTICS OF INTERACTION OF MIRNAS WITH MRNA GENES OF HEAT STRESS TRANSCRIPTION FACTORS А.К. Rakhmetullina, A.T. Ivashchenko .....	567
ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ MIRNA С CDS MRNA ГЕНОВ, УЧАСТВУЮЩИХ В РАЗВИТИИ НЕМЕЛКОКЛЕТОЧНОГО РАКА ЛЕГКОГО О.Ю. Юрикова, Ш.А. Атамбаева, А.Т. Иващенко.....	570
МАТЕМАТИЧЕСКОЕ МОДЕЛИРОВАНИЕ КАК СРЕДСТВО ПРОГНОЗИРОВАНИЯ И ОПТИМИЗАЦИИ ИММУНОХРОМАТОГРАФИЧЕСКОГО АНАЛИЗА Д.В. Сотников, Жердев А.В, Б.Б. Дзантиев .....	573

ВЫСОКОПРОИЗВОДИТЕЛЬНЫЙ МУТАЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ПРОМОТОРА T7: СВЯЗЬ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ И ФИЗИЧЕСКИХ СВОЙСТВ ДНК  
М.А. Орлов, Т.Р. Дзелядин, А.А. Сорокин .....574

МЕТОДЫ БИОИНФОРМАТИЧЕСКОГО АНАЛИЗА ВИРУСНЫХ МЕТАГЕНОМОВ КИШЕЧНИКА ЧЕЛОВЕКА  
Е.В. Старикова, К.М. Климина, А.А. Хурумова, Д.С. Ульянов, Е.Н. Ильина .....576

## **СЕКЦИЯ 5. КЛЕТочНАЯ И ГЕНЕТИЧЕСКАЯ ИНЖЕНЕРИЯ**

РАЗРАБОТКА ПРОТОКОЛА АГРОБАКТЕРИАЛЬНОЙ ТРАНСФОРМАЦИИ И ПОЛУЧЕНИЕ СТАБИЛЬНО ЭКСПРЕССИРУЮЩИХ ЛИНИЙ ВОЛЬФИИ БЕСКОРНЕВОЙ (WOLFFIA ARRHIZA) СОДЕРЖАЩИХ ГЕНЫ БЕЛКОВ ФАРМАЦЕВТИЧЕСКОГО НАЗНАЧЕНИЯ  
П.А. Хватков, А.Н. Шведова, М.А. Чернобровкина, А.С. Пушкин, А.П. Фирсов, Л.А. Шалойко, С.В. Долгов .....578

ЦИТОМЕГАЛОВИРУС ИНДУЦИРУЕТ УСТОЙЧИВОСТЬ ОПУХОЛЕВЫХ КЛЕТОК ТНР-1 К ХИМИОТЕРАПИИ, ВЛИЯЯ НА МЕТАБОЛИЗМ ПОЛИАМИНОВ  
С.С. Емельянова, Я.Ю. Чернорыж, К.И. Юрлов, Н.Ф. Закирова, Г.Р. Виноградская, В.Н. Вербенко.....581

БИОМИМЕТИЧЕСКИЕ СТРУКТУРЫ ПЛЕНОК БИОСИНТЕТИЧЕСКОГО ПОЛИ-3-ОКСИБУТИРАТА  
В.В. Воинова, Е.А. Акулина, А.А. Дудун, К.А. Меньших, А.П. Бонарцев, Д.В. Чеснокова, Т.К. Махина, Г.А. Бонарцева, И.Г. Чишанков, Т.М. Жданко, В.И. Куликовская, К.В. Шайтан, В.Е. Агабеков .....585

СОЗДАНИЕ 3D КЛЕТОЧНЫХ СФЕРОИДОВ НА МИКРОСФЕРАХ ИЗ ПОЛИ-3-ОКСИБУТИРАТА  
К.А. Меньших, В.В. Воинова, А.П. Бонарцев .....587

ТЕХНОЛОГИЯ ХРАНЕНИЯ МАКСИМАЛЬНОГО КОЛИЧЕСТВА ГЕНОВ ВИДА РАСТЕНИЙ В МИНИМАЛЬНОМ КОЛИЧЕСТВЕ КОМПОНЕНТОВ ЕГО БИОЛОГИЧЕСКОГО БАНКА ГЕНОВ  
Н.С. Купцов, Е.Г. Попов .....588

НОВЫЕ ЧЕЛНОЧНЫЕ ВЕКТОРЫ НА ОСНОВЕ ПРИРОДНЫХ ПЛАЗМИД БАКТЕРИИ HELICOBACTER PYLORI  
А.М. Белова, Д.В. Басманов, В.В. Бабенко, Т.В. Митько, Д.В. Клинов, В.Н. Лазарев.....592

ФИЗИОЛОГО-БИОХИМИЧЕСКИЕ ОСОБЕННОСТИ ЭКСПРЕССИИ ГЕНА СТИЛЬБЕНСИНТАЗЫ ВИНОГРАДА В ТРАНСГЕННЫХ РАСТЕНИЯХ ТАБАКА  
Е.Б. Рукавцова, В.В. Алексеева, С.В. Тарлачков, Н.С. Захарченко, А.К. Сурин, Е.Ю. Горбунова, В.Н. Азев, Я.И. Бурьянов .....594

ОРГАНОСПЕЦИФИЧНОСТЬ ЭПОКСИАЛКОГОЛЬСИНТАЗНОЙ АКТИВНОСТИ ЦИТОХРОМОВ P450 СЕМЕЙСТВА СУР74 ОГУРЦА CUCUMIS SATIVUS  
Е.К. Аскарова, С.С. Горина, Е.О. Смирнова, Я.Ю. Топоркова, Л.Ш. Мухтарова, А.Н. Гречкин.....596

НОВЫЙ СПОСОБ ВЫСОКОЭФФЕКТИВНОЙ ВНУТРИКЛЕТОЧНОЙ ДОСТАВКИ БИОМОЛЕКУЛ НА ОСНОВЕ МОНОСЛОЕВ ЗОЛОТЫХ НАНОЧАСТИЦ С ПРИМЕНЕНИЕМ ИК-ЛАЗЕРА  
Е.С. Авдеева, Т.Е. Пылаев, Н.Г. Хлебцов.....599

НУКЛЕОТИДНЫЙ АНАЛИЗ ГЕНОВ СИНТЕЗА NOD-ФАКТОРА ШТАММА SINORHIZOBIUM MELILOTI AK555 – ВЫСОКОЭФФЕКТИВНОГО СИМБИОНТА ЛЮЦЕРНЫ  
А.С. Саксаганская, В.С. Мунтян, Ю.В. Лактионов, М.Л. Румянцева, Б.В. Симаров .....601

РАЗРАБОТКА CRISPR-CAS9 СИСТЕМЫ РЕДАКТИРОВАНИЯ ГЕНОМА ДРОЖЖЕЙ YARROWIA LIPOLYTICA НА ПРИМЕРЕ СИНТЕЗА В-КАРОТИНА  
М.О. Таратынова, Е.Ю. Юзбашева, Ю.М. Косихина, С.П. Синеекий.....602

СОЗДАНИЕ УСТОЙЧИВЫХ К ВИРУСУ ШАРКИ КОСТОЧКОВЫХ КУЛЬТУР БИОИНЖЕНЕРНЫМИ МЕТОДАМИ  
Т.Н. Сидорова, В.Р. Тимербаев, Л.Ю. Муринец, О.А. Шульга, А.С. Пушкин, А.П. Фирсов, С.В. Долгов .....604

РЕКОМБИНАНТНЫЕ ДИВИНИЛЭФИРСИНТАЗЫ (ДЭС): ПОЛУЧЕНИЕ, ОЧИСТКА, АНАЛИЗ ПРОДУКТОВ РЕАКЦИИ  
Е.О. Смирнова, М.Е. Воробьева, С.С. Горина, Е.К. Аскарова, Т.М. Ильина, Я.Ю. Топоркова, А.Н. Гречкин.....608

ОСОБЕННОСТИ КАТАЛИТИЧЕСКОГО ДЕЙСТВИЯ ЦИТОХРОМОВ P450 СЕМЕЙСТВА СУР74  
В.С. Фатыхова, Е.О. Смирнова, М.Е. Воробьева, Е.К. Аскарова, С.С. Горина, Т.М. Ильина, Я.Ю. Топоркова, А.Н. Гречкин .....610

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ МАНИПУЛЯЦИИ ГЕНА, КОДИРУЮЩЕГО МИТОХОНДРИАЛЬНЫЙ ТРАНСПОРТЕР ЦИТРАТА, НА ПРОДУКЦИЮ ОРГАНИЧЕСКИХ КИСЛОТ ДРОЖЖАМИ YARROWIA LIPOLYTICA  
Ю.М. Косихина, Е.Ю. Юзбашева, А.В. Шутов, М.О. Таратынова, С.П. Синеекий .....611

ПОЛУЧЕНИЕ СЕМЕНИ АМЕРИКАНСКОЙ НОРКИ ПРИ ПОМОЩИ ЧРЕЗКОЖНОЙ АСПИРАЦИОННОЙ БИОПСИИ ПРИДАТКА СЕМЕННИКА  
Д.В. Попов, Г.Ю. Косовский, С.П. Шипова .....613

ЛИТЕРАТУРА

- El-Naggar A.K., Chan J.K.C., Grandis J.R., Takata T., Slootweg P.J. (2017) Classification of Head and Neck Tumours. Fourth edition. World Health Organization. 9, 348.
- Tan K.L., Mah P.K., Rajasoorya C., Sim C.S., Chia F.K. (1996) Paraganglioma with pulmonary metastases: a case report. ANNALS Academy of Medicine Singapore. 25(4), 592–595.
- Kumari K., Jain D., Kumar R., Mohan A., Kumar R. (2017) Metastatic carotid body paraganglioma of lungs and lymph nodes: Unsuspected diagnosis on EBUS-TBNA. Diagnostic Cytopathology. 45(4), 327–332.
- Bayley J.P., Kunst H.P., Cascon A., Sampietro M.L., Gaal J., Korpershoek E., Hinojar-Gutierrez A., Timmers H.J., Hoefsloot L.H., Hermesen M.A., Suarez C., Hussain A.K., Vriends A.H., Hes F.J., Jansen J.C., Tops C.M., Corssmit E.P., de Krijger R.R., Robledo M. (2010) SDHAF2 mutations in familial and sporadic paraganglioma and pheochromocytoma. Lancet Oncology. 11, 366–372.
- Hensen E.F., Bayley J.P. (2011) Recent advances in the genetics of SDH-related paraganglioma and pheochromocytoma. Familial Cancer. 10, 355–363.
- Hensen E.F., Siemers M.D., Jansen J.C., Corssmit E.P., Romijn J.A., Tops C.M., van der Mey A.G., Devilee P., Cornelisse C.J., Bayley J.P., Vriends A.H. (2011) Mutations in SDHD are the major determinants of the clinical characteristics of Dutch head and neck paraganglioma patients. Clinical Endocrinology. 75, 650–655.
- Zhikrivetskaya S.O., Snezhkina A.V., Zaretsky A.R., Alekseev B.Y., Pokrovsky A.V., Golovyuk A.L., Melnikova N.V., Stepanov O.A., Kalinin D.V., Moskalev A.A., Krasnov G.S., Dmitriev A.A., Kudryavtseva A.V. (2017) Molecular markers of paragangliomas/pheochromocytomas. Oncotarget. 8, 25756–25782.
- Bolger A.M., Lohse M., Usadel B. (2014) Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. Bioinformatics. 30, 2114–2120.
- Li H., Durbin R. (2010) Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform. Bioinformatics. 26, 589–595.
- Li H., Handsaker B., Wysoker A., Fennell T., Ruan J., Homer N., Marth G., Abecasis G., Durbin R., Genome Project Data Processing S. (2009) The Sequence Alignment/Map format and SAMtools. Bioinformatics. 25, 2078–2079.
- Li H. (2011) A statistical framework for SNP calling, mutation discovery, association mapping and population genetical parameter estimation from sequencing data. Bioinformatics. 27, 2987–2993.
- Garrison E., Marth G. (2012) Haplotype-based variant detection from short-read sequencing. arXiv. 1207.3907 [q-bio. GN].
- Cingolani P., Platts A., Wang le L., Coon M., Nguyen T., Wang L., Land S.J., Lu X., Ruden D.M. (2012) A program for annotating and predicting the effects of single nucleotide polymorphisms, SnpEff: SNPs in the genome of *Drosophila melanogaster* strain w1118; iso-2; iso-3. Fly (Austin). 6, 80–92.

УДК 328

**THE PROPERTIES OF MIRNA INTERACTION WITH 5' AND 3' UTR MRNA GENES HAVING NUCLEOTIDE REPEATS**

*A.M. Belkozhayev, R.E. Niyazova*

*Al-Farabi Kazakh National University, Faculty of Biology and Biotechnology, Almaty, Republic of Kazakhstan*

Several diseases are caused by above – threshold expansion of certain trinucleotide repeats occurring in a protein-coding or non-coding region [1]. miRNAs are regulators of the expression of genes involved in the development of nucleotide repeat disorders. The expression of many genes is regulated by the binding of their mRNA with miRNA, so it is required to identify which candidate genes of nucleotide repeat disorders and to what extent can interact with miRNA.

In this work we have been studied the characteristics of miRNAs binding sites located in 5' UTR and 3' UTR mRNA genes having nucleotide repeats.

miRNA binding sites were predicted by the MirTarget program, which determines: a) the start of the initiation of miRNA binding to mRNAs; b) the localization of miRNA binding sites in 5' UTRs, CDSs and 3' UTRs of the mRNAs; c) the free energy of interaction miRNA and the mRNA ( $\Delta G$ , kJ/mole); d) the schemes of nucleotide interactions between miRNAs and mRNAs [2].

The nucleotide sequences of human genes mRNAs have been downloaded from NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). Nucleotide sequences of human 2567 miRNAs have been downloaded from the miRBase database (<http://mirbase.org>).

100 candidate genes with nucleotide repeats have 897 miRNAs binding sites in the 5'UTR and 3'UTR mRNA. The  $\Delta G/\Delta G_m$  values equal to 87 % or more. From this results only 19 miRNAs have binding sites in 20 mRNAs of genes with a free interaction energy greater than -120 kJ/mol.

Binding sites of 11 miRNAs have been found in 5'UTR mRNAs of 13 candidate genes: *ABCC1*, *ADNP*, *ATP11B*, *ACADM*, *ARID3A*, *ASXL1*, *ARID1A*, *ARHGAP17*, *ASH1L*, *ASTN2*, *ARRB1*, *ANKRD11* and *AMFR*. The mRNAs of *ARL4C*, *ADARB1*, *ATXN7L1*, *ACSL6*, *AKT2*, *AGPAT6* and *APBB1IP* genes have ten miRNAs binding sites in 3'UTR.

Only three genes of the 20 candidate genes with a free interaction energy greater than -120 kJ/mol predicted as targets of two or more miRNAs: *APBB1IP* (miR-4763-3p, miR-3960, miR-328-5p); *ASTN2* (miR-4763-3p, miR-4707-5p); *AGPAT6* (miR-1273d, miR-1226-5p). Among miRNAs that bind with high energy to mRNA genes with nucleotide repeats, we choose four miRNAs that have binding sites in mRNAs of two or more genes: miR-619-5p (*ACSL6*, *AKT2*); miR-6089 (*ACADM*, *ARID3A*, *ASXL1*); miR-4787-5p (*AGPAT6*, *ARHGAP17*, *ASH1L*); miR-4763-3p (*APBB1IP*, *ASTN2*).

The mRNAs of *AGPAT6*, *ARHGAP17* and *ASH1L* genes having nucleotide repeats (GGAGUUGCCGCGCCGCCCCAC)<sub>GCC4</sub>, (GGGCCGCGCCGCCACCGCCGC)<sub>CCG5</sub> and (GGAGCUGCCGCGCCACCGCCGC)<sub>GCC4</sub> in 3' and 5' UTRs are a targets of miR-4787-5p. The obtained results of the mRNA of *ASXL1* and *ARID1A* genes indicated that the miR-6089 and miR-6081 bind with (CCGCCGCGCCCCUCCCCACCGCC)<sub>CCG3</sub>/ (GGCGCCUCGGCCGCGCCGCGCCGCU)<sub>GCC5</sub> repeats in 5' UTR. miR-3960 and miR-1908-3p bind with mRNA of *APBB1IP* and *ARRB1* genes in sites with (CCCCGCGCGCCGCGCCGC)<sub>CCG5</sub> and (CGGGGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG)<sub>CCG5</sub> repeats in 3' UTR and in 5'UTR, respectively.

mRNAs of non-polyglutamine disorders genes (*ATXN10*, *AFF2*, *CNBP*, *DMPK*, *FMRI*, *FXN*, *JPH3* and *PPP2R2B*) have 202 miRNAs binding sites in 5'UTR and 3'UTR. The  $\Delta G/\Delta G_m$  values equal to 87 %. *AFF2* and *FMRI* mRNAs bind with miR-3960 and miR-4258 in regions with nucleotide repeat sequences. miR-3960 and miR-4258 bind with (GCCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCCGCGCCGCGCCGCGCCGCGCC)<sub>GCC15</sub> and (CGGGGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG)<sub>CCG19</sub> repeats with  $\Delta G/\Delta G_m$  values equal or more than 85 % in 5'UTR.

Thus, miRNAs binding sites with mRNA genes of having nucleotide repeats have been predicted. Studying the binding characteristics of miRNA and genes will help identify associations of miRNAs with genes with nucleotide repeats for recommending for the diagnosis of nucleotide repeat expansion disorders.

## REFERENCES

- Dumitrescu L., Popescu B. MicroRNAs in CAG Trinucleotide Repeat Expansion Disorders // CNS & Neurological Disorders – Drug Targets (Formerly Current Drug Targets – CNS & Neurological Disorders), Volume 14, Number 2, 2015, pp. 176–193(18).
- Ivashchenko A., Berillo O., Pyrkova A., Niyazova R. MiR-3960 binding sites with mRNA of human genes // Bioinformation. – 2014. – Vol.10. – N7. – P. 423–427.

УДК 57.05; 58.01; 581.1

## CHARACTERISTICS OF INTERACTION OF MIRNAS WITH MRNA GENES OF HEAT STRESS TRANSCRIPTION FACTORS

*A.K. Rakhmetullina, A.T. Ivashchenko*

*Scientific Research Institute of biology and Biotechnology Problems, Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan*

Heat stress transcription factors (HSF) play a key role in plants response to several abiotic stresses by controlling the expression of stress-responsive genes, such as heat shock proteins [1, 2]. In recent years, the important role of miRNAs in regulating the expression of many plant genes has been established [3, 4]. However limited studies has been reported for the association of miRNA with the expression of plant HSF genes. In the present work, the task is to determine the characteristics of the interaction of miRNA with the mRNA genes of the HSF family *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*, *Triticum aestivum*, *Zea mays*. The nucleotide mRNA sequences of the HSF family were taken from Plant Transcription Factor Database v4.0 (<http://plantfdb.cbi.pku.edu.cn/index.php>; <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). miRNAs were borrowed from miRBase v. 22 (<http://www.mirbase.org/>). The search for miRNA target genes was carried out in the MirTarget program [5, 6]. This program defines the start of miRNA binding sites with mRNA; the localization of miRNA binding sites in the 5' – untranslated region (5'UTR), the protein-coding region (CDS) and the 3' – untranslated region (3'UTR) of mRNA; the free energy of hybridization ( $\Delta G$ , kJ/mole) and schemes of nucleotide interactions between miRNA and mRNA. The miRNA binding sites were selected to have the  $\Delta G/\Delta G_m$  ratio of more than 85 %, taking into account the  $\Delta G$  value and miRNA length.