

Санкт-Петербургский Центр Системного Анализа

*Синергия науки
и практики в контексте
инновационных прорывов
в развитии экономики
и общества: национальный
и международные аспекты*

*Сборник
научных статей по итогам
международной научно-практической конференции*

9 – 10 декабря 2019 года

Санкт-Петербург

САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКИЙ ЦЕНТР СИСТЕМНОГО АНАЛИЗА

СИНЕРГИЯ НАУКИ И ПРАКТИКИ
В КОНТЕКСТЕ ИННОВАЦИОННЫХ
ПРОРЫВОВ В РАЗВИТИИ ЭКОНОМИКИ
И ОБЩЕСТВА: НАЦИОНАЛЬНЫЙ
И МЕЖДУНАРОДНЫЕ АСПЕКТЫ

*СБОРНИК НАУЧНЫХ СТАТЕЙ
ПО ИТОГАМ МЕЖДУНАРОДНОЙ НАУЧНО-ПРАКТИЧЕСКОЙ
КОНФЕРЕНЦИИ*

9-10 декабря 2019 года

Санкт-Петербург

ИЗДАТЕЛЬСТВО
САНКТ-ПЕТЕРБУРГСКОГО ГОСУДАРСТВЕННОГО
ЭКОНОМИЧЕСКОГО УНИВЕРСИТЕТА
2019

**СОДЕРЖАНИЕ****АСТРОНОМИЯ. ГЕОДЕЗИЯ**

<i>Гура Д.А., Павлюкова А.П., Акоюн Г.Т.</i> ИНФОРМАЦИОННОЕ ОБЕСПЕЧЕНИЕ ВОДНОГО РЕЕСТРА И КАДАСТРА НЕДВИЖИМОСТИ ЦИФРОВЫМИ ДАННЫМИ.....	9
<i>Талгат А.Т., Тауштай Е.Т.</i> ПРИНЦИПЫ СОЗДАНИЯ ИПД ПО ОБЪЕКТАМ ЗАГРЯЗНЕНИЯ ВОЗДУШНОЙ СРЕДЫ КРУПНЫХ ГОРОДОВ.....	13

БИОЛОГИЧЕСКИЕ НАУКИ

<i>Сизенцов А.Н., Филиппова О.А., Ярославцева О.Д., Каширина А.М., Кузьмина А.Ю., Хадиева Э.Р.</i> СРАВНИТЕЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ИНГИБИРУЮЩИХ ХАРАКТЕРИСТИК ФОСФОМИЦИНА И ЛИНКОМИЦИНА В ОТНОШЕНИИ УСЛОВНО-ПАТОГЕННЫХ И ПАТОГЕННЫХ ШТАММОВ.....	18
<i>Сизенцов Я.А., Вельш О.А., Смольникова Т.С., Филончикова Е.С., Королева А.А., Беринцева А.В.</i> ОЦЕНКА ВЛИЯНИЯ СОЛЕЙ СВИНЦА И КАДМИЯ С РАЗЛИЧНЫМ АНИОННЫМ КОМПОНЕНТОМ НА КИСЛОТНУЮ РЕЗИСТЕНТНОСТЬ ЭРИТРОЦИТОВ.....	23
<i>Суслов В.С., Сизенцов Я.А., Миндолова Ю.В., Атякова А.А., Блиялкина Д.К., Синеок Д.М.</i> ОЦЕНКА КОМПЛЕКСНОГО ВОЗДЕЙСТВИЯ АНТИБИОТИКОВ И ЭССЕНЦИАЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В ОТНОШЕНИИ ПАТОГЕННЫХ И УСЛОВНО ПАТОГЕННЫХ ВЫСОКО РЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ.....	27
<i>Суслов В.С., Вельш О.А., Королева А.А., Беринцева А.В., Баранова А.П., Хадиева Э.Р.</i> ИССЛЕДОВАНИЕ ИНГИБИРУЮЩИХ ХАРАКТЕРИСТИК КСЕНОБИОТИЧЕСКИХ ЭЛЕМЕНТОВ В ОТНОШЕНИИ <i>E. COLI</i>	31
<i>Филиппова О.А., Баранова А.П., Атякова А.А., Блиялкина Д.К., Синеок Д.М., Сизенцов А.Н.</i> ОЦЕНКА ИНГИБИРУЮЩИХ ХАРАКТЕРИСТИК ЭССЕНЦИАЛЬНЫХ ЭЛЕМЕНТОВ В ОТНОШЕНИИ ПАТОГЕННЫХ И УСЛОВНО-ПАТОГЕННЫХ ПОЛИРЕЗИСТЕНТНЫХ ШТАММОВ.....	35
<i>Филиппова О.А., Сальникова В.И., Сизенцов Я.А., Лылова В.К., Ершова К.А., Чиндяева Н.С.</i> ОЦЕНКА СПОСОБНОСТИ МИКРООРГАНИЗМОВ К ИЗБИРАТЕЛЬНОЙ СОРБЦИИ ТЯЖЕЛЫХ МЕТАЛЛОВ.....	39
<i>Чуева В.Д.</i> ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ РАСТИТЕЛЬНОГО СЫРЬЯ В КАЧЕСТВЕ КОМПОНЕНТА ДЛЯ ПРИГОТОВЛЕНИЯ ФУНКЦИОНАЛЬНОГО НАПИТКА.....	43

БИОТЕХНОЛОГИИ

<i>Муравлев А.А.</i> РЕГЕНЕРАЦИЯ ЭМБРИОИДОВ ЯРОВОГО РАПСА (<i>BRASSICA NAPUS L.</i>).....	46
<i>Рахметуллина А.К., Иващенко А.Т.</i> ХАРАКТЕРИСТИКИ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA В mRNA ГЕНОВ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ ERF РАСТЕНИЙ.....	49

ВЕТЕРИНАРНЫЕ НАУКИ

<i>Тегза И.М., Тегза А.А., Ахметчина Т.А., Алпеисов Р.Д.</i> ВВЕДЕНИЕ ФЕРМЕНТНО-ПРОБИОТИЧЕСКОЙ ДОБАВКИ "БИТАЦЕЛ" В РАЦИОН КОРМЛЕНИЯ ВЫСОКОПРОДУКТИВНЫХ КОРОВ ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ.....	52
--	----

ИНФОРМАЦИОННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ

<i>Вакурова Н.В., Московкин Л.И.</i> ИНСТИТУЦИОНАЛЬНАЯ ЦЕНзуРА И ЕЕ ВЛИЯНИЕ НА ЖУРНАЛИСТСКУЮ ПРАКТИКУ.....	56
<i>Вахонина К.В.</i> ИССЛЕДОВАНИЕ ПРОБЛЕМ ЗЕМЕЛЬНОГО ОТДЕЛА ДЕПАРТАМЕНТА АРХИТЕКТУРЫ ГРАДОСТРОИТЕЛЬСТВА И НЕДВИЖИМОСТИ ГОРОДА САЯНОГОРСКА.....	66
<i>Исаев Р.А., Лентяева Т.В., Салямов Р.Р., Шишковский А.К.</i> РАЗРАБОТКА СТАТИСТИЧЕСКОЙ МАШИНЫ ДЛЯ ОБРАБОТКИ ПРИЗНАКОВ ФИНАНСОВЫХ РЯДОВ.....	69
<i>Сатыбалдиев А.А., Тауштай Е.Т.</i> ПЕРСПЕКТИВЫ ИСПОЛЬЗОВАНИЯ НЕЙРОННЫХ СЕТЕЙ ДЛЯ СЖАТИЯ ДАННЫХ.....	88
<i>Сухомлинов А.И.</i> АРХИТЕКТУРА ИНФОРМАЦИОННОЙ СИСТЕМЫ ОПЕРАТИВНОГО ПЛАНИРОВАНИЯ В ПРОМЫШЛЕННОСТИ, ОСНОВАННОГО НА ПРОИЗВОДСТВЕННЫХ ЗНАНИЯХ.....	93

УДК 577.21
ББК 28.0

Рахметуллина Айжан Казиевна, PhD-докторант,
Казахский национальный университет им. аль-Фараби,
г. Алматы, Республика Казахстан
e-mail: zhanullina1994@gmail.com

Иващенко Анатолий Тимофеевич, д-р биол. наук, профессор,
НИИ Проблем биологии и биотехнологии
Казахский национальный университет им. аль-Фараби,
г. Алматы, Республика Казахстан
e-mail: a.iavashchenko@gmail.com

ХАРАКТЕРИСТИКИ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA В mRNA ГЕНОВ ТРАНСКРИПЦИОННЫХ ФАКТОРОВ ERF РАСТЕНИЙ

Аннотация: Семейство транскрипционных факторов ответа на этилен (ERF) играют ключевую роль в реакции растений на различные виды биотического и абиотического стресса. В работе с помощью биоинформатических подходов представлены характеристики взаимодействия miRNA с mRNA генов семейства ERF риса, пшеницы и кукурузы. Сайты связывания miRNA были расположены в 5'UTR, CDS и 3'UTR. Результаты работы показали, что экспрессия генов ERF может контролироваться сайтами связывания miRNA с mRNA.

Ключевые слова: miRNA, mRNA, ген, транскрипционный фактор, растение.

Rakhmetullina Aizhan Kazievna, PhD-student,
al-Farabi Kazakh National University
e-mail: zhanullina1994@gmail.com

Ivashchenko Anatoliy Timofeevich,
doctor of biological sciences, professor,
Scientific research institute of biology and biotechnology problems,
al-Farabi Kazakh National University
e-mail: a.iavashchenko@gmail.com

THE CHARACTERISTICS OF miRNA BINDING SITES WITH mRNA OF ETHYLENE RESPONSE TRANSCRIPTION FACTORS OF PLANTS

Annotation: The Ethylene Response transcription factor families (ERF) play a key role in responses to various types of biotic and abiotic stress. The study presents the characteristics of miRNA interaction with mRNAs of ERF genes of rice, wheat and corn, using bioinformatic approaches. Plant miRNA binding sites were located in 5'UTR, CDS and 3'UTR. The results of the work revealed that expression of ERF genes could be controlled by miRNA binding sites to their mRNA.

Key words: miRNA, mRNA, gene, transcription factor, plant.

Introduction: miRNAs involved in the regulation of gene expression of plant development, cellular metabolism, and response of organisms to biotic and abiotic stress [1]. Previous studies have shown that most miRNAs regulate cellular system by controlling transcription factors, which have huge importance in regulating growth and development in plants [2; 3; 4]. In the present study, we focused on interaction of miRNAs with mRNAs of the ERF genes in *Oryza sativa*, *Triticum aestivum* and *Zea mays*. The ERF is one of the largest families encode transcriptional regulators with functions involved in the different physiological processes of plants [5]. The ERF includes about 150 proteins that are involved in the regulation of flowers and seeds development as well as in transmitting ethylene signal [6].

Materials and methods: The nucleotide sequences of *O. sativa*, *T. aestivum* and *Z. mays* genes of the ERF were borrowed from Plant Transcription Factor Database v4.0 (<http://planttfdb.cbi.pku.edu.cn/index.php>). The nucleotide sequences of miRNAs were taken from miRBase v.22 (<http://www.mirbase.org/>). The miRNAs binding sites in mRNA of several genes were predicted using the MirTarget program [7]. This program defines the following features of miRNA binding to mRNA: a) the start of the initiation of miRNA binding to mRNAs from the first nucleotide of the mRNAs; b) the localization of miRNA binding sites in 5'UTR, CDS and 3'UTR of the mRNAs; c) the free energy of interaction miRNA and the mRNA (ΔG , kJ/mole); d) the schemes of nucleotide interactions between miRNAs and mRNAs.

Results and discussion: The quantitative characteristics of 738 osa-miRNAs binding to mRNAs of 138 ERF genes of the *O. sativa* were established. Only 53 genes were targets for 49 miRNAs (Table 1). For miR2102-5p there were 19 genes with $\Delta G/\Delta G_m$ value ranging from 88% to 93%. miR5075-3p interacted with mRNA of 12 genes with $\Delta G/\Delta G_m$ value of 88% to 91%. Four target genes were associated with miR5819-5p. miR2102-3p, miR5809-3p, miR5809-3p could bind with mRNA of three genes. miR11339-5p, miR1427-3p, miR1848-5p, miR2925-5p, miR2927-5p, miR529a-3p, miR6249a,b-5p had two target genes with $\Delta G/\Delta G_m$ value ranging from 88% to 91%. Two binding sites in the mRNA of the LOC_Os07g38750.1, LOC_Os06g11860.1, LOC_Os04g55520.1, LOC_Os04g32790.1 genes, were identified for miR2102-5p, the distance between the beginnings of these binding sites was 520 nt, 6 nt, 75 nt and 155 nt, respectively. miR2919 also had two binding sites in the mRNA of the LOC_Os02g09650.1, LOC_Os01g12440.1 genes, the distance between the beginnings was 25 nt and 125 nt.

miRNA that has several binding sites, may have an increased effect on target gene expression. The rest 27 miRNAs (miR11339-3p, miR11343-3p, miR1423-3p, miR169r-3p, miR169r-5p, miR1846d-3p, miR1846e-5p, miR1858a,b-5p, miR2103-5p, miR2275c-5p, miR2926-5p, miR396c-5p, miR3979-5p, miR414-5p, miR415-5p, miR439a,b,c,d,e,f,g,h,i-3p, miR5074-5p, miR5152-3p, miR531b-5p, miR5504-3p, miR5529-3p, miR5531-5p, miR5534a,b-5p, miR5821-5p, miR812q-3p) had only one target genes, with $\Delta G/\Delta G_m$ value of 88% to 96%. It should be noted that all members of miR439a,b,c,d,e,f,g,h,i-3p family had binding sites in mRNA of LOC_Os02g13710.1 gene due to the homology of their nucleotide sequences. The miRNA binding sites in the mRNA of the ERF genes of *O. sativa* were located in 5'UTR, CDS and 3'UTR and the great number of miRNAs binding sites were detected in CDS.

Table 1 – Characteristics of miRNA binding sites in mRNA of ER transcription factor genes of *O. sativa*

Gene	miRNA	Start of site, nt	Region	ΔG , kJ/mole	$\Delta G/\Delta G_m$, %	Length, nt
LOC_Os02g54050.1	miR11343-3p	304	5'UTR	-100	96	21
LOC_Os04g32790.1	miR2102-5p	810	CDS	-113	93	20
LOC_Os06g36000.1	miR2102-5p	689	CDS	-113	93	20
LOC_Os07g38750.1	miR2102-5p	497	CDS	-113	93	20
LOC_Os07g03250.1	miR2102-3p	465	CDS	-117	92	22
LOC_Os06g42990.1	miR3979-5p	214	CDS	-100	92	20
LOC_Os01g54890.1	miR1846e-5p	284	CDS	-104	91	20
LOC_Os02g38090.1	miR2102-5p	689	CDS	-110	91	20
LOC_Os04g32790.1	miR2102-5p	965	CDS	-110	91	20
LOC_Os02g09650.1	miR2275c-5p	4986	3'UTR	-104	91	23
LOC_Os06g08340.1	miR2925-5p	206	CDS	-102	91	19
LOC_Os04g32790.1	miR5075-3p	340	CDS	-113	91	21
LOC_Os05g37640.1	miR531b-5p	620	CDS	-110	91	20
LOC_Os04g56150.1	miR5504-3p	188	5'UTR	-106	91	21
LOC_Os05g28350.1	miR5819-5p	404	CDS	-113	91	21
LOC_Os05g34730.1	miR11339-5p	1590	3'UTR	-98	90	21
LOC_Os12g41060.1	miR1427-3p	370	CDS	-110	90	21
LOC_Os01g12440.1	miR2919	208	5'UTR	-98	90	19
LOC_Os04g46440.1	miR415-5p	901	3'UTR	-100	90	21
LOC_Os01g64790.1	miR5075-3p	91	CDS	-110	90	21
LOC_Os02g52670.1	miR5075-3p	739	CDS	-110	90	21
LOC_Os03g08490.1	miR5075-3p	355	CDS	-110	90	21
LOC_Os04g34970.1	miR5075-3p	145	CDS	-110	90	21
LOC_Os04g46400.1	miR5075-3p	358	CDS	-110	90	21
LOC_Os07g47330.1	miR5534a,b-5p	736	CDS	-100	90	21
LOC_Os09g11460.1	miR5819-5p	142	CDS	-110	90	21

Interaction schemes of miRNA and mRNA LOC_Os02g54050.1, LOC_Os04g46440.1 genes (Figure 1) clearly show the formation hydrogen bonds of nucleotides. The nucleotide sequences of miR11339-3p, miR11339-5p, miR11343-3p, miR415-5p interacted with the entire length with the mRNA. Special feature of MirTarget program is the nucleotide interaction in miRNA with mRNA of target genes between non-canonical pairs of adenine (A) and cytosine (C), guanine (G) and uracil (U) via single hydrogen bond. Due to the participation of all nucleotides in the formation of hydrogen bonds between miRNA and mRNA, the spiral structure is preserved due to the stacking interactions of all nucleotides.

Figure 1 – Schemes of osa-miRNA interaction with mRNAs of ERF genes in *O. sativa*

Gene, miRNA, start of site, characteristics of binding	Gene, miRNA, start of site, characteristics of binding
LOC_Os02g54050.1; miR11339-3p; 307; 5'UTR; -96; 88 5' - UUAACA UUGC UCACA UUCA-3' 3' - GAUC GUAAC GGG GUGUAAGUAU-5'	LOC_Os02g54050.1; miR11343-3p; 305; 5'UTR; -100; 96 5' -UUUU AACA UUGC UCACA UUCA-3' 3' - AAAA UUGUAAC GGG GUGUAAGU-5'
LOC_Os02g54050.1; miR11339-5p; 377; 5'UTR; -96; 88 5' -CUAUAUGAAUGUG AGCAA AU-3' 3' -GAUAUACUACAC CCG UUAC G -5'	LOC_Os04g46440.1; miR415-5p; 901; 3'UTR; -100; 90 5' - UUA CUCUGCUUCUG GCUC UGUU-3' 3' - GAC GAGACGAAGAC AAG ACAA-5'
Note: The upper and lower sequences of mRNA and miRNA, respectively. The bold type indicates the nucleotide of non-canonical pairs U-G, A-C.	

The binding of 125 miRNAs to mRNAs of 169 ERF genes of *T. aestivum* was studied. It was found that only five genes were targets for miRNAs (Table 2). The mRNAs were bound with miR7757-5p, miR9677b-5p, miR9778-5p, miR5200-3p, with $\Delta G/\Delta G_m$ value from 88% to 92%. miR9778-5p had targets in Traes_1AL_08BAD7CD3.1, Traes_1BL_09D8BE2C9.1 genes with $\Delta G/\Delta G_m$ equal to 89%. The identified miRNA binding sites were located in CDS.

The study of the binding of 325 miRNA to mRNA of 186 genes of the ERF *Z. mays* found that only 18 genes were targets for 40 miRNAs with $\Delta G/\Delta G_m$ from 88% to 91%. 27 miRNA binding sites were located in CDS, 13 in 5'UTR. All miRNAs had only one or two target genes.

Table 2 – Characteristics of miRNA binding sites in mRNA of ERF genes of *T. aestivum* and *Z. mays*.

Gene	miRNA	Start of site, nt	Region	ΔG , kJ/mole	$\Delta G/\Delta G_m$, %	Length, nt
<i>Triticum aestivum</i>						
Traes_5BL_7F0FD1538.2	miR7757-5p	2096	CDS	-102	92	22
Traes_2BL_FC0F8A3DC.1	miR9677b-5p	304	CDS	-110	90	21
Traes_1AL_08BAD7CD3.1	miR9778-5p	435	CDS	-100	89	21
Traes_1BL_09D8BE2C9.1	miR9778-5p	435	CDS	-100	89	21
Traes_5BL_7F0FD1538.2	miR5200-3p	3396	CDS	-96	88	21
<i>Zea mays</i>						
GRMZM2G474326_P01	miR160f-5p	525	CDS	-108	91	21
GRMZM2G060876_P01	miR529-5p	760	CDS	-100	90	21
GRMZM2G160971_P01	miR159e-5p	1077	CDS	-102	89	21
GRMZM2G060206_P01	miR159e-5p	583	CDS	-102	89	21
GRMZM2G474326_P01	miR160a,b,c-5p	525	CDS	-104	89	21
GRMZM2G474326_P01	miR160d,e,g-5p	525	CDS	-104	89	21
GRMZM2G005301_P01	miR160d-3p	800	CDS	-106	89	21
GRMZM2G020016_P01	miR164a,c-3p	623	CDS	-100	89	21
GRMZM2G020016_P01	miR164g-3p	623	CDS	-106	89	21
GRMZM2G020016_P01	miR164h-3p	623	CDS	-100	89	21
GRMZM2G139765_P01	miR167h,i-3p	1202	CDS	-89	89	19
GRMZM2G368838_P01	miR169f-3p	280	CDS	-100	89	21
GRMZM2G169382_P01	miR395a,b,d-j,n,p-3p	43	5'UTR	-100	89	21
GRMZM2G055070_P01	miR398b-5p	83	5'UTR	-106	89	21
GRMZM2G544539_P01	miR528a,b-3p	31	CDS	-102	89	21
GRMZM5G806839_P01	miR529-3p	468	CDS	-100	89	21
GRMZM2G175543_P01	miR11970-3p	60	5'UTR	-98	88	21
GRMZM2G106591_P01	miR159a-5p	1124	CDS	-96	88	21
GRMZM2G002119_P01	miR164b-3p	64	CDS	-96	88	20
GRMZM2G175543_P01	miR164d-3p	751	CDS	-96	88	20
GRMZM2G005301_P01	miR164d-3p	624	CDS	-96	88	20
GRMZM2G110333_P01	miR169a,b-3p	591	CDS	-98	88	21
GRMZM2G055180_P01	miR169q-3p	754	CDS	-93	88	19
GRMZM2G011110_P01	miR482-3p	925	CDS	-91	88	20

11 members of the miR395a,b,d,e,f,g,h,i,j,n,p-3p family were bind with mRNA of GRMZM2G169382_P01 gene with $\Delta G/\Delta G_m$ value equal 89%. For miR160a-g-5p family binding sites were found in the mRNA of GRMZM2G474326_P01 gene. The miRNAs of miR169a,b,f,q-3p family were bind with mRNA of GRMZM2G055180_P01, GRMZM2G368838_P01, GRMZM2G110333_P01 genes with the degree of complementarity of 88% – 89%. miR164a,b,c,g,h-3p had binding sites in the mRNA of GRMZM2G020016_P01, GRMZM2G002119_P01 genes. miR164d-3p and miR159e-5p could bind to mRNAs of two ERF genes.

$\Delta G/\Delta G_m$ value of interaction of miR164d-3p and miR159e-5p with mRNA of these genes was 88% and 89%, respectively. miR529-5p, miR529-3p, miR528a,b-3p, miR482-3p, miR398b-5p, miR167h,i-3p, miR160d-3p, miR159a-5p, miR11970-3p could bind to mRNAs of one target gene.

Conclusion: Present study has shown the presence of miRNA binding sites in mRNA of ERF plant genes with high complementarity. The mRNAs of the *O. sativa*, *T. aestivum*, *Z. mays* genes contains binding sites for 49, 4, 40 miRNAs, respectively. The miRNA binding sites in the mRNA genes mostly located in CDS. Some ERF genes had binding sites in 5'UTR, CDS, 3'UTR. The schemes of osa-miRNA interaction with mRNAs of ERF genes were constructed. The formation of non-canonical pairs A–C and G–U increases the free energy of interaction of miRNA with mRNA. osa-miR2102-5p, osa-miR5075-3p interacted with mRNA of 19 and 12 genes, respectively, which indicates the important role of these miRNAs in the regulation of the physiological functions of plants. The nucleotide sequences of the osa-miR2102-5p and osa-miR5075-3p binding sites in the mRNA of ERF genes were conserved, compared to flanking nucleotides of mRNA target genes. The predicted associations of miRNAs and ERF target genes can regulate various processes in plants.

References

1. Phillips J.R., Dalmay T., Bartels, D. The role of small RNAs in abiotic stress // FEBS Lett. – 2007. – V. 581. – P. 3592-3597.
2. Bari A., Sagaidak I., Pinskiy I., Orazova S., Ivashchenko A. Binding of miR396 to mRNA of Genes Encoding Growth-Regulating Transcription Factors of Plants // Russian Journal of Plant Physiology. – 2014. – V. 61. – P. 807-810.
3. Bari A., Orazova A., Ivashchenko A. miR156- and miR171-binding sites in the protein-coding sequences of several plant genes // BioMed Res. Int. – 2013. – V.10. – P. 1-7.
4. Rakhmetullina A., Régnier M., Ivashchenko A. The characteristics of miRNA binding sites with mRNA of MYB plant transcription factors // International Journal of Biology and Chemistry. – 2019. – № 1. – P. 60-67.
5. Nakano T., Suzuki K., Fujimura T., Shinshi H. Genome-Wide Analysis of the ERF Gene Family in Arabidopsis and Rice // Plant Physiol. – 2006. – V.140. – P. 411-432.
6. Wessler S.R. Homing into the origin of the AP2 DNA binding domain // Trends Plant Sci. – 2005. – V. 10. – P. 54-56.
7. Ivashchenko A., Pyrkova A., Niyazova R., Alybayeva A., Baskakov K. Prediction of miRNA binding sites in mRNA // Bioinformatics. – 2016. – V. 12. – P. 237-240.

**ВЕТЕРИНАРНЫЕ НАУКИ**

УДК 632.2.087.
ББК 48

Тегза Иван Миклошевич, канд. с/х наук, доцент,
Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова,
г. Костанай, Казахстан
e-mail: tegza4@mail.ru

Тегза Александра Алексеевна, д-р вет. наук, профессор,
Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова,
г. Костанай, Казахстан
e-mail: tegza4@mail.ru

Ахметчина Толкынай Акангалиевна, докторант,
Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова,
г. Костанай, Казахстан
e-mail: tolkynsun_15@mail.ru

Алпеисов Рустам Дулатович, магистрант,
Костанайский государственный университет им. А. Байтурсынова,
г. Костанай, Казахстан
e-mail: alpeisov_rustam@mail.ru

**ВВЕДЕНИЕ ФЕРМЕНТНО-ПРОБИОТИЧЕСКОЙ ДОБАВКИ "БИТАЦЕЛ"
В РАЦИОН КОРМЛЕНИЯ ВЫСОКОПРОДУКТИВНЫХ КОРОВ ГОЛШТИНСКОЙ ПОРОДЫ**

Аннотация: В статье обсуждается вопрос оптимизации кормления высокопродуктивного молочного скота, при использовании ферментно-пробиотических добавок в различные этапы лактации в хозяйствах с высоким технологическим уровнем ведения животноводства. Ферментно-пробиотическая добавка «Битацел» – снижает затраты корма, повышает молочность коров до 12%, а также увеличивает жирность молока на 0,1-0,3% за счет более высокой переваримости компонентов рациона и обеспечивает оптимальный баланс желудочно-кишечной микрофлоры и повышает интенсивность обменных процессов в организме.

Ключевые слова: голштинская порода, молочная продуктивность, ферментно-пробиотическая добавка, питательность, химический состав корма.