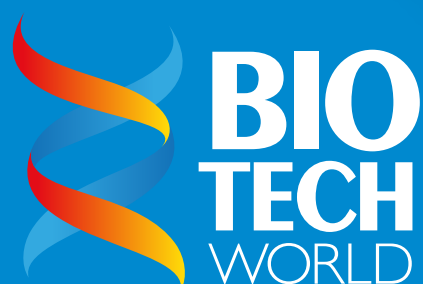


МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА
CONGRESS PROCEEDINGS



МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС
**БИОТЕХНОЛОГИЯ:
СОСТОЯНИЕ
И ПЕРСПЕКТИВЫ
РАЗВИТИЯ**

INTERNATIONAL CONGRESS
**BIOTECHNOLOGY:
STATE OF THE ART
AND PERSPECTIVES**

25 - 27 ФЕВРАЛЯ 2019
МОСКВА, ГОСТИНЫЙ ДВОР,
ИЛЬИНКА, 4

25 - 27 FEBRUARY 2019
ILYNKA 4, GOSTINY DVOR,
MOSCOW



WWW.BIOMOS.RU

МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС

**БИОТЕХНОЛОГИЯ:
СОСТОЯНИЕ
И ПЕРСПЕКТИВЫ
РАЗВИТИЯ**

ВЫПУСК 17

25 - 27 ФЕВРАЛЯ 2019
МОСКВА, ГОСТИНЫЙ ДВОР,
ИЛЬИНКА, 4

INTERNATIONAL CONGRESS

**BIOTECHNOLOGY:
STATE OF THE ART
AND PERSPECTIVES**

ISSUE 17

25 - 27 FEBRUARY, 2019
ILYNKA 4, GOSTINY DVOR,
MOSCOW

**МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС
«БИОТЕХНОЛОГИЯ: СОСТОЯНИЕ
И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ»**

Материалы международного конгресса
«Биотехнология: состояние и перспективы
развития»
25 - 27 ФЕВРАЛЯ 2019 Г.

Настоящие материалы конгресса созданы
на основании информации, предоставленной
участниками форума и одобренные
руководителями секций.

Материалы тезисов публикуются в авторской
версии. Организаторы не несут ответственности
за неточности и упущения в названиях и адресах,
представленных в данном сборнике.
Любое копирование и использование
материалов без письменного разрешения
Программного комитета не разрешено.

УДК 575.1/2::612.017.1 ББК 28.072
ISBN 978-5-9909118-0-2
ISSN: 2312-640X

© ООО "РЭД ГРУПП"
119049, г. Москва, ул. Донская, д. 2, стр. 1
info@biomos.ru www.biomos.ru

Все права на издание принадлежат ООО "РЭД
ГРУПП"- организатор международного конгресса
«Биотехнология: состояние и перспективы
развития»

**INTERNATIONAL CONGRESS «BIOTECHNOLOGY:
STATE OF THE ART AND PERSPECTIVES»**

The proceedings of International congress
«Biotechnology: state of the art and perspectives»
FEBRUARY 25 - 27, 2019.

DISCLAIMER

This book contains abstracts and complete papers
approved by the Congress Review Committee.
Authors are responsible for the content and accuracy.

Opinions expressed may not necessarily reflect the
position of the Scientific Council of congress.

Information in the Biotechnology: state of the art and
perspectives» 2019 Congress Proceedings is subject
to change without notice. No part of this book may
be reproduced or transmitted in any form or by any
means, electronic or mechanical, for any purpose,
without the express written permission of the
International Scientific Council of congress.

ISBN 978-5-9909118-0-2
ISSN: 2312-640X

Copyright © LLC "RED GROUP"
Moscow, Donskaya str., 2, b.1
info@biomos.ru www.biomos.ru

All Rights Reserved by LLC "RED GROUP - organizer
of the International congress «Biotechnology: state of
the art and perspectives».

БИОИНФОРМАТИКА И ИТ

BIOINFORMATICS AND IT

БОЛЬШИЕ МАССИВЫ ДАННЫХ

BIG DATA

1. САЙТЫ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA С mRNA, КОДИРУЮЩИЕ ОЛИГОПЕПТИДЫ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА TCP РАСТЕНИЙ, Рахметуллина А.К., Иващенко А.Т.	331
BINDING SITES OF miRNAs WITH mRNAs ENCODING OLIGOPEPTIDES OF PROTEINS OF THE TCP FAMILY OF PLANTS, Rakhmetullina A.K., Ivashchenko A.T.	332
2. СВЯЗЫВАНИЕ АЛЬФА-ФЕТОПРОТЕИНА ЧЕЛОВЕКА С ЭСТРОГЕНАМИ И АНТИЭСТРОГЕНАМИ: ИЗУЧЕНИЕ С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ И ДОКИНГА, Островерхова Д.С., Кадочников В.В., Молдогазиева Н.Т., Порозов Ю.Б.	333
BINDING OF HUMAN ALPHA-FETOPROTEIN WITH ESTROGENS AND ANTIESTROGENS: MOLECULAR MODELING AND DOCKING STUDY, Ostroverkhova D.S., Kadochnikov V.V., Moldogazieva N.T., Porozov Y.B.	334
3. ВЕБ СЕРВИС ДЛЯ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ АНТИРЕТРОВИРУСНОЙ АКТИВНОСТИ НА ОСНОВЕ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ МОДЕЛЕЙ ВЗАИМОСВЯЗИ СТРУКТУРА-АКТИВНОСТЬ, Л.А.Столбов, Д.С.Дружиловский, Д.А.Филимонов, А.В.Рудик, В.В.Поройков	335
WEB-SERVICE FOR ANTIRETROVIRAL ACTIVITY PREDICTION BASED ON MODELS OF QUANTITATIVE STRUCTURE-ACTIVITY RELATIONSHIPS, L.Stolbov, D.Druzhilovskiy, D.Filimonov, A.Rudik, V.Poroikov	336
4. ВИРТУАЛЬНЫЙ ПАЦИЕНТ, Киселев И.Н., Кутумова Е.О., Колпакова А.Ф., Колпаков Ф.А.	337
WEB-SERVICE FOR ANTIRETROVIRAL ACTIVITY PREDICTION BASED ON MODELS OF QUANTITATIVE STRUCTURE-VIRTUAL PATIENT, Kiselev I.N., Kutumova E.O., Kolpakova A.F., Kolpakov F.A.	338
5. ГЕНЫ МЫШИ, ПОТЕРЯННЫЕ У ГРЫЗУНОВ И ПРИМАТОВ С ВЫСОКОЙ ПРОДОЛЖИТЕЛЬНОСТЬЮ ЖИЗНИ, Рубанов Л.И., Шиловский Г.А., Селиверстов А.В., Зверков О.А., Любецкий В.А.	339
MOUSE GENES LOST IN RODENT AND PRIMATE SPECIES WITH LONG LIFESPAN, Rubanov L.I., Shilovsky G.A., Seliverstov A.V., Zverkov O.A., Lyubetsky V.A.	340
6. ИНТЕГРАЦИЯ В БАЗАХ ДАННЫХ НАУК О ЖИЗНИ, Василенко А.Н., Василенко М.А., Кочкина Г.А., Ступарь О.С., Озерская С.М.	341
DATA INTEGRATION IN LIFE SCIENCE DATABASES, Vasilenko A.N., Vasilenko M.A., Kochkina G.A., Stupar O.S., Ozerskaya S.M.	341
7. ИССЛЕДОВАНИЕ ТРАНСКРИПТОМА ПОЧТИ ИЗОГЕННОЙ ЛИНИИ ЯЧМЕНЯ С ЧАСТИЧНЫМ АЛЬБИНИЗМОМ, Шмаков Н.А., Глаголева А.Ю., Афонников Д.А., Хлесткина Е.К.	342
INVESTIGATING TRANSCRIPTOME OF BARLEY NEARLY ISOGENIC LINE WITH PARTIAL ALBINISM, Shmakov N.A., Glagoleva A.Y., Afonnikov D.A., Khlestkina E.K.	343
8. КЛАСТЕРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA С mRNA ГЕНОВ СУБТИПА HER2 РАКА МОЛОЧНОЙ ЖЕЛЕЗЫ, Айсина Д.Е.	343
CLUSTER ORGANIZATION OF miRNA WITH mRNA GENES HER2 SUBTYPE BREAST CANCER, Aisina D.E.	344
9. КОМПЬЮТЕРНАЯ ОЦЕНКА НЕЖЕЛАТЕЛЬНЫХ ЭФФЕКТОВ МЕЖЛЕКАРСТВЕННЫХ ВЗАИМОДЕЙСТВИЙ НА СЕРДЕЧНО-СОСУДИСТУЮ СИСТЕМУ, Иванов С.М., Лагунин А.А., Филимонов Д.А., Поройков В.В.	345
COMPUTER ASSESSMENT OF CARDIOVASCULAR ADVERSE EFFECTS OF DRUG-DRUG INTERACTIONS, Ivanov S.M., Lagunin A.A., Filimonov D.A., Poroikov V.V.	346
10. ЛИНЕЙНЫЙ АЛГОРИТМ РЕКОНСТРУКЦИИ ХРОМОСОМНЫХ СТРУКТУР, Горбунов К.Ю., Любецкий В.А.	347
LINEAR ALGORITHM FOR RECONSTRUCTION OF CHROMOSOME STRUCTURES, Gorbunov K.Yu., Lyubetsky V.A.	348
11. МАШИННОЕ ОБУЧЕНИЕ В АНАЛИЗЕ МИКРОБИОТЫ: МЕЖИНДИВИДУАЛЬНАЯ ВАРИАБЕЛЬНОСТЬ ОТВЕТА НА ИЗМЕНЕНИЕ ДИЕТЫ, Клименко Н.С., Попенко А.С., Алексеев Д.Г., Тяхт А.В.	349

BINDING SITES miRNA WITH mRNA GENES OF FAMILY MYB ANIMALS, Myrzabekova M.O.	378
24. СТРУКТУРНО-ФУНКЦИОНАЛЬНАЯ КЛАССИФИКАЦИЯ СЕМЕЙСТВА РИБОСОМНЫХ БЕЛКОВ S1, СОДЕРЖАЩИХ РАЗНОЕ КОЛИЧЕСТВО СТРУКТУРНЫХ ДОМЕНОВ, Галзитская О.В., Селиванова О.М., Мачулин А.В. Дерюшева Е.И.	379
STRUCTURAL AND FUNCTIONAL CLASSIFICATION OF THE S1 RIBOSOMIC PROTEIN FAMILY CONTAINING A DIFFERENT NUMBER OF STRUCTURED DOMAINS, Galzitskaya O.V., Selivanova O.M., Machulin A.V, Deryusheva E.I.	379
25. ТРИ ДЕСЯТИЛЕТИЯ КОМПЬЮТЕРНОЙ ПРОГРАММЫ PASS: ОТ ПРОГНОЗИРОВАНИЯ СПЕКТРОВ БИОЛОГИЧЕСКОЙ АКТИВНОСТИ ДО СИСТЕМНОЙ ФАРМАКОЛОГИИ, Поройков В. В., Филимонов Д. А., Глоризова Т.А., Лагунин А.А., Дружиловский Д.С., Рудик А.В., Дмитриев А.В., Тарасова О.А., Иванов С.М., Погодин П.В.	380
THREE DECADES OF COMPUTER PROGRAM PASS: FROM PREDICTION OF BIOLOGICAL ACTIVITY SPECTRA TO SYSTEMS PHARMACOLOGY, Poroikov V.V., Filimonov D.A., Glorizova T.A., Lagunin A.A., Druzhilovskiy D.S., Rudik A.V., Dmitriev A.V., Tarasova O.A., Ivanov S.M., Pogodin P.V.	382
26. ХАРАКТЕРИСТИКА САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA-5p И miRNA-3p С mRNA ГЕНА RTL1, Юрикова О.Ю., Атамбаева Ш.А.	383
CHARACTERISTICS OF THE BINDING SITES OF miRNA-5p AND miRNA-3p WITH mRNA OF RTL1 GENE, Yurikova O.Yu., Atambayeva Sh.A.	384
27. ХАРАКТЕРИСТИКИ ВЗАИМОДЕЙСТВИЯ miRNA С mRNA ГЕНОВ-КАНДИДАТОВ РАКА ТОНКОГО КИШЕЧНИКА, Акимниязова А.Н.	385
CHARACTERISTICS OF miRNAs INTERACTION WITH mRNAs OF CANDIDATE GENES IN SMALL INTESTINAL CANCER, Akimniyazova A.N.	386
28. ХАРАКТЕРИСТИКИ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ MIRNA В MRNA ГЕНОВ СОКРАТИТЕЛЬНЫХ БЕЛКОВ МИОКАРДА ЧЕЛОВЕКА И МЫШИ, Пинский И.В., Лабейт З., Иващенко А.Т.	387
CHARACTERISTICS OF MIRNA BINDING SITES IN MRNAS OF HUMAN AND MOUSE MYOCARDIAL CONTRACTILE PROTEIN GENES, Pinsky I.V., Labeit S., Ivashchenko A.T.	388
29. GTRD – БАЗА ДАННЫХ ПО РЕГУЛЯЦИИ ТРАНСКРИПЦИИ, Евшин И.С., Шарипов Р.Н., Колмыков С.К., Кондрахин Ю.В., Колпаков Ф.А.	389
GTRD: A DATABASE ON GENE TRANSCRIPTION REGULATION, Yevshin I.S. Sharipov R.N., Kolmykov S.K., Kondrakhin Yu.V., Kolpakov F.A.	390

УДК 577.21

САЙТЫ СВЯЗЫВАНИЯ miRNA С mRNA, КОДИРУЮЩИЕ ОЛИГОПЕПТИДЫ БЕЛКОВ СЕМЕЙСТВА TCP РАСТЕНИЙ

Рахметуллина А.К., Иващенко А.Т.

Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Казахстан
050040, Алматы, пр. аль-Фараби, 71
e-mail: a.iavashchenko@gmail.com

Установлены характеристики взаимодействия miRNA с mRNA генов семейства транскрипционных факторов TCP растений. Сайты связывания miRNA в mRNA генов TCP кодируют олигопептиды полисерин, полигистидин, полиаланин, полиглицин.

Ключевые слова: miRNA; mRNA; сайт связывания; олигопептид; транскрипционный фактор

Транскрипционные факторы участвуют во многих процессах развития и роста растений. Семейство генов транскрипционных факторов TCP включает 4187 генов различных видов растений. Гены семейства TCP участвуют в апикальном доминировании, в контроле цветовой двусторонней симметрии, вовлечены в репликацию и восстановление ДНК, поддерживают структуру хроматина, сегрегацию хромосом и регулируют клеточный цикл [1]. Многие из этих процессов регулируются посредством miRNA подавляющих экспрессию генов мишеней. Было показано участие miRNA в реакции растений на стресс и действие патогенов [2].

Нуклеотидные последовательности генов семейства TCP были получены из Plant TFDB v4.0 (<http://planttfdb.cbi.pku.edu.cn/>). Нуклеотидные последовательности miRNA были взяты из miRBase v.22 (<http://www.mirbase.org/>). Сайты связывания miRNA с mRNA генов предсказывали с помощью программы MirTarget [3].

Установлены количественные характеристики связывания 429 miRNA с mRNA 27 генов семейства TCP *A. thaliana*. Полисерин, полигистидин были обнаружены в белках TCP, кодируемых соответственно сайтами связывания ath-miR5021-5p, ath-miR5658-5p, которые консервативны в ортологичных белках. Выявлено связывание 738 miRNA с mRNA 22 генов семейства TCP *O. sativa*. Сайты связывания osa-miR2102-5p кодировали консервативные гексапептиды полиаланин и полиглицин. Обнаружены сайты связывания ath-miR5021-5p в mRNA трех генов *A. thaliana* и 27 ортологичных генов кодирующие олигопептид SSSSSS. Белок AA54G00421 *A. thaliana* содержит декасерин, двенадцать белков содержат октасерин и пять белков содержат гептасерин. Было выявлено, что сайты связывания ath-miR5658-5p кодируют олигопептид НННННН в 22 белках. Полигистидин консервативен в TCP белках, кодируемых соответствующими генами. Сайты связывания ath-miR5658-5p в mRNA генов *Bostr.0124s0115.1.p*, *GSBRNA2T00009950001*, *Tr1g39800* кодируют октагистидин, а *Thecc1EG031706T1* - декагистидин. Эти сайты связывания ath-miR5658-5p были расположены последовательно. Было установлено, сайты связывания некоторых miRNA имеют гомологичные нуклеотидные последовательности, которые могут быть прочитаны в разных открытых рамках считывания. Нуклеотидная последовательность (GCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCG) сайтов связывания osa-miR2102-5p в первой рамке считывания кодирует олигопептид АААААААА, а в третьей рамке считывания osa-miR2102-5p кодирует олигопептид GGGGGGGG. В некоторых белках TCP *A. thaliana*, *O. sativa subsp. japonica*, *T. aestivum*, *Z. mays* были обнаружены полиглутамин, политреонин, полиаспарагин, полипролин, полиаспаргиновая кислота. Эти олигопептиды могут кодироваться сайтами связывания пока не обнаруженных miRNA. В генах животных эти олигопептиды кодируются сайтами связывания miRNA, в том числе полиглутамин, политреонин, полиаспарагин, полипролин. Основные свойства взаимодействий miRNAs с генами mRNA у растений и животных схожи, что указывает на сходство регуляции экспрессии генов посредством miRNA у представителей разных царств эукариотических организмов. Результаты, полученные в настоящей работе, показывают, что экспрессия генов семейства TCP может регулироваться путем связывания miRNA с mRNA.

Литература:

1. Jin J., Tian F., Yang D., Meng Y., Kong L., Luo J., Gao G. Toward a central hub for transcription factors and regulatory interactions in plants // *Nucleic Acids Research*. 2017. Vol. 45. № 1. P. 1040-1045.
2. Catalanotto C., Cogoni C., Zardo G. MicroRNA in Control of Gene Expression: An Overview of Nuclear Functions // *Int J Mol Sci*. 2016. Vol. 17. № 10. P. 1712-1729.
3. Ivashchenko A. T., Pyrkova A. Y., Niyazova R. Y., Alybayeva A., Baskakov K. Prediction of miRNA binding sites in mRNA // *Bioinformatics*. 2016. Vol. 12. № 4. P. 237-240.

UDC 577.21

BINDING SITES OF miRNAs WITH mRNAs ENCODING OLIGOPEPTIDES OF PROTEINS OF THE TCP FAMILY OF PLANTS

Rakhmetullina A.K., Ivashchenko A.T.

Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Kazakhstan
050040, Almaty, Al-Farabi Avenue, 71
e-mail: a.iavashchenko@gmail.com

Characteristics of the interaction of miRNA with mRNA genes of the TCP plant transcription factor family were established. The miRNA binding sites in the mRNA TCP genes encode oligopeptides polyserine, polyhistidine, polyalanine, polyglycine.

Key words: miRNA; mRNA; binding sites; oligopeptides; transcription factor

Transcription factors are involved in many processes of plant development and growth. The TCP transcription factor gene family includes 4187 genes of various plant species. The genes of the TCP family are involved in apical dominance, the control of two-sided color symmetry, DNA replication and repair, the maintenance of chromatin structure and chromosome segregation, and the regulation of the cell cycle [1]. Many of these processes are regulated by miRNAs suppressing the expression of the target genes. The involvement of miRNA in plant response

to stress and the action of pathogens has been shown [2].

The nucleotide sequences of genes of the TCP family were borrowed from Plant Transcription Factor Database v4.0 (<http://plantfdb.cbi.pku.edu.cn/>). The nucleotide sequences of miRNAs were taken from miRBase v.22 (<http://www.mirbase.org/>). The miRNAs binding sites in mRNA of genes were predicted using the MirTarget program.

The quantitative characteristics of 429 miRNAs binding to mRNAs of 27 TCP family genes of the *A. thaliana* were established. Polyserine, polyhistidine were detected in the TCP proteins, encoded respectively by the binding sites of ath-miR5021-5p, ath-miR5658-5p, which are conserved in orthologous proteins. The binding of 738 miRNA to mRNA of 22 genes of the TCP family genes of the *O. sativa* was detected. osa-miR2102-5p binding sites encoded conservative hexapeptides polyalanine and polyglycine. The ath-miR5021-5p binding sites in the mRNA of the three *A. thaliana* genes and 27 orthologous genes were found encode the SSSSSS oligopeptide. AA54G00421 protein of the *A. thaliana* contains decaserin, twelve proteins contain octaserin, and five proteins contain heptaserin. It was revealed that the ath-miR5658-5p binding sites encode HHHHHH oligopeptide in 22 proteins. Polyhistidine is conserved in TCP proteins encoded by the corresponding genes. The binding sites ath-miR5658-5p in mRNA *Bostr.0124s0115.1.p*, *GSRNA2T00009950001*, *Tr1g39800* genes encode octagistidine, and *Thecc1EG031706T1* - decagistidine. The ath-miR5658-5p binding sites were sequentially arranged. It was found that the binding sites of some miRNA have homologous nucleotide sequences that can be read in different open reading frames. The nucleotide sequence of the binding sites of osa-miR2102-5p GCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGG in the first reading frame encodes the AAAAAAAAA oligopeptide, and in the third reading frame osa-miR2102-5p encodes the oligopeptide GGGGGGG. In some TCP proteins of *A. thaliana*, *O. sativa subsp. japonica*, *T. aestivum*, *Z. mays* polyglutamine, polythreonine, polyasparagine polyproline, polyaspartic acid were detected. These oligopeptides can be encoded by the binding sites of still undetected miRNAs. In the genes of animals, these oligopeptides are encoded by miRNA binding sites, including polyglutamine, polythreonine, polyasparagine, polyproline. The main properties of miRNAs' interactions with mRNA genes in plants and animals are very similar, which indicates the similarity of regulation of gene expression through miRNA in members of different kingdoms of eukaryotic organisms. The results obtained in the present work show that the expression of TCP family genes can be regulated by miRNA binding to their mRNA.

References:

1. Jin J., Tian F., Yang D., Meng Y., Kong L., Luo J., Gao G. Toward a central hub for transcription factors and regulatory interactions in plants // *Nucleic Acids Research*. 2017. Vol. 45. № 1. P. 1040-1045.
2. Catalanotto C., Cogoni C., Zardo G. MicroRNA in Control of Gene Expression: An Overview of Nuclear Functions // *Int J Mol Sci*. 2016. Vol. 17. № 10. P. 1712-1729.
3. Ivashchenko A.T., Pyrkova A.Y., Niyazova R.Y., Alybayeva A., Baskakov K. Prediction of miRNA binding sites in mRNA // *Bioinformatics*. 2016. Vol.12. № 4. P. 237-240.

УДК 577.3

СВЯЗЫВАНИЕ АЛЬФА-ФЕТОПРОТЕИНА ЧЕЛОВЕКА С ЭСТРОГЕНАМИ И АНТИЭСТРОГЕНАМИ: ИЗУЧЕНИЕ С ПОМОЩЬЮ МОЛЕКУЛЯРНОГО МОДЕЛИРОВАНИЯ И ДОКИНГА

Острроверхова Д.С.¹, Кадочников В.В.¹, Молдогазиева Н.Т.¹, Порозов Ю.Б.^{1,2}

¹Первый Московский государственный медицинский университет им. И.М. Сеченова, Москва, Россия 119991, Москва, ул. Трубецкая, д.8, стр. 2
e-mail: crossingoverjump@gmail.com

²Санкт-Петербургский национальный исследовательский университет информационных технологий, механики и оптики, Санкт-Петербург, Россия 197101, г. Санкт-Петербург, Кронверкский проспект, д.49

Выявлено, что для эстрогенов, имеющих жесткую пространственную структуру, эффективность и аффинность связывания выше, чем для антиэстрогенов, для которых характерна большая конформационная гибкость. Такие структурные особенности могут обуславливать также различия в связывании эстрогенов и антиэстрогенов с рецептором ЭР-альфа.

Ключевые слова: гомологическое моделирование; альфа-фетопротеин; эстрогены; антиэстрогены; докинг; молекулярная динамика