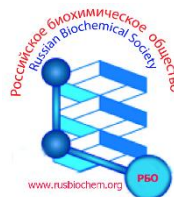

МЕЖДУНАРОДНАЯ АССОЦИАЦИЯ АКАДЕМИЙ НАУК (МААН)
СОЮЗ ФИЗИОЛОГИЧЕСКИХ ОБЩЕСТВ СТРАН СНГ
ФЕДЕРАЦИЯ ЕВРОПЕЙСКИХ БИОХИМИЧЕСКИХ ОБЩЕСТВ (FEBS)
РОССИЙСКОЕ ОБЩЕСТВО БИОХИМИКОВ И МОЛЕКУЛЯРНЫХ БИОЛОГОВ
РОССИЙСКАЯ АКАДЕМИЯ НАУК
РОССИЙСКИЙ ФОНД ФУНДАМЕНТАЛЬНЫХ ИССЛЕДОВАНИЙ
РОССИЙСКИЙ НАУЧНЫЙ ФОНД
РОССИЙСКИЙ УНИВЕРСИТЕТ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



II ОБЪЕДИНЕННЫЙ НАУЧНЫЙ ФОРУМ

VI СЪЕЗД ФИЗИОЛОГОВ СНГ

VI СЪЕЗД БИОХИМИКОВ РОССИИ

IX РОССИЙСКИЙ СИМПОЗИУМ «БЕЛКИ И ПЕПТИДЫ»

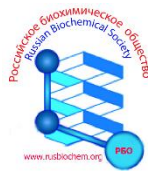
НАУЧНЫЕ ТРУДЫ

Под редакцией

*Р.И. Сепиашвили, В.А. Ткачука, А.Г. Габиева,
А.И. Григорьева, В.Т. Иванова, М.А. Островского*

Сочи – Дагомыс, Россия
1–6 октября 2019

УДК 57
ББК 28я43
В87



*Под редакцией Р.И. Сепиашвили, В.А. Ткачука, А.Г. Габиева,
А.И. Григорьева, В.Т. Иванова, М.А. Островского*

В87 **II ОБЪЕДИНЕННЫЙ НАУЧНЫЙ ФОРУМ**
 ♦ VI СЪЕЗД ФИЗИОЛОГОВ СНГ
 ♦ VI СЪЕЗД БИОХИМИКОВ РОССИИ
 ♦ IX РОССИЙСКИЙ СИМПОЗИУМ «БЕЛКИ И ПЕПТИДЫ»
 (Сочи, Дагомыс, 1–6 октября 2019).
 НАУЧНЫЕ ТРУДЫ. Том 2. – М.: Издательство «Перо», 2019. – с.299

ISBN 978-5-00150-519-8 (Общ.)

ISBN 978-5-00150-521-1 (Т.2.)

Содержание

ТЕЗИСЫ ДОКЛАДОВ

Пленарные доклады	3
Химия и биология нуклеиновых кислот	7
Белки и пептиды	38
Геном. Протем. Метаболом	142
Функциональная геномика	171
Биохимия и молекулярная медицина	179
Биоинженерия: фундаментальные основы и приложения	249
Биохимия растений	265
Гликобиология	271
Молекулярный имиджинг	282

АВТОРСКИЙ УКАЗАТЕЛЬ	289
----------------------------	------------

Сборник научных трудов включает материалы актовых и пленарных лекций, симпозиальных докладов, выступлений на заседаниях круглых столов и стендовых докладов, представленных на VI Съезде физиологов СНГ, VI Съезде биохимиков России и IX Российском симпозиуме «Белки и пептиды», которые прошли в рамках II Объединенного научного форума в Сочи–Дагомысе, 1–6 октября 2019 года. Тематика представленных докладов охватывает актуальные разделы физиологии, биоорганической химии, биотехнологии, молекулярной биологии и смежных дисциплин.

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 978-5-00150-519-8 (Общ.)

ISBN 978-5-00150-521-1 (Т.2.)



УДК 57
ББК 28я43

© Союз физиологических обществ стран СНГ, 2019
© Российское общество биохимиков и молекулярных биологов, 2019
© Коллектив авторов, 2019

тельно инкубированных с секретами от обработанных или необработанных цисплатином реципиентных опухолевых клеток. Оказалось, что те же сплайсосомные белки были повышены в реципиентных клетках после инкубации с секретами от погибающих клеток. Кроме того, нами было обнаружено большое число белков, отвечающих за процессинг РНК, регуляцию клеточного цикла и ответ на стресс. Возможно, межклеточная коммуникация посредством сплайсосомных белков может влиять на программу сплайсинга реципиентных клеток и приводить к химиорезистентности. Данная работа была поддержана грантом РНФ №17-75-20205 (за LC-MS/MS анализ) и РФФИ №18-34-00622.

ИССЛЕДОВАНИЕ БЕЛКОВОГО СОСТАВА АМИЛОИДОПОДОБНЫХ АГРЕГАТОВ В МОЧЕ ПРИ ГИПЕРТЕНЗИВНЫХ ОСЛОЖНЕНИЯХ БЕРЕМЕННОСТИ МЕТОДОМ МАСС-СПЕКТРОМЕТРИИ ВЫСОКОГО РАЗРЕШЕНИЯ

А.Э. Юсупов^{1,4}, В.А. Сергеева^{1,3}, Н.В. Захарова¹, А.Е. Бугрова^{1,2}, Н.Л. Стародубцева^{1,2}, М.И. Индейкина¹, А.С. Кононихин^{2,5}, В.Е. Франкевич², Е.Н. Николаев^{3,5}

¹Институт биохимической физики им. Н.М. Эмануэля РАН; ²НМИЦ акушерства, гинекологии и перинатологии им. В.И. Кулакова МЗ РФ; ³Институт энергетических проблем химической физики им. В.Л. Тальрозе РАН; ⁴Московский физико-технический институт (Национальный исследовательский университет); ⁵Сколковский институт науки и технологий, Москва, Россия

Ключевые слова: протеомика, амилоидоподобные агрегаты, Конго красный, преэклампсия, масс-спектрометрия высокого разрешения. Исследование нарушений в посттрансляционном процессинге белков представляется перспективным диагностическим подходом для социально-значимых патологий, ассоциированных с накоплением аномальных форм белков. Недавно было показано, что амилоидоподобные агрегаты могут наблюдаться в моче беременных при гипертензивных осложнениях. Белковый состав агрегатов мочи до сих пор детально не исследовали. С помощью протеомного подхода на базе масс-спектрометрии высокого разрешения нами исследован белковый состав амилоидоподобных структур, агрегирующих в присутствии азоафинного красителя Конго красного в моче беременных при гипертензивных осложнениях. Азоафинный краситель Конго красный обладает высокой аффинностью к β -структурам амилоидных пептидов (так называемая, конгофилия) и имеет широкое применение в гистологии и в тестах на наличие амилоидных фибрилл. Масс-спектрометрический анализ триптических фрагментов белков пулированного образца мочи позволил установить, что состав наиболее представленных белков агрегатов, преципитируемых Конго красным, практически не отличается от состава наиболее представленных белков исходного образца, однако 22% пептидов идентифицируются только в агрегатах. Показано, что среди выявленных триптических пептидов ряд фрагментов α -1-антитрипсина, комплемента 3, гаптоглобина, церулоплазмينا и трипстатина являются участками амилоидоподобных β -складок, которые могут быть наиболее вероятными мишенями для связывания Конго красного. Работа поддержана грантом РФФИ 18-315-00435 мол-а. В работе использовано оборудование ЦКП ИБХФ РАН «Новые материалы и новые технологии».

ГЛУБОКОЕ ФУНКЦИОНАЛЬНОЕ ПРОФИЛИРОВАНИЕ МИКРОБИОМОВ.

С.С. Терехов, И.В. Смирнов, А.С. Назаров, А.Г. Габиров

Институт биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия

Анализ сложных микробных сообществ является важной вехой современной микробиологии, требующей применения методов «глубокого функционального профилирования». Несмотря на то, что высокопроизводительное секвенирование (NGS) произвело революцию в нашем понимании микробиомов, нам все еще не хватает высокопроизводительных технологий для точного определения их функциональности. Разработка ультравысокопроизводительных методов скрининга (uHTS) представляет особый интерес, поскольку позволяет напрямую детектировать биологическую активность даже незначительных компонентов бактериальных сообществ. Кроме того, методики uHTS позволяют исследовать динамику микробиома, что принципиально важно для одновременного исследования различных видов с сильно различающимися параметрами роста и чувствительности к внешним воздействиям окружающей среды. Мы показали, что культивирование единичных микроорганизмов, инкапсулированных внутри капель микрофлюидной двойной эмульсии вода-масло-вода, с последующим флуоресцентно-активированным клеточным сортированием (FACS) позволяет выделять штаммы с желаемой функциональной активностью. Этот подход был успешно применен для количественного определения ферментативной активности на уровне отдельных клеток. Скрининг микробиома ротовой полости Сибирского бурого медведя на наличие бактерий, подавляющих рост патогенных бактерий *S. aureus* позволил выделить высокоэффективного продуцента антибиотика с уникальным механизмом резистентности. Разработанная технология была использована для персонализированного определения спектра активности антибиотиков и изучения резистомы. Применение методов глубокого функционального профилирования позволило нам одновременно оценить состав микробиоты и эффективность антибиотиков на уровне целых микробиомов. Данная технология может быть эффективно использована в области биотехнологии, микробиологии и синтетической биологии. Исследования выполнены при поддержке грантов РФФИ 19-34-70021, СП-2911.2019.4 и РНФ 19-14-00331.