
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. Габимова,
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

ОСЦИЛЛЯЦИИ МЕТАБОЛИЧЕСКИХ РЕАКЦИЙ КАК ОСНОВНОЙ МЕХАНИЗМ СТАБИЛЬНОГО СУЩЕСТВОВАНИЯ БИОЛОГИЧЕСКИХ СИСТЕМ

О.М. Алехина, Д.С. Матюшкина, И.О. Бутенко, В.М. Говорун

ФНКЦ физико-химической медицины ФМБА России, Москва, Россия

Процессы, протекающие по механизму осцилляций, имеют очень широкое распространение в природе. В неорганических системах колебаниям подвержены как макропроцессы, так и молекулярные явления на уровне химических реакций, протекающих без термодинамического равновесия, как например, в случае реакции Белоусова–Жаботинского. Поскольку живые организмы являются открытыми неравновесными системами, способными к самоорганизации, то в них происходят осцилляции на всех уровнях биологической организации – от экосистем и многоклеточных организмов до отдельных клеток, биополимеров и метаболитов. Колебания играют ведущую роль в таких фундаментальных процессах, как циркадные ритмы, передача сигналов между клетками, подвижность, клеточный цикл, регуляция экспрессии генов и т.д. Первые биохимические осцилляторы живых клеток были открыты в таких метаболических путях, как гликолиз, пероксидная реакция и производство цАМФ. Поскольку гликолиз является одним из центральных путей во всех клетках и самым древним способом катаболизма глюкозы и получения АТФ, то его колебательная динамика и синхронизация этого процесса должны иметь ведущее значение для стабильности биологических систем. Используя модельный организм *Mycoplasma gallisepticum*, имеющий один из самых маленьких геномов среди бактерий и сильно редуцированный метаболизм, мы получили убедительные данные о существовании осцилляций в гликолитических реакциях одной из самых простых живых систем. Было обнаружено, что в бесклеточных экстрактах, приготовленных путем осмотического лизиса клеток, происходят устойчивые колебания концентрации НАДН – одного из главных интермедиатов гликолиза – с периодом в 10 минут и продолжительностью около 3 часов. *In vivo* эксперименты по введению в живые клетки избытка метаболитов гликолиза позволили установить, что основным регулятором этого важнейшего процесса является фосфоенолпируват, поскольку резкое изменение его концентрации приводит к рассинхронизации гликолиза и гибели клеток. Далее предполагается выявить другие метаболические пути клетки, осуществляющиеся по механизму самоподдерживающихся осцилляций, и создать минимальную систему биохимических реакций, способную к автономному существованию и воспроизводству искусственного генома. Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ № 18-29-08041.

ИДЕНТИФИКАЦИЯ И ХАРАКТЕРИСТИКА ПРОЛИН-СПЕЦИФИЧНЫХ ПЕПТИДАЗ У АЛКАЛОФИЛЬНЫХ И АЛКАЛОТОЛЕРАНТНЫХ МИЦЕЛИАЛЬНЫХ ГРИБОВ

Н.А. Алкин¹, Я.Е. Дунаевский², М.А. Белозерский², Г.А. Белякова¹, В.Ф. Терещенкова³, И.Ю. Филиппова³, Е.Н. Элпидина²

¹Кафедра микологии и альгологии, Биологический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова; ²Отдел белков растений, НИИ физико-химической биологии им. А.Н. Белозерского МГУ им. М.В. Ломоносова; ³Кафедра химии природных соединений, Химический факультет МГУ им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

Анализ 42 секвенированных геномов грибов, относящихся к различным трофическим и экологическим группам, выявил присутствие в них широкого круга гомологов пролин-специфичных пептидаз (ПСП), для некоторых из найденных ПСП была показана таксоноспецифичность и приуроченность к определённым эколого-трофическим группам грибов. Поиск их активностей и их характеристика проводились на алкалофильных и алкалотолерантных грибах с целью выяснения влияния на их ферменты экстремальных условий местообитания хозяев. В секвенированном геноме алкалофила *Sodiomyces alkalinus* F11 обнаружено 9 гомологов ПСП, согласующихся с их систематическим положением. Наиболее представленными видами ПСП у исследованных 7 штаммов грибов были дипептидилпептидаза 4 (ДПП4) и пролиламинопептидаза (ПАП). ДПП4 относилась к классу сериновых пептидаз, ингибировалась специфичными ингибиторами ДПП4 (дипротинами А и Б и видаглиптином) и у алкалофилов, в отличие от алкалотолерантов, была представлена двумя формами – внутриклеточной и внеклеточной. Ингибиторный анализ позволил отнести ПАП к металлопептидазам, данный фермент локализован исключительно внутриклеточно. Оптимальный pH действия всех обнаруженных ферментов лежал в нейтральной и слабощелочной области (pH 7.0-7.7), однако их активность сохранялась на высоком уровне в широком диапазоне pH (5.0-12.0 для ДПП4 и 5.0-10.0 для ПАП). Все обнаруженные ферменты являлись галостабильными и сохраняли 40-60% активности в условиях экстремальной солёности (6M NaCl). Работа поддержана грантом РФФИ №19-04-00852 А.

ПРОТЕОМНЫЕ БИОМАРКЕРЫ У БОЛЬНЫХ ШИЗОФРЕНИЕЙ

Е.М. Дмитриева¹, А.А. Серегин¹, Л.П. Смирнова¹, А.А. Летова², Е.Г. Корнетова¹, В.Г. Згода³, А.В. Семке¹, С.А. Иванова¹

¹НИИ психического здоровья, Томский национальный исследовательский медицинский центр, Томск; ²Сибирский государственный медицинский университет, Томск; ³НИИ биомедицинской химии им. В.Н. Ореховича, Москва, Россия

Шизофрения характеризуется отсутствием точной этиологии и патофизиологических механизмов, что является причиной трудностей в прогнозировании ответов на лечение и исходов для пациентов с этим заболеванием. В настоящее время очень важен поиск биомаркеров на основе крови, которые могут быть использованы для диагностики и прогноза эффективности терапии, поскольку диагностика шизофрении основана только на клинических симптомах. В исследовании было включено 33 пациента с диагнозом параноидная шизофрения (F20.0) и 24 здоровых донора. Масс-спектрометрический анализ проводили с использованием Q-exactive HF масс-спектрометра (Thermo Fisher Scientific). Белки идентифицировали путем использования программного обеспечения Mascot Ver. 2.1 (www.matrixscience.com, «Matrix Science»). Количественную оценку белков проводили набором ELISA Kit from Homo sapiens (Cloud-Clone Corp., USA). С помощью целевого количественного масс-спектро-