

МАТЕРИАЛЫ КОНГРЕССА | ЧАСТЬ 2

VI МОСКОВСКИЙ МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС
БИОТЕХНОЛОГИЯ:
СОСТОЯНИЕ
И ПЕРСПЕКТИВЫ РАЗВИТИЯ

Россия, Москва, Новый Арбат, 36/9 (Здание Правительства Москвы)



Под патронатом
Правительства Москвы



Under the patronage
of Moscow Government

21 - 25 марта

2011

March, 21 - 25

BIO
ТЕХНОЛОГИИ

СПОНСОР КОНГРЕССА



SPONSOR OF THE CONGRESS

Russia, Moscow, Novy Arbat, 36/9 (the House of Moscow Government)

VI MOSCOW INTERNATIONAL CONGRESS
BIOTECHNOLOGY:
STATE OF THE ART AND
PROSPECTS OF DEVELOPMENT

CONGRESS PROCEEDINGS | PART 2

УДК 663.1+579+577.1
ББК 28.072
Б63

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

материалы VI Московского международного конгресса, часть 2 (Москва, 21-25 марта, 2011 г.)
М.: ЗАО «Экспо-биохим-технологии», РХТУ имени Д.И. Менделеева,
2011 – 544 с.

ISBN 5-7237-0372-2

УДК 663.1+579+577.1
ББК 28.072

ISBN 5-7237-0372-2

Настоящие материалы конгресса созданы в ООО «Экспоконсалтинг» на основании информации, предоставленной организаторами, экспонентами и рекламодателями выставки и конгресса. Заказчик: © 2011 ЗАО «Экспо-биохим-технологии» Материалы тезисов публикуются в авторской версии. Организаторы не несут ответственности за неточности и упущения в названиях и адресах, представленных в данном сборнике.

**VI MOSCOW INTERNATIONAL CONGRESS
BIOTECHNOLOGY: STATE OF THE ART & PROSPECT OF DEVELOPMENT**

Proceedings of the VI Moscow International Congress, part 2 (March 21-25, 2011, Moscow, Russia)
Moscow: JSC “Expo-biochem-technologies”, D.I. Mendeleev University
of Chemistry and Technology of Russia,
2011 – 544 p.

ISBN 5-7237-0372-2

This congress proceedings is issued by Expoconsulting, LTD by order of organizers of exhibition and congress on the basis of information given by exhibitors and advertisers. The customer: © 2011 JSC «Expo-biochem-technologies»

The abstracts materials are published in author’s version. The Organizers do not bear responsibility for any errors or omissions regarding the names and addresses of the congress participants, presented in the collection.

equilibrium and may cause the death of mutant populations. This effect is typical for communities of sufficiently high population growth rate and/or low death coefficient.

Genome rearrangements in communities of inhibiting populations were also modeled. We considered genes acquiring by means of horizontal transfer and genes losses through deletions. We have analyzed two types of inhibiting communities – having one and two “waves of inhibition”. It has been shown that the loss of genes responsible for sensitivity to an inhibitor becomes non-adaptive in some cases, while it is thought to be absolutely adaptive. In communities of two “waves of inhibition” and odd number of populations we have found the loss of gene responsible for sensitivity to the nearest-neighbor-produced inhibitor to be *the only* adaptive loss. Any other gene loss in the long-term doesn't help the novel population to survive in spite of good local adaptability of such loss. In communities of two “waves of inhibition” and even number of populations the similar deletions are globally adaptive regardless of the type of inhibition being lost.

[1] S.A. Lashin, V.V. Suslov and Yu.G. Matushkin. Comparative Modeling Of Coevolution In Communities Of Unicellular Organisms: Adaptability And Biodiversity. Journal of Bioinformatics and Computational Biology, Vol. 8, No. 3 (2010) 627–643

The work is supported by Program B.24, Subprogram 2 Biosphere origin and evolution, RFBR #10-04-01310.

РЕГУЛОНЫ NTCА И NTCВ У ЦИАНОБАКТЕРИЙ И ХЛОРОПЛАСТОВ

Лопатовская К. В., Селиверстов А. В., Любецкий В. А.

УРАН Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук, 127994, Москва, ГСП-4, Большой Каретный переулок, 19, стр.1.

Проведен систематический поиск сайтов связывания с ДНК транскрипционных факторов NtcA и NtcB в геномах цианобактерий и хлоропластов. Используя оригинальную методику, мы предсказали у цианобактерий 477 потенциальных сайтов связывания транскрипционного фактора NtcA, из них 441 сайт – у видов, экспериментальных данных по которым нет. Предсказано также 44 сайта связывания транскрипционного фактора NtcB, из них 40 – у видов, экспериментальных данных по которым нет. Сайты располагаются перед генами из 24-х кластеров ортологичных генов у пятидесяти одного вида. Существенно расширено число последовательностей для построения консенсуса сайта связывания с ДНК транскрипционного фактора NtcA. Теперь консенсус представляет собой вырожденный палиндром с длиной 20 п.н., наиболее консервативная часть которого имеет вид GTA-8N-TAC. Определен консенсус сайтов связывания фактора NtcB, имеющий вид TGCA-5N-TGCA. Потенциальными NtcA-регулируемыми генами являются, в частности, гены *glnA*, *glnN*, *glnB*, *icd*, *amtB*, *gifA*, *gifB*, *ntcA*, *nirA*, *nirB*, *narB*, *narK*, *ntcB*, *nrtA*, *urtA*, *cynA*, *speB*, *mutS*, *rnc*, *apcF*, *som*, *psaI*, *petF*, *hupS*. Среди секвенированных пластов только ген *glnB* предположительно регулируется фактором NtcA. В разных порядках цианобактерий NtcA-регулон значительно различается. Наиболее часто наблюдается регуляция генов *glnA*, *nirA*, *glnB*, *ntcA*, *amtB* у представителей Chroococcales, Gloeobacterales, Nostocales, Oscillatoriales, Prochlorales; гена *ntcB* – у Chroococcales, Gloeobacterales, Nostocales, Oscillatoriales; генов *gifA*, *gifB* – у Chroococcales, Nostocales, Oscillatoriales; *glnN* – у Chroococcales, Gloeobacterales; *nrtA*, *icd* – у Chroococcales, Oscillatoriales; *narB* – только у Chroococcales. Слабо консервативный сайт связывания NtcA предсказан у нескольких видов из разных таксономических групп перед генами *gor*, *petH*, *rpe*, *stpABCD*, *ureEFG*, *urtA*. Перед генами *cynA*, *devBCA*, *rbcl*, *xisA*, *sigE*, *nblA*, *nrtC*, *rnpB* изредка встречаются сайты у единичных видов цианобактерий. Сайты перед опероном *devBCA*, предсказанные у *Acaryochloris* и *Cylindrospermopsis*, определяют регуляцию гетероцист. Нами существенно расширено прежнее описание состава NtcA-регулона, который включил гены *apcF*, *som*, *psaI*, *petF* у многих видов. В хлоропластах предложен механизм регуляции гена *glnB*.

NTCA- AND NTCB-REGULONS IN CYANOBACTERIA AND CHLOROPLASTS

Lopatovskaya K. V., Seliverstov A. V., Lyubetsky V. A.

Kharkevich Institute for Information Transmission Problems, Russian Academy of Sciences, Bolshoy Karetny per. 19, Moscow, 127994

A global search for NtcA and NtcB transcription factor binding sites is conducted in genomes of cyanobacteria and chloroplasts using original methodology. 477 candidate NtcA sites are predicted in cyanobacteria, with 441 in species not studied experimentally. 44 NtcB sites are predicted, with 40 in species with no experimental data. The sites are found upstream genes from 24 orthologous groups in 51 species. The NtcA site consensus sequence is significantly refined and described as a degenerate palindrome of 20 bases length with the conserved scaffold GTA-8N-TAC. The NtcB site consensus is defined as TGCA-5N-TGCA. In cyanobacteria genes under putative NtcA regulation are *glnA*, *glnN*, *glnB*, *icd*, *amtB*, *gifA*, *gifB*, *ntcA*, *nirA*, *nirB*, *narB*, *narK*, *ntcB*, *nrtA*, *urtA*, *cynA*, *speB*, *mutS*, *rnc*, *apcF*, *som*, *psaI*, *petF*, *hupS*; while in plastomes – only gene *glnB*. The NtcA-regulon gene content differs among high taxa of cyanobacteria: *glnA*, *nirA*, *glnB*, *ntcA*, *amtB* in Chroococcales, Gloeobacterales, Nostocales, Oscillatoriales, Prochlorales; *ntcB* – in Chroococcales, Gloeobacterales, Nostocales, Oscillatoriales; *gifA*, *gifB* – in Chroococcales, Nostocales, Oscillatoriales; *glnN* – in Chroococcales, Gloeobacterales; *nrtA*, *icd* – in Chroococcales, Oscillatoriales; *narB* – only in Chroococcales. A low conserved NtcA binding site is predicted in several species across various groups upstream genes *gor*, *petH*, *rpe*, *cmpABCD*, *ureEFG*, *urtA*. A few species possess the site upstream *cynA*, *devBCA*, *rbcL*, *xisA*, *sigE*, *nblA*, *nrtC*, *rnpB*. In *Acaryochloris* and *Cylindrospermopsis* the predicted *devBCA* regulation controls the formation of heterocysts. The composition of the NtcA-regulon is considerably extended to contain genes *apcF*, *som*, *psaI*, *petF* in many species. A mechanism of *glnB* regulation in chloroplasts is proposed.

COMPUTATIONAL APPROACHES TO ELUCIDATE ETIOLOGY OF COMPLEX HUMAN DISORDERS

Andrey Rzhetsky

Department of Medicine, Department of Human Genetics, Computation Institute, Institute for Genomics and Systems Biology University of Chicago, USA

The information overload in molecular biology is a mere example of the status common to all fields of the current science and culture: An ever-strengthening avalanche of novel data and ideas overwhelms specialists and non-specialists alike, unavoidably fragments knowledge, and makes enormous chunks of knowledge invisible/inaccessible to those who desperately need it. The help of relieving the information overload may come from the text-miners who can automatically extract and catalogue facts described in books and journals.

My talk will touch the following questions. How even very imperfect results of text mining empower systems biology analyses of very large datasets? What are the bottlenecks in analysis of complex human maladies? How can we model and compute over multiple data types to narrow hypotheses about genetic causes of disease? How collaborations across multiple fields of science can bring translational results to initially purely academic studies?