

**МАТЕРИАЛЫ  
КОНГРЕССА**

**CONGRESS  
PROCEEDINGS**



**ТОМ 1 / PART 1**

**IX МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС**

**IX INTERNATIONAL CONGRESS**

**БИОТЕХНОЛОГИЯ:  
СОСТОЯНИЕ  
И ПЕРСПЕКТИВЫ  
РАЗВИТИЯ**

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

20-22 ФЕВРАЛЯ 2017  
МОСКВА, ГОСТИНЫЙ ДВОР,  
ИЛЬИНКА, 4

20-22 FEBRUARY, 2017  
ILYNKA 4, GOSTINY DVOR,  
MOSCOW



[WWW.BIOMOS.RU](http://WWW.BIOMOS.RU)

**TOM 1 / PART 1**

**IX МЕЖДУНАРОДНЫЙ КОНГРЕСС**

**IX INTERNATIONAL CONGRESS**

**БИОТЕХНОЛОГИЯ:  
СОСТОЯНИЕ  
И ПЕРСПЕКТИВЫ  
РАЗВИТИЯ**

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

20-22 ФЕВРАЛЯ 2017  
МОСКВА, ГОСТИНЫЙ ДВОР,  
ИЛЬИНКА, 4

20-22 FEBRUARY, 2017  
ILYNKA 4, GOSTINY DVOR,  
MOSCOW

УДК 575.1/2::612.017.1  
ББК 28.072  
Б63

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

Материалы международного конгресса  
«Биотехнология: состояние и перспективы  
развития»  
20-22 ФЕВРАЛЯ 2017 Г.

ООО «РЭД ГРУПП», 2017  
УДК 575.1/2::612.017.1  
ББК 28.072  
ISBN 978-5-9909118-0-2

Настоящие материалы конгресса созданы  
на основании информации, предоставленной  
участниками конгресса.

© **ООО «РЭД ГРУПП»**  
119049, г. Москва, ул. Мытная,  
д. 28, стр. 3, комн. 6

Материалы тезисов публикуются в авторской  
версии. Организаторы не несут ответственности  
за неточности и упущения в названиях и адресах,  
представленных в данном сборнике.

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

The proceedings of International  
congress «Biotechnology: state of the art  
and perspectives»  
FEBRUARY 20-22, 2017.

LLC «RED GROUP», 2017

These proceedings are based on information  
provided by congress participants. Organizer does  
not bear any responsibility for omissions and  
mistakes.

© **LLC «RED GROUP», Moscow**

clavulanic acid) and beta-lactamases of TEM family (TEM-1,32,37,39). For each studied system, substrate initially was positioned in enzyme active site followed by nanoseconds long molecular dynamics simulations. In course of dynamics, substrate and surrounding protein residues adopted an equilibrium conformation which can be considered as dominant binding mode. Studied complexes remained intact in course of trajectory that let us to calculate the mean interaction energy, which statistically differ from each pair of complexes.

Comparison the interaction energies of enzyme with five sulbactam molecules lead us to following observations. The heavy substrates, i.e. with long substitutes in corresponding positions of beta-lactam and/or 5/6-members ring, demonstrated the intense enzyme binding comparing to light substrates. Our results demonstrate that beta-lactam inhibitors (sulbactam, tazobactam and clavulanic acid) bind inhibitory resistant beta-lactamases (TEM-32,37,39) with higher affinities comparing to TEM-1 enzyme.

Visual trajectories analysis allowed us to point out the principal protein residues participating in substrates binding and forces which stabilize complexes structure. Analysis of CENTA/TEM-1 complex in comparison with cephalotin/TEM-1 one let us to explain the difference in Michaelis constants of these complexes, observed in vivo in our laboratory.

УДК 575.852

## ВЫСОКОКОНСЕРВАТИВНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ В МИТОХОНДРИЯХ ИНFUЗОРИЙ И ОДНОДОЛЬНЫХ РАСТЕНИЙ

**Любецкий В.А., Рубанов Л.И., Горбунов К.Ю., Зверков О.А., Селиверстов А.В.**

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт проблем передачи информации им. А.А. Харкевича Российской академии наук, Москва, Россия  
 127051, Москва, Большой Каретный переулок, д. 19 стр. 1,  
 e-mail: lyubetski@iitp.ru

На основе оригинального принципиально нового алгоритма определения высококонсервативных элементов мы исследовали митохондриальные геномы в весьма далёких таксономических группах; в докладе будут представлены, в частности, результаты по инфузориям и однодольным растениям.

**Ключевые слова:** высококонсервативные элементы; митохондрии; инфузории; однодольные растения.

Традиционно изучение эволюции видов в значительной мере опиралось на сравнительный анализ геномных областей, кодирующих рРНК и белки, не считая ещё более традиционного анализа морфологических признаков. Позже к этому присоединился анализ регуляторных элементов и геномной структуры в целом. Недавно методы филогенетического анализа расширились за счёт определения ультраконсервативных (УКЭ) и высококонсервативных элементов (ВКЭ). Модели ВКЭ встретили значительные алгоритмические трудности, которые вначале привели к биологически мало обоснованным ограничениям в моделях, даже для относительно простой задачи определения УКЭ. В [1] эти ограничения были преодолены за счёт нового быстрого, эффективного и математически обоснованного алгоритма. Сравнение различных методов филогенетического анализа привело нас к неожиданному результату: по крайней мере для некоторых органелл и таксонов, структура ВКЭ, как и структура генома в целом, рассмотренная в [2], уже достаточна для адекватного описания эволюции, хотя эти структуры содержат относительно мало информации о геноме. Мы также использовали ВКЭ для определения промоторов и регуляторных элементов генома, что также важно для описания эволюционных сценариев. В докладе мы сравним модели митохондриальной эволюции, опирающиеся на весьма различные описания генома, друг с другом и с информацией об эволюции соответствующих видов. Полные списки найденных ВКЭ для инфузорий и однодольных растений можно найти на странице <http://lab6.iitp.ru/~hce16>.

В качестве примера упомянем предсказанный в ходе поиска ВКЭ промотор у *Phoenix dactylifera*. Он допускает два варианта: CATAAGAtA и gATAAGAAa; строчные буквы указывают на отклонение от экспериментального промотора у гороха CRTAAGAGA. Этот промотор расположен после гена РНК-полимеразы на комплементарной цепи и может регулировать экспрессию этого гена, иницируя транскрипцию в антисмысловом направлении. Возможны два механизма регуляции: прерывание транскрипции из-за столкновений РНК-полимераз до завершения транскрипции гена, кодирующего РНК-полимеразу, или образование дуплекса из двух комплементарных РНК, препятствующих трансляции. Аналогичная картина была описана при моделировании транскрипции в пластидах растений и митохондриях хордовых животных в [3, 4].

Литература:

1. Rubanov L.I., Seliverstov A.V., Zverkov O.A., Lyubetsky V.A., A method for identification of highly conserved elements and evolutionary analysis of superphylum Alveolata // *BMC Bioinformatics*. 2016. V. 17. N. 385.
2. Lyubetsky V.A., Gershgorin R.A., Seliverstov A.V., Gorbunov K.Yu., Algorithms for reconstruction of chromosomal structures // *BMC Bioinformatics*. 2016. V. 17, N. 40.
3. Lyubetsky V.A., Zverkov O.A., Rubanov L.I., Seliverstov A.V. Modeling RNA polymerase competition: the effect of  $\sigma$ -subunit knockout and heat shock on gene transcription level // *Biology Direct*. 2011. V. 6, N. 3.
4. Lyubetsky V.A., Zverkov O.A., Pirogov S.A., Rubanov L.I., Seliverstov A.V. Modeling RNA polymerase interaction in mitochondria of chordates // *Biology Direct*. 2012. V. 7, N. 26.

UDC 575.852

## HIGHLY CONSERVED ELEMENTS IN MITOCHONDRIAL GENOMES OF CILIATES AND MONOCOTS

**Lyubetsky V.A., Rubanov L.I., Gorbunov K.Yu., Zverkov O.A., Seliverstov A.V.**

Institute for Information Transmission Problems of the Russian Academy of Sciences (Kharkevich Institute), Moscow, Russia  
Bolshoy Karetny per. 19, build. 1, Moscow, 127051, Russia,  
e-mail: lyubetsk@iitp.ru

On the basis of a novel algorithm of highly conserved elements detection we explored mitochondrial genomes in quite distant taxonomic groups, two of which, ciliates and monocots, were chosen for the presentation.

**Key words:** highly conserved elements; mitochondria; ciliates; monocots.

Traditionally, studies of species evolution largely relied on the comparative analysis of genomic regions coding for rRNAs and proteins apart from the analysis of morphological characters. Later, analyses made use of regulatory elements and the structure of the genome as a whole. More recently, phylogenetic analyses are incorporating ultraconserved elements (UCEs) and highly conserved elements (HCEs). Models of HCE initially faced considerable algorithmic challenges, which gave rise to (often unnatural) constraints in these models even for a conceptually simple task such as the identification of UCEs. In [1] these constraints are being addressed with a fast efficient and mathematically verified solution with no constraints on the underlying model. This approach have led us to an unexpected result: at least for some organelles and taxa, the HCE structure (as well as the general genome structure discussed in [2]), despite itself containing relatively little information, still adequately resolves the evolution. We also used the HCEs identification in searching for promoters and regulatory elements that characterize the functional evolution of the genome. In the presentation, we will compare the mitochondrial evolution inferred using substantially different structures mentioned above as well as their genomic structures, with each other and with evolution of the corresponding species. The full lists of the discovered HCEs can be found at <http://lab6.iitp.ru/~hce16>.

Let us consider an example of a potential promoter in the mitochondrion of *Phoenix dactylifera*. It allows two variants: CATAAGAtA and gATAAGAAa. Here, lowercase letters indicate deviations from the experimentally shown promoter sequence CRTAAGAGA in *Pisum*. It is located downstream of tRNA polymerase gene on the complementary strand and presumably regulates the gene expression by initiating of transcription in the antisense direction. The regulation may involve two different mechanisms: transcription termination due to RNA polymerases collision before completion of the RNA polymerase gene transcription, or formation of a duplex from two complementary RNA changes, which prevents the translation. The same pattern in plant plastids and chordates mitochondria is described in connection with modeling transcription in [3, 4].

References:

1. Rubanov L.I., Seliverstov A.V., Zverkov O.A., Lyubetsky V.A., A method for identification of highly conserved elements and evolutionary analysis of superphylum Alveolata // *BMC Bioinformatics*. 2016. V. 17. N. 385.
2. Lyubetsky V.A., Gershgorin R.A., Seliverstov A.V., Gorbunov K.Yu., Algorithms for reconstruction of chromosomal structures // *BMC Bioinformatics*. 2016. V. 17, N. 40.
3. Lyubetsky V.A., Zverkov O.A., Rubanov L.I., Seliverstov A.V. Modeling RNA polymerase competition: the effect of  $\sigma$ -subunit knockout and heat shock on gene transcription level // *Biology Direct*. 2011. V. 6, N. 3.
4. Lyubetsky V.A., Zverkov O.A., Pirogov S.A., Rubanov L.I., Seliverstov A.V. Modeling RNA polymerase interaction in mitochondria of chordates // *Biology Direct*. 2012. V. 7, N. 26.