

ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО НАУЧНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ

«Согласовано»

постановление Бюро ОБН РАН

от «_____» _____ 2015 г. № _____

Академик-секретарь

Отделения биологических наук РАН

академик А.Ю. Розанов

Федеральное государственное бюджетное учреждение

науки

ИНСТИТУТ БЕЛКА РОССИЙСКОЙ

АКАДЕМИИ НАУК

ОТЧЕТ

2015 год

Утвержден на заседании
Ученого совета Института белка РАН
протокол № от 22 декабря 2015 г.

ВРИО директора Института белка РАН

В.А.Колб

<p>Номер и наименование направления фундаментальных исследований (по Программе)</p>	<p>Полученные результаты (в привязке к ожидаемым результатам)</p>
<p>57 «Структура и функции биомолекул и надмолекулярных комплексов, протеомика, биокатализ»</p>	<p>Был разработан формальный математический аппарат для анализа трехмерных изображений зернистых нанопокровов, полученных методом атомно-силовой микроскопии. Применение этого подхода к анализу поверхности глазных линз 17 насекомых из 6 семейств показало, что наблюдаемая упорядоченность зернистой структуры поверхности обусловлена, в основном, плотностью упаковки зерен, а не специальным механизмом их образования.</p> <p>Методом атомно-силовой микроскопии было исследовано взаимодействие многофункционального мультимерного белка Dps из <i>E.coli</i> с ДНК. Было показано, что этот белок присоединяется преимущественно к термодинамически менее стабильным концам линейных фрагментов двухцепочечной ДНК. Также было найдено, что этот белок связывается с центральной частью Y-образной молекулы ДНК, полученной путем самосборки трех одноцепочечных олигонуклеотидов. (ИБ РАН).</p>
<p>57 «Структура и функции биомолекул и надмолекулярных комплексов, протеомика, биокатализ»</p>	<p>Получены химерные формы фактора e/aIF2 и их тройственные комплексы e/aIF2•GDPNP•Met-тРНК_f; получено и охарактеризовано несколько кристаллических форм этих тройственных комплексов.</p> <p>Впервые показано, что γ-субъединица архейного фактора aIF2 <i>S. solfataricus</i> специфически связывает в своём каноническом нуклеотид-связывающем сайте мРНК с гуанозин трифосфатом на 5'-конце.</p> <p>Впервые показано, что γ-субъединица архейного фактора aIF2 <i>S. solfataricus</i> специфически связывает в своём каноническом нуклеотид-связывающем сайте мРНК с гуанозин трифосфатом на 5'-конце. (ИБ</p>

	РАН).
57 «Структура и функции биомолекул и надмолекулярных комплексов, протеомика, биокатализ»	<p>Наши результаты демонстрируют, что наличие второго флагеллина FlaB2 может быть важным для стабилизации надмолекулярной структуры жгутика <i>H. saccharovorum</i>.</p> <p>Были подобраны экспериментальные условия, позволяющие получить мономерный белок НАН_0240 и очистить его от компонентов мембран, совыделяющихся с Tat-нитями. (ИБ РАН).</p>
58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»	<p>Образование полисом на вновь добавленной мРНК изучали в работающей бесклеточной системе трансляции, содержащей ранее сформированные полисомы. Обнаружено, что формирование новых полисом на добавленной мРНК вызывает частичную разборку ранее сформированных полисом.</p> <p>На примере обелинового лидера (лидерной последовательности мРНК, кодирующей белок обелин) открыт альтернативный механизм энергозависимого сканирования лидерной последовательности мРНК с участием фактора инициации eIF4F, но без участия свободных факторов инициации eIF4A и eIF4B.</p> <p>Измерены временные параметры трансляции мРНК с различными клеточными и вирусными 5'-НТО в системе из клеток млекопитающих. Обнаружены закономерности, характерные для инициации определенного типа. Предложен и опробован метод удлинения 5'-НТО для идентификации IRES-зависимой инициации трансляции.</p> <p>Показано, что высокое содержание циркулярных и линейных (но не спиральных) форм полисом коррелирует с высокой активностью системы трансляции, а повышенное содержание 3-мерных спиральных высокозагруженных полисом – с пониженной трансляционной активностью.</p> <p>Для исследования циркулярной трансляции в полирибосомах проведена оптимизация условий получения эукариотических полирибосом, модифицированных одновременно двумя флуоресцентными красителями. Полученные полирибосомы</p>

	<p>визуализированы с высоким разрешением в многоцветном режиме микроскопа Nikon N-STORM.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Обнаружено, что синтез 29-членного олигофенилаланинового пептида с метионином в N-концевом положении (fMet-Phe₂₉) не ингибируется связанным в рибосомном туннеле эритромицином – так же, как и синтез протяжённых цепей полифенилаланина без метиониновых остатков. Отсутствие ингибирования позволяет опровергнуть гипотезу о необходимости инвариантного N-концевого метионина для направления синтезируемого полипептида в рибосомный туннель. (ИБ РАН).</p>
<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Проведен анализ физико-химических и функциональных свойств рибосом из штаммов <i>Escherichia coli</i>, содержащих рибосомный белок L16 с изменениями (K133L или K127L/K133L) в области контакта с белком L25. Показано, что данные мутации приводят к снижению функциональной активности рибосом этих штаммов <i>in vivo</i>, а мутантные белки L16 слабее удерживаются в рибосоме, чем интактный белок. Таким образом, контакт между белками L16 и L25 является функционально важным для бактериальной рибосомы.</p> <p>Создан мутантный штамм <i>E. coli</i>, в котором ген рибосомного белка L16 заменен на ген его гомолога из <i>Bacillus subtilis</i>. Установлено, что такая замена в рибосомах <i>E. coli</i> мало влияет на ростовые характеристики клеток и не отражается на активности их аппарата трансляции. Из полученных результатов следует, что белок L16 <i>B. subtilis</i> способен эффективно заменять свой гомолог в клетках <i>E. coli</i>.</p> <p>Созданы мутантные штаммы <i>E. coli</i>, содержащие рибосомный белок L27 с изменениями (K4L или R14A) в области контакта с тРНК, расположенной в Р-сайте. Показано, что одна из этих замен в L27 (K4L) приводит к заметному замедлению роста клеток и снижению активности их аппарата трансляции. Таким образом, межмолекулярные контакты аминокислотного остатка K4 белка L27 важны для функционирования бактериальной рибосомы. (ИБ РАН).</p>

<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Методом амбер-супрессорного мутагенеза <i>in vivo</i> показано, что замена остатка лизина в сайтах процессинга предшественника белка головки, протеазы предшественника белка головки и портового белка фага T5 на некоторые аминокислотные остатки (цистеин, фенилаланин, треонин) приводит практически к полной потере вирулентности мутантных фагов. Эти данные могут свидетельствовать о важной роли процессинга указанных компонентов головки фага T5 в процессе ее сборки. (ИБ РАН).</p>
<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Были выделены белки, взаимодействующие с фрагментом мРНК YB-1 (977-1114). Однако обнаружить общие белки, специфично взаимодействующие с данным фрагментом, в различных клеточных лизатах не удалось. Вероятно, для корректного узнавания данного фрагмента регуляторными белками необходима вторичная структура мРНК.</p> <p>С использованием RNA-Seq технологии определен набор мРНК, преципитируемых антителами к YB-1, и полный набор мРНК лизатов клеток HEK293. Путем их сравнения установлен набор мРНК, связывающихся с YB-1 (ИБ РАН).</p> <p>Были получены репортерные мРНК люциферазы, содержащие длинную (с TOP-мотивом) и короткую (без TOP-мотива) 5' НТО мРНК UBA52 и RPS16. Уровень трансляции, а также уровень ингибирования трансляции в присутствии PP242 не отличаются для мРНК, содержащих длинную и короткую изоформу 5'НТО, т.е. не зависят от наличия TOP-мотива. (ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические основы клеточных технологий</p>	<p>Показано, что виментиновые промежуточные филаменты ингибируют вход калия в митохондрии. Получен новый химерный белок, состоящий из фрагмента виментина и зеленого флуоресцентного белка, способный связываться с митохондриями. (ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические</p>	<p>Проанализирован характер миграции фибробластов, экспрессирующих нормальный виментин и его мутантные формы. Показано, что виментиновые промежуточные филаменты (ПФ)</p>

<p>основы клеточных технологий</p>	<p>увеличивают направленность миграции клеток независимо от способности виментина связываться с митохондриями. (ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические основы клеточных технологий</p>	<p>Проведено дальнейшее исследование взаимодействия с микротрубочками рибосомного белка Rpl22e человека. Показано, что N-концевой и центральный домены Rpl22e не участвуют в этом взаимодействии (рис.1). При этом С-концевой домен Rpl22e важен для поддержания белка в растворимом состоянии. Получены ДНК-конструкции для исследования взаимодействия с микротрубочками С-концевого домена Rpl22e. Продемонстрировано, что динактин-1 имеет несколько большее сродство к микротрубочкам, чем Rpl22e, но существенно интенсивнее диффундирует по ним</p> <p>Для изучения роли взаимодействия белка COPII-окаймления Sec23 и динактина-1 в движении Sec23-содержащих везикул получили ДНК-конструкции, кодирующие слитые белки Sec23-GFP-p150Glued, причем в различных вариантах динактина. Показано, что синтез в клетках Sec23-GFP-p150Glued не влияет на параметры движения Sec23-содержащих везикул, т.е. этап связывания Sec23 и p150Glued не важен для движения. Синтез же Sec23-GFP-p150Glued(CC1B), содержащего активированный p150Glued, приводит к более интенсивному движению, но это не сказывается на общей морфологии секреторного пути (ИБ РАН).</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Био- информатика".</p>	<p>Был изучен процесс образования амилоидов амилоидогенным фрагментом белка Bgl2 (остатки 166-175, VDSWNVLVAG (AspNB)) из клеточной стенки дрожжей и его аналога с заменой D2E (GluNB).</p> <p>Определены участки полипептидной цепи, образующих ядро амилоидных структур, на примере фрагмента белка Bgl2 (остатки 166-175, VDSWNVLVAG (AspNB)) из клеточной стенки дрожжей и его аналога с заменой D2E (GluNB).</p> <p>Показано, что наличие нестрогих повторов в РНК-связывающих белках с прионо-подобным доменом является важной характеристикой аминокислотной последовательности данных белков для быстрого образования динамической кросс-бета</p>

	<p>структуры и её распада.</p> <p>Мы определили, что нативный бычий α-кристаллин из хрусталика глаза быка формирует гетерогенные олигомеры, которые в отличие от αB-кристаллина не имеют полости внутри.</p> <p>Подсчитана доля остатков, входящих в неструктурированные участки, для четырёх доменов живых организмов: эукариот, бактерий, архей и вирусов. Показано, что их доля линейно зависит от размера протеома.</p> <p>Исследована роль синдеканов в различных биологических процессах человека. Показано, что внеклеточный и цитоплазматический домены синдеканов - неструктурированные участки. (ИБ РАН)</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>Определены необходимые условия образования сильно скрученных и изогнутых бета-шпилек в белках: для их образования необходимо чередование в бета-тяжах гидрофобных и гидрофильных остатков, наличие одного-двух глицинов в перетяжке, некий избыток глицинов и/или аланинов на вогнутой поверхности в местах наибольшей скрученности бета-тяжей и пролинов на выпуклой поверхности.</p> <p>Определена кристаллическая структура фермента глиоксалаза I для Zn-SA0856 из патогенных бактерий <i>Staphylococcus aureus</i> с разрешением 2.2 А. (ИБ РАН).</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>Методом резонансного переноса энергии биолюминесценции исследовано взаимодействие барназы с барстар <i>in vivo</i>.</p> <p>Продолжено изучение амилоидообразования белков и определения участков полипептидной цепи, образующих ядро амилоидных структур при амилоидозе - на примере мутантной формы апомиоглобина V10F.</p> <p>Показано, что имеющихся на данный момент экспериментальных данных по кинетике сворачивания глобулярных белков недостаточно для того, чтобы строить статистические модели и модели машинного обучения предсказания скоростей сворачивания белков.</p>

	<p>Методами рассеяния света и неденатурирующего электрофореза исследовано влияние ко-шаперона GroES на сборку шаперона GroEL <i>in vitro</i>.</p> <p>На основе имеющихся пространственных структур амилоидных фибрилл, образованных пептидом Aβ, проведен дизайн двух его мутантных форм для терминации процесса образования фибрилл.</p> <p>Показано, что конформационное пространство белковой цепи на уровне образования и укладки элементов вторичной структуры на много порядков меньше, чем на уровне аминокислотных остатков, и что даже полный перебор такого количества конформаций возможен за разумное время.</p> <p>Критический анализ экспериментальных данных с очевидностью показывает, что шаперонин GroEL не ускоряет сворачивание белка.</p> <p>Методами дифференциальной сканирующей микрокалориметрии и ограниченного протеолиза исследовано влияние субстратных денатурированных белков на стабильность молекулярного шаперона GroEL.</p> <p>Проведено исследование агрегации гибридного белка Trx-K3beta2m и двух его мутантных форм.</p> <p>Исследовано влияние аминокислотных замен в апомиоглобине на скорость амилоидной агрегации. Показано, что кинетические кривые описываются двухэкспоненциальным приближением, при этом наблюдается зависимость от позиции замены для первой стадии агрегации и от типа замены для второй.</p> <p>Новое силовое поле, включающее многочастичные невалентные взаимодействия, применено для моделирования молекулярных кристаллов методом молекулярной динамики.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>Изучено влияние замен аминокислотных остатков на поверхности апомиоглобина и карбоксиангидразы на стабильность и скорости формирования промежуточных состояний этих белков.</p> <p>Исследованы особенности формирования разных изоформ зеленого флуоресцентного белка.</p>

	(ИБ РАН).
61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".	Методом сканирующей микрокалориметрии изучено влияние высокого давления на переход гель-жидкий кристалл в водных суспензиях трех диацилфосфатидилэтаноламинов с длиной ацильных цепей 12, 14 и 15 атомов углерода. (ИБ РАН).
62«Биотехнология»	На основе изобретенного в лаборатории метода молекулярных колоний разработан детальный протокол для детекции одиночных событий ковалентных и нековалентных взаимодействий между молекулами РНК. (ИБ РАН).
62«Биотехнология»	Был наработан наноструктурированный материал на основе модифицированных жгутиков <i>Halobacterium salinarum</i> в количестве достаточном для проведения всесторонних электрохимических испытаний. Проведенные испытания показали, что созданные емкости наноструктурных анодных материалов в четыре раза превысили таковые для используемых в настоящее время углеродных аналогов. (Заключительный отчет) (ИБ РАН).

опубликовано в 2015 году							
	монографий	глав в монографиях	сборников	научно-методич. пособий	статей	Тезисов	др.
на русском языке		1	1		9	49	Патент на 1 изобретение
на иностранном языке		1			50	32	1 интернет издание; Заявка на патентование за рубежом

Индикатор	Единица измерения	2015 год	
		План	Фактическое исполнение
1	2	3	4
Количество публикаций в ведущих российских и международных журналах по результатам исследований, полученным в процессе реализации Программы	единиц	52	59
Количество публикаций в мировых научных журналах, индексируемых в базе данных «Сеть науки» (WEB of Science)	единиц	40	54
Доля исследователей в возрасте до 39 лет в общей численности исследователей	%	31	32
Число охраняемых объектов интеллектуальной собственности:			
зарегистрированных патентов в России	единиц	1	1
зарегистрированных патентов за рубежом	единиц	0	0
Внутренние затраты на исследования и разработки (на одного исследователя)	тыс. руб.	900	2501

Справочные сведения:

Общее число научных работников – 69 человек.

В 2015 году защищено 2 диссертаций на соискание учёной степени кандидата наук:

1. Митрошин Иван Владимирович. «Исследование структуры белков Р-выступа большой субчастицы архейной рибосомы»
2. Архипова Валентина Ивановна. Кристаллизация и исследования структуры фактора инициации трансляции 2 из эукариот и архей.

Научная работа сотрудников Института поддержана 6 грантами Российского научного фонда (5 научные группы, 1 лаборатория), 7 грантами программ Президиума РАН, 20 грантами РФФИ.

СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ ИНСТИТУТА БЕЛКА РАН ЗА 2015 Г.

1. Afonina Z.A., Myasnikov A.G., Shirokov V.A., Klaholz B.P., and Spirin A.S. (2015) Conformation transitions of eukaryotic polyribosomes during multi-round translation. *Nucleic Acids Research*, **43**, 618-628.
2. Alemasova E.E., Pestryakov P.E., Sukhanova M.V., Kretov D.A., Moor N.A., Curmi P.A., Ovchinnikov L.P., Lavrik O.I. Poly(ADP-ribosylation) as a new posttranslational modification of YB-1. *Biochimie*. 2015 **119**:36-44.
3. Arkhipova V, Stolboushkina E, Kravchenko O, Kljashtorny V, Gabdulkhakov A, Garber M, Nikonov S, Märtens B, Bläsi U, Nikonov O. (2015). Binding of the 5'-Triphosphate End of mRNA to the γ -Subunit of Translation Initiation Factor 2 of the Crenarchaeon *Sulfolobus solfataricus*. *J Mol Biol.*, **427**, 3086-95.
4. Beznosov S.N., Veluri P.S., Pyatibratov M.G., Chatterjee A., Douglas R. MacFarlane D.R., Fedorov O.V., & Mitra S. Flagellar filament bio-templated inorganic oxide materials - towards an efficient lithium battery anode. *Scientific Reports*, 2015, **5**, article number 7736.
5. Blagodatski A, Sergeev A, Kryuchkov M, Lopatina Y, Katanaev VL. Diverse set of Turing nanopatterns coat corneae across insect lineages. *Proc Natl Acad Sci U S A*. 2015;**112**(34):10750-5.
6. Bobkova N.V., Lyabin D.N., Medvinskaya N.I., Samokhin A.N., Nekrasov P.V., Nestorova I.V., Aleksandrova I.Y., Tatarnikova O.G., Bobylev A.G., Vikhlyantsev I.M., Kukharsky M.S., Ustyugov A.A., Polyakov D.N., Eliseeva I.A., Kretov D.A., Guryanov S.G., Ovchinnikov L.P. The Y-Box Binding Protein 1 Suppresses Alzheimer's Disease Progression in Two Animal Models. *PLoS One*. 2015;**10**(9):e0138867. eCollection 2015.
7. Boca M, Kretov DA, Desforges B, Mephon-Gaspard A, Curmi PA, Pastré D. (2015). Probing protein interactions in living mammalian cells on a microtubule bench. *Sci Rep*. **27**, 5, 17304.
8. Chernoiivanenko I. S. , Matveeva E. A. , Gelfand V. I., Goldman R. D., and Minin A. A. Mitochondrial membrane potential is regulated by vimentin intermediate filaments. *FASEB J* 2015 **29**(3):820-827.
9. Chetverina H.V., Chetverin A.B. (2015). Identifying RNA recombination events and non-covalent RNA-RNA interactions with the molecular colony technique. *Methods Mol. Biol.* **1240**, 1-25.
10. Chirgadze Y.N., Clarke T.E., Romanov V., Kisselman G., Wu-Brown J., Soloveychik M., Chan, T.S., Gordon R.D., Battaile K.P., Pai E.F., Chirgadze N.Y. The structure of SAV1646 from *Staphylococcus aureus* belonging to a new 'ribosome-associated' subfamily of bacterial proteins. *Acta Cryst.* 2015 **D71**, 332–337.
11. Corrales M., Cuscó P., Usmanova D.R., Chen H.-C., Bogatyreva N.S., Filion G.J., Ivanov D.N. (2015) Machine learning: how much does it tell about protein folding rates? *Plos ONE*; **25** November; DOI:10.1371/journal.pone.0143166
12. Dovidchenko N.V, Galzitskaya O.V. (2015) Computational Approaches to Identification of Aggregation Sites and the Mechanism of Amyloid Growth. *Adv Exp Med Biol.* **855**, 213–239.
13. Finkelstein A.V., Garbuzynskiy S.O. (2015) Reduction of the search space for the folding of proteins at the level of formation and assembly of secondary structures: A new view on the solution of Levinthal's paradox. *ChemPhysChem*, **16**, 3375-3378.

14. Finkelstein A.V. (2015) Time to overcome the high, long and bumpy free-energy barrier in a multi-stage process: The generalized steady-state approach. *J. Phys. Chem. B*, **119**, 158-163.
15. Finkelstein A.V. Two views on the protein folding puzzle. (2015) *Atlas of Science*, November 6, <http://atlasofscience.org/two-views-on-the-protein-folding-puzzle/>
16. Fomina E.E., Pestryakov P.E., Kretov D.A., Zharkov D.O., Ovchinnikov L.P., Curmi P.A., Lavrik O.I. *J Mol Recognit.* 2015 **28(2)**:117-23. Inhibition of abasic site cleavage in bubble DNA by multifunctional protein YB-1.
17. Galzitskaya O.V, Lobanov M.Y. (2015) Phyloproteomic Analysis of 11780 Six-Residue-Long Motifs Occurrences. *Biomed Res. Int.*, **2015**: 208346
18. Galzitskaya O.V. (2015) Reversible and Irreversible Aggregation of Proteins from the FET Family: Influence of Repeats in Protein Chain on Its Aggregation Capacity. *Curr. Protein Pept. Sci.* 2015. PMID 26100283
19. Galzitskaya O.V. (2015) Repeats are one of the main characteristics of RNA-binding proteins with prion-like domains. *Mol. Biosyst.* **11**, 2210–2218.
20. Galzitskaya O.V. (2015) What is necessary to be prion-like domain? *Atlas of Science*, December 5, <http://atlasofscience.org/what-is-necessary-to-be/>
21. Gytz H., Mohr D., Seweryn P., Yoshimura Y., Kutlubaeva Z., Dolman F., Chelchessa B., Chetverin A.B., Mulder F.A., Brodersen D.E., Knudsen C.R. (2015) Structural basis for RNA-genome recognition during bacteriophage Q β replication. *Nucleic Acids Res.* **43(22)**:10893-906..
22. Glyakina A.V., Likhachev IV, Balabaev N.K., Galzitskaya O.V. (2015) Mechanical stability analysis of the protein L immunoglobulin-binding domain by full alanine screening using molecular dynamics simulations. *Biotechnology Journal*, **10**, 386–394.
23. Golomidova A.K., Kulikov E.E., Prokhorov N.S., Guerrero-Ferreira R.C., Ksenzenko V.N., Tarasyan K.K., Letarov A.V. (2015) Complete genome sequences of T5-related *Escherichia coli* bacteriophages DT57C and DT571/2 isolated from horse feces. *Arch. Virol.*, **160**, 3133-3137.
24. Grinberg V.Y., Senin A.A., Grinberg N.V., Burova T.V., Dubovik A.S., Potekhin S.A., Erukhimovich I.Ya. (2015) On effects of high pressure on the phase separation of aqueous solutions of poly(N-isopropylacrylamide): A HS-DSC study. *Polymer* **64**, 14-18.
25. Kljashtorny V, Nikonov S, Ovchinnikov L, Lyabin D, Vodovar N, Curmi P, Manivet P. The Cold Shock Domain of YB-1 Segregates RNA from DNA by Non-Bonded Interactions. *PLoS One*. 2015; **10(7)**:e0130318.
26. Korepanov A.P., Kostareva O.S., Bazhenova M.V., Bubunenko M.G., Garber M.B. & Tishchenko S.V. Studying the Properties of Domain I of the Ribosomal Protein L1: Incorporation into Ribosome and Regulation of the L1 Operon Expression. *Protein J*, 2015, **34**,103-110.
27. Kretov D.A., Curmi P.A., Hamon L., Abrakhi S., Desforges B., Ovchinnikov L.P., Pastré D. mRNA and DNA selection via protein multimerization: YB-1 as a case study. *Nucleic Acids Res.* 2015; **43(19)**:9457-73.
28. Laman A.G., Lathe R., Savinov G.V., Shepelyakovskaya A.O., Boziev Kh.M., Baidakova L.K., Chulin A.N., Brovko F.A., Svirshchevskaya E.V., Kotelevtsev Y., Eliseeva I.A., Guryanov S.G., Lyabin D.N., Ovchinnikov L.P., Ivanov V.T. *FEBS Lett.* 2015; **589(15)**:1819-24.
29. Leonova E.I. and Galzitskaya O.V. (2015) Role of Syndecans in Lipid Metabolism and in Human Diseases. *Adv Exp Med Biol.* **855**, 241-258.

30. Leonova EI, Galzitskaya OV. (2015) Cell communication using intrinsically disordered proteins: what can syndecans say? *J Biomol Struct Dyn.*, **33**, 1037–1050.
31. Likhachev I.V., Balabaev N.K. and Galzitskaya O.V. (2015) Available instruments for molecular dynamics trajectories. *Open Bioinformatics*, **9**, 20-26
32. Lobanov M.Y., Galzitskaya O.V. How Common Is Disorder? (2015) Occurrence of Disordered Residues in Four Domains of Life. *Int. J. Mol. Sci.*, **16**, 19490–19507.
33. Lohofener J, Steinke N, Kay-Fedorov P, Baruch P, Nikulin A, Tishchenko S, Manstein D.J., and Fedorov R. The Activation Mechanism of 2'-5'-Oligoadenylate Synthetase Gives New Insights Into OAS/cGAS Triggers of Innate Immunity. *Structure*, 2015, **23**, 1–12.
34. Lüchtenborg A.M., Purvanov V., Melnik B.S., Becker S., Katanaev V.L. Mode of interaction of the Gαo subunit of heterotrimeric G proteins with the GoLoco1 motif of *Drosophila* Pins is determined by guanine nucleotides. *Biosci Rep*. 2015; **35(6)**. pii: e00271.
35. Marchenko N.Y., Marchenkov V.V., Semisotnov G.V., Finkelstein A V. (2015) Strict experimental evidence that apo-chaperonin GroEL does not accelerate protein folding, although it does accelerate one of its steps. *Proc Natl Acad Sci USA* (**112(50)**):E6831-2)
36. Matveeva E. A. , Venkova L. S., Chernoiivanenko I. S. and Minin A. A. Vimentin is involved in regulation of mitochondrial motility and membrane potential by Rac1 *Biology Open* 2015; **4(10)**:1290-7.
37. Märten B, Bezerra G.A., Kreuter M.J., Grishkovskaya I., Manica A., Arkhipova V., Djinnovic-Carugo K. and Bläsi U. The Heptameric SmAP1 and SmAP2 Proteins of the *Crenarchaeon Sulfolobus Solfataricus* Bind to Common and Distinct RNA Targets. *Life*, 2015, **5**, 1264-1281.
38. Melekhov V.V., Shvyreva U.S., Timchenko A.A., Tutukina M.N., Preobrazhenskaya E.V., Burkova D.V., Artiukhov V.G., Ozoline O.N., Antipov S.S. (2015). Modes of *Escherichia coli* Dps Interaction with DNA as Revealed by Atomic Force Microscopy. *Plos One*, **10(5)**: e0126504
39. Mitroshin I, Garber M, Gabdulkhakov A. (2015). Crystallographic analysis of archaeal ribosomal protein L11. *Acta Crystallogr*, **F71**,1083-7.
40. Pereyaslavets L.B., Glyakina A.V, Dovidchenko N.V, Sokolovskiy I.V, Galzitskaya O.V. (2015) What handedness and angles between helices has the studied three-helical protein domain? *Bioinformatics*, **31**, 963–965.
41. Pereyaslavets L.B., Sokolovsky I.V, Galzitskaya O.V. (2015) FoldNucleus: web server for the prediction of RNA and protein folding nuclei from their 3D structures. *Bioinformatics*, **31**, 3374-3376.
42. Pereyaslavets L.B., Galzitskaya, O.V. (2015) Theoretical Search for RNA Folding Nuclei, *Entropy*, **17**, 7827-7847.
43. Polozov RV, Sivozhelezov VS, Chirgadze YN, Ivanov VV. (2015) Recognition rules for binding of Zn-Cys2His2 transcription factors to operator DNA. *J Biomol Struct Dyn*. 2015 **33(2)**:253-66.
44. Tarasova I.A., Surin A.K., Fornelli L., Pridatchenko M.L., Suvorina M.Yu. and Gorshkov M.V. (2015) Ion coalescence in Fourier transform mass spectrometry: should we worry about this in shotgun proteomics? *Eur. J. Mass Spectrom.*, **21**, 459–470
45. Sergeev A., Timchenko A.A., Kryuchkov M., Blagodatsky A., Enin G.A., Katanaev V.L. (2015). Origin of order in bionanostructures. *Rsc Advances* , **5(78)**, 63521-63527

46. Suvorina M.Y., Selivanova O.M., Grigorashvili E.I., Nikulin A.D., Marchenkov V.V., Surin A.K., Galzitskaya O.V. (2015) Studies of Polymorphism of Amyloid-beta 42 Peptide from Different Suppliers. *J. Alzheimers. Dis.*, **47**, 583-593.
47. Trubetskaya O.E., Richard C., Voyard G., Marchenkov V.V., Trubetskoj O.A. (2015) RP-HPLC and spectroscopic characterization of Suwannee River water NOM after concentrated urea treatment and dialysis. *Desalination and Water Treatment*, Published online: 21 Jan 2015, DOI:10.1080/19443994.2014.1003610.
48. Tishchenko S, Kostareva O, Gabdulkhakov A, Mikhaylina A, Nikonova E, Nevskaya N, Sarskikh A, Piendl W, Garber M and Nikonov S. Protein–RNA affinity of ribosomal protein L1 mutants does not correlate with the number of intermolecular interactions. *Acta Cryst.* (2015). **D71**, 376–386.
49. Tishchenko S, Gabdulkhakov A, Trubitsina L, Lisov A, Zakharova M and Leontievsky A. (2015). Crystallization and X-ray diffraction studies of a two-domain laccase from *Streptomyces griseoflavus*. *Acta Cryst. (Struct Biol Commun)*, **F71**: doi.org/10.1107/S2053230X15014375.
50. Yegorov A.Y., Potekhin S.A. (2015) Moderate pressure has no distinct impact on hydrophobic hydration of proteins. *Thermochimica Acta.* **610**, 10-15
51. Балабаев Н.К., Гарбузинский С.А., Галзитская О.В., Глякина А.В., Маткаримов Б.Т., Финкельштейн А.В. (2015) Включение важнейших многочастичных взаимодействий в силовое поле АМБЕР и применение обновленного поля к молекулярно-динамическим расчетам. *Математическая биология и биоинформатика*, **10**, 427-435.
52. Леонова Е.И., Галзитская О.В. (2015) Роль синдекана-2 в формировании амилоидных бляшек. *Молекулярная биология*, **49**, 89–98.
53. Потехин С.А., Егоров А.Е., Хусаинов Р.С. (2015) Термодинамический анализ одностадийных переходов при высоком давлении. Теоретическое рассмотрение. *Биофизика*, **60 (5)**, 837–842.
54. Руднев В.Р., Панкратов А.Н., Куликова Л.И., Дедус Ф.Ф., Тихонов Д.А., Ефимов А.В. (2014) Конформационный анализ структурных мотивов типа α - α -уголок в вычислительном эксперименте молекулярной динамики. *Математическая биология и биоинформатика*. 2014. Т. **9**. № 2. С. 575-584.
55. Сахаров П.А., Соколов А.С., Агаларов С.Ч. (2015) Негидролизуемый аналог АТФ – 5'-аденилил-имидодифосфат (АМР-РNP) – не ингибирует АТФ-зависимое сканирование лидерной последовательности мРНК. *Биохимия*, **80**, 59-64.
56. Согорин Е.А., Агаларов С.Ч., Спиринов А.С. (2015) Формирование новых полисом на свободных мРНК в бесклеточных системах трансляции сопровождается частичной разборкой ранее сформированных полисом. *Биохимия*, **80**, 1605-1608.
57. Финкельштейн А.В. (2015) ХИРШ и РАН. *Вестник РАН*, 2015, 177-177.
58. Фомина Е.В., Пестряков П.Е., Мальцева Е.А., Петрусева И.О., Кретов Д.А., Овчинников Л.П., Лаврик О.И. (2015). Y-box-связывающий белок 1 (YB-1) способствует детекции объемных повреждений ДНК фактором ХРС-HR23В. *Биохимия* **80**, 2, 269-279.
59. Черткова Р.В., Балобанов В.А., Васильева Д.А., Долгих Д.А. (2015) Кинетика амилоидообразования искусственным белком альбумином. Материалы международной конференции «Новые информационные технологии в медицине, биологии, фармакологии и экологии» весенняя сессия, под редакцией Е.Л. Глориозова, Гурзуф, 2-12 июня 2015 г. стр. 330-339. Издательство: Общество с ограниченной ответственностью "Институт новых информационных технологий" (Москва)

Главы в сборниках и монографиях. Книги.

1. Finkelstein A.V., Dovidchenko N.V., Selivanova O.M., Suvorina M.Yu., Surin A.K., Galzitskaya O.V. Determination of the size of the primary and secondary folding nuclei of protofibrils from the concentration dependence of the rate and the lag-time of their formation. (2015) In: *Physical Biology of Proteins and Peptides: Theory, Simulation and Experiment* (eds.: Olivares-Quiroz L., Jardón-Valadez H.E., Guzmán-López O.). New York: Springer, 2015, pp. 47-66.
2. А.В. Мальцев, О.В. Галзитская. (2014) Формирование пусковых факторов амилоидоза нейронов и активация теплозащитных механизмов латентной стадии болезни Альцгеймера. Глава в книге. Под редакцией академика М.В. Угрюмова, 2 том, 182-223.

Поданные заявки на изобретение:

1. Бобкова Н.В., Овчинников Л.П., Медвинская Н.И., Гурьянов С.Г., Нестерова И.В., Елисеева И.А. Самохин А.Н., Александрова И.Ю. Некрасов П.В. (2015). Изобретение «Применение белка YB-1 и его фрагментов для изготовления лекарственных средств при лечении болезни Альцгеймера». Патент на изобретение №2561050.
2. Бобкова Н.В., Овчинников Л.П., Медвинская Н.И., Гурьянов С.Г., Нестерова И.В., Елисеева И.А., Самохин А.Н., Александрова И.Ю., Некрасов П. В. Применение белка YB-1 и его фрагментов для изготовления лекарственных средств при лечении болезни Альцгеймера (Application of YB-1 protein and fragments thereof for preparing medical agents in treating Alzheimer's disease). Международная заявка, опубликованная в соответствии с договором о патентной кооперации (РСТ). Дата международной публикации: 05 марта 2015 (номер международной публикации WO 2015/030628 A2; номер международной заявки РСТ/Ru2014/000625; дата международной подачи: 21 августа 2014; данные о приоритете 2013139704 28 августа 2013 RU.