

ФЕДЕРАЛЬНОЕ АГЕНТСТВО НАУЧНЫХ ОРГАНИЗАЦИЙ

«Согласовано»

постановление Бюро ОБН РАН

от « ____ » _____ 2016 г. № _____

Академик-секретарь

Отделения биологических наук РАН

академик А.Ю. Розанов

Федеральное государственное бюджетное учреждение

науки

ИНСТИТУТ БЕЛКА РОССИЙСКОЙ

АКАДЕМИИ НАУК

ОТЧЕТ

2016 год

Утвержден на заседании
Ученого совета Института белка РАН
протокол № от 20 декабря 2016г.

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>Методом атомно-силовой микроскопии были исследованы амилоидогенные свойства белка Бенс-Джонса B1F в различных ионных условиях, имитирующих таковые в различных отделах нефрона. Было показано, что характер агрегатов белка зависит от pH, и его понижение инициирует рост фибрилл. Замена в белке B1F Asn177 на Ser приводит к утрате белком способности к формированию протяженных фибриллярных структур в этих условиях, и агрегаты образуются только в условиях pH, близких к нейтральным, а также в присутствии восстановителя. (ИБ РАН).</p>
<p>57 «Структура и функции биомолекул и надмолекулярных комплексов, протеомика, биокатализ»</p>	<p>Определена пространственная структура γ-субъединицы архейного фактора инициации трансляции aIF2 <i>Sulfolobus solfataricus</i> в комплексе с нерасщепляемым аналогом ГТФ (GDP-CP) с высоким разрешением (1.64 Å). Впервые обнаружены возможные пути переноса протона в процессе гидролиза ГТФ на γ-субъединице aIF2. (ИБ РАН).</p>
<p>57 «Структура и функции биомолекул и надмолекулярных комплексов, протеомика, биокатализ»</p>	<p>Впервые обнаружена и исследована зависимость формирования протяженных поверхностных структур галофильных архей (жгутиков и Т-нитей) от условий окружающей среды (культивирования). Продолжается работа по модифицированию поверхности жгутиков галофильных архей петлями пептидных последовательностей с целью придания модифицированным жгутикам искомым</p>

	<p>связывающих свойств.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>58.</p> <p>«Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Обнаружено, что в уже работающей бесклеточной системе трансляции вновь добавленная мРНК вызывает освобождение полноразмерного белка из транслирующих полирибосом. Впервые показано функциональное сопряжение инициации и терминации трансляции.</p> <p>Завершена отладка экспериментальных протоколов для анализа структуры полирибосом методом криоэлектронной томографии с использованием крио микроскопа Titan Krios (совместно с НИЦ Курчатовский институт). Проведено предварительное исследование структуры полирибосом на мРНК, содержащей IRES CrPV.</p> <p>Проверена универсальность предложенного способа идентификации IRES-зависимой инициации трансляции. Показана применимость метода удлинения 5'-НТО для анализа инициации на IRES-последовательностях разных типов. (ИБ РАН).</p>
<p>58.</p> <p>«Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Обнаружено, что связанный в рибосомном туннеле эритромицин не ингибирует синтез 29-членного олигофенилаланинового пептида с метионином в N-концевом положении (fMet-Phe29), но останавливает трансляцию следующих за фенилаланиновыми кодонов, кодирующих гетерополимерную белковую последовательность. Этот результат позволяет отвергнуть гипотезу о наличии альтернативного пути для растущего полифенилаланинового пептида внутри рибосомы. (ИБ РАН).</p>
<p>58.</p> <p>«Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Методом химического пробинга РНК показано, что в рибосомах <i>Escherichia coli</i> в отсутствие белка L30 происходят изменения в функционально важном участке домена V 23S рРНК (спиралях H80 и H81), который не имеет прямых контактов с этим белком. Полученные данные указывают на то, что белок L30 оказывает опосредованное влияние на работу функциональных сайтов 50S субчастицы рибосомы.</p> <p>Продолжены исследования роли контакта белка L27 с тРНК, расположенной в Р-участке, в функционировании рибосомы <i>E. coli</i>.</p>

	<p>Показано, что замена K4A/K5G, так же как и ранее осуществленная замена K4L, в белке L27 приводит к заметному замедлению роста клеток и снижению активности их аппарата трансляции. Методом химического пробинга РНК показано, что мутации K4L или K4A/K5G в белке L27 приводят к изменениям в функционально важном участке домена V 23S рРНК – спиралях H80 и H81 (район P-loop).</p> <p>Продолжены исследования роли контакта белка L5 с тРНК, расположенной в Р-участке, в функционировании бактериальной рибосомы. Методом химического пробинга РНК показано, что мутации F77 в петле $\beta 2$-$\beta 3$ белка L5 приводят к изменениям в торцевой петле спирали H85 домена V 23S рРНК.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Разработан подход для исследования роли процессинга предшественника основного белка головки, протеазы основного белка головки и портового белка при самосборке головок фага T5.</p> <p>Продолжено исследование процесса сборки целых фаговых частиц из головок и хвостов фага T5.</p> <p>Показано наличие регуляции синтеза протеазы основного белка головки фага T5, реализуемой на стадии трансляции.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>58. «Молекулярная генетика, механизмы реализации генетической информации, биоинженерия»</p>	<p>Методом высокопроизводительного секвенирования определены наборы мРНК, связывающиеся с YB-1 в нормальных и раковых клетках молочной железы. Установлено, что в раковых клетках происходит изменение набора мРНК, ассоциированных с YB-1, причем функционально значимым является снижение связывания YB-1 с мРНК белков, участвующих в регуляции клеточного роста и миграции.</p> <p>Методом высокопроизводительного секвенирования определены изменения в наборах мРНК, связывающихся с YB-1 в клетках НЕК293 в нормальных условиях, в условиях мышьякового стресса и в условиях ингибирования mTOR-сигнального пути. Установлено,</p>

	<p>что изменение трансляционного статуса мРНК в присутствии арсенита натрия и ингибитора mTOR (Torin2) не зависит от связывания YB-1. Вероятно, что YB-1 при стрессах может не влиять на белковый синтез, а стабилизировать мРНК на время стресса.</p> <p>Методом геномного редактирования CRISPR/Cas9 получены клетки НЕК293Т delYB-1, не экспрессирующие белок YB-1. Методом рибосомного профайлинга определен трансляционный статус мРНК в клетках НЕК293Т и НЕК293Т delYB-1.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические основы клеточных технологий</p>	<p>Химерный белок, состоящий из части N-концевого фрагмента виментина, слитого с зеленым флуоресцентным белком, связывается с митохондриями и увеличивает их мембранный потенциал. Экспрессированный в бактериях и очищенный виментин подавляет вход калия в митохондрии через АТФ-чувствительные калиевые каналы.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические основы клеточных технологий</p>	<p>Идентифицирован участок молекулы моторного белка кинезина, опосредующий его взаимодействие с виментиновыми филаментами через адаптерный белок GRIP1.</p> <p>Показано, что виментин стимулирует миграцию фибробластов независимо от взаимодействия с митохондриями.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
<p>60 "Клеточная биология. Теоретические основы клеточных технологий</p>	<p>Получены ДНК-конструкции, кодирующие белок динактин-1, слитый с белком Sec23, с GRIP-доменом или с РАСТ-доменом. При экспрессии этих ДНК-конструкций в клетках синтезировались химерные белки, таргетированные на ERES-домен эндоплазматического ретикулума, на аппарат Гольджи или на центросому, соответственно. Движение ERES в цитоплазме не изменялось, организация микротрубочек на аппарате Гольджи или на ERES тоже не изменялась, но организация микротрубочек на центросоме усиливалась.</p> <p>В составе белка динактина-1 выявлены фрагменты, участвующие в</p>

	<p>его взаимодействии с центросомой. Это домены, участвующие также во взаимодействии динактина-1 с микротрубочками, CAP-Gly и BMBD. Во фрагменте BMBD оказалось необходимым наличие варибельного домена Var. Добавление сигнальной последовательности экспорта из ядра – NES - ингибирует связывание фрагмента динактина-1 с центросомой, что говорит о возможном участии в этом взаимодействии белков ядерно-цитоплазматического транспорта. (ИБ РАН).</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>Изучен процесс образования амилоидов амилоидогенным фрагментом белка Bgl2 (остатки 166-175, VDSWNVLVAG (AspNB)) из клеточной стенки дрожжей и его аналога с заменой D2E (GluNB). Показано, что фибриллы для данных пептидов состоят из олигомерных структур.</p> <p>Определены участки полипептидной цепи, входящие в остов амилоидных структур, для амилоидогенного фрагмента белка Bgl2 (остатки 166-175, VDSWNVLVAG (AspNB)) из клеточной стенки дрожжей и его аналога с заменой D2E (GluNB).</p> <p>Для определения механизма процесса фибрилляции был исследован инсулин и его быстрый аналог LysPro. Этот белок легко самоорганизуется в фибриллы при кислых pH и часто используется как модельный амилоидогенный белок. Было показано, что амилоидные фибриллы для этих молекул состоят из олигомерных структур, скорее всего гексамеров.</p> <p>Методом молекулярной динамики проведено моделирование олигомерной структуры, состоящей из 48 бета-участков, с целью проверить стабильность данной олигомерной упаковки.</p> <p>Проведён анализ встречаемости гомоповторов и неструктурированных шаблонов в 122 протеомах и найдены часто встречающиеся мотивы и повторы. Встречаемость конкретного гомоповтора зависит от протеома. Встречаемость гомоповторов в белках связана уже более чем с 20 наследственными заболеваниями. Показано, что повышенный уровень растворимого синдекана-1 может служить маркером системного хронического заболевания.</p>

	<p>Построена база данных по встречаемости гомоповторов в протеоме человека. Представлен список заболеваний, прописанных в базе данных OMIM, в которых задействован данный белок.</p> <p>Была изучена механическая стабильность белков клеточного матрикса с использованием метода молекулярной динамики для трёх доменов альфа-спектрина (R15, R16 и R17 из мозга курицы). Оказалось, что чем более механически стабилен белок, тем медленнее он сворачивается.</p> <p>Нами показано, что степень гомологии между αA- и αB-кристаллинами у различных классов хордовых составляет приблизительно 28 - 35%, а не 60% как считалось ранее. Согласно нашим данным, консервативным является не только кристаллиновый домен, но и N-концевой домен.</p> <p>Изучена роль повторов в аминокислотной последовательности на агрегационную способность белка на примере прионо-подобных доменов РНК-связывающих белков семейства FET. 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 структуры и её распада. Прослежено появление этих повторов с эволюционной точки зрения. (ИБ РАН)</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>В глобулярных белках обнаружен новый структурный мотив и определены необходимые условия его образования. (ИБ РАН).</p>
<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Био-</p>	<p>Исследовано влияние температуры на амилоидную агрегацию апомиоглобина при значениях pH 5.5 и 3.4.</p> <p>Исследовано влияние удельного заряда мембраны на конформационное состояние апомиоглобина и на его сорбцию на</p>

информатика".	<p>поверхность фосфолипидной везикулы.</p> <p>Предложен новый подход к расчету энтропии связывания молекул, основанный на оценке их подвижности в кристаллах.</p> <p>Методами кругового дихроизма, флуоресценции и рассеяния света исследованы кинетические процессы сворачивания и самосборки молекулярного шаперона GroEL в различных концентрациях сульфата аммония.</p> <p>Методами кругового дихроизма и гель-хроматографии охарактеризованы гексамерный белок HFQ и его мутанты HFQ D9A, HFQ Y55W и HFQ D9AY55W.</p> <p>Продолжена разработка метода, основанного на ограниченном протеолизе и масс-спектрометрии высокого разрешения, для изучения определения участков полипептидной цепи, образующих ядро амилоидных структур при амилоидозе Для апомиоглобина дикого типа и двух мутантных форм (V10A и V10F) определены участки полипептидной цепи, формирующие межмолекулярные взаимодействия в амилоидах.</p> <p>Продолжается разработка метода по изучению дейтериевого обмена в белках и пептидах с использованием масс-спектрометрии высокого разрешения.</p> <p>(ИБ РАН).</p>
61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".	<p>Исследовано влияние мутаций в апомиоглобине и карбоксиангидразе на энергетический ландшафт этих белков.</p> <p>Определены причины возникновения разных изоформ зеленого флуоресцентного белка. (ИБ РАН)</p>

<p>61 "Биофизика. Радиобиология. Математические модели в биологии. Биоинформатика".</p>	<p>Завершены исследования влияние высокого давления на переход гель – жидкий кристалл в водных суспензиях диацилфосфатидилэтаноламинов методом сканирующей микрокалориметрии высокого давления. (ИБ РАН).</p>
<p>62«Биотехнология»</p>	<p>Разработана технология высокопроизводительного скрининга клеток эукариот с использованием планарного клеточного биочипа. На основе этой технологии отработана процедура быстрого получения клеточных клонов, гарантированно происходящих из одной клетки. Разработан эффективный метод отбора клеточных линий, несущих чужеродный ген в хромосомной ДНК. Разработана универсальная процедура определения точного местоположения случайных вставок чужеродной ДНК в клеточных хромосомах.</p> <p>Разработан комплексный метода генетического анализа гибридных клеточных линий, основанный на 2D-формате технологии молекулярных колоний. Проведен анализ копийности, местоположения и структуры вставок в гибридных клеточных линиях и поиск закономерностей сайт-неспецифической интеграции. (ИБ РАН).</p>

	опубликовано в 2016 году						
	монографий	глав в монографиях	сборников	научно-методич. пособий	статей	тезисов	др.
на русском языке					24	35	
на иностранном языке	1	2			41	14	5 (интернет издание) Опубликована заявка на патентование в США - 1 Подана Европейская заявка на патентование - 1

Справочные сведения:

Общее число научных работников – 68 человек.

В 2016 году защищено 3 диссертаций на соискание учёной степени кандидата наук:

1. Ким Е. Р. «YB-1, процессированный 20S протеасомой, защищает клетку от ДНК-повреждающих препаратов, участвуя в репарации ДНК»
2. Катина Н.С. «Амилоидная агрегация апомиоглобина и его мутантных форм». Присуждена степень кандидата биологических наук.
3. Кретов Д.А. “Mechanisms of YB-1/Nucleic Acids Interaction and Its Implication in Diverse Cellular Processes” Docteur de Sciences de l’Universite de Paris-Saclay

В 2016 году защищена 1 диссертация на соискание учёной степени доктора наук:

Тищенко С. В. «Исследование РНК-белковых взаимодействий в комплексах рибосомных белков с рибосомными и матричными РНК» по специальности молекулярная биология.

Сведения о присужденных в 2016 г. премиях, почетных званиях, наградах и т.п.:
Столбоушкина Е. А. – лауреат национальной премии L'OREAL-UNESCO «Для женщин в науке».

Научная работа сотрудников Института поддержана 6 грантами Российского научного фонда (5 научные группы, 1 лаборатория), 6 грантами программ Президиума РАН, 25 грантами РФФИ.

СПИСОК ПУБЛИКАЦИЙ ИНСТИТУТА БЕЛКА РАН ЗА 2016 Г.

1. Agalarov S., Yusupov M., Yusupova G. (2016) Reconstitution of functionally active *Thermus thermophilus* 30S ribosomal subunit from ribosomal 16S RNA and ribosomal proteins. *Methods in Molecular Biology*, **1320**, 303-314, doi: 10.1007/978-1-4939-2763-0_1
2. Akulich K.A., Andreev D.E., Terenin I.M., Smirnova V.V., Anisimova A.S., Makeeva D.S., Arkhipova V.I., Stolboushkina E.A., Garber M.B., Prokofjeva M.M., Spirin P.V., Prassolov V.S., Shatsky I.N., Dmitriev S.E. Four translation initiation pathways employed by the leaderless mRNA in eukaryotes. (2016), *Sci Rep* 6: 37905 *Sci Rep* 6: 37905, doi:10.1038/srep37905
3. Baranovskaya M.D., Ugarov V.I., Chetverina H.V., Chetverin A.B. (2016). Removal of protein S1 from *Escherichia coli* ribosomes without the use of affinity chromatography. *Anal. Biochem.* doi: 10.1016/j.ab.2016.11.010. [Epub ahead of print].
4. Bobkova N.V., Ovchinnikov L.P., Medvinskaya N.I., Guryanov S.G., Nesterova I.V., Eliseeva I.A., Samokhin A.N., Alexandrova I.Yu., Nekrasov P.V. (2016). Applikation of YB-1 protein and fragments thereof for preparing medical agents in threatening Alzheimer disease. United States Patent Application Publikation. Pub No.: US 2016/0331806 A1. Pub. Date: Nov 17, 2016.
5. Bobylev AG, Galzitskaya OV, Fadeev RS, Bobyleva LG, Yurshenas DA, Molochkov NV, Dovidchenko NV, Selivanova OM, Penkov NV, Podlubnaya ZA, Vikhlyantsev IM. (2016) Smooth muscle titin forms in vitro amyloid aggregates. *Bioscience Reports*, **36**(3). pii: e00334.
6. Brosse A., Korobeinikova A., Gottesman S., Guillier M.. Unexpected properties of sRNA promoters allow feedback control via regulation of a two-component system (2016), *Nucleic Acids Res.* pii: gkw642
7. Dovidchenko N.V., Selivanova O.M., Galzitskaya O.V. One of the mechanisms of amyloid fibrils formation based on the sizes of folding nuclei of A β 40 and A β 42. *Atlas of Science*, June 19, 2016 <http://atlasofscience.org/one-of-the-mechanisms-of-amyloid-fibrils-formation-based-on-the-sizes-of-folding-nuclei-of-a%CE%B240-and-a%CE%B242/>
8. Dovidchenko, N.V., Glyakina, A.V., Selivanova, O.M., Grigorashvili, E.I., Suvorina, M.Y., Dzhus, U.F., Mikhailina, A.O., Shiliaev, N.G., Marchenkov, V.V., Surin, A.K., and Galzitskaya, O.V. (2016) One of the possible mechanisms of amyloid fibrils formation based on the sizes of primary and secondary folding nuclei of A β 40 and A β 42. *J. Struct. Biol.*, 194, 404-414.
9. Eroshkin F. M., Nesterenko A. M., Borodulin A. V., Martynova N. Yu., Ermakova G. V., Gyoeva F. K., Orlov E. E., Belogurov A. A., Lukyanov K. A., Bayramov A. V. and Zaraisky A. G. Noggin4 is a long-range inhibitor of Wnt8 signalling that regulates head development in *Xenopus laevis*. *Sci Rep*. 2016 Mar 14;6:23049.
10. Fokin A.I., Klementeva T.S., Nadezhdina E.S., Burakov A.V. SLK/LOSK kinase regulates cell motility independently of microtubule organization and Golgi polarization. 2016. *Cytoskeleton*, 73(2):83-92
11. Galzitskaya O.V. (2016) Reversible and Irreversible Aggregation of Proteins from the FET Family: Influence of Repeats in Protein Chain on Its Aggregation Capacity. *Curr Protein Pept Sci.*, **17**(4), 319-331.
12. Galzitskaya O.V., Leonova E.I., Dovidchenko N.V. Possible mechanisms of amyloid growth. *Atlas of Science*, March 25, 2016 <http://atlasofscience.org/possible-mechanisms-of-amyloid-growth/>

13. Galzitskaya O.V. To be folded, to be unfolded or to be aggregated? <https://f1000research.com/slides/5-817> doi: 10.7490/f1000research.1111826.1
14. Galzitskaya O.V., Selivanova O.M. Oligomers are building blocks of amyloid formation for insulin and its fast analog LisPro. *Atlas of Science*, November 19, 2016 <http://atlasofscience.org/oligomers-are-building-blocks-of-amyloid-formation-for-insulin-and-its-fast-analog-lispro/#more-17623>
15. Glukhova K.F., Marchenkov V.V., Melnik T.N., Melnik B.S. Isoforms of green fluorescent protein differ from each other in solvent molecules 'trapped' inside this protein. *J Biomol Struct Dyn*. 2016 Jul 13:1-11.
16. Glyakina A.V., Balabaev N.K., Galzitskaya O.V. (2016) Dataset of the molecular dynamics simulations of bilayers consisting of short amyloidogenic peptide VDSWNVLVAG from Bgl2p-glucantransferase of *S. cerevisiae* cell wall. *Data in Brief*. 9, 597-601, 10.1016/j.dib.2016.09.043.
17. Grinberg V.Y., Burova T.V., Grinberg N.V., Dubovik A.S., Senin A.A., Potekhin S.A., Erukhimovich I.Ya. (2016) Energetics of phase separation in aqueous solutions of poly(vinyl methyl ether). *Polymer* 87, 283-289.
18. Likhachev I.V., Balabaev N.K., and Galzitskaya O.V. (2016) Available Instruments for Analyzing Molecular Dynamics Trajectories. *Open Biochem J.*, **10**, 1–11.
19. Lobanov M.Y., Klus P., Sokolovsky I.V., Tartaglia G.G., Galzitskaya O.V., (2016) Non-random distribution of homo-repeats: links with biological functions and human diseases, *Scientific Reports*. **6**:26941
20. Lyabin D.N, Ovchinnikov L.P. (2016) Selective regulation of YB-1 mRNA translation by the mTOR signaling pathway is not mediated by 4E-binding protein. *Sci Rep*. **6**:22502. doi: 10.1038/srep22502.
21. Marchenko N.Y., Sikorskaya E.V., Marchenkov V.V., Kashparov I.A., Semisotnov G.V. Affinity chromatography of chaperones based on denatured proteins: Analysis of cell lysates of different origin. *Protein Expr Purif*. **2016**; 119:117-23.
22. Marchenkov V.V., Marchenko N.Y., Kaysheva A.L., Kotova N.V., Kashparov I.A., Semisotnov G.V. Dataset concerning GroEL chaperonin interaction with proteins. *Data Brief*. **2016**; **6**:619-24.
23. Marchenkov V.V., Ryabova N. A., Selivanova O. M., Semisotnov G.V. GroEL/ES chaperonin: unfolding and refolding reactions. In: *Stress and Environmental Regulation of Gene Expression and Adaptation in Bacteria* (edited by Frans J. de Bruijn). John Wiley & Sons, Inc., **2016**, pp. 783-790.
24. Melnik B.S., Nagibina G.S., Glukhov A.S., Melnik T.N., Uversky V.N. Substitutions of Amino Acids with Large Number of Contacts in the Native State Have no Effect on the Rates of Protein Folding. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Proteins and Proteomics*. 2016; 1864(12):1809-1817.
25. Mordovkina DA, Kim ER, Buldakov IA, Sorokin AV, Eliseeva IA, Lyabin DN, Ovchinnikov LP. (2016) [Transportin-1-dependent YB-1 nuclear import](#). *Biochem Biophys Res Commun*. 480(4):629-634. doi: 10.1016/j.bbrc.2016.10.107.
26. Nagibina G.S., Tin U.F., Glukhov A.S., Melnik T.N., Melnik B.S. Intrinsic Disorder-Based Design of Stabilizing Disulphide Bridge in Gao Protein. *Protein Pept Lett*. 2016;23(2):176-84.
27. Nikonov O., Kravchenko O., Arkhipova V., Stolboushkina E., Nikonov S., Garber M. Water clusters in the nucleotide-binding pocket of the protein aIF2 γ from the archaeon *Sulfolobus solfataricus*: Proton transmission. (2016), *Biochimie*, **121**, p.197-203

28. Nikulin A, Mikhailina A, Lekontseva N, Balobanov V, Nikonova E, Tishchenko S. (2016) Characterization of RNA-binding properties of the archaeal Hfq-like protein from *Methanococcus jannaschii*. *J. Biomol. Struct. Dyn.* Aug 1: p.1-14.
29. Sarkisyan K.S., Bolotin D.A, Margarita Meer V., Usmanova D.R., Mishin A.S., Sharonov G.V., Ivankov D.N., Bozhanova N.G., Baranov M.S., Soylemez O., Bogatyreva N.S., Vlasov P.K., Egorov E.S., Logacheva M.D., Kondrashov A.S., Chudakov D.M., Putintseva E.V., Mamedov I.Z., Tawfik D.S., Lukyanov K.A., Kondrashov F.A. (2016) Local fitness landscape of the green fluorescent protein. *Nature*, **533**, 397-401.
30. Selivanova, O.M. Grigorashvili, E.I. Suvorina, M.Y. Dzhus, U.F. Nikulin, A.D. Marchenkov, V.V. Surin, A.K. Galzitskaya, O.V. (2016) X-ray diffraction and electron microscopy data for amyloid formation of A β 40 and A β 42; *Data in Brief*, **8**, 108-113. PMID: 27294177.
31. Selivanova O.M., Surin A.K., Marchenkov V.V., Dzhus U.F., Grigorashvili E.I., Suvorina M.Yu., Glyakina A.V., Dovidchenko N.V., Galzitskaya O.V. (2016) These authors contributed equally to this work. The Mechanism Underlying Amyloid Polymorphism is Opened for Alzheimer's Disease Amyloid- β Peptide *J. of Alzheimer's disease*, **54**, 821-830. doi: 10.3233/JAD-160405 <http://www.j-alz.com/vol54-2>, PMID: 27567850
32. Selivanova O.M., Suvorina M.Yu., Surin A.K., Dovidchenko N.V. and Galzitskaya O.V. (2017) Insulin and LysPro Insulin: What is Common and Different in Their Behaviour? *Curr Protein Pept Sci.*, **18**, 57-64.
33. Selivanova O.M., Glyakina A.V., Gorbunova E.Yu., Mustaeva L.G., Suvorina M.Yu., Grigorashvili E.I., Nikulin A.D., Dovidchenko N.V., Rekstina V.V., Kalebina T.S., Surin A.K., Galzitskaya O.V. (2016) Structural model of amyloid fibrils for amyloidogenic peptide from Bgl2p - glucantransferase of *S. cerevisiae* cell wall and its modifying analogue. New morphology of amyloid fibrils. *Biochim Biophys Acta*, **1864**(11), 1489-1499. doi: 10.1016/j.bbapap.2016.08.002.
34. Semisotnov G.V., Marchenkov V.V., Marchenko N.Y., Finkelstein A.V. How do chaperones save protein folding? *Atlas of Science*, **2016**, February 24, <http://atlasofscience.org/how-do-chaperones-save-protein-folding/>
35. Senin A. A., Dzhavadov L. N. and Potekhin S. A. (2016) High-pressure differential scanning microcalorimeter. Review of scientific instruments, **87**, 034901
36. Shiliaev N.G., Selivanova O.M., Galzitskaya O.V. (2016) Search for conserved amino acid residues of the alpha-crystallin proteins of vertebrate. *Journal of Bioinformatics and Computational Biology*, **14**(2):1641004.
37. Sogorin E.A., Agalarov S.Ch., Spirin A.S. (2016) Inter-polysomal coupling of termination and initiation during translation in eukaryotic cell-free system. *Scientific Reports*, **6**, 24518, doi: 10.1038/srep24518.
38. Tishchenko Svetlana, Gabdulkhakov Azat, Melnik Bogdan, Kudryakova Irina, Latypov Oleg, Vasilyeva Natalya, Leontievsky Alexey. Structural Studies of Component of Lysoamidase Bacteriolytic Complex from *Lysobacter* sp. XL1 (2016), *The Protein Journal*, **35**(1), p.44-50.
39. Trubetskaya O.E., Richard C., Voyard G., Marchenkov V.V., Trubetskoj O.A. (2016) RP-HPLC and spectroscopic characterization of Suwannee River water NOM after concentrated urea treatment and dialysis. *Desalination and Water Treatment*, **57**(12), 5358-5364.
40. Vorontsov IE, Khimulya G, Lukianova EN, Nikolaeva DD, **Eliseeva IA**, Kulakovskiy IV, Makeev VJ. (2016). [Negative selection maintains transcription factor binding motifs in human cancer](#). *BMC Genomics*. **17** Suppl 2:395. doi: 10.1186/s12864-016-2728-9

41. Zolotarev N, Fedotova A, Kyrchanova O, Bonchuk A, Penin AA, Lando AS, Eliseeva IA, Kulakovskiy IV, Maksimenko O, Georgiev P. (2016). [Architectural proteins Pita, Zw5, and ZIPIC contain homodimerization domain and support specific long-range interactions in Drosophila](#). *Nucleic Acids Res.* 2016 44(15):7228-41. doi: 10.1093/nar/gkw371
42. Аникаев А.Ю., Исаев А.Б., Коробейникова А.В., Гарбер М.Б., Гонгадзе Г.М.. роль белка I25 и его контакта с белком I16 в поддержании активного состояния рибосомы *escherichia coli in vivo* (2016), *Биохимия*, **81**(1), с. 68 – 77.
43. Балобанов В.А., Турчина А.И., Елисеева И.А., Бычкова В.Е. (2016) Прямое наблюдение амилоидной агрегации А-бета пептида 1-40 на поверхности стекла. «Актуальные вопросы биологической физики и химии. БФФХ – 2016», материалы XI международной научно-технической конференции, СевГУ, Севастополь, 25-29 апреля 2016 г, том 1, с.269-272.
44. Бошкова Е.А., Бражников Е.В., Ефимов А.В. (2016) Взаимосвязь между структурой и аминокислотной последовательностью сильно скрученных и изогнутых β -шпилек в глобулярных белках. *Молекуляр. биол.* 50, № 5, 880-886.
45. Бражников Е.В., Каргатов А.М., Ефимов А.В. (2016) Структура петлевых участков в β - α - и α - β -дугах abCd-единиц в глобулярных белках. *Матем. биол. и биоинф.* 11, № 2, 159–169
46. Гарбузинский С.А., Финкельштейн А.В. (2016) Расчет подвижности и энтропии связывания молекул в кристаллах. *Молекулярная биология*, **50**, 520-529.
47. Григорашвили Е.И., Селиванова О.М., Довидченко Н.В., Джус У.Ф., Михайлина А.О., Суворина М.Ю., Марченков В.В., Сурин А.К., Галзитская О.В. (2016) Определение размера ядер сворачивания фибрилл, образованных рекомбинантным A β (1-40) пептидом. *Биохимия*, **81**, 710-720. Grigorashvili E.I., Selivanova O.M., Dovidchenko N.V., Dzhus U.F., Mikhailina A.O., Suvorina M.Yu., Marchenkov V.V., Surin A.K., Galzitskaya O.V. (2016) Determination of Size of Folding Nuclei of Fibrils Formed from Recombinant A β (1-40) Peptide. *Biochemistry (Moscow)*, **81**, 538-547.
48. Катина Н.С., Суворина М.Ю., Григорашвили Е.И., Марченков В.В., Рябова Н.А., Никулин А.Д., Сурин А.К. (2016) Определение участков апомиоглобина, образующих межмолекулярные взаимодействия в амилоидных агрегатах методом масс-спектрометрии высокого разрешения. *Масс-Спектрометрия*, т.13, №4.
49. Кононова С.В., Муранова Т.А., Зинченко Д.В., Белова Н.А., Мирошников А.И. (2016). Биотехнологические подходы при использовании белков рапса и сои в кормах аквакультуры лососевых рыб. *Биотехнология* 32, 5.
50. Костарева О.С., Габдулхаков А.Г., Михайлина А.О., Гарбер М.Б., Тищенко С.В. Структурные исследования мутантной формы лакказы из *streptomyces griseoflavus* ac-993 с заменой гистидина в положении 165 на фенилаланин. [Перспективные направления физико-химической биологии и биотехнологии](#) (2016). с. 50.
51. Костарева О.С., Габдухаков А.Г., Мельник Б.С., Тищенко С.В. повышение содержания ионов меди в лакказе *streptomyces griseoflavus* увеличивает термостабильность белка. [Актуальные вопросы биологической физики и химии](#). (2016). № 1-1. С. 236-239.
52. Леконцева Н.В., Немчинова М.С., Балобанов В.А., Мурина В.Н., Никулин А.Д. (2016) Структурные исследования нуклеотид- и рнк-связывающих свойств

- белков-регуляторов транскрипции. «Актуальные вопросы биологической физики и химии. БФФХ – 2016», материалы XI международной научно-технической конференции, СевГУ, Севастополь, 25-29 апреля 2016 г, том 1, с.246-250.
53. Марченков В.В., Мельник Т.Н., Марченко Н.Ю., Семисотнов Г.В. Молекулярный шаперон GroEL: увеличение стабильности к действию температуры и трипсина при формировании комплекса с денатурированными белками. *Вестник Санкт-Петербургского университета. Серия 4: Физика, Химия.* 2016; 3(61): выпуск 4.
 54. Мелехов В.В., Енин Г.А., Гаврилюк В.Б., Гаврилюк Б.К., Тимченко А.А. (2015). Исследование структуры коллагеновой матрицы на основе коллагена I типа методом атомно-силовой микроскопии (АСМ) в различных ионных условиях. *Технологии живых систем №4*, 41-45
 55. Мельник Б.С., Нагибина Г.С., Глухов А.С., Мельник Т.Н. Подход, позволяющий определить последовательность разрушения структурных элементов белка при его разворачивании. Исследование карбоксиангидразы Б. *Биофизика.* 2016; 61(6):1098-1108
 56. И. В. Митрошин, М. Б. Гарбер, А. Г. Габдулхаков. Исследования структуры L12/P-выступа рибосомы (2016), *Успехи биологической химии*, **56**, с. 25–52.
 57. Нагибина Г.С., Джус У.Ф., Глухов А.С., Мельник Т.Н., Мельник Б.С. Метод стабилизации белков, основанный на предсказании нативно-развернутых участков. Стабилизация белка Gao. *Вестник Санкт-Петербургского университета. Серия 4: Физика, Химия.* 2016; 3(61): выпуск 3.
 58. Никонова Е.Ю., Михайлина А.О., Леконцева Н.В., Никонов О.С., Кляшторный В.Г., Кравченко О.В., Андреев Д.Е., Шатский И.Н., Гарбер М.Б. Определение минимального фрагмента полиовирусного IRES-элемента, необходимого для образования специфического комплекса с человеческой глицил-трнк-синтетазой, *Биофизика* (2016), **61**(2), с.277-285.
 59. Никонов О.С., Никонова Е.Ю., Михайлина А.О., Леконцева Н.В., Гарбер М.Б. поиск предполагаемых участков связывания глицил-трнк синтетазы на IRES-элементах пикорнавирусов, *Актуальные вопросы биологической физики и химии* (2016), 1-1, с. 258-262.
 60. Сахаров П.А., Агаларов С.Ч. Инициация трансляции на некэпированных мРНК может происходить без участия свободных факторов инициации eIF4A и eIF4B. *Биохимия*, 2017, **82**. Sakharov P.A., Agalarov S.Ch. (2016) Free initiation factors eIF4A and eIF4B are dispensable for translation initiation on uncapped mRNAs. *Biochemistry (Moscow)*, **81**, 1198-1204, doi: 10.1134/S0006297916100175.
 61. Селиванова О.М., Горбунова Е.Ю., Мустаева Л.Г., Григорашвили Е.И., Суворина М.Ю., Сурин А.К., Галзитская О.В. Пептид Aβ (16–25) образует наноплёнки в процессе его агрегации. *Биохимия*, **81**, 991-998. Selivanova O.M., Gorbunova E.Yu., Mustaeva L.G., Grigorashvili E.I., Suvorina M.Yu., Surin A.K. and Galzitskaya O.V., (2016) Peptide Aβ(16-25) Forms Nanofilms in the Process of Its Aggregation. *Biochemistry (Moscow)*, **81**, 755-761.
 62. Селиванова О.М., Горбунова Е.Ю., Мустаева Л.Г., Григорашвили Е.И., Суворина М.Ю., Никулин А.Д., Сурин А.К., Галзитская О.В. Необычная структура агрегатов, образованных фрагментом Aβ16-25 пептида, и перспективы его использования в биотехнологии. «Актуальные вопросы биологической физики и химии. БФФХ – 2016», материалы XI международной научно-технической конференции, СевГУ, Севастополь, 25-29 апреля 2016 г, том 1, с.229-231.

63. Сурин А.К., Григорашвили Е.И., Суворина М.Ю., Селиванова О.М., Галзитская О.В. (2016) Определение участков A β (1–40), вовлечённых в образование амилоидных фибрилл. *Биохимия*, **81**, 999-1007. Surin A.K., Grigorashvili E.I., Suvorina M.Yu., Selivanova O.M., and Galzitskaya O.V., (2016) Determination of Regions Involved in Amyloid Fibril Formation for A β (1-40) Peptide. *Biochemistry* (Moscow), **81**, 762-769.
64. Тихонов Д.А., Куликова Л.И., Ефимов А.В. (2016) Статистический анализ внутренних расстояний спиральных пар в белковых молекулах. *Математическая биология и биоинформатика*. 2016. Т. 11. № 2. С. 170-190.
65. Финкельштейн А.В., Гарбузинский С.А. (2016) Решение парадокса Левинтала возможно на уровне формирования и упаковки вторичных структур белков. *Биофизика*, **61**, 5-10.

Главы в сборниках и монографиях. Книги.

1. Finkelstein A.V., Ptitsyn O.B. *Protein Physics. A Course of Lectures*. 2nd Edition. Academic Press, An Imprint of Elsevier Science; Amsterdam • Boston • Heidelberg • London • New York • Oxford • Paris • San Diego • San Francisco • Singapore • Sydney • Tokyo; **2016**; xx + 506 pages.
2. Galzitskaya O.V., Dovidchenko N.V., Selivanova O.M. Kinetics of amyloid formation by different proteins and peptides: polymorphism and sizes of folding nuclei of fibrils. Book: in "Exploring New Findings on Amyloidosis", eds.:Fernandez-Escamilla A.M.). Croatia: InTech, 2016, pp.143-163. ISBN 978-953-51-4716-9.
3. Galzitskaya O.V. Influence of Repeats in the Protein Chain on Its Aggregation Capacity for ALS-associated Proteins. Book: In: UPDATE ON AMYOTROPHIC LATERAL SCLEROSIS (eds.:Sibat H.F., Ibanez-Valdes L.F.). Croatia: InTech, 2016, pp. 101-120. ISBN 978-953-51-2600-3.

Поданные заявки на изобретение:

1. Application of YB-1 protein and fragments thereof for preparing medicinal agents in treating Alzheimer's disease. Номер US 2016/0331806 A1
2. Application of YB-1 protein and fragments thereof for preparing medicinal agents in treating Alzheimer's disease. Номер заявки EP14839734.2