

ҒЫЛЫМ ЖӘНЕ ЖОҒАРЫ БІЛІМ МИНИСТРЛІГІ
МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ



Л. Н. ГУМИЛЕВА АТЫНДАҒЫ
ЕУРАЗИЯ ҰЛТТЫҚ УНИВЕРСИТЕТІ

ЕВРАЗИЙСКИЙ НАЦИОНАЛЬНЫЙ
УНИВЕРСИТЕТ ИМЕНИ
Л. Н. ГУМИЛЕВА

АСТАНА, ҚАЗАҚСТАН
14 СӘУІР 2023 ЖЫЛ

АСТАНА, КАЗАХСТАН
14 АПРЕЛЯ 2023 ГОД

"ОМАРОВ ОҚУЛАРЫ: ХХІ
ҒАСЫРДЫҢ БИОЛОГИЯ ЖӘНЕ
БИОТЕХНОЛОГИЯСЫ" АТТЫ
ХАЛЫҚАРАЛЫҚ ҒЫЛЫМИ
ФОРУМНЫҢ БАЯНДАМАЛАР
ЖИНАҒЫ

СБОРНИК МАТЕРИАЛОВ
МЕЖДУНАРОДНОГО НАУЧНОГО
ФОРУМА "ОМАРОВСКИЕ ЧТЕНИЯ:
БИОЛОГИЯ И БИОТЕХНОЛОГИЯ
ХХІ ВЕКА"

УДК 57 (063)
ББК 28.0
Ж 66

Жалпы редакцияны басқарған т.ғ.д., профессор Е.Б. Сыдықов
Под редакцией д.и.н., профессора Е.Б. Сыдыкова

Редакция алқасы:
Редакционная коллегия:

Ж.К. Масалимов, А.Б. Курманбаева, А.Ж. Акбасова, С.Б. Жангазин, Н.Н. Иқсат.

«Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» халықаралық ғылыми форумының баяндамалар жинағы. – Астана: Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, 2023. – 298 б., қазақша, орысша, ағылшынша.

Сборник материалов международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». – Астана. Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023. – 298 с., казахский, русский, английский.

ISBN 978-601-337-847-3

Жинақ «Омаров оқулары: ХХІ ғасыр биология және биотехнологиясы» атты халықаралық ғылыми форумына қатысушылардың баяндамаларымен құрастырылған. Бұл басылымда биология, биотехнология, молекулалық биология және генетиканың маңызды мәселелері қарастырылған. Жинақ ғылыми қызметкерлерге, PhD докторанттарға, магистранттарға, сәйкес мамандықтағы студенттерге арналған.

Сборник составлен по материалам, представленным участниками международного научного форума «Омаровские чтения: Биология и биотехнология ХХІ века». Издание освещает актуальные вопросы биологии, биотехнологии, молекулярной биологии и генетики. Сборник рассчитан на научных работников, PhD докторантов, магистрантов, студентов соответствующих специальностей.



УДК 57
ББК 28
О-58

©Коллектив авторов, 2023
©Евразийский национальный университет имени Л.Н. Гумилева, 2023

18. Abd-Alla MH. Phosphatases and the utilization of organic phosphorus by *Rhizobium leguminosarum* biovar *viciae*. *Lett Appl Microbiol.* 1994;18(5):294–6.
19. Thaller MC, Berlutti F, Schippa S, Iori P, Passariello C, Rossolini GM. Heterogeneous patterns of acid phosphatases containing low-molecular-mass polypeptides in members of the family Enterobacteriaceae. *Int J Syst Bacteriol.* 1995;45(2):255–61.
20. Gugi B, Orange N, Hellio F, Burini JF, Guillou C, Leriche F, et al. Effect of growth temperature on several exported enzyme activities in the psychrotrophic bacterium *Pseudomonas fluorescens*. *J Bacteriol.* 1991;173(12):3814–20.
21. Skraly FA, Cameron DC. Purification and characterization of a *Bacillus licheniformis* phosphatase specific for D- α -glycerophosphate. *Arch Biochem Biophys.* 1998;349(1):27–35.
22. Babu-Khan S, Tiong Chia Yeo, Martin WL, Duron MR, Rogers RD, Goldstein AH. Cloning of a mineral phosphate-solubilizing gene from *Pseudomonas cepacia*. *Appl Environ Microbiol.* 1995;61(3):972–8.
23. Mikanová O, Nováková J. Evaluation of the P-solubilizing activity of soil microorganisms and its sensitivity to soluble phosphate. *Plant, Soil Environ* [Internet]. 2002;48(9):397–400. Available from: <https://doi.org/10.17221/4386-PSE>

УДК 575.852.112

**ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЕ ВЗАИМООТНОШЕНИЯ P19-ПОДОБНЫХ
БЕЛКОВ ЭКСПРЕССИРУЕМЫЕ ПРЕДСТАВИТЕЛЯМИ СЕМЕЙСТВА
ВИРУСОВ *TOMBUSVIRIDAE***

*Мадиров Алмас Алексеевич, Курентай Ботакөз Амандосқызы, Салтаев
Алишер Курбаналиевич, Акбасова Алуа Жолдасбаевна*

Евразийский национальный университет им. Л.Н. Гумилева, Астана,
Казахстан

kamazdoter@mail.ru

Введение. Вирусы, против которых направлен механизм RNAi, в течение эволюции подверглись жесткому естественному отбору, поспособствовавшему появлению и развитию разнообразных механизмов подавления RNAi. Для многих вирусов были выявлены и охарактеризованы различные белки-супрессоры RNAi. Одним из основных механизмов подавления RNAi является процесс связывания белка-супрессора с одним из компонентов RNAi. Например, капсидные белки вирусов рода *Carmovirus* (Alpha-, Beta- и Gamma-) связываются с белком Ago 1 через GW/WG мотив [1]. В результате белок Ago1 теряет возможность образовывать белковый комплекс RISC с кРНК. С Ago2, другим белком семейства Argonaute, связывается белок-супрессор CrPV-1A вируса Cricket paralysis virus, тем самым препятствуя образованию комплекса с RISC [2]. Примером другой стратегии процесса подавления RNAi являются некоторые белки-супрессоры, подобные белку B2 вирусов рода *Alphanodavirus*. Данные белки способны конкурировать с Dicer/Dicer-подобными белками за связывание с дцРНК [3]. Третьей стратегией является взаимодействие с самой кРНК. Такие белки как p21 вируса *Beet yellows virus*, p19 вируса *Carnation Italian ringspot virus*, NS3 вируса *Rice stripe virus* образуют прочный комплекс с кРНК, тем самым блокируя механизм формирования активного RISC [4-6].

P19 – белок подавляющий механизм РНКи кодируется вирусами рода *Tombusvirus* и *Zeavirus*, которые входят в семейство *Tombusviridae*. Данное семейство также включает род *Aureusvirus*, кодирующий гомологичный белок меньшего размера.

Также обнаружен вирус *Rice Virus A* не относящийся ни к одному существующему роду. RVA кодирует супрессорный белок массой 14 kDa. Исходя из наблюдаемой гомологии данных белков-супрессоров, кодируемых разными родами, мы вводим понятие «p19-подобные белки».

P19 белок представляет собой полипептид, образующий функционально активный гомодимер. Каждый мономер содержит 5 а-спиралей (H1-H5) и 4 b-листа (S1-S4). Первые две а-спирали, образуя N-концевой субдомен, участвуют в связывании концевых участков кРНК. Оставшиеся три а-спирали и четыре b-листа образуют C-концевой субдомен, отвечающий за белок-белковую димеризацию и связывание с кРНК. Процесс димеризации гомодимера происходит путем антипараллельного спаривания пятой а-спирали и четвертого b-листа каждого мономера [7].

Для p19 белка характерны два типа взаимодействия с кРНК: связывание с фосфатной группой и стэкинг-взаимодействие. Первое возможно благодаря наличию основных и полярных радикалов аминокислот. Стэкинг-взаимодействие, в свою очередь, возможно между ароматическими аминокислотами и азотистыми основаниями последних нуклеотидов кРНК. Так W39 и W42, содержащие индольное кольцо, определяют строго специфическое связывание с кРНК длиной 21 н.т. [8].

Материалы и методы.

Подготовка последовательностей. Нуклеотидные и аминокислотные последовательности, использованные в анализе, были взяты из баз данных *RefSeq* (ncbi.nlm.nih.gov/refseq) и *GenBank* (ncbi.nlm.nih.gov/genbank).

Множественное выравнивание последовательностей. Выравнивание нуклеотидных последовательностей, использованных в филогенетическом анализе, проводилось в программе *PRANK v.140603* с использованием параметров по умолчанию. Выравнивание аминокислотных последовательностей, для анализа вторичных структур, проводилось в веб-версии программы *MUSCLE*.

Метод Максимального правдоподобия. Филогенетический анализ с использованием метода Максимального правдоподобия (ML-maximum likelihood) осуществлялся в программе *RAxML 8.2.10*. В качестве модели замещения нуклеотидов была выбрана General time reversible (GTR) + G (гамма-распределение вариации частот между сайтами).

Байесовский метод анализа. В качестве второго метода филогенетического анализа был выбран байесовский подход с использованием метода Монте-Карло для Марковских цепей (MCMC – Markov chain Monte-Carlo). Анализ проводился в программе *MrBayes 3.2.7*. Была выбрана смешанная модель замещения нуклеотидов на основе модели GTR + G.

Результаты и обсуждение.

Филогенетические деревья были построены с использованием 20 видов вирусов семейства *Tombusviridae*. Для оценки качества полученных деревьев проводились анализы с использованием двух отличающихся методов: ML и MCMC. Деревья, построенные двумя методами, показали высокую идентичность (рисунок 1).

Филогенетические отношения родов *Tombusvirus* и *Zeavirus*. Вирус MNSV, являясь единственным представителем рода *Zeavirus*, образует общую кладу с родом *Tombusvirus*. Данная клада характеризуется супрессорным белком массой 19 kDa. Высокая идентичность молекулярной массы и аминокислотной последовательности свидетельствует о наличии общего предка, кодирующего белок p19.

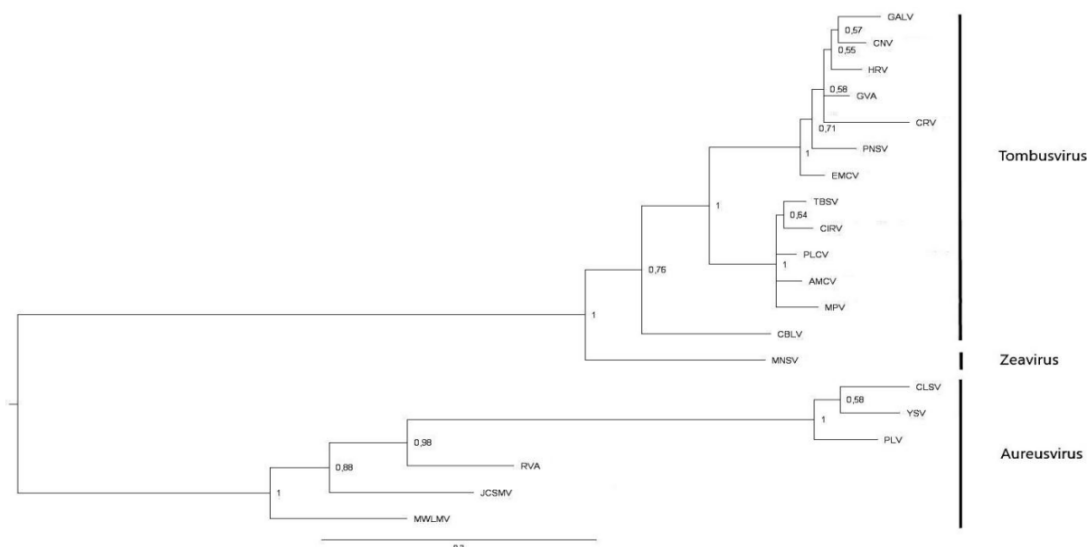


Рисунок 1 - Объединенное филогенетическое дерево, построенное с помощью байесовского подхода с использованием метода Монте-Карло для Марковских цепей и метода ML.

Рядом с ветвями обозначены апостериорные вероятности со значением >0.5 . Вертикальными линиями обозначены родовые принадлежности видов.

Филогенетическое отношение *Rice virus A* к роду *Aureusvirus*. Данные, полученные в ходе филогенетического анализа, свидетельствуют о том, что неклассифицированный вирус RVA вместе с вирусами рода *Aureusvirus* образует общую кладу с р19-подобными белками. Белок р14 вируса RVA имеет наибольшую идентичность с белками вирусов MWLM и JCSMV.

Предполагаемые вторичные элементы р19-подобных белков. Аминокислотные последовательности, образующие а-спирали и б-листы у вируса CIRV, имеют высокую идентичность с аминокислотной последовательностью вируса MNSV. Мы можем предполагать, что белок-супрессор рода *Zeavirus* вероятно имеет схожую вторичную структуру с белками-супрессорами рода *Tombusvirus* и проявляет строгую специфичность к кДНК. Для р19-подобных белков подобная идентичность наблюдается в меньшей степени. Предположительно, что у р19-подобных белков нет аминокислотного участка, формирующий Н1.

Заключение. Эволюционное развитие р19-подобных белков является малоизученной областью исследований. Отсутствие данных о размер-специфических взаимодействиях с кДНК у большинства вирусов рода *Aureusvirus* не позволяют точно утверждать о способности предкового белка-супрессора связываться с длинными кДНК. Также малое количество исследований касательно взаимодействий р19-подобных белков с кДНК ограничивают наши представления о причинах неспецифичности рода *Aureusvirus* к длине кДНК. Но на основе филогенетических деревьев и множественных выравниваний мы можем выдвинуть предположения о важности а-спирали Н1 в специфическом распознавании кДНК, а также о возможных функциональных особенностях предкового белка. Также учитывая, что RVA, который является представителем нового рода, был обнаружен в 2017 году, мы можем ожидать обнаружение новых представителей семейства *Tombusviridae*, которые кодируют р19-подобный белок.

Список использованной литературы:

1. Jin, H., and Zhu, J. K. A viral suppressor protein inhibits host RNA silencing by hooking up with Argonautes. *Genes & Development*. – 2010. – C.853-856.
2. Nayak, A., Berry, B., Tassetto, M., Kunitomi, M., Acevedo, A., Deng, C., Kruchinsky, A., Gross, J., Antoniewski, C., and Andino, R. Cricket Paralysis Virus (CrPV) antagonizes Argonaute 2 to modulate antiviral defense in *Drosophila*. *Nature structural & molecular biology*. – 2010. – C.547-554.
3. Singh, G., Popli, S., Hari, Y., Malhotra, P., Mukherjee, S., and Bhatnagar, R. K. Suppression of RNA silencing by Flock house virus B2 protein is mediated through its interaction with the PAZ domain of Dicer. *The FASEB Journal*. 2009. – C.1845-1857.
4. Ye, K., and Patel, D. J. RNA Silencing Suppressor p21 of Beet Yellows Virus Forms an RNA Binding Octameric Ring Structure. *Structure*. 2005.- C.1375-1384.
5. Xia, Z., Zhu, Z., Zhu, J., and Zhou, R. Recognition Mechanism of siRNA by Viral p19 Suppressor of RNA Silencing: A Molecular Dynamics Study. *Biophysical Journal*. 2009.- C.1761-1769.
6. Xiong, R., Wu, J., Zhou, Y., and Zhou, X. Characterization and subcellular localization of an RNA silencing suppressor encoded by Rice stripe tenuivirus. *Virology*. 2009.- C.29-40.
7. Hearne, P. Q., Knorr, D. A., Hillman, B. I., and Morris, T. J. The complete genome structure and synthesis of infectious RNA from clones of tomato bushy stunt virus. *Virology*. 1990.- C.141-151.
8. Vargason, J. M., Szittyá, G., Burgyán, J., and Hall, T. M. T. Size Selective Recognition of siRNA by an RNA Silencing Suppressor. *Cell*. 2003.- C.799-811.

УДК 577.15.151

МИКРООРГАНИЗМДЕРДІҢ АНТИОКСИДАНТТЫҚ ЖҮЙЕСІ

Көшербаева Ақерке Бағланқызы, Туякбаева Ақмарал Усерхановна
Л.Н. Гумилев атындағы Еуразия ұлттық университеті, Астана, Қазақстан
akerke.kosherbayeva@mail.ru

Оттегінің толық емес тотығыуы нәтижесінде жасушада сутегі асқын тотығы, гидроксил радикалы, супероксид анионы сияқты белсенді формалар пайда болады, олар артық мөлшерде жасуша құрылымдарына зақым келтіреді. Эволюция процесінде оттегінің белсенді түрлерінен (ROS) қорғау мақсатында жасушада ферментативті антиоксиданттардың мамандандырылған жүйелері пайда болды: супероксиддисмутаза, каталаза және пероксидаза.

Ферменттік антиоксиданттар әсер етудің жоғары ерекшелігімен, жасушалық локализацияның ерекшелігімен, сонымен қатар ферменттің белсенді орталығында металл ионының болуымен сипатталады. Жасушаішілік ферменттік антиоксиданттардың деңгейі генетикалық бақылауда. Генетикалық бақылауды жүзеге асыру механизмі аэробты бактериялар мен эукариоттарда ең қарқынды зерттелуде, дегенмен анаэробты микроорганизмдер метаболизмнің жанама өнімдері ретінде ROS түзілуінен туындауы мүмкін жасуша компоненттерін тотығыу зақымдануынан қорғаудың тиімді жүйесіне ие болуы керек. Сондай-ақ бактериялар оттегімен кездейсоқ байланыста болған кезде де маңызды. Тотығыу стрессінен тиімді қорғаныс тотығыу реакцияларының таралуына жол бермейтін әртүрлі антиоксиданттармен қамтамасыз етіледі [1].

Антиоксиданттар - радикалдармен (тікелей антиоксиданттар) тікелей әрекеттесетін немесе тотығыу стрессін тежейтін табиғи, жануар немесе өсімдік, сондай-