Аннотация проекта, выполненного в рамках ФЦП Научные и научно-педагогические кадры инновационной России» на 2009-2013 гг.

Государственный контракт № 02.740.11.5223 от «10» июня 2010 г.
Тема: «Исследование динамики конформационных изменений ДНК, вызванных факторами структурной перестройки хроматина, методами оптической ловушки («лазерный пинцет») и молекулярного моделирования»
Исполнитель: федеральное государственное бюджетное образовательное учреждение высшего профессионального образования «Санкт-Петербургский государственный политехнический университет» (ФГБОУ ВПО «СПбГПУ»)
Ключевые слова: механизмы действия белков TIP49, растяжение днДНК, спиральный филамент, АТФ

1. Цель проекта

Разработка модели взаимодействия белков TIP49a и TIP49b с ДНК с помощью исследования динамики этого процесса на одномолекулярном уровне методом оптической ловушки и молекулярного моделирования. Высоко консервативные в течение всей эволюции живых организмов белки Pontin и Reptin вовлечены во множество клеточных процессов, таких как перестройка хроматина, репарация двухнитевых разрывов ДНК, регуляция транскрипции, поддержание стабильности генома, биогенезис snoRNA, сборка теломераз и клеточное деление во время митоза, играют большую роль в канцерогенезе человека. Белки Pontin и Reptin являются совершенно необходимыми для жизнедеятельности дрожжей и высших эукариот и показывают сложную сеть белок-белковых взаимодействий, где они играют в некоторых случаях, несмотря на высокую степень подобия, противоположные роли во время регулирования транскрипции экспрессии генов и эмбрионального развития. Каким образом пара этих консервативных белков может принять участие в таком большом диапазоне биологических процессов, остается в значительной степени нерешенной научной проблемой.

Для создания модели взаимодействия человеческих белков TIP49a/ TIP49b с ДНК а также модели реакции гидролиза АТФ этими белками необходимо получение большого объема экспериментальных и теоретических данных. С этой целью были разработаны экспериментальные методы по их выделению и очистки и проведен анализ процессов их взаимодействия с использованием В связи с этим задачами, решаемыми в данной работе, было получено достаточное количество чистых исследуемых белков семейства TIP49 и их механизмы действия были впервые экспериментально исследованы с помощью методов оптической ловушки, оптической спектроскопии а также с помощью теоретических подходов конформационного анализа и молекулярной динамики. С помощью одномолекулярных методов лазерного пинцета впервые было показано, что белок TIP49a вызывает растягивание ДНК при связывании, а при добавлении АТФ в реакционную камеры наблюдается кардинальное изменение поведения комплекса ДНК с белком TIP49a. В частности, наблюдается увеличение равновесной длины более чем в 10 раз, что может объясняться образованием на ДНК жесткой структуры типа спирального филамента, стремящейся выпрямить её. С помощью методов молекуряной динамики впервые была детально исследована крупно масштабная подвижность белков семейства TIP49 в мономерном и гексамерном состоянии а также в комплексе с днДНК.

2. Основные результаты проекта

В работе были получены следующие основные результаты:

1) Разработаны методики клонирования, экспрессии, выделения, очистки и хранения белков семейства TIP49.

2) С помощью одномолекулярных методов на установке лазерный пинцет впервые было показано, что белок TIP49a вызывает растягивание ДНК при связывании, а при добавлении АТФ в реакционную камеру наблюдается кардинальное изменение поведения комплекса ДНК

с белком TIP49a. В частности, наблюдается увеличение равновесной длины более чем в 10 раз, что может объясняться образованием на ДНК жесткой структуры типа спирального филамента, стремящейся выпрямить её.

3) С помощью методов молекулярного моделирования впервые по гомологии с известной пространственной структурой гексамера белка TIP49A построены полноатомные молекулярные модели пространственных структур белков TIP49B и lik-мутанта TIP49B отдельно и в комплексе с кофакторами АДФ, АТФ. Впервые исследована конформационная подвижность и найдены низкоэнергетические конформации неструктурированных петель L1 и L2 белков TIP49A/B. С помощью методов докинга впервые найдены низкоэнергетические конформации фрагментов днДНК в комплексе с белком TIP49A.

4) С помощью вычислительных методов молекулярной динамики белков в периодическом водном боксе с использованием наиболее современных суперкомпьютерных технологий впервые исследована крупномасштабная конформационная подвижность белков TIP49A, TIP49B и мутанта *lik*-TIP49B. Показано, что домены D2 белков TIP49A и TIP49B являются автономными подвижными структурными элементами этих белков. В мутантом белке *lik*-TIP49b, α-спирали домена D3, участвующие в формирования интерфейса D1/D3 показывают значительное увеличение подвижности по сравнению с белком дикого типа, что приводит к расширению внешнего доступа к АТФ-связывающему карману этого белка, и таким образом обеспечивает структурную основу для повышенной АТФ-азной активности. В гексамерных комплексах *lik*-TIP49B, FCR-содержащий OB-фолд показана тенденция образования стабильных комплексов между доменами D2 соседних субъединиц белка, что в олигомерных комплексах *lik* также может способствовать понижающей регуляции ДНК-связывающих свойств белков TIP49b.

5) На основе анализа данных МД комплекса белка TIP49A с днДНК и расчетов электростатического потенциала в периодическом водном боксе впервые показано, что днДНК преимущественно связывается в районе неструктурированной петли L2 белка TIP49A, где днДНК имеет максимальное количество водородных связей с белком и сильные стабилизирующие электростатические взаимодействия.

Основные, полученные нами результаты по параметрам новизны и научной значимости находятся примерно на или несколько превышают аналогичный уровень работ за рубежом, которые определяют мировой уровень в данной области.

3. Назначение и область применения результатов проекта

Высоко консервативные белки Pontin и Reptin (известные также как TIP49a/TIP49b, Rvb1/Rvb2) принадлежат к суперсемейству AAA+ АТФаз, имеющих P-петлю и связанных с разнообразными клеточными функциями, включающими ферменты, участвующие в механизмах клеточного деления и дифференцирования. Эти ферменты имеют общее свойство: способность реконструировать белки и/или нуклеиновые кислоты с помощью их разворачивания и разборки. AAA+ белки содержат консервативные домены, способные к связыванию и гидролизу АТФ, в случае олигомеризации этих белков. Связывание и гидролиз АТФ вызывает конформационные изменения, необходимые для транслокации или реконфигурации субстратов. Reptin и Pontin, вместе с единственным бактериальным белком TIP49, формируют таксономическую группу, которая отделена от других членов широкого семейства белков AAA+, что предполагает, что эти белки обладают какими-то уникальными свойствами. Эти белки вовлечены во множество клеточных процессов, таких как перестройка хроматина, репарация двухнитевых разрывов ДНК, регуляция транскрипции, поддержание стабильности генома, биогенезис snoRNA, сборка теломераз и клеточное деление во время митоза. Играют важную роль в кацерогенезе человека и являются совершенно необходимыми для жизнедеятельности дрожжей и высших эукариот и показывают сложную сеть белок-белковых взаимодействий, где они играют в некоторых случаях, несмотря на высокую степень подобия, противоположные роли во время регулирования транскрипции экспрессии генов и эмбрионального развития.

Широкая вовлеченность пары этих консервативных белков в такое большой диапазон биологических процессов живой клетки и определяет как высокий фундаментальный интерес к исследованию механизмов их действия, так и чисто практический интерес как возможных мишеней при конструировании новых лекарственных форм для лечения многих заболеваний человека. В работе получены новые методики клонирования, экспрессии, выделения, очистки и хранения белков семейства TIP49, разработаны новые подходы по исследованию этих белков на одномолекулярном уровне с использованием уникальной установке лазерный пинцет и молекулярного моделирования, докинга и молекулярной динамики с использованием самых современных сперкомпьютерных технологий. Получены пространственные структуры этих белков в комплексе днДНК. Проведен полный анализ крупномасштабной подвижности этих белков в мономерной и мультимерной форме как в чистом виде так и в комплексе днДНК. Все это создает необходимый базис для целенаправленного конструирования мутантных форм этих белков с измененной активностью для различных биомедицинских приложений.

4. Достижения молодых исследователей – участников Проекта

В проекте принимал участие молодой исследователь Сабанцев А.В., аспирант СПбГПУ При его непосредственном участии разработаны новый метод создания недорогих и простых в использовании тонких проточных кювет с ламинарным потоком и оптическим путем порядка ~0.1мм. Основными недостатками имеющихся кювет такого типа являются сложность и трудоемкость их получения. Кроме того, такие тонкие кюветы должны использоваться в одноразовом режиме, поскольку их очень трудно очищать от загрязнений и продуктов предыдущих экспериментов. Поэтому одним из главных требований к ним становится дешевизна и простота их изготовления. Без решения этой технической проблемы невозможно себе представить исследования этого проекта на установке лазерный пинцет.

В проекте принимал участие молодой исследователь Руденко Е.Д., студент 5-го курса СПбГПУ. При его непосредственном участии разработаны новый метод и соответствующие компьютерные программы для получения растянутых форм двуцепоченых ДНК и исследована их эластичности. В частности оказалось, что жесткость и молекулярные механизмы растяжения В-формы днДНК, растягиваемой за 3’-концы, значительно отличаются от жесткости и механизмов растяжения за 5’-концы. Эти результаты позволяют подготавливать фрагменты днДНК необходимого уровня растяжения для дальнейшего докинга этих лигандов в белки семейства TIP49.

5. Опыт закрепления молодых исследователей – участников Проекта в области науки, образования и высоких технологий

Сабанцев Антон Владимирович. Будучи студентом 5го курса был зачислен в 2010 году в штат Научно-исследовательского института нанобиотехнологий СПбГПУ на должность инженера. В 2011 с отличием защитил диплом магистра в ФГБОУ ВПО «СПбГПУ» и был зачислен в аспирантуру этого же университета. Принимал активное участие в проведение экспериментальных исследований по теме проекта и является автором одной из публикаций.

Афанасьев Павел Валерьевич. Будучи студентом 5го курса был зачислен в 2010 году в штат Научно-исследовательского института нанобиотехнологий СПбГПУ на должность инженера. В 2011 с отличием защитил диплом магистра в ФГБОУ ВПО «СПбГПУ»

Федорова Яна Витальевна, студентка 5го курса ФГБОУ ВПО «СПбГПУ», в 2011 году принята на работу в штат Научно-исследовательского института нанобиотехнологий СПбГПУ на должность инженера.

Соколова Мария Леонидовна, студентка 5го курса ФГБОУ ВПО «СПбГПУ», в 2011 году принята на работу в штат Научно-исследовательского института нанобиотехнологий СПбГПУ на должность инженера.

6. Перспективы развития исследований

В целях развития этого проекта авторы участвовали и победили в конкурсе на право заключения с Министерством образования и науки Российской Федерации государственного контракта на выполнение поисковых научно-исследовательских работ для государственных нужд с несколькими участниками конкурса в рамках ФЦП «Исследования и разработки по приоритетным направлениям развития научно-технологического комплекса России на 2007-2013 годы», мероприятие 1.9, 1 очередь, Лот № 2, 2011-1.9-519-002, «Работы по проведению проблемно-ориентированных поисковых исследований и созданию научно-технического задела по приоритетному направлению «Живые системы» с участием научных и исследовательских организаций стран Европейского Союза». В результате был заключен государственный контракт № 11.519.11.2002 от 18-го августа 2011 г. по теме “Исследование АТФ – зависимой динамики олигомеризации белков семейства tip49 на индивидуальных молекулах ДНК”

7. Вклад приглашенного руководителя в проект

Вклад приглашенного руководителя для получения научных результатов состоял в определении целей и задач проекта, определяющим участием в разработке многих экспериментальных методов и подходов (включая внедрение новых методов и методик, разработанные им в своей лаборатории, и обучением российских исследователей), анализом полученных результатов как во время своих визитов в Россию, так и в режиме еженедельных телеконференций, постоянным контролем за ходом выполнения работы и внедрением новых методов и методик, разработанные им в своей лаборатории, и обучением российских исследователей,

За время очного участия в исследованиях зарубежного руководителя НИР на территории Российской Федерации в 2010 году (2 месяца) и в 2011 году (2 месяца). За это время под его руководством проведен цикл работ по исследованию семейства белков TIP49 одномолекулярными методами установки лазерный пинцет, молекулярного моделирования и молекулярной динамики а так же проведен анализ результатов, полученных за все время выполнения проекта и разработан план дальнейшего взаимодействия с приглашенным исследователем с целью использования его опыта, навыков и знаний для развития отечественной системы науки, образования и высоких технологий. В течение визитов им были проведены два научных семинара, на которых обсуждались результаты проекта.

Представление информации о проведенных семинарах в таблице:

№	Название семинара	Дата и место проведения	Количество участников семинара					Краткое описание связи содержания семинара с сутью проекта
			студентов	Аспирантов и соискателей	КН	ДН	Другое (указать)	
1	Структура и молекулярные механизмы действия белков TIP49A/TIP49B	СПбГПУ	21	7	8	2		Обсуждались последние литературные данные и результаты собственных экспериментов по заявленной теме семинара.
2	Крупномасштабная конформационная подвижность белков TIP49/A и B в моно- и	СПбГПУ	17	6	7	2		Обсуждались современные методы исследования крупно-

	гексамерном состоянии							масштабной подвижности белков.

8. Охраноспособные результаты интеллектуальной деятельности (РИД), полученные в рамках исследования, разработки

В процессе разработки проекта создан новый метод определения идентичных элементов в произвольных наборах пространственных объектов (например, координат атомов биомакромолекул различной химической природы) и их оптимального пространственного наложения с помощью расчета и автоматического анализа корреляционных матриц векторов расстояний до их соседей. Метод предназначен для идентификации и оптимального наложения друг на друга идентичных пространственных биообъектов, имеющих максимальную величину коэффициента корреляции векторов расстояний до их соседей, но не менее некоторого наперед заданного уровня (например, 0.99). Разработанные соответствующие компьютерные программы и получена их государственная регистрация (свидетельство № 2011618238 от 19.10.2011) в качестве объекта интеллектуальной собственности.

№	Вид охраняемого РИД	Название	Вид охранного документа	№ документа/ №заявки	Дата выдачи документа/дата подачи заявки	Страна патентования
	программа ЭВМ	*A&A3D*	*Свидетельство о государственной регистрации программы ЭВМ*	*2011618238*	*19.10.2011*	*РФ*

9. Список публикаций в рамках проекта

№	Ф.И.О. участника проекта	Наименование публикации на русском языке	Наименование публикации на языке оригинала (для иностранных публикаций)	Реквизиты издания, опубликовавшего работу	Статус журнала (список ВАК, другой)	Краткое описание связи содержания публикации с результатами проекта
1	Ilatovskiy A.V., Lebedev D.V., Grigoriev M.G., Petukhov M.G., Isaev-Ivanov V.V.	SANS спектры и моделирование наднуклеосомных структур хроматина в масштабах целого генома	SANS Spectra and Modeling of Chromatin Supernucleosomal Structures at Genome Scale	Journal of Applied Physics – 2011. – принята в печать	ISI WEB OF SCIENCE	Разработан новый метод моделирования наднуклеосомной структуры хроматина и новый метод расчета их спектров малоуглового рассеяния нейтронов. Метод при-

						годен для расчета спектров SANS для любых нуклеопротеиновых комплексов включая и комплексы белков TIP49 с днДНК
2	Руденко Е.Д., Сабанцев А. В., Швецов А. В., Илатовский А. В., Червякова Д. Б., Григорьев М.Ю., Петухов М.Г.	Сравнительный анализ молекулярных механизмов растяжения коротких фрагментов днДНК за 5′ и 3′ концы in silico	…	Научно-технические ведомости СПбГПУ – 2011. – принята в печать	Список ВАК	Разработан новый метод и исследованы молекулярные механизмы растяжения днДНК за 5’ и 3’ концы.
3	Илатовский А. В., Лебедев Д. В., Филатов М. В., Петухов М. Г., Исаев-Иванов В. В.	Современные представления о структурной организации хроматина		Цитология – 2011. – принята в печать	Список ВАК	Обзор современных данных о структурной организации хроматина человека
4	Petukhov M., Dagkessamanskaja A., Yakimov A., Queval R., Shvetsov A., Khodorkovskiy M., Käs E., Grigoriev M.	Крупномасштабная конформационная подвижность определяет свойства AAA + TIP49 AT-Фаз	Large-Scale Conformational Flexibility Determines the Properties of AAA+ TIP49 ATPases	Nature Struct. and Mol. Biol. – 2011. – послана в редакцию журнала	ISI WEB OF SCIENCE	Исследована крупномасштабная конформационная подвижность белков семейства TIP49 в мономерном и гексамерном состоянии.

5	Ilatovskiy A.V., Lebedev D.V., Filatov M,V., Petukhov M.G., Isaev-Ivanov V.V.	SANS спектры моделей фрактальных наднуклеосомных структур хроматина	SANS spectra of the fractal supernucleosomal chromatin structure models	Journal of Physics: Conference Series- 2011 – принята в печать	ISI WEB OF SCIENCE	Расчет спектров малоуглового рассеяни нейтпронов на фрактальных наднуклеосомных структурах хроматина Метод пригоден для расчета спектров SANS для любых нуклеопротеиновых комплексов включая и комплексы белков TIP49 с днДНК
6	Kufareva I., Ilatovskiy A.V., Abagyan R.	“Покетом” энциклопедия центров связывания необольших молекул в 4D	Pocketome: an encyclopedia of small-molecule binding sites in 4D	Nucleic Acids Research – 2011 принята в печать	ISI WEB OF SCIENCE	Новый метод поиска центров связывания небольших огранических молекул (АДФ, АТФ, ДНК) в белках
	Jerebtsova M., Klotchenko S., Artamonova T., Ammosova T., Washington K., Egorov V., Shaldzhyan A., Sergeeva M., Zatulovski	Масс-спектрометрический и биохимический анализ РНК полимеразы II при взаимодействии с фосфатазой I.	Mass spectrometry and biochemical analysis of RNA polymerase II: targeting by protein phosphatase-1	Molecular and Cellular Biochemistry. - 2011. - Vol. 347. - P. 79-87.	ISI WEB OF SCIENCE	Новый метод поиска мест связывания нуклеотидных лигандов в белках с помощью методов масс-спектрометрии.

	y E., Temkina O., Petukhov M., Vasin A., Khodorkovskii M., Orlov Y., Nekhai S					

10. Диссертации, представленные к защите в рамках проекта

№	Ф.И.О. участника проекта	Наименование диссертации	Вид диссертации (кандидатская; докторская)	Наименование и шифр научной специальности	Номер диссертационного совета	Дата защиты диссертации (фактическая или плановая дата)	Краткое описание связи содержания диссертации с результатами проекта
1	Илатовский А.В.	Методы молекулярного моделировнаия наднуклеосомной структуры хроматина и расчета спектров SANS для нуклепротеидных комплексов геномного размера	кандидатская	Биофизика 03.00.02	Д 212.229.25	Февраль, 2012 (плановая)	Спектры малоуглового рассеяния нейтронов являются одним из прямых методов характеризующих структуру нуклеопротеиновых комплексов произвольного размера (например комплексов белков семейства TIP49 с днДНК). В работе решена актуальная задача интепретеации этих спектров в терминах структуры и данамики исследуемых молекулярных объектов.
…	…	…	…	…			…

11. Выступления на конференциях

№	Ф.И.О. участника проекта	Наименование доклада на русском языке	Наименование доклада на языке оригинала (для международных	Название конференции, дата и место проведения	Краткое описание связи содержания доклада с результатами

			конференций)		проекта
1	Афанасьев П.В., Сабанцев А.В., Дагкессаманская А.Р., Lane D., Григорьев М.Ю., Ходорковский М.А.	Разработка магнитной ловушки для исследования белков SopB, TIP49a, TIP49b		Тезисы Всероссийской научной конференции студентов и аспирантов с международным участием «Молодая фармация – потенциал будущего», СПбГПУ. 2011. - стр. 140.	Разработана новая конструкция магнитной ловушки для исследования биомакромолекул.
2	Афанасьев П.В., Сабанцев А.В., Ходорковский М.А., Дагкессаманская А.Р., Lane D., Григорьев М.Ю.	Разработка методики для исследования ДНК-связывающих белков на одномолекулярном уровне с помощью магнитной ловушки		Тезисы XXXIX Международной научно-практической конференции «Неделя науки СПбГПУ», 2011. - стр. 3.	Разработка новых методик исследования ДНК-связывающих белков на одномолекулярном уровне с помощью магнитной ловушки
3	Sabancev A.V.	Локазизационная микроскопия индивидуальных молекул в оптических ловушках	Single-molecule localization microscopy on optical trapping setup	3-rd Bangalore Microscopy Course, National Center for Biological Sciences, Bangalore, India, September 18-25, 2011.	Разработка новых методик исследования ДНК-связывающих белков на одномолекулярном уровне с помощью оптических ловушек.
4	Руденко Е.Д., Штиль А.А., Григорьев М.Ю., Петухов М.Г.	Исследование эластичности двухцепочечной молекулы ДНК in silico		XVIII-й Российский национальный конгресс «Человек и лекарство» /. -: Издательство ЗАО РИЦ «Человек и лекарство», 2011. - стр. 562-563.	Исследованы молекулярные механизмы растжения днДНК за 5’ и 3’ концы
5	Швецов А.В., Гармай Ю.П., Лебедев Д.В., Петухов М.Г., Исаев-Иванов В.В.	Расчет и анализ молекулярной динамики ДНК-связывающих белков для моделирования данных нейтронного рассеяния		15-я Международная Пущинская школа-конференция молодых ученых "БИОЛОГИЯ – НАУКА XXI ВЕКА" /. -: Издательство Пущинского научного центра РАН, 2011. - стр. 214-215.	Анализ крупномасштабной подвижности белков TIP49A, TIP49B в мономерном и гексамерном состоянии.
6	Ilatovskiy	SANS спектры и	SANS Spectra	11-th International	Молекулярное

	A.V., Lebedev D.V., Petukhov M.G., Isaev-Ivanov V.V.	моделирование наднуклеосомной структуры хроматина в масштабах целого генома.	and Modeling of Chromatin Supernucleosomal Structures at Genome Scale	Conference on Surface X-ray and Neutron Scattering - SXNS-11 / - Northwestern University, Evanston, USA: Northwestern University, 2010. - pp. PO-A-45.	моделирование наднуклесомной структуры хроматина и теоретические расчеты порождаемых этими структурами спектров малоуглового рассеяния нейтронов. Метод пригоден для расчета спектров SANS для любых нуклеопротеиновых комплексов включая и комплексы белков TIP49 с днДНК
7	Ilatovskiy A.V., Garmaj Y., Shvetsov A., Lebedev D.V., Petukhov M.G., Isaev-Ivanov V.V.	Молекулярная динамика и крупномасштабная конформационная	Molecular Dynamics and Large-Scale Conformational Flexibility of DNA-Binding Proteins	11-th International Conference on Surface X-ray and Neutron Scattering - SXNS-11 /. - Northwestern University, Evanston, USA: Northwestern University, 2010. - pp. PO-A-46.	Анализ крупномасштабной подвижности нескольких ДНК-связывающих белков.
8	Shvetsov A, Garmay Y, Lebedev D, Radulescu A, Petukhov M, Isaev-Ivanov V.	Молекулярная динамика и крупномасштабная конформационная подвижность RecA белков	Molecular dynamics and large-scale conformational flexibility of RecA proteins	Swedish Neutron Scattering Society (SNSS) 14th Annual Meeting, 24-27th of August 2010, Lund, Sweden.	Анализ крупномасштабной подвижности нескольких ДНК-связывающих белков RecA
9	Гармай Ю.П., Швецов А.В., Радулеску А., Лебедев Д.В., Исаев-Иванов В.В.	Исследование конформационной подвижности белка RecA из D. Radiodurans с помощью анализа молекулярно-динамических траекторий		XXI Совещание по использованию нейтронов в исследованиях конденсированного состояния (РНИКС-2010), Тезисы, РНЦ «Курчатовский институт» Москва, Россия, С99.	Анализ крупномасштабной подвижности нескольких ДНК-связывающих белков RecA из радиоресистентного штамма D. Radiodurans.
10	Швецов А.В., Гармай Ю.П.,	Расчет и анализ молекулярной		XXI Совещание по использованию ней-	Расчет спектров малоуг-

	Лебедев Д.В., Петухов М.Г., Исаев-Иванов В.В.	динамики ДНК-связывающих белков для моделирования данных нейтронного рассеяния		тронов в исследованиях конденсированного состояния (РНИКС-2010)//, Тезисы, РНЦ «Курчатовский институт» Москва, Россия, С109.	лового рассеяния для наболее сеселенных конфоомаций ДНК-связвающих белков RecA
11	Лебедев Д.В., Гармай Ю.П., Радулеску А., Швецов А.В., Петухов М.Г., Исаев-Иванов В.В.,	Анализ конформационной подвижности ДНК-связывающих трансфераз и их комплексов на основе данных МУРН		XXI Совещание по использованию нейтронов в исследованиях конденсированного состояния (РНИКС-2010)//, Доклад, РНЦ «Курчатовский институт» Москва, Россия, С27.	Анализ теоретичеких расчетов спектров МУРН с экспериментальными данными для комплексов нескольких ДНК-связывающих белков с ДНК.
12	Исаев-Иванов В.В., Лебедев Д.В., Швецов А.В., Гармай Ю.П., Лаутер Х., Пантина Р.А., Куклин А.И., Радулеску А., Исламов А.Х., Петухов М.Г., Филатов М.В	Малоугловое рассеяние нейтронов при исследовании нуклеопротеидных комплексов		XXI Совещание по использованию нейтронов в исследованиях конденсированного состояния (РНИКС-2010)//, Доклад, РНЦ «Курчатовский институт» Москва, Россия, С23.	Новый метод получения структурной инфоормации из спектров МУРН нуклеопротеиновых комплексов.
13	Руденко Е. Д., Петухов М. Г.	Исследование эластичности двухцепочечной молекулы ДНК in silico		Молодые ученые - промышленности северо-западного региона: Материалы конференций политехнического симпозиума / Издательство Санкт-Петербургского Политехнического университета. Санкт-Петербург, 2010.	Новый метод получения растянутых структур днДНК с порстоянной силой растяжения за 3‘ и 5’ концы.

12. Внедрение результатов проекта в образовательный процесс

№	Наименование образова-	Тип программы	Уровень	Статус программы	Программа разрабо-	Уровень целевой группы	Потенциальные за-	Планируемое количе-

	тельной программы				тана в соответствии со стандартом		казчики (география слушателей)	ство слушателей (в год)
1	Курс “Физика белка”	Основная	Бакалавриат	Доработка имеющейся аналогичной программы	Стандарт третьего поколения	Студенты 4-го курса	РФ	20
2	Курс лабораторных работ – «Специальный физический практикум - современные методы исследования биологических систем.	Основная	Магистратура	Новая программа для вуза	Стандарт третьего поколения	Студенты 4-го курса	РФ	20
3	Защищено 2 магстерские диссретации студентов кафедры биофизики СПбГПУ	Основная	магистратура	…	Стандарт третьего поколения	Студенты 6-го курса	РФ	20
4	Защищено 1 бакалаврская диссертации студентов кафедры биофизики СПбГПУ	Основная	Бакалавриат	…	Стандарт третьего поколения	Студенты 4-го курса	РФ	20
4	В диссертационный совет	Дополнительная	аспирантура	…	Стандарт третьего поколе	сотрудники профиль	РФ	20

	по специальности биофизика Д 212.229.25 при СПбГПУ. Представлена к защите 1 кандидатсткая диссертация.				ния	фильных предприятий		

Проректор по научной работе
ФГБОУ ВПО «СПбГПУ» _____ Д.Ю. Райчук

01 ноября 2011 г.
М.П.

Руководитель работ по проекту

Профессор _____ М.Г. Петухов

01 ноября 2011 г.
М.П.