

Обоснование темы диссертационной работы  
аспиранта Субоча Н.С.

Взаимодействие РНК и белков играет большую роль в функционировании клетки и исследовалось в ряде работ (см., например, [N. Morozova, J. Allers, J. Myers and Y. Shamoo. Protein-RNA interactions: exploring binding patterns with a three-dimensional superposition analysis of high resolution structures. *Bioinformatics*, 22 (22): 2746. (2006)]). Базы данных, такие как AANT [AANT: the Amino Acid-Nucleotide Interaction Database. *Nucleic Acids Res.*, 32 (Database issue), D174-D181], база данных белок-ДНК взаимодействий [<http://gibk26.bsekyutech.ac.jp/jouhou/3dinsight/recognition.html>] и PRiD [<http://www-bioc.rice.edu/~shamoo/prid.html>] предоставляют множество полезных инструментов для анализа белок-РНК взаимодействий. Например, полезным является наличие сведений о классификации РНК-связывающих доменов и мотивов, а также информация о всех видах РНК-белковых контактов, в том числе гидрофобных. В базе данных NPIDB [Spirin, S., Titov, M., Karyagina, A., Alexeevski, A. NPIDB: a database of nucleic acids-protein interactions. *Bioinformatics* 2007, 23 (23):3247-8]. для каждого контакта хранятся атомы, типы соответствующих мономеров, позиции мономеров внутри их цепей, общее число контактов каждого мономера и расстояние между атомами. Структура базы данных ориентирована на то, чтобы пользователь, интересующийся структурными аспектами взаимодействия белков с нуклеиновыми кислотами, мог легко и просто получить достаточно полную картину современного состояния области.

В то же время в известных базах данных нет сведений о вторичной структуре в окрестности контакта нет. В нашей лаборатории планируется создание базы данных о строении РНК-белковых комплексов, в которой такие сведения будут содержаться. Это будет одним из направлений работы Н.С.Субоча.

Другое направление работы связано с разработкой алгоритмов предсказания вторичной структуры РНК. Ранее нами был разработан метод анализа внутренних циклов (internal loop) при расчете оптимальной вторичной структуры РНК. [A.Y.Ogurtsov, S.A.Shabalina, A.S.Kondrashov, M.A.Roytberg. Analysis of internal loops within the RNA secondary structure in almost quadratic time. 2006, *Bioinformatics*. Volume 22, Number 11. Pp. 1317-1324]. Метод позволяет использовать предварительную фильтрацию допустимых «спариваний», т.е. пар нуклеотидов, потенциально образующих водородную

УТВЕРЖДЕНО УЧЕНЫМ СОВЕТОМ

« 8 » февраля 2012г.

## ОБЩИЙ ПЛАН РАБОТЫ

НАИМЕНОВАНИЕ РАБОТЫ	Срок выполнения
I. ПОДГОТОВКА И СДАЧА КАНДИДАТСКИХ ЭКЗАМЕНОВ:	1-й год
а) История и философия науки	1-й год
б) Иностранный язык	3-й год
в) Спецдисциплина	
II. РАБОТА НАД ДИССЕРТАЦИЕЙ:	1, 2, 3 год
а) Теоретическая работа <u>изучение литературы, разработка оригинальных методов предсказания вторичной структуры РНК, уточнение разработанных методов</u>	
б) Экспериментальная работа <u>Создание базы данных экспериментально определенных пространственных структур РНК и РНК-содержащих комплексов, проведение экспериментов с базой данных</u>	1, 2, 3 год
в) Оформление диссертации <u>Разработка плана диссертации, подготовка публикаций, подготовка текста диссертации и автореферата.</u>	2, 3 год

Аспирант

 / Субоч Н.М.

« 12 » января 2012г.

Научный руководитель

 / Пойтберг М.А.

« 12 » января 2012г.

## РАБОЧИЙ ПЛАН 1-го ГОДА ПОДГОТОВКИ

НАИМЕНОВАНИЕ РАБОТЫ	Объем и краткое содержание работы
I Подготовка и сдача кандидатских экзаменов:	1. Подготовка и сдача кандидатских экзаменов по английскому языку. 2. Подготовка и сдача кандидатских экзаменов по философии.
II Работа над диссертацией: а) Теоретическая работа	Изучение литературы
б) Экспериментальная работа	Разработка базы данных (первая версия) структур РНК-содержащих комплексов
в) Публикация статей	

Аспирант Субоч Н.М. «12» января 2019г.

Научный руководитель Ройтберг М.А. «12» января 2019г.



# РАБОЧИЙ ПЛАН 2-го ГОДА ПОДГОТОВКИ

(для аспирантов без отрыва от работы)

НАИМЕНОВАНИЕ РАБОТЫ	Объем и краткое содержание работы
I. Подготовка и сдача кандидатских экзаменов:	
II. Работа над диссертацией:	
а) Теоретическая работа	Изучение принципов параллельных вычислений. Изучение технологий MapReduce и Hadoop. Изучение литературы, освоение теоретических знаний о структурах РНК.
б) Экспериментальная работа	Реализация алгоритма поиска оптимальных вторичных структур РНК. Распаралеливание этого алгоритма.
в) Публикация статей	

Аспирант Су / Субоч Н.М. «15» января 2001 г.

Научный руководитель М.М. «15» января 2001 г.

Срок выполнения	Отметка о выполнении, оценка или заключение кафедры, отдела, лаборатории или научного руководителя
Зима — июнь 2011 г.	Освоены и использованы вычислительные технологии Map Reduce и Hadoop. Изучена теоретическая часть о структуре молекул РНК.
июль — август 2011 г.	Реализован алгоритм поиска оптимальных вторичных структур РНК. Выполнена его параллельная работа на вычислительном кластере, содержащем около 300 узлов.

Аттестация аспиранта научным руководителем работа за второй год  
обучения И.М. Сдобом выполнена успешно

Решение Аттестационной комиссии аттестован, переведен на 3<sup>й</sup> год  
обучения

Аттестацию утверждаю: Директор ИМПБ РАН, д.ф.-м.н.  Лахно В.Д.  
секретарь Комиссии Богач А.И.  
27. 10. 2011