

гетерозиготных генотипов ( $H_S$ ) в субпопуляции равна 0,218; доля межпопуляционного генетического разнообразия в общем разнообразии ( $G_{ST}$ ) равна 0,312.

На основании полученной матрицы был проведен кластерный анализ невзвешенным парно-групповым методом (UPGMA) и построена дендрограмма. На дендрограмме выборки образовали три кластера, с высокой поддержкой бутстрепа – в первый входят выборки **PsI** и **PsII**; во второй – **PsIII** и **PsIV**; в третий – **PsV**. Что согласуется с географическими расстояниями. Анализ популяционной структуры в программе STRUCTURE 2.3.4 показал, что наиболее вероятным оказывается разделение исследуемой выборки на три кластера, соответствующим трем генетическим популяциям.

Научный руководитель – Ю.С. Нечаева, канд. биол. наук

**УДК 571.56**

О.А. Неустроева, А.Р. Каюмов

*Казанский федеральный университет*

neustroeva.olga@mail.ru

## **ХАРАКТЕРИСТИКА ДНК-СВЯЗЫВАЮЩЕЙ АКТИВНОСТИ БЕЛКА GLNR ИЗ *LACTOBACILLUS PLANTARUM* 8 PA-3**

Для усвоения азота, который является одним из необходимых макроэлементов для микроорганизмов, у бактерий существует несколько различных путей, в зависимости от того, в состав каких соединений он включен. Наиболее предпочтительные источники - те, которые требуют минимальных энергетических затрат на их ассимиляцию клеткой бактерии. Такими соединениями являются глутамин и ионы аммония, которые вовлекаются в азотный метаболизм напрямую. Поэтому, в целях рационального использования энергии экспрессия генов азотного обмена

подвержена строгому контролю. Одним из основных регуляторов азотного метаболизма в грамположительных бактериях является фактор транскрипции GlnR. В некоторых организмах он выступает, как репрессор, в некоторых как активатор. Причем данный фактор транскрипции способен регулировать не только отдельные гены, но и целые регулоны, имея несколько сайтов связывания на геномной ДНК. В геноме лактобацилл нами идентифицирован ген *glnR*, кодирующий данный фактор транскрипции. Но остается неизвестным, при каких условиях белок GlnR взаимодействует с ДНК. Целью данной работы было охарактеризовать ДНК-связывающую активность белка GlnR из *Lactobacillus plantarum* 8 PA-3. Для этого экспрессионной плазмидой, несущей ген *glnR* из *L. plantarum* трансформировали штамм *E. coli* BL-21. Далее отбирали клон с максимальным уровнем гиперпродукции белка. Проводили очистку рекомбинантного белка GlnR методом афинной хроматографии на Ni-NTA сефарозе, в результате чего нами было получено 10 мг белка. Далее провели выравнивание последовательностей GlnR из *L. plantarum* и *Bacillus subtilis*, которое показало, что ДНК-связывающий домен белка GlnR у двух близкородственных микроорганизмов имеет высокую степень гомологии и это позволяет ожидать сходство сайтов распознавания. Затем при помощи метода задержки ДНК в геле определяли ДНК-связывающую способность очищенного рекомбинантного белка. Для этого путем гибридизации двух взаимодополнительных праймеров получали двуцепочечную ДНК размером 30 п.н., которая соответствовала фрагменту промотора гена *glnR* из *L. plantarum* и несла сайт связывания гомологичный сайту связывания для белка бацилл. Так как для белка из бацилл показана необходимость глутамина и глутаминсинтетазы для проявления ДНК-связывающей активности, эксперименты были также проведены в присутствии бациллярной глутаминсинтетазы, которая имеет 81% гомологии с ферментом *L. plantarum* (из данного микроорганизма

глутаминсинтетазу очистить не удалось). Так как результаты показали, что GlnR из *L.plantarum* образует слабо стабильный комплекс с ДНК-последовательностью, вне зависимости от присутствия глутаминина и глутаминсинтетазы в растворе, следующей задачей будет идентифицировать гены-мишени данного фактора транскрипции.

Работа выполнена при финансовой поддержке гранта РФФИ 15-04-02583а.

Научный руководитель – А.Р. Каюмов, доцент кафедры генетики, канд. биол. наук.

## УДК 577.218

В.И. Першин<sup>1</sup>, Е.Л. Гурьев<sup>2</sup>, Л.К. Курбатов<sup>3</sup>, М.Р. Гайнуллин<sup>2</sup>

<sup>1</sup> *Нижегородский государственный университет им. Н.И. Лобачевского*

<sup>2</sup> *Нижегородская государственная медицинская академия*

<sup>3</sup> *Научно-исследовательский институт биоорганической химии им. В.Н. Ореховича*  
bp1995@yandex.ru

## **УРОВЕНЬ ЭКСПРЕССИИ ГЕНОВ В ПЕРВИЧНОЙ КУЛЬТУРЕ ГИППОКАМПА ЭМБРИОНОВ МЫШЕЙ В ГИАЛУРОНИДАЗА-ЗАВИСИМОЙ МОДЕЛИ ЭПИЛЕПСИИ *IN VITRO***

Судорожная активность при эпилепсии, как правило, характеризуется изменениями в составе внеклеточного матрикса мозга (ВКМ), что доказывает существенную роль молекул ВКМ в эпилептогенезе. Транскриптомный анализ позволяет проводить скрининг изменения экспрессии всех генов одновременно и выявлять возможные сигнальные пути, обуславливающие изменение метаболизма клеток в ответ на разрушение внеклеточного матрикса мозга.