

апоптотическому ответу лимфоцитов периферической крови носителей патогенетических мутаций.

СТРУКТУРНАЯ ОРГАНИЗАЦИЯ ГЕНОВ АНТИМИКРОБНЫХ ПЕПТИДОВ ПШЕНИЦЫ *TRITICUM KIHARAЕ*

Уткина Л.Л.¹, Андреев Я.А.²

¹Институт общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН, Москва (Россия),

²Институт биоорганической химии им. акад. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва (Россия).

E-mail: lyuba_utk@mail.ru

Антимикробные пептиды (АМП) являются важнейшими компонентами защитной системы растений от патогенных микроорганизмов и стрессовых факторов абиотической природы. Несмотря на значительные успехи в изучении ряда АМП, структура генов многих из них остается неизвестной. Ранее из семян *T. kiharae* были выделены два новых пептида Tk-AMP-X1 и Tk-AMP-X2, обладающие уникальным цистеиновым мотивом и проявляющие высокую активность против грибных патогенов растений.

Цель настоящей работы состояла в исследовании структуры генов, кодирующих новые АМП пшеницы. Для этого из зерен пшеницы на стадии молочной спелости была выделена РНК, на матрице которой с использованием обратной транскрипции и 3'- и 5'-RACE была получена полноразмерная кДНК целевых генов.

Обнаружено 6 последовательностей кДНК, кодирующих длинные предшественники изучаемых пептидов. Каждый из предшественников состоит из сигнального пептида и 5 или 7 гомологичных АМП, разделенных сайтами специфического протеолиза.

В полученных последовательностях были обнаружены пептиды Tk-AMP-X2, Tk-AMP-X1, а так же ряд других пептидов, ранее обнаруженных при помощи масс-спектрометрии в экстрактах семян *T. kiharae*.

Таким образом, гены новых антимикробных пептидов пшеницы Кихара имеют сложную структуру и обеспечивают синтез одновременно нескольких пептидов. По-видимому, белок-предшественник является достаточно универсальной защитной молекулой, поскольку кодируемые им пептиды, скорее всего, обладают различным спектром антипатогенной активности.

ВЗАИМОДЕЙСТВИЕ *IN VITRO* ФАКТОРА ТРАНСКРИПЦИИ TNRA *BACILLUS SUBTILIS* С БЕЛКОМ BSGLNK

Федорова К.П., Каюмов А.Р., Шарипова М.Р.

Казанский государственный университет им. В.И. Ульянова-Ленина, Казань (Россия).

E-mail: ksunchik-@mail.ru

В клетках *Bacillus subtilis* фактор транскрипции TnrA регулирует экспрессию многих генов и оперонов в условиях недостатка азота. В условиях избытка доступного азота, ключевой фермент азотного метаболизма, глутаминсинтетаза (GS) формирует белковый комплекс с TnrA, снижая его способность взаимодействовать с ДНК. При этом за взаимодействие с GS ответственен С-концевой домен фактора TnrA. В условиях азотного голодаания фактор TnrA связан с мембранный посредством белков GlnK-AmtB, ответственных за транспорт аммония в клетки. Цель данного исследования - определить влияние С-концевого домена белка TnrA на его взаимодействие с белком GlnK.