



РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

24-29 сентября 2023
Томск



ТЕЗИСЫ

microbiology-congress.ru

опытах была прослежена динамика выделения/поглощения фосфора при смене анаэробных условий на аэробные. Добавление ацетата, пирувата, пропионата, бутирата, сукцината, аспарагиновой и глутаминовой кислот, аланина показало цикличность в выбросе фосфора в среду и дальнейшее его потреблении сообществом при смене анаэробных условий на аэробные. Удаление фосфора при потреблении ЛЖК было 60 – 90 %, аминокислот – 25 – 55%. Этанол и глюкоза не вызывали циклирования фосфатов.

Спектр доступных для ФАО субстратов необходимо учитывать при оценке роли этих организмов в естественных средах обитания и в технологических системах биологической очистки сточных вод от фосфора.

Работа финансировалась из средств РНФ № 21-64-00019

Пелевина Анна Витальевна, младший научный сотрудник лаборатории реликтовых микробных сообществ ФИЦ Биотехнологии РАН, Институт микробиологии им. С.Н. Виноградского РАН, Москва, Россия.

Телефон: +7 (906) 712-24-17

E-mail: annie.pelevina@yandex.ru

47. ИСПОЛЬЗОВАНИЕ СИСТЕМЫ CRISPR/CAS9 ДЛЯ ИССЛЕДОВАНИЯ ФАКТОРОВ ТРАНСЛЯЦИИ У ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

А.Г. Матвеевко, А.С. Михайличенко,

Г.А. Журавлева

Кафедра генетики и биотехнологии, Санкт-Петербургский государственный университет, г. Санкт-Петербург

Введение:

Нонсенс-супрессия, то есть способность прочитывать стоп-кодона как значимые в процессе трансляции, является важным явлением как для фундаментальных исследований, так и прикладных, так как значительная часть наследственных заболеваний связана с наличием преждевременных стоп-кодонов. Молекулярные механизмы, обуславливающие поддержание определенного уровня нонсенс-супрессии остаются во многом не изученными. Усиление нонсенс-супрессии в клетке может являться следствием нарушений в работе факторов терминации трансляции eRF1 и eRF3, однако и другие разнообразные факторы

также вовлечены в контроль точности терминации трансляции. Так например, мутации или изменения в уровне экспрессии фактора элонгации трансляции eEF1A также влияют на уровень нонсенс-супрессии. Дрожжи *Saccharomyces cerevisiae* являются удобным модельным объектом для изучения трансляции благодаря консервативности механизмов работы аппарата синтеза белка.

Материалы и методы:

В последнее время активно развиваются технологии редактирования генома. Благодаря высокой эффективности гомологичной рекомбинации, с помощью системы CRISPR/Cas9 можно осуществлять разнообразные манипуляции с геномом дрожжей. Мы разработали методику на основе CRISPR/Cas9 позволяющую вносить точковые мутации в жизненно-важные гены.

Результаты:

Полученную методику мы опробовали на примере мутации *sup35-25* в гене, кодирующем фактор терминации трансляции eRF3. Мы также создали систему, позволяющую с помощью CRISPR/Cas9 вносить практически любые изменения в ген *SUP35* и осуществили встраивание гена *GFP* в различные части рамки считывания *SUP35*. Также мы создали систему, позволяющую вносить случайные мутации в гены *TEF1* и *TEF2*, кодирующие фактор элонгации трансляции eEF1A. С её помощью нам удалось отобрать несколько ранее не описанных нелетальных мутаций в гене *TEF2*.

Заключение:

Таким образом использование CRISPR/Cas9 значительно помогает в исследованиях механизмов регуляции точности трансляции.

Работа поддержана грантом РНФ 23-14-00063.

Матвеевко Андрей Георгиевич, научный сотрудник кафедры Генетики и биотехнологии СПбГУ, Санкт-Петербург, Россия.

Телефон: +7 (911) 911-10-91

E-mail: a.matveenko@spbu.ru