

позволяют эффективно классифицировать генотипы хлопчатника, принадлежащих к различным видам. Полученные полиморфные локусы могут быть ассоциированы с морфологическими признаками и/или другими агрономическими свойствами. Кроме того могут установить генетическую базу диких и культурных представителей хлопчатника, что позволит проведению селекционных экспериментов с использованием диких видов для улучшения культурных сортов.

ИЗУЧЕНИЕ ВЛИЯНИЯ ДЕЛЕЦИИ ГЕНА *SWI1* НА ПРОЯВЛЕНИЕ И ПОДДЕРЖАНИЕ ПРИОННОГО ДЕТЕРМИНАНТА [*NSI*⁺] У ДРОЖЖЕЙ *SACCHAROMYCES CEREVISIAE*

Захарова А.Л.¹, Рыжова Т.А.^{1,2}, Галкин А.П.^{1,2}, Нижников А.А.^{1,2}

¹ФГБОУ ВПО Санкт-Петербургский государственный университет,

²Санкт-Петербургский филиал Института общей генетики им. Н.И. Вавилова РАН,
Санкт-Петербург, Россия

alx.zakharova@gmail.com

Прионы - это белки, способные в одинаковых физиологических условиях существовать в различных конформациях, как минимум, одна из которых обладает инфекционными свойствами. Ранее в нашей лаборатории был обнаружен нехромосомный фактор [*NSI*⁺] (*Nonsense Suppression Inducer* – индуктор нонсенс-супрессии), вызывающий супрессию нонсенс-аллелей *ade1-14* (UGA) и *trp1-289* (UAG) (то есть рост на селективных средах без аденина или триптофана, соответственно) на фоне продукции химерного белка Aβ-Sup35MC и делеции хромосомной копии гена *SUP35*. Было показано, что фактор [*NSI*⁺] демонстрирует нехромосомное наследование, элиминируется под действием хлорида гуанидина и проявляет цитоплазматическую инфекционность, что позволяет говорить о прионной природе данного детерминанта. Для поиска вероятных кандидатов на роль детерминанта [*NSI*⁺] в нашей лаборатории ранее был разработан протеомный метод PSIA (*Proteomic Screening for Identification of Amyloid proteins*). С помощью PSIA в детергент-устойчивых белковых фракциях из штамма [*NSI*⁺] был выявлен структурный белок приона [*SWI*⁺] – Swi1. Анализ, проведенный при помощи флуоресцентной микроскопии, показал, что доля клеток штамма [*NSI*⁺], содержащих агрегаты химерного белка Swi1-YFP, статистически достоверно выше, чем доля таких клеток в штамме [*nsi*⁻]. Делеция гена *SWI1* вызывала сильную нонсенс-супрессию как в штамме [*NSI*⁺], так и [*nsi*⁻]. Введение плазмидной копии *SWI1* приводило к подавлению нонсенс-супрессии в обоих штаммах. Последующий анализ показал, что в полученных штаммах, несущих делецию *SWI1*, частоты агрегации химерного белка Swi1-YFP статистически достоверно не отличаются. Таким образом, в настоящем исследовании показано, что делеция гена *SWI1* вызывает необратимую элиминацию детерминанта [*NSI*⁺].

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ №14-04-32213.

СОЗДАНИЕ ФЕРМЕНТОВ - ЭНДОНУКЛЕАЗ РЕСТРИКЦИИ С ЗАДАНЫМИ СВОЙСТВАМИ

Ибряшкина Е.М.

ФГБУН Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрабина РАН,
Пушино, Россия

ibryashkinae@mail.ru

Системы рестрикции-модификации являются внутриклеточной системой иммунной защиты от чужеродной ДНК. Ферменты систем рестрикции-модификации обнаруживают высокое разнообразие их структурной и доменной организации. Существуют предположения, что эволюция ферментов рестрикции шла по пути усложнения доменной организации и давала возможность белкам специфически взаимодействовать с большим количеством сайтов узнавания (подобно эндонуклеазе EcoRII). Приобретение ферментами рестрикции новых структурных доменов могло происходить в процессе генетических перестроек при