

многочисленные генетические исследования, посвященные генотрофам, на данный момент неизвестны механизмы их формирования.

С использованием Next Generation Sequencing (NGS) секвенированы малые РНК, транскриптом и геном генотрофов льна (выращены в условиях недостаточного и избыточного питания), а также исходной линии *Stormont Cirrus*, из которой они были получены (выращена в оптимальных условиях). Методом ПЦР в режиме реального времени (ПЦР-РВ) на расширенной выборке образцов проведена оценка экспрессии микроРНК и их потенциальных мишеней.

Впервые идентифицированы 96 консервативных микроРНК, экспрессирующихся в растениях льна. Также найдены 475 новых потенциальных микроРНК и предсказаны их целевые гены. Определены микроРНК с дифференциальной экспрессией в различных условиях питания. Методом ПЦР-РВ на расширенной выборке образцов показана дифференциальная экспрессия в условиях недостаточного или избыточного питания для *lus-miR-N1*, *lus-miR395* и *lus-miR399*. Выявлена отрицательная корреляция экспрессии *lus-miR399* и ее потенциального целевого гена, кодирующего один из ключевых элементов реакции убиквитинирования – белок UBE2, а также *lus-miR-N1* и ее возможной мишени – гена, кодирующего белок UBE1, который катализирует первый этап реакции убиквитинирования. Впервые выполнено NGS-секвенирование генома и транскриптома генотрофов льна. Найдены гены льна с дифференциальной экспрессией при недостатке или избытке удобрений, которые могут участвовать в формировании генотрофов.

Идентификация новых микроРНК льна вносит вклад в изучение роли малых РНК растений в регуляции биологических процессов. Полученные данные о дифференциальной экспрессии микроРНК и мРНК позволяют лучше понять процессы, происходящие в растениях при стрессовых воздействиях, а также процесс формирования генотрофов льна.

Работа выполнена на оборудовании ЦКП Геном ИМБ РАН (http://www.eimb.ru/RUSSIAN_NEW/INSTITUTE/ccu_genome_c.php) при финансовой поддержке гранта РФФИ 15-04-06198-а.

РОЛЬ БЕЛКА L30 В ФОРМИРОВАНИИ ФУНКЦИОНАЛЬНО-АКТИВНОЙ БАКТЕРИАЛЬНОЙ РИБОСОМЫ *IN VIVO*

Коробейникова А.В., Пашина Л.С., Гарбер М.Б., Гонгадзе Г.М.
ФГБУН Институт белка РАН, Пушкино, Россия

kav-20@rambler.ru

Рибосомный белок L30 обнаружен во всех известных организмах. Согласно кристаллографическим данным белок L30, являясь компонентом центрального протуберанца 50S субчастицы, не взаимодействует с лигандами трансляции, но образует обширные контакты с функционально важными участками второго домена 23S рРНК (основаниями спиралей H38 (A-site finger), H39, H41 (основание ГТФаза ассоциированного центра) и H45). Эти данные указывают на то, что белок L30 может опосредованно влиять на работу указанных функциональных центров рибосомы. Однако до сих пор этот вопрос не был исследован. Ранее нами был получен Δ L30 штамм *Escherichia coli* и показано, что рибосомы из этого мутантного штамма не отличаются от контрольных рибосом по физико-химическим свойствам (компактности, ассоциации субчастиц и компонентному составу), но менее эффективно синтезируют природный пептид *in vivo*.

В настоящей работе исследовано влияние белка L30 на конформацию участков 23S рРНК, прилегающих к этому белку. Используя метод химического пробинга РНК, показано, что в рибосомах, собранных в клетках Δ L30 штамма *E. coli*, изменяется доступность модифицирующим агентам некоторых участков второго домена 23S рРНК. Обнаружено, что кроме нуклеотидов, расположенных в сайте связывания белка L30 с РНК (A928, U932, A933, C948), изменения происходят в некоторых соседних участках второго домена 23S рРНК (C865, A910, G916, G956-A959, G1038, G1071 и G1087), которые не имеют прямых контактов с данным белком. Эта вторая группа нуклеотидов расположена в функционально важных участках рибосомы (районы контактов белка L16 и 5S рРНК со спиралью H38 и H39 23S рРНК, а также в ГТФаза ассоциированном центре). Компьютерный анализ показал, что структура данных участков в интактной рибосомной субчастице очень стабильна. Таким