

образом, на основании полученных в работе данных можно сделать заключение, что отсутствие белка L30 влияет на стабильность структуры РНК в указанных функционально важных районах, что, в свою очередь, отражается на эффективности биосинтеза белка в бактериальной клетке.

Работа поддержана грантом РФФИ № 13-04-00587 и Программой «Молекулярная и клеточная биология» РАН.

ПРЕДВАРИТЕЛЬНЫЕ ДАННЫЕ РЕНТГЕНОСТРУКТУРНОГО АНАЛИЗА КРИСТАЛЛОВ ЛАККАЗЫ ИЗ *STREPTOMYCES GRISEOFLOVUS* AC-993

**Костарева О.С.¹, Трубицина Л.И.², Габдулхаков А.Г.¹, Лисов А.В.², Гарбер М.Б.¹,
Тищенко С.В.¹**

¹ФГБУН Институт белка РАН, ²ФГБУН Институт биохимии и физиологии
микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Россия

oskostareva@gmail.com

Лакказа принадлежит к семейству медь-содержащих оксидаз. Лакказы бактериального происхождения отличаются высокой термостабильностью, устойчивостью к ингибиторам, катализируют реакции в более широком диапазоне pH, чем эукариотические. К настоящему времени бактериальные лакказы мало изучены. Лишь для лакказы из бактерии *Streptomyces coelicolor* ведётся детальный структурный и мутационный анализ. Структурный анализ других бактериальных лакказ с точки зрения поиска причин их термостабильности и каталитической активности в щелочном диапазоне pH представляет большой интерес, как в фундаментальной, так и в прикладной областях исследований.

Была получена генетическая конструкция на основе плазмиды pQE30, несущая ген лакказы из бактерии *S. griseoflavus* Ac-993, лишённой сигнального пептида, создан штамм-суперпродуцент, белок очищен до гомогенного состояния последовательными хроматографиями на Ni-NTA агарозе и Superdex 200. Получены пригодные для рентгеноструктурного анализа кристаллы, которые выросли до максимального размера за 2-3 недели. Сбор данных с кристаллов был произведен на синхротроне BESSY II, линия BL14.1 (Берлин, Германия), с использованием CCD детектора RAYONIX MX-225.

Кристаллы лакказы *S. griseoflavus* отражали рентгеновские лучи с пределом разрешения 2,0 Å. Пространственная группа - P2₁, параметры ячейки, (Å, °) - a=74.640, b=94.720, c=117.400, α=γ=90.0, β=90.67. Ведётся работа по определению пространственной структуры белка методом молекулярного замещения. В качестве стартовой модели используется модель структуры лакказы *S. coelicolor*.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (проект № 15-04-03002-а) и Программы Президиума МКБ РАН.

МОЛЕКУЛЯРНО-ФИЛОГЕНЕТИЧЕСКИЙ АНАЛИЗ ТРЁХ ПОПУЛЯЦИЙ МЕДУЗ *AURELIA AURITA*

Котова А.В., Адонин Л.С.

ФГБУН Институт цитологии РАН, Санкт-Петербург, Россия

anastkotova@gmail.com

Сцифоидные медузы из рода *Aurelia* – наиболее изученные представители типа Cnidaria. На протяжении прошлого века исследователи выделяли разное количество видов в роде *Aurelia*, но к концу 20-го века только *A. aurita*, *A. limbata*, *A. labiata* признаны морфологически отличимыми. *A. aurita* долгое время считалась видом-космополитом из-за морфологического сходства взрослых фертильных особей из разных географически удаленных популяций. Характерной чертой медуз является наличие «толстой» прослойки межклеточного вещества – мезоглеи, заключенной между двумя эпителиальными слоями (эпи- и гастродермой). Мезоглеин – один из мажорных белковых компонентов мезоглеи, открытый в нашей лаборатории. В настоящей работе провели сравнение мезоглеина и его гена у медуз из трех популяций: Белого (БМ), Чёрного (ЧМ) и Японского морей (ЯМ). При сравнении SDS-электрофореграмм гомогенатов