

Описание подобной системы, объединяющей работу большого количества коактиваторных комплексов, позволит в дальнейшем проводить более конкретные исследования отдельных белковых комплексов или этапов активации транскрипции в контексте имеющихся данных о предыдущих или последующих этапах.

МАЛАЯ РНК SAPZ, КАК ПОТЕНЦИАЛЬНЫЙ РЕГУЛЯТОР ПУЛА мРНК ГЕНОВ *rpoS*, *malK* И *malM* В *E. COLI*

Маркелова Н.Ю., Сухаричева Н.А., Озолин О.Н., Масулис И.С.

ФГБУН Институт биофизики клетки РАН, ФГБОУ ВПО Пушкинский государственный естественно-научный институт, Пушкино, Россия

sacharunya@gmail.ru

Жизнедеятельность гетеротрофных бактерии обеспечивается способностью эффективно реагировать на условия окружающей среды. *E. coli* обладает сложной сетью регуляторных механизмов, которые способны преобразовывать различные внешние стимулы в изменения профиля экспрессии генов. Многоуровневая система регуляции клеточных ответов позволяет бактериям противостоять стрессам и эффективно использовать имеющийся материал и энергию.

В настоящее время установлены разнообразные РНК-опосредованные механизмы регуляции экспрессии генов, где ключевую роль выполняют малые РНК. Нами была обнаружена и описана с точки зрения локализации промотора и терминатора некодирующая РНК *SapZ*, транскрибируемая в локусе *ymjA/sapA* в направлении, антисмысловом по отношению к гену *sapA*.

Для выяснения функций данной РНК получен мутантный штамм *E. coli* K-12 MG 1655 несущий делецию области генома, кодирующей РНК *SAPZ*. Потенциальные мишени были проанализированы с помощью программы «sTarPicker». На основании этого анализа для экспериментальной проверки были отобраны три предполагаемые мишени воздействия РНК *SapZ*: ген *rpoS*, кодирующий фактор σ^{38} и являющейся центральным регулятором общей реакции на стресс, а также два гена мальтозного оперона, *malK* и *malM*, продуктами которых являются белок, входящий в состав АВС-транспортера и периплазматический белок с неустановленной функцией.

На участие РНК *SAPZ* в регуляции пула мРНК генов-мишеней указывают данные по содержанию мРНК генов *rpoS*, *malK* и *malM* в препаратах тотальной РНК, полученные методом RT-qPCR. Установлено, что в клетках кишечной палочки несущих делецию по РНК *SapZ*, на экспоненциальной фазе роста уровень мРНК гена *malK* был выше в 2,3 раза, а гена *malM* в 13,6 раз, чем в клетках дикого типа. На стационарной фазе роста было обнаружено аналогичное увеличение уровня транскриптов генов *malK* и *malM* в шесть и три раза соответственно. На этой стадии роста клеток обнаружена корреляция уровня мРНК для *rpoS* и исследуемых генов мальтозного оперона, так как для транскриптов гена *rpoS* в мутантном штамме наблюдается увеличение 2.6 раза по сравнению со штаммом дикого типа.

Полученные данные свидетельствуют о вовлеченности малой РНК *SapZ* в регуляцию экспрессии генов *rpoS*, *malK* и *malM*. Очевидно, что делеция *SapZ* приводит к повышению содержания мРНК значимых для клетки генов. Регуляторные эффекты РНК *SapZ* могут реализовываться как на уровне транскрипции изучаемых генов, так и посредством воздействия на стабильность транскриптов *rpoS*, *malK* и *malM*.

Работа выполнена в рамках госзадания Минобрнауки России № 2014/28.