

МИНИСТЕРСТВО НАУКИ И ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ
ФЕДЕРАЛЬНОЕ ГОСУДАРСТВЕННОЕ БЮДЖЕТНОЕ
ОБРАЗОВАТЕЛЬНОЕ УЧРЕЖДЕНИЕ ВЫСШЕГО ОБРАЗОВАНИЯ
«ПСКОВСКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ»

3-Й РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

г. Псков,
26 сентября – 1 октября 2021 г.

Материалы конгресса

Псков
2021

УДК 579
ББК 28.4
Т665

Редколлегия:

Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Пименов Н. В.

Составители:

Пименов Н. В., Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Антал Т. К.,
Серова О. А., Фролов В. В., Бугеро Н. В.

Т665 **3-й Российский микробиологический конгресс** (г. Псков, 26 сентября – 1 октября 2021 г.) : материалы конгресса / редкол.: Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Пименов Н. В.; сост.: Пименов Н. В., Бонч-Осмоловская Е. А., Ильина Н. А., Антал Т. К., Серова О. А., Фролов В. В., Бугеро Н. В. – Псков : ООО «Конкорд», 2021. – 290 с.
ISBN 978-5-6046553-7-5

В сборнике представлены тезисы устных и постерных сообщений, представленных на 3-ем Российском микробиологическом конгрессе. Цель Конгресса – широкий обмен информацией в области микробиологии и смежных дисциплин. Рассматривается филогенетическое и метаболическое разнообразие микроорганизмов, их распространение, генетические, биохимические и структурно-функциональные особенности, новые методы исследования микроорганизмов, биотехнологические и медицинские разработки. Изучение микробного разнообразия и его ресурсов, микробного метаболизма и его генетических детерминат является основой для генерации новых фундаментальных знаний в области биологии и создания принципиально новых технологий.

УДК 579
ББК 28.4

ISBN 978-5-6046553-7-5

© Коллектив авторов, 2021
© Псковский государственный университет, 2021
© ООО «Конкорд», 2021

РЕПАРАЦИЯ ДНК: ЗА ПРЕДЕЛАМИ МОДЕЛЬНЫХ МИКРООРГАНИЗМОВ

Жарков Д. О.

Институт химической биологии и фундаментальной медицины СО РАН,
Новосибирск, dzharkov@niboch.nsc.ru

Система эксцизионной репарации оснований ДНК (ЭРО) отвечает за удаление многих продуктов окисления, дезаминирования, алкилирования и апуринизации ДНК. В ходе ЭРО один из нескольких ферментов, принадлежащих к группе ДНК-гликозилаз, выщепляет поврежденное основание, после чего целостность ДНК восстанавливается последовательным действием апурин-апиримидиновых (АП-) эндонуклеаз, ДНК-полимераз и ДНК-лигаз. Хотя состав хорошо изученных систем ЭРО в клетках человека и *E. coli* ограничен 20–30 полипептидами, недавние открытия в других биологических видах указывают на существование белков ЭРО, отсутствующих в хорошо изученных модельных организмах. В работе проведен поиск полипептидов и их доменов, образующих функционально не охарактеризованные семейства, предположительно участвующие в репарации ДНК.

Все последовательности, гомологичные известным ДНК-гликозилазам из структурного суперсемейства «спираль — два поворота — спираль», можно сгруппировать в 12 семейств, 5 из которых не охарактеризованы биохимически. Была определена субстратная специфичность таких белков из *Staphylococcus aureus*, *Streptomyces coelicolor* и *Bacteroides thetaiotaomicron* по отношению к окисленным основаниям разной природы, и установлена пространственная структура белка из *B. thetaiotaomicron*, отличающегося своим каталитическим центром от других гликозилаз этой группы. Аналогичным образом, последовательности, гомологичные известным урацил-ДНК-гликозилазам, группируются в 9 семейств, 3 из которых не охарактеризованы. Был изучен белок из *Pseudomonas syringae*, который обладал способностью удалять из ДНК как урацил, так и окисленные пиримидины.

ДНК-гликозилаза MutY *E. coli* и ее гомолог MUTYH человека несут каталитически неактивный С-концевой домен, гомологичный белкам суперсемейства NUDIX, гидролизующим мононуклеотидные субстраты, в том числе поврежденные dNTP. Все последовательности белков NUDIX можно разделить на 54 семейства. Сравнение последовательностей и компьютерное моделирование структур и их взаимодействий с поврежденным основанием 8-оксогуанином позволило определить предполагаемый сайт первичного узнавания повреждения ДНК, не очевидный из пространственной структуры белка MutY.

АП-эндонуклеазы расщепляют ДНК по АП-сайтам, остающимся после действия ДНК-гликозилаз, а также обладают 3' → 5'-экзонуклеазной, 3'-фосфодиэстеразной и 3'-фосфатазной активностью. Основная АП-эндонуклеаза человека (APEX1), принадлежит к суперсемейству экзонуклеаз–эндонуклеаз–фосфатаз, а ее гомологи могут быть сгруппированы в 5 семейств. Анализ эволюции некаталитических доменов АП-эндонуклеаз показывает, что в этой группе белковые домены, отвечающие за репарацию ДНК, часто сочетаются с функциональными модулями, работающими как редокс-сенсоры, факторы рекомбинации, домены олигомеризации и т. п.

В целом анализ систем репарации ДНК в организмах, не принадлежащих к узкому числу лабораторных моделей, служит мощным инструментом для исследования функций белков репарации и может стать источником ценных инструментов для молекулярной биотехнологии.

Работа поддержана государственным заданием АААА-А17-117020210023-1.

РЕНЕССАНС КУЛЬТИВОВАНИЯ В ПОСТГЕНОМНОЕ ВРЕМЯ

Карначук О. В.

Кафедра физиологии растений и биотехнологии,
Томский государственный университет, Томск, olga.karnachuk@green.tsu.ru

Культивирование микроорганизмов на питательных средах, несколько утратившее свое значение во времена интенсивного развития молекулярных методов, возрождается на новой

Научное издание

3-Й РОССИЙСКИЙ МИКРОБИОЛОГИЧЕСКИЙ КОНГРЕСС

г. Псков,
26 сентября – 1 октября 2021 г.

Материалы конгресса

Технический редактор: Н. А. Васильева
Компьютерная верстка: Н. А. Васильева

Подписано в печать 23.09.2021. Формат 60×90/8. Гарнитура FreeSetC.
Тираж 300 экз. Заказ № 5970. Усл. п. л. 36,25.

Макет подготовлен к печати
редакционно-издательским отделом Псковского государственного университета
и ООО «Конкорд»

Адрес типографии:
180000, Россия, г. Псков, ул. Л. Толстого, д. 4^а, корп. 3^а
Псковский государственный университет