

**Характеристика белка PotN *Lactobacillus brevis* subsp. *gravesensis*, первого представителя нового подсемейства PII белков**

**Научный руководитель – Каюмов Айрат Рашитович**

***Исхакова Залина Ильгамовна***

*Аспирант*

Казанский (Приволжский) федеральный университет, Институт фундаментальной  
медицины и биологии, Казань, Россия

*E-mail: zalinunya@mail.ru*

PII белки координируют центральный метаболизм углерода/азота путем регулирования активности транскрипционных факторов, ключевых метаболических ферментов и транспортеров [1]. Взаимодействие с эффекторными молекулами вызывает различные конформационные изменения структуры PII белков, что, в свою очередь, позволяет им изменять сродство к белкам-партнерам и изменять их активность [2]. Среди представителей рода *Lactobacillus* только 4 имеют в геноме гены PII белков. Целью работы было дать структурно-функциональную характеристику белка PotN *L. brevis* subsp. *gravesensis*, первого представителя нового подсемейства PII белков.

Ранее было показано, что в *E. coli* и *B. subtilis* ген PII белка располагается в опероне вместе с геном белка AmtB, который осуществляет транспорт ионов аммония в клетку [3]. В *L. brevis* ген *potN* находится в опероне *potABCD*, кодирующий белки ABC-транспортера полиаминов спермидина/путресцина. На основании расположения белков в одном опероне можно предположить взаимодействие PotN с этими белками и его участие в контроле транспорта полиаминов. Взаимодействие подтверждали *in vitro* методом Pull Down анализа. Нами было показано, что белок PotN взаимодействует с белком PotA при этом эффективность взаимодействия усиливается в присутствии АТФ и подавляется АДФ, что может быть отражением механизма контроля активности данных белков в зависимости от внутриклеточного содержания АТФ и АДФ. Эти данные так же были подтверждены *in vivo* с помощью бактериальной дигибридной системы [4].

Работа выполнена при поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (Проект №18-34-00268).

**Источники и литература**

- 1) 1) Lapina, T. The PII signaling protein from red algae represents an evolutionary link between cyanobacterial and Chloroplastida PII proteins [Text] / T. Lapina K. Selim, K. Forchhammer, E. Ermilova // Scientific Reports – 2018 – V.790. – P.1-14.
- 2) 2) Lüddecke, J. Energy sensing versus 2-oxoglutarate dependent ATPase switch in the control of Synechococcus PII interaction with its targets NAGK and PipX [Text] / J.Lüddecke, K.Forchhammer // PLoS One – 2015. – V.10. – P.e0137114.
- 3) 3) Forchhammer, K. Sensory properties of the PII signalling protein family [Text] / K. Forchhammer, J.Lüddecke // FEBS J – 2016. – V.283. – P.425–437.
- 4) 4) Battesti, A. The bacterial two-hybrid system based on adenylate cyclase reconstitution in Escherichia coli [Text] / A. Battesti, E. Bouveret // Methods – 2012 – V.58. – P.325-334.