

**Структурная часть гена гемолизина II *V. cereus* кодирует кластер белков с единой рамкой считывания и различными стартовыми точками****Научный руководитель – Руденко Наталья Васильевна**Каратовская А.П.<sup>1</sup>, Замятина А.В.<sup>2</sup>, Нагель А.С.<sup>3</sup>, Колесников А.С.<sup>4</sup>

1 - Институт биоорганической химии им. академиков М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН, Москва, Россия, *E-mail: annakaratsovskaya@mail.ru*; 2 - Пуштинский государственный естественно-научный институт, Московская область, Россия, *E-mail: anna.zamjatina@yandex.ru*;  
3 - Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пушкино, Россия, *E-mail: moleculab228@gmail.com*; 4 - Пуштинский государственный естественно-научный институт, Московская область, Россия, *E-mail: kaczzz@yandex.ru*

Спорообразующие условно-патогенные почвенные бактерии *Bacillus cereus* продуцируют ряд секретлируемых токсинов. Одним из факторов вирулентности *B. cereus* является порообразующий токсин - гемолизин II (HlyII), гомолог  $\alpha$ -токсина *Staphylococcus aureus*. HlyII по сравнению с  $\alpha$ -токсином *S. aureus* имеет С-концевое удлинение из 94 аминокислотных остатков, обозначаемых как HlyIICTD (**C-terminal domain HlyII**) [2]. С помощью ранее полученных нами моноклональных антител против HlyIICTD [1] в рекомбинантном штамме *B. subtilis* VD 170, содержащем интегративную плазмиду с регуляторной и структурной последовательностью гена *hlyII*, были обнаружены четыре белковых продукта, кодируемых открытыми рамками считывания в структурной части гена *hlyII* [3]. Перед всеми обнаруженными рамками считывания, которые начинаются с инициаторного кодона (AUG) находятся последовательности нуклеотидов, подобные последовательности Шайна-Дальгарно, определяющей связывание рибосом с мРНК. Продукт массой 42,6 кДа и длиной 381 аминокислот, является HlyII и обнаруживается в культуральной среде. Более короткий продукт массой 40 кДа и длиной 356 аминокислот выявляется в поверхностно-связанной фракции (клеточный дебрис). Третий и четвертый продукты, массой 32 кДа и 21,3 кДа и длиной 280 и 188 аминокислот, соответственно, обнаруживаются как в клеточном дебрисе, так и в бактериальной цитоплазме. Все выявленные открытые рамки считывания клонированы в шатл-системе векторов pT7-RNAP/pРТ7 для экспрессии в *E. coli* и *B. subtilis*.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ 19-04-00592.

**Источники и литература**

- 1) Руденко Н. В. , Каратовская А. П. , Замятина А. В., Сиунов А. В., Андреева-Ковалевская Ж. И. , Нагель А. С., Бровко Ф. А. , Солонин А. С. С-Терминальный домен гемолитического токсина *Bacillus cereus* способен взаимодействовать с эритроцитами. // Биоорганическая химия, 2020, том 46, № 3, с. 1–6
- 2) Baida G, Budarina ZI, Kuzmin NP & Solonin AS (1999) Complete nucleotide sequence and molecular characterization of hemolysin II gene from *Bacillus cereus*. // FEMS Microbiol. Lett. 180, 7–14.
- 3) Sineva E.V., Andreeva-Kovalevskaya Z.I., Shadrin A.M., Gerasimov Y.L., Ternovsky V.I., Teplova V.V., Yurkova T.V., Solonin A.S. // FEMS Microbiol. Lett. 2009. V. 299. P. 110–119.