

3. Bacteria of the genus bacillus as a method of directed modification of polycaproamide fibers/ Y. Komarovskaya [et al.] // Journal “Chemical technology”. – 2017. – Vol 68, No 1. – P.63–67

PRIMARY MICROBIOLOGICAL DESTRUCTION OF POLYAMIDE FIBERS

Y.V. Komarovskaya, T.I. Kozyachaya, G.G. Yuhnevich, V.N. Burd
YankaKupala State University of Grodno, Grodno, Belarus
yaninawkom@gmail.com

It is determined that microorganisms can act as primary destructors of polyamide fibers. As a result of prolonged cultivation, the formation of defects on the surface of biomodified fibers is observed, an increase in the roughness and an amorphous fiber layer, and a decrease in strength. These studies may indicate that microorganisms can be used as biodestructors of polyamide fibers.

The results of the study are applicable in microbiology, biotechnology, materials science.

РОЛЬ ГЕНА *PhoP* В ВИРУЛЕНТНОСТИ ФИТОПАТОГЕНА *PECTOBACTERIUM CAROTOVORUM*

У.А. Кравченко

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
ulyaulyami@gmail.com

Энтеробактерии имеют около 300 транскрипционных факторов, обеспечивающих адаптацию этих микроорганизмов к меняющимся условиям, в том числе и к условиям внутри эукариотических хозяев. Большинство транскрипционных факторов экспериментально не исследовалось, особенно у фитопатогенных энтеробактерий, к числу которых относится и патоген картофеля *Pectobacterium carotovorum*. Целью настоящей работы является исследование роли *PhoP*, транскрипционного фактора *OmpR*-семейства, в вирулентности *P. carotovorum*

На первом этапе с помощью версии 2.0 программы Sigmoid [1] создана hmm-модель операторного мотива, распознаваемого *PhoP*, после чего с помощью этой модели проведена идентификация потенциальных сайтов связывания *PhoP* в геноме *P. carotovorum* штамма 3-2. В результате

выявлено более 20 потенциальных сайтов связывания, наиболее интересные из которых расположены перед генами пектатлиаз – гидролитических ферментов, ответственных за разрушение клеточной стенки растений и считающихся основными факторами вирулентности пектобактерий, что может свидетельствовать о важной роли PhoP в контроле вирулентных свойств этого патогена.

Для проверки этих предположений сконструирован инсерционный мутант по гену исследуемого транскрипционного фактора. Для этого фрагмент гена *phoP* был встроен в суицидный вектор pJP5603 [2], рекомбинантная плазмида введена в клетки *P. carotovorum*, потенциальные *phoP*-мутанты отобраны на среде с канамицином и верифицированы с помощью ПЦР. Исследование пектолитической активности показало ее существенное снижение у *phoP*-мутанта. Планируется проведение дальнейших исследований по изучению фенотипа полученного мутантного штамма, включая всестороннюю проверку его вирулентности в растениях.

1. Nikolaichik, Y. Sigmoid: a user-friendly tool for improving bacterial genome annotation through analysis of transcription control signals / Y. Nikolaichik, A.U. Damienikan // PeerJ. – 2016. – Vol. 4. – P. e2056.

2. Penfold, R.J. An improved suicide vector for construction of chromosomal insertion mutations in bacteria / R.J. Penfold, J.M. Pemberton // Gene. – 1992. – Vol. 118, No 1. – P. 145–146.

THE ROLE OF *phoP* GENE IN A VIRULENCE OF PHYTOPATHOGEN *PECTOBACTERIUM CAROTOVORUM*

U.A. Kravchenko

Belarus State University, Minsk, Belarus

ulyaulyami@gmail.com

The goal of this study was to investigate role of PhoP transcription factor in *P. carotovorum* (Pca) virulence.

Firstly, hidden Markov model of operator sequences recognised by Pca PhoP was built using Sigmoid [1] v. 2.0 facilities. The subsequent model-driven identification of individual sequences in Pca 3-2 genome revealed more than 20 potential binding sites including those upstream of genes of pectolytic enzymes. Based on this data we suggested the existence of direct virulence control by PhoP in Pca 3-2. To verify these assumptions, an insertion *phoP* gene mutant was constructed. The mutant showed decreased production of pectolytic

enzymes. Further experiments are planned to study the phenotype of the mutant strain obtained, including thorough test of its virulence in plants.

МОДИФИКАЦИЯ КОНСТРУКЦИИ pET-SVM9-TR ДЛЯ ЭКСПРЕССИИ ХИМЕРНОГО БЕЛКА КАПСИДА ЦВС-2

К.В. Кудин, И.В. Кудина, В.А. Прокулевич

*Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
kiryl.kudin@gmail.com*

Ранее нами была разработана конструкция для создания гибридных белков с аффинным целлюлоз-связывающим модулем SVM9-2 и получен конъюгированный с ним химерный белок капсида ЦВС-2 [1]. Однако в экспериментах по экспрессии гибридной конструкции было обнаружено накопление изолированного модуля SVM9-2 наряду с полноразмерным продуктом, что свидетельствует о наличии сайта протеолиза в области соединения доменов либо о преждевременной терминации трансляции. Поэтому целью данной работы было выявление возможности модификации созданной конструкции для предотвращения образования неполноценного продукта с сохранением антигенных детерминант белка капсида ЦВС-2.

Для выполнения работы были сконструированы 7 праймеров (ОДО «Праймтех»), позволяющих при определенном попарном сочетании амплифицировать отдельные фрагменты целлюлоз-связывающего домена SVM9-2 и белка капсида ЦВС-2 в разной степени укороченные со стороны предполагаемого сайта протеолиза. Полученные ампликоны (термостабильная полимераза Pfu, ThermoFisherScientificInc.) лигировались по сайту рестрикции KpnI (лигаза и рестриктаза ThermoFisherScientificInc.), навеска для которого была предусмотрена в праймерах. Со стороны SVM9-2 был полностью удален сайт TEV-протеазы и пролин-треониновый линкер (PT)₅P (полученные конструкции названы pPT3 и pCT3), со стороны белка капсида были удалены 12, 19 и 31 N-концевые аминокислоты (включая 2 аминокислоты I-иммунореактивного домена [2]), присутствовавшие в исходной конструкции pET-SVM9-TR (полученные конструкции названы pCT3.1-pCT3.3, и pPT3.1-pPT3.3, нумерация возрастает по мере укорочения). Все полученные вектора были сконструированы на основе вектора экспрессии pET-24b(+) и