

МИНИСТЕРСТВО ОБРАЗОВАНИЯ РЕСПУБЛИКИ БЕЛАРУСЬ
БЕЛОРУССКИЙ ГОСУДАРСТВЕННЫЙ УНИВЕРСИТЕТ
БИОЛОГИЧЕСКИЙ ФАКУЛЬТЕТ
Кафедра генетики

ОСИПИК
Карина Андреевны

**СТРУКТУРНЫЙ И ФУНКЦИОНАЛЬНЫЙ АНАЛИЗ ДАГФ-СИНТАЗЫ
ТИПА БАКТЕРИЙ *PSEUDOMONAS CHLORORAPHIS* SUBSP.
*AURANTIACA***

Аннотация к дипломной работе

Научный руководитель:
кандидат биологических наук,
доцент Е.Г. Веремеенко

Минск, 2022

РЕФЕРАТ

Дипломная работа: 79 с., 24 рисунка, 11 табл., 107 источников.

Ключевые слова: 3-дезокси-D-арабино-гептулозонат-7-фосфат-синтаза, феназины, ароматические аминокислоты, моделирование по гомологии, молекулярный докинг, *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Объекты исследования: гены ДАГФ-синтаз I типа бактерий *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Цель: структурный и функциональный анализ ДАГФ-синтаз I типа бактерий *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca*

Методы исследования: микробиологические (культивирование микроорганизмов, трансформация, конъюгация), молекулярно-генетические (выделение ДНК, электрофоретический анализ, полимеразная цепная реакция, рестрикция и лигирование фрагментов ДНК, экстракция ароматических аминокислот и феназиновых соединений), биоинформационные (моделирование трехмерных структур белков по гомологии, молекулярный докинг).

Бактерии *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* характеризуется наличием 4 генов, продукты которых принадлежат семейству ферментов 3-дезокси-D-арабино-гептулозонат-7-фосфат синтаз (катализируют первую реакцию шикиматного пути, активность регулируется посредством ретроингибирования), два из которых относятся к ДАГФ-синтазам I типа, два – к ДАГФ-синтазам II типа. В данной работе проводилось исследование двух изоформ, относящихся к ДАГФ-синтазам I типа.

Согласно полученным результатам, L-тироzin – является наиболее предпочтительным регулятором ДАГФс I_a_2, а ингибиторами ДАГФс I_a_1 выступают две молекулы – L-тироzin и L-фенилаланин.

В дополнение, созданная генетическая конструкция для нокаута гена ДАГФс I_a_2 была успешно применена для нокаута. Было проведено сравнение уровней продукции феназинов и трех ароматических аминокислот у штамма дикого типа B-162 и полученного мутанта с инактивированной ДАГФ-синтазой I_a_2. На основании полученных результатов был сделан вывод, что инактивированная ДАГФ-синтаза I типа (ДАГФс I_a_2) ответственна за регуляцию синтеза фенилаланина и тирозина из предшественников, а оставшаяся активной ДАГФ-синтаза I типа (ДАГФс I_a_1) способствует перенаправлению шикиматного пути на преимущественный синтез ряда вторичных метаболитов и триптофана.

РЭФЕРАТ

Дыпломная работа: 79 с., 24 мал., 11 табл., 107 крыніц.

Ключавыя слова: 3-дэзаксі-D-арабіна-гептулазанат-7-фасфат-сінтаза, феназіны, араматычныя амінакіслоты, мадэляванне па гамалогіі, малекулярны докінг, *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Аб'екты даследавання: гены ДАГФ-сінтаз I тыпу бактэрый *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Мэта: структурны і функцыянальны аналіз ДАГФ-сінтаз I тыпу бактэрый *P.chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Метады даследавання: мікрабіялагічныя (культываванне мікраарганізмаў, трансфармацыя, кан'югацыя), малекулярна-генетычныя (вылучэнне ДНК, электрафарэтычны аналіз, палімеразнай ланцуговая рэакцыя, рэстрэкцыя і лігіравання фрагментаў ДНК, экстракцыя араматычных амінакіслот і феназінавых злучэнняў), біянфарматычныя малекулярны докінг).

Бактэрый *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* характарызуецца наяўнасцю 4 генаў, прадукты якіх належаць сямейству ферментаў 3-дезокси-D-арабіна-гептулазанат-7-фасфат сінтаз (каталізуе першую рэакцыю шыкіматнага шляху, актыўнасць рэгулюеца з дапамогай рэтрайнгібіравання), два з якіх ставяцца да ДАГФ-сінтаз I тыпу, – да ДАГФ-сінтаз II тыпу. У дадзенай працы праводзілася даследаванне двух ізаформ, якія адносяцца да ДАГФ-сінтаз I тыпу.

Паводле атрыманых вынікаў, L-тыразін – з'яўляеца найбольш пераважным рэгулятарам ДАГФс *I_a_2*, а інгібітарамі ДАГФс *I_a_1* выступаюць дзве малекулы – L-тыразін і L-фенілаланін.

У дадатак, створаная генетычная канструкцыя для накаўту гена ДАГФс *I_a_2* была паспяхова прыменена для накаўту. Было праведзена парашунанне ўзоруяў прадукцыі феназінаў і трох араматычных амінакіслот у штаму дзікага тыпу B-162 і атрыманага мутанта з інактываванай ДАГФ-сінтазай *I_a_2*. На падставе атрыманых вынікаў была зроблена выснова, што інактывіраваная ДАГФ-сінтаза I тыпу (ДАГФс *I_a_2*) адказная за рэгуляцыю сінтэзу фенілаланіну і тыразіну з папярэднікаў, а астатняя актыўнай ДАГФ-сінтаза I тыпу (ДАГФс *I_a_1*) спрыяе перанакіраванню перавагі сінтэзу метабалітаў і трывптафану.

ABSTRACT

Diploma thesis: 79 pages, 24 figures, 11 tables, 107 sources.

Keywords: 3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase, phenazines, aromatic amino acids, homology modeling, molecular docking, *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Objects of study: DAHP-synthase genes of type I bacteria *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Objective: Structural and functional analysis of type I DAHP-synthases in bacteria *P. chlororaphis* subsp. *aurantiaca*.

Research methods: microbiological (cultivation of microorganisms, transformation, conjugation), molecular genetic (DNA extraction, electrophoretic analysis, polymerase chain reaction, restriction and ligation of DNA fragments, extraction of aromatic amino acids and phenazine compounds), bioinformatics (modeling of three-dimensional protein structures by homology, molecular docking).

The bacteria *Pseudomonas chlororaphis* subsp. *aurantiaca* is characterized by the presence of 4 genes, the products of which belong to the 3-deoxy-D-arabino-heptulosonate-7-phosphate synthase family of enzymes (catalyze the first reaction of the shikimate pathway, activity is regulated by retroinhibition), two of which belong to type I DAHP-synthases, two – to type II DAHP-synthases. In this work, two isoforms related to type I DAHP-synthases were studied.

According to the results obtained, L-tyrosine is the most preferred regulator of DAHPs I_a_2, and two molecules act as inhibitors of DAHPs I_a_1 – L-tyrosine and L-phenylalanine.

In addition, the generated genetic construct for knockout of the DAHPs I_a_2 gene was successfully applied for knockout. The production levels of phenazines and three aromatic amino acids in the wild-type B-162 strain and the resulting mutant with inactivated DAHP-synthase I_a_2 were compared. Based on the obtained results, it was concluded that the inactivated type I DAHP-synthase (DAHPs I_a_2) is responsible for the regulation of the synthesis of phenylalanine and tyrosine from precursors, and the remaining active type I DAHP-synthase (DAHPs I_a_1) contributes to the redirection of the shikimate pathway to the predominant synthesis of a number of secondary metabolites and tryptophan.