

МИНОБРНАУКИ РОССИИ

Федеральное государственное бюджетное учреждение науки
Институт белка Российской академии наук

Программа подготовки научно-педагогических кадров в аспирантуре
06.06.01 Биологические науки
Направленность (профиль) – Молекулярная биология

Фандо Мария Сергеевна

ИЗУЧЕНИЕ SmAP БЕЛКОВ ГАЛОФИЛЬНЫХ АРХЕЙ

Аннотация научно-квалификационной работы

Научный руководитель:
д.х.н. Никулин А.Д.



Выпускник:
Фандо М.С.



Пушино
2020

Белки семейства Lsm (Like Sm) найдены у представителей всех трёх доменов жизни; они выполняют важную функциональную роль в процессах, связанных с метаболизмом РНК в клетках. Характерным признаком этих белков является пространственная структура из пяти-тяжевого β -листа с N-концевой α -спиралью. Тяжи $\beta 1$, $\beta 2$ и $\beta 3$ выделяют в мотив Sm1, а тяжи $\beta 4$ и $\beta 5$ – в мотив Sm2. Эти мотивы соединены петлей L4, длина которой варьируется в Lsm белках из разных организмов. Для бактериальных белков этого семейства характерна минимальная длина петли, а для архейных и эукариотических составляет, как правило, 10-15 остатков.

Объектами нашей работы стали Lsm белки из галофильных архей *Halobacterium salinarum* (HsaSmAP) и *Haloferax volcanii* (HvoSmAP). Цель работы заключалась в определении возможной функции исследуемых SmAP белков в клетках. Их последовательности имеют высокую степень гомологии между собой (85% идентичных остатков), а основное различие заключается в разной длине петли L4: в белке HsaSmAP она имеет длину в два аминокислотных остатка, а в HvoSmAP - 18. Таким образом, эта пара белков предоставляет интересную возможность для исследования влияния длины петли L4 на структуру и РНК-связывающие свойства архейных Lsm белков SmAP.

Нами были собраны дифракционные данные с кристаллов белка SmAP из *H. salinarum* на синхротроне ESRF (Гренобль, Франция) и протестированы кристаллы SmAP из *H. volcanii* на синхротроне Diamond Light Source (Оксфордшир, Великобритания). Структура белка SmAP из *H. salinarum* определена методом молекулярного замещения. Она практически идентична структурам гомологичных гептамерных архейных белков с протяженными петлями L4, что показывает отсутствие прямой зависимости четвертичной структуры Lsm белков от длины петли L4.

Измерение равновесных констант диссоциации методом поверхностного резонанса плазмонов белка HsaSmAP к РНК показало, что белок имеет высокое сродство к олиго(У) РНК, близкое по величине к

аналогичным комплексам бактериальных белков Hfq и архейных SmAP. С олиго(А) РНК белок HsaSmAP практически не связывается, аналогично архейным SmAP гомологам. Это показывает, что отсутствие длинной петли L4 не влияет на РНК-связывающие свойства SmAP белков.

Получены протеомные карты клеток *H. volcanii* дикого типа и мутантных по гену белка SmAP. Сравнение этих карт методом разностного двумерного гель-электрофореза показало существенное изменение продукции 6 белков в клетках при делеции гена белка HvoSmAP. В настоящее время проводится идентификация этих белков методом масс-спектрометрии.

Материалы работы опубликованы в статье журнала *Biochimie*; готовится к публикации еще одна статья. Структура белка SmAP белка из *H. salinarum* депонирована в банк данных PDB с ID 6TFL.