

Структурно-функциональный анализ ТБГ1 белка гордеивируса, образующего транспортную форму вирусного генома¹

Макаров В.А.²

студент-дипломник

Рыбакова Е.Н.

аспирант

Московский Государственный Университет им. М.В. Ломоносова, Москва, Россия

E-mail: bugenina1985@mail.ru

Введение

Распространение вирусной инфекции в растениях для вирусов некоторых таксономических групп происходит в виде невирионного комплекса геномной РНК и транспортных белков вируса (вирусного рибонуклеопротеида, ВРНП). Известно, что ТБГ1 белок, кодируемый первым геном тройного блока транспортных генов (ТБГ) гордеивирусов, является основным белком, формирующим транспортный ВРНП. Ранее в нашей лаборатории было показано, что N-концевая половина ТБГ1 белка гордеивируса полулатентного вируса мятлика (ПЛВМ) отвечает за некооперативное связывание с РНК *in vitro* и дальний транспорт вируса по проводящей системе растения *in vivo*, тогда как С-концевая половина обладает *in vitro* РНК-связывающей, НТФазной и РНК-хеликазной активностями. Компьютерный и стереохимический анализ последовательности ТБГ1 белка ПЛВМ выявил в его составе три структурных домена: N-концевой неструктурированный домен 1, центральный домен 2 с преимущественно β -структурой и С-концевой хеликазный домен 3 с α/β -структурой. Биохимический анализ показал, что каждый из доменов способен взаимодействовать с РНК. Изучение структурной организации ВРНП и функциональной роли отдельных доменов ТБГ1 белка представляет значительный интерес для понимания процесса транспорта макромолекулярных комплексов в растениях.

Методы

В исследовании использованы стандартные компьютерные программы для предсказания вторичной структуры и выявления гомологии в ТБГ1 белках, метод инфракрасной спектроскопии для анализа вторичной структуры доменов, а также ультрацентрифугирование в градиентах сахарозы и трансляция РНК в бесклеточной системе из зародышей пшеницы для оценки функциональной роли доменов.

Результаты

Сравнение последовательностей ТБГ1 белков вирусов с ТБГ гордеивирусного типа выявило сходство в их доменной организации. Использование инфракрасной спектроскопии подтвердило значительное содержание β -структур в составе домена 2 ТБГ1 белков двух гордеивирусов - ПЛВМ и вируса штриховатой мозаики ячменя. Выявленная структурная организация ТБГ1 белка ПЛВМ сходна с организацией некоторых клеточных РНК-связывающих белков, участвующих в биогенезе мРНК, а именно, в маскировании мРНК и последующем ремоделировании мРНП: комбинация двух типов РНК-связывающих модулей в сочетании с доменом с активностью РНК-хеликазы. Полноразмерный ТБГ1 белок ПЛВМ является эффективным ингибитором трансляция вирусной РНК *in vitro*. N-концевая половина (домены 1 и 2), домен 1 и домен 3 также ингибируют трансляцию, но менее эффективно. Домены 2 и 3, но не домен 1, способны к олигомеризации. Изменение характера седиментации при совместном анализе двух доменов, взятых в различных сочетаниях, указывает на существование междоменных взаимодействий.

Тезисы доклады основаны на материалах исследований, проведенных в рамках гранта РФФИ

² Автор выражает признательность д.б.н. Калининной Н.О. и профессору, д.б.н. Морозову С.Ю. за помощь в подготовке тезисов