

Число структурных S1 доменов в семействе рибосомных белков S1 как признак для систематики бактериальных отделов**Научный руководитель – Галзитская Оксана Валериановна***Гришин С.Ю.¹, Дерюшева Е.И.², Мачулин А.В.³*

1 - Институт белка РАН, Пущино, Россия, *E-mail: syugrishin@gmail.com*; 2 - Институт биологического приборостроения с опытным производством РАН, Пущино, Россия, *E-mail: janed1986@ya.ru*; 3 - Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пущино, Россия, *E-mail: and.machul@gmail.com*

Исследование распределения рибосомных белков среди различных таксономических групп живых организмов и выявления специфических признаков между ними и внутри каждой группы актуально для понимания эволюции белковых компонент рибосомы [5]. Семейство рибосомных белков S1 является уникальным белковым семейством, поскольку число структурных доменов в нем изменяется в строго ограниченном диапазоне: от одного до шести [2]. S1 белки связываются с мРНК, вовлечены в процессы инициации и трансляции *in vivo*, а также взаимодействуют с мРНК-подобной частью молекулы тмРНК [4].

Реализация алгоритма автоматического поиска и извлечения данных о доступных записях белка S1 в базе UniProt позволила сформировать выборку, содержащую 1453 белковых последовательностей. Анализ выборки показал, что рибосомный белок S1 идентифицируется в 25 бактериальных отделах. Кроме того, существует корреляция между числом структурных доменов и таксономическим бактериальным отделом. Например, 62% всех записей определяются как шестидоменные белки S1, и, в основном, относятся к отделу Proteobacteria. Четырехдоменные белки S1 преобладают в отделах Firmicutes и Actinobacteria. Записи, относящиеся к этим отделам, составляют 33% от всей исследуемой выборки. Наименее представленные двухдоменные S1 белки (0,6%). Таким образом, число структурных доменов в рибосомных белках S1 можно рассматривать как дополнительный уникальный признак для систематики бактериальных отделов. Отметим, что полученные результаты отличаются от данных, полученных на небольших выборках белков данного семейства [3], и должны рассматриваться как более точные. Дальнейшее исследование полученных данных позволит найти подтверждение одной из предложенных теорий эволюционного развития белков со структурными повторами: от многодоменных белков к однодоменным или обратно [1].

Работа поддержана грантом РФФ № 18-14-00321.

Примечание: Мы благодарны нашему руководителю д.ф.-м.н. Галзитской О.В.

Источники и литература

- 1) Andrade, M.A.; Perez-Iratxeta, C.; Ponting, C. P. Protein Repeats: Structures, Functions, and Evolution // *Journal of Structural Biology*. 2001, №134(2–3). p. 117–131.
- 2) Deryusheva, E.I.; Machulin, A.V.; Selivanova, O.M.; Galzitskaya, O.V. Taxonomic Distribution, Repeats, and Functions of the S1 Domain-Containing Proteins as Members of the OB-Fold Family // *Proteins*. 2017, №85(4). p. 602–613.
- 3) Salah, P.; Bisaglia, M.; Aliprandi, P.; Uzan, M.; Sizun, C.; Bontems, F. Probing the Relationship between Gram-Negative and Gram-Positive S1 Proteins by Sequence Analysis // *Nucleic Acids Research*. 2009, №37(16). p. 5578–5588.
- 4) Sørensen, M.A.; Fricke, J.; Pedersen, S. Ribosomal Protein S1 Is Required for Translation of Most, If Not All, Natural MRNAs in Escherichia Coli in Vivo // *Journal of Molecular Biology*. 1998, №280(4). p. 561–569.

- 5) Yutin, N.; Puigbò, P.; Koonin, E.V; Wolf, Y.I. Phylogenomics of Prokaryotic Ribosomal Proteins // PLOS One. 2012, №7(5), e36972: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0036972>.