

Структура шаперонина бактериофага AR9 *Bacillus subtilis* по данным криоэлектронной микроскопии

Научный руководитель – Соколова Ольга Сергеевна

Маслова Екатерина Сергеевна

Студент (магистр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия
E-mail: ekatherine.ms@gmail.com

Шаперонины - это семейство молекулярных шаперонов Hsp60 (белков теплового шока 60), представляющих макромолекулярные комплексы массой характерной структурой из двух колец, каждое из которых состоит из 7-9 субъединиц, дифференцируемых на три домена: апикальный, промежуточный и экваториальный. На данный момент шаперонины разделены на две эволюционно различные группы [1]. Для вирусов они были предсказаны в результате анализа геномных последовательностей для бактериофагов EL *Pseudomonas aeruginosa*, ОВР *Pseudomonas fluorescens* и AR9 *Bacillus Subtilis* [2]-[4].

Целью данной работы является получение структуры и изучение функциональных состояний рекомбинантного шаперонина бактериального фага AR9 *B. subtilis* при помощи криоэлектронной микроскопии. На начальном этапе исследования шаперонина был выделен и очищен белок gp228 в свободном состоянии, получены электронные микрографии с использованием криоэлектронного микроскопа Titan Krios (Thermo Fisher Scientific) и обработаны в программе RELION [5]. Итоговые модели шаперонина имеют C1 и C7 симметрию и разрешение 4,5 Å и 4,0 Å соответственно. Шаперонин бактериофага также AR9 имеет строение, сходное с шаперонином GroEL и обладает слабо выраженной конформационной гетерогенностью в несвязанном с нуклеотидами состоянии. Подвижность апикальных доменов была исследована для отдельной субъединицы и было обнаружено как минимум 4 различных конформационных состояния. Полученные данные классификации свидетельствуют о непрерывном переходе подвижных доменов субъединиц между этими конформациями.

Автор благодарит проф. Курочкину Лидию Петровну (НИИ Физикохимической биологии им. А.Н.Белозерского, Москва, Россия) за предоставление образца шаперонина, Пичкур Евгения Борисовича (НИЦ "Курчатовский институт", Москва, Россия) за сбор и помощь в обработке данных и Моисеенко Андрея Владимировича (МГУ имени М.В. Ломоносова, Биологический факультет, Москва, Россия) также за помощь в обработке данных.

Источники и литература

- 1) Dekker, C., Willison, K. R. & Taylor, W. R. On the evolutionary origin of the chaperonins. *Proteins Struct. Funct. Bioinforma.* 79, (2011).
- 2) Hertveldt, K. et al. Genome Comparison of *Pseudomonas aeruginosa* Large Phages. *J. Mol. Biol.* 354, 536–545 (2005).
- 3) Kurochkina, L. P. et al. Expression and Functional Characterization of the First Bacteriophage-Encoded Chaperonin. *J. Virol.* 86, (2012).
- 4) Semenyuk, P. I., Orlov, V. N., Sokolova, O. S. & Kurochkina, L. P. New GroEL-like chaperonin of bacteriophage ОВР *Pseudomonas fluorescens* suppresses thermal protein aggregation in an ATP-dependent manner. *Biochem. J.* 473, 2383–2393 (2016).

- 5) Zivanov, J. et al. New tools for automated high-resolution cryo-EM structure determination in RELION-3. *Elife* 7, (2018).