

СТРУКТУРНЫЕ ОСОБЕННОСТИ N-КОНЦЕВОГО ДОМЕНА ФАКТОРА ЭЛОНГАЦИИ ТРАНСЛЯЦИИ eEF1B β

*Бондарчук Т. В.¹, Шалак В. Ф.¹, Ложко Д. М.¹, Фатальска А.²,
Щепановский Р. Г.³, Капустян Л. М.¹*

¹Институт молекулярной биологии и генетики НАН Украины, г. Киев, Украина

²Институт молекулярной и клеточной биологии ПАН, г. Варшава, Польша

³Институт биохимии и биофизики ПАН, г. Варшава, Польша

t.v.trosiuk@gmail.com

Фактор элонгации трансляции eEF1B β – это характерный для многоклеточных организмов белок, который входит в состав макромолекулярного комплекса eEF1B. Его функцией является обмен гуанинового нуклеотида и, соответственно, восстановление активной ГТФ-формы фактора элонгации трансляции 1A (eEF1A), который в свою очередь связывает и доставляет аминокислотированную т-РНК к А сайту рибосомы. Структура каталитического С-концевого домена eEF1B β была определена с помощью ЯМР. Однако структура N-концевого домена, который вовлечен в белок-белковые взаимодействия с партнерами в комплексе eEF1B, остаётся неизвестной.

Целью нашего исследования было изучение структурных особенностей и построение пространственной модели N-концевого домена eEF1B β .

N-концевой домен eEF1B β , включающий аминокислоты 1-77 (eEF1B β (1-77)), был синтезирован в бактериях, очищен с помощью аффинной хроматографии и гель-фильтрации. Полученный белок был охарактеризован при помощи гель-электрофореза в денатурирующих условиях, аналитической гель-фильтрации и аналитического ультрацентрифугирования. Для получения информации о вторичной структуре белка использовали метод кругового дихроизма. Для оценки компактности третичной структуры eEF1B β (1-77) был проведен масс-спектрометрический анализ кинетики водородно-дейтериевого обмена. Моделирование 3D структуры eEF1B β (1-77) было проведено с помощью программы I-TASSER и ModRefiner. На основании экспериментальных данных и компьютерного моделирования мы сделали вывод, что eEF1B β (1-77) имеет динамичную пространственную структуру, состоящую из трёх α -спиральных и двух неупорядоченных участков. Таким образом, N-концевой домен eEF1B β обладает лабильной пространственной организацией, которая может обеспечивать универсальное взаимодействие с многосисленными трансляционными и нетрансляционными партнерами этого белка в клетке.