АНАЛИЗ ВТОРИЧНЫХ СТРУКТУР БЕЛКОВ Т-КОМПЛЕКСА С ПОМОЩЬЮ РАЗЛИЧНЫХ ПРОГРАММ

Чумаков М.И.
Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов РАН, г.Саратов

Чумаков М.И.
Институт биохимии и физиологии растений и микроорганизмов РАН

Агробактерии способны внедрять фрагмент плазмидной ДНК (Т-ДНК) в растительную и животную клетки, формируя для переноса ДНК-белковый Т-комплекс (Т-ДНК-VirE2-VirD2). Белок вирулентности VirE2 Т-комплекса обладает рядом свойств, способствующих переносу Т-ДНК из агробактериальной в растительную клетку: присоединяться к однонитчатой Т-ДНК, защищать ее от растительных эндонуклеаз, формировать поры в плоской мембране, через которые способны переноситься полипептиды (Hohn et al., 2001, Chumakov, Volohina, 2005). Второй белок Т-комплекса VirD2 обладает свойством рестриктазы, пилотирующего белка, имеет в своем составе сигнальные последовательности для узнавания ядерной поры. В настоящее время вторичная структура белков VirE2 и VirD2 неизвестна. Мы предприняли анализ белков VirD2 и VirE2 с целью предсказания элементов вторичной структуры с помощью различных компьютерных программ.

Анализировались первичные аминокислотные последовательности (АКП) белков VirD2 (№P18592, Swiss-Prot) и VirE2 (№P08062, Swiss-Prot) с помощью программ: 1) PROFsec (http://www.embl-heidelberg.de/predictprotein/), PROFking (http://www.aber.ac.uk); 2) TMpred (http://www.ch.embnet.org); 3) NORSp (http://cubic.bioc.columbia.edu/). В качестве белка сравнения с известной трехмерной структурой в PROFsec использовалась АКП белка-агглютинина вируса инфлуэнции (№P03437, Swiss-Prot).

С помощью программы TMpred для VirE2 не было предсказано α-спиралей при параметрах минимальной и максимальной длины спирали 14 и 41. Для VirD2 предсказано две возможных α-спирали (в двух возможных ориентациях) на одном и том же отрезке цепи (при параметрах минимальной и максимальной длины спирали 17 и 33) соответственно. На участке 81-100 для белка VirD2 возможно существование α-спирали длиной 17 п.н. с ориентацией изнутри наружу. С помощью программ PROFsec не найдено трансмембранных α-спиралей в VirD2 и VirE2, однако найдены участки, не имеющие регулярной вторичной структуры: для VirD2 – 362-432, для VirE2 – 1-91. Таким образом, VirE2 не имеет в своей структуре трансмембранных спиралей подобных спиралям из базы данных TMbase. Можно предположить, что VirE2 или не встраивается в мембрану или встраивается, но способом, отличающимся от встраивания мембранных α-спиральных белков с известной на сегодняшний день структурой.