

Структурные исследования связывающего рибосому фактора А (RbfA) патогенной бактерии *Staphylococcus aureus* методами спектроскопии ядерного магнитного резонанса высокого разрешения

Нуруллина Л.И.¹, Бикмуллин А.Г.¹, Валидов Ш.З.¹, Гараева Н.С.¹, Усачев К.С.¹, Юсупов М.М.^{1, 2}

¹ *Казанский (Приволжский) федеральный университет, Казань, Россия*

² *Institut de Génétique et de Biologie Moléculaire et Cellulaire, Université de Strasbourg, Illkirch, France*

lilia.nurullina@mail.ru

На протяжении всего жизненного цикла микроорганизмы реагируют на стресс, вызванный изменениями условий внешней среды. RbfA (связывающий рибосому фактор А) - это адаптивный белок холодового шока, обеспечивающий клеточный рост бактерий при низких температурах.[1] RbfA имеет сродство к свободным 30S рибосомным субъединицам, но не к 70S рибосомам или полисомам. Может взаимодействовать с 5'-концевой спиралью (спираль I) 16S рРНК, участвующей в декодировании мРНК и связывании тРНК. RbfA, по-видимому, важен для эффективной обработки 16S рРНК и для созревания (сборки) 30S рибосомных субъединиц. [2]

Белки семейства RbfA представлены в протеомах большинства археобактерий и организмов эубактерий, а также в митохондриях и хлоропластах высших организмов [3] Они могут в разной степени различаться по аминокислотному составу, однако имеют единый механизм действия: белок связывается с малой субъединицей в области головки и шеи и изменяет центр декодирования, способствуя созреванию субъединицы, благодаря чему она сможет связаться с мРНК и начать синтез белка.

Объектом наших исследований стал связывающий рибосому фактор А патогенного микроорганизма *S. aureus*. В данной работе нами были найдены и оптимизированы подходящие условия экспрессии на минимальной среде M9, меченного по изотопам ¹³C, ¹⁵N белка RbfA для исследования методом спектроскопии ЯМР. Выполнены многомерные эксперименты по спектроскопии ЯМР и проведено отнесение сигналов ядер ¹H, ¹³C и ¹⁵N основной и боковых цепей белка. На основе экспериментальных данных о химических сдвигах были рассчитаны значения двугранных углов основной цепи. На основе индексов химического сдвига определено положение элементов со вторичной структурой, показано, что топология белка RbfA в растворе представлена в виде: α1-β1-β2-α2-α3-β3- α4 структуры. Полученные на основе ЯМР эксперимента данные позволили нам рассчитать в программе ARIA трехмерную структуру белка RbfA.

Работа поддержана грантом РФФИ № 18-34-00375.