

## Структурно функциональная характеристика семейства рибосомных белков S1

Научный руководитель – Галзитская Оксана Валериановна

Гришин С.Ю.<sup>1</sup>, Мачулин А.В.<sup>2</sup>, Дерюшева Е.И.<sup>3</sup>, Курпе С.Р.<sup>4</sup>, Глякина А.В.<sup>5</sup>, Матюнин М.А.<sup>6</sup>

1 - Институт белка РАН, Пущино, Россия, *E-mail: syugrishin@gmail.com*; 2 - Институт биохимии и физиологии микроорганизмов им. Г.К. Скрыбина РАН, Пущино, Россия, *E-mail: and.machul@gmail.com*; 3 - Институт биологического приборостроения с опытным производством РАН, Пущино, Россия, *E-mail: janed1986@ya.ru*; 4 - Петрозаводский государственный университет, Эколого-биологический факультет, Петрозаводск, Россия, *E-mail: st.kurpe@gmail.com*; 5 - Институт белка РАН, Пущино, Россия, *E-mail: quark777a@gmail.com*; 6 - Самарский национальный исследовательский университет имени академика С.П. Королева, Естественнонаучный институт, Самара, Россия, *E-mail: krabovm@gmail.com*

Многодоменный бактериальный белок S1 является самым большим и функционально важным белком 30S субъединицы рибосомы, взаимодействующим как с мРНК, так и с белками. Отличительной особенностью этого семейства является наличие множества структурных повторов S1 доменов у бактерий, количество которых изменяется в строго ограниченном диапазоне: от одного до шести [3]. Исследование 1453 последовательностей S1 белков (UniProt) показало, что число таких доменов можно рассматривать как отличительную особенность для филогенетической классификации бактерий по основным таксономическим отделам [5], а также позволило выявить структурные особенности отдельных S1 доменов необходимых для функциональной активности белков семейства [2, 4, 5]. Так, более стабильная и компактная центральная часть в мультидоменных белках важна для взаимодействия с РНК, терминальные домены - для других функций. В то же время, равное соотношение областей, соединяющих вторичную структуру в отдельных доменах и между структурными доменами, указывает на одинаковую организацию мультидоменных S1 белков, а также положение и соотношение вторичной структуры в отдельных доменах [4]. Кроме того, исследование склонности к формированию ассоциатов полноразмерного рибосомного белка S1 из *Thermus thermophilus*, а также его стабильного фрагмента, показало, что разупорядоченные области на N- и C-концах белка могут играть ключевую роль в его агрегации [1]. При этом, полученные результаты могут стать основой для актуальной задачи поиска и подбора условий кристаллизации полноразмерных многодоменных S1 белков, структур которых на сегодняшний день не существует. Работа поддержана грантом РФФ № 18-14-00321.

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

### Источники и литература

- 1) Гришин С.Ю., Джус У.Ф., Селиванова О.М., Балобанов В.А., Сурин А.К., Галзитская О.В. Сравнительный анализ агрегации рибосомного белка bS1 и его стабильного фрагмента *Thermus thermophilus* // Биохимия. 2020, №85(3). С. 399-411.
- 2) Deryusheva E.I., Machulin A.V., Matyunin M.A., Galzitskaya O.V. Investigation of the relationship between the S1 domain and its molecular functions derived from studies of the tertiary structure // *Molecules*. 2019, №24(20): 3681.
- 3) 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. Struct. Funct. Bioinforma*. 2017, №85(4). pp. 602–613.

- 4) Machulin A., Deryusheva E., Lobanov M., Galzitskaya O. Repeats in S1 proteins: flexibility and tendency for intrinsic disorder // Int. J. Mol. Sci. 2019, №20(10). 2377.
- 5) Machulin A.V., Deryusheva E.I., Selivanova O.M., Galzitskaya O.V. The number of domains in the ribosomal protein S1 as a hallmark of the phylogenetic grouping of bacteria // PLoS ONE. 2019, №14(8). e0221370.