

Структурная организация stx-конвертирующего фага phi24B

Научный руководитель – Моисеенко Андрей Владимирович

Бубенчиков Матвей Андреевич

Студент (бакалавр)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра биоинженерии, Москва, Россия

E-mail: wardersarsolid@yandex.ru

Бактериофаги, кодирующие шигаподобный токсин (Stx-фаги), ответственны за преобразование патогенных профилей своих бактериальных хозяев. Большинство Stx-фагов являются лямбдоидными бактериофагами. Кишечная палочка, продуцирующая шигаподобный токсин (Shiga toxin-producing *Escherichia coli*, STEC), вызывает тяжелое заболевание - геморрагический колит, который в некоторых случаях осложняется опасным для жизни гемолитико-уремическим синдромом (ГУС), приводящим к длительной нетрудоспособности и смертности пациентов. Хотя глобальная заболеваемость STEC-инфекцией невелика, тяжелое заболевание и смерть происходят у довольно высокой доли инфицированных, 10% и 3-5% соответственно. Бактериофаг vB_EcoP-24B (далее phi24B) хорошо охарактеризован с момента его первоначального выделения после индукции из клинического STEC-изолята *E. coli* O157:H7. [3] Геномы phi24B и родственных фагов секвенированы и аннотированы [2], но до сих пор неизвестны функции многих генов этих вирусов, а также структурная организация вирионов. Описание структуры адсорбционного аппарата фага является важным для понимания механизмов Stx-конверсии, так как адсорбция фага на поверхности клетки является важным этапом инфекции, ведущей к образованию STEC.

С помощью криоэлектронной микроскопии была получена трехмерная карта плотности структуры phi24B с разрешением 4 Å. Сегментация карты позволила нам идентифицировать основные структурные компоненты и отнести их к конкретным генам бактериофага. Модели белков, сгенерированные с помощью Alphafold2 (ColabFold) [1], хорошо коррелируют с экспериментальными данными. На основе полученных данных будут построены атомарные модели структурных модулей вириона бактериофага phi24B.

Источники и литература

- 1) Mirdita, M., Schütze, K., Moriwaki, Y. et al. ColabFold: making protein folding accessible to all // Nat Methods, 2022. No 19. С. 679–682
- 2) Rodríguez-Rubio L, Haarmann N, Schwidder M, Muniesa M, Schmidt H. Bacteriophages of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* and Their Contribution to Pathogenicity // Pathogens, 2021. No 10. С. 404
- 3) Smith, D.L., Rooks, D.J., Fogg, P.C. et al. Comparative genomics of Shiga toxin encoding bacteriophages. // BMC Genomics, 2012. No. 13. С. 311