



# БИООРГАНИЧЕСКАЯ ХИМИЯ

том 12 \* № 2 \* 1986

УДК 577.217.347

## РИБОСОМНЫЙ БЕЛОК S1 В СОСТАВЕ КОМПЛЕКСА 30S РИБОСОМНОЙ СУБЧАСТИЦЫ *E. COLI* С РНК ФАГА MS2 ВЗАИМОДЕЙСТВУЕТ С ВНУТРЕННИМ РАЙОНОМ ГЕНА РЕПЛИКАЗЫ

Бони И. В., Исаева Д. М., Будовский Э. И.

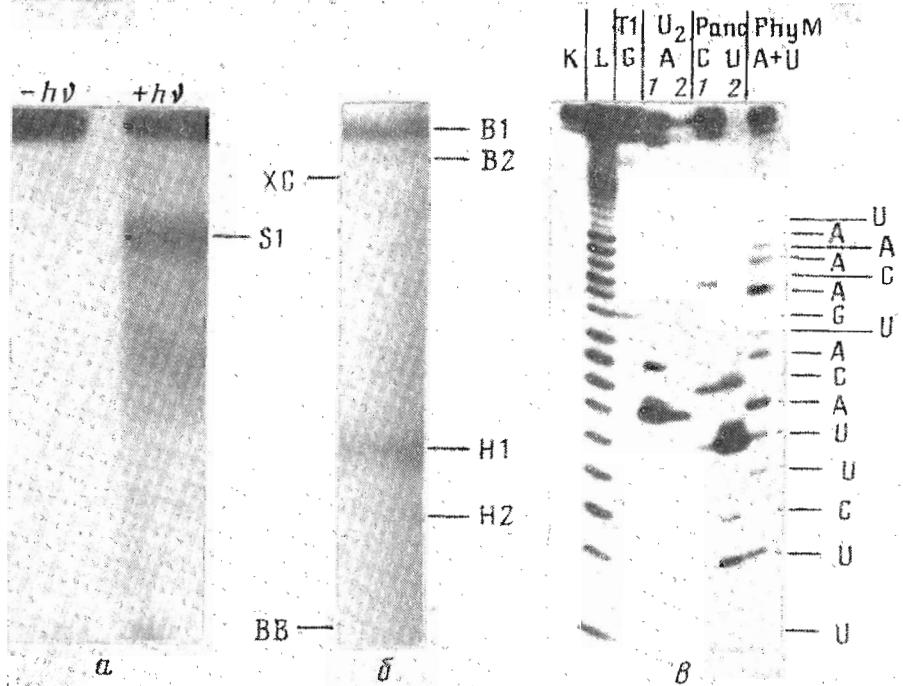
Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина  
Академии наук СССР, Москва

При изучении молекулярных механизмов биосинтеза белка у бактерий в качестве природных матриц используют РНК РНК-содержащих бактериофагов MS2, R17, Q<sub>b</sub> и др. В структуре фаговых РНК закодирована информация не только для синтеза по меньшей мере четырех белков, но и для регуляции уровня экспрессии соответствующих генов, а также координирования процессов трансляции и репликации, матрицей для которых служит одна и та же (+)-цепь РНК (см. [1]). Как *in vivo*, так и *in vitro* белковый синтез начинается с гена белка оболочки бактериофага. Механизм узнавания рибосомой инициаторного кодона только этого гена в пространственной структуре целой молекулы РНК до сих пор до конца не ясен. В серии работ голландских исследователей [2–4] представлены убедительные доказательства того, что 30S субчастица рибосом способна узнать инициаторную область гена белка оболочки даже в отсутствие факторов инициации и инициаторной тРНК. Ключевым белком для такого узнавания является рибосомный белок S1 (см. [5]). Белок S1 входит также в качестве одной из четырех субъединиц в состав репликаз РНК-содержащих бактериофагов [6], поэтому выяснение его роли в трансляции и репликации необходимо для понимания молекулярных механизмов протекания и координирования этих процессов.

Современное представление о роли белка S1 в инициации трансляции сводится к тому, что он непосредственно взаимодействует с мРНК, обеспечивая ее закрепление на рибосоме (см. [5]). Участок РНК, взаимодействующий с белком, неизвестен, а следовательно, неизвестно, как при этом обеспечивается правильная посадка инициаторного кодона в декодирующем сайте рибосомы.

Целью настоящей работы явилось выделение участка РНК фага MS2, связанного с рибосомным белком S1 в комплексе РНК с 30S субчастицей рибосом *E. coli*, и определение его первичной структуры для локализации в цепи фаговой РНК, первичная структура и генетическая карта которой уже полностью известны [4, 7].

Инкубацию 30S субчастиц рибосом с РНК фага MS2 проводили при 37°С в присутствии фактора IF3. В этих условиях образуется функциональный комплекс, способный синтезировать белок оболочки при добавлении недостающих компонентов белоксинтезирующей системы [3]. РНК-белковые взаимодействия в комплексе фиксировали УФ-облучением, индуцирующим образование РНК-белковых сшивок в нуклеопротеинах [8, 9]. Из облученного комплекса методом центрифугирования в градиенте концентрации сахарозы в диссоциирующих условиях выделяли мРНК. Присутствие белка S1, ковалентно связанного с РНК, было обнаружено методом иммуноферментного анализа с использованием специфических антител к белку S1 (антиS1-IgG). Отсутствие перекрестных реакций с другими рибосомными белками было доказано независимыми методами (будет опубликовано отдельно). РНК MS2 из облученного комплекса иммобилизовали на иммуносорбенте (сефарозе Cl-4B с кова-



Выделение и определение первичной структуры фрагмента РНК MS2, взаимодействующего с белком S1 в комплексе 30S·IF3·РНК MS2: а – авторадиограмма 8% ПААГ, содержащего S1-олигонуклеотиды, выделенные из облученного (+hv) комплекса. (-hv) – контроль. Отмечено положение в геле свободного белка S1; б – разделение олигонуклеотидов в 20% ПААГ после гидролиза ковалентно связанного белка S1 протеиназой К. XC и VB – положение маркеров ксиленцианола и бромфенолового голубого; в – определение нуклеотидной последовательности фрагмента B1 (см. б) ферментативным методом. Авторадиограмма структурного 20% ПААГ. К – контроль (минус фермент). L – неспецифический гидролиз.  $T_1(G)$  – гидролиз по гуаниловым остаткам РНКазой  $T_1$  ( $2 \cdot 10^{-3}$  ед. акт.).  $U_2(A)$  – гидролиз по остаткам аденина РНКазой  $U_2$  ( $1 - 0.5$ ;  $2 - 1$  ед. акт.). *Panc* ( $C+U$ ) – гидролиз РНКазой А по пиримидинам ( $1 - 2 \cdot 10^{-4}$ ;  $2 - 10^{-3}$  мкг). *Phy M* ( $A+U$ ) – гидролиз по остаткам аденина и урацила РНКазой *Phy M*. Указаны количества ферментов на реакцию с 2 мкг тРНК-носителя

лентно связанным белком A *Staphylococcus aureus* в комплексе с антиS1-IgG), гидролизовали РНКазой  $T_1$  в присутствии  $Mg^{2+}$  и сорбент отмывали от продуктов гидролиза. В результате на сорбенте удерживались лишь те олигонуклеотидные фрагменты, которые содержали ковалентно связанный белок S1 (S1-олигонуклеотиды). Их метили в иммобилизованном состоянии по 5'-концу с помощью [ $\gamma^{32}P$ ]ATP и T4-полинуклеотидкиназы. Затем проводили элюцию 1% раствором додецилсульфата натрия в 8 М мочевине и электрофорез в 8% ПААГ (рисунок а). Положение полосы радиоактивности соответствовало положению белка S1 в данных условиях фореза. Элюцию S1-олигонуклеотидов из геля проводили одновременно с обработкой протеиназой K (КФ 3.4.21.14). Очистку свободных от белка фрагментов осуществляли электрофорезом в 20% ПААГ (рисунок б). Первичную структуру индивидуальных фрагментов определяли методом ферментативного секвенирования [10] (рисунок в).

Нуклеотидная последовательность основного верхнего фрагмента B1 (рисунок б) однозначно определена как UUUCUUACAUGACASALAUCC·UUGUCAUG и картирована внутри цистрона репликазы между нуклеотидами 2030–2056. Вторичную структуру фрагмента можно представить в виде шпильки с одинитевой областью AUCC на вершине (участки спаривания подчеркнуты), что согласуется с данными выщепления этого участка РНКазой  $T_1$  в присутствии  $Mg^{2+}$  (данная статья), а также с существующими моделями структуры этой области РНК [11]. Минорный

Фрагмент B2 имеет ту же первичную структуру (данные не приведены) и, по-видимому, образуется из B1 в результате частичного расщепления УФ-индуцированной связи между аминокислотным остатком белка S1 и фрагментом РНК. Нижние фрагменты идентичны по 5'-концевой последовательности и принадлежат соседнему участку РНК (2016–2029, будет опубликовано отдельно). Фрагменты из других областей РНК не обнаружены.

Полученные результаты свидетельствуют о том, что при взаимодействии 30S субчастиц рибосом с РНК MS2 в условиях образования функционального предшественника трансляционного комплекса рибосомный белок S1 взаимодействует с внутренним районом репликазного гена, т. е. с областью РНК, удаленной от инициаторного участка гена белка оболочки на расстояние около 700 нуклеотидных остатков. Для того чтобы белок S1 обеспечивал при этом правильную инициацию, эти две области (инициаторная и «далняя») должны быть сближены в третичной структуре РНК. Такая сближенность действительно наблюдается при исследовании организации молекулы РНК MS2 методом электронной микроскопии [11]. Наши результаты согласуются с гипотетической моделью А. Субраманьяна [12], по которой матрица взаимодействует с рибосомой в двух центрах – в декодирующем сайте и по РНК-связывающему домену белка S1, причем расстояние между этими центрами составляет ~70 Å [13].

Известно, что образование комплекса Q<sub>β</sub>-репликазы с Q<sub>β</sub>-РНК также зависит от белка S1, причем репликаза в этом случае выполняет функцию трансляционного репрессора и блокирует синтез белка оболочки [6]. Для этого комплекса было наглядно продемонстрировано связывание одной молекулы репликазы одновременно с двумя участками Q<sub>β</sub>-РНК – перед началом гена белка оболочки и во внутреннем районе гена репликазы [14]. Таким образом, результаты настоящей работы по картированию участка РНК MS2, взаимодействующего с белком S1 в рибосомном комплексе, в совокупности с данными по связыванию Q<sub>β</sub>-репликазы позволяют предположить важную функциональную роль внутреннего района репликазного гена в регуляции трансляции и репликации и его связь с инициаторной областью гена белка оболочки через систему дальних взаимодействий в пространственной структуре фаговых РНК.

## Экспериментальная часть

Комплекс 30S субчастиц рибосом и РНК MS2 получали в присутствии фактора IF3 при 37° С согласно работе [3], облучали при 0° С УФ-светом ( $\lambda$  254 нм, доза облучения 25 квантов на нуклеотид) и РНК MS2 выделяли в 10–30% сахарозном градиенте в диссоциирующих условиях (20 мМ триє-HCl (рН 7,4), 0,15 М LiCl, 10 мМ EDTA, 0,1% додецилсульфат натрия). По 3 ОЕ<sub>260</sub> РНК MS2, выделенной из облученного (+hv) и контрольного (-hv) комплексов, инкубировали с 40 мкл геля А-белок-сефароза CL-4B (Pharmacia), содержащего 250 мкг связанных IgG из анти-сыворотки кролика к белку S1. Инкубацию и последующий гидролиз РНКазой T<sub>1</sub> (5 ед. акт./1 ОЕ<sub>260</sub> РНК) проводили в 20 мМ триє-HCl (рН 7,4), 100 мМ NH<sub>4</sub>Cl, 10 мМ MgCl<sub>2</sub>. После удаления продуктов гидролиза иммуносорбент переводили в буфер для реакции кипирования и иммобилизованные S1-олигонуклеотиды метили в присутствии 100 мкКи [ $\gamma$ -<sup>32</sup>P]ATP и 10 ед. акт. T4-полинуклеотидкиназы (30 мин, 37° С). Меченные S1-олигонуклеотиды элюировали 1% раствором додецилсульфата натрия в 8 М мочевине и наносили на 8% ПААГ, содержащий 0,1% додецилсульфат натрия и 8 М мочевину (рисунок *а*). S1-олигонуклеотиды элюировали из геля в присутствии протеиназы K (5 мг/мл в 0,1% додецилсульфате натрия, 0,3 М NaCl), белок удаляли фенольной экстракцией; фрагменты, переосажденные из спирта, разделяли в 20% ПЛАГ (рисунок *б*). Первичную структуру олигонуклеотидов определяли ферментативным методом [10], используя РНКазы T<sub>1</sub> (P. L. Biochemicals), U<sub>2</sub> (Sankyo), A (P. L. Biochemicals) и Phy M (P. L. Biochemicals, sequen-

се grade). Количество ферментов на одну реакцию указаны в подписи к рисунку 8. Неспецифический гидролиз проводили в 1 М триэтиламине при 55° С в течение 30 и 60 мин, после чего пробы объединяли, упаривали, добавляли маркеры-красители и наносили на гель. Гидролиз РНКазами проводили 30 мин при 55° С.

Авторы искренне благодарят С. В. Кириллова и В. И. Махно за предоставление препаратов 30S рибосомных субчастиц и инициаторного фактора IF3, А. В. Честухина за препарат T4-полинуклеотидкиназы.

## ЛИТЕРАТУРА

1. Kastlein R. A., Remaut E., Fiers W., van Duin J. Nature, 1982, v. 295, № 5844, p. 35–41.
2. Van Dicijen G., Zipori P., van Prooijen W., van Duin J. Eur. J. Biochem., 1978, v. 90, № 3, p. 571–580.
3. Zipori P., Bosch L., Van Dieijken G., van der Hofstad G. A. J. M. Eur. J. Biochem., 1978, v. 92, № 1, p. 225–233.
4. Van Duin J., Overbeek G. P., Backendorf C. Eur. J. Biochem., 1980, v. 110, № 2, p. 593–597.
5. Subramanian A. R. Prog. Nucl. Res. Mol. Biol., 1983, v. 28, p. 101–142.
6. Blumenthal T., Carmichael G. G. Ann. Rev. Biochem., 1979, v. 48, p. 525–548.
7. Fiers W., Contreras R., Duerinck F., Haegeman G., Iserentant D., Merregaert J., Min You W., Moelmans F., Rueyemaekers A., van der Berghe A., Volckaert G., Ysebaert M. Nature, 1976, v. 260, № 5551, p. 500–507.
8. Schimmel P. R., Budzik G. P. Meth. Enzymol., 1977, v. 46, p. 168–180.
9. Budowsky E. I. In: Trends in Photobiology/Eds Helene C., Charlier M., Montenay-Garistier Jh., Yaustrijet G./N. Y.–L.: Plenum Press, 1982, p. 93–108.
10. Donnis-Keller H., Maxam A. M., Gilbert W. Nucl. Acid. Res., 1977, v. 4, № 8, p. 2527–2538.
11. Jacobson A. B., Kumar H., Zuker M. J. Mol. Biol., 1985, v. 181, № 4, p. 517–531.
12. Subramanian A. R. Trends Biochem. Sci., 1984, v. 9, № 11, p. 491–494.
13. Odom O. W., Deng H. Y., Subramanian A. R., Hardesty B. Arch. Biochem. and Biophys., 1984, v. 230, p. 178–193.
14. Vollenweider H. J., Koller Th., Weber H., Weissman C. J. Mol. Biol., 1976, v. 101, № 3, p. 367–377.

Поступило в редакцию  
26.VII.1985

## RIBOSOMAL PROTEIN S1 BINDS TO THE INTERNAL REGION OF THE REPLICASE GENE WITHIN THE COMPLEX OF *E. COLI* 30S RIBOSOMAL SUBUNIT WITH MS2 PHAGE RNA

BONI I. V., ISAEVA D. M., BUDOWSKY E. I.

M. M. Shemyakin Institute of Bioorganic Chemistry, Academy  
of Sciences of the USSR, Moscow

The MS2 RNA fragments bound to ribosomal protein S1 within the complex of MS2 RNA with 30S ribosomal subunit have been isolated using a specially developed procedure and sequenced by the base-specific enzymatic method. The S1-binding site on MS2 RNA was identified as UUUCUUACAUAGACAAUCCUUGCAUG and mapped within the replicase gene at positions 2030–2056. This finding suggests that ribosome-MS2 RNA interaction involves at least two different regions of the phage RNA – the internal region of the replicase gene (S1-binding site) and ribosome-binding site of the coat protein gene. The possible spatial proximity between these two regions is discussed.

Технический редактор Е. С. Кузьмишина

Сдано в набор 20.11.85      Подписано к печати 13.01.86 Т-00207      Формат бумаги 70×108<sup>1/16</sup>  
Высокая печать Усл. печ. л. 12,6      Усл. кр.-отт. 11,7 тыс.      Уч.-изд. л. 13,4      Бум. л. 4,5  
Тираж 908 экз.      Зак. 2099

Ордена Трудового Красного Знамени издательство «Наука»,  
103717 ГСП, Москва, К-62, Подсосенский пер., 21

2-я типография издательства «Наука», 121099, Москва, Шубинский пер., 6