



БИООРГАНИЧЕСКАЯ ХИМИЯ

том 15 * № 1 * 1989

УДК 577.152.277

ЛОКАЛИЗАЦИЯ ОСТАТКА ЛИЗИНА В ОБЛАСТИ СВЯЗЫВАНИЯ ИНИЦИРУЮЩЕГО СУБСТРАТА РНК-ПОЛИМЕРАЗЫ БАКТЕРИОФАГА Т7

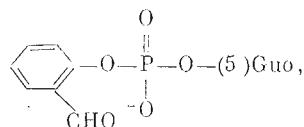
Максимова Т. Г., Мустаев А. А., Зайчиков Е. Ф.,
Баранова Л. В., Кумарев В. Н., Лухтанов Е. А.

Лимнологический институт СО Академии наук СССР, Иркутск

Осуществлено высокоселективное аффинное мечение остатка лизина вблизи активного центра РНК-полимеразы бактериофага Т7. Аффинную метку вводили с помощью *ортого*-формилфенилового эфира GMP и [α -³²P]UTP, используя двухстадийную процедуру. После расщепления белка гидроксиламином аффинная метка была обнаружена во фрагменте Gly⁵⁸⁹—Ala⁸⁸³. Анализ карты расщепления этого фрагмента бромом, бромсукинимидом и бромцианом привел к выводу об аффинном мечении остатка Lys⁶³¹. Оказалось также, что участок вблизи этого остатка лизина имеет высокую степень гомологии с участками РНК-полимераз фагов T3, SP6 и митохондрий дрожжей.

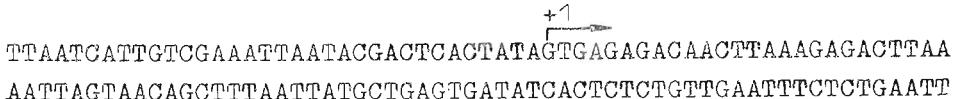
РНК-полимераза бактериофага Т7 представляет собой один из наиболее просто устроенных ферментов транскрипции. В ее состав входит единственная субъединица размером 883 аминокислотных остатка с известной первичной структурой [1, 2]. Для этого фермента пока практически нет данных о топографии активного центра. Ранее нами [3], а затем и другими авторами [4] было осуществлено высокоселективное аффинное мечение активного центра РНК-полимеразы фага Т7 с использованием аналогов пуриновых нуклеотидов. В настоящем сообщении описаны результаты идентификации остатка лизина, подвергающегося аффинному мечению.

В качестве аффинного реагента в данной работе использован *ортого*-формилфениловый эфир



синтезированный как описано в работе [5]. Преимущество этого реагента по сравнению с использованными в работах [3, 4] состоит в том, что его альдегидная группа находится очень близко от фосфатного остатка и поэтому способна образовывать основание Шиффа с остатком лизина, непосредственно вовлеченным в связывание α -фосфата инициирующего субстрата. Мечение проводили согласно двухстадийной схеме [6], обеспечивающей высокоселективное введение радиоактивной аффинной метки в область активного центра РНК-полимеразы.

В качестве матрицы использовали химически синтезированный (как описано в работе [7]) фрагмент двухспиральной ДНК длиной 60 п. о., содержащий каноническую последовательность промоторов класса III фага Т7, но имеющий замену $\begin{pmatrix} \text{G} \\ \text{C} \end{pmatrix} \rightarrow \begin{pmatrix} \text{T} \\ \text{A} \end{pmatrix}$ в положении +2 относительно точки инициации:



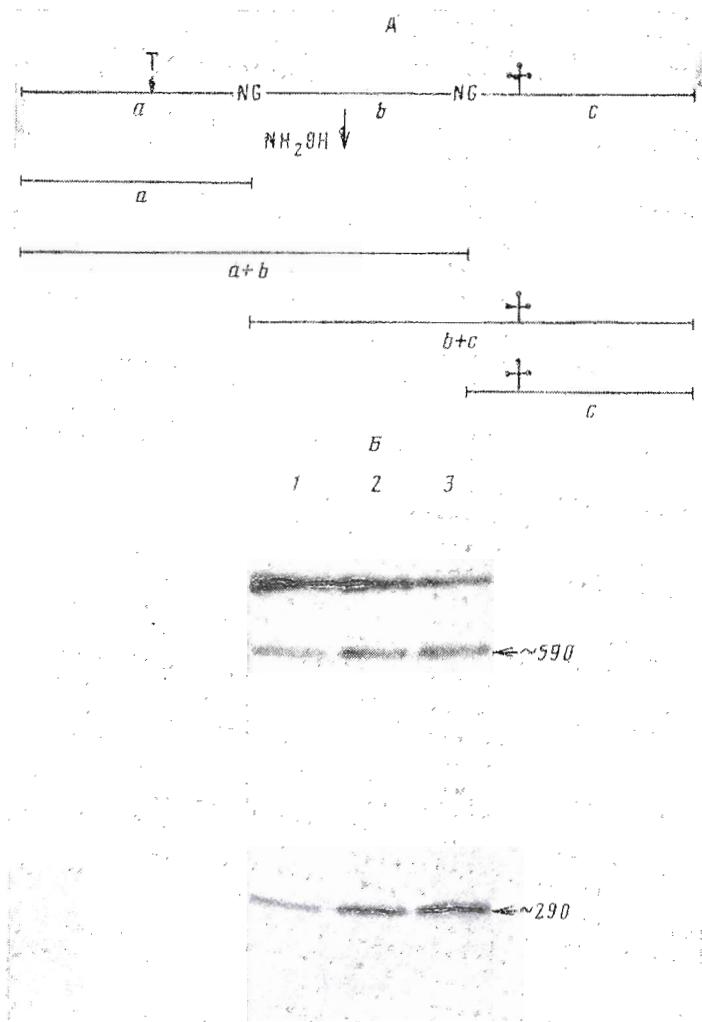


Рис. 1. Результаты локализации аффинной метки на продуктах расщепления РНК-полимеразы фага T7 гидроксиламином. А — схема расщепления РНК-полимеразы фага T7 гидроксиламином. Указаны места расщепления гидроксиламином (NG), трипсином (T) и местоположение аффинной метки (†), найденное в настоящей работе. В — результаты анализа продуктов расщепления гидроксиламином диск-электрофорезом в 10%-ном ПЛАГ. Дорожки 1, 2 и 3 — 2, 4 и 9 ч выкабации с гидроксиламином

Такая замена позволила при использовании в качестве радиоактивного субстрата на второй стадии мечения [α - 32 P]UTP ограничить элонгацию ковалентно присоединенного остатка аффинного реагента одним нуклеотидным звеном (в предварительных экспериментах с природным промотором и [α - 32 P]GTP в результате неограниченной элонгации ковалентно присоединенная аффинная метка представляла собой негомогенный набор олигонуклеотидов длиной до 10 звеньев, что в дальнейшем мешало локализации). Матричная эффективность такого измененного промотора оказалась даже несколько выше, чем у природного.

Для локализации точки аффинного мечения использовали подход, основанный на ограниченном однoudарном расщеплении меченого белка по определенным аминокислотным остаткам или последовательностям [5, 8]. Известно, что гидроксиламин при pH 9–10 расщепляет пептидные связи между остатками аспарагина и глицина [9]. В полипептидной цепи

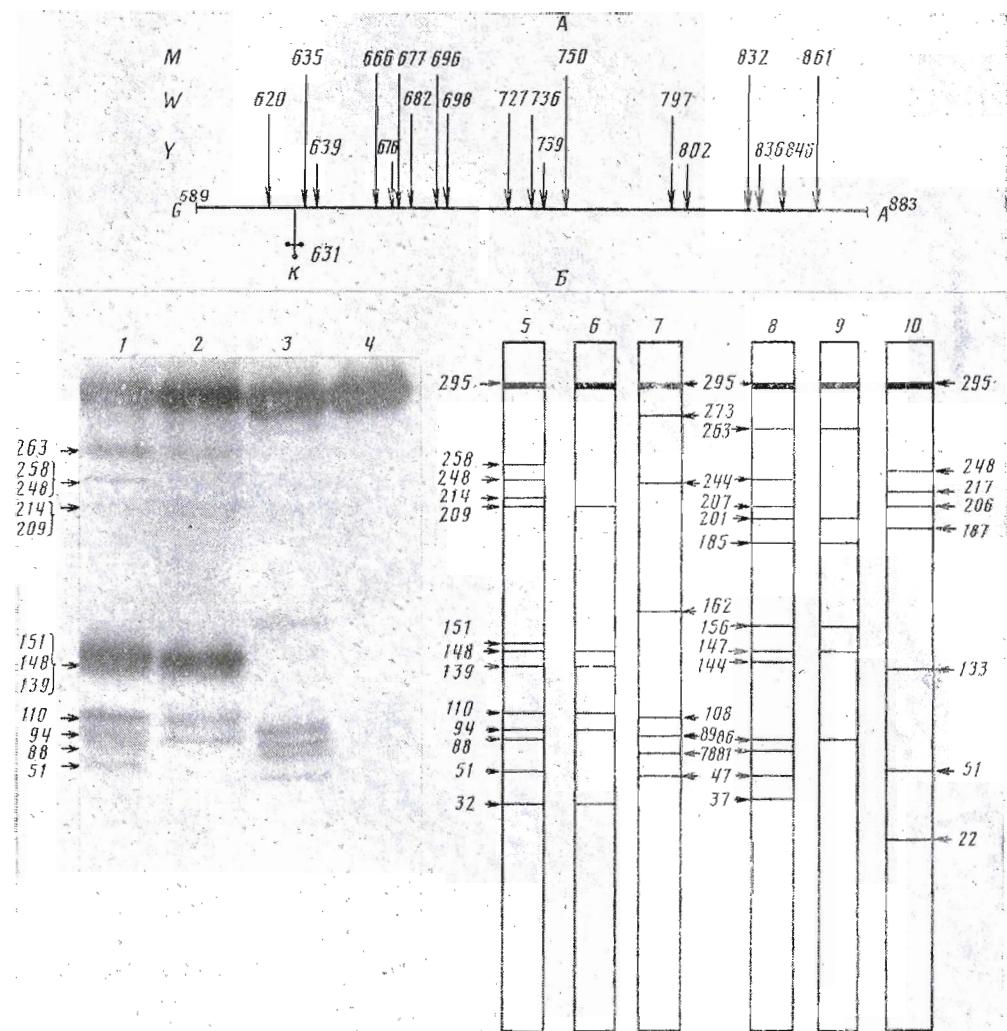


Рис. 2. Результаты локализации аффинной метки на продуктах расщепления фрагмента *c*. *A* — схема расположения остатков триптофана (W), тирозина (Y) и метионина (M) на полипептидной цепи фрагмента *c*; \downarrow — аффинная метка, местоположение которой определено в настоящей работе. *B* — результаты электрофоретического анализа продуктов расщепления бромом (1), N-хлоракрилинидом (2) или бромоацином (3). Электрофорез вели в градиентном (10—20%) поликариламидном геле. Дорожка 4 — необработанный фрагмент *c*; дорожки 5—7 — схематические картины электрофореза N-концевых «одноударных» пептидов для расщепления по Тгр + Туг, Тгр и Мет соответственно, вычисленные на основании известного расположения этих остатков в полипептидной цепи фрагмента *c* (см. рис. 2A); дорожки 8—10 — соответствующие теоретические картины электрофореза для «одноударных» пептидов С-концевой серии.

РНК-полимеразы фага T7 имеются две такие дипептидные последовательности: Asn²⁸⁹ — Gly²⁹⁰ и Asn⁵⁸⁸ — Gly⁵⁸⁹. Следовательно, при ограниченном одноударном расщеплении РНК-полимеразы фага T7 гидроксиленамином следует ожидать образования продуктов длиной 594, 588, 294 и 289 аминокислотных остатков (рис. 1A). Как видно из рис. 1B, радиоактивную метку содержат два продукта расщепления длиной приблизительно 590 и 290 аминокислотных остатков. Наличие радиоактивной метки в малом фрагменте свидетельствует о том, что мечению подвергается одна из концевых третей полипептида (фрагменты *a* или *c*, рис. 1A). Обработка аффинно-меченного фермента трипсином в нативных условиях (при этом происходит расщепление на расстоянии приблизительно 170 аминокислотных остатков от N-коца полипептидной цепи РНК-полимеразы фага T7 [10]) перед обработкой гидроксиленамином не приводит к изменению подвижности продуктов гидроксиленаминного расщепления (даные не приве-

16. Masters B. S., Stohl L. L., Clayton D. A. // Cell. 1987. V. 51. № 4. P. 89—99.
17. Davanloo P., Rosenberg A. H., Dunn J. J., Studier F. W. // Proc. Nat. Acad. Sci. USA. 1984. V. 81. № 7. P. 2035—2039.
18. Грачев М. А., Лухтанов Е. А., Мустаев А. А., Рухмер В. А., Рабинов Б. Б., Скоблов Ю. С., Абдукаликов М. Н. // Биоорган. химия. 1987. Т. 13. № 4. С. 552—555.

Поступила в редакцию
30.V.1988

LOCALIZATION OF LYSINE RESIDUE NEARBY THE SITE
OF INITIATING SUBSTRATE BINDING OF T7
BACTERIOPHAGE RNA POLYMERASE

MAXIMOVA T. G., MUSTAEV A. A., ZAYCHIKOV E. F., BARANOVA L. V.,
KUMAREV V. P., LUKHTANOV E. A.

*Limnological Institute, Siberian Division of the Academy of Sciences of the USSR,
Irkutsk*

A highly selective affinity label was introduced into the T7 phage RNA polymerase by means of GMP *ortho*-formylphenyl ester and [$\alpha^{32}\text{P}$]UTP nearby the enzyme's active site, which was located using limited cleavage technique. Hydroxylamine, bromine, N-chlorosuccinimide, and cyanogen bromide were employed as the reagents. Analysis of gel-electrophoretic patterns of the cleavage products led to a conclusion that Lys⁶³¹ is the target of labelling. The region nearby this residue has a high degree of sequence homology with regions of RNA polymerases from T3 and SP6 phages and yeast mitochondria.