



	10	20	30	40	50	
B.m.	PNYSYNTIGRTYVYVDNKYYKNLGGLIKNAKRKKHLEHEKEEKQWDLLDNYMVA					
P.d.	MKNF.N.S.AL.K.....TV..Q...Q...Q...I..RSL.H..R.L..					
G.m.	.....R.....AV.....Q...I...NL.V...L..					
A.s.	MRNF.....F.....SV.....Q...L...L.P...TF...					
M.b.	MYTR.....SL.....SV...N...Y...L...TL.P..R.L..					
M.n.	MYTR.....L.....HV.....NAA...L..RNL.P..K.L..					
	60	70	80	90	100	110
EDPFLGPGKKNQKLTFLFKEVRNVKPDITMKLIVNWSGKEFLRETWTRFVEDSFPIVNDQEVMDVY						
.....Y.....I.....V.....M.....I.						
.....I.....V..K...Y.....M.....F						
.....V.....M.....IF						
.....I.....V.....M.....I..F						
.....I.....M.....L						
	130	140	150	160	170	180
LVANLKPTRPNRCYKFLAQAHALRWDEYVPHEVIRIMEPSYVGMNNEYRISLAKKGGGCPIMN						
..TI.VR.....V.....G.....V.T...NQP.....R.....R.						
.....P.....D...V...W..S.....						
..E.....R.....C.P.....V..D...VG.....R.....						
..I.MR.....F.....C.P.....V.....S...V...R...V..						
..LQIR..K...FR.....C.S.....V...S.....G.R.YA..V..						
	190	200	210	220	230	240
IHSEYTNSEFESFVNRIWENFYKPIVYIGTDASEEEEEILIEVSLVFKIKEFAPDAPLFTGPAY						
L..A..T...H.L.S...D.....V..T.....L.....Q...						
LN.....Q.ID.....T...LIL.....V.....						
LN...N.....IE.....RNN.....SA.....L.L.L..V.....I..YS...						
L.....E.I.....V...SA.....L.....YN.....						
L.....D.I.....LL...SA.....L.....Y.....						

Рис. 2. Сравнение аминокислотных последовательностей полиэдринов ВЯП *Porthetria dispar* (P. d.), *Galleria mellonella* (G. m.), *Agrotis segetum* (A. s.), *Mamestra brassicae* (M. b.) и *M. neustria* (M. n.) с аминокислотной последовательностью полиэдрина ВЯП *Bombyx mori* (B. m.) [4, 5]. В последовательностях полиэдринов ВЯП P. d., G. m., A. s., M. b., M. n. точки обозначены аминокислотные остатки, идентичные остаткам в последовательности полиэдрина ВЯП B. m.

работы по конструированию экспрессирующего вектора на базе этого вируса. При проведении этой работы был частично секвенирован ген полиэдрина и из его нуклеотидной последовательности была выведена аминокислотная последовательность 47 остатков аминокислот с N-конца [1].

Первичная структура полиэдрина ВЯП *M. neustria* была определена нами методами белковой химии. Белок восстанавливали, карбоксиметилировали и расщепляли трипсином [2]. Пептиды разделяли гель-фильтрацией, высоковольтным электрофорезом (ЭФ) и хроматографией на бумаге, как описано для других полиэдринов [2]. Крупные триптические пептиды, содержащие более 10 остатков аминокислот, расщепляли химотрипсином и термолизином [2] и полученные пептиды разделяли ЭФ и БХ. Секвенирование осуществляли ручным методом Эдмана в сочетании с дансильрованием [3]. Полипептидную цепь полиэдрина *M. neustria* (рис. 1) реконструировали путем сравнения полученных пептидов с аминокислотными последовательностями полиэдринов других ВЯП, установленных в нашей лаборатории [4, 5] (рис. 2).

В положениях 37, 40 и 43 (рис. 1) имеются расхождения с аминокислотной последовательностью, выведенной из нуклеотидной последовательности гена полиэдрина [1]: в этих местах расположены остатки Asn, Glu и Leu вместо Ala, Gly и His соответственно. Мы рассчитали «степень родства» (% идентичных + гомологичных остатков аминокислот [6]) для группы полиэдринов. Это последовательности, приведенные на рис. 2, а также последовательности, выведенные по структуре соответствующих генов полиэдринов из ВЯП *Autographa californica*, *Orgyia pseudotsugata* (2 штамма) [7] и *Panolis flammea* [8].

«Степень родства» полиэдрина ВЯП *M. neustria* с девятью другими колеблется в пределах 82—96%. «Степень родства» всех 10 полиэдринов между собой колеблется в пределах 75—100%. Очевидно, что группа полиэдринов относится к разряду высокомолекулярных белков, у которых, по-видимому, важными для функционирования являются все участки полипептидной цепи, что согласуется с высказанной нами гипотезой о мультифункциональных свойствах полиэдрина ВЯП бакуловирусов [6]. Наиболее вариабелен N-концевой участок 1—53, в котором «степень родства» по группе колеблется в пределах 70—95%. Этому участку по гипотезе приписывается способность взаимодействовать с РНК, имеющейся в полиэдрах [6]. Он содержит консенсус-последовательность (12—23) для РНК-белковых взаимодействий [9], богатую остатками тирозина и основных аминокислот (7 из 13). Менее вариабельный участок 122—194 (со «степенью родства» 75—97%) содержит консенсус-последовательность (133—151), содержащую так называемый «Cys-His-box» [10]. Этому участку по гипотезе приписывается способность взаимодействовать с мембранами (возможно, вирионов, включенных в полиэдр). Консервативные участки 55—121 и 195—246, богатые остатками гидрофобных, кислых, их амидов и оксиаминокислот, имеют «степень родства» 94—100 и 87—100% соответственно. Им приписывается способность к белок-белковым взаимодействиям, ответственным за основную функцию — самоассоциацию полиэдрина в тела включения (полиэдры).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Строчковская Л. И., Кихно И. М., Веселовский О. В., Скуратовская И. Н., Мирюта Н. Ю., Петренко А. И., Соломко А. П. // Биополимеры и клетка. 1990. Т. 6. № 3. С. 84—89.
2. Козлов Э. А., Левитина Т. Л., Кацман М. С., Гусак Н. М., Овандер М. Н., Серебряный С. Б. // Био-орган. химия. 1978. Т. 4. № 8. С. 1036—1047.
3. Гусак Н. М., Овандер М. Н., Дробот Л. Б., Серебряный С. Б. // Киев: Наук. думка, 1979. С. 142—154.
4. Козлов Э. А., Левитина Т. Л., Гусак Н. М., Роднин Н. В., Атепалихина С. А., Пальчиковская Л. И. // Биополимеры и клетка. 1991. Т. 7. № 1. С. 75—82.
5. Пальчиковская Л. И., Левитина Т. Л., Бобровская М. Т., Овандер М. Н., Кацман М. С., Козлов Э. А. // Биополимеры и клетка. 1993. Т. 9. № 4. С. 44—49.
6. Kozlov E. A., Levitina T. L., Gusak N. M. // Curr. Top. Microbiol. and Immunol. 1986. V. 131. P. 135—164.
7. Rohrmann G. F. // J. Gen. Virol. 1986. V. 67. № 8. P. 1499—1513.
8. Cameron J. R., Possee R. D. // Virus Res. 1989. V. 12. № 3. P. 183—200.
9. Wickens M. P., Dahlberg J. E. // Cell. 1987. V. 51. № 3. P. 339—342.
10. Vallee B. L., Auld D. S. // Biochemistry. 1990. V. 29. № 24. P. 5647—5659.

Поступило в редакцию  
13.XII.1993

*E. A. Kozlov, N. V. Rodnin, L. I. Palcňikovskaya, T. L. Levitina,  
M. T. Bobrovskaya, N. P. Radomskij*

#### THE PRIMARY STRUCTURE OF THE *Malacosoma neustria* NUCLEAR POLYHEDROSIS VIRUS (NPV) POLYHEDRIN

*Institute of Molecular Biology and Genetics,  
Academy of Sciences of Ukraine, Kiev*

The primary structure of the *M. neustria* NPV polyhedrin has been deduced on the basis of data on its tryptic peptides and comparison with known amino acid sequences of the *Bombyx mori*, *Partheria dispar*, *Galleria mellonella*, *Agrotis segetum* and *Mamestra brassicae* NPV polyhedrins.