



УДК 595.443.7-114.52:577.112.5

ПЕРВИЧНАЯ СТРУКТУРА δ -ЛАТРОИНСЕКТОТОКСИНА ИЗ ЯДА ПАУКА *Latrodectus mactans tredecimguttatus*

© 1996 г. И. Е. Дулубова, М. В. Хвощев*, В. Г. Красноперов, Т. Г. Галкина,
К. А. Плужников, Т. М. Волкова, Е. В. Гришин

Институт биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН,
117871, Москва, ГСП-7, ул. Миклухо-Маклая, 16/10

Поступило в редакцию 28.09.95 г.

Осуществлено клонирование структурного гена δ -ЛИТ. Определена нуклеотидная последовательность гена, содержащего открытую рамку считываания длиной 3642 п. о. Выведенная аминокислотная последовательность δ -ЛИТ гомологична последовательностям ранее изученных латротоксинов.

Ключевые слова: нейротоксин, *Latrodectus*, клонирование кДНК.

Яд каракурта содержит семейство высокомолекулярных нейротоксинов, вызывающих массированный выброс нейромедиаторов из пресинаптических окончаний различных животных [1]. Лучше всего изучен α -ЛТ, специфически действующий только на нервные окончания позвоночных животных [2]. Первичная структура этого токсина, а также α -ЛИТ, действующего на нервные окончания насекомых, была установлена ранее [3, 4]. Информация о строении латротоксинов является важной предпосылкой для детального изучения молекулярных основ механизма действия и специфиности нейротоксинов каракурта. Цель данной работы – определение первичной структуры δ -ЛИТ.

δ -ЛИТ выделяли из цельного яда по методу [5]. N-Концевую последовательность и структуру триптических пептидов определяли с помощью автоматического секвенирования по методу Эдмана.

кДНК получали на основе мРНК, выделенной из ядовитых желез каракурта [6]. Клонирование кДНК осуществляли по тупым концам в плазмидный вектор pSP65 [7]. Скрининг полученной библиотеки кДНК проводили с помощью $5'$ - 32 P-меченого олигонуклеотидного зонда, созданного на основе первых 8 а. о. N-концевой последовательности. Частично вырожденный 23-членный олигонукле-

отид (синтезирован канд. хим. наук Н.С. Быстро-вым) имел следующее строение:



В результате скрининга были обнаружены 8 клонов, дающих положительный сигнал гибридизации. Выделенные в индивидуальном состоянии клоны анализировали с помощью частичного секвенирования и рестрикционного картирования. На основе полученных данных был сделан вывод о том, что обнаруженные клоны перекрывают фрагмент структурного гена, кодирующий аминокислотную последовательность длиной около 800 а. о. Для получения недостающей информации был проведен повторный скрининг библиотеки кДНК. В качестве специфического зона для гибридизации использовали фрагменты ДНК клонов. В результате скрининга был обнаружен дополнительный клон, содержащий исконную область структурного гена δ -ЛИТ.

На основе ДНК каждого клона получали набор перекрывающихся фрагментов ДНК, содержащих направленные делеции [8]. В результате секвенирования [9] нами была определена нуклеотидная последовательность длиной 4536 п. о., содержащая открытую рамку считываания длиной 3642 п. о. (рисунок). В ее составе обнаружена короткая 5'-нетранслируемая область длиной 44 п. о. и фрагмент 3'-нетранслируемой области (более 1000 п. о.), который не содержит сигнал полиаденилирования, что согласуется с имеющимися данными об устройстве мРНК, кодирующих латротоксины [3, 4]. Рамка считываания, начинающаяся с кодона ATG и заканчивающаяся стоп-кодоном

Сокращения: α -ЛТ – α -латротоксин, α -ЛИТ – α -латротоксин, δ -ЛИТ – δ -латротоксин, а. о. – аминокислотный остаток.

* Автор для переписки.

										M	H	-28
gtcaattga	aacttatga	taggattcac	tttcttatat	agaa	atg	cat						50
S K E L Q T I S A A V A R K												-13
tcc aaa gaa ttaca	act att tca	gca gcg gta	gca cga aaaa									92
A V P N T M V I R L K R D E												2
gca gta ccc aat act atg gtt att	cgg ttg aaa aga gat gaa											134
E D G E M T L E E R Q A Q C												16
gaa gat gga gaa atg act cta gaa	gaa aga caa gca caa tgc											176
K A I E Y S N S V F G M I A												30
aaa gca ata gag tac agc aat tca	gtt ttt ggg atg atc gct											218
D V A N D I G S I P V I G E												44
gat gta gct aac gac atc ggt tcc	att cct gta att ggc gaa											260
V V G I V T A P I A V S H												58
gta gtt ggc att gta act gcc cca	att gcc atc gta agt cac											302
I T S A G L D I A S T A L D												72
att act agc gca ggc ttg gat ata	gct tct acg gca tta gat											344
C D D I P F D E I K E I L E												86
tgt gat gat ata cct ttt gat gag	att aag gaa ata tta gaa											386
E R F N E I D R K L D K N T												100
gaa aga ttc aat gaa ata gat aga	aag ttg gac aag aac aca											428
A A L E E V S K L V S K T F												114
gct gct ttg gaa gag gtc tct aaa	ctg gta agt aaa act tt											470
V T V E K T R N E M N E N F												128
gtt acg gtg gaa aaa aca agg aat	gaa atg aac gaa aat tt											512
K L V L E T I E S K E I K S												142
aag ctt gtt ttg gaa act ata gaa	agc aaa gaa ata aaa tca											554
I V F K I N D F K K F F E K												156
att gta ttc aaa ata aat gat ttt	aaa aag ttt ttt gaa aaa											596
E R Q R I K G L P K D R Y V												170
gaa cga caa aga att aaa ggt ttg	cct aaa gat agg tat gtt											638
A K L L E Q K G I L G S L K												184
gct aag ctt cta gaa caa aaa ggt	att tta ggt tct tta aaa											680
E V R E P S G N S L S S A L												198
gaa gta aga gaa cca tct gga aac	agt ctg agc tcc gcg tta											722
N E L L D K N N N Y A I P K												212
aat gaa ctc tta gac aaa aac aac	aac tat gcc atc cca aaa											764
V V D D N K A F Q A L Y A L												226
gtg gtt gat gat aat aag gcc ttt	cag gcg ctg tat gct tta											806
F Y G T Q T Y A A V M F F L												240
ttt tat gga act cag act tat gca	gcc gtt atg ttt ttc tta											848
L E Q H S Y L A D Y Y Y Q K												254
ctc gaa caa cat tct tat ctg gct	gat tat tat tac caa aaa											890
G D D V N F N A E F N N V A												268
ggt gat gat gta aat ttt aat gca	gaa ttt aat aat gta gca											932
I I F D D F K S S L T G G D												282
att att ttt gat gac ttt aat tca	tca cta aca gga gga gat											974
D G L I D N V I E V L N T V												296
gac gga tta ata gat aat gtc att	gag gtt ctt aac acc gtg											1016
K A L P F I K N A D S K L Y												310
aaa gca tta cca ttt ata aag aac	gcc gac agt aaa cta tac											1058
R E L V T R T K A L E T L K												324
aga gaa tta gta act aga aca aaa	gct tta gag act ctt aaa											1100

Нуклеотидная последовательность кодирующей цепи кДНК и аминокислотная последовательность δ-латроинсектотоксина. Подчеркнуты аминокислотные последовательности, структура которых установлена методами белковой химии. Обведены в рамку гидрофобные последовательности, предположительно образующие трансмембранные сегменты. Домен с анкиризовыми повторами выделен жирным шрифтом. Первая аминокислота каждого анкиринового повтора обведена кругом. Двойной чертой обозначена последовательность PEST-мотива.

N	Q	I	K	T	T	D	L	P	L	I	D	D	I	338
aat	caa	atc	aaa	acg	act	gat	ttg	cct	ctt	ata	gat	gat	ata	1142
P	E	T	L	S	Q	V	N	F	P	N	D	E	N	352
ccc	gaa	act	ttg	tct	caa	gtg	aac	ttt	ccg	aat	gac	gaa	aat	1184
Q	L	P	T	P	I	G	N	W	V	D	G	V	E	366
caa	ttg	cct	aca	cca	ata	gga	aat	tgg	gtt	gat	ggc	gta	gaa	1226
V	R	Y	A	V	Q	Y	E	S	K	G	M	Y	S	380
g t t	agg	tac	gca	gta	cag	tat	gaa	agt	aag	ggc	atg	tat	t c g	1268
K	F	S	E	W	S	E	P	F	T	V	Q	G	N	394
aaa	t t c	agt	g a a	t g g	t c t	g a a	c c a	t t t	act	g t c	c a a	g g t	a a c	1310
A	C	P	T	I	K	V	R	V	D	P	K	K	R	408
g c t	t g t	ccg	act	ata	aaa	gtt	cgt	gtt	gat	ccg	aaa	aag	aga	1352
N	R	L	I	F	R	K	F	N	S	G	K	P	Q	422
aat	aga	c t t	a t c	t t t	agg	a a g	t t c	a a c	t c a	g g a	a a a	c c t	c a g	1394
F	A	G	T	M	T	H	S	Q	T	N	F	K	D	436
t t t	g c t	g g a	a c c	a t g	a c t	c a t	t c a	c a a	a c a	a a t	t t t	a a a	g a t	1436
I	H	R	D	L	Y	D	A	A	L	N	I	N	K	450
att	cat	c g t	g a t	c t a	t a c	g a t	g c a	g c c	t t a	a a t	a t t	a a t	a a g	1478
L	K	A	V	D	E	A	T	T	L	I	E	K	G	464
t t g	aaa	g c a	g t g	g a t	g a a	g c t	a c a	a c t	t t g	a t t	g a a	a a g	g g t	1520
A	D	I	E	A	K	F	D	(N)	D	R	S	A	M	478
g c a	g a c	a t a	g a a	g c a	a a a	t t t	g a c	a a t	g a c	a g a	a g t	g c a	a t g	1562
H	A	V	A	Y	R	G	N	N	K	I	A	L	R	492
c a c	g c a	g t t	g c a	t a t	c g a	g g a	a a t	a a c	a a a	a t a	g c c	t t a	a g a	1604
F	L	L	K	N	Q	S	I	D	I	E	L	K	D	506
t t t	c t t	t t g	aaa	a a t	caa	t c c	a t t	g a c	a t c	g a g	t t a	a a a	g a t	1646
K	(N)	G	F	T	P	L	H	I	A	A	E	A	G	520
aaa	a a c	g g c	t t t	a c t	c c t	c t a	c a c	a t c	g c a	g c t	g a a	g c a	g g t	1688
Q	A	G	F	V	K	L	L	I	N	H	G	A	D	534
c a g	g c a	g g a	t t t	g t t	a a g	t t a	c t a	a t a	a a t	c a t	g g a	g c t	g a t	1730
V	N	A	K	T	S	K	(T)	N	L	T	P	L	H	548
g t g	a a t	g c a	a a a	a c a	a g t	a a g	a c a	a a t	t t g	a c a	c c a	t t a	c a t	1772
L	A	T	R	S	G	F	S	K	T	V	R	N	L	562
c t t	g c a	a c a	c g t	a g t	g g a	t t t	t c a	a a a	a c t	g t a	a g a	a a t	t t a	1814
L	E	S	P	N	I	K	V	N	E	K	E	D	(D)	576
c t a	g a a	a g c	c c a	a a t	a a t	a a g	g t a	a a t	g a a	a a g	g a g	g a t	g a c	1856
G	F	T	P	L	H	T	A	V	M	S	T	Y	M	590
g g a	t t t	a c a	c c t	t t g	c a t	a c t	g c a	g t a	a t g	a g t	a c t	t a t	a t g	1898
V	V	D	A	L	L	N	H	P	D	I	D	K	N	604
g t t	g t c	g a t	g c t	t t g	c t a	a a t	c a t	c c a	g a c	a t t	g a t	a a a	a a t	1940
A	Q	S	T	(S)	G	L	T	P	F	H	L	A	I	618
g c g	c a g	t c t	a c g	t c a	g g a	t t g	a c t	c c t	t t c	c a t	t t a	g c a	a t t	1982
I	N	E	S	Q	E	V	A	E	S	L	V	E	S	632
att	a a t	g a a	a g t	c a a	g a a	g t t	g c a	g a a	t c t	t t a	g t g	g a a	a g t	2024
N	A	D	L	N	I	Q	D	V	(N)	H	M	A	P	646
a a t	g c t	g a t	c t a	a a t	a t t	c a g	g a t	g t t	a a c	c a t	a t g	g c t	c c t	2066
I	H	F	A	A	S	M	G	S	I	K	M	L	R	660
att	c a t	t t t	g c a	g c t	t c a	a t g	g g t	a g t	a t t	a a a	a t g	c t t	a g a	2108
Y	L	I	S	I	K	D	K	V	S	I	N	S	V	674
t at	c t c	att	t c c	a t a	a a a	g a t	a a a	g t t	a g t	a t t	a a t	t c t	g t g	2150
T	E	N	(N)	N	W	T	P	L	H	F	A	I	Y	688
act	g a g	a a t	a a t	a a t	t g g	a c a	c c t	t t a	c a t	t t t	g c t	a t a	t a t	2192

(Продолжение)

F	K	K	E	D	A	A	K	E	L	L	K	Q	D	702			
t	t	a	a	a	gaa	gat	gct	gca	aaa	gaa	ttg	ttg	aaa	caa	gat	2234	
D	I	N	L	T	I	V	A	D	(G)	N	L	T	V	716			
gac	ata	aat	tta	aca	att	gtt	gca	gat	gtt	aat	ctt	acc	gtt	2276			
L	H	L	A	V	S	T	G	Q	I	N	I	I	K	730			
t	ta	cat	ctt	gct	gtt	tgc	aca	gga	caa	ata	aat	ata	att	aaa	2318		
E	L	L	K	R	G	S	N	I	E	E	K	T	G	744			
gaa	tta	ttg	aag	aga	ggc	tcc	aat	ata	gaa	gaa	aaa	act	gga	2360			
(E)	G	Y	T	S	L	H	I	A	A	M	R	K	E	758			
gaa	gga	tat	aca	tct	ctc	cac	atc	gct	gcg	atg	cga	aag	gag	2402			
P	E	I	A	V	V	L	I	E	N	G	A	D	I	772			
cca	gag	ata	gct	gtt	gtt	ttg	att	gaa	aac	ggt	gct	gac	ata	2444			
E	A	R	S	A	(D)	N	L	T	P	L	H	S	A	786			
gaa	gct	cga	tca	gct	gat	aatt	tta	aca	cct	tta	cat	tct	gcc	2486			
A	K	I	G	R	K	S	T	V	L	Y	L	L	E	800			
gca	aaa	ata	gga	agg	aaa	tct	aca	gta	ctt	tac	tta	tta	gaa	2528			
K	G	A	D	I	G	A	K	T	A	(D)	G	S	T	814			
aaa	gga	gct	gac	att	gga	gct	aaa	aca	gca	gac	ggt	tct	act	2570			
A	L	H	L	A	V	S	G	R	K	M	K	T	V	828			
gcc	ttg	cat	tta	gct	gta	tct	ggt	cgt	aaa	atg	aaa	act	gtt	2612			
E	T	L	L	N	K	G	A	N	L	K	E	Y	D	842			
gaa	act	cta	tta	aat	aaa	gga	gca	aat	tta	aaa	gaa	tac	gat	2654			
N	(N)	K	Y	L	P	I	H	K	A	I	I	N	D	856			
aac	aat	aaa	tat	ttg	cca	ata	cat	aaa	gct	att	att	aat	gat	2696			
D	L	D	M	V	R	L	F	L	E	K	D	P	S	870			
gac	ctt	gac	atg	gta	cgt	ttg	ttt	ctt	gaa	aaa	gat	ccc	agt	2738			
L	-K	D	D	E	T	E	(E)	G	R	T	S	I	M	884			
c	tc	c	aa	gat	gat	gat	gaa	aca	gaa	gag	ggt	aga	act	tca	att	atg	2780
L	I	V	Q	K	L	L	L	E	L	Y	N	Y	F	898			
t	ta	att	gtt	cag	aaa	tgt	ctt	ctt	gaa	tta	tat	aac	tat	ttt	2822		
I	N	N	Y	A	E	T	L	D	E	E	A	L	F	912			
ata	aat	aat	tat	gct	gaa	act	ttg	gat	gaa	gaa	gct	tta	ttc	2864			
N	R	L	D	E	Q	G	K	L	E	L	A	Y	I	926			
aac	cgc	tta	gat	gaa	caa	ggg	aaa	tta	gag	ctt	gca	tat	atc	2906			
F	H	N	K	E	G	D	A	K	E	A	V	K	P	940			
t	tc	cat	aat	aaa	gaa	ggt	gat	gca	aaa	gag	gct	gtt	aag	cca	2948		
T	I	L	V	T	I	K	L	M	E	Y	C	L	K	954			
act	atc	ctt	gtt	aca	att	aaa	ctt	atg	gaa	tac	tgc	tta	aaa	2990			
K	L	R	E	E	S	G	A	P	E	G	S	F	D	968			
aaa	ctt	cgc	gaa	gag	tct	gga	gct	cct	gaa	ggt	agt	ttc	gat	3032			
S	P	S	S	K	Q	C	I	S	T	F	S	E	D	982			
t	ct	cca	tcf	tca	aag	caa	tgt	att	tct	acc	ttt	tca	gag	gat	3074		
E	M	F	R	R	T	L	P	E	I	V	K	E	T	996			
gaa	atg	ttt	cgt	cgt	act	tta	ccg	gaa	att	gta	aaa	gaa	acg	3116			
N	S	R	Y	L	P	L	K	G	F	S	R	S	L	1010			
aac	age	aga	tat	tta	cca	cta	aag	ggc	ttt	tct	cgc	agc	cta	3158			
N	K	F	L	P	S	L	K	F	A	E	S	K	N	1024			
aat	aag	ttt	ctc	cct	tct	cta	aaa	ttt	gcc	gaa	agt	aag	aat	3200			
S	Y	R	S	E	N	F	V	S	N	I	D	S	N	1038			
agc	tac	aga	tct	gaa	aat	ttt	gtt	agc	aat	att	gat	tcc	aac	3242			
G	A	L	L	L	L	D	V	F	I	R	K	F	T	1052			
gga	gca	tta	ctt	tta	ctc	gat	gta	ttt	atc	aga	aag	ttt	atc	3284			

(Продолжение)

N	E	K	Y	N	L	T	G	K	E	A	V	P	Y	1066	
aat	gag	aaa	tac	aat	ttg	act	gga	aaa	gaa	gct	gt	ccc	tat	3326	
L	E	A	K	A	S	S	L	R	I	A	S	K	F	1080	
c	tg	gaa	gca	aag	gct	tca	tca	tta	cgt	atc	gct	tct	aaa	ttt	3368
E	E	L	L	T	E	V	K	G	I	P	A	G	E	1094	
gaa	gaa	ctt	cta	act	gaa	gtt	aaa	ggt	att	ccg	gct	gga	gag	3410	
L	I	N	M	A	E	V	S	S	N	I	H	K	A	1108	
cta	att	aat	atg	gcc	gaa	gtg	agt	tcc	aac	ata	cat	aag	gca	3452	
I	A	S	G	K	P	V	S	K	V	L	C	S	Y	1122	
att	gca	agt	ggt	aag	cct	gt	atc	aaa	gtc	tta	tgt	tcg	tat	3494	
L	D	T	F	S	E	L	N	S	Q	Q	M	E	E	1136	
ttg	gat	acc	ttt	tct	gaa	tta	aat	tct	caa	caa	atg	gaa	gaa	3536	
L	V	N	T	Y	L	S	T	K	P	S	V	I	T	1150	
tta	gtt	aac	aca	ta	c	tta	tcc	acc	aaa	cct	tct	gt	att	acg	3578
S	A	S	A	D	Y	Q	K	L	P	N	L	L	T	1164	
tca	gca	tct	gca	gat	tac	cag	aaa	ctt	ctt	aat	ttg	tta	act	3620	
A	T	C	L	E	P	E	R	M	A	Q	L	I	D	1178	
gca	act	tgc	tta	gaa	cca	gaa	aga	atg	gct	caa	ctt	ata	gat	3662	
V	H	Q	K	M	F	L	R							1186	
gtg	cat	caa	aag	atg	ttt	tta	cgtt	aaaa	ataccatt	cct	tct	gt	gtc	at	3711
ccattt	gag	ta	tatggattt	gg	ctc	ttt	c	ttt	tatgcaaata	tttttt	ttccac				3761
ttaa	atgatt	tatt	tcggat	tgt	gattt	ttc	tca	tttctt	tttctt	ctt	gttttatt				3811
tctgtt	gtt	tct	gtgtttt	ga	gtgaaattat	ctgataat	ca	tttctt	tttctt	tttctt	gtttagtt				3861
agttt	tct	c	ctaaggag	tt	ttaggtat	tt	ggaattacat	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	3911
ttcggg	gtt	ttt	acttcttat	at	tttgc	aaa	gtaattt	gtttagtt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	3961
tcta	aaa	agg	aatggaat	cg	ttgataaa	ata	gtttagtt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4011
tataa	ataata	a	agac	ttt	aaa	gtcaat	ttt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4061
agaagg	gactc	gt	atgttata	ta	atgaaata	ata	atgttgc	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4111
gatt	caat	ca	aaca	attt	ta	aat	attt	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	4161
ttttt	taat	gt	tctt	tagtata	tta	agtcaat	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4211
gtttt	aatttt	ttt	gctat	ctg	ct	attact	ctaa	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4261
tcta	aaat	att	ctcgta	acat	tat	ttt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4311
ttttt	taatt	atat	ccattt	tt	tat	attt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4361
catt	cctt	ttt	cctg	cattat	tat	tata	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4411
aaag	acaata	c	ctcaag	ttt	tc	agat	tattat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	4461
aacg	taaaat	t	tttatt	gaca	att	gcaa	aga	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	aaat	4511
tttaa	agtatt	t	ttgaa	acagt	tt	tgat	ttt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4561
at	ttt	caaac	aaat	atgat	aga	aaat	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	tttctt	4581

(Окончание)

ТАА, кодирует белок длиной 1214 а. о. Последовательность, окружающая кодон ATG, частично отвечает набору статистических правил, установленных для инициирующего кодона эукариотических генов [10]. При анализе выведенной аминокислотной последовательности обнаружены участки, структура которых хорошо согласуется с результатами проведенного нами белкового секвенирования δ -ЛИТ и его фрагментов.

С помощью N-концевого секвенирования наивного токсина было установлено, что первые 28 а. о. предшественника удаляются при созревании δ -ЛИТ. Структура отщепляемой последова-

тельности не характерна для сигнального пептида эукариот (ср. [11]).

По компьютерным данным предсказания вторичной структуры [12], δ -ЛИТ преимущественно образован элементами α -спирали. Несмотря на то что токсин – растворимый белок, в его молекуле обнаружены два гидрофобных участка, потенциально образующих трансмембранные сегменты. Первый участок имеет протяженность 29 а. о. (39-67), второй – 20 а. о. (222-241).

Центральная часть молекулы δ -ЛИТ содержит 13 tandemно расположенных внутримолекулярных

повторов анкиринового типа, обнаруженных также в белках, входящих в состав цитоскелета, а также принимающих участие в регуляции клеточного цикла, дифференцировки и транскрипции [13]. В С-концевой части молекулы токсина расположена область, богатая остатками Pro, Glu и Ser (958-972). Такие последовательности, получившие название PEST-мотива, часто встречаются в белках, подвергающихся внутриклеточной деградации [14].

Таким образом, молекулу токсина можно разделить на три структурных домена: N-концевой домен (1-459), который содержит два трансмембранных сегмента, центральный домен (460-912), состоящий из повторов анкиринового типа, и С-концевой домен (913-1186), в составе которого обнаружен PEST-мотив.

Сравнение аминокислотных последовательностей трех латротоксинов выявило значительную степень гомологии между ними. Степень гомологии для α -ЛИТ и δ -ЛИТ (38%), а также для α -ЛТ и δ -ЛИТ (37%) примерно одинакова. В целом максимальное сходство между токсинами наблюдается в области N-концевых доменов. Это не касается первых 70 N-концевых а. о., которые мало сходны между собой у разных токсинов. Расположение гидрофобных участков, потенциально образующих трансмембранные фрагменты, консервативно у всех трех латротоксинов. В то же время значительная гомология наблюдается только между аминокислотными последовательностями второго участка, тогда как структура первого гидрофобного участка уникальна у каждого токсина. Степень гомологии для δ -ЛИТ и токсинов α -ряда в области N-концевого домена даже выше, чем для α -ЛИТ и α -ЛТ. Таким образом, структура N-концевого домена δ -ЛИТ является промежуточной между соответствующими структурами α -ЛИТ и α -ЛТ.

В области домена с анкириновыми повторами гомология между токсинами существенно ниже (порядка 33 - 34%). δ -ЛИТ содержит только 13 полных анкириновых повторов, тогда как в структуре α -ЛИТ и α -ЛТ обнаружено по 20 копий повторов. Первые 115 а. о. С-концевого домена δ -ЛИТ (913-1027) образуют уникальную последовательность, которая не гомологична ни одному из известных белков. Гомология между δ -ЛИТ и токсинами α -ряда снова наблюдается на С-конце: степень гомологии для последних 159 а. о. δ -ЛИТ (1028-1186) и α -ЛИТ составляет 36%. Эти фрагменты, вероятно, удаляются при созревании обоих токсинов. Значительное сходство между этими участками, скорее всего, объясняется наличием специальных сигналов транспортировки на С-конце латротоксинов.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Grishin E. // Pure & Appl. Chem. 1994. V. 66. P. 783 - 790.
2. Rosenthal L., Meldolesi J. // J. Pharmacol. Ther. 1989. V. 42. P. 115 - 134.
3. Kiyatkin N.I., Dulubova I.E., Chekhovskaya I.A., Grishin E.V. // FEBS Lett. 1990. V. 270. P. 127 - 131.
4. Kiyatkin N., Dulubova I., Grishin E. // Eur. J. Biochem. 1993. V. 213. P. 121 - 127.
5. Krasnoperov V.G., Shamotienko O.G., Grishin E.V. // J. Natural Toxins. 1992. V. 1. P. 17 - 23.
6. Gubler U., Hoffman B.J. // Gene. 1983. V. 25. P. 263 - 269.
7. Melton D.A. // Nucl. Acids Res. 1984. V. 12. P. 7035 - 7056.
8. Henikoff S. // Gene. 1984. V. 28. P. 351 - 357.
9. Tabor S., Richardson C.C. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1987. V. 84. P. 4767 - 4775.
10. Kozak M. // Nucl. Acids Res. 1984. V. 12. P. 857 - 872.
11. Von Heijne G. // Nucl. Acids Res. 1986. V. 14. P. 4683 - 4690.
12. Garnier J., Osguthorpe D.S., Robson B. // J. Mol. Biol. 1978. V. 120. P. 97 - 120.
13. Michael P., Bennett V. // Trends Cell Biol. 1992. V. 2. P. 127 - 129.
14. Rechsteiner M., Royers S., Rote K. // Trends Biochem. Sci. 1987. V. 12. P. 390 - 394.

The Primary Structure of δ -Latroinsectotoxin from the *Latrodectus mactans tredecimguttatus* Venom

I. E. Dulubova, M. V. Khvoshchev,¹ V. G. Krasnoperov, T. G. Galkina,
K. A. Pluzhnikov, T. M. Volkova, and E. V. Grishin

Shemyakin-Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences,
ul. Miklukho-Maklaya 16/10, V-437, GSP-7, Moscow, 117871 Russia

Abstract—The structural gene of δ -latroinsectotoxin was cloned and its nucleotide sequence was determined. The gene contains an open reading frame of 3642 bp. The deduced amino acid sequence is homologous to the sequences of latrotoxins studied earlier.

Key words: neurotoxin, *Latrodectus*, cDNA cloning.

¹ To whom correspondence should be addressed.