



УДК 577.152.342\*2.02

## ГЛУТАМИЛЭНДОПЕТИДАЗЫ МИКРООРГАНИЗМОВ – НОВОЕ ПОДСЕМЕЙСТВО ХИМОТРИПСИНОВЫХ ПРОТЕИНАЗ

© 1998 г. Г. Н. Руденская\*

Московский государственный университет им. М. В. Ломоносова, химический факультет, 119899, Москва

Поступила в редакцию 24.11.97 г. Принята к печати 26.12.97 г.

В обзоре представлены сведения о физико-химических, энзиматических свойствах и структурных особенностях известных в настоящее время глутамилэндопептидаз микроорганизмов, специфически расщепляющих связи глутаминовой и аспарагиновой кислот в пептидах и белках.

**Ключевые слова:** глутамилэндопептидазы, субстратная специфичность, молекулярные свойства.

Класс сериновых протеиназ объединяет разнообразные эндопептидазы, которые по отношению к субстратам можно разделить на три группы. Трипсин и трипсиноподобные ферменты проявляют наибольшую специфичность к субстратам, содержащим в положении  $P_1$  остатки Arg и Lys с положительно заряженными боковыми цепями. Гидролиз пептидных связей, образованных гидрофобными, прежде всего ароматическими, аминокислотами, характерен для химотрипсина и его аналогов, для субтилизиноподобных протеиназ; связи, образованные аминокислотами с небольшими неполярными боковыми цепями, предпочтительно гидролизуются эластазоподобными ферментами. В настоящее время выявляется четвертая группа сериновых протеиназ, специфичность действия которых целиком определяется присутствием в субстрате отрицательно заряженных боковых цепей глутаминовой или аспарагиновой кислот.

К числу таких ферментов относятся так называемые Glu,Asp-специфичные протеиназы (или глутамилэндопептидазы) микроорганизмов. Впервые они были выделены из стафилококков (КФ 3.4.22.13) [1–3], позднее из актиномицетов [4, 5], стрептомицетов [6–9] и бацилл [10–15]. Помимо этого, эти ферменты широко представлены в микроорганизмах, тем не менее описано таких протеиназ немного. Узкая субстратная специфич-

ность делает глутамилэндопептидазы удобным инструментом при изучении аминокислотной последовательности белков [16, 17], локализации активных центров многофункциональных ферментов [18] и для ферментативного синтеза пептидов [19, 20].

В табл. 1 приведены свойства известных глутамилэндопептидаз. Это ферменты с молекулярной массой 18–26.5 кДа, изоэлектрические точки их варьируют в широком интервале pH. Интересной особенностью обсуждаемых ферментов является наличие одного pH-оптимума в щелочной области pH при гидролизе пептидных субстратов и двух pH-оптимумов при гидролизе белковых субстратов. Факт наличия двух pH-оптимумов не получил до настоящего времени удовлетворительного объяснения, подтверждённого экспериментом. Следует обратить внимание на значительное различие в величинах  $K_m$  протеиназ патогенных стафилококков и других микроорганизмов. У протеиназ непатогенных микроорганизмов удельная активность как по белковым, так и по пептидным субстратам на порядок выше [4, 5, 9].

Глутамилэндопептидазы весьма устойчивы к действию ингибиторов. Они полностью теряют активность только в присутствии длизопропилфторфосфата – специфического ингибитора сериновых протеиназ. Другой передко используемый ингибитор сериновых протеиназ – фенилметилсульфонилфторид не оказывает влияния на активность. Для глутамилэндопептидазы BLPE [10] показано ингибирование хлорметилкетонами пептидов, такими, как Z-Leu-Glu-CH<sub>2</sub>Cl, Z-Phe-Leu-Glu-CH<sub>2</sub>Cl. Другие известные ингибиторы сериновых протеиназ, в том числе и белковые, не влияют на активность рассматриваемых ферментов. Единственный белковый ингибитор (BGIA) глутамилэндопептидазы SGPE был выделен из семян тыквы *Momordia charantia* L. [21].

Сокращения: глутамилэндопептидазы из *Staphylococcus aureus* V8 – StV8PE, *S. aureus* 92гн – St92PE, *Bacillus subtilis* – BSPE, *B. licheniformis* – BLPE, *B. intermedius* – BIPE, *Actinomyces* sp. – A. sp. PE, *Thermoactinomyces* sp. – T. sp. PE, *Streptomyces griseus* – SGPE, *S. fradiae* – SFPE, *S. thermophilus* – STPE; pNA – n-нитроанилидогруппа.

\*Факс: (7-095) 939-31-81;  
e-mail: Rudenskaya@biorg.chem.msu.su

Таблица 1. Сравнительная характеристика глутамилэндопептидаз микроорганизмов

Протеиназа	Молекулярная масса, кДа	рJ	рН-Оптимум гидролиза субстратов		Интервал стабильности рН	Температурный оптимум, °C	$K_m^*$ , мМ
			пептидных	белковых			
BIPE [15, 31]	22.768	8.4	8.0	7.5; 9.0	6.5–11.0	55; 65**	6.0
BSPE [12]	17–18	7.7	8.0	—	—	55**	—
BLPE [10]	23.567	4.8	8.0	—	4.0–10.0	51	1.8
A. sp. PE [4]	25	5.7	8.5	6.0; 9.0	6.0–10.0	55	1.1
T. sp. PE [5]	23	—	8.5	8.5	5.0–11.0	55	—
St92PE [3]	25	4.5	8.2	4.6; 8.0	5.0–10.0	40–45	10.0
StV8PE [1]	26.5	4.5	—	4.0; 7.8	3.5–9.5	45	28.4
STPE [6]	26	6.7	6.5	6.5; 8.0	6.0–10.0	55	1.25
SGPE [8]	18.336	8.4	8.8	—	5.0–8.0	—	—
SFPE [9]	18.702	8.2	—	—	4.5–9.0	—	—

\* Для реакции гидролиза Z-Glu-pNA.

\*\* В присутствии ионов  $\text{Ca}^{2+}$ .

BGIA ингибитирует SGPE с  $K_m$  70 нМ в соотношении 1 : 1. Однако на глутамилэндопептидазы StV8PE и BSPE этот ингибитор не действует; он не ингибирует также химотрипсин, трипсин, эластазу и папаин. На основании анализа первичной структуры авторы относят BGIA к семейству картофельного ингибитора химотрипсина. Показано [22], что замещение в  $P_1$  остатка Leu18 на Glu в активном центре третьего домена овомуконида индюка превращает его в эффективный ингибитор SGPE, но не StV8PE.

Глутамилэндопептидазы BLPE [10] и BSPE [13] в значительной степени теряют активность при увеличении концентрации EDTA. Это наблюдение привело авторов работы [12] к ошибочному отнесению BSPE к металлопротеиназам. Только после установления полной аминокислотной последовательности этого фермента стала очевидной его принадлежность к сериновым протеиназам.

Бациллярные глутамилэндопептидазы можно назвать Ca-зависимыми ферментами, так как их активность и стабильность в значительной степени изменяются в зависимости от концентрации ионов кальция в среде. Например, удельная активность протеиназы BIPE [15] по расщеплению Z-Glu-pNA в присутствии 5 мМ  $\text{Ca}^{2+}$  увеличивается вдвое и остается на том же уровне при дальнейшем повышении концентрации ионов кальция до 10–30 мМ. Подобными свойствами обладает BLPE [10], у которой активность при увеличении концентрации  $\text{Ca}^{2+}$  от 4 до 30 мКМ возрастает на 80% и далее не изменяется. В присутствии ионов кальция повышается устойчивость некоторых глутамилэндопептидаз к повышенным температурам [6, 10, 15].

Весьма интересен вопрос о субстратной специфичности глутамилэндопептидаз. От известных протеиназ семейства химотрипсина и субтилизина эти ферменты отличаются тем, что гидролизуют в белках пептидные связи, образованные остатками Glu и Asp. Они обладают также эстеразной и амидазной активностью. Связи, образованные остатками глутамина и аспарагина, не гидролизуются [23]. Не расщепляются также пептиды, у которых  $\omega$ -карбоксильные группы боковых цепей этерифицированы.

Из табл. 2 видно, что глутамилэндопептидазы гораздо быстрее расщепляют связи глутаминовой кислоты, чем аспарагиновой, причем скорости могут различаться на 2 порядка. При уменьшении времени реакции можно осуществить гидролиз только по остаткам глутаминовой кислоты.

Таблица 2. Относительная скорость (%) гидролиза субстратов глутамилэндопептидазами

Субстрат*	BLPE [11]	StV8PE [11]	SFPE [9]	BIPE [14, 15]	BSPE [12]
AcE-pNA	100	100	—	—	—
AcD-pNA	0.5	1.3	—	—	—
BocAAE-pNA	100	100	100	—	—
BocAAD-pNA	0.8	2.5	11.4	—	—
BocAAPF-pNA	—	—	—	—	100
BocAAPD-pNA	—	—	—	—	0
RKE-VY	—	—	—	100	—
RKD-VY	—	—	—	5.6	—

\* Дефисом обозначена гидролизуемая связь.



Рис. 1. Гидролиз пептидных субстратов глутамилэндопептидазами.

Другим необычным свойством глутамилэндопептидаз является зависимость скорости гидролиза субстратов от природы аниона в буферном растворе. В присутствии карбонат- или ацетатионов скорость гидролиза Z-Glu-pNA уменьшается втрое [4, 6]. Чрезвычайно интересным, но трудно объяснимым представляется факт влияния ионов буфера, в котором проводится гидролиз, на специфичность фермента. Было показано, что в ацетатно-аммонийном (рН 4.0) или карбонатно-аммонийном (рН 7.8) буферах идет гидролиз только по связям глутаминовой кислоты, в то время как в фосфатном буфере (рН 7.8) гидролизуются связи как глутаминовой, так и аспарагиновой кислот [1, 23–25].

Рассмотрим другие особенности гидролиза пептидов и белков глутамилэндопептидазами (рис. 1). Так, в окисленных А- и В-цепях инсулина обнаруживается гидролиз связей не только глутаминовой кислоты, но и цистeinовой. Хорошо гидролизуются связи, образованные аспарагиновой кислотой в глюкагоне. На примере гидролиза пентагастрина показано, что ферменты могут расщеплять только внутренние пептидные связи. Гидролизу N-концевой связи Asp<sup>1</sup>-Tyr<sup>2</sup> мешает наличие заряда свободной α-аминогруппы. Присутствие рядом с расщепляемой связью свободной α-карбоксильной группы также препятствует гидролизу. В парвальбумине щуки [6] не гидролизуется связь между остатком Glu108 и С-концевым остатком аланина, а также блок из четырех остатков Glu. Надо отметить, что гидролиз этого белка был проведен в буфере с трифтормаслят-анионом, и связи, образованные аспарагиновой кислотой, не гидролизовались даже за 24 ч.

В большом количестве работ отмечается также отсутствие гидролиза стафилококковой протеиназой связей Glu-Glu, Glu-Asp, Asp-Glu, Asp-Asp, т.е. связей, у которых в потенциальном положении  $P_1'$  находится кислый остаток [23–26]. Так, во всех случаях и в любых буферах не проходит гидролиз связей Glu-Pro и Asp-Pro, а также связей с карбоксиметилцистеином [24–28]. Наличие объемного гидрофобного или основного остатка в этом положении существенно замедляет гидролиз связей, образованных как глутаминовой, так и аспарагиновой кислотами [28]. Роль аминокислотных остатков в положении  $P_2$  продемонстрирована для ферментов BLPE и StV8PE [11] на серии субстратов Z-пептидил-Glu-pNA. Наиболее предпочтительным для этих ферментов оказался пептид с лейцином в положении  $P_2$ .

В настоящее время определены полные последовательности аминокислот только для шести известных глутамилэндопептидаз: StV8PE [29], BSPE [12], BLPE [10, 11], SGPE [30], SFPE [9] и BIPE [31]. Сравнение первичных структур глутамилэндопептидаз, продуцируемых стрептомицетами [9], показало, что степень подобия между SFPE и SGPE составляет 82%, тогда как с бациллярной BLPE – всего 25%. Сопоставление аминокислотных последовательностей BIPE [31] и других глутамилэндопептидаз бацилл проводилось при совмещении существенно важных аминокислотных остатков. Наибольшее сходство (38 и 35%) обнаруживается с BLPE и BSPE соответственно. Совпадения для BIPE с StV8PE составляют только 21%, при этом не учитывалась необычная С-концевая часть молекулы стафилококковой протеиназы, состоящая основным из остатков пролина, аспарагина и аспарагиновой кислоты. Инвариантными для всех известных глутамилэндопептидаз, включая ферменты стрептомицетов, являются аминокислоты, соответствующие триаде активного центра сериновых протеиназ, а также Gly193 – остаток, обеспечивающий формирование оксианионной впадины, и остаток Gly196 (нумерация по последовательности химотрипсина), необходимый для правильной ориентации серина активного центра. Кроме того, обнаружены остатки, эквивалентные His168 и Gly170 (213-й и 216-й а.о. в молекуле химотрипсина соответственно) в SGPE (рис. 2).

В последнее время были проведены интересные исследования, посвященные решению двух главных проблем – доказательству принадлежности глутамилэндопептидаз к семейству химотрипсина и изучению особенностей строения зоны связывания субстрата у этих ферментов. Основные работы в этом направлении были проведены на примере наиболее изученного фермента SGPE из коммерческого препарата проназы. Как известно, проназа содержит различные протеолити-

	154		168	171		183
SGPE	CSAGGDGGA * * *	HFAG-----	---SVALGIH	S-GSSGCGST	-AGSAIHL	
SFPE	CSAGGDGGA * * *	HFAG-----	---SVALGIH	S-GSSGCGST	N-GSAIHL	
BIPE	DTESGNSGSA * * *	VLDQNQQI	----VGVII	NAGYSNGTI	NAGGPKA	
BLPE	DTYGGQSGSP * * *	VI-EQSSRTN	CSGPCSLAVH	TNGVYGGSSY	NRGTRIT	
BSPE	DTYGCQSGSP * * *	VYRNYSDT	--GQTAIAIH	TNG---GSSY	NLGTRVT	
S1V8PE	STTGGNSGSP * * *	VFNEKNEV	----IGIH	WGGVPNEF	N-GAVFI	
Химотрипсин	SSCMGDGSP 	LVCKKNGA	---WTLVGIV	SWGSSTCSTS	TPGVYAL	
	190	195		213	217	230

Рис. 2. Сравнение участков последовательностей глутамилэндопептидаз и химотрипсина, включающих остаток Ser активного центра и зоны связывания субстрата. Звездочкой отмечены совпадающие аминокислоты. Цифры соответствуют нумерации остатков в последовательности SGPE (вверху) и химотрипсина (внизу). Подчеркнута "триада гистидинов" у SGPE и SFPE.

ческие ферменты, в том числе и химотрипсиноподобные SGPA и SGPB, первичные и третичные структуры которых уже известны [32, 33]. В работе [30] было показано, что степень подобия первичных структур SGPE и SGPA составляет 59%, а SGPE и SGPB – 56%. На основании сходства первичных структур и известной кристаллической структуры SGPA была предложена модель третичной структуры SGPE [34]. Оказалось, что сравниваемые ферменты обладают характерной для химотрипсиноподобных протеиназ укладкой полипептидной цепи. Главное отличие наблюдалось в сайте  $S_1$  зоны связывания субстрата. Было показано, что остатка His213\* может образовать одну или несколько водородных связей с глутаминовой кислотой в положении  $P_1$ . Определенную роль в образовании наиболее существенных водородных связей играют гидроксильные группы остатков Ser190 и Ser217. Для компенсации отрицательного заряда субстрата важен также Lys138.

Китадокоро с сотр. [35] установили третичную структуру химотрипсиноподобной эндопептидазы из *Streptomyces fradiae* (S-Fase 2). На основании полученных данных и 57%-ной гомологии первичных структур авторами была сделана попытка предсказать третичную структуру глутамилэндопептидазы S-Fase 1 (SFPE). В этой же работе проводились также сравнения с третичными структурами SGPA и SGPB. Оказалось, что окрестности фрагментов активного центра у всех этих ферментов гомологичны. Основное отличие обнаруживается в строении зон связывания субстрата. У ферментов, специфичных к кислым аминокислотам, в районе Ser154 (нумерация по SGPE) находятся три положительно заряженных остатка гистидина (рис. 2), которые, возможно, способ-

ствуют нейтрализации отрицательно заряженных остатков Glu и Asp.

Третичная структура комплекса протеиназы SGPE с продуктом гидролиза субстрата Bos-Ala-Ala-Pro-Glu-OH, связанным в активном центре, была впервые получена в работе [36]. Рентгеноструктурный анализ подтвердил предположение о том, что компоненты активного центра His57, Asp102 и Ser195 и общая укладка полипептидной цепи гомологичны для SGPE и панкреатических сериновых протеиназ. Идентифицированы остатки, важные для специфичности SGPE: His213, Ser190 и Ser217. Гипотеза о необходимости для связывания субстрата остатков His199 и His230 [36] оказалась несостоятельной.

Для выявления роли важных для активности SGPE аминокислотных остатков были получены мутантные белки [37]. Замещение остатков активного центра His57, Asp102 и Ser195 оказалось существенным для секреции и продукции активного ферmenta. Замещение Ser190 и His213 на любые другие аминокислоты предотвращало образование зрелого ферmenta, что указывает на важность этих остатков для активации SGPE и для узнавания остатка Glu в субстрате. Остаток Ser217 оказался менее существенным для узнавания субстрата и, возможно, необходим для стабилизации структуры. Исследовалась роль триады гистидинов. Мутанты по His230 не теряли катализической активности и не изменяли субстратную специфичность. Замещение His230 остатком Ala привело к 300-кратному возрастанию величины  $k_{cat}/K_m$  для субстратов с аспарагиновой кислотой. Катализические параметры для субстратов с глутаминовой кислотой оказались такими же, как у дикого типа. Остаток His199 оказался важным для правильной ориентации второго гистидина (His213).

Таким образом, метод направленного мутагенеза не подтвердил необходимость триады гисти-

\*Здесь и далее, если особо не указано, нумерация аминокислотных остатков соответствует нумерации аминокислотных остатков в последовательности химотрипсина.

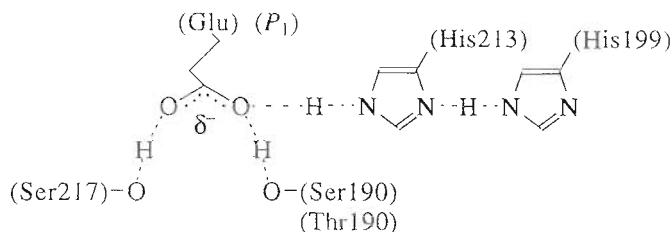


Рис. 3. Предполагаемый механизм связывания субстрата глутамилэндопептидазами. Цифры соответствуют нумерации остатков химотрипсина.

динов для эффективного связывания субстратов глутамилэндопептидазами. В связи с этим авторы работы [37] предложили другую модель связывания остатка глутаминовой кислоты субстрата (рис. 3), которая объясняет возможность компенсации отрицательного заряда субстрата участием в процессе связывания двух остатков серина. Предложенная схема также не может претендовать на универсальность, так как у бациллярных глутамилэндопептидаз остатки серина в соответствующих местах полипептидных цепей отсутствуют (рис. 2). Однако у бациллярных глутамилэндопептидаз наблюдается консервативная замена Ser190 на Thr (рис. 2), который, возможно, способен выполнять ту же функцию, что и у протеиназ стрептомицетов.

Таким образом, на основании сравнения известных первичных и пространственных структур глутамилэндопептидаз и химотрипсиноподобных ферментов близкородственных микроорганизмов можно сделать вывод о принадлежности глутамилэндопептидаз ферментов к особому подсемейству сериновых протеиназ, относящемуся к семейству химотрипсина, но вопрос о механизме связывания субстрата окончательно не решен.

Работа выполнена при финансовой поддержке Российского фонда фундаментальных исследований (грант № 97-04-50-162).

#### СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Drapeau G.R., Boily Y., Houmar J. // J. Biol. Chem. 1972. V. 247. P. 6720–6726.
2. Yoshikawa K., Tsusuki H., Fujiwara T., Nakamura E., Iwamoto H., Matsumoto K., Shin M., Yoshida N., Teraoka H. // Biochim. Biophys. Acta. 1992. V. 1221. P. 221–228.
3. Беляева Е.В., Руденская Г.Н., Степанов В.М., Дегтева Г.К. // Прикл. биохимия и микробиология. 1984. Т. 20. С. 363–368.
4. Мосолова О.В., Руденская Г.Н., Степанов В.М., Ходова О.М., Цаплина И.А. // Биохимия. 1987. Т. 52. С. 414–422.
5. Демидюк И.В., Носовская Е.А., Цаплина И.А., Каравайко Г.И., Костров С.В. // Биохимия. 1997. Т. 62. С. 202–207.
6. Хайдарова Н.В., Руденская Г.Н., Ревина Л.П., Степанов В.М., Егоров Н.С. // Биохимия. 1989. Т. 54. С. 46–52.
7. Ревина Л.П., Хайдарова Н.В., Руденская Г.Н., Гребенщикова Н.И., Баратова Л.А., Степанов В.М. // Биохимия. 1989. Т. 54. С. 846–850.
8. Yochida N., Tsuruyama S., Nagata K., Hirayama K., Noda K., Makisumi S. // J. Biochem. 1988. V. 104. P. 451–456.
9. Kitadokoro K., Nakamura E., Tamaki M., Horii T., Okamoto H., Shin M., Sato T., Fujiwara T., Tsuzuki H., Yoshida N., Teraoka H. // Biochim. Biophys. Acta. 1993. V. 1163. P. 149–157.
10. Svendsen I., Breddam K. // Eur. J. Biochem. 1992. V. 204. P. 165–171.
11. Kakudo S., Kikuchi N., Kitadokoro K., Fujiwara T., Nakamura E., Okamoto H., Shin M., Takami M., Teraoka H., Tsuzuki H., Yoshida N. // J. Biol. Chem. 1992. V. 267. P. 23782–23788.
12. Sloma A., Rudolph C.F., Rufo G.A., Sullivan B.J., Theriault K.A., Ally D., Pero J. // J. Bacteriol. 1992. V. 172. P. 1024–1029.
13. Niidome T., Yoshida N., Ogata F., Ito A., Noda K. // J. Biochem. 1990. V. 108. P. 965–970.
14. Leshchinskaya I.B., Shakirov E.V., Itskovich E.L., Balaban N.P., Mardanova A.M., Sharipova M.R., Viryasov M.B., Rudenskaya G.N., Stepanov V.M. // FEBS Lett. 1997. V. 404. P. 241–244.
15. Лецинская И.Б., Шакиров Е.В., Ицкович Е.Л., Балабан Н.П., Марданова А.М., Шарипова М.Р., Благова Е.В., Левдиков В.М., Куранова И.П., Руденская Г.Н., Степанов В.М. // Биохимия. 1997. Т. 62. С. 1052–1059.
16. Сурова И.А., Ревина Л.П., Яненис В.В., Колесникова Л.А., Степанов В.М. // Биоорган. химия. 1994. Т. 20. С. 1310–1326.
17. Elliot B.W., Cochen J., Cochen C. // J. Biol. Chem. 1988. V. 264. P. 11256–11259.
18. Akhkeruzzman M., Sumio T., Hong J., Hisoshe M. // Biochim. Biophys. Acta. 1988. V. 955. P. 77–85.
19. Widmer F., Bayne S., Hougen G., Moss B.A., Rigby B.A., Whittaker R.G., Johannsen J.T. // Peptides. 1984 / Ed. U. Ragnarsson. Stockholm: Almqvist & Wiksell, 1984. P. 193–200.

20. Schuster M., Aaviksaar A., Stepanov V.M., Rudenskaya G.N., Jakubke H.D. // Biomed. Biochim. Acta. 1991. V. 50. P. 139–143.
21. Ogata F., Miyata T., Fujii N., Yoshida N., Noda K., Makisumi S., Ito A. // J. Biol. Chem. 1991. V. 266. P. 16715–16721.
22. Komiyama T., Bigler T., Yoshida N., Noda K., Laskowski M., Jr. // J. Biol. Chem. 1991. V. 266. P. 10727–10730.
23. Houmard J., Drapeau G.R. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1972. V. 69. P. 3506–3509.
24. Drapeau G.R. // Methods Enzymol. 1976. V. 45. P. 469–475.
25. Ryden A.C., Ryden L. // Eur. J. Biochem. 1974. V. 44. P. 105–114.
26. Drapeau G.R. // Methods Enzymol. 1977. V. 47 (E). P. 181–191.
27. Deibler G.E., Nomura K., Kies M.N. // J. Neurochem. 1982. V. 39. P. 1090–1100.
28. Bogardt B.A., Dwulet F.E., Jr., Lehman L.D., Jones B.N., Gurd F.R.N. // Biochemistry. 1976. V. 14. P. 2597–2580.
29. Carmona C., Cray G.L. // Nucleic Acids Res. 1987. V. 15. P. 6757.
30. Svendsen I., Jensen M.R., Breddam K. // FEBS Lett. 1991. V. 292. P. 165–167.
31. Rebricov D.V., Akimkina T.V., Shevelev A.B., Demidyuk I.V., Bushueva A.M., Kostrov S.V., Chestukhina G.G., Stepanov V.M. // J. Bacteriol. In press.
32. Barbosa J.A.R.G., Garratt R.C., Saldanha J.W. // FEBS Lett. 1993. V. 324. P. 45–50.
33. Kitadokoro K., Tsuzuki H., Okamoto H., Sato T. // Eur. J. Biochem. 1994. V. 224. P. 735–742.
34. Sielecki A.R., Hendrickson W.A., Broughton C.G., Delbaere L.T., Brayer G.D., James M.N. // J. Mol. Biol. 1979. V. 134. P. 781–804.
35. Kitadokoro K., Tsuzuki H., Nakamura E., Sato T., Teraoka H. // Eur. J. Biochem. 1994. V. 220. P. 55–61.
36. Nienaber V.L., Breddam K., Birktoft J.J. // Biochemistry. 1993. V. 32. P. 11469–11475.
37. Stennicke H.R., Birktoft J.J., Breddam K. // Protein Sci. 1996. V. 5. P. 2266–2275.

## Glutamylendopeptidases from Microorganisms, a New Subfamily of Chymotrypsin Proteases

G. N. Rudenskaya

*Chemistry Department, Moscow State University, Vorob'evy gory, Moscow, 119899 Russia*

The physicochemical, enzymic, and structural characteristics of known glutamylendopeptidases of microbial origin that specifically cleave the bonds formed by glutamic and aspartic acids in proteins and peptides are reviewed.

**Key words:** glutamylendopeptidases, substrate specificity, molecular properties