



УДК 547.962

ПЕРВИЧНАЯ СТРУКТУРА БЕЛКА L10
ИЗ РИБОСОМ *E. COLI* MRE-600Довгас Н. В., Винокуров Л. М., Вельмога И. С.,
Алахов Ю. В., Овчинников Ю. А.*Институт белка Академии наук СССР, г. Пушкино, Московская область*

В развитие наших исследований по изучению структуры рибосомальных белков [1—3] мы предприняли выяснение первичной структуры белка L10, существенного для связывания 50S-субъединицей рибосомы белков L7 и L12 [4].

Белок L10 имеет M 19 000 [5], не содержит остатков триптофана. Для него определен следующий аминокислотный состав (молярные %) [6]: Asp — 7,2; Thr — 6,0; Ser — 4,7; Glu — 11,8; Pro — 2,8; Gly — 6,9; Ala — 17,6; Val — 9,5; Met — 2,8; Ile — 3,4; Leu — 8,1; Tyr — 1,8; Phe — 3,3; His — 0,8; Lys — 6,8; Arg — 6,7.

Нами установлено, что N- и C-концевыми остатками белка является аланин. При исследовании тритического гидролизата белка L10 выделено 25 пептидов (Т), а также свободные лизин и аргинин.

На целой молекуле белка автоматическим методом Эдмана установлена последовательность аминокислотных остатков до положения 37, что дало возможность соединить в одну полипептидную цепь триптические пептиды Т-1 — Т-5.

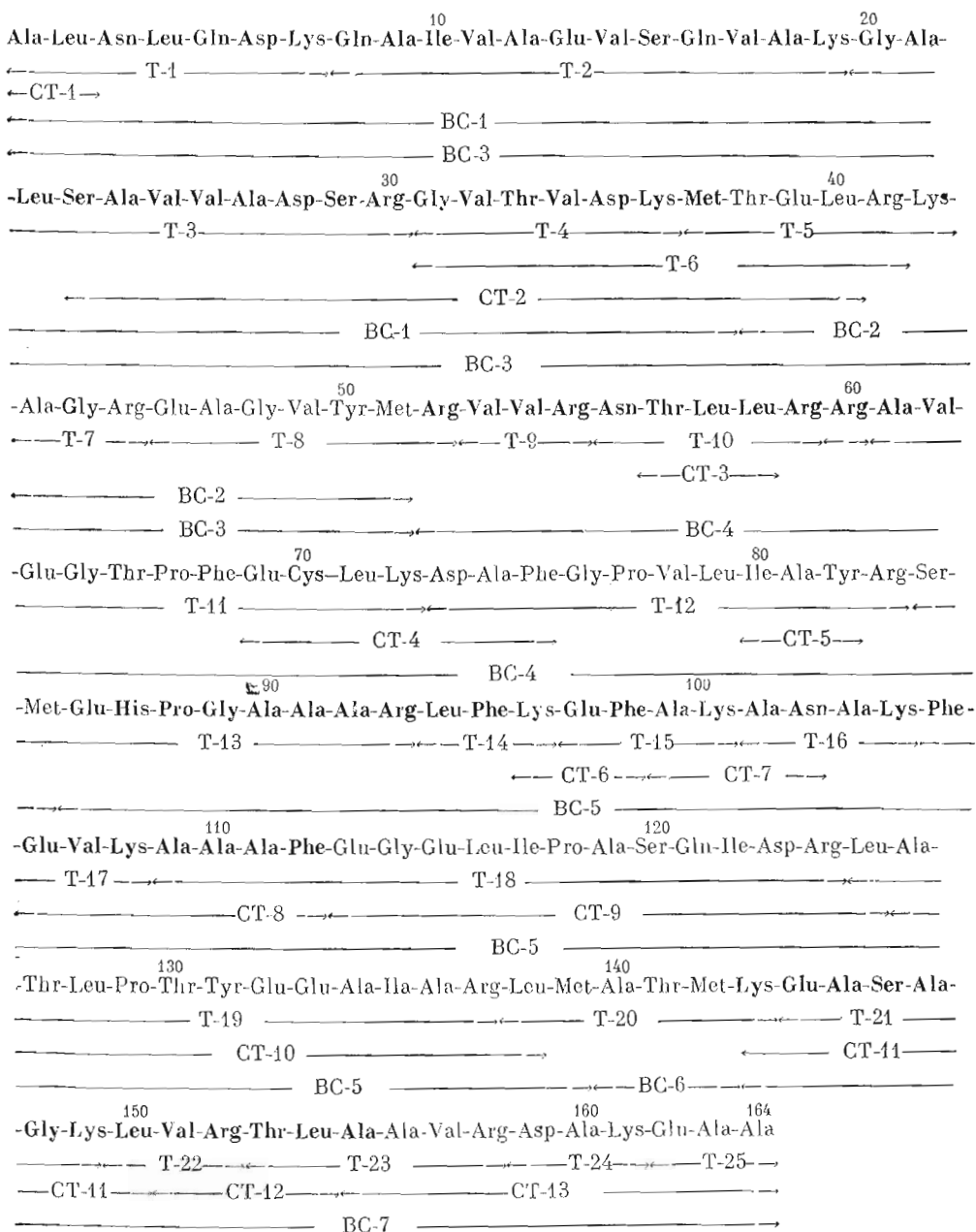
С целью получения больших фрагментов проведено расщепление белка по остаткам метионина бромцианом. Получено семь фрагментов (BC). Исследование их структуры позволило соединить в одну полипептидную цепь следующие триптические фрагменты: Т-5 — Т-11; а также Т-13 — Т-18 и, наконец, пептиды Т-20 — Т-23.

При гидролизе белка химотрипсином выделено 13 пептидов (СТ), часть из которых перекрывали триптические пептиды, в частности Т-11 и Т-12, а также Т-19 — Т-25.

Для подтверждения перекрытий в положениях 83—84 и 137—138 проведено расщепление пептида BC-4 и смеси пептидов BC-3 и BC-5 N-бромсукцинимидом по остаткам тирозина. В первом случае выделен трипептид Arg-Ser-Hse, во втором — Glu-Glu-Ala-Ile-Ala-Arg-Leu-Hse, что подтвердило предполагаемую структуру белка.

Таким образом, в результате исследования структуры пептидов, выделенных после расщепления молекулы белка или его фрагментов трипсином, химотрипсином, бромцианом и N-бромсукцинимидом, установлена полная аминокислотная последовательность белка L10.

Точный молекулярный вес белка равен 17 402, полипептидная цепь состоит из 164 аминокислотных остатков и имеет следующий аминокислотный состав: Asp₆, Asn₃, Thr₈, Ser₆, Glu₁₄, Gln₄, Pro₅, Gly₉, Ala₃₃, Cys₁, Val₁₄, Met₅, Ile₅, Leu₁₄, Tyr₃, Phe₆, His₁, Lys₁₂, Arg₁₃.



Жирным шрифтом выделены остатки аминокислот, последовательность которых определена автоматическим методом Эдмана.

ЛИТЕРАТУРА

1. Алахов Ю. Б., Медникова Т. А., Мотуз Л. П., Маркова Л. Ф., Довгас Н. В., Кашпаров И. А., Овчинников Ю. А. (1975) Биоорг. химия, 1, 581—587.
2. Dvlgas N. V., Markova L. F., Mednikova T. A., Vinokurov L. M., Alakhov Yu. B., Ovchinnikov Yu. A. (1975) FEBS Lett., 53, 351—354.
3. Алахов Ю. Б., Винокуров Л. М., Довгас Н. В., Маркова Л. Ф., Медникова Т. А., Мотуз Л. П., Кашпаров И. А., Овчинников Ю. А. (1976) Биоорг. химия, 2, 5—18.
4. Schrier P. I., Maassen J. A., Möller W. (1973) Biochem. and Biophys. Res. Commun., 53, 90—98.
5. Dzionara M., Kaltschmidt E., Wittmann H. G., (1970) Proc. Nat. Acad. Sci. USA, 67, 1909—1913.
6. Kaltschmidt E., Dzionara M., Wittmann H. G. (1970) Mol. and Gen. Geat., 109, 292—297.

Поступила в редакцию 12.II.1976