



УДК 547.96.02

ПЕРВИЧНАЯ СТРУКТУРА БАКТЕРИОРОДОПСИНА

Овчинников Ю. А., Абдулаев Н. Г., Фейгина М. Ю.,
Киселев А. В., Лобанов Н. А., Назимов И. В.

Институт биоорганической химии им. М. М. Шемякина
Академии наук СССР, Москва

В предыдущем сообщении [1] нами была опубликована частичная структура бактериородопсина — единственного белкового компонента пурпурных мембран бактерий *Halobacterium halobium*. Была установлена аминокислотная последовательность 144 аминокислотных остатков N-концевой и 84 — С-концевой области молекулы белка. Оставалась невыясненной аминокислотная последовательность участка молекулы между Met-144 и Ala-159 (схема); наряду с этим необходимо было также подтвердить строение участков цепи белка в районе Val-136 и Asn-175.

В настоящей работе приведена полная аминокислотная последовательность бактериородопсина.

Как следовало из данных по аминокислотному составу белка, полученных различными авторами [2—4], бактериородопсин содержит 8 остатков Met. Ранее при расщеплении белка по остаткам Met бромцианом мы идентифицировали 9 фрагментов, 7 из которых были выделены в гомогенном состоянии, а два крупных фрагмента — в виде их смеси. Выделение из триптического гидролизата белка пептида Ala-Glu-Ser-Met-Arg-Pro-Glu-Val-Ala-Ser-Thr-Phe-Lys (159—171) выявило наличие 9-го остатка Met. При более тщательном анализе бромциановых фрагментов удалось выделить с незначительным выходом в смеси с пептидом (1—20) пептид 145—162, имеющий в качестве N-концевой аминокислоты Ser. Незначительный выход этого пептида объясняется, по-видимому, малым процентом расщепления связи Met-Ser и трудностью выделения пептида с высоким содержанием ароматических аминокислот (3 Phe, 2 Tyr).

N-Концевая последовательность пептида 145—162 (Ser-Tyr-Ile-Leu-Tyr-Val-Leu-Phe-Phe-) была установлена непосредственно на смеси с N-концевым фрагментом. Дальнейшую информацию о его структуре удалось получить при определении N-концевой последовательности пептида 150—181, выделенного в результате расщепления бактериородопсина бромсукцинимидом по остаткам Tyr и Trp.

При триптическом гидролизе пептида 150—181 был выделен его С-концевой фрагмент: Asn-Val-Thr-Val-Val-Leu-Trp. Это позволило уточнить строение участка цепи бактериородопсина в районе Asn-175.

Полная аминокислотная последовательность бактериородопсина

<Glu-Ala-Gln-Ile-Thr-Gly-Arg-Pro-Glu-Trp-Ile-Trp-Leu-Ala-Leu-Gly-Thr-Ala-Leu-Met²⁰
 Gly-Leu-Gly-Thr-Leu-Tyr-Phe-Leu-Val-Lys-Gly-Met-Gly-Val-Ser-Asp-Pro-Asp-Ala-Lys⁴⁰
 Lys-Phe-Tyr-Ala-Ile-Thr-Thr-Leu-Val-Pro-Ala-Ile-Ala-Phe-Thr-Met-Tyr-Leu-Ser-Met⁶⁰
 Leu-Leu-Gly-Tyr-Gly-Leu-Thr-Met-Val-Pro-Phe-Gly-Gly-Glu-Gln-Asn-Pro-Ile-Tyr-Trp⁸⁰
 Ala-Arg-Tyr-Ala-Asp-Trp-Leu-Phe-Thr-Thr-Pro-Leu-Leu-Leu-Leu-Asp-Leu-Ala-Leu-Leu¹⁰⁰
 Val-Asp-Ala-Asp-Glu-Gly-Thr-Ile-Leu-Ala-Ile-Val-Gly-Ala-Asp-Gly-Leu-Met-Ile-Gly¹²⁰
 Thr-Gly-Leu-Val-Gly-Ala-Leu-Thr-Lys-Val-Tyr-Ser-Tyr-Arg-Phe-Val-Trp-Ala-Ile-Ser¹⁴⁰
 Thr-Ala-Ala-Met-Ser-Tyr-Ile-Leu-Tyr-Val-Leu-Phe-Phe-Gly-Phe-Thr-Ser-Lys-Ala-Glu¹⁶⁰
 Ser-Met-Arg-Pro-Glu-Val-Ala-Ser-Thr-Phe-Lys-Val-Leu-Arg-Asn-Val-Thr-Val-Val-Leu¹⁸⁰
 Trp-Ser-Ala-Tyr-Pro-Val-Val-Trp-Leu-Ile-Gly-Ser-Glu-Gly-Ala-Gly-Ile-Val-Pro-Leu²⁰⁰
 Asn-Ile-Glu-Thr-Ala-Leu-Phe-Met-Val-Leu-Asp-Val-Ser-Ala-Lys-Val-Gly-Phe-Gly-Leu²²⁰
 Ile-Leu-Leu-Arg-Ser-Arg-Ala-Ile-Phe-Gly-Glu-Ala-Glu-Ala-Pro-Glu-Pro-Ser-Ala-Gly²⁴⁰
 Asp-Gly-Ala-Ala-Ala-Thr-Ser

Приведенная ранее структура полипептидной цепи в районе Val-136 подтверждена.

Таким образом, в результате проведенных исследований была установлена полная аминокислотная последовательность бактериородопсина, приведенная на схеме. Молекула белка состоит из 247 (M 26 534) аминокислотных остатков и имеет следующий аминокислотный состав: Asp 9; Asn 3; Thr 18; Ser 14; Glu 10; Gln 2; Pro 11; Gly 25; Ala 30; Val 21; Met 9; Ile 15; Leu 34; Tyr 11; Phe 13; Trp 7; Lys 7; Arg 7; < Glu 1.

ЛИТЕРАТУРА

1. Овчинников Ю. А., Абдулаев Н. Г., Фейгина М. Ю., Киселев А. В., Лобанов Н. А., Назимов И. В. (1978) Биорган. химия, 4, 979—981.
2. Oesterhelt D., Stoerkenius W. (1971) Nature New Biol., 233, 149—152.
3. Bridgen J., Walker I. (1976) Biochemistry, 15, 792—796.
4. Keefer L. M., Bradshaw R. A. (1977) Fed. Proc., 36, 1799—1804.

Поступило в редакцию
29.VIII.1978.

THE AMINO ACID SEQUENCE OF BACTERIORHODOPSIN

OVCHEVNIKOV Yu. A., ABDULAEV N. G., FEIGINA M. Yu.,
KISELEV A. V., LOBANOV N. A., NASIMOV I. V.

*M. M. Shemyakin Institute of Bioorganic Chemistry,
Academy of Sciences of the USSR, Moscow*

The complete amino acid sequence of bacteriorhodopsin was elucidated. The protein consists of 247 amino acid residues and its molecular weight is 26534.