

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

**Локализация участка в составе коилина основного белка телец Кахаля,
взаимодействующего с белками вирусов растений**

Мукосей Ирина Сергеевна

Студент

Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: irina_irbis@bk.ru

Коилин является основным структурным компонентом телец Кахаля (ТК), субъядерных структур, которые обнаруживаются в ядрах клеток эукариот. ТК физически и функционально связаны с ядрышками и принимают участие в процессах сборки, модификации и транспорта ряда РНК-белковых комплексов. Предполагается, что наряду с ядрышками, ТК участвуют в регуляции клеточного цикла и развития, а также в ответе на стресс различного происхождения. Показано, что коилин взаимодействует с множеством партнеров, в том числе с РНК, ДНК и разнообразными белками, включая SMN, Sm и Ku-белки. Известно, что ядро и ядрышко играют важную роль в процессе инфекции вирусами клеток человека, животных и растений. Роль ТК в этих процессах остается мало изученной. Предварительные данные, полученные на трансгенных растениях с «выключенным» геном коилина, показали, что отсутствие коилина драматически влияет на характер вирусной инфекции (Taliensky, неопубликованные результаты).

В данной работе изучены особенности структуры коилина из растений *Arabidopsis thaliana* (Аткоилин) и его функции как предполагаемого белка-адаптора при взаимодействии с белками вирусов растений. С помощью биоинформатических сервисов FoldIndex, Disopred и SCRATCH в составе коилина выделены как минимум три структурных домена: N-концевой упорядоченный домен (NOD), содержащий 117 а.к. остатков, центральный неупорядоченный домен (IDD), включающий а.к. остатки с 117 по 350, и C-концевой домен, вероятно содержащий Тюдор-подобную укладку и неупорядоченный C-конец (CTD). Анализ вторичной и третичной структуры рекомбинантных белков, соответствующих предсказанным доменам, с помощью методов кругового дихроизма и триптофановой флуоресценции подтвердил сделанные предположения. С помощью метода Фар-Вестерн блоттинга показано, что рекомбинантный Аткоилин способен взаимодействовать с неструктурным транспортным белком ТБГ1 гордевируса и неструктурным белком 16К тобравируса, супрессором посттранскрипционного умолкания генов. Участок взаимодействия между вирусными белками и коилином локализован с использованием серии делеционных и точечных мутантов коилина и в случае обоих вирусных белков расположен в центральном неупорядоченном домене в районе, содержащем двучастный сигнал ядерной локализации (NLS2). Важно отметить, что этот участок не перекрывается с известными участками взаимодействия коилина с клеточными белками. Взаимодействие вирусного белка и коилина *in vitro* сопровождается формированием структур, сходных по форме и размерам с тельцами Кахаля.

Работа выполнена при поддержке гранта РФФИ.

Слова благодарности

Выражаю благодарность за помощь в работе Макарову В. В.