

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ОСНОВНОГО БІЛКА КАПСИДА ФАГА 49

Златогурська М.А.¹, Хлібійчук Ю.В.², Романюк Л.В.³, Товкач Ф.І.³

¹ Одеський національний університет ім. І.І. Мечникова,
вул. Дворянська 2, Одеса, 65082, Україна

² ННЦ «Інститут біології та медицини» Київського національного університету
ім. Тараса Шевченка, вул. Володимирська, 64/13, Київ, 01601, Україна

³ Інститут мікробіології та вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України,
вул. Академіка Заболотного, 154, Київ, 03143, Україна
E-mail: zlatohurska@gmail.com

Секвенування геному – один із основних методів дослідження генетики організмів, в тому числі і вірусів бактерій. Однак, в той час, як послідовності фагових геномів приводяться хіба що не сотнями, невпинно зростає розрив між послідовностями анотованих генів та їх функціональною характеристикою. Так як більшість методів функціонального аналізу базуються на пошуку нуклеотидної та амінокислотної гомології, до 70% відсотків анотованих фагових генів депоновано в публічних базах даних як «гіпотетичні білки» з невідомими функціями. Особливо проблемною є ідентифікація білків унікальних бактеріофагів в силу незначної гомології з відомими вірусами прокариот.

Метою даної роботи була встановити відповідність між геном основного білка головки ервініофага 49 та його генним продуктом.

В роботі були використані три типи фаголізатів, що містили нативні віріони(I), фагові частки, зруйновані в градієнті CsCl (II), а також отримані в результаті абортівної інфекції (III).

Аналіз електрофореграм білкових профілів нативних та зруйнованих вірусних часток дозволив встановити, що поліпептид з молекулярною масою 32 кДа значно превалює у порівнянні з рештою структурних білків. Однак для віріонів, отриманих в результаті абортівної інфекції, мажорним був поліпептид молекулярною масою близько 34 кДа.

Згідно даним *геномного* аналізу, серед пізніх генів фага 49 лише ORF 4, що кодує поліпептид з молекулярною масою 33,7 кДа, може відповідати мажорному білку, виявленому за допомогою SDS-PAGE. Пошук гомології серед, наявних в базах даних, амінокислотних послідовностей підтвердив, що продукт ORF 4 має відношення до морфогенезу головки бактеріофага.

Деяка невідповідність між розмірами, встановленими *in silico* і електрофорезом, може свідчити про наявність пост трансляційної модифікації чи протеолізу поліпептида. Дане припущення підтверджується тим фактом, що білок з молекулярною масою 34 кДа превалював у віріонів, отриманих за абортівної інфекції. Електронна мікроскопія виявила, що для препаратів такого типу характерним є надлишок незрілих капсидних структур. Крім того, слід зазначити, що похибка в розрахунках молекулярної маси методом SDS-PAGE може складати до 2 кДа.

Таким чином, gp4 ідентифіковано як основний білок головки бактеріофага 49. Подальше функціональне дослідження структурних білків віріона передбачається здійснити за допомогою протеомного аналізу.