

№

# АНАЛИЗ ВТОРИЧНОЙ И ТРЕТИЧНОЙ СТРУКТУРЫ БЕЛКА P4 МИКОВИРУСА *PENICILLIUM CHRYSOGENUM*

ANALYSIS OF SECONDARY AND TERTIARY STRUCTURE OF P4-PROTEIN FROM  
*PENICILLIUM CHRYSOGENUM* – MYCOVIRUS

ФГБОУ ВО СЗГМУ  
им. И.И. Мечникова  
Минздрава России,  
Санкт-Петербург

NWSMU  
n.a. I.I Mechnikov

Потапова А.В.<sup>1</sup>, Бузмакова А.Л.<sup>1</sup>, студенты  
Научный руководитель : Рябинин И.А.<sup>2</sup>

Potapova A.V., Buzmakova A.L., , students.  
Scientific supervisor: Ryabinin I.A.



1 – Лечебный факультет; 2 – НИИ медицинской микологии им. П.Н. Кашкина; кафедра медицинской микробиологии

## Цель исследования

**Цель исследования** — выполнить реконструкцию третичной структуры белка P4 из хризовируса (миковируса) *P. chrysogenum* и определить ее свойства.

## Материалы и методы исследования

Для анализа использовали последовательность белка P4 № Q8JVB9, включающую 847 аминокислотных остатков. Поиск и анализ последовательности провели с использованием баз данных ViralZone, UniProtKB, PDBsum и редактора Swiss-Model.

## Результаты исследования

Наиболее близкими с анализируемой последовательностью по показателям структурного сходства (GMQE=0,06; QMEAN4=-3,83 — -3,87) белками-«шаблонами» оказались человеческая убиквитин-тиоэстераза (гомодимер) и РНК-зависимая РНК-полимераза (мономер) вируса крымской геморрагической лихорадки. Обращает внимание, что оба модельных белка перекрывают анализируемый белок на небольшом протяжении. Вторичная структура белка P4 может включать 1 бета-лист, 2-3 бета-"шпильки", 1 пси-петлю, 1-2 бета-выступа, 6-7 бета-тяжей, 7-9 альфа-спиралей, 9-14 участков межспирального взаимодействия, 12-15 бета-поворотов, 1-3 гамма-поворота. Анализируемый белок имеет глобулярное строение.

## Заключение

Белки P4 и P3 — вероятные компоненты вириона хризовирусов, функция которых еще точно не установлена, однако, по некоторым сведениям они являются «сердцевинными» фрагментами вирионов, непосредственно связывающими двунитевую РНК [Ghabrial S.A. Mycoviruses. 2013]. Семейство Chrysoviridae включает в свой состав однотипных представителей, поражающих трихокомовых аскомицетов (*Aspergillus* spp., *Penicillium* spp., *Talaromyces* spp. и других). Изучение биологии, в том числе — структурной протеомики этой группы вирусов, возможно, позволит создать препараты для борьбы с возбудителями микозов в объектах внешней среды, альтернативные химическим биоцидам и не вызывающие кросс-резистентность к терапевтическим антимикотикам.

## Результаты исследования в графическом виде

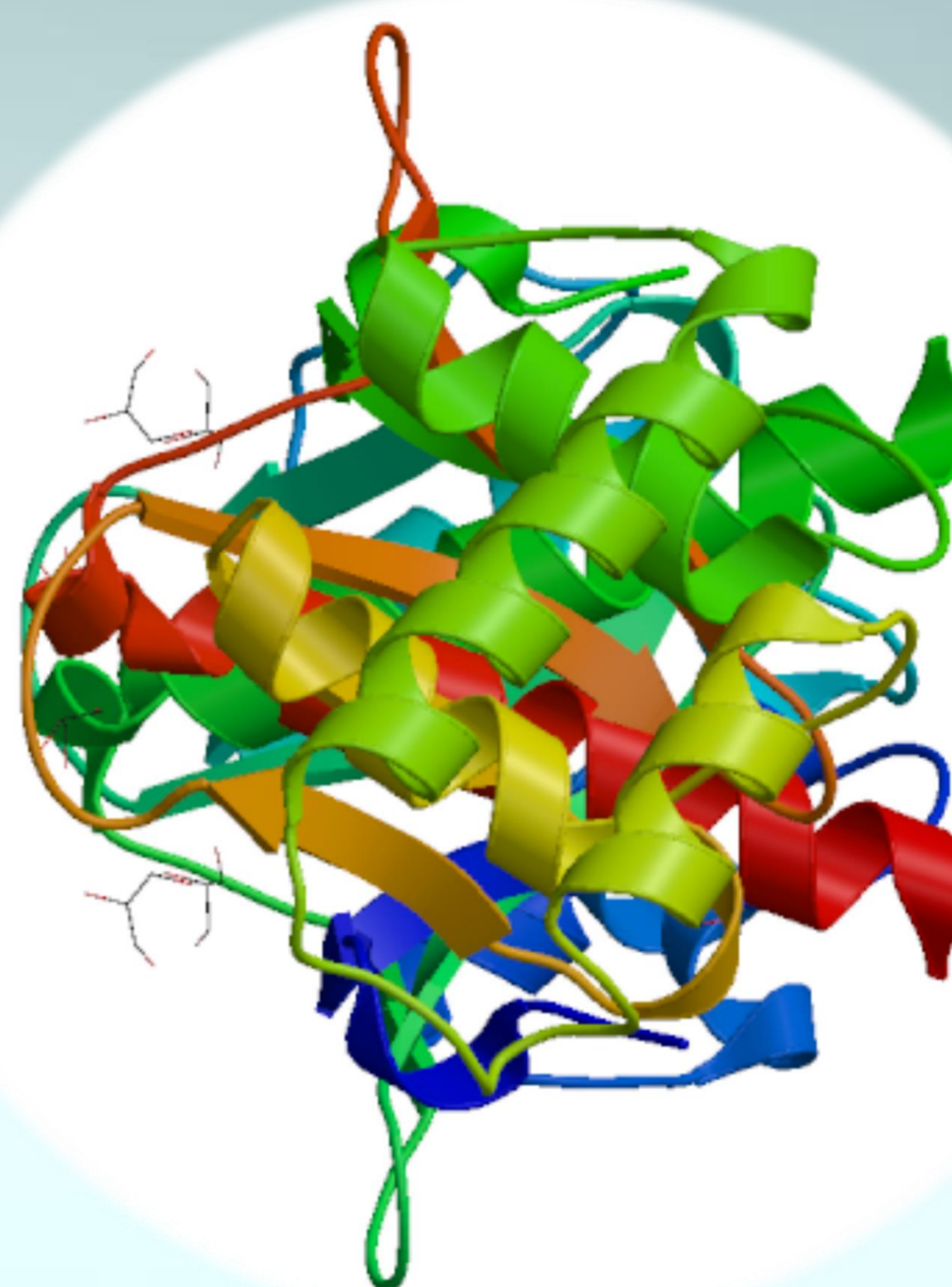


Рис. 1. Структура домена OTUD2 OTU  
Убиквитин тиоэстераза OTU1.

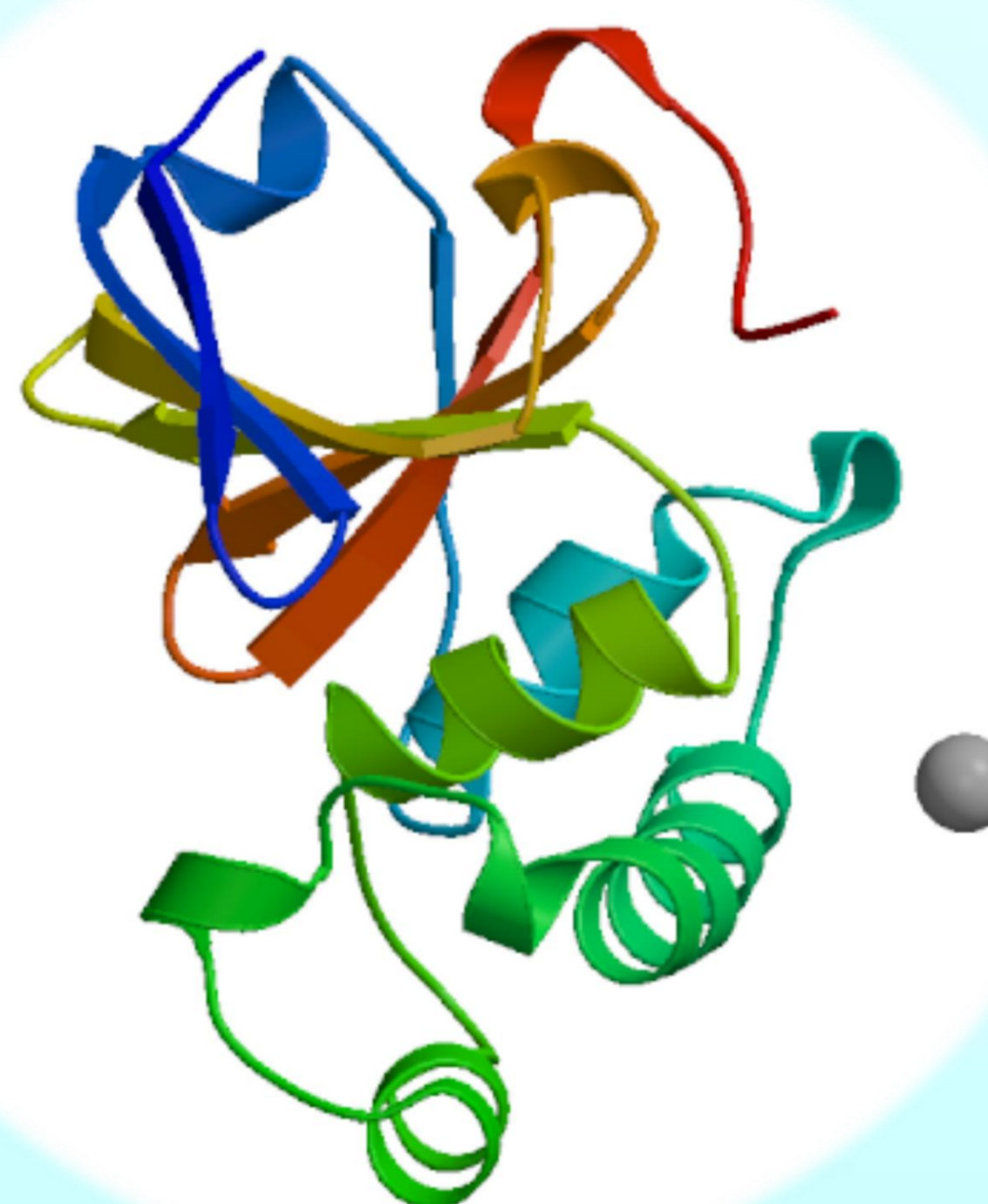
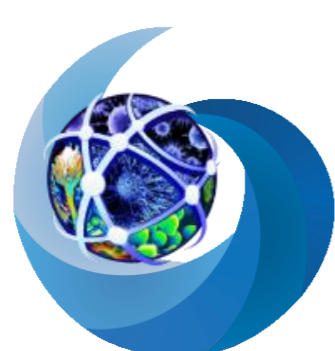


Рис. 2. Кристаллическая структура вирусной протеазы  
OTU-домена  
РНК-зависимая РНК-полимераза



**КОНКУРС НАУЧНЫХ РАБОТ МОЛОДЫХ УЧЁНЫХ И СТУДЕНТОВ  
ВСЕРОССИЙСКИЙ КОНГРЕСС**  
по медицинской микробиологии, эпидемиологии,  
клинической микологии и иммунологии (XXIII Кашкинские чтения)  
9-11 ноября 2020 г., Санкт-Петербург, Россия

