

Малоугловое рассеяние для контроля самосборки белковых комплексов и морфологических преобразований в процессе кристаллизации мембранных белков

Рижиков Ю. Л.^{1,2}

¹ Московский физико-технический институт, Долгопрудный, Россия

² Объединённый институт ядерных исследований, Дубна, Россия

Малоугловое рассеяние (МУР) – дифракционный метод, широко используемый для изучения супрамолекулярной структуры вещества. В молекулярной биологии и биофизике метод МУР получил распространение в исследованиях растворов белков и др. высокомолекулярных соединений, а также изучения мембран, длиннопериодических структур (в т. ч. липидных мезофаз) и т. д.

В настоящей работе рассматриваются примеры, а также обсуждаются условия экспериментов и особенности обработки данных МУР применительно к исследованию и контролю самосборки белковых комплексов, в том числе комплексов мембранных белков, а также изучению морфологии и динамики матриксов при кристаллизации мембранных белков.

Контроль структуры и олигомерного числа в самособирающихся белковых комплексах с помощью МУР рассмотрен на примере ферритина (нативная форма – 24-мер, но при специфических условиях образуется октамер [1]) и актина (в фибриллярной и инактивированной форме [2]), а также мембранных белков (МБ), комплексообразование которых опосредовано трансмембранной [3] либо цитоплазматической частями [4,5].

Контроль морфологии матриксов для кристаллизации мембранных белков с помощью МУР рассмотрен на примере исследования типов симметрии и параметров решётки в липидных кубических фазах [6] и исследования последовательности морфологических переходов в случае кристаллизации МБ, когда стартовым материалом являются липид-детергентные бицеллы [7].

1. Sudarev V. V et al. Ferritin-based fusion protein shows octameric deadlock state of self-assembly // *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2024. Vol. 690. P. 149276.
2. Ryzhykau Y.L. et al. Small-angle X-ray scattering structural insights into alternative pathway of actin oligomerization associated with inactivated state // *Biochem. Biophys. Res. Commun.* 2023. P. 149340.
3. Okhrimenko I.S. et al. Mirror proteorhodopsins // *Commun. Chem.* 2023. Vol. 6, № 1. P. 88.
4. Ryzhykau Y.L. et al. Molecular model of a sensor of two-component signaling system // *Sci. Rep. Nature Publishing Group*, 2021. Vol. 11, № 1. P. 10774.
5. Osipov S.D. et al. I-Shaped Dimers of a Plant Chloroplast FOF1-ATP Synthase in Response to Changes in Ionic Strength // *Int. J. Mol. Sci.* MDPI AG, 2023. Vol. 24, № 13. P. 10720.
6. Ishchenko A. et al. Chemically Stable Lipids for Membrane Protein Crystallization // *Cryst. Growth Des.* American Chemical Society, 2017. Vol. 17, № 6. P. 3502–3511.
7. Murugova T.N. et al. Mechanisms of membrane protein crystallization in ‘bicelles’ // *Sci. Rep. Nature Publishing Group*, 2022. Vol. 12, № 1. P. 1–17.

Исследование с применением малоуглового рассеяния для контроля морфологии и динамики матрикса при кристаллизации мембранных белков выполнено при поддержке РФФ № 23-74-01076.