***Белок SYC\_ECOLI***

Полное название белка - Цистеинил-тРНК синтетаза, альтернативными названиями являются цистеин—тРНК лигаза, CysRS, а также EC 6.1.1.16. Белок является мономером, основным расположением в клетке является цитоплазма. Встречается в организме Escherichia coli (strain K12). (Систематика организма Bacteria; Proteobacteria; Gammaproteobacteria; Enterobacteriales; Enterobacteriaceae; Escherichia.) Основными молекулярными функциями являются АТФ-связывание и цистеин—тРНК лигазная активность, биологически важным является цистеинил-тРНК аминоацилирование. Важно, что белок так де выполняет металл- и нуклеотид- связывающей функции, осуществляет биосинтез протеинов. Каталитическая активность CysRS заключается в реакции: АТФ + L-цистеин + тРНК(Cys) = АМФ + дифосфат + L-цистеинил-тРНК(Cys).Белок кофактор связывает 1 ион цинка в субъединице.

Цистеинил-тРНК синтетаза состоит из одной прямой цепи, содержащей 461 аминокислоту. Имеется область модификаций – 30-40й остатки и 266-270й остатки, металл-лигант Zn присоединен к остаткам под номерами 28,209,234,238. С 269 остатком связывается АТФ. Существует конфликт в районе 316 остатка – переход лейцина в валин.

Строение цепи:

1.Бета - тяжи - 3-5,10-14,22-27,31-34,60-65,133-136,142-144,181-186,

200-203,219-225,246-248,251-254,260-262,302-304,406-408,447-451,456-460.

2.Бета-витки-7-9,150-157,231-233,389-392.

3.Альфа - спирали- 38-57,72-80,85-102,14-116,

118-130,146-148,207-217,228-230,234-245,269-271,277-281,286-294,306-323,

336-347,352-372,374-388,398-401,413-416,419-428,432-444.

Изображение третичной структуры белка:

Белок альфа-бета. Окрашен по структуре: красным изображены альфа-спирали, белым - бета-тяжи, синим - бета-повороты.

Аминокислотная последовательность белка в формате fasta:

>MLKIFNTLTRQKEEFKPIHAGEVGMYVCGITVYDLCHIGHGRTFV

AFDVVARYLRFLGYKLKYVRNITDIDDKIIKRANENGESFVAMVDRMIAEMHKDFDALN

ILRPDMEPRATHHIAEIIELTEQLIAKGHAYVADNGDVMFDVPTDPTYGVLSRQDLDQL

QAGARVDVVDDKRNPMDFVLWKMSKEGEPSWPSPWGAGRPGWHIECSAMNCKQLGNHFD

IHGGGSDLMFPHHENEIAQSTCAHDGQYVNYWMHSGMVMVDREKMSKSLGNFFTVRDVL

KYYDAETVRYFLMSGHYRSQLNYSEENLKQARAALERLYTALRGTDKTVAPAGGEAFEA

RFIEAMDDDFNTPEAYSVLFDMAREVNRLKAEDMAAANAMASHLRKLSAVLGLLEQEPE

AFLQSGAQADDSEVAEIEALIQQRLDARKAKDWAAADAARDRLNEMGIVLEDGPQGTTW

RRK

Идентификаторами белка цистеин—тРНК лигазы являются P21888; Q2MBQ3.

Идентификатор записи в БД – 1LI5

Идентификаторами записей PDB являются PDB; 1LI5; X-ray; 2.30 A; A/B=1-461. PDB; 1LI7; X-ray; 2.60 A; A/B=1-461. PDB; 1U0B; X-ray; 2.30 A; B=1-461.

Ссылки на информацию по белку в банках:

 <http://www.uniprot.org/uniprot/P21888> - UNIPROT

<http://mrs.cmbi.ru.nl/mrs-web/entry.do?db=pdb&query=1LI5&id=1li5> - PDB

<http://mrs.cmbi.ru.nl/mrs-web/query.do?db=sprot&query=SYC_ECOLI> – SWISS-PROT

Ссылки на статьи:

1. **"Cysteinyl-tRNA synthetase: determination of the last E. coli aminoacyl-tRNA synthetase primary structure."** <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pubmed&pubmedid=2014166>
2. **"Sequence determination and modeling of structural motifs for the smallest monomeric aminoacyl-tRNA synthetase."** <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pubmed&pubmedid=1992490>
3. **"Highly accurate genome sequences of Escherichia coli K-12 strains MG1655 and W3110."** <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pubmed&pubmedid=16738553>
4. **"Structural origins of amino acid selection without editing by cysteinyl-tRNA synthetase."** <http://www.pubmedcentral.nih.gov/articlerender.fcgi?tool=pubmed&pubmedid=12032090>
5. **"Cysteinyl-tRNA synthetase is a direct descendant of the first aminoacyl-tRNA synthetase."**

Ген, кодирующий цистеинил-тРНК синтетазу в *E. coli* Был получен из *E. coli*, составленной в λ2761(лямбда вектор),который может связывать и проводить хлоромфеникол, противодействующий гену. Термочувствительный *cysS* мутант *E. coli* может лиганезировать хлоромфеникол - устойчивые колонии способные расти при 42°C были выведены с использованием изолированных колоний, содержащих дикорастущий вид *cysS* гена. Последовательность этого гена была расшифрована. Этот код, содержал 461 аминокислотный остаток и включал последовательности HIGH и KMSK, известные включения в АТФ и тРНК связывание соответственно у класса I синтетаз. Такой цистеинил энзим разделен на сегменты по общим свойствам с цитоплазматической лейцил-тРНК синтетазой *Neurospora crassa*, триптофан-тРНК синтетазой *Bacillus stearothermophilus* и фенилаланин-тРНК синтетазой *Saccharomyces cerevisiae*. Сравнение последовательности показало, что концевой участок цистеинил-тРНК синтетазы похож с прокариотическим элонгационным фактором Tu; эта зона заключает эквивалент ацепторасвязывающей области в глутаминил-тРНК синтетазы *E. coli*. Дальнейшее сходство с серил энзимами (II класса энзимов), которое привело нас к предположению, что оба класса имеют общего предка и что этот предок - цистеинил-тРНК синтетаза.

1. **"Sequence of minutes 4-25 of Escherichia coli."-нет данных по статье**
2. **"The complete genome sequence of Escherichia coli K-12."** 4,639,221- основная пара в последовательности Escherichia coli K-12 описана. 4288 генов,кодирующих белок, были аннотированы, 38 % из них не имеют специфической функции. Сравнение с 5 другими последовательностями из бактерий, распространенных повсеместно; многие семейства подобных E. Coli генов стали очевидны. Большое семейство парологов белков включает 80 ABC переносчиков. Геном как целое удивительно организован с главными направлениями репликации; гуанины, олигонуклеотиды, возможно связанные с репликацией и рекомбинацией, и другие гены были координированы. Геном содержит включения последовательных (IS) элементов, бактериофаговых остатков, и многие другие участки необычных построений, показывающих геномную проходимость по горизонтальным переносчикам.
3. **«Crystallization and preliminary diffraction analysis of Escherichia coli cysteinyl-tRNA synthetase»**

Кристаллы 52 kDa мономерной цистеинил-тРНК синтетазы Escherichia coli в комплексе с АТФ и цистеином были выращены в парах диффундирующих из растворов, содержащих сульфат аммония как осаждающий объект. Кристалл в форме удлиненных шестиугольных палочек в пространственной группе P321 с единичными клетками размерами a = b = 82.3, c = 168.9 A. В асимметрических частицах есть некоторые ферментативные молекулы. Полный структурный элемент был собран из вращающихся анодных источников разрушения 2.7 A в 103 K, с Rmerge 6.7%.