УДК 577.1

ИЗМЕНЕНИЕ КОНФОРМАЦИИ РЕЗИСТЕНТНОЙ И ЧУВСТВИТЕЛЬНОЙ К КАРДИОТОНИЧЕСКИМ СТЕРОИДАМ α1-Na⁺,K⁺-АТР-азы ИЗ ПОЧЕК ПРИ СВЯЗЫВАНИИ УАБАИНА, ДИГОКСИНА И МАРИНОБУФАГЕНИНА

© 2020 г. А. М. Тверской^{*a*}, В. А. Локтева^{*b*}, С. Н. Орлов^{*a*, *c*, *d*}, О. Д. Лопина^{*a*, *}

^а Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, биологический факультет, Москва, 119234 Россия ^b Московский государственный университет им. М.В. Ломоносова, физический факультет, Москва, 119234 Россия ^c Национальный исследовательский Томский государственный университет, Томск, 634050 Россия ^d Сибирский государственный медицинский университет, Томск, 634050 Россия *e-mail: od_lopina@mail.ru Поступила в релакцию 11.04.2019 г.

После доработки 17.05.2019 г. Принята к публикации 28.05.2019 г.

Известно, что сродство α1-субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы к кардиотоническим стероидам (KTC) у грызунов примерно в 1000 раз меньше, чем у других млекопитающих. В клетках грызунов экспрессируется α 1-**р**езистентная (α 1**R**) к действию КТС изоформа Na⁺, K⁺-ATP-азы, в то время как в клетках других млекопитающих – α 1-чувствительная (sensitive) (α 1S) изоформа. Ранее установлено, что добавление уабаина в концентрациях, полностью ингибирующих α1-изоформу Na⁺, K⁺-ATP-азы, приводит к смерти эндотелиальных и гладкомышечных клеток человека (α1S-Na⁺, K⁺-ATP-аза), но не крысы (α1R-Na⁺, K⁺-ATP-аза). Ключевую роль в процессе выживания и смерти клеток играют конформационные переходы, которые происходят при связывании КТС с ферментом. В данной работе был проведен анализ продуктов трипсинолиза α1-субъединицы в двух основных конформациях Na⁺, K⁺-АТР-азы (E1 и E2-P) для доказательства существования различий в конформации α 1R- и α 1S-субъединиц Na⁺.K⁺-ATP-азы, которые инлуцируются связыванием трех KTC: двух карденолидов (уабаин, дигоксин) и одного буфадиенолида (маринобуфагенин). Обработка трипсином α1S-Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи в конформации E1 приводит к существенному снижению количества α1S-субъединицы, появлению фрагментов с молекулярной массой 40, 35, 23 и 19 кДа. При преинкубации этого фермента с 1 мМ уабаина и дигоксина также наблюдается снижение количества α1S-субъединицы, увеличение количества полипептидного фрагмента с молекулярной массой около 40 кДа и существенное возрастание количества белка с молекулярной массой 35.5 кДа, который не обнаруживается после преинкубации фермента с маринобуфагенином (1 мМ). В отсутствие КТС трипсинолиз α1S-Na⁺, K⁺-ATP-азы в конформации E2-P приводит к уменьшению количества α1-субъединицы, увеличению количества продуктов протеолиза с молекулярной массой 40 кДа и 35.5 кДа. Преинкубация фермента в этой конформации с любым из исследуемых КТС вызывает появление большого количества дополнительного фрагмента с молекулярной массой 45 кДа. Преинкубация α1R-Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек крысы с любым из исследованных КТС не изменяет набора продуктов протеолиза и их молекулярной массы в случае пребывания фермента в обеих конформациях (Е1 и Е2-Р). Предполагается, что структура центра связывания КТС и конформационный ответ на их связывание с Na⁺, K⁺-ATP-азой в значительной степени определяются первичной структурой ее α1-субъединицы.

Ключевые слова: Na⁺, K⁺-ATP-аза, конформация E1, конформация E2-P, кардиотонические стероиды, трипсинолиз **DOI:** 10.31857/S0233475520010089

ВВЕДЕНИЕ

Na⁺,K⁺-ATP-аза – ATP-аза Р-типа, осуществляющая обмен трех ионов внутриклеточного натрия на два иона внеклеточного калия против электрохимического градиента. В состав фермента входят как минимум два типа субъединиц: каталитическая α- и регуляторная β-субъединица с молекулярными массами ~100 кДа и ~55–65 кДа соответственно. В ходе катализа фермент пребывает в двух основных конформациях (E1 и E2), которые обладают разным сродством к ионам натрия и калия. Для E1-конформации характерно более высокое сродство к Na⁺, для E2 – к K⁺. Процесс катализа сопряжен с переносом концевой фосфорильной группы ATP на консервативный остаток аспарагиновой кислоты активного центра фермента в конформации E1 (с образованием E1-P) с последующим переходом в конформацию E2-P и дефосфорилированием фермента, индуцированным связыванием фермента с внеклеточным K⁺. Эти процессы сопряжены с переносом катионов через мембрану [1, 2].

Каталитическая α-субъединица Na⁺, K⁺-ATPазы представлена четырьмя изоформами (α1-α4). α1-изоформа экспрессируется во всех типах клеток, экспрессия остальных изоформ тканеспецифична [3]. В почках млекопитающих обнаружена только α1-изоформа. Изоформы α-субъединицы различаются по сродству к АТР, ионам-активаторам и специфическому ингибитору – уабаину, принадлежащему к классу кардиотонических стероидов (КТС) [4]. В клетках грызунов экспрессируется резистентная к KTC α 1-изоформа (α 1**R**) Na⁺, K⁺-ATP-азы, сродство которой к этим ингибиторам снижено в 1000 раз по сравнению с α1-чувствительной (sensitive) изоформой Na⁺, K⁺-ATPазы (α1<u>S</u>), обнаруженной в клетках других млекопитающих. Это различие обусловлено заменой в α1S-Na⁺, K⁺-ATP-азе двух аминокислотных остатков: глутамина и аспарагина в позициях 111 и 122 на остатки аргинина и аспарагиновой кислоты в α1R-Na⁺, K⁺-ATP-азе [5].

Среди КТС, в состав которых входит стероидное ядро и лактоновое кольцо в 17-м положении, выделяют две основных группы: карденолиды, которые содержат 5-ти членный лактон, и буфадиенолиды, содержащие 6-ти членный лактон. Большинство карденолидов в 3-м положении стероидного ядра содержат остатки сахаров, буфадиенолиды часто представляют собой агликоны [4]. Карденолиды в значительных количествах содержатся в растениях, тогда как буфадиенолиды – у земноводных (в основном в слизи тропических жаб). Недавно было обнаружено, что в небольших количествах КТС синтезируются в организмах млекопитающих, включая человека [6, 7].

КТС не только ингибируют Na⁺,K⁺-ATP-азу, но, связавшись с ферментом, индуцируют различные сигнальные пути за счет связывания с Na⁺,K⁺-ATP-азой белков-партнеров. Таким путем (независимо от ингибирования фермента) уабаин вызывает смерть эпителиальных клеток почек собаки (линия C7-MDCK) [8, 9]. Это сопровождается фосфорилированием p38 MAPK [8]. Однако у грызунов уабаин не вызывает смерти клеток в концентрациях, которые полностью подавляют активность Na⁺, K⁺-ATP-азы, при этом активируется другая МАРК - ERK¹/2. Экспрессия в клетках грызунов только α1-чувствительной изоформы Na⁺.K⁺-АТР-азы приводит к смерти клеток под действием уабаина. Эти данные позволили предположить, что особенности в аминокислотной последовательности α1S- и α1R-изоформ Na⁺.K⁺-АТР-азы определяют различия в конформациях фермента и, соответственно, приводят к связыванию с ними различных белков, индуцируя в клетках грызунов и других млекопитающих различные сигнальные каскады, один из которых приводит к смерти клеток, а другой, напротив, к их выживанию [10]. До настоящего времени в литературе не описано различий в конформации α1S- и α1R-изоформ Na⁺, K⁺-ATP-азы при связывании с КТС.

Протеолиз является широко используемым методом анализа общей структуры и конформации белков. В случае Na⁺, K⁺-ATP-азы для этих целей часто используют трипсин, поскольку он расщепляет только α -субъединицу фермента, не затрагивая ее β -субъединицу [11]. Поэтому после обработки фермента трипсином обнаруживаются только пептидные фрагменты α -субъединицы.

Классическая картина трипсинолиза α-субъединицы была описана Питером Йоргенсеном (Peter Jørgensen) [12]. В конформации Е1 трипсин осуществляет быстрый протеолиз пептидной связи перед Lys30 и более медленный перед Arg262. В результате происходит накопление большого протеолитического фрагмента с молекулярной массой около 77 кДа и минорных фрагментов. При трипсинолизе α -субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы в конформации Е2 трипсин обеспечивает накопление полипептидов с молекулярной массой 58 и 41 кДа. При длительном протеолизе (30–60 мин) обеих конформаций фермента наблюдается накопление фрагментов с молекулярной массой 44, 37, 23 и 15 кДа [13-15]. Эти эксперименты были проведены на препаратах Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек кролика, собаки и свиньи при соотношении трипсин/Na⁺, K⁺-ATP-аза = 1/25 или 1/20.

Цель настоящей работы заключается в доказательстве существования различий в конформации чувствительной и резистентной $\alpha 1 R$ - и $\alpha 1 S$ -Na⁺, K⁺-ATP-азы, которые индуцируются связыванием трех КТС: двух кардиенолидов (уабаин, дигоксин) и одного буфадиенолида (маринобуфагенин). В качестве метода исследования мы использовали ограниченный протеолиз $\alpha 1$ -субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы, поскольку известно, что изменение конформации может сопровождаться экспозицией или маскировкой участков протеолиза, доступных трипсину [13].

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Реактивы. Трипсин бычий и ингибитор трипсина из плодов сои были куплены у фирмы ПанЭко (Россия). Остальные реактивы были поставлены компанией Sigma (США), ThermoScientific (США), Bio-Rad (США).

Выделение фермента. Na⁺, K⁺-ATP-азу из наружного медуллярного слоя почек свиньи и почек крысы получали в соответствии с методами, описанными ранее [16, 17]. Конечный осадок ресуспендировали в растворе, содержащем 25 мМ имидазола (pH 7.5), 1 мМ EDTA, 0.25 М сахарозы, до концентрации белка 5–10 мг/мл, после чего суспензию разливали в пробирки по 20–50 мкл и хранили в замороженном состоянии при –80°C.

Определение концентрации белка. Концентрацию белка определяли по методу Лоури и соавторов [18]. Для растворения мембранных белков вместо воды добавляли 0.1% раствор дезоксихолата натрия. В качестве стандарта использовали коммерческий раствор бычьего сывороточного альбумина в концентрации 2 мг/мл (ThermoScientific, США).

Определение активности Na^+, K^+-ATP -азы. Активность Na^+, K^+ -ATP-азы в полученных препаратах определяли по методу Ратбуна и Бетлах [19], измеряя накопление неорганического фосфата в среде следующего состава: 130 мМ NaCl, 20 мМ KCl, 3 мМ MgCl₂, 3 мМ ATP, 30 мМ имидазола (pH 7.4). Концентрация белка составляла 1– 5 мкг/мл. Реакцию начинали внесением ATP в пробу. Более подробно этот метод описан нами ранее [20].

Трипсинолиз. Трипсинолизу подвергали Na⁺, K⁺-ATP-азу из почек свиньи и почек крысы, которую предварительно переводили в Е1 или Е2-Р конформацию. Для этого фермент разводили в 20 раз в буфере А (Е1-конформация) или буфере Б (Е2-Р- конформация). Состав буфера А: 10 мМ NaCl, 30 мМ имидазола, 1 мМ EDTA (рН 7.4); состав буфера Б: 30 мМ имидазола, 1 мМ EDTA, 3 мМ MgCl₂, 3 мМ P_i/Трис (pH 7.4). Далее фермент преинкубировали 10 мин при температуре 37°С с 1 мМ уабаина, дигоксина или маринобуфагенина. Трипсинолиз проводили в течение 5 или 10 мин при температуре 37°С. Соотношение трипсин/Na⁺, K⁺-ATP-аза (w/w) составляло 1/10. Протеолиз останавливали добавлением ингибитора трипсина из соевых бобов в 2-х кратном избытке по отношению к трипсину (w/w). Затем проводили анализ триптических фрагментов методом электрофореза в полиакриламидном геле (ПААГ) в присутствии додецилсульфата натрия (SDS).

Электрофорез в полиакриламидном геле. Электрофорез проводили в 6% концентрирующем и в

БИОЛОГИЧЕСКИЕ МЕМБРАНЫ том 37 № 1 2020

12% разделяющем ПААГ в присутствии SDS по методу Лэммли [21]. Белки на геле окрашивали Кумасси G-250. Образцы готовили на 4-х кратном буфере, содержащем 250 мМ Трис-HCl (pH 6.8), 8% SDS, 40% сахарозу и бромфеноловый синий, затем прогревали в течение 15 мин при 50°С. Электрофорез проводили при силе тока: 25мА на одно стекло в концентрирующем геле и 50мА на одно стекло в разделяющем геле. Полученные гели сканировали и обрабатывали (денситометрировали фрагменты протеолиза) с помощью программного пакета TotalLab TL120.

Статистические различия. Статистические различия определяли с помощью метода однофакторного дисперсионного анализа (One Way ANOVA), различия считали статистически значимыми при p < 0.01.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Препараты Na⁺, K⁺-ATP-азы, использованные в нашей работе, были получены из медуллярного слоя почек свиньи и крысы. Активность препаратов Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи и крысы составляла 1800–2000 и 500–800 мкмоль $\Phi_{\rm H}/({\rm Mr}$ белка в ч) соответственно при 37°С. Эта активность полностью ингибировалась высокими концентрациями уабаина (1 мМ для фермента из почек свиньи и 5 мМ для фермента из почек крысы).

На гелях, полученных после проведения электрофореза в ПААГ в присутствии SDS, препаратов из почек свиньи и крысы обнаруживается белковая полоса с полвижностью, соответствующей белку молекулярной массой около 100 кДа (рис. 1а, 3а) и размытая полоса, соответствующая белку с молекулярной массой 55-65 кДа. Белок с молекулярной массой 100 кДа, обнаруженный в обоих препаратах, при иммуноблоттинге окрашивался специфическими антителами против α1-субъединицы (не показано). Это позволяет нам идентифицировать эти белки как α- и β-субъединииы Na⁺, K⁺-ATP-азы. В препарате Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи обнаруживаются и другие белки, общее содержание которых, рассчитанное по интенсивности окрашивания Кумасси G-250, не превышало 15%.

В препарате из почек крысы присутствовал также белок с молекулярной массой около 130 кДа. Наши попытки удалить его из препарата путем внесения модификаций в процедуру выделения не привели к успеху. Мы проанализировали бел-ки этой полосы с использованием метода хромато-масс-спектрометрии (LC/MS) и обнаружили пептидные фрагменты трех белков: α-субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы, аланиламинопептидазы и мембранной аланиламинопептидазы. При обра-

б а М, кДа 2 3 1 5 6 120000 4 95 → 100000 ед. 72.→ Интенсивность, усл. 55 → 80000 60000 36 → 40000 28 → 20000 0 17 40 100 35.5 Молекулярная масса фрагмента трипсинолиза, кЛа

Рис. 1. Результаты трипсинолиза α IS-Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи в конформации E1 в присутствии KTC (1 мМ). Время трипсинолиза 5 мин при 37°С. Соотношение Na⁺, K⁺-ATP-аза/трипсин 10/1. *a* – Результаты разделения препарата белков и протеолитических фрагментов α IS-Na⁺, K⁺-ATP-азы методом электрофореза в ПААГ в присутствии SDS. На дорожки нанесены: *1* – исходный препарат Na⁺, K⁺-ATP-азы (7.7 мкг); *2* – трипсин и ингибитор трипсина; *3* – Na⁺, K⁺-ATP-аза и трипсин; *4* – комплекс Na⁺, K⁺-ATP-аза–уабаин и трипсин; *5* – комплекс Na⁺, K⁺-ATP-аза–маринобуфагенин и трипсин; *6* – Комплекс Na⁺, K⁺-ATP-аза–маринобуфагенин и трипсин. *6* – Интенсивность окрашивания белковых полос, соответствующих α 1-субъединице Na⁺, K⁺-ATP-азы и ее пептидных фрагментов с молекулярной массой 40 и 35.5 кДа. Представлены результаты трех экспериментов, показаны стандартные отклонения; * – *p* < 0.01.

ботке фермента трипсином количество белка в этой полосе уменьшалось незначительно (рис. 3), таким образом, его протеолиз не изменял общую картину трипсинолиза α -субъединицы.

В нашей работе соотношение трипсин/Na⁺, K⁺-ATP-аза (w/w) составляло 1/10, а время инкубации с трипсином -5 мин. Это обусловлено тем, что связывание КТС значительно увеличивает скорость трипсинолиза [17].

На рис. 1 представлены данные электрофоретического анализа продуктов трипсинолиза, полученных из α 1S-субъединицы Na⁺,K⁺-ATP-азы почек свиньи в конформации E1 (соотношение трипсин/Na⁺,K⁺-ATP-аза 1/10, 5 мин при 37°С). Видно, что интенсивность окрашивания α 1S-Na⁺,K⁺-ATP-азы (~100 кДа) после протеолиза существенно снижается (дорожки *1* и *3*). При этом образуется пептидный фрагмент с молекулярной массой около 40 кДа и небольшое количество пептидного фрагмента с молекулярной массой 35.5 кДа. В небольших количествах появляются еще два пептидных фрагмента с молекулярными массами около 23 и 19 кДа, которые отсутствовали в препарате фермента до протеолиза.

Преинкубация фермента из почек свиньи с уабаином и дигоксином в концентрациях, полностью ингибирующих Na⁺,K⁺-ATP-азу (1 мМ), приводит к существенному и практически одинаковому снижению количества α1S-субъединицы Na⁺,K⁺-ATP-азы и увеличению количества полипептидного фрагмента с молекулярной массой около 40 кДа. В то же время в результате преинкубации Na⁺, K⁺-АТР-азы с карденолидами уабаином и дигоксином существенно возрастает количество белка с молекулярной массой 35.5 кДа. Этот белок не обнаруживается после преинкубации фермента с буфадиенолидом маринобуфагенином и последующего трипсинолиза (рис. 1a, дорожка 6). Таким образом, в присутствии карденолидов на поверхности белка экспонируется дополнительный участок расщепления полипептидной цепи трипсином, который недоступен для протеолиза, если фермент преинкубирован с маринобуфагенином. Это означает, что конформация α-субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы после ее связывания с уабаином и дигоксином отличается от конформации, индуцированной связыванием маринобуфагенина.

На рис. 2 представлены результаты, полученные при электрофоретическом разделении продуктов протеолиза α 1-субъединицы Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи в конформации E2-Р (условия трипсинолиза такие же, как на рис. 1). В результате протеолиза в отсутствие КТС наблюдается уменьшение количества α 1-субъединицы, увеличивается количество продуктов протеолиза с молекулярной массой 40 кДа и 35.5 кДа. Но преинкубация с любым из исследуемых кардиотониче-



Рис. 2. Результаты трипсинолиза α IS-Na⁺,K⁺-ATP-азы из почек свиньи в конформации E2-P в присутствии КTС (1 мМ). Время трипсинолиза 5 мин при 37°С. Соотношение Na⁺,K⁺-ATP-азы/трипсин 10/1. *а* – Результаты разделения препарата белков и протеолитических фрагментов α IS-Na⁺,K⁺-ATP-азы методом электрофореза в ПААГ в присутствии SDS. На дорожки нанесены: *1* – трипсин и ингибитор трипсина; *2* – исходный препарат Na⁺,K⁺-ATP-азы (7.7 мкг); *3* – Na⁺,K⁺-ATP-аза и трипсин; *4* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–уабаин и трипсин; *5* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза– дигоксин и трипсин; *6* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–маринобуфагенин и трипсин. *6* – Интенсивность окрашивания белковых полос, соответствующих α 1-субъединице Na⁺,K⁺-ATP-азы и ее пептидных фрагментов с молекулярной массой 45 и 40 кДа. Представлены результаты трех экспериментов, показаны стандартные отклонения; * – *p* < 0.01.

ских стероидов приводит к появлению большого количества дополнительного фрагмента с молекулярной массой 45 кДа. Это показывает, что в конформации E2-P связывание любого из кардиотонических стероидов обеспечивает одинаковое изменение конформации α1-субъединицы фермента.

При протеолизе α1R- Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек крысы в конформации E1 и E2-P мы наблюдали образование фрагментов с молекулярными массами 40 кДа и не обнаружили появления фрагментов с молекулярной массой 35.5 кДа. Преинкубация фермента с любым кардиотоническим стероидом не изменяла набора продуктов протеолиза и их молекулярной массы в случае пребывания фермента в обеих конформациях (рис. 3).

ОБСУЖДЕНИЕ РЕЗУЛЬТАТОВ

Полученные нами данные по протеолизу α1R-Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи отличаются от данных, полученных ранее другими авторами: мы обнаружили, что под действием трипсина α-субъединица расщепляется с получением в основном фрагмента с молекулярной массой 40 кДа и небольших количеств пептидных фраг-

ментов с молекулярной массой 35.5 кД, 23 и 19 кДа (причем в количественном отношении преобладает фрагмент с молекулярной массой около 40 кДа). Другие авторы сообщают о получении фрагментов с молекулярными массами 44, 37, 23 и 15 кДа. Однако различия в 3-4 кДа в величине молекулярных масс белков, определенных по электрофоретической подвижности, находятся в пределах ошибки самого метода. Поэтому можно полагать, что получены те же самые полипептиды, о которых сообщали другие авторы [13-15]. Доказать, что наши результаты не отличаются от результатов предшественников, можно лишь путем определения N-концевой последовательности этих пептидов, однако это не являлось целью нашего исследования. Более того, эти авторы не идентифицировали указанные фрагменты таким способом.

В результате нашей работы установлено, что при протеолизе Na⁺, K⁺-ATP-азы из почек свиньи в конформации E1 (но не E2-P) образуется статистически значимое количество пептида с молекулярной массой около 35.5 кДа только в том случае, если с ферментом связаны карденолиды уабаин или дигоксин, но не буфадиенолид маринобуфагенин. В присутствии маринобуфагенина

Puc. 3. Результаты трипсинолиза α 1R-Na⁺,K⁺-ATP-азы из почек крысы в конформации E1 (*a*) и в конформации E2-P (*b*) в присутствии KTC. Время трипсинолиза 5 мин при 37°C. Соотношение Na⁺,K⁺-ATP-аза/трипсин 10/1. Результаты разделения препарата белков и протеолитических фрагментов α 1R-Na⁺,K⁺-ATP-аза методом электрофореза в ПААГ в присутствии SDS. На дорожки нанесены: *1* – трипсин и ингибитор трипсина; *2* – исходный препарат Na⁺,K⁺-ATP-азы (7.7 мкг); *3* – Na⁺,K⁺-ATP-аза и трипсин; *4* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–уабаин и трипсин; *5* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–дигоксин и трипсин; *6* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–маринобуфагенин и трипсин; *7* – комплекс Na⁺,K⁺-ATP-аза–уабаин и и маринобуфагенином на дорожка *4*–*6* – 1 мМ, на дорожке 7–10 мМ.

этот фрагмент при трипсинолизе вообще не образуется. Это позволяет считать, что маринобуфагенин при связывании с Na⁺, K⁺-ATP-азой (по крайней мере, в Е1-конформации) обеспечивает создание конформации, отличной от таковой, что создается в присутствие уабаина и дигоксина. Это согласуется с другими нашими данными, полученными на клеточной культуре MDCK [22]. Ранее мы показали, что уабаин индуцирует смерть клеток эпителия почек при значительно более низкой концентрации, чем маринобуфагенин. Возможно, это обусловлено тем, что маринобуфагенин, связываясь с Na⁺, K⁺-ATP-азой не способен создавать конформацию необходимую для связывания с белком-партнером, который индуцирует сигнальный каскад, приводящий к гибели клетки.

Также нами установлено отсутствие различий в продуктах протеолиза, полученных после трипсинолиза комплекса Na⁺,K⁺-ATP-азы из почек крысы со всеми тремя исследованными КTC, как в конформации E1, так и в конформации E2-P. Эти данные показывают, что α1S- и α1R-изоформы фермента различаются не только по их чувствительности к КTC, но и по их способности переходить вследствие связывания КTC в конформацию, которая характерна для Na⁺,K⁺-ATP-азы из почек свиньи и, по-видимому, необходима для связывания нужного белка-партнера. Именно по этой причине α1S- и α1R-изоформы Na⁺,K⁺-ATP-азы после их связывания с КTC способны, по-видимому, инициировать различные сигнальные каскады.

Исследование выполнено при финансовой поддержке гранта РФФИ № 18-34-00308.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Skou J.C., Esmann N. 1992. The Na,K-ATPase. J. Bioenerg. Biomembr. 24, 249–261.
- 2. Clausen M.V., Hilbers F., Poulsen H. 2017. The structure and function of the Na,K-ATPase isoforms in health and disease. *Front. Physiol.* **8**, 371.
- Blanco G., Mercer R.W. 1998. Isozymes of the Na-K-ATPase: Heterogeneity in structure, diversity in function. Am. J. Physiol. Physiol. 275, F633–F650.
- El-Seedi H.R., Khalifa S.A.M., Taher E.A., Farag M.A., Saeed A., Gamal M., Hegazy M.E.F., Youssef D., Musharraf S.G., Alajlani M.M., Xiao J., Efferth T. 2019. Cardenolides: Insights from chemical structure and pharmacological utility. *Pharmacol. Res.* 141, 123–175.
- Lingrel J.B., Argüello J.M., Huysse J., Kuntzweiler T.A. 1997. Cation and cardiac glycoside binding sites of the Na,K-ATPase. *Ann. N.Y. Acad. Sci.* 834, 194–206.
- Bagrov A.Y., Shapiro J.I., Fedorova O.V. 2009. Endogenous cardiotonic steroids: Physiology, pharmacology, and novel therapeutic targets. *Pharmacol. Rev.* 61, 9–38.
- 7. Schoner W., Scheiner-Bobis G. 2007. Endogenous and exogenous cardiac glycosides: Their roles in hyperten-



sion, salt metabolism, and cell growth. *Am. J. Physiol. Physiol.* **293**, C509–C536.

- Akimova O.A., Lopina O.D., Rubtsov A.M., Hamet P., Orlov S.N. 2010. Investigation of mechanism of p38 MAPK activation in renal epithelial cell from distal tubules triggered by cardiotonic steroids. *Biochem.* 75, 971–978.
- Akimova O.A., Pchejetski D., Hamet P., Orlov S.N. 2006. Modest intracellular acidification suppresses death signaling in ouabain-treated cells. *Pflugers Arch. Eur. J. Physiol.* 451 (4), 569–578.
- Akimova O.A., Tverskoi A.M., Smolyaninova L.V., Mongin A.A., Lopina O.D., La J., Dulin N.O., Orlov S.N. 2015. Critical role of the α1-Na⁺, K⁺-ATPase subunit in insensitivity of rodent cells to cytotoxic action of ouabain. *Apoptosis.* 20, 1200–1210.
- Giotta G.J. 1975. Native (Na⁺ + K⁺) dependent adenosine triphosphatase has two trypsin sensitive sites. J. Biol. Chem. 250, 5159-5164.
- 12. Jørgensen P.L., Collins J.H. 1986. Tryptic and chymotryptic cleavage sites in sequence of alpha-subunit of $(Na^+ + K^+)$ -ATPase from outer medulla of mammalian kidney. *Biochim. Biophys. Acta.* **860**, 570–576.
- Dergousova E.A., Poluektov Y.M., Klimanova E.A., Petrushanko I.Y., Mitkevich V.A., Makarov A.A., Lopina O.D. 2018. Glutathionylation of Na,K-ATPase alpha-subunit alters enzyme conformation and sensitivity to trypsinolysis. *Biochem.* 83, 969–981.
- 14. Jorgensen P.L. 1977. Purification and characterization of $(Na^+ + K^+)$ -ATPase. VI. Differential tryptic modification of catalytic functions of the purified enzyme in presence of NaCl and KCl. *Biochim. Biophys. Acta.* **466**, 97–108.

- Jørgensen P.L., Andersen J.P. 1988. Structural basis for E1-E2 conformational transitions in Na, K-pump and Ca-pump proteins. J. Membr. Biol. 103 (2), 95–120.
- Jørgensen P.L. 1988. Purification of Na⁺, K⁺-ATPase: Enzyme sources, preparative problems, and preparation from mammalian kidney. *Methods Enzymol.* 156, 29–43.
- Akayama M., Nakada H., Omori K., Masaki R., Taketani S., Tashiro Y. 1986. The (Na⁺, K⁺)ATPase of rat kidney: Purification, biosynthesis, and processing. *Cell Struct. Funct.* 11, 259–271.
- Lowry O.H., Rosebrough N.J., Farr L., Randall R.J. 1951. Protein measurement with the Folin phenol reagent. J. Biol. Chem. 193, 265–275.
- Rathbun W.B., Betlach M.V. 1969. Estimation of enzymically produced orthophosphate in the presence of cysteine and adenosine triphosphate. *Anal. Biochem.* 28, 436–445.
- Klimanova E.A., Petrushanko I.Y., Mitkevich V.A., Anashkina A.A., Orlov S.N., Makarov A.A., Lopina O.D. 2015. Binding of ouabain and marinobufagenin leads to different structural changes in Na,K-ATPase and depends on the enzyme conformation *FEBS Lett.* 589, 2668–2674.
- 21. Laemmli U.K. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of bacteriophage T4. *Nature*. **227**, 680–685.
- Akimova O.A., Bagrov A.Y., Lopina O.D., Kamernitsky A.V., Tremblay J., Hamet P., Orlov S.N. 2005. Cardiotonic steroids differentially affect intracellular Na⁺ and [Na⁺]_i/[K⁺]_i-independent signaling in C7-MDCK cells. *J. Biol. Chem.* 280, 832–839.

Binding of Ouabain, Digoxin, or Marinobufagenin Induces Different Conformational Changes in Kidney α1-Na,K-ATPase Isoforms, Resistant and Sensitive to Cardiotonic Steroids

A. M. Tverskoi¹, V. A. Lokteva², S. N. Orlov^{1, 3, 4}, O. D. Lopina^{1, *}

¹Department of Biology, Moscow Lomonosov State University, Moscow, 119234 Russia ²Department of Physics, Moscow Lomonosov State University, Moscow, 119234 Russia

³National Research Tomsk State University, Tomsk, 634050 Russia

⁴Siberian Medical State University, Tomsk, 634050 Russia

*e-mail: od_lopina@mail.ru

The affinity of rodent Na,K-ATPase α 1-subunit to cardiotonic steroids (CTS) is known to be approximately 1000-fold less than the affinity of Na,K-ATPase α 1-subunit from other mammals. The CTS-<u>r</u>esistant iso-form of Na,K-ATPase α 1-subunit (α 1**R**) is expressed in rodent cells, in contrast to the CTS-<u>s</u>ensitive isoform of the α 1-subunit (α 1**R**), which is expressed in cells of other mammals. Earlier we have established that incubation with ouabain in concentrations that completely suppressed the activity of Na,K-ATPase α 1-isoform (α 1S-Na,K-ATPase) led to a death of human endothelial and smooth muscle cells but did not affect the survival of rat cells expressing α 1R-Na,K-ATPase. Conformational transitions that are induced by CTS binding to Na,K-ATPase play a key role in the process of cell survival. To reveal differences in the CTS-induced conformational changes of α 1R- and α 1S-Na,K-ATPase isoforms, we used three different CTS (two cardenelids, ouabain and digoxin, and one bufadienolid, marinobufagenin) and analyzed the trypsinolysis products of α 1S-Na,K-ATPase in E1 conformation by trypsin results in a significant decrease of the amount of α 1S-subunit and in the appearance of protein fragments with molecular masses of about 40, 35, 23, and 19 kDa. Preincubation of Na,K-ATPase in E1 conformation with ouabain or with digoxin (1 mM) leads to a decrease of the amount of

ТВЕРСКОЙ и др.

 α 1S-subunit, increase of the amount of polypeptide fragment with molecular mass of about 40 kDa, and a significant rise of the amount of fragment with molecular mass of about 35.5 kDa, which was not found after the preincubation of the Na,K-ATPase in E1 conformation with marinobufagenin (1 mM). In the absence of CTS the trypsinolysis of α 1S-Na,K-ATPase in E2-P conformation results in a decrease of the amount of α 1S-subunit and an increase of the amount of proteolytic products with molecular mass of about 40 and 35.5 kDa. Preincubation of the Na,K-ATPase in E2-P conformation in the presence of any of the CTS studied induces the appearance of big amount of an additional peptide fragment with molecular mass of about 45 kDa. Preincubation of α 1R-Na,K-ATPase from rat kidney with any of the CTS does not change the composition of proteolytic products and their molecular masses in either E1 or E2-P conformation. The results suggest that the structure of the CTSbinding site and a conformational response of α 1-Na,K-ATPase to binding of CTS is mainly determined by the primary structure of the CTS-resistant and CTS-sensitive α 1-subunits of the Na,K-ATPase.

Keywords: Na,K-ATPase, conformation E1, conformation E2-P, cardiotonic steroids, trypsinolysis