

ЭВОЛЮЦИОННАЯ ИСТОРИЯ СЕМЕЙСТВА ГЕНОВ MTG У ПОЗВОНОЧНЫХ

А.И. Овчарова, Т.В. Романовская

Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь
anna_ovcharova@outlook.com

Высококонсервативное семейство генов MTG у позвоночных включает 3 паралогичных гена, белковые продукты которых содержат 4 консервативных домена и являются транскрипционными корепрессорами, контролирующими гемопоэз, нейрогенез и дифференцировку стволовых клеток эпителия [1]. Два из трех генов семейства могут вовлекаться в транслокации, ассоциированные с острым миелоидным лейкозом, колоректальным раком и другими онкологическими заболеваниями [2]. Целью нашего исследования было установление событий, которые определили становление и функциональную дивергенцию генов, входящих в состав данного семейства.

Поиск последовательностей производился в базах Ensembl [3] и GenBank [4]. Для проведения биоинформатического сравнительного анализа и построения филогенетических реконструкций использовались программы MEGA7, BEAST2, а также ряд электронных ресурсов с открытым доступом.

Было определено, что формирование родоначального гена семейства MTG всех *Metazoa*, было связано с объединением последовательностей, кодирующих TAFH-домен TAF4-субъединицы транскрипционного фактора TFIID и высококонсервативный домен цинковых пальцев zf-MYND из гена DEAF1. Два дополнительных домена, NHR2 и NHR3, сформировались у общего предка *Cnidaria* и *Bilateria*. После разделения *Bilateria* на *Proto-* и *Deuterostomia* в линии *Vertebrata* произошли две последовательные полногеномные дубликации, приведшие к экспансии генов семейства. Все 3 гена семейства MTG у позвоночных имеют схожую высококонсервативную экзон-интронную структуру. Вместе с тем, при сравнительном анализе трёх паралогов *Homo sapiens* и их единственного гомолога у *Branchiostomabelcheri* было обнаружено, что в одном из генов произошла вставка одного дополнительного экзона, а в другом, наоборот, делеция одного из имеющихся экзонов в 5' концевой области открытой рамки считывания. Анализ скоростей эволюции по каждому домену

выявил действие движущего отбора на последовательности TAFH домена гена MTGR1 у всех *Vertebrata*, домена NHR4 у предкового для MTG8 и MTG16 гена, и домена NHR3 гена MTGR1 у плацентарных млекопитающих. Домен NHR2 трёх паралофов, определяющий способность белка к олигомеризации, эволюционирует наиболее стабильно и сравнительно быстро во всех таксонах, что может свидетельствовать о том, что выполняемая этим доменом функция не требует высокой консервативности последовательности.

Таким образом, было показано, что генное семейство MTG сформировалось в результате двух полногеномных дупликаций в основании *Vertebrata*. Филогенетический анализ позволяет предположить, что накопление замен в значимых участках доменов поменяло паттерны взаимодействия с белками-партнерами и определило не только структурную, но и функциональную дифференциацию членов данного семейства.

1. Davis, J.N. The ETO (MTG8) gene family / J.N. Davis, L. McGhee, S. Meyers // *Gene*. – 2003. – Vol. 303. – P. 1–10.

2. Rossetti, S. The MTG proteins: chromatin repression players with a passion for networking / S. Rossetti, A.T. Hoogeveen, N. Sacchi // *Genomics*. – 2004. – Vol. 84, No 1. – P. 1–9.

3. <http://www.ensembl.org/index.html>

4. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>

EVOLUTIONARY HISTORY OF THE MTG GENE FAMILY IN VERTEBRATES

A.I. Ovcharova, T.V. Romanovskaya

Belarusian State University, Minsk, Belarus

anna_ovcharova@outlook.com

The highly conserved MTG gene family includes three homologs in vertebrates (MTG8, MTGR1, MTG16) encoding transcriptional corepressors, which are important in haemopoiesis, neurogenesis and epithelial stem cell differentiation. These genes are of particular interest because they are involved in translocations, associated with different types of cancer. Looking at how this gene family evolved might provide insights into history of its structural and functional diversification.

We have performed a phylogenetic analysis of MTG nucleotide and protein sequences, and our results show that the ancestral gene first appeared in the last common ancestor of basal *Metazoans* by domain shuffling and it encodes for

two core domains. This association was followed by accumulation of mutations and formation of two additional domains. These domains are responsible for dimerization and thus increase its functional activity. According to phylogenetic analysis, MTG family emerged due to two whole genome duplication events preceding *Vertebrata* clade formation. Comparison of three paralogs of *Homo sapiens* and its homolog in *Branchiostomabelcheri* revealed an insertion of additional exon in MTG16 gene and elimination of one exon in MTGR1 gene. Functional divergence of MTG genes is assumed to follow this events. Besides, we also identified two arthropods with two paralogs in which independent duplications occurred.

Our work establishes that the high conservatism of MTG indicates its great importance in development and also suggests that studying of gene evolution may lead to a better function revelation.

**ВЛИЯНИЕ НАНОЧАСТИЦ МЕДИ НА РОСТОВЫЕ ПАРАМЕТРЫ И
СОДЕРЖАНИЕ ФЕНОЛЬНЫХ СОЕДИНЕНИЙ В КЛЕТКАХ
СУСПЕНЗИОННОЙ КУЛЬТУРЫ
CATHARANTHUSROSEUS (L.) G. DON**

О.С. Потороченко, С.Н. Филиппова

*Белорусский государственный университет, Минск, Беларусь,
olga.potorochenko@gmail.com*

Catharanthusroseus(L.) G. Don является ценным лекарственным растением. В нем синтезируются алкалоиды, танины, сапонины, стероиды, фенолы, глюкозиды, пектины и другие метаболиты. Принадлежность данного растений к тропическому виду, ограниченность природных ресурсов, загрязнение окружающей среды, а также ряд других причин приводят к осознанию того, что культуры клеток и тканей *invitro* могут представлять собой альтернативный и уникальный источник биологически ценных соединений. Однако применение технологии *invitro* не всегда позволяет добиться достаточного уровня биосинтеза фармакологически активных соединений. Наночастицы являются весьма перспективными агентами в области стимуляции продуктивности ценных растений *invivo* и *invitro*. Специфическое биологическое действие наночастиц существенно отличается от действия тех же веществ в ионной форме, либо в форме дисперсий частиц более крупного размера [1]. Поэтому исследование влияния наночастиц на процессы первичного и вторичного метаболизма в