

ГЕНЫ, КОДИРУЮЩИЕ ТРАНСКРИПЦИОННЫЕ ФАКТОРЫ СЕМЕЙСТВА TRIHELIX, У ЯБЛОНИ

Кузмицкая П.В., Урбанович О.Ю.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, Минск, Беларусь

В последние годы семейство транскрипционных факторов Trihelix активно исследуется. Систематические работы были проведены на таких растениях, как арабидопсис, томат, хризантема и рис, а также на некоторых других. Изучение паттернов экспрессии генов, кодирующих белки с доменом Trihelix, показало их участие во множестве процессов, происходящих в течение жизни растения. У риса экспрессия транскрипционных факторов семейства Trihelix происходит в четырех тканях на шести стадиях развития, однако паттерны их экспрессии различаются. Количественная РТ-ПЦР показала, что на уровень их экспрессии влияет абиотический стресс (засуха, засоление), а также сигнальные молекулы, такие как абсцизовая кислота и пероксид водорода [1]. У арабидопсиса гены из семейства Trihelix могут участвовать в ответе на засоление и атаку патогенов [2].

С помощью НММ-основанного поиска в геноме яблони мы обнаружили 37 генов, имеющих характерные консервативные для транскрипционных факторов семейства Trihelix домены. Гипотетические транскрипционные факторы семейства Trihelix яблони имеют длину от 278 до 917 аминокислотных остатков (в среднем 514,5), и молекулярный вес 31,9-101,3 кДа (в среднем 57,7 кДа). Расчетные изоэлектрические точки колеблются в пределах 5,23-9,78 (в среднем 7,4). Результаты оценки клеточной локализации *in silico* показывают, что 28 гипотетических транскрипционных факторов семейства Trihelix яблони находятся в ядре, 2 – в хлоропластах. Оценка хромосомного распределения генов, кодирующих транскрипционные факторы семейства Trihelix яблони показала, что большинство хромосом (за исключением 1, 8, 9 и 15) несет как минимум один такой ген. Наибольшее их число (шесть) находится на 5-й и 6-й хромосомах, тогда как хромосомы 3, 7, 13, 16 и 17 несут только по одному гену. В целом, не наблюдается явной зависимости между длиной хромосомы и количеством расположенных на ней генов, кодирующих транскрипционные факторы семейства Trihelix. Степень идентичности генов не зависит от их хромосомной локализации: расположенные на разных хромосомах гены могут иметь больше сходства, чем находящиеся на одной и той же. Наибольшее сходство наблюдается у трех пар генов, расположенных на 5-й и 10-й хромосомах. Это может являться свидетельством дупликации блока генов в процессе эволюции генома яблони.

Библиографические ссылки

1. J. Li [et al.] Genome-Wide Characterization and Identification of Trihelix Transcription Factor and Expression Profiling in Response to Abiotic Stresses in Rice (*Oryza sativa* L.) // International journal of molecular sciences. 2019. Vol. 20, № 2. P. 251.
2. J. Murata, H. Takase, K. Hiratsuka Characterization of a Novel GT-box Binding Protein from Arabidopsis // Plant Biotechnology. 2002. Vol. 19, № 2. P. 103-112.