

ГЕНЫ, КОДИРУЮЩИЕ САМТА, В ГЕНОМЕ ЯБЛОНИ

Кузмицкая П.В., Урбанович О.Ю.

Институт генетики и цитологии НАН Беларуси, г. Минск, Беларусь

Ионы Ca^{2+} играют важную роль во внутриклеточной передаче сигналов и изменении транскрипции генов, являясь вторичным мессенджером у эукариот [1]. В настоящее время известно множество сенсорных белков, которые отвечают за отслеживание изменений внутриклеточных концентраций кальция, происходящих в условиях стресса. Одним из них является кальмодулин, который участвует в передаче кальциевых сигналов [2]. При взаимодействии с ионами Ca^{2+} он претерпевает конформационные изменения, в результате чего приобретает способность модулировать ряд транскрипционных факторов, к которым относится семейство кальмодулин-связывающих активаторов транскрипции (САМТА) [3]. Последние являются компонентом множества сигнальных путей, участвующих в том числе и в формировании ответа на воздействие стресса [4].

В данной работе мы проводили *in silico* геномную идентификацию и анализ генов, кодирующих САМТА, у яблони, являющейся важнейшей плодовой культурой в Беларуси. С помощью НММ-основанного поиска в геноме яблони было обнаружено 8 генов, каждый из которых кодирует белок, содержащий один домен CG-1, один домен TIG, 1-2 анкириновых повтора и 2-3 домена IQ, что соответствует структуре САМТА. Анализ нуклеиновых последовательностей показал, что САМТА кодируются генами, содержащими 12-13 экзонов (за исключением двух изоформ, имеющих 7 и 9 экзонов). Расчетные изоэлектрические точки гипотетических кальмодулин-связывающих активаторов транскрипции яблони колеблются в пределах 5,28-6,89. Результаты оценки клеточной локализации *in silico* показывают, что они находятся в ядре. Анализ эволюционных взаимоотношений САМТА яблони с гомологами из других видов на примере арабидопсиса и льна показал, что белки из разных геномов могут иметь больше сходства с гомологами из других видов, чем между белками, кодируемыми одним и тем же геномом. Это может быть свидетельством того, что расхождение последовательностей в процессе эволюции от общей предковой последовательности произошло раньше, чем расхождение предков яблони, льна и арабидопсиса от их общего предка.

Работа выполнена при поддержке БРФФИ, договор Б21-151.

Библиографические ссылки

1. A.N. Dodd, J. Kudla, D. Sanders The language of calcium signaling // Annu Rev Plant Biol. 2010. Vol. 61. P. 593-620.
2. K. Hashimoto, J. Kudla Calcium decoding mechanisms in plants // Biochimie. 2011. Vol. 93, № 12. P. 2054-2059.
3. A.S. Reddy Calcium: silver bullet in signaling // Plant Science. 2001. Vol. 160, № 3. P. 381-404.
4. T. Yang, B.W. Poovaiah A calmodulin-binding/CGCG box DNA-binding protein family involved in multiple signaling pathways in plants // J Biol Chem. 2002. Vol. 277, № 47. P. 45049-58.