

DOI:10.37747/2312-640X-2021-19-205-206

ХАРАКТЕРИСТИКИ САЙТОВ СВЯЗЫВАНИЯ MIRNA В MRNA ГЕНОВ MYB АРАБИДОПСИСА, СОИ И ВИНОГРАДА

Пинский И.В.

Казахский национальный университет имени аль-Фараби, Алматы, Республика Казахстан
050040, Алматы, проспект аль-Фараби, 71
e-mail: ilya.pinskyi@mail.ru

Установлены характеристики сайтов связывания различных miRNA с mRNA генов семейства транскрипционных факторов MYB *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* и *Vitis vinifera*. Наиболее консервативными среди них оказались сайты связывания miRNA семейства miR828.

Ключевые слова: miRNA; mRNA; гены; транскрипционные факторы.

Самое большое семейство транскрипционных факторов MYB оказывает влияние на развитие, метаболизм и ответ на биотический и абиотический стресс растений. В настоящее время имеется мало сведений о связи miRNA с экспрессией этих генов. Поэтому представлялось важным изучить характеристики связывания miRNA с mRNA генов MYB, участвующих во всех ключевых процессах, протекающих в клетках растений. Объектами исследований являлись полностью секвенированные геномы трёх видов двудольных покрытосеменных растений: *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* и *Vitis vinifera* (так как арабидопсис – модельный объект генетических исследований, а соя и виноград являются распространёнными сельскохозяйственными растениями)[1-3]. Нуклеотидные последовательности mRNA генов транскрипционных факторов были получены из базы данных по транскрипционным факторам растений Plant TFDB (Plant Transcription Factor Database, planttfdb.cbi.pku.edu.cn/). Нуклеотидные последовательности miRNA были заимствованы из miRBase (<http://www.mirbase.org>). Сайты связывания miRNA в 5'UTR, CDS и 3'UTR mRNA генов были предсказаны с помощью программы miRDB (<http://mirdb.org/>). Был проведен поиск сайтов связывания 337 miRNA в mRNA 144 генов MYB у *A. thaliana* с уровнем комплементарности не менее 90%. В результате поиска было выявлено, что ath-miR5658 имела сайты связывания в mRNA девяти генов (AT1G26780, AT1G49010, AT2G36890, AT4G05100, AT4G18770, AT4G25560, AT5G15310, AT5G54230, AT5G62470). ath-miR159 связывалась с mRNA шести генов (AT2G26950, AT2G32460, AT3G11440, AT3G60460, AT5G06100 и AT5G55020). У ath-miR828 имеется три гена-мишени (AT1G56650, AT1G66370 и AT5G52600). Геном сои кодирует 639 gma-miRNA и 369 белков семейства MYB. Из всех gma-miRNA только 25 miRNA имеют сайты связывания в mRNA 128 генов семейства MYB с уровнем комплементарности не менее 90 % и общее число таких сайтов равно 97. Наибольшее число генов-мишеней (одиннадцать) имели gma-miR159a-3p, gma-miR159e-3p и gma-miR319. Семейство gma-miR828a,b имело восемь генов-мишеней (*Glyma09g37340*, *Glyma10g35050*, *Glyma10g35061*, *Glyma18g49360*, *Glyma19g40250*, *Glyma19g44660*, *Glyma20g32500*, *Glyma20g32510*). gma-miR156aa имела полностью комплементарные сайты связывания в mRNA шести генов (*Glyma04g15150*, *Glyma06g47000*, *Glyma13g04031*, *Glyma13g25716*, *Glyma15g35860*, *Glyma20g11040*). У винограда семейство MYB состоит из 138 белков. Из 186 vvi-miRNA только пять miRNA связывались с mRNA двадцати генов семейства MYB со степенью комплементарности не менее 90% (vvi-miR159c, vvi-miR167a, vvi-miR394b, vvi-miR828a и miR828b). vvi-miR828a и vvi-miR828b имели наибольшее число мишеней – 11 и 13 генов, соответственно. Полученные результаты биоинформационного анализа являются важной теоретической основой для будущих экспериментальных исследований.

Литература

1. Черных О.А., Левицкий В.Г., Омелянчук Н.А., Миронова В.В. Компьютерный анализ и функциональная аннотация сайтов связывания транскрипционных факторов AP2/ERF в геноме ARABIDOPSIS THALIANA L. // Вавиловский журнал генетики и селекции. 2014. Т. 18, № 4/2. С. 887-897.
2. Sunkar R., Zhu J.K. Novel and stress-regulated microRNAs and other small RNAs from Arabidopsis // Plant Cell. 2004. V. 16. P. 2001-2019.
3. Axtell, M.J. Classification and Comparison of Small RNAs from Plants // Ann. Rev. of Plant Biol. 2013. V. 64, № 1. P. 137-159.

DOI:10.37747/2312-640X-2021-19-205-206

CHARACTERISTICS OF MIRNA BINDING SITES IN MRNAS OF MYB GENES OF ARABIDOPSIS, SOYA AND GRAPE

Pinskiy I.V.

*Al-Farabi Kazakh National University, Almaty, Republic of Kazakhstan
 050040, Almaty city, al-Farabi avenue, 71
 e-mail: ilya.pinskyi@mail.ru*

The characteristics of various miRNA binding sites in the mRNAs of the MYB transcription factor genes of *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* and *Vitis vinifera* have been established. The most conserved miRNA binding sites were the binding sites of the miR828 family.

Key words: miRNAs; mRNAs; genes; transcription factors.

The largest family of transcription factors, MYB, influences the development, metabolism and response to biotic and abiotic stress in plants. Currently, there is little information about the relationship of miRNA with the expression of these genes. Therefore, it seemed important to study the characteristics of miRNA binding to mRNA of MYB genes involved in all key processes in plant cells. The objects of research were fully sequenced genomes of three species of dicotyledonous angiosperms: *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max* and *Vitis vinifera* (since *Arabidopsis* is a model object of genetic research, and soybeans and grapes are common agricultural plants) [1-3]. The mRNA nucleotide sequences of the transcription factor genes were obtained from the Plant Transcription Factor Database (*planttfdb.cbi.pku.edu.cn/*). The miRNA nucleotide sequences were borrowed from miRBase (<http://www.mirbase.org>). The miRNA binding sites in the 5'UTR, CDS and 3'UTR of mRNA genes were predicted using the miRDB program (<http://mirdb.org/>). We searched for binding sites of 337 miRNAs in the mRNA of 144 MYB genes in *A. thaliana* with a complementarity level of at least 90%. The search revealed that ath-miR5658 had mRNA binding sites for nine genes (*AT1G26780*, *AT1G49010*, *AT2G36890*, *AT4G05100*, *AT4G18770*, *AT4G25560*, *AT5G15310*, *AT5G54230*, *AT5G62470*). ath-miR159 bound to the mRNA of six genes (*AT2G26950*, *AT2G32460*, *AT3G11440*, *AT3G60460*, *AT5G06100*, and *AT5G55020*). Ath-miR828 has three target genes (*AT1G56650*, *AT1G66370*, and *AT5G52600*). The soybean genome encodes 639 gma-miRNAs and 369 proteins of the MYB family. Of all gma-miRNAs, only 25 miRNAs have binding sites in the mRNA of 128 genes of the MYB family with a complementarity level of at least 90%, and the total number of such sites is 97. gma-miR159a-3p, gma-miR159e-3p and gma-miR319 had the largest number of target genes (eleven). The gma-miR828a,b family had eight target genes (*Glyma09g37340*, *Glyma10g35050*, *Glyma10g35061*, *Glyma18g49360*, *Glyma19g40250*, *Glyma19g44660*, *Glyma20g32500*, *Glyma20g32510*). gma-miR156aa had completely complementary mRNA binding sites for six genes (*Glyma04g15150*, *Glyma06g47000*, *Glyma13g04031*, *Glyma13g25716*, *Glyma15g35860*, *Glyma20g11040*). In grape, the MYB family consists of 138 proteins. Of 186 vvi-miRNAs, only five miRNAs bind to mRNAs of twenty genes of the MYB family with a degree of complementarity of at least 90% (*vvi-miR159c*, *vvi-miR167a*, *vvi-miR394b*, *vvi-miR828a*, and *miR828b*). vvi-miR828a and miR828b had the largest number of targets – 11 and 13 genes, respectively. The obtained results of the bioinformatical analysis are the important theoretical basis for future experimental studies.

References

1. Chernyh O.A., Levickij V.G., Ornel'januchuk N.A., Mironova V.V. Komp'yuternyj analiz i funkcional'naja annotacija sajtoj svjazyvaniya transkripcionnyh faktorov AP2/ERF v genome ARABIDOPSIS THALIANA L. // Vavilovskij zhurnal genetiki i selekcii. 2014. T. 18, № 4/2. S. 887-897.
2. Sunkar R., Zhu J.K. Novel and stress-regulated microRNAs and other small RNAs from *Arabidopsis* // *Plant Cell*. 2004. V. 16. P. 2001-2019.
3. Axtell, M.J. Classification and Comparison of Small RNAs from Plants // *Ann. Rev. of Plant Biol.* 2013. V. 64, № 1. P. 137–159.