

Порівняння спектрів ампліконів, отриманих із праймерами до різних частин гена бета-амілази для ДНК Аврори, Аврозиса, егілопса Шарона та інтрогресивних ліній

показало, що нуклеотидні послідовності гена у деяких ліній відрізняються одна від одної у гені β -Amy-D1 та, можливо, β -Amy-A1.

Література

1. Zhao N., Xu L., Zhu B., Li M., Zhang H., Qi B., Xu C., Han F., Liu B. Chromosomal and genome-wide molecular changes associated with initial stages of allohexaploidization in wheat can be transit and incidental // *Genome*. – 2011. – 54, N 8. – P. 692–699.
2. Антонюк М.З., Терновская Т.К. Изоферменты бета- и альфа-амилазы для идентификации генетического материала трех видов *Aegilops*, включенного в геном мягкой пшеницы // *Цитология и генетика*. – 1995. – 29, N 2. – С. 3–9.
3. TSA: *Triticum aestivum* contig07261.TraeRec mRNA sequence [Електронний ресурс]. – Режим доступу: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/346480564>
4. Bento M., Tomas D., Viegas W. Silva M. Retrotransposons represent the most labile fraction for genomic rearrangements in polyploid plant species // *Cytogenet Genome Res*. – 2013. – 140. – P. 286–294.
5. Yuan Zh., Liu D., Zhang L., Zhang L., Chen W., Yan Z., Zheng Y., Zhang H., Yen Y. Mitotic illegitimate recombination is a mechanism for novel changes in high-molecular-weight glutenin subunits in wheat-rye hybrids [Електронний ресурс] // *PLoS One*. – 2011. – 6 (8). – Режим доступу: DOI: 10.1371/journal.pone.0023511.
6. Antonyuk M.Z., Bodylyova M.V., Ternovskaya T.K. Genome structure of introgressive lines *Triticum aestivum/Aegilops sharonensis* // *Cytology and Genetics*. – 2009. – 43. – N 6. – С. 58–67.
7. Антонюк М.З., Прокопик Д.О., Мартиненко В.С., Терновська Т.К. Ідентифікація генів-промоторів остистості в інтрогресивній лінії *Triticum aestivum / Aegilops umbellulata* // *Цитология и генетика*. – 2012. – 46, № 3. – С. 10–19.

NAVALIHINA A.G. ANTONYUK M.Z., TERNOVSKA T.K.

National University of Kyiv-Mohyla Academy, Ministry of Education, Ukraine, 04070, Kyiv, H. Skovoroda str., 2, e-mail: tern@ukma.kiev.ua

GENETIC VARIABILITY OF COMMON WHEAT INTROGRESSIVE LINES FOR BETA-AMYLASE GENE

Aims. To explore electrophoretic spectra of beta-amylase in common wheat introgressive lines and explain the nature of spectra variability. **Methods.** PAAG, agarose gel electrophoresis, PCR, bioinformatical and statistical methods. **Results.** In beta-amylase electrophoretic spectra of introgressive wheat lines new components that were absent in the spectra of initial crosses, have appeared. Alleles encoding new components of the spectrum are members of allelic series of β -Amy-A1 and β -Amy-D1 genes. Three groups of lines that include introgressions from three *Aegilops* species do not differ in the frequency of changes in beta-amylase genes. Comparison of amplicon spectra after PCR showed pairs of primers that can be used to analyze changes in sequences of β -Amy-D1 and presumably, β -Amy-A1. **Conclusions.** Introgressive lines variability, that lies in the appearance of new components in electrophoretic spectra of beta-amylase has a genetic basis. It is associated with changes in gene sequences of β -Amy-D1 and conceivably, β -Amy-A1. **Key words:** genetic variability, wheat introgressions, beta-amylase, PCR analysis.

УДК 579.873.71:577.152.24:004.9

ПОЛИЩУК Л.В., ЛУКЪЯНЧУК В.В.

Институт микробиологии и вирусологии им. Д.Л. Заболотного НАН Украины, Украина, Д03680, Киев МСП, ул. Акад. Заболотного, 154, e-mail: LVPolishchuk@ukr.net

ГОМОЛОГИЯ ПЕРВИЧНОГО СТРОЕНИЯ ГЛИКОЗИЛТРАНСФЕРАЗ БИОСИНТЕТИЧЕСКОГО ПУТИ ЛАНДОМИЦИНОВ У СТРЕПТОМИЦЕТОВ

В настоящее время полностью определено нуклеотидное строение и организация более 5 тысяч бактериальных хромосом и продолжаются

работы над последовательностями еще нескольких тысяч. Для многих штаммов продуцентов антибиотиков полностью определено

нуклеотидное строение кластеров генов, детерминирующих синтез антибиотиков: например, *S. kanamyceticus* ATCC12853 (канамицин), *S. antibioticus* Tu 6040 (симоциклин), *Streptomyces* sp. JP95 (гризеородин), *S. fradia* Tu 2717 (урдамицин) и многие другие. Составлены базы данных об аминокислотном строении бактериальных протеинов, в которые включены последовательности более 50000 соединений, выполняющих различные функции в клетках микроорганизмов (например, NCBI Reference Sequence project). Для анализа информации, собранной в таких базах, специалистами разработано ряд компьютерных программ. Особый интерес представляет анализ имеющейся в базах данных информации об аминокислотном строении протеинов микробных для выявления гомологии генов, участвующих в биосинтетических процессах. Такое изучение имеет как практическое значение, так и теоретический интерес. Выявление распространения и гомологии генов биосинтетических кластеров среди микроорганизмов различных таксонов необходимо для получения новых продуцентов так, как у ряда микроорганизмов уже установлено наличие криптических кластеров генов биосинтеза антибиотиков. Теоретический интерес представляет и выявление сродства энзимов, выполняющих одни и те же функции (например, гликозилтрансфераз участвующих в синтезе ландомицинов) у одного и того же микроорганизма и разных продуцентов.

Материалы и методы

Проводился *in silico* анализ гомологии аминокислотного строения гликозилтрансфераз (Е.С. 2.4.1), принимающих участие в синтезе углеводной цепочки ландомицинов у трех

штаммов микроорганизмов – продуцентов указанных антибиотиков (табл. 1).

Результаты анализа информации о первичном строении этих энзимов из доступных Интернет базы данных сервера NCBI (GenBank) представлены в данной работе. Выравнивание аминокислотных последовательностей проводилось с использованием программы BLASTP 2.2.29 [1].

Результаты и обсуждение

В настоящее время установлено существование большого семейства ангуациклиновых антибиотиков – ландомицинов. Сообщается о синтезе различных ландомицинов двумя wild-type штаммами (*S. globisporus* 1912 и *S. cyanogenus* S136) и их производными вариантами, а так же некультивируемым микроорганизмом, выделенным из почвы Аризоны, США. У микроорганизмов продуцентов полностью определено строение кластера генов синтеза антибиотиков; у 2-х последних из них установлено нуклеотидное строение всех генов кластеров [2–4].

Основные отличия в строении молекул соединений семейства ландомицинов обнаружены в составе и длине их углеводной составляющей. Полисахариды могут содержать от 1 до 6 гексозных остатков, в их состав могут входить оливоза, родиноза, амицетоза. Молекула ландомицина А содержит 2 повтора трисахарида оливоза-оливоза- родиноза, в то время как ландомицин Е только один такой трисахарид. Определение биоцидного действия ландомициновых антибиотиков показало значительное влияние длины и состава углеводной цепочки на антибактериальную и противоопухолевую активность [5, 6].

Таблица 1. Гликозилтрансферазы штаммов стрептомицетов продуцентов ландомицинов

Антибиотики	Микроорганизмы - продуценты антибиотиков	Гликозилтрансферазы		
		Энзим	Размер пептида, ак	Accession, GenBank
Ландомицин Е	<i>Streptomyces globisporus</i> 1912	LndGT1	389	AAS20331
		LndGT2	227*	AAS13326
		LndGT4	416	AAR16418
	Некультивируемый микроорганизм (клон AZ97)	Orf27	391	AEM44235
		Orf29	389	AEM44237
		Orf32	416	AEM44241
Ландомицин А	<i>Streptomyces cyanogenus</i> S136	LanGT1	390	AAD13555
		LanGT2	373	AAD13553
		LanGT3	401	AAD13559
		LanGT4	417	AAD13562

Примечание: * – частичный сиквенс аминокислотной последовательности протеина.

Доказано, что полимеризацию углеводной цепочки молекул ландомицинов осуществляют по несколько гликозилтрансфераз: у *S. globisporus* 1912 и у клона AZ97 по 3 энзима, а у *S. cyanogenus* S136 – 4 (табл. 1). У всех 3 микроорганизмов выявлена субстратная специфичность гликозилтрансфераз, участвующих в синтезе ландомицинов. Определено аминокислотное строение указанных энзимов.

Интересным представлялось определить степень подобия первичного строения энзимов, катализирующих реакции элонгации углеводной цепочки ландомицинов у трех штаммов их продуцентов и гликозилтрансфераз одного и того же микроорганизма. Была выявлена различная степень попарной гомологии аминокислотных последовательностей энзимов как катализирующих одни и те же этапы образования углеводной цепочки ландомицинов, так разные (табл. 2).

Установлено, что присоединение оливозы к ландомицинону катализируют гликозилтрансферазы (Д-оливозилтрансферазы) LndGT2, LanGT2 и Orf27. Д-оливозилтрансферазы LndGT1, LanGT1 и Orf29 катализируют присоединение второй молекулы оливозы к образовавшемуся в предыдущей стадии ландомицину Н. Л-родинозилтрансферазы LndGT4, LanGT4 и Orf32 осуществляют присоединение третьего остатка (родинозы) углеводной цепочки ландомицина Е ранее к образовавшемуся ландомицину F. Анализ *in silico* взаимного сродства (попарного выравнивания) первичного строения энзимов, катализирующих одинаковые реакции (LndGT2/LanGT2/Orf27, LndGT1/LanGT1/Orf29, LndGT4/LanGT4/ Orf32) показал, что их аминокислотный состав идентичен соответственно на 75 %, 78 % и 76 % (табл. 2).

В биосинтетических кластерах 3 микроорганизмов продуцентов наблюдается одинаковое расположение генов, детерминирующих энзимы, катализирующие аналогичные этапы синтеза углеводных цепочек ландомицинов. Кроме того, такие энзимы, имеют почти идентичные молекулярные размеры. Например, гликозилтрансферазы LndGT4 (AAR16418) и Orf33 (AEM44241) состоят из 416 аминокислотных остатков, а LanGT4 (AAD13562) – из 417 (табл. 1). Предположение об общности эволюционного происхождения биосинтетических кластеров

свидетельствуют и результаты проведенных нами ранее исследований аминокислотных последовательностей (ABB84178, AEM442386 AF080235, GenBank), кодирующих трансмембранные антипортеры ландомицинов у 3 указанных продуцентов [7].

В биосинтезе ландомицина А клетками *S. cyanogenus* S136 принимает участие Д-оливозилтрансфераза LanGT3, катализирующая присоединение оливозы к остатку родинозы в углеводной цепочке ландомицина Е. Для выявления гомологии аминокислотного строения шести аминокислотных последовательностей Д-оливозилтрансфераз трех продуцентов с последовательностью AAD13559 (LanGT3) *S. cyanogenus* S136 проводился попарный сравнительный анализ строения (попарное выравнивание) (табл. 2).

Показана идентичность выше 50 % аминокислотного строения трех Д-оливозилтрансфераз LndGT1, LanGT1, Orf29 и последовательности Д-оливозил-трансферазы LanGT3 (таблица 2).

Энзимы LndGT1, LanGT1 и Orf29 катализируют присоединение второй молекулы оливозы. Как показано выше, гликозилтрансферазы LndGT1, LanGT1 и Orf29 – возможные ортологичные энзимы. Основываясь на том, что оба фермента (LanGT3 и LanGT1) переносят остатки оливозы; имеют близкие молекулярные размеры аминокислотных последовательностей (соответственно, 401 ак и 390 ак) и детерминирующие их гены в биосинтетических кластерах расположены по соседству, высказано предположение, что упомянутые гликозилтрансферазы являются паралогичными ферментами.

Определена идентичность выше 50 % аминокислотного строения трех Д-оливозилтрансфераз LndGT1, LanGT1 и Orf29 последовательности Д-оливозилтрансферазы LanGT3. Попарные выравнивания последовательностей данных энзимов характеризуются также и более высоким показателем выравнивания (Maximum score) в сравнении с LanGT2 и Orf27.

Энзимы LndGT1, LanGT1 и Orf29 катализируют присоединение второй молекулы оливозы. Как показано выше, гликозилтрансферазы LndGT1, LanGT1 и Orf29 – возможные ортологичные энзимы.

Таблица 2. Попарное выравнивание нуклеотидного строения гликозилтрансфераз микроорганизмов продуцентов ландомицинов

Энзимы	Степени идентичности и подобия первичного строения гликозилтрансфераз микроорганизмов								
	LndGT1	LndGT2	LndGT4	Orf27	Orf29	Orf32	LanGT1	LanGT2	LanGT3
LndGT2 Score	33*/48** 101								
LndGT4 Score	31/45 150	32/50 60,1							
Orf27 Score	34/49 671	88/89 390							
Orf29 Score				33/48 162					
Orf32 Score			93/96 738	28/43 111	33/46 177				
LanGT1 Score	78/85 587				81/87 629				
LanGT2 Score		81/86 342		83/90 607			33/51 162		
LanGT3 Score	51/62 315	28/41 82,8		29/44 126	52/64 358		51/64 357	28/44 110	
LanGT4 Score	30/45 150		78/86 610			80/89 629	33/46 145	26/42 83,5	30/45 108

Примечание: * – степень идентичности, %, ** – степень подобия, %; частичный сиквенс аминокислотной последовательности протеина LndGT2; Score – статистическая значимость выравнивания аминокислотных последовательностей протеинов.

Основываясь на том, что оба фермента (LanGT3 и LanGT1) переносят остатки оливозы; имеют близкие молекулярные размеры аминокислотных последовательностей (соответственно, 401 ак и 390 ак) и детерминирующие их гены в биосинтетических кластерах расположены по соседству, высказано предположение, что упомянутые гликозилтрансферазы являются паралогичными ферментами.

Определение взаимной гомологичности строения гликозилтрансфераз, обеспечивающих синтез углеводной цепочки ландомицина у каждого из микроорганизмов, является важным для выявления эволюционного происхождения детерминирующих их генов одного биосинтетического кластера.

Как упоминалось выше, в синтезе трисахарида (оливоза-оливоза-родиноза) ландомицина Е штаммов *S. globisporus* 1912 принимают участие энзимы LndGT2 и LndGT1 (Д-оливозилтрансферазы) и LndGT4 (Л-родинозилтрансфераза). *In silico* анализ выявил степень идентичности первичного строения энзимов, даже имеющих одинаковую субстратспецифичность, – 33% (табл. 2).

Полимеризацию углеводной составляющей молекулы ландомицина Е у

метагеномного клона AZ97 осуществляют также 3 гликозилтрансферазы: 2 Д-оливозилтрансферазы (Orf29 и Orf27) и Л-родинозилтрансфераза (Orf32). Анализ их аминокислотного строения также выявил степень идентичности первичного строения энзимов, в том числе и Д-оливозилтрансферазы, – 33% (табл. 2).

Полученные данные о низкой (менее 35 %) степени идентичности аминокислотного строения энзимов одного и того же продуцента позволяют предположить, что биосинтетический кластер аризонского некультивируемого микроорганизма детерминирует 3 гликозилтрансферазы (Orf27, Orf29, Orf32), не являющихся паралогами друг друга (табл. 2).

Мажорным компонентом комплекса ландомицинов, синтезированных штаммом *S. cyanogenus* S136 является ландомицин А. Данный антибиотик характеризуется наличием гексасахаридной цепочки, состоящей из 2 трисахаридов, выявленных у ландомицина Е. В кластере генов биосинтеза ландомицина А выявлено наличие дополнительного гена lanGT3, детерминирующего гликозилтрансферазу (Д-оливозилтрансферазу) LanGT3. Сравнение аминокислотных последовательностей гликозилтрансфераз данного кластера

выявило степень гомологии выше 40 % первичного строения энзимов как осуществляющих перенос одинаковых моносахаров, так и различных (табл. 2).

Наибольшая гомология выявлена между Д-оливозилтрансферазами LanGT3 и LanGT1 – 52 %. Основываясь на представленных данных *in silico* анализа, возможно предположить, что Д-оливозилтрансферазы LanGT3 и LanGT1 *S. cyanogenus* S136 являются паралогичными энзимами. Показатель попарного выравнивания также значительно выше при анализе гомологии пары последовательностей LanGT3 - LanGT1.

Зная расположение генов гликозилтрансфераз (lanGT2 - lanGT1 - lanGT3 - lanGT4) в ландомициновом кластере и последовательность участия в синтезе углеводной цепочки (LanGT2 – LanGT1- LanGT4- LanGT3), можно сделать предположение о возможности возникновения гена lanGT3 последним из гликозилтрансферазных генов данного кластера в результате дубликации гена lanGT1.

Литература

1. The National Center for Biotechnology Information [Электронный ресурс]. – Режим доступа: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
2. Luzhetskyy A., Bechthold A. Features and applications of bacterial glycosyltransferases: current state and prospects // Appl. Microbiol. Biotechnol. – 2008. – 80, N 6. – P. 945–952.
3. Kharel M.K., Pahari P., Shepherd M.D., Tibrewal N., Nybo S.E., Shaaban K.A., Rohr J. Angucyclines: Biosynthesis, mode-of-action, new natural products, and synthesis // Nat. Prod. Rep. – 2012. – 29, N 2. – P. 264–325.
4. Feng Z., Kallifidas D., Brady S.F. Functional analysis of environmental DNA-derived type II polyketide synthases reveals structurally diverse secondary metabolites // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. – 2011. – 108, N 31. – P. 12629–12634.
5. Мацелюх Б.П., Коновалова Т.А., Поліщук Л.В., Бамбура О.І. Чутливість до ландоміцину А і Е стрептоміцетів, продуцентів полікетидних антибіотиків // Мікробіол. журн. – 1998. – 60, № 1. – С. 31–36.
6. Korynevskaya A., Heffeter P., Matselyukh B., Elbling L., Micksche M., Stoika R., Berger W. Mechanisms underlying the anticancer activities of the angucycline landomycin E // Biochem. Pharmacol. – 2007. – 74, N 12. – P. 1713–1726
7. Polishchuk L., Lukyanchuk V. Search *in silico* of microorganisms' patterns, which are homologs of *Streptomyces globisporus* 1912 LndJ-pattern // Europ. Appl. Sciences. – 2003. – 1, N 1. – P. 18–22.

POLISHCHUK L., LUKYANCHUK V.

Zabolotny institute of Microbiology and Virology of the NAS of Ukraine,

Ukraine, UA-03680, Kyiv-143, Acad. Zabolotny str., 154, e-mail: LVPolishchuk@ukr.net

PRIMARY STRUCTURES HOMOLOGY OF GLYCOSYLTRANSFERASES FROM LANDOMYCINES SYNTHETIC WAYS OF STREPTOMYCES

Aims. defining of evolutionary relationship of glycosyltransferases which catalyzing synthesis of carbohydrate chain of landomycines in producing microorganisms (*Streptomyces globisporus* 1912, *S. cyanogenus* S 136 and uncultivated microorganisms from soil of Arizona, USA). **Methods.** Information about the aminoacid sequences of the enzymes from the available Internet databases was used in this study. *In silico* analysis of patterns structures was performed using the technical capabilities of the program BLAST. **Results.** Degree of homology of enzymes structures (D-olivosyltransferases and L-rhodinyltransferases) within the same organism and different producers was determined. The amino acid

Выводы

Основываясь на данных *in silico* анализа аминокислотного строения гликозилтрансфераз трех микроорганизмов – продуцентов ландомицинов А и Е (*S. cyanogenus* S136, *S. globisporus* 1912 и клона AZ97, содержащего фрагмент хромосомы некультивируемого микроорганизма из Аризоны), были сделаны заключения: **1.** о возможности эволюционного сродства (ортологичности) энзимов, катализирующих аналогичные биосинтетические реакции Д-оливозилтрансфераз (LanGT1/LndGT1/Orf27 и LanGT2/LndGT2/Orf29) и Л-родинозилтрансфераз (LanGT4/LndGT4/Orf32); **2.** гликозилтрансферазы, синтезирующие углеводную цепочку ландомицина Е клона AZ97, вероятнее всего не являются белками-паралогами; **3.** у штамма *S. cyanogenus* S136 из 4 гликозилтрансфераз, участвующих в синтезе ландомицина А, только Д-оливозилтрансферазы LanGT3 и LanGT1 могут быть паралогичными энзимами.

structures of analogous glycosyltransferases (LanGT1/LndGT1/Orf27, LanGT2/LndGT2/Orf29 and LanGT4/LndGT4/Orf32) synthesizing carbohydrate chain of landomycin E all three producers were identical more than 75 %, meanwhile there was less than 33 % identity of enzymes structures (LanGT1/LanGT2/LanGT4, LndGT1/LndGT2/LndGT4, Orf27/Orf29/Orf32) within each particular microorganism. **Conclusions.** Evolutionary relationship between analogous enzymes was revealed: they are orthologs. Two enzymes (LanGT3 and LanGT1) of *S. cyanogenus S136* were identified as paralogous ones. *Key words:* structure, *in silico* analysis, homology, ortholog, paralog, glycosyltransferase.

УДК 633.52:577.21:632.165

РАБОКОНЬ А.Н., ПОСТОВОЙТОВА А.С., ПИРКО Я.В., БЛЮМ Я. Б.

Институт пищевой биотехнологии и геномики НАН Украины,

Украина, 04123, г. Киев, Осиповского, 2а, e-mail: nastya-rabokon@rambler.ru

АНАЛИЗ ГОМОЛОГОВ ГЕНОВ ОСНОВНЫХ БЕЛКОВ ЦИТОСКЕЛЕТА У РАЗЛИЧНЫХ ВИДОВ ВЫСШИХ РАСТЕНИЙ

Гены цитоскелетных белков, часть из которых относится к генам «домашнего хозяйства» (housekeeping genes), необходимы для поддержания важнейших жизненных функций как отдельно взятых клеток, так и всего организма в целом [1]. Недавние исследования показали, что длина интронов некоторых из них, точнее ILP (Intron Length Polymorphism), может быть удобным и надежным инструментом для изучения генетического разнообразия и филогенетических связей между различными видами растений. Также ILP неплохо зарекомендовал себя для предварительной характеристики и распознавания различных генотипов растений [2]. В связи с этим изучение экзон-интронной структуры генов, кодирующих цитоскелетные белки (прежде всего актина, α - и β -тубулина) у различных видов растений представляет практический интерес с точки зрения расширения возможного спектра молекулярных маркеров за счет более глубокого анализа именно экзон-интронной структуры этих генов [3]. В связи с этим, целью работы было проведение биоинформационного анализа последовательностей генов актина (основного белка микрофиламентов), α - и β -тубулина (базовый белок микротрубочек) у видов ризовидки Таля (*Arabidopsis thaliana*), риса (*Oriza sativa*), картофеля (*Solanum tuberosum*) и томата (*Solanum lycopersicum*) для изучения их интрон-экзонной структуры.

Материалы и методы

Полные последовательности генов актина и тубулина *A. thaliana* были взяты из базы данных GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/). В геноме этого растения

аннотировано 8 последовательностей генов актина (At2g37620(Act1), At3g18780(Act2), At3g53750(Act3), At5g59370(Act4), At5g09810(Act7), At1g49240(Act8), At3g12110(Act11), At3g46520(Act12)), 6 последовательностей генов α -тубулина (At1g64740(Tua1), At1g50010(Tua2), At5g19770(Tua3), At1g04820(Tua4), At5g19780(Tua5), At4g14960(Tua6)) и 9 последовательностей генов β -тубулина (At1g75780(Tub1), At5g62690(Tub2), At5g6270(Tub3), At5g44340(Tub4), At1g20010(Tub5), At5g12250(Tub6), At2g29550(Tub7), At5g23860(Tub8), At4g20890(Tub9)). В дальнейшем полные последовательности, отдельно кодирующие области, а также их продукты были использованы для поиска и анализа гомологов у *O. sativa*, *S. tuberosum* и *S. lycopersicum*. Геномы выше упомянутых видов полностью секвенированы, но в базе данных GenBank до сих пор отсутствует их аннотация. Для множественного выравнивания исследуемых нуклеотидных секвенсов были использованы программы Clustal 2.0 и UGENE [5, 6].

В качестве матрицы для поиска потенциальных гомологов были использованы гены: актина – actin-1 (ACT1_ARATH), α -тубулина – tubulin alpha-1 (TBA1_ARATH) и β -тубулина tubulin beta-1 (TBB1_ARATH) из *A. thaliana*. С помощью инструмента BLASTN был проведен поиск в базе данных Phytozome v9.1 (www.phytozome.net). Отбор гомологов был основан на процентных показателях идентичности и сходства генов, а также на полноте нуклеотидных последовательностей и транслируемых продуктов.

Результаты и обсуждение

В результате анализа генома риса выявлено 11 нуклеотидных последователь-