

Стратегия поиска белков нуклеоплазминового семейства у растений

Научный руководитель – Ильницкий Иван Сергеевич

Суворова Александра Алексеевна

Студент (специалист)

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Факультет
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия

E-mail: suvorovaas007@gmail.com

Суворова А.А., Ильницкий И.С., Жарикова А.А., Шеваль Е.В.

В течение нескольких последних лет в нашей лаборатории велись исследования семейства нуклеоплазминовых белков. Эти белки хорошо охарактеризованы у животных и хоанофлагеллят, где они имеют консервативную структуру: N-концевой домен (NTD) с архитектурой β -сэндвича, обеспечивающий пентамеризацию; внутренний довольно протяжённый неупорядоченный участок (IDR), обогащенный кислотными остатками; и C-концевой домен (CTD), ответственный за связывание нуклеиновых кислот. У животных нуклеоплазмины выполняют функции гистоновых шаперонов, способствуя сборке нуклеосом, а также участвуют в поддержании целостности ядрышка, включая организацию гранулярного компонента.

Данные о нуклеоплазминах у растений фрагментарны. Иммунофлуоресцентное окрашивание антителами к нуклеоплазмину выявило белок с аналогичной локализацией в ядрышках корневых меристематических клеток сои [2]. Однако нам не удалось найти данных о структуре белка или о том, продуктом какого гена является этот белок.

Ранее были идентифицированы растительные белки с предсказанной вторичной структурой NTD, сходной с нуклеоплазмином. Кроме того, анализ структур, предсказанных с помощью AlphaFold, выявил нуклеоплазмин-подобные домены у грибов, растений и простейших. Эти белки обладают вариабельными архитектурами: консервативный NTD для пентамеризации, IDR (как у животных), но CTD варьирует или отсутствует, что предполагает дивергенцию функций. В частности, растительные гистоновые деацетилазы и FKBP-пролизиомеразы демонстрируют нуклеоплазминовую укладку в NTD, формирует пентамеры [1].

Мы планируем идентифицировать все белки, содержащие домены, гомологичные NTD нуклеоплазмина, в геномах, протеомах и транскриптомах модельных видов (например, *Arabidopsis thaliana*, *Oryza sativa*), используя такие биоинформатические инструменты как BLAST, HMMER, FoldSeek для поиска гомологов, AlphaFold для предсказания структур и MUSCLE для множественного выравнивания последовательностей. Чтобы обеспечить высокую точность в определении неупорядоченных регионов (IDR) и доменной структуры применяются разные инструменты. InterProScan используется для аннотации доменов и мотивов, предоставляя доступ не только к Pfam-доменам, но и к неструктурированным участкам через интеграцию с MobiDB-lite (см. рис. 1). Полученные данные позволят предположить, могут ли найденные белки, потенциально адаптированные к ядерным процессам растений, выполнять функции, аналогичные функциям нуклеоплазмина человека.

Источники и литература

- 1) Singh, A. K., Saharan, K., Baral, S., & Vasudevan, D. (2022). The plant nucleoplasmin AtFKBP43 needs its extended arms for histone interaction. *Biochimica et biophysica acta. Gene regulatory mechanisms*, 1865(7), 194872. <https://doi.org/10.1016/j.bbagr.2022.194872>

- 2) Stępiński, D. Immunodetection of nucleolar proteins and ultrastructure of nucleoli of soybean root meristematic cells treated with chilling stress and after recovery. *Protoplasma* 235, 77–89 (2009). <https://doi.org/10.1007/s00709-009-0033-z>