

**Цинк-связывающие мотивы в аминоксил-тРНК синтетазах класса I:  
сравнительный геномный и структурный анализ**

**Научный руководитель – Диброва Дарья Владимировна**

**Аркуша Вероника Евгеньевна**

*Студент (специалист)*

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

*E-mail: arkushaver@mail.ru*

Аминоксил-тРНК синтетазы (aaRS) класса I – одни из древнейших ферментов трансляции. Их каталитические домены усложнились за счёт встраивания дополнительных структурных модулей, включая цинковый палец (ZF) [1]. При этом наблюдается парадокс: aaRS с наиболее сложной архитектурой распознают древние простые аминокислоты (Leu, Ile, Val), тогда как более простые по строению aaRS специфичны к эволюционно более поздним аминокислотам (Trp, Phe, Arg) [1]. В соответствии с недавно опубликованным сценарием ранней эволюции жизни [3], ионы цинка могли в изобилии присутствовать на стадии формирования «мира РНК», и это может объяснять их частое присутствие в структурах универсальных ферментов, к которым относятся и aaRS.

Цель работы – провести филогеномный анализ aaRS класса I и проследить консервативность сайтов связывания ионов  $Zn^{2+}$ , а также проверить, всегда ли простая доменная архитектура aaRS соответствует эволюционно более поздним аминокислотам и наоборот. Для анализа мы использовали 2296 геномов прокариот, входящих в базу данных Кластеров Ортологичных Групп (КОГов) [2], 17 213 белков из 8 семейств aaRS класса I. Для каждого семейства определены родственные связи (с помощью COGcollator) и доменная архитектура (Domain Analyser по базе данных Pfam). Множественное выравнивание получено с помощью MAFFT, филогенетическое дерево построено по 393 последовательностям с использованием FastTree, визуализация выполнена в R (ggtree, ggplot2, pheatmap).

Подтвердилось, что aaRS класса I для древних аминокислот (Val, Ile, Leu) содержат от 5 до 8 структурных модулей (включая ZF и домен редактирования tRNA-synt\_1\_2), тогда как aaRS класса I для более поздних аминокислот без ZF обычно включают лишь 2 или 4 модуля. Анализ родственных связей показал, что пять aaRS подкласса Ia образуют единый кластер паралогов наряду с двумя субкластерами: алифатическая тройка LeuRS/IleRS/ValRS и пара MetRS-CysRS. Также был проведен анализ сайтов связывания  $Zn^{2+}$  для всех изученных aaRS.

Наш анализ согласуется с предложенной в [1] моделью: ферменты с более сложной архитектурой специфичны к древним простым аминокислотам.

**Источники и литература**

- 1) Douglas J. et al. Enzymic recognition of amino acids drove the evolution of primordial genetic codes // Nucleic Acids Research. 2024. Vol. 52. P. 558–571.
- 2) Galperin M.Y. et al. COG database update 2024 // Nucleic Acids Research. 2025. Vol. 53. P. D356–D363.
- 3) Mulikidjanian A.Y., Dibrova D.V., Bychkov A.Y. Origin of the RNA World in Cold Hadean Geothermal Fields Enriched in Zinc and Potassium // Life. 2025. Vol. 15. P. 399.