

Анализ дивергенции генов семейства HD-ZipIII при формировании бифациального листа**Научный руководитель – Ежова Татьяна Анатольевна***Близна А.И.¹, Куприянова Е.В.¹*

1 - Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова, Биологический факультет, Кафедра генетики, Москва, Россия

Развитие верхней стороны листа у растений контролируют гены семейства HD-ZipIII, кодирующие белки, содержащие домены HD, ZIP, START, SAD и MEKHLA [2]. У *Arabidopsis thaliana* к этому семейству относятся 5 генов, 3 из которых (*REV*, *PHB*, *PHV*) участвуют в контроле поляризации (группа REV), а 2 имеют иные функции (группа CNA). Гены группы REV возникли у общего предка одно- и двудольных растений в результате приобретения генетических изменений, обусловивших возможность их субфункционализации [1]. Однако изменений, отличающих гены, вовлеченные в поляризацию, от других генов HD-ZipIII ранее выявлено не было. Мы провели детальное сравнение аминокислотного состава белков HD-ZipIII (группа REV), контролирующих поляризацию, с белками, не связанными с этой функцией (группа CNA) из двудольных видов и однодольных. В результате у двудольных выявлен ряд консервативных значимых замен в доменах MEKHLA, SAD и START. Наиболее интересной является замена 10 соседствующих аминокислотных остатков в домене SAD. Консервативность выявленных замен, подтверждающая их функциональную значимость, показана и при сравнении аллелей генов *REV*, *PHB*, *PHV* из 21 экотипа *A. thaliana*. Более того, анализ дивергенции последовательностей генов *A. thaliana* из двух групп показал существенное увеличение дивергенции ($dN/dS > 1$) на участке гена, соответствующем SAD-домену. Это свидетельствует о действии позитивного отбора и функциональной значимости выявленных замен в субфункционализации генов HD-ZipIII группы REV после их дупликации.

Исследования поддержаны грантом РФФИ №16-04-00437.

Источники и литература

- 1) Floyd S.K, Zalewski C.S, Bowman J.L. Evolution of class III homeodomain-leucine zipper genes in streptophytes // Genetics. 2006. P.373–388.
- 2) Mukherjee K, Bürglin T.R. MEKHLA, a novel domain with similarity to PAS domains, is fused to plant homeodomain-leucine zipper III proteins // Plant Physiol. 2006. P.1142–1150.