

Summary

Aims

- Determine if extremely conserved elements occur in the RNA- and protein-coding regions of plant genomes
- Определить находятся ли экстремально консервативные элементы в РНК- или белок-кодирующих участках геномов растений

Results

- Plant Long Identical Multispecies Elements (LIMEs) were found in three types of RNA: U2/U6 snRNA, lncRNA, and tRNA
- Длинные идентичные межвидовые элементы (ЛАЙМы) в растениях были найдены в трех видах РНК: У2/У6 мРНК, длиной некодирующей РНК и тРНК
- Several LIMEs were found universally conserved in the sequences of unrelated proteins
- Несколько ЛАЙМ-ов были найдены в белок-кодирующих последовательностях эволюционно неродственных белков

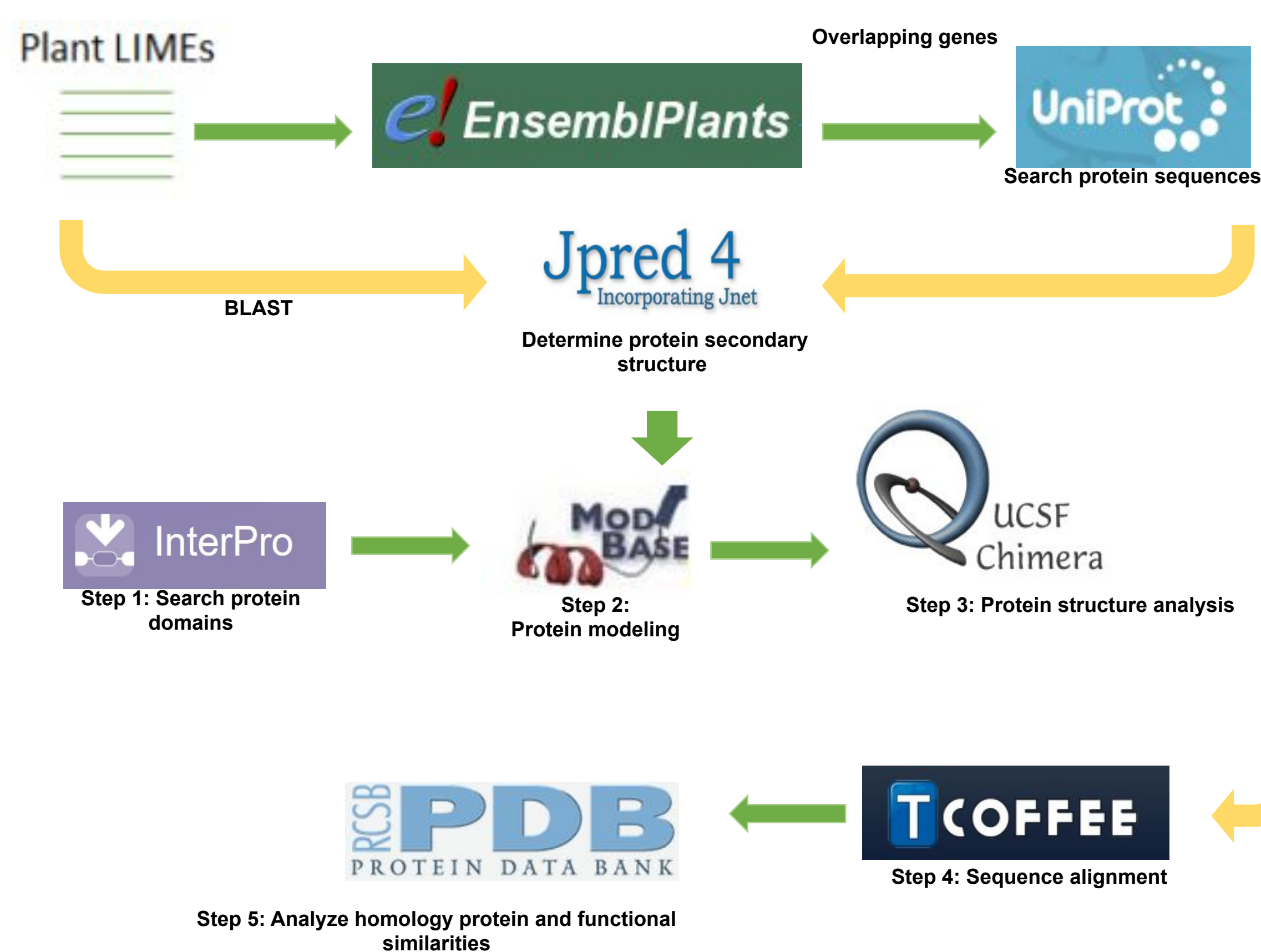
Background

- Until now, plant LIMEs were only found in a small group of plant genomes
- До сих пор растительные ЛАЙМы исследовались только у небольшой группы растений
- LIMEs with complex, non-repetitive structure have been found exclusively in non-coding regions of plant genomes
- ЛАЙМ-ы со сложной, неповторяющейся, последовательностью были найдены только в некодирующих участках геномов растений

Methods

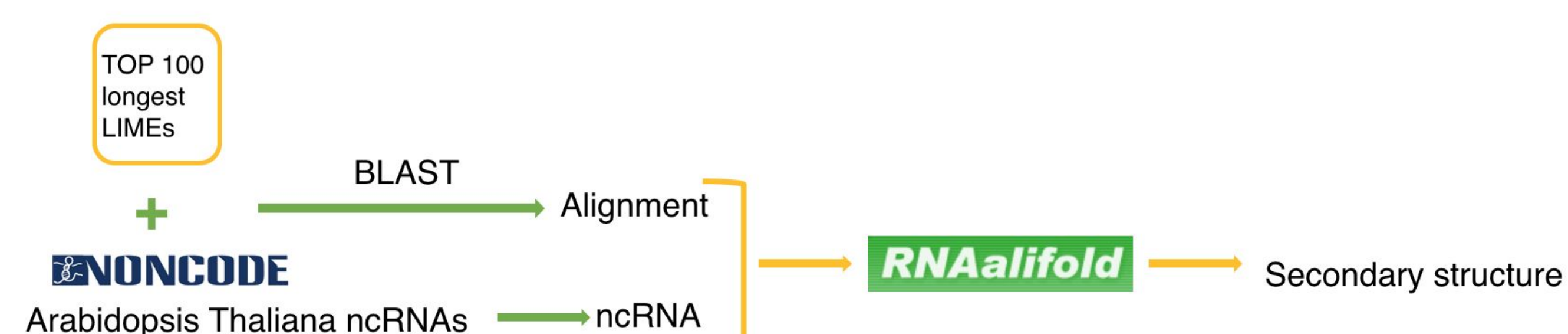
Protein-coding region annotation and characterization

Аннотация и характеристика белок-кодирующих регионов



RNA-coding region annotation and characterization

Аннотация и характеристика РНК-кодирующих регионов



Conclusions

- We found that plants LIMEs are often located in the RNA and protein-coding regions
- Мы выяснили, что растительные ЛАЙМ-ы часто располагается в РНК- и белок-кодирующих участках растительных геномов
- Strikingly, some LIMEs are shared by the sequences of evolutionary unrelated proteins
- Удивительным образом, некоторые ЛАЙМ-ы были обнаружены в последовательностях не родственных между собой белков

Results

Plant LIMEs in protein-coding regions Растительные ЛАЙМы в белок-кодирующих участках

- For the first time, we have found plant LIMEs conserved in several protein coding regions
- Впервые мы обнаружили ЛАЙМ-ы у растений сохраненные в белок-кодирующей последовательности
- In this case study, we present one of the most interesting examples: three unrelated proteins sharing the same nucleotide and residue sequence (no synonymous mutations)
- В этом примере мы рассматриваем один из интереснейших случаев: ЛАЙМ кодирующий последовательность из 23

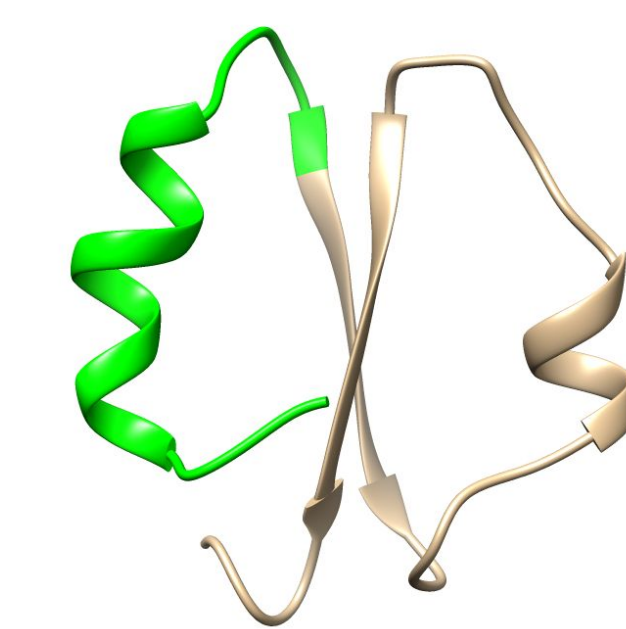
LIME (69nt): TATCAGATATAACTGATAAGAAGACAGATACTACACTTGATCTTAGCCAAAAGGCCGAGAAAGGTATGA
Protein sequence (23 res): SDIKLIRDTLTLDSQKAEKGM

Example 2: Vacuolar ATP synthase catalytic subunit-related gene from *A. thaliana*

Transcript of this gene includes 4 exons. LIME region occupies entire exon 4.
Транскрипт гена состоящий из 4-х экзонов. ЛАЙМ почти полностью занимает 4-й экзон



Secondary structure of the protein. LIME occupies a helix.
Вторичная структура белка. ЛАЙМ (зеленый) находится в спирали



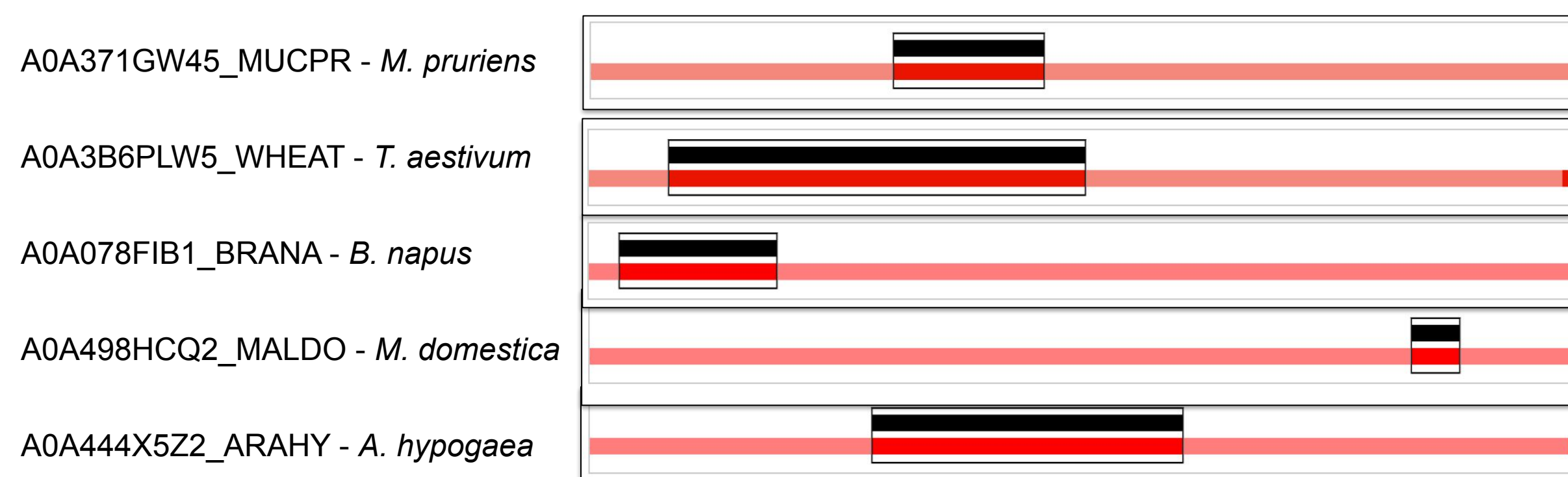
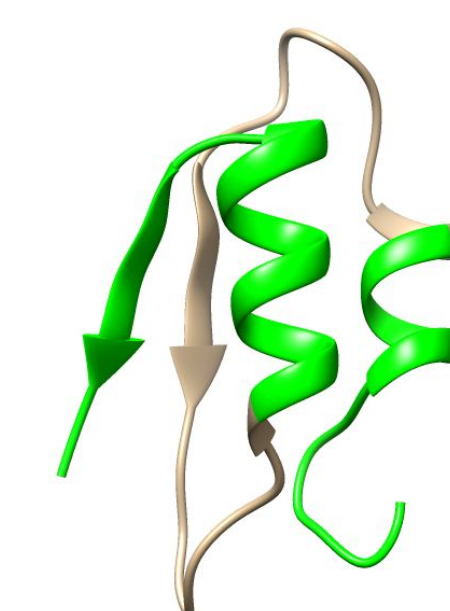
Homology model of Vacuolar ATP synthase catalytic subunit-related with a LIME
Модель вакуольной АТФ-синтазы с ЛАЙМом.

Example 3: Unknown gene from *Vitis vinifera*

Transcript of this gene includes 2 exons. 2 identical LIMEs occupy entire exon 1 and a part of exon 2.
Транскрипт гена состоящий из 2-х экзонов. Два идентичных ЛАЙМ-а почти полностью занимают 1-й и частично 2-й экзоны

PTHR34892 Family not named (vacuole)
PTHR34892 Family not named (vacuole)

Domain architecture of the above protein
Доменная архитектура белка

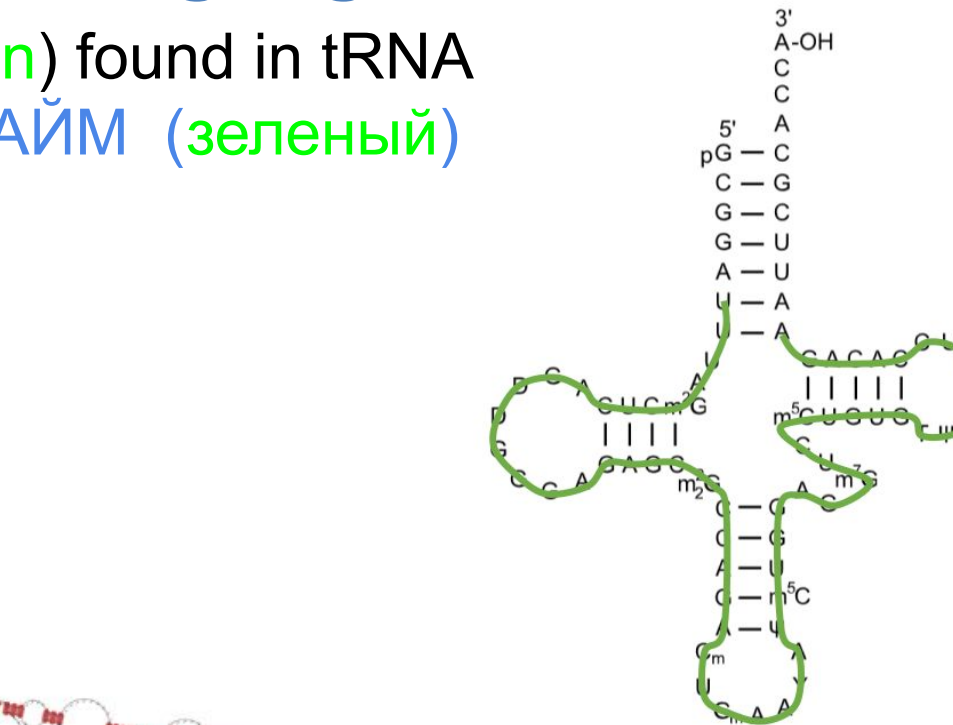
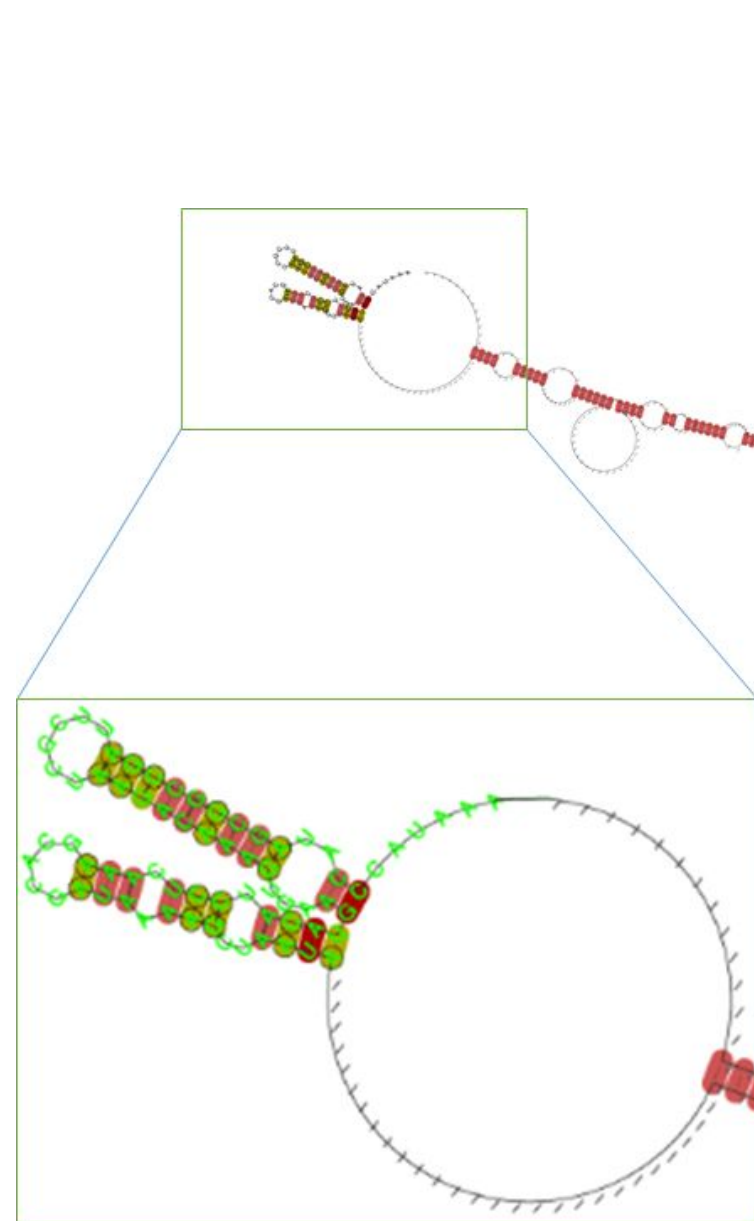


The same LIME protein sequence was found to occur identical in numerous unrelated plant proteins
Та же белковая последовательность соответствующая ЛАЙМ-у была найдена в многочисленных растительных белках неродственных меж собой

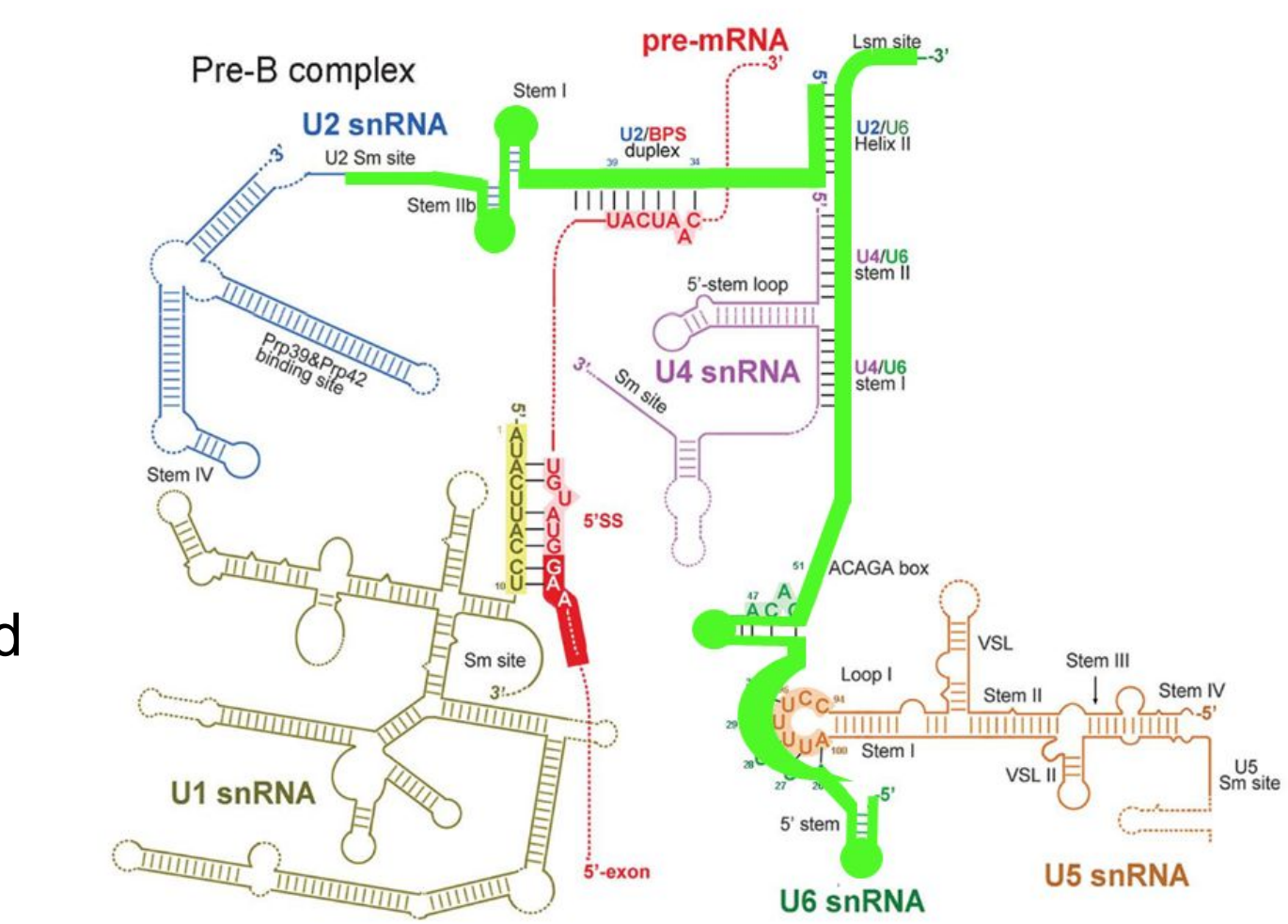
Protein from *Vitis vinifera* with two identical LIMEs (green)
Белок с двумя идентичными ЛАЙМ-ами (выделено зеленым)

Plant LIMEs in RNA-coding regions Растительные ЛАЙМы в белок-кодирующих участках

Example 1: Plant LIME (green) found in tRNA
Пример 1: Растительный ЛАЙМ (зеленый) найденные в тРНК



Example 2: Plant LIME (green) found in U2 and U6 snRNA
Пример 2: Растительный ЛАЙМ (зеленый) найденные в У2 и У6 мРНК



Future Directions

- Determine the evolutionary forces behind the universally conserved protein-coding regions plant LIMEs
- Описать эволюционные механизмы стоящие за универсально консервативными белок-кодирующими ЛАЙМ-ами
- Compare the conservation levels in other snRNA units in plant and animal genomes
- Сравнить уровни консервативности в других типах мРНК в геномах растений и животных

References

- Renecker et al., *PNAS*, 109 (19) (2012)
- Zhao, Xinyue, et al. *Nature communications* 9.1 (2018)
- Bai et al., *Science* 360, 1423–1429 (2018)