

УДК 577.212.3

EDN [CLISBX](#)



<https://www.doi.org/10.47813/rosnio-II.2023.8.69-72>

## О возможности регуляторного влияния SSRs у *Glycine Max (L.) Merr*

А.А. Пензин\*, П.Д. Тимкин

ФГБНУ ФНЦ Всероссийский научно-исследовательский институт сои, Благовещенск, Россия

\*E-mail: [paa@vniisoi.ru](mailto:paa@vniisoi.ru)

**Аннотация.** В данной работе идет обсуждение возможности регуляции экспрессии генов микросателлитами не кодирующей части ДНК. Проведён анализ известных SSRs из базы данных «soybase» на возможное проявление в качестве энхансеров, поскольку определение механизмов повышения экспрессии определённых генов – важная сельскохозяйственная задача. Анализ SSRs проводился в открытом веб-ресурсе «iEnhancer 2L». В результате было выявлено, что некоторые микросателлиты теоретически способны являться энхансерами, дополнительное исследование показало, что последовательности, выявленные как усилители, имеют специфичные сайты связывания для транскрипционных факторов, что можно считать косвенным подтверждением полученных результатов. Проведённые исследования могут стать подспорьем для дальнейшей работы по поиску регуляторных участков ДНК, а также продвинуться в понимании значимости не кодирующей части ДНК.

**Ключевые слова:** энхансеры, микросателлиты, *glycine max*, SSRs.

## On the possibility of regulatory influence of SSRs in *Glycine Max (L.) Merr*

A.A. Penzin\*, P.D. Timkin

Federal State Budget Scientific Institution Federal Research Center "All-Russian Scientific Research Institute of Soybean", Blagoveshchensk, Russia

\*E-mail: [paa@vniisoi.ru](mailto:paa@vniisoi.ru)

**Abstract.** This paper discusses the possibility of regulating gene expression by microsatellites of the non-coding part of DNA. The analysis of known SSRs from the "soybase" database for possible manifestation as enhancers has been carried out, since the determination of mechanisms for increasing the expression of certain genes is an important agricultural task. The SSRs analysis was carried out in the open web resource "iEnhancer 2L". As a result, it was revealed that some microsatellites are theoretically capable of being enhancers, an additional study showed that the sequences identified as enhancers have specific binding sites for transcription factors, which can be considered an indirect confirmation of the results obtained. The conducted studies can help to further work on the search for regulatory DNA sites, as well as advance in understanding the significance of the non-coding part of DNA.

**Keywords:** enhancers, microsatellites, *glycine max*, SSRs.

## 1. Введение

Микросателлиты (SSRs) – короткие повторяющиеся фрагменты ДНК, что в большей мере содержатся в не кодирующей её части, однако не малое количество локализуется в экзонах [1].

SSRs используют в качестве маркеров в исследованиях. С их помощью устанавливается родство между определёнными особями, исследуется генетическое разнообразие популяций и даже составляются молекулярно-генетические паспорта [2, 3].

Соя – важный сельскохозяйственный продукт, остро стоит потребность в его улучшении, ведутся селекционные работы. С целью ускорения селекционного процесса столь важной культуры может быть использован современных биотехнологический подход, что обеспечивает актуальность генетического анализа сои.

В данной работе был произведён анализ известных SSRs на предмет способности оказывать регуляторное (энхансерное) действие.

## 2. Материалы

Материалами для исследований послужили микросателлиты с AT мотивом, информация о которых была взята с базы данных «soybase». Общее количество микросателлитов составило 333.

Для определения энхансерных последовательностей был использован веб-сервис «iEnhancer 2L», проверяющий подстроки в общей последовательности вводимого микросателлита. Микросателлиты с большим количеством гэпов анализировались частично, до и после гена [4].

Поиск возможных сайтов связывания транскрипционных факторов проведён с использованием инструментария «Unipro UGENE» [5].

## 3. Полученные результаты

Был проведён анализ микросателлитов, согласно результатам которого общее количество обладающих возможными энхансерными последовательностями составило 39 (таблица 1).

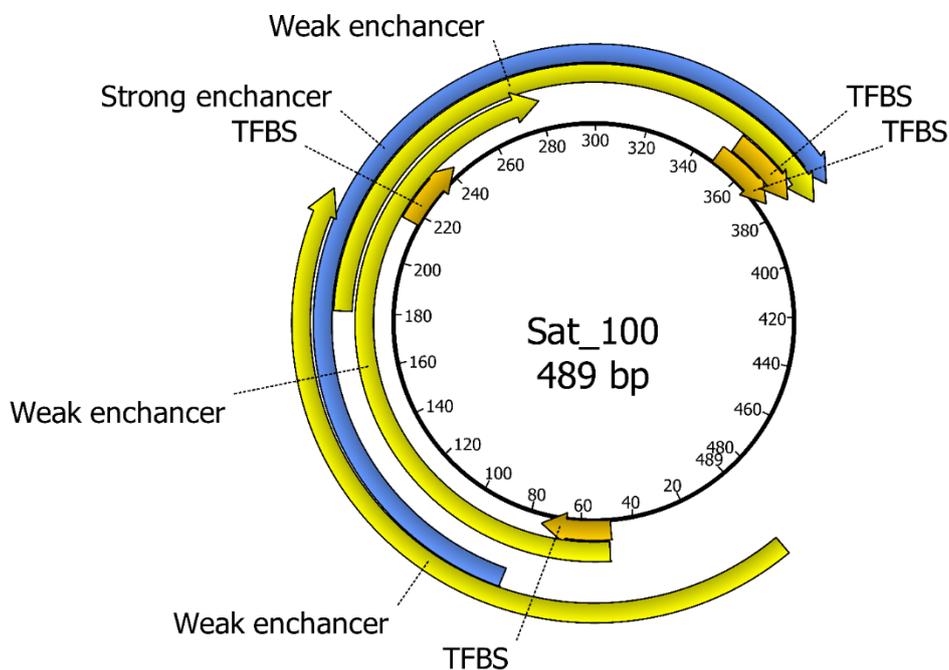
**Таблица 1.** Микросателлитные маркеры с мотивом AT (n/m)\*.

Название SSR (сильные энхансерные последовательности/слабые)				
Sat_423(0/19)	Sat_420(0/53)	Sat_406(0/5)	Sat_404(7/52)	Sat_392(0/39)

Sat_391(28/26)	Sat_385(0/72)	Sat_381(28/86)	Sat_366(0/51)	Sat_363(0/9)
Sat_357(0/66)	Sat_348(28/5)	Sat_341(0/27)	Sat_340(0/62)	Sat_313(25/0)
Sat_304(0/64)	Sat_298(0/3)	Sat_289(15/15)	Sat_285(0/11)	Sat_272(0/1)
Sat_265(0/4)	Sat_253(0/88)	Sat_228(0/63)	Sat_217(0/16)	Sat_214(6/85)
Sat_207(0/16)	Sat_205(14/79)	Sat_182(0/88)	Sat_141(1/0)	Sat_116(26/5)
Sat_114(20/96)	Sat_100(99/51)	Sat_097(0/27)	Sat_094(10/11)	Sat_084(0/3)
Sat_81(0/26)	Sat_069(11/11)	Sat_043(0/26)	Sat_036(0/56)	-

\* n – количество сильных энхансеров, m – количество слабых энхансеров

Следующим шагом была проведена проверка последовательностей, определившихся как возможный энхансер на наличие сайтов связывания транскрипционных факторов. В результате чего было обнаружено, что Sat\_100 имеет сайты связывания транскрипционных факторов, переключаящиеся с энхансерными последовательностями. Для удобства визуализации аннотированная последовательность микросателлита представлена в виде кольцевой диаграммы (рисунок 1).



**Рисунок 1.** Аннотационная карта микросателлита Sat\_100.

Полученные данные показывают, что некоторые из SSRs могут проявлять себя как возможный энхансер. Среди проанализированных микросателлитов особенно

выделяется Sat\_100, программно было определено большое количество последовательностей, показавших себя как сильный энхансер, одновременно с этим у данного микросателлита данные последовательности перекликались с сайтами связывания транскрипционных факторов, что, по нашему мнению, определяет его как потенциально наиболее вероятный регуляторный элемент генома из всех исследованных.

#### 4. Заключение

Анализ микросателлитов сои с мотивом AT определил 39 возможных энхансеров, особо вероятным из которых оказался SAT\_100. Полученные данные показывают, что микросателлиты способны оказывать регуляторное действие на геном, что является интересной информацией для селекционных работ. Полученные результаты приоткрывает дорогу к дальнейшему изучению регуляторного потенциала микросателлитов, в частности – поиск возможных мишеней для регуляции экспрессии.

#### Список литературы

1. Dileep V. The place and function of non-coding DNA in the evolution of variability / V. Dileep // Hypothesis. – 2009. – № 7(1). – <https://doi.org/10.5779/hypothesis.v7i1.146>
2. Pasquali E. Assessment of the Genetic Distinctiveness and Uniformity of Pre-Basic Seed Stocks of Italian Ryegrass Varieties / E. Pasquali, F. Palumbo, G. Barcaccia // Genes. – 2022. – № 13. – 2097. – <https://doi.org/10.3390/genes13112097>
3. Qin Z. Evolution Analysis of Simple Sequence Repeats in Plant Genome / Z. Qin, Y. Wang, Q. Wang, A. Li, F. Hou, L. Zhang // PLoS One. – 2015. – 10(12). – e0144108. – <https://www.doi.org/10.1371/journal.pone.0144108>. – PMID: 26630570. – PMCID: PMC4668000.
4. Liu B. iEnhancer-2L: a two-layer predictor for identifying enhancers and their strength by pseudo k-tuple nucleotide composition / B. Liu, et al. // Bioinformatics. – 2015. – 32(3). – P. 362-369. – PMID: 26476782
5. Oshchepkov D.Y. SITECON: a tool for detecting conservative conformational and physicochemical properties in transcription factor binding site alignments and for siterecognition / D.Y. Oshchepkov, E.E. Vityaev, D.A. Grigorovich, E.V. Ignatieva, T.M. Khlebodarova // Nucleic Acids Res. – 2004 Jul 1. 32(Web Server issue):W208-12