*ФИЗИОЛОГИЯ РАСТЕНИЙ, 2021, том 68, № 4*

**ДОПОЛНИТЕЛЬНЫЕ МАТЕРИАЛЫ**

**JETGENE – ИНТЕРНЕТ-РЕСУРС ДЛЯ АНАЛИЗА РЕГУЛЯТОРНЫХ ОБЛАСТЕЙ ИЛИ НУКЛЕОТИДНЫХ КОНТЕКСТОВ У ДИФФЕРЕНЦИАЛЬНО ТРАНСЛИРУЕМЫХ ТРАНСКРИПТОВ РАСТЕНИЙ**

**© 2021 г. Н. С. Садовскаяa, \*, О. Н. Мустафаевb, c, А. А. Тюринa, И. В. Дейнекоa, И. В.**

**Голденкова-Павловаa**

*aИнститут физиологии растений им. К.А. Тимирязева Российской академии наук, Москва, Россия*

*bБакинский государственный университет, Баку, Азербайджан*

*сИнститут генетических ресурсов Национальной академии наук Азербайджана, Баку, Азербайджан*

*Автор для корреспонденции: Н. С. Садовская*

*e-*[*mail: nataliya.sadovskay*](mailto:nataliya.sadovskaya@gmail.com)[*a@gmail.com*](mailto:a@gmail.com)

**Таблица 1.** Потенциальные области использования модулей JetGene

|  |  |
| --- | --- |
| Области использования | Ссылки |
| **Модули, характерные для “CDS data”** | |
| **AminoAcid Position** | |
| Применение правила “N-конца” для последовательностей целевых генов | [1] |
| Анализ и конструирование сигнальных пептидов | [2, 3] |
| **Codon Position** | |
| Оценка возможных комбинаций триплетов, расположенных непосредственно  перед старт-кодоном | [4] |
| **Codon Usage** | |
| Конструирование целевой последовательности с кодонным составом, похожим  на кодонный состав генома хозяина | [5] |
| **Модули, характерные для “CDS data”, “cDNA data”, “5**'-**UTR data”, “3**'-**UTR data”** | |

|  |  |
| --- | --- |
| **CDS/cDNA/5'-UTR/3'-UTR Length** | |
| Выявление корреляции между длиной 5'-UTR и эффективностью трансляции  мРНК | [6] |
| Выявление корреляции между длиной 5'-UTR и нагрузкой транскриптов  рибосомами у растений | [7, 8] |
| **CpG-Island in CDS/cDNA/5'-UTR/3'-UTR** | |
| Выявление различий в метилировании CpG-богатых последовательностей | [9] |
| **GC-Content in CDS/cDNA/5'-UTR/3'-UTR** | |
| Анализ использования кодонов и распределения динуклеотидов GC в CDS | [10] |
| **Nucleotide by position in CDS/cDNA/5'-UTR/3'-UTR** | |
| Изучение корреляции между высококонсервативными позициями в окружение  стартового кодона и уровнем белка | [11] |
| Выявление важности С+5 для эффективности трансляции | [11, 12] |
| Роль позиций -5 до -1 стартового кодона в эффективности трансляции | [13] |
| **Nucleotide A/C/G/T in CDS/cDNA/5'-UTR/3'-UTR** | |
| Выявление корреляции между композицией моно-/ди-нуклеотидов в 5'-UTR и  нагрузкой транскриптов рибосомами у растений | [7] |
| **Gene Names** | |
| Вспомогательный модуль |  |
| **Transcript Names** | |
| Вспомогательный модуль |  |
| **Chromosome** | |
| Вспомогательный модуль |  |
| **Strain** | |
| Изучение корреляции между длиной генов и их локализацией на  прямой/обратной цепи | [14] |
| **Motifs** | |
| Выявление мотивов внутри регуляторных последовательностей и определение  их функционального значения при конструировании синтетических регуляторных последовательностей | [15] |
| Влияние мотивов TAGGGTTT и AAAACCCT и изучение их вклада в  трансляционную эффективность | [16] |

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Tasaki T., Sriram S.M., Park K.S., Kwon Y.T.* The N-end rule pathway // Annu Rev Biochem.

2012. V. 81. P. 261. https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-051710-093308

2. *Viacheslavova A.O., Mustafaev O.N., Tiurin A.A., Shimshilashvili Kh.R., Berdichevets I.N., Shaiakhmetova D.M., Goldenkov M.A., Fadeev V.S., Shelud'ko Iu.V., Goldenkova-Pavlova I.V.* Set of module vectors for stable or transient expression of heterologous genes in plants // Russ. J. Genet. 2012a V. 48. P. 1046. https://doi.org/10.1134/S1022795412090098

3. *Jeiranikhameneh M., Moshiri F., Falasafi S.K., Zomorodipour A.* Designing signal peptides for efficient periplasmic expression of human growth hormone in *Escherichia coli* //

J Microbiol Biotechnol. 2017. V. 27. P. 1999. https://doi.org/10.4014/jmb.1703.03080

4. *Sugio T., Matsuura H., Matsui T., Matsunaga M., Nosho T., Kanaya S., Shinmyo A., Kato K.*

Effect of the sequence context of the AUG initiation codon on the rate of translation in dicotyledonous and monocotyledonous plant cells // J. Biosci. Bioeng. 2010. V. 109. P.170. https://doi.org/10.1016/j.jbiosc.2009.07.009

5. *Viacheslavova A.O., Berdichevets I.N., Tiurin A.A., Shimshilashvili Kh.R., Mustafaev O., Goldenkova-Pavlova I.V.* Expression of heterologous genes in plant systems: new possibilities

// Russ. J. Genet. 2012b V. 48. P.1245. https://doi.org/10.1134/S1022795412110130

6. *Wever W., McCallum E.J., Chakravorty D., Cazzonelli C.I., Botella J.R.* The 5' untranslated region of the VR-ACS1 mRNA acts as a strong translational enhancer in plants // Transgenic Res. 2010. V. 19. P. 667. https://doi.org/10.1007/s11248-009-9332-6

7. *Kawaguchi R., Bailey-Serres J.* mRNA sequence features that contribute to translational regulation in Arabidopsis // Nucleic Acids Res. 2005. V. 33. P. 955. https://doi.org/10.1093/nar/gki240

8. *Hsu P.Y., Calviello L., H-Y.L. Wu, Li F-W., Rothfels C.J., Ohler U., Benfey P.N.* Super- resolution ribosome profiling reveals unannotated translation events in Arabidopsis // Proc Natl Acad Sci USA. 2016. V. 113. P. E7126. https://doi.org/10.1073/pnas.1614788113

9. *Marenkova T.V., Loginova D.B., Deineko E.V.* Mosaic patterns of transgene expression in plants // Genetika. 2012. V. 48. P. 293. https://doi.org/10.1134/S1022795412030088

10. *Guan D.L., Ma L.B., Khan M.S., Zhang X.X., Xu S.Q., Xie J.Y.* Analysis of codon usage patterns in *Hirudinaria manillensis* reveals a preference for GC-ending codons caused by dominant selection constraints // BMC Genomics. 2018. V. 19. P. 542. https://doi.org/10.1186/s12864-018-4937-x

11. *Gupta P., Rangan L., Ramesh T.V., Gupta M.* Comparative analysis of contextual bias around the translation initiation sites in plant genomes // J. Theor. Biol. 2016 V. 404. P. 303. https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2016.06.015

12. *Nakagawa S., Niimura Y., Gojobori T., Tanaka H., Miura K.* Diversity of preferred nucleotide sequences around the translation initiation codon in eukaryote genomes // Nucleic Acids Res.

2008 V. 36. P. 861. https://doi.org/10.1093/nar/gkm1102

13. *Kim Y., Lee G., Jeon E., Sohn E.J., Lee Y., Kang H., Lee D.W., Kim D.H., Hwang I.* The immediate upstream region of the 5'-UTR from the AUG start codon has a pronounced effect on the translational efficiency in *Arabidopsis thaliana* // Nucleic Acids Res. 2014. V. 42. P.

485. https://doi.org/10.1093/nar/gkt864

14. *Zhao H.L., Xia Z.K., Hua Z.G., Wei W.* Selectional versus mutational mechanism underlying genomic features of bacterial strand asymmetry: a case study in *Clostridium acetobutylicum* // Genet. Mol. Res. 2015. V. 14. P. 1911. https://doi.org/10.4238/2015

15. *Rushton P.J.* What have we learned about synthetic promoter construction? // Methods Mol.

Biol. 2016. V. 1482. P. 1. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6396-6\_1

16. *Liu M-J., Wu S.-H., Chen H-M., Wu Sh-H.* Widespread translational control contributes to the regulation of Arabidopsis photomorphogenesis // Mol. Syst. Biol. 2012. V. 8. P. 566. https://doi.org/10.1038/msb.2011.97