

УДК: 606:577.213:632.3:633.63

РОЗРОБКА МОЛЕКУЛЯРНО-БІОЛОГІЧНОЇ СИСТЕМИ ДЛЯ ІДЕНТИФІКАЦІЇ РНК-1 УКРАЇНСЬКОГО ІЗОЛЯТУ ВІРУСУ НЕКРОТИЧНОГО ПОЖОВТІННЯ ЖИЛОК БУРЯКУ

К.В. Гринчук, аспірант*

І.О. Антіпов, кандидат сільськогосподарських наук

Національний університет біоресурсів і природокористування України

Проведено біоінформативний аналіз нуклеотидних послідовностей РНК-1 ізолятів вірусу некротичного пожовтіння жилок буряку. Встановлено консервативні послідовності гена, що кодує протеїн Р237 цього вірусу та розроблено дизайн праймерів для ідентифікації його РНК-1. Оптимізовано систему полімеразної ланцюгової реакції ідентифікації РНК-1 за температурними показниками відпалу праймерів.

Вступ. Вірус некротичного пожовтіння жилок буряку (ВНПЖБ) є збудником ризоманії – хвороби, що уражує цукрові, кормові та столові буряки. Вперше цей вірус було зафіксовано в 1952 р. на півночі Італії [1], наразі ж його знаходять скрізь, де вирощуються цукрові буряки. Патоген відноситься до роду *Venyvirus*, який включає в себе віруси, що передаються плазмодіафорним грибом *Polymyxa betae* [4]. Геном ВНПЖБ мультипартидний, представлений чотирма сегментами одноланцюгової (+) РНК. Деякі ізоляти мають п'ять сегментів РНК [5].

РНК-1 (довжиною 6746 нуклеотидів, за виключенням полі(А)-хвоста) ВНПЖБ містить одну відкриту рамку зчитування, яка транслюється з утворенням поліпротеїну 237 кДа (Р237) зі стартовим кодоном у положенні 154 нуклеотидної послідовності РНК-1 або протеїну розміром

220 кДа (Р220) зі стартовим кодоном у положенні 496 [5]. На РНК-1 містяться: метилтрансферазний мотив у N-кінцевій частині поліпротеїну, хеліказний та протеазний мотив у центральній частині, мотив РНК-залежної РНК-полімерази в С-термінальній області [2]. У результаті посттрансляційного процесінгу утворюються білки масою 150 і 66 кДа, які містять полімеразний домен [2]. РНК-1 відповідає за реплікацію вірусу [3].

Матеріали і методи. Для пошуку нуклеотидних послідовностей РНК-1 та проведення біоінформативного аналізу користувались базою даних NCBI (National Center for Biotechnological Information) [7]. Біоінформативний аналіз геномів проводили за допомогою програмного забезпечення «MultAlin» (Multiple sequence alignment) [6]. Дизайн праймерів розробляли із засто-

*Науковий керівник – доцент І.О. Антіпов.



суванням програмного забезпечення «Primer3» [8].

Екстракцію РНК проводили з використанням комерційного набору «РИБО-Сорб» (AmpliSens, РФ), а реакцію зворотної транскрипції – «Реверта-L-100» (AmpliSens, РФ), згідно рекомендацій виробника.

Реакційна суміш для проведення полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР), об'ємом 15 мкл містила: 1× ПЛР буфер з 1,5 мМ MgCl₂ (AmpliSens, РФ), 0,2 мМ дезокси-нуклеозидтрифосфатів (дНТФ) (AmpliSens, РФ), 1 пкмоль кожного з олігонуклеотидних праймерів, 10–40 нг кДНК, 0,5 U Taq-полімерази (AmpliSens, РФ). Реакцію ампліфікації проводили в ДНК-ампліфікаторі «Терцик» ТП4-ПЦР-01.

Після ампліфікації продукти ПЛР розділяли методом горизонтального електрофорезу в 1,5 % агарозному гелі, який готували, використовуючи ТВЕ буфер з концентрацією 0,5 мг/мл броміду етидію. Результати ПЛР візуалізували УФ променями транслюмінатора (Т-312-С) і фотографували, використовуючи цифровий фотоапарат «Sony» (DSLR-A500).

Результати дослідження.

Використовуючи літературні дані та генетичну базу даних NCBI, здійснювали пошук секвенованих нуклеотидних послідовностей гена, що кодує поліпротеїн Р237 та нуклеотидних послідовностей 3' – некодуючої ділянки РНК-1 з метою проведення біоінформативного аналізу та встановлення консервативних послідовностей РНК-1 ВВПЖБ. У системі генетичної бази даних NCBI зареєстровано 20 нуклеотидних послідовностей фрагментів РНК-1 ВВПЖБ під відповідними номерами із зазначенням ареалом їх походження: EU864117.1 Німеччина, EU330450.1 Німеччина – європейський патотип А, DQ462117.1 Казахстан, D84410.1 Японія, NM126464.1 Франція – патотип Р, EU330453.1

Німеччина – патотип А, DQ462116.1 Казахстан – патотип Р, DQ462115.1 Франція – патотип Р, DQ462114.1 Франція – патотип Р, DQ462113.1 Франція – патотип Р, DQ462112.1 Югославія – патотип А, X05147.1, FJ230959.1 Іран, DQ462111.1 Швеція – патотип А, DQ440509.1 Великобританія, DQ459315.1 Великобританія – патотип Р, FN812746.1 Греція, FN812748.1 Греція, FN812747.1 Греція, AY703452.1 Іран.

Оскільки в генетичному банку даних представлено окремі фрагменти нуклеотидної послідовності геномної РНК-1, біоінформативний аналіз відбувався з урахуванням кількості аналізованих фрагментів. Вирівнювання послідовностей проводилось окремо для кожної групи фрагментів відповідно геному (1-35 н. – 3 ізоляти, 36-5613 н. – 5 ізолятів, 5614-5631 н. – 11 ізолятів, 5632-5638 н. – 12 ізолятів, 5639-5664 н. – 13 ізолятів, 5665-5981 н. – 14 ізолятів, 5982-5983 н. – 15 ізолятів, 5984-6115 н. – 16 ізолятів, 6116-6169 н. – 19 ізолятів, 6170-6421 н. – 20 ізолятів, 6422-6440 н. – 19 ізолятів, 6441-6552 н. – 18 ізолятів, 6553-6570 н. – 17 ізолятів, 6571-6574 н. – 16 ізолятів, 6575-6587 н. – 13 ізолятів, 6588-6631 н. – 12 ізолятів, 6632-6715 н. – 8 ізолятів, 6716-6719 н. – 7 ізолятів, 6720-6746 н. – 3 ізоляти). На основі аналізу побудовано консенсусну нуклеотидну послідовність повнорозмірної РНК-1 ВВПЖБ (рис.1) і показано консервативні (заглавні літери) та поліморфні (маленькі літери) фрагменти геномної РНК-1 ВВПЖБ. Для подальшого дизайну відповідних праймерів відбирали суворо консервативні фрагменти. Поліморфні ділянки геному виключалися з аналізу. Таким чином забезпечується створення універсальної системи ідентифікації РНК-1 ВВПЖБ всіх існуючих патотипів та можливих ізолятів ВВПЖБ.

Створено дизайн праймерів з оптимальними характеристиками. Для синте-



Таблиця. Молекулярно-біологічні характеристики праймерів для ідентифікації гена P237 українського ізоляту ВНПЖБ

Ген	Положення на матриці	Нуклеотидна послідовність 5'-3'	Кількість нуклеотидів	Температура відпалу, °C	GC-склад, %	Розмір продукту, п.н.
P237	Forward	agcggaaatcagtggaaga	20	59,96	50,0	803
	Reverse	accatcatcgccctcatgg	20	60,18	55,0	

зу було обрано праймери Forward 5'-AGCGGAATCAGTGGCAAGAA-3' та Reverse 5'-ACCATCATCGCCCTTCATGG-3' з назвами відповідно P237-F та P237-R. Розрахункова оптимальна температура відпалу становить для Forward- праймера 59,96 °C, для Reverse-праймера – 60,18 °C. Вміст дезоксигуанозин-5'-фосфату та дезоксицитидин-5'-фосфату складає для Forward- праймера 50%, для Reverse-праймера – 55%, що є оптимальним показником.

Праймер P237-F відпалюється на матриці кДНК в положенні 5153–5172 н., праймер P237-R – в положенні 5936–5955 н. відповідно (рис. 2). Очікуваний розмір продукту ампліфікації становить 803 пари нуклеотидів.



Рис. 2. Локалізація ділянок гібридизації праймерів на ДНК матриці консенсусної послідовності гена P237 ВНПЖБ

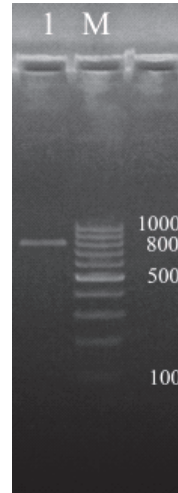


Рис. 3. Електрофореграма продукту ПЛР аналізу визначення РНК-1 ВНПЖБ: 1 – РНК-1, М (GeneRuler 10 bp DNA Lader 0241) – маркер довжин фрагментів (пар нуклеотидів)

Полімеразну ланцюгову реакцію проводили з використанням кДНК українського ізоляту ВНПЖБ за таких умов: початкова денатурація 5 хв – 94 °C; 30 циклів: денатурація 30 с – 94 °C, відпал праймерів 30 с – 60 °C, елонгація 30 с – 72 °C; заключний синтез 72 °C – 7 хв.

В результаті візуалізації ПЛР продуктів ампліфікації виявлено фрагменти розміром 803 пари нуклеотидів. Наявність на електрофореграмі очікуваного продукту реакції свідчить, що розроблена система ідентифікації РНК-1 ВНПЖБ є ефективною (рис. 3). На наступному етапі нашого дослідження підбирались робочі температури відпалу праймерів.

Проводили серію реакцій з різними температурними режимами відпалу праймерів від 50 до 64 °С. ПЛР проводили за наступних умов: початкова денатурація 5 хв – 94 °С; 20 циклів: денатурація 30 с – 94 °С, відпал праймерів 30 с – 50–64 °С, елонгація 30 с – 72 °С, заключний синтез 72 °С – 7 хв. Хоча температурний режим відпалу праймерів на ефективність реакції ампліфікації суттєво не впливав, було встановлено, що більш оптимальна температура знаходиться в межах 50–60 °С. За цих умов неспецифічних продуктів ампліфікації не спостерігалось, а кількість ампліконів була достатньою для чіткої візуалізації в агарозному гелі (рис. 4).

Висновки

Біоінформативний аналіз нуклеотидних послідовностей РНК-1 ізолятів вірусу некротичного пожовтіння жилок буряку показав консервативні послідовності гена, який кодує протеїн Р237 ВНПЖБ, що дало можливість здійснити дизайн праймерів для ідентифікації РНК-1: Forward 5'-AGCGGAATCAGTGGCAAGAA-3' та Reverse 5'-ACCATCATCGCCCTTCATGG-3'. Оптимізовано систему ідентифікації РНК-1 за температурними показниками відпалу

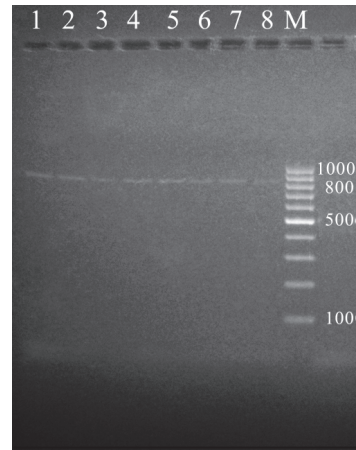


Рис. 4. Електрофореграма оптимізації температури відпалу праймерів для ідентифікації гена Р 237: 1 – 50 °С, 2 – 52 °С, 3 – 54 °С, 4 – 56 °С, 5 – 58 °С, 6 – 60 °С, 7 – 62 °С, 8 – 64 °С, М (GeneRuler 10 bp DNA Lader 0241) – маркер довжин фрагментів (пар нуклеотидів)

праймерів і доведено, що оптимальна температура знаходиться в межах 50–60 °С. В подальших дослідженнях планується провести визначення нуклеотидної послідовності РНК-1 протеїну Р237 та встановити філогенетичні зв'язки з наявними у світі ізолятами.

Література

1. Canova A. Appunti di patologia della barbabietola // *Inf. Fitopatol.* – 1959 – 20. – P. 390 – 396.
2. Evidence for in vitro and in vivo autocatalytic processing of the primary translation product of beet necrotic yellow vein virus RNA-1 by a papain-like proteinase / Hehn A., Fritsch C., Richards K. E. et al. // *Archives of Virology.* – 1997. – 142 – P. 1051 – 1058.
3. Nucleotide sequence of beet necrotic yellow vein virus RNA-1 / Bouzoubaa S., Quillet L., Guilley H. et al. // *Journal of General Virology.* – 1987. – 68. – P. 615 – 626.
4. Rush C. M. Ecology and epidemiology of benyviruses and plasmodiophorid vectors / C. M. Rush // *Annu Rev Phytopath.* – 2003. – 41 – P. 567 – 592.
5. Virus Taxonomy: The Classification and Nomenclature of Viruses / C. M. Fauquet, M. A. Mayo, J. Maniloff et al. – San Diego, CA, USA: Elsevier Academic Press, 2005. – P. 1162.
6. Multiple sequence alignment by Florence Corpet [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: <http://multalin.toulouse.inra.fr/multalin/>.
7. National Center for Biotechnology Information [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>.
8. Primer3web version 4.0.0 - Pick primers from a DNA sequence. [Електронний ресурс] – Режим доступу до ресурсу: <http://primer3.ut.ee/>.



АННОТАЦІЯ

Гринчук Е. В., Антіпов І. А. Розробка молекулярно-біологічної системи для ідентифікації РНК-1 українського ізоляту вірусу некротического пожелтіння жиллок свеклы // Біоресурси і природопольовання. – 2015. – 7, 1-2. – С. 12-17.

Проведен біоінформативний аналіз нуклеотидних послідовностей РНК-1 ізолятів вірусу некротического пожелтіння жиллок свеклы. Показані консервативні послідовності гена, котрий кодифує протейн Р237 цього вірусу і розробан дизайн праймерів для ідентифікації его РНК-1. Оптимізована ПЦР-система ідентифікації РНК-1 по температурним показателям отжигу праймерів.

SUMMARY

K. Grynychuk, I. Antipov. The development of molecular-biological system for the identification of RNA-1 of ukrainian isolate of beet necrotic yellow vein virus // Biological Resources and Nature Management. – 2015. – 7, 1-2. – P. 12-17.

The bio-informative analysis of the nucleotide sequences of RNA-1 of isolates of beet necrotic yellow vein was made. The conserved sequences of a gene that encodes a protein P237 have been shown. Primers design for identification of RNA-1 has been made. The PCR system for RNA-1 identification was optimized by temperature rates of primer annealing.