

О.І. Гордейчик, І.С. Щербатенко

*Інститут мікробіології і вірусології ім. Д.К. Заболотного НАН України
Вул. Академіка Заболотного, 154, Київ, 03143, Україна*

КОНТЕКСТИ СТАРТОВИХ КОДОНІВ ТРАНСЛЯЦІЇ ГЕНІВ ТОБАМО- І ПОТЕКСВІРУСІВ

Проведено комп'ютерний аналіз контекстів (нуклеотидного оточення) канонічного стартового кодона трансляції AUG у 15 тобамовірусів (45 генів) і 22 потексвірусів (110 генів).

Встановлено, що контексти AUG вірусів рослин мають як високу схожість із відповідними контекстами еукаріотів, так і деякі особливості. Схожість проявляється в локалізації збіжних нуклеотидів поблизу стартового кодона (в позиціях -3...+18), наявності пурина в позиції -3 (-3R) і гуаніна в позиції +4 (+4G) відносно кодона AUG, а також у подібності трансляційних контекстів вірусів відповідним контекстам хребтних тварин (16,9–52,4 %) та однодольних (21,9–41,2 %) і дводольних рослин (39,3–74,3 %).

Характерною особливістю вірусних трансляційних контекстів є висока частота компонентів +5C, -5Y і +10R, а також широке варіювання частоти контекстних елементів у різних вірусів і/або генів. Так, частота +5C варіює від 0 % (гени TGB1) до 100 % (гени Re), частота -5Y – від 22 % (гени TGB2) до 86 % (гени Tr), частота +10R – від 22 % (гени TGB2) 93 % (гени Tr), а частота еукаріотичних контекстів Козака - від 5 % (гени TGB2) до 87 % (гени Tr).

Обговорюється запропонований показник подібності трансляційних контекстів відомих консенсусним послідовностям.

Ключові слова: тобамовірус, потексвірус, контекст, стартовий кодон, трансляція, комп'ютерний аналіз.

Найбільш адекватною моделлю синтезу білків у клітинах вважається кеп-залежний скакуючий механізм ініціації трансляції [9], за яким мала субодинаця рибосом та три фактори ініціації влізають кеп на 5'-кінці мРНК, зв'язуються з матрицею і зміщуються в напрямку 3'-кінця у пошуку першого стартового кодона AUG з оптимальним контекстом (AUG[start]). Після його знаходження до малої субодинаці рибосоми приєднується велика субодинаця і починається синтез білка, який продовжується до першого термінального кодона (UAG, UGA або UAA).

Важливе значення для регулювання трансляції еукаріотичних мРНК мають такі фактори: кепування 5'-кінця; нуклеотидне оточення (контекст) стартового кодона; позиція AUG[start] відносно 5'-кінця мРНК (довжина лідерної послідовності); вторинна структура лідерної пос-

лідовності мРНК; наявність попередніх (upstream) стартових кодонів uATG перед основним кодоном AUG[start], а також наявність наступних (downstream) кодонів dATG після основного стартового кодона [3, 7, 11, 13, 15].

Процеси регулювання трансляції генів, а також регуляторні сигнали все ще залишаються недостатньо вивченими навіть у клітинах основних модельних об'єктів – хребетних тварин [12]. Фрагментарні дослідження виконані на моделі вищих рослин і фітопатогенних вірусів [2, 4, 5, 8, 14, 16] свідчать про наявність як загальних, так і специфічних сигналів регулювання трансляції у тварин, рослин і вірусів.

До найважливіших загальних сигналів, причетних до тонкої регуляції і координації синтезу білків, відносяться контексти стартових кодонів [4, 12, 13, 15]. Зважаючи на це, метою нашої роботи було порівняльне дослідження контекстів стартових кодонів трансляції генів тобамо і потексвірусів.

Матеріали і методи. В роботі використано геномні сиквенси 15-ти тобамовірусів (AB017503, AF254924, AF321057, AF332868, AJ295948, AJ295949, D12505, D13438, J02415, M34077, M81413, U03387, X02144, X82130, Z29370) і 22-х потексвірусів (AB056718, AF172259, AF308158, AF373782, AF484251, AJ316085, D00344, D13747, D13957, D26017, D29630, M62730, M95516, S73580, U23414, U62963, X05198, X06728, X16636, X55802, X72214, Z21647), отримані з банків даних за наведеними номерами доступу.

Контексти стартових кодонів трансляції 45-ти генів тобамовірусів – гени реплікази (Re), транспортного білка (MP) і капсидного білка (CP), а також контексти 110-ти генів потексвірусів – гени реплікази, капсидного білка та транспортних білків TGB1, TGB2 і TGB3 досліджували на 100-нуклеотидних ділянках у позиціях від -50 до +50 відносно позиції першого нуклеотида стартового кодона (позиція +1).

Порівняння збіжності нуклеотидів у контекстах проводили за різних нуклеотидних алфавітів (від односимвольного до 14-символьного), використовуючи як символи загальноприйнятні назви типів нуклеотидів, запропоновані Індіанським університетом (США): А, Т (U), G, C – стандартні нуклеотиди; R - пуринові (purine, А або G); Y - піримідинові (pyrimidine, C або T); S - сильні (strong, G або C); W - слабкі (weak, А або T); M - аміновмісні (amine, А або C); K - кетовмісні (ketone, G або T); B - не А: Т або G або C; D - не C: А або Т або G; H - не G: А або Т або C; V - не T: А або G або C.

Подібність (відповідність) контекстів консенсусним послідовностям визначали за розробленим нами критерієм, названим показником подібності консенсусу (ППК). Цей показник являє собою виражену у відсотках суму добуток долей збіжних нуклеотидів і долей контекстів із відповідними долями їх збіжності з консенсусною послідовністю:

$$\text{ППК} = \sum_{i=1}^{d_{cn}} (x_i / d_{cn} \times y_i / k_{tc}) \times 100,$$

де d_{cn} – довжина консенсусної послідовності (нуклеотидів), k_{tc} – кількість дослідних контекстів (генів), x_i – кількість збіжних нуклеотидів, y_i – кількість контекстів, що мають x_i збіжних нуклеотидів.

Вирізання контекстних ділянок, трансформацію сиквенсів у різні типи алфавітів, комп'ютерний аналіз контекстів і графічну візуалізацію збіжних елементів проводили за власними вузькоспеціалізованими програмами (утилітами), написаними мовою qBASIS.

Результати та їх обговорення. 1. *Контексти Козака в оточенні стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів.* Найбільший вплив на ефективність ініціації трансляції еукаріотичних мРНК мають пуринові нуклеотиди (А або G) в позиціях -3 і +4 відносно нуклеотида А стартового кодона AUG (позиція +1). Контекст стартового кодона вважається сильним або оптимальним, якщо одна (-3R) або обидві позиції (-3R і +4G) відповідають сиквенсам Козака: GCCRCCAUGN або GCCRCCAUGG, де R = А або G, а N – довільний нуклеотид [7, 10, 17].

На моделі двох родів вірусів рослин нами встановлено, що контекст -3R мають 42 % стартових кодонів трансляції генів тобамовірусів і 19 % генів потексвірусів (табл. 1). Найчастіше цей контекст зустрічається в генах капсидного білка (55–80 %). Знайдена нами частота -3R

у генах потексвірусів близька до такої у генів еукаріотів (17 % – гени людини, 12 % – гени хребетних, 9 % – безхребетних, 20–24 % – гени рослин), однак його частота у тобамовірусів удвічі більша за таку у генів рослин [7].

Таблиця 1

Контексти Козака в стартових кодонах трансляції генів тобамо- і потексвірусів

Віруси	Гени	Кількість генів	Відсоток генів з контекстами Козака			
			-3r	+4g	-3r&+4g	-3r&-3r+4g
Тобамовіруси	Re, Tr, Cp	45	42	16	38	80
	Re	15	0	7	93	93
	Tr	15	47	40	0	47
	Cp	15	80	0	20	100
Потексвіруси	Re, Cp TGB1, TGB2 TGB3	110	19	28	25	44
	Re	22	18	59	23	41
	TGB1	22	9	9	82	91
	TGB2	22	0	5	0	5
	TGB3	22	14	45	5	19
	Cp	22	55	23	18	73

Контекст +4G, на відміну від -3R, частіше зустрічається у генах потексвірусів (28 %), ніж тобамовірусів (16 %). Цей контекст містять 59 % генів Re потексвірусів і 40 % генів Tr тобамовірусів. Контекст -3R і +4G найчастіше зустрічається у генах Re тобамовірусів (93 %) і генах TGB1 потексвірусів (82 %).

Оптимальний контекст Козака (-3R або -3R і +4G) мають 80 % стартових кодонів трансляції генів тобамовірусів, що відповідає його частоті у генах рослин [6], однак у потексвірусів його частота (44 %) вдвічі менша. Цей контекст найчастіше зустрічається в оточенні стартових кодонів генів Cp (100 %) і Re (93 %) тобамовірусів, а також генів транспортного білка TGB1 (91 %) та Cp (73 %) потексвірусів. Найменший відсоток стартових кодонів з оптимальним контекстом мають гени TGB2 (5 %) і TGB3 (19 %) потексвірусів та ген Tr тобамовірусів (47 %). Контекст (-3R або +4G або -3R і +4G) зустрічається дещо частіше, ніж оптимальний контекст Козака. Його мають 87–100 % генів тобамовірусів і 64–100 % генів потексвірусів, за винятком гена TGB2.

Таким чином, результати проведених досліджень показують, що переважна більшість стартових кодонів фітовірусних генів мають контекст -3R або 4G або -3R+4G. Частота цих контекстів у оточенні стартових кодонів трансляції генів тобамовірусів близька до такої у генів рослин, вдвічі більша, ніж у генів потексвірусів і значно варіює у різних генів обох родів вірусів.

2. *Подібність стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів консенсусним послідовностям.* Порівняння контекстів стартових кодонів трансляції генів хребетних і генів вірусів рослин показало широке варіювання їх подібності (табл. 2). Так, нуклеотидні сайти гена Re тобамовірусів, локалізовані в позиціях від -6 до +4 відносно стартового кодона трансляції, (7-нуклеотидні контексти, не враховуючи AUG) мають від 2 до 4 нуклеотидів, збіжних з GCCACC*G – консенсусною послідовністю стартових кодонів трансляції генів хребетних [6, 10]. Контексти одного гена мають 2 збіжні нуклеотиди, 3-х генів – 3 нуклеотиди, 11-ти генів – 4 нуклеотиди. Відповідні контексти 10-ти генів Re потексвірусів мають 1 збіжний нуклеотид, трьох генів – 2 нуклеотиди, чотирьох генів – 3 нуклеотиди, одного гена – 4 нуклеотиди і контексти 4-х генів мають 5 збіжних нуклеотидів. Оскільки наведені дані непридатні для кількісного порівняння подібності контекстів консенсусним послідовностям, нами був розроблений

показник подібності консенсусу ППК. За формулою наведеною в розділі «Матеріали і методи» подібність трансляційного контексту генів Re тобамовірусів консенсусній послідовності контекстів генів хребетних становить: $(2/7 \times 1/15) + (3/7 \times 3/15) + (4/7 \times 11/15) = 0,5238$ або 52,4 %, а генів Re потексвірусів – 33,8 %. Найбільш подібні до консенсусу генів хребетних є контексти генів Re, TGB1 і TGB3, а найменш подібні – генів Mr і TGB2.

Таблиця 2

Збіжність контекстів стартових кодонів трансляції генів вірусів рослин із консенсусною послідовністю відповідних кодонів генів хребетних

Збіжність з консенсусом, нуклеотидів	Гени тобамовірусів			Гени потексвірусів				
	Re	Mr	Cr	Re	TGB1	TGB2	TGB3	Cr
0	0	1	0	0	0	9	2	0
1	0	9	7	10	4	5	5	10
2	1	5	7	3	12	3	6	6
3	3	0	1	4	4	5	6	3
4	11	0	0	1	2	0	2	2
5	0	0	0	4	0	0	1	1
6	0	0	0	0	0	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	0
Кількість генів	15	15	15	22	22	22	22	22
ППК	52,4	18,1	22,9	33,8	31,2	16,9	31,2	25,3

Порівняння подібності стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів консенсусним послідовностям відповідних кодонів дводольних (AAAAAAAAAMAUGGC) та однодольних рослин (GCRGCARCCAUGGC), наведеним в роботі [7], показує, що трансляційні контексти цих вірусів більш схожі з консенсусом дводольних (в 1,5–3,4 рази), ніж однодольних (табл. 3). Виняток становлять гени TGB2 і TGB3, які за показниками подібності консенсусу мають майже однакову схожість як з генами дводольних (39,3 і 39,9 %), так і однодольних (41,2 і 36,4). Ці гени також суттєво відрізняються від інших генів потексвірусів за контекстами Козака (див. табл. 1), що засвідчує можливість додаткових елементів в їх трансляційних контекстах.

Таблиця 3

Показники подібності контекстів стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів консенсусним послідовностям відповідних кодонів дводольних та однодольних рослин

Консенсусна послідовність	Tobamovirus			Potexvirus				
	Re	Mr	Cr	Re	TGB1	TGB2	TGB3	Cr
дводольних	70,5	62,3	74,3	59,1	63,6	39,3	39,9	62,7
одnodольних	36,7	29,0	21,9	40,3	26,0	41,2	36,4	29,6
Відношення ППК	1,9	2,2	3,4	1,5	2,5	0,95	1,1	2,1

Шляхом визначення максимальної збіжності нуклеотидів у контекстних ділянках вірусних генів (до 50 нуклеотидів перед і після стартового кодону) встановлено широкую розповсюдженість в контекстах трьох елементів (табл. 4): піримідинового нуклеотида в позиції -5 (-5Y); цитозина в позиції +5 (+5C) і пуринового нуклеотида в позиції +10 (+10R). В контекстах AUG більшості генів тобамо- і потексвірусів найчастіше зустрічається +5C (86–100 %), за винятком генів TGB1 і TGB3, в контекстах яких цей елемент трапляється дуже рідко (до 9 %). Частота -5Y найбільша в контекстах генів транспортних білків Tr (86 %) і TGB1 (54 %), а частота +10R – в контекстах гена Tr тобамовірусів (93 %) і гена реплікази потексвірусів (90 %).

**Контексти стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів
у позиціях -5, +5 і +10 відносно першого нуклеотида стартового кодона**

Віруси	Гени	Кількість генів	Відсоток генів з контекстами:						
			-5y	+5c	+10r	-5y +5c	-5y +10r	+5c +10r	-5y +5c +10r
Тобамовірус	Re	15	53	100	66	53	53	66	53
	Tr	15	86	93	93	86	93	93	93
	Cr	15	60	93	66	60	40	66	40
Потексвірус	Re	22	36	100	90	36	90	90	90
	TGB1	22	54	0	31	4	36	22	27
	TGB2	22	22	95	22	22	27	22	27
	TGB3	22	50	9	72	40	59	45	45
	Cr	22	50	86	31	40	31	31	31

Зважаючи на широке варіювання різних типів нуклеотидів в однакових позиціях різних генів і/або різних родів вірусів нами проведено подальший пошук збіжних елементів у контекстах стартових кодонів за різних нуклеотидних алфавітів.

3. *Збіжність елементів у контекстах стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів за різних нуклеотидних алфавітів.* Встановлено, що за 4-символьного алфавіту і заданої 100 % збіжності елементів, ідентичними елементами в усіх генах тобамо- і потексвірусів є лише нуклеотиди стартового кодона AUG (рис. 1, горизонтальні смужки в позиціях +1...+3), а також поодинокі інші нуклеотиди в позиціях -3...+8. Зменшення відсотку заданої мінімальної збіжності призводить до збільшення ідентичних елементів, що виявляються в контекстних зонах стартових кодонів. Найчастіше збіжні (ідентичні) елементи спостерігаються в позиціях -10...+18, однак за мінімальної збіжності 70 % вони зустрічаються на всій дослідженій контекстній ділянці від -50 до +50 нуклеотидів відносно позиції стартового кодона. За заданої мінімальної збіжності 40 % переважна більшість нуклеотидів збігається, тобто, біля 40 % генів мають ідентичні нуклеотиди.

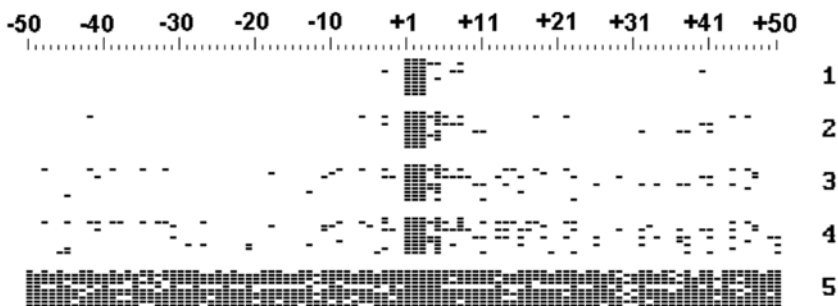


Рис. 1. Збіжність нуклеотидів у контекстах стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів за різних рівнів заданої мінімальної збіжності

-50...+50 – ділянки генів довжиною 100 нуклеотидів, локалізовані навколо стартового кодона трансляції AUG (+1, +2, +3). 1...5 – задана мінімальна збіжність нуклеотидів: 1 – 100 %; 2 – 90 %; 3 – 80 %; 4 – 70 %; 5 – 40 %. Горизонтальні смужки (1–10, зверху вниз) – збіжні елементи в ділянках генів: 1...4 – гени тобамовірусів (1 – Re, Tr, Cr; 2 – Re; 3 – Tr; 4 – Cr); 5...10 – гени потексвірусів (5 – Re, TGB1, TGB2, TGB3, Cr; 6 – Re; 7 – TGB1; 8 – TGB2; 9 – TGB3; 10 – Cr)

Подібні результати одержані при дослідженні збіжності елементів у контекстах стартових кодонів трансляції за різних типів алфавітів і 100 % заданої збіжності (рис. 2). Збільшення кількості символів в алфавітах подібно до зменшення заданої мінімальної збіжності призводить до збільшення ідентичних елементів, що виявляються в контекстних зонах стартових кодонів. За 6-, 8- і 10-символьних алфавітів (A, T, G, C, R, Y; A, T, G, C, R, Y, S, W; A, T, G, C, R, Y, S, W, M, K, відповідно) графічна візуалізація ідентичних елементів має майже однаковий вигляд. Це зумовлено вибраною нами пріоритетністю алфавітних символів у такому порядку: A, T, G, C, R, Y, S, W, M, K. Тому, наприклад, якщо в деякій позиції по 1/3 генів (33,3 %) мають нуклеотиди A і G і C, то в 6-символьному алфавіті (A, T, G, C, R, Y) буде візуалізовано A (R=A або G), у 8-символьному (... S, W) – G (S=G або C), а в 10-символьному (...M, K) – A (M=A або C).

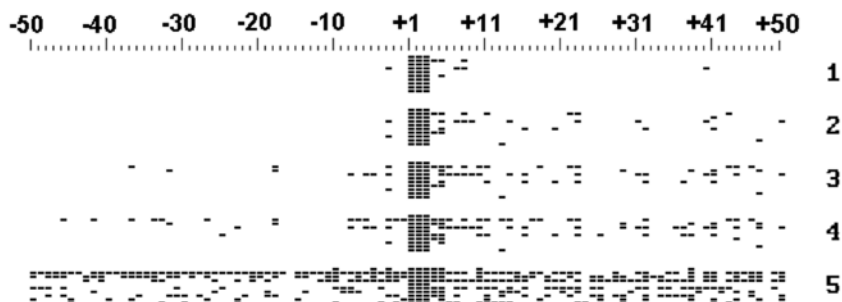


Рис. 2. Збіжність елементів у контекстах стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів за різних алфавітів представлення сиквенсів і 100% заданої збіжності елементів

-50...+50 – ділянки генів довжиною 100 нуклеотидів, локалізовані навколо стартового кодона трансляції AUG (+1, +2, +3). 1...5 – алфавіти контекстних елементів: 1 – чотирьохсимвольний алфавіт; 2 – шестисимвольний; 3 – восьмисимвольний; 4 – десятисимвольний; 5 – чотирнадцятисимвольний. Горизонтальні смужки (1–10, зверху вниз) – збіжні елементи в ділянках генів: 1...4 – гени тобамовірусів (1 – Re, Tr, Cp; 2 – Re; 3 – Tr; 4 – Cp); 5...10 – гени потексвірусів (5 – Re, TGB1, TGB2, TGB3, Cp; 6 – Re; 7 – TGB1; 8 – TGB2; 9 – TGB3; 10 – Cp)

За 14-символьного алфавіту в переважній більшості контекстів стартових кодонів тобамовірусів (96–100 %) збігаються елементи H, B та D, а в 91–98 % контекстів потексвірусів – елементи H і B. Позиції збіжних елементів у обох родів вірусів близькі між собою. Виявлена нами збіжність мабуть не є випадковою, оскільки 100 % контекстних ділянок тобамовірусів мають 10 збіжних елементів (кодон AUG, а також -10H, -5H, -3D, +4B, +5B, +10D, +38H), а їх наявність у відповідних ділянках випадкових послідовностей виявляються лише у 95 % випадків. Це явище потребує подальшого дослідження через відсутність повідомлень про роль елементів B, D, H і V в контекстах стартових кодонів трансляції. Їх відсутність значною мірою зумовлена консенсусним правилом 50/75 [1], за яким можливість трьохкомпонентних елементів консенсусу не враховується.

Таким чином, в результаті проведених досліджень вперше встановлено, що контексти стартових кодонів трансляції генів тобамо- і потексвірусів мають як високу схожість з відповідними контекстами еукаріотів, так і деякі особливості. Схожість проявляється в локалізації важливих (збіжних) нуклеотидів поблизу стартового кодона (в позиціях -3...+18), наявності -3R і +4G в більшості вірусних контекстів, а також у подібності їх консенсусним послідовностям контекстів хребетних тварин та однодольних і дводольних рослин.

Характерною особливістю вірусних трансляційних контекстів є широке варіювання їх елементів у різних вірусів і/або генів. Так, наприклад, елемент -3R часто зустрічається в контекстах генів Cp тобамовірусів (80 %) і потексвірусів (55 %), однак в генах Re тобамовірусів

і TGB2 потексвірусів він зовсім відсутній. Подібне варіювання мають елементи +5C і +10R, виявлені нами в трансляційних контекстах вірусних генів.

Відмінності контекстів стартових кодонів у вірусів і їх хазяїв (еукаріотів) можуть мати суттєве значення для конкурентного використання вірусами біосинтетичного апарату клітини. Тому, доскональне вивчення трансляційних контекстів відкриває дорогу до з'ясування механізмів експресії генів патогена і хазяїна, визначення кодувочої здатності геномів, а також до конструювання ефективних біосинтетичних систем. Про важливість вивчення трансляційних контекстів свідчать також дані про можливість тяжких хвороб людей через мутації в контекстах стартових кодонів трансляції [12].

О.И. Гордейчик, И.С. Щербатенко

Институт микробиологии и вирусологии им. Д.К. Заболотного НАН Украины, Киев

КОНТЕКСТЫ СТАРТОВЫХ КОДОНОВ ТРАНЛЯЦИИ ГЕНОВ ТОБАМО- И ПОТЕКС ВИРУСОВ

Резюме

Проведено комп'ютерний аналіз контекстів (нуклеотидного оточення) канонічного стартового кодона трансляції AUG у 15 тобамовірусів (45 генів) і 22 потексвірусів (110 генів).

Установлено, що контексти AUG вірусів рослин мають як високе сходство з відповідними контекстами еукаріотів, так і деякі особливості. Сходство проявляється в локалізації збігаючих нуклеотидів навколо стартового кодона (в позиціях -3...+18), наявності пурина в позиції -3 (-3R) і гуаніна в позиції +4 (+4G) відносно кодона AUG, а також в подібності трансляційних контекстів вірусів відповідним контекстам позвоночних тварин (16,9–52,4 %) і однодольних (21,9–41,2%) і двудольних рослин (39,3–74,3%).

Характерною особливістю вірусних трансляційних контекстів є висока частота компонентів +5C, -5Y і +10R, а також широке варіювання частоти контекстних елементів у різних вірусів і/або генів. Так, частота +5C варіює від 0 % (гени TGB1) до 100 % (гени Re), частота -5Y – від 22 % (гени TGB2) до 86 % (гени Tr), частота +10R – від 22 % (гени TGB2) до 93 % (гени Tr), а частота еукаріотических контекстів Козака – від 5 % (гени TGB2) до 87 % (гени Tr).

Обсуждается предложенный показатель подобия трансляционных контекстов известным консенсусным последовательностям.

Ключевые слова: тобамовірус, потексвірус, контекст, стартовий кодон, трансляція, комп'ютерний аналіз.

O.I.Gordeichik, I.S.Shcherbatenko

Zabolotny Institute of Microbiology and Virology,
National Academy of Sciences of Ukraine, Kyiv

CONTEXTS OF INITIATION CODONS OF TOBAMO- AND POTEXVIRUS GENES TRANSLATION

S u m m a r y

The contexts of translation initiation codon (the nucleotide sequences surrounding the AUG) have been analyzed by computer in 15 tobamoviruses (45 genes) and 22 potexviruses (110 genes).

The results obtained indicate both high key similarity and some differences between viral and eukaryotic AUG contexts. The similar features are: the localization of coinciding nucleotides near the start codon (in -3...+18 positions), purines presence in position (-3...+18) and guanine in position +4 (+4G) relative to codon AUG as well as the similarity of viral translation contexts to corresponding context sequences of vertebrates (16.9–52.4 %), monocot (21.9–41.2 %) and dicot plants (39.3–74.3 %).

The distinctive features of viral translation initiation contexts are a high frequency of +5C, -5Y and +10R components as well as a broad variation of context elements between various viruses and/or genes. So, the frequency of +5C varied between 0 % (TGB1 genes) and 100 % (Re genes), the -5Y – from 22 % (TGB2 genes) to 86 % (Mp genes), the +10R – between 22 % (TGB2 genes) and 93 % (Mp genes), and the frequency of eukaryotic Kozak contexts varied from 5 % (TGB2 genes) to 87 % (Mp genes).

The test proposed to compare a similarity between translation initiation contexts and their known consensus sequences are discussed.

The paper is presented in Ukrainian.

Key words: tobamovirus, potexvirus, context, start codon, translation, computational analysis.

The authors' address: *I.S.Sherbatenko*, Zabolotny Institute of Microbiology and Virology, National Academy of Sciences of Ukraine; 154 Acad. Zabolotny St., Kyiv, 03143, Ukraine.

1. *Cavener, D.R., Ray S.C.* Eukaryotic start and stop translation sites // *Nucleic Acids Research*. – 1991. – **19**, N 12. – P. 3185–3192.
2. *Castano A, Ruiz L, Hernandez C.* Insights into the translational regulation of biologically active open reading frames of Pelargonium line pattern virus. *Virology*. 2009. [Epub ahead of print]
3. *Churbanov A, Rogozin IB, Babenko VN, Ali H, Koonin EV.* Evolutionary conservation suggests a regulatory function of AUG triplets in 5'-UTRs of eukaryotic genes. // *Nucleic Acids Res.* – 2005. – **33**, N 17. – P. 5512–5520.
4. *Dinesh-Kumar SP, Miller WA.* Control of start codon choice on a plant viral RNA encoding overlapping genes. // *Plant Cell*. – 1993. – **5**, N 6. – P. 679–692.
5. *Johnston JC, Rochon DM.* Both codon context and leader length contribute to efficient expression of two overlapping open reading frames of a cucumber necrosis virus bifunctional subgenomic mRNA. // *Virology*. – 1996. – **221**, N 1. – P. 232–239.
6. *Joshi CP, Zhou H, Huang X, Chiang VL.* Context sequences of translation initiation codon in plants. // *Plant. Mol. Biol.* – 1997. – **35**, N 6. – P. 993–1001.
7. *Kochetov AV.* Alternative translation start sites and hidden coding potential of eukaryotic mRNAs. // *Bioessays*. – 2008. – **30**, N 7. – P. 683–691.
8. *Koh DC, Wang X, Wong SM, Liu DX.* Translation initiation at an upstream CUG codon regulates the expression of Hibiscus chlorotic ringspot virus coat protein. // *Virus Res.* – 2006. – **122**, N 1–2. – P. 35–44.
9. *Kozak M.* Structural features in eukaryotic mRNAs that modulate the initiation of translation. // *J. Biol. Chem.* – 1991. – **266**, N 30. – P. 19867–19870.
10. *Kozak M.* Regulation of translation via mRNA structure in prokaryotes and eukaryotes. // *Gene*. – 2005. – **361**. – P. 13–37.
11. *Kozak M.* Some thoughts about translational regulation: forward and backward glances. // *Journal of Cellular Biochemistry*. – 2007. – **102**, N 2. – P. 280–290.
12. *Kozak, M.* Pushing the limits of the scanning mechanism for initiation of translation. // *Gene*. – 2002. – **299**, N 1–2. – P. 1–34.
13. *Neafsey DE, Galagan JE.* Dual modes of natural selection on upstream open reading frames. // *Mol. Biol. Evol.* – 2007. – **24**, N 8. – P. 1744–1751.
14. *Shung CY, Sunter G.* Regulation of Tomato golden mosaic virus AL2 and AL3 gene expression by a conserved upstream open reading frame. // *Virology*. – 2009. – **383**, N 2. – P. 310–318.
15. *Touriol C, Bornes S, Bonnal S, Audigier S, Prats H, Prats AC, Vagner S.* Generation of protein isoform diversity by alternative initiation of translation at non-AUG codons. // *Biol Cell*. – 2003. – **95**, N 3–4. – P. 169–178.
16. *Tran MK, Schultz CJ, Baumann U.* Conserved upstream open reading frames in higher plants. // *BMC Genomics*. – 2008. – **9**. – P. 361–372.
17. *Wang XQ, Rothnagel JA.* 5'-Untranslated regions with multiple upstream AUG codons can support low-level translation via leaky scanning and reinitiation. // *Nucleic Acids Research*. – 2004. – **32**, N 4. – P. 1382–1391.

Отримано 05.12.2008