



УДК 577.217.343'112: 582.282.23

МОЛЕКУЛЯРНОЕ КЛОНИРОВАНИЕ НЕКОТОРЫХ КОМПОНЕНТОВ АППАРАТА ТРАНСЛЯЦИИ ДЕЛЯЩИХСЯ ДРОЖЖЕЙ *Schizosaccharomyces pombe* И ПЕРВЫЙ УНИФИЦИРОВАННЫЙ СПИСОК ГЕНОВ ЦИТОПЛАЗМАТИЧЕСКИХ РИБОСОМНЫХ БЕЛКОВ ЭТОГО МИКРООРГАНИЗМА

© 1999 г. Г. В. Шпаковский, Г. М. Баанова, В. Вуд*, Р. Г. Гвильям*,
Е. К. Шематорова, О. Л. Корольчук, Е. Н. Лебеденко#

Институт биоорганической химии им. М.М. Шемякина и Ю.А. Овчинникова РАН,
117871, Москва, ГСП-7, ул. Миклухо-Маклая, 16/10;

*Сэнгеровский Центр, Хинкстон, Кембридж CB10 1SA, Великобритания

Поступила в редакцию 10.12.98 г. Принята к печати 23.02.99 г.

В процессе анализа генома делящихся дрожжей *Schizosaccharomyces pombe* выделены и секвенированы полноразмерные кДНК четырех новых генов, кодирующих цитоплазматические рибосомные белки L14 и L20 (большая субчастица рибосомы) и S1 и S27 (малая субчастица). Клонирован также один из генов *Sz. pombe*, кодирующих фактор элонгации трансляции EF-2, и установлено его положение на хромосоме I. Предложена обобщающая номенклатура и составлен список всех идентифицированных к настоящему времени генетических детерминант, кодирующих цитоплазматические рибосомные белки *Sz. pombe*. На данный момент в геноме делящихся дрожжей обнаружено 76 генов/кДНК, кодирующих различные рибосомные белки, из них дуплицированы 35 генов, а в случае белков L2, L16, P1 и P2 идентифицировано по три гомолога.

Ключевые слова: дрожжи *Schizosaccharomyces pombe*, анализ генома, список и обобщающая номенклатура цитоплазматических рибосомных белков; кДНК и гены белков L14 (*rpl14*), L20 (*rpl20*), S1 (*rps1*) и S27 (*rps27*); фактор элонгации трансляции EF-2 (ген *efl2a*); гибридизация на космидных фильтрах.

Бурное развитие геномики как микроорганизмов, так и высших эукариот, привело к возможности рассмотрения важнейших молекулярно-биологических процессов (репликация ДНК, транскрипция, генетическая рекомбинация) на уровне целого генома. В результате для некоторых модельных организмов становится возможным систематизировать все компоненты (белки и гены), участвующие в том или ином процессе. Например, в случае аппарата синтеза белка такая полная информация имеется для 70S-рибосомы *Escherichia coli*. Этот рибонуклеопротеидный комплекс имеет молекулярную массу 2.3 МДа и состоит из двух субчастиц: большая 50S-субчастица включает в себя 23S-pРНК, 5S-pРНК и 34 L-белка; малая 30S-субчастица содержит 16S-pРНК и 21 S-белок. Для 15 рибосомных белков бактерий к настоящему времени с помощью рентгеноструктурного анализа и спектроскопии ЯМР установлены пространственные структуры [1].

Несмотря на то, что исследования рибосомных белков дрожжей *Saccharomyces cerevisiae* были на-

чаты в 1974 г. [2], а в 1996 г. было завершено определение полной первичной структуры всего генома *S. cerevisiae* [3, 4], только недавно выявлены все 137 генов, кодирующих цитоплазматические рибосомные белки этих дрожжей, а также предложена их обобщающая классификация [5, 6]. Дрожжевая рибосома (коэффициент седиментации 80S), пространственная структура которой с разрешением 35 Å недавно установлена с помощью криоэлектронной микроскопии [7], состоит из двух рибонуклеопротеидных субчастиц. В состав большой 60S-субчастицы входят три молекулы РНК: 25S-РНК (3392 нт), связанная водородными связями с 5.8S-РНК (158 нт) и ассоциированная с 5S-РНК (121 нт), а также 43 рибосомных белка (L1-L43) и три кислых легкодиссоциирующих Р-белка (P0, P1 и P2), два из которых (P1 и P2) представлены в двух копиях. Малая 40S-субчастица содержит одну молекулу РНК (1798 нт) и 32 белка (S0-S31). Содержание РНК и белка составляет соответственно 59 и 41% для большой субчастицы и 54 и 46% – для малой [6, 7]. Предполагается, что геном *S. cerevisiae* несет 78 различных генов, ответственных за синтез белков рибосомы, причем 59 из этих генов (т.е. 75.6%) дуплицированы.

Автор для переписки (тел.: (095) 330-65-83; e-mail: el@ibch.siobc.ras.ru; факс: (095) 335-71-03).

Близка к завершению работа по характеристике всех рибосомных белков млекопитающих (с помощью микросеквенирования белков рибосом крысы, разделенных двумерным электрофорезом) ([8]; I.G. Wool, Чикагский университет, США; неопубликованные данные). Рибосома млекопитающих характеризуется гораздо большим размером 28S-РНК большой субчастицы (более 5000 нт против 3400 в 25S-РНК грибов и высших растений). Другим отличительным свойством рибосом высших эукариот является наличие рибосомного белка L28 (по номенклатуре [8]), гомологи которого не обнаружены в протеоме дрожжей *S. cerevisiae* [3–6]. Делящиеся дрожжи *Schizosaccharomyces pombe*, представляющие собой рано отделившуюся ветвь аскомицетов (класс Archiascomycetes), эволюционно далеки как от млекопитающих, так и от почекущихся дрожжей *S. cerevisiae* [9, 10]. Поэтому характеристика компонентов аппарата трансляции этого организма представляет существенный интерес. Недавно японскими авторами осуществлено исчерпывающее клонирование генов всех факторов элонгации трансляции *Sz. pombe* [11]. В этой работе было охарактеризовано три гена, кодирующих фактор элонгации EF-1 α ; два гена, кодирующих EF-2; и по одному гену, ответственному за синтез EF-1 β и EF-1 γ . Целый ряд генов, предположительно кодирующих белки рибосом *Sz. pombe*, обнаружен в процессе крупномасштабного секвенирования генома этих дрожжей в Сэнгеровском Центре, Великобритания (Sanger Centre; <http://www.sanger.ac.uk>). Вместе с тем экспрессия этих генов в дрожжевой клетке может быть доказана только путем обнаружения соответствующих транскриптов. В процессе анализа геномной и кДНК-клонотек *Sz. pombe* с целью поиска компонентов аппарата транскрипции мы обнаружили ряд генетических детерминант (кДНК и генов), отвечающих за синтез некоторых рибосомных белков и факторов трансляции делящихся дрожжей. Известно, что около 20–25% клонов кДНК-клонотек содержат последовательности, кодирующие компоненты аппарата трансляции, поэтому их обнаружение в качестве побочных продуктов просеивания клонотек с использованием вырожденных праймеров или в процессе супрессорного анализа в дрожжах не вызывает удивления.

Генетические детерминанты (кДНК), кодирующие рибосомные белки *Sz. pombe* L20 и S27, были выделены при просеивании представительной кДНК-клонотеки делящихся дрожжей [12] в процессе поиска соответственно генов *rpb8⁺* (продукт ПЦР, полученный с помощью вырожденных праймеров [13]) и *rpc11⁺* (в виде слитой кДНК *rpc11-rps27* [14]). Полноразмерная кДНК, отвечающая за синтез рибосомного белка L14, была обнаружена при супрессорном анализе термоочувствительного штамма *S. cerevisiae* WY-9, несущего делеционный нуль-allelль гена *RPB9* (одна из

плазмид кДНК-клонотеки *Sz. pombe* в штамме *S. cerevisiae* с восстановленным фенотипом). Установленные первичные структуры выделенных нами полноразмерных кДНК и сравнение соответствующих белковых последовательностей представлены на рис. 1–3.

Белок большой субчастицы рибосомы L20 кодируется в геноме *Sz. pombe* двумя безынtronными генами, локализованными в разных местах хромосомы I (космиды c26A3 и c3A12; см. таблицу). Детальное сравнение нуклеотидных последовательностей изолированной нами кДНК (рис. 1a) и двух генов, кодирующих белок с одинаковой аминокислотной последовательностью, показало, что кДНК соответствует гену из космиды c26A3. Поскольку пока только для этого гена доказано, что он транскрибуируется, мы обозначили его как *rpl20-1*. Гомологи рибосомного белка L20 обнаружены только у эукариот и отсутствуют у прокариот и архей (см. список семейств рибосомных белков: <http://www.expasy.ch/cgi-bin/lists?ribosomp.txt>), причем первичная структура этого белка у разных видов эукариот достаточно вариабельна (рис. 1b).

Последовательность другой клонированной нами кДНК (рис. 2a) точно соответствует кодирующими последовательности гена *rps27* из космиды c1685 (данные Сэнгеровского Центра, SPBC1685), картированной на хромосоме II. Ген *rps27-1* содержит два интрана длиной 38 и 204 п.о., первый из которых разделяет 2-й и 3-й кодоны (Val и Leu), а второй – 33-й и 34-й кодоны (Met и Asp); оба интрана имеют характерные 5'-донорный (GTAAG) и 3'-акцепторный (TAG) участки сплайсинга. Недавно японскими авторами депонирована другая неполная кДНК (GenBank AB015171, см. таблицу), кодирующая, возможно, изоформу рибосомного белка S27. Обсуждаемые последовательности кДНК имеют два различия как в нуклеотидной (TTCTTC → TTACTC), так и в аминокислотной (PhePhe → LeuLeu) последовательностях (рис. 2a и 2b). Белок S27, входящий в состав малой 40S-субчастицы, высоко консервативен в эволюции (см. рис. 2b) и обнаружен помимо эукариот также у представителей надцарства Archaea (<http://www.expasy.ch/cgi-bin/lists?ribosomp.txt>). У *S. cerevisiae* этот белок кодируется двумя генами (хромосомы XI и VIII) и представлен двумя изоформами: S27A и S27B [5, 6].

Белок L14, входящий в состав большой 60S-субчастицы рибосомы эукариот, обнаружен также у всех видов архей. Этот белок имеет структурное сходство с другим рибосомным белком, L27, характерным только для эукариот. У *S. cerevisiae* белок L14 кодируется двумя генами (хромосомы XI и VIII) и представлен двумя изоформами: L14A и L14B [5, 6]. Выделенная нами кДНК (рис. 3a) соответствует последовательности, кодирующей гомолог L14A. Ген(ы) *rpl14* *Sz. pombe* до сих пор не клонированы. В GenBank депонирована еще одна последовательность кДНК *rpl14*

L20

(a)

gcaaagtaaaactttacgaacaacaccaattggggaaa	ATG GCA CTC AAG GAG TAT CAA GTC GTT	66
	Met Ala Leu Lys Glu Tyr Gln Val Val	[9]
GGA CGC AAG GTT CCT ACG GAA CAT GAG CCT GTT CCC AAG CTA TTC CGT ATG CGT TTG	123	
Gly Arg Lys Val Pro Thr Glu His Glu Pro Val Pro Lys Leu Phe Arg Met Arg Leu	[28]	
TTC GCA CCT AAT GAA TCT GTT GCC AAG TCT CGT TAT TGG TAC TTC TTG AAG ATG ATC	180	
Phe Ala Pro Asn Glu Ser Val Ala Lys Ser Arg Tyr Trp Tyr Phe Leu Lys Met Ile	[47]	
AAC AAA GTC AAG AAG GCC ACT GGT GAG ATC GTT GCC ATC AAT GAG ATT TCC GAG CCT	237	
Asn Lys Val Lys Ala Thr Gly Glu Ile Val Ala Ile Asn Glu Ile Ser Glu Pro	[66]	
AAG CCG TTG AAG GCC AAG GTC TTC GGT ATC TGG ATT CGT TAT GAC TCT CGC TCT GGT	294	
Lys Pro Leu Lys Ala Lys Val Phe Gly Ile Trp Ile Arg Tyr Asp Ser Arg Ser Gly	[85]	
ACC CAC AAC ATG TAC AAG GAG TTC CGT GAC ACT ACT CGT GTT GGT GCC GTT GAG GCT	351	
Thr His Asn Met Tyr Lys Glu Phe Arg Asp Thr Thr Arg Val Gly Ala Val Glu Ala	[104]	
ATG TAT GCC GAT ATG GCT GCC CGT CAT CGT GCT CGT TTC CGC AGC ATC CGT ATC CTT	408	
Met Tyr Ala Asp Met Ala Ala Arg His Arg Ala Arg Phe Arg Ser Ile Arg Ile Leu	[123]	
AAG GTT GTC GAG GTT GAG AAG AAG GAC GTT CGC CGT AAC TAT GTC AAG CAA CTC	465	
Lys Val Val Glu Val Lys Glu Asp Val Arg Arg Asn Tyr Val Lys Gln Leu	[142]	
CTT AAC CCT CAC TTG AAA TTC CCT CTC CCT CAC AGA CGT ACT GGT GTT GTC GGT TTG	522	
Leu Asn Pro His Leu Lys Phe Pro Leu Pro His Arg Arg Thr Gly Val Val Gly Leu	[161]	
GCT GGC AAG AAG GTC TTT GCT CCT CAC CGT CCC AGT ACT TTT TAC TAA gtatTTatgtt	581	
Ala Gly Lys Lys Val Phe Ala Pro His Arg Pro Ser Thr Phe Tyr Stop	[176]	
tgcctatgttagtagtacacgtttgtttcataaaatacattacttcctttatTTcagcgtagcaaatcatc	656	
atagtgaaagtgagacatgaggcgatgaagcaatagttAACCTatagttgtaaaattaacc	718	

(б)

<i>S. cer.</i>	1	MYLAHF----I--RL---SV-E-----I--S--VI-----QKLH----S---	60
<i>Sz. pombe</i>	1	MALKEYQVVGKVPTEHEPVPKLFRMRLFAPNESVAKSRWYFLKMINKVKATGEI	57
<i>R. norv.</i>	1	MKASGT-R--K---CL--PKCHT-P-Y--I---HV---F---VSQLK-M--SS---	61
<i>H. sap.</i>	1	MKASGT-R--K---CL--PKCHT-P-Y--I---HV---F---VSQLK-M--SS---	61
<i>S. sal.</i>	1	MKASGT-R--K---LL-SVKN-T-P-Y--I---HV---F---VSQLR-M---N-T-	61
<i>D. mel.</i>	1	MRAKGL---E---L-S-K--QTP-YK--I---DNI---F---RQLK-F---T---	61
<i>S. cer.</i>	61	-S--Q-N-AH-T-V-N--V-V-----I--VS--A---TL-Q-----	120
<i>Sz. pombe</i>	58	VAINEISEPKPLKAKVFGIWIYDSRGTHNMYKEFRDTTRGVAVEAMYADMAARHRARF	117
<i>R. norv.</i>	62	-YCGQVF-KS--RV-N---L-----R-Y--L-TA---TQC-R-G-----A	121
<i>H. sap.</i>	62	-YCGQVF-KS--RV-N---L-----R-Y--L-TA---TQC-R-G-----A	121
<i>S. sal.</i>	62	-YCGLVH-KT---V-N--V-L-N-----R-Y--L-TSA---TQC-R-G-----A	121
<i>D. mel.</i>	62	-S-KQVY-TS-V-I-N---L-----R-Y--L-VG---TQC-R-G-----A	121
<i>S. cer.</i>	121	---H---A-I--TA--K-Q---F-TKD-----,,,VQKST-T-SYK-----	174
<i>Sz. pombe</i>	118	RSIRILKVVVEKKEDVRRNYVKQLLNPHLKFPLPHRRRTGVVGLAGKKVFAPHRPSTFY	176
<i>R. norv.</i>	122	H--Q-M--E-I,AAGKC--PA--FHDSKI-----,,,-LRRQH-PR-TTK--N--F	176
<i>H. sap.</i>	122	H--Q-M--E-I,AASKC--PA--FHDSKI-----,,,-LRRQH-PR-TTK--N--F	176
<i>S. sal.</i>	122	H--H-M--Q-I,AANKC--PAI--FHDSKI-----,,,-LRRQHNPR-TTK--N--F	176
<i>D. mel.</i>	122	H--Q-I--DSI,PAAKT--VH--FHDSKI---VQ-,,,-HHKGNR-L-SFRK-R-YFQ	177

Рис. 1. Нуклеотидная последовательность кДНК гена рибосомного белка L20A *Sz. pombe* (а) и сравнение этого белка с ортологами из других организмов (б); в скобках приведены номера депонирования в GenBank/EMBL: *S. cerevisiae* (Z75220), *Rattus norvegicus* (X14181), *Homo sapiens* (L05093), *Salmo salar* (AF045188) и *Drosophila melanogaster* (X75339). Знаком “тире” заменены аминокислотные остатки, совпадающие с соответствующим остатком в рибосомном белке *Sz. pombe*; жирным шрифтом выделены гомологичные аминокислотные остатки; запятыми обозначены пробелы, введенные для выравнивания последовательностей.

S27

(a)

.tg gca gtt gat ctc tta aat ccc agt cat gaa tcc gag atg 41
 [3] Ala Val Asp Leu Leu Asn Pro Ser His Glu Ser Glu Met [16]

cgc aag cac aag ctg aag cag ctt gtt caa ggc cct cgc agt 83
 Arg Lys His Lys Leu Lys Gln Leu Val Gln Gly Pro Arg Ser [30]

(a c)
tt**c** **t**t**c** atg gat gtc aag tgc cct gga tgc ttc aac atc acc 125
 Phe Phe Met Asp Val Lys Cys Pro Gly Cys Phe Asn Ile Thr [44]
 (Leu Leu)

aca gtt ttc tct cat gct caa acc gtt gtt att tgc ggt tct 167
 Thr Val Phe Ser His Ala Gln Thr Val Val Ile Cys Gly Ser [58]

tgt gcc tct gtc ctt tgc caa cct act ggt ggt aag gct cgt 219
 Cys Ala Ser Val Leu Cys Gln Pro Thr Gly Gly Lys Ala Arg [72]

ctt atg gag gga tgc tct ttc aga aga aag aac taa aagg tct 262
 Leu Met Glu Gly Ser Phe Arg Arg Lys Asn stop [83]

tgttcatatcttgcatgtcttgattattgaataaaattttgttctaggcatgtgg 317

(б)

<i>S. cerevisiae</i>	1 ---VQ---H- TAA --A-----T----- Y-L -----L----	45
<i>Sz. pombe</i>	1 MVLAVDLLNPSHESEM RKHKLKQLVQGPRSFFMDVKCPGCFNITT	45
<i>R. norvegicus</i>	1 -P--R---H--L-E- KK --K-R---S-N- Y ----- YK ---	45
<i>H. sapiens</i>	1 -P--K---H--P-E-K---K-R---S-N- Y ----- YK ---	45
<i>X. laevis</i>	1 -P--K---H- TP -E-K---K-R---S-N- Y ----- YK ---	45

<i>S. cerevisiae</i>	46 -----A-T-E-- ST ---T----- K-S-T -----	82
<i>Sz. pombe</i>	46 VFSHAQTVVICGSCASVLCQPTGGKARLMEGCSFRRKN	83
<i>R. norvegicus</i>	46 ----- L-VG-ST -----T----- QH	84
<i>H. sapiens</i>	46 ----- L-VG-ST -----T----- QH	84
<i>X. laevis</i>	46 ----- L-VG-ST -----T----- QH	84

Рис. 2. Нуклеотидная последовательность кДНК гена рибосомного белка S27 *Sz. pombe* (а) и сравнение этого белка с ортологами из других организмов (б): *S. cerevisiae* (Z28156), *R. norvegicus* (X59375), *H. sapiens* (U57847), *Xenopus laevis* (X71350). В нуклеотидной последовательности подчеркнуты два звена, отличающиеся от соответствующих звеньев последовательности AB015171, которые приведены в скобках. Остальные обозначения такие же, как в подписи к рис. 1.

Sz. pombe (номер депонирования AJ002732), в которой имеется 4 расхождения с полноразмерной кДНК, изолированной нами, при этом рамка считывания смещается дважды и выведенная аминокислотная последовательность укорачивается на 30 а.о. Только установленная нами аминокислотная последовательность дает соответствие с гомологом из *S. cerevisiae* на всем своем протяжении (рис. 3б). Сравнение гомологов рибосомного белка L14 из разных организмов показывает, что от-

личительной особенностью этого белка у высших эукариот, особенно у млекопитающих, является наличие протяженной (35–80 а.о.) С-концевой последовательности, обогащенной остатками аланина и лизина (аргинина в случае дрозофилы). Можно предположить, что этот С-концевой участок контактирует с более длинной 28S-рРНК (см. выше).

Последовательность, кодирующая изоформу рибосомного белка S1 (рис. 4а), обнаружена нами в составе геномного клона pYUL23 с геном

L14

(a)

g g					
tcttcccctaaca <u>agt</u> <u>c</u> accaccagaaaatcaaaa	ATG GAA GGA TTC AAG CGT TAC	56			
	Met Glu Gly Phe Lys Arg Tyr	[7]			
GTC GAG GTT GGT CGT GTC CTC GTC ACC AAG GGT GAA TAC ACC GGC AAG	Val Glu Val Gly Arg Val Val Leu Val Thr Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Lys	107			
Val	[24]				
CTT GCT GTC ATC GTC ATT GTC GAT CAC AAA AGG GCT CTT ATC GAC TCT	Leu Ala Val Ile Val Asp Ile Val Asp His Lys Arg Ala Leu Ile Asp Ser	158			
Leu	[41]				
CCT TGC TCC GAG TTC CCT CGT CAA GTC ATC CGC TAC GGC AGT GTT GTT CTT	Pro Cys Ser Glu Phe Pro Arg Gln Val Ile Arg Tyr Gly Ser Val Val Leu	209			
Pro	[58]				
ACT CAC ATT GTC ATG AAG CTT CCT CGT GGT GCC <u>CGT</u> TCC GGC ATT GTC GCC	Thr His Ile Val Met Lys Leu Pro Arg Gly Ala Arg Ser Gly Ile Val Ala	260			
Thr	[75]				
AAG AAG TGG AAG GCT CAA GAT GTT TGC AAC AAG TGG GCC TCT TCT GCT TGG	Lys Lys Trp Lys Ala Gln Asp Val Cys Asn Lys Trp Ala Ser Ser Ala Trp	311			
Lys	[92]				
GCC AAG AAA TTG GAA GCC AAG AAG GTT CGT AGC CAA TTG AAC GAC TTC GAC	Ala Lys Lys Leu Glu Ala Lys Val Arg Ser Gln Leu Asn Asp Phe Asp	362			
Ala	[109]				
CGC TTT GCT GTT ATG CGC CTT AAG AAG CAA CGT CGT GAA CAA GTT AAC GTT	Arg Phe Ala Val Met Arg Leu Lys Gln Arg Arg Glu Gln Val Asn Val	413			
Arg	[126]				
<u>Δ</u> <u>G</u> CT GTC GCT AAG GCT CTC AAG GCC TAG atttgggtgttagatcgAACatttcagctca	Ala Val Ala Lys Ala Leu Lys Ala Stop	471			
	[134]				
tctataaaattggccatttgt		496			

(б)

<i>S. cerevisiae</i> 1	MSTDSIVKASNW-L-----	IK--QSA---A--E-I-Q-KV--G-KAGV--A-NL-Q--	64
<i>Sz. pombe</i>	1	MEGFKRYVEGRVVLVTKGLEYTGKLAVIVDIVDHKRALIDSPCSEFPRQVIRYGSVV	57
<i>R. norvegicus</i>	1	MV-R-F-----AYISF-PHA---VA---VI-QN---V-G--TRVR--AMPFKCMQ	56
<i>H. sapiens</i>	1	MV-R-F-----AY-SF-PHA---VA---VI-QN---V-G--TQVR--AMPFKCMQ	56
<i>D. melanogaster</i>	1	MP-E-F-QT--IAKASA-PLK-R-VA---VI-QN-V-V-G-LTGV---EY-LNNLH	56
<i>L. rubellus</i>	1	MS-R-F--I---ARAVY-PDQ---VA---VI-QN---V-G--THVA-KSMNFKELE	56
<i>S. cerevisiae</i>	65	--PLTFA-----TAT-S---A-AG--E---A-S----IAQRER-AA-T--E--Q--	121
<i>Sz. pombe</i>	58	LTHIVMKLPRGARGSIVAKKWAQDVCNKWASSAWAKLEAKKVRSQLNDFDRFAVM	114
<i>R. norvegicus</i>	57	--DFIL-F-HS--QKY-R-A-EKA-INT---ATR----ID-RERKAKMT----K--	113
<i>H. sapiens</i>	57	--DFIL-F-HS-HQKY-RQA-QKA-INT---ATR----I--RERKAKMT----K--	113
<i>D. melanogaster</i>	57	--KYRI-F-YT-PTR--R-A-TES-LKAQ-KV-P-SV-AQNICK--S-----KLR	113
<i>L. rubellus</i>	57	--NLKA-F-HS-KT-V-K-A-EKDEISK--EE-HL---IA--EK-KT-T--E--KL-	113
<i>S. cerevisiae</i>	122	V-R--K-YT-KK-L---	138
<i>Sz. pombe</i>	115	RLKKQREQVNVAVAKALK	134
<i>R. norvegicus</i>	114	KA--M-NRIIKTE-K-LQR--ALLKASPKAAVAKAAIAAAAAAKAKVPAKKATGPGQ	170
<i>H. sapiens</i>	114	KA--M-NRIIKNE-K-LQ--ALLKASPKKAPGTGKTAAAAAAAAAAKVKPAKK	170
<i>D. melanogaster</i>	114	YA-R--NKLITI-FNTLK-RTKADGTPRVLKKDRRERLRAEKAGGGKAAKK	166
<i>L. rubellus</i>	114	KA-QA-NRLIKIEFG-LR--LKTPAKPTRKPNKKLHKV	133
<i>R. norvegicus</i>	171	KAAAQKASAQKAAGQKAAPPAKGQKGQKT PAQKAPAPKAAGKKA	214
<i>H. sapiens</i>	171	ITAASKKAPAPAQKVPQAQKATGQKAAPAPKAQKGQKAPAKAPAKASGK	218

Рис. 3. Нуклеотидная последовательность полноразмерной кДНК гена рибосомного белка L14 *Sz. pombe* (а) и сравнение этого белка с ортологами из других организмов (б): *S. cerevisiae* (Z28006), *R. norvegicus* (X94242), *H. sapiens* (D87735), *D. melanogaster* (Y09766), *Lumbricus rubellus* (AJ223201). В нуклеотидной последовательности подчеркнуты звенья, отличающиеся от соответствующих звеньев последовательности AJ002732 (приведены над последовательностью либо обозначены знаком Δ в случае их отсутствия). Остальные обозначения такие же, как в подписи к рис. 1.

S1

(a)

gaaacccaaacttctccaca	ATG GCA GTT GGA AAA AAC AAG AGA CTC TCC AAA GGC AAG	58
	Met Ala Val Gly Lys Asn Lys Arg Leu Ser Lys Gly Lys	[13]
AAG GGA ATT AAG AAG CGT GTC GTT GAC CCC TTT TCC CGT AAG GAA TGG TAC GAC	112	
Lys Gly Ile Lys Lys Arg Val Val Asp Pro Phe Ser Arg Lys Glu Trp Tyr Asp	[31]	
ATT AAA GCT CCC GCC TTC TTC GAA GTT AAG AAC GTT GGA AAG ACT CTT GTC AAC	166	
Ile Lys Ala Pro Ala Phe Phe Glu Val Lys Asn Val Gly Lys Thr Leu Val Asn	[49]	
CGC ACA GCC GGT CTA AAG AAT GCC AAT GAC TCC CTC AAG GGA CGT ATC TTG GAG	220	
Arg Thr Ala Gly Leu Lys Asn Ala Asn Asp Ser Leu Lys Gly Arg Ile Leu Glu	[67]	
GTT TCC CTT GCT GAC TTG CAA AAG GAT GAG GAG CAC GCA TTC CGC AAG GTT AAG	274	
Val Ser Leu Ala Asp Leu Gln Lys Asp Glu Glu His Ala Phe Arg Lys Val Lys	[85]	
CTT CGT GTC GAA GAT ATC CAA GGC AAG TCT TGC CTT ACC AGC TTC AAT GGT TTA	328	
Leu Arg Val Glu Asp Ile Gln Gly Lys Ser Cys Leu Thr Ser Phe Asn Gly Leu	[103]	
AGC ATC ACT TCT GAC AAG TTG CGC TCT CTT GTC CGC AAA TGG CAA ACA ACC ATC	382	
Ser Ile Thr Ser Asp Lys Leu Arg Ser Leu Val Arg Lys Trp Gln Thr Thr Ile	[121]	
GAG GCT GAT CAA ACT ATC AAG ACT ACT GAT GGT TAT CTT TGC CGT GTC TTT GTC	436	
Glu Ala Asp Gln Thr Ile Lys Thr Asp Gly Tyr Leu Cys Arg Val Phe Val	[139]	
ATT GGC TTC ACA CGT CGT GCT AAC CAA GTT AAG AAG ACT ACT TAT GCT CAA	490	
Ile Gly Phe Thr Arg Arg Ala Asn Gln Val Lys Thr Thr Tyr Ala Gln	[157]	
TCT TCT CAA ATC CGT GCC ATC CGC CAG AAG ATG TTC CAA GTT ATC CAA AAC CAA	544	
Ser Ser Gln Ile Arg Ala Ile Arg Gln Lys Met Phe Gln Val Ile Gln Asn Gln	[175]	
ACT TCT TCT TGC TCC ATG AGG GAA CTC GTT CAA AAG CTC ATT CCT GAG GTC ATT	598	
Thr Ser Ser Cys Ser Met Arg Glu Leu Val Gln Lys Leu Ile Pro Glu Val Ile	[193]	
GGC CGT GAA ATT GAA AGA GCT ACT GGC AGT ATT TTC CCT CTC CAA AAT GTT CTT	652	
Gly Arg Glu Ile Glu Arg Ala Thr Gly Ser Ile Phe Pro Leu Gln Asn Val Leu	[211]	
GTC CGT AAG GTC AAG ATC CTC AAG GCC CCT AAG CAT GAT GCT CAA AAG CTC CTC	706	
Val Arg Lys Val Lys Ile Leu Lys Ala Pro Lys His Asp Ala Gln Lys Leu Leu	[229]	
GAG TTA CAT GGT GAG AGT CAA GAT GTT GGC ACA AAG GTT GTC AAG GAC GTT GCT	760	
Glu Leu His Gly Glu Ser Gln Asp Val Gly Thr Lys Val Val Lys Asp Val Ala	[247]	
CCC TTG GAA TCT GTT TAA atgtccttgctgccatcgctcgctccttcctttt	815	
Pro Leu Glu Ser Val Stop	[252]	

Рис. 4. Нуклеотидная последовательность гена рибосомного белка S1B *Sz. pombe* (a) и его сравнение с изоформой S1A и ортологами из других организмов (b): *S. cerevisiae* (U21094), *R. norvegicus* (X75161), *H. sapiens* (M77234), *Oryza sativa* (D26060), *Arabidopsis thaliana* (AJ001342). В аминокислотной последовательности белка S1B подчеркнуты звенья, отличающие его от изоформы S1A. Остальные обозначения такие же, как в подписи к рис. 1.

rpc19⁺, отвечающим за синтез общей субъединицы ядерных РНК-полимераз I и III *Sz. pombe* [15]. Ген *rpsl-2* является безынtronным, кодирует белок S1B из 252 а.о. и локализован на хромосоме I в составе космиды c22H12 (9067 п.о.), секвенирование которой недавно завершено в Сэнгеровском Центре (см. таблицу). Другой ген (*rpsl-1*), кодиру-

ющий белок S1A (252 а.о.), также находится на хромосоме I (космиды c13G7; данные Сэнгеровского Центра) (см. таблицу). Хотя длина белков S1A и S1B *Sz. pombe* одинакова, в аминокислотной последовательности имеются 22 отличия (рис. 4б). Гомологи белка S1 найдены только у представителей надцарств Archaea и Eucarya. Структурное сходст-

(6)

<i>S. cerevisiae</i>	1	-----, ---Q-----T-----F-----ST-----NR-----KST---S-S-A	60
<i>Sz. pombe</i>	1	MAVGKNKRLSKG, KKGIKKRVVDPFSRKEWYDIKAPAFFEVKNVGKTLVNRTAGLKNANDS	60
	1	-----,	60
<i>R. norvegicus</i>	1	-----T---G---A---K-----K-D---V-----M-NIR-I-----T---Q-T-I-S-G	61
<i>H. sapiens</i>	1	-----T---G---A---K-----K-D---V-----M-NIR-I-----T---Q-T-I-S-G	61
<i>O. sativa</i>	1	-----, ---S---KT-----AK-D-----SV-N-R-I-----S---Q-T-I-SEG	60
<i>A. thaliana</i>	1	-----, ---G---KA-----K-D---V-----GS-TNR-----S---Q-T-I-SEG	60
<i>S. cerevisiae</i>	61	----VV---C-----GS-D-S---I---DEV---NL---N-H-MDF-T-----M-----L	120
<i>Sz. pombe</i>	61	LKGRILEVSLADLQKDEEHAFRKVKLRVEDIQGKSCLTFSNGLSITSDKLRLSILVRKWQTT	120
	61	-----S-----FDM-----S-----	120
<i>R. norvegicus</i>	62	----VF-----N-V, ----F--IT--V---N---N-H-MDL-R--MC-M-K---M	120
<i>H. sapiens</i>	62	----VF-----N-V, ----FKLIT--V---N---N-H-MDL-R--MC-M-K---M	120
<i>O. sativa</i>	61	--H-VF-----N-EDQ-Y--IR--A--V---NV--N-W-M-F-T-----K---L	120
<i>A. thaliana</i>	61	--H-VF-----N--DN-Y--IR--A--V--RNV--Q-W-MDF-T-----K---L	120
<i>S. cerevisiae</i>	121	---NV-V---S-D-VL-I-A-A---KQ-----RHS-----H-----KVISEILTKEVQGST	180
<i>Sz. pombe</i>	121	IEADQTIKTTDGYLCRVFVIGFTRRRANQVKTTYAQSQIRAIROQMFQVIQNQTSSCS	180
	121	---N-----I-----S-V-----H-----ANG--	180
<i>R. norvegicus</i>	121	---HVDV-----L-L-CV---KK-N--IR--S---HQ-V-Q--K--MEIMTREVQTND	180
<i>H. sapiens</i>	121	---HVDV-----L-L-CV---KK-N--IR--S---HQ-V-Q--K--MEIMTREVQTND	180
<i>O. sativa</i>	121	---HVDV-----ML-L-C---K-P---R-C---A---Q--R--VEIMA--A--D	180
<i>A. thaliana</i>	121	---HVDV-----TL-M-C-A--K-----R-C-----Q--R--SEIMVKEA--D	180
<i>S. cerevisiae</i>	181	LAQ-TS-----NK---N--KD-----IH-----L---Q---F-VGA-MA---GSGEEK	240
<i>Sz. pombe</i>	181	MRELVQKLIPEVIGREIERATGSIFPLQNVILVRKVKILKAPKHDQKLLELHGE, , SQDV	238
	181	-K-----K---NN-Y-----F-----, -----	238
<i>R. norvegicus</i>	181	LK-V-N---DS--KD--K-CQ--Y--HD-F-----M--K--FELG--M-----GG-SGK	240
<i>H. sapiens</i>	181	LK-V-N---DS--KD--K-CQ--Y--HD-F-----M--K--FELG--M-----GS-SGK	240
<i>O. sativa</i>	181	LK---S-F-----K---K---S-----F-----F-LG--M-V--DYAKE-I	240
<i>A. thaliana</i>	181	LK---A-F---A-----K---QG-Y-----FI-----F-LG--M-V--DYTAE--	240
<i>S. cerevisiae</i>	241	-K--TGFKDEVLETV	255
<i>Sz. pombe</i>	239	GTVVVKDVAPEL	252
	239	-S---IS-----	252
<i>R. norvegicus</i>	241	T-GDETGAKVER <u>ADGYEPPVQESV</u>	264
<i>H. sapiens</i>	241	A-GDETGAKVER <u>ADGYEPPVQESV</u>	264
<i>O. sativa</i>	241	---LDRPAEDEAMAGQEVAAAE	262
<i>A. thaliana</i>	241	-V--DRPADETMVEEPTEIIGA	262

Рис. 4. Окончание.

во этого рибосомного белка из разных эукариотических организмов прослеживается на всем протяжении молекулы, за исключением, пожалуй, последних 20–25 а.о. (рис. 4б).

В составе геномного клона pYUK71, несущего ген *rpb7⁺*, мы обнаружили один из генов, кодирующих фактор элонгации трансляции EF-2. Ранее в работе [11] было показано, что этот фактор кодируется в геноме *Sz. pombe* двумя генами (номера депонирования в DDBJ/GenBank D83975 и D83976), причем последовательности кодируемых ими белков идентичны. В то же время имеются расхожде-

ния в третьем положении некоторых кодонов, а 3'-некодирующие области этих генов совершенно различны. Мы показали, что обнаруженный нами ген *ef2a* соответствует последовательности D83976. В процессе секвенирования этого гена нами обнаружено расхождение в дистальной части гена, кодирующей аминокислотные остатки 821–823 (рис. 5). В результате 4-х нуклеотидных замен (GACGT → GAAGCTCGT) в определенной нами последовательности исчезает сайт узнавания рестриктазы *AatII* (подчеркнут), что подтверждено экспериментально. Кодируемая этим

<i>Sz. pombe</i>	(D83976)	815 ..PGQIVCD VG KRKGLKE..	830
<i>Sz. pombe</i>		815 ..PGQIVCEARKRKGLKE..	830
<i>S. cerevisiae</i>	(M59369)	815 ..AGEIVL AAR KRHGMKE..	830
<i>C. albicans</i>	(Y09664)	814 ..PGAIVK EKR VRAGLKP..	829
<i>C. elegans</i>	(M86959)	825 ..PNQIVL DTR KRKGLKE..	840
<i>D. melanogaster</i>	(X15805)	817 ..PYAIVQ DTR KRKGLKE..	832
<i>G. gallus</i>	(U46663)	831 ..PSQVVA ETR KRKGLKE..	846
<i>R. norvegicus</i>	(Y07504)	831 ..PSQVVA ETR KRKGLKE..	846
<i>H. sapiens</i>	(X51466)	831 ..PSQVVA ETR KRKGLKE..	846

Рис. 5. Сравнение первичной структуры C-концевого фрагмента фактора элонгации трансляции EF-2 из разных организмов. Жирным шрифтом выделена область, в которой последовательность, установленная нами для EF-2 *Sz. pombe*, отличается от последовательности D83976. Подчеркнуты инвариантные аминокислотные остатки.

участком ДНК последовательность аминокислот AspValGly меняется на GluAlaArg, при этом явно повышается гомология с другими ортологами EF-2 (рис. 5).

Наш интерес к секвенированию клона pYUK71 объясняется не только наличием в нем гена *rpb7⁺* [14], но и тем, что он попадает в область хромосомы I, которая содержит один из трех пробелов в самой подробной космидной карте делящихся дрожжей [16]. Для того, чтобы прояснить структуру этого пока неясного участка хромосомы I, мы картировали и секвенировали вставку ДНК *Sz. pombe* длиной 9.6 т.п.о. в плазмиде pYUK71, причем наиболее подробно были охарактеризованы концевые части вставки, содержащие гены *rpb7⁺* и *eft2a* [17]. С помощью гибридизации на космидных фильтрах высокой плотности ген *eft2a* был картирован нами на хромосоме I *Sz. pombe* вблизи маркера *swi4⁺* в составе космиды c8G6 из клонотеки ICRF [16] (рис. 6).

В составленной нами таблице суммированы имеющиеся к настоящему моменту данные о первичной структуре и хромосомной локализации генов цитоплазматических рибосомных белков *Sz. pombe*. Большинство последовательностей депонировано в EMBL/GenBank Сэнгеровским Центром в составе аннотированных космид (СЦ), другие найдены нами с помощью программы BLAST в составе неаннотированных космид, секвенирование которых еще не завершено (СЦ**). Приведены также все идентифицированные на данный момент кДНК (в том числе, неполноразмерные), кодирующие рибосомные белки *Sz. pombe*; большинство из них представляют собой неопубликованные, депонированные в GenBank/EMBL/DDBJ последовательности. Всего в геноме делящихся дрожжей обнаружено 119 генов/кДНК, кодирующих рибосомные белки (с учетом дуплицированных и представленных в трех копиях). Предыдущий список генов цитоплазматических

рибосомных белков *Sz. pombe*, составленный Гроссом и Кёфером [30], содержал 54 гена. Уникальным свойством рибосомных белков *Sz. pombe*, отмеченным в этой работе, является присутствие в составе их промоторов особой регуляторной области CAGTCACA (или комплементарной ей – TGTGACTG), названной авторами Homol D.

Как видно из таблицы, на сегодняшний день нет структурных данных только для одного белка малой субчастицы рибосомы (S26), а также для двух белков (L31 и L41), входящих в состав большой субчастицы; для двух других белков этой субчастицы (L21 и L33) к настоящему времени идентифицированы только неполноразмерные кДНК. Для

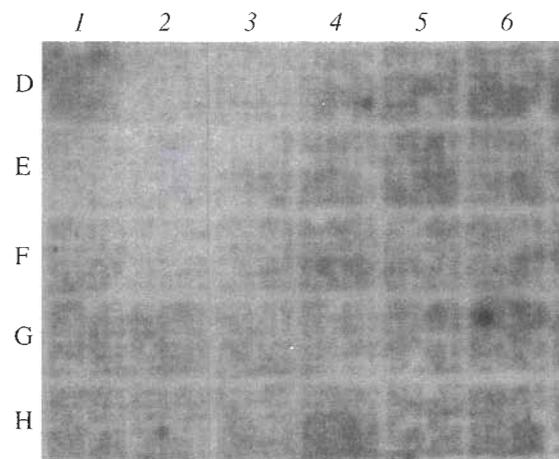


Рис. 6. Авторадиограмма результатов гибридизации космидного фильтра клонотеки ICRF [16] с радиоактивно меченым зондом, содержащим 3'-концевую часть обнаруженного нами гена фактора элонгации трансляции EF-2. Цифры 1–6 и буквы D–H – координаты квадратных ячеек, каждая из которых содержит 36 космид. Положительные сигналы гибридизации видны для космид c8G6 и c30D4 (космиды № 8 ячейки G6 и космиды № 30 ячейки D4).

Цитоплазматические рибосомные белки *Schizosaccharomyces pombe* и кодирующие их гены

Белок	Длина белка, а. о.	Гомологи	Ген	Хромо-сома	Клон (позиция гена)	Номер депонирования	Инtron	Ссылка
S0	292	Sc; Rn; Hs; Dm; Nc; At	<i>rps0</i>	II	c685 (.06)	AL049474	1	СЦ
S1A	252	Sc; Rn; Hs; Dm; Os; At	<i>rps1-1</i>	I	c13G6 (.02c)	Z54308	0	СЦ
S1B	252		<i>rps1-2</i>	I	c22H12 (.04c)	AL034565	0	СЦ
÷	÷		÷	÷	pYUL23	AF127914	0	[&]
S2	253	Sc; Rr; Hs; Dm; At	<i>rps2</i>	III	c576 (.08c)	AL031798	0	СЦ
S3	249	Sc; Rn; Hs	<i>rps3</i>	II	c16G5 (.14c)	AL023554	1	СЦ
S4A	262	Sc; Rn; Hs	<i>rps4-1</i>	II	c19F8 (.08)	AL023594	0	СЦ
÷	>260		÷	—	кДНК*	AB018354	—	БД
S4B	262		<i>rps4-2</i>	II	c21B10	СЦ**	0	СЦ
S5	203	Sc; Rn; Hs; Dm; Car; Sa	<i>rps5</i>	I	c8C9 (.08)	Z99168	1	СЦ
S6	239	Sc; Rn; Hs; Mm	<i>rps6</i>	I	c13G6 (.07c)	Z54308	0	СЦ
÷	239		÷	÷	—	M36382	—	[18]
S7	195	Sc; Rn; Hs; Xl; Ag	<i>rps7</i>	I	c18G6 (.14c)	Z68198	0	СЦ
S8	200	Sc; Rn; Hs; Ag; Os; At	<i>rps8</i>	I	c2C4 (.16c)	Z99259	0	СЦ
S9A	191	Sc; Rn; Hs	<i>rps9-1</i>	I	c24H6 (.07)	Z54142	1	СЦ
÷	>184		÷	—	кДНК*	AB011008	—	БД
S9B	192		<i>rps9-2</i>	II	c29A3 (.12)	AL022299	0	СЦ
S10A	144	Sc; Rn; Hs; Lr; At	<i>rps10-1</i>	I	c31G5 (.17c)	Z98979	1	СЦ
S10B	147		<i>rps10-2</i>	II	c973 (pi023)	AB004535	1	БД
S11	152	Sc; Rn; Hs; Mm; Xl; At	<i>rps11</i>	II	c31G5 (.03)	Z98979	0	СЦ
÷	>139		÷	—	кДНК*	AB000704	—	БД
S12A	145	Sc; Rn; Hs; Mm; Xl; Dm	<i>rps12-1</i>	III	c962 (.04)	AL031323	1	СЦ
S12B	148		<i>rps12-2</i>	II	c1685 (.02c)	AL031154	1	СЦ
S13	151	Sc; Rn; Hs; Dm; Lr; Ps	<i>rps13</i>	I	c6F6 (.07c)	Z98981	3	СЦ
÷	÷		÷	÷	—	X67030	3	[19]
S14A	139	Sc; Rr; Hs; Dm; Kl; Ll	<i>rps14-1</i>	I	c3H5 (.05c)	Z99296	0	СЦ
S14B	139		<i>rps14-2</i>	II	c18H10 (.13)	AL022304	0	СЦ
S15	153	Sc; Rn; Hs; Xl; At; Os	<i>rps15</i>	III	c1393 (.03)	AL035592	0	СЦ
S16	140	Sc; Rn; Hs; Os; Fa; Lp	<i>rps16</i>	II	c18H10 (.14)	AL022304	1	СЦ
÷	>138		÷	—	кДНК*	AB017604	—	БД
S17	131	Sc; Rn; Hs; Nc; At; Dm	<i>rps17</i>	II	c24E9 (.05c)	AL021816	1	СЦ
S18A	153	Sc; Rr; Hs; Mm; Dm; At	<i>rps18-1</i>	II	c16D10 (.11c)	AL035637	1	СЦ
S18B	152		<i>rps18-2</i>	III	c1259 (.01c)	AL034564	1	СЦ
S19A	>137	Sc; Rr; Hs; Dm	<i>rps19-1</i>	?	кДНК*	AB000915	—	БД
S19B	143		<i>rps19-2</i>	II	c649 (.02)	AL023587	1	СЦ
S20	118	Sc; Rn; Hs; Dm; Xl; Os	<i>rps20</i>	III	c576 (.09)	AL031798	0	СЦ
S21	87	Sc; Rn; Hs; Dm; Zm; Os	<i>rps21</i>	II	c18E5	AL035077	1	СЦ
S22A	130	Sc; Rn; Hs; Dm; At	<i>rps22-1</i>	I	c22A12 (.04c)	Z99295	0	СЦ
÷	÷		÷	—	кДНК	AB015353	—	БД
S22B	130		<i>rps22-2</i>	I	c5D6 (.01)	Z98056	0	СЦ
S23A	143	Sc; Rn; Hs; Bm	<i>rps23-1</i>	I	c23C11 (.02c)	Z98559	0	СЦ
÷	÷		÷	—	кДНК	AB001288	—	БД
S23B	143		<i>rps23-2</i>	II	c115A3	СЦ**	0	СЦ
S24A	134	Sc; Rn; Hs; Dm; Mr	<i>rps24-1</i>	II?	[c17G9]	СЦ**	1	СЦ
÷	÷		÷	—	кДНК	AB015168	—	БД
S24B	134		<i>rps24-2</i>	I	c17G6 (.06)	Z99162	1	СЦ
S25A	88	Sc; Rr; Hs; Dm	<i>rps25-1</i>	II	c3D6 (.15)	Z95620	2	СЦ
÷	÷		÷	—	кДНК	AB016006	—	БД
S25B	>86		<i>rps25-2</i>	?	кДНК*	AB000398	—	БД
S26	—	Sc; Mm; Hs; Dm; Os	Нет	—	—	—	—	—
S27	83	Sc; Rn; Hs; Xl; At	<i>rps27-1</i>	II	c1685 (.10)	AL031154	2	СЦ
÷	>81		÷	—	pYUK968 (кДНК*)	AF045155	—	[&]
÷	>80		÷	—	кДНК*	AB015171	—	БД

Таблица. (Продолжение)

Белок	Длина белка, а. о.	Гомологи	Ген	Хромосома	Клон (позиция гена)	Номер депонирования	Инtron	Ссылка
S28A ÷	68 ≥63	Sc; Rr; Hs; Zm; At	rps28-1 ÷	III -	c285 (.15c) кДНК*	AL031545 D85030	1 -	СЦ БД
S28B	68		rps28-2	I	c25G10 (.06)	Z70691	1	СЦ
S29	56	Sc; Rn; Hs; Bt	rps29	II	c1685 (.09)	AL031154	2	СЦ
S30A	61	Sc; Rr; Hs	rps30-1	?	кДНК	AJ002731	-	БД
S30B	62		rps30-2	II	c19G7 (.03c)	AL021839	1	СЦ
S31	150	Sc; Rn; Hs; Dm; Zm; At	rps31	I	c6G10 (.11c)	Z98603	0	СЦ
L1A	216	Sc; Rn; Hs; At	rpl1-1	III	c1183 (.08c)	AL031740	0	СЦ
L1B	216		rpl1-2	II	c30D10 (.18c)	Z97992	1	СЦ
L2A ÷	253 253	Sc; Rr; Hs; XI; At; Le	rpl2-1 ÷	I I	Ген K5 c21E11 (.02c)	X51659 Z67999	0 0	[20] СЦ
L2B	253		rpl2-2	II	c2F12 (.07c)	Z97211	0	СЦ
L2C	253		rpl2-3	II	c24E9 (.04)	AL021816	0	СЦ
L3A ÷	388 388	Sc; Rr; Hs; Dm; Os; At	rpl3-1 ÷	I I	c17A5 (.03) Ген rpgl3-1	Z98849 U00798	0 0	СЦ [21]
L3B ÷	388 388		rpl3-2	II ÷	c25D11 Ген rpgl3-2	CЦ** X57734	0 0	СЦ [21]
L4A	357	Sc; Rn; Hs; XI; Dm	rpl4-1	?	Ген rpl2	X73146	0	[22]
L4B	364		rpl4-2	II	p8B7 (.03c)	AL032684	0	СЦ
L5A ÷	294 294	Sc; Rn; Hs; Nc; XI; Os	rpl5-1 ÷	I I	- c3H5 (.12c)	U48270 Z99206	0 0	[23] СЦ
L5B ÷	294 >248		rpl5-2	II ÷	c11C11 (.09c) кДНК*	AL031528 AB016045	0 -	СЦ БД
L6 ÷	195 >194	Sc; Rn; Hs	rpl6	III	c622 (.18)	AL033127 AB001833	0 -	СЦ БД
L7A ÷	250 250	Sc; Rn; Hs; Mm	rpl7-1 ÷	I I	- c3H5 (.07)	X54983 Z99206	1 1	[24] СЦ
L7B	251		rpl7-2	II	c18H10 (.12c)	AL022304	1	СЦ
L8 ÷	259 259	Sc; Rn; Hs; Ag; Os	rpl8	II ÷	c29A3 (.04) Ген rpl7A	AL02299 AJ001133	1 1	СЦ [25]
÷	>257		÷	-	кДНК*	AB005750	-	БД
L9A	190	Sc; Rn; Hs; Dm; At; Os	rpl9-1	I	c4G9 (.16c)	Z69727	0	СЦ
L9B	189		rpl9-2	III	c613 (.06)	AL031644	0	СЦ
L10 ÷	221 221	Sc; Rn; Hs; Dm; Os; Zm	rpl10	II ÷	c18E5 (.04) кДНК spqM	AL035077 U33214	0 -	СЦ [26]
L11A	174	Sc; Rn; Hs; Dm; At; Os	rpl11-1	I	c26A3 (.07c)	Z69240	0	СЦ
L11B ÷	174		rpl11-2	II?	[c17G9] кДНК	CЦ** AB016005	0 -	СЦ БД
L12A	165	Sc; Rn; Hs; At; Dm	rpl12-1	III	c16C4 (.13c)	AL031535	0	СЦ
L12B	161		rpl12-2	III	c31H12 (.04c)	AL031824	1	СЦ
L13	208	Sc; Rn; Hs; Cal; At; Dm	rpl13	?	кДНК	AB016216	-	БД
L14 ÷	134 134	Sc; Rn; Hs; Dm; Lr; Ps	rpl14	?	pRPL14 кДНК	AF055375 AJ002732	- -	[&] БД
L15	201	Sc; Rn; Hs; Dm; At; An	rpl15	III	c576 (.11)	AL031798	0	СЦ
L16A ÷	198 >193	Sc; Rn; Hs; Ce; Ll; At	rpl16-1	II ÷	c24E9 (.13c) кДНК*	AL021816 AB016008	1 -	СЦ БД
L16B	198		rpl16-2	I	c23A1 (.11)	AL021813	1	СЦ
L16C	197		rpl16-3	II	c2G2 (.05)	AL022103	1	СЦ
L17A	187	Sc; Rn; Hs; Hv; Zm; At	rpl17-1	II	c2F12 (.04)	Z97211	0	СЦ
L17B	187		rpl17-2	III	c364 (.03)	AL022243	0	СЦ
L18	187	Sc; Rn; Hs; XI; At	rpl18	II	c11C11 (.07)	AL031528	1	СЦ

Таблица. (Продолжение)

Белок	Длина белка, а. о.	Гомологи	Ген	Хромосома	Клон (позиция гена)	Номер депонирования	Инtron	Ссылка
L19A	193	Sc; Rn; Hs; Dm	<i>rpl19-1</i>	II	c56F2 (.02)	AL023288	0	СЦ
÷	193		÷	—	кДНК	AB015169	—	БД
L19B	193		<i>rpl19-2</i>	III	c1682 (.14)	AL031525	0	СЦ
÷	>186		÷	—	кДНК*	AB010048	—	БД
L20A	176	Sc; Rn; Hs; Dm; Ss; Os	<i>rpl20-1</i>	I	c26A3 (.04)	Z69240	0	СЦ
÷	176		÷	—	рYUK811 (кДНК)	AF127913	—	[&]
÷	>166		÷	—	кДНК*	AB009012	—	БД
L20B	176		<i>rpl20-2</i>	I	c3A12 (.10)	Z95395	0	СЦ
L21	>158	Sc; Rr; Hs; Mm	<i>rpl21</i>	?	кДНК*	AB010901	—	БД
L22	115	Sc; Rn; Hs; Xl	<i>rpl22</i>	I	c11E3 (.15)	Z98595	2	СЦ
÷	>113		—	—	кДНК*	D86349	—	БД
L23A	139	Sc; Rn; Hs; At; Os; Dm	<i>rpl23-1</i>	I	c3G9 (.03)	AL021046	1	СЦ
L23B	139		<i>rpl23-2</i>	III	c1322 (.11)	AL035259	1	СЦ
L24A	149	Sc; Rn; Hs; Car; Kl	<i>rpl24-1</i>	I	c6G9 (.09c)	Z81317	0	СЦ
L24B	149		<i>rpl24-2</i>	III	c330 (.14c)	AL031603	0	СЦ
L25A	141	Sc; Rr; Hs; At; Zm; Dm	<i>rpl25-1</i>	I	c19G10 (.12c)	Z69909	1	СЦ
L25B	141		<i>rpl25-2</i>	II	c4F6 (.04)	AL031534	1	СЦ
L26	126	Sc; Rn; Hs; Os; Xl; Br	<i>rpl26</i>	II	c1228	D83993**	0	БД
L27A	136	Sc; Rn; Hs; Ps; Cs; Ce	<i>rpl27-1</i>	II	c685 (.07c)	AL049474	1	СЦ
÷	>133		÷	—	кДНК	AB015354	—	БД
L27B	136		<i>rpl27-2</i>	III	c74 (.05)	AL031543	1	СЦ
L28A	148	Sc; Rn; Hs; At; Xl; Dm	<i>rpl28-1</i>	II	c776 (.11)	AL035263	0	СЦ
÷	148		÷	II	Ген <i>rpl29</i>	Z37501	0	[27]
L28B	148		<i>rpl28-2</i>	III	c5E4 (.07)	AL033406	0	СЦ
÷	148		÷	III	Ген <i>rpgL29</i>	X57207	0	[27]
L29	61	Sc; Rn; Hs; Dm	<i>rpl29</i>	II	c776 (.01)	AL035263	1	СЦ
÷	>58		÷	—	кДНК*	D87869	—	БД
L30	109	Sc; Rn; Hs; Zm; Ll	<i>rpl30</i>	I	c9G1 (.03c)	Z98763	1	СЦ
÷	109		÷	÷	Ген <i>rpl32-1</i>	U52080	1	[28]
L31	—	Sc; Rr; Hs	Нет	—	—	—	—	—
L32A	127	Sc; Rn; Hs; Dm	<i>rpl32-1</i>	II	c16C6 (.11)	AL021767	0	СЦ
L32B	127		<i>rpl32-2</i>	I	c3H5 (.10)	Z99206	0	СЦ
÷	>124		÷	—	кДНК*	AB000914	—	БД
L33	>107	Sc; Rn; Hs; Xl	<i>rpl33</i>	?	кДНК*	AB017603	—	БД
L34A	112	Sc; Rr; Hs; Ps; Nt	<i>rpl34-1</i>	I	c23A1 (.08c)	AL021813	0	СЦ
L34B	111		<i>rpl34-2</i>	III	c1322 (.15)	AL035259	0	СЦ
L35	122	Sc; Rn; Hs; Bb; Os	<i>rpl35</i>	III	c613 (.05c)	AL031644	1	СЦ
L36	99	Sc; Rn; Hs; Dm; Ca	<i>rpl36</i>	III	c970 (.05)	AL031530	1	СЦ
÷	>93		÷	III	кДНК*	D88771	—	БД
L37A	89	Sc; Rn; Hs; Li	<i>rpl37-1</i>	?	кДНК	AB009637	1	БД
L37B	91		<i>rpl37-2</i>	III	c1223 (.05c)	AL031579	—	СЦ
L38A	>65	Sc; Rn; Hs; Os	<i>rpl38-1</i>	?	кДНК*	AB006199	—	БД
L38B	74		<i>rpl38-2</i>	I	c30D11 (.12)	Z67961	2	СЦ
L39	51	Sc; Rn; Hs; Dm; Zm; At	<i>rpl39</i>	III	c663 (.04)	AL031307	0	СЦ
L40	128	Sc; Rn; Hs; Dm	<i>rpl40</i>	I	c11G7 (.04)	Z99161	0	СЦ
L41	—	Sc; Hs	Нет	—	—	—	—	—
L42	103	Sc; Rn; Hs; Os; At	<i>rpl42</i>	I?	[c15E1]	CII**	1	СЦ
L43A	93	Sc; Rr; Hs; Br	<i>rpl43-1</i>	II	c800**	U41410	1	БД
L43B	94		<i>rpl43-2</i>	II	c83 (.02c)	AL035536	1	СЦ
÷	>85		÷	—	кДНК*	AB005904	—	БД
L44	134	Rn; Hs; Mm; Ce; Tc	<i>rpl44</i>	I	c1687 (.06c)	AL035064	0	СЦ
÷	>123		÷	—	кДНК*	AB016007	—	БД

Таблица. (Окончание)

Белок	Длина белка, а. о.	Гомологи	Ген	Хромосома	Клон (позиция гена)	Номер депонирования	Интрон	Ссылка
P0	312	Sc; Rn; Hs; Dm; Os; Ll	<i>rpp0</i>	III	c18 (.14c)	AL031907	1	СЦ
P1A	109	Sc; Rn; Hs	<i>rpp1-1</i>	?	Ген <i>gral</i>	M33137	1	[29]
P1B	110		<i>rpp1-2</i>	II	c3B9 (.13c)	AL022070	2	СЦ
÷	110		÷	÷	Ген <i>gral3</i>	M33139	÷	[29]
P1C	110		<i>rpp1-3</i>	—	кДНК <i>gral5</i>	AJ002733	—	[30]
P2A	110	Sc; Rn; Hs	<i>rpp2-1</i>	II	p8B7 (.06)	AL032684	1	СЦ
÷	110		÷	÷	Ген <i>gral2</i>	M33138	÷	[29]
P2B	110		<i>rpp2-2</i>	II	c23G7 (.15c)	AL035065	1	СЦ
÷	110		÷	÷	Ген <i>gral4</i>	M33142	÷	[29]
P2C	110		<i>rpp2-3</i>	—	кДНК <i>gral6</i>	AJ002734	—	[30]

Примечания:

БД – Неопубликованные последовательности, доступные в базах данных GenBank/EMBL.

СЦ – Данные Сэнгеровского Центра.

[&] – Данные настоящей работы.

* – Неполная кДНК.

** – Плазмида неаннотирована; координаты генов найдены с помощью программы BLAST Сэнгеровского Центра (Великобритания; www.sanger.ac.uk).

В таблице использованы следующие сокращения названий организмов: Ag – *Anopheles gambiae*; An – *Aspergillus niger*; At – *Arabidopsis thaliana*; Bb – *Babesia bovis*; Bm – *Brugia malayi*; Br – *Brassica rapa*; Bt – *Bos taurus*; Cál – *Candida albicans*; Car – *Cicer arietinum*; Ce – *Caenorhabditis elegans*; Cs – *Chlamydotobritis (Pyrobotritis) stellata*; Dm – *Drosophila melanogaster*; Fa – *Fritillaria agrestis*; Hs – *Homo sapiens*; Hv – *Hordeum vulgare*; K1 – *Kluuyveromyces lactis*; Le – *Lycopersicon esculentum*; Li – *Leishmania infantum*; Ll – *Lupinus luteus*; Lr – *Lumbircus rubellus*; Lp – *Lupinus polyphyllus*; Mm – *Mus musculus*; Mr – *Mucor racemosus*; Nc – *Neurospora crassa*; Nt – *Nicotiana tabacum*; Os – *Oryza sativa*; Ps – *Pisum sativum*; Rn – *Rattus norvegicus*; Rr – *Rattus rattus*; Sa – *Suffolobus acidocaldarius*; Sc – *Saccharomyces cerevisiae*; Ss – *Salmo salar*; Tc – *Trypanosoma cruzi*; Xl – *Xenopus laevis*; Zm – *Zea mays*.

половины рибосомных белков *Sz. pombe* найдено по два гена-паралога, а для белков L2, L16, P1 и P2 – даже по три (см. также [20]). Возможно, в некоторых из этих случаев один из трех генов кодирует соответствующий рибосомный белок митохондрий. Поскольку все три гена-паралога в этих случаях кодируют практически идентичные белки, отнести найденные изоформы к цитоплазматическим или митохондриальным белкам без дополнительных экспериментальных данных не представляется возможным. Интересный случай представляет белок L10, кодируемый в *S. cerevisiae* геном *GRC5*, который вовлечен во многие клеточные процессы [31]. Идентифицированный гомолог этого гена из *Sz. pombe* (*spqM*) также отнесен к *QM*-семейству генов, кодирующих факторы транскрипции [26]. Продукты этих генов локализованы в цитоплазме и высоко гомологичны рибосомному белку L10 крысы, что позволяет признать *GRC5* *S. cerevisiae* и *SpqM* *Sz. pombe* рибосомными белками L10 (см. [6]).

Необходимо отметить, что в геноме *Sz. pombe*, в отличие от генома *S. cerevisiae*, обнаружен ген, кодирующий гомолог рибосомного белка L28 крысы (L44 в нашей таблице). Первоначально он был обнаружен в составе космиды c2E11 (EMBL/GenBank Z98850). Мы показали, что эта космиды имеет химерное происхождение [17], в связи с чем ее последовательность была разбита на два локуса: SPUNK4 и SPUNK5, последний из которых содержит ген *rpl44*. В настоящее время этот ген локализован Сэнгеровским Центром в составе космиды c1687 (EMBL/GenBank AL022070;

локус SPAC1687.06c). Недавно обнаружена неполная кДНК этого гена (DDBJ/GenBank AB016007, см. таблицу), что свидетельствует о его экспрессии в клетках *Sz. pombe*.

Мы рассчитываем, что составленный нами список рибосомных белков *Sz. pombe* и кодирующих их генетических детерминант будет способствовать быстрому распространению новой обобщающей номенклатуры белков эукариотических рибосом, предложенной Р. Планта и В. Магером [5, 6]. Есть также надежда, что некоторая незавершенность предложенного нами реестра привлечет новых исследователей к анализу аппарата трансляции делящихся дрожжей *Sz. pombe* и будет хорошим стимулом для завершения этой работы.

ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНАЯ ЧАСТЬ

Клонотеки делящихся дрожжей *Sz. pombe* и рекомбинантные плазмиды. Использованные в работе кДНК- и геномная клонотеки дикого штамма дрожжей *Sz. pombe* 972 h⁺ описаны в работах [12, 32]. Плазмида pYUK71 (из первичного разведения A16 геномной клонотеки) с генами *rpb7⁺* и *eft2a* содержит вставку ДНК *Sz. pombe* длиной 9.6 т.п.о. *Bam*HI/*Hind*III-фрагмент (~900 п.о.) этой плазмида, содержащий дистальный участок и 3'-некодирующую область гена *eft2a*, субклонирован в векторе pUC19 с образованием плазмида pBS3Δ*Hind*III. Геномный клон pYUL23 описан в работе [15].

ПЦР с вырожденными праймерами проводили как описано ранее [13].

Супрессорный анализ термоочувствительного штамма *S. cerevisiae* WY-9 [33] проводили путем трансформации этого мутантного штамма образцами суммарной ДНК плазмид кДНК-клонотеки *Sz. pombe* с последующим отбором быстро растущих колоний строго при 37°C. Перенос плазмиды из дрожжевой клетки в бактериальную осуществляли по методу [34].

Секвенирование двухцепочечной ДНК проводили после щелочного лизиса методом дидезоксиинуклеотидных терминаторов с использованием наборов для секвенирования с модифицированной ДНК-полимеразой фага T7, "Sequenase 2.0" (USB, США) и *Taq*-полимеразой (набор dsDNA Cycle Sequencing System; GibcoBRL, США) согласно инструкциям фирм-производителей. Для секвенирования клонов, выделенных из кДНК-клонотеки, использовали праймеры oGVS156 и oGVS157 [13]; для секвенирования генов *eft2a* (в составе плазмиды pYUK71 и ее субклонов на основе вектора pUC19) и *rps1-1* (в составе pYUL23) использовали универсальные праймеры #1224 и #1233 (New England Biolabs, США).

Сравнение нуклеотидных и аминокислотных последовательностей и поиск ортологов рибосомных белков проводили с использованием пакета программ BLAST серверов <http://www.ncbi.nlm.nih.gov> и <http://www.sanger.ac.uk> [35]. Последовательности как аннотированных, так и еще неаннотированных космид, секвенированных в Сэнгеровском Центре (см. таблицу), получены нами в директории PomBase (<http://www.sanger.ac.uk>). Основой для поиска ортологов рибосомных белков служили соответствующие последовательности *S. cerevisiae* из списка, составленного Планта и Магером [5, 6].

Картирование генов на хромосомах *Sz. pombe* проводили с помощью гибридизации на космидных фильтрах с высокой плотностью колоний, содержащих набор клонов, полностью перекрывающий весь геном *Sz. pombe* (предоставлены нам Сэнгеровским Центром в рамках совместной работы по прояснению "неясного" места на хромосоме I *Sz. pombe* в районе гена *swi4⁺*). В качестве зонда при картировании *eft2a* использовали содержащий 3'-концевую часть этого гена *Bam*H/*Hind*III-фрагмент длиной ~900 п.о. из субклина pBS3Δ*Hind*III [17], меченный фрагментом Кленова ДНК-полимеразы I и [α -³²P]dATP. Процедуры гибридизации осуществляли по стандартной методике [36].

Установленные в настоящей работе последовательности депонированы в GenBank/EMBL под номерами AF045155 (*rps27*), AF055375 (*rpl14*), AF127913 (*rpl20-1*), AF127914 (*rps1-2*).

Авторы благодарят А. Эдвардса за штамм WY-9, А. Вула и Н. Кёфера за предоставление нам неопубликованных данных.

Проект секвенирования генома *Sz. pombe* был начат в Сэнгеровском Центре и первоначально финансировался фондом Wellcome Trust. В настоящее время этот проект осуществляется Европейским консорциумом, включающим Сэнгеровский Центр и 12 других европейских секвенирующих лабораторий, и финансируется Европейской комиссией.

Настоящая работа частично поддержана грантом Государственной научно-технической программы России "Новейшие направления биоинженерии".

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. Ramakrishnan V., White S.W. // Trends in Biochem. Sci. 1998. V. 23. P. 208–212.
2. Kruiswijk T., Planta R.J. // Mol. Biol. Rep. 1974. V. 1. P. 409–415.
3. Goffeau A., Barrell B.G., Bussey H., Davis R.W., Dujon B., Feldmann H., Galibert F., Hoheisel J.D., Jacq C., Johnston M. et al. // Science. 1996. V. 274. P. 546–567.
4. Goffeau A., Aert R., Agostini-Carbone M.L. et al. // Nature. 1997. V. 387. Suppl. to issue 6632.
5. Mager W.H., Planta R.J., Ballesta J.-P.G., Lee J.C., Mizuta K., Suzuki K., Warner J.R., Woolford J. // Nucl. Acids Res. 1997. V. 25. P. 4872–4875.
6. Planta R.J., Mager W.H. // Yeast. 1998. V. 14. P. 471–477.
7. Verschoor A., Warner J. R., Srivastava S., Grassucci R.A., Frank J. // Nucl. Acids Res. 1998. V. 26. P. 655–661.
8. Wool I.G., Chan Y.-L., Glück A. // Biochem. Cell Biol. 1995. V. 73. P. 933–947.
9. Sipiczki M. // Molecular Biology of the Fission Yeast / Eds A. Nasim, P. Young, B.F. Johnson. San Diego; London; Sydney; Tokyo: Acad. Press, 1989. P. 431–452.
10. Nishida H., Sugiyama J. // Mycoscience. 1994. V. 35. P. 361–366.
11. Mita K., Morimyo M., Ito K., Sigaya K., Ebihara K., Hongo E., Higashi T., Hirayama Y., Nakamura Y. // Gene. 1997. V. 187. P. 259–266.
12. Becker D.M., Fikes J.D., Guarente L. // Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 1991. V. 88. P. 1968–1972.
13. Шпаковский Г.В., Прошкин С.А., Каюшин А.Л., Коростелева М.Д., Лебеденко Е.Н. // Биоорганическая химия. 1997. Т. 24. С. 119–125.
14. Шпаковский Г.В., Лебеденко Е.Н. // Биоорганическая химия. 1997. Т. 23. С. 988–991.
15. Шпаковский Г.В., Шематорова Е.К. // Биоорганическая химия. 1998. Т. 24. С. 933–937.
16. Hoheisel J.D., Maier E., Mott R., McCarthy L., Grigoriev A.V., Schalkwyk L.C., Nizetic D., Francis F., Lehrach H. // Cell. 1993. V. 73. P. 109–120.
17. Баранова Г.М., Лебеденко Е.Н., Шпаковский Г.В. // Материалы международной конференции "Проблемы микробиологии и биотехнологий", Минск, 1998. С. 11–12.
18. Gross T., Nischt R., Gatermann K., Swida U., Käufer N.F. // Curr. Genet. 1988. V. 13. P. 57–63.
19. Marks J., Simanis V. // Nucl. Acids Res. 1992. V. 20. P. 4094.

20. Gatermann K.B., Teletski C., Gross T., Käufer N.F. // Curr. Genet. 1989. V. 16. P. 361–367.
21. Liebich I., Kohler G., Witt I., Gross T., Käufer N.F. // Gene. 1994. V. 142. P. 119–122.
22. Presutti C., Villa T., Bozzoni I. // Nucl. Acids Res. 1993. V. 21. P. 3900.
23. Michael W.M., Dreyfuss G. // J. Biol. Chem. 1996. V. 271. P. 11571–11574.
24. Damagnez V., de Recondo A.M., Baldacci G. // Nucl. Acids Res. 1991. V. 19. P. 1099–1104.
25. Marchfelder A., Clayton D.A., Brennicke A. // Biochim. Biophys. Acta. 1998. V. 1397. P. 146–150.
26. Masson J.Y., Vadnais J., Ramotar D. // Gene. 1996. V. 170. P. 153–154.
27. Witt I., Kwart M., Gross T., Käufer N.F. // Nucl. Acids Res. 1995. V. 23. P. 4296–4302.
28. Witt I., Straub N., Käufer N.F., Gross T. // EMBO J. 1993. V. 12. P. 1201–1208.
29. Beltrame M., Bianchi M.E. // Mol. Cell. Biol. 1990. V. 10. P. 2341–2348.
30. Gross T., Käufer N.F. // Nucl. Acids Res. 1998. V. 26. P. 3319–3322.
31. Koller H.T., Klade T., Ellinger A., Breitenbach M. // Yeast. 1996. V. 12. P. 53–65.
32. Weaver D.C., Shpakovski G.V., Caputo E., Levin H.L., Boeke J.D. // Gene. 1993. V. 131. P. 135–139.
33. Woychik N.A., Lane W.S., Young R.A. // J. Biol. Chem. 1991. V. 266. P. 19053–19055.
34. Hoffman C., Winston F. // Gene. 1987. V. 57. P. 267–272.
35. Altschul S.F., Madden T.L., Schaffer A.A., Zhang J., Zhang Z., Miller W., Lipman D. // Nucl. Acids Res. 1997. V. 25. P. 3389–3402.
36. Маниатис Т., Фрич Э., Сэмбрук Дж. Молекулярное клонирование: Пер. с англ. М.: Мир, 1984. С. 303–306.

Molecular Cloning of Some Components of the Translation Apparatus of Fission Yeast *Schizosaccharomyces pombe* and a Unified List of Its Cytoplasmic Ribosomal Proteins

G .V. Shpakovskii*, G. M. Baranova*, V. Wood, R. G. Gwilliam**, E. K. Shematorova*, O. L. Korol'chuk*, and E. N. Lebedenko**#**

*Shemyakin-Ovchinnikov Institute of Bioorganic Chemistry, Russian Academy of Sciences,
ul. Miklukho-Maklaya 16/10, GSP-7 Moscow, 117871 Russia

**The Sanger Centre, Hinxton Hall, Hinxton, Cambridge CB10 1SA, United Kingdom

Full-length cDNAs of four new genes encoding cytoplasmic ribosomal proteins L14 and L20 (large ribosomal subunit) and S1 and S27 (small ribosomal subunit) were isolated and sequenced during the analysis of the fission yeast *Schizosaccharomyces pombe* genome. One of the *Sz. pombe* genes encoding translation elongation factor EF-2 was also cloned and its precise position on chromosome I established. A unified nomenclature was proposed, and the list of all known genetic determinants encoding cytoplasmic ribosomal proteins of *Sz. pombe* was compiled. By now, 76 genes/cDNAs encoding different ribosomal proteins have been identified in the fission yeast genome. Among them, 35 genes are duplicated and three homologous genes are identified for each of the ribosomal proteins L2, L16, P1, and P2.

Key words: yeast *Schizosaccharomyces pombe*, genome analysis, cytoplasmic ribosomal proteins list and unified nomenclature; cDNAs and genes for proteins L14 (*rpl14*), L20 (*rpl20*), S1 (*rps1*), and S27 (*rps27*); translation elongation factor EF-2 (*eft2a* gene); hybridization on high density cosmid filters

To whom correspondence should be addressed; phone: +7 (095) 330-6583; fax: +7 (095) 335-7103;
e-mail: el@ibch.siobc.ras.ru.