

ГЕНОМИКА.
ТРАНСКРИПТОМИКА

УДК 577.218:578.842.1

ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ АНАЛИЗ ГЕНА
ПРЕДПОЛАГАЕМОГО МИРИСТОИЛИРОВАННОГО
МЕМБРАННОГО БЕЛКА (ORF458R) ВИРУСА
РАДУЖНОЙ ОКРАСКИ БЕСПОЗВОНОЧНЫХ 6 (IIV6)¹

© 2023 г. С. А. Kuz^a, Е. Ozsahin^a, R. Nalcacioglu^a, Z. Demirbag^a, *

^aDepartment of Biology, Faculty of Science, Karadeniz Technical University, Trabzon, 61080 Turkey

*e-mail: zjhni@ktu.edu.tr

Поступила в редакцию 06.07.2022 г.

После доработки 06.07.2022 г.

Принята к публикации 04.09.2022 г.

Вирус радужной окраски беспозвоночных 6 (IIV6) относится к роду *Iridovirus* в семействе Iridoviridae. Полностью секвенированный двухцепочечный ДНК-геном, состоящий из 212482 п.н., кодирует 215 потенциальных открытых рамок считывания (ORF). Предполагают, что ORF 458R кодирует миристоилированный мембранный белок. Анализ экспрессии *ORF458R* в присутствии ингибиторов репликации ДНК и синтеза белка показал, что транскрипция этого гена начинается на поздней фазе вирусного инфекционного цикла. По результатам временного анализа транскрипция гена *ORF458R* инициируется в интервале 12–24 ч после инфекции и затем ее интенсивность начинает снижаться. Транскрипция *ORF458R* инициируется на 53 нуклеотида выше сайта начала трансляции и заканчивается через 40 нуклеотидов после стоп-кодона. По результатам двойного люциферазного теста сделан вывод, что последовательность между –61 и +18 нуклеотидами необходима для активности промотора. Интересно заметное снижение активности промотора в присутствии последовательности, находящейся между –299 и –143 нуклеотидами, из чего можно предположить наличие репрессорной активности в этой области. Нами показано, что *ORF458R* – транскрипционно активная и отдельно расположенная последовательность, в восходящей области которой локализованы регуляторные участки: промоторный и репрессорный. Надеемся, что полученная нами информация по структурной организации *ORF458R* позволит лучше понять молекулярные механизмы репликации IIV6.

Ключевые слова: вирус радужной окраски беспозвоночных 6, *ORF458R*, транскрипционный анализ, вирусы насекомых

DOI: 10.31857/S0026898423030059, EDN: CHGANM

Transcriptional Analysis of the Gene Encoding the Putative Myristoylated Membrane Protein (ORF458R) of Invertebrate Iridescent Virus 6 (IIV6)

C. A. Kuz¹, E. Ozsahin¹, R. Nalcacioglu¹, and Z. Demirbag¹, *

¹Department of Biology, Faculty of Science, Karadeniz Technical University, Trabzon, 61080 Turkey

*e-mail: zjhni@ktu.edu.tr

Invertebrate iridescent virus 6 (IIV6) is a member of the genus *Iridovirus* and belongs to the Iridoviridae family. The entirely sequenced dsDNA genome, composed of 212482 bp, encodes 215 putative open reading frames (ORFs). *ORF458R* encodes a putative myristoylated membrane protein. RT-PCR analysis of *ORF458R* expression in the presence of DNA replication and protein synthesis inhibitors showed that this

¹ Статья представлена авторами на английском языке.

gene is transcribed in the late phase of the virus infection. Time course analysis showed that transcription of *ORF458R* initiates between 12 and 24 h p.i. and starts to decrease after this point. Transcription of *ORF458R* initiated 53 nucleotides upstream of the translation start site and ended 40 nucleotides after the stop codon. Dual luciferase reporter gene assay showed that sequences between -61^{st} and $+18^{\text{th}}$ nucleotides are essential for promoter activity. Interestingly, a remarkable decrease in promoter activity, in the presence of sequences between -299^{th} and -143^{rd} nucleotides, suggested a repressor activity between these regions. Our results showed that *ORF458R* is transcriptionally active, and separately located sequences at its upstream region with promoter and repressor activities regulating its expression. This information on the transcriptional analysis of *ORF458R* will contribute to our understanding of the molecular mechanisms of IIV6 replication.

Keywords: invertebrate iridescent virus 6, *ORF458R*, transcriptional analysis, insect virus