

АНАЛИЗ БИОЛОГИЧЕСКИХ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТЕЙ

УДК 577.112; 595.773.4

©Коллектив авторов

КОМПЬЮТЕРНЫЙ ПОИСК И АНАЛИЗ БЕЛКОВ СИНАПТОНЕМНОГО КОМПЛЕКСА У НЕМАТОДЫ *CAENORHABDITIS ELEGANS*

Т.М. Гришаева, С.Я. Дадашев, Ю.Ф. Богданов

Институт общей генетики им.Н.И.Вавилова РАН
119991, Москва, ГСП-1, ул.Губкина, д.3; тел.: 135-5361; факс: 132-8962,
эл.почта: grishaeva@vigg.ru

С помощью оригинальной стратегии компьютерного поиска структурных белков синаптонемного комплекса (СК) у эволюционно далеких организмов проанализирован протеом нематоды *Caenorhabditis elegans*. Аналоги известных у других организмов белков СК - SCP1 и Zip1 - были использованы в качестве моделей. Сравнение этих белков *in silico* с белками СК, либо экспериментально установленными у *C.elegans*, либо предсказанными, аннотированными в базах данных, позволяет выбрать наиболее вероятных кандидатов на роль белков, формирующих поперечные филаменты СК у этой нематоды. Учитывая особенности ультраструктуры СК у *C.elegans*, мы можем утверждать, что молекулы предсказанного белка Q11102 могут формировать непрерывные поперечные филаменты, проходящие от одного латерального элемента СК до другого.

Ключевые слова: анализ *in silico*, белки синаптонемного комплекса, *C.elegans*

ВВЕДЕНИЕ. Полная расшифровка геномов ряда эукариотических организмов и предсказание генных продуктов позволили оценить количественные и качественные различия белковых наборов, отвечающих за ту или иную функцию в организме. За последние годы выявлено множество ортологов - гомологичных белков, выполняющих у разных организмов одинаковую функцию [1]. Однако существуют белки с одинаковой функцией, не имеющие гомологии, но сходные по вторичной и третичной структуре. К таким белкам относятся белки, формирующие поперечные филаменты синаптонемного комплекса.

Синаптонемный комплекс (СК) - это белковая структура, формирующаяся в профазе I мейоза между синаптирующими гомологичными хромосомами [2]. СК найден почти у всех изученных в этом отношении видов, являющихся представителями всех основных таксонов эукариот [3]. Хроматин гомологичных хромосом связан с латеральными элементами СК, а между ними находится центральное пространство с центральным элементом посередине, который у разных организмов выражен в разной степени (рис.2). Центральное пространство заполнено поперечными филаментами (ПФ), соединяющими латеральные элементы СК с центральным элементом. Белки ПФ СК хорошо изучены лишь у четырех видов млекопитающих (SCP1) и у дрожжей (Zip1). SCP1 и Zip1 не имеют гомологии первичной структуры, но имеют сходный план строения и сходные физико-химические свойства [4-8] (табл.). Молекулы этих белков, содержащие от 870 до 990 аминокислотных остатков, имеют центральный домен, способный формировать альфа-спираль. *In vitro* эти белки образуют димеры из молекул, уложенных параллельно, причем суперспирализация центральных доменов придает им жесткость. Палочковидные поперечные филаменты СК образованы такими димерами как SCP1 или Zip1. С-концевые домены этих белков являются основными, что необходимо для взаимодействия с ДНК, входящей в состав латеральных элементов СК [5, 7].

С помощью разработанного нами оригинального метода компьютерного (*in silico*) анализа таких белков мы обнаружили в протеоме *Drosophila melanogaster* белок CG17604, сходный по ряду параметров с SCP1 и Zip1 [9]. Мы предположили, что это продукт известного гена *c(3)G*, мутация которого приводит к полному отсутствию СК и мейотической рекомбинации у дрозофилы [10]. Одновременно с нами группа С.Хаули из Калифорнийского университета экспериментально установила, что белок *C(3)G* входит в состав ПФ СК, а ген *c(3)G* - это предсказанный *in silico* ген CG17604 [11]. Так у дрозофилы был найден аналог белков SCP1 и Zip1. Нам также удалось выявить *in silico* в протеоме *Arabidopsis thaliana* подобный белок - AAD10695 [12]. Таким образом, в геномах млекопитающих, дрожжей, дрозофилы и арабидопсиса было обнаружено лишь по одному белку, способному формировать ПФ СК.

Мы применили разработанную нами стратегию для анализа протеома нематоды *C.elegans*. Основным этапам и результатам этого поиска посвящена данная статья.

МЕТОДИКА. Мы разработали метод выявления и сравнения компьютерными средствами (*in silico*) белков, являющихся функциональными аналогами, то есть выполняющих сходные функции, но не имеющих гомологии первичной структуры, в данном случае белков поперечных филаментов СК. Подробно этот метод изложен ранее [9, 12, 13]. Результаты компьютерного исследования дополнялись морфологическими и генетическими данными. Для поиска белков-кандидатов на роль белков ПФ СК использованы базы данных NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>), WormBase (<http://www.wormbase.org/>) и Proteome, Inc (<http://www.proteome.com/index.html>).

Разработанный нами метод идентификации белков ПФ СК состоит из ряда этапов. Если у интересующего нас объекта известны мутации, приводящие к отсутствию СК, на первом этапе необходимо анализировать структуру всех предсказанных белков с экспериментально не установленной функцией из района локализации этих мутаций. Такой подход был применен нами для поиска белка ПФ СК у дрозофилы. Мы выявили 78 гипотетических генов в секциях 88F-89B на третьем плече X-хромосомы, где ранее была локализована мейотическая мутация *c(3)G* (*crossover suppressor on 3 of Gowan*), и проанализировали предсказанные белковые продукты этих генов. Если мутации, нарушающие формирование СК, неизвестны, то в целом протеоме должен быть предварительно проведен поиск белков, сходных по доменной организации с белками SCP1 и Zip1, с помощью программы CDART (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/lexington/lexington.cgi?cmd=rps>). Эта программа выявила у известных белков СК наличие ряда консервативных доменов (АТФ-аза или GTP-аза, а также топоизомеразы) и подобрала в протеоме *C.elegans* белки, несущие хотя бы один из этих доменов. Далее отобранные белки с неустановленной функцией сравнивали по ряду параметров с SCP1 и Zip1. В число этих параметров входили размеры белка, наличие центрального домена, способного формировать альфа-спираль определенной длины, и основного С-концевого домена. Оценку вторичной структуры белка осуществляли с помощью программы ISREC (<http://dot.imgen.bcm.tmc.edu:9331/seq-search/struc-predict.html>), а определение изоэлектрической точки (pI) целых молекул и отдельных доменов - с помощью программы Protparam (<http://www.expasy.ch/tools/protparam.html>). По графику, построенному программой ISREC, определяли, какие участки белка с большой вероятностью формируют альфа-спираль, и вычисляли размеры этих участков, а также размеры N- и С-концевых доменов (см. таблицу). Затем программа Protparam оценивала pI отобранных нами белков, имеющих центральный альфа-спиральный домен. Необходимым этапом анализа была оценка соответствия найденных белков выполняемой ими функции. Для этого использовали выявленную нами корреляцию ширины центрального пространства СК и размеров белка (или альфа-спирального домена) [9, 12]. Учитывали также ультраструктурную организацию СК, в частности, структуру центрального элемента (по опубликованным электронным фотографиям ультратонких срезов половых клеток). Для отбора интересующего нас белка нематоды из нескольких белков-кандидатов был введен дополнительный этап исследования *in silico*: оценка распределения электростатического заряда вдоль молекул найденных белков, сравнение этого распределения с таковым для известных белков ПФ СК и оценка комплементарности зарядов, то есть пространственного соответствия положительных и отрицательных пиков заряда у двух молекул, направленных навстречу друг другу, как ПФ в центральном пространстве СК. Графики распределения зарядов были получены нами с помощью программы CHARGE из пакета Protein Sequence Analysis, l'Institut Pasteur (<http://bioweb.pasteur.fr/seqanal/interfaces/charge.html>). Сравнение графиков и моделирование электростатического

взаимодействия проведено нами "вручную" с использованием графического редактора Paint (Windows 98).

РЕЗУЛЬТАТЫ И ОБСУЖДЕНИЕ. Приступая к работе над протеомом нематоды *C. elegans*, мы обнаружили, что сведения о размерах СК в литературе немногочисленны и противоречивы [14, 15]. Поэтому мы были вынуждены провести собственные расчеты ширины ЦП СК по фотографиям ультратонких срезов СК нематоды, приведенным в ряде работ [14, 16-18]. Полученные нами параметры ЦП (в среднем 70-85 нм) меньше размеров, чаще всего встречающихся у других организмов (90-120 нм), но близки к размерам СК у других видов нематод (от 30 до 70 нм) [19-21]. Эти данные мы использовали для оценки допустимого размера альфа-спирального домена белка ПФ СК по графику корреляции (рис.1). Если ПФ СК у нематоды организован по варианту 1 (рис.2), то соответствующий белок должен содержать от 400 до 750 аминокислотных остатков (а.о.), а центральный домен - от 100 до 450 а.о.

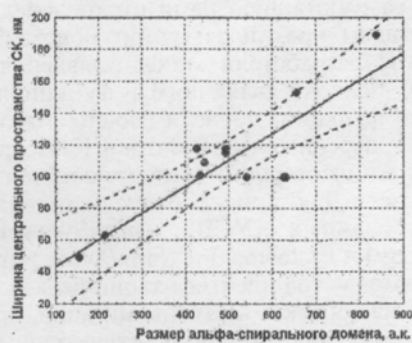


Рисунок 1.

Зависимость ширины центрального пространства СК от размеров альфа-спирального домена белков, формирующих ПФ (SCP1 человека, крысы, мыши и Zip1 дрожжей с внутренними дупликациями и делециями). Наклонная прямая - линия регрессии для указанных признаков. Пунктиром показана доверительная зона регрессии при 95%-ном доверительном интервале.

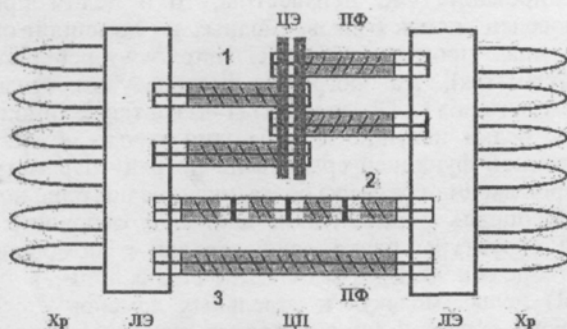


Рисунок 2.

Схема организации центрального пространства СК. 1-3 - разные варианты формирования поперечных фибрилл СК. Хр - петли хроматина, ЛЭ - латеральные элементы СК, ЦП - центральное пространство СК, ЦЭ - центральный элемент СК, ПФ - поперечные филаменты СК.

С помощью программы CDART мы выявили в протеоме *C.elegans* три белка-кандидата, сходных с SCP1 по доменной организации и способных формировать альфа-спираль необходимого размера. Это белки T26844, T27907 и Q11102. Первые два кандидата были нами отвергнуты из-за кислотного характера их С-концевых доменов (табл.), т.е. невозможности взаимодействовать с ДНК. Третий белок - Q11102 - по своим параметрам (табл.) не соответствовал предложенной Хейтинг модели строения ПФ СК [22]. Согласно этой модели, центральный элемент формируется перекрывающимися N-концевыми доменами димеров SCP1/Zip1. Однако при тщательном анализе электронных микрофотографий ультратонких срезов СК *C.elegans*, опубликованных в работах Голдштейна и других [14-18], мы обнаружили, что большинство ПФ проходит непрерывно от одного

Таблица. Характеристика молекул экспериментально исследованных и предсказанных белков, формирующих поперечные филаменты (ПФ) СК ЦП - центральное пространство СК; pI - изоэлектрическая точка белка (домена). * - параметры, не удовлетворяющие требованиям к белкам ПФ СК.

Биологические виды и соответствующие белки СК	Размеры белковых молекул и их доменов, а.к.		Ширина ЦП СК, нм	pI белков и их доменов			
	Общая длина молекулы	Длина альфа-спирального участка		N-концевой домен	Центральный домен	C-концевой домен	Целая молекула
<i>M.musculus</i> SCP1	993	713	100	5,9	5,3	9,7	5,8
<i>H.sapiens</i> SCP1	973	677	100	5,0	5,4	9,7	5,7
<i>R.norvegicus</i> SCP1	946	717	100	4,2	5,3	9,8	5,6
<i>S.cerevisiae</i> Zip1	875	632	115	4,8	6,1	10,1	6,4
<i>D.melanogaster</i> CG17604	744	495	109	10,0	4,9	9,7	5,9
<i>C.elegans</i> CE17456	213 *	69 *	70-85	10,0	9,0	5,0	9,0
<i>C.elegans</i> CE16890	135 *		70-85				
<i>C.elegans</i> CE09930	201 *		70-85				
<i>C.elegans</i> Z81586	484	460	70-85	4,9	9,5	10,0	9,4
<i>C.elegans</i> SYP-1	489	355	70-85	3,7	8,1	10,0	6,1
<i>C.elegans</i> Q11102	1132	938	70-85	11,9	5,1	11,0	5,5
<i>C.elegans</i> T26844	1083	536	70-85	8,1	6,9	5,3 *	6,6
<i>C.elegans</i> T27907	772	460	70-85	5,2	5,9	5,7 *	5,1

латерального элемента до другого (рис.2 вариант 3), а центральный элемент не выражен. В этом случае и размер альфа-спирали Q11102, и основной pI N- конца (для взаимодействия с ДНК) вполне объяснимы. О возможности таких непрерывных ПФ писали Шмекель и Данехолт [23], анализируя препараты СК жука *Blaps cribrosa*, крысы и дрозофилы. У других нематод исследователи также отмечали необычный вид СК и отсутствие центрального элемента [19, 20]. Таким образом, белок Q11102 является одним из хороших кандидатов на роль белка ПФ СК у *C.elegans*.

К началу нашей работы в 2001 г. в нескольких базах данных содержались сведения о белках, являющихся либо гомологами SCP1 или Zip1, либо предполагаемыми компонентами СК. Например, в базе данных Worm Base указано, что ген *sur-2(+)* (соответствующий белок - CE17456) может кодировать компонент центрального пространства СК. Однако белок CE17456 имеет недостаточный размер для формирования ПФ по схеме Хейтинг (табл.), а кислотный характер C-концевого домена (pI5) может препятствовать взаимодействию этого белка с ДНК [5, 7]. Таким образом, либо CE17456 не является основным структурным компонентом ПФ СК, либо последний состоит из нескольких (не меньше четырех) tandemно расположенных молекул белка (рис.2 вариант 2), что до сих пор не встречалось ни у одного из объектов с изученными белками СК. Еще два белка, по данным Proteome Inc., имеют, частичную гомологию по первичной структуре с Zip1 (CE16890) и с SCP1 (CE09930). Их длина также очень мала, чтобы сформировать ПФ (135 и 201 а.о. соответственно). Кроме того, у первого белка вторичная структура C-конца нетипична для белков ПФ. Поэтому мы вынуждены были исключить эти белки из числа претендентов на роль функциональных аналогов белков ПФ СК.

Согласно Proteome, Inc., белок Z81586 (предсказанный продукт гена *T05F1.7*) может формировать альфа-спираль и имеет сходство с белком Zip1. По нашим оценкам, длина альфа-спирали достаточна для формирования ПФ СК согласно модели Хейтинг [22] (рис.2 вариант 1), хотя изоэлектрическая точка альфа-спирального домена и всей молекулы отличается от таковой для известных белков ПФ СК (табл.). Таким образом, Z81586 является вторым кандидатом на роль белка ПФ СК у нематоды.

Наконец, третьим возможным кандидатом на роль белка ПФ СК у нематоды является белок SYP-1, сведения о котором появились в конце 2002 г. Мак-Куин с соавторами [24] экспериментально показала, что этот белок в профазе I мейоза локализуется между синаптирующими гомологами (правда, это было показано с помощью световой микроскопии, а не электронной, как в случае SCP1) Этот белок имеет

подходящие размеры, а центральный домен может формировать альфа-спираль. Мы выяснили также, что С-концевой домен имеет основной характер.

Если принять, что у нематоды *C.elegans* существует два типа поперечных филаментов (рис.2, варианты 1 и 3), то по размерам и физико-химическим параметрам первой модели соответствуют белки SYP-1 и Z81586, а второй - Q11102. Чтобы выбрать одного кандидата, как это было у всех изученных до этого объектов, мы проанализировали возможность взаимодействия белков SYP-1 и Z81586 в центральном пространстве. Мы сравнили распределение зарядов вдоль полипептидной цепи известных белков СК (SCP1, Zip1, C(3)G) и трех возможных белков СК нематоды (рис.3, 4). У известных белков ПФ СК распределение зарядов имеет ряд общих черт (рис.3). Во-первых, при доминировании отрицательных зарядов N-концевом домене (кроме C(3)G дрозофилы) самые первые аминокислотные остатки у всех этих белков заряжены положительно. Во-вторых, на положительном в целом С-конце имеется фрагмент, заряженный отрицательно ("шпора"). В-третьих, чередование заряда вдоль молекулы происходит с высокой частотой. У гипотетических белков СК нематоды (рис.4) заряд распределен несколько иначе. У белка Z81586 имеются характерные особенности, но не ярко выраженные. У белка SYP-1 нет характерных пиков на N- и С-концах, а чередование заряда более плавное, чем на рис.3. Распределение заряда вдоль молекулы Q11102 более типично, а оба конца несут положительный заряд, что может обеспечить взаимодействие с ДНК обоих латеральных элементов СК. Таким образом, белок Q11102 может по всем параметрам формировать непрерывные поперечные филаменты СК согласно модели Шмекель и Данехолт [23] (рис.2.вар.3). Если у *C.elegans* наряду с непрерывными ПФ имеются и типичные поперечные филаменты, прерывающиеся в центральном элементе, как у других объектов, то необходимо выяснить, какой из двух белков - Z81586 или SYP-1 - мог бы их формировать.

Мы смоделировали взаимодействие двух направленных навстречу друг другу молекул всех белков, которые формируют или могут формировать ПФ СК. На рис.5 приведена соответствующая картина для C(3)G. Комплементарность пиков положительных и отрицательных зарядов обеспечивает прочность связи. Изучив таким образом белки SCP1, Zip1, C(3)G и AAD10695 (арабидопсис), мы обнаружили закономерность, которую можно выявить при внимательном изучении данных Тунга и Редер [7] о делеционных мутантах *zip1* дрожжей. У последних СК не образуется, если делеция затрагивает значительную часть N-концевого домена или прилежащий к нему участок альфа-спирали. Наше моделирование также выявило возможность участия альфа-спирали в формировании центрального элемента при перекрывании двух димеров белка.

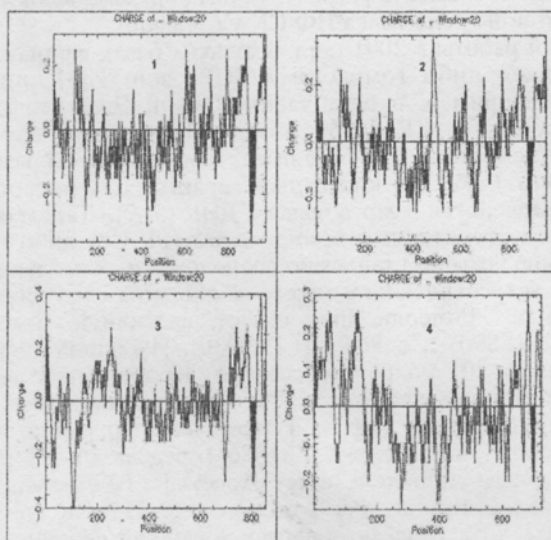


Рисунок3.

Распределение электростатического заряда вдоль молекул белков SCP1 мыши и человека (1, 2), Zip1 дрожжей (3) и C(3)G дрозофилы (4), формирующих поперечные филаменты СК. По оси абсцисс - размер молекулы белка (а.к.), по оси ординат - величина положительного и отрицательного зарядов.

Вариантов комплементарного взаимодействия может быть несколько, как правило, два. Например, для белка C(3)G возможно комплементарное взаимодействие пиков 1-2 одной молекулы с пиками 2-1 противоположно направленной молекулы, или пиков 1-4 с пиками 4-1 (рис.5). Мы рассчитали корреляцию ширины центрального пространства СК и длины двух молекул белка с учетом двух возможных вариантов перекрытия (для всех известных и предполагаемых белков СК). Для меньшего перекрытия коэффициент корреляции составил 0,80 ($p \leq 0,001$), для большего - 0,83 ($p \leq 0,001$). Последнее число совпадает с коэффициентом корреляции, рассчитанным для одиночных молекул всех известных и гипотетических белков СК. Таким образом, моделирование электростатического взаимодействия *in silico*, возможно, отражает реальное взаимодействие белков *in situ*.

Моделирование структуры ПФ из предсказанных белков *C.elegans* показало, что в случае участия белка Z81586 возможно взаимодействие молекул лишь N-концевыми доменами без участия альфа-спирали, а в случае SYP-1 N-концевые домены могут

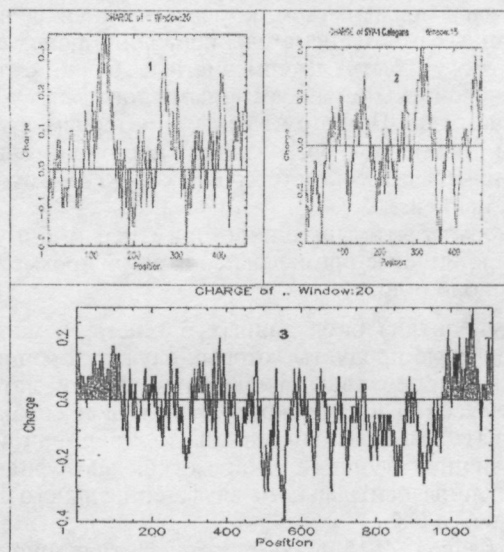


Рисунок 4.

Распределение электростатических зарядов вдоль молекул белков *C.elegans* (1 - Z81586, 2 - SYP-1, 3 - Q11102), которые, возможно, формируют поперечные филаменты СК. Обозначения те же, что на рис.2.

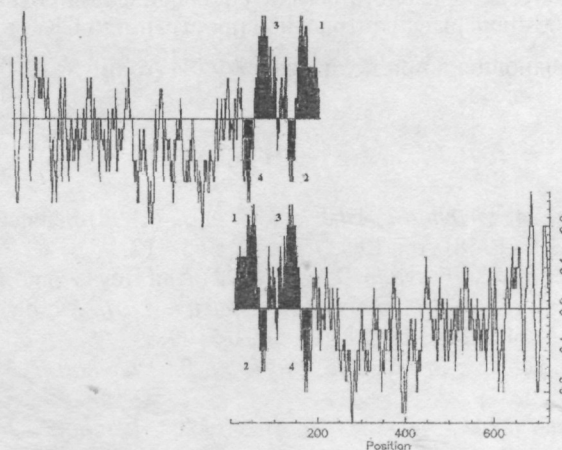


Рисунок 5.

Моделирование электростатического взаимодействия двух молекул белка поперечных филаментов СК на примере C(3)G дрозофилы. 1 и 3 - пики положительного заряда, 2 и 4 - отрицательного.

взаимодействовать с альфа-спиралью. С учетом данных о распределении заряда вдоль молекулы можно допустить, что оба белка могли бы формировать типичные ПФ СК у нематоды, но с участием дополнительных белков. Мы не можем сделать выбор между этими возможностями без экспериментов *in situ*. Необходимы экспериментальные иммуоцитохимические исследования.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ. Сравнение некоторых структурных белков у эволюционно далеких организмов показало, что одинаковую функцию при формировании клеточных органелл могут выполнять белки, не имеющие гомологии первичной структуры, но сходные по третичной структуре, объему, электростатическим свойствам и другим параметрам. К этой категории относятся, в частности, структурные белки синаптомембранных комплексов -- специфических субхромосомных структур, играющих вспомогательную роль в синапсисе и кроссинговере хромосом в ходе мейоза.

Мы предложили метод компьютерной идентификации возможных функциональных аналогов таких белков у тех организмов, у которых они еще не выявлены биохимическими методами, и в тех случаях, когда аналогичную клеточную ультраструктуру формируют белки, не имеющие гомологии первичной структуры.

В частном случае, примененном к белкам синаптомембранного комплекса, мы в компьютерной базе данных генома нематоды проводили поиск генов, экспрессируемых продуктами которых могут быть интермедиатные белки с третичной структурой и электростатическими свойствами, аналогичными таковым у белков синаптомембранного комплекса других организмов. При этом важным критерием служили размеры белковой молекулы и данные о трехмерной организации клеточной органеллы. Искомый белок должен был по всем признакам соответствовать структурному белку этой органеллы, и такой белок был нами найден.

Такой подход может быть в принципе применен к виртуальному поиску белков, формирующих другие клеточные органеллы со строгой трехмерной организацией, такие как кинетохоры, центриоли и др.

1. Компьютерный анализ базы данных о геноме нематоды *C.elegans* позволяет выделить два гена, белковые продукты которых служат хорошими кандидатами на роль белков, формирующих поперечные филаменты между латеральными элементами синаптомембранных комплексов (СК) в мейозе. Этот вывод справедлив, если в качестве критериев использовать модели доменной и трехмерной организации белков, выполняющих аналогичные функции у дрожжей, дрозофилы и млекопитающих, и принцип корреляции длины центрального альфа-спирального домена белка с шириной центрального пространства СК.

2. Один из этих белков, Z81586, соответствует традиционной модели организации центрального пространства СК, при которой поперечные филаменты прерываются в центральном элементе. Второй белок, Q11102, соответствует особенностям ультраструктуры центрального пространства СК у *C.elegans*, в котором под электронным микроскопом практически не видно центрального элемента, и белок Q11102 благодаря большой длине его центрального домена способен формировать поперечные филаменты, пересекающие без перерыва центральное пространство СК.

Работа выполнена при поддержке РФФИ (грант № 02-04-48761).

ЛИТЕРАТУРА

1. Chervitz S.A., Aravind L., Sherlock G. et al. (1998) Science, **282**, 2022 - 2028.
2. Moses M.J. (1968) Ann.Rev.Genet., **2**, 363-412.
3. Westergaard M., Wettstein D. von (1972) Ann.Rev.Genet., **6**, 71-110.
4. Meuwissen R.L.J., Offenbergh H.H., Dietrich A.J.J., Riesewijk A., van Iersel M., Heyting C. (1992) EMBO J., **11**, 5091-5100.
5. Liu J.G., Yuan L., Brundell E., Bjorkroth B., Daneshmandi B., Hoog C. (1996) Exp.Cell Res., **226**, 11-19.
6. Meuwissen R.L.J., Meerts I., Hoovers J.M.N., Leschot J., Heyting C. (1997). Genomics, **39**, 377-384.
7. Tung K.S., Roeder G.S. (1998) Genetics, **149**, 817-832.
8. Dong H., Roeder G.S. (2000) J.Cell Biol., **148**, 417-426.

9. Богданов Ю.Ф., Гришаева Т.М., Дадасhev С.Я. (2002) Генетика, **38**, 108-112.
10. Smith P.A., King R.C. (1968) Genetics, **60**, 335-351.
11. Page S.L., Hawley R.S. (2001) Genes Dev., **15**, 3130-3143.
12. Богданов Ю.Ф., Дадасhev С.Я., Гришаева Т.М. (2002) Генетика, **38**, 1078-1089.
13. Богданов Ю.Ф., Дадасhev С.Я., Гришаева Т.М. (2002) в кн.: Информационно-вычислительные технологии в решении фундаментальных научных проблем и прикладных задач химии, биологии, фармацевтики, медицины. Научный и учебный методический центр, Москва, с.126-127.
14. Goldstein P., Slaton D.E. (1982) Chromosoma, **84**, 585-597.
15. Dernburg A.F., McDonald K., Moulder G., Barstead R., Dresser M., Villeneuve A.M. (1998) Cell, **94**, 387-398.
16. Goldstein P. (1986) Mut.Res., **174**, 99-107.
17. Goldstein P. (1984c) Mut.Res., **129**, 337-343.
18. Goldstein P. (1985) Chromosoma, **93**, 177-182.
19. Goldstein P., Triantaphyllou A.C. (1978b) Chromosoma, **70**, 131-139.
20. Abirached-Darmency M. (1982) Biol.Cell., **46**, 133-142.
21. Goldstein P., Moens P.B. (1976) Chromosoma, **58**, 101-111.
22. Heyting C. (1996) Curr.Opin.Cell Biol., **8**, 389-396.
23. Schmeke K. & Daneholt B. (1985) Trends Cell Biol., **5**, 239-242.
24. MacQueen A.J., Colaiacovo M.P., McDonald K., Villeneuve A.M. (2002) Genes & Dev., **16**, 2428-2442.

COMPUTER SEARCH AND ANALYSIS OF SYNAPTONEMAL COMPLEX PROTEINS IN NEMATODE CAENORHABDITIS ELEGANS

T.M. Grishaeva, S.Ya. Dadashev, Yu.F. Bogdanov

Vavilov Institute of General Genetics RAS
Gubkin st.3, Moscow, 119991 GSP-1, Russia
Tel. 135-5361, Fax 132-8962; e-mail: grishaeva@vigg.ru

Proteome of nematode *Caenorhabditis elegans* was analyzed by the use of original strategy of computer search for the structural proteins of synaptonemal complex (SC) in evolutionarily distant organisms. Analogs of the known SC proteins in other organisms - SCP1 and Zip1 - have been used as the models. In silico comparison of these proteins with the SC proteins experimentally recognized in *C.elegans* or putative candidates annotated in databases, permit us to choose the most probable candidates for the proteins of SC transverse filaments in this nematode.

Taking into account the peculiarities of SC ultrastructure in *C.elegans* we may state that molecules of the putative protein Q11102 can form uninterrupted transverse filaments passing from one SC lateral element to another.

Key words: *in silico* analysis, synaptonemal complex proteins, *C.elegans*