

ІДЕНТИФІКАЦІЯ ТА АНАЛІЗ *IN SILICO* ГЕНІВ СТРЕС-ІНДУКОВАНИХ ТРАНСКРИПЦІЙНИХ ФАКТОРІВ DREB2 У *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* DESV.

Негативний вплив посух, засолення ґрунтів і екстремальних температур спричиняє значні втрати врожаїв сільськогосподарських культур. Вирішення цієї проблеми пов'язане із дослідженням механізмів формування стійкості рослин до абіотичних стресів. Наразі отримано інформацію про велике число генів, причетних до шляхів відповіді на стрес [1]. Опосередкована стресами експресія генів регулюється мережею транскрипційних факторів (ТФ), серед яких одну з ключових ролей відіграють білки підродино DREB (dehydration-responsive element-binding protein). У *Arabidopsis thaliana* експресія генів підгрупи *DREB1/CBF* індукується холодом, в той час як активація генів *DREB2* відбувається під впливом зневоднення, високої солоності і теплового стресу [1]. Деякі гени *DREB2* злаків індукуються аналогічно до *A. thaliana*, зокрема OsDREB2A [2]. Натомість для OsDREB2B і його ортологів [2–5] та деяких ортологів OsDREB2A [6, 7] також виявлено відповідь на холодострес. За даними [3, 4, 6–9], цей шлях індукції, на відміну від решти, є залежним від абсцизової кислоти. Така універсальність функціонування дії робить ТФ злаків з підгрупи DREB2 перспективними кандидатами для досліджень та подальшого використання у генній інженерії.

Унікальним об'єктом для вивчення пристосувань рослин до низьких температур та стресу зневоднення є рослина-екстремофіл *Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae), що зростає у Прибережній Антарктиці. Природне середовище цього виду оточене снігом і льодом, характеризується зниженими температурами та обмеженою кількістю доступної рідкої води, а сильний осушуючий вітер додатково зменшує можливість поглинання води з повітря або ґрунту [10, 11].

За останні роки розшифровано і викладено у загальний доступ послідовності геному *D. antarctica*, у тому числі хлоропластного, для

якого створено повну карту, а також варіанти транскриптому цього виду для контрольних умов [12], умов стресу холоду, посухи та засолення [13]. Крім того, проведено загальний аналіз послідовностей транскрипційних факторів виду, у тому числі регульованих абіотичним стресом та визначено ключові фактори різних стресових сигнальних шляхів [14], а також проаналізовано зміни експресії при відповіді на осмотичний стрес [15]. Ці дослідження створили підґрунтя для подальшої роботи з детальної характеристики окремих елементів шляху відповіді на стрес, для вивчення на цій зручній моделі питання адаптації рослин до екстремальних умов та глобальних кліматичних змін. Проте до сьогодні для *D. antarctica* охарактеризовано лише один транскрипційний фактор з групи DREB [16].

Метою роботи були ідентифікація *in silico* генів типу *DREB2* у *D. antarctica*, аналіз їхньої структури та виявлення особливостей, потенційно пов'язаних із адаптацією виду до екстремальних умов зростання.

Матеріали і методи

Пошук послідовностей генів *DREB2* *D. antarctica* проводили за допомогою програми BLAST [17] в архівах SRA (sequence read archive) із бази даних GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), що містять дані розшифрування геномної ДНК та мРНК (SRX465632, SRX465633) [12]. Як референсні послідовності застосовували гени-ортологи інших злаків, представлені у GenBank. Збирання послідовностей генів із фрагментів архіву SRA виконували за допомогою модуля ContigExpress програми VectorNTI (InforMax, USA). Вирівнювання послідовностей білків за методом ClustalW [18], та наступну кластеризацію послідовностей за методом Neighbour Joining [19] проводили у програмі MEGA5 [20]. Візуалізацію вирівнювання

здійснювали за допомогою програми GeneDoc Version 2.7 [21]. Молекулярну вагу Mw та теоретичну ізоелектричну точку pI розраховували за допомогою додатку Compute pI/Mw на сервері ExPASy [22]. Інtron-екзонну структуру генів аналізували за допомогою утиліти Splign [23].

Результати та обговорення

Ідентифіковано *in silico* два гени *D. antarctica*, гомологічні до генів транскрипційних факторів з групи DREB2 інших видів рослин. Послідовність транскрипту *DaDREB2A* мала довжину 1691 п.н. з відкритою рамкою читування 278 а.з., для *DaDREB2B* довжина склала 1310 п.н. та 335 а.з. Розрахункова молекулярна маса цих білків становила 30,6 та 37,0 кДа, відповідно, а теоретич-

на ізоелектрична точка – 5.76 і 4.82. Аналіз амінокислотної послідовності показав, що білки мають один консервативний ДНК-зв'язувальний AP2/ERF-домен довжиною 58 а.з. з послідовністю [A-Z]*WV[A-Z]E[A-Z]R[AZ]*WLG[A-Z]{7}A[A-Z]* та характерним для групи DREB2 мотивом VAEIRE, ключовим для специфічного зв'язування з ДНК-мішенню [24]. Виявлено сигнал ядерної локалізації, що передує AP2/ERF-домени, та за винятком останньої амінокислоти відповідає консервативній для групи DREB2 послідовності RKXPAKGSKKGCMXGKGGPENXXA. У середній частині послідовності білків розташована консервативна Ser/Thr-збагачена ділянка, що може піддаватися фосфорилуванню. У *DaDREB2A* був присутній консервативний для

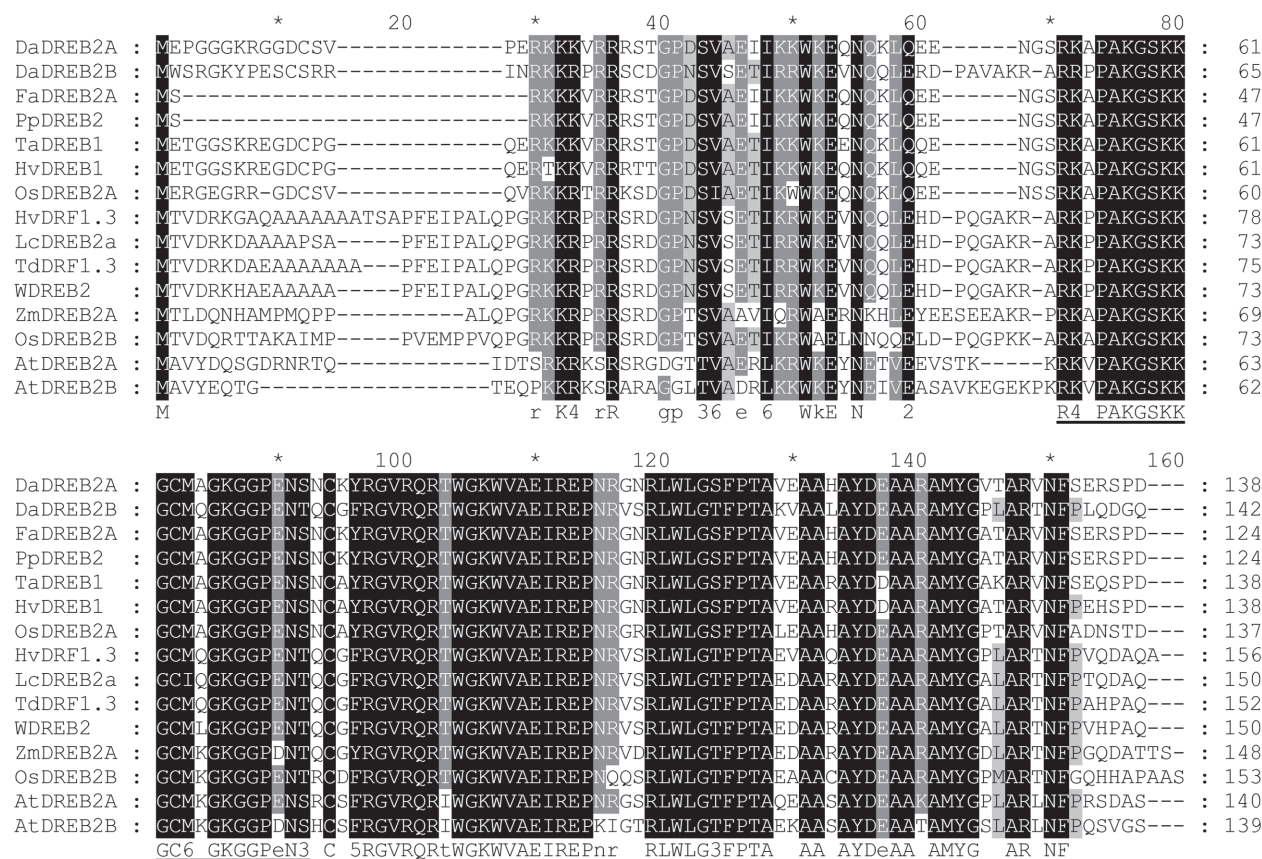


Рис. 1. Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків з родини DREB2 (представлено частину послідовності з найвищою гомологією). Сигнал ядерної локалізації підкреслений одинарною лінією, AP2/ERF-домен – подвійною. Консервативні амінокислотні залишки серед усіх або більшості послідовностей виділені відповідно чорним та сірим фоном. Використано послідовності таких білків (у дужках наведено ідентифікаційні номери GenBank): *Arabidopsis thaliana* – AtDREB2A (AAU93685); AtDREB2B (BAA36706.1); *Festuca arundinacea* – FaDREB2A (CAG30547.1); *Hordeum vulgare* – HvDREB1 (AAY25517.1); HvDRF1.3 (AAO27885.1); *Leymus chinensis* – LcDREB2a (AEC53579.1); *Oriza sativa* – OsDREB2A (AAN02487.2); OsDREB2B (Q5W6R4); *Poa pratensis* – PpDREB2 (AAS59530.1); *Triticum aestivum* – TaDREB1 (AAL01124.1); *Triticum turgidum* – TdDRF1.3 (DQ013205.2); *Triticum aestivum* – WDREB2 (BAD97369.1); *Zea mays* – ZmDREB2A (BAE96012.1)

групи DREB2 кінцевий мотив GDDGFSLFxY [25]. У DaDREB2B на С-кінці знаходилася послідовність FHDAELSEFFEGL, наявна також у HvDRF1, LcDREB2 і WDREB2, та ряду гомологічних білків інших злаків, представлених у GenBank (рис. 1).

Вирівнювання амінокислотних послідовностей білків DREB2 *D. antarctica* та інших видів рослин показало їх найвищу подібність за ділянками AP2/ERF-домену та сигналу ядерної локалізації (рис. 1).

Пошук гомології у базі GenBank виявив, що DaDREB2A найбільш подібний за амінокислотною послідовністю до FaDREB2A *Festuca arundinacea* (CAG30547.1) – 94 % подібності, 94 % покриття послідовності, та до PpDREB2 *Poa pratensis* (AAS59530.1) – 94 % подібності, 93 % покриття послідовності. DaDREB2B – до LcDREB2a *Leymus chinensis* (AEC53579.1) – 76 % подібності, 95 % покриття послідовності.

Філогенетичний аналіз DaDREB2A, DaDREB2B та білків з групи DREB2 інших видів рослин із бази GenBank підтвердив приналежність досліджуваних білків *D. antarctica* до цієї групи. Аналіз відніс до окремих кластерів білки однодольних (злаки) та дводольних (арабідопсис). У межах кластеру злаків сформувалися дві класи – ортологи OsDREB2A і ортологи

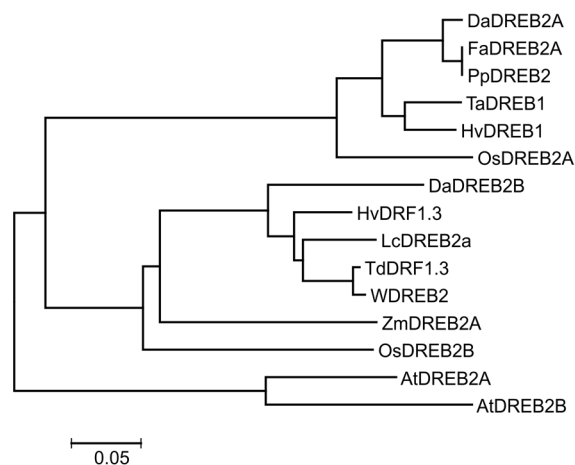


Рис. 2. Філогенетичний аналіз DaDREB2A, DaDREB2B та білків з групи DREB2 інших видів рослин. Походження та ідентифікаційні номери GenBank використаних білків наведено у підписі до рис. 1

ги OsDREB2B, до яких увійшли DaDREB2A, DaDREB2B відповідно (рис. 2).

Аналіз інтрон-екзонної структури генів провели шляхом порівняння зібраних послідовностей із архівів геномної ДНК і мРНК. Виявили, що *DaDREB2A* має один інтрон, *DaDREB2B* – два (рис. 3).

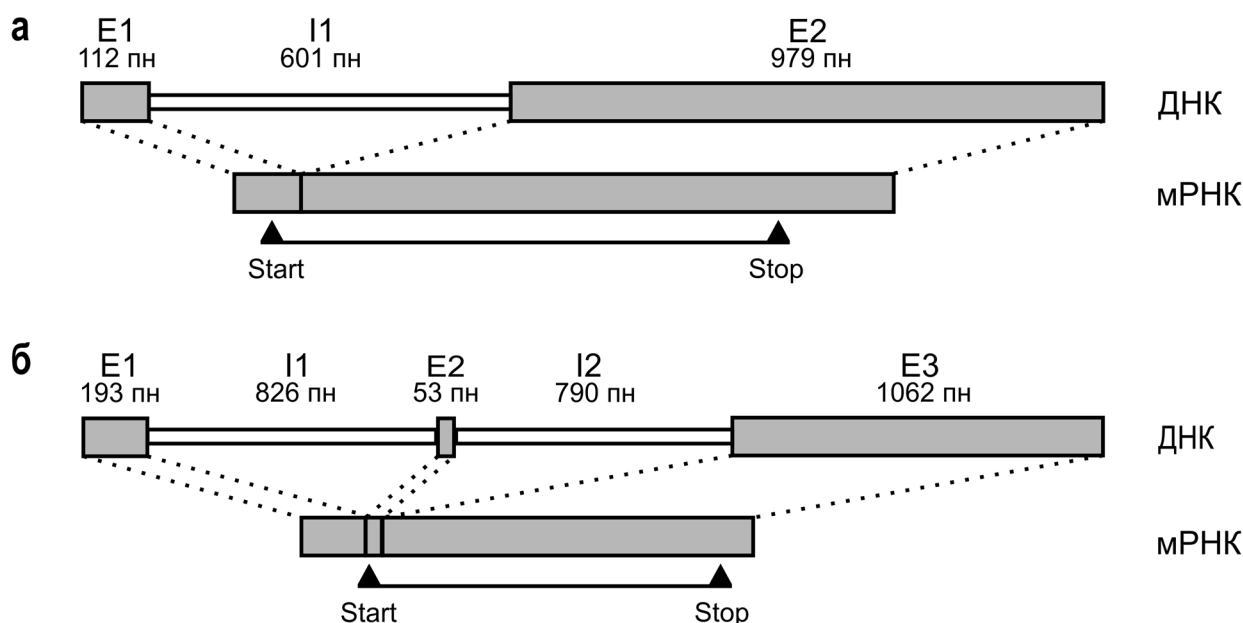


Рис. 3. Інтрон-екзонна структура генів *DaDREB2*: а – *DaDREB2A* містить два екзони (E1 та E2) та один інтрон (I1); б – *DaDREB2B* – три екзони (E1 – E3) та два інтрони (I1 та I2). Start та Stop позначають початок та кінець рамки читування

Вид	Aac	Tg	TGG	AGc	aGA	GGA	aAG	TaC	ccg	gag	tCa	TGt	Tct	CgT	C	a	AcC	aaT	AG
1. <i>Deschampsia antarctica</i> :	AAC	ATG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	C	a	ACC	aat	AG
2. <i>Hordeum vulgare</i>	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CGA	ACC	AAT	AG	
3. <i>Leymus chinensis</i>	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CGA	ACC	AAT	AG	
4. <i>Psathyrostachys juncea</i> :	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CGA	ACC	AAT	AG	
5. <i>Triticum aestivum</i>	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CAA	ACC	AAT	AG	
6. <i>Triticum turgidum</i>	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CAA	ACC	AAT	AG	
7. <i>Aegilops speltoides</i>	AAC	TTG	TGG	AGC	AGA	GGA	AAG	TAC	CCG	GAG	TCA	TGT	TCT	CGT	CAA	ACC	AAT	AG	
8. <i>Oryza sativa</i>	AAA	ATG	TGG	AGG	CGA	GGA	AAG	TAC	TGG	AAA	CCT	TGA	TTC	CGT	CCA	ACC	GAT	AG	
9. <i>Zea mays</i>	AGC	ATA	TGG	AGC	AGA	GGG	CAG	TGC	TGT	GGT	GCA	TGG	TTC	CAT	CAG	AAC	AGT	AG	

Рис. 4. Нуклеотидні послідовності ексона E2 генів *DREB2B* деяких злаків. Показано триплети рамки зчитування, що кодує амінокислотну послідовність ТФ. Нуклеотид, трансверсія якого привела у *D. antarctica* до утворення нового старт-кодону, виділено рамкою, ► – старт-кодони та ◀ – стоп-кодон в межах рамки зчитування. Використані фрагменти таких генів (у дужках наведено ідентифікаційні номери GenBank): 2 – HvDRF1.1 (AAO38209); 3 – LcDREB2b (JF754583); 4 – PjDREB2 (JF766085.1); 5 – TaDREB2 (HQ171443.1); 6 – TdDRF1.1 (DQ013204); 7 – AsDRF1.1 (FJ858187.1); 8 – OsDREB2B (JF915842.1); 9 – ZmDREB2 (JF915834.1)

Для генів з клади ортологів *OsDREB2B* було знайдено регуляцію шляхом альтернативного сплайсингу. *OsDREB2B* рису [2] і *ZmDREB2A* кукурудзи [5] мають два типи транскриптів: один має стоп-кодон перед ДНК-зв'язувальним доменом і кодує неактивний короткий поліпептид, а інший при трансляції утворює функціонально-активну форму – білок повної довжини. У першому випадку транскрипт містить інсерцію 53 п.н. (екзон E2), яка приводить до зсуву рамки зчитування і передчасної зупинки трансляції. Зазвичай, в нестресових умовах у результаті сплайсингу утворюються переважно транскрипти першого типу. У відповідь на стресові сигнали відбувається зростання кількості функціональних транскриптів, які кодують повний білок. На додачу до цих двох форм зрілої мРНК у відповідних генів-ортологів ячменю (HvDRF1) [7], пшениці м'якої (ідентичні гени TaDRF1 [7] та Wdreb2 [3]), пшениці твердої *Triticum turgidum* (TdDRF1) [26] і колосняка китайського *L. chinensis* (LcDREB2) [8] виявлено третю функціональну форму, яка утворюється шляхом включення до послідовності ще одного ексона E3 після ексона E2 і відновлення рамки зчитування.

За інтрон-екзонною структурою *DaDREB2B* з *D. antarctica* (рис. 3, б) подібний до генів, для яких показано альтернативний сплайсинг з двома формами транскриптів. За аналогією до цих генів, одна з форм мала б кодувати неактивний білок розміром 113 а.з., а інша, що не містить інсерції E2, – функціонально активний білок з 347 а.з. У архіві послідовностей транскриптому *D. antarctica* ми виявили лише першу форму, друга була відсутня. Це може бути пов'язано з тим,

що послідовності отримані для рослин, які зростають у сприятливих умовах [12], а за літературними даними остання форма накопичується у відповідь на дію стресу.

Виявлена у *D. antarctica* форма транскрипту має цікаву особливість, що відрізняє ген *DaDREB2B* від ортологів інших злаків. На рис. 4 представлені послідовності ДНК ексона E2 генів *DREB2* деяких злаків. У *D. antarctica* трансверсія четвертого нуклеотиду Т→А привела до утворення нового старт-кодону і відновлення відкритої рамки зчитування, що кодує амінокислотну послідовність ТФ. Таким чином конститутивна форма транскрипту ортологічних генів, яка у інших злаків кодує неактивний білок, перетворилася у *D. antarctica* на функціональну. Це може бути пов'язано з тим, що звичайні умови зростання, в яких експресується ця форма, є стресовими. Отже, виявлену мутацію можна вважати адаптивною, адже вона забезпечує постійну експресію захисних генів, що регулюються цим ТФ, і постійне перебування рослини у стані підвищеної опірності несприятливим чинникам. Це узгоджується з даними [27], які показали, що *D. antarctica* конститутивно експресує апопластичні антифризні білки.

Висновки

Вперше для рослини-екстремофіла *D. antarctica* ідентифіковані *in silico* два гени, що кодують стрес-індуковані транскрипційні фактори з групи DREB2, залучені до регуляції експресії генів відповіді на абіотичні стреси. Приналежність досліджених генів до цієї групи підтверджена наявністю ДНК-зв'язувального AP2/ERF-доме-

на, характерних консервативних мотивів та гомологією до генів-ортологів інших видів рослин. Обидва ідентифіковані гени містять інтрони. У нуклеотидній послідовності *DaDREB2B* виявлено відмінності, які передбачають можливість виключення консервативного для багатьох генів-ортологів інших злаків механізму регулювання експресії шляхом альтернативного сплайсингу. Нефункціональна в інших злаків конститутивна форма транскрипта цього гена у *D. antarctica*

перетворилася на функціональну внаслідок одонуклеотидної заміни, що привела до утворення нового старт-кодону. Виявлена мутація потенційно забезпечує конститутивну експресію захисних генів регулону *DaDREB2B* та може бути одним з проявів адаптації виду до екстремальних умов довкілля. Ідентифіковані гени *DREB2* є перспективними кандидатами для подальшого дослідження їхньої участі у шляхах відповіді на абіотичні стреси у *D. antarctica*.

ЛІТЕРАТУРА

1. Nakashima K., Ito Y., Yamaguchi-Shinozaki K. Transcriptional regulatory networks in response to abiotic stresses in Arabidopsis and grasses // *Plant Physiol.* – 2009. – 149. – P. 88–95.
2. Matsukura S., Mizoi J., Yoshida T., Todaka D., Ito Y., Maruyama K., Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K. Comprehensive analysis of rice DREB2-type genes that encode transcription factors involved in the expression of abiotic stress-responsive genes // *Mol. Genet. Genomics.* – 2010. – 283. – P. 185–196.
3. Egawa C., Kobayashi F., Ishibashi M., Nakamura T., Nakamura C., Takumi S. Differential regulation of transcript accumulation and alternative splicing of a DREB2 homolog under abiotic stress conditions in common wheat // *Genes Genet. Syst.* – 2006. – 81. – P. 77–91.
4. Xianjun P., Xingyong M., Weihong F., Man S., Liqin Ch., Alam I., Lee B.-H., Dongmei Q., Shihua Sh., Gongshe L. Improved drought and salt tolerance of *Arabidopsis thaliana* by transgenic expression of a novel DREB gene from *Leymus chinensis* // *Plant Cell Rep.* – 2011. – 30. – P. 1493–1502.
5. Qin F., Kakimoto M., Sakuma Y., Maruyama K., Osakabe Y., Tran L.S., Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K. Regulation and functional analysis of ZmDREB2A in response to drought and heat stresses in *Zea mays* L. // *Plant J.* – 2007. – 50. – P. 54–69.
6. Shen Y.G., Zhang W.K., He S.J., Zhang J.S., Liu Q., Chen S.Y. An EREBP/AP2-type protein in *Triticum aestivum* was a DRE-binding transcription factor induced by cold, dehydration and ABA stress // *Theor. Appl. Genet.* – 2003. – 106. – P. 923–930.
7. Xue G.P., Loveridge C.W. HvDRF1 is involved in abscisic acid-mediated gene regulation in barley and produces two forms of AP2 transcriptional activators, interacting preferably with a CT-rich element // *Plant J.* – 2004. – 37. – P. 326–339.
8. Peng X., Zhang L., Zhang L., Liu Zh., Cheng L., Yang Y., Shen Sh., Chen Sh., Liu G. The transcriptional factor LcDREB2 cooperates with LcSAMDC2 to contribute to salt tolerance in *Leymus chinensis* // *Plant Cell Tiss. Organ Cult.* – 2013. – 113. – P. 245–256.
9. Xu Z.S., Ni Z.Y., Li Z.Y., Li L.C., Chen M., Gao D.Y., Yu X.D., Liu P., Ma Y.Z. Isolation and functional characterization of HvDREB1-a gene encoding a dehydration-responsive element binding protein in *Hordeum vulgare* // *J. Plant Res.* – 2009. – 122, № 1. – P. 121–130.
10. Parnikoza I., Kozeretska I., Kunakh V. Vascular plants of the Maritime Antarctic: origin and adaptation // *Am. J. Plant Sci.* – 2011. – № 2. – P. 381–395.
11. Ozheredova I.P., Parnikoza I.Yu., Poronnik O.O., Kozeretska I.A., Demidov S.V., Kunakh V.A. Mechanisms of Antarctic vascular plant adaptation to abiotic environmental factors // *Cytol. Genet.* – 2015. – 49, № 2. – P. 139–145.
12. Lee J., Kang Y., Shin S.C., Park H., Lee H. Combined analysis of the chloroplast genome and transcriptome of the Antarctic vascular plant *Deschampsia antarctica* Desv // *PLOS ONE.* – 2014. – 9, Iss. 3 – e92501.
13. Lee J., Noh E.K., Choi H.-S., Shin S.Ch., Park H., Lee H. Transcriptome sequencing of the Antarctic vascular plant *Deschampsia antarctica* Desv. under abiotic stress // *Planta.* – 2012. – 237, Iss. 3. – P. 823–836.
14. Lee J., Noh E.K., Park H., Lee H. Transcription factor profile analysis of the Antarctic vascular plant *Deschampsia antarctica* Desv. (Poaceae) // *Genes Genom.* – 2013. – 35, Iss. 5. – P. 575–586.
15. Lee J., Lee H., Noh E.K., Park M., Park H., Kim J.H., Kim I.-Ch., Yim J. H. Expression analysis of transcripts responsive to osmotic stress in *Deschampsia antarctica* Desv. // *Genes Genom.* – 2014. – 36, Iss. 3. – P. 283–291.
16. Byun M.Y., Lee J., Cui L.H., Kang Y., Oh T.K., Park H., Lee H., Kim W.T. Constitutive expression of DaCBF7, an Antarctic vascular plant *Deschampsia antarctica* CBF homolog, resulted in improved cold tolerance in transgenic rice plants // *Plant Sci.* – 2015. – 236. – P. 61–74.
17. Camacho C., Coulouris G., Avagyan V., Ma N., Papadopoulos J., Bealer K., & Madden T.L. BLAST+: architecture and applications // *BMC Bioinformatics.* – 2009. – 10. – P. 421.
18. Thompson J.D., Higgins D.G., Gibson T.J. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice // *Nucleic Acids Res.* – 1994. – 22. – P. 4673–4680.
19. Saitou N., Nei M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees // *Mol. Biol. Evol.* – 1987. – 4, Iss. 4. – P. 406–425.
20. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., Kumar S. MEGA5: Molecular evolutionary genetic analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods // *Molecular Biology and Evolution.* – 2011. – 28. – P. 2731–2739.

21. Nicholas K.B., Nicholas H.B.J., Deerfield D.W. GeneDoc: analysis and visualization of genetic variation // EMBNEW News. – 1997. – 4. – P. 14.
22. Gasteiger E., Hoogland C., Gattiker A., Duvaud S., Wilkins M.R., Appel R.D., Bairoch A. Protein identification and analysis tools on the ExPASy server / Ed. by Walker J.M. The proteomics protocols handbook. – Totowa, N.J.: Humana Press, 2005. – P. 571–607.
23. Kapustin Y., Souvorov A., Tatusova T., Lipman D. Salign: algorithms for computing spliced alignments with identification of paralogs // Biol. Direct. – 2008. – 3. – P. 20.
24. Sakuma Y., Liu Q., Dubouzet J.G., Abe H., Shinozaki K., Yamaguchi-Shinozaki K. DNA-binding specificity of the ERF/AP2 domain of Arabidopsis DREBs, transcription factors involved in dehydration- and cold-inducible gene expression // Biochem. Biophys. Res. Commun. – 2002. – 290, № 3. – P. 998–1009.
25. Zhou M.-L., Ma J.-T., Pang J.-F., Zhang Zh.-L., Tang Y.-X., Wu Y.-M. Regulation of plant stress response by dehydration responsive element binding (DREB) transcription factors // Afr. J. Biotechnol. – 2010. – 9, № 54. – P. 9255–9279.
26. Latini A., Rasi C., Sperandei M., Cantale C., Iannetta M., Dettori M., Ammar K., Galeffi P. Identification of a DREB-related gene in *Triticum durum* and its expression under water stress conditions // Ann. Appl. Biol. – 2007. – 150. – P. 187–195.
27. Bravo L.A., Griffith M. Characterization of antifreeze activity in Antarctic plants // Phyton. Int. J. Exp. Bot. – 2005. – 56. – P. 1189–1196.

BUBLYK O.M., ANDREEV I.O., KUNAKH V.A.

*Institute of Molecular Biology and Genetics of Natl. Acad. Sci. of Ukraine,
Ukraine, 03680, Kyiv, Akad. Zabolotnogo str., 150, e-mail: o.m.bublyk@imbg.org.ua*

**IN SILICO IDENTIFICATION AND ANALYSIS OF STRESS-INDUCIBLE DREB2
TRANSCRIPTION FACTORS GENES IN *DESCHAMPSIA ANTARCTICA* DESV.**

Aim. The study of molecular basis of stress resistance in *D. antarctica*, an extremophile plant inhabiting Maritime Antarctic, focused on transcription factors DREB2 genes involved in signaling pathways during abiotic stress response. **Methods.** Sequence assembly against the known *DREB2* genes based on the reads from SRA archives of *D. antarctica* genomic DNA and mRNA from NCBI database followed by their analysis *in silico*. **Results.** Analysis of assembled sequences of *DaDREB2A* and *DaDREB2B* genes shows that they have conservative motives specific to the group DREB2 and show homology with the genes of other cereals from this group. Both genes have introns. *DaDREB2B* structure was similar to the orthologs, which are shown to be regulated by alternative splicing, however it had a single nucleotide base change, which cause the formation of a new start codon and conversion of constitutive non-functional form of transcripts into the functional. **Conclusions.** For the first time, two genes of stress-induced DREB2 transcription factors were identified in *D. antarctica*, which are involved in the regulation of the expression of abiotic stress response genes. A comparative analysis of the structure of *DaDREB2B* and orthologous genes discovered a mutation that may affect the regulation of gene expression through alternative splicing and ensure its constitutive expression in the extreme environmental conditions.

Keywords: *Deschampsia antarctica*, DREB2 transcription factors, abiotic stress tolerance, alternative splicing, sequence assembly.