ОБОЗРЕНИЕ
ПРИКЛАДНОЙ И ПРОМЫШЛЕННОЙ
Том 22 МАТЕМАТИКИ Выпуск 1
2015

И. А. Ильичева, М. В. Ходыков, Д. Ю. Нечипоренко, Ю. Д. Нечипоренко, С. Л. Гроховский (Москва, ИМБ РАН, МГУ). **Особенности конформационной динамики ДНК в промоторах РНК-полимеразы II эукариот.**

Нуклеотидная последовательность ДНК кодирует передачу наследственной информации, используя сигналы нескольких типов. Один из них уже хорошо изучен — это одномерный буквенный код. Другой тип информации передается при помощи сигналов, имеющих физическую природу — за счет отличий пространственной структуры, особенностей ее динамики, а также термодинамических свойств разных участков нуклеотидной последовательности. В литературе этот род сигналов до настоящего момента рассматривали как неизменные во времени особенности структуры, не учитывая характер ее динамики (см., например, [1–2]).

В настоящей работе мы получили свидетельства существования информационных сигналов в геномах, связанных с интенсивностью локальной конформационной динамики сахарофосфатных цепей. Мы исследовали профили ультразвукового расщепления в промоторах РНК-полимеразы II из базы EPDNew (http://epd.vital-it.ch) [3]. База содержит последовательности длиной 60 нуклеотидных пар в окрестности от -50 до $+10$, выровненные по позиции экспериментально установленного старта транскрипции (TSS). В ней представлено 23360 промоторов человека (H. sapiens), 21239 промоторов мыши (M. musculus), 15073 промоторов D. melanogaster, 10728 промоторов zebrafish (D. rerio), 7120 промоторов червя (C. elegans) и 10229 промоторов A. thaliana. Оказалось, что на участках от -25 до -35, а также от 0 до $+5$ в промоторах всех исследованных организмов показатели ультразвукового расщепления заметно отклонены от среднего уровня, причем характер отклонений для каждой из позиций имеет свои особенности. Важно подчеркнуть, что конкретные последовательности в используемых выборках промоторов на участке от -25 до -35 (в районе TATA-бокса) существенно различаются, они не имеют общего консенсуса. Этот результат указывает на то, что эволюционный отбор использовал не текстовые, а физические свойства последовательностей ДНК в регуляторных участках, причем одним из них являлась интенсивность конформационной динамики и ее асимметрия в комплементарных цепях. Действительно, по нашим данным [4–5] относительные частоты ультразвукового расщепления двойной спирали ДНК зависят от нуклеотидной последовательности, причем их величина отражает интенсивность псевдовращения цикла дезоксирибозы в 5-концевом нуклеозиде расщепляемой межнуклеотидной связи. Важно подчеркнуть, что ультразвуковое расщепление ДНК, в отличие от большого числа других экспериментальных методов исследования ее структуры, позволяет выявить асимметрию конформационно-динамического поведения комплементарных цепей. В данной работе мы использовали базы ультразвукового расщепления ди- и тетрануклеотидов (http://groh.ru/imb).

© Редакция журнала «ОПиПМ», 2015 г.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

1. *Kanhere A.*, *Bansal M.* Structural properties of promoters: similarities and differences between prokaryotes and eukaryotes. — Nucleic Acids Res., 2005, v. 33, № 10, p. 3165-3175.
2. *Florquin K. Saeys Y.*, *Degroeve S.*, *Rouzé P.*, *Van de Peer Y.* Large-scale structural analysis of the core promoter in mammalian and plant genomes. — Nucleic Acids Res., 2005, v. 33, № 13, p. 4255-4264.
3. *Dreos R.*, *Ambrosini G.*, *Perier R. C.*, *Bucher Ph.* The Eukaryotic Promoter Database: expansion of EPDnew and new promoter analysis tools. — Nucleic Acids Res., 2015, v. 43, D92-D96.
4. *Grokhovsky S. L.*, *Il'icheva I. A.*, *Nechipurenko D. Yu.*, *Golovki M. V.*, *Panchenko L. A.*, *Polozov R. V.*, *Nechipurenko Y. D.* Sequence-Specific Ultrasonic Cleavage of DNA. — Biophysical J., 2011, v. 100, p. 117-125.
5. *Grokhovsky S. Il'icheva I. A.*, *Nechipurenko D. Yu.*, *et all.* Quantitative analysis of electrophoresis data: application to sequence-specific ultrasonic cleavage of DNA. — In: Gel Electrophoresis. Book 1, 2012, ISBN 979-953-307-474-9.