

ДОМИНИРОВАНИЕ ВСТРЕЧАЕМОСТИ (dA:dT)_n-ТРЕКОВ В ЭКЗОНАХ И ИНТРОНАХ ГЕНОВ ЭУКАРИОТ

Самченко А.А., Киселев С.С., Кабанов А.В., Кондратьев М.С., Комаров В.М

Институт биофизики клетки РАН, 142290, Пущино, Институтская ул. д. 3;
Тел.: +7(4967)73-06-81; факс: +7(4967)33-05-09; e-mail: komarov@icb.psn.ru

Исследование природы распределения повторяющихся нуклеотидных участков (часто называемых треками) в геномах различных групп организмов остается важнейшей проблемой современной геномики. Хотя функции большинства из найденных уникальных и повторяющихся последовательностей нуклеотидов четко пока не определены, тем не менее, некоторые закономерности в частотах появления треков, состоящих, например, из аденин-тиминных или гуанин-цитозинных уотсон-криковских пар здесь уже наблюдаются.

Ранее нами [1] на примере геномов 7 различных видов организмов эукариот с последовательно увеличивающимся GC составом (от 25% до 60%) было установлено, что частота встречаемости олигонуклеотидных моно и смешанных (A/T)_n-треков с увеличением размеров трека всегда оказывалась доминирующей над встречаемостью (G/C)_n-треков. И это при том, что исходно GC-пары оснований по сравнению с AT-парами обладают большей термодинамической стабильностью и как многие полагают должны играть ключевую роль в структурно-функциональной организации молекулы ДНК. Эта общая особенность геномов эукариот, как впрочем и геномов прокариот [2], вполне вероятно имеет определенную физическую природу. Как было показано в [1] первопричиной такого масштабного «накопительного» эффекта в структуре молекул ДНК живых организмов и растений может выступать обнаруженный нами ранее пониженный (двухкратный) структурный полиморфизм уотсон-криковского Н-связывания AT-пар по отношению к высокому (четырёхкратному) структурному полиморфизму уотсон-криковских GC-пар. По этой причине GC-пары как менее «предсказуемый» элемент в регулярном воспроизведении исходной геометрии уотсон-криковского Н-спаривания оснований были попросту «минимизированы» природой для обеспечения надежности протекания многих генетических процессов.

В данной работе проведен дальнейший, углубленный анализ частоты встречаемости мононуклеотидных и смешанных (A/T)_n-треков и подобных треков (G/C)_n природы но уже внутри структуры генов отдельных эукариот, *D.Discoedium*, *D.Melanogaster* и *L.Major*. Получено, что и в структуре экзонов и в структуре интронов везде сохраняется доминирование коротких и удлиненных последовательностей из AT-пар над встречаемостью последовательностей из GC-пар. Подтверждается, таким образом, более высокая надежность сохранения и передачи генетической информации в живых системах за счет AT-спаривания оснований по сравнению с GC-спариванием.

Литература

[1] А.А.Самченко и др.,/БИОФИЗИКА, **61** (6) 1045–1058 (2016);

[2] С.С.Киселев и др., /Компьютерные исследования и моделир., **2** (2), 183-187 (2010).