

# **ИССЛЕДОВАНИЕ ЗАВИСИМОСТИ ОТКРУЧИВАНИЯ ДНК ОТ НУКЛЕОСОМ В ЗАВИСИМОСТИ ОТ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ И ДЛИНЫ ДНК МЕТОДОМ МАЛОУГЛОВОГО РАССЕЙЯНИЯ РЕНТГЕНОВСКОГО ИЗЛУЧЕНИЯ**

**Васильев В.А., Моторин Н.А., Афонин Д.А., Петерс Г.С.<sup>1</sup>, Моисеенко А.В.,  
Армеев Г.А., Шайтан А.К.**

Московский государственный университет имени М.В.Ломоносова

<sup>1</sup>НИЦ «Курчатовский институт»

Нуклеосомы - это основные единицы компактизации хроматина. Они состоят из 8 гистонов (4 типа гистонов, формирующих гетеродимеры) и ДНК длиной около 145 нуклеотидов. Известно, что на стабильность нуклеосом влияет последовательность ДНК. Существуют такие последовательности, на которых нуклеосомы не только стабильны, но и строго позиционированы. Однако, фундаментальные основы влияния последовательности ДНК на стабильность и позиционирование нуклеосом не ясны. На данный момент известно более 450 структур нуклеосом и их комплексов с другими белками. Однако все они содержат 4 типа последовательностей ДНК с небольшими вариациями. Большая часть известных структур нуклеосом содержит последовательность Widom601. Данная последовательность также часто используется в экспериментах на одиночных нуклеосомах. Однако существуют и другие модельные последовательности, в частности Widom603 часто применяют для исследования прохождения процесса транскрипции через нуклеосомы. Однако, свойства данной последовательности на данный момент изучены плохо. Для исследования влияния последовательности ДНК на структуру нуклеосом были подготовлены образцы одиночных нуклеосом на последовательности Widom601 и Widom603 длиной от 147 до 200 н.п. Произведен эксперимент по рассеянию рентгеновского излучения в растворе нуклеосом (заявка №2404). Показано различие в профилях рассеяния от нуклеосом, собранных на ДНК разной последовательности и длины. Созданы ансамблевые модели, характеризующие степень откручивания ДНК от нуклеосом.

Работа выполнена при поддержке Министерства науки и высшего образования, грант № 075-15-2021-1354