

ОСОБЕННОСТИ СТРУКТУРНОЙ ОРГАНИЗАЦИИ ГЕНОМНОЙ ДНК ЭУКАРИОТ. НОВЫЙ ВЗГЛЯД

Комаров В.М., Самченко А.А., Кабанов А.В., Кондратьев М.С., Киселев С.С.,
Лосев А.А.¹

Институт биофизики клетки РАН, 142290, Пущино, Институтская ул. д. 3;

¹ Волгоградский госуниверситет, 400062, г. Волгоград, пр-т Университетский д. 100
Тел.: +7(4967)73-06-81; факс: +7(4967)33-05-09; e-mail: komarov@icb.psn.ru

В работе, с целью установления особенностей строения ДНК в структуре геномов различных видов эукариот проведен сравнительный анализ частот встречаемости мономерных и смешанных W- (т.е аденин/тиминовых) и S- (гуанин/цитозиновых) нуклеотидных треков в геномах 7 организмов с последовательно увеличивающимся GC% составом: *Dictyostelium discoedum* (25.7%); *Caenorhabditis elegans* (36.9%); *Arabidopsis thaliana* (38%); *D.melanogaster* (38.8%); *H.sapiens* (40.0%); *G.gallus* (50.0%), *Leishmania major* (59.1%). Исходя из имеющихся данных секвенирования этих геномов, представленных в банке **GenBank**, были исследованы частоты появления олигонуклеотидных двойных цепочек из AT- или GC-пар переменной длины *n* от 1 до 10 000. Прослежено влияние GC-содержания на характер распределения нуклеотидных повторов в данном ряду эукариот.

Впервые показано, что во всех рассмотренных случаях геномных ДНК частота встречаемости олигонуклеотидных моно и смешанных W(A/T)-треков с увеличением размеров трека всегда оказывалась доминирующей над встречаемостью S(G/C)-треков. Причем, если в асимптотике W-треков можно было встретить появление повторов длиной порядка нескольких сотен пар нуклеотидов, то в случае S-треков частота встречаемости протяженных повторов практически сходилась к нулю, как правило, уже в районе длин до двух десятков GC-пар! И это было характерно как для GC-дефицитных, так и для GC-богатых геномов эукариот.

Обнаруженная разительная асимметрия в поведении AT- и GC-пар в составе геномов разных видов организмов с доминированием AT-спариваний оснований указывает на возможное существование каких-то внутренних нетривиальных фундаментальных отличий в структурной организации уотсон-криковских пар, которые могут приводить к таким масштабным эффектам «накопления». В своей работе мы, на основе квантово-химических расчетов, развиваем идею о возможно важной роли в данном процессе скрытого структурного полиморфизма геометрии комплементарного спаривания, выявленного нами ранее в структуре коротких ДНК дуплексов. Вполне вероятно, что GC-пары по сравнению с AT-парам по причине своей повышенной, 4-х кратной неоднозначности геометрии Н-связывания, как менее «предсказуемый» элемент в регулярном воспроизведении исходной структуры уотсон-криковского спаривания, были попросту минимизированы природой для обеспечения надежности протекания процессов редупликации, транскрипции, а также возможно и других генетических процессов.