

## О ПРИРОДЕ ПРЕДПОЧТИТЕЛЬНЫХ КОДОНОВ БЕЛОК-КОДИРУЮЩИХ ГЕНОВ ЖИВЫХ ОРГАНИЗМОВ

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

Институт биофизики клетки РАН, ФИЦ ПНЦБИ РАН  
142290, ул. Институтская д. 3, Пущино  
Тел.: +7(4967)73-06-81; e-mail: [komarov@icb.psn.ru](mailto:komarov@icb.psn.ru)

К настоящему времени устоялось мнение, что в условиях вырожденности генетического кода предпочтительность использования кодонов (*codon usage bias*) в генетических процессах про- и эукариот есть сложившийся баланс действия двух сил – влияния естественного отбора и мутационного «давления». Вместе с тем поиску возможной физической первопричины, лежащей в основе данного явления, не уделяется на наш взгляд, должное внимание.

Ранее в своих работах мы уже указывали на важную роль «скрытой» неоднозначности формы комплементарного Н-спаривания азотистых оснований в иницировании наблюдаемых особенностей структурно-функциональной организации молекул нуклеиновых кислот. В данном исследовании свойственный GC Уотсон-Криковским парам исходно высокий, 4-кратный полиморфизм водородного связывания оснований, по сравнению с 2-кратным полиморфизмом АТ-пар рассматривается как наиболее вероятный структурный фактор, значительно регламентирующий нуклеотидный состав предпочтительных кодонов в белок-кодирующих генах живых организмов. Для решения этого вопроса нами с использованием методов сравнительной геномики был выполнен частотный анализ встречаемости всех 64 кодонов в генах широкого представительства про- и эукариот, охватывающего масштабный диапазон размеров их геномов (от 1,6 Mb до 140 000 Mb). В качестве примера реликтовых эукариот были взяты геномы амёбы (*Amoeba proteus*), тихоходки (*Taraxacum*), мечехвоста (*Limulus Polyphemus*), моллюска (*Nautilus pompilius*). Примерами других эукариот, и вместе с ними прокариот были геномы человека (*Homo sapiens*), шимпанзе (*Pan troglodytes*), мыши (*Mus musculus*), мраморной двоякодышащей рыбы (*Protopterus aethiopicus*), лягушки (*Xenopus tropicalis*), мухи (*Drosophila melanogaster*), цветка (*Arabidopsis thaliana*), клеточного слизевика (*Dictyostelium discoideum*), паразита (*Leishmania major*), дрожжей (*Saccharomyces cerevisiae*), малярийного паразита (*Plasmodium falciparum*), бактерии (*Escherichia coli*) и очень маленькой бактерии (*Candidatus Pelagibacter*). Использовались база данных **GenBank** и ресурс [www.kazusa.or.jp/codon](http://www.kazusa.or.jp/codon).

Полученные результаты в целом подтвердили сделанное предположение. Было показано, что в составе белок-кодирующих генов всех организмов предпочтительными оказываются кодоны, где во втором положении находится либо А либо Т(У) основание. Т.е. по сути здесь обозначились именно те основания, которым свойственен исходно низкий структурный полиморфизм комплементарного Н-спаривания и которые, таким образом, обеспечивают более четкую фиксацию структуры центрального звена системы «замок-ключ» (кодон-антикодон) функциональных комплексов ДНК-мРНК, мРНК-тРНК, тРНК-рРН. При этом, детализация типов кодонов выявила превалирование спирале-иницирующих и спирале-терминирующих аминокислот глобулярных белков у всех эукариот, коррелирующее с высокой концентрацией гистонов в составе их хроматина. Для митохондриальных генов получено резкое обеднение количества таких аминокислот в предпочтительных кодонах.