

## К СИСТЕМАТИКЕ ХРОМОСОМ ЧЕЛОВЕКА

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

Институт биофизики клетки РАН ФИЦ ПНЦБИ 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](mailto:komarov@icb.psn.ru)

Масштабные успехи в полногеномном секвенировании разнообразных видов организмов эукариот позволяют в настоящее время существенно углубить имеющиеся представления о важной и нетривиальной роли неравноправного участия нуклеотидных последовательностей (треков) из АТ- и GC- Уотсон-Криковских пар в структурно-функциональной организации геномной ДНК. Они также дают возможность, на наш взгляд, развить и некоторые новые положения в систематике хромосом, основанные на выявляемой корреляции между характером точечных спонтанных мутаций в разных хромосомах и особенностями организации структуры коротких нуклеотидных G/C трекв в составе их белок-кодирующих областей.

Основная цель данной работы проиллюстрировать как, используя методы сравнительной геномики, в кариотипе человека возможно ранжирование хромосом по GC(%)-составу экзонов своих белок-кодирующих областей и с учетом протяженности доминирующих в них коротких oligo(G)<sub>n</sub> -, oligo(C)<sub>n</sub> - и S(G/C)<sub>n</sub> – трекв. В качестве ключевого фактора в организации данной зависимости рассматривается влияние внутреннего, скрытого полиморфизма водородного связывания оснований в Уотсон-Криковских парах, который обуславливает исходное неравноправное участие (A/T)<sub>n</sub> и (G/C)<sub>n</sub> нуклеотидных последовательностей в формировании структурно-функциональных свойств геномной ДНК эукариот. Выявлена дифференциация 23 хромосом человека на 5 разных типов. Каждый тип характеризуется своим GC-составом экзонных областей белок-кодирующих генов и обладает отличительными особенностями в предрасположенности хромосом к спонтанным структурным точечным мутациям.

Полученное разбиение хромосом на группы со спецификой нуклеотидного строения экзонов оказалось в корреляции с наблюдаемым распределением профилей экспрессии генов по всем 23 хромосомам человека.