

КЛАСТЕРНЫЙ АНАЛИЗ ПРОМОТОРОВ *E. COLI* НА ОСНОВЕ ПРОФИЛЕЙ SIDD (ВЫЗВАННОЙ СУПЕРСПИРАЛИЗАЦИЕЙ ДЕСТАБИЛИЗАЦИИ ДУПЛЕКСА ДНК)

Орлов М.А., Темлякова Е.А., Сорокин А.А.

Институт биофизики клетки Российской академии наук
Россия, 142290, г.Пушино Московской области, Институтская, 3
Телефон: (4967) 73-91-65, orlovmkhailanat@gmail.com

Для регуляции бактериальной транскрипции важное значение имеют промоторные области хромосомы, расположенные непосредственно перед точкой старта транскрипции (ТСТ). Эти области взаимодействуют с различными транскрипционными факторами и РНК-полимеразой при инициации транскрипции. Исследования физических свойств ДНК промоторов показали наличие консервативных структурных свойств, таких как стабильность, склонность к изгибанию, искривленность и вызванная суперспирализацией дестабилизация дуплекса — Stress-Induced Duplex Destabilization (SIDD) [1].

Известно, что около 50% промоторов имеют легкоплавкие участки в районе ТСТ. Вызывать расплетание двойной спирали может как повышение температуры, так и действие ряда других факторов, в частности, суперспирализация, являющаяся наиболее распространенным типом напряжения в структуре ДНК. Для получения информации о склонности ДНК к расплетению под действием суперспирализации вычисляют профили SIDD. Для этого могут использоваться как специализированные ресурсы Интернет [1], так и альтернативный подход с применением алгоритма на основе модели Peyrard. При этом вычисление профиля стабильности производится исходя из значения приложенного усилия при фиксированном количестве пересечений цепей (Lk) [2].

Для полученных с использованием второго подхода профилей SIDD для 1192 фрагментов длиной по 2000 пар оснований, содержащих промоторы из базы данных RegulonDB, произведена кластеризация по методу Уорда. В результате выделено 5 устойчивых кластеров с характерными профилями SIDD, имеющих максимумы в области ТСТ, ближней downstream-области (2 кластера), дальней upstream-области и дальней downstream-области соответственно. Профиль стабильности большого числа промоторов показывает наличие «слабых» участков в downstream-области.

Литература

1. Wang, H.Q. and Benham, C.J. Promoter prediction and annotation of microbial genomes based on DNA sequence and structural responses to superhelical stress // *BMC Bioinformatics* Vol. 7, 2006, Pp. 248-262.
2. Michoel, T. & Van de Peer, Y. Helicoidal transfer matrix model for inhomogeneous DNA melting // *Phys Rev E* Vol. 73, 2006, 011908.