

## Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

Внутренние последовательности Шайна-Дальгарно у прокариот.

*Гаранина Ирина Андреевна*

*Студент*

*Московский государственный университет имени М.В. Ломоносова, Факультет  
биоинженерии и биоинформатики, Москва, Россия*

*E-mail: irinagarapina24@gmail.com*

В процессе инициации трансляции бактерий и архей малая субъединица рибосомы связывается с последовательностью Шайна-Дальгарно в 5'-некодирующей области гена. Оказалось, что внутри генов есть последовательности похожие на последовательности Шайна-Дальгарно, с которыми так же возможно связывание рибосомы, что может вызывать нежелательные трансляционные паузы. Недавно было экспериментально показано [1], что во время трансляции рибосомы накапливаются в районах, имеющих большое сродство к анти-Шайна-Дальгарно последовательности. Целью данной работы было исследовать частоты таких последовательностей в геномах различных микроорганизмов.

Гексануклеотиды из пары подряд идущих кодонов, кодирующих глицин имеют большое сродство к последовательности анти-Шайна-Дальгарно. Анализ таких гексануклеотидов показал корреляцию между их частотой в геномах и минимальной свободной энергией гибридизации с последовательностью анти-Шайна-Дальгарно. Среди исследованных 247 полных геномов бактерий и архей сила этой зависимости  $\phi$  варьировала в пределах от 0.94 до -0.77, причем 83% микроорганизмов имеют  $\phi > 0$ , в то время как только 1% имеет  $\phi < 0$ , что, вероятно, является исключением. Для того, чтобы выяснить, с чем может быть связан такой разброс, мы проанализировали различные свойства бактериальных геномов: размер, ГЦ-состав, количество генов, долю генов с последовательностью Шайна-Дальгарно в 5'-некодирующей области. Выяснилось, что  $\phi$  положительно коррелирует с размером генома и ГЦ составом. Одной из возможных причин этого наблюдения могут быть перекрывающиеся гены, доля которых в геноме увеличивается с уменьшением размера генома. Обычно, перекрывание генов небольшое — чаще всего 1 или 4 нуклеотида, поэтому при перекрываниях последовательности Шайна-Дальгарно, ответственные за инициацию трансляции, могут находиться внутри предыдущего гена. Было показано уменьшение  $\phi$  у перекрывающихся генов, особенно ближе к концу гена.

Так же мы исследовали пары гомологов в двух различных бактериях, в одной из которых гены перекрывались, а во второй нет. Мы обнаружили исчезновение внутренней последовательности Шайна-Дальгарно в этой паре генов у бактерии, в которой гены находились далеко друг от друга.

### Литература

1. Li GW., Oh E., Weissmann J. S. The anti-Shine-Dalgarno sequence drives translational pausing and codon choice in bacteria. Nature 2012