

Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

Зависимость между изменением уровня экспрессии генов при окислительном стрессе и содержанием аминокислот в кодируемых ими белках в клетках *Saccharomyces cerevisiae*.

Тышковский Александр Эдуардович

Студент

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

E-mail: sherlock1991@rambler.ru

Причиной окислительного стресса является образование избыточного количества активных форм кислорода (АФК), которые являются побочным продуктом некоторых метаболических реакций в живых организмах. АФК способны окислять биологические макромолекулы, такие как нуклеиновые кислоты (в основном, гуанин, окисляющийся до 8-оксигуанина) и белки. Этим они представляют большую опасность для клетки. Поэтому, изучение ответа клетки на окислительный стресс на разных уровнях организации важно для понимания механизмов адаптации организма к условиям окружающей среды под действием естественного отбора.

В данной работе проводился анализ корреляции между содержанием аминокислот в белке и изменением уровня экспрессии соответствующего гена в ответ на окислительный стресс. Материалом служила база данных с изменением содержания мРНК в клетке для каждого гена после воздействия различными типами стресса, полученная группой Gasch et al. на модельном эукариотическом организме *Saccharomyces cerevisiae* [1]. Анализ базировался на методах математической статистики, таких как множественный регрессионный анализ, корреляционный анализ по Кендаллу и тест Вилкоксона. Для сравнения рассматривался ответ на термический и осмотический стрессы. Кроме того, оценивалась корреляция между содержанием нуклеотидов в гене и ответом на окислительный стресс.

Аминокислоты белков сильно различаются своими физико-химическими свойствами, а значит, последствия окисления для них тоже неодинаковы. Так, метионин способен окисляться в метионин-сульфоксид, но, впоследствии, восстанавливаться обратно под действием метионин-сульфоксид-редуктазы. Поэтому ожидалась высокая корреляция между содержанием метионина в белке и изменением экспрессии соответствующего гена. Однако, подобной корреляции обнаружено не было. Вместо этого, была выявлена корреляция для некоторых других аминокислотных остатков, среди которых самую сильную отрицательную зависимость проявил аргинин. Кроме того, обнаружилась сильная отрицательная корреляция между изменением содержания мРНК и GC-составом гена, что можно объяснить повышенной подверженности гуанина окислению. Однако, важно отметить, что далеко не все аминокислотные остатки, проявившие корреляцию, имеют богатый GC-состав их генетического кода. Это означает, что не только последовательность нуклеотидов в гене, но и первичная структура белка определяет ответ на окислительный стресс. Планируется дальнейшее исследование для проверки сформулированных гипотез и поиска найденных зависимостей в других базах данных и, в частности, в других организмах.

Литература

1. Audrey P. Gasch, Paul T. Spellman, Camilla M. Kao, Orna Carmel-Harel, Michael B. Eisen, Gisela Storz, David Botstein, and Patrick O. Brown. Genomic Expression Programs in the Response of Yeast Cells to Environmental Changes // *Molecular Biology of the Cell*, December 2000, Vol. 11, 4241– 4257.