



**Конформационные и физико-химические контекстно
зависимые свойства ДНК и их использование для
построения методов анализа и распознавания
функциональных районов ДНК**

**Метод конформационных параметров:
система B-DNA Video и SITECON**

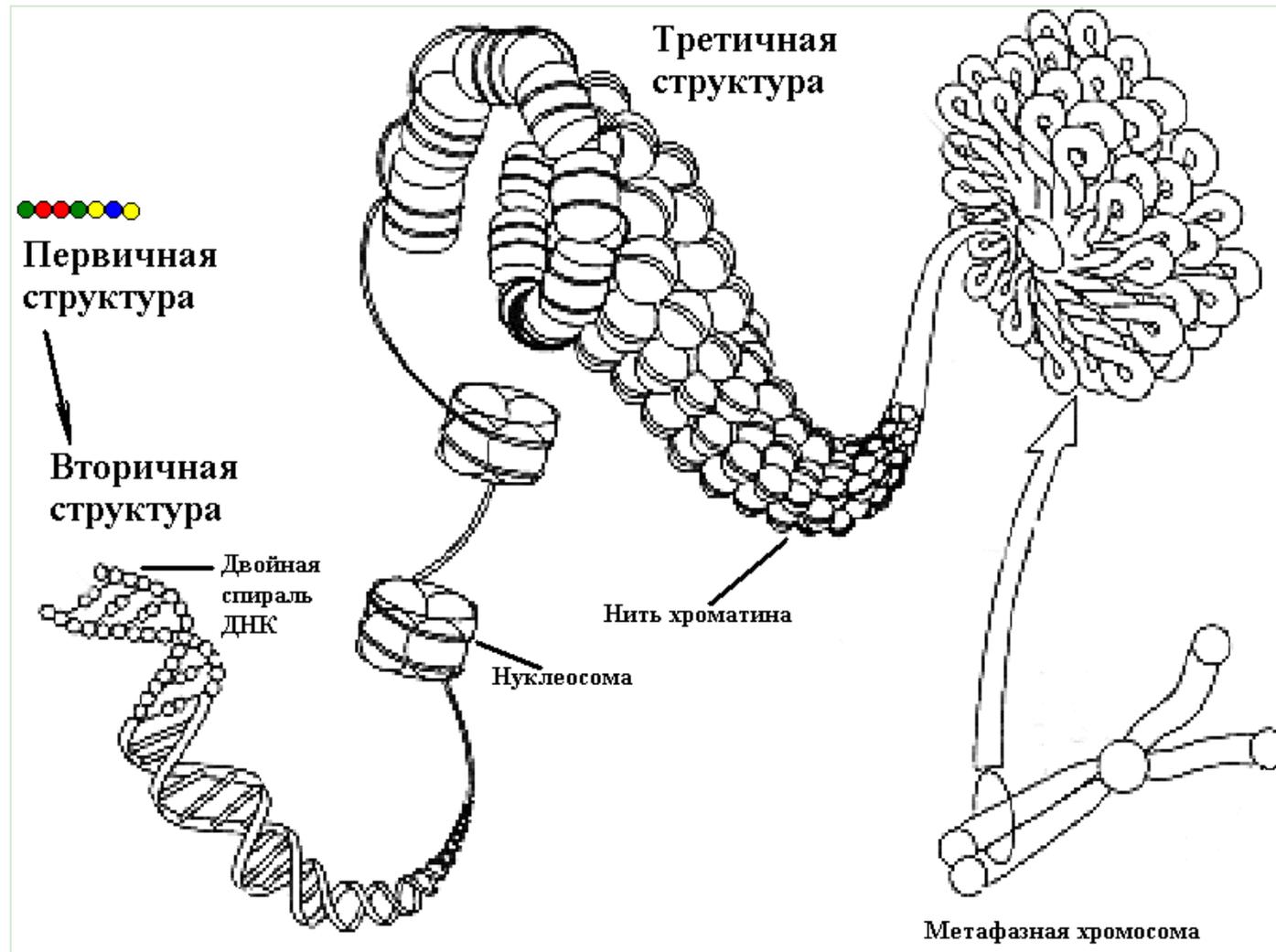
Ощепков Дмитрий Юрьевич

К.б.н., с.н.с. лаб. эволюционной биоинформатики и теоретической генетики

Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

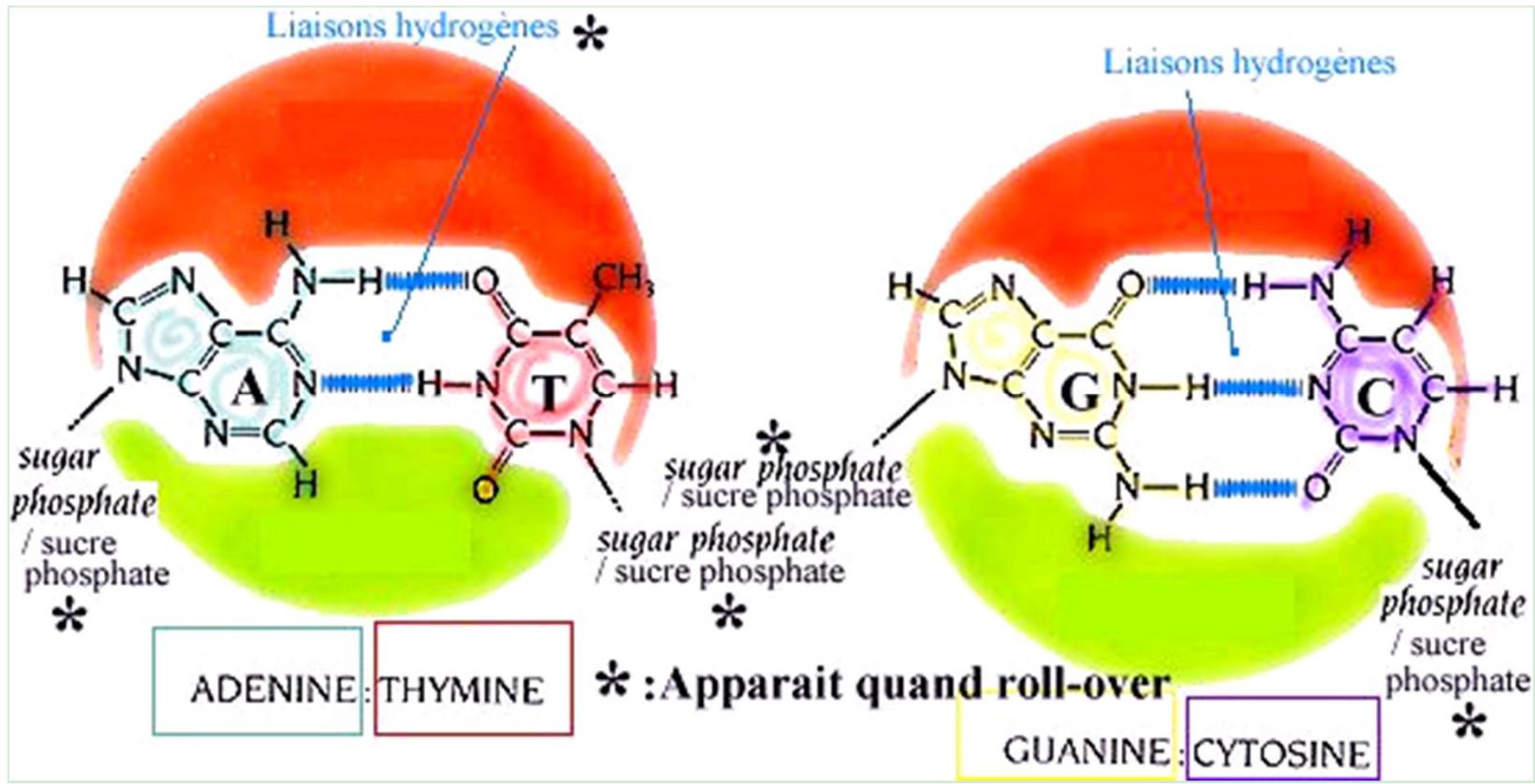


Напоминание: структура ДНК



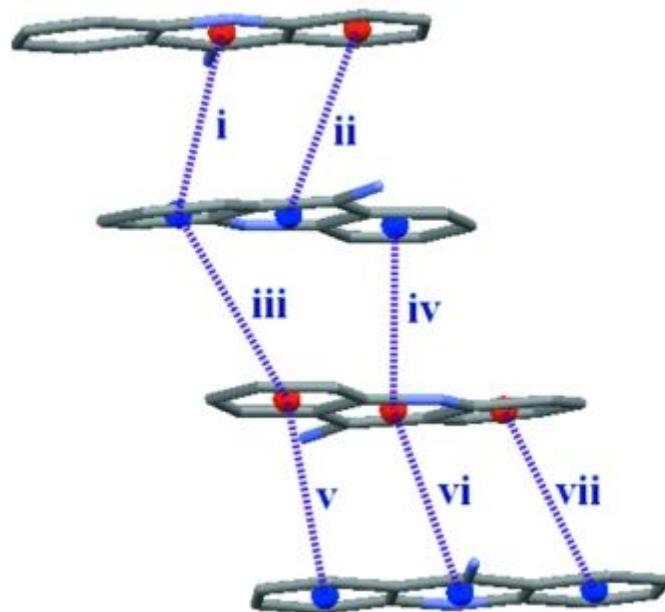


Структура ДНК





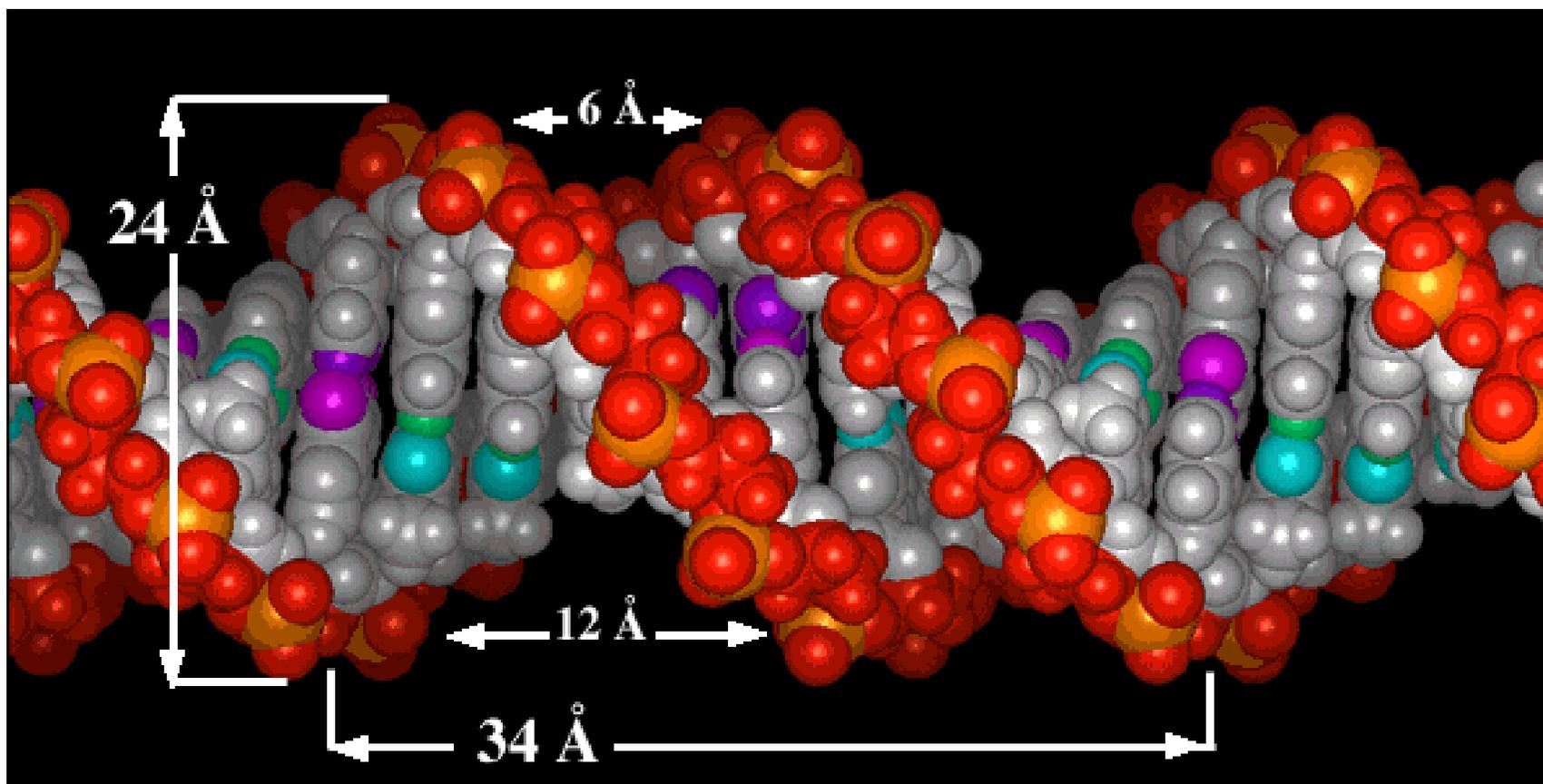
Стэкинг-взаимодействия



Термин стэкинг относится к такому расположению ароматических молекул, которое напоминает расположение монет в стопке и поддерживается ароматическими взаимодействиями. В ДНК параллельный стэкинг имеет место между соседними парами нуклеотидов и повышает стабильность молекулярной структуры. Азотистые основания нуклеотидов имеют пуриновые или пиримидиновые группы в своем составе, состоящие, в свою очередь, из ароматических колец. В молекуле ДНК ароматические кольца расположены примерно перпендикулярно оси спирали, поэтому их поверхности расположены параллельно, что способствует перекрыванию р-орбиталей этих оснований.



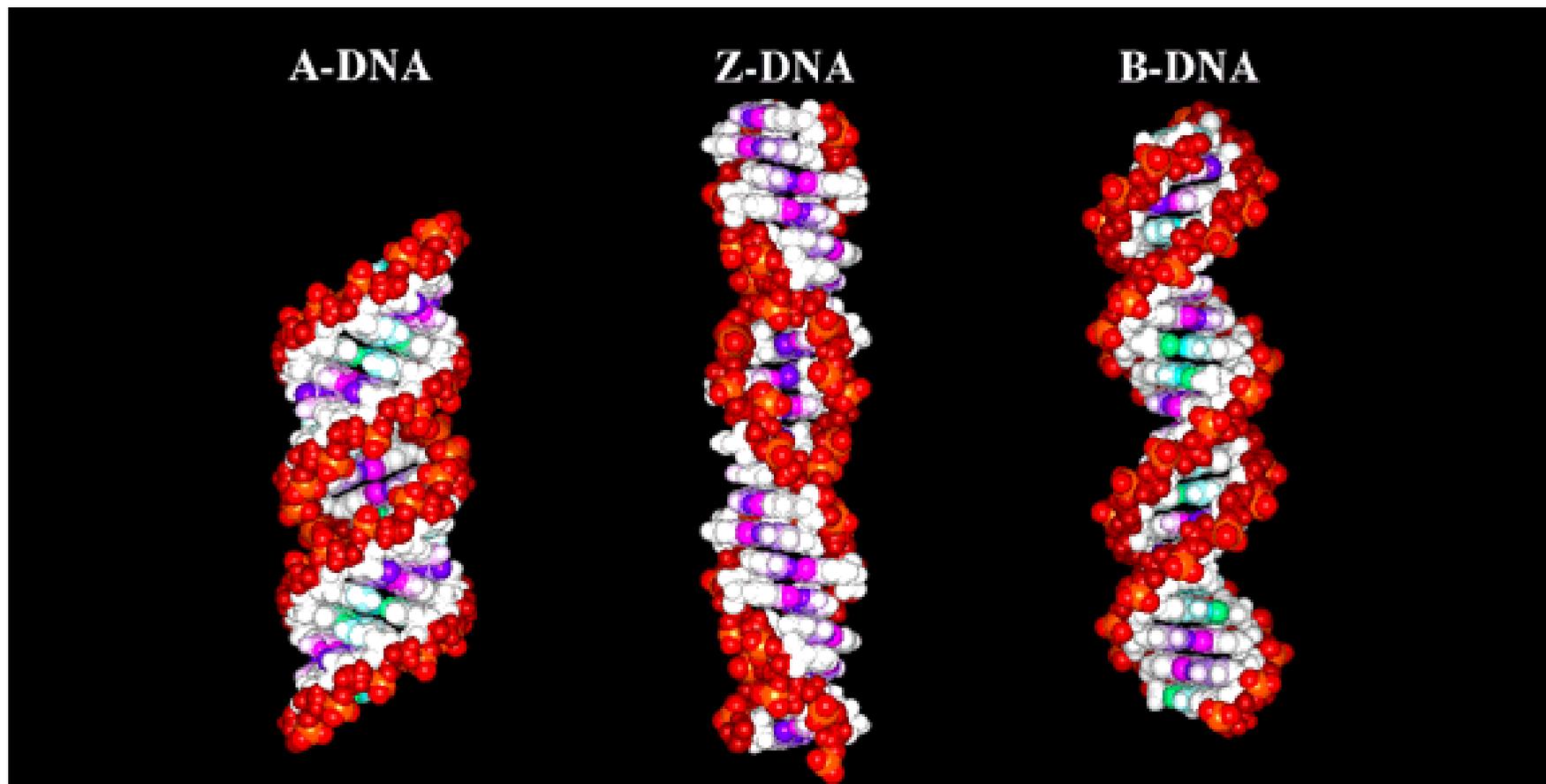
Напоминание: структура ДНК



Watson, J.D., Crick, F.H.C., A structure of deoxyribose nucleic acid, *Nature*, 171, 737-738 (1953)



Напоминание: структура ДНК





Коды ДНК



- **Триплетный (генетический) код**
 - **Код укладки РНК**
 - **Хроматиновый код**
 - **Конформационный код**
- и т.д. (Трифонов, 1997)**

Конформационный код:

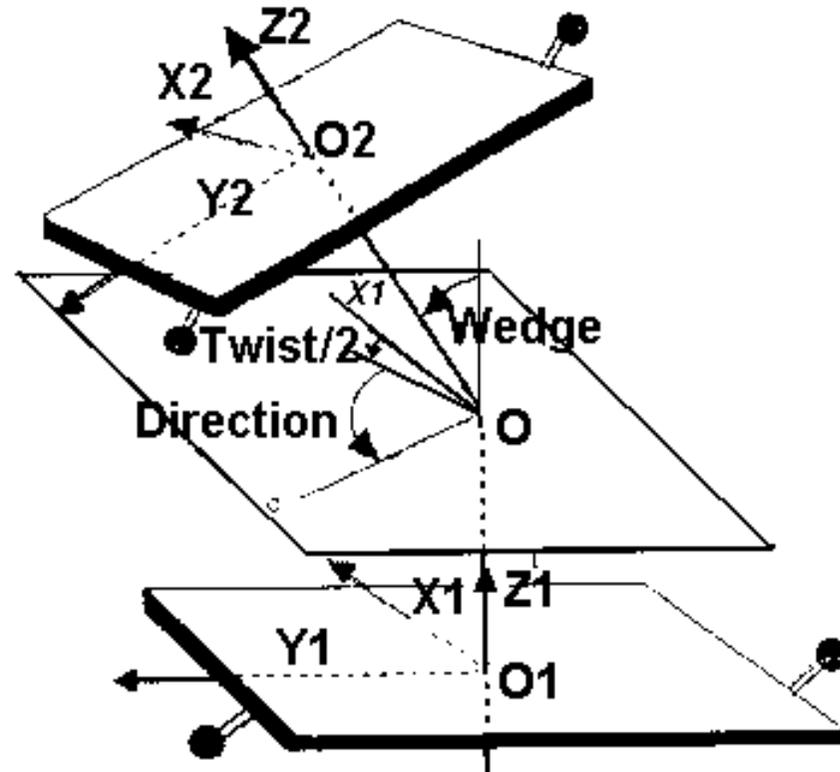
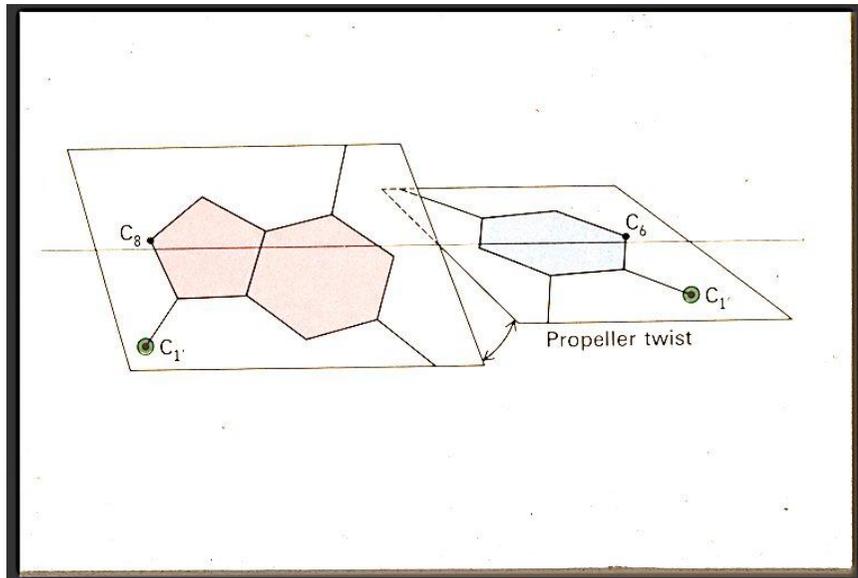
Определяемая контекстом локальная конформация молекул ДНК является одним из факторов специфичности ДНК – белкового узнавания. Нарастающий объем экспериментальных данных дает основания считать, что функционирование сайтов связывания транскрипционных факторов в значительной степени определяется конформационными и физико–химическими свойствами ДНК.



Конформационные свойства ДНК

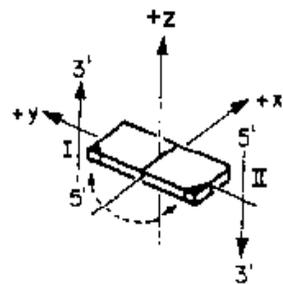
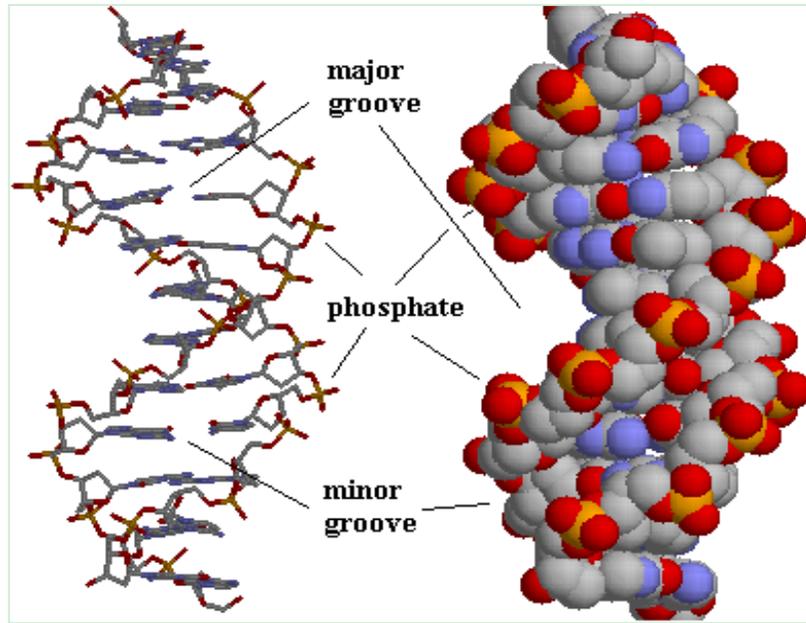


Впервые зависимость конформации ДНК от контекста была обнаружена Dickerson and Drew (1981)

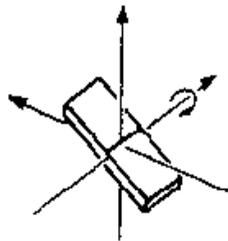




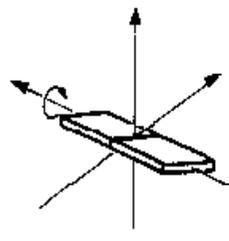
Конформационные свойства ДНК



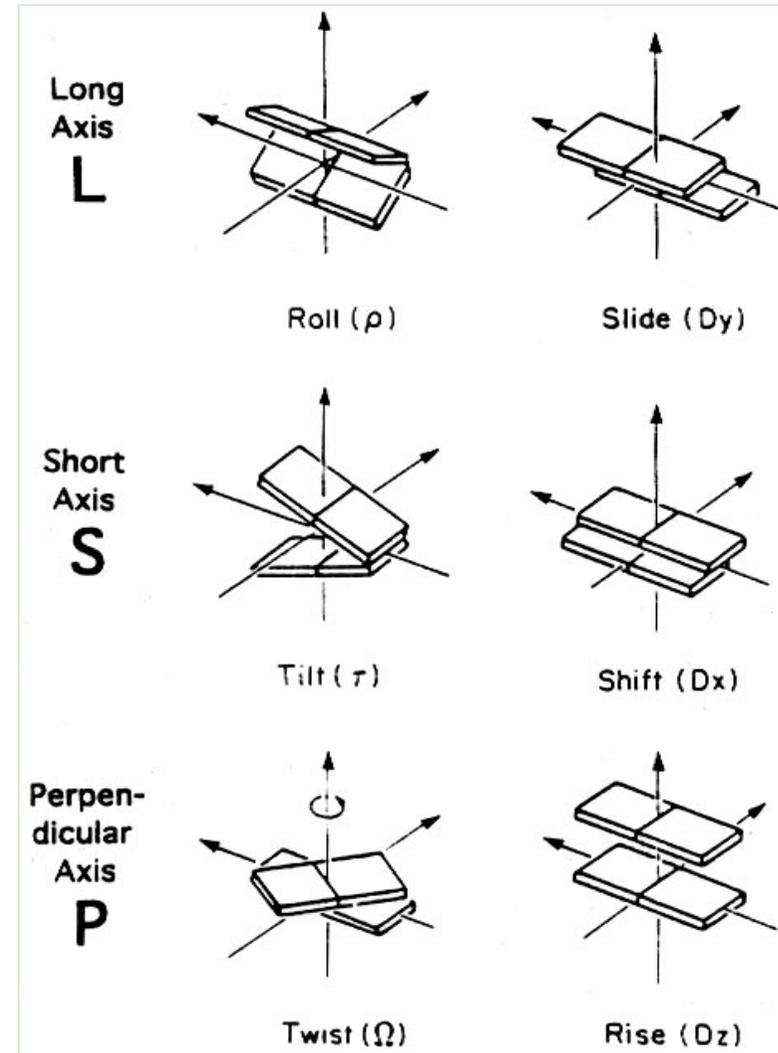
Coordinate frame



Inclination(η)



Tip (θ)





Конформационные свойства ДНК



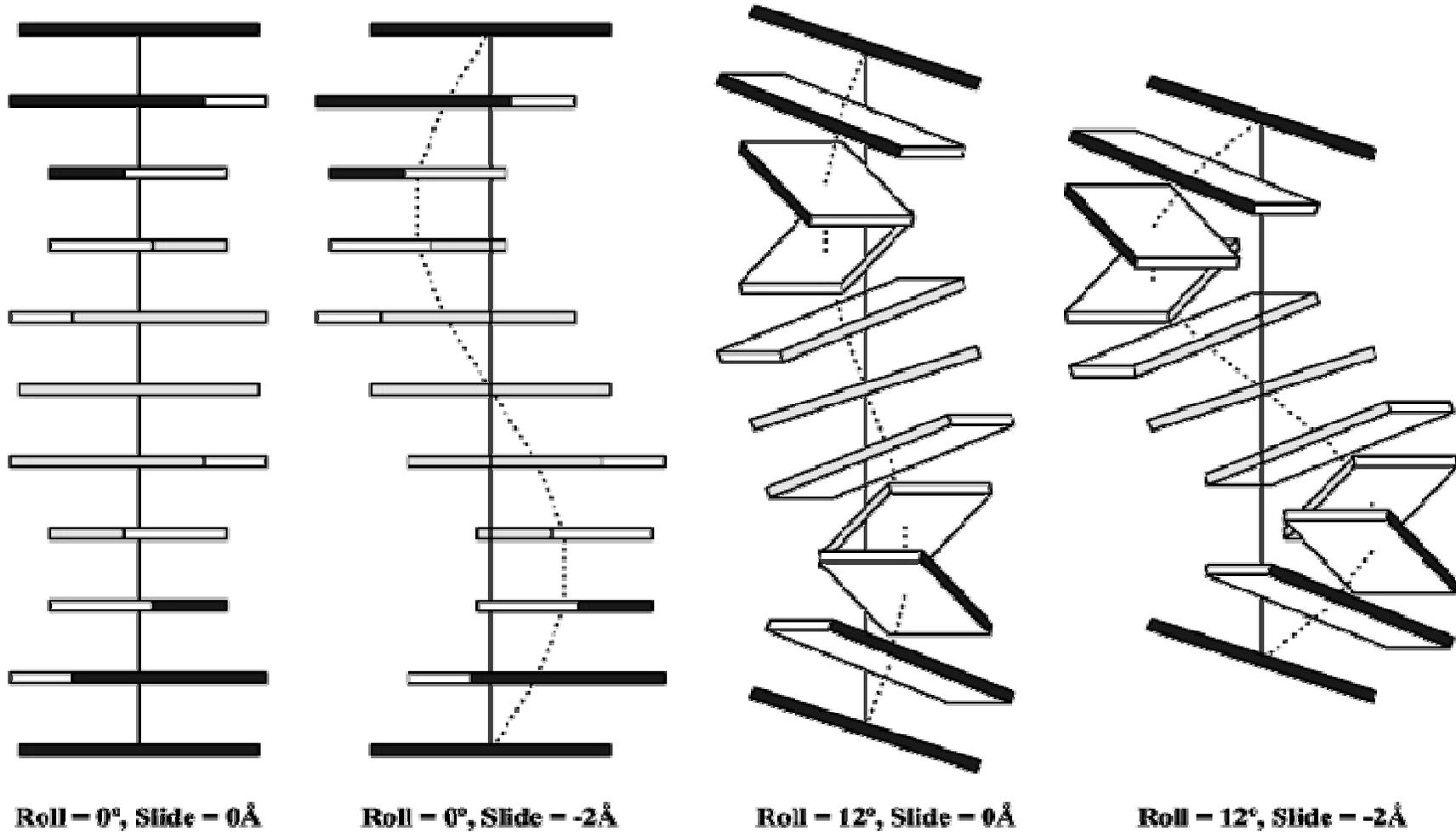
Динуклеотид	Roll °	Slide, Å	Tilt °	Shift, Å	Twist °	Rise, Å
AA	0.3	-0.1	0.5	-0.06	35.3	3.16*
AT	-0.8	-0.4*	0.0	0.12*	31.2*	3.89
AG	4.5	0.4	2.8*	0.06	31.2*	3.63
AC	0.5	-0.2	0.1	0.06	32.6	3.41
TA	2.8	0.9	0.0	-0.17*	40.5*	3.21
TT	0.3	-0.1	0.5	-0.06	35.3	3.16*
TG	0.5	1.6*	-0.7*	0.02	32.6	3.23
TC	-1.3	0.0	0.9	0	40.3	3.47
GA	-1.3	0.0	0.9	0	40.3	3.47
GT	0.5	-0.2	0.1	0.06	32.6	3.41
GG	6.0*	0.8	2.7	0.05	33.3	4.08*
GC	-6.2*	0.4	0.0	-0.3	37.3	3.81
CA	0.5	1.6*	-0.7*	0.02	39.2	3.23
CT	4.5	0.4	2.8*	0.06	31.2*	3.63
CG	-6.2*	0.7	0.0	0.06	36.6	3.60
CC	6.0*	0.8	2.7	0.05	33.3	4.08*



Конформационные свойства ДНК



Зависимость конформации молекулы ДНК от конформационных параметров





Конформационные свойства ДНК (Правила Калладина)

Зависимость конформационных параметров ДНК от стерических взаимодействий экзоциклических групп NH_2 и O в бороздках спирали

Столкновение пуринов в противоположных полинуклеотидных цепях В-ДНК

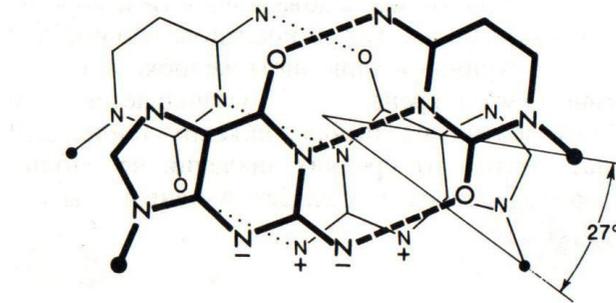
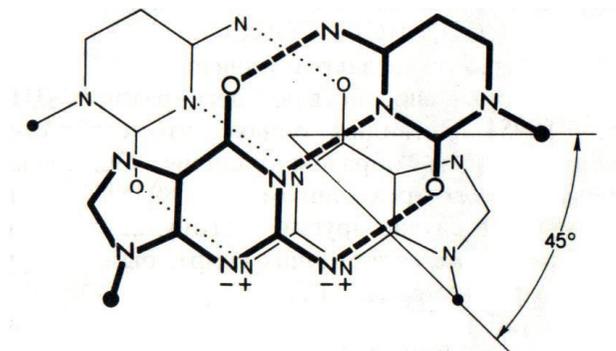
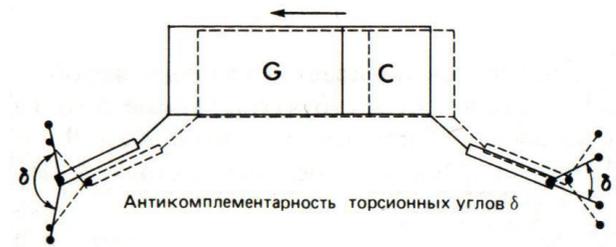
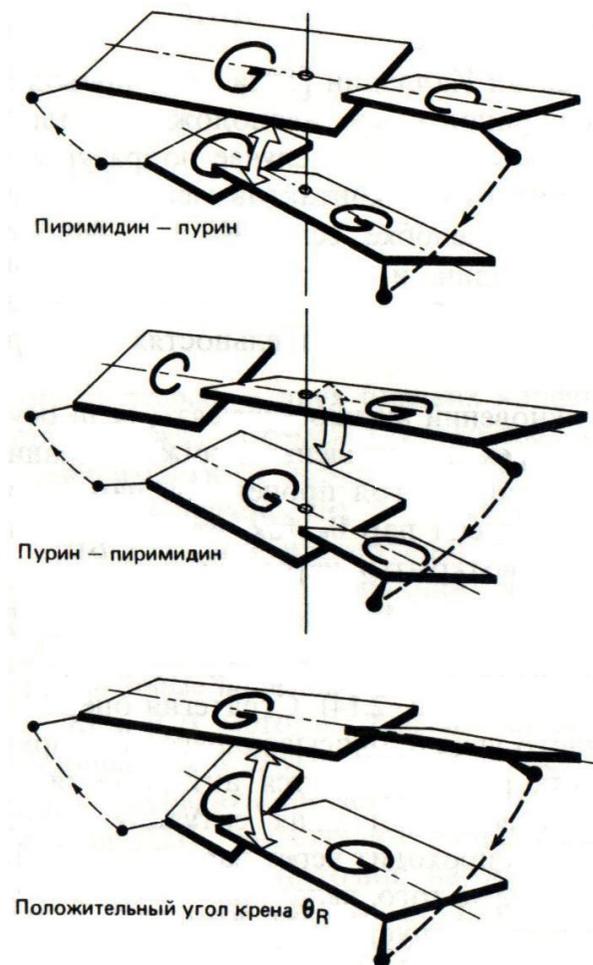
Возникновение стерически недопустимых контактов между «большими» экзоциклическими группами (NH_2 ; O) пуринов противоположных цепей: в случае последовательности пиримидин-3'-5'-пурин они контактируют в минорном желобке. В обратном случае контакты наблюдаются в главном желобке. Нежелательного эффекта можно избежать следующими способами:

- Локально уменьшить угол пропеллера оснований
- Изменить угол крена Roll таким образом чтобы уменьшить невыгодный контакт
- Сдвинуть пару оснований параллельно ее длинной оси и «вытянуть» пурин из спиральной стопки
- Уменьшить угол спирального вращения, чтобы минимизировать нежелательные взаимодействия

Calladine C.R. (1982) Mechanics of sequence-dependent stacking of bases in B-DNA. *J Mol Biol.* 161(2):343–352



Конформационные свойства ДНК (Правила Калладина)



Зенгер В. (1987) Принципы структурной организации нуклеиновых кислот. Москва, “Мир”.



Физико – химические свойства ДНК



Физико-химические свойства – это характеристика того, как молекула ДНК реагирует на внешние взаимодействия.

1. Температура плавления

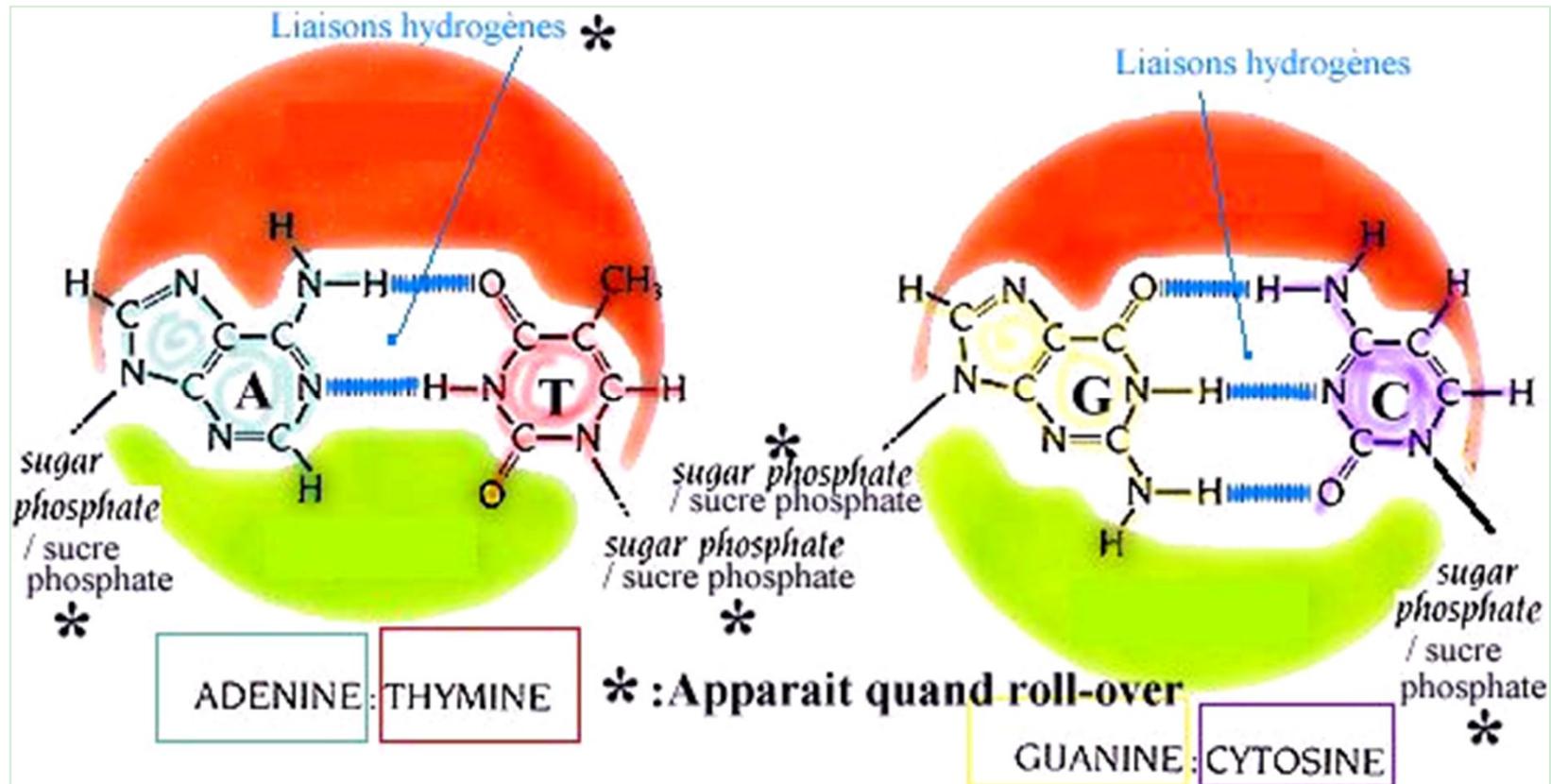
2. Изгибная жесткость

3. Заряд

...



Напоминание: структура ДНК





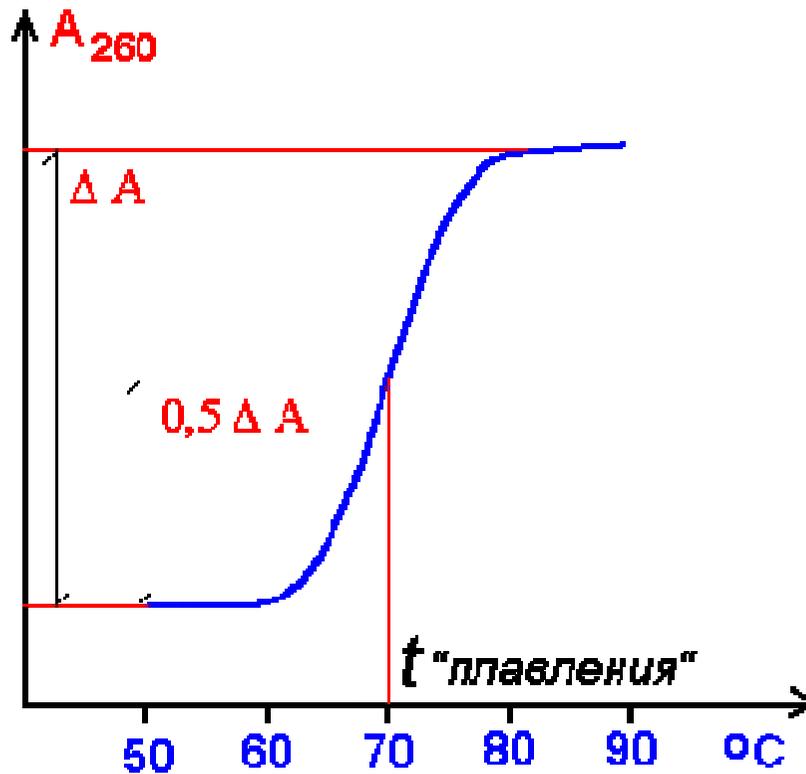
Физико – химические свойства ДНК:

температура плавления



Денатурация ДНК заключается в разрыве Н-связей и стэкинг-взаимодействий, что приводит к расплетанию и разделению цепей (без разрыва ковалентных связей) под действием температуры или рН.

О степени денатурации судят по изменению интенсивности поглощения в ультрафиолете при $\lambda = 260 \text{ nm}$, поскольку дезэкранирование азотистых оснований в результате расплетания цепей устраняется, что вызывает увеличение степени поглощения раствором ДНК ультрафиолета указанной длины волны:



Денатурацию иначе называют плавлением, а температура плавления соответствует моменту 50%-ной денатурации молекулы. Температура плавления различается у разных ДНК.

Температура плавления линейно зависит от доли GC-пар в ДНК, x_{GC} :
 $T_m = T_{AT} + (T_{GC} - T_{AT}) \cdot x_{GC}$,
Температура плавления GC выше чем AT. Для разрушения двух Н-связей AT-пар требуется меньше энергии, чем для разрыва трех Н-связей GC-пар, значения температуры и рН, при которых происходит денатурация, зависят от нуклеотидного состава ДНК.

Температура плавления, °C

AA	54.50
AT	57.02
AG	58.42
AC	97.73
TA	36.73
TT	54.50
TG	54.71
TC	86.44
GA	86.44
GT	97.73
GG	85.97
GC	136.12
CA	54.71
CT	58.42
CG	72.55
CC	85.97



Физико – химические свойства ДНК:

изгибная жесткость



Персистентная длина измеряется как средняя длина между двумя участками двойной спирали, направления которых отличаются на 1 радиан, и отражает ее изгибную жесткость.

Изгибная жесткость ДНК характеризуется персистентной длиной или длиной Куна, $L_{\text{кун}}=0.5L_{\text{перс}}$.

Изгибная жесткость ДНК анизотропна

Персистентная длина, нМ

AA 35.0

AT 20.0

AG 60.0

AC 60.0

TA 20.0

TT 35.0

TG 60.0

TC 60.0

GA 60.0

GT 60.0

GG 130.0

GC 85.0

CA 60.0

CT 60.0

CG 85.0

CC 130.0



Транскрипционные факторы



Транскрипционные факторы (ТФ) белки, специфически связывающиеся с ДНК и регулирующие транскрипцию.

Они взаимодействуют с короткими участками ДНК (сайтами связывания), которые расположены в различных районах генов. ТФ специфично регулируют определенные группы генов ;

От них отличаются :

Базальные транскрипционные факторы (GTFs = БТФ) - особый класс вспомогательных белков, необходимых для точной посадки РНК-полимераз на участки ДНК, прилежащие к стартам транскрипции. БТФ являются общими для всех генов и вовлечены в образование прединициаторного комплекса (ПИК) ;

Некоторые БТФ, например, ТВР, имеют ДНК-связывающий домен, однако функция БТФ реализуется, в основном, через белок-белковые взаимодействия с другими БТФ, ТФ, а также коактиваторами, медиаторами и т.д.

Белки, не имеющие ДНК-связывающих доменов:

Белки-медиаторы и корегуляторные белки (коактиваторы и корепрессоры) не имеют ДНК-связывающих доменов и участвуют в регуляции транскрипции без непосредственного специфического взаимодействия с ДНК



Транскрипционные факторы



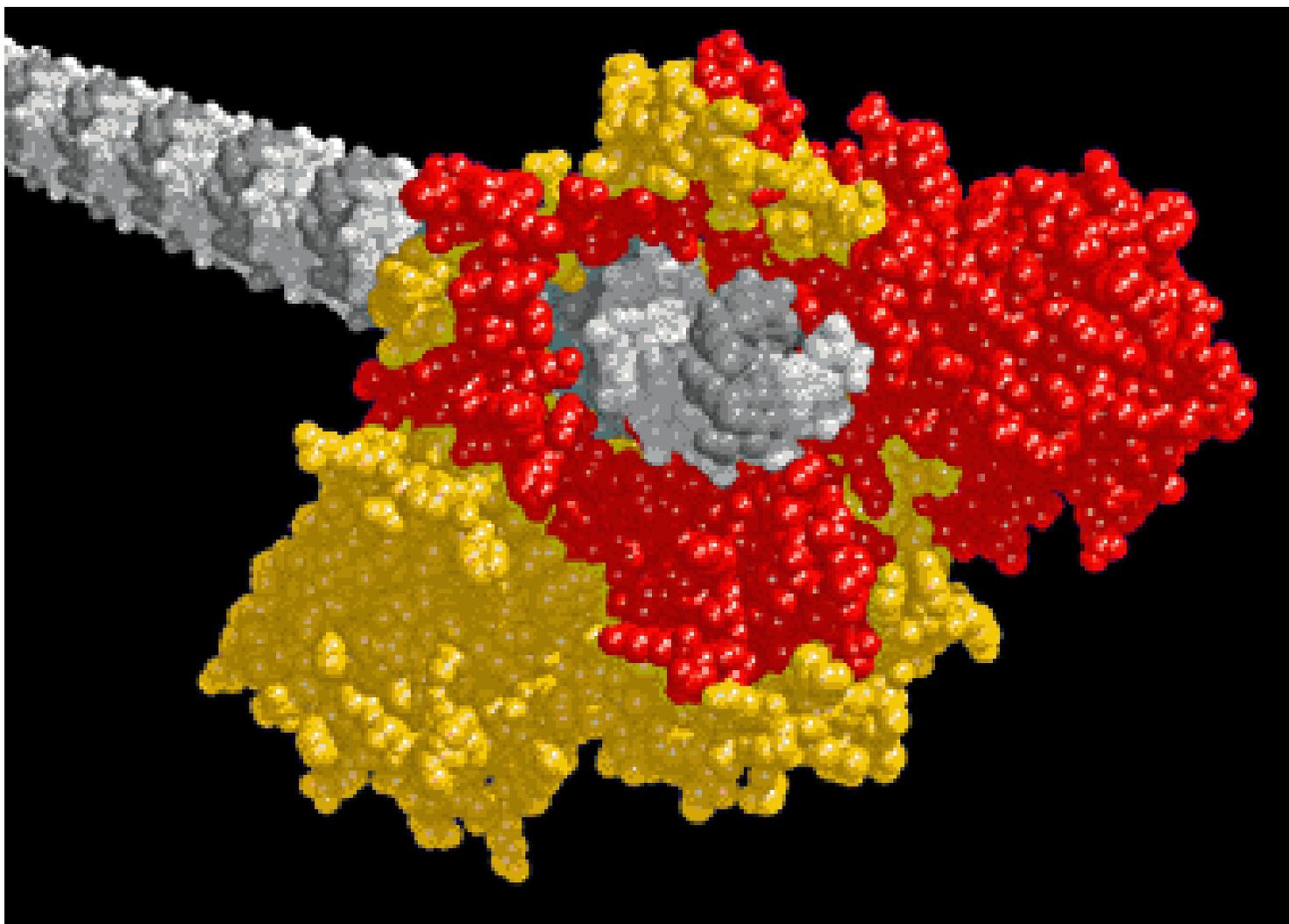
ТРАНСКРИПЦИОННЫЙ ФАКТОР – это белок, который после его перемещения в ядро клетки регулирует транскрипцию, специфически взаимодействуя с ДНК, либо стехиометрически взаимодействуя с другим белком, который может образовывать специфичный к последовательности ДНК комплекс “белок - ДНК”. (Э.Вингендер)

- В большинстве изученных к настоящему моменту случаев ТФ стимулируют формирование комплекса прединициации на ТАТА-боксе / инициаторном элементе за счет взаимодействия их транс-активирующих доменов с компонентами базального транскрипционного комплекса, либо непосредственно, либо через коактиваторы / медиаторы.
- Некоторые ТФ вызывают изменения структуры хроматина, делая его более доступным для РНК-полимераз.
- Некоторые ТФ являются вспомогательными, создавая оптимальную конформацию ДНК для действия других ТФ
- Известны ТФ, которые подавляют транскрипцию за счет непосредственного действия своих ингибирующих доменов, либо нарушая совместное функционирование комплекса ТФ внутри регуляторной области гена (промотора, энхансера)

Иногда некоторые ТФ, воздействуют на транскрипцию, не связываясь с ДНК, а объединяются в более сложные комплексы посредством белок – белковых взаимодействий. В любом случае, ТФ имеют ДНК-связывающий домен, в обратном случае такой белок называется транскрипционный регулятор



ДНК - белковые взаимодействия

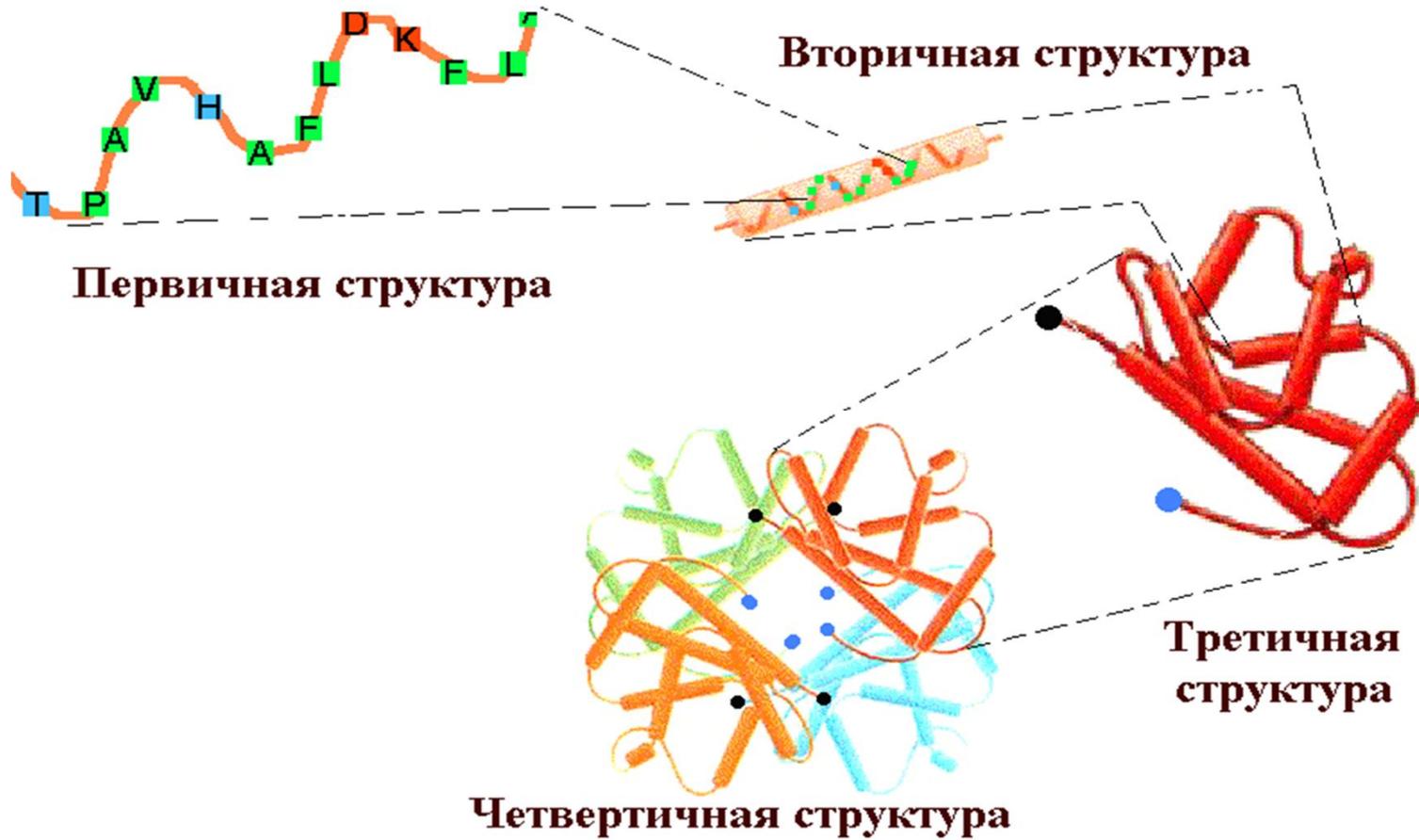




Структура белков – уровни организации

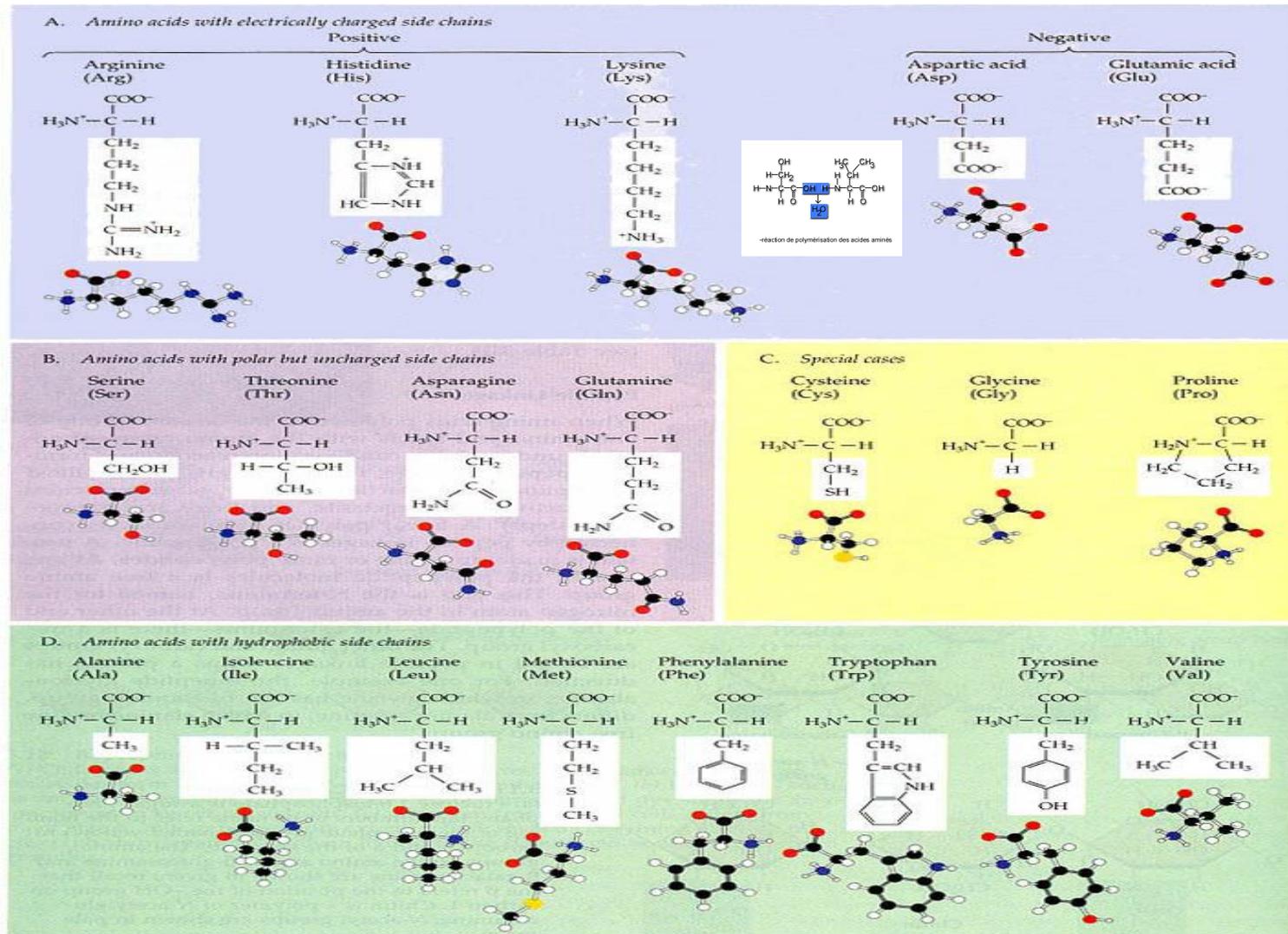


Уровни организации белков





Структура белков - аминокислоты

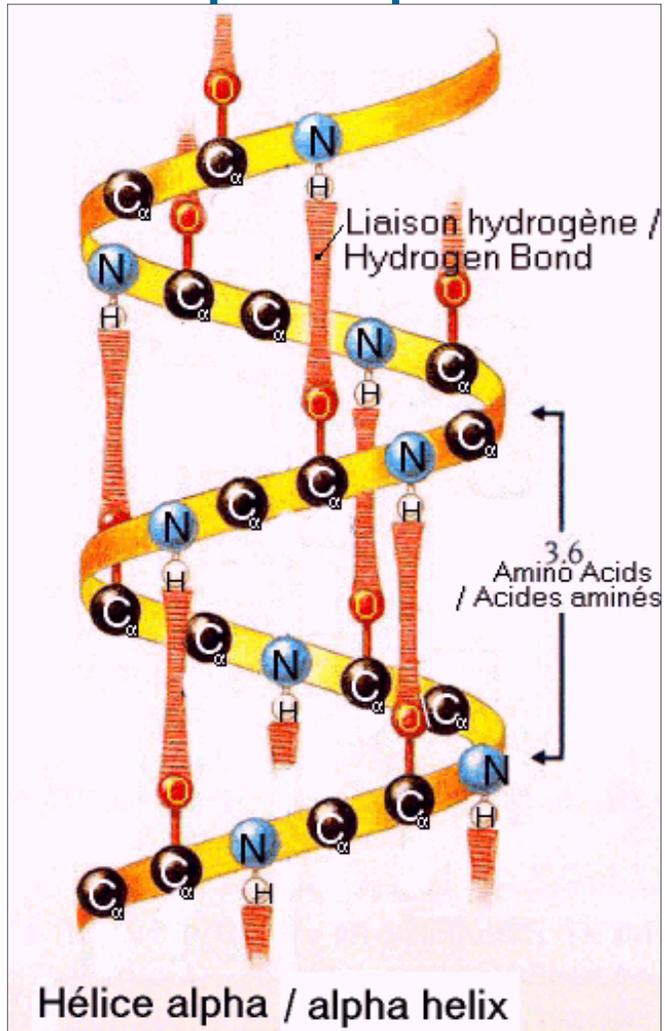




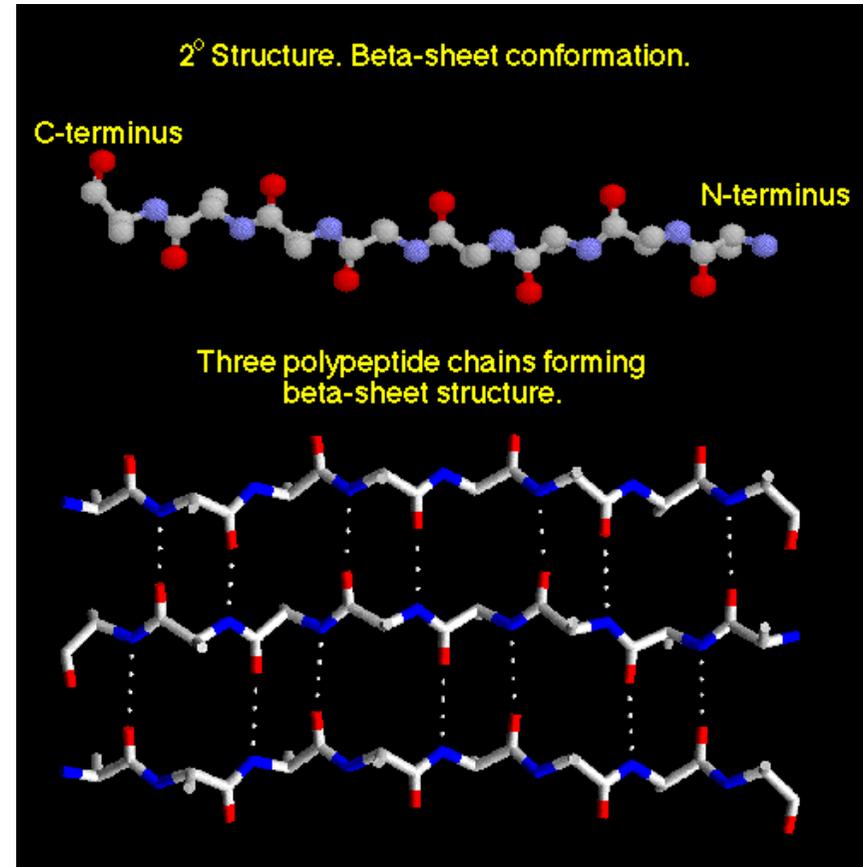
Структурные единицы белков



Альфа - спираль



Бета - лист





ДНК – связывающие домены

КЛАССИФИКАЦИЯ ДНК - СВЯЗЫВАЮЩИХ ДОМЕНОВ



<i>уровень</i>	<i>Структура нумерации</i>	<i>Наименование группы</i>	<i>Критерий</i>	<i>Пример</i>
1	N	Суперкласс	Общая топология ДСД	Домены, координированные цинком
2	N.N	Класс	Структурная характеристика ДСД	Ядерные рецепторы с “цинковыми пальцами”
3	N.N.N	Семейство	Функциональные критерии, такие, как образование ДНК - белкового комплекса	T₃R/RAR (в отличие от рецепторов стероидных гормонов)
4	N.N.N.N	Подсемейство	Как правило, в соответствии со сходством последовательностей в ДСД	RAR (рецептор ретиновой кислоты)
5	N.N.N.N.N	Род фактора	В соответствии с геном фактора	RAR-α, RAR-β
6	N.N.N.N.N.N	Вид фактора	Варианты инициации/сплайсинга / процессинга	RAR-β1, RAR-β2
<i>Схема классификации ТФ согласно Вингендеру и структура кода</i>				



ДНК – связывающие домены

КЛАССИФИКАЦИЯ ДНК - СВЯЗЫВАЮЩИХ ДОМЕНОВ



Суперкласс 1. Факторы, ДСД которых обогащен положительно заряженными аминокислотными остатками (basic domain);

Суперкласс 2. Факторы, ДСД которых формируются с участием координирующих ионов цинка (zinc-coordinatins DNA-binding domain);

Суперкласс 3. Факторы, имеющие ДНК - связывающий мотив типа спираль – поворот – спираль (helix-turn-helix DNA – binding motif);

Суперкласс 4. Факторы, у которых поверхность, контактирующая с ДНК, представлена в виде сложным образом организованного скэффолда из β -нитей.

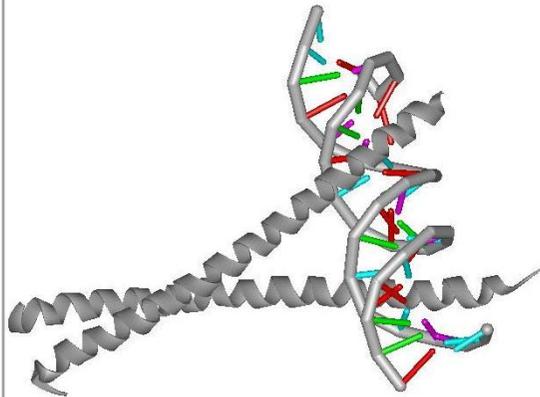


ДНК – связывающие домены

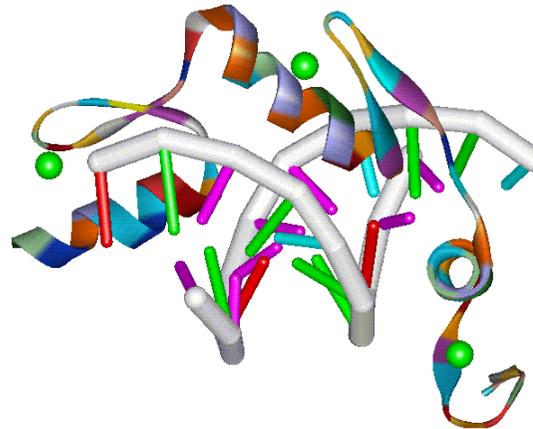
ОСНОВНЫЕ ТИПЫ ДНК - СВЯЗЫВАЮЩИХ ДОМЕНОВ



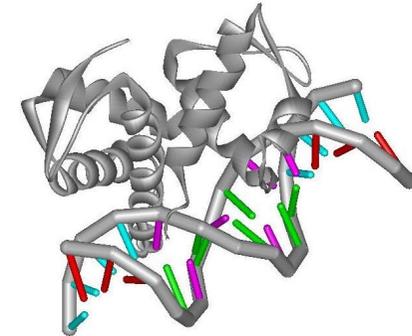
1. bZIP



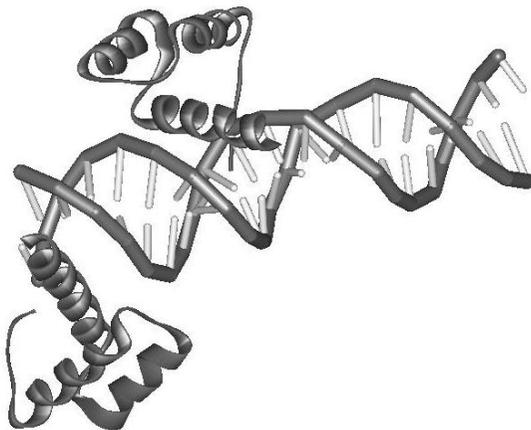
2. Zinc coordinated



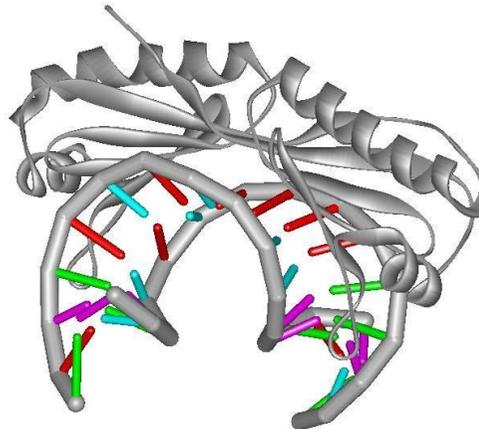
Другие -E2



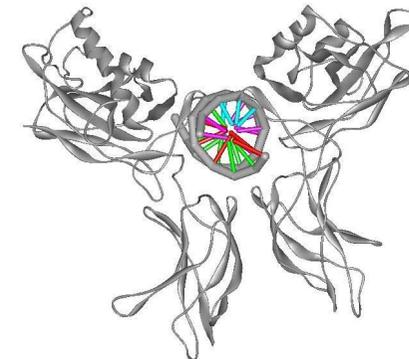
3. Helix-Turn-Helix



4. β -scaffold



Другие – REL

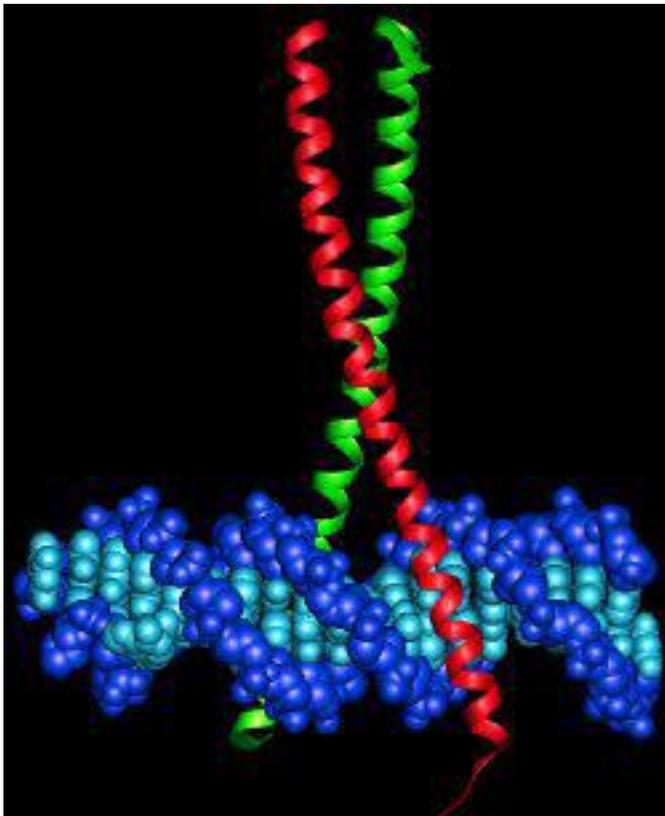




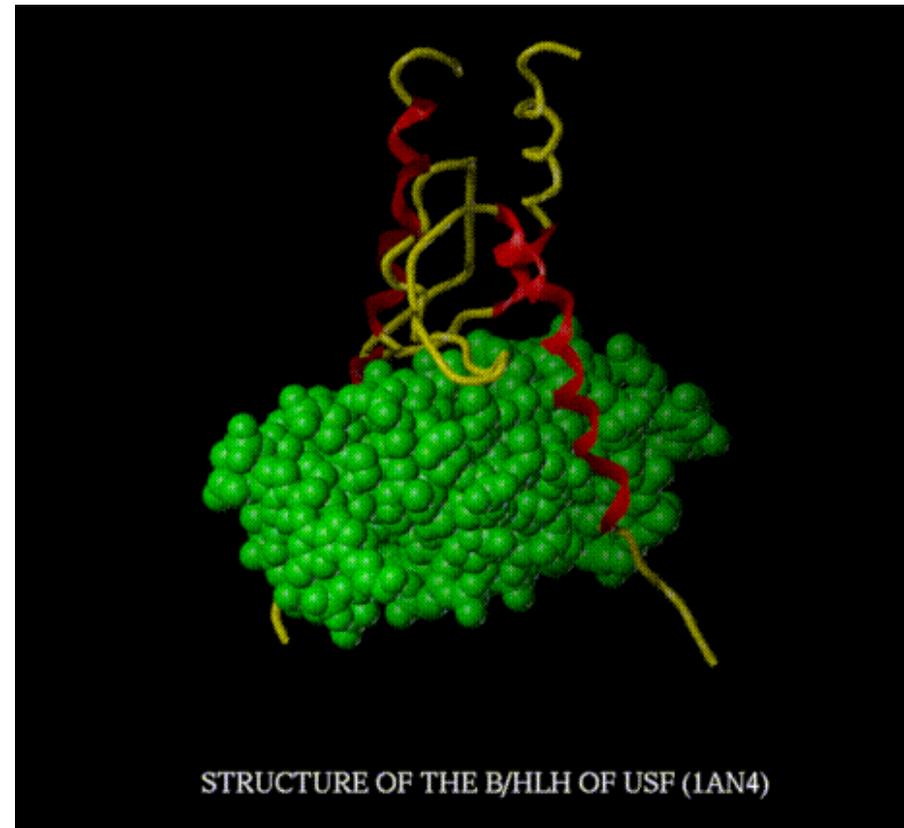
ДНК – связывающие домены



Лейциновая застежка
(b-zipper)



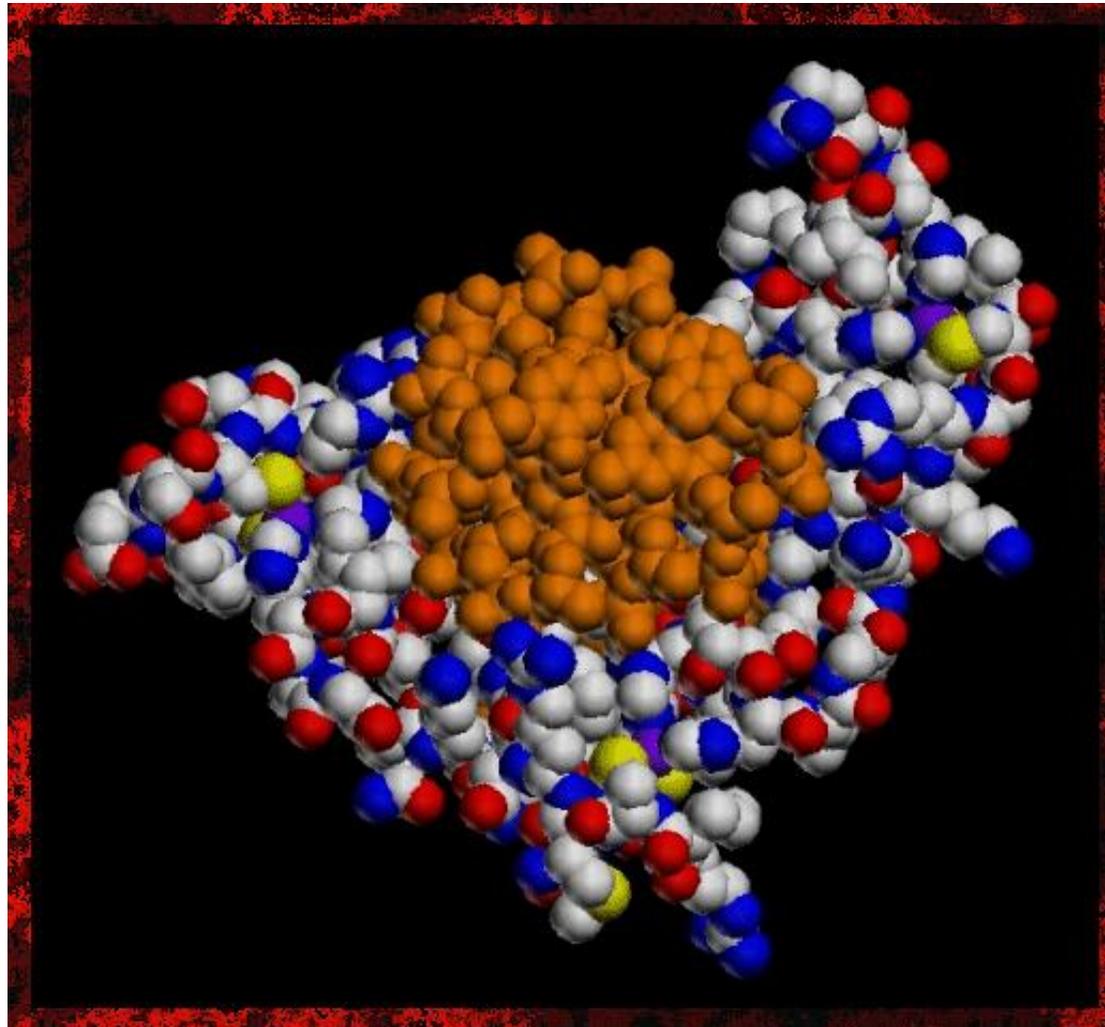
Спираль – петля – спираль
(Helix-Loop-Helix)





ДНК – связывающие домены

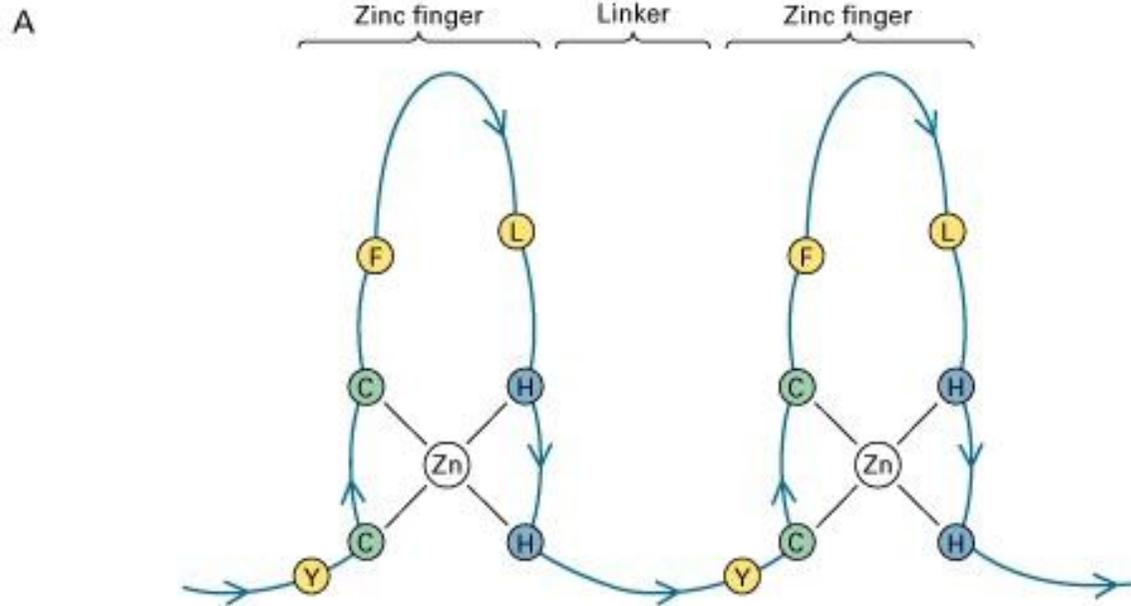
Домены, координированные атомами цинка (Zn - finger)





ДНК – связывающие домены

Домены, координированные атомами цинка (Zn - finger)



B

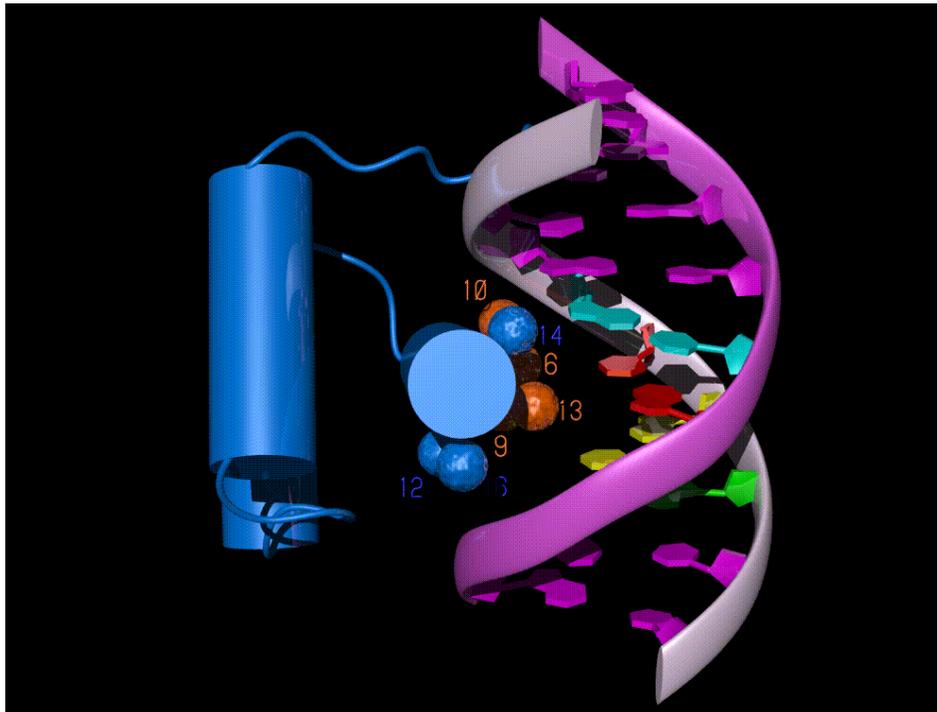
1	Y	I	C	S	F	A	D	C	G	A	A	Y	N	K	N	W	K	L	Q	-	A	H	L	C	-	K	H						
2	T	G	E	K	-	P	F	P	C	K	E	E	G	C	E	K	G	F	T	S	L	H	H	L	T	-	R	H	S	L	-	T	H
3	T	G	E	K	-	N	F	T	C	D	S	D	G	C	D	L	R	F	T	T	K	A	N	M	K	-	K	H	F	N	R	F	H
4	N	I	K	I	C	V	Y	V	C	H	F	E	N	C	G	K	A	F	K	K	H	N	Q	L	K	-	V	H	Q	F	-	S	H
5	T	Q	Q	L	-	P	Y	E	C	P	H	E	G	C	D	K	R	F	S	L	P	S	R	L	K	-	R	H	E	K	-	V	H
6	A	G	-	-	-	Y	P	C	K	K	D	D	S	C	S	F	V	G	K	T	W	T	L	Y	L	K	H	V	A	E	C	H	
7	Q	D	-	-	-	L	A	V	C	-	-	D	V	C	N	R	K	F	R	H	K	D	Y	L	R	-	D	H	Q	K	-	T	H
8	E	K	E	R	T	V	Y	L	C	P	R	D	G	C	D	R	S	Y	T	T	A	F	N	L	R	-	S	H	I	Q	S	F	H
9	E	E	Q	R	-	P	F	V	C	E	H	A	G	C	G	K	C	F	A	M	K	K	S	L	E	-	R	H	S	V	-	V	H



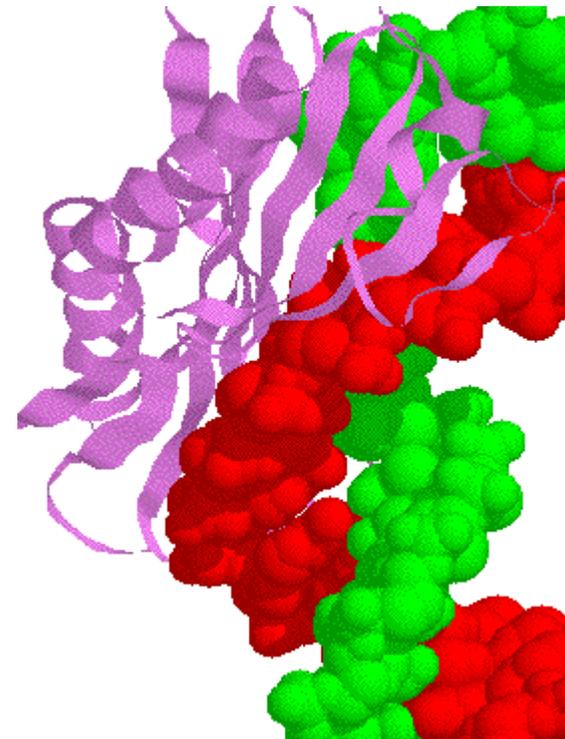
ДНК – связывающие домены



Спираль - поворот - спираль
(Helix - turn - helix)



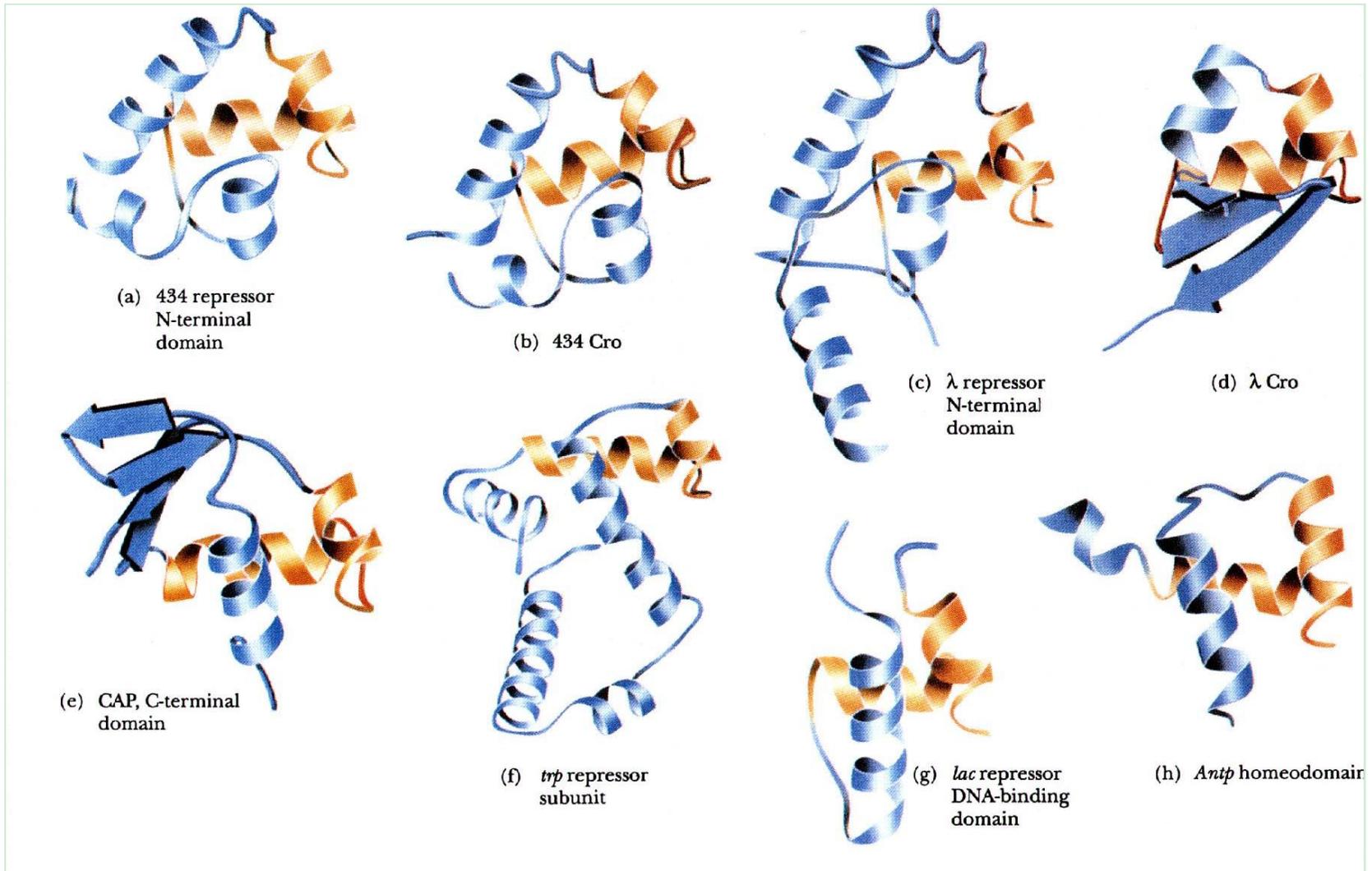
β -scaffold
(TATA - box +
DNA - polymerase)





ДНК – связывающие домены

Домены с мотивом Спираль – поворот – спираль (helix – turn - helix)





Система B-DNA Video

Интерфейс системы B-DNA Video в системе Gene Express

Address  <http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/gnw/bdna/>

 **Gene Express 2.1**

HOME DNA RNA PROTEIN GENENETWORKS MAP



B-DNA-VIDEO. This database is designed to study the sets of various transcription factor binding sites, providing evidence that transcription factor binding sites are characterized by specific sets of significant conformational and physicochemical DNA properties. For a fixed site, by using the B-DNA features selected for this site recognition, the C-program recognizing this site may be generated, control tested and stored in the database B-DNA-VIDEO. Each B-DNA-VIDEO entry links to the Web-applet recognizing the site, whose significant B-DNA features are stored in this entry as the 'site recognition programs'. The pairwise linked entry-applet pairs are compiled within the B-DNA-VIDEO system, which is simultaneously the database and the program tools package applicable immediately for recognizing the sites stored in the database. Indeed, this is the novelty.

ACCESS to B-DNA SRS ACCESS : [SAMPLES](#) **[FEATURES](#)** [PROFILE LIST](#) [PROPERTY](#)
Recognition: [bDNA Profiles](#) [DNA Property Plot](#)

General information	User's guide
B-DNA publications	HELPS
B-DNA workgroup	Format description:
B-DNA introduction	FEATURES
	The conformational and physico-chemical DNA properties.
	How to use the Recognition Tools?
	Significant conformational and physico-chemical features
	Mean Recognition



Система B-DNA Video

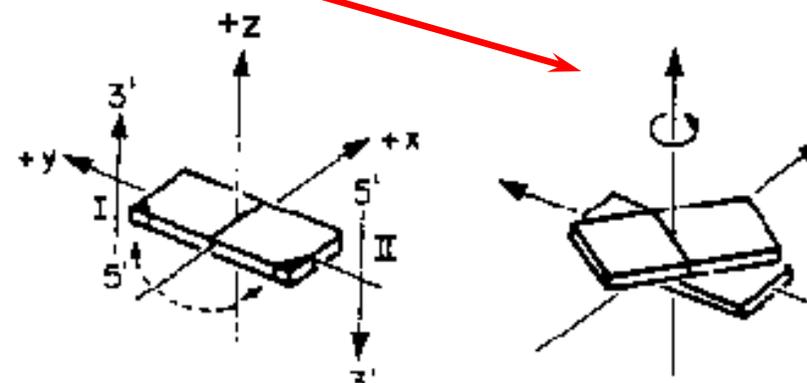
Система B-DNA Video: База данных PROPERTY



Карточка БД Property

```
MI P0000001
MN Conformational
MD B-DNA
ML dinucleotide step
YY
HN SCI00001
YY
RN RF000012
RN RF000017
XX
PN Twist
PM Calculated by Sklenar, and averaged by Ponomarenko
PV TwistCalc
PU Degree
YY
WW http://www.mgs.bionet.nsc.ru/Programs/acts2/images/TWIST.html
YY
WW http://www.mgs.bionet.nsc.ru/Programs/acts2/gallery/TwOO\_bDNA.html
YY
DINUCLEOTIDE
AA 38.90
AT 33.81
AG 32.15
AC 31.12
TA 33.28
TT 38.90
TG 41.41
TC 41.31
GA 41.31
GT 31.12
GG 34.96
GC 38.50
CA 41.41
CT 32.15
CG 32.91
CC 34.96
//
```

```
HN SCI00001
HH Ponomarenko Mikhail Pavlovich, Ph.D.
CV http://www.mgs.bionet.nsc.ru/mgs/info/pon\_mp/
HP +7-3832-333-119
HF +7-3832-331-278
HE pon@bionet.nsc.ru
HL Laboratory of Theoretical Molecular Genetics
HI Institute of Cytology and Genetics
HD Siberian Branch
HM Russian Academy of Science
HC Russia
HA 10 Lavrentyev Ave., Novosibirsk, 630090, Russia
WW http://www.mgs.bionet.nsc.ru/Programs/acts2/
WW http://cl.sdsc.edu/
WW http://www.bionet.nsc.ru/SRCG/Activity/
```



Coordinate frame

Twist(Ω)

38 карточек, создана в 1997
году М.П и Ю.В. Пономаренко



Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: программа Property plot



DNA Property Plot

Input DNA Sequence :

from Screen:

from DB:

Bases Available: EMBL by ID from Heidelberg (SRS5)

from File:

Browse...

[File formats](#) here.

Choose Property:

Twist

Start Position :

1

End Position: All

Window Size

3

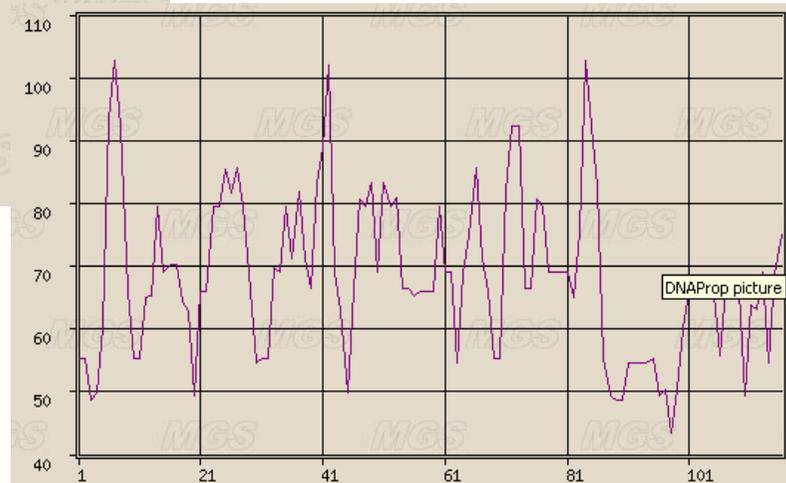
Execute

Reset form

[About](#)

Результат анализа участка промотора
вблизи старта транскрипции по
величине температуры плавления

Интерфейс Internet –
доступной программы
для построения
профилей
конформационных и
физико – химических
свойств
последовательностей
ДНК





Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных SAMPLES



Карточка БД SAMPLES

Содержит 80 выборок
сайтов связывания ТФ
и других биологически
значимых
последовательностей

```
FI AP-1
NM The sample of AP-1 (PEA1; (Jun)2; AP1; Fos/Jun; yAP1; PAR1; PDR4; SNQ3)
NM transcription factor DNA binding sites with flanks
NM (based on TRANSFAC and EMBL databases).
NM The sample contains 69 sequences.
NM The sites with the location determined experimentally
NM are taken into account. (Please, pay attention to the fields MM and BF
NM in the SITE tables of TRANSFAC database. They contain
NM the name of the method and the parameter quality of the site.)
NM The sites are aligned relative to the centers of the
NM TRANSFAC sequence regulatory elements (the field SQ
NM in the SITE table of TRANSFAC database)
NM so that the total length of the sequences was equal to 120 bp.
OR Institute of Cytology and Genetics, Novosibirsk, Russia
AU Julia Ponomarenko
DA 19-SEP-1997
LU 21-JUL-1998; Julia Ponomarenko
ST {0,0} ; AP-1 binding site; AP-1.
FV 1.0
WA Aligned: AP-1
WF Features: AP-1
WW http://www.mgs.bionet.nsc.ru/programs/acts2/images/FOS\_JUN.html
*****
ID AP_10001; DNA
AC AP_10001
OS Simian virus 40
OC Viruses; dsDNA viruses, no RNA stage; Papovaviridae; Polyomavirus.
DR TRANSFAC; R01385; SV$SV40_17; 3.2;
DR EMBL; V01380; SV40XX; ; join(57..176)
FT {0,0} [57;64] direct; EXP
FT {0,0} [58;66] direct; GBS
FT {0,0} [58;63] reverse; RCG
SQ ggaactgggc ggagttaggg gcgggatggg cggagttagg ggcgggacta tggttgctga
ctaattgaga tgcattgttt gcatacttct gcttgctggg gagcctgggg actttccaca
//
ID AP_10002; DNA
AC AP_10002
OS Simian virus 40
OC Viruses; dsDNA viruses, no RNA stage; Papovaviridae; Polyomavirus.
DR TRANSFAC; R01394; SV$SV40_26; 3.2;
DR EMBL; V01380; SV40XX; ; join(129..248)
```



Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных SAMPLES



Описание формата БД SAMPLES

key	description
ID	identification
AC	accession number
DT	date
DE	description
KW	keyword
OS	organism species
OC	organism classification
OG	organelle
RN	reference number
RC	reference comment
RP	reference positions
RX	reference cross-reference
RA	reference author(s)
RT	reference title
RL	reference location
DR	database cross-reference
FT	site description
CC	comments or notes
SQ	sequence header
bb - (blanks)	sequence data
//	termination line



Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных FEATURES



БД B-DNA-FEATURE содержит данные по тем конформационным и физико – химическим свойствам, которые значительно отличаются от значений свойств для случайных выборок. Анализируемые выборки были взяты из БД SAMPLES

Каждый вход B-DNA-FEATURE соответствует значимым конформационным и физико – химическим особенностям (features) сайта. Эти матрицы были вычислены на основе данных БД PROPERTY. Только 50% анализируемой выборки было использовано для расчета матрицы. Каждая найденная особенность была использована для написания C-кода распознающей программы и код сохранен во ссылке [C-CODE](#) каждого входа базы. C-код для среднего распознавания ([Mean Recognition](#)) был также включен в каждый вход.

Оставшиеся 50% выборки были использованы для КОНТРОЛЯ. Контрольные результаты тестирования каждой программы были сохранены в полях [ST](#) (Means, Standard Deviation, False Negatives for Control Sequences), [NT](#) (Means, Standard Deviation, False Positives for Random Sequences), and [FG](#) (Graphical Representation of Test Results).



Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных FEATURES



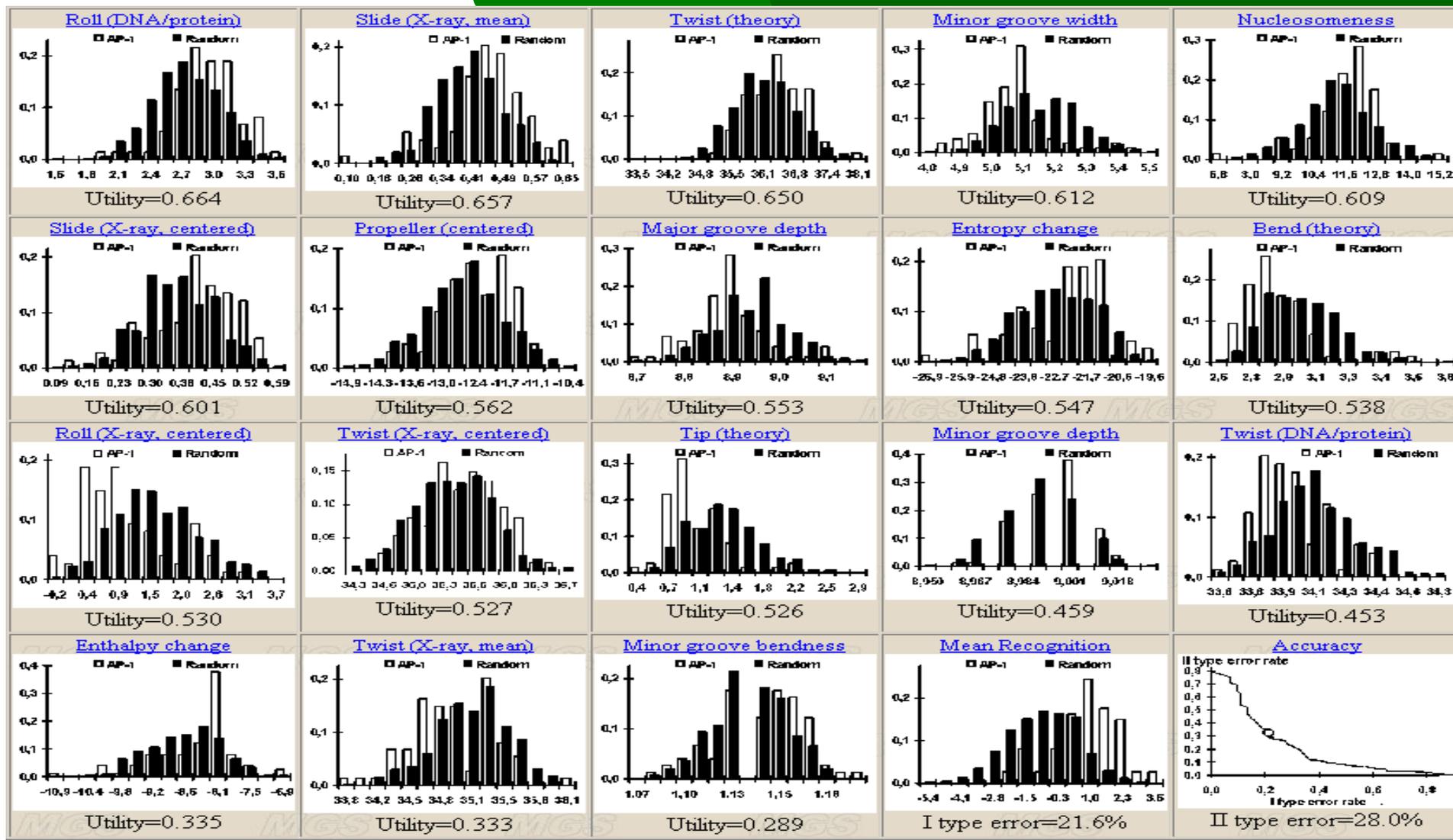
Format description

MI	Entry ID
MN	Site Name
HN	SCIENTIST
DR	SRS-links
WW	Web-link to Recognition Tools
DP	Link to PROPERTY database
PV	Property Name
HL	Feature Indicator
AB	Analyzed Region
UT	Utility
ST	Means, Standard Deviation, False Negatives for Control Sequences
NT	Means, Standard Deviation, False Positives for Random Sequences
FG	Graphical Representation of Test Results
C-CODE	



Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных FEATURES





Система B-DNA Video

Система B-DNA Video: База данных FEATURES

Интерфейс Internet – доступной программы для распознавания сайта связывания ТФ AP-1 по значимым конформационным и физико – химическим особенностям из БД FEATURES – карточка БД B-DNA PROFILES

AP-1 transcription factor binding DNA-region

Input DNA Sequence :

from Screen:

from DB: Bases Available: SRS5 from Heidelberg (EMBL) by ID

from File: Browse... [File formats here.](#)

Execute Reset form

Select one of the B-DNA Features listed below to analyse the Sequence inputted:

- AP-1 has Highest Twist (theory)
- AP-1 has Lowest Bend (theory)
- AP-1 has Lowest Tip (theory)
- AP-1 has Lowest Major groove depth (theory)
- AP-1 has Lowest Minor groove width (theory)
- AP-1 has Highest Minor groove depth (theory)
- AP-1 has Lowest Twist (X-ray, averaged)
- AP-1 has Highest Slide (X-ray, averaged)
- AP-1 has Highest Roll (DNA/protein)
- AP-1 has Lowest Twist (DNA/protein)
- AP-1 has Highest Probability to be contacting nucleosome core
- AP-1 has Highest Mobility to bend towards Minor groove
- AP-1 has Highest Twist (X-ray, centered)
- AP-1 has Lowest Roll (X-ray, centered)
- AP-1 has Highest Slide (X-ray, centered)
- AP-1 has Highest Propeller (X-ray, centered)
- AP-1 has Highest Enthalpy change
- AP-1 has Highest Entropy change
- AP-1 has the Positive Mean B-DNA-Score



Локальные конформационные и физико-химические свойства ДНК важны при взаимодействии ДНК с белком

Сайты связывания транскрипционных факторов (ССТФ) – это участки ДНК длиной 5-25 п.н., с которыми

связываются транскрипционные факторы.

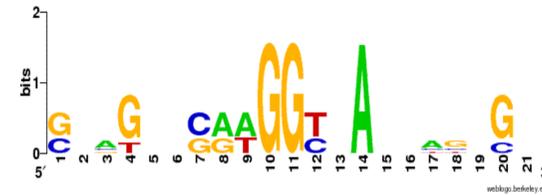
Консенсус: nBSRWGGYAn

Матрица встречаемости:

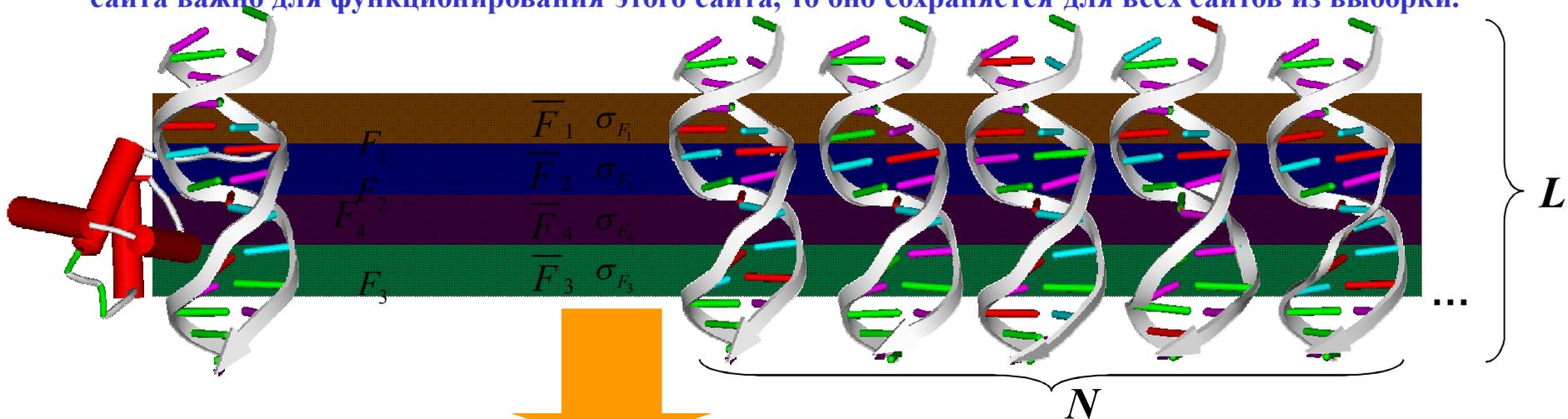
ggagtTCAAGGTAAtaagggc
 ccagatCATGGCTAggtgaga
 gaggggggAGGTCAacactcc
 ctagcgggTGGCTAcgagagg
 gtctcCCAAGGTCAtccttgt



A	1	0	0	3	3	0	0	0	5	1
T	1	2	0	0	2	0	0	3	0	2
G	1	2	2	2	0	5	5	0	0	1
C	2	1	3	0	0	0	0	2	0	1



Предполагается, что если значение конкретного свойства ДНК в определенном участке последовательности сайта важно для функционирования этого сайта, то оно сохраняется для всех сайтов из выборки.



$$\overline{F}_{il} = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N F_{ikl}$$

$$\sigma^2_{F_{il}} = \frac{1}{N-1} \sum_{k=1}^N (F_{ikl} - \overline{F}_{il})^2$$



SITECON: метод выявления консервативных конформационных и физико-химических свойств ДНК

Выравнивание сайтов

```
tcaatccctg ggtttgccca ...
acagctagaa ttgtctccta ...
cttccagatt cctgagaggc ...
tgccttcta tcactgaata ...
```

Сопоставление каждому динуклеотиду определенной величины конформационного или физико-химического свойства F_i

```
1.2, 1.4, 2.1, 3.1, 1.6, 1.8, 2.5, ...
2.3, 3.1, 3.7, 3.2, 1.8, 1.2, 2.1, ...
1.3, 3.1, 2.6, 2.4, 1.6, 2.3, 1.3, ...
2.8, 1.4, 2.6, 1.8, 3.2, 1.5, 2.1, ...
```

Оценка среднего \bar{F}_i и дисперсии σ_{F_i} для каждого свойства F_i в каждой позиции k выравнивания

$$\bar{F}_i = \frac{1}{N} \sum_k F_{ik}, \quad \sigma_{F_i} = \frac{1}{N-1} \sum_k (F_{ik} - \bar{F}_i)^2$$

Оценка с помощью критерия χ^2 консервативности σ_{F_i} каждого свойства i в каждой позиции k в сравнении со случайными последовательностями.

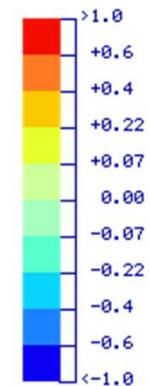
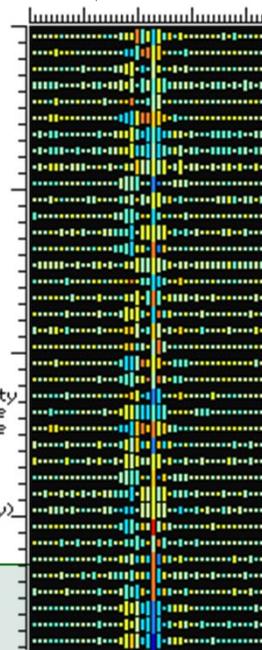
На диаграмме размер блока соответствует уровню значимости, а цвет – отклонению от среднего для случайных последовательностей

$$\bar{F}_{show} = \frac{\bar{F}_{il} - \bar{F}_{rand}}{\sigma_{rand}}$$

Свойство

- 1 Twist (averaged)
- 2 Rise (averaged)
- 3 Bend (averaged)
- 4 Tip (averaged)
- 5 Inclination (averaged)
- 6 Major groove Width
- 7 Major groove Depth
- 8 Minor groove Width
- 9 Minor groove Depth
- 10 Roll (Free DNA)
- 11 Twist (Free DNA)
- 12 Tilt (Free DNA)
- 13 Slide (Free DNA)
- 14 Roll (DNA/protein)
- 15 Twist (DNA/protein)
- 16 Tilt (DNA/protein)
- 17 Slide (DNA/protein)
- 18 Twist (Regressed X-rays)
- 19 Wedge (Regressed X-rays)
- 20 Direction (Regr. X-rays)
- 21 Persistence length
- 22 Melting Temperature
- 23 Nucleos. cont. probability
- 24 Bend towards Major groove
- 25 Bend towards Minor groove
- 26 Twist (Averaged X-ray)
- 27 Tilt (Averaged X-ray)
- 28 Roll (Averaged X-ray)
- 29 Slide (Averaged X-ray)
- 30 Propeller (Averaged X-ray)
- 31 Minor groove size
- 32 Minor groove distance
- 33 Major groove size
- 34 Major groove distance
- 35 Clash strength
- 36 Enthalpy change
- 37 Entropy change
- 38 Free Energy change

Позиция



Цвета элементов отражают отклонение среднего значения свойства от его среднего значения для случайных последовательностей.

Размер элемента соответствует уровню достоверности консервативности свойства

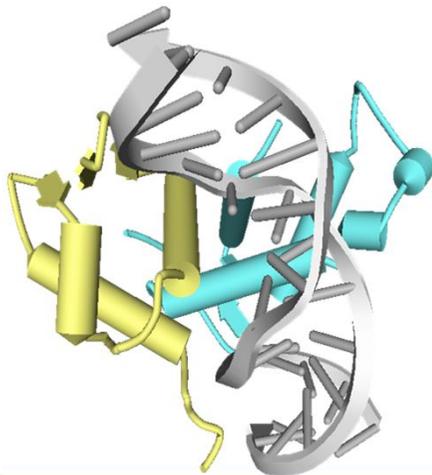


Анализ сайтов связывания E2F/DP

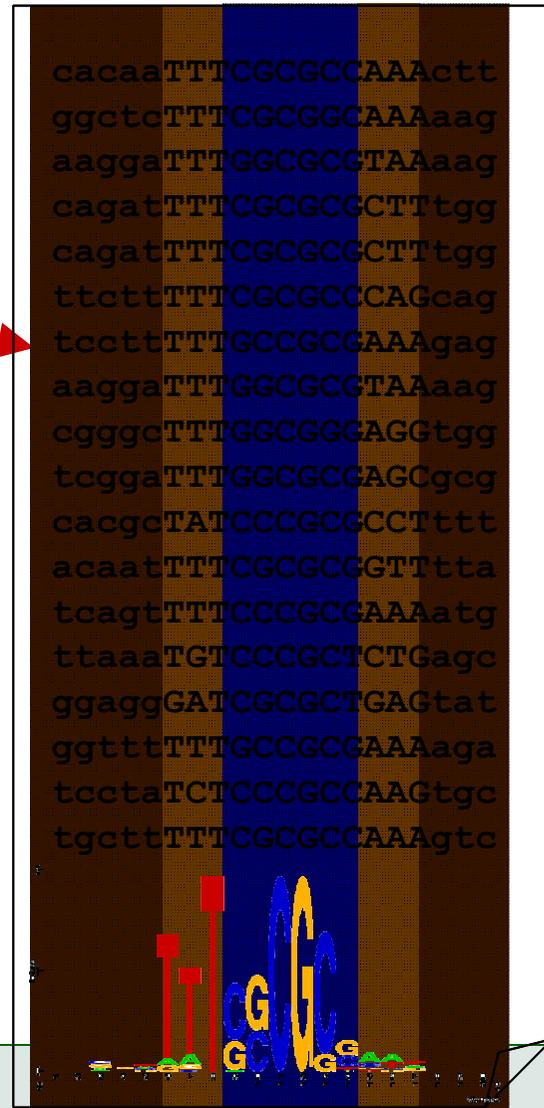


Выборка 40 сайтов связывания гетеродимера E2F/DP длиной 49 п.н. были взяты из базы данных TRRD

ТФ E2F участвуют в регуляции генов клеточного цикла млекопитающих. Связываются с ДНК в форме гетеродимеров E2F/DP.



```
ggggggggggggccacaaTTTCGCGCCAAAacttaccgcgcgttctgc  
gctcggcgctcgtcgtcTTTCGCGCCAAAaagatTTTggcgctaaa  
tctttcggcgcaaaaaggaTTTGCGCGTAAaagggccgggactttgc  
acgtcccgcagctgagatTTTCGCGCGCTTtggcgaggtggttgg  
acgtcccgcagctgagatTTTCGCGCGCTTtggcgaggtggttgg  
gccaatggcccagctctttTTTCGCGCCAGcagctgctataaaatgcg  
tttacgcgcaaaaactttTTTCGCGGAAAagccacgcgcgcgcgaa  
tctttcggcgcaaaaaggaTTTGCGCGTAAaagggccgggactttgc  
atcagaatcgaggcggggcTTTGCGGGAGGtggaaacgctgtggccat  
aacgctgtggccatccggaTTTGCGCGGAGCgctggagatttgcgctg  
tccatccggtagcgcacgcTATCCCGCGCCTtttcaagcactttggtt  
gtacacaggaagtgcacaaTTTCGCGCGGTTtatggcgatggtttagt  
tcaacttctcttattcagttTTCGCGGAAAatgccaatcttactcg  
cgcgcgcagggattttaaTGTCGCGCTCTGagcggggcgcaggagcag  
gaaaaagaacggagggaggGATCGCGCTGAGtataaaagccggtttcg  
gggaccagaggggaggtttTTTGCGCGAAAagaccacgtggggacgcg  
tcacagaaccactttcctaTCTCCCGCAAGtgcgtcggcgccgcccgg  
ctgctgcgcgaaactgcttTTTCGCGCCAAAgtcacaaagcgggtggtg  
acacagctcagggctgcgaTTTCGCGCCAAAactgacggcaaatcctag  
tttcaattatcaggtcggatTTTCGCGCCAAAatatagcagtcattttaa  
gtagctctgttatcgatatTTCCCGCCATTcccgttttgatcatctc  
ttatcgatatggtcccgcATTCGCGCTTTGatcatctccatccctgg  
ccgcggcggaagtgcagttTTTCGCGGTTggacgcggcgctcagtgg  
cagcgcggggcgaatgcaaTTTCGCGCCAAAactgggggaagcacagcg  
gctgactcttaaggactagTTTCGCGCCCTTctcacaatttaagcgcga  
cccctcgtgctcccggcgTTTGCGCGCCGccccctcccctgcgcc  
gcactgcagggggcgcagaTTTGCGGGAGGgggaggtccaagctct  
gcgcgctaggaagcggTTTGCGGGTTTtctctgtgctgctcct  
gccatccggtagcgcacgcTATCCCGCGCCTtttcaagcactttcgttt  
gatccctccctccgttcttTTTCGCGCAAGcctctgagaagccctgcc  
aaatTTTTgagtttcaaatTTTGCGCCACTatTTtagatatttcaaat  
tgccgcgctggttacagttTTTGCGCAATTccacctgcccgttttcc  
tgccgcgctggttacagttTTTGCGCAATTccacctgcccgttttcc  
cggcatgcgcgcgggctTTTGCGGGGAGcgcggggcgggcccggaca  
ggttttgaaatcactgcgcgTTTCGCGCGCTggggtcaggggtcaggg  
caattacaatctatctaaaATTCCCGCGCTCtccgtcgcgaaggaaacc  
ccgctggagatgacgtagTTTCGCGCTTAAatttgagaaagggcgcga  
ctgttcttgcagttcaagTATCCCGGACTattgaaatggaccaatga  
cgcgcgcagggattttaaTGTCGCGCTCTGagcggggcgcaggagcag  
attggtgaaatccggggcccTTAGCGCGGTGagtttgaactgctcga
```

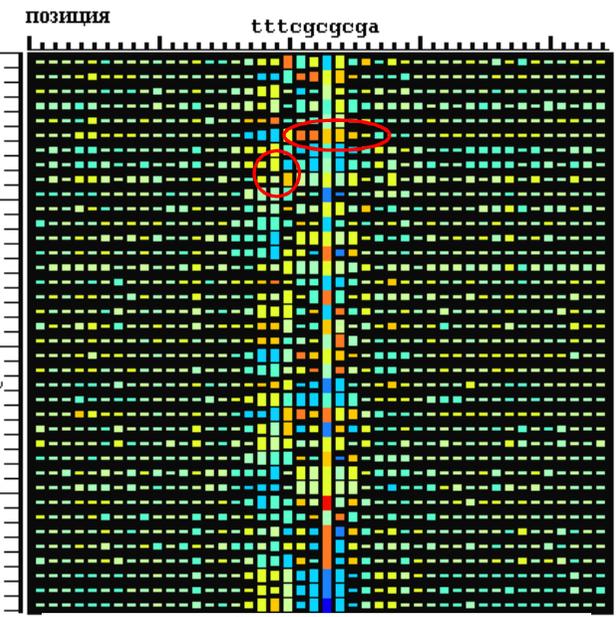




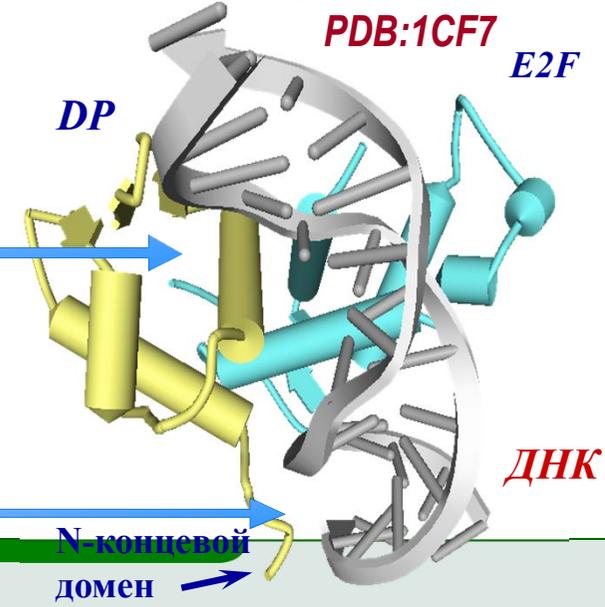
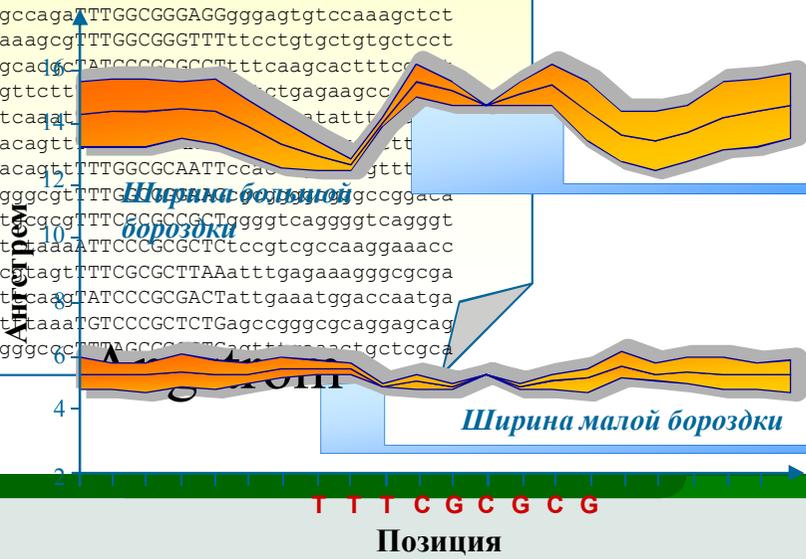
Анализ консервативных контекстно – зависимых свойств ДНК сайтов связывания E2F/DP

ggggcgggcgccacaaTTTCGCGCCAAActtgaccgcgcttctgc
gctcggcgctcgtggctcTTTCGCGCCAAAggattggcgcgtaaa
tctttcggcgcaaaaaggaTTTCGCGCGTAAAggtggccggactttgc
acgtcccgcagctgcagatTTTCGCGCGCTTtggcgaggtggttgg
acgtcccgcagctgcagatTTTCGCGCGCTTtggcgaggtggttgg
gccaatggcccagcttctttTTTCGCGCCAGcagctctataaaaatgcg
ttttacgcgcaaatcctttTTTCGCGCGAAAgaccacgcccgcgaa
tctttcggcgcaaaaaggaTTTCGCGCGTAAAggtggcccggactttgc
atcagaatcgaggccgggTTCGCGGGAGGtgggaacgctgtggccat
aacgctgtggccattcgaTTTCGCGCGAGCgcggtggagtgtgctgc
tccatccggtagcgcacgcTATCCCGCGCCTtttcaagcactttcgttt
gtacacaggaagtgacaatTTTCGCGCGGTTttagcgagatgtttagt
tcacttctcttattcagttTTTCGCGCGAAAatggcacaatcttactcg
cgcgcgaggattttaaTGTCGCGCTCTGagccgggagcaggagcag
gaaaaagaacggaggagGATCGCGCTGAGtataaaagccggttttgc
gggaccagaggaggtttTTTCGCGCGAAAagaccagctggggcgcg
tcacagaaccactttcctaTCTCCCGCAAGtgcgtcggcgcgcccgg
ctgctgcgcaacctgctttTTTCGCGCCAAAgtcacaagcgggtggtg
acacagctcagggtcgcgTTTCGCGCCAAActtgacggcaaatcctag
tttcaattatcaggtcgaTTTCGCGCCAAAtatagcagtcattttaa
gtagctcgtttatcgataGTTCCCGCATTcccgctttgatcatctc
ttatcgatatgttcccgcATTCGCGCTTtGatcatctcctcatcctgg
ccgcccgggaagtgacgtTTTCGCGCGGTTggacgcccgcctcagttg
cagcggggcgcaatgcaTTTCGCGCCAAActtggggaaagcacagcg
gctgactcttaaggactagTTTCGCGCCCTTtctcaaatttaagcgcga
cccctgcgtctcccggTTCGCGCCCGCgccccctcccctgcgccc
gcactcagggggcgccagaTTTCGCGGGAGGgggagtgtccaaagctct
gcgcgctaggcaagcTTTCGCGGTTTtctctgtgctgtgctcct
gcatccggtagcgcacgTATCCCGCGCCTtttcaagcactttctc
gatccctcccctcgttctttctgagaagccctgagaagccctgagaagcc
aaatttttgagtttcaaatTTTCGCGCGCTTtctctgtgctgtgctcct
tgccgctggtttacagtttttttttttttttttttttttttttttttt
tgccgctggtttacagtttttttttttttttttttttttttttttttt
cgcatgcccgggggTTCGCGCGCGTggggcaggggtcaggggtcaggg
ggttttgatcactcggTTCGCGCGCGTggggcaggggtcaggggtcaggg
caattacaatctatcaaaTTTCGCGCGCTcctcgcgcaaggaacc
ccgctggagatgacgtTTCGCGCTTAAatttgagaaaagggcgcgga
ctgttcttgcagttcaaaTATCCCGCGACTattgaaatggaccaatga
cgcgcgaggatttcaaaTGTCGCGCTCTGagccgggagcaggagcag
attggtgaatccggggcTTTCGCGCGCTGagcttcaagctgctcga

- Свойство**
- 1 Twist (averaged)
 - 2 Rise (averaged)
 - 3 Bend (averaged)
 - 4 Tip (averaged)
 - 5 Inclination (averaged)
 - 6 Major groove Width
 - 7 Major groove Depth
 - 8 Minor groove Width
 - 9 Minor groove Depth
 - 10 Roll (Free DNA)
 - 11 Twist (Free DNA)
 - 12 Tilt (Free DNA)
 - 13 Slide (Free DNA)
 - 14 Roll (DNA/protein)
 - 15 Twist (DNA/protein)
 - 16 Tilt (DNA/protein)
 - 17 Slide (DNA/protein)
 - 18 Twist (Regressed X-rays)
 - 19 Wedge (Regressed X-rays)
 - 20 Direction (Regr. X-rays)
 - 21 Persistence length
 - 22 Melting Temperature
 - 23 Nucleos. cont. probability
 - 24 Bend towards Major groove
 - 25 Bend towards Minor groove
 - 26 Twist (Averaged X-ray)
 - 27 Tilt (Averaged X-ray)
 - 28 Roll (Averaged X-ray)
 - 29 Slide (Averaged X-ray)
 - 30 Propeller (Averaged X-ray)
 - 31 Minor groove size
 - 32 Major groove distance
 - 33 Major groove size
 - 34 Minor groove distance
 - 35 Clash strength
 - 36 Enthalpy change
 - 37 Entropy change
 - 38 Free Energy change



Цвета элементов отражают отклонение среднего значения свойства от его среднего значения для случайных последовательностей. Размер элемента соответствует уровню достоверности консервативности свойства





Исследование сайтов связывания двух представителей класса MADS белков (SRF и MCM1). Анализ сходства и различия выявленных конформационных особенностей

SRF (- 13 посл. ССТФ, 42 п.н.)

MCM1 (61 посл. ССТФ, 25 п.н.)

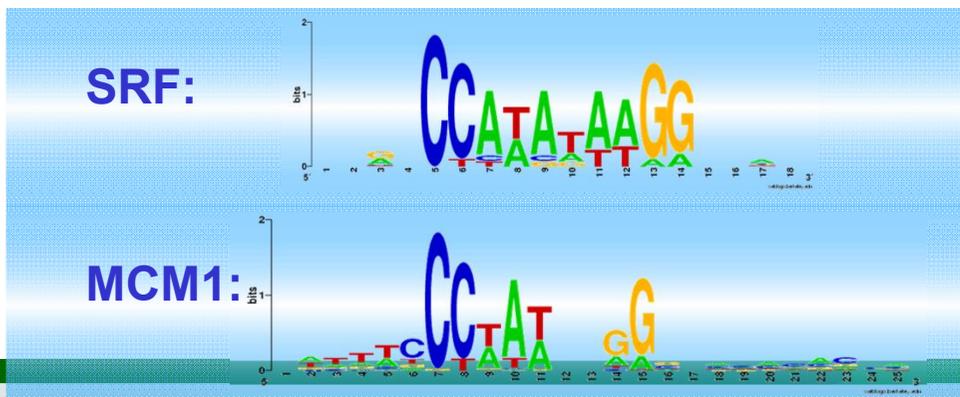
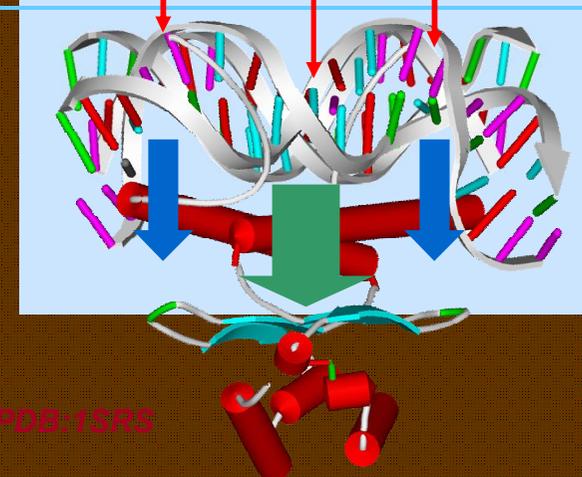
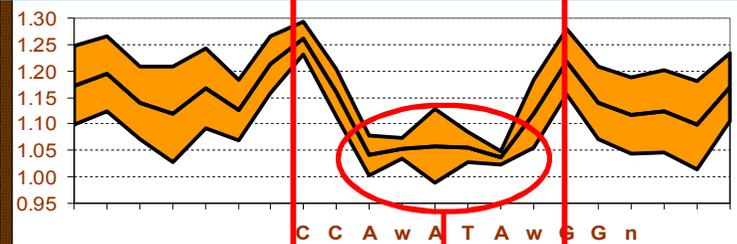
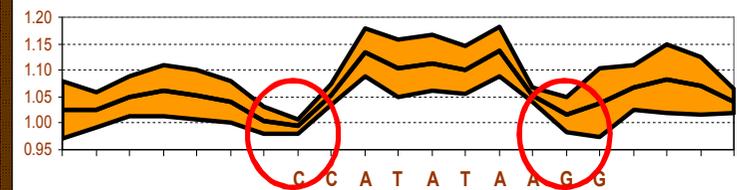
ДНК-связывающие домены этих ТФ обладают сходством – более 70%, их ДСД содержит консервативный район длиной 56 а.о., называемый MADS-бокс.

Изгибная жесткость:

▪ в сторону большой бороздки

▪ в сторону малой бороздки

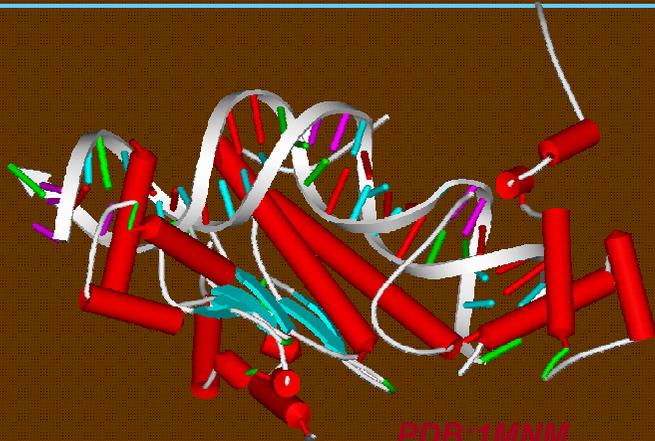
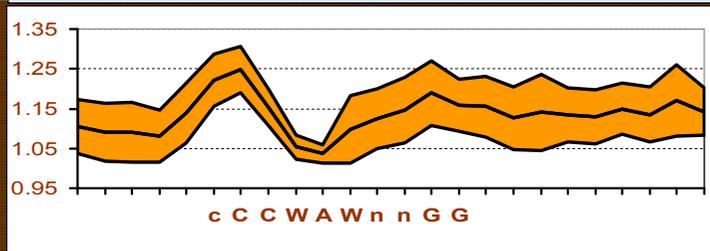
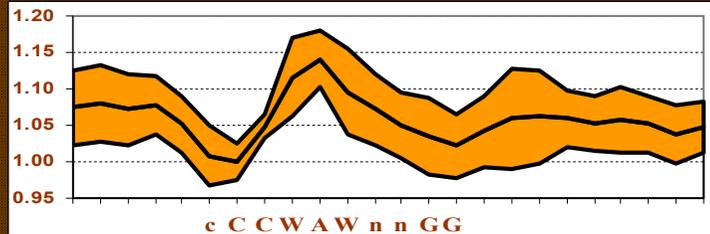
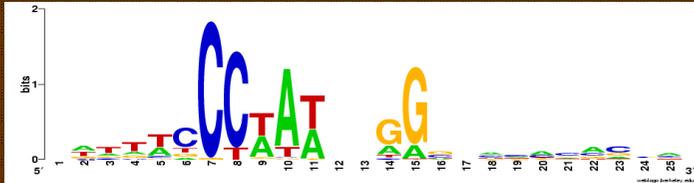
SRF





Исследование сайтов связывания двух представителей класса MADS белков (SRF и MCM1). Анализ сходства и различия выявленных конформационных особенностей

MCM1



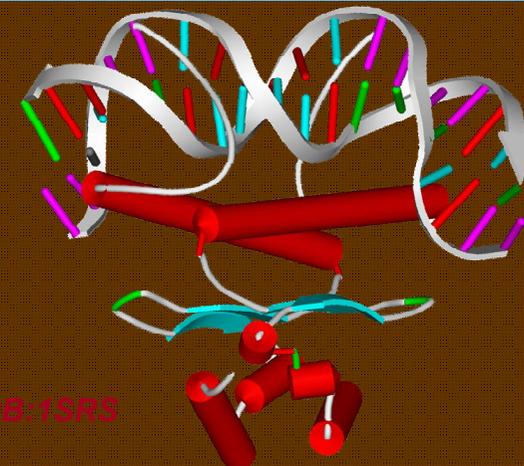
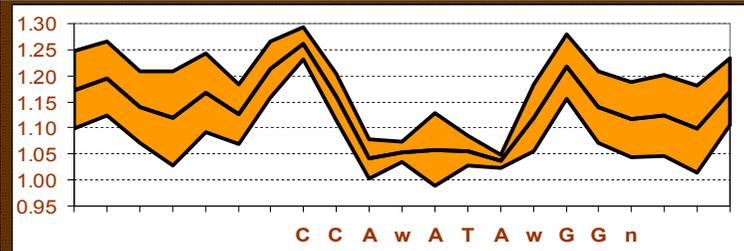
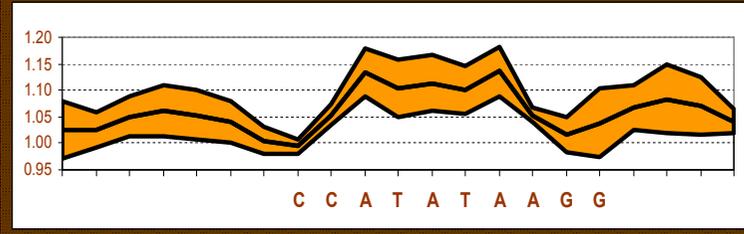
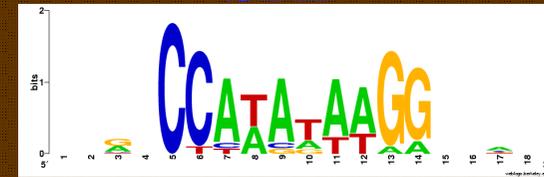
PDB:1MNM

Изгибная
жесткость:

■ в сторону
большой
бороздки

■ в сторону
малой
бороздки

SRF



PDB:1SRS



Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов по их значимым конформационным и физико-химическим характеристикам

Вероятность P_{il} i -го свойства в позиции l анализируемой последовательности принять требуемое для функционирования значение F_{il} , характерное для выборки сайтов данного типа при значении F_{il} соответствует распределению Гаусса

$$P_{il} = \frac{1}{\sqrt{2\pi} (\sigma_{F_{il}} + \sigma_{err}^i)} \exp \left[-\frac{1}{2} \left[\frac{(\overline{F_{il}} - F_{il})}{(\sigma_{F_{il}} + \sigma_{err}^i)} \right]^2 \right]$$

Величина конформационного сходства P_{Σ} - это сумма всех P_{il} для всех позиций l и всех свойств i :

$$P_{\Sigma} = \frac{\sum_{i=0, l=0}^{I, L} \delta_{F_{il}} P_{il}}{\sum_{i=0, l=0}^{I, L} \frac{\delta_{il}}{\sqrt{2\pi} (\sigma_{F_{il}} + \sigma_{err}^i)}}$$

где $\delta_{il} = 1$, если $\sigma_{F_{il}}^2$ значимо мало, иначе $\delta_{il} = 0$, σ_{err}^i - поправочный параметр

```

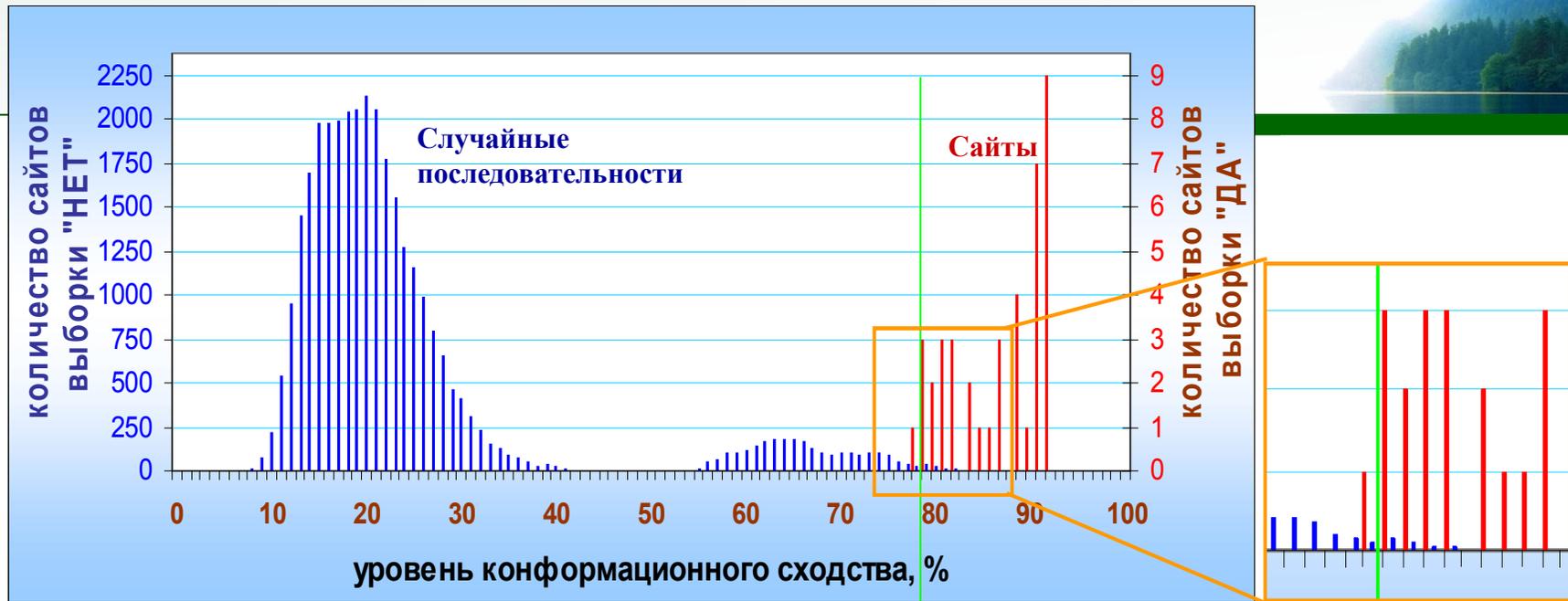
cacaatTTTCGCGCCAAActt
ggctcTTTCGCGGCAAAaag
aaggaTTTGCGCGTAAaag
cagatTTTCGCGCGCTTtgg
cagatTTTCGCGCGCTTtgg
ttcttTTTCGCGCCCAGcag
tccttTTTGCCGCGAAAgag
aaggaTTTGCGCGTAAaag
cgggcTTTGCGGGAGGtgg
tcggaTTTGCGCGAGCgcg
cacgcTATCCCGCGCCTttt
acaatTTTCGCGCGTtta
tcagtTTTCCCGCGAAAatg
ttaaaTGTCCCGCTCTGagc
  
```

$\overline{F_{il}}$
 $\sigma_{F_{il}}$
?
 F_{il}

```

ggactcctgcctgtccctgcgccatgacagccctcgatgtct
  
```

Распознавание сайтов связывания E2F/DP



Порог конформационного сходства

Ошибка I рода рассчитывается с применением подхода Jack-knife. Процедура включает в себя последовательное распознавание одной последовательности из обучающей выборки на основе обучения по выборке, не включающей распознаваемый сайт.

Ошибки II рода рассчитывается путем распознавания сайтов в последовательности длиной 1000000 п.о., сгенерированной путем многократного случайного перемешивания нуклеотидов обучающей выборки

Таблица ошибок распознавания ССТФ E2F/DP методом SITECON

Порог конформационного сходства	77%	78%	79%
Ошибка I рода (недопредсказание)	32.5%	35%	45%
Ошибка II рода (перепредсказание)	$2.1 \cdot 10^{-4}$ (1/4760)	$1.25 \cdot 10^{-4}$ (1/8000)	$7.5 \cdot 10^{-5}$ (1/13300)



Распознавание сайтов связывания транскрипционных факторов по их значимым конформационным и физико-химическим характеристикам

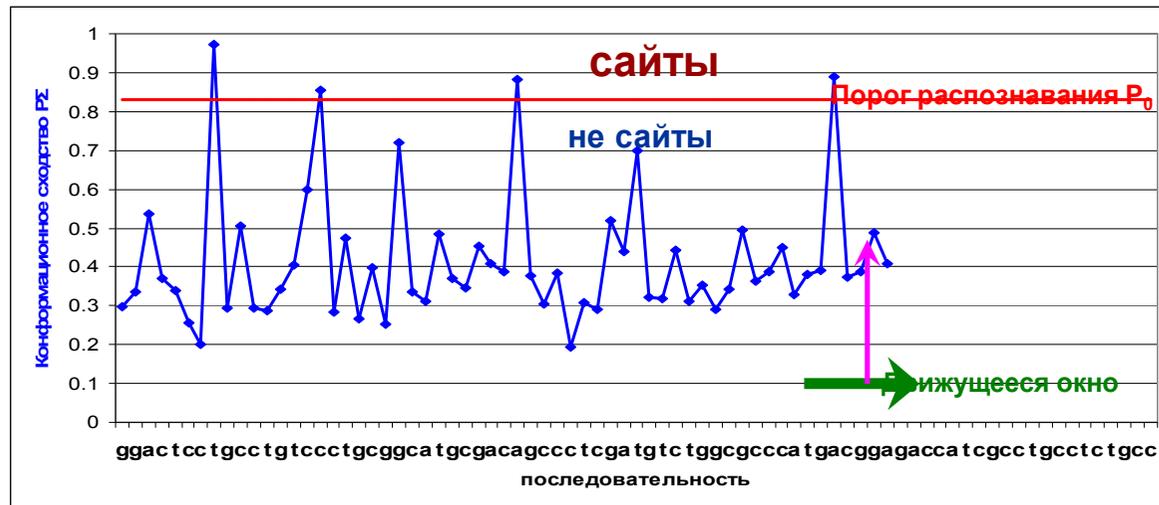
$$\bar{F}_{il} = \frac{1}{N} \sum_{k=1}^N F_{ikl} \quad \sigma_{F_{il}}^2 = \frac{1}{N-1} \sum_{k=1}^N (F_{ikl} - \bar{F}_{il})^2$$

Величина конформационного сходства $P_{\Sigma} = \sum_{i=0, l=0}^{I, L} \delta_{il} \frac{1}{\sqrt{2\pi}(\sigma_{F_{il}} + \sigma_{err})} \exp(-((\bar{F}_{il} - F_{il}) / (\sigma_{F_{il}} + \sigma_{err}))^2)$

где $\delta_{il} = 1$, если $\sigma_{F_{il}}$ значимо мало, иначе $\delta_{il} = 0$

$\sum_{i=0, l=0}^{I, L} \delta_{il}$

cacaaTTTCGCGCCAAActt
 ggctcTTTCGCGGCAAAaag
 aaggaTTTGCGCGGTAAaag
 cagatTTTCGCGCGCTTtgg
 cagatTTTCGCGCGCTTtgg
 ttcttTTTCGCGCCCAGcag
 tccttTTTGCCCGGAAAgag
 aaggaTTTGCGCGGTAAaag
 cgggcTTTGCGGGAGGtgg
 tcggaTTTGCGCGAGCgcg
 cacgcTATCCCGCGCCTttt
 acaatTTTCGCGCGGTTtta
 tcagtTTTCCCGGAAAatg
 ttaaaTGTCCTCTGagc
 ggaggGATCGCGTGAGtat
 ggtttTTTGCCCGGAAAaga
 tcctaTCTCCCGCCAAGtgc
 tgcttTTTCGCGCCAAAgtc



ggactcctgcctgtccctgcggcattgcgacagccctcgatgtctggcgcccatgacg



Выбор порога распознавания сайтов связывания SF-1

SF-1 (Steroidogenic factor 1) является одним из ключевых регуляторов экспрессии генов системы стероидогенеза млекопитающих

Нуклеотидные последовательности 54 сайтов связывания транскрипционного фактора SF-1 длиной 93 п.н. были взяты из базы данных TRRD

Для выбора порога распознавания ССТФ SF-1 было проведено его распознавание в промоторных районах 5-ти функциональных групп генов.

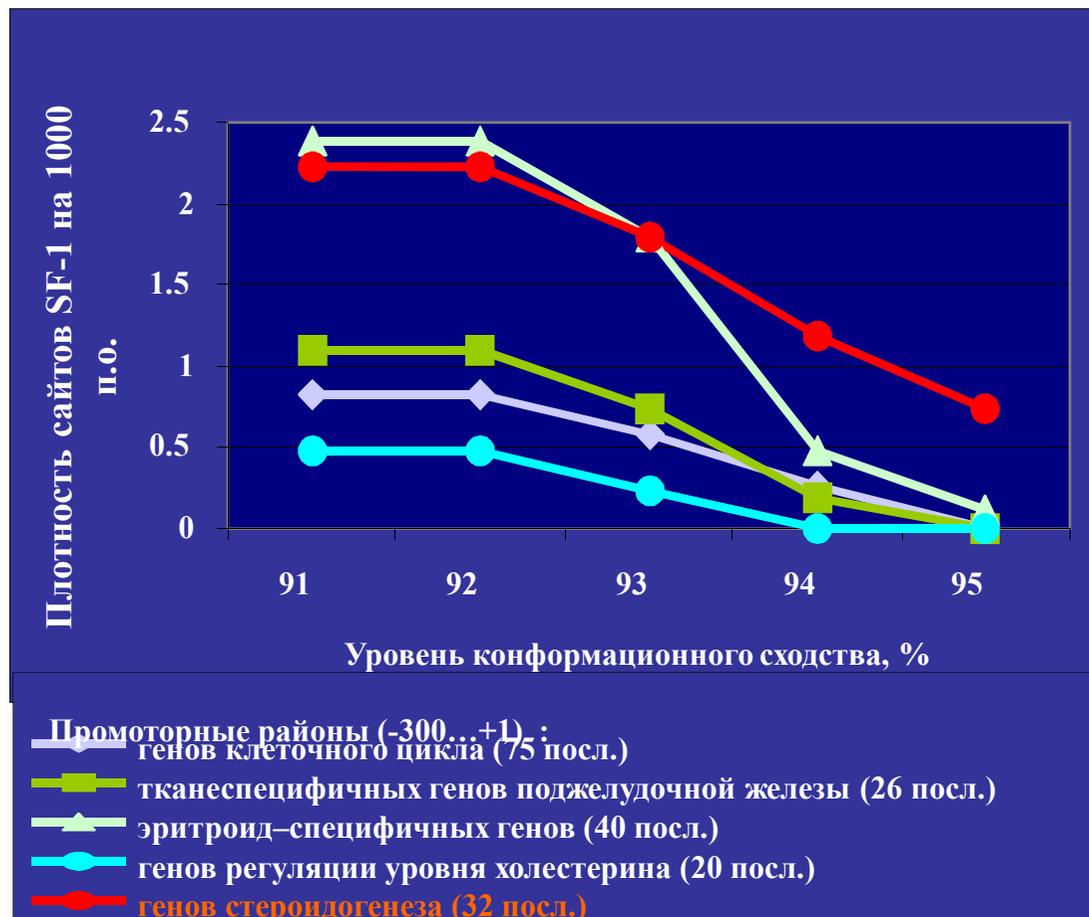


Таблица ошибок распознавания ССТФ SF-1 методом SITECON

Уровень конф. сходства	92%	93%	94%	95%
Недопредсказание	0.30	0.39	0.56	0.70
Перепредсказание	7.31E-04 (1/1368)	5.22E-04 (1/1915)	2.23E-04 (1/4484)	6.97E-05 (1/14347)



а) Исследованы промоторные районы (-500...+1) 32-х генов стероидогенеза, где экспериментальный поиск сайтов связывания SF-1 еще не проводился. **Выявлено 15** новых сайтов связывания SF-1

б) Исследованы промоторные районах генов уже содержащих экспериментально выявленные сайты. **Выявлено** дополнительно **3** новых сайта связывания.

Распознавание сайтов связывания SF-1

	Название гена (вид)	Позиция*	P**	Экспериментальное подтверждение
	а			
1	<i>Cyp17</i> (Mouse)	-283	0.944	+
2	<i>Cyp17</i> (Mouse)	-49	0.949	+
3	<i>Ad</i> (Bovine)	-428	0.962	+
4	<i>Cyp11B1</i> (Guinea pig)	-126	0.945	+
5	<i>Cyp11B3</i> (Rat)	-309	0.945	+
6	<i>Cyp11B1</i> (Sheep)	-337	0.947	+
7	<i>Oxt</i> (Mouse)	-164	0.966	+
8	<i>Oxt</i> (Rat)	-167	0.962	+
9	<i>Oxt</i> (Human)	-159	0.961	+
10	<i>Cyp11B2</i> (Rat)	-324	0.951	+
11	<i>HSD3b</i> (Mouse)	-113	0.942	+
12	<i>Ad4BP/SF-1</i> (Mouse)	-224	0.952	+
13	<i>CYP17</i> (Porcine)	-51	0.946	+
14	<i>HSD17BI</i> (Rat)	-84	0.941	+
15	<i>LH beta</i> (Porcine)	-114	0.959	+
	б			
16	<i>CYP17</i> (Human)	-44	0.944	+
17	<i>CYP17</i> (Rat)	-309	0.944	+
18	<i>LHbeta</i> (Ss)	-58	0.928	+

* Позиция указана относительно старта транскрипции

** Уровень конформационного сходства с известными сайтами связывания SREBP, оцененный методом SITECON

Экспериментальная проверка проводилась методом задержки комплекса ДНК/белок в геле (EMSA) с использованием экстракта ядер клеток семенников крыс и специфических антител к SF-1 в лаборатории регуляции экспрессии генов ИЦиГ СО РАН.

100%



ТФ SREBP участвуют в регуляции экспрессии генов липидного метаболизма и биосинтеза холестерина. 38 нуклеотидных последовательностей ССТФ SREBP SRE-типа длиной 40 п.н. были взяты из БД TRRD.

Исследованы промоторные районы (-500...+1) 46 генов липидного метаболизма.

Выявлено 50 новых сайтов связывания SREBP (уровень конформационного сходства >73%)

15 из них было отобрано для экспериментальной проверки *in vitro*

Распознавание сайтов связывания SREBP

Распределение значений конформационного сходства для положительной и отрицательной выборок

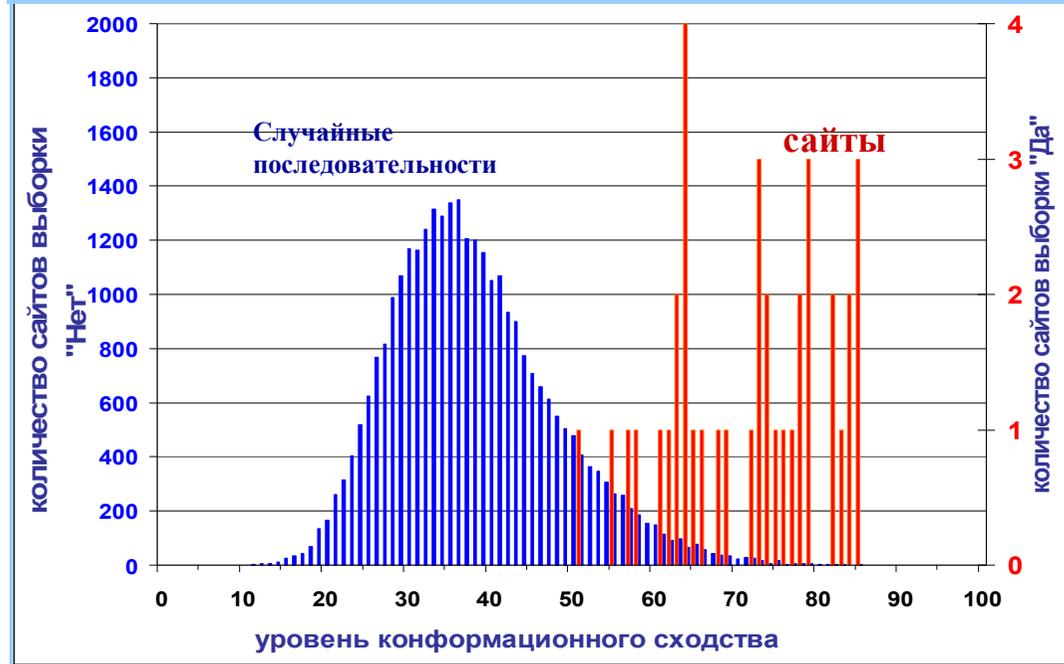


Таблица ошибок распознавания ССТФ SREBP методом SITECON

Уровень конф. сходства	73%	74%	75%	76%
Недопредсказание	0.53	0.58	0.61	0.63
Перепредсказание	7.55E-04 (1/1324)	5.65E-04 (1/1769)	4.15E-04 (1/2409)	3.20E-04 (1/3124)



Распознавание и результаты экспериментальной проверки сайтов связывания SREBP

Название гена (вид)	Позиция*	Ориентация	R**	Последовательность ССТФ	Экспериментальное подтверждение
А) Потенциальные SRE, имеющие уровень конформационного сходства более 73%					
1. MSR (человек)	-439	+	0.750	GGACCATGAGGTCAGGGGATCAAGACCATC	+
2. MSR (человек)	-303	+	0.778	GAGATCACACCCTGCACCTCCACCCTGGTG	+
3. MSR (человек)	-164	-	0.796	AGATAACTCACTCTTCAACCCATTTAGGCC	+
4. SCAP (человек)	-311	+	0.777	TCCTCCCCCGTCACACCAGGGGCCCGCGGA	+
5. FAS (цыпленок)	-484	+	0.756	GCCTAGCAACACCCTCACGGGCTCCGCATT	+
6. FAS (цыпленок)	-63	+	0.749	GGAGTAAACCGTCAGCCCATGTGGTGGCCG	+
7. ABCG1 (человек)	-558	-	0.732	CCCTTCCCCGCCACCCCAACCCGACGGTGT	+
8. INSIG1 (человек)	-385	+	0.736	GGCCCGAAAAAATCACCCCAAGGATGCAAGC	+
9. INSIG1 (человек)	-99	+	0.769	GCGGGGCAAGCTCAGGCCACGCCCTGGGC	+
10. LXRA (человек)	-81	-	0.780	CTGCCGAGGGGTCAGGCCACCCCTCCTTCC	+
11. CYP4A6 (кролик)	-641	-	0.783	ACAAGCATTTCCACCCCACTGCCCTCAACT	+
12. LPL (мышь)	-773	+	0.805	CCACACTCCTAGCACCCCATATCCCTCGC	+
13. CPT2 (человек)	-789	+	0.731	CAATCCGAGGTCACCTAACTAGATAACAAA	+
14. IBABP (мышь)	-67	-	0.863	AGCCCCAAAGTCACCCCACTTCTCAGTCCT	+
15. IBABP (человек)	-66	-	0.881	CAGCCCTAAGTCACCCCACTTCTTCTCCC	+
В) Потенциальные SRE, имеющие уровень конформационного сходства менее 73%					
16. LXRA (мышь)	-222	+	0.729	TCCTGTCCCTCAGGGCATCCACACACAA	+
17. PLCG1 (человек)	-36	+	0.728	GGGGTGGGGCTCAGGGCAGCCCGCCCGCG	+
18. RXRG (мышь)	+25	+	0.727	GGAAAGAGTCGCTCACAGCAGCCCAACCCAG	+
19. SRB1 (человек)	-769	+	0.725	GGGGGCCCGCTCACGGGTGGCATCCAG	-
20. MSR (человек)	-323	-	0.704	AGTGGTGTGATCTCAGCTCACTGCAACCTC	+
21. LXRA (человек)	-707	-	0.717	CAACTCAGGTGGCAGCCAGGATGGACCTG	+
22. LXRA (человек)	-894	-	0.717	CCAGCCCTGTTTCAGGGGTGTTGGGGGAGA	-
23. FAS (цыпленок)	-429	-	0.716	AGTGCCGGGCGGCACCCAACGCGGGGGCG	-
24. CAV1 (мышь)	-239	-	0.715	GACCCACAACCTCACCTGCTCCGTGGTCC	-
25. SIP (человек)	-101	+	0.713	GAACACGCCTGGGCATCCATTCGGGGCTG	-
26. ABCG1 (человек)	-390	+	0.712	CCCCGAGCCTCACCCGTGCTGGCCAGCC	+
27. INSIG1 (человек)	-47	-	0.712	GCGGGCCCGCATCACGTGAGCCTGCCCGG	-
28. FAS (цыпленок)	-129	+	0.705	CAGGGGCTGGCATCACCCCGGGCGGCTC	+
29. CAV1 (мышь)	-501	-	0.699	TGCCAAGACCTGTCACCCCAACCCCATGC	-
30. SCAP (человек)	-60	+	0.694	CAGCGCCCTGAGCACCCCGCTGACGGTAC	+

100
%

* Позиция указана относительно старта транскрипции

** Уровень конформационного сходства с известными сайтами связывания SREBP, оцененный методом SITECON

Экспериментальная проверка проводилась методом задержки комплекса ДНК/белок в геле (EMSA) с использованием рекомбинантного белка SREBP1-а человека **в лаборатории регуляции экспрессии генов ИЦиГ СО РАН.**



Спасибо за внимание!