

# АНАЛИЗ ПЕРВИЧНОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ ЭКСПЕРИМЕНТАЛЬНО ПОДТВЕРЖДЕННЫХ И НЕПОДТВЕРЖДЕННЫХ ПРОМОТОРОВ *ESCHERICHIA COLI*

Темлякова Е.А., Камзолова С.Г., Делядин Т.Р., Сорокин А.А.

Институт Биофизики Клетки РАН, Россия, 142290, Пущино, Институтская ул. 3, Тел.: (4967)739319, E-mail: evgenia.templ@gmail.com

В данной работе были рассмотрены более 1800 экспериментально подтвержденных и алгоритмически вычисленных последовательностей промоторов, представленных в базе данных RegulonDB [1]. Каждая из последовательностей проверялась на наличие выраженных -10 и -35 областей, на присутствие extended-10 элемента и рассчитывалась длина предполагаемого спейсера. Помимо этого определялись полиА-трэки и АТ-богатые участки UP-область, для которых определялась степень сходства с одной из предполагаемых консенсусных последовательностей [2].

Из исследуемой выборки 32 промотора имели все искомые элементы (оба бокса, extended-10, оба up-элемента), у 98 промоторов и -35, и -10 элементы характеризуются высоким соответствием с консенсусными последовательностями. У 300 промоторных последовательностей был обнаружен extended-10, при этом у более чем 100 промоторов была хорошо выражена -35 область.

Для многих промоторов оказалось сложным определить точное положение текстовых элементов, так как под формально определенные правила подходило сразу несколько участков. Это может увеличивать вероятность посадки РНКП на конкретный промоторный участок при разных условиях и при первичном полимеразном узнавании.

Дополнительно был рассмотрен олигонуклеотидный состав промоторных последовательностей. Показано, что экспериментально подтвержденные промоторы имеют серьезные отличия от предсказанных последовательностей по олигонуклеотидному составу.

## Литература.

1. <http://regulondb.ccg.unam.mx>
2. *Estrem S.T., Gaal T., Ross W., Gourse R.L.* Identification of an UP element consensus sequence for bacterial promoters // Proc. Natl. Acad. Sci. USA 95., 1998, pp.9761-9766.