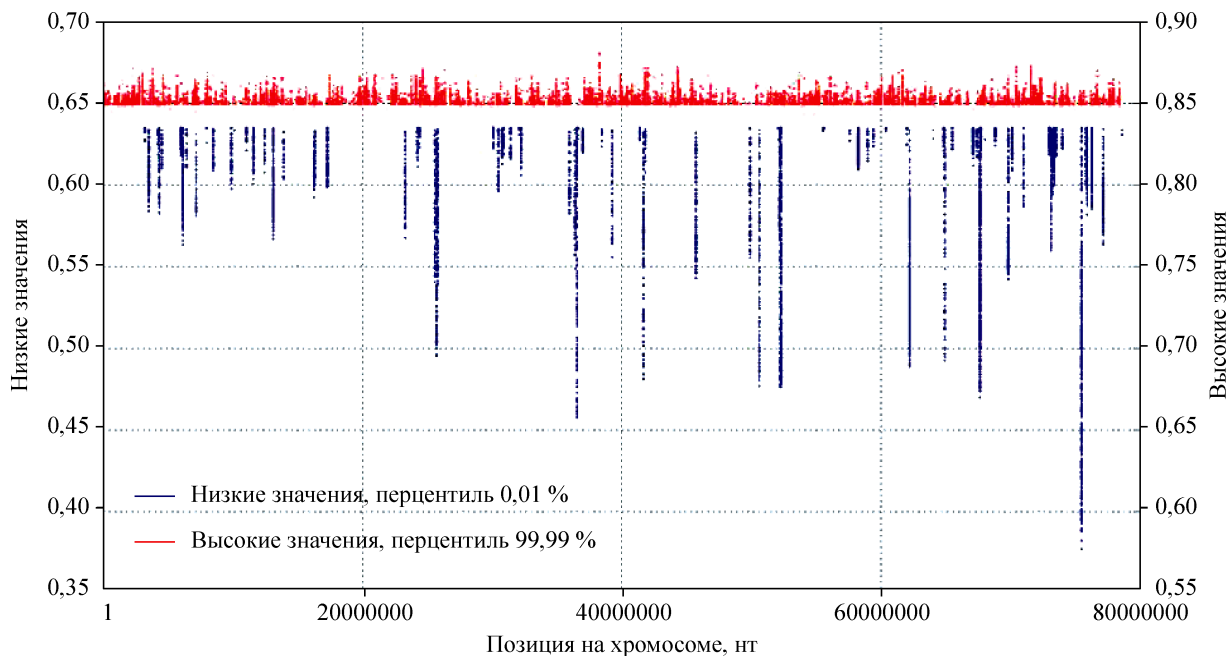


**Программа 6.9.1. Молекулярно-генетические, биофизические, экосистемные и биосферные процессы: экспериментально-компьютерные исследования, базы данных и математическое моделирование (координатор акад. Н. А. Колчанов)**

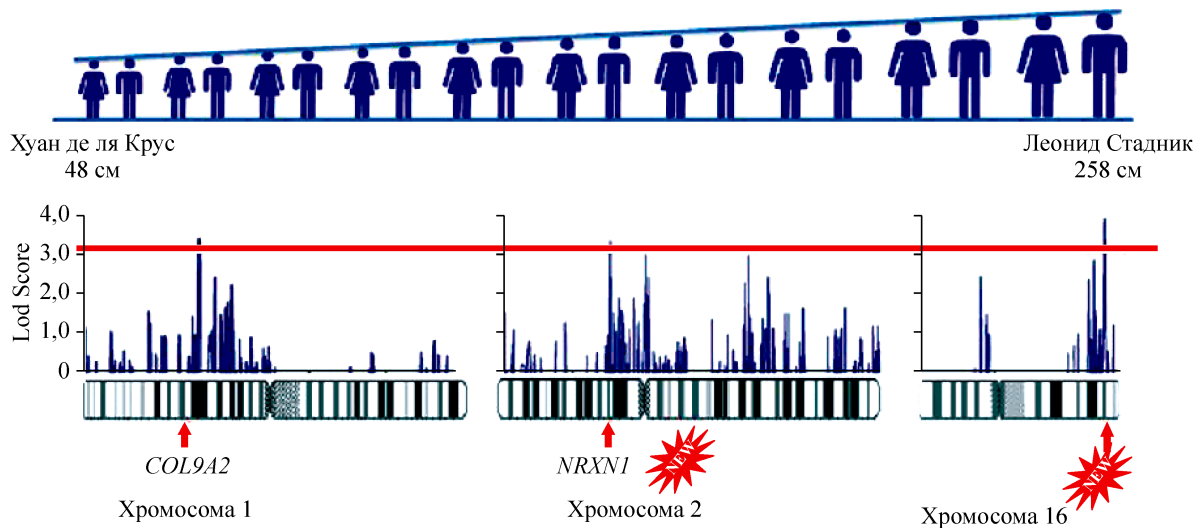
Учеными Института цитологии и генетики разработан новый компьютерный метод PHASE для предсказания сайтов формирования нуклеосом в нуклеотидных последовательностях геномной ДНК эукариот. На его основе установлены общие закономерности расположения нуклеосом на хромосомной ДНК человека. Оказалось, что сайты с высоким потенциалом формирования нуклеосом распределены вдоль геномной ДНК существенно более равномерно, чем сайты с низким потенциалом формирования нуклеосом (рис. 27), которые сгруппированы в пределах относительно малого числа кластеров. Эта закономерность показана также для хромосом других таксонов эукариот (дрозофилы и дрожжей). Полученные результаты хорошо согласуются с тем, что большая часть геномной ДНК должна в обязатель-

ном порядке поддерживать регулярное расположение нуклеосом, т. е. наиболее важна регулярная, в первом приближении равномерная плотность расположения последовательностей, обладающих повышенной способностью к формированию нуклеосом.

В Институте цитологии и генетики на основе новых разработанных статистических методов и алгоритмов генетического анализа из огромного потока данных о последовательности нуклеотидов у различных членов родословной получена информация о генетическом контроле сложных признаков. Возможности новых методов продемонстрированы на примере роста человека. Все известные до настоящего времени гены, контролирующие рост человека, объясняют только 5 % разнообразия признака. При помощи созданных методов вы-



**Рис. 27.** Профиль локализации сайтов с высокими и низкими значениями потенциала формирования нуклеосом вдоль 17-й хромосомы человека.



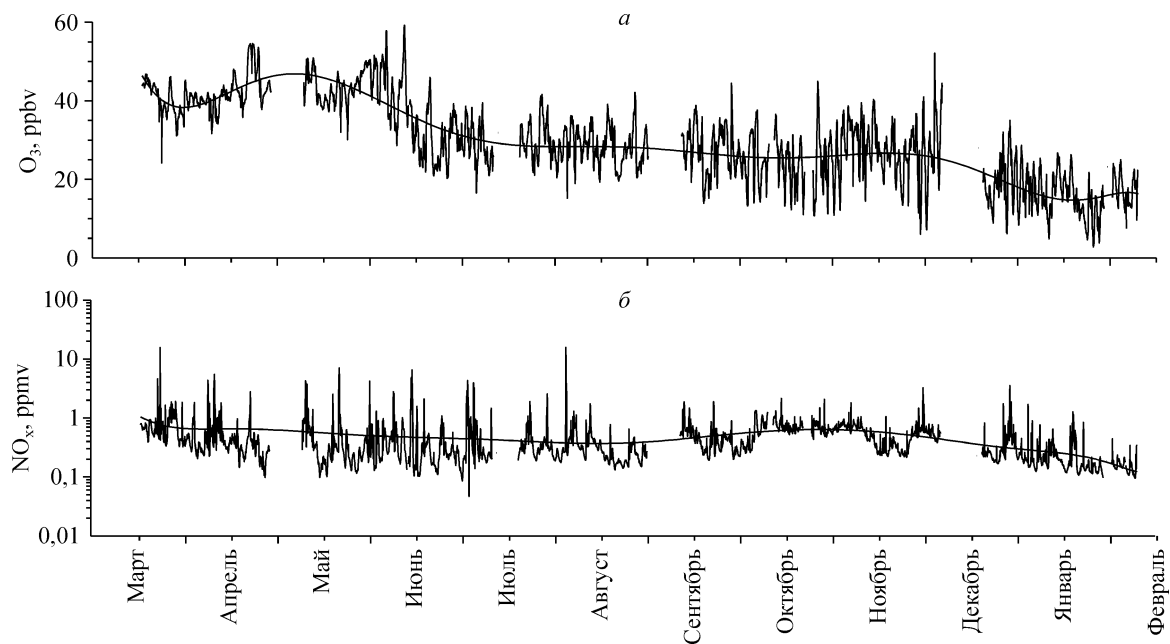
**Рис. 28.** Результаты полногеномного картирования роста человека.

явлены новые гены, влияющие на этот признак. Было проанализировано около 3000 представителей единой родословной, генотипированных по 6000 SNP-маркеров, и обнаружено три района на хромосомах 1, 2 и 16, которые оказывают значимое влияние на рост (рис. 28). Первый является местом локализации уже описанного гена *COL9A2*. Два других района содержат ранее не описанные гены.

На графиках представлены значения Lod Score на трех хромосомах, показавших значимое сцепление ( $Lod\ Score \geq 3,3$ ). Внизу — диа-

граммы соответствующих хромосом и выявленные гены-кандидаты. Пик на хромосомах 1 находится в районе локализации известного гена, влияющего на рост человека. На хромосомах 2 и 16 обнаружены новые гены, детерминирующие этот признак.

Учеными Института леса в районе станции высотной мачты «ZOTTO» (Туруханский район, Красноярский край) проведен анализ динамики концентраций озона и оксидов азота — важнейших атмосферных газовых примесей, отражающих степень антропогенного за-



**Рис. 29.** Сезонная изменчивость концентраций озона (а) и оксидов азота (б) в районе станции высотной мачты «ZOTTO».

грязнения и активно воздействующих на химические процессы в нижней атмосфере (рис. 29). Выявлены климатологически значимые источники антропогенных эмиссий оксидов азота, в зоне влияния которых находится обсерватория. Установлено, что концентрация озона характеризуется высокими суточными и сезонными флуктуациями, варьируя на уровне 15—50 ppbv (частиц газа в миллиарде частиц воздуха). Резких внутригодовых изменений концентрации приземного озона не наблюдается. Средние значения концентраций оксидов и диоксида азота

за весь период наблюдений составляют 0,067 и 0,36 pptv (частиц газа в миллионе частиц воздуха), соответственно, с разовыми флуктуациями свыше 17—20 pptv, обусловленными локальными источниками загрязнения. Полученные данные свидетельствуют в пользу того, что высотная мачта находится преимущественно в фоновых условиях. Результаты исследований вносят существенный вклад в развитие системы крупномасштабного долговременного мониторинга концентрации парниковых газов на территории Северной Евразии.