



3-Я КОНФЕРЕНЦИЯ ПО ТРАНСКРИПЦИИ (3d EMBL Meeting on Transcription)

Гейдельберг (Германия), 22–26 августа 1998 г.

Одна из самых быстроразвивающихся областей биохимии и молекулярной биологии – эукариотическая транскрипция. Именно этой проблеме (Mechanisms of Transcription) был посвящен ежегодный, LXIII (63-й) симпозиум по количественной биологии в Колд-Спринг-Харборе (3–8 июня 1998 г.). А уже через полтора месяца многие его участники снова встретились, на этот раз в Гейдельберге, на очередной конференции по транскрипции, проводимой раз в два года Европейской молекулярно-биологической лабораторией (EMBL). Программа конференции была очень насыщенной и включала в себя четыре часовые пленарные лекции, семь тематических сессий, состоявших из 7–10 докладов по 25 мин каждый, и две обширные постерные сессии.

С пленарными докладами выступили Дж. Гольдштейн (Университет Техасского юго-западного медицинского центра, Даллас, США), Р. Редер (Рокфеллеровский университет, Нью-Йорк, США), П. Шамбон (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург, Франция) и П. Грусс (Институт биофизической химии им. Макса Планка, Геттинген, Германия). Все четыре лекции были посвящены проблеме тонкой регуляции различных жизненно важных процессов на уровне транскрипции. В своем блестящем докладе Нобелевский лауреат Джозеф Гольдштейн рассказал о том, как с помощью протеолиза мембраносвязанных факторов транскрипции класса SREBP (Sterol Regulatory Element Binding Proteins) в животных клетках регулируется поступление и синтез холестерина и жирных кислот. К настоящему времени идентифицированы SREBP1a, SREBP1c и SREBP2, являющиеся до сих пор единственными транскрипционными факторами, содержащими трансмембранные домены. SREBP3 узнают в промоторной области асимметричный участок размером 10 п.о. и регулируют от 30 до 50 различных генов. Зрелая, ядерная форма этих факторов образуется в результате двух актов специфического протеолиза. Этот процесс был детально исследован в лабораториях Дж. Гольдштейна и М. Брауна; совсем недавно гены обеих протеиназ были клонированы.

Один из первооткрывателей общих факторов транскрипции Боб Редер в своем докладе остановился на биохимическом анализе регуляции

транскрипции посредством различных коактиваторов. Последние можно определить как белки, необходимые для функции ДНК-связывающих факторов (активаторов), но не для базовой транскрипции как таковой (осуществляемой с помощью лишь минимального набора общих факторов инициации). Были рассмотрены все известные типы коактиваторов, подразделенных в докладе на три группы: факторы, непосредственно взаимодействующие с базовым аппаратом транскрипции (например, TAF-компоненты базового фактора TFIID или компоненты ассоциированного с РНК-полимеразой II медиаторного комплекса SRB/MED); факторы, которые рекрутируются (подтягиваются) к промотору через взаимодействие с уже связанными с ДНК активаторами (например, белки OCA-B и OCA-S, осуществляющие свою коактиваторную функцию через взаимодействие со специфическим фактором OCT-1, или же факторы TRAPs, ассоциированные с рецептором гормона щитовидной железы); а также более общие коактиваторы транскрипции (как позитивные, так и негативные), выделенные из так называемой USA (upstream stimulatory activity) фракции (например, PC2, PC4, PC6, NC2).

Один из пионеров изучения эукариотических промоторов и энхансеров Пьер Шамбон посвятил свою лекцию тому, как контролируют экспрессию генов лигандзависимые регуляторы транскрипции, каковыми являются ядерные рецепторы ERs (estrogen receptors), RARs и RXRs (retinoid receptors). Все члены этого семейства белков имеют две активаторные функции (AF1 на N-конце белка и AF2, ассоциированную с лигандсвязывающим доменом LBD), которые регулируются путем фосфорилирования, осуществляемого в рамках системы передачи сигнала с мембранных рецепторов. В активации AF2 участвуют медиаторы транскрипции TIF3 (transcriptional intermediary factors), три из которых (TIF1 α , TIF2 и NSD1) в настоящее время охарактеризованы. Показано, что все они ассоциированы с эухроматином и участвуют в его перестройке для облегчения транскрипции. Было подчеркнуто, что система рецепции ретиноевой кислоты, необходимой для нормального развития мышцей от гаструляции до самой смерти, очень сложна – охарактеризовано 6 изоформ RXR и

8 изоформ RAR. Ведутся работы по условному нокауту всех генов, кодирующих эти белки.

Петер Грасс рассказал о кооперативном взаимодействии факторов транскрипции Pax2 и Pax6 в процессе формирования зрительной системы мыши. Гены, ответственные за синтез Pax2 и Pax6, экспрессируются в эмбрионе мыши в соседних, отвечающих за формирование органов зрения районах: Pax2 – в клетках оптического стебля, а Pax6 – в клетках, дающих начало пигментированному эпителию и нервным окончаниям сетчатки, а также самому главному яблоку. На Pax2-мутантах было показано, что пигментные клетки эпителия сетчатки направляются в сторону оптической хиазмы, причем этот компенсаторный процесс сопровождается накоплением фактора Pax6 в этом районе. Было установлено, что Pax6 и Pax2 напрямую включены в формирование границы между оптическим стеблем и оболочкой глаза (сетчаткой) и что регионализация зрительной системы млекопитающих зависит от взаимодействия белка Pax2 с промотором гена Pax6.

Доклады на тематических сессиях были не менее интересны, а дискуссии, пожалуй, даже более оживленными, особенно на сессиях “Хроматин” и “Ацетилирование”. На первой из этих сессий Каролин Лугер (Институт молекулярной биологии и биофизики, Цюрих, Швейцария) представила трехмерную структуру нуклеосомного коры, полученную рентгеноструктурным анализом с разрешением 2 Å. Третичная структура комплекса гистонового октамера с ДНК ($M \sim 206$ кДа) отчетливо показывает, каким образом в клетках эукариот осуществляется первоначальная 5-кратная компактизация генетического материала. Один из организаторов симпозиума, Даниела Роудс (Лаборатория молекулярной биологии MRC, Кембридж, Англия) рассказала о том, что различное расположение нуклеосом (nucleosome positioning) в регуляторной области генов 5S РНК в ооцитах и соматических клетках шпорцевой лягушки *Xenopus laevis* существенным образом сказывается на экспрессии этих генов. Специфический для 5S РНК транскрипционный фактор TFIIIA связывается преимущественно с соматическими нуклеосомами, в то время как нуклеосомы ооцитов содержат много гистона H1, который препятствует посадке на них этого фактора. Петер Беккер (EMBL, Гейдельберг, Германия) рассказал о биохимической характеристике комплекса CHRAC (Chromatin Accessibility Complex), динамически изменяющего хроматин и обеспечивающего его повышенную доступность для белков, связывающихся с ДНК. Показано, что CHRAC состоит из 5 субъединиц: нуклеосомстимулируемой АТР-азы, димера топоизомеразы II и двух небольших белков, содержащих типичный мотив гистоновой укладки (histone fold motif). Доклад Джерри Уоркмана (Университет штата Пенсильвания, США) был посвящен характеристике четырех нативных комплексов *Sac-*

charomyces cerevisiae, содержащих ацетилтрансферазы гистонов: SAGA, Ada, NuA3 и NuA4. Ацетилтрансфераза первых трех комплексов (в SAGA и Ada-комплексах это белок Gcn5) модифицирует гистон H3, а действие комплекса NuA4 направлено в основном на гистон H4. Высокмолекулярный SAGA-комплекс (1.8 МДа) помимо транскрипционных адаптеров Gcn5, Ada2 и Ada3 включает в себя Spt-белки, связанные с функцией общего фактора транскрипции TBP, а также ряд белков TAFII (компоненты TFIID).

Нужно отметить, что ацетилтрансферазы гистонов НАТ (histone acetyltransferases) составляют одно из самых горячих (популярных) направлений. Председательствовавший на сессии “Ацетилирование” Петер Беккер решил наглядно продемонстрировать, что “все дело – в шляпе (hat)” и открыл заседание в этом элегантном головном уборе, ставшем “переходящим призом” всех последующих докладчиков. Йошихиро Накатани (Национальные институты здоровья, Бетезда, Мэриленд) в своем докладе сообщил о комплексе ацетилазы гистонов PCAF. В нативном состоянии белок PCAF тесно ассоциирован с более чем 20 полипептидами. Интересно, что некоторые из этих белков оказались идентичными уже известным TBP-ассоциированным факторам (TAFs), а другие – гомологичными им по первичной структуре. Было высказано предположение, что структурные аналоги гистонового октамера присутствуют не только в составе нуклеосомы и общего фактора транскрипции TFIID, но участвуют также в формировании ацетилирующего гистоны высокомолекулярного комплекса PCAF. Известно, что ацетилирование гистонов облегчает транскрипцию хроматина, так что гистонподобные структуры в PCAF-комплексе, заменяя при активации транскрипции гистоновый октамер, возможно, способствуют поддержанию хроматина в транскрипционно активном состоянии.

О другом комплексе, содержащем ацетилирующую активность, говорил Ласло Тора (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург). Самое удивительное, что этот комплекс не содержит TBP и вместе с тем способен заменять TFIID при транскрипции *in vitro* как на промоторах с ТАТА-участком, так и без него. Комплекс, названный TFIC (TBP-free TAFII-containing Complex), не содержит также недавно идентифицированного в лаборатории Р. Тжияна (R. Tjian) белка TLF, способного заменять TBP в инициации транскрипции с ряда промоторов. TFIC содержит ацетилтрансферазную активность, но это не TAF250 (ацетилаза комплекса TFIID), а скорее всего hGcn5-S (укороченная форма гомолога Gcn5 человека), хотя небольшие количества белка PCAF также были обнаружены в составе комплекса TFIC.

В лаборатории Тони Кузаридиса (Институт Wellcome/CRC, Кембридж, Великобритания) иден-

тифицировали ряд других (помимо гистонов) белков, модифицируемых ацетилтрансферазами *in vitro*. Оказалось, что ацетилированию подвергаются сами НАТs, например PCAF, причем такое автоацетилирование повышает ферментативную активность этих белков. Другими мишенями трансацетилаз *in vivo* оказались некоторые транскрипционные факторы (HMG1, TFIIЕ, E2F1, p53), а также белки, участвующие в активном транспорте полипептидов в ядро: импортин α (Rch1), импортин $\alpha 7$ и RCC1. По-видимому, через ацетилирование белков регулируются многие клеточные процессы и этот тип модификации белков не менее важен, чем фосфорилирование. Это доказывают результаты лаборатории Ричарда Экнера (Институт молекулярной биологии, Цюрих) по получению мышей, лишенных ацетилтрансфераз p300 и СВР. Разрушение соответствующих им генов приводит к внутриутробной смерти эмбрионов уже на 9–11-е сутки, причем эти эмбрионы по размеру намного меньше, чем нормальные, и в них нарушены процессы дифференциации сердца и нервной системы. Двойные гетерозиготы по p300 и СВР тоже погибают на стадии эмбриогенеза, что свидетельствует о важности общей дозы этих белков для нормального развития млекопитающих.

Роберт Датнелл из Университета штата Юта (США) представил трехмерную структуру комплекса ацетилтрансферазы Nat1 *S. cerevisiae* с ацетилкоэнзимом А с разрешением 2.3 Å. Трансацетилаза Nat1, ген которой был клонирован и охарактеризован раньше других членов НАТ-семейства, специфически ацетирует гистон H4 по лизиновому остатку в положении 12.

На сессии “Ядерные рецепторы” также была представлена одна структурная работа. Дино Морас (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург) рассмотрел структуру кристаллов лигандсвязывающих доменов (LBD) рецепторов ретиноевой кислоты RXR α и RAR γ как в отсутствие лиганда, так и после его связывания. В лаборатории Френсиса Стюарта (EMBL, Гейдельберг) для изучения LBD использовали конструкцию, в которой этот домен присоединялся к сайт-специфическим рекомбиназам Flp и Cre, в результате чего активность этих ферментов регулировалась стероидными лигандами. Хольгер Рейхардт с коллегами (Немецкий центр изучения рака, Гейдельберг) в опытах на мышах показали, что ген рецептора глюкокортикоидов (GR) необходим для жизнедеятельности, в то время как мыши с GR, дефектным только по функции связывания с ДНК, оказались жизнеспособными. В лаборатории Рональда Эванса (Солковский институт, Сан-Диего, США) было установлено, что белки СВР/p300, PCAF и ACTR (из src-семейства белков) образуют мультимерный активаторный комплекс. Кроме того, все эти белки способны связываться (в составе комплекса или независи-

мо) со всеми ядерными рецепторами, уже присоединившими лиганд. Этот комплекс не только локально модифицирует хроматиновую структуру, но, по-видимому, участвует также в ацетилировании негистоновых белков. Эванс показал также веселый фильм о вреде неправильного питания, где роль кинозвезды, с аппетитом пожирающей Big-Big Mac (которыми потчуют в рестораничках “McDonalds”), играет Френсис Крик... О сходном активаторном, НАТ-содержащем комплексе, а также о корепрессорном комплексе, содержащем деацетилазу гистонов mRPD3, рассказал Майкл Розенфельд (Медицинский институт имени Говарда Хьюза, Ла Хойа, США). По-видимому, путем обмена этих комплексов осуществляется индуцированное связыванием лиганда переключение ядерных рецепторов и других классов транскрипционных факторов с репрессии на активацию и наоборот.

Известно, что аномальные слитые белки, производные некоторых факторов транскрипции, являются генетическими маркерами острой миелогенной лейкемии (AML). У некоторых пациентов с AML были найдены транслокации по locus-сам генов, кодирующих ацетилтрансферазы p300 и СВР. В лаборатории Пьера-Джузеппе Пеличчи (Европейский институт онкологии, Милан, Италия) было показано, что взаимодействие гистоновых деацетилаз (HD) с RAR-слитыми белками играет существенную роль в развитии лейкемии. Высокие дозы ретиноевой кислоты освобождают HD из комплекса со слитым белком PML/RAR, активируя дифференциацию лейкобластов и способствуя ремиссии болезни.

Из докладов сессии “Передача сигнала” (“Signalling”) сильное впечатление произвело сообщение одного из организаторов симпозиума, Паоло Сассоне-Корси (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург), о возможной роли транскрипционного фактора CREM в сперматогенезе. Этот фактор участвует в cAMP-зависимой передаче сигнала и регулирует многие гены, содержащиеся в регуляторных областях участки CRE (cAMP-responsive elements). Уровень этого белка повышен в 100–500 раз только в сперматиде, причем там он не фосфорилирован. Было показано, что для активации белка CREM в этих клетках необходим добавочный фактор, названный АСТ (Activator of CREM in Testis). Ген белка АСТ экспрессируется только в яичках (testis), АСТ содержится в своем составе “LIM only”-домен и является, по-видимому, тканеспецифическим коактиватором (см. выше классификацию, предложенную Р. Редером). На этой же сессии Кристоф Мюллер (Филиал EMBL в Гренобле, Франция) представил результаты, полученные с помощью рентгеноструктурного анализа, пространственной структуры гомодимера 65-кДа фрагмента белка STAT3 β (signal transducer and activator of transcription), включающего ДНК-

связывающую область и SH2-домен, в комплексе со специфическим участком ДНК.

На сессии "Развитие" ("Development") был ряд докладов, посвященных участию транскрипционных факторов в процессах гематопоза и нейрогенеза. Стюарт Оркин (Медицинский институт Говарда Хьюза, Бостон, США) сделал обзор о роли факторов GATA-1 и SCL/tal-1, а Ахим Лейц (Центр молекулярной медицины им. Макса Дельбрюка, Берлин, Германия) рассмотрел взаимодействие необходимого для гематопоза протоонкогена Myb (с-myb) с гомеобоксным геном GBX2, участвующим в развитии гранулоцитов. Анжела Жьянгранд (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург, Франция) рассказала о клонировании гена glide/gcm (glial cell deficient/glial cell missing) из *Drosophila melanogaster*, который участвует в формировании глиальных клеток нервной системы. Идентифицирован также гомолог этого гена у человека. Патрик Маттиас (Институт им. Фридриха Мишера, Базель, Швейцария) посвятил свою лекцию специфично только для В-клеток коактиватору транскрипции OBF-1 (OCA-B) и его взаимодействию с белками Oct-1 и Oct-2, активирующими специфическую для В-клеток транскрипцию некоторых (например, иммуноглобулиновых) генов, содержащих в регуляторной области октамерный мотив ATGCAААТ.

Две сессии ("Transcription I" и "Transcription II"), а также большинство постерных сообщений были посвящены базовому аппарату транскрипции и детальным механизмам этого процесса. На ранних стадиях элонгации остановилась Джоан Коनावэй (Программа по молекулярной и клеточной биологии, Оклахома, США). В ее лаборатории получены данные о том, что общие факторы транскрипции TFIIЕ, TFIIF и TFIIH важны не только для формирования прединицирующего (preinitiation complex, PIC) и открытого (open complex, OC) комплексов инициации, но активно участвуют также в ранних стадиях элонгации, супрессируя abortивную инициацию и помогая РНК-полимеразе покинуть промоторную область (promoter escape). Стадия открывания промотора была изучена в лаборатории Марка Тиммерса (Утрехтский университет, Нидерланды). Установлено, что за эту стадию отвечает АТР-зависимая ДНК-геликазная активность общего транскрипционного фактора TFIIH, причем необходимость в гидролизе АТР отпадает после формирования первых трех фосфодиэфирных связей. Жан-Марк Эгли (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург) рассмотрел структуру и функции человеческого фактора TFIIH, участвующего как в транскрипции, так и в репарации ДНК. TFIIH состоит из 9 субъединиц, 3 из которых (XPB, XPD и p44) участвуют в раскручивании двойной спирали ДНК – функции, необхо-

димой как при инициации считывания генов РНК-полимеразой II, так и при удалении поврежденных ДНК при репарации. Дисфункция XPB и XPD – одна из причин таких заболеваний, как пигментная ксеродермия (XP), синдром Кокейна (CS), трихотиодистрофия (TTD). Было показано, что белок XPB необходим для транскрипции, а взаимодействующие между собой XPD и p44 являются соответственно каталитической и регуляторной субъединицами ДНК-геликазы.

Ирвин Дэвидсон (Институт генетики и молекулярной и клеточной биологии, Страсбург) сообщил о неожиданном открытии, что два белка комплекса TFIIID (hTAFII28 и hTAFII18) взаимодействуют между собой с участием канонического мотива гистоновой укладки, который не удавалось предсказать из известных первичных структур этих белков, но который четко прослеживается в третичной структуре кристаллов гетеродимера hTAFII28/hTAFII18 с разрешением 2.6 Å. Таким образом, получено еще одно свидетельство в пользу того, что белки, структурно сходные с коровыми гистонами, присутствуют в важных для транскрипции комплексах.

Данни Рейнберг (Отдел энзимологии нуклеиновых кислот Медицинского института им. Говарда Хьюза, Пискалавэй, США) остановился на белковых факторах, влияющих на транскрипцию хроматиновых матриц РНК-полимеразой II. Были идентифицированы 4 новых фактора такого рода и некоторые из них детально охарактеризованы. Так, фактор FACT (Facilitates Chromatin Transcription) из ядерных экстрактов клеток HeLa состоит из 2 субъединиц: белка p140, родственного фактору Spt16 дрожжей, и белка p80 (SSRP1). Второй фактор, RSF (Remodelling Spacing Factor), также включает в себя две субъединицы – белки p135 и p325. Мультикомпонентный деацетилирующий комплекс содержит деацетилазы гистонов HDAC1 и HDAC2, гистонсвязывающие белки RbAp48 и RbAp46, а также полипептиды SAP30 и SAP18. Кроме того, некоторые белки субкомплекса HDAC1 оказались гомологами белков, участвующих в клеточной дифференцировке и развитии злокачественных меланом, так что не исключено, что комплекс гистоновых деацетилаз прямо или косвенно вовлечен в развитие злокачественных опухолей.

Йеспер Свейструп (ICRF, Великобритания) сообщил о том, что комплекс голофермента РНК-полимеразы II после инициации синтеза РНК сменяется комплексом-элонгатором (elongator), в котором с самой большой субъединицей РНК-полимеразы через ее гиперфосфорилированный СТД-домен ассоциирован новый мульти-субъединичный фактор транскрипции. Об общих кофакторах (коактиваторах) 3-го класса из USA-фракции (см. выше классификацию Р. Редера), стимулирующих многие активаторы при

транскрипции *in vitro*, доложил Михаэль Майстернерст (Университет Людвиг-Максимилиана, Мюнхен, Германия). Так, негативный комплекс NC2 осуществляет свою функцию, связываясь с ТВР через консервативные домены гистоновой укладки (histone-fold domain), предотвращая тем самым посадку TFIIA и все последующие стадии формирования иницирующего комплекса. Обе субъединицы NC2 из *Homo sapiens* способны замещать гомологичные компоненты в соответствующем комплексе *S. cerevisiae*.

О структуре комплекса Mat α 2/MCM1/ДНК промотора STE6, полученной рентгеноструктурным анализом с разрешением 2.25 Å, рассказал Сонг Тан из лаборатории Т. Ричмонда (Институт молекулярной биологии и биофизики, Цюрих, Швейцария). Этот комплекс в гаплоидной клетке дрожжей *S. cerevisiae* блокирует экспрессию генов, специфичных для типа спаривания **a** (MATa). Оказалось, что белок Mat α 2 связывается с MCM1 через β -шпильку лабильной N-концевой части гомеодомена, а индуцированное белком MCM1 изгибание промоторной ДНК способствует формированию более прочного комплекса. Дэвид Бенгли (Торонтский университет, Канада) рассмотрел роль концевой повтора (CTD, carboxy-terminal domain) самой большой субъединицы РНК-полимеразы II на различных стадиях процессинга РНК. В его лаборатории показаны белок-белковые взаимодействия между CTD и факторами кэпирования и полиаденилирования вновь синтезируемой РНК.

Ряд докладов был посвящен функционированию двух других РНК-полимераз эукариот. Герберт Чохнер из Биохимического центра (Гейдельберг, Германия) рассказал о биохимической характеристике инициаторного комплекса РНК-полимеразы I *S. cerevisiae*. Компетентной в инициации считывания рибосомных генов является лишь малая (2%) фракция молекул этого фермента, ассоциированная со специфическим фактором инициации Rm3p. Образование этого комплекса зависит от стадии роста клеток: так, в стационарной фазе развития культуры иницирующий комплекс не обнаруживается. О роли малой специфической субъединицы РНК-полимеразы III C11 был интересный доклад Кристофа Карла (Отдел биохимии и молекулярной генетики Центра атомной энергии, Сакле, Франция), одного из немногих, кто уложился в регламент. В этой лаборатории была выделена неполная форма РНК-полимеразы III, полностью лишенная субъединицы C11 (о клонировании гомологов этой субъединицы из *Schizosaccharomyces pombe* и *Homo sapiens* смотри наши недавние публикации: "Биоорганическая химия", 1997, т. 23, № 12, с. 988–991; 1998, т. 24, № 11, с. 877–880). Такой неполный фермент оказался способен к нормальной инициации транскрипции *in vitro*, в то время как в элонгации и терминации синтеза РНК были замечены сбои

(включение некомplementарных нуклеотидов; отсутствие остановок (pausing) при считывании трудных мест при элонгации; неспособность отщеплять растущий транскрипт в местах терминации). Авторы предполагают, что субъединица C11 играет существенную роль в изменении конформации РНК-полимеразы III при ее переключении с элонгирующего состояния на процесс отщепления растущей цепи РНК (начало терминации).

Мониторингу регуляции транскрипции на уровне целого генома был посвящен доклад Франка Холстига из лаборатории Р. Янга (Уайтхед институт & MIT, Кембридж, Масс., США). На фильтрах с каталогами наборов олигонуклеотидов, специфичных для всех возможных ORF *S. cerevisiae*, была изучена роль некоторых компонентов голофермента РНК-полимеразы II и TFIIID в экспрессии различных генов (одновременно прослеживался синтез около 5000 различных мРНК). Оказалось, что субъединицы голофермента RPB1, KIN28 и SRB4 важны для транскрипции каждого из генов, в то время как многие субъединицы TFIIID участвуют в считывании только набора тех или иных генов. Так, TAF17 важен в экспрессии 67% всех генов генома, TAF145 – 16%, а компонент комплекса SAGA ацетилтрансфераза Gcn5 – всего 5% генов. Дальняя цель этого проекта – составление карты геномного контроля (Genome Control Map) дрожжей *S. cerevisiae* при различных условиях культивирования.

В кратком обзоре нет возможности останавливаться на постерной сессии, тем более что содержание многих постеров обсуждалось докладчиками (лаборатории каждого из докладчиков были активно здесь представлены). Скажу лишь, что наше стендовое сообщение (единственное из России) было посвящено завершению карты взаимозаменяемости (комплементации) *in vivo* всех малых субъединиц (Rpb5 – Rpb11) РНК-полимеразы II *Sz. pombe* в *S. cerevisiae*. В стендовом докладе Пьера Тюрью (Отдел биохимии и молекулярной генетики Центра атомной энергии, Сакле, Франция) были приведены дополняющие ("комплементарные") данные о тестировании комплементации субъединиц Rpb1, Rpb2 и Rpb3 *Sz. pombe*. Таким образом, впервые завершено функциональное сравнение аппаратов синтеза мРНК двух эволюционно далеких эукариотических видов. Из 10 "незаменимых" субъединиц семь оказались полностью (Rpb5, Rpb6, Rpb7, Rpb10 и Rpb10) или частично (Rpb3 и Rpb11) взаимозаменяемыми. Наступившая в биологии эра геномики постепенно распространяется и на изучение эукариотической транскрипции.

Г.В. Шпаковский
(ИБХ РАН)