

# ГОСУДАРСТВЕННАЯ ПРЕМИЯ РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ В ОБЛАСТИ НАУКИ И ТЕХНОЛОГИЙ 2024 ГОДА

Е. А. Нешкова

ФГБУ МНИЦ терапии и профилактической медицины МЗ РФ, г. Москва, Россия

*Государственной премии Российской Федерации в области науки и технологий 2024 года удостоен доктор физико-математических наук, руководитель направления «Нанобиомедицина» Университета «Сириус», заведующий лабораторией МФТИ Максим Никитин, за открытие принципиально нового молекулярного механизма, «молекулярной коммутации» ДНК, технологии, которая изменила устоявшееся в науке представление о хранении и передаче генетической информации.*

Более 70 лет представления базировались на гениальном открытии структуры ДНК Уотсоном и Криком, о том, что ДНК хранит и обрабатывает информацию за счёт структуры двойной спирали — строгой комплементарности пар азотистых оснований — фундаментальном принципе механизмов передачи информации в ДНК и процессов управления работой генов. До сих пор на эту стройную базу добавляются новые механизмы взаимодействия ДНК с другими молекулами, например, эпигенетическая регуляция работы генов, без изменения их последовательности.

Максим Никитин экспериментально доказал, что в смеси из коротких одноцепочечных и некоплементарных друг другу олигонуклеотидов, когда молекулы имеют низкое сродство друг к другу, одновременно могут возникать разные комплексы и взаимодействия, при которых происходит передача информации. Более того, он показал, что короткая ДНК, даже максимально некоплементарная гену, может регулировать его работу. Кроме того, молекулярная коммутация может происходить между ДНК и другими молекулами, например белками.

Результаты исследования опубликованы в одном из самых авторитетных научных журналов Nature Chemistry (Nikitin, M. P. Non-complementary strand commutation as a fundamental alternative for information processing by DNA and gene regulation. Nat. Chem. № 15, p.70–82 (2023)), где автор так определил свое открытие — «Самое главное, я показываю потенциальные пути регуляции генов с помощью последовательностей, максимально некоплементарных последовательности гена, которые могут стать ключом к снижению побочных терапевтических эффектов и информации, которая может лежать в основе основных процессов в организме — от кратковременной памяти до рака, старения и эволюции».

Автор также показал, что молекулярная коммутация даёт возможность лучше управлять экспрессией генов, чем с участием двойной спирали. Если в рамках стан-

дартной парадигмы комплементарный механизм регуляции допускает приблизительно 1012 вариантов регулирования генов (в таком случае существует всего  $420 = 1012$  разных 20-нуклеотидных олигонуклеотидов), то Никитин показал, что используя те же 20-нуклеотидные последовательности, можно реализовать не менее 10172 вариаций регуляции работы гена. Это число значительно превосходит количество элементарных частиц в наблюдаемой Вселенной, которых «всего» 1080.

Для этого требуется создание программного обеспечения нового поколения, более точно предсказывающего слабоаффинное взаимодействие нуклеиновых кислот, а также анализирующего их вовлечение в различные естественные процессы, принимая во внимание механизм молекулярной коммутации.

Открытый фундаментальный феномен коммутации цепей ДНК имеет важное практическое значение. Анализ возможных слабоаффинных взаимодействий с точки зрения молекулярной коммутации может улучшить специфичность генной терапии и безопасность ДНК/РНК вакцин за счёт выявления и снижения побочных (нецелевых) действий вводимых препаратов. Также, по словам экспертов, механизм станет ключом к новым знаниям о генетике, сложных заболеваниях, старении и даже, возможно, к разгадке тайн возникновения жизни и эволюции на Земле.

## **ИТАК:**

1. Открыт принципиально новый механизм хранения и обработки информации ДНК.

*О чём это:*

Экспериментально показано, что любая неструктурированная одноцепочечная ДНК может специфично регулировать экспрессию заданного гена безотносительно их взаимной комплементарности. Все зависит от наличия в среде или организме других олигонуклеотидов (также некоплементарных).

2. Продемонстрирована возможность создания биологического ДНК-компьютера, который использует вычислительную силу молекул.

*О чём это:*

Между молекулами действуют сложные взаимодействия, которые можно описать нелинейными уравнениями. Молекулы такие сложные вычисления очень успешно решают. А значит, эту вычислительную силу можно использовать для создания биологического компьютера. В качестве вычислительных элементов используются белки, ферменты или молекулы ДНК, которые реагируют друг с другом, руководствуясь совершенно железной компьютерной логикой. В ДНК-

компьютере, который Максим Никитин построил на основе открытого явления, химические реакции происходят сразу между множеством молекул независимо друг от друга и это обеспечивает высокую скорость и эффективность вычислений.

Эта работа серьезное событие в науке, так как это не искусственный механизм обработки информации, который не встречается в природе, абсолютно базовый и фундаментальный механизм, который бесспорно существует и в котором участвуют все молекулы.

По материалам:

[www.kp.ru](http://www.kp.ru): <https://www.kp.ru/daily/27460/4715056/> и других открытых интернет-ресурсов.