

Mgr Paweł Drożdżał

Streszczenie rozprawy doktorskiej

W pracy doktorskiej zarejestrowano wysokorozdzielcze dane i rozwiązano struktury kryształów nie opisywanych dotychczas w literaturze kompleksów $d(\text{CGCGCG})_2\text{-Spm}^{4+}\text{-Mn}^{2+}$, $d(\text{CGCGCG})_2\text{-Spm}^{4+}\text{-Zn}^{2+}$, $d(\text{CGCGCG})_2\text{-Put}^{2+}\text{-K}^+$ i $d(\text{CGCGCG})_2\text{-Cr}^{3+}$ oraz RNA:DNA-Mg²⁺. Za wyjątkiem kompleksu z Mn²⁺, w pozostałych strukturach z Z-DNA łańcuch kwasu nukleinowego wykazuje nieuporządkowanie (podwójne konformacje), którego stopień można uszeregować w następującej kolejności $d(\text{CGCGCG})_2\text{-Cr}^{3+} > d(\text{CGCGCG})_2\text{-Put}^{2+}\text{-K}^+ > d(\text{CGCGCG})_2\text{-Spm}^{4+}\text{-Zn}^{2+} > d(\text{CGCGCG})_2\text{-Spm}^{4+}\text{-Mn}^{2+}$. Uzyskane w niniejszej pracy rezultaty świadczą o wysokim stopniu labilności konformacyjnej helisy $d(\text{CGCGCG})_2$. Uzyskane rezultaty dla RNA:DNA-Mg²⁺ dotyczące konformacji i parametrów helikalnych porównano z wartościami charakteryzującymi dwa, jak dotąd, opisane duplekisy RNA:DNA z sekwencją analogiczną do PPT. Analiza porównawcza wykazała różnice w konformacji cukrów, stopniu nieuporządkowania nici RNA, oddziaływaniach warstwowych w regionie a5-g6-a7 i w trajektorii osi helisy. Przekształcenia strukturalne zaobserwowane dla kompleksu RNA:DNA-Mg²⁺ występują w wielu miejscach łańcucha RNA z sekwencją PPT, co sugeruje, że są jednym z warunków wstępnych w efektywnej syntezie retrowirusowego DNA przez RT/HIV-1. Uzyskane wyniki wzbogacają wiedzę o procesie odwrotnej transkrypcji w retrowirusach oraz o stabilności kwasu nukleinowego w formie Z-DNA.