



Биомедицинские и кандидатные SNP-маркеры для хронопатологий могут достоверно изменять сродство ТАТА-связывающего белка к промоторам генов человека

Д.А. Рассказов¹, Н.Л. Подколодный^{1, 2, 3}, О.А. Подколодная¹, Н.Н. Подколодная^{1, 3}, В.В. Суслов¹, Л.К. Савинкова¹, П.М. Пономаренко⁴, М.П. Пономаренко^{1, 3}

¹ Федеральное государственное бюджетное научное учреждение «Федеральный исследовательский центр Институт цитологии и генетики Сибирского отделения Российской академии наук», Новосибирск, Россия

² Федеральное государственное бюджетное учреждение науки Институт вычислительной математики и математической геофизики Сибирского отделения Российской академии наук, Новосибирск, Россия

³ Федеральное государственное автономное образовательное учреждение высшего образования «Новосибирский национальный исследовательский государственный университет», Новосибирск, Россия

⁴ Детский госпиталь Лос-Анджелеса, Университет Южной Калифорнии, США

Компьютерный анализ миллионов неаннотированных SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) из проекта «1 000 геномов» может ускорить поиск биомедицинских SNP-маркераов. Анализ при помощи Web-сервиса SNP_TATA_Comparator SNPs сайтов связывания ТАТА-связывающего белка (TBP) сочетали с поиском хронопатологий по ключевым словам так, чтобы биохимические маркеры хронопатологий соответствовали изменениям экспрессии генов, содержащих эти SNPs. Для промоторов 14 генов человека в районе [-70; -20] (район доказанных сайтов связывания TBP) были найдены биомедицинские и кандидатные SNP-маркеры нарушений циркадного ритма, которые могут достоверно (Z-тест) изменять сродство TBP к этим промоторам. В их числе: rs17231520, rs569033466 (хронопатологии печени); rs35036378 (хронопатология поведенческой активности); rs549858786 (хронопатология экспрессии *IL1B* при ревматоидном артите); rs563207167, rs11557611, rs5505 (хронопатологии баланса «опухоль – хозяин», кровяного давления и репродуктивной системы); rs1143627 (циркадность диагностики и терапии биполярного расстройства); rs16887226, rs544850971 (неустойчивость к эндотоксинам из-за дисбаланса циркадной и иммунной систем); rs367732974, rs549591993 (циркадность обострений сердечной недостаточности); rs563763767 (циркадность случаев инфаркта миокарда); rs2276109, rs572527200 (циркадность приступов астмы); rs34223104, rs563558831 и rs10168 (циркадные оптимумы терапии метотрексатом и циклофосфамидом); rs397509430, rs33980857, rs34598529, rs33931746, rs33981098, rs34500389, rs63750953, rs281864525, rs35518301, rs34166473 (циркадность синдрома беспокойных ног и нейросенсорной тугоухости). Проверка этих 32 SNP-маркераов по медицинским стандартам может способствовать предиктивно-превентивной персонифицированной медицине.

Ключевые слова: ТАТА-связывающий белок (TBP); сайт связывания TBP; SNP; промотор; сродство TBP к промотору; значимость; патология; циркадный ритм; SNP-маркер; предиктивно-превентивная персонифицированная медицина.

Biomedical and candidate SNP markers of chronopathologies can significantly change affinity of TATA-binding protein for human gene promoters

D.A. Rasskazov¹, N.L. Podkolodnyy^{1, 2, 3}, O.A. Podkolodnaya¹, N.N. Podkolodnaya^{1, 3}, V.V. Suslov¹, L.K. Savinkova¹, P.M. Ponomarenko⁴, M.P. Ponomarenko^{1, 3}

¹ Institute of Cytology and Genetics SB RAS, Novosibirsk, Russia

² Institute of Computational Mathematics and Mathematical Geophysics SB RAS, Novosibirsk, Russia

³ Novosibirsk State University, Novosibirsk, Russia

⁴ Children's Hospital Los Angeles, University of Southern California, USA

Computational analysis of millions of unannotated SNPs from the 1000 Genomes Project may speed up the search for biomedical SNP markers. We combined the analysis of SNPs in the binding sites of TATA-binding protein (TBP) using a previously described Web service (<http://beehive.bionet.nsc.ru/cgi-bin/mgs/tatascan/start.pl>) with a keyword search for biochemical markers of chronopathologies, which correspond to clinical manifestations of these SNPs. In the [-70; -20] region of promoters of 14 human genes (location of proven binding sites of TBP), we found 32 known and candidate SNP markers of circadian-rhythm disturbances, including rs17231520 and rs569033466 (both: risk of chronopathologies in liver); rs35036378 (behavioral chronoaberrations); rs549858786 (rheumatoid arthritis with a chronoaberration of *IL1B* expression); rs563207167, rs11557611, and rs5505 (all three: chronopathologies of the tumor – host balance, blood pressure, and the reproductive system); rs1143627 (bipolar disorder with circadian dependence of diagnosis and treatment); rs16887226 and rs544850971 (both: lowered resistance to endotoxins because of the imbalance between the circadian and immune systems); rs367732974 and rs549591993 (both: circadian dependence of heart attacks); rs563763767 (circadian dependence of myocardial infarction); rs2276109 and rs572527200 (both: circadian dependence

of asthma attacks); rs34223104, rs563558831, and rs10168 (circadian optima of treatment with methotrexate and cyclophosphamide); and rs397509430, rs33980857, rs34598529, rs33931746, rs33981098, rs34500389, rs63750953, rs281864525, rs35518301, and rs34166473 (all: neurosensory hearing loss and restless legs syndrome). For these SNPs, we evaluated α (significance) of changes in the affinity of TBP for promoters, where increased affinity corresponds to overexpression of the genes, and decreased affinity to deficient expression (Z-test). Verification of these 32 SNP markers according to clinical standards and protocols may advance the field of predictive preventive personalized medicine.

Key words: TATA-binding protein (TBP); TBP-binding site; SNP; promoter; TBP-promoter affinity; statistical significance; pathology; circadian rhythm; SNP marker; predictive preventive personalized medicine.

КАК ЦИТИРОВАТЬ ЭТУ СТАТЬЮ?

Рассказов Д.А., Подколодный Н.Л., Подколодная О.А., Подколодная Н.Н., Суслов В.В., Савинкова Л.К., Пономаренко П.М., Пономаренко М.П. Биомедицинские и кандидатные SNP-маркеры для хронопатологий могут достоверно изменять средство TATA-связывающего белка к промоторам генов человека. Вавиловский журнал генетики и селекции. 2015;19(6):691-698. DOI 10.18699/VJ15.083

HOW TO CITE THIS ARTICLE?

Rasskazov D.A., Podkolodnyy N.L., Podkolodnaya O.A., Podkolodnaya N.N., Suslov V.V., Savinkova L.K., Ponomarenko P.M., Ponomarenko M.P. Biomedical and candidate SNP markers of chronopathologies can significantly change affinity of TATA-binding protein for human gene promoters. Vavilovskii Zhurnal Genetiki i Selekcii = Vavilov Journal of Genetics and Breeding. 2015;19(6):691-698. DOI 10.18699/VJ15.083

Cучтчная (циркадная) ритмика экспрессии выявлена у примерно 10^4 генов плацентарных (Zhang et al., 2014). Ритм около 24 ч задает центральный эндогенный водитель ритма: молекулярно-генетические осцилляторы нейронов супрахиазматических ядер гипоталамуса синхронизуются сутками через ретиногипоталамический путь и накладывают эту ритмику на осцилляторы периферийные – молекулярно-генетически идентичные, но работающие с собственной ритмикой в клетках органов, тканей и систем тканей. Далее осцилляторы ритмизуют множество генов через экспрессию тканеспецифичных транскрипционных факторов (краткодействующая регуляция) или ремоделинг хроматина (долгодействующая регуляция) (Padmanabhan et al., 2012; Eckel-Mahan et al., 2013). Подстройка периферийной осцилляции под общий циркадный ритм синхронизует различные системы организма. Поэтому десинхрония может отягчить/вызвать патологии непосредственно не взаимодействующих систем: аутоиммунные патологии могут быть следствием десинхронии иммунной защиты организма от экзотоксинов и систем вывода/метаболизма эндотоксинов-аналогов (Wang et al., 2015), хронофармакология находит циркадные оптимумы диагностики (Marckmann et al., 1993) и терапии (Ohdo et al., 1997; Gorbacheva et al., 2005).

В «догеномную эру» связывание SNPs с заболеваниями – редкая удача, в настоящее время оно является одной из целей проекта «1000 геномов» (Delaneau et al., 2014), результаты которого dbSNP собирает и ранжирует SNPs по встречаемости (Sherry et al., 2001). Самые частые вносятся в референсный геном человека (hg19) как анцептральные, отражая в Ensembl (Zerbino et al., 2015) и GENCODE (Frankish et al., 2015). Минорные SNPs в генах, вовлеченных в данный патологический процесс, можно найти с помощью Web-сервиса «UCSC Genome Browser» (Haussler et al., 2015), визуализирующего полногеномную карту. Последующее рутинное геноти-

пирование их у множества пациентов выявляет среди минорных SNP биомедицинские маркеры, достоверно часто ассоциированные с данной патологией (Abbas et al., 2006). Общепринятый подход биоинформатиков – оценка сходства проекций миллионов неаннотированных SNPs «1000 геномов» и тысяч биомедицинских SNP-маркеров на карты геномов и метаболомов, генов и их продуктов в норме, патологии или при терапии (Chen et al., 2014). Это ускоряет поиск кандидатных SNP-маркеров лишь при множестве уже найденных биомедицинских SNP-маркеров или широкой инвариантности дефектов (например, любое повреждение белка). Оба условия взаимосвязаны и выполняются для SNPs кодирующей части генов. Напротив, SNP-маркеров регуляторных районов генов описано мало из-за специфиности их патогенных проявлений (Zerbino et al., 2015). При этом примерно 10 % регуляторных SNP-маркеров (Савинкова и др., 2009) найдены в районе [-70; -20] п. о. от старта транскрипции, т. е. в районе сайтов связывания TATA-связывающего белка (TBP). Это отвечает экспериментально установленным фактам: 1) TBP необходим для инициации транскрипции (Martianov et al., 2002); 2) средство TBP к промотору гена позитивно коррелирует с уровнем экспрессии этого гена (Mogno et al., 2010). Опыты по иммунопреципитации хроматина (ChIP) подтвердили, что у мыши большинство промоторов несут сайты связывания TBP (Choukallah et al., 2012), что совпало с *in silico* прогнозом и выборочными *in vivo* тестами для человека (Yang et al., 2011). Поэтому для поиска кандидатных SNPs в промоторах мы предлагаем дополнить общепринятую оценку сходства положения SNP-маркеров и неаннотированных SNPs *in silico* прогнозом средства «TBP/промотор» для этих SNPs (см. рисунок). Web-сервис SNP_TATA_Comparator, представленный нами ранее (Рассказов и др., 2013), подвел итог циклу работ по поиску данных о SNPs сайтов связывания TBP в промоторах человека (Савинкова и др., 2009), про-

гнозу связи «SNP-патология» (Пономаренко и др., 2009) и проверке таких прогнозов *in vitro*: 1) в «реальном времени» (Аркова и др., 2014); 2) в равновесных (Savinkova et al., 2013) и 3) в неравновесных (Drachkova et al., 2014) условиях.

В данной работе был применен этот Web-сервис к неаннотированным SNPs сайтов TBP-связывания, сходным с биомедицинскими SNP-маркерами по способности менять сродство TBP к тем же промоторам. Проведен поиск статей о биохимических маркерах хронопатологий, идентичных по изменениям экспрессии генов с этими SNPs, и обнаружено 32 кандидатных SNP-маркера, способных влиять на хронопатогенез путем изменения сродства TBP к промоторам 14 генов человека. Их проверка по медицинским стандартам может быть полезной для предиктивно-превентивной персонифицированной медицины.

Материалы и методы

Анализировали фрагменты ДНК проксимальных промоторов длиной 90 п. о. для анцестральных (hg19) и 89 минорных (min) вариантов 14 генов человека из обзора Савинковой с коллегами (2009). Анцестральные варианты брали из Ensembl (Zerbino et al., 2015) и GENCODE (Frankish et al., 2015), минорные делали из анцестральных, как показано на рисунке, в окнах «Base sequence» и «Editable sequence». По каждой ДНК мы оценили сродство TBP к промотору, $-\ln(K_D) \pm \delta$, в ln-единицах (окно «Result») и в нМ (табл. (здесь: K_D и δ – константа диссоциации комплекса TBP/промотор и ее стандартное отклонение). Сравнили сродство TBP к аллелям hg19 и min промотора в рамках Z-теста в составе стандартного статистического пакета R (Waardenberg et al., 2015), $Z = \text{abs}[\ln(K_D^{(\text{min})}/K_D^{(\text{hg19})})]/[\delta^2_{(\text{min})} + \delta^2_{(\text{hg19})}]^{1/2}$. Была предсказана (строка «Decision») при значимом росте сродства TBP к промотору суперэкспрессия гена, при спаде – дефицитная экспрессия (Mogno et al., 2010).

Результаты

Результаты для всех 32 найденных – описанных в литературе и кандидатных – биомедицинских SNP-маркеров хронопатологий даны на

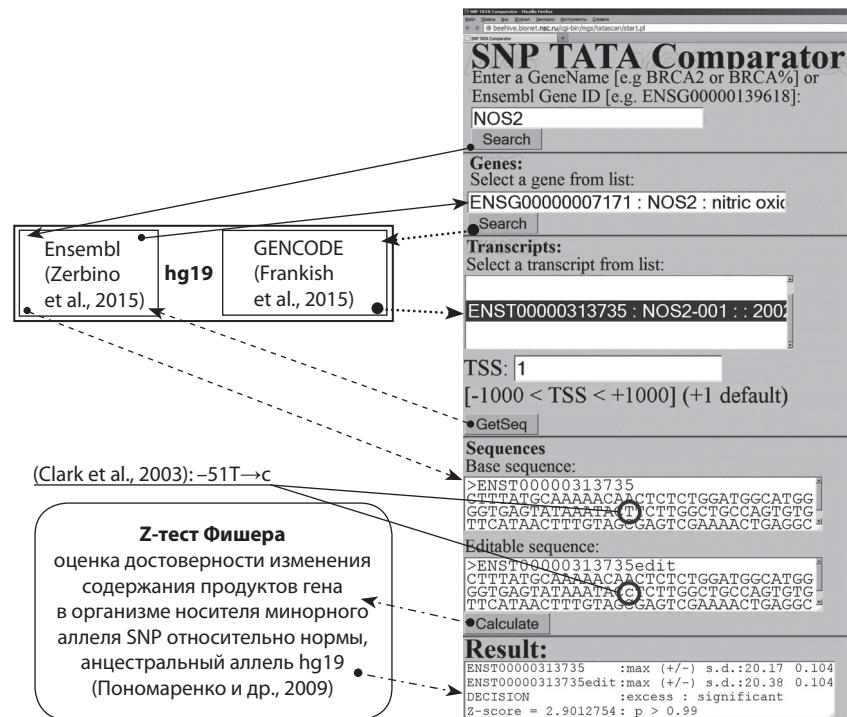


Схема *in silico* прогноза кандидатного SNP-маркера для хронопатологий с помощью Web-сервиса SNP_TATA_Comparator (Рассказов и др., 2013) на примере биомедицинского SNP-маркера $-51T \rightarrow C$ в промоторе гена *NOS2* для хронопатологий, наблюдавшихся при эпилепсии (Hofstra, de Weerd, 2009).

рисунке и в таблице. Рассмотрим их детально на примере гена индуцибелной NO-синтазы *NOS2*. В его промоторе замена *gtataaatac*(T → C)₋₅₁*cttggctgc* (далее: $-51T \rightarrow C$, выделено жирным – TATA-бокс, канонический сайт TBP-связывания) описана Clark с коллегами (2003) как SNP-маркер устойчивости к малярии и риска эпилепсии, при которой наблюдаются нарушения циркадных ритмов сердечно-сосудистой системы, сна – бодрствования, температуры тела и уровня мелатонина, кортизола и гормона роста (Hofstra, de Weerd, 2009). Сродство TBP к минорному аллелю $-51T$ было $20,17 \pm 0,10$ ln ед. (в табл. – 2 nM) значимо ($Z = 2,9$, $\alpha < 0,01$) выше такового для анцестрального аллеля $-51C$: $19,40 \pm 0,10$ ln ед. (1 nM). Согласно опыту (Mogno et al., 2010), росту сродства TBP к промотору соответствуют суперэкспрессия *NOS2* и избыток NO у пациента с $-51T$ (табл.: «↑»).

Это согласуется с клиническими данными роста уровня NO как компонента врожденного иммунитета при устойчивости к малярии (Clark et al., 2003) и как нейромедиатора при эпилепсии (Gonzalez-Martinez et al., 2009) и хронопатологиях (Hofstra, de Weerd, 2009). Мы нашли клинические наблюдения (Kaya et al., 2004) роста уровня NO как биохимического маркера ремиссии панического расстройства с циркадностью симптомов и поэтому прогнозируем SNP *NOS2*: $-51T \rightarrow C$ как кандидатный SNP-маркер этой хронопатологии.

Для остальных 13 генов человека мы получили аналогичные результаты (таблица), описание которых можно найти в Дополнительных материалах¹.

Обсуждение

Связывание TBP обязательно перед стартом транскрипции любой мРНК (Martianov et al., 2002). Было показано, что среди 68 биомедицинских и кандидатных SNP-маркеров, нарушающих TBP-связывание (Ponomarenko et al., 2015) есть 32 SNP-маркера для хронопатологий. На основе биоинформационного анализа TBP-связывания были подтверждены ранее описанные

¹ Дополнительные материалы см. в Приложении 3 по адресу:
<http://www.bionet.nsc.ru/vogis/download/pict-2015-12/appx3.pdf>

<i>In silico</i> прогноз изменения сродства TBP/промотор биомедицинскими и кандидатными SNP-маркерами хронопатологий человека									
Ген	dbSNP или лите́тура	5'-фланк	hg19 <u>min</u>	3'-фланк	$K_{D, \text{нМ}}$	Z	α	Известные (литература) и гипотетические (эта работа) патологии, связанные с циркадным ритмом	
			<u>hg19</u>	<u>Δ</u>	<u>min</u>				Литературный источник
NOS2	Clark et al., 2003	gtataataac	<u>t</u> <u>c</u>	tcttgctgc	<u>2</u> <u>7</u>	<u>↑</u> <u>3</u>	<u>10⁻²</u>	Риск эпилепсии, при которой может комплексно меняться циркадный ритм организма, а также устойчивость к мальарии; кроме того, гипотетически – фаза ремиссии панического расстройства и снижение его циркадной зависимости	
APOA1	Matsunaga et al., 1999	tgcagacata	<u>a</u> <u>c</u>	ataggccctg	<u>3</u> <u>4</u>	<u>↓</u> <u>5</u>	<u>10⁻⁷</u>	Гипоальфалипопротеинемия нарушает экспрессию генов циркадных часов в печени; гипотермия, стеатоз печени, ожирение; кроме того, гипотетически – рост риска посттрандbialного развития атеросклероза на фоне диабета	
Plengpanich et al., 2011	cgtggggact	<u>18 по.</u> <u>–</u>	gggtccagg	<u>4</u> <u>7</u>	<u>↓</u> <u>7</u>	<u>10⁻⁷</u>	Гиперальфалипопротеинемия снижает риск посттрандbialного развития атеросклероза на фоне диабета		
CETP	rs17231520	ggggctgggc	<u>g</u> <u>a</u>	gacatacata	<u>4</u> <u>2</u>	<u>↑</u> <u>10⁻³</u>	<u>10⁻⁷</u>	Кроме того, гипотетически – гипоальфалипопротеинемия нарушающая атеросклероз на фоне диабета	
rs569033466	atacatatac	<u>g</u> <u>a</u>	ggctccaggc	<u>4</u> <u>3</u>	<u>↑</u> <u>4</u>	<u>10⁻³</u>	Кроме того, гипотетически – гипоальфалипопротеинемия нарушающая атеросклероз на фоне диабета		
ESR2	rs35036378	ccttcggc	<u>t</u> <u>g</u>	ttaaaaggaa	<u>6</u> <u>8</u>	<u>↓</u> <u>5</u>	<u>10⁻³</u>	У ♀ мыши нарушен циркадный ритм поведенческой дневной активности, а также выраженный циркадный оптимум терапии тамоксифеном ER2-лефицитной опухоли рТ1	
DHFR	rs10168	ctgcacaaat	<u>g</u> <u>a</u>	gggcacgggg	<u>15</u> <u>9</u>	<u>↑</u> <u>9</u>	<u>10⁻⁷</u>	Выраженный циркадный терапевтический оптимум при устойчивости к метотрексату у детей слейкемии	
rs34223104	gatggaaattt	<u>t</u> <u>c</u>	ataaacagggt	<u>4</u> <u>70</u>	<u>↓</u> <u>15</u>	<u>10⁻⁷</u>	Ответ на терапию циклофосфамидом при циркадной ритмике терапии метотрексату у детей слейкемии		
CYP2B6	rs563358831	tgaattttta	<u>t</u> <u>c</u>	aacagggtgc	<u>4</u> <u>70</u>	<u>↓</u> <u>13</u>	<u>10⁻²</u>	Гипотетически – ответ на терапию циклофосфамидом при циркадной ритмике терапии лучше выражен	
IL1B	rs1143627	ttttaaaagc	<u>c</u> <u>t</u>	ataaaaacag	<u>5</u> <u>2</u>	<u>↑</u> <u>15</u>	<u>10⁻⁷</u>	Большое депрессивное расстройство с циркадным оптимумом диагностики и терапии, смещаемым жирной и утловой диетой, язва желудка и хронический гастрит, немелкоклеточный рак легких, рак желудка, гепатоклеточная карцинома, диффузный токический зоб, гипотетически – билатеральное расстройство с циркадным оптимумом диагностики и терапии, зависимым от диеты	
	rs549858786	tgaaggccat	<u>a</u> <u>t</u>	aaaacaggcga	<u>7</u> <u>5</u>	<u>↓</u> <u>8</u>	<u>10⁻⁷</u>	Гипотетически – ревматоидный артрит, который в свою очередь нарушает циркадный ритм экспрессии гена IL1B	
MMPI2	rs2276109	gatatacaat	<u>a</u> <u>g</u>	ttagtcactc	<u>11</u> <u>74</u>	<u>↓</u> <u>3</u>	<u>10⁻²</u>	Низкий риск системного склероза и псoriasis, а также астмы с циркадным ухудшением ее симптомов	
	rs57227200	gatgatatac	<u>a</u> <u>g</u>	ctatagtcata	<u>11</u> <u>74</u>	<u>↓</u> <u>3</u>	<u>10⁻²</u>	Гипотетически – ниже риск системного склероза, псoriasis и астмы с циркадностью ее симптомов	
INS	rs5505	agatcacgt	<u>c</u> <u>t</u>	cttctgccat	<u>53</u> <u>44</u>	<u>↑</u> <u>4</u>	<u>10⁻³</u>	Риск неонального диабета, риск гиперинсулинемии с нарушением циркадных ритмов репродуктивной системы, кровяного давления и баланса «улухоль – хозяин»	

Окончание таблицы

Ген	dbSNP или лите- ратура	5'-фланк	hg19 <i>min</i>	3'-фланк	K_D , <i>nM</i>	<i>Z</i>	<i>a</i>	Известные (литература) и гипотетические (эта работа) патологии, связанные с циркадным ритмом	Литературный источник
<i>INS</i>			hg19 <i>min</i>		$\frac{K_D, nM}{hg19}$ <i>min</i>				
rs563207167	tgcccttgc	t	tgttcctcgg	53 <i>t</i>	$\frac{53}{60}$	\downarrow	2	0.05	Гипотетически – риски неонатального диабета и гипертинсулинемии
rs11557611	gatcaatgtc	c	tttgcctatg	53 <i>c</i>	$\frac{53}{62}$	\downarrow	3	10^{-2}	Гипотетически – риски неонатального диабета и гипертинсулинемии
Kavlie et al., 2003	ccttgaggc	a	gagaactttg	9 <i>a</i>	tcagtcccat	53 <i>a</i>	\uparrow	2	0.05
F7	rs367732974	aacttgtccc	q	ccatggggaa	53 <i>q</i>	$\frac{53}{25}$	\uparrow	$13 \cdot 10^{-7}$	Тенденция к умеренным кровотечениям с циркадным ухудшением зимой
rs549591993	gcccgctagt	c	ccatggggaa	53 <i>c</i>	$\frac{53}{25}$	\uparrow	$13 \cdot 10^{-7}$	и при частой смене часовых поясов	
F3	rs563763767	ccctttatag	c	ggcgccggca	3 <i>c</i>	\uparrow	6	10^{-7}	Эта работа; Carvalho de Sousa et al., 1989; Marckmann et al., 1993; Tang et al., 2009
rs397509430	gggtctggca	t	atacaacatgt	5 <i>t</i>	$\frac{5}{29}$	\downarrow	34	10^{-7}	Эта работа
rs33980857	gggtctggca	t	atacaacatgt	5 <i>a, g, c</i>	$\frac{5}{27}$	\downarrow	27	10^{-7}	Colognesi et al., 2007
rs34598529	gggtctggcat	a	aaatgcagg	5 <i>a</i>	$\frac{5}{18}$	\downarrow	24	10^{-7}	Bannerman et al., 1986;
rs33931746	gctggcata	g	aatgcaggcc	5 <i>g</i>	$\frac{5}{17}$	\downarrow	$14 \cdot 10^{-7}$	Sun et al., 1991; Sherry et al., 2001;	
HBB	rs33981098	agggtggcc	a	taaaaggtag	5 <i>a</i>	\downarrow	10	10^{-7}	Thio et al., 2008;
rs34500389	cagggtctgg	c	ataaaatgtca	5 <i>c</i>	$\frac{5}{6}$	\downarrow	3	10^{-2}	Unger et al., 2009
rs63750953	ctggcataaa	aa	gtcaggcggcag	5 <i>aa</i>	$\frac{5}{8}$	\downarrow	9	10^{-7}	Гипотетически – рост устойчивости к малярии в сочетании с Fe-анемией
rs281864525	tggcataaa	a	gtcaggcggcag	5 <i>a</i>	$\frac{5}{7}$	\downarrow	7	10^{-7}	Кули с циркадностью синдрома беспокойных ног, а также с нейросенсорной тугоухостью как осложнением терапии талассемии дефероксамином
rs35518301	caggaccags	a	taaaaggcgg	4 <i>a</i>	$\frac{4}{8}$	\downarrow	11	10^{-7}	Эта работа
HBD	rs34166473	aggaccagsca	t	aaaaggcagg	4 <i>t</i>	\downarrow	18	10^{-7}	Bannerman et al., 1986;
STAR	rs16887226	cagcccttag	c	ggggacatt	10 <i>c</i>	$=$	0	–	Sun et al., 1991; Thio et al., 2008;
	rs544850971	tcagggggggg	q	cattaaac	10 <i>q</i>	\downarrow	5	10^{-2}	Эта работа
									Гипотетически – слабая устойчивость к эндотоксинам и гипертонии при диабете

hg19 – анцестральный и минорный аллели; K_D – оценка (Rasskazov и др., 2013) константы диссоциации комплекса TBP с промотором для условий *in vitro* опыта (Savinkova et al., 2013); Δ – изменение экспрессии: избыток (\uparrow), недостаток (\downarrow), дефицит ($=$) и недостоверное (\equiv); Z – Z-тест; $a \equiv 1 - p$ – уровень значимости (где p – вероятность, показанная на рисунке, окно «Results»).

SNP-маркеры хронопатологий и болезней с циркадным оптимумом терапии и предложены кандидатные SNP-маркеры и гипотезы их фенотипического эффекта (появление хронопатологии, выраженность ответа на терапию при циркадной ритмике, см. таблицу). Следовательно, анализ связи «ТВР–промотор» может дать врачам меру обоснованности поиска SNP-маркеров среди SNPs в области проксимальных промоторов. Доказать же значимость найденных SNP-маркеров может лишь достоверно высокая их частота у пациентов с учетом возрастного, гендерного и этнического состава их когорт, климата, экологии, условий и стиля их жизни (Yoo et al., 2014). Спектр связей SNPs сайтов связывания ТВР с хронопатологиями включает как нарушения циркадности (e.g., rs35036378) и риск заболеваний (e.g., rs549858786), так и внутрисуточные (e.g., rs397509430), сезонные (e.g., F7: –33A → C), гендерные (e.g., rs11557611) и возрастные (e.g., rs563763767) особенности патологий, циркадные оптимумы диагностики (e.g., NOS2: –51T → C) и терапии (e.g., rs34223104), их сдвиг диетой пациента (e.g., rs1143627), дисбаланс систем в организме (e.g., rs16887226), включая «опухоль–хозяин» (e.g., rs5505), риск ряда осложнений патологий (e.g., rs17231520). Это соответствует нашему каталогу (Подколодная, Подколодный, 2013) биомедицинских SNP-маркеров в генах циркадного ритма, установленных чаще в регуляторных районах и в связи с циркадными особенностями неоплазм (e.g., нарушен суточный ритм при раке молочной железы (Cash et al., 2015)), психических (e.g., синдром Смит–Магениса (Mullegama et al., 2015)), нейродегенеративных (e.g., болезнь Альцгеймера (Wu et al., 2007)), аутоиммунных (e.g., ревматоидный артрит (Kouri et al., 2013)), воспалительных, метаболических заболеваний и старения.

Наконец, статистическая значимость кандидатных SNP-маркеров варьировала от высокой (e.g., $\alpha < 10^{-7}$ для rs10168) до пороговой (e.g., $\alpha < 0,05$ для rs549591993). Поэтому необходима их проверка по медицинским стандартам, для которой биоинформационический анализ может дать пределы точности. В таблице даны оценки K_D (в нМ) для комплексов ТВР/ДНК в условиях *in vitro* (Savinkova et al., 2013). Они были от 1 до 60 нМ при их разнице для вариантов SNP менее 2 % этого диапазона, это вне рамок точности их измерений, $\pm 10\%$, без их оценок *a priori*. Поэтому оценки K_D в таблице – это необходимая для проверки по медицинским стандартам часть кандидатного SNP-маркера хронопатологий.

Верификация предсказанных кандидатных SNP-маркёров сайтов связывания ТВР в промоторах генов человека в рамках медицинских стандартов и протоколов будет способствовать предиктивно-превентивной персонализированной медицине.

Благодарности

Создание Web-сервиса поддержано грантом РНФ 14-24-00123 для РД, ПНЛ, ПО и ПНН; сбор данных – грантом РФФИ № 14-04-00485 для ПМ; анализ данных – проектом VI.58.1.2 для СЛ.

Конфликт интересов

Авторы заявляют об отсутствии конфликта интересов.

Список литературы

- Аркова О.В., Кузнецова Н.А., Федорова О.С., Колчанов Н.А., Савинкова Л.К. Взаимодействие ТВР с ТАТА-боксом промотора гена триозофосфатизомеразы человека в норме и при патологии, определенное в режиме реального времени. *Acta Naturae*. 2014;6(2):40-44.
- Подколодная О.А., Подколодный Н.Л. Полиморфизмы генов циркадных часов (ПМ ГЦЧ). А. с. № 20133621533. М.: РОСПАТЕНТ РФ, 2013.
- Пономаренко П.М., Пономаренко М.П., Драчкова И.А., Лысова М.В., Аршинова Т.В., Савинкова Л.К., Колчанов Н.А. Прогноз изменения аффинности ТАТА-связывающего белка к ТАТА-боксам в результате полиморфизмов ТАТА-боксов промоторов генов человека. *Молекулярная биология*. 2009;43(3):512-520.
- Рассказов Д.А., Гунбин К.В., Пономаренко П.М., Вишневский О.В., Пономаренко М.П., Афонников Д.А. SNP_TATA_Comparator: Web-сервис для сравнения SNPs внутри промоторов генов, ассоциированных с заболеваниями человека, с использованием уравнения равновесного связывания комплекса ТВР/ТАТА. *Вавиловский журнал генетики и селекции*. 2013;17(4/1):599-606.
- Савинкова Л.К., Пономаренко М.П., Пономаренко П.М., Драчкова И.А., Лысова М.В., Аршинова Т.В., Колчанов Н.А. Полиморфизмы ТАТА-боксов промоторов генов человека и ассоциированные с ними наследственные патологии. *Биохимия*. 2009;74(2):149-163.
- Стародубцева Н.Л., Соболев В.В., Соболева А.Г., Николаев А.А., Брускин С.А. Экспрессия генов металлопротеаз (MMP1, MMP 2, MMP 9, MMP 12) при псориазе. *Генетика*. 2011;47(9):1254-1261.
- Abbas A., Lechervel M., Sichel F. Identification of new single nucleotide polymorphisms (SNP) in alcohol dehydrogenase class IV ADH7 gene within a French population. *Arch. Toxicol.* 2006;80(4):201-205. DOI 10.1007/s00204-005-0031-7
- Al-Shakfa F., Dulucq S., Brukner I., Milacic I., Ansari M., Beaulieu P., Moghrabi A., Laverdiere C., Sallan S., Silverman L.B., Neuberg D., Kutok J.L., Sinnett D., Krajinovic M. DNA variants in region for non-coding interfering transcript of dihydrofolate reductase gene and outcome in childhood acute lymphoblastic leukemia. *Clin. Cancer Res.* 2009;15(22):6931-6938. DOI 10.1158/1078-0432.CCR-09-0641
- Arnaud E., Barbalat V., Nicaud V., Cambien F., Evans A., Morrison C., Arveiler D., Luc G., Ruidavets J.B., Emmerich J., Fiessinger J.N., Aiach M. Polymorphisms in the 5' regulatory region of the tissue factor gene and the risk of myocardial infarction and venous thromboembolism: the ECTIM and PATHROS studies. *Etude Cas-Témoins de l'Infarctus du Myocarde. Paris Thrombosis case-control Study. Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.* 2000;20(3):892-898.
- Ávila Moraes C., Cambras T., Diez-Noguera A., Schmitt R., Dantas G., Levandovski R., Hidalgo M.P. A new chronobiological approach to discriminate between acute and chronic depression using peripheral temperature, rest-activity, and light exposure parameters. *BMC Psychiatry*. 2013;13:77. DOI 10.1186/1471-244X-13-77
- Bannerman R.M., Garrick L.M., Rusnak-Smalley P., Hoke J.E., Edwards J.A. Hemoglobin deficit: an inherited hypochromic anemia in the mouse. *Proc. Soc. Exp. Biol. Med.* 1986;182(1):52-57.
- Bianchi S., Bigazzi R., Nenci R., Campese V. Hyperinsulinemia, circadian variation of blood pressure and end-organ damage in hypertension. *J. Nephrol.* 1997;10(6):325-333.
- Binkhorst L., Kloot J.S., de Wit A.S., de Bruijn P., Lam M.H., Chaves I., Burger H., van Alphen R.J., Hamberg P., van Schaik R.H., Jager A., Koch B.C., Wiemer E.A., van Gelder T., van der Horst G.T., Mathijssen R.H. Circadian variation in tamoxifen pharmacokinetics in mice and breast cancer patients. *Breast Cancer Res. Treat.* 2015;152(1):119-128. DOI 10.1007/s10549-015-3452-x
- Blask D., Dauchy R., Dauchy E., Mao L., Hill S.M., Greene M.W., Belancio V.P., Sauer L.A., Davidson L. Light exposure at night disrupts host/cancer circadian regulatory dynamics: impact on the Warburg effect, lipid signaling and tumor growth prevention. *PLoS One*. 2014;9(8):e102776. DOI 10.1371/journal.pone.0102776
- Borkowska P., Kucia K., Rzezniczek S., Paul-Samojedny M., Kowalczyk M., Owczarek A., Suchanek R., Medrala T., Kowalski J. In-

- terleukin-1beta promoter (-31T/C and -511C/T) polymorphisms in major recurrent depression. *J. Mol. Neurosci.* 2011;44(1):12-16. DOI 10.1007/s12031-011-9507-5
- Carter C.J. Multiple genes and factors associated with bipolar disorder converge on growth factor and stress activated kinase pathways controlling translation initiation: implications for oligodendrocyte viability. *Neurochem. Int.* 2007;50(3):461-490. DOI 10.1016/j.neuint.2006.11.009
- Carvalho de Sousa J., Bruckert E., Giral P., Soria C., Chapman J., Truffert J., Dairou F., De Gennes J.L., Caen J.P. Coagulation factor VII and plasma triglycerides. Decreased catabolism as a possible mechanism of factor VII hyperactivity. *Haemostasis.* 1989;19(3):125-130.
- Casal A., Sinclair V., Capponi A.M., Nicod J., Huynh-Do U., Ferrari P. A novel mutation in the steroidogenic acute regulatory protein gene promoter leading to reduced promoter activity. *J. Mol. Endocrinol.* 2006;37(1):71-80. DOI 10.1677/jme.1.02082
- Cash E., Sephton S.E., Chagpar A.B., Spiegel D., Rebholz W.N., Zimmaro L.A., Tillie J.M., Dhabhar F.S. Circadian disruption and biomarkers of tumor progression in breast cancer patients awaiting surgery. *Brain Behav. Immun.* 2015;48:102-114. DOI 10.1016/j.bbi.2015.02.017
- Chen C.Y., Chang I.S., Hsiung C.A., Wasserman W.W. On the identification of potential regulatory variants within genome wide association candidate SNP sets. *BMC Med. Genomics.* 2014;11(7):34. DOI 10.1186/1755-8794-7-34
- Chikanza I.C., Petrou P., Kingsley G., Chrousos G., Panayi G.S. Defective hypothalamic response to immune and inflammatory stimuli in patients with rheumatoid arthritis. *Arthritis Rheum.* 1992;35(11):1281-1288.
- Choukallah M.A., Kobi D., Martianov I., Pijnappel W.W., Mischerekow N., Ye T., Heck A.J., Timmers H.T., Davidson I. Interconversion between active and inactive TATA-binding protein transcription complexes in the mouse genome. *Nucl. Acids Res.* 2012;40(4):1446-1459. DOI 10.1093/nar/gkr802
- Clark I., Rockett K.A., Burgner D. Genes, nitric oxide and malaria in African children. *Trends Parasitol.* 2003;19(8):335-337. DOI 10.1016/S1471-4922(03)00147-8
- Colognesi L., Pasquali V., Foa A., Renzi P., Bernardi F., Bertolucci C., Pinotti M. Temporal variations of coagulation factor VII activity in mice are influenced by lighting regime. *Chronobiol. Int.* 2007;24:305-313. DOI 10.1080/07420520701282307
- Delaneau O., Marchini J.; 1000 Genomes Project Consortium. Integrating sequence and array data to create an improved 1000 Genomes Project haplotype reference panel. *Nat. Commun.* 2014;5:3934. DOI 10.1038/ncomms4934
- Drachkova I., Savinkova L., Arshinova T., Ponomarenko M., Peltek S., Kolchanov N. The mechanism by which TATA-box polymorphisms associated with human hereditary diseases influence interactions with the TATA-binding protein. *Hum. Mutat.* 2014;35(5):601-608. DOI 10.1002/humu.22535.
- Durrington H.J., Farrow S.N., Loudon A.S., Ray D.W. The circadian clock and asthma. *Thorax.* 2014;69(1):90-92. DOI 10.1136/thoraxjnl-2013-203482
- Eckel-Mahan K., Sassone-Corsi P. Epigenetic regulation of the molecular clockwork. *Prog. Mol. Biol. Transl. Sci.* 2013;119:29-50. DOI 10.1016/B978-0-12-396971-2.00002-6
- El-Omar E.M., Carrington M., Chow W.H., McColl K.E., Bream J.H., Young H.A., Herrera J., Lissowska J., Yuan C.C., Rothman N., Lanyon G., Martin M., Fraumeni J.F. Jr, Rabkin C.S. Interleukin-1 polymorphisms associated with increased risk of gastric cancer. *Nature.* 2000;404(6776):398-402. DOI 10.1038/35006081
- Frankish A., Uszczynska B., Ritchie G.R., Gonzalez J.M., Pervouchine D., Petryszak R., Mudge J., Fonseca N., Brazma A., Guigo R., Harrow J. Comparison of GENCODE and RefSeq gene annotation and the impact of reference genes on variant effect prediction. *BMC Genomics.* 2015;16(Suppl. 8):S2. DOI 10.1186/1471-2164-16-S8-S2
- Gabas-Rivera C., Martinez-Beamonte R., Rios J.L., Navarro M.A., Surra J.C., Arnal C., Rodriguez-Yoldi M., Osada J. Dietary oleanolic acid mediates circadian clock gene expression in liver independent-ly of diet and animal model but requires apolipoprotein A1. *J. Nutr. Biochem.* 2013;24:2100-2109. DOI 10.1016/j.jnutbio.2013.07.010
- Gonzalez-Martinez J.A., Moddel G., Ying Z., Prayson R.A., Bingham W.E., Najm I.M. Neuronal nitric oxide synthase expression in resected epileptic dysplastic neocortex. *J. Neurosurg.* 2009;110(2):343-349. DOI 10.3171/2008.6.17608
- Gorbacheva V., Kondratov R.V., Zhang R., Cherukuri S., Gudkov A.V., Takahashi J.S., Antoch M.P. Circadian sensitivity to the chemotherapeutic agent cyclophosphamide depends on the functional status of the CLOCK/BMAL1 transactivation complex. *Proc. Natl Acad. Sci. USA.* 2005;102(10):3407-3412. DOI 10.1073/pnas.0409897102
- Haeussler M., Raney B.J., Hinrichs A.S., Clawson H., Zweig A.S., Karolchik D., Casper J., Speir M.L., Haussler D., Kent W.J. Navigating protected genomics data with UCSC Genome Browser in a box. *Bioinformatics.* 2015;31(5):764-766. DOI 10.1093/bioinformatics/btu712
- Haus E. Chronobiology of hemostasis and inferences for the chronotherapy of coagulation disorders and thrombosis prevention. *Adv. Drug Deliv. Rev.* 2007;59(9/10):966-984. DOI 10.1016/j.addr.2006.11.002
- Hayashi F., Watanabe M., Nanba T., Inoue N., Akamizu T., Iwatani Y. Association of the -31C/T functional polymorphism in the interleukin-1beta gene with the intractability of Graves' disease and the proportion of T helper type 17 cells. *Clin. Exp. Immunol.* 2009;158(3):281-286. DOI 10.1111/j.1365-2249.2009.04034.x
- Hirayama S., Soda S., Ito Y., Matsui H., Ueno T., Fukushima Y., Ohmura H., Hanyu O., Aizawa Y., Miida T. Circadian change of serum concentration of small dense LDL-cholesterol in type 2 diabetic patients. *Clin. Chim. Acta.* 2010;411(3/4):253-257. DOI 10.1016/j.cca.2009.11.017
- Hofstra R.W.A., de Weerd A.W. The circadian rhythm and its interaction with human epilepsy: a review of literature. *Sleep Med. Rev.* 2009;13(6):413-420. DOI 10.1016/j.smrv.2009.01.002
- Hunninghake G.M., Cho M.H., Tesfaigzi Y., Soto-Quiros M.E., Avila L., Lasky-Su J., Stidley C., Melen E., Soderhall C., Hallberg J., Kull I., Kere J., Svartengren M., Pershagen G., Wickman M., Lange C., Demeo D.L., Hersh C.P., Klanderup B.J., Raby B.A., Sparrow D., Shapiro S.D., Silverman E.K., Litonjua A.A., Weiss S.T., Celedon J.C. MMP12, lung function, and COPD in high-risk populations. *N. Engl. J. Med.* 2009;361(27):2599-2608. DOI 10.1056/NEJMoa0904006
- Kavlie A., Hiltunen L., Rasi V., Prydz H. Two novel mutations in the human coagulation factor VII promoter. *Thromb. Haemost.* 2003;90(2):194-205. DOI 10.1160/TH02-09-0050
- Kaya B., Unal S., Karabulut A.B., Turkoz Y. Altered diurnal variation of nitric oxide production in patients with panic disorder. *Tohoku J. Exp. Med.* 2004;204(2):147-154. DOI 10.1620/tjem.204.147
- Kouri V.P., Ollkkonen J., Kaivosa E., Ainola M., Juhila J., Hovatta I., Kontinen Y.T., Mandelin J. Circadian timekeeping is disturbed in rheumatoid arthritis at molecular level. *PLoS One.* 2013;8(1):e54049. DOI 10.1371/journal.pone.0054049
- Laughlin G.A., Dominguez C.E., Yen S.S. Nutritional and endocrine-metabolic aberrations in women with functional hypothalamic amenorrhea. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* 1998;83(1):25-32. DOI <http://dx.doi.org/10.1210/jcem.83.1.4502>
- Manetti M., Ibba-Manneschi L., Fatini C., Guiducci S., Cuomo G., Bonino C., Bazzichi L., Liakouli V., Giacomelli R., Abbate R., Bombardieri S., Montecucco C., Valentini G., Matucci-Cerinic M. Association of a functional polymorphism in the matrix metalloproteinase-12 promoter region with systemic sclerosis in an Italian population. *J. Rheumatol.* 2010;37(9):1852-1857. DOI 10.3899/jrheum.100237
- Marckmann P., Sandstrom B., Jespersen J. Dietary effects on circadian fluctuation in human blood coagulation factor VII and fibrinolysis. *Atherosclerosis.* 1993;101(2):225-234. DOI 10.1016/0021-9150(93)90119-F
- Martianov I., Viville S., Davidson I. RNA polymerase II transcription in murine cells lacking the TATA binding protein. *Science.* 2002;298(5595):1036-1039. DOI 10.1126/science.1076327

- Martinez-Carrillo D.N., Garza-Gonzalez E., Betancourt-Linares R., Monico-Manzano T., Antunez-Rivera C., Roman-Roman A., Flores-Alfaro E., Illades-Aguiar B., Fernandez-Tilapa G. Association of IL1B -511C/-31T haplotype and Helicobacter pylori vacA genotypes with gastric ulcer and chronic gastritis. *BMC Gastroenterol.* 2010;10:126. DOI 10.1186/1471-230X-10-126
- Matsunaga A., Sasaki J., Han H., Huang W., Kugi M., Koga T., Ichiki S., Shinkawa T., Arakawa K. Compound heterozygosity for an apolipoprotein A1 gene promoter mutation and a structural nonsense mutation with apolipoprotein A1 deficiency. *Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol.* 1999;19(2):348-355. DOI 10.1161/01.ATV.19.2.348
- Mereness A.L., Murphy Z.C., Sellix M.T. Developmental programming by androgen affects the circadian timing system in female mice. *Biol. Reprod.* 2015;92(4):88. DOI 10.1093/biolreprod.114.126409
- Mogno I., Vallania F., Mitra R., Cohen B. TATA is a modular component of synthetic promoters. *Genome Res.* 2010;20(10):1391-1397. DOI 10.1101/gr.106732.110
- Mullegamma S.V., Pugliesi L., Burns B., Shah Z., Tahir R., Gu Y., Nelson D.L., Elsea S.H. MBD5 haploinsufficiency is associated with sleep disturbance and disrupts circadian pathways common to Smith-Magenis and fragile X syndromes. *Eur. J. Hum. Genet.* 2015;23(6): 781-789. DOI 10.1038/ejhg.2014.200
- Ohdo S., Inoue K., Yukawa E., Higuchi S., Nakano S., Ogawa N. Chronotoxicity of methotrexate in mice and its relation to circadian rhythm of DNA synthesis and pharmacokinetics. *Jpn. J. Pharmacol.* 1997;75(3):283-290. DOI 10.1254/jjp.75.283
- Oishi K., Koyanagi S., Ohkura N. Circadian mRNA expression of coagulation and fibrinolytic factors is organ-dependently disrupted in aged mice. *Exp. Gerontol.* 2011;46(12):994-999. DOI 10.1016/j.exger.2011.09.003
- Oka K., Belalcazar L.M., Dieker C., Nour E.A., Nuno-Gonzalez P., Paul A., Cormier S., Shin J.K., Finegold M., Chan L. Sustained phenotypic correction in a mouse model of hypoalphalipoproteinemia with a helper-dependent adenovirus vector. *Gene Ther.* 2007;14(3): 191-202. DOI 10.1038/sj.gt.3302819
- Padmanabhan K., Robles M.S., Westerling T., Weitz C.J. Feedback regulation of transcriptional termination by the mammalian circadian clock PERIOD complex. *Science.* 2012;337(6094):599-602. DOI 10.1126/science.1221592
- Philips S., Richter A., Oesterreich S., Rae J.M., Flockhart D.A., Perrumal N.B., Skaar T.C. Functional characterization of a genetic polymorphism in the promoter of the ESR2 gene. *Horm. Cancer.* 2012;3(1/2):37-43. DOI 10.1007/s12672-011-0086-2
- Pivovarova O., Jurchott K., Rudovich N., Hornemann S., Ye L., Mockel S., Murahovschi V., Kessler K., Seltmann A.C., Maser-Gluth C., Mazuch J., Kruse M., Busjahn A., Kramer A., Pfeiffer A.F. Changes of dietary fat and carbohydrate content alter central and peripheral clock in humans. *J. Clin. Endocrinol. Metab.* 2015;100(6):2291-2302. DOI 10.1210/jc.2014-3868
- Plengpanich W., Le Goff W., Poolsuk S., Julia Z., Guerin M., Khovidhunkit W. CETP deficiency due to a novel mutation in the CETP gene promoter and its effect on cholesterol efflux and selective uptake into hepatocytes. *Atherosclerosis.* 2011;216(2):370-373. DOI 10.1016/j.atherosclerosis.2011.01.051
- Ponomarenko M., Rasskazov D., Arkova O., Ponomarenko P., Suvorov V., Savinkova L., Kolchanov N.A. How to use SNP_TATA_Comparator to find a significant change in gene expression caused by the regulatory SNP of this gene's promoter via a change in affinity of the TATA-binding protein for this promoter. *Biomed. Res. Int.* 2015;359835. DOI 10.1155/2015/359835
- Royston S., Yasui N., Kondilis A.G., Lord S.V., Katzenellenbogen J.A., Mahoney M.M. ESR1 and ESR2 differentially regulate daily and circadian activity rhythms in female mice. *Endocrinology.* 2014;155(7):2613-2623. DOI 10.1210/en.2014-1101
- Savinkova L.K., Drachkova I.A., Arshinova T.V., Ponomarenko P.M., Ponomarenko M.P., Kolchanov N.A. An experimental verification of the predicted effects of promoter TATA-box polymorphisms associated with human diseases on interactions between the TATA boxes and TATA-binding protein. *PLoS One.* 2013;8(2):e54626. DOI 10.1371/journal.pone.0054626
- Sherry S.T., Ward M.H., Kholodov M., Baker J., Phan L., Smigelski E.M., Sirotkin K. dbSNP: the NCBI database of genetic variation. *Nucl. Acids Res.* 2001;29(1):308-311. DOI 10.1093/nar/29.1.308
- Sieuwerts A.M., Ansems M., Look M.P., Span P.N., de Weerd V., van Galen A., Foekens J.A., Adema G.J., Martens J.W. Clinical significance of the nuclear receptor co-regulator DC-SCRIPT in breast cancer: an independent retrospective validation study. *Breast Cancer Res.* 2010;12(6):R103. DOI 10.1186/bcr2786
- Sun A.H., Wang Z.M., Xiao S.Z., Li Z.J., Li J.Y., Kong L.S. Red cell basic ferritin concentration in sensorineural hearing loss. *ORL J. Otorhinolaryngol. Relat. Spec.* 1991;53(5):270-272.
- Tang J.Q., Fan Q., Wan Y.L., Liu Y.C., Wang X., Wu T., Pan Y.S., Wu W. H., Zhu J. Ectopic expression and clinical significance of tissue factor/coagulation factor VII complex in colorectal cancer. *Beijing Da Xue Xue Bao.* 2009;41(5):531-536. DOI 10.3969/j.issn.1671-167x.2009.05.005
- Thio D., Prasad V., Anslow P., Lennox P. Marrow proliferation as a cause of hearing loss in beta-thalassaemia major. *J. Laryngol. Otol.* 2008;122(11):1253-1256. DOI 10.1017/S0022215107000874
- Unger E.L., Earley C.J., Beard J.L. Diurnal cycle influences peripheral and brain iron levels in mice. *J. Appl. Physiol.* (1985). 2009;106(1): 187-193. DOI 10.1152/japplphysiol.91076.2008
- Waardenberg A.J., Basset S.D., Bouveret R., Harvey R.P. CompGO: an R package for comparing and visualizing Gene Ontology enrichment differences between DNA binding experiments. *BMC Bioinformatics.* 2015;16(1):275. DOI 10.1186/s12859-015-0701-2
- Wang Y., Kato N., Hoshida Y., Yoshida H., Taniguchi H., Goto T., Moriyama M., Otsuka M., Shiina S., Shiratori Y., Ito Y., Omata M. Interleukin-1beta gene polymorphisms associated with hepatocellular carcinoma in hepatitis C virus infection. *Hepatology.* 2003;37(1): 65-71. DOI 10.1053/jhep.2003.50017
- Wang J., Luo Y., Wang K., Wang Y., Zhang X., Teng H., Sun Z. Clock-controlled StAR's expression and corticosterone production contribute to the endotoxemia immune response. *Chronobiol. Int.* 2015; 32(3):358-367. DOI 10.3109/07420528.2014.982284
- Wu Y., Zhou J., Van Heerikhuize J., Jockers R., Swaab D. Decreased MT1 melatonin receptor expression in the suprachiasmatic nucleus in aging and Alzheimer's disease. *Neurobiol. Aging.* 2007;28(8):1239-1247. DOI 10.1016/j.neurobiolaging.2006.06.002
- Wu K., Zhou X., Zheng F., Xu X., Lin Y., Yang J. Influence of interleukin-1 beta genetic polymorphism, smoking and alcohol drinking on the risk of non-small cell lung cancer. *Clin. Chim. Acta.* 2010;411(19/20):1441-1446. DOI 10.1016/j.cca.2010.05.035
- Yamazaki H., Takeoka M., Kitazawa M., Ehara T., Itano N., Kato H., Taniguchi S. ASC plays a role in the priming phase of the immune response to type II collagen in collagen-induced arthritis. *Rheumatol. Int.* 2012;32(6):1625-1632. DOI 10.1007/s00296-011-1825-y
- Yang M., Laflamme K., Gotea V., Joiner C.H., Seidel N.E., Wong C., Petrykowska H.M., Lichtenberg J., Lee S., Welch L., Gallagher P.G., Bodine D.M., Elnitski L. Genome-wide detection of a TFIID localization element from an initial human disease mutation. *Nucl. Acids Res.* 2011;39(6):2175-2187. DOI 10.1093/nar/gkq1035
- Yoo S.S., Jin C., Jung D.K., Choi Y.Y., Choi J.E., Lee W.K., Lee S.Y., Lee J., Cha S.I., Kim C.H., Seok Y., Lee E., Park J.Y. Putative functional variants of XRCC1 identified by RegulomeDB were not associated with lung cancer risk in a Korean population. *Cancer Genet.* 2015;208(1/2):19-24. DOI 10.1016/j.cancergen.2014.11.004
- Zerbino D.R., Wilder S.P., Johnson N., Juettemann T., Flieck P.R. The Ensembl regulatory build. *Genome Biol.* 2015;16:56. DOI 10.1186/s13059-015-0621-5
- Zhang R., Lahens N.F., Ballance H.I., Hughes M.E., Hogenesch J.B. A circadian gene expression atlas in mammals: implications for biology and medicine. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA.* 2014;111(45):16219-16224. DOI 10.1073/pnas.1408886111
- Zukunft J., Lang T., Richter T., Hirsch-Ernst K.I., Nussler A.K., Klein K., Schwab M., Eichelbaum M., Zanger U.M. A natural CY-P2B6 TATA box polymorphism (-82T→C) leading to enhanced transcription and relocation of the transcriptional start site. *Mol. Pharmacol.* 2005;67(5):1772-1782. DOI 10.1124/mol.104.008086