

Univerza v Ljubljani  
Fakulteta za *matematiko in fiziko*



Seminar pri predmetu Biofizika

# DNA kode za nanoznanosti

Avtor: Boštjan Jencič

Mentor: prof. dr. Rudolf Podgornik

Ljubljana, Maj 2014

## Povzetek

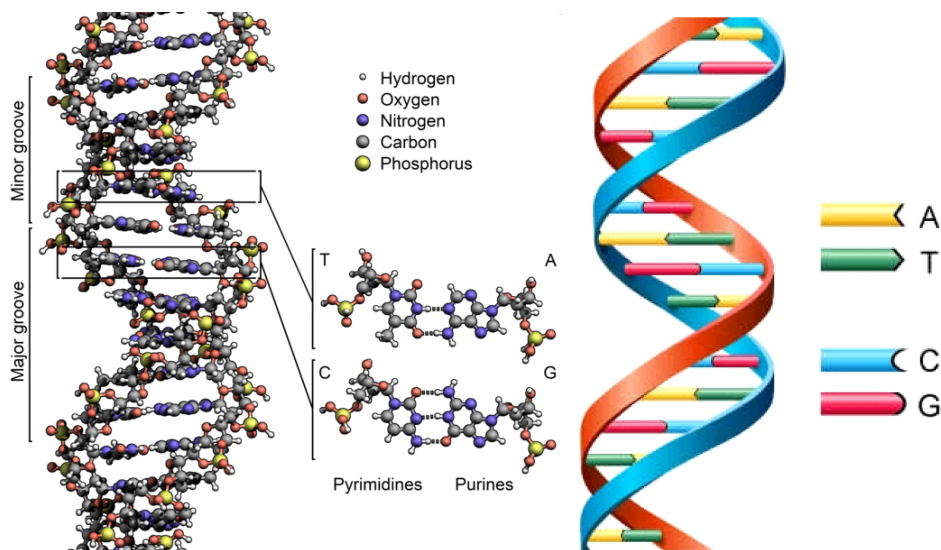
Molekula DNA ima poleg vloge skladiščenja genetskih informacij tudi vlogo kontroliranja izražanja določenih genov. V zaporedjih gradnikov DNA so namreč vgrajene kode, ki kontrolirajo in prepoznavajo procese na atomski skali, kot je naprimer parjenje baz. Področje nanoznanosti lahko tako s pomočjo molekule DNA poveča zapletenost in učinkovitost samourejanja in samousmerjanja določenih procesov. V seminarju so predstavljene nekatere tovrstne lastnosti DNA.

# Kazalo

<b>1</b>	<b>Uvod</b>	<b>2</b>
<b>2</b>	<b>Koda za prepoznavanje parjenja baz na atomski skali</b>	<b>3</b>
2.1	Molekularne konstrukcije s pomočjo DNA . . . . .	3
2.2	RNA in PNA . . . . .	4
<b>3</b>	<b>Strukturne kode za prepoznavanje DNA na nanoskali</b>	<b>5</b>
3.1	Koda oblike molekule DNA . . . . .	5
3.2	Fleksibilnost DNA . . . . .	8
3.3	Posredno branje zaznavanja DNA proteinov . . . . .	9
3.4	Kristalna površina lahko razbere strukturne kode DNA . . . . .	10
<b>4</b>	<b>Zaključek</b>	<b>12</b>

## 1 Uvod

Deoksiribonukleinska kislina (DNA ali DNK) je organska molekula, katere glavna naloga je shranjevanje genetskih informacij v živih organizmih in nekaterih virusih. Večina molekul DNA je dvovijačnih, sestojijo torej iz dveh nerazvejanih polimerov. Osnovna enota polimerov molekule DNA je monomer, imenovan nukleotid, ki sestoji iz sladkorja (deoksiriboza ali riboza pri RNA), fosfatne skupine in dušikove baze. V molekuli DNA se nahajajo štiri dušikove baze; adenin, citozin, gvanin in timin, njihovo zaporedje pa določa pomen genetske informacije. Parjenje dušikovih baz na podlagi vodikovih vezi je vzrok za nastanek dvojne vijačnice [1].



Slika 1: Atomska struktura molekule DNA [1] (levo) in njena makrooblika [2](desno).

Molekula DNA ni zgolj zakladnica genskih informacij, pač pa ima tudi namen kontroliranja izražanja posameznih genov, ki jih vsebuje [3]. V DNA so torej vsebovane določene "kode", ki s prepoznavanjem procesov na atomski in nanoskali določajo, kateri procesi se bodo in kateri se ne bodo izvedli. Termin "koda" je definiran kot vzorec ali razmerje v nekem zaporedju,

ki ustreza določeni biološki funkciji ali interakciji. Kode molekule DNA so v večini kemijske narave, saj jih določa komplementarnost dušikovih baz.

Zadnja lastnost DNA je zelo zanimiva tudi za nanoznanost, ki lahko s pomočjo molekule DNA uspe zvišati nivo učinkovitosti in kompleksnosti samo-urejevalnih procesov.

## 2 Koda za prepoznavanje parjenja baz na atomski skali

Parjenje komplementarnih baz je pomembno tako za replikacijo, kot tudi za prepisovanje, popravo in translacijo molekule DNA. Specifično parjenje dušikovih baz je torej glavna zakladnica genetske informacije, ki jo vsebuje DNA. Dvovijačna molekula tako potrebuje skoraj popolno zaporedje milijonov parov dušikovih baz, za kar so potrebni kompleksni kontrolni mehanizmi. Le ti delujejo tako, da vsako ne-optimalno parjenje naredijo nestabilno s pomočjo proteinov. Po drugi strani pa evolucija zahteva neko, neničelno razmerje med stabilnostjo molekule in prerezporeditvami.

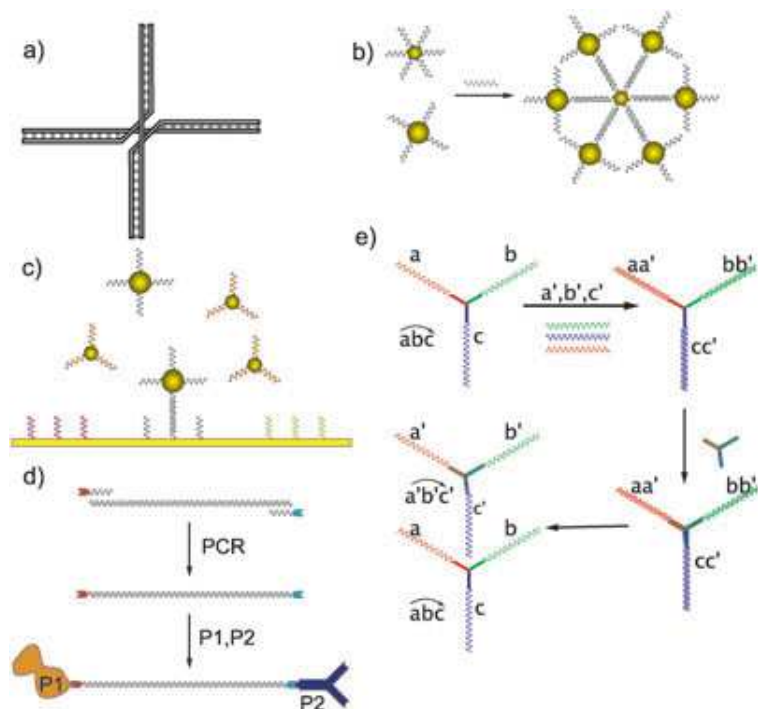
Medsebojno prepoznavanja komplementarnih baz v dvojni vijačnici se vse bolj uporablja v nanoznanosti, saj se z njeno pomočjo lahko generira molekularne konstrukcije narejene bodisi iz DNA ali pa drugih manjših molekul. Prisotnost molekule DNA s svojimi kontroliranimi molekularnimi lastnostmi tako omogoča generacijo predvidljivih struktur, kar vodi do urejenih sistemov.

### 2.1 Molekularne konstrukcije s pomočjo DNA

S pomočjo zaporedij nukleotidov v eno-vijačni molekuli DNA je mogoče dirigirati samoureditvene procese, ter tako ustvarjati makromolekularne strukture. Veliki 1D ali 2D polimeri, ali pa manjši oligomerski ter monomerski objekti se lahko pripravijo s pomočjo ureditve vsaj šestih različnih oligonukleotidov v strukture, ki temeljijo na t.i. Hollidajevem vozlišču (slika 1.a) [4].

Molekula DNA se lahko uporabi denimo kot generator električnih vezij. DNA ima vlogo strukturnega elementa, ki povzroči samoureditvev molekul, ki sicer ne bi reagirale, ali pa bi se formirale v neurejen vzorec. Po kemijski pripravi enot, ki naj bi se formirale v hibrid molekule in oligonukleotida, je potrebno poskrbeti še za natančno razmerje komponent (oligonukleotidov in molekul, ki imajo vlogo gradnikov), saj le tako formacija strukture poteče. Metoda formacije vezij vključuje protein RecA (protein, ki se sicer uporablja za popravo DNA), ki se veže na eno-vijačno molekulo DNA. Vezava proteina olajša umestitev enojno vijačne molekule DNA s točno določenim zaporedjem nukleotidov v dvojnovijačno molekulo DNA. Na mestu, kjer je bila vezana enovijačna molekula DNA s proteinom RecA, se novoustvarjena nanožica obnaša kot izolator, katerega dolžina in lokacija je odvisna od zaporedja nukleotidov v enovijačni DNA. Tako je mogoče natančno določiti obliko električnega nanovezja.

S pomočjo oligonukleotidov lahko potečejo tudi procesi formacije nanodelcev[5]. Če na zlat nanodelec in na zlato površino vezemo oligonukleotide, bodo komplementarni oligonukleotidi na nanodelcih in površini formirali kratko dvojnovijačno molekulo DNA. V nekaterih primerih oligonukleotida nista komplementarna med seboj, pač pa je eden komplementaren katerikoli polovici tretjega oligonukleotida, ki lahko zamenja vezavo topnih nanodelcev na površino (slika 1.c). Podobno lahko poteka tudi urejena vezava nanodelcev v raztopini, kjer se določeni oligonukleotidno funkcianolizirani nanodelci uredijo zaradi pojava novega oligonukleotida, ki deluje kot lepilo. Njegovi dve polovici sta namreč komplementarni koncema oligonukleotidov dveh delcev, ki se med seboj vezeta (slika 1.b).



Slika 2: Primeri nanokonstrukcij s pomočjo molekule DNA: a.) Hollidajevo vozlišče je struktura, ki sestoji iz štirih koncev dvovijačne molekule DNA, ki se križajo na stičišču. V naravni obliki Hollidajevega vozlišča, se le to lahko premika zaradi simetričnega zaporedja baznih parov v vsakem koncu. Za potrebe generacije drugih struktur se simetrijo razbije v okolici vozlišča in tako se slednje naredi fiksno. b.) Povezava oligonukleotidno funkcionaliziranih zlatih nanodelcev v vezano strukturo. c.) Zlate nanodelce se lahko veže na specifična mesta, ki ustrezajo določenemu oligonukleotidu. d.) Priprava segmenta določene dolžine in baznega zaporedja dvojno vijačne DNA molekule s pomočjo metode PCR (polymerase chain reaction-metoda, ki v DNA molekuli poišče in izlušči segment z določenim zaporedjem). Na segment se nato lahko vežeta dva DNA proteinska hibrida e.) Proces samoreplikacije treh povezanih oligonukleotidov. [3]

Še en primer uporabe DNA kod je predstavljen na sliki 1.e. Neobičajan tri-oligonukleotid v obliki črke Y, ki jih je moč povezati s pomočjo kemijskega elementa, ki veže vse tri oligonukleotide hkrati, se lahko poveže s tremi komplementarnimi oligonukleotidi, ki so raztopljeni v topilu. Le ti se lahko potem z nasprotnimi konci ponovno lahko povežejo še z dvema oligonukleotidoma. V procesu se tako trioligonukleotid replicira.

## 2.2 RNA in PNA

Hramba informacij s pomočjo parjenja baz ni lastnost zgolj molekule DNA, pač pa ima podobno vlogo tudi molekula RNA (ribonukleinska kislina).

Nekatere lastnosti molekule RNA so povzročile porast zanimanja v farmacevtski industriji. Kratke dvovijačne molekule RNA (small interfering oz. siRNA) se lahko uporabi za preprečevanje izražanja nekaterih genov, če se pojavijo v evkariontskih celicah. Vrsta neizraženega gena je odvisna od zaporedja nukleotidov v molekuli RNA [6].

Peptidne nukleinske kisline (peptic nucleid acids-PNA) so sintetični polimerski analogi molekulam DNA in RNA pri katerih so nukleobaze vezane na peptidno hrbtemico.. Oligoeri PNA lahko tvorijo stabilne dvojne vijačnice z komplementarnimi DNA ali RNA oligomeri, hkrati

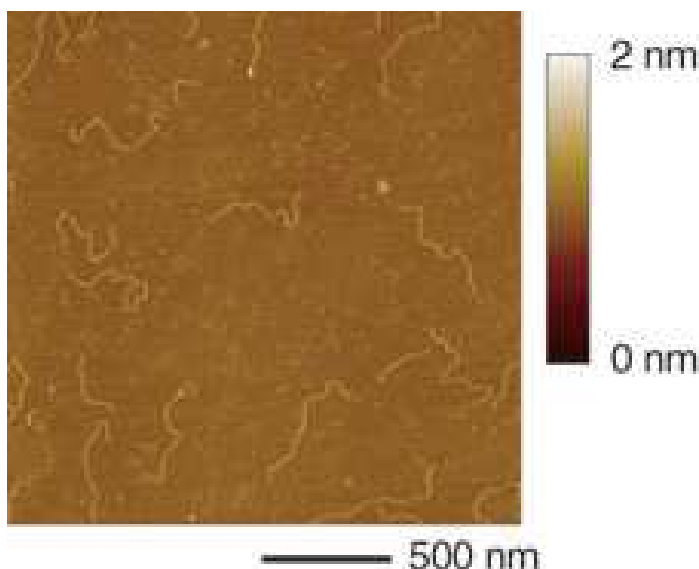
pa lastnosti PNA oligomerov zagotavljajo bolj natančno vezavo komplementarnih baz, ker je vez med dvema nekomplementarnima bazama molekul PNA in DNA veliko manj stabilna, kot denimo vezava nekomplementarnih baz dveh molekul DNA.

PNA polimere se lahko uporablja za prepoznavanje določenih zaporedij nukleidnih baz znotraj dvojnovijačne molekule DNA brez povzročitve razpada le-te (t.i. molekularni svetilniki). S pomočjo t.i. PNA "odpiračev", ki z dehibridizacijo odprejo dvovijačno molekulo DNA, se molekularni svetilniki vstavijo v DNA, ter zaznajo točno določeno zaporedje nukleidov. Uporabljajo se tudi za razlikovanje med komplementarnimi in nekomplementarnimi pari baz. Molekularni svetilniki na osnovi PNA so v primerjavi s tistimi na osnovi DNA bolj učinkoviti, saj se lahko uporabljajo za analizo nečistih molekul DNA na katere so vezani tudi dodatni proteini.

Zaradi električne nevtralnosti "hrbtenice" polimera PNA je parjenje med enovijačnima molekulama PNA in DNA veliko močnejše kot pri vezavi v dvojnovijačno molekulo DNA. To lastnost se lahko dodatno uporabi za zagotavljanje natančnosti parjenja baz.

### 3 Strukturne kode za prepoznavanje DNA na nanoskali

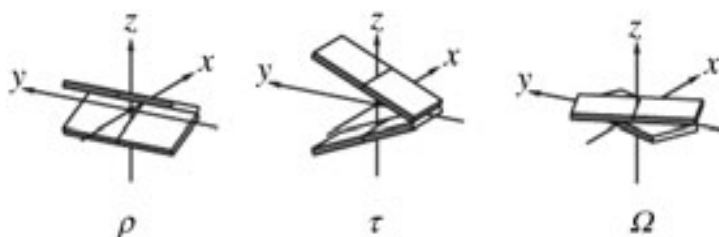
Zaporedje baz v molekuli DNA določa tudi dinamiko molekule. Z različnimi metodami opazovanja lahko dobimo jasno sliko glede navidezno kaotične dinamike molekul. Kot je razvidno iz slike 3, nima niti ena od molekul na sliki enake oblike ali konfiguracije, čeprav so vse molekule popolnoma enake kemijske sestave. Vseeno pa navidezno kaotična dinamika molekul ni naključna.



Slika 3: AFM (atomic force microscopy) slika raztopine z identičnimi molekulami DNA (1878 baznih parov).

#### 3.1 Koda oblike molekule DNA

Oblika, ki jo molekula DNA zavzame na določenem mestu in ob določenem času je odvisna tudi od termičnih fluktuacij. Povprečna struktura molekule DNA pa je določena samo z zaporednjem nukleotidov. Različna zaporedja baz namreč določajo različne relativne orientacije povprečnih ravnin v katerih se nahajajo pari baz. Take orientacije večinoma označujemo s pomočjo treh parametrov: nagiba, zasuka in upogiba.



Slika 4: Orientacijski parametri: nagib ( $\rho$ ), zasuk ( $\tau$ ) in upogib ( $\Omega$ ).

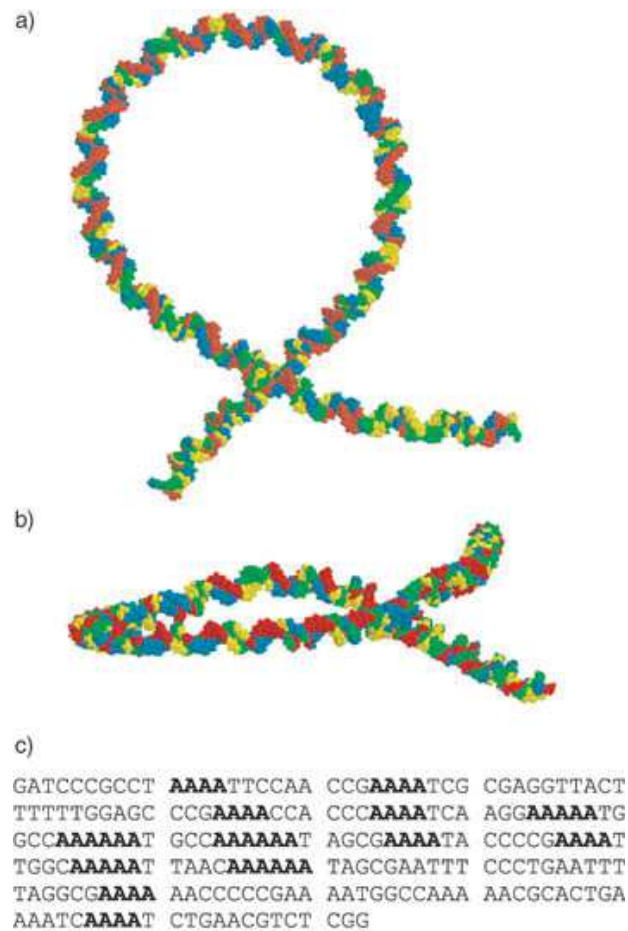
Kompozicija teh treh parametrov vzdolž verige nukleotidov se izraža v lokalnih ali globalnih ukrivljenostih molekule. Zanimivo je pogledati, pri katerih vrednostih parametrov, bi za različne pare baz dosegli minimum energije [7].

5'-end	3'-end			
	A	C	G	T
<b>Roll angles (<math>\rho</math>)</b>				
A	-5.400	-2.500	1.000	-7.300
C	6.800	1.300	4.600	1.000
G	2.000	-3.700	1.300	-2.500
T	8.000	2.000	6.800	-5.400
<b>Tilt angles (<math>\tau</math>):</b>				
	A	C	G	T
A	-0.500	-2.700	-1.600	0.000
C	0.400	0.600	0.000	1.600
G	-1.700	0.000	-0.600	2.700
T	0.000	1.700	-0.400	0.500
<b>twist angles (<math>\Omega</math>):</b>				
	A	C	G	T
A	35.975	33.737	34.428	35.260
C	34.078	33.146	33.478	34.428
G	34.647	33.325	33.146	33.737
T	34.450	34.647	34.078	35.975

Tabela 1: Teoretične vrednosti parametrov  $\rho$ ,  $\tau$  in  $\Omega$  pri katerih bi pari danih baz dosegli minimum energije. Teoretične vrednosti se znatno razlikujejo od dejanskih vrednosti.

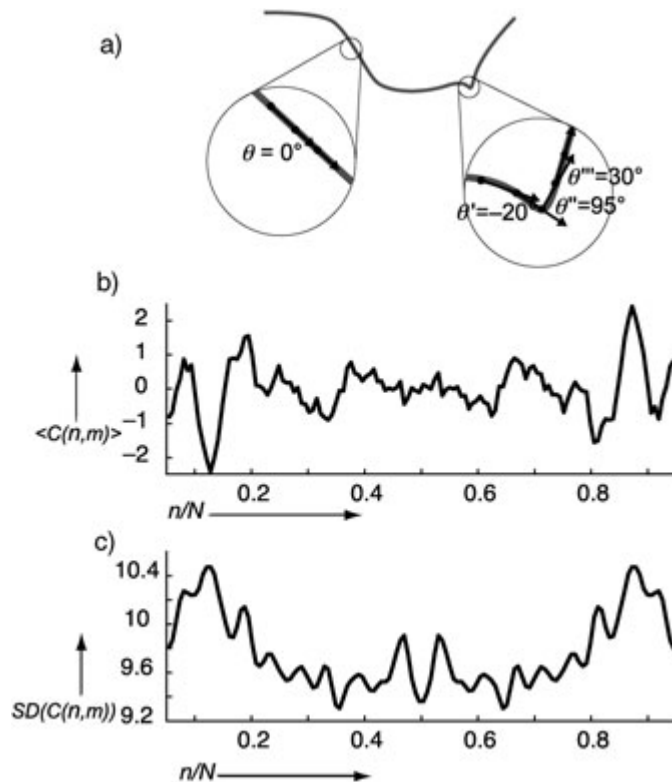
S pomočjo vrednosti v tabeli 1 bi seveda za vsako zaporedje baznih parov lahko določili konformacijo dane molekule.

Neničelne vrednosti zasuka ali nagiba povzročijo lokalne upogibe glavne osi dvojne vijačnice. Slednji lahko vodijo do "cik-cak" vzorca osi, ki v povprečju ostane ravna, če pa se upogib osi ponavlja v fazi z dvojno vijačnico, pa vse skupaj vodi do večjih ukrivljenosti, ki se pojavljajo na Angstromski ali pa celo nanometerski skali [8]. Primer takega ukrivljanja je mogoče najti pri molekuli DNA od živalske vrste Trypanosomatidae Protozoan Crithidia fasciculata. Iz 211 baznih parov sestavljen segment njenega DNA je najbolj ukrivljen dosedaj poznan naraven primer.



Slika 5: Predvidena struktura ukrivljenega segmenta DNA od vrste Trypanosomatidae Protozoan *Crithidia fasciculata*. a.) Pogled iz ravnine, vzporedne na glavno ravnino. b) Pogled iz ravnine, pravokotne na glavno ravnino. c) Zaporedje baz molekule.

Za zaporedje baz omenjene molekule so značilna 3 do 6-kratna ponavljanja adeninskih baz, med katerimi je 10 ali 11 drugih baznih parov. Ker je povprečna perioda dvojne vijačnice dolga ravno med 10 in 11 baznih parov, se pojavlja to ukrivljenje osi dvojne vijačnice.



Slika 6: a.)Metoda za določanje lokalne ukrivljenosti molekule DNA. b.)Eksperimentalno določena lokalna DNA ukrivljenost vzdolž verige. Povprečna lokalna ukrivljenost  $\langle C(n,m) \rangle$  (n-številka zaporednega para) je predstavljena kot funkcija  $n/N$ , kjer je  $N$  število vseh baznih parov v verigi. c.)Graf povprečne lokalne fleksibilnosti  $SD \langle C(n,m) \rangle$  kot funkcije  $n/N$ . Lokalna fleksibilnost je izračunana kot standardna deviacija lokalne ukrivljenosti verige.

### 3.2 Fleksibilnost DNA

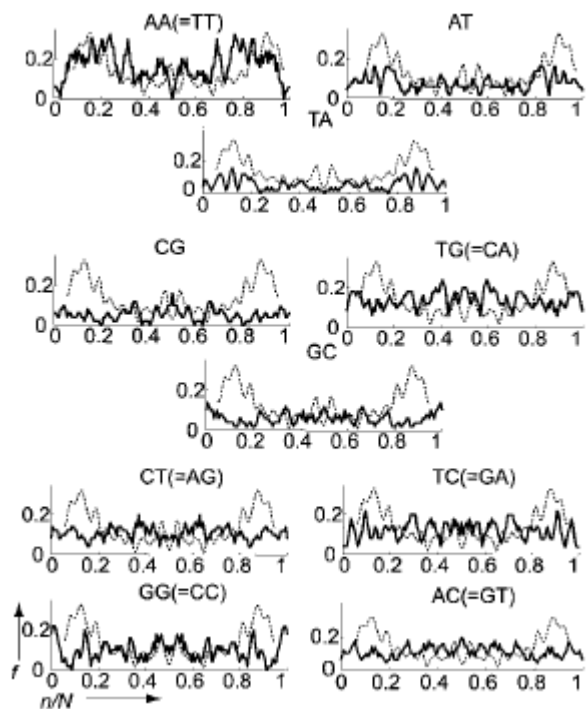
Zaporedje baz v molekuli DNA ne določa zgolj njene oblike, pač pa tudi odziv na termične fluktuacije in posledično fleksibilnost njene glavne osi. Le-ta je določena z van der Waalsovimi ter elektrostatskimi interakcijami med posameznimi pari baz. Elektrostatske interakcije dominirajo pri znatnem dipolu para G-C, medtem ko je porazdelitev naboja pri parih A-T bolj difuzna. Tako se A-T pari lahko nalagajo drug na drugega, medtem ko se pri C-G parih sosednji pari zaradi elektrostatskega odboja malenkost odmaknejo, kar vodi do bolj pozitivnega kota nagiba med dotičnima nukleotidoma.

Oсна fleksibilnost dvojne vijačnice se lahko na nanometerski skali opiše s persistenčno dolžino  $l_p$ , ki se ponavadi uporablja za določitev upogljivosti polimerov. Persistenčna dolžina je definirana kot razdalja v kateri so korelacije med smermi monomerov zanemarljive. Eksperimentalno določena persistenčna dolžina B-oblike molekule DNA je okoli 50nm [9].

Na velikostni skali koraka med dvema dinukleotidoma, je bila osna upogljivost ocenjena iz



števila konformacij, ki so jih zasedli specifični bazni koraki v kristalnih strukturah bodisi DNA oligomerov, ali pa DNA-proteinskih struktur. V primeru oligomerov, so deformacije, ki povzročijo lokalno upognitev DNA, posledica strukture kristala. V primeru DNA-proteinskih struktur, pa je bila lokalna upogljivost prikazana s pomočjo zmožnosti proteinov, da upognejo DNA molekulo na mestih vezave baz.



Slika 7: Grafi pogostosti dinukleotidnih korakov v verigi dimerskih molekul, katerih ukrivljenost in upogljivost sta prikazani na sliki 6.

Upogljivost med dvema nukleidoma pada po vrsti kot:  $CG > CA(=TG) > TA > CC(=GG) > TC(=GA) > GC > TT(=AA) > GT(=AC) > CT(=AG) > AT$ .

S pomočjo opazovalnih metod, ki omogočajo vizualizacijo trajektorij DNA molekul, lahko vidimo tako lokalno ukrivljenost le-teh, kot tudi lokalne modulacije fleksibilnosti, ki je določena z zaporedjem. Upoštevajoč disperzijo vrednosti ukrivljenosti, lahko generiramo grafe fleksibilnosti za določeno množico molekul DNA. Taki grafi kažejo, da je lokalna fleksibilnost splošno večja tam, kjer je molekula bolj ukrivljena, kar nakazuje, da zaporedje oblikuje konformacijski prostor verige tako, da modulira ukrivljenost in fleksibilnost na podoben način.

V molekuli DNA je 16 ( $4 \times 4$ ) mogočih dinukleotidov, 10 od teh je simetrijsko enakih. Pogostosti korakov vzdolž verige so prikazane na sliki 7. Opaziti je mogoče dobro korelacijo z rezultati za fleksibilnost za AA (=TT), TA in AT korake. Po drugi strani pa je opazna tudi antikorelacija za CG, CA (=TG) in tudi GC korake. Ta rezultat je v nasprotju z rezultati, dobljenimi z eksperimenti, ki so kazali na to, da so CG in CA (=TG) pari najbolj upogljivi.

### 3.3 Posredno branje zaznavanja DNA proteinov

Lastnost DNA je tudi zmožnost "branja" njenih vezavnih proteinov. Vezavne proteine molekule DNA lahko razvrstimo v dve skupini. V prvo skupino spadajo proteini, ki ohranjajo

strukturo kromosomov in jih modificirajo tako, kot je zahtevano od genoma. Molekula DNA je zavita okoli takšnih proteinov, vezava pa je povezana z ukrivljenostjo molekule, ki je odvisna od zaporedja baz. Drugo skupino sestavljajo proteini, ki so povezani z regulacijo izražanja genov skozi interakcijo s kontrolnimi elementi DNA. Takšni proteini lahko locirajo specifično točko molekule tako, da se povežejo z molekuljo na naključni točki, nato pa dosežejo določeno lokacijo z eno-dimenzionalno difuzijo ali pa intersegmentalnim prenašanjem. Proteini druge skupine prepoznajo njihove tarče s pomočjo prepoznavanja interakcij na atomski skali. Proteini vzorčijo svoje specifične točke bodisi tako, da se poskusijo vezati na vsako mesto DNA molekule (t.i. direktno branje), ali pa se poskusijo vezati zgolj na točke, ki imajo določene lastnosti, denimo tam, kjer se DNA lažje upogne. Slednji način (posredno branje) je veliko bolj učinkovit. Med difuzijo vzdolž molekule DNA protein ves čas upogiba molekuljo DNA v svoji okolici, ter tako "preizkuša", kako se lahko spreminja konformacija molekule. Tako protein vzorči zaporedja baz v molekulji.

### 3.4 Kristalna površina lahko razbere strukturne kode DNA

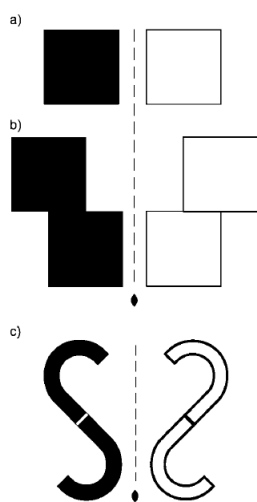
Makromolekule imajo izredno dobro kontrolo mnogih rastnih in organizacijskih procesov. V zadnjih letih je bilo opravljenih mnogo raziskav o tem, kako se lahko kombinira organizacijske sposobnosti organskih makromolekul z anorganskimi sistemi v samo ureditvenih procesih. Določeni peptidi imajo tako veliko selektivnost pri vezavi na kovinske in kovinsko oksidne površine.

Tako kot peptidi, se lahko tudi molekula DNA prepozna pri organsko-anorganski interakciji. Ravna molekula DNA se lahko rotira okoli svoje osi, ki je pravokotna na ravnino površine, tako da je mogoče veliko različnih orientacij. Kemijske karakteristike so tako povprečene po cilindrični simetriji, četudi je zaradi lokalne ukrivljenosti DNA simetrija manjša.

Lokalna ukrivljenost DNA definira tudi povprečno ravnino ukrivljenega segmenta. Ploskvi verige DNA na obeh straneh ravnine sta kemijsko drugačni zaradi drugačnega zaporedja baz. Dober primer je molekula DNA vrste *Crithidia fasciculata* (slika 4). DNA je v tem primeru zvita tako močno, da njena glavna os skorajda definira ravnino. Ena stran ravnine je močno obogatena z adeninom, medtem ko je druga obogatena s timinom.

Taka molekula se lahko veže na določene kristale (silikatne minerale) z obeh strani. Direktno opazovanje z AFM ali EM ne omogoča zaznavanja tega, s katero stranjo se je molekula vezala na kristal. Je pa z določenimi posrednimi metodami to mogoče ugotoviti (slika 8).

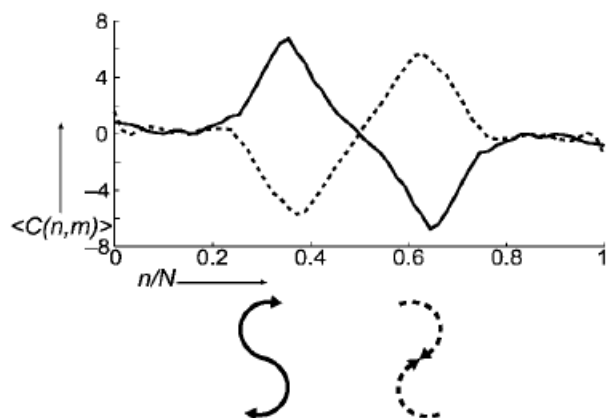
V tem preprostem primeru je strani tankega objekta mogoče razločiti zgolj po različnih barvah. Prav tako je v molekulji DNA z metodami opazovanja AFM in EM nemogoče določiti smeri zaporedja baz. Če pa sestavimo dva kvadrata v netrivialen lik, kot je prikazano na sliki 8b, potem lahko stran določimo glede na obliko novega lika. S sklopitvijo dveh segmentov molekule DNA *Crithidia fasciculata* (slika 8c), ki sta povezana bodisi z repom, bodisi z glavo, dobimo dve strukturi, ki ju je prav tako mogoče ločiti zgolj s tovrstno metodo.



Slika 8: a.) Nasprotno obarvani strani tankega kvadrata se ne moreta razločiti. b.) Strani dveh skupaj zloženih kvadratov je mogoče razločiti po obliki. c.) Strani dimera molekule DNA se lahko loči analogno kot v primeru b. Četudi ne moremo določiti zaporedja baz (=barva kvadrata), lahko ploskve ločimo glede na ukrivljenost, ki se jo da izmeriti.

Dimera močno ukrivljenih DNA segmentov imata namreč podobne lastnosti kot pravokoten lik na sliki 8.b. Ker je ena stran dimerov obogatena s timinom, druga pa z adeninom, bo dimer zavzel obliko črke S. Ukrivljenost v eno ali drugo smer zavisi zgolj od tega, ali je dimer položen na površino s stranjo, ki je obogatena s timinom ali pa z adeninom. Z AFM slikanjem je mogoče ugotoviti zgolj, kakšno obliko je zavzela molekula, ter tako indirektno ugotoviti, s katero stranjo se dimera dotikata površine. Eksperimentalno je bilo ugotovljeno, da je preferenčna stran, ki je v kontaktu s silikatnim mineralom, tista, ki je obogatena s timinom (slika 9). Izkaže se [10], da je verjetnost dotikanja timinsko obogatene strani približno 5-9x večja od verjetnosti, da bo na silikatni mineral položena stranica, obogatena z adeninom.

Tudi ta pojav se povezuje s prepoznavanjem DNA strukture skozi indirektni prepoznavni mehanizem. Prepoznavanje seveda ne temelji neposredno na zaporedju baz, pač pa se zazna zgolj ukrivljenost molekule. Tovrstni prepoznavni procesi bi lahko bili pomembni pri pred celičnih stadijih evolucije. Neorganske površine so pomagale pri določenih sintezah, hkrati pa so tudi spodbujala samoorganizacijo vedno bolj kompleksnih biostruktur.



Slika 9: Eksperimentalno izmerjena lokalna DNA ukrivljenost (AFM) vzdolž dimera sestavljenega iz DNA molekule *Crithidia fasciculata*. Segmenta sta povezana bodisi v smeri rep-rep (cela črta) ali glava-glava (črtkana črta). Upoštevajoč predznak lokalnih ukrivljenosti je mogoče določiti obliko dimerov (spodaj), ter tako določiti, s katero stranjo se dimer dotika površine silikatnega minerala.

## 4 Zaključek

Molekula DNA ima poleg naloge shranjevanja (genetskih) informacij tudi številne druge lastnosti, ki se jih da koristiti. Komplementarnost nukleotidnih baz je mogoče izkoristiti za pomoč pri urejanju drugih, tudi neorganskih, struktur na nanoskali. Poleg tega je zelo pomembno tudi odkritje, da se DNA superstrukture lahko prepozna s pomočjo kristalnih površih. Slednje bi lahko vodilo do kompleksnega urejevanja nanostruktur, ki bi temeljile na gradnikih molekule DNA. V zadnjem času doživljajo vzpon tudi računalniki, ki namesto na siliciju temeljijo na organskih molekulah, tudi DNA. Takšni računalniki izvajajo račune vzporedno, kar pomeni krajši čas procesiranja in so, za določene specifične matematične probleme, že praktično uporabni.

Uporabnost molekule DNA v nanotehnologiji je tako zelo razširjena in v zadnjem desetletju je bil zabeležen velik porast laboratorijev, ki raziskujejo na to temo.

## Literatura

- [1] <http://en.wikipedia.org/wiki/DNA>, citirano 24.5.2014
- [2] <http://www.astrochem.org/sci/Nucleobases.php>, citirano 24.5.2014
- [3] B.Samori and G.Zuccheri, *Angew. Chem. Int. Ed.*, **44**, 1166 – 1181 (2005).
- [4] C. Mao, W. Sun, N. C. Seeman, *J. Am. Chem. Soc.* **121**, 5437 – 5544 (1999).
- [5] C. A. Mirkin, R. L. Letsinger, R. C. Mucic, J. J. Storhoff, *Nature* **82**, 607 – 609 (1996).

- [6] S. M. Elbashir, J. Harborth, W. Lendeckel, A. Yalcin, K. Weber, T. Tuschl, *Nature*, **411**, 494 – 498 (2001).
- [7] P. De Santis, A. Palleschi, M. Savino, A. Scipioni, *Biophys. Chem.* **32**, 305 – 317 (1988).
- [8] M. A. El Hassan, C. R. Calladine, *Philos. Trans. R. Soc. London*, **355**, 43 – 100 (1997).
- [9] T. Berge, N. S. Jenkins, R. B. Hopkirk, M. J. Waring, J. M. Edwardson, R. M. Henderson, *Nucleic Acids Res.*, **30**, 2980 – 2986 (2002).
- [10] B. Sampaolese, A. Bergia, A. Scipioni, G. Zuccheri, M. Savino, B. Samor, P. De Santis, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, **99**, 13566 – 13570 (2002).