Молекулярная биология для информатиков

- Летняя школа по биоинформатике
- Володина Наталья Яковлевна, Ph.D.

Академический Университет РАН, Алкор-био

Матричные процессы

- Репликация
- Транскрипция
- Трансляция

Перенос генетической информации

Центральная догма: ДНК-РНК-белок

Жизнь зависит от 3 молекул

- ДНК
 - Содержит информацию о работе клетки
- РНК (мРНК)
 - Передает эту информацию в различные части клетки
 - Служит матрицей для синтеза
- Белки
 - Образуют ферменты, катализирующие различные процессы в клетке
 - Образуют основные структурные компоненты живого организма

Структура ДНК

Figure 2.22b

Полимерная структура РНК

Уридинмонофосфат

Виды РНК прокариот

Матричные РНК (мРНК) –

короткоживущие посредники в процессе переноса информации от ДНК к белку

- **Рибосомные РНК (рРНК)** – компонент рибосом и рибонуклеопротеиновых частиц
- **Транспортные РНК (тРНК)** – доставка аминокислот к рибосомам

Виды РНК ЭУКАРИОТ

- **Гетероядерные РНК** – предшественники мРНК (mRNA)
- **Рибосомные РНК (rRNA)** – компонент рибосом
- **Транспортные (tRNA)** – переносят АК к месту синтеза пептидной цепи
- **Малые ядерные (snRNA)** – компоненты сплайсосомы и др. функции
- **Малые ядрышковые РНК (snoRNA)** – процессинг рРНК и тРНК
- **МикроРНК (miRNA)** – регуляторная роль
- **Малые интерферирующие РНК (siRNA)**, регуляторная роль

Репликация ДНК

Инициация репликации (*E.coli*)

Структура ориджина репликации (ori) *E.coli*

Инициация репликации (*E.coli*)

OriC:

Origin DNA

Initiator

Связывание инициаторного
белка dnaA с ДНК

Присоединение геликазы и праймазы

Общая схема репликации ДНК. Элонгация репликации

Как ДНК-полимераза перемещается к точке начала синтеза нового фрагмента Оказаки?

Коррекция ошибок ДНК-полимеразой III

За корректирующую активность ответственна ϵ -субъединица ДНК-полимеразы III

**Удаление РНК-
праймеров
ДНК-
полимеразой I**

Соединение фрагментов Оказаки

Терминация репликации

«Вилка репликации»

Хромосома *E. coli* (4,2 млн. нуклеотидов) – один репликон

Организация области терминации репликации у *E. coli*

- Репликация кольцевой ДНК у прокариот начинается в локусе OriC, заканчивается в области TerC.
- Инициатором репликации является белок DnaA.
- Репликацию ДНК осуществляет реписома - динамичный мультисубъединичный белковый комплекс.
- Взаимодействие субъединиц ДНК-полимеразы III с другими белками реписомы увеличивает скорость и процессивность фермента.
- Репликация происходит в направлении 5'→3', одной цепи (лидирующей) непрерывно, другой (отстающей) – прерывисто.
- Репликация отстающей цепи включает дополнительные этапы: узнавание сайтов связывания праймазы, синтез праймеров, синтез фрагментов Оказаки, диссоциацию полимеразы, удаление праймеров, лигирование.
- Обе цепи реплицируются синхронно, что достигается взаимодействием ДНК-геликазы, ДНК-праймазы и ДНК-полимеразы и торможением синтеза лидирующей цепи во время синтеза праймеров.

Эукариотические ДНК-полимеразы:

1. **Polymerase α (alpha): nuclear, DNA replication, no proofreading**
 2. **Polymerase β (beta): nuclear, DNA repair, no proofreading**
 3. **Polymerase γ (gamma): mitochondria, DNA repl., proofreading**
 4. **Polymerase δ (delta): nuclear, DNA replication, proofreading**
 5. **Polymerase ε (epsilon): nuclear, DNA repair (?), proofreading**
- **Different polymerases for nucleus and mtDNA**
 - **Some proofread; others do not.**
 - **Some used for replication; others for repair.**

Множественные ориджины эукариот

В ядрах млекопитающих при репликации обнаруживается до 150 центров репликации - «репликативных единиц», «репликативных фокусов» или «репликативных фабрик»

В центрах репликации аккумулируются все белки, участвующие в этом процессе.

Инициация репликации у эукариот

- **Возможно, ориджины высших эукариот не содержат консенсусных последовательностей.**
- **Функционирование ориджина может определяться контекстом, структурой хроматина, локализацией нуклеосом.**
- **Общая закономерность структуры инициаторных участков – обогащенность АТ-парами.**

Элонгация репликации ДНК у эукариотических организмов

Replisome		
Polα primase holoenzyme	Pol1 Cdc17	Polymerase priming; replication of lagging strands
Polδ holoenzyme	Pol3 Cdc2	Bidirectional replication
Polϵ holoenzyme	Pol2 Cdc20	Bidirectional replication
Rfc1-5 complex		PCNA clamp loading
PCNA	Pol30	Polymerase clamp
RPA1-3 complex	SSB	SSB coats ssDNA

Транскрипция

- ДНК-зависимый синтез РНК – **транскрипция**
- Ферментативный аппарат транскрипции – **ДНК-зависимая РНК-полимераза**
- Этапы транскрипции:
 - **инициация,**
 - **элонгация,**
 - **терминация**

Транскрипция

ДНК

A T G C

U A C G

РНК

РНК-продукт **не** остается
комплементарно
связанным с матрицей;

по окончании синтеза
двойная спираль
восстанавливается;

одноцепочечная
РНК **высвобождается;**

синтезированные РНК –
копии **ограниченных**
Участков ДНК

Матричный
процесс

Образуются
Уотсон-Криковские
пары

Матрица

Nontemplate strand 5' — CTGCCATTGTCAGACATGTATACCCGGTACGTCTCCCGAGCGAAAACGATCTGCCGCTGC — 3' } DNA
Template strand 3' — GACGGTAACAGTCTGTACATATGGGGCATGCAGAAGGGCTCGCTTTTGCTAGACGCGACG — 5' }
5' — CUGCCAUUGUCAGACAUGUAUACCCCGUACGUCUCCCGAGCGAAAACGAUCUGCGCUGC — 3' mRNA

ПРОДУКТЫ ТРАНСКРИПЦИИ ПРОКАРИОТ

- **Матричные РНК (мРНК)** – короткоживущие посредники в процессе переноса информации от ДНК к белку
- **Рибосомные РНК (рРНК)** – компонент рибосом и рибонуклеопротеиновых частиц
- **Транспортные РНК (тРНК)** – доставка аминокислот к рибосомам

РНК полимераза (прокариоты)

Инициация транскрипции у прокариот

Не нужна затравка

Синтез начинается с определенного нуклеотида (+1)

Начало синтеза определяется промотором

За узнавание промотора ответственна σ -субъединица

Направление синтеза $5' \rightarrow 3'$

Структура прокариотического промотора

Consensus sequence

Promoters for:

Operon:		-35 region	Pribnow box (-10 region)	Initiation Site (+1)
mRNA	<i>lac</i>	ACCCCAGGC	TTACACTTTATGCTTCCGGCTCGTATGTTGTGTGGAATTGTGAGCGG	
	<i>araBAD</i>	GGATCCTACCTGACGC	TTTTTATCGCAACTCTCTACTGTTTCTCCATACCCGTTTTT	
	<i>araC</i>	GCCGTGATTATAGACACT	TTTGTACGCGTTTTTGTCATGGCTTTGGTCCCGCTTTG	
	<i>trp</i>	AAATGAGCTGTTGACAAT	TAATCATCGAACTAGTTAACTAGTACGCAAGTTCACGTA	
tRNA — <i>tRNA^{Tyr}</i>	CAACGTAACACT	TTACAGCGGCGCGTCATTTGATATGATGCGCCCCGCTTCCCGATA		
rRNA — <i>rmD1</i>	CAAAAAAATACT	TGTGCAAAAAATTGGGATCCCTATAATGCGGCTCCGTTGAGACGA		

Инициация транскрипции

РНК-полимераза

Промотор

Полимераза слабо связывается с промотором, формируя **закрытый комплекс**

Полимераза связывается более плотно, ДНК расплетается в области -10, формируется **открытый комплекс**.

После начала синтеза РНК, как только полимераза минует промотор, σ -субъединица диссоциирует

Инициация транскрипции

Элонгация транскрипции

Цепи ДНК

Rho-независимая терминация транскрипции

терминация

(a) Rho binds to transcript at rho loading site and pursues polymerase.

(b) Hairpin forms; polymerase pauses; rho catches up.

(c) Rho helicase releases transcript and causes termination.

Rho-зависимая терминация транскрипции

Транскрипция у эукариот

ДНК-зависимые РНК-полимеразы эукариот

Type	Localization	Cellular transcripts
I	Nucleolus	18S, 5.8S, and 28S ribosomal RNAs (rRNA)
II	Nucleoplasm	mRNA precursors and small nuclear RNAs (snRNA)
III	Nucleoplasm	tRNAs and 5S rRNAs

Субъединичная структура эукариотической РНК-полимеразы II

Инициация транскрипции

Элонгация цепи, терминация транскрипции

PLAY

Процессинг РНК:

- 1. Процессинг рРНК и тРНК:** выщепление под действием эндонуклеаз из высокомолекулярного предшественника (прокариоты, эукариоты)
- 2. Процессинг иРНК (только эукариоты):**
 - кэпирование
 - полиаденилирование
 - сплайсинг
 - редактирование

СХЕМА ЭУКАРИОТИЧЕСКОЙ ПРЕ-МРНК

СТРУКТУРА КЭПА

7-метил
гуанозин

5',5'-трифосфатная
связь

Иногда
метилирована

Полиаденилирование (до сигнала терминации)

Сплайсинг пре-мРНК

Трансляция (биосинтез белка)

- Особенности генетического кода
- Основные этапы трансляции:
- Активация аминокислот
(особенности структуры тРНК, синтез аминоацил-тРНК);
- Инициация
(структура рибосом, белковые факторы, синтез первой пептидной связи);
- Элонгация;
- Терминация;
- Процессинг белка. Пост-трансляционная модификация – добавление липидов, сахаров, фосфатов, сульфатов и.т.д.

Translation

ОСОБЕННОСТИ ГЕНЕТИЧЕСКОГО КОДА

- триплетность
- неперекрываемость
- вырожденность

Второе основание

Первое основание

Третье основание

		U	C	A	G		
U	UUU	Phe	UCU	UAU	Tyr	UGU	Cys
	UUC		UCC	UAC		UGC	
	UUA	Leu	UCA	UAA	Stop	UGA	Stop
	UUG		UCG	UAG		UGG	
C	CUU	Leu	CCU	CAU	His	CGU	Arg
	CUC		CCC	CAC		CGC	
	CUA		CCA	CAA	CGA		
	CUG		CCG	CAG	CGG		
A	AUU	Ile	ACU	AAU	Asn	AGU	Ser
	AUC		ACC	AAC		AGC	
	AUA		ACA	AAA	AGA	Arg	
	AUG	ACG	AAG	AGG			
G	GUU	Val	GCU	GAU	Asp	GGU	Gly
	GUC		GCC	GAC		GGC	
	GUA		GCA	GAA	GGA		
	GUG		GCG	GAG	GGG		

5' – ATGCCTAGGTACCTATGA – 3'
3' – TACGGATCCATGGATACT – 5'

DNA

Транскрипция

5' – AUGCCUAGGUACCUAUGA – 3'

mRNA

5' – AUG CCU AGG UAC CUA UGA –
3'

Трансляция

N-Met - Pro - Arg - Tyr - Leu-C

Белок

Неперекрывающийся код

Перекрывающийся код

The genetic code arranged according to the pattern of degeneracy

Amino Acids with one Codon

AUG UGG

Met Trp

Amino Acids with two codons

AAA AAC CAA CAC GAA GAC UAC UGC UUC
AAG AAU CAG CAU GAG GAU UAU UGU UUU

Lys Asn Gln His Glu Asp Tyr Cys Phe

Amino acid with three codons

AUA
AUC
AUU

Ile

Amino Acids with four codons

ACA CCA GCA GGA GUA
ACC CCC GCC GGC GUA
ACG CCG GCG GGG GUG
ACU CCU GCU GGU GUU

Thr Pro Ala Gly Val

Amino Acid with four codons

CGA GUA UCA
CGC CUC UCC
CGG CUG UCG
CGU CUU UCU
AGA UUA AGC
AGG UUG AGU

Arg Leu Ser

ВИРОЖДЕННОСТЬ
ГЕНЕТИЧЕСКОГО
КОДА

The genetic code

- consists of 64 triplet codons (A, G, C, U) $4^3 = 64$
- all codons are used in protein synthesis
 - 20 amino acids
 - 3 termination (stop) codons: UAA, UAG, UGA
- AUG (methionine) is the start codon (also used internally)
- multiple codons for a single amino acid = **degeneracy**

**Transfer RNA
Generalized Structure
(cloverleaf model)**

T = ribothymidine
Y = pseudouridine
D = dihydrouridine

TPHK

Вторичная структура тРНК

Третичная структура тРНК

Псевдоуридиновая петля

Дигидроуридиновая петля

Антикодоновая петля

1. Активация аминокислот. Синтез аминокацил-аденилата

2. Аминоацилирование тРНК

аатРНК-синтетазы 1 класса

3' конец тРНК

Аминоацил-
тРНК-синтетаза
1 класса

Class I		Class II	
Arg	Leu	Ala	Lys
Cys	Met	Asn	Phe
Gln	Trp	Asp	Pro
Glu	Tyr	Gly	Ser
Ile	Val	His	Thr

СТРУКТУРА РИБОСОМ

Субъединицы состоят из рРНК и белков, соединяются только для трансляции

Bacterial ribosome
70S $M_r 2.7 \times 10^6$

50S

$M_r 1.8 \times 10^6$

5S rRNA
(120 nucleotides)
23S rRNA
(3,200 nucleotides)
36 proteins

30S

$M_r 0.9 \times 10^6$

16S rRNA
(1,540 nucleotides)
21 proteins

Eukaryotic ribosome
80S $M_r 4.2 \times 10^6$

60S

$M_r 2.8 \times 10^6$

5S rRNA
(120 nucleotides)
28S rRNA
(4,700 nucleotides)
5.8S rRNA
(160 nucleotides)
~ 49 proteins

40S

$M_r 1.4 \times 10^6$

18S rRNA
(1,900 nucleotides)
~ 33 proteins

Компоненты рибосомы

- Малая субъединица
- **16 S рРНК у прокариот и 18S рРНК у эукариот**
- Ее последовательность используется для установления эволюционного родства между организмами
- + белки

Компоненты рибосомы II

- Большая субъединица (на примере прокариот)
 - 23 S rRNA
 - 5 S rRNA
 - 26 белков

Бороздка между субъединицами

1036

Part IV Information Pathways

- Место связи анти-кодон-кодон
- Пептидная цепь выходит оттуда тоже

Эукариотические рибосомы

- 40S + 60S
 - 18S, 28S + 5.8S rRNA + 5S

Участки связывания тРНК на рибосоме

- **А-сайт:** узнавание аминоацил-тРНК; позиционирование аминоацила.
- **Р-сайт:** связывание инициаторной fMet-тРНК; связывание пептидил-тРНК при транслокации.
- **Е-сайт:** выход деацилированной тРНК с 50S субчастицы.

Пептидная связь

- Костяк белка
- Функция белка определяется боковыми цепями аминокислот его составляющих

Инициация

- Сборка рибосомы
 - 70 S из 30S и 50S субъединиц у прокариот
 - 40S + 60S = 80S у эукариот
 - Требуется факторов инициации
 - Требуется (ф)метионил-тРНК

Комплекс инициации у прокариот

- Требуются факторы инициации
- Последовательность **Шайна-Дальгарно** (Shine-Dalgarno sequence,) — была описана австралийскими учеными Джоном Шайном и Линн Дальгарно и является сайтом связывания рибосом на молекуле мРНК прокариот, обычно на расстоянии около 10 нуклеотидов до стартового кодона AUG

Эукариотическая инициация

- Эукариотическая мРНК имеет специальные белки на 5' и 3' конце (связываются с 5' CAP и 3' poly A)
- Первый AUG после CAP – начало трансляции

Элонгация и терминация

- Элонгация

- Аминоацилированная тРНК устанавливается на рибосоме в месте кодона
- Пептид переносится на эту тРНК
- Цикл повторяется

- Терминация

- Стоп кодон соединяется со специальным белком вместо тРНК

Терминация трансляции

Figure 6-73 part 1 of 2. Molecular Biology of the Cell, 4th Edition.

PLAY

Figure 6-73 part 2 of 2. Molecular Biology of the Cell, 4th Edition.

Процессинг

- Начинается с момента синтеза белка
- Требует специальных ферментов
- Может происходить разрезание пептидной цепи с образованием конечного продукта (например, инсулин)

Посттрансляционные модификации белков

- Формирование третичной структуры – фолдинг белка
- Удаление сигнальной последовательности
- Модификации N- и C-концов (удаление fMet, N-ацетилирование)
- Ковалентные модификации аминокислотных остатков

Ковалентные модификации аминокислотных остатков

Phosphoserine

Phosphothreonine

Phosphotyrosine

Methyllysine

Dimethyllysine

Trimethyllysine

Methylglutamate

О-гликозилирование

↓ Glycosyl transferase

N-гликозилирование

↓ Glycosyl transferase

Ограниченный протеолиз; добавление дисульфидных связей

Основные этапы трансляции

АКТИВАЦИЯ АМИНОКИСЛОТ → **ИНИЦИАЦИЯ** → **ЭЛОНГАЦИЯ** → **ТЕРМИНАЦИЯ**

тРНК	мРНК; иницирующий кодон	мРНК	Терминальный кодон в мРНК
Аминокислоты	30S субъединица; 50S субъединица	Рибосома 70S	Белковые факторы терминации
АТФ, Mg ²⁺	Белковые факторы инициации (IF-1, 2, 3)	Белковые факторы элонгации (Tu, Ts, G)	(RF)
Амиоацил-тРНК-синтетазы	fMet-тРНК	Амиоацил-тРНК	АТФ
	GTP, Mg ²⁺	GTP	

ПРОЦЕССИНГ БЕЛКА

(фолдинг, ограниченный протеолиз, ковалентные модификации)

Уровни структурной организации белков

- Первичный – последовательность АК
- Вторичный – альфа-спираль или бета-слой
- Третичный – скручивание вторичной структуры в глобулу
- Четвертичный – соединение нескольких полипептидных цепей в особую пространственную структуру

ИЕРАРХИЯ БЕЛКОВОЙ СТРУКТУРЫ

Primary structure

Secondary structure

Tertiary structure

Hydrogen bonding

α -Helix

β -Sheet

Quaternary structure

Примеры нековалентных взаимодействий между аминокислотными остатками в третичной структуре