

Выравнивание ...



340

*

... последовательностей белков
и его биологический смысл

1zjh:A : FG-VEQDVMVFASFIRKASDVHEVRKVLGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
1a3x:B : FG-VKNGVHMVFASFIRTANDVLTIREVLGE-QGKDVKII VKIENQQGVNNFDEIL
3eoe:B : NFgIPMGCNFIAASFVQSADDVRYIRGLLGP-RGRHIRIIPKIENVEGLVNFDEIL
1aqf:B : FG-VEQDVMVFASFIRKAADVHEVRKILGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
1pk1:G : FG-VEQGVDMI FASFIRSAEQVGDVRKALGP-KGRDIMIICKIENHQGVQNI DSI
1e0t:A : FG-CEQGVDFVAASFIRKRSDVIEIREHLKAhGGENIHII SKIENQEG LNNFDEIL
fg v ASfir a dV R Lg G i II KIEN G fDeIl

* 300 * 320 *

Мутации и отбор

1zjh:A : EASDGI MVARGDLGIEI pA-EKVFLA QKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
1a3x:B : KVIDVIVRQD GIEI pA-PEVFAVQK IAKSNFAKRVICATQmlesmtynpR
3eoe:B : AEIDGIMTIRCS GIEI pA-EKVFLA QKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmiknpR
1aqf:B : EASDGI MVARGDLGIEI pA-EKVFLA QKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
1pk1:G : EESDGI MVARGDLGVEI -PaEKVVVAQKILI SKCNVAGKPVICATQmlesmtynpR
1e0t:A : EASDGI MVARGDLGVEI pV-EEVIFAQKMMIEK CIRARKVVITATM-----R
DGilVARGDLGVEI pV-EEVIFAQKMMIEK CIRARKVVITATM-----R

Сегодня основное внимание

уделим мутациям

340 360 380 *

1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aaiyhqlf
1a3x:B : PTRAE VSDVGNAILD GADCVMLSGE takgny PINAVTTMAETAVIAEQ aiaylpny
3eoe:B : PTRAE AADVANAVLDGTDCVMSLGE tangef PVITVETMARICYEAET cvdypaly
1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aamfhrklf
1pk1:G : PTRAE VSDVANAVFNGADCVMLSGE takgky PNEVVQYMARICLEAQ S alneyvff
1e0t:A : PTDAEAGDVANAILDGTDAVMSLGE ----- PLEAVSIMATICERTDR-----
PTrAE DVaNA ldG Dc MLSGETa q P V i a

Мутации белка – следствия мутаций кодирующей последовательности его ген

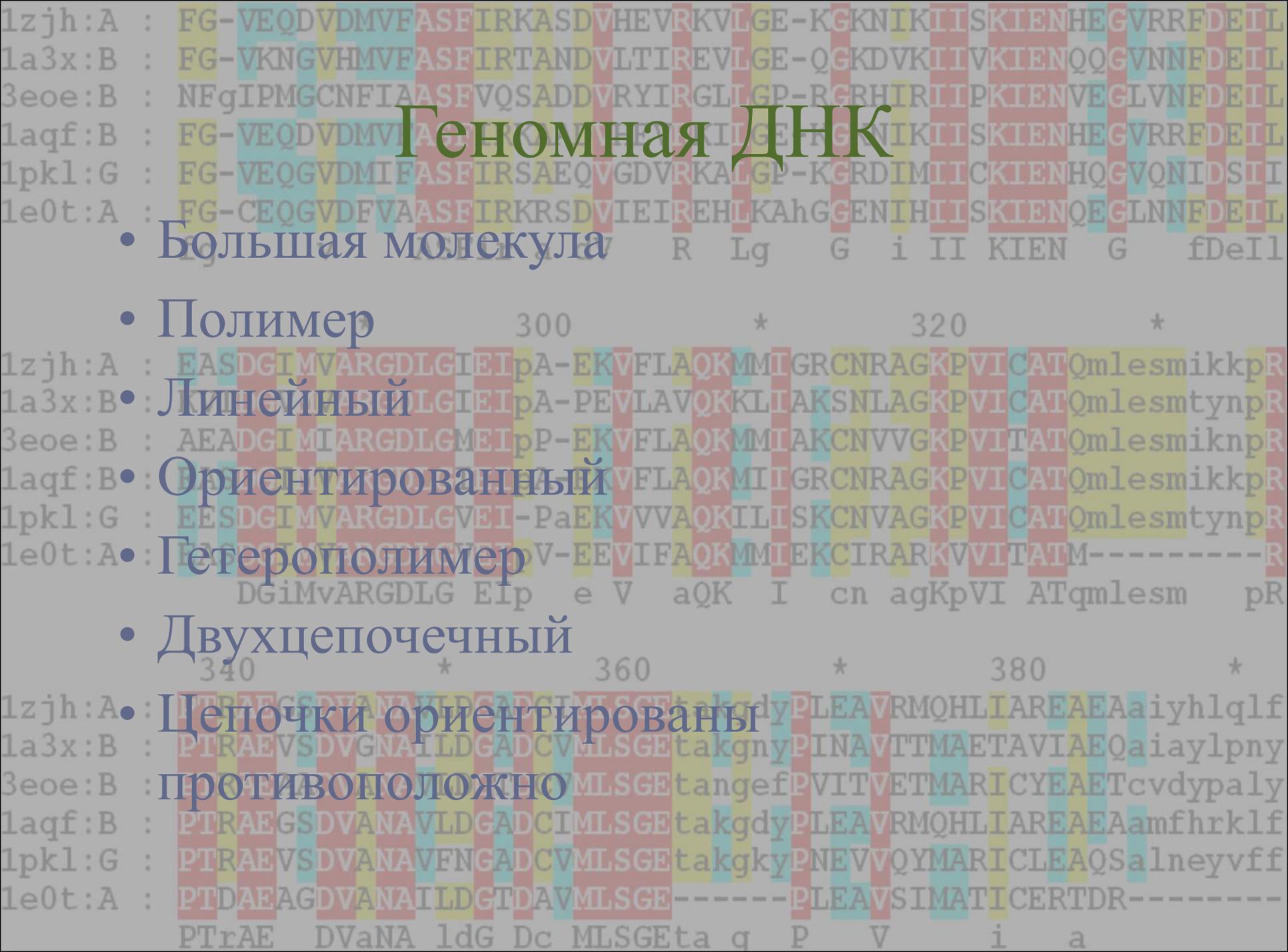
• Последовательность одного и того же белка у потомка может отличаться от последовательности предка

• Отличия происходят из-за мутаций в кодирующей последовательности гена

Геномная ДНК

- Большая молекула
- Полимер
- Линейный
- Ориентированный
- Гетерополимер
- Двухцепочечный

- Цепочки ориентированы противоположно



Каждая комплементарная пара нуклеотидов ДНК потомка происходит из комплементарной пары ДНК предка

• ДНК потомка всегда получается из предковой ДНК репликацией

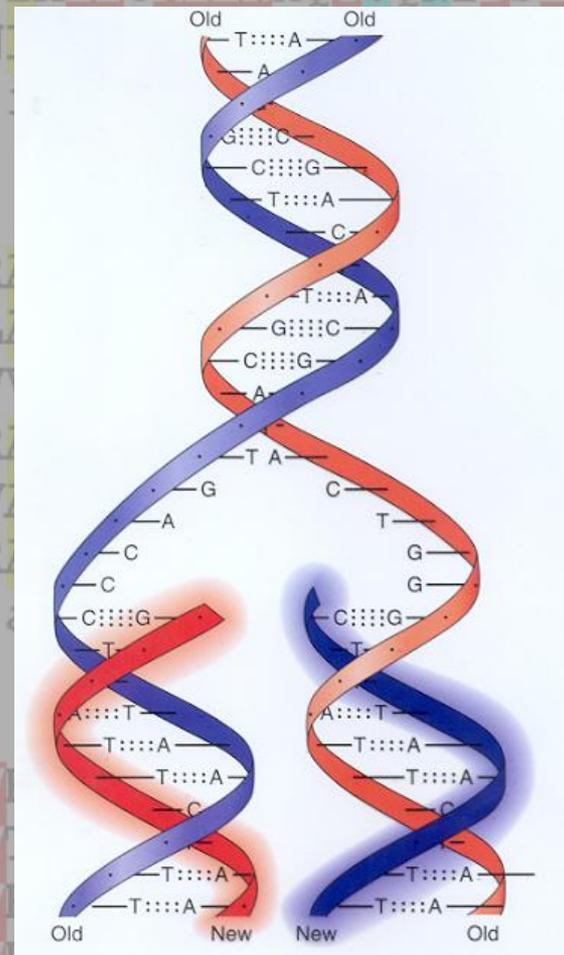
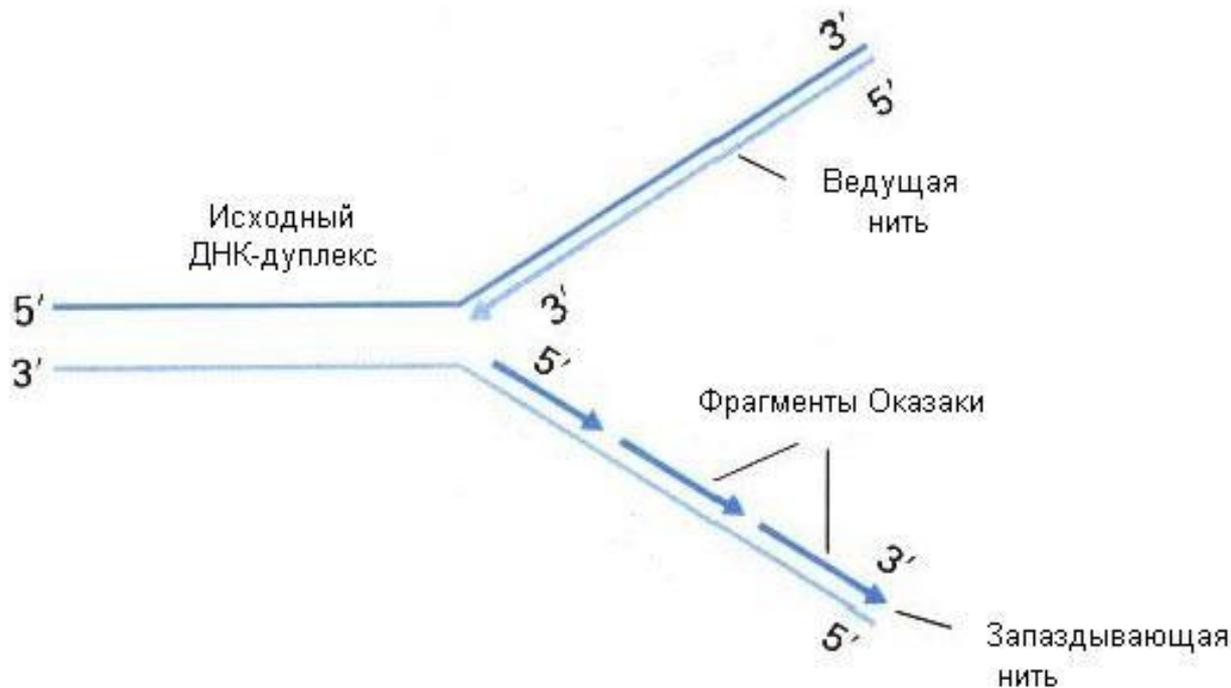
• Поэтому ДНК-потомок имеет ту же последовательность, что и ДНК-предок

• *Закон биологии: из каждого закона биологии существуют исключения*

• *Вопрос: существуют ли исключения из этого закона?*

Схема репликации

РЕПЛИКАТИВНАЯ ВИЛКА



1zjh:A : FG-VEQDVMVFASFIRKASDVHEVRKVLGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
 1a3x:B : FG-VKNGVHMVFASFIRTANDVLTIREVLGE-QGKDVKII VKIENQQGVNNFDEIL
 3eoe:B : NFgIPMGCNFIAASFVQSADDVRYIRGLLGP-RGRHIRIIPKIENVEGLVNFDEIL
 1aqf:B : FG-VEQDVMVFASFIRKAADVHEVRKILGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
 1pk1:G : FG-VEQGVDMIASFIRKASDVHEVRKILGE-KGKNIKII CKIENHQGVQNIIDSI
 1e0t:A : FG-CEQGVDFVAASFIRKRSDVIEIREHLKAHGGENIHIISKIENQEGLN NFDEIL
 fg v ASFir a dV R Lg G i II KIEN G fDeIl

Виды мутаций

- Замена нуклеотида на другой 320 *
- Делеция одного или нескольких подряд нуклеотидов
- Вставка одного или нескольких подряд нуклеотидов

1zjh:A : PTRAEVSDVANAVLDGADCVMLSGEtakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAAaiyhqlf
 1a3x:B : PTRAEVSDVGNAILD GADCVMLSGEtakgnyPINAVTTMAETA VIAEQaiaylpny
 3eoe:B : PTRAEVSDVANAVLDGADCVMLSGEtagndyPNEVVQYMARIC LEAQSalneyvff
 1aqf:B : PTRAEVSDVANAVLDGADCVMLSGEtakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAAamfhrklf
 1pk1:G : PTRAEVSDVANAVFNGADCVMLSGEtakgkyPNEVVQYMARIC LEAQSalneyvff
 1e0t:A : PTDAEAGDVANA ILDTDAVMLSGE-----PLEAVSIMATI CERTDR-----
 PTrAE DVaNA ldG Dc MLSGETa q P V i a

- Дупликация участка 340 * 360 * 380 *
- Перестановка участка - рекомбинация

Мутации CDS и отбор

- Мутации белка происходят из-за мутаций кодирующей последовательности ДНК

- Последовательность белка находится под прессом отбора:

- каждый белок имеет свои биологические функции
- функция белка зависит от структуры белка и от остатков, напрямую участвующих в выполнении функции
- свойства и структура белка зависят от последовательности

- Малое число мутаций CDS имеют шанс закрепиться в эволюции

- Мутации последовательности белка происходят редко; *но если подождать 10 млн лет, то можно обнаружить довольно много!*

Как отобразить отношение предок — потомок для нуклеотидов?

ДНК предка: **AAAC TGAT GCAACGTGA**



ДНК потомка: **AAtCttTGATAcCTGA**

Выравнивание – общепринятый способ отражения “родства” нуклеотидов или аминокислотных остатков

seq1:.....**AAAC--TGATGCAACGTGA**.....

seq2:.....**AAtCttTGAT---ACcTGA**.....

“Наследование”

аминокислотного остатка белка

• Если все три нуклеотида **кодона** потомка унаследованы от трех нуклеотидов **кодона**

предка, то можно говорить о том, что остаток потомка произошел от остатка предка

• Такие остатки следует помещать в одну колонку выравнивания аминокислотных последовательностей

• Это еще не вся правда про выравнивание последовательностей белков!

Проблема выравнивания

- Время наблюдения за последовательностью

много меньше 10 млн лет 😞

- Мы наблюдаем только потомков общего предка, а самого предка не знаем

- Про родство аминокислотных остатков приходится догадываться

- Как догадываться — об этом на следующих занятиях

Аминокислотные остатки помещают в одну колонку выравнивания если они

- происходят от одного предкового остатка последовательности белка – общего предка (эволюция)
- их C_α атомы находятся в участках полипептидной цепи сходной конформации (структура)
- играют сходную роль в белке (функция)

Пример выравнивания

```

          *           240           *           260           *           280
1zjh:A : FG-VEQDVDMVFASFIRKASDVHEVRKVLGEG-KGKNIKIISKIENHEGVRRFDEIL : 260
1a3x:B : FG-VKNGVHMVFASFIRTANDVLTIREVLGE-QGKDVKIIIVKIENQQGVNMFDEIL : 254
3eoe:B : NFgIPMGCNFIASFVQSADDVRYIRGLLGP-RGRHIRIIPKIENVEGLVNFDEIL : 249
1aqf:B : FG-VEQDVDMVFASFIRKAADVHEVRKILGEG-KGKNIKIISKIENHEGVRRFDEIL : 272
1pkl:G : FG-VEQGVDMIFASFIRSAEQVGDVRKALGP-KGRDIMIICKIENHQGVQNIDSI : 252
1e0t:A : FG-CEQGVDFVAASFIRKRSDVIEIREHLKAhGGENIHIIISKIENQEGLNMFDEIL : 230
fg      v      ASfir a dV  R  Lg  G  i  II  KIEN  G  fDeil

```

```

          *           300           *           320           *
1zjh:A : EASDGI MVAR GDLGIEI pA -EKVFLAQKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR : 315
1a3x:B : KVT DGV MVAR GDLGIEI pA -PEVLAVQK KLI AKSNLAGKPVICATQmlesmtynpR : 309
3eoe:B : AEADGI MIAR GDLGMEI pP -EKVFLAQKMMI AKCNVVGKPVITATQmlesmiknpR : 304
1aqf:B : EASDGI MVAR GDLGIEI pA -EKVFLAQKMI I GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR : 327
1pkl:G : EESDGI MVAR GDLGVEI -PaEKVVVAQKIL I SKCNVAGKPVICATQmlesmtynpR : 307
1e0t:A : EASDGI MVAR GDLGVEI pV -EEVIFAQKMMI EK CIRARKVVI TATM-----R : 276
DGiMvARGDLG EIp e V aQK I cn agKpVI ATqmlesm pR

```

```

          340           *           360           *           380           *
1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCI MLSGETakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAaiyhlqlf : 371
1a3x:B : PTRAE VSDVGNAILD GADCVMLSGETakgnyPINAVTTMAETAVIAEQaiaylpny : 365
3eoe:B : PTRAE AADVANAVLDGTD CVMLSGETangefPVITVETMARICYEAE Tcvdypaly : 360
1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCI MLSGETakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAamfhrklf : 383
1pkl:G : PTRAE VSDVANAVFNGADCVMLSGETakgkyPNEVVQYMARICLEAQSalneyvff : 363
1e0t:A : PTDAEAGDVANAILDGTDAVMLSGET-----PLEAVSIMATICERTDR----- : 318
PTrAE  DVaNA ldG Dc MLSGETa g P V i a

```

1zjh:A : FG-VEQDVMVFASFIRKASDVHEVRKVLGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
1a3x:B : FG-VKNGVHMVFASFIRTANDVLTIREVLGE-QGKDVKII VKIENQQGVNNFDEIL
3eoe:B : NFgIPMGCNFIAASFVQSADDVRYIRGLLGP-RGRHIRIIPKIENVEGLVNFDEIL
1aqf:B : FG-VEQDVMVFASFIRKAADVHEVRKILGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
1pk1:G : FG-VEOGVDMT FASFIRSAEOVGDVRKALGP-KGRDIMTICKTENHOGVONTDSTI
1e0t:A : FG-CEGSDVDFASFIRKASDVHEVRKVLGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
fg v ASFir a dV R Lg G i II KIEN G fDeIl
* 300 * 320 *

Что делать с остатками, которые
не должны выравниваться?

1zjh:A : EASDGI MVARGDLGIEIpA-EKVFLAQKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
1a3x:B : KVTDGVMVARGDLGIEIpA-PEVLAVQKKLI AKSNLAGKPVICATQmlesmtynpR
3eoe:B : AEADGIMIARGDLGMEIpP-EKVFLAQKMMIAKCNVVGKPVITATQmlesmiknpR
1aqf:B : EASDGI MVARGDLGIEIpA-EKVFLAQKMI I GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
1pk1:G : EESDGI MVARGDLGVEI-PaEKVVVAQKILISKCNVAGKPVICATQmlesmtynpR
1e0t:A : EASDGI MVARGDLGVEIpV-EEVIFAQKMMIEKCIRARKVVITATM-----R
DGiMvARGDLG EIp e V aQK I cn agKpVI ATqmlesm pR

340 * 360 * 380 *
1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aaiyhqlf
1a3x:B : PTRAE VSDVGNAILDGADCVMLSGE takgny PINAVTTMAETAVIAEQaiaylpny
3eoe:B : PTRAE AADVANAVLDGTDCVMSLGE tange fPVITVETMARICYEAETcvdypaly
1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aamfhrklf
1pk1:G : PTRAE VSDVANAVFNGADCVMLSGE takgky PNEVVQYMARICLEAQSalneyvff
1e0t:A : PTDAEAGDVANA ILDTDAVMSLGE ----- PLEAVSIMATICERTDR-----
PTrAE DVaNA ldG Dc MLSGETa q P V i a

Выравнивание и эволюция

```
          *          20          *          4
POLG_CXB4J : GAQVSTQKTGAHETSLASGNSIIHYTNINYYKDAASNS : 39
POLG_CXB4E : GAQVSTQKTGAHETSLSATGNSIIHYTNINYYKDAASNS : 39

          0          *          60
POLG_CXB4J : ANRQDFTQDPSKFTPEPVKDVMIKSLPALN : 68
POLG_CXB4E : ANRQDFTQDPSKFTPEPVKDVMIKSLPALN : 68
```

Последовательности белка оболочки из двух штаммов
вируса Коксаки

```
          340          *          360          *          380          *
1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGEtakgdyPLEAVRMQHLLIAREAEAAaiyhqlf
1a3x:B : PTRAE GSDVANAILD GADCVMLSGEtakgnyPINAVTTMAETA VIAEQaiaylpny
3eoe:B : PTRAE AADVANA VLDGTDCVMLSGETangefPVITVETMARICYEAETcvdypaly
1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGEtakgdyPLEAVRMQHLLIAREAEAAamfhrklf
1pk1:G : PTRAE VSDVANAVFNGADCVMLSGETakgkyPNEVVQYMARICLEAQSalneyvff
1e0t:A : PTDAEAGDVANA I LDGTDAVMLSGE-----PLEAVSIMATICERTDR-----
          PTrAE  DVaNA ldG Dc  MLSGETa q P V i a
```

		*		20		*		4	
POLG_CXB4J :	GAQVSTQKTGAHETSLSASGNSIIHYTNINYYKDAASNS	:							39
POLG_CXB4E :	GAQVSTQKTGAHETSLSATGNSIIHYTNINYYKDAASNS	:							39
POLG_HE71B :	GSQVSTQRS GSHENSNSATEGSTINYYTTINYYKDSYAAT	:							39

	0		*		60	
POLG_CXB4J :	ANRQDFTQDPSKFT	TEPVKD	VMIKSLPALN	:		68
POLG_CXB4E :	ANRQDFTQDPSKFT	TEPVKD	VMIKSLPALN	:		68
POLG_HE71B :	AGKQSLKQDPDKEAN	VPKDI	FTEMAAPLK	:		68

Последовательности белка оболочки из двух штаммов
 вируса Коксаки и энтеровируса человека

1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aaiyh lqlf
 1a3x:B : PTRAE VSDVANAVLDGADCIMLSGE takgny PNEVVQYMARIC LEAQ S alneyvff
 3eoe:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aamfhrklf
 1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGE takgdy PLEAVRMQH LIAREAE Aamfhrklf
 1pk1:G : PTRAE VSDVANAVFNGADCIMLSGE takgky PNEVVQYMARIC LEAQ S alneyvff
 1e0t:A : PTDAEAGDVANA ILDGTDAVMLS GE----- PLEAVSIMATI CERTDR-----
 PTrAE DVaNA ldG Dc MLSGEta q P V i a

Что есть что (редактор GeneDoc)

Номер столбца выравнивания

```

                *                20                *
MTA1_YEAST : ---KSSIS P Q A R A F L E Q V E R R K --- Q S L N S : 24
MAT2_YEAST : K P Y R G H R F T K E N V R I L E S W E A K N I E N P Y L D T : 31
                3 2                L E    F    4                L13
    
```

```

                40                *                60
MTA1_YEAST : K E K E E V A K K C G I T P L Q V R V W F I N K R M R S K - : 53
MAT2_YEAST : K G L E N I M K N T S L S R I Q I K N W V S N R R R K E K T : 61
                K    E    6    K                63    6Q64    W    N4R    4    K
    
```

Название последовательности

Функционально консервативная позиция

Консервативный остаток

Номер последнего в строке остатка ИЗ ЭТОЙ ПОСЛЕДОВАТЕЛЬНОСТИ



1zjh:A : FG-VEQDVMVFASFIRKASDVHEVRKVLGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
 1a3x:B : FG-VKNGVHMVFASFIRTANDVLTIREVLGE-QGKDVKII VKIENQQGVNNFDEIL
 3eoe:B : NFgIPMGCNFIAASFVQSADDVRYIRGLLGP-RGRHIRIIPKIENVEGLVNFDEIL
 1aqf:B : FG-VEQDVMVFASFIRKAADVHEVRKILGE-KGKNIKII SKIENHEGVRRFDEIL
 1pk1:G : FG-VEQGVDMI FASFIKIQVGIYFAIY-GRDIMIICKIENHQGVQNI DSI
 1e0t:A : FG-CEQGVDFVAASFIRKRSDVIEIREHLKAhGGENIHII SKIENQEGLNNFDEIL
 fg v ASfir a dV R Lg G i II KIEN G fDeIl

Сегодня все

* 300 * 320 *

1zjh:A : EASDGI MVARGDLGIEIpA-EKVFLAQKMMI GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
 1a3x:B : KVTDGVMVARGDLGIEIpA-PEVLAVQKKLI AKSNLAGKPVICATQmlesmtynpR
 3eoe:B : AEADGIMIARGDLGMEIpP-EKVFLAQKMMIAKCNVVGKPVITATQmlesmiknpR
 1aqf:B : EASDGI MVARGDLGIEIpA-EKVFLAQKMI I GRCNRAGKPVICATQmlesmikkpR
 1pk1:G : EESDGI MVARGDLGVEI-PaEKVVVAQKILISKCNVAGKPVICATQmlesmtynpR
 1e0t:A : EASDGI MVARGDLGVEIpV-EEVIFAQKMMIEK CIRARKVVITATM-----R
 DGiMvARGDLG EIp e V aQK I cn agKpVI ATqmlesm pR

340 * 360 * 380 *

1zjh:A : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGEtakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAAaiyhqlf
 1a3x:B : PTRAEVSDVGNAILD GADCVMLSGEtakgnyPINAVTTMAETA VIAEQaiaylpny
 3eoe:B : PTRAEAADVANAVLDGTDCVMLSGETangefPVITVETMARICYEAETcvdypaly
 1aqf:B : PTRAE GSDVANAVLDGADCIMLSGEtakgdyPLEAVRMQH LIAREAEAAamfhrklf
 1pk1:G : PTRAEVSDVANAVFNGADCVMLSGETakgkyPNEVVQYMARICLEAQSalneyvff
 1e0t:A : PTDAEAGDVANA ILDTDAVMLSGE-----PLEAVSIMATICERTDR-----
 PTrAE DVaNA ldG Dc MLSGETa q P V i a