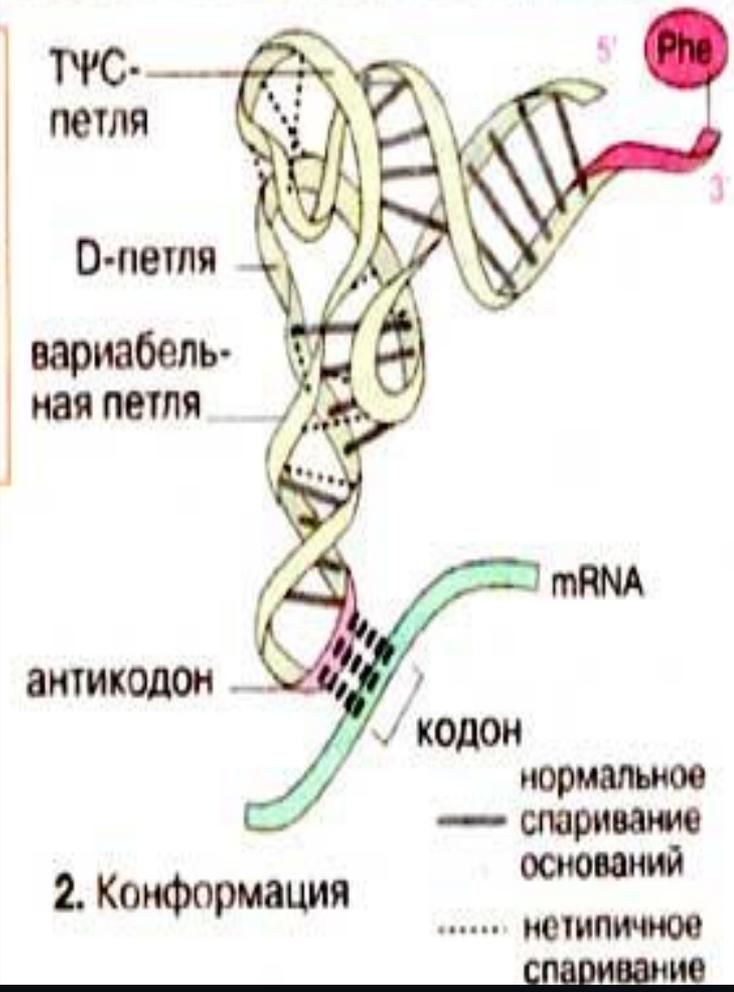
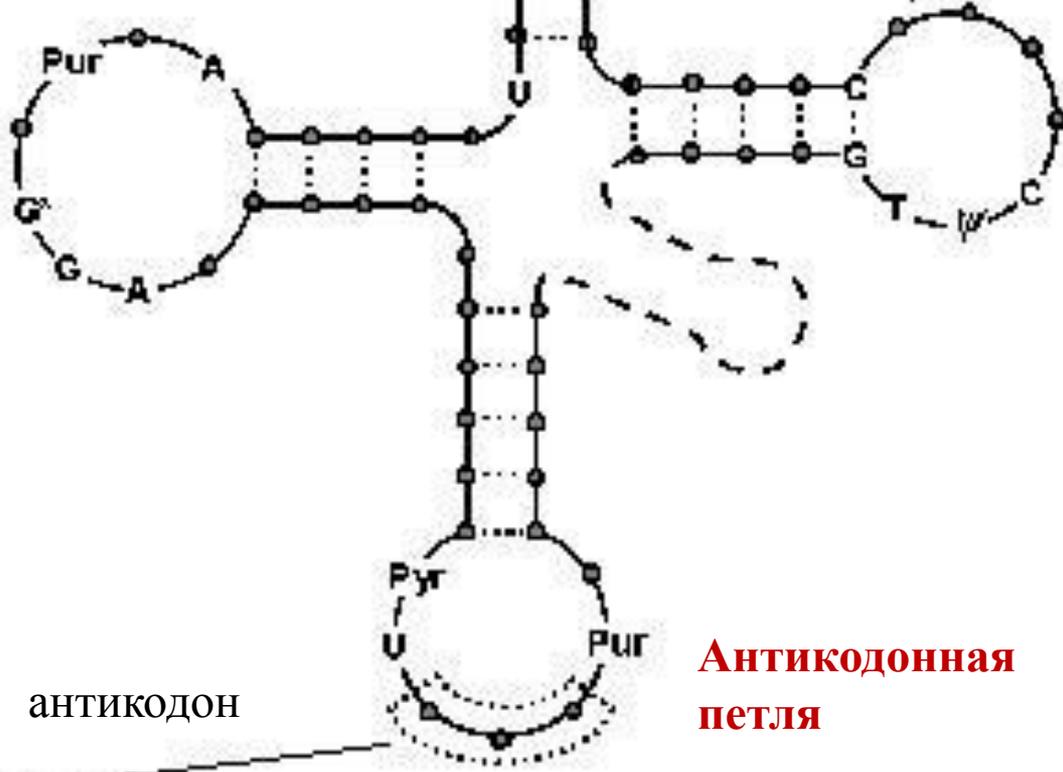


# ТРАНСПОРТНАЯ РНК (ТРНК)

# Акцепторный стебель

3'-конец  
A  
C  
C  
C  
PuG  
5'-конец  
pG

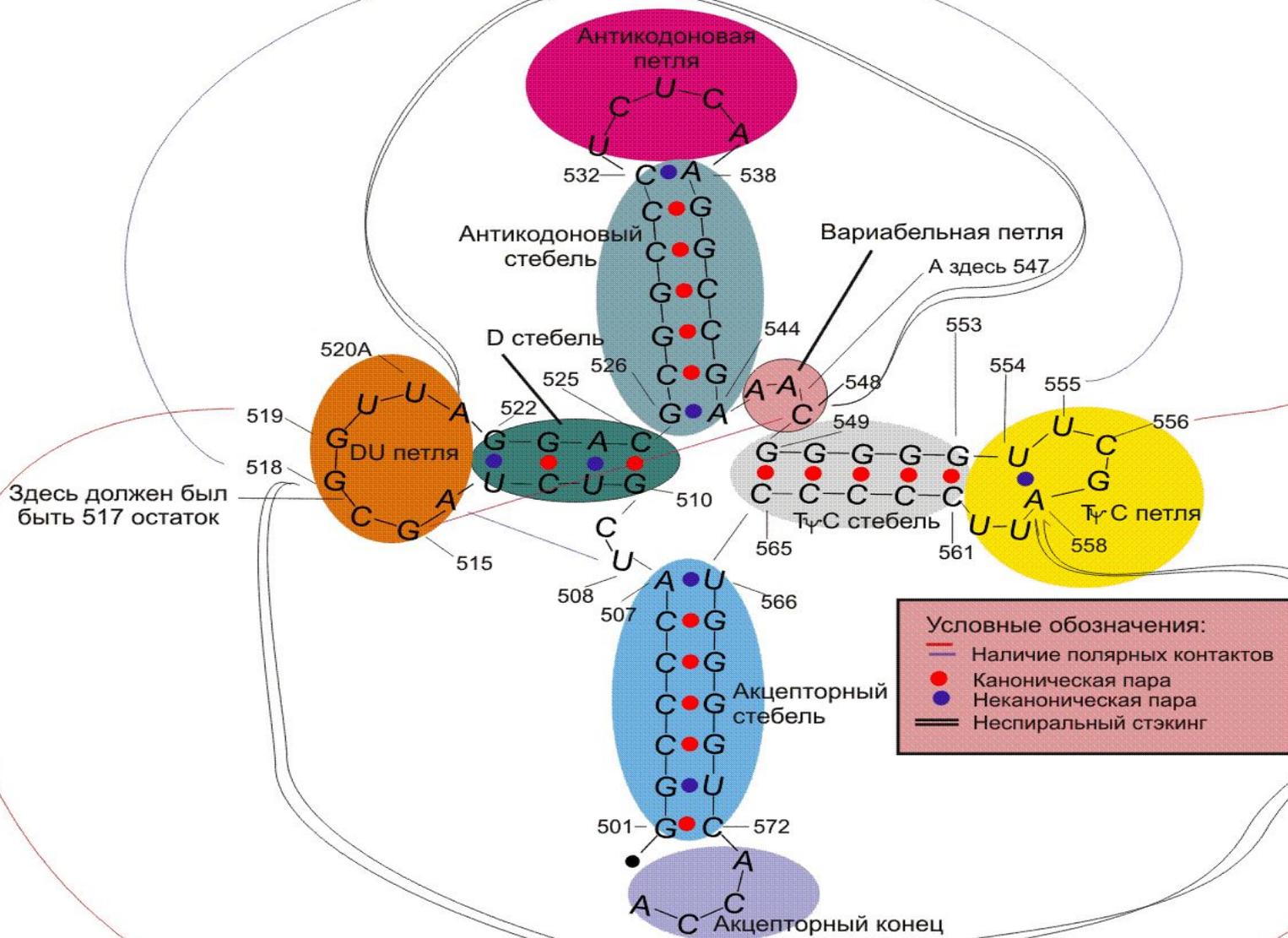


# Структура тРНК

**Антикодонная петля**

антикодон

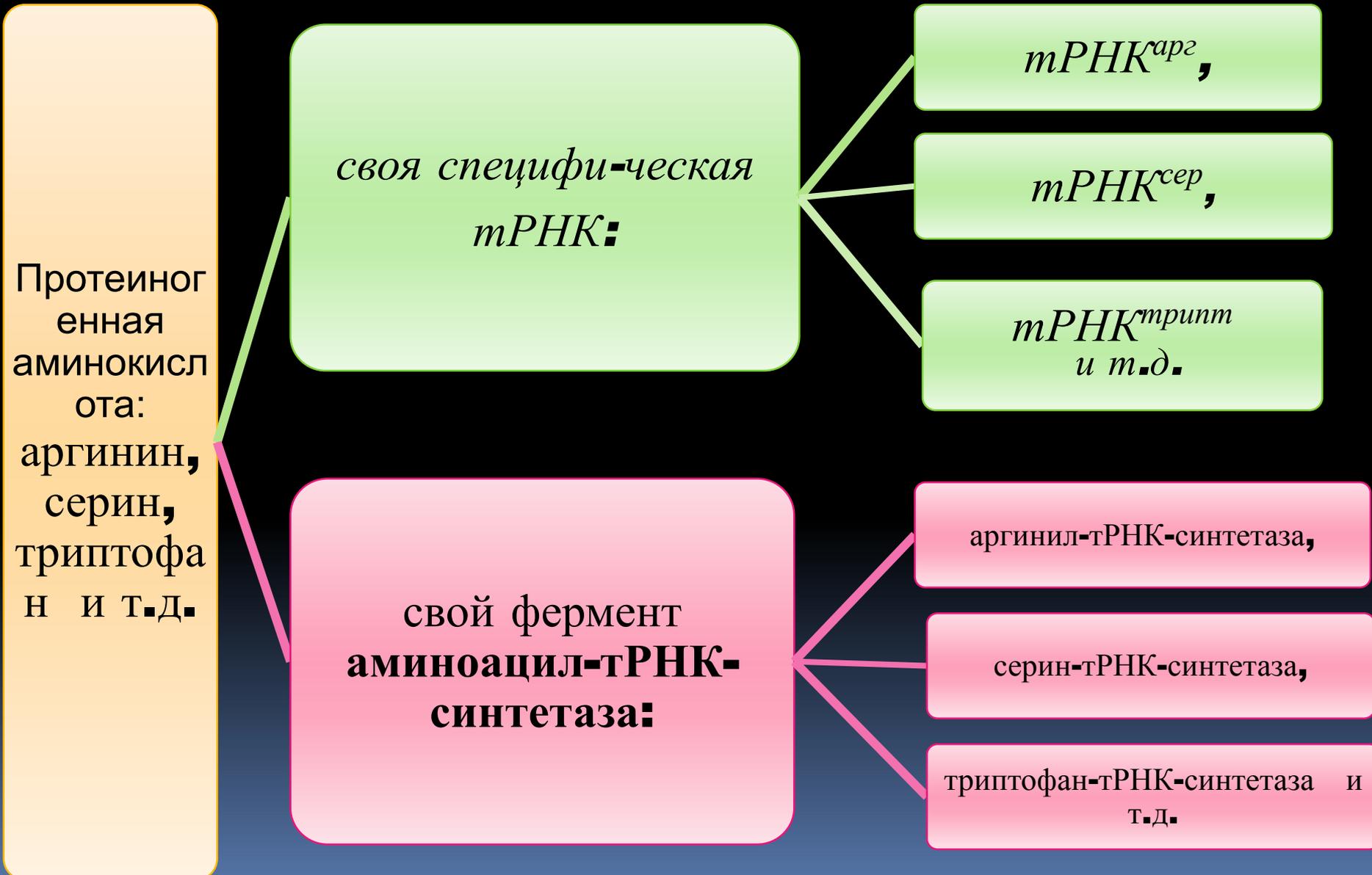
# Схема вторичной структуры глутамил- tPHK *THERMUS THERMOPHILUS*



# ФЕРМЕНТЫ АМИНОАЦИЛ-тРНК-СИНТЕТАЗЫ

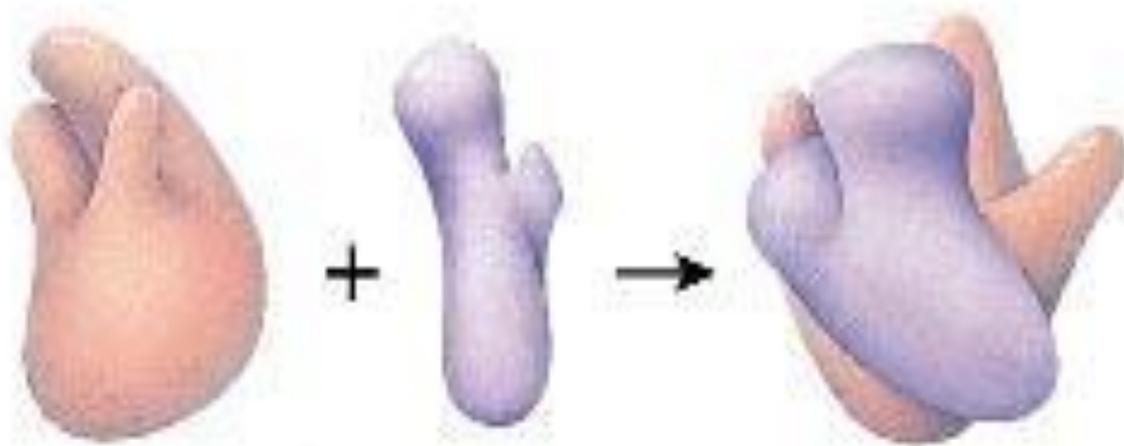
- распознают тРНК и подходящую ей аминокислоту;
- присоединяют к **3'**-концу тРНК соответствующую аминокислоту.

# ДЛЯ КАЖДОЙ ИЗ 20 ПРОТЕИНОГЕННЫХ АМИНОКИСЛОТ В КЛЕТКЕ ИМЕЮТСЯ:



# РИБОСОМНАЯ РНК (рРНК)





**Большая  
субъединица**

**Малая  
субъединица**

**ВО ВРЕМЯ СИНТЕЗА БЕЛКА ОБЕ РИБОСОМНЫЕ СУБЪЕДИНИЦЫ ОБЪЕДИНЯЮТСЯ, ОБРАЗУЕТСЯ РИБОСОМА.**

Рибосомы прокариот имеют две субъединицы: малую субъединицу, состоящую из одной молекулы RNA и **21** белка, и большую субъединицу, состоящую из двух молекул RNA и **34** разных белков. Рибосомы эукариот имеют очень похожую структуру, но несколько более крупные

# Структура и роль белка

**БЕЛКИ** — природные высокомолекулярные полимеры, состоящие из аминокислотных остатков, соединенных пептидной связью.

**Белки** являются главной составной частью живых организмов и молекулярной основой процессов жизнедеятельности

Условно:

- **2 — 10** амкт — олигопептиды
- **<80** амкт — полипептиды
- **>80** амкт — белки

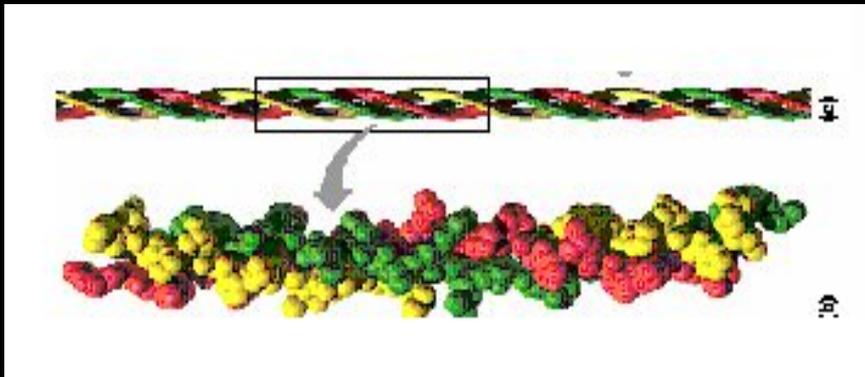
# КЛАССИФИКАЦИЯ БЕЛКОВ

**I. По функциям:** структурные, катализаторы, транспортные, регуляторы проницаемости мембран

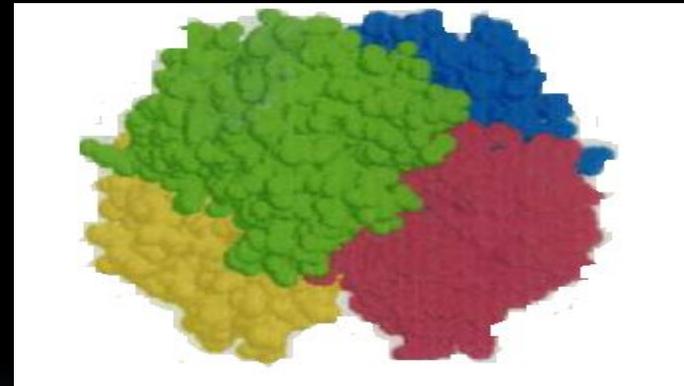
## **II. По форме молекулы**

Фибриллярные (нитевидные)

коллаген



Глобулярные (шаровидные): альбумины, глобулины



## **III. По степени сложности молекулы**

1. Простые (состоят только из АК)
2. Сложные: небелковая часть (простетическая группа) + белок

## **IV. По пищевой ценности**

1. Полноценные
2. Неполноценные

# ОСНОВНАЯ СТРУКТУРНАЯ ЕДИНИЦА БЕЛКОВ



# ПРОТЕИНОГЕННЫЕ АМИНОКИСЛОТЫ И ИХ ОБОЗНАЧЕНИЯ

Аминокислота	Трехбуквенное обозначение	Однобуквенное обозначение
Аланин	Ala	A
Аргинин	Arg	R
Аспарагин	Asn	N
Аспарагиновая кислота	Asp	D
Валин	Val	V
Гистидин	His	H
Глицин	Gly	G
Глутамин	Gln	Q
Глутаминовая кислота	Glu	E
Изолейцин	Iso	I
Лейцин	Leu	L
Лизин	Lys	K
Метионин	Met	M
Пролин	Pro	P
Серин	Ser	S
Тирозин	Tyr	Y
Треонин	Thr	T
Триптофан	Trp	W
Фенилаланин	Phe	F
Цистеин	Cys	C

# КЛАССИФИКАЦИЯ АМИНОКИСЛОТ ПО ХАРАКТЕРУ R-ГРУППЫ

## Полярные, незаряженные R-группы

L-серин; L-цистеин; L-глутамин;  
L-треонин; L-метионин; L-аспарагин

## Отрицательно заряженные R-группы

L-глутаминовая к-та; L-аспарагиновая к-та

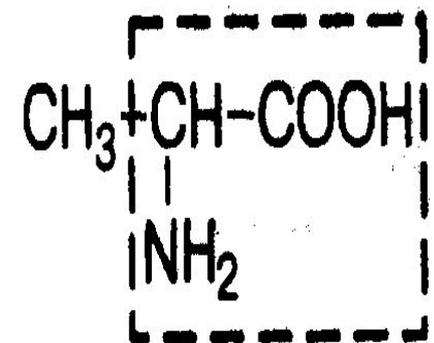
## Положительно заряженные R-группы

L-лизин; L-гистидин, L-аргинин

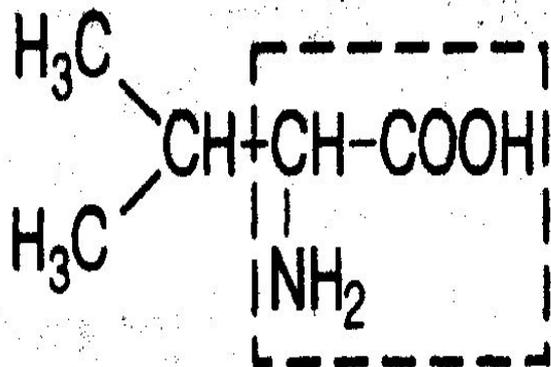
## Ароматические R-группы

L-фенилаланин; L-тирозин; L-триптофан

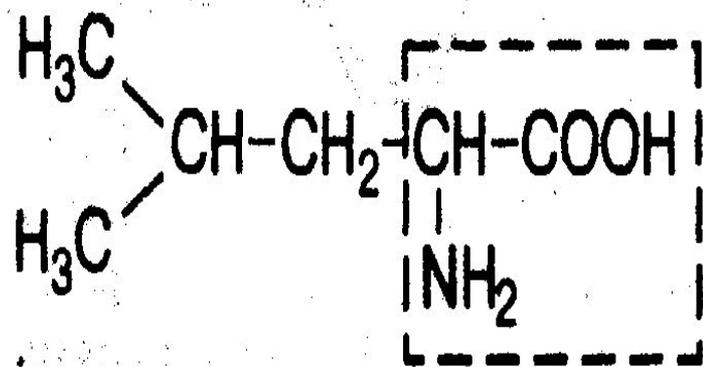
# Неполярные R-группы



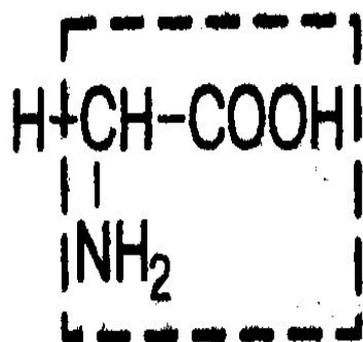
L-аланин



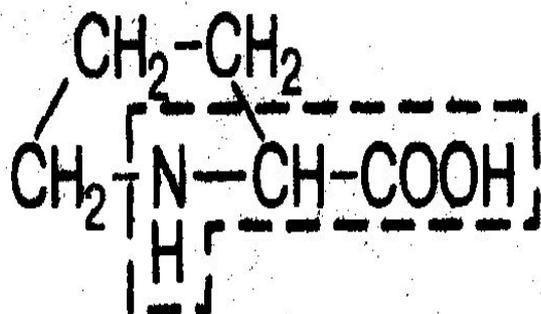
L-валин



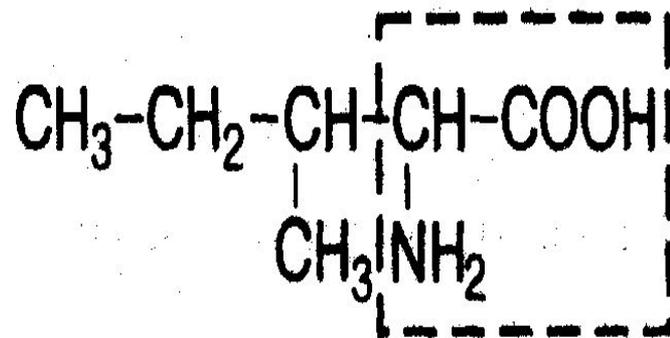
L-лейцин



L-глицин



L-пролин



L-изолейцин

# ЗАМЕНИМЫЕ АМИНОКИСЛОТЫ (ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА)

Синтезируются в  
организме человека в  
достаточном  
количестве.

- глицин,
- аланин,
- серин,
- цистеин,
- тирозин,
- аспарагиновая кислота,
- аспарагин,
- глутаминовая кислота,
- глутамин

# ПОЛУЗАМЕНИМЫЕ АМИНОКИСЛОТЫ (ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА)

Образуются в организме, но в недостаточном количестве

Их недостаток  
должен  
восполняться  
белковой пищей:

- тирозин,
- аргинин,
- гистидин

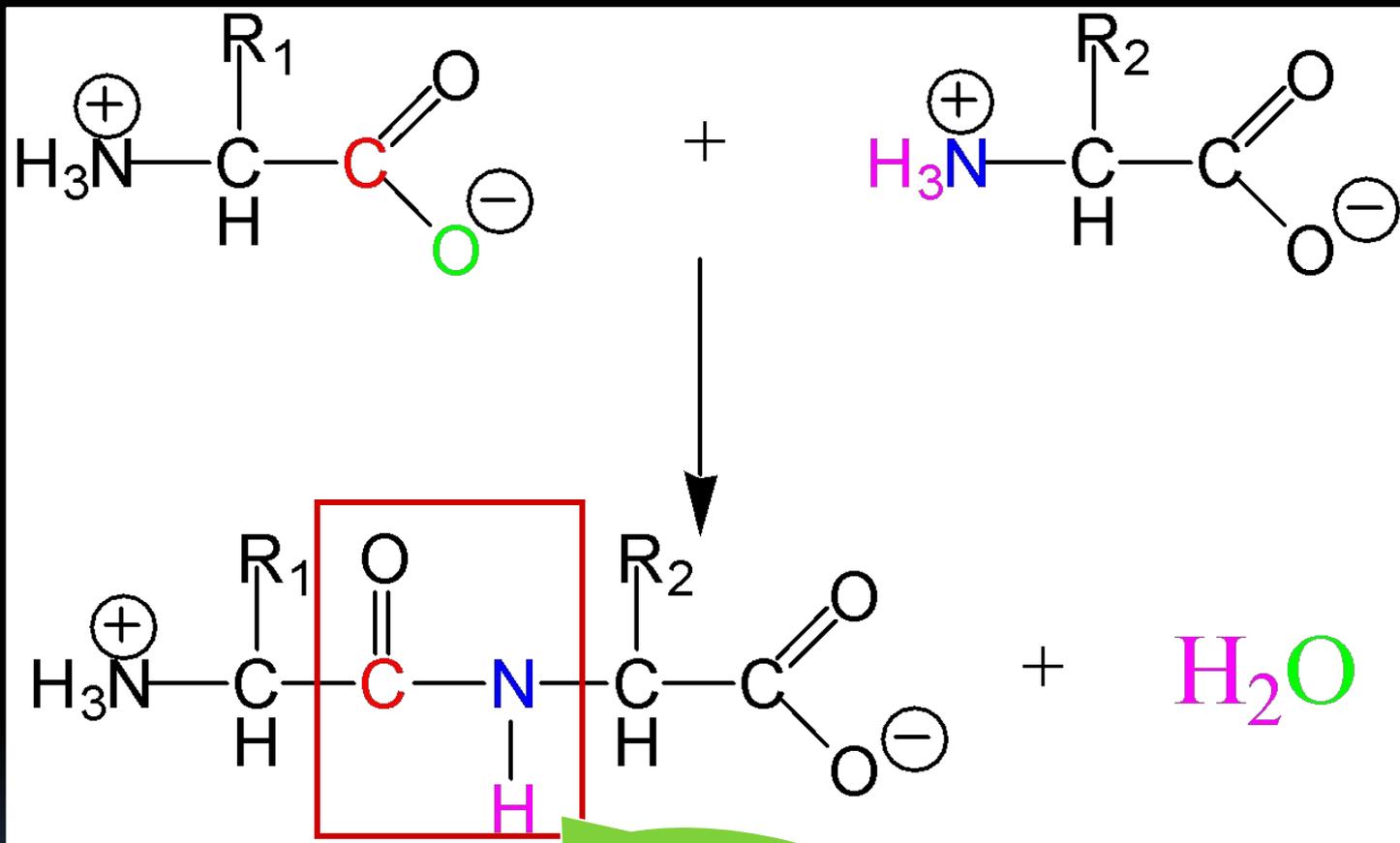
# НЕЗАМЕНИМЫЕ АМИНОКИСЛОТЫ (ДЛЯ ЧЕЛОВЕКА)

В организме человека не синтезируются.

Должны  
поступать с  
пищей:

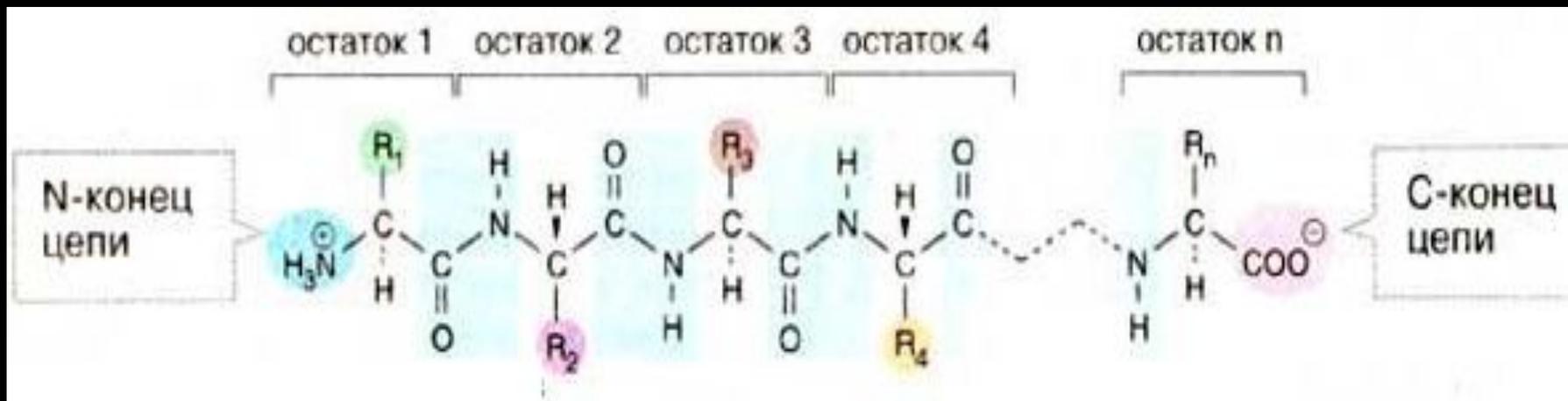
- валин,
- лейцин,
- изолейцин,
- треонин,
- лизин,
- метионин,
- фенилаланин,
- триптофан

# ОБРАЗОВАНИЕ ПЕПТИДНОЙ СВЯЗИ



Ковалентная,  
в транс-форме

# СТРУКТУРА БЕЛКА



**Первичная структура белка** это конфигурация полипептидной цепи, которая формируется в результате образования пептидных связей между остатками АК.

Первичную стр-ру белка стабилизируют :

- пептидные связи
- дисульфидные связи (между свободными -SH группами цистеина (если они расположены рядом друг с другом))

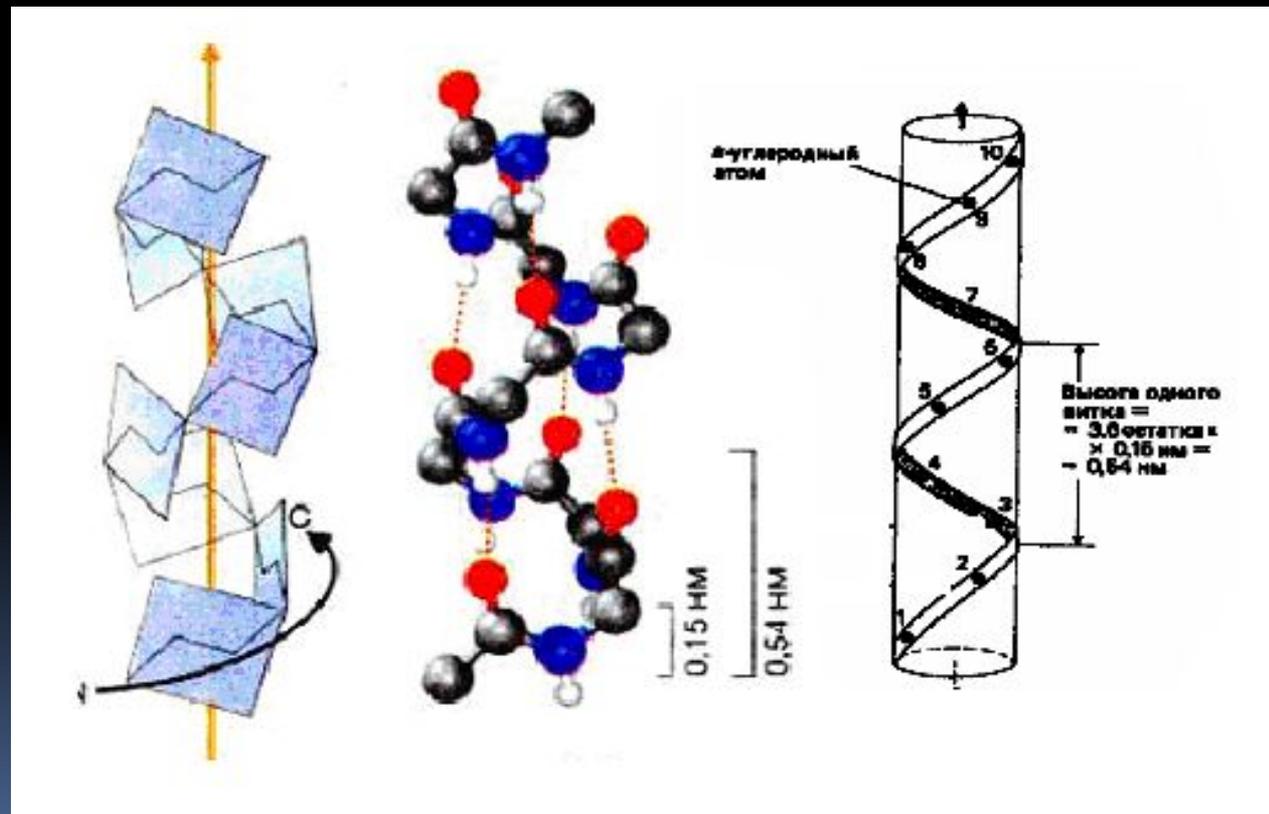
**ВТОРИЧНАЯ СТРУКТУРА БЕЛКА** – это локальная конформация полипептидной цепи, обусловленная вращением отдельных участков вокруг одинарных ковалентных связей

## 1. $\alpha$ -спираль

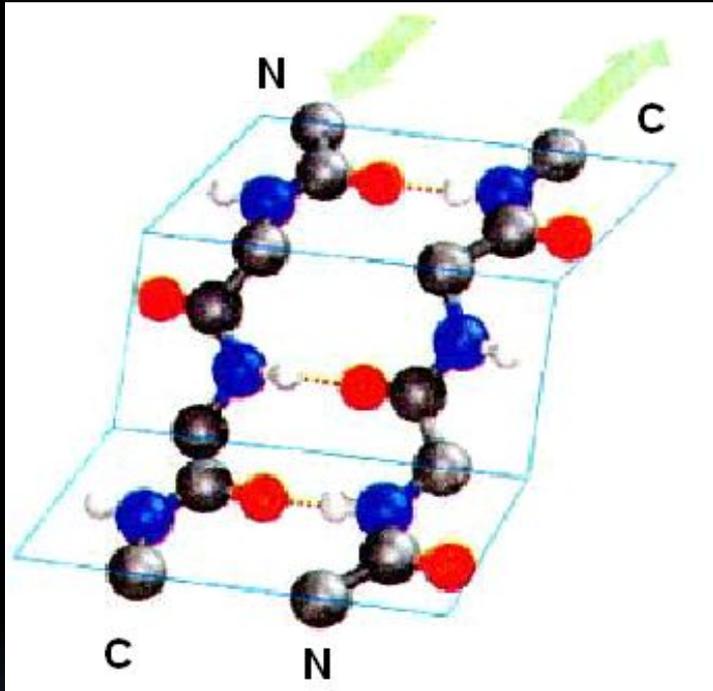
Предложена Л.Полингом и Р.Кори в **1951** г.

**1** виток спирали:  
**3,6** АК-остатка,  
шаг спирали – **0,54** нм

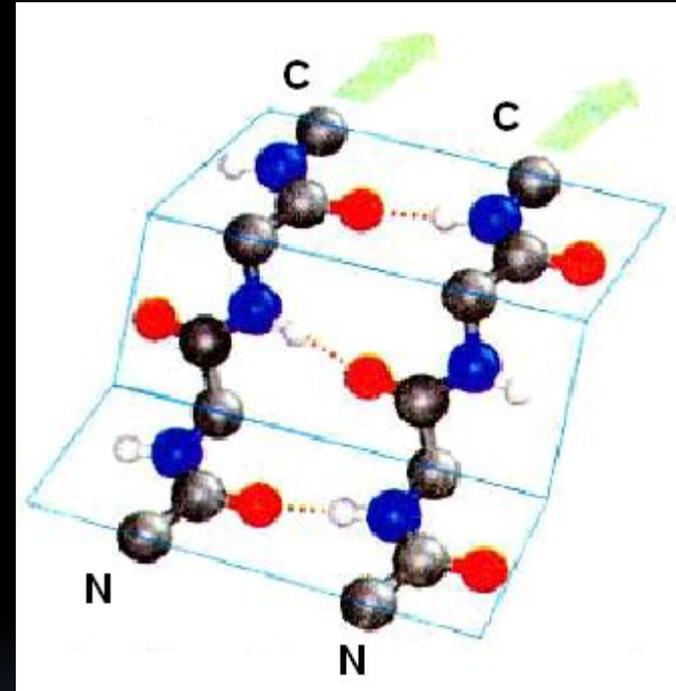
Как правило, правозакрученная спираль



## 2. $\beta$ –структура ( $\beta$ -тяжи)



Антипараллельная  $\beta$ -структура



Параллельная  $\beta$ -структура

**ТРЕТИЧНАЯ СТРУКТУРА (нативная) —** расположение в пространстве всей полипептидной цепи, отдельные участки которой имеют локальную конформацию, т.е. сохраняют  $\alpha$ -спиральную или  $\beta$ -структурную форму.

СТАБИЛИЗИРУЕТСЯ взаимодействиями между боковыми радикалами аминокислотных остатков разных участков полипептидной цепи

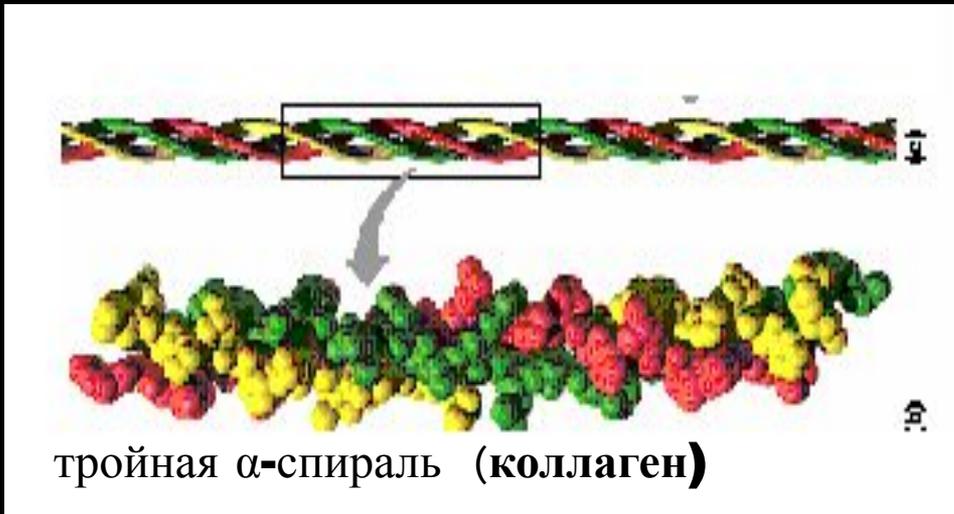
- Гидрофобные – определяющие взаимодействия
- Ионные
- Электростатические
- Дисульфидные
- Водородные

**Третичная структура обеспечивает проявление белком функциональной активности.**

Фибриллярные белки. Глобулярные белки

# два общих типа третичной структуры белков:

**Фибриллярные (нитевидные)**

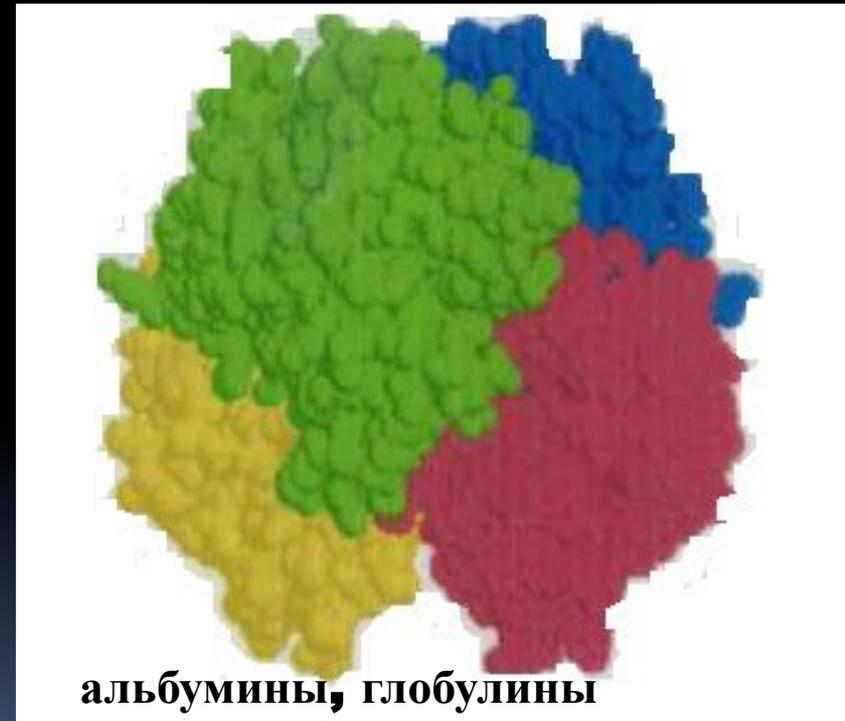


тройная  $\alpha$ -спираль (коллаген)



$\beta$ -складчатые структуры (прионы)

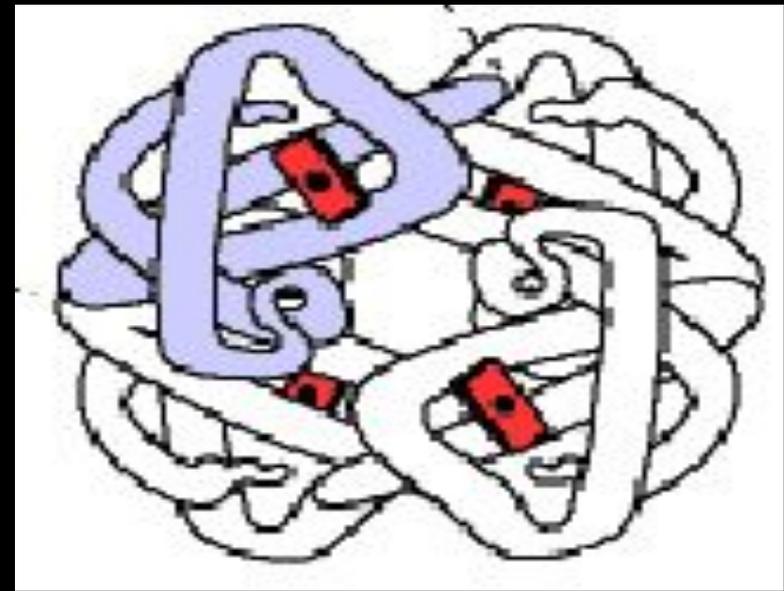
**Глобулярные (шаровидные)**



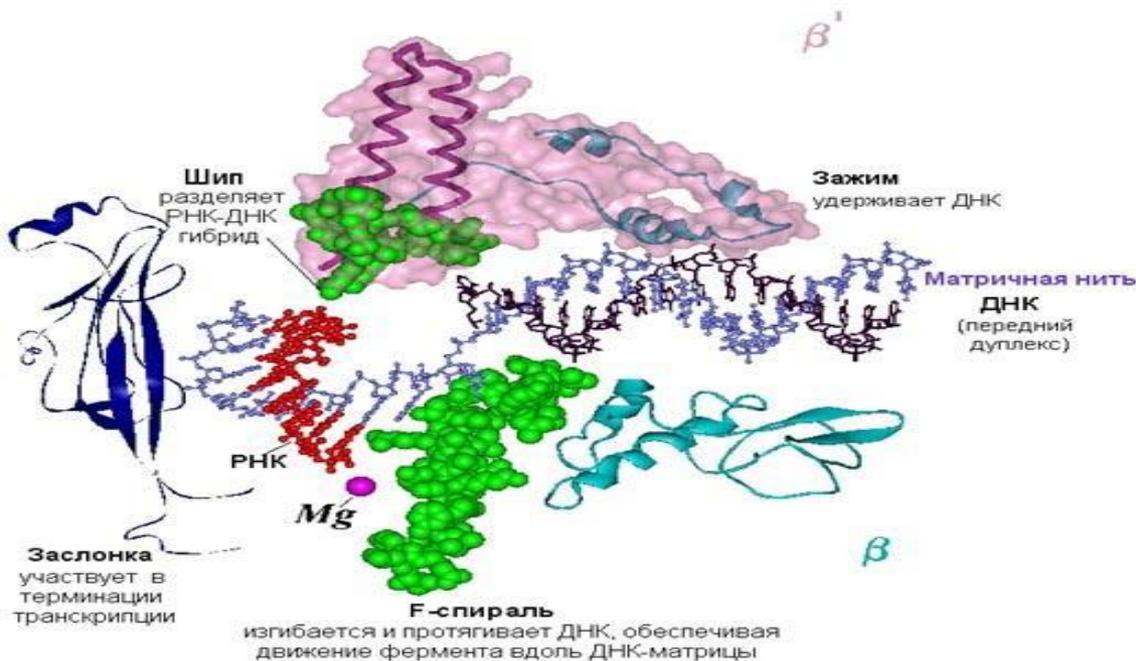
альбумины, глобулины

# ЧЕТВЕРТИЧНАЯ

**СТРУКТУРА** – объединение нескольких полипептидных цепей, имеющих третичную структуру, приводящее к возникновению молекулы с новыми функциональными свойствами (гистон, РНК-



СТРУКТУРНЫЕ ЭЛЕМЕНТЫ РНК-ПОЛИМЕРАЗЫ



Их наз. олигомерными, а составляющие их цепи — протомерами или субъединицами.

2 субъединицы — димеры  
4 субъединицы — тетрамеры  
>4 субъединиц — олигомеры  
гистоны – октамеры

**Связи, стабилизирующие четвертичную структуру:**

- Водородные
- Электростатические

# **ПРЕИМУЩЕСТВА белков с четвертичной структурой**

- 1. Экономия генетического материала**
- 2. Уменьшение числа ошибок при синтезе белка**
- 3. Качественное разнообразие белков.  
Кооперативный эффект субъединиц.**

1



2



3



4



Синтез белка сводится **Не** к переписыванию информации, а к переходу от одной системы информации (нуклеотидная последовательность — четырехбуквенный язык) к другой (аминокислотная последовательность — двадцатибуквенный язык). Это объясняет, почему третий матричный синтез называют трансляцией..

## **СИНТЕЗ БЕЛКА В КЛЕТКАХ РАЗЛИЧНЫХ ОРГАНИЗМОВ**

# ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД (по мРНК)

НИРЕНБЕРГ М. и С.ОЧОА В 1966 г.

		Вторая буква кодонов										
		У		Ц		А		Г				
У	УУ	У	Phe	УЦ	У	Ser	УА	У	Tyr	УГ	У	Cys
	УУ	Ц	Phe	УЦ	Ц	Ser	УА	Ц	Tyr	УГ	Ц	Cys
	УУ	А	Leu	УЦ	А	Ser	УА	А	Стоп	УГ	А	Стоп
	УУ	Г	Leu	УЦ	Г	Ser	УА	Г	Стоп	УГ	Г	Trp
Ц	ЦУ	У	Leu	ЦЦ	У	Pro	ЦА	У	His	ЦГ	У	Arg
	ЦУ	Ц	Leu	ЦЦ	Ц	Pro	ЦА	Ц	His	ЦГ	Ц	Arg
	ЦУ	А	Leu	ЦЦ	А	Pro	ЦА	А	Gln	ЦГ	А	Arg
	ЦУ	Г	Leu	ЦЦ	Г	Pro	ЦА	Г	Gln	ЦГ	Г	Arg
А	АУ	У	Ile	АЦ	У	Thr	АА	У	Asn	АГ	У	Ser
	АУ	Ц	Ile	АЦ	Ц	Thr	АА	Ц	Asn	АГ	Ц	Ser
	АУ	А	Ile	АЦ	А	Thr	АА	А	Lys	АГ	А	Arg
	АУ	Г	Met	АЦ	Г	Thr	АА	Г	Lys	АГ	Ц	Arg
Г	ГУ	У	Val	ГЦ	У	Ala	ГА	У	Asp	ГГ	У	Gly
	ГУ	Ц	Val	ГЦ	Ц	Ala	ГА	Ц	Asp	ГГ	Ц	Gly
	ГУ	А	Val	ГЦ	А	Ala	ГА	А	Glu	ГГ	А	Gly
	ГУ	Г	Val	ГЦ	Г	Ala	ГА	Г	Glu	ГГ	Г	Gly

Первая буква кодонов

Словарь для перевода - биологический код

—Триплеты

нуклеотидов (кодоны)

mRNA

кодируют

каждый одну

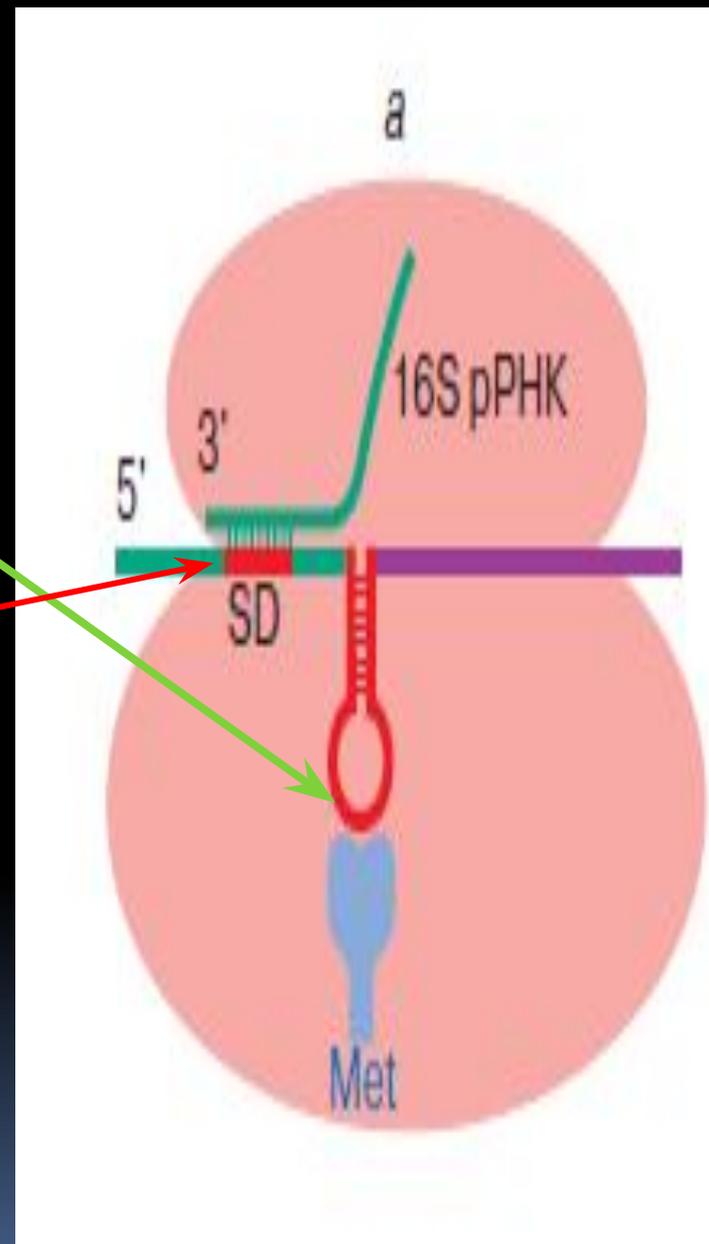
аминокислоту

Узнавание кодона АУГ в качестве иницирующего важно, в каком контексте он располагается

1. У прокариот кодон **AUG** должен находиться на вершине шпильки, образуемой смежными комплементарными участками мРНК

2. Кодону AUG должна предшествовать полипуриновая последовательность - последовательность Шайна-Дальгарно **AGGAGG**, которая

является сайтом связывания рибосом на молекуле мРНК прокариот. На 3'-конце рибосомной рРНК располагается комплементарная последовательность **CCUCCU-** последовательность анти-Шайна-Дальгарно. Комплементарное взаимодействие между последовательностями Шайна-Дальгарно и анти-Шайна-Дальгарно служит для помещения стартового кодона мРНК в Р-сайт рибосомы для начала биосинтеза белка.

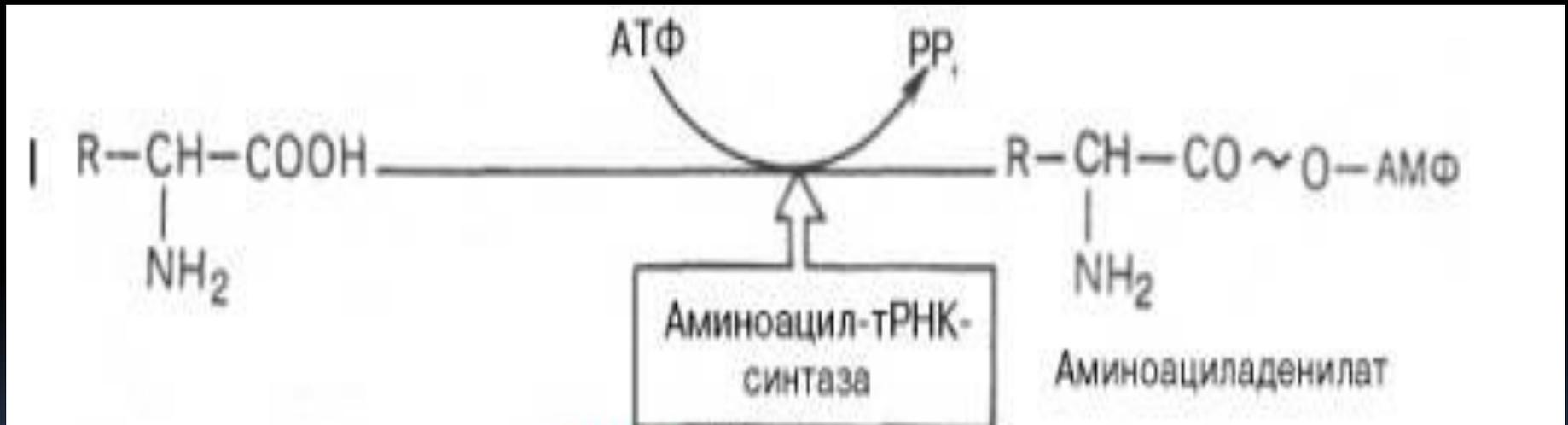


# **ТРАНСЛЯЦИЯ. ЭТАПЫ (БИОСИНТЕЗ БЕЛКА)**

# 1 этап. Инициация трансляции

- 1. Активация инициаторной аминокислоты . Метионин при участии ферментов связывается с АТФ. Образуется **Met- АДЕНИЛАТ** (аминоацил-аденилат, здесь - метионинаденилат)

Активация свободных аминокислот осуществляется при помощи специфических ферментов – аминоацил-тРНК-синтетаз – в присутствии АТФ.



На I стадии аминокислота вступает в реакцию с АТФ, при этом освобождается пиро-фосфат и образуется промежуточный продукт

Аминокислота присоединяется к свободному концевому **2'-ОН** АМФ.

# 1 этап. продолжение

2. Аминоациладенилат (метионаденилат) соединяется с  $tRNA^{Met}$  при помощи фермента аминокил-тРНК-синтетазы (метионин-тРНКсинтетазы). Образуется АМИНОАЦИЛ-тРНК (Met-тРНК), освобождается АМФ.



Обе стадии катализируются одним и тем же ферментом

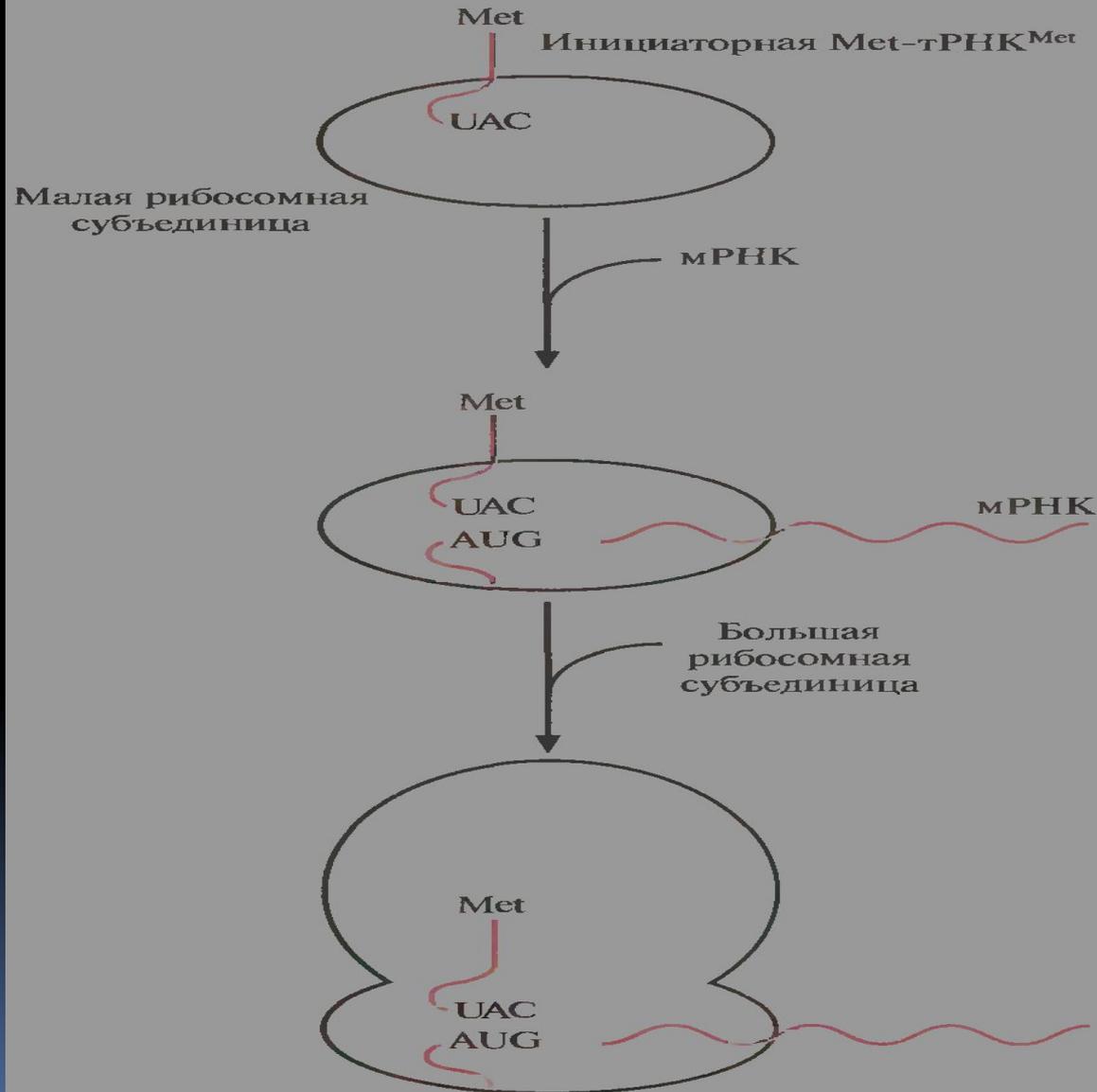
Аминокислота присоединяется к свободному концевому **3'**-ОН-гидроксилу рибозы тРНК

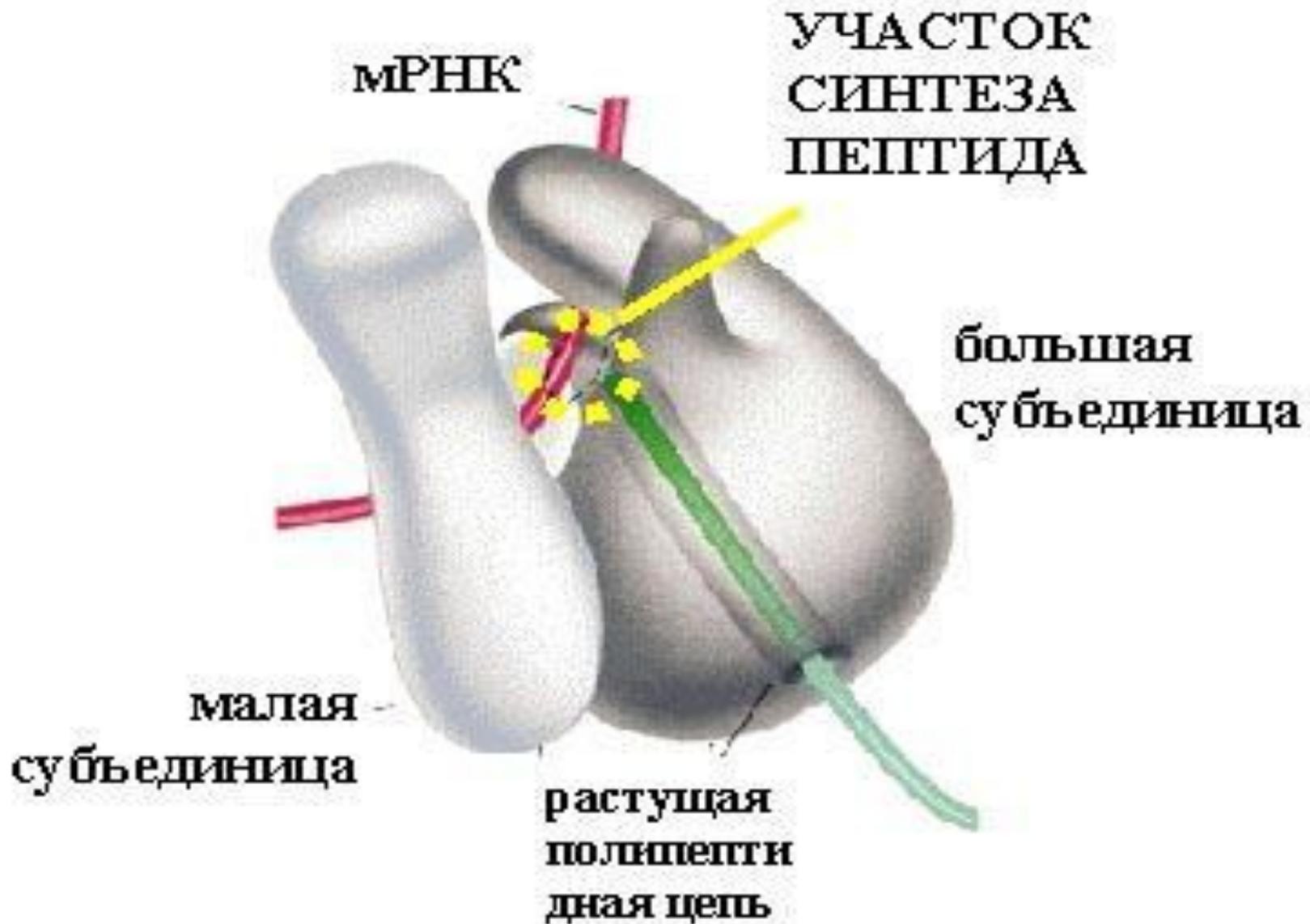
# 1 этап. продолжение

- ⊙ 3. Перенос Met-тРНК на малую рибосомную субъединицу.
- ⊙ 4. Антикодон тРНК спаривается со стартовым кодоном мРНК (триплет AUG). Образуется комплекс Met-т-РНК-м-РНК.

Происходит по-разному у про- и эукариот.

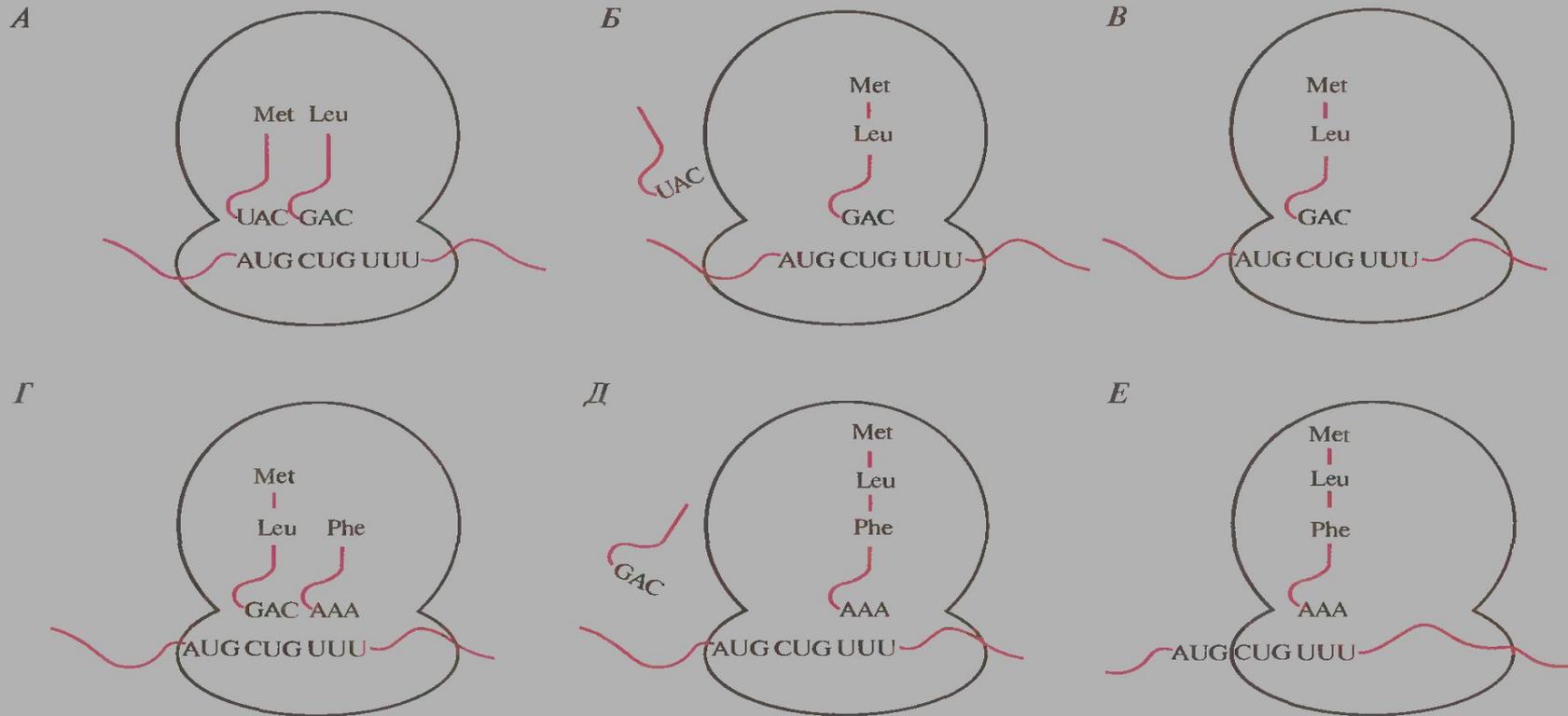
- ⊙ 5. Присоединение комплекса к большой рибосомной субъединице и образование инициаторного комплекса





Инициаторный комплекс. Рибосома

## 2 ЭТАП. ЭЛОНГАЦИЯ (БИОСИНТЕЗ ПОЛИПЕПТИДНОЙ ЦЕПИ)



Элонгация осуществляется при помощи белков цитозоля (факторов элонгации). Формирование пептидной связи между соседними аминокислотами катализируется рибосомальной *пептидилтрансферазой*.

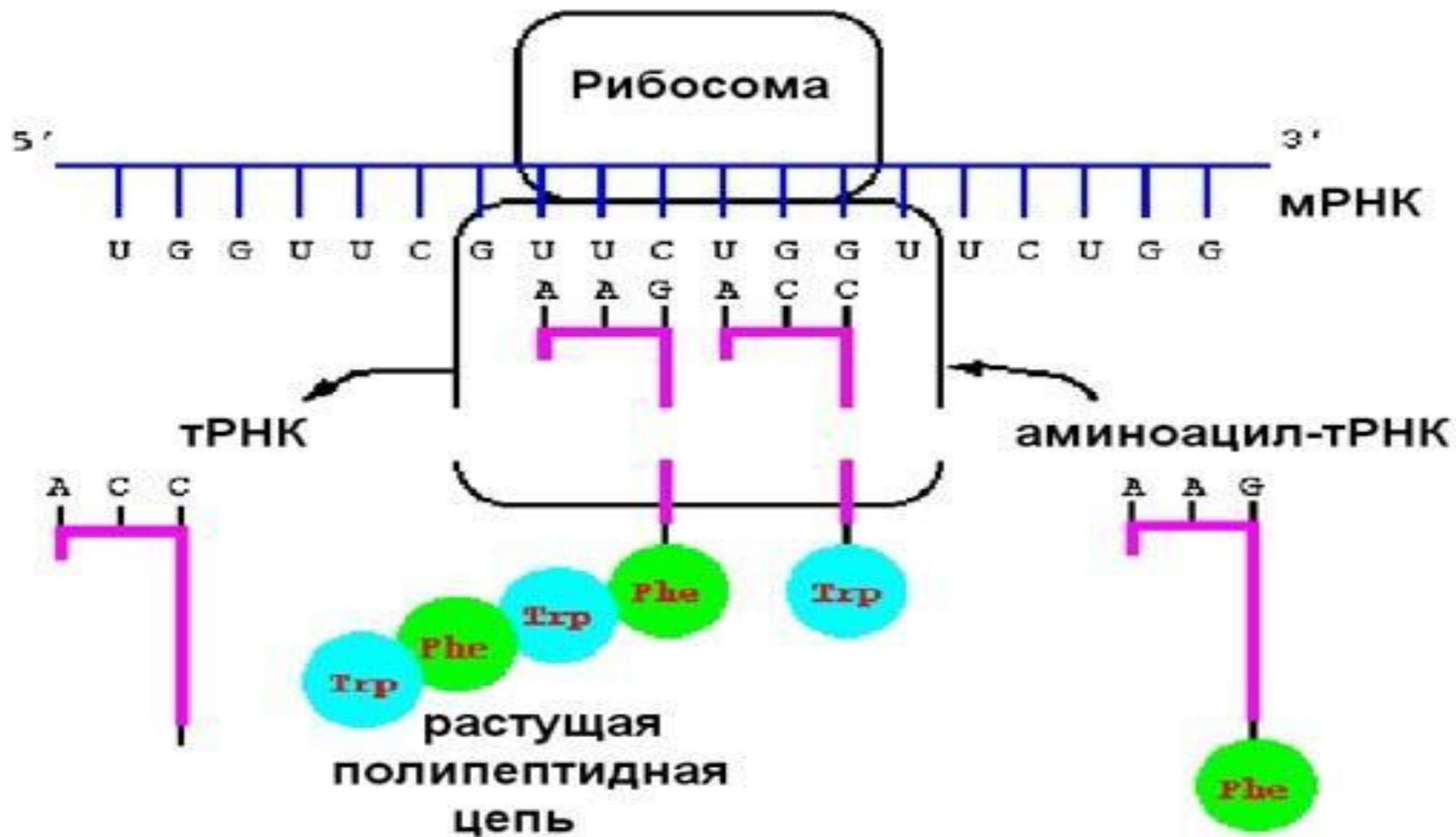
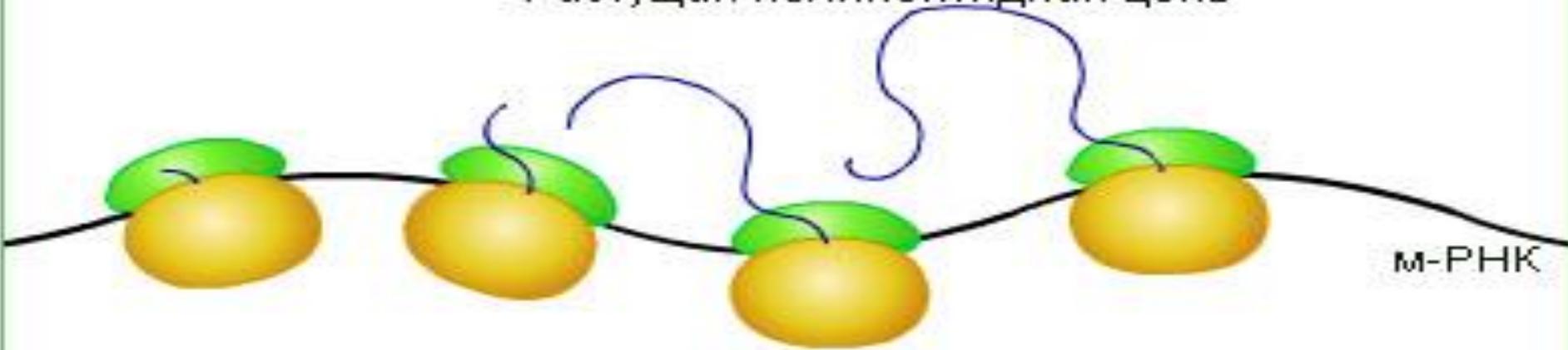


СХЕМА БИОСИНТЕЗА БЕЛКА

Растущая полипептидная цепь



полирибосома

По мере синтеза белка последовательность кодонов **mRNA** считывается один раз в процессе движения рибосомы вдоль матрицы. Как только сайт инициации **mRNA** освобождается одной рибосомой, с ним может связываться другая. Поэтому одна **mRNA** часто может быть связана с несколькими рибосомами, образуя полирибосому.

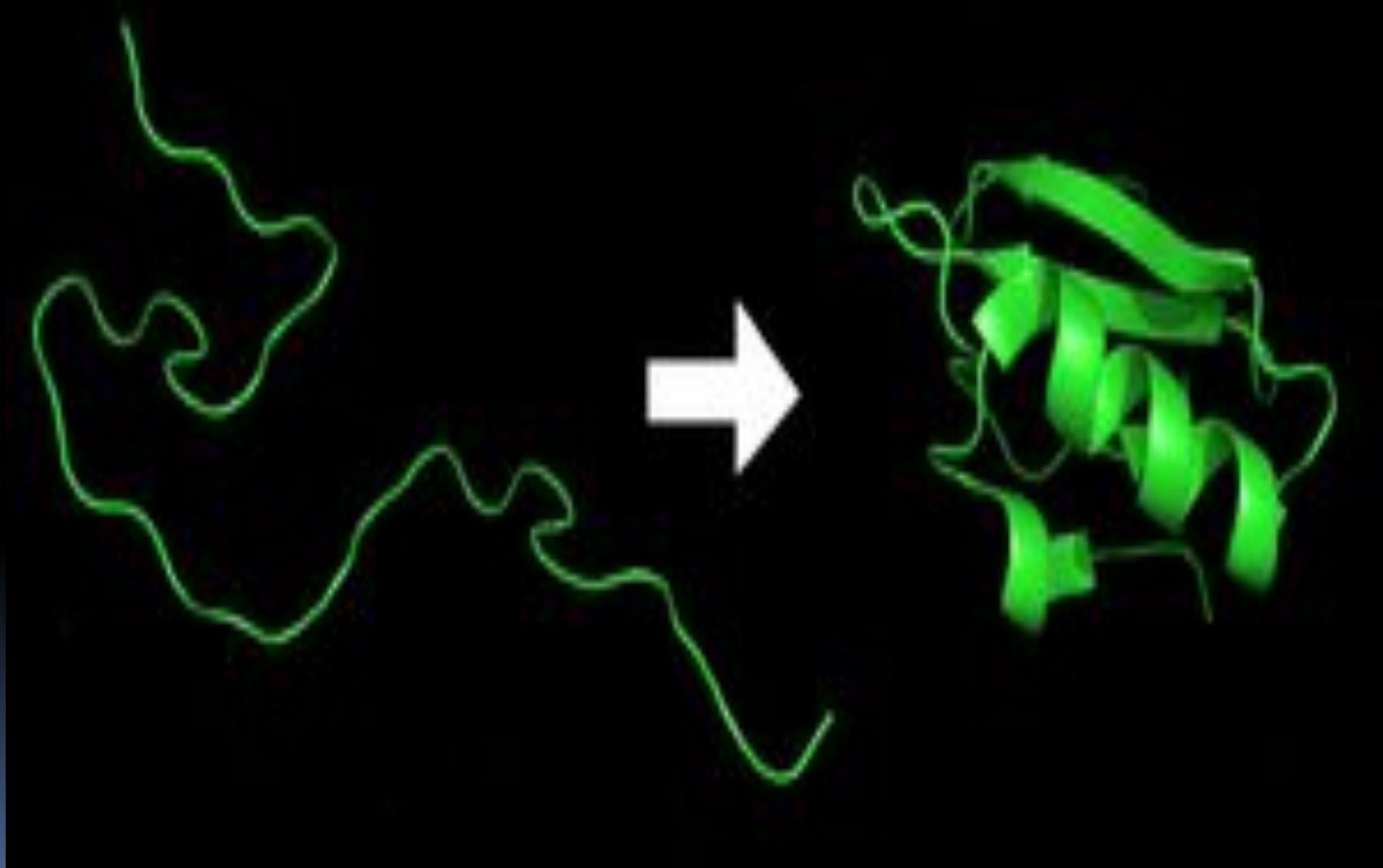
## 3 ЭТАП. ТЕРМИНАЦИЯ ТРАНСЛЯЦИИ

- стоп-кодоны (триплеты **UAA, UAG** или **UGA**) прекращают процесс элонгации
- Присоединение к рибосоме **БЕЛКОВОГО ФАКТОРА ОСВОБОЖДЕНИЯ** (РАСПОЗНАЕТ СТОП-КОДОН И ПРИСОЕДИНЯЕТСЯ К РИБОСОМЕ)
- Происходит гидролиз (разрушение) связей между последней тРНК, полипептидом и мРНК
- РАСПАД РИБОСОМЫ НА СУБЪЕДИНИЦЫ

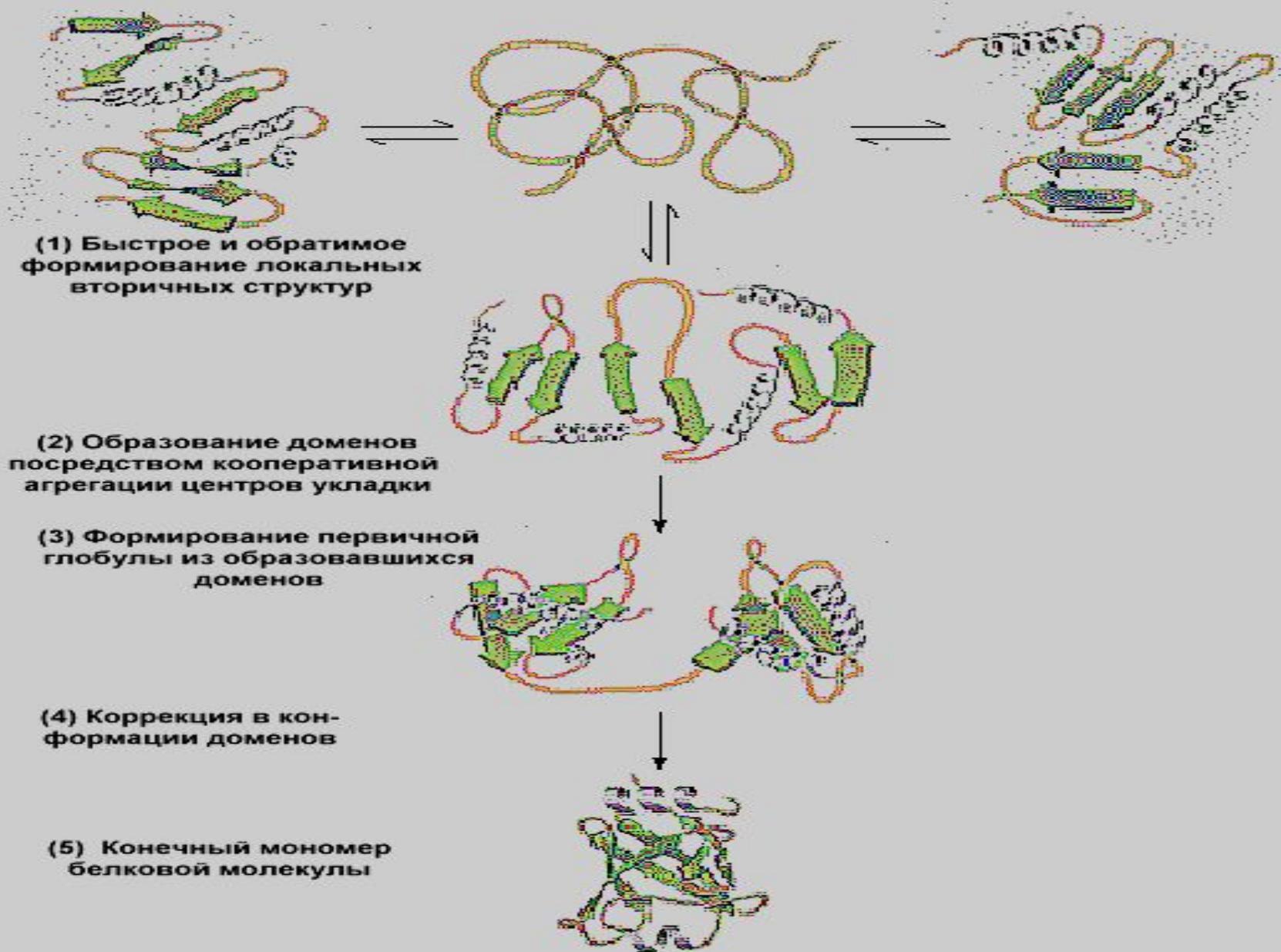
# 3 ЭТАП. ТЕРМИНАЦИЯ ТРАНСЛЯЦИИ



# Фолдинг белка



# ФОЛДИНГ – формирование нативной структуры белка



- **Вся информация о третичной структуре белка (не имеющего небелкового компонента) заключена в его первичной структуре;**
- **Белок не только «знает», какую конформацию принять, но и делает это самопроизвольно**

*Это правило соблюдается только для некоторых малых белков!*

- **Для правильной пространственной сборки большинства белков необходимы специальные белки – шапероны и ферменты фолдазы**
- **Они не определяют, какой должна быть пространственная структура белка (т.е. не являются «инструкторами»), но создают условия для ее быстрого формирования**