

# Биоинформатика

Андрей Александрович Миронов

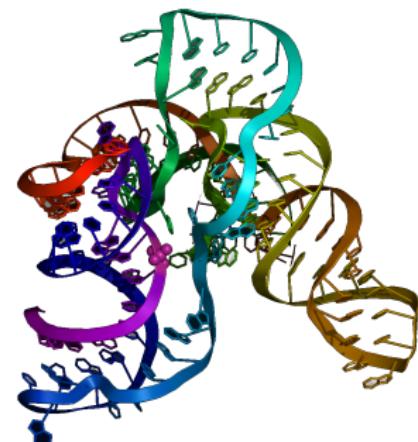
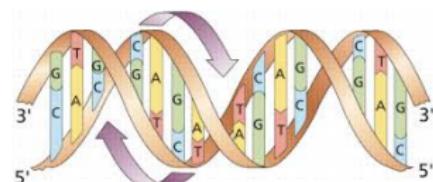
Факультет биоинженерии и биоинформатики

29 ноября 2015 г.

# РНК - одноцепочечная полинуклеотидная цепь

## ДНК vs РНК

- в РНК используется рибоза вместо дезокси-рибозы
- в РНК обычно У вместо Т
- ДНК – обычно двунитевая полинуклеотидная цепь
- РНК – обычно однонитевая полинуклеотидная цепь
- нуклеотиды в РНК образуют комплементарные пары.
- РНК может образовывать сложную структуру



# Информационные функции РНК

## Информационные функции

- перенос информации от ДНК к белку
- т-РНК — соответствие между кодоном и аминокислотой
- геномы вирусов
  - двунитевая РНК: ротавирусы, вирусы без симптомов
  - РНК+ полиомиелит, менго, риновирусы (насморк), ящур
  - РНК- грипп,

# Каталитические функции РНК

## Каталитические функции

- Синтез белка — катализируется РНК
- Процессинг РНК
  - сплайсинг — катализируется РНК
  - авто-сплайсинг (самосплайсирующиеся интроны)
  - Рибонуклеаза Р — фермент процессинга тРНК
  - Другие рибозимы
- Гипотеза РНК-мира

# Направляющие функции РНК

## Направляющие функции

- редактирование РНК
- модификация рРНК, тРНК
- микро-нуклеус → макро-нуклеус
- внутренняя инициация трансляции — IRES
- репарация ДНК

# Регуляторные функции РНК

## Регуляторные функции

- терминация транскрипции прокариот
- аттенюаторы
- секвесторы трансляции
- рибопереключатели
- Т-боксы
- микро РНК
- структуры, регулирующие сплайсинг
- PIWI - РНК
- компенсация дозы гена X-хромосомы
- контроль репликации
- ...

# Прочие функции РНК

## Прочие функции

- теломеразная РНК
- тмРНК
- затравки для репликации

# Неизвестные функции РНК

## Неизвестные функции

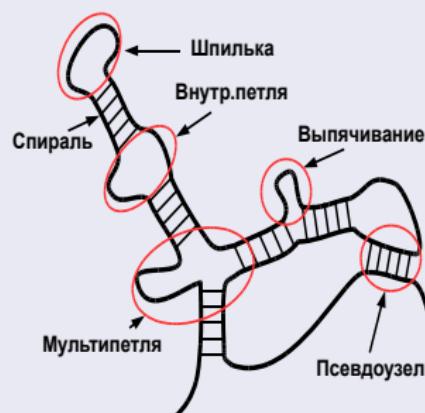
- длинные некодирующие РНК
- очень длинные некодирующие РНК
- короткие некодирующие РНК
- энхансерные и промоторные РНК

# Вторичная структура РНК

Вторичная структура - совокупность спаренных оснований

## Элементы вторичной структуры

- **спираль** = посл. спаренных оснований
- **шпилька** = петля, 1 спираль
- **внутр.петля** = 2 спирали
- **мультипетля** >2 спиралей
- **выпячивание** =2 спирали, по одной нити пары подряд



# Экспериментальные данные

## Эксперименты

- специфическая модификация спаренных или неспаренных оснований
- обратная транскрипция
  - на модифицированных основаниях срывается — смотрим где чаще срыва
  - на модифицированных основаниях делает ошибки — смотрим частоту ошибок
- массовое секвенирование и анализ результатов → вероятность спаривания

# Золотой стандарт

## Золотой стандарт

- Экспериментально определенные структуры
- Консервативные структуры (например, тРНК)

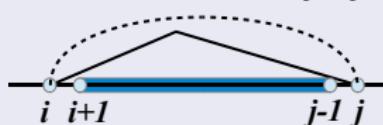
# Алгоритм Нуссинофф

Оптимальная структура на сегменте  $[i, j]$

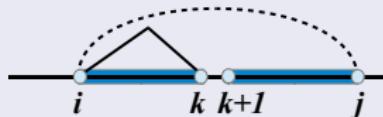
$i$  не спарено



$i$  спарено с  $j$



$i$  спарено с  $i < k < j$



рекурсия

$$S(i, j) = \max \begin{cases} S(i, j - 1) \\ S(i + 1, j - 1) + 1 \\ S(i + 1, k) + 1 + S(k + 1, j) \end{cases}$$

# Оптимизация энергии

## Энергия вторичной структуры

- Энергия водородных связей — связи между основаниями на разных цепях
- Энергия стэкинга — взаимодействие оснований в стопке
- Энергия петель — энтропийный вклад

## Задачи и алгоритмы

- минимизация полной энергии вторичной структуры  
 $\Delta G \rightarrow \min$
- вычисление вероятностей спаривания  
$$Z = \sum_{structures} \exp(-\frac{\Delta G}{kT}); p(ij) = \frac{Z(ij)}{Z}$$
- поиск субоптимальных структур
- учет экспериментальных данных

# Сравнительный анализ

## Сравнительный анализ

Если есть много последовательностей, для которых мы ожидаем схожую структуру, то надо искать общую структуру для них

- Строим выравнивание, потом ищем общую структуру.
- Ищем общую структуру вместе с построением выравнивания.

# Сравнительный анализ

## Предсказания

- транспортные РНК (Robert W. Holley, Hans Zachau)
- рибосомные РНК
- рибопереключатели
- рибозимы

# Рибопереключатели

## Исходные данные

- Есть перед одним из генов биосинтеза флавинов область ок. 150 нукл.:
  - некоторые мутации снимают регуляцию
  - некоторые мутации не меняют регуляцию
- Есть похожие области перед генами синтеза флавинов почти во всех геномах

# Рибопереключатели

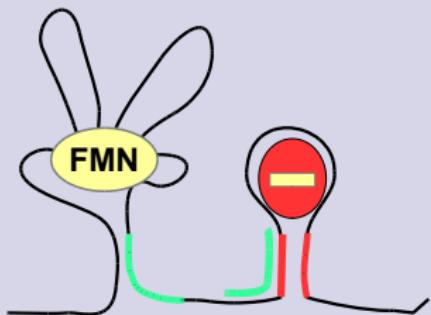
	1	2	2'	3	Add.	3'	Variable	4	4'	5	5'	1'
	====>	<=>	<=>	><	<->	<->	<->	====>	<=>	<=>	<=>	<=====>
BS	TGTTATCTCGGCG-CAGGCG-TGGAAAT-GACCGCGCCT	21	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	4	8	-----TGCAGTCAGCTTAA-C-GTAGAGCCAA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGAT					
BQ	AGCACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	19	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	5	8	-----TGCAGTCAGCTTAA-C-GTAGAGCCAA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
BE	TGCCATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	20	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
HD	TTTAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	19	A/G-C/G-C-A/C-G-C	10	4	10	-----TGCCTGCTGAAATGCGGAGCCAA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
Baa	TGTTATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	23	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	4	8	-----TGCAGTCAGCTTAA-C-GTAGAGCCAA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
CA	GATGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
DF	CTTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	7	6	7	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
TA	TATTTATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	6	A/G-C/G-C-A/C-G-C	11	5	11	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
LLX	ATAAATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	6	A/G-C/G-C-A/C-G-C	11	5	11	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
IN	AACTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
TM	AAACGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	3	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	4	5	-----TGACCTGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
DI	GAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	15	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	12	9	-----CCGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGAGGAG					
TQ	CAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	5	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	4	5	-----CCGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGAGGAG					
AO	AATAATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	7	7	7	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
DU	TTTAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	13	4	12	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
CAO	GAAGAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	20	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
FP	TTAAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	4	5	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
PP	TTAAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	8	8	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
SA	-AAGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	3	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	8	8	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
BG	GGGGGGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	30	A/G-C/G-C-A/C-G-C	137	137	137	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
BPS	GGGGGGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	21	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	4	8	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
RED	TTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	31	A/G-C/G-C-A/C-G-C	7	5	7	-----TGACCTGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
RBD	GGACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	11	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	11	11	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
EC	GGTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	17	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	4	8	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
TY	GCTTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	67	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	3	8	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
KP	GCTTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	20	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	4	8	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
H1	TGCGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	26	9	38	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
DK	GGGGGGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	14	A/G-C/G-C-A/C-G-C	9	11	11	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
VC	CAATCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	13	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	5	5	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
YP	GCTTAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	40	A/G-C/G-C-A/C-G-C	16	16	16	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
AB	GGCGATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	25	A/G-C/G-C-A/C-G-C	16	4	27	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-CAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
BP	GGACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	18	A/G-C/G-C-A/C-G-C	10	10	10	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
AC	ACATCGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	16	A/G-C/G-C-A/C-G-C	10	3	11	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
Spu	JAACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	34	A/G-C/G-C-A/C-G-C	6	6	6	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
PP	GGGGGGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	13	A/G-C/G-C-A/C-G-C	7	3	7	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
AU	GGTCTGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	17	A/G-C/G-C-A/C-G-C	7	9	7	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
PY	AAAGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	19	A/G-C/G-C-A/C-G-C	14	18	18	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
FA	TAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	19	A/G-C/G-C-A/C-G-C	14	15	15	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
MA	TAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	16	A/G-C/G-C-A/C-G-C	14	13	13	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
MLO	TAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	16	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	5	8	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
SM	AAACGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	34	A/G-C/G-C-A/C-G-C	8	3	3	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
EHS	GGTGTGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	17	A/G-C/G-C-A/C-G-C	10	15	15	-----GTCGACGGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-C-TAC-AG-T-GTCGCG-C-GAA-GAGATGATG					
BS	ATCAATCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	18	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	4	5	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
BQ	GGCTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	27	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	5	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
AFTCACTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	20	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----AGCTTCGGCTTGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG						
CA	ATAGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----TATGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
DA	GGAGAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	6	4	6	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
EF	GGTCTGCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	3	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	3	3	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
LLM	AAAATTCCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	21	A/G-C/G-C-A/C-G-C	4	4	4	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
LO	GTTTAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	3	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	10	3	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
PN	AAAGAACCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	125	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
ST	AAGTGTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	14	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
MN	GGCTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	104	A/G-C/G-C-A/C-G-C	3	4	3	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAAG-TGAAAGCCGA-T-GAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
SA	AATCTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	6	A/G-C/G-C-A/C-G-C	11	3	11	-----CTGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
AM	TCACATCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	14	A/G-C/G-C-A/C-G-C	5	5	5	-----CTGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
DHA	ACCACTCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	20	A/G-C/G-C-A/C-G-C	11	4	11	-----CCACTCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-GTAC-A-G-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
FN	AATAATCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	2	A/G-C/G-C-A/C-G-C	4	6	4	-----TTGTCCTTAAATGCTGAAATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					
GLO	---TTGTCCTCTCGGCG-CAGGCG-TGAAATGACCGCGCCT	28	A/G-C/G-C-A/C-G-C	10	4	10	-----GTCAGCCAGCTCTGGAGATCTGGAGCCGA-T-JAA-AG-T-GAT-GGT-GCG-GAGATGATG					



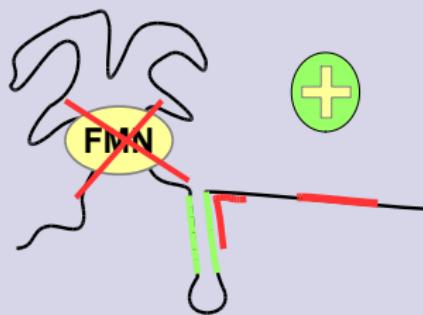
# Рибопереключатели

## Механизм работы

Есть флавин → запрет



Нет флавина → разрешение



## Экспериментальные подтверждения

- разрушение структуры разрушает регуляцию
- рентгеноструктурный анализ

# Рибопереключатели

## Рибопереключатели

- Cobalamin
- FMN – flavin
- Glutamine
- Glycine
- Lysine
- PreQ1 – pre-queuosine1
- Purine riboswitches
- SAH – S-adenosyl homocysteine
- SAM – S-adenosyl methionine
- TPP – thiamin pyrophosphate
- ...

рибопереключатель  
Lis

