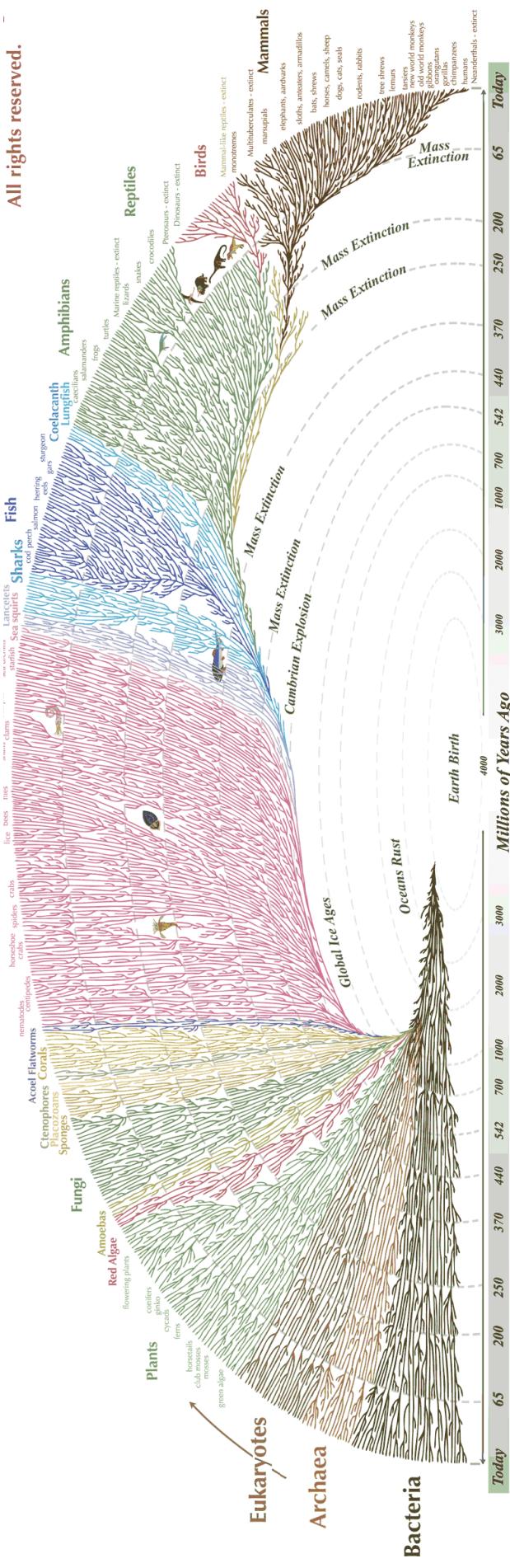


- Úvod - Analýza proteinu
  - Domény
    - fold-struktura (ss, 3D – homolog v PDB?)
    - Interakce (IntAct, BioGRID)
    - evoluce
  - Komplexy
    - Funkce
    - Lokalizace
- Konkrétní nová data – článek
- V PyMolu připravit 3D movie (např. TinyTake – Mango Apps)  
Ujasnit si souvislosti, rozšířit si znalosti, aplikovat poznatky z přednášek ...

PhD studenti anglicky

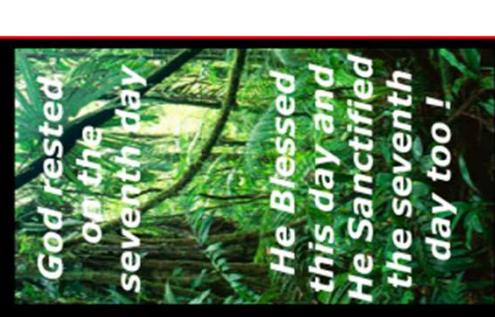
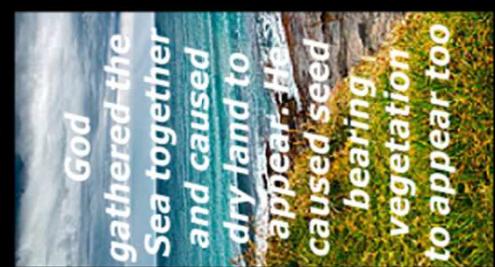


© 2008 Konrad Eisenberg. All rights reserved.  
evogeneso.com

# In The Beginning God Created . . .

Day 1      Day 2      Day 3      Day 4      Day 5      Day 6      Day 7      Today

**God separated Light  
from Darkness**



There was evening and morning

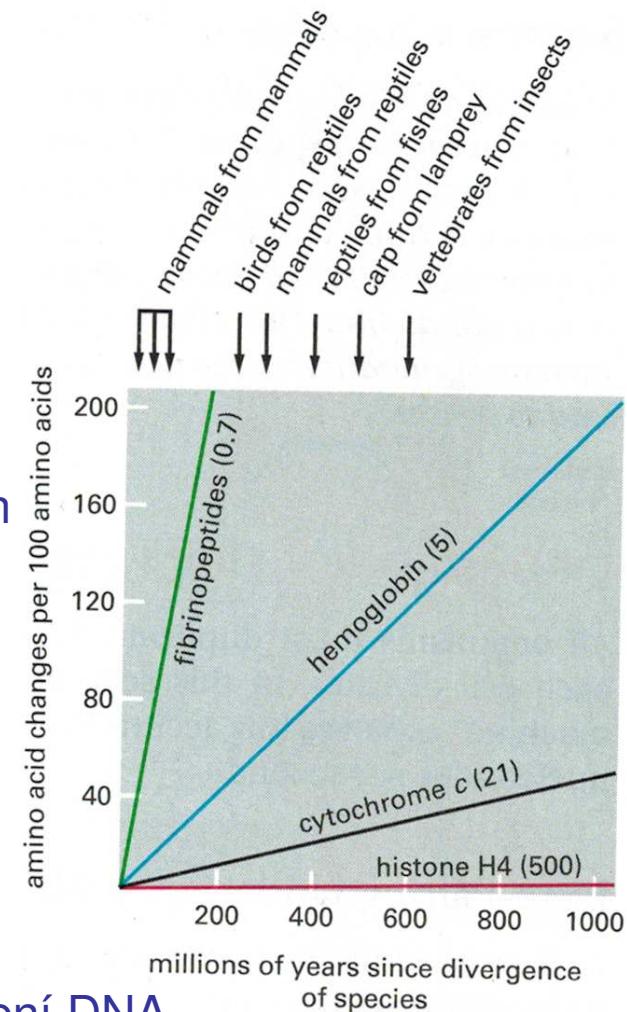
- srovnání genomů/proteomů ukazuje (podobně jako morfologie) na změnu („evoluci“) proteinů v čase
- divergence druhů koreluje do značné míry s konzervací/divergencí DNA/proteinových sekvencí

Prof. Lehmann

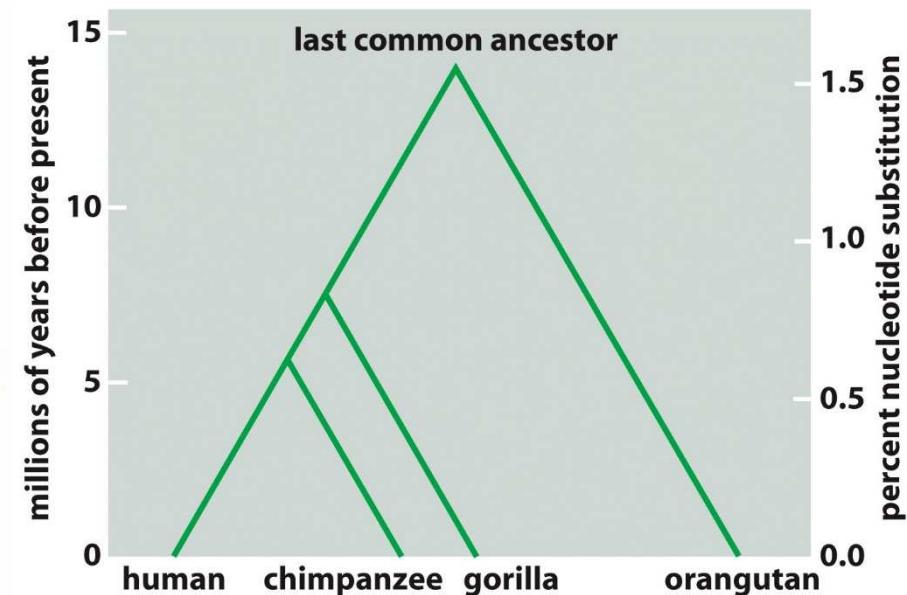
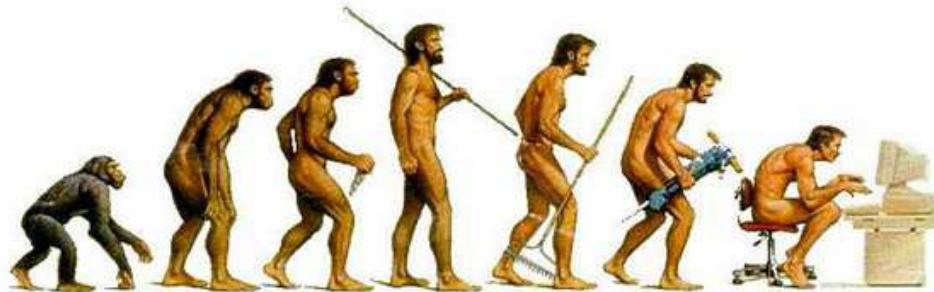
- DNA je replikována s relativně vysokou přesností (1 změna na  $10^9$  nukleotidů – cca 4000 TNR<sub>12</sub> písmen na A4 stranu – 8000 TNR<sub>12</sub> na list – 500 listů/balík – cca 250 balíků)
- poškození DNA dalšími vlivy ...

Dr. Šebesta – poškození DNA

- frekvence mutací DNA je +/- stejná, ale různé proteiny jsou různě změněné – (např. 6 ze 7 změn v cytochromu C jej poškodí; kvasinkový a lidský ubikvitin se liší třemi AMK)
- takto konzervované proteiny jsou lehce identifikovatelné v různých organismech a mají „homologní“ (**ortologní**) funkci



- velmi příbuzné sekvence DNA/proteinů mezi člověkem a šimpanzem (nejblížší člověku) díky „krátké“ době, po kterou mohlo k mutacím docházet – jsou zachovány i nukleotidy ve 3. pozici synonymních kodonů (kodony specifikující stejnou AMK) – není dáno selekcí, ale krátkou dobou



- přesný fylogenetický vztah (strom) mezi člověkem a primáty bylo možné určit až dle sekvenací (ne podle morfologických znaků apod.)

- přesný fylogenetický vztah (strom) mezi člověkem a primáty bylo možné určit až dle sekvenací - velmi příbuzné sekvence DNA/proteinů mezi člověkem a primáty díky „krátké“ době, po kterou mohlo k mutacím docházet (jsou zachovány i nukleotidy ve 3. pozici synonymních kodonů - odhad 1/400AMK protein za 200,000 let)

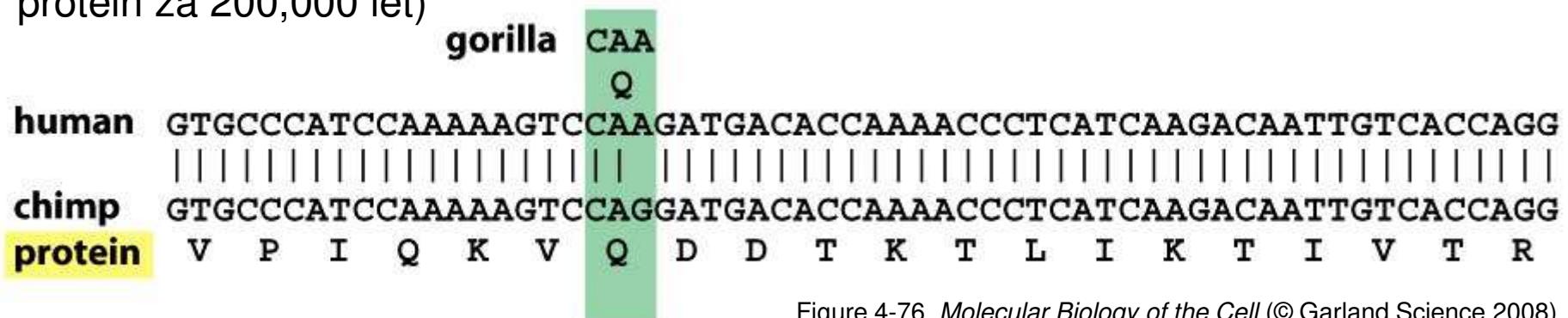
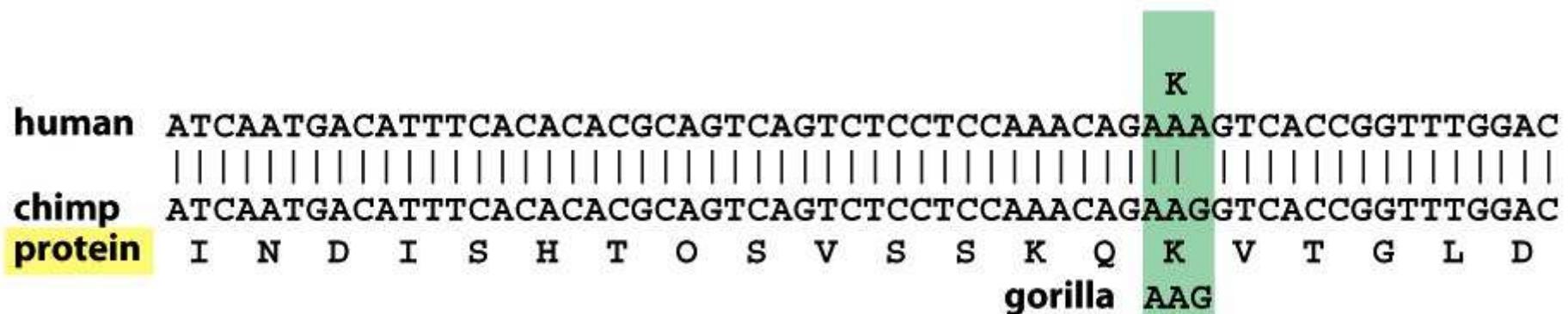
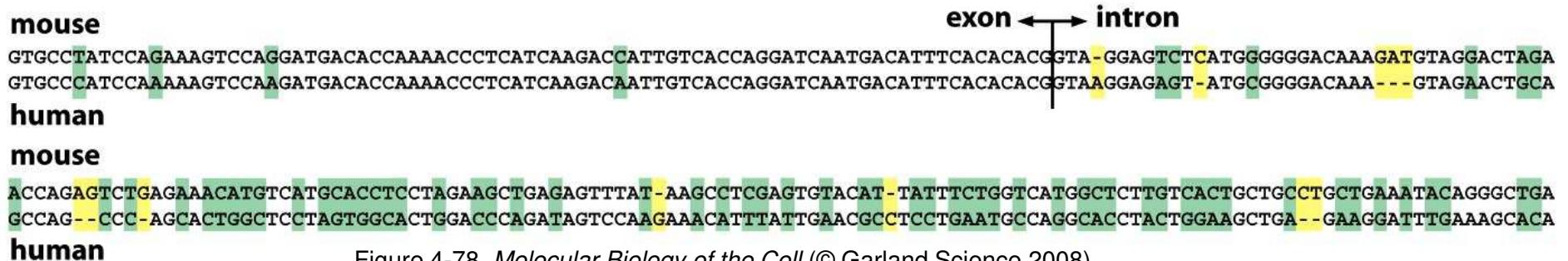


Figure 4-76 *Molecular Biology of the Cell* (© Garland Science 2008)

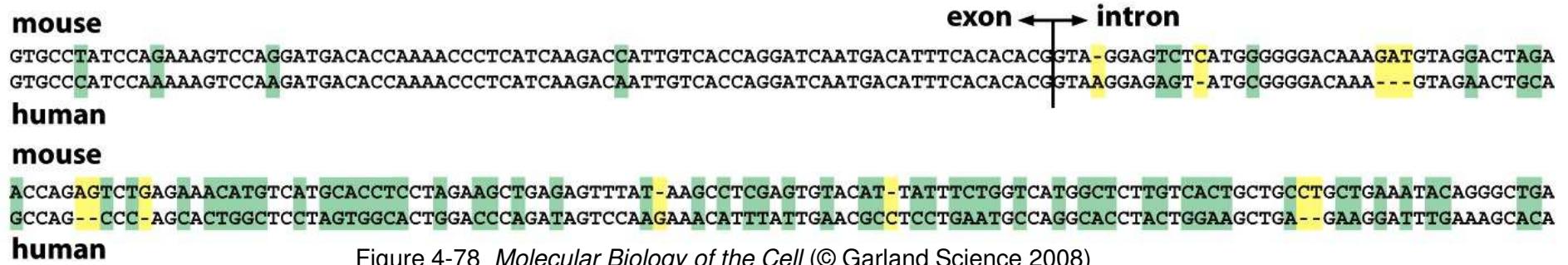


- druhovou rozdílnost nezpůsobuje mnoho mutací v proteinech (nemohlo jich totik vzniknout) – ale jiná regulace

- pro vzdálenější organismy (člověk a myš) je sekvence odlišnější (DNA je odlišnější než proteiny – pro 1AMK více kodonů; regulační sekvence ... intron je odlišnější než kódující exon – intr. nekóduje protein) zde již působil selekční tlak

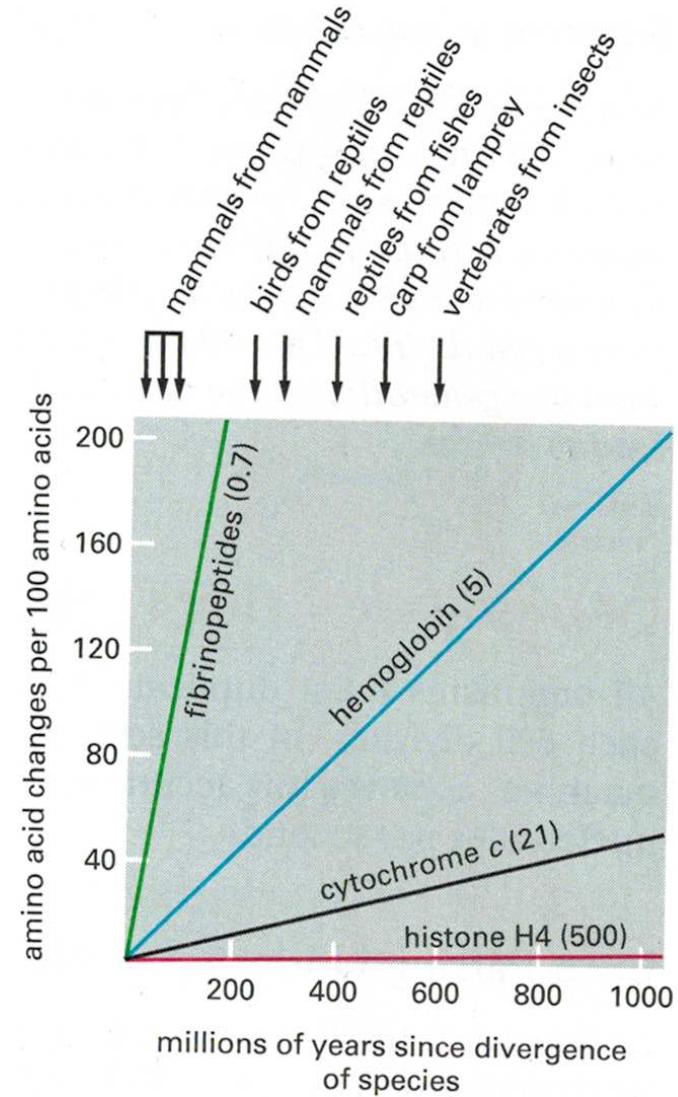


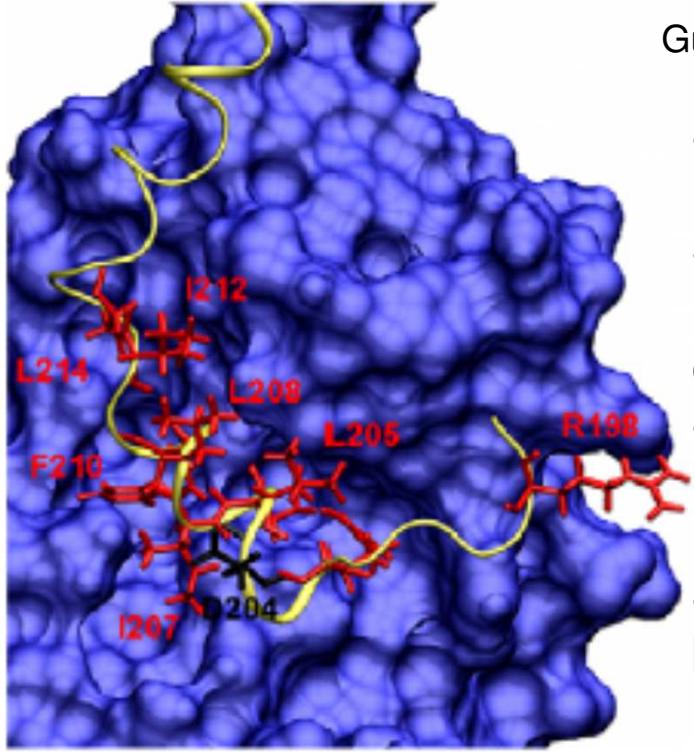
- odlišnost druhů je tedy dána spíše rozdílnou regulací (nekódujícími sekvencemi) tj. rozdílem v expresi proteinů než rozdílem v sekvenci proteinů (tj. rozdílnou funkcí proteinů)  
 - rozdílná exprese tj. rozdílné proteomy v buňkách podmiňují odlišnost buněk v organismu (svaly, játra ...) i odlišnost buněk v čase a prostoru (morfogeneze – odlišný vzhled ... mozek => menší problém když se modifikuje/zmutuje program morfogeneze než když zmutuje protein => vliv na funkci)



- čím důležitější funkce proteinu pro organismus (od nejzákladnějších po specializované) tím více je konzervovaná sekvence proteinu respektive jeho domén (velká podobnost i mezi odlišnými organismy – např. některé lidské proteiny funkčně zastoupily zmutované kvasinkové proteiny = Y2H cytotrap)
- konzervace je důsledkem „purifikační selekce“ (eliminace buněk/jedinců s mutacemi v esenciálních/důležitých funkcích – většinou proteinech)
- mutace u pacientů s různými syndromy ...

- nejpomaleji se mění proteiny, které jsou zapojeny do nejvíce interakcí s dalšími proteiny (limitována, jak struktura, tak povrch)
- není příliš prostoru pro změny - např. ubikvitin, DNA polymerásy, histony, ribosomální proteiny, ... („drží“ základní systém)
- konzervované proteiny jsou stabilní, optimální pro svoji funkci (enzymatickou aktivitu, pro interakce s partnery ... ko-evolvují celé komplexy)
- selekční tlak na stabilitu a funkci - nutnost zachování funkce neposkytuje příliš prostoru pro evoluci/rozvoj nových vlastností (ale neznamená ani selekci na „nejstabilnější“ či „nejaktivnější“ = určitá volnost)





Guerineau et al, PLoS One, 2012

- selekční tlak na strukturu, na povrch = interakce
- mutace, které neruší jsou **neutrální** (protein je částečně modifikován)
- modifikace je kompenzována (i později) mutací partnera
- změní se v čase a v budoucnu může přinést novou vlastnost

### NSE4 subfamilies

Nse4	
	Nse3/MAGE-binding domain
aa75	S.p. -I HIGRPKEIE-LFTKNIKQFLNYPTSHS
A.n.	I-x-SAGI VDEFVSKCISFMRRAPASQ
N.f.	F-x-SAGI VDEFVSKCISFMRRGSPSLPD
A.t.	I-x-TARI VDEFVSKCISFMRRAPGUSQ
A.o.	H-x-SAGI VDEFVSKCISFMCRAPESQ
A.c.	I-x-SAGI VDEFVSKCISFMRRGSPDPE
D.r.	IHALGSSE PSAFAAHLLSFMDLNRLND
X.1.	IHALMTVE PPTSFTADLLSFMLGLNRMEESP
G.g.	EIRSEPIITTE ISLTFAEDLLTFMGINRTETE
M.d.	IHSUMTLE PSSFAFDLLKFMGLNRLEVE
C.f.	IIRSULSSE MLRYVETLLTHMGVNPLRAE
M.m.	IIRSULSSE MLRYVETLLTHMGVNPLRAQ
H.s.	IIRSULSSE MLRYVETLLTHMGVNPLRAQ

### NSE4b/EID3

	NSE4b/EID3
D.n.	I NSI MSSF EVAFCDFLFI FVGLNWMEDE
C.f.	I NSI MSFF NQVAFCDIFL FVGLNWMEDE
M.m.	I NTI UNMFF NPIAFCDFLLL FVGFNWRE
H.s.	I NSI UNMFF NQVAFCDIFL FVGLNWMEDE

core  
reaion

	EID3
S.p.	GSRATVEIS-IEGIKSFVTEFF
Ani.	GPRGVKEVG-ARGVAGLVREVV
Pyr.	GPRGVKEVG-GEGWAQFIRAVY
N.f.	GPRGVKEVG-VQGVAGLVREVV
Ate.	GPRGVKEVG-TQGVAGLVREVV
Acl.	GPRGVKEVG-VQGVAGLVREVV
C.i.	GPRGVKEVG-TEGVAGLTREVV
P.a.	GPRGVKEVG-GEEVVEYLW
N.c.	GPRGVKEVD-NEIAAAVVRREVY
M.g.	GPRAKQELT-DEAMASIVRDVV
O	GSRSNKE-LTKRKVLEFVS
B	GLRAEKE-VSKKLLEFVG
R	GORADTE-VSKTKILEFMA
A	TSKMQVLEFVS
T.	TSKKDILSFVA

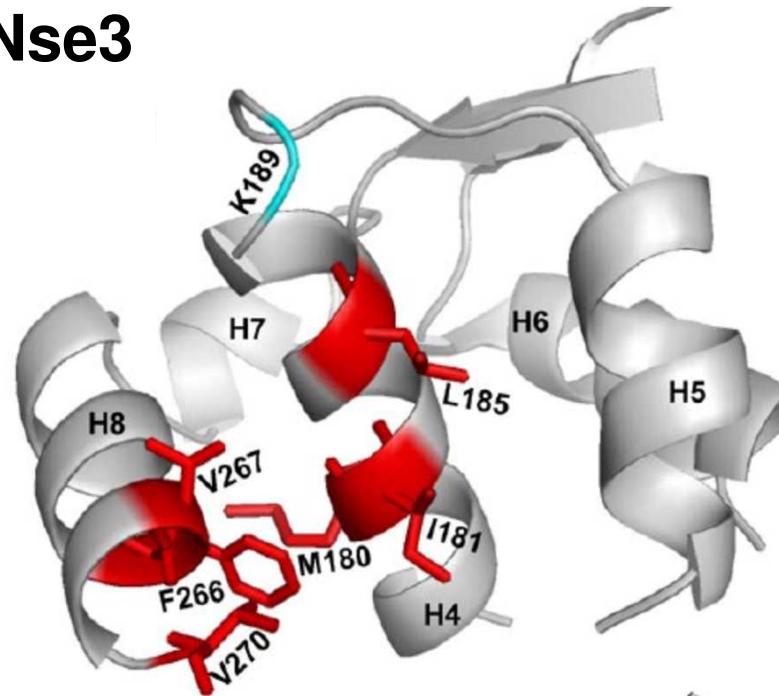
### KVASINKY ... určitá volnost v obsazení AMK

S.p.	GFLMTVIAFIAV-SHC S V G -H SELQSFLQELL T --- E E T T P L HLD -I TRSLSLL V R Q G Y L -- D R V K D D T -- H M Q F V Y Y I -- G S R A V T E I S -I E G I K S F V T E F F
Ani.	GLYTIIIAVILL-NGGTLQ-EQKLDRYLSRMNA---I Q F T P V E R -- T D H L L Q R L C K E G Y L -- V K N R E M D G -G D E I I E Y M V -- G P R G K V E V G -A R G V A G L V R E V Y
Pyr.	ALYTTVIAFIII-SGGIIP-EQKLDRALRRMMA---D Q T T P L G T --K D K T L A A M V K D G Y I --V K V K D V S G G T E E T I D Y I V --G P R G K V E V G -G E G W A Q F I R A V Y
N.f.	GLYSFIIIAVILL-NGGSLP-EQKLERYLKRTMA---D T Y T P V D R --T D R F L Q R L C K E G Y L --I R N R E M D G -G E E I I E Y M V --G P R G K V E V G -V Q G V A G L V R E V Y
Ate.	GLYTIIIAVILL-NGGSLP-EQKLERYLQRTNT---D T Y T P I D R --T D R F L Q R L C K D G Y L --V R N R E M D S -G E E V I I E Y M V --G P R G K I E V G -T Q G V A G L V R E V Y
Acl.	GLYSFIIIAVILL-NGGSLP-EQKLERYLKRTMA---D T F T P I D R --T D R F L Q R L C K E G Y L --L R T R E M D G -G E E V V E Y I L V --G P R G K I E V G -V Q G V A G L V R E V Y
C.i.	ALYTIIISLITI-SGGSLA-EQKLDRLRRLRVA---D T Y T P L D R --T E K I L A R I L C K D G Y L --V R N R D V D G -G E E V V E Y I L V --G P R G K I E V G -T E G V A G L T R E V Y
P.a.	ALYTIIISLITI-SGGELS-DTRLRRHLARLNAAEYMPMSMNPNDPx-TD V VL Q R M I K H G Y L --V R M V D N R G x D D D S T T W H V --G P R G K A E V P -K E S I A A G F V R T I V
N.c.	GLYTMLIAIITL-SGGELS-DPRLRRYLTRLNAAxPNEENAPSEK---TELVLQRMTKQGYL--V R V A D N x A G D D A I T W H V --G P R G K V E V D -N E A I A A V V R E V Y
M.g.	GLYSMIVTIIQL-NRGELS-DPKLKRYLQRLNA---D T N T P V E K --T D L L L Q R I I Q R Q N Y I --V K T V E R N x --D D A I T W R V --G P R A K Q E L T -D E A M A S I V R D V Y
O	GLLMLVLSVILM-Sxxxxx- Y T S L W H F L K K M G L E P K K E H E V F G D P --E K L I A Q E F T R Q G Y L E R R K V T G G E --E A T F E Y S W --G S R S N K E -L T K R K V L E F V S
B	GLLFVILSVIFM-KGGTIK-EMLVWNILKLRIDPGEKHDEFGDV--K K V V T E E F V R Q K Y L E Y G K I P H T E --P V E Y E F R W --G L R A E K E -V S K K L L E F V G
R	GLLFVILSVIFM-KGGAVR-DSVWNILKLRWQPGERHPFEFGEV--K R V V M E E F V R Q R Y L E C N R I P H T E --P L E H E F R W --G O R A D T E -V S K T K I L E F M A
A	GLLMVILSLIFM-KGM TAK-PSAVWEMLRRRLIEPAEKHSDFGDV--K K L I T E E F V K Q K Y L E Y S K V L H T D --P V E Y E F R W --G Q R A F K E -T S K M Q V L E F V S
T.	GLLIVILSIFIM-KGNSAK-PSAVWEFLRRLRVHPGEKHEVFGDV--K K L V M E E F V R Q K Y L E I T P I P L T D --P P E F N F C W --G P R A A K E -T S K K D I L S F V A
	GLLMVILSLIFM-KGMSAT-PSVIWETLRLKRLWDTRRHEVFGDV--K K L V T E E F V R Q K Y L E Y N R I P H T E --P V E F E F C W --G A R A T K E -T T K M Q V L N F V A
	GLLMVILSLIFM-KGNSAR-PSLVWDLKKLRVDPEKRHKTFGDV--K K L V K D E F V R Q K Y L E Y I R V P H S E --P P E Y E F L W --G P R A A H E -T S K M Q V L R F V A
	GLLMIVLGLIFM-KGMTIK-PTEVWDFLRRLGVIPTKKHLIFGDP--K K L I T E E F V R Q R Y L E Y R R I P H T D --P V D Y E L Q W --G P R T M L E -T S K M K V L K F V A

# Nse3

## Silná konzervace v blízkých organismech

- mutace specifické AMK na Ala zruší Nse3-Nse4 interakci
- „mutace“/změny těchto AMK na podobné (hydrofobní) AMK tyto interakce neruší



Hudson et al, PLoS One, 2011

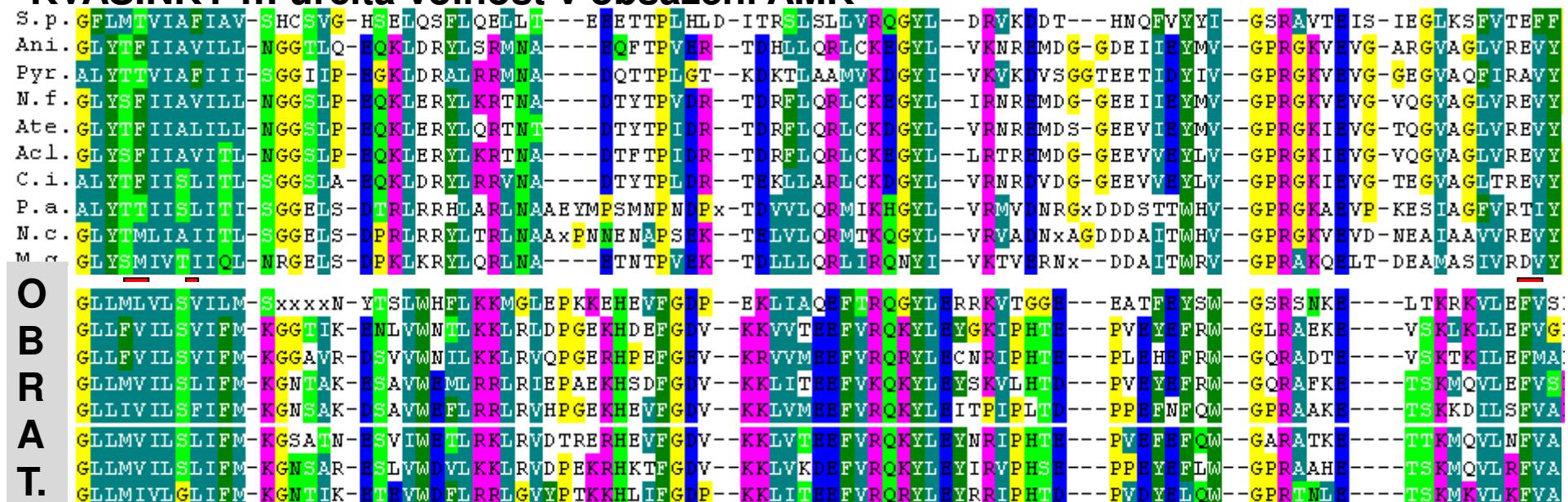
## ...RYBY, OBOJŽIVELNÍCI, PTÁCI ...

N.v.	GLLMVILSVI LM-SxxxxxN-YTSLWHLKKMGLEPKREHEVEFGDV--EKLIAQEFTRQGYLERRKVTGGE---	EATFEYSW--GSRSNKE-----LTTRKVLEFVS
D.r.	GLLFVILSVIFM-KGGTIK-EMLVWNILKKLRDLPGEKHDEFGDV--KKVVTEEFVRQKYLEYGKIPHTE--PVEYEFRW--GLRAEKE---VSKLKLLEFVG	
T.n.	GLLFVILSVIFM-KGGAVR-PSVWNILKKLRVQPGERHPEFGEV--KRVVMEEFVRQRYLECNRIPHTE--PLEHEFRW--GQRADTE---VSKTKILEFMA	
X.t.	GLLMVILSIFM-KGNTAK-PSAVWEMLRRRLIEPAEKHSDFGDV--KKLITEEFVKOKYLEYSKVLHTD--PVEYEFRW--GQRAFKE---TSKMQVLEFVS	
G.g.	GLLIVILSIFM-KGMSAK-PSAVWFLLRRLRHPGEKHEVEFGDV--KKLVMEEFVRQKYLEITPIPLTD--PPPFNFQW--GPRAAKR---TSKKDILSFVA	
O.a.	GLLMVILSIFM-KGSAATN-PSVIWETLRLRWDTRRHEVEFGDV--KKLVTEEFVRQKYLEYNRIPHTE--PVEFEFQW--GARATKE-----TTKMQVLFNVA	
M.d.	GLLMVILSIFM-KGMSAR-PSLVWVFLKKLRVDPEKRHKTFGDV--KKLVKDEFVRQKYLEYIRVPHSE--PPVEYEFLW--GPRAAHE---TSKMQVLRFVA	
<b>S</b> C.p.	GLLMIVLGLIFM-KGNTIK-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEEFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYELOW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>A</b> Mcr	GLLMIVLGLIFM-KGNTVK-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLVFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYELOW--GPRTKLE-----TSKMVKLKFA	
<b>E</b> B.t.	GLLMIVLGLIFM-KGMSIK-ETEVWDFLRRLGVHPPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYELOW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>V</b> C.f.	GLLMIVLGLIFM-KGNTIK-ETEVWDFLRRLGVSPPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYEFCW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>C</b> R.n.	GLLMIVLGLIFM-KGNTIT-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYELOW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>M</b> Meg1	GLLMIVLGLIFM-KGNTIT-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYELOW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>M</b> l-	GLLMIVLGLIFM-KGNTVK-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHFIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYEFCW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>P</b> a-	GLLMIVLGLIFM-KGNTIK-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYEFCW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>P</b> t-	GLLMIVLGLIFM-KGNTIK-ETEVWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYEFCW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	
<b>H</b> s.	GLLMIVLGLIFM-KGNTIK-ETEAWDFLRRLGVYPTKKHLIFGDP--KKLITEDFVRQRYLEYRRIPHTD--PVDYEFCW--GPRTMLE-----TSKMVKLKFA	

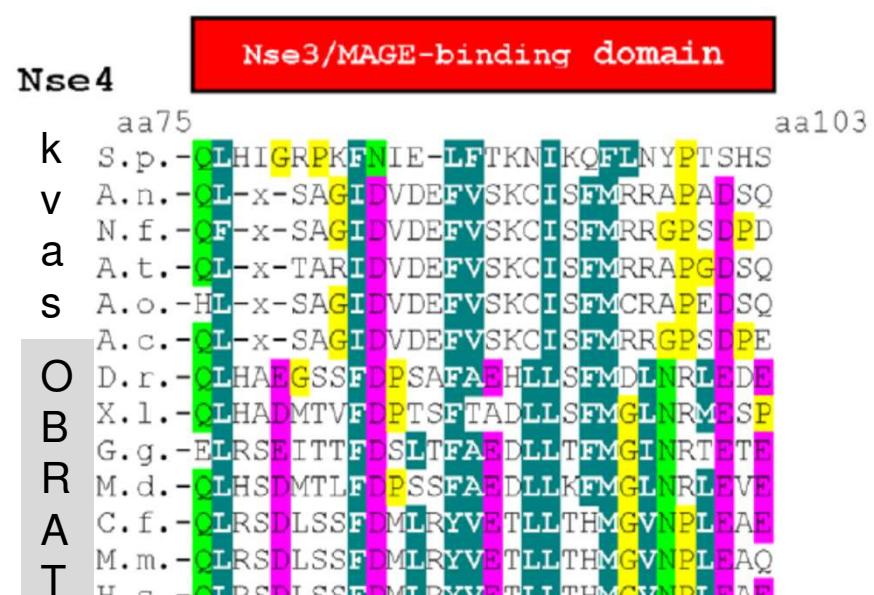
# Slabší konzervace ve vzdálených organismech

- „mutace“/změny těchto AMK na odlišné (polární Thr nebo posun motivu o 1AMK na konci)
- interakční partner se ovšem také „mění“
- „mutace“/změny zřejmě koevolují

## KVASINKY ... určitá volnost v obsazení AMK



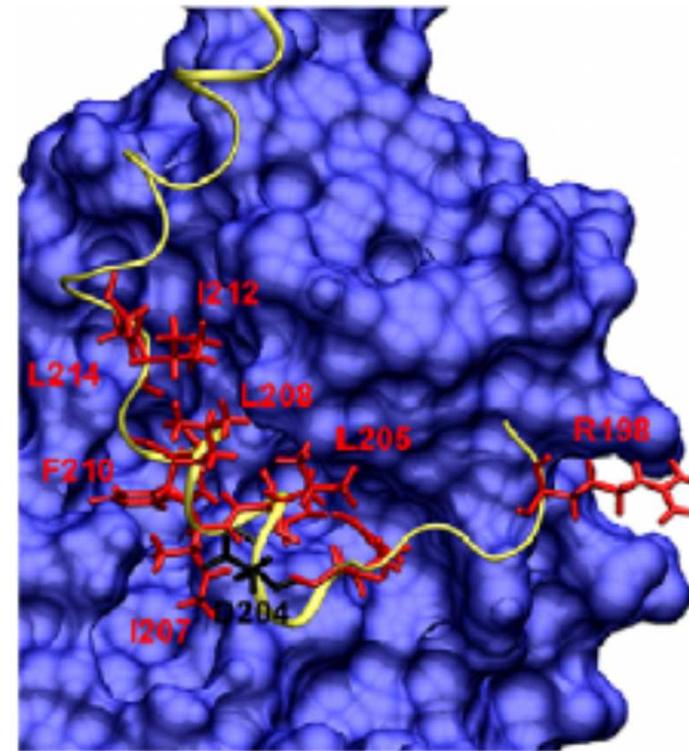
## NSE4 subfamilies



Guerineau et al, PLoS One, 2012

# Slabší konzervace ve vzdálených organismech

- „mutace“/změny těchto AMK na odlišné (polární Thr nebo posun motivu o 1AMK na konci)
- interakční partner se ovšem také „mění“
- „mutace“/změny zřejmě koevolvují
- **teorie kompenzačních mutací ...**

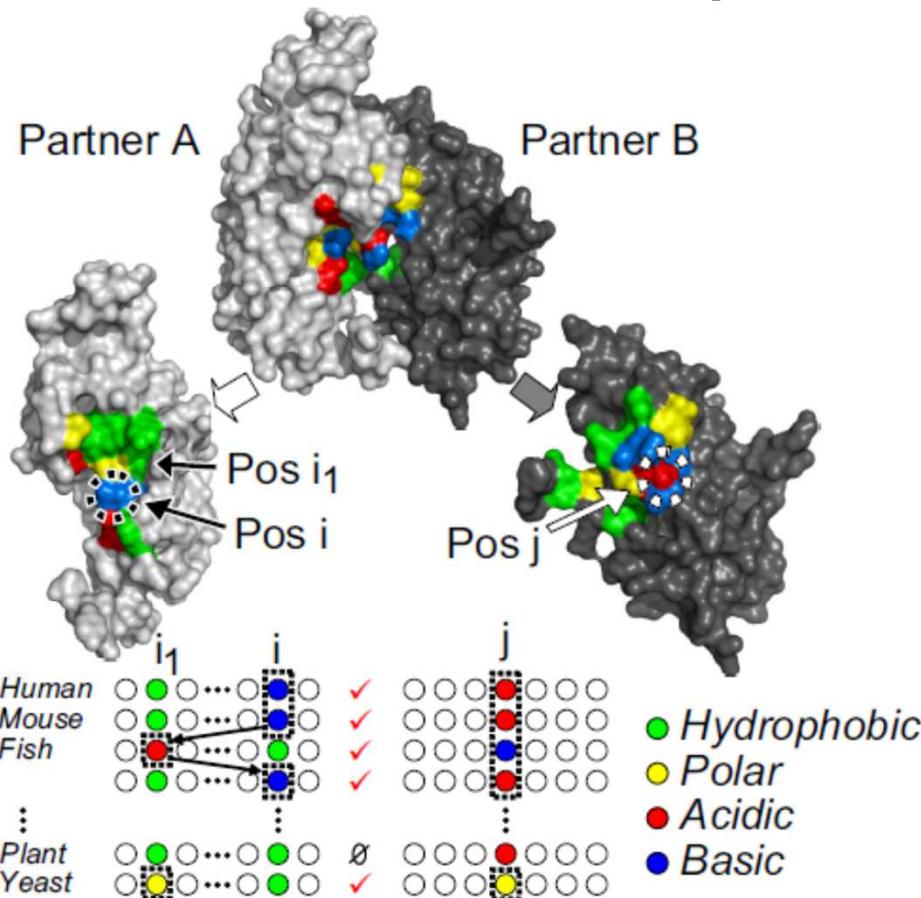


Guerineau et al, PLoS One, 2012

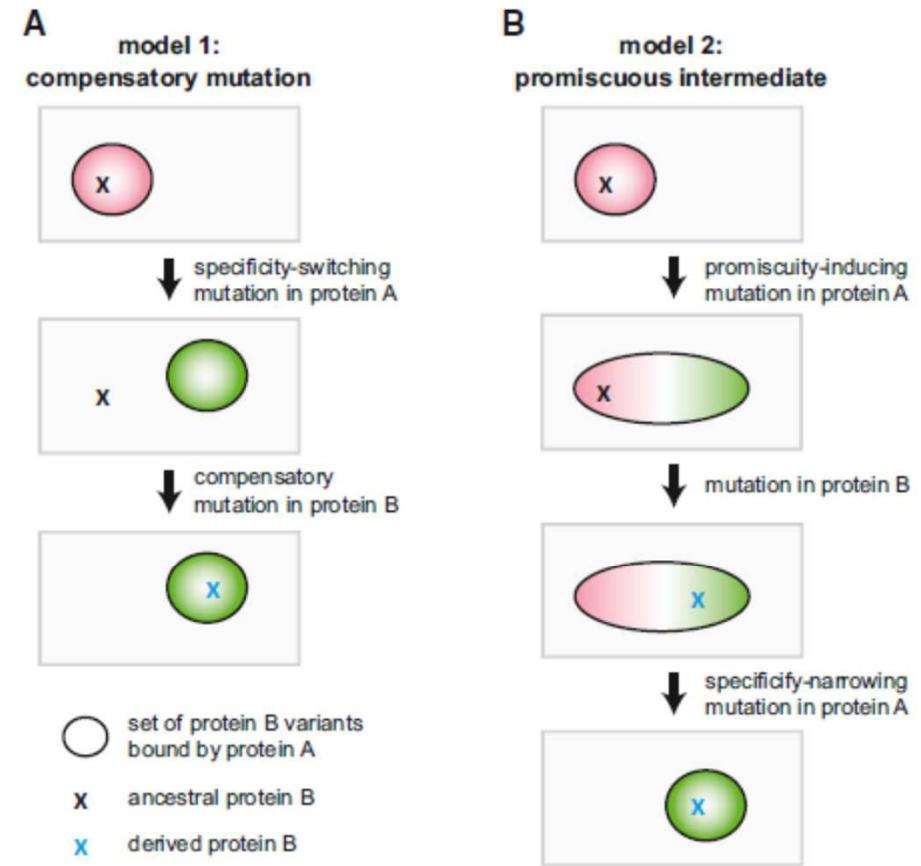
## KVASINKY ... určitá volnost v obsazení AMK

S.p.	GFLMTVIAFIAV-SHCSVG-HSELQSFLQELLT---EETTPPLHLD-I	TRSLSSLVRQGYL--DRVKKDDT---HNQFVYYI--GSRAVTEIS-IEGLIKSFVTEFF
Ani.	GLYTFIIAVILL-NGGTLQ-BQKLDRYLSRMNA---DQFTPVER--TDHLLQRLCKEGYL--VKNREMDG-GDEIEYMV--GPRGKVEVG-ARGVAGLVREVV	
Pyr.	ALYTTVIAFIII-SGGIIP-BGKLDRALRRMMA---DQTTPLGT--KDKTAAVMKDGYI--VKVKDVSGGTEETIDYIV--GPRGKVEVG-GEGWAQFIRAVY	
N.f.	GLYSFIIAVILL-NGGSLP-EQKLERYLKRTMA---DTYTPVDR--TDRFLQRLCKEGYL--IRNREMDG-GEEIEYMV--GPRGKVEVG-VQGVAGLVREVV	
Ate.	GLYTFIIIALILL-NGGSLP-EQKLERYLQRTNT---DTYTPIDR--TDRFLQRLCKDGYL--VRNREMDS-GEEVIEYMV--GPRGKIEVG-TQGVAGLVREVV	
Acl.	GLYSFIIAVITL-NGGSLP-EQKLERYLKRTMA---DTFTPIIDR--TDRFLQRLCKEGYL--LRTREMDG-GEEVVEYIV--GPRGKIEVG-VQGVAGLVREVV	
C.i.	ALYTFIISLITI-SGGSLA-EQKLDRLRRLRVA---DTYTPLDR--TEKLLARLCKDGYL--VRNRDVDDG-GEEVVEYIV--GPRGKIEVG-TEGVAGLTREVV	
P.a.	ALYTTIISLITI-SGGELS-DTRLRRHLARLNAAEYMPMSMNPNDPx-TDVVLQRMIKHGYL--VRMVVDNRGxDDDSTTWHV--GPRGKAEPV-KESIAGFVRTIY	
N.c.	GLYTMLIAIITL-SGGELS-DPRLRRYLTRLNAAxPNNEAPSEK--TELVLQRMTQKGYL--VRVADNxAGDDDAITWHV--GPRGKVEVD-NEIAAVVREVV	
M.c.	GLYSMIVTIIQL-NRGELS-DPKLKRYLQRLNA---DTNTPVVK--TDLLLQRLIRQNYI--VKTVERNx--DDAITWRV--GPRAKQELT-DEAMASIVRDVY	
O	GLLMLVLSVILM-Sxxxxx-YSLSWHFLKKGLEPKKEHEVFGDP--EKLIAQEFTRQGYLERRKVVTGGE--EATFEYISW--GSRSNKE--LTTKRKVLEFVVS	
B	GLLFVILSVIFM-KGGTIK-BNLVWNILKKLRIDPGERHDDEFGDV--KKVVTTEFVRQKYLEYKGKIPHTE--PVEYEFRW--GLRAEKE--VSKLKLLEFVG	
R	GLLFVILSVIFM-KGGAVR-DSVWWNILKKLRWQPGERHPPEEGEV--KRVVMEEFVRORYLECNRIPHTE--PLEHEFRW--GORADTE--VSKTKILEFMA	
A.	GLLMVILSLIFM-KGMATAK-PSAVWEMLRRRLIEPAEKHSDFGDV--KKLITEEFVKQKYLEYSKVLHTD--PVEYEFRW--GQRAFKE--TSKMQVLEFVVS	
T.	GLLIVILSFIFM-KGNSAK-PSAVWEFLRRLRVHPGEKHEVFGDV--KKLVMEEFVRQKYLEITPIPLTD--PPPFNFQW--GPRAAKE--TSKKDILSFVA	
	GLLMVILSLIFM-KGSATN-PSVIWETLRLKLRWDTRRHEVFGDV--KKLVTTEFVRQKYLEYNRIPHTE--PVEFEFQW--GARATKE--TTKMQVLFVVA	
	GLLMVILSLIFM-KGNSAR-PSLVWQVLKKLRVDPEKRHKTFGDV--KKLVKDEFVRQKYLEYIRVPHSE--PPEYEFLW--GPRAAHE--TSKMQVLFVVA	
	GLLMIVLGLIFM-KGMTIK-PTEVWDFLRRLGVIPTKKHLIFGDP--KKLITEEFVRQORYLEYRRIPHTD--PVDYELQW--GPRTML--TSKMVKLFVVA	

# Vazební partneři ko-evolvují



Madaoui et al, PNAS, 2007

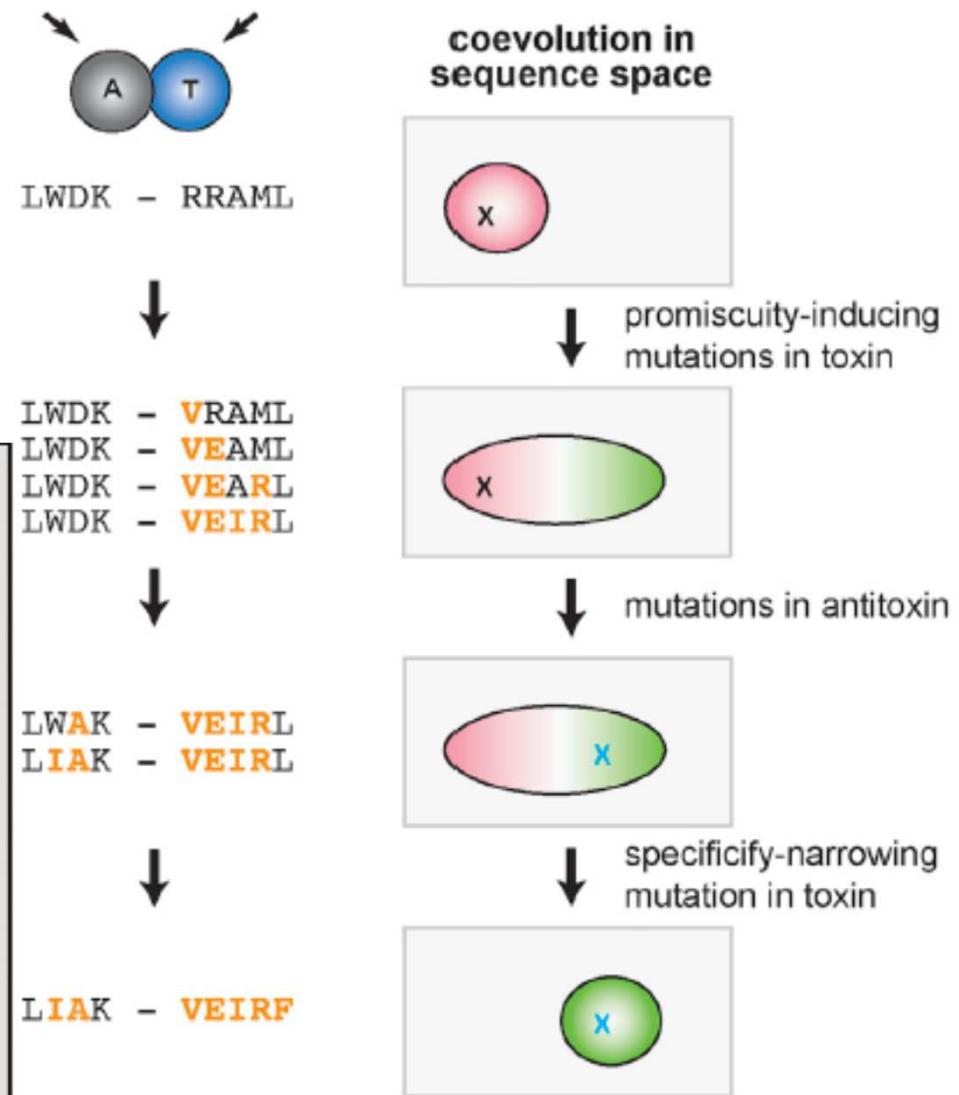
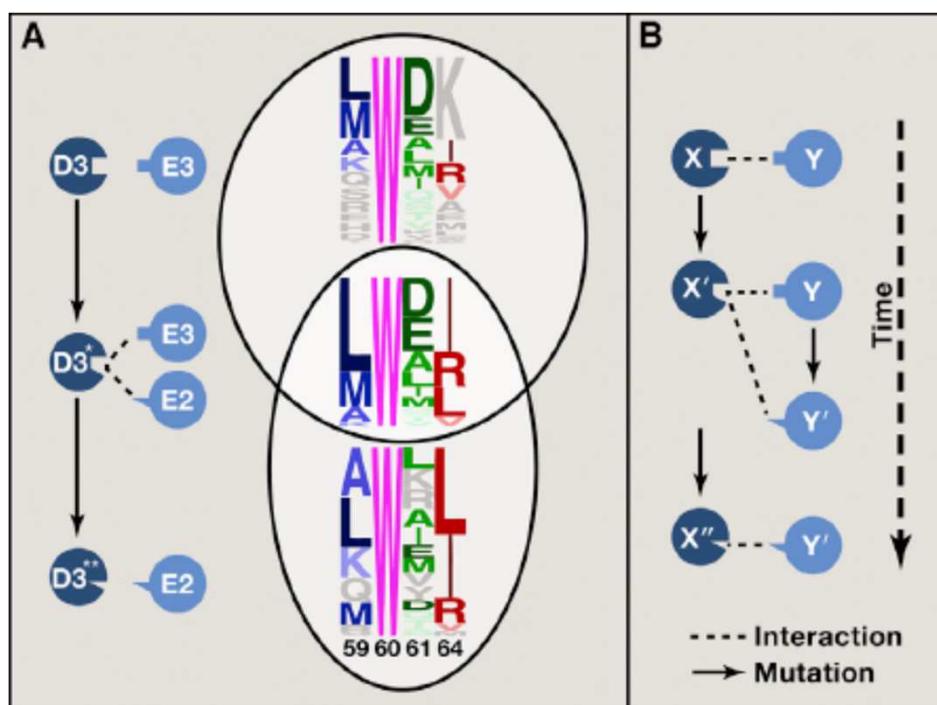


Aakre et al, Cell, 2016

- nutnost zachování funkce nesvědčí o „compensatory mutation“ (mutace v jednom z proteinů přímo kompenzována mutací v partnerském proteinu) – „kompenzace“ přichází postupně přes „promiscuous intermediate“ mutace

# Vazební partneři ko-evolvují

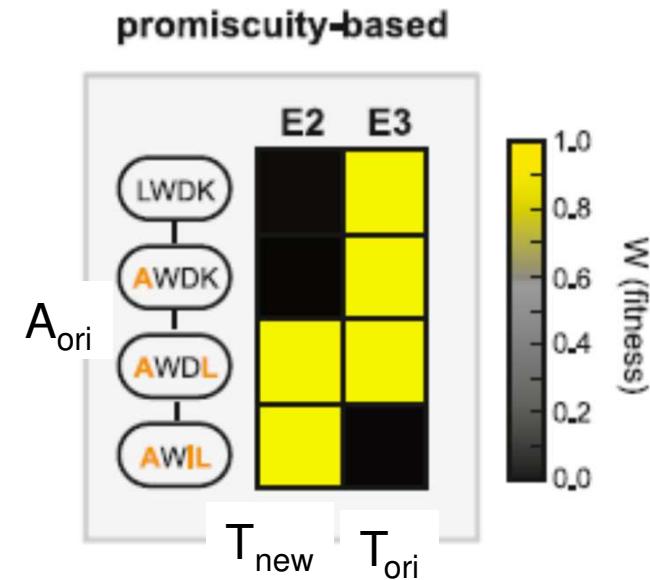
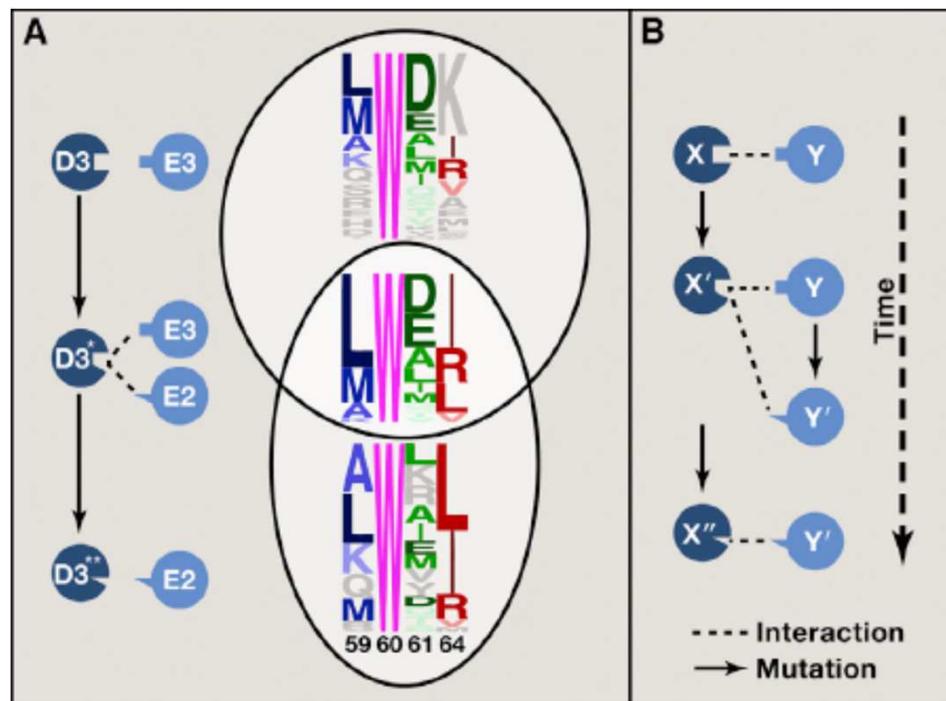
- „promiscuous intermediate“  
mutace jednoho proteinu  
mohou být doprovázeny  
„promiscuous“ mutacemi  
druhého proteinu  
(nedochází ke ztrátě PPI)



Aakre et al, Cell, 2016; Akiva a Babbitt, Cell, 2015

# Vazební partneři ko-evolvují

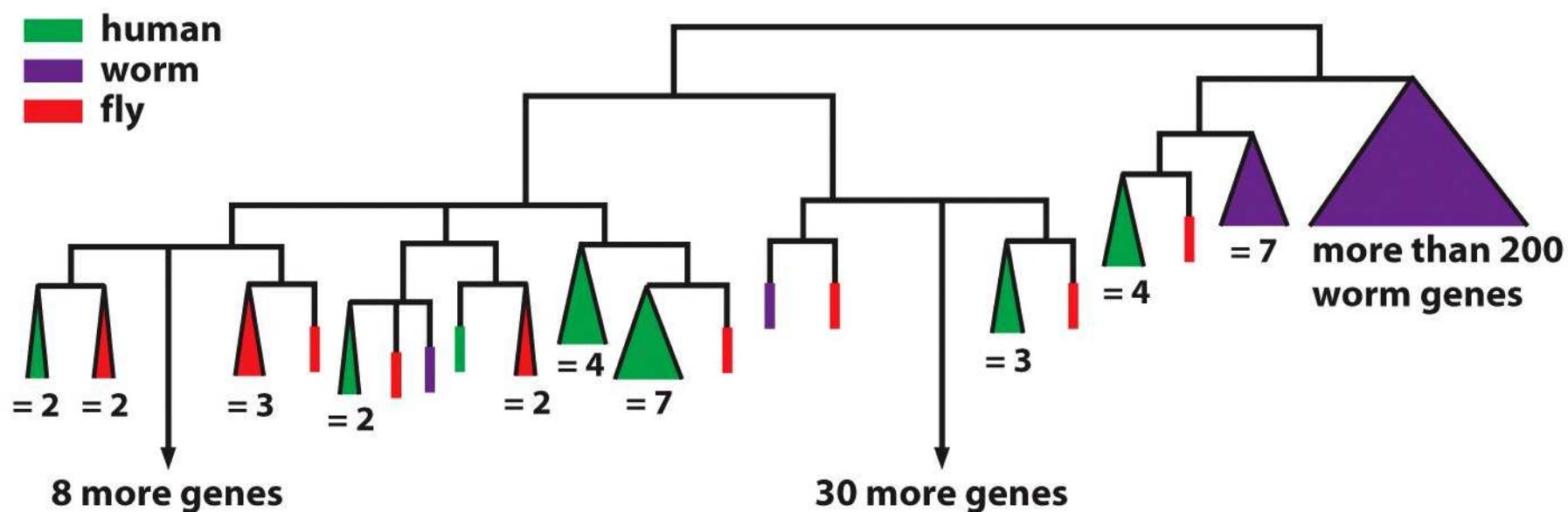
- u „promiscuous intermediate“ mutací nedochází ke ztrátě PPI
- „promiscuous intermediate“ může interagovat i s duplikovaným proteinem (např. tkáňově specifickým – specifický komplex)
- později se může „oddělit“ a vytvořit nový komplex (paralelní ko-evoluce = drift)



Aakre et al, Cell, 2016; Akiva a Babbitt, Cell, 2015

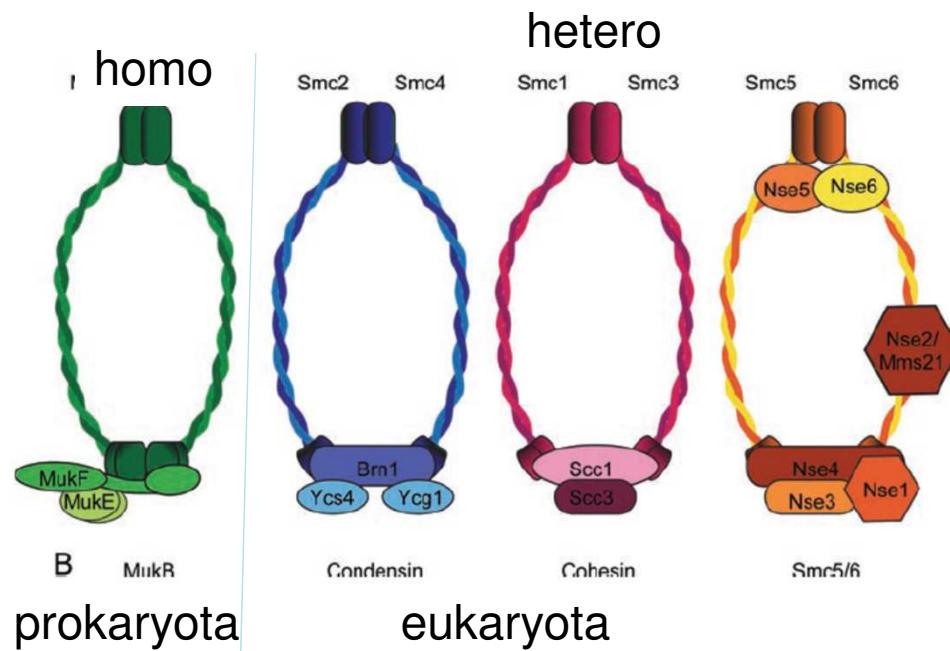
# Vznik proteinových rodin

- selekční tlak na stabilitu a funkci - nutnost zachování funkce neposkytuje příliš prostoru pro evoluci/rozvoj nových vlastností
- pro rozvoj nových vlastností, nových druhů - spíše než druhově specifické mutace proteinů lze vidět **expanzi různých genových/proteinových rodin** v různých živočišných druzích



(příklad superrodiny jaderných hormonálních receptorů)

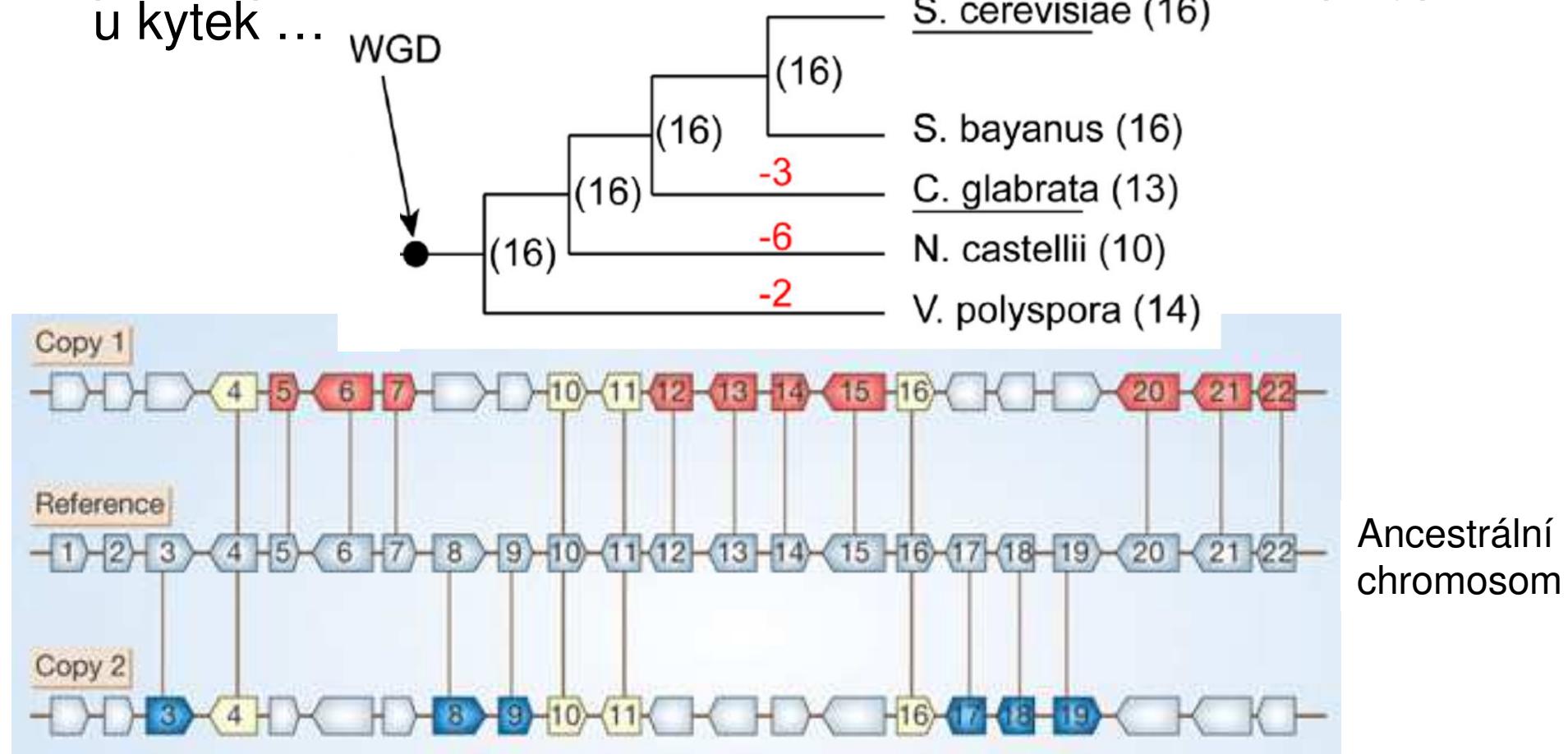
- **duplikace a divergence** jsou hlavními tahouny evolučních procesů (všechny geny/proteiny jsou „potomky“ několika ancestrálních genů/proteinů (foldů), které existovaly v nejčasnějších živých formách (nyní cca 1000 foldů na >100000 struktur v PDB, odhad je cca 2000 foldů))



- po **duplikaci** jsou oba proteiny stejné a vytváří stejný homomerní komplex – později jeden protein diverguje (mutace) a vzniká heteromer

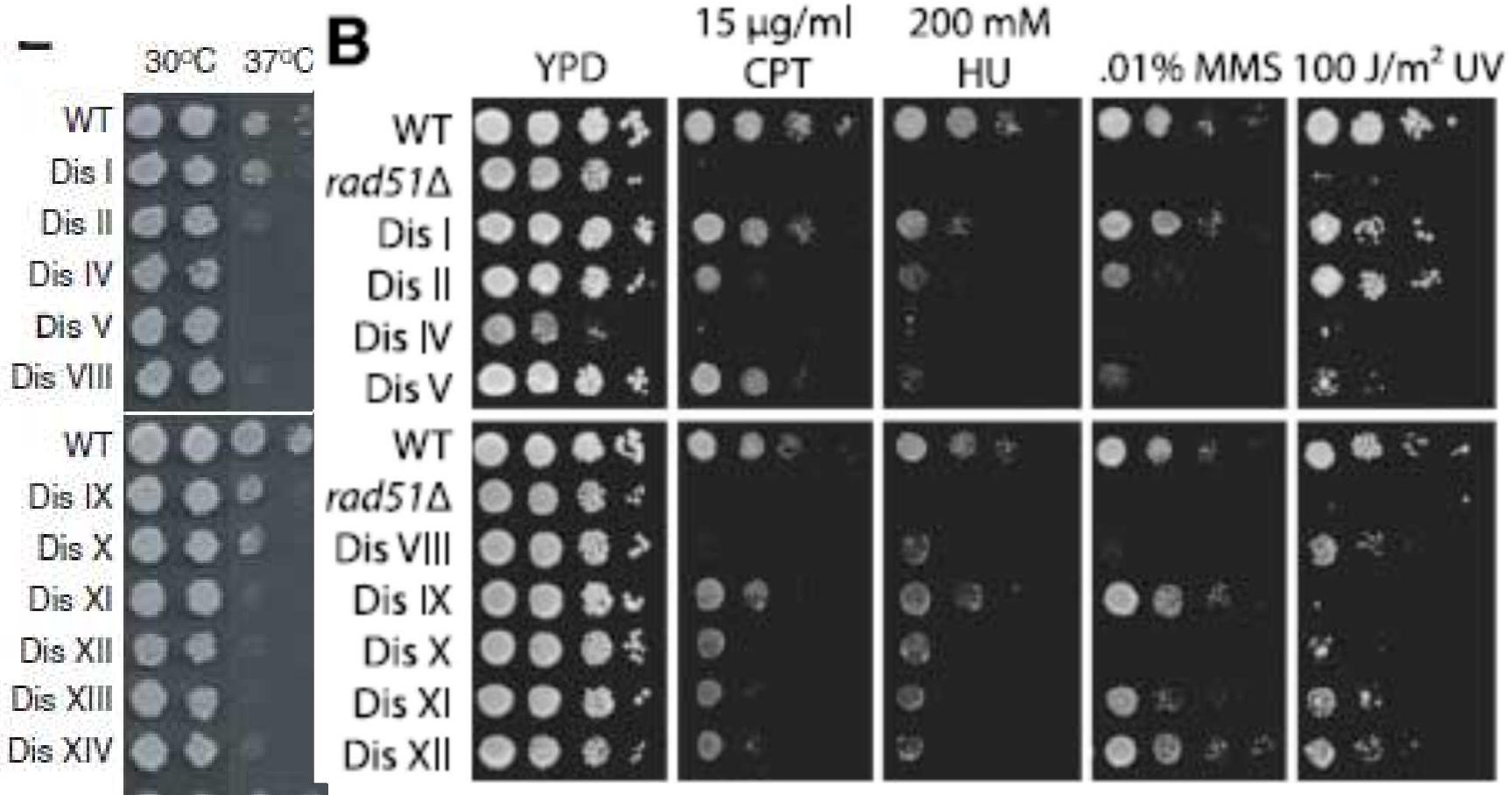
# Celogenomová duplikace u kvasinek

cca 30% genomu *S.c.* vzniklo duplikacemi => došlo k **celogenomové duplikaci (WGD)** => a poté došlo k přeskupování a redukci segmentů (i chromosomů) – polyploidie u kyticek ...



-následují **mutace** – inaktivující tj. pseudogeny (ustaví hladinu proteinu zpět na původní) nebo nefunkční (zatěžují expresní-chaperonový aparát – snaha odstranit)

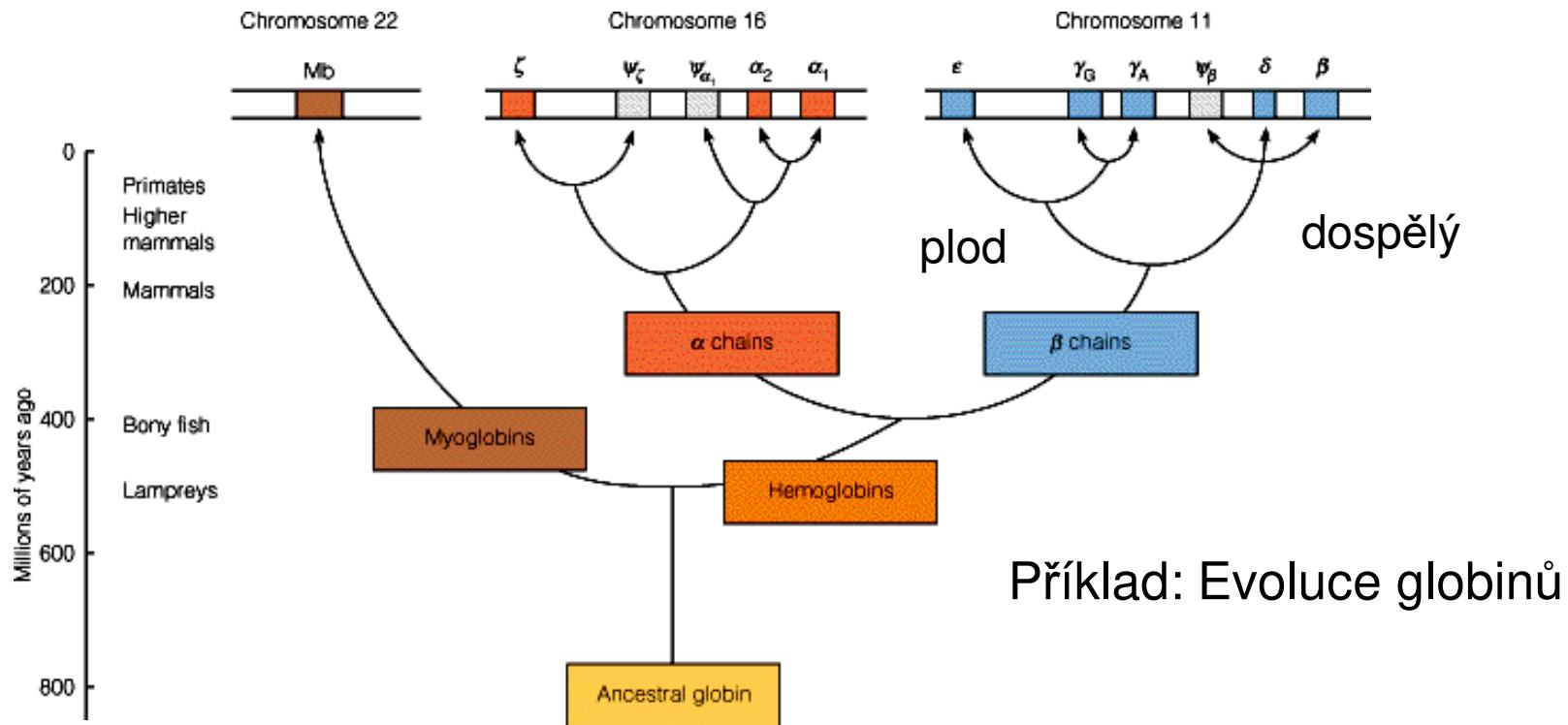
-duplikace ALE ... – na počátku stejně sekvence = stejné funkce - vyšší hladina proteinu/ů může být toxická  
**(aneuploidie** – kvasinky s 1 chromosomem navíc, nádorové buňky)



Shelzer et al, Science (2011)

- nadbytek proteinů (např. transkripčních faktorů) nebo nerovnováha podjednotek komplexů znamená disregulaci některých procesů

- duplikace – **reverzní transkripcí** (u živočichů) a integrací DNA (pouze individuální geny nebo pouze domény = exony) nebo replikační chyba s následnou chybnou opravou DSB



- na počátku stejné sekvence = stejné funkce (pod jinými **promotory** – jiný lokus tzn. jiné „okolí“ zaintegrované „mRNA“ tzn. jiná regulace exprese – „nové“ buňky)  
(např. rozdíl v genomu člověka a šimpanze je především v duplikaci 30Mbp – cca 50kbp segmenty - nikoli v jednotlivých mutacích tj. SNPs)

## Evoluce rodiny globinů (duplikace)

- červy, hmyz a primitivní ryby mají jeden globin (150AMK)

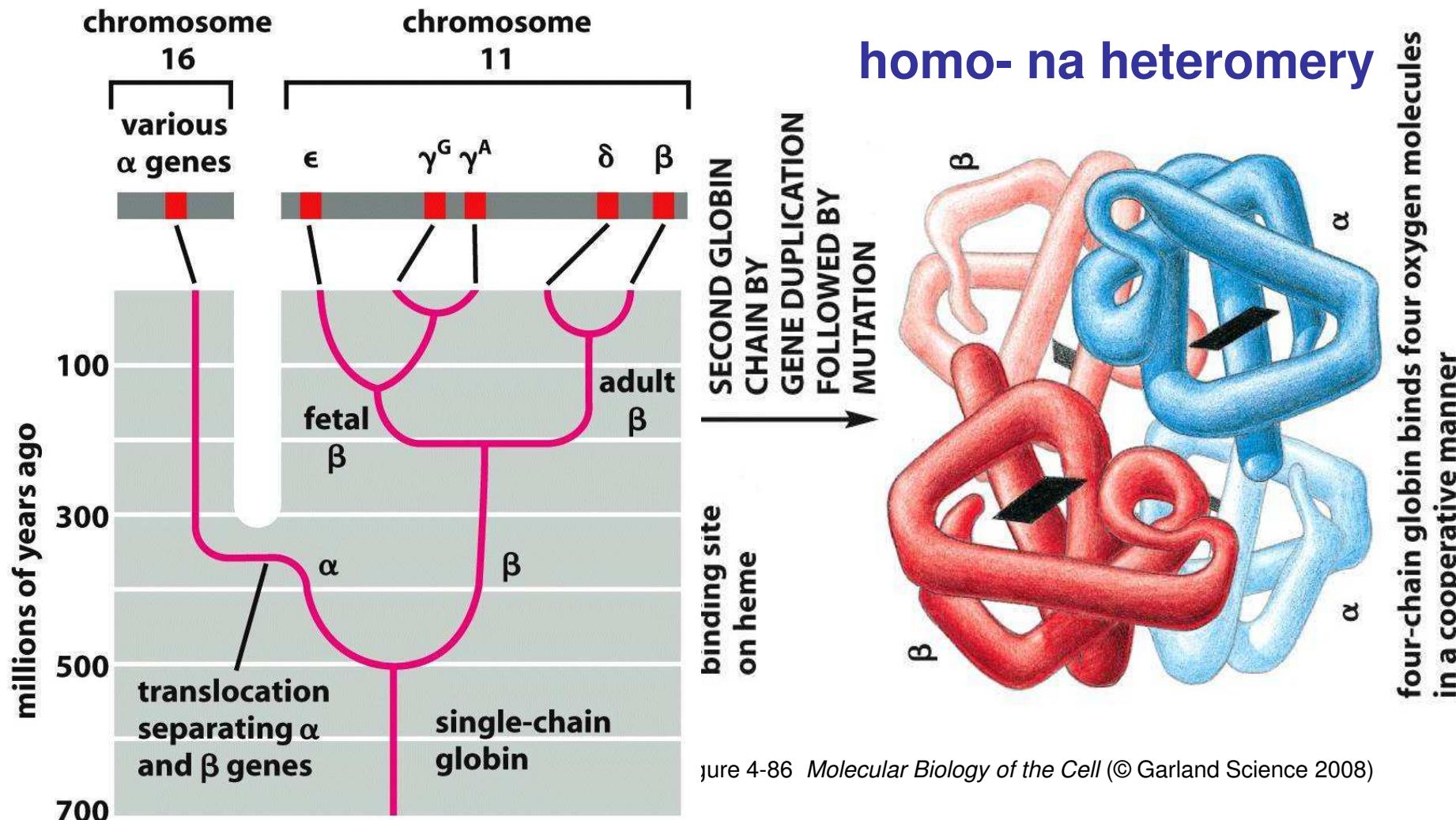
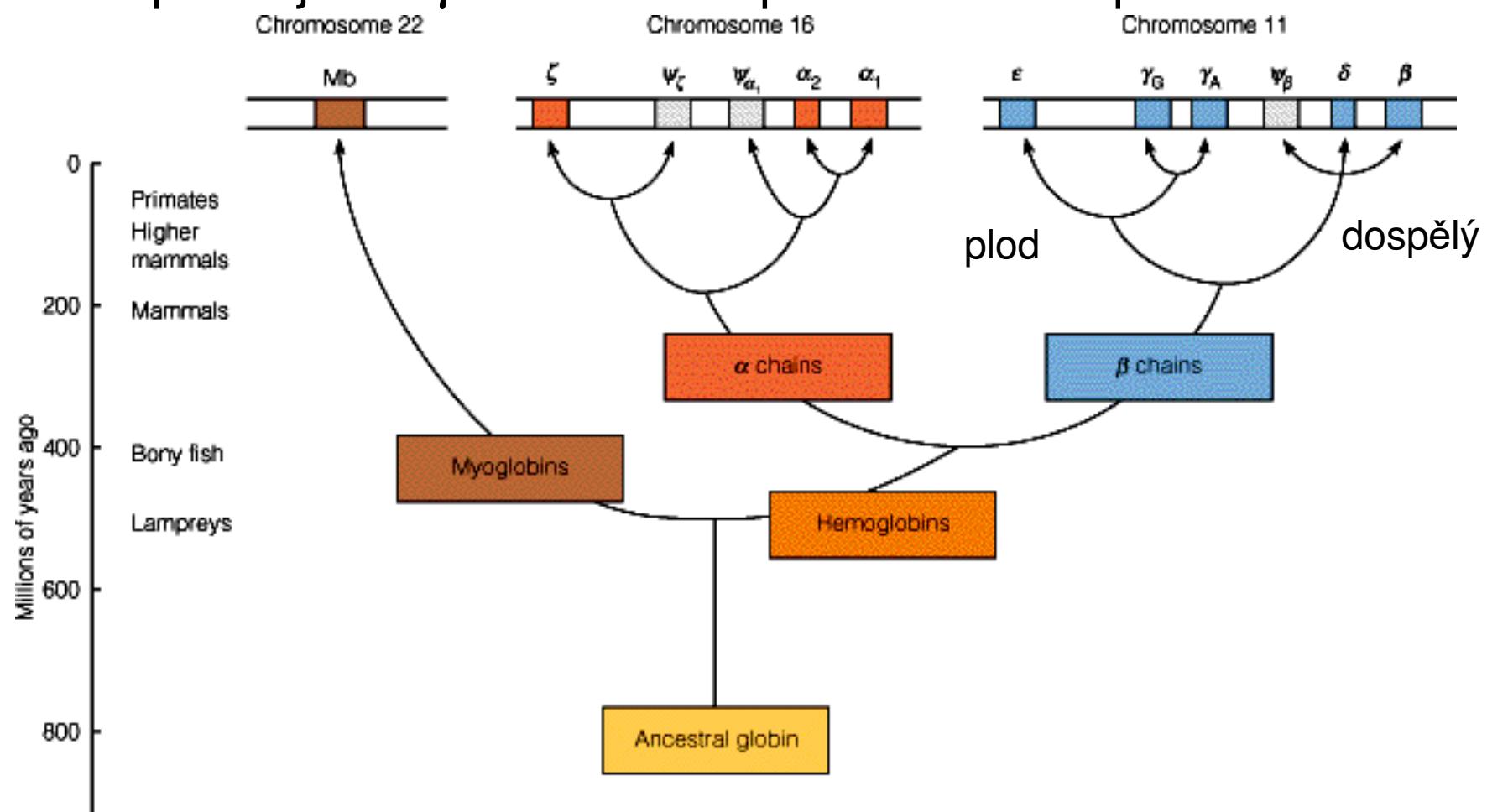


Figure 4-86 *Molecular Biology of the Cell* (© Garland Science 2008)

- vyšší obratlovci mají α- a β-globin (tvoří  $\alpha_2\beta_2$  komplex – účinnější přenos kyslíku) – vyvinul se u vyšších ryb (500Mya)

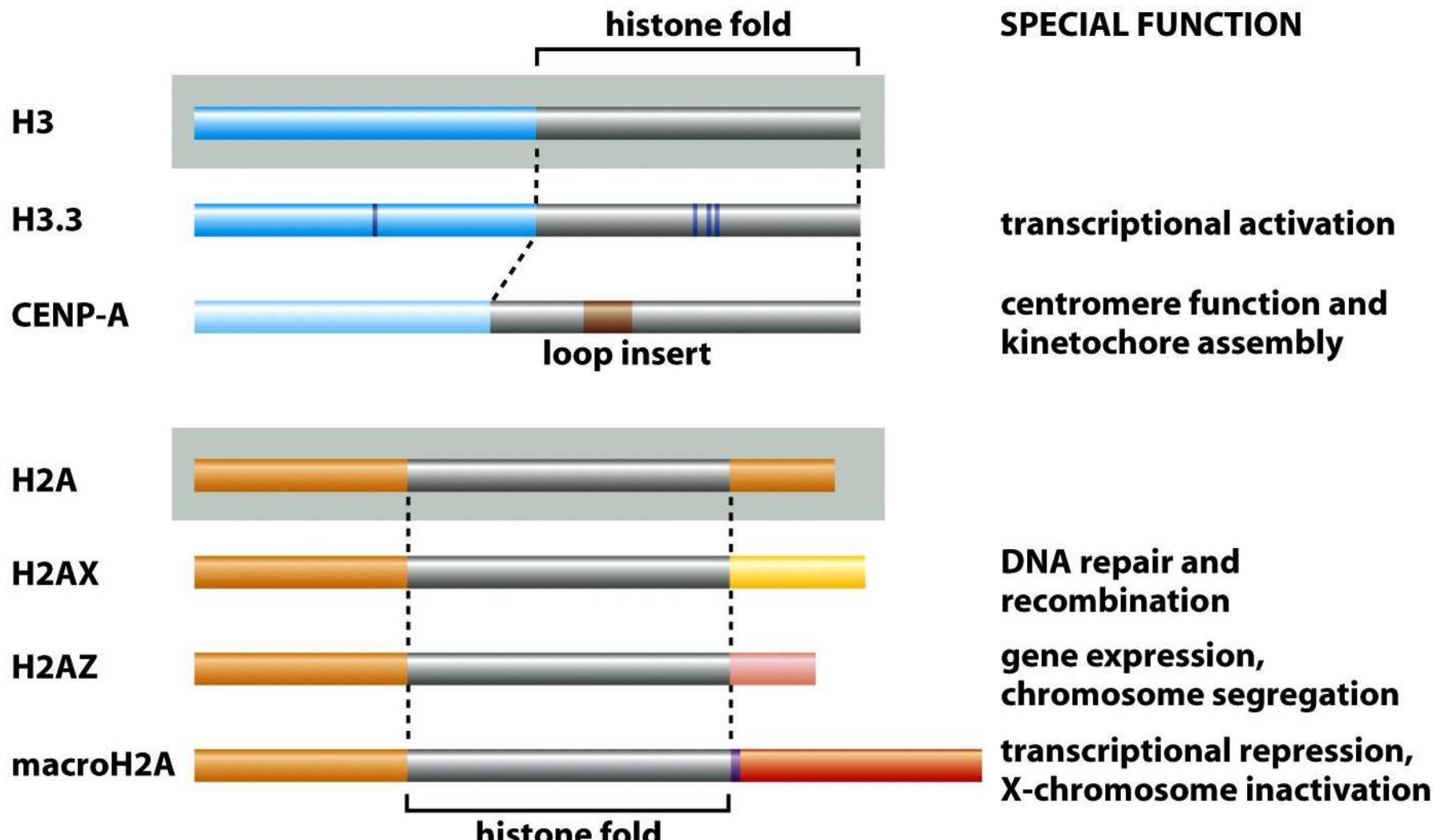
## Evoluce rodiny globinů (duplikace)

- u savců se dále duplikoval  $\beta$ -globin (**paralog**) - exprimován specificky v embryu – má vyšší afinitu ke kyslíku a napomáhá přenosu kyslíku z krve matky do krve plodu
- dále se duplikoval a specializoval na časná vývojová stádia  $\alpha_2\epsilon_2$  a pozdější  $\alpha_2\gamma_2$  - k další duplikaci došlo u primátů  $\alpha_2\delta_2$



- následují **mutace** – modifikující původní protein na novou variantu (podobná funkce)

Příklad: histony - histon fold (původní „histon“) + odlišné sekvence (odlišně PTM) odlišné funkce (stále v rámci nukleosomů/chromatinu)

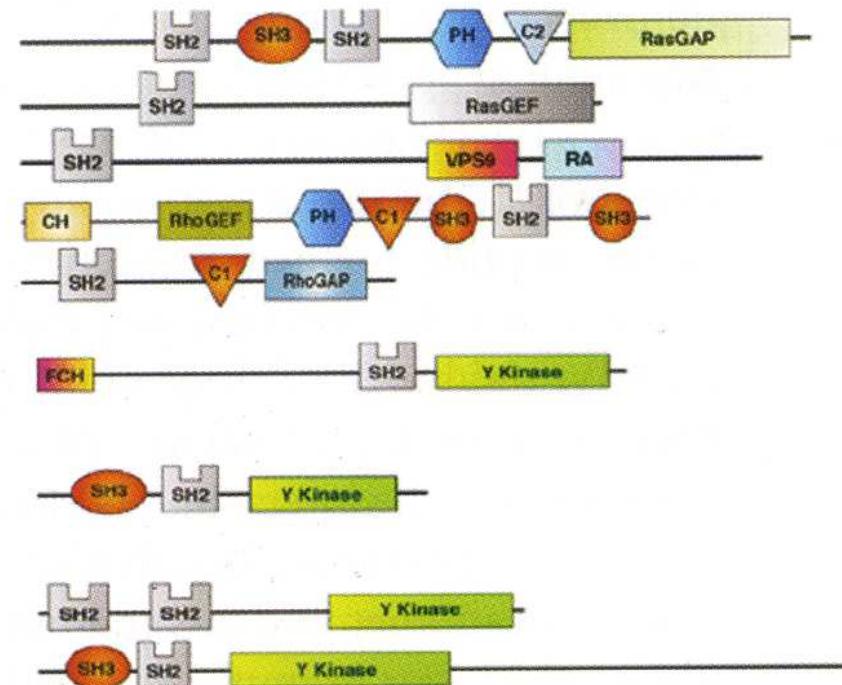


- histony > NF-Y trankripce (ohyb) > TAF (strukturní TFIID)

Figure 4-41 Molecular Biology of the Cell (© Garland Science 2008)

- duplikace celého genu nebo pouze **domény** – většina domén v proteinech obratlovců pochází/existuje v bezobratlých – pouze 7% lidských proteinů/domén je specifických pro obratlovce)
- fúze domén naznačuje funkční příbuznost nebo dokonce přítomnost v komplexu (v organismu s nefúzovanými doménami – ChimeraDB)

Small GTPase Signaling	Ras-GAP Nsp1,2,3 Rin1 Vav1,2,3 Chimerin
Kinases	Fps, Fer Src, Csk, Ctk/Hyl, Fgr, Fyn, Yes, Hck, Lck, Lyn, Blk, Frk, Brk, DJ697K14.1 Zap70, Syk c-Abl, Arg/Abl2



- duplikace **domény** (většinou koreluje s exonem)
- hranice domény jsou většinou kódovány **introny** – bez intronů by bylo obtížnější přesně vybrat pouze „doménovou“ část sekvence
- duplikací a „**shuffling**“ domén – poskládají se nové geny/proteiny – vytváří nová funkční/fyzická provázání (interakce => nové „prosíťování“ interaktomů)

### Small GTPase Signaling

Ras-GAP

Nsp1,2,3

Rin1

Vav1,2,3

Chimerin

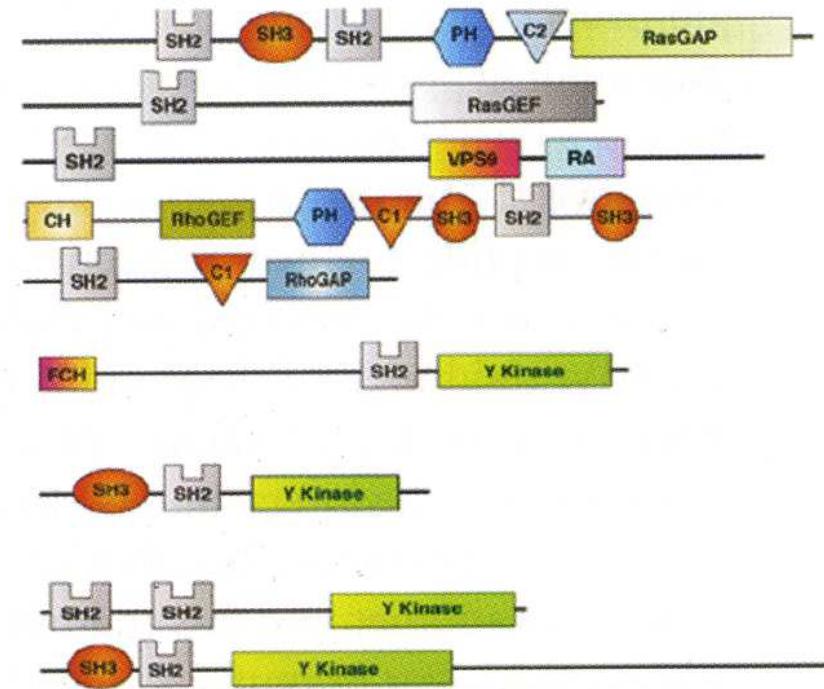
### Kinases

Fps, Fer

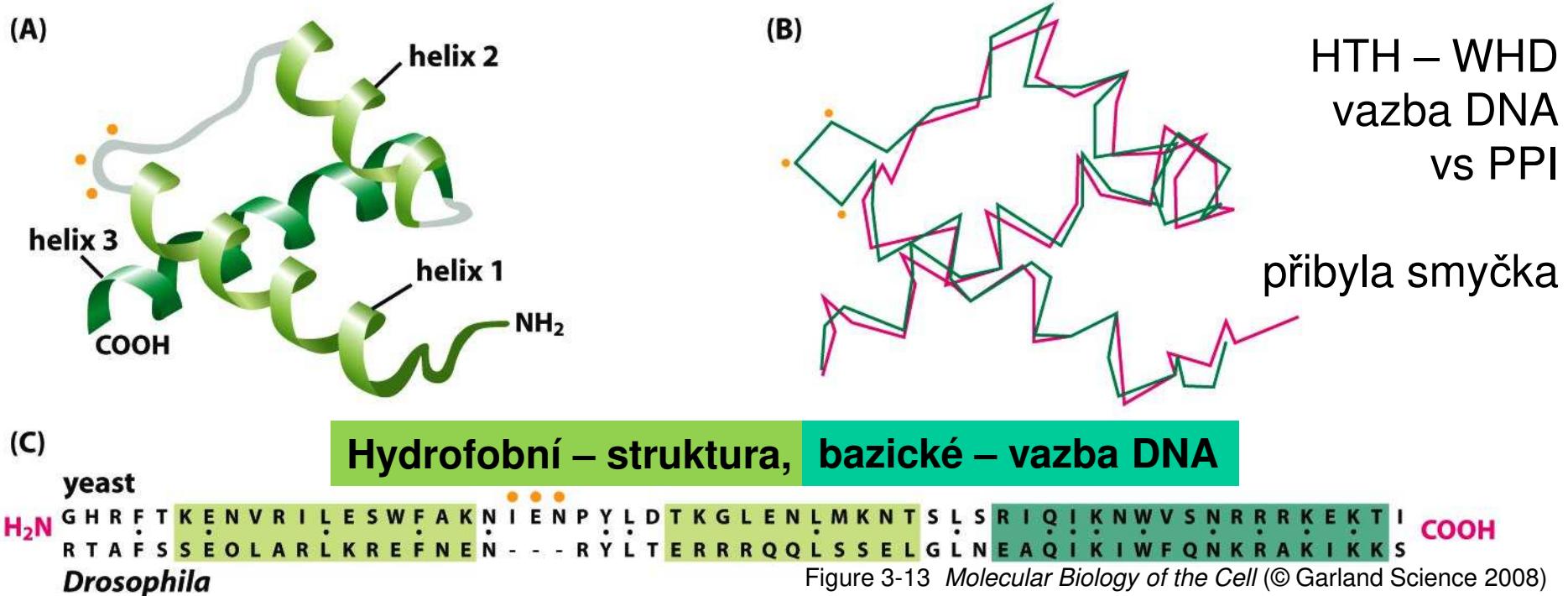
Src, Csk, Ctk/Hyl,  
Fgr, Fyn, Yes, Hck,  
Lck, Lyn, Blk, Frk,  
Brk, DJ697K14.1

Zap70, Syk

c-Abl, Arg/Abl2

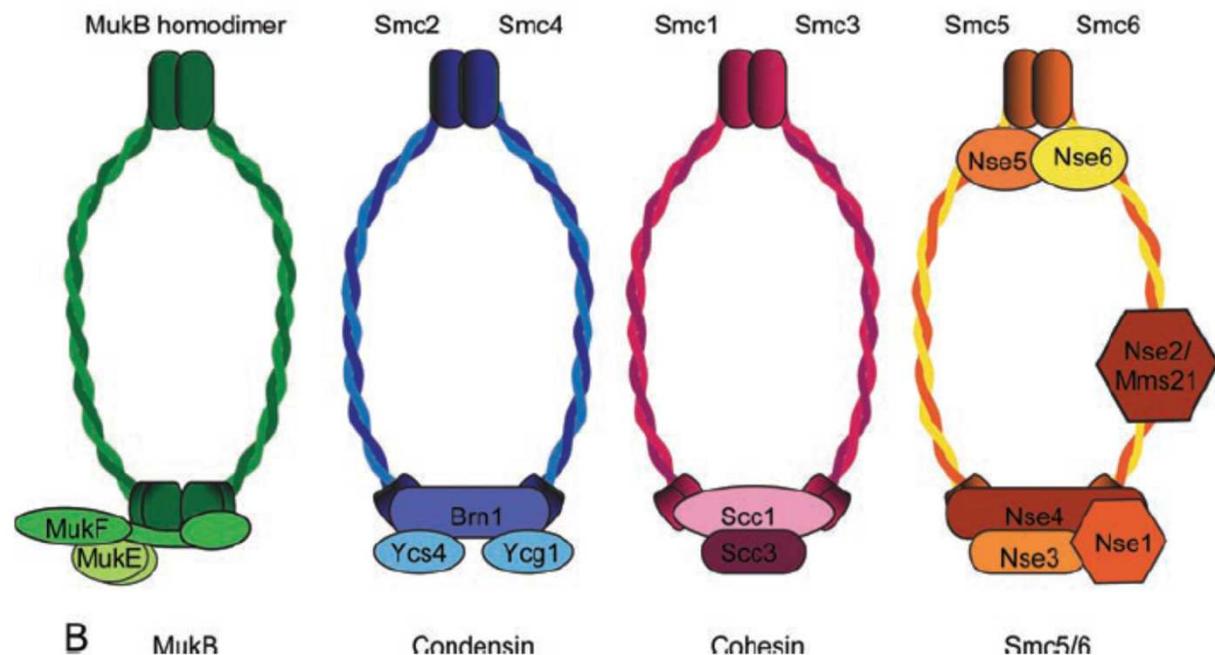


- duplikací a „shuffling“ domén – poskládají se nové geny/proteiny
- nová doména (protein) není pod tlakem „funkčním“, ale zůstává pod tlakem „strukturním“ a „interakčním“

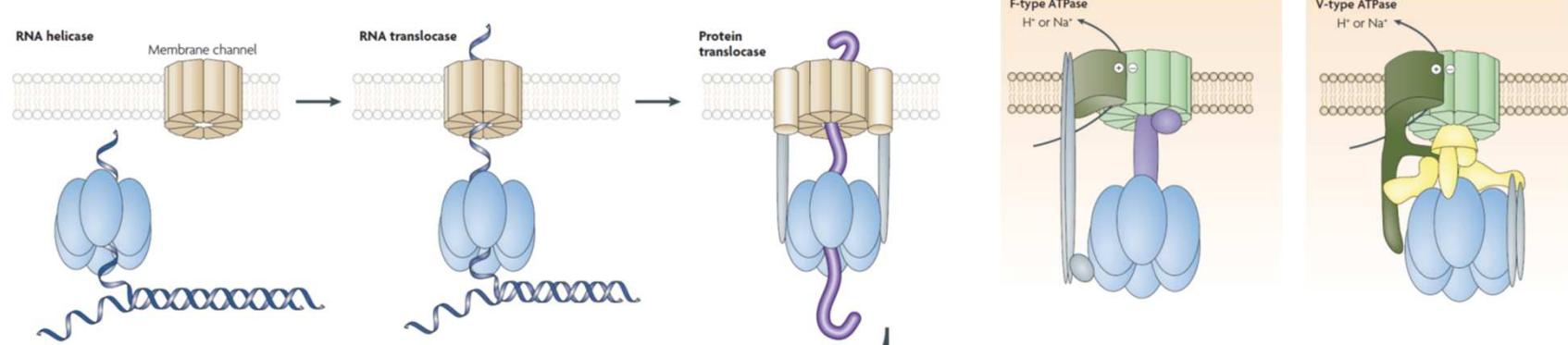
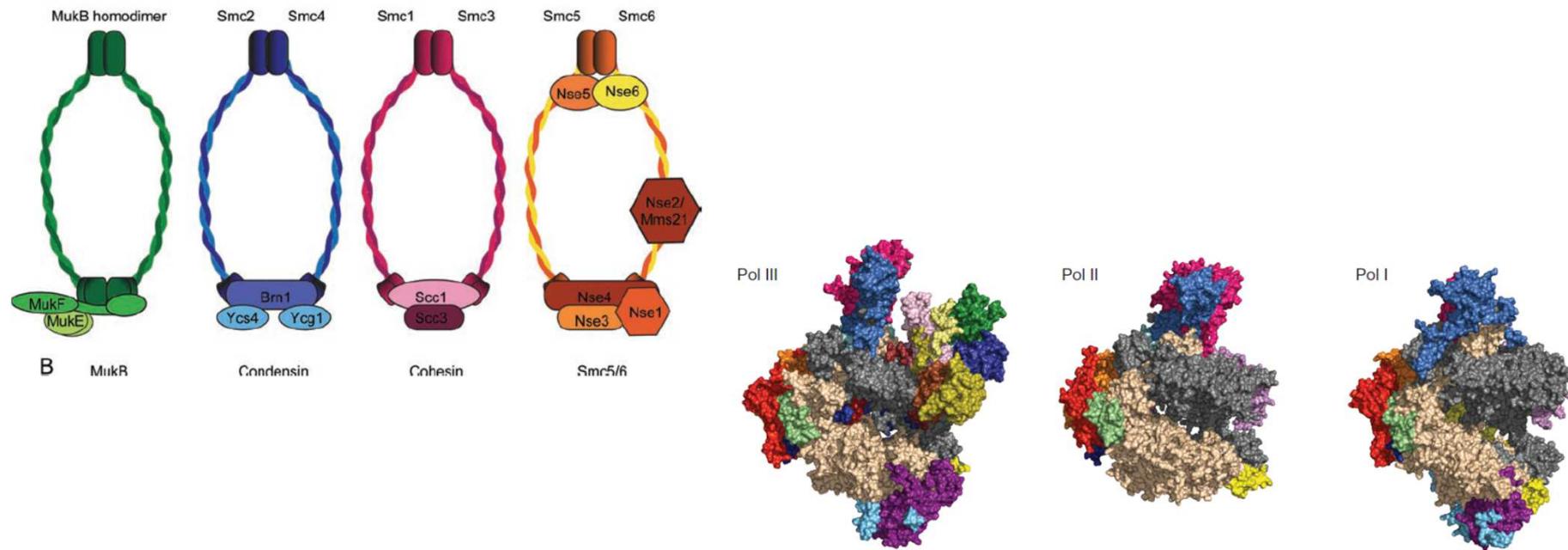


- zůstává hydrofobní profil (hydrofobní AMK jsou uvnitř a drží strukturu domény) – mění se povrch (můžete hledat „paralogy“ i podle 3D struktury, sekvence <25% ident. – funkce ? odlišná)

- „staré“ proteiny jsou konzervovány „strukturně“ a „funkčně“ – funkčně znamená většinou „konzervaci“ interakcí (většinou PPI)
- nová doména (protein) je pod tlakem „strukturním“ („misfold“ = degradace) – je ale i pod tlakem „povrchovým“ tj. tendencí povrchů interagovat (zvláště hydrofobní povrhy – hydrofobní povrch je rozeznáván chaperony a bez interakčního partnera degradován)
- z toho plyne tendence duplikovaných proteinů vytvářet podobné komplexy (podobné interakce) (viz ko-evoluce)

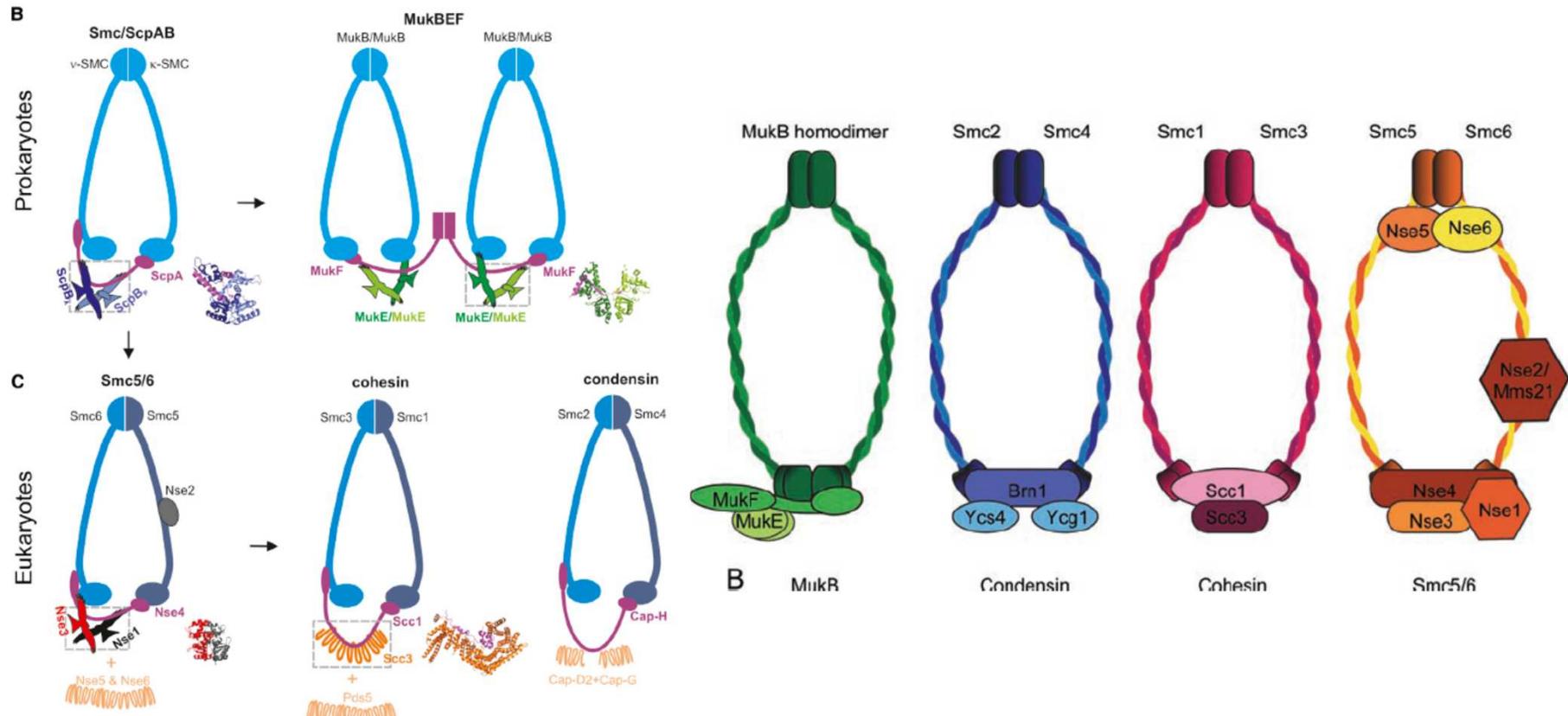


# Příklady evoluce komplexů



# Evoluce SMC komplexů

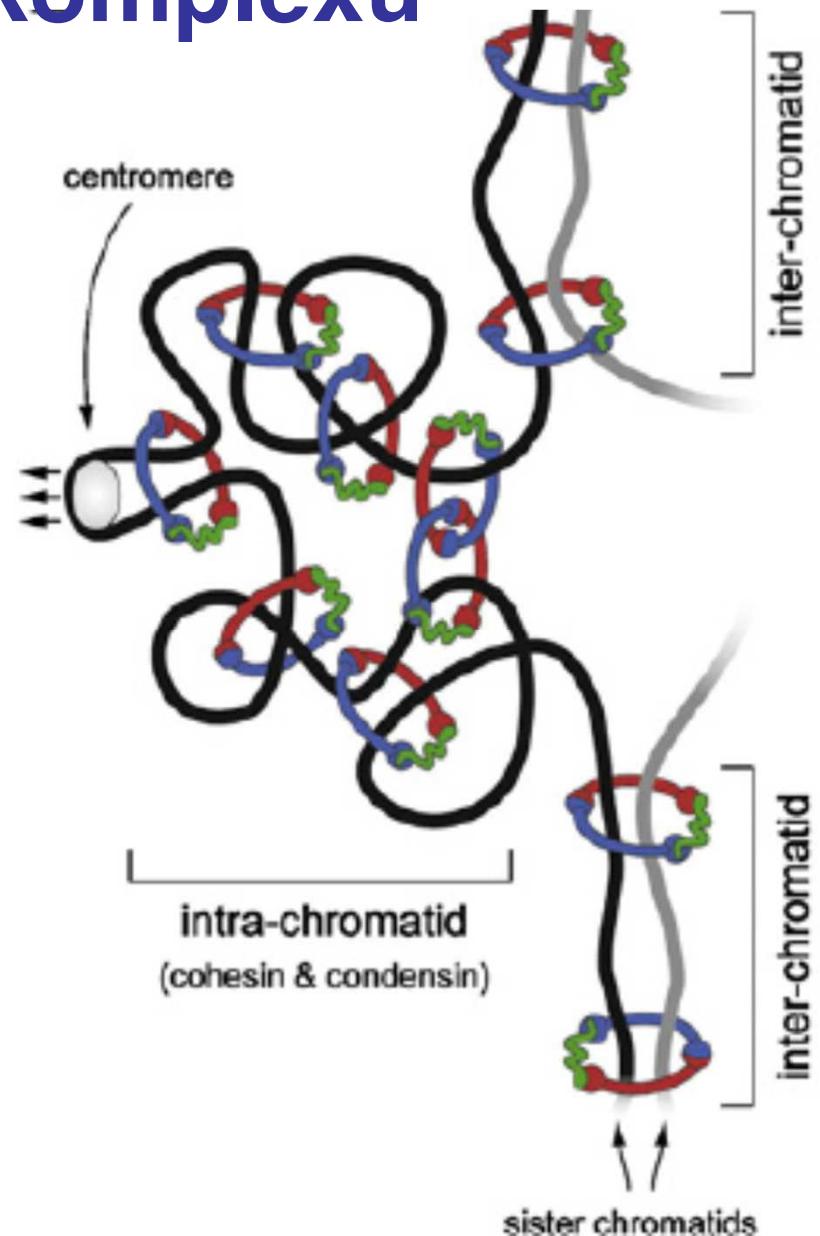
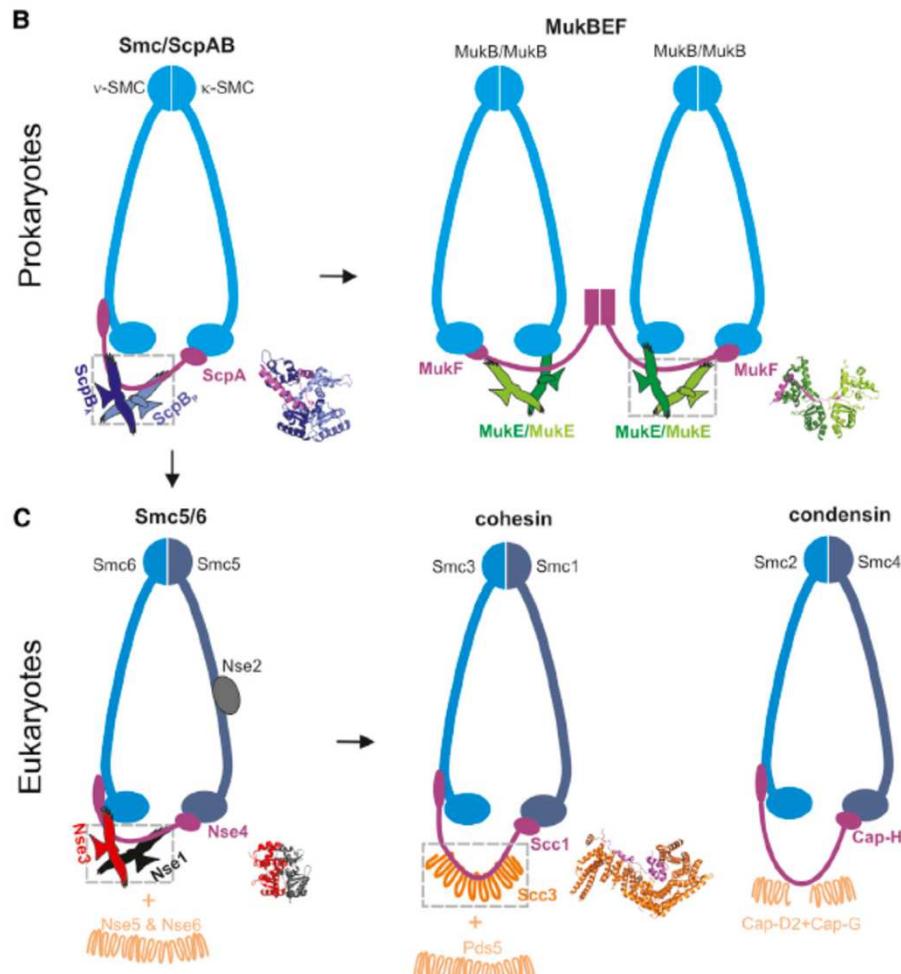
- bakterie mají po jednom komplexu složeném z homodimeru SMC/MukB a 2 Nse



- eukaryota mají 3 SMC komplexy – SMC heterodimery + kleisin (další podjednotky nepříliš konzervované) - (příklad využití konzervovaného motivu a alterace částí systému/komplexu)

# Evoluce SMC komplexů

- konzervovaný motiv (kroužek)
- SMC heterodimery + kleisin

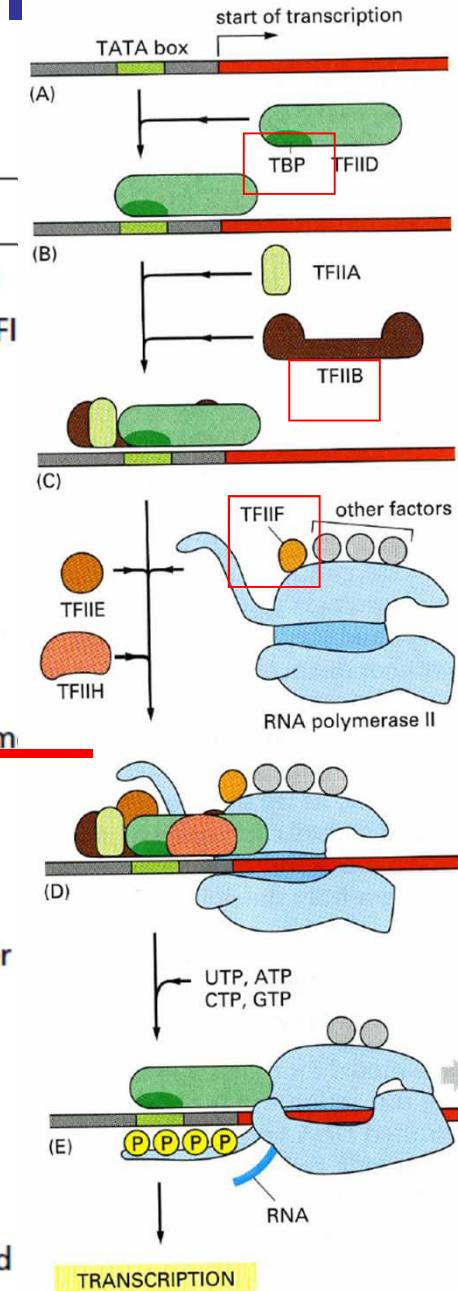


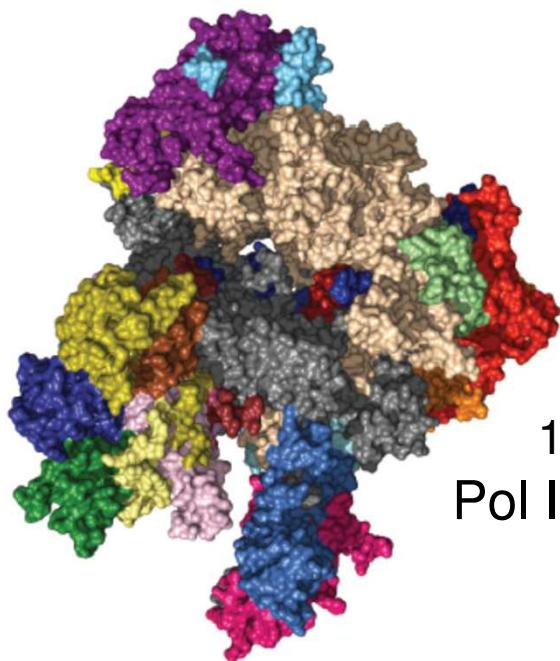
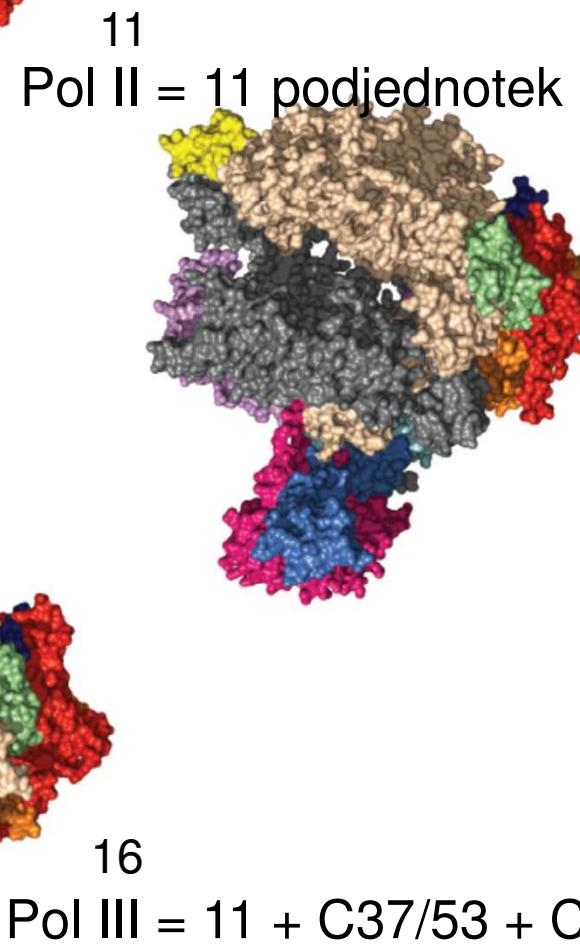
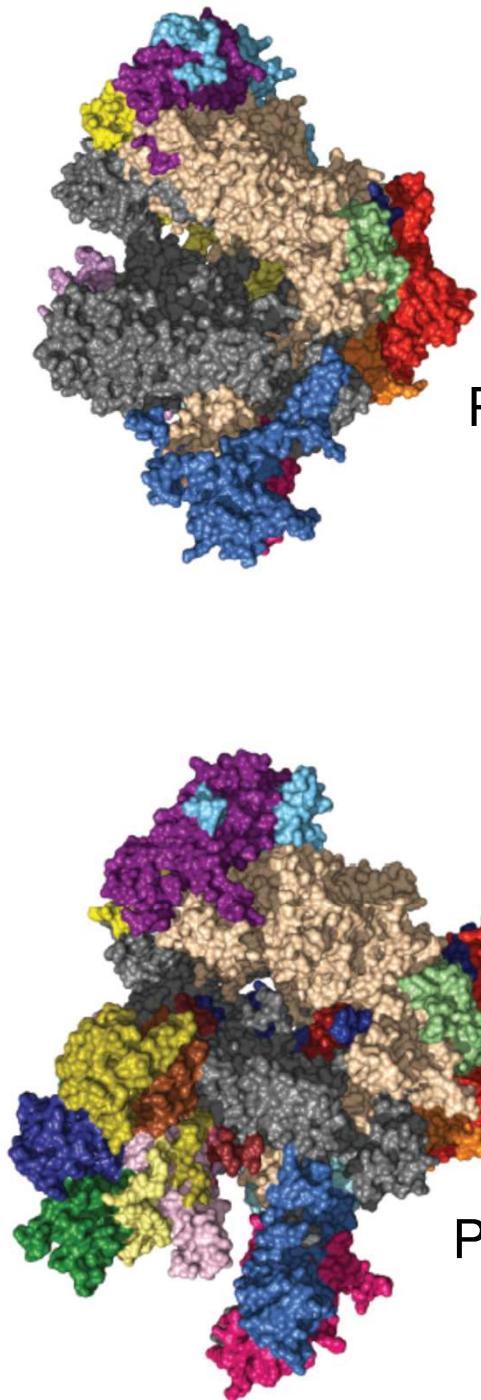
- alterace – kohese x kondensace  
(Nse podjednotky, faktory ovlivňující loading = místo, čas ...)

# RNA pol II a podobnosti s pol I a III

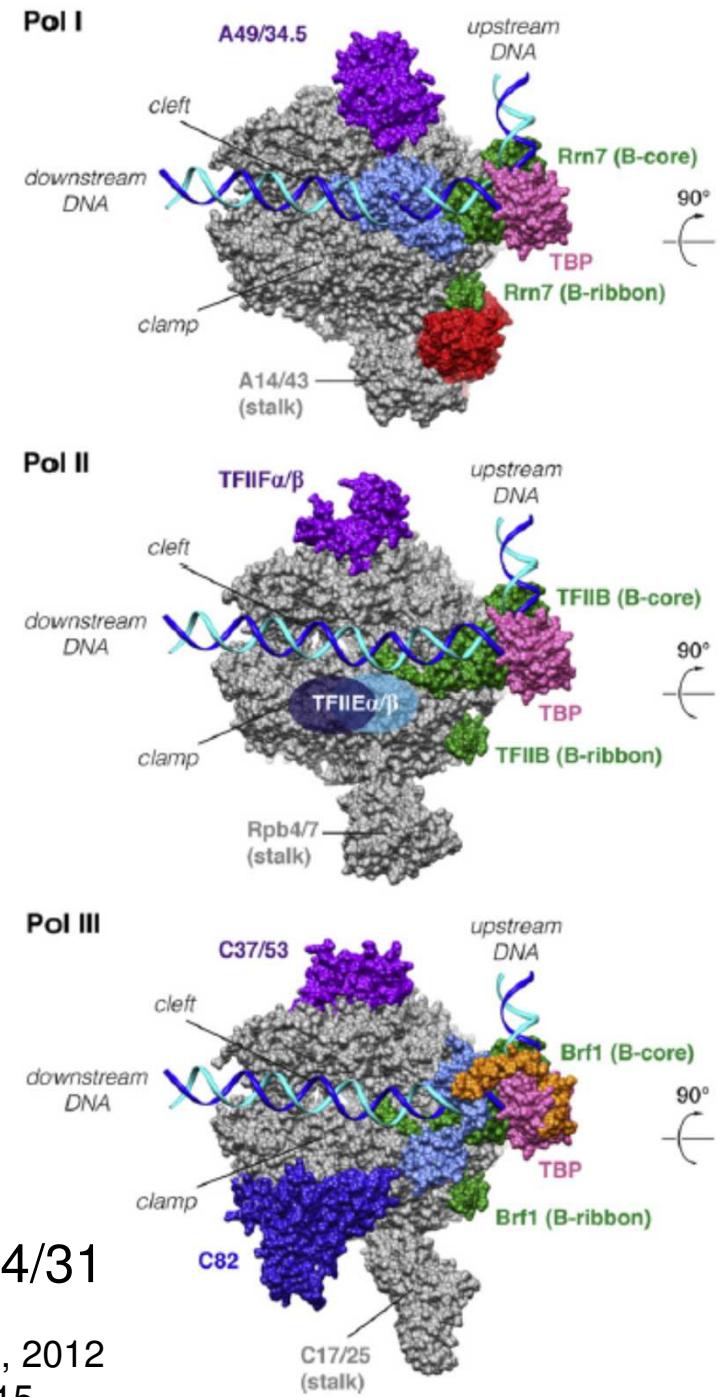
TABLE 1 Components of the human general transcription machinery

Factor	Protein composition	Function
TFIIA	p35 ( $\alpha$ ), p19 ( $\beta$ ), and p12 ( $\gamma$ )	Antirepressor; stabilizes TBP-TATA complex; coactivator
TFIIB	p33	Start site selection; stabilize TBP-TATA complex; pol II/TFI
TFIID	TBP + TAFs (TAF1-TAF14)	Core promoter-binding factor Coactivator
		Protein kinase Ubiquitin-activating/conjugating activity Histone acetyltransferase
TFIIE	p56 ( $\alpha$ ) and p34 ( $\beta$ )	Recruits TFIIH Facilitates formation of an initiation-competent pol II Involved in promoter clearance
TFIIF	RAP30 and RAP74	Binds pol II and facilitates pol II recruitment to the prom Recruits TFIIIE and TFIIH Functions with TFIIB and pol II in start site selection Facilitates pol II promoter escape Enhances the efficiency of pol II elongation
TFIIH	P89/XPB, p80/XPD, p62, p52, p44, p40/CDK7, p38/Cyclin H, p34, p32/MAT1, and p8/TFB5	ATPase activity for transcription initiation and promoter Helicase activity for promoter opening Transcription-coupled nucleotide excision repair Kinase activity for phosphorylating pol II CTD E3 ubiquitin ligase activity
pol II	RPB1-RPB12	Transcription initiation, elongation, termination Recruitment of mRNA capping enzymes Transcription-coupled recruitment of splicing and 3' end CTD phosphorylation, glycosylation, and ubiquitination





Vannini & Cramer, Mol Cell, 2012  
Hoffmann et al, Nature, 2015



# RNA polymeras

Pol I = 11 + A49/34.5

Pol II = 11 podjednotek (Tabulka)

Pol III = 11 + C37/53 + C82/34/31

**TFIIF**

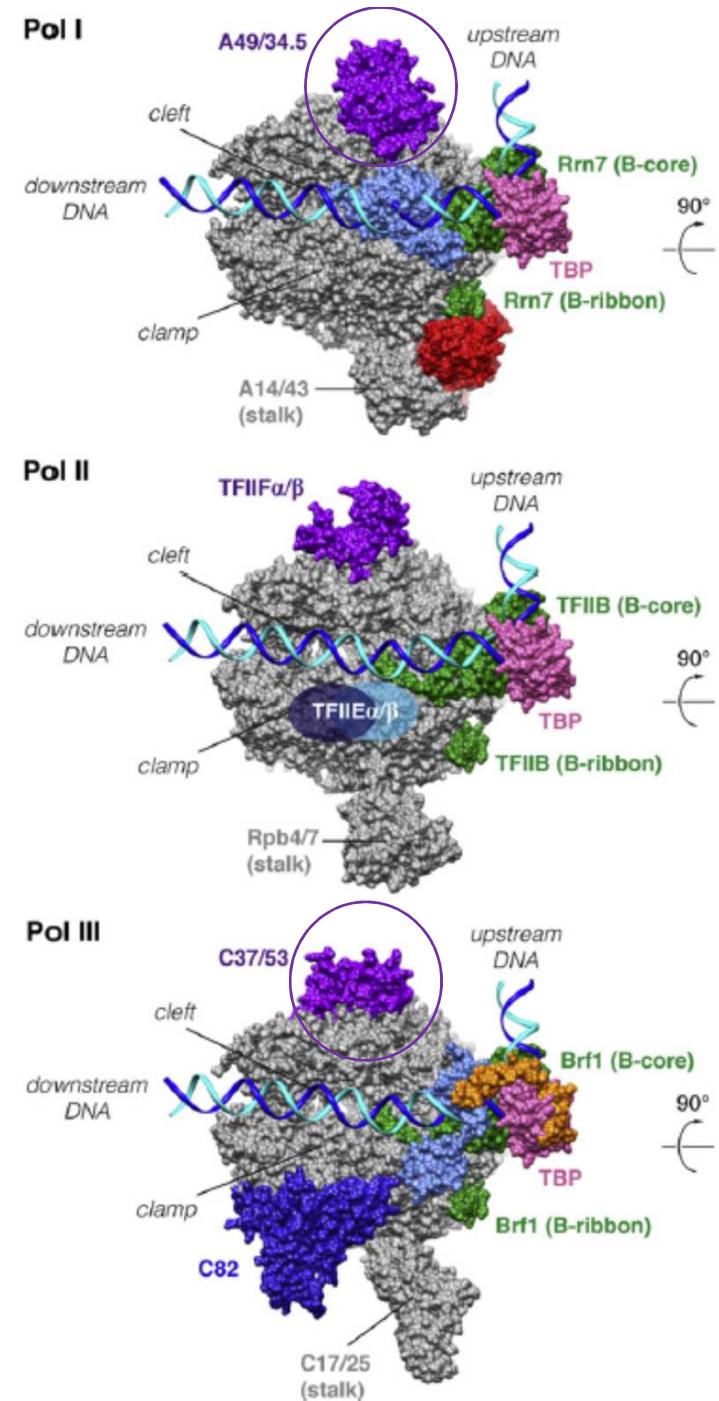
**TBP**

**TFIIB**

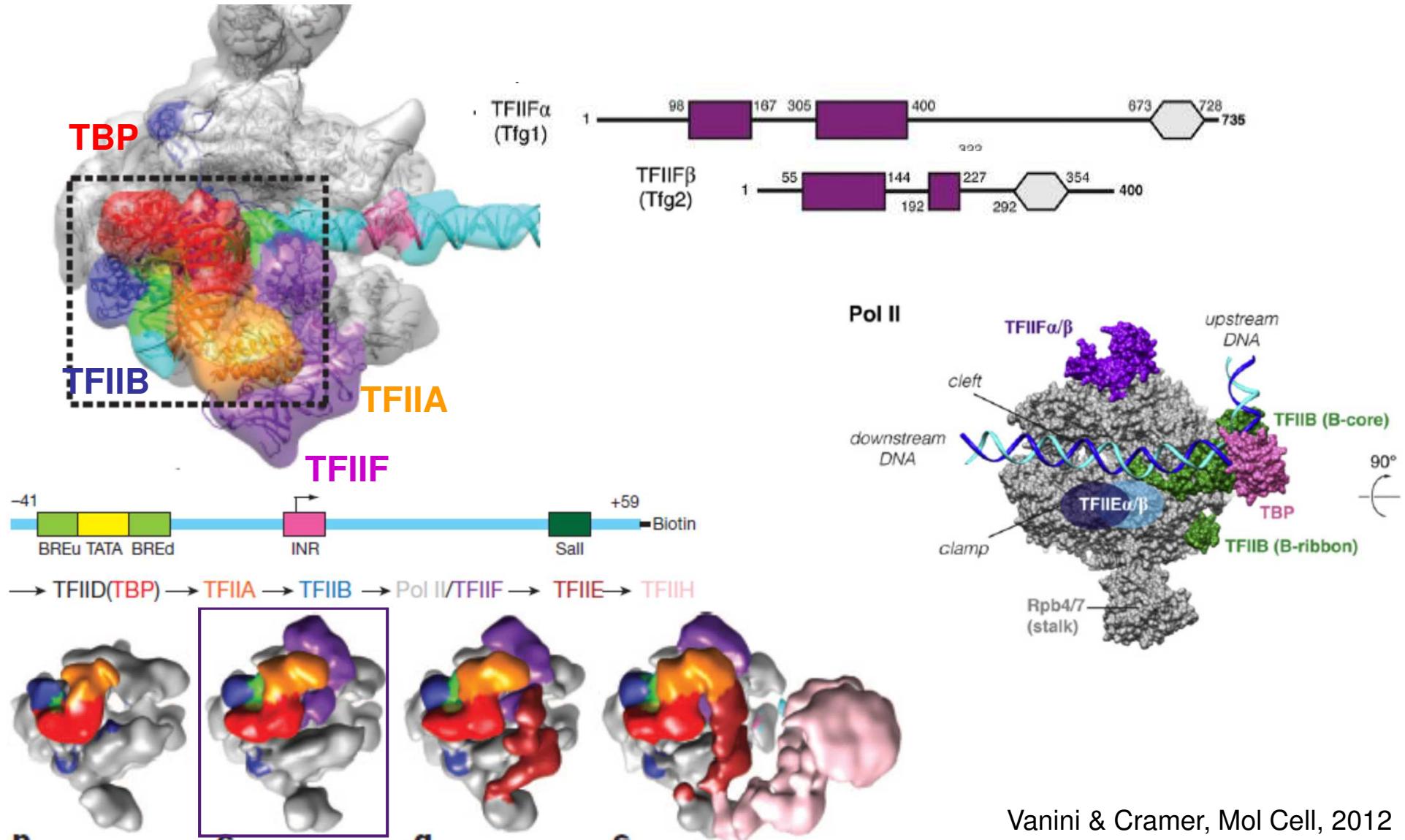
**TFIIE**

**Table 1. Yeast RNA Polymerase Subunits and Initiation Factor Homologies**

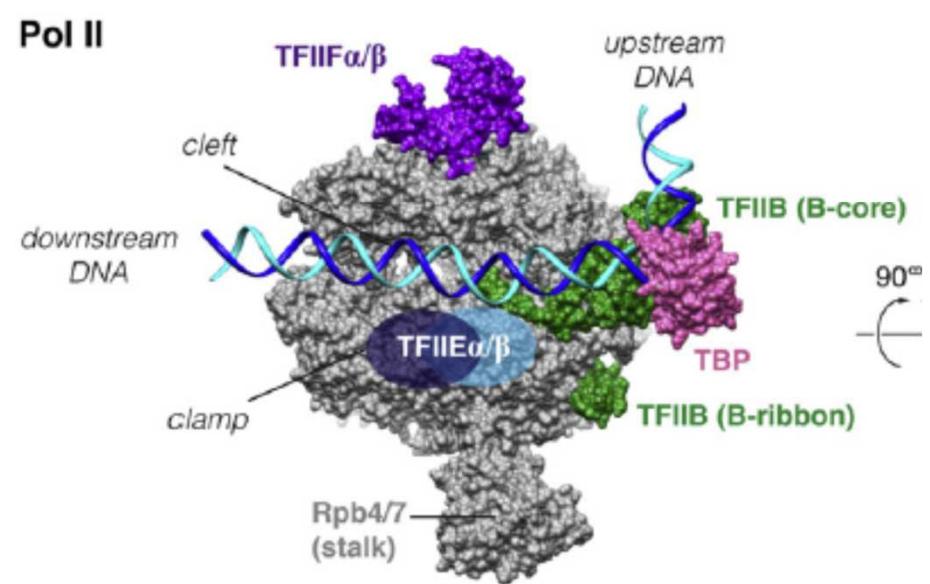
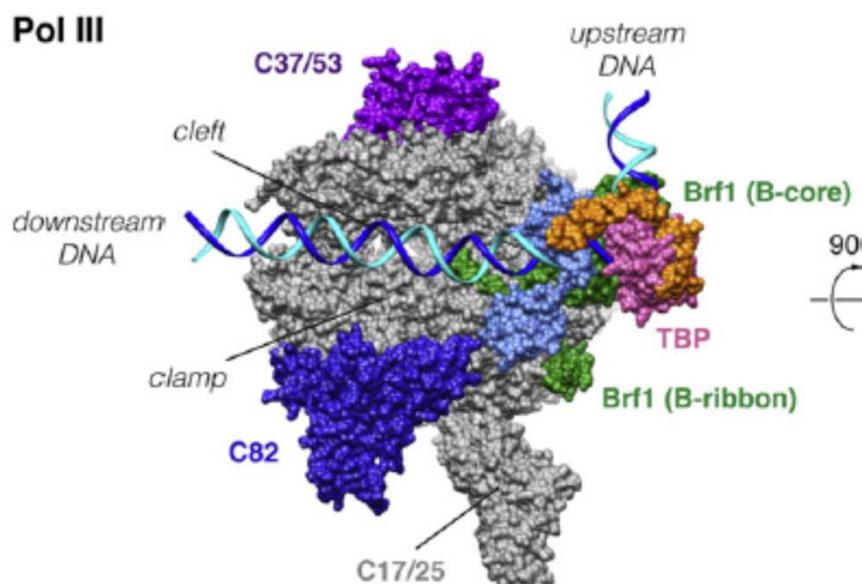
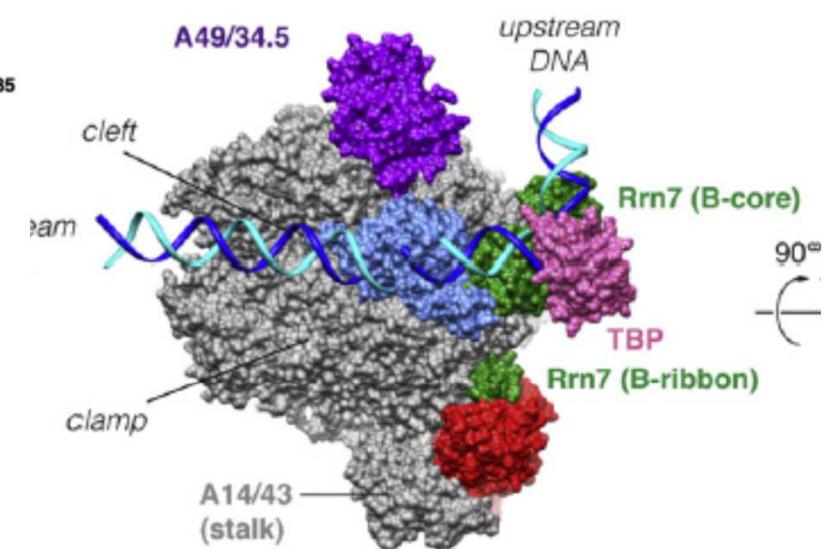
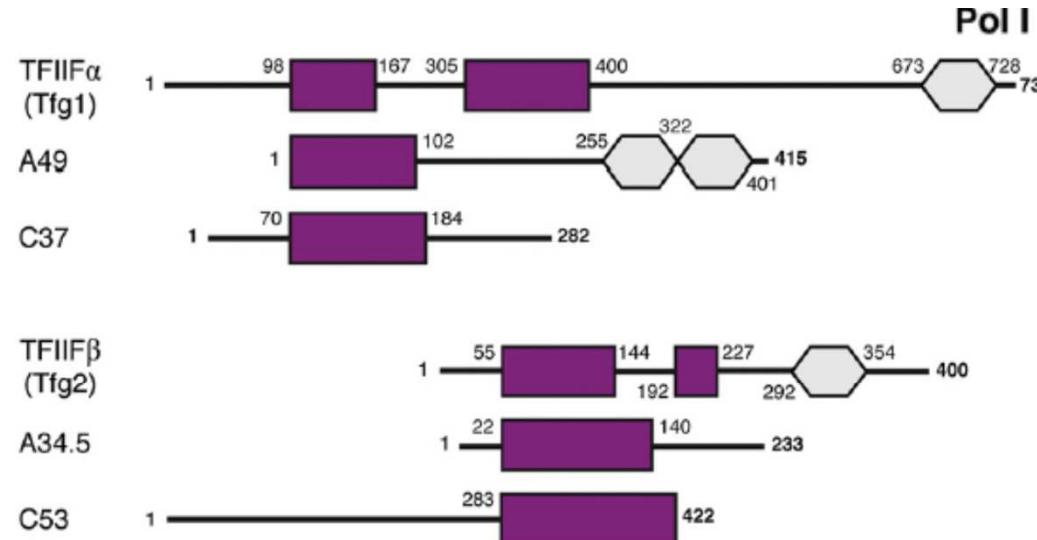
Pol II	Pol I	Pol III	Function
<b>Polymerase Core</b>			
Rpb1	A190	C160	Active center
Rpb2	A135	C128	Active center
Rpb3	AC40	AC40	
Rpb11	AC19	AC19	
Rpb9	A12.2 N ribbon	C11 N ribbon	RNA cleavage
TFIIS C-ribbon <sup>a</sup>	A12.2 C ribbon	C11 C ribbon	RNA cleavage
Rpb5	Rpb5	Rpb5	
Rpb6	Rpb6	Rpb6	
Rpb8	Rpb8	Rpb8	
Rpb10	Rpb10	Rpb10	
Rpb12	Rpb12	Rpb12	
<b>Polymerase Stalk</b>			
Rpb4	A14	C17	Initiation complex formation
Rpb7	A43	C25	Initiation complex formation



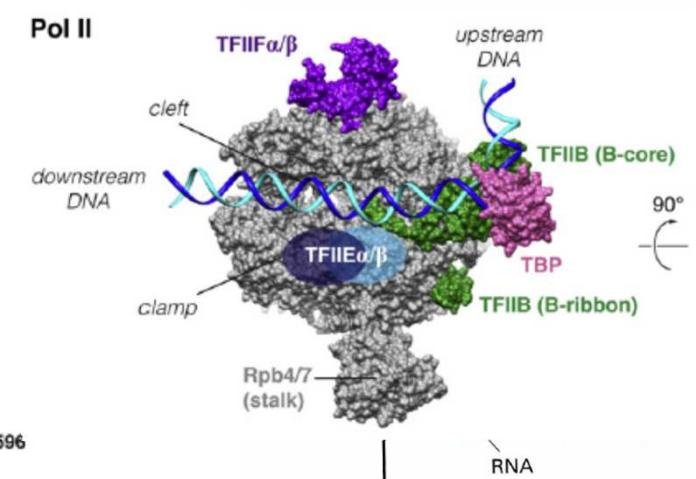
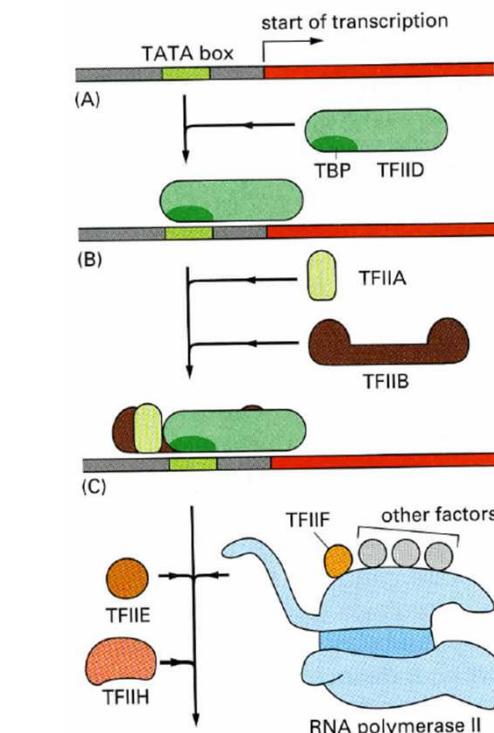
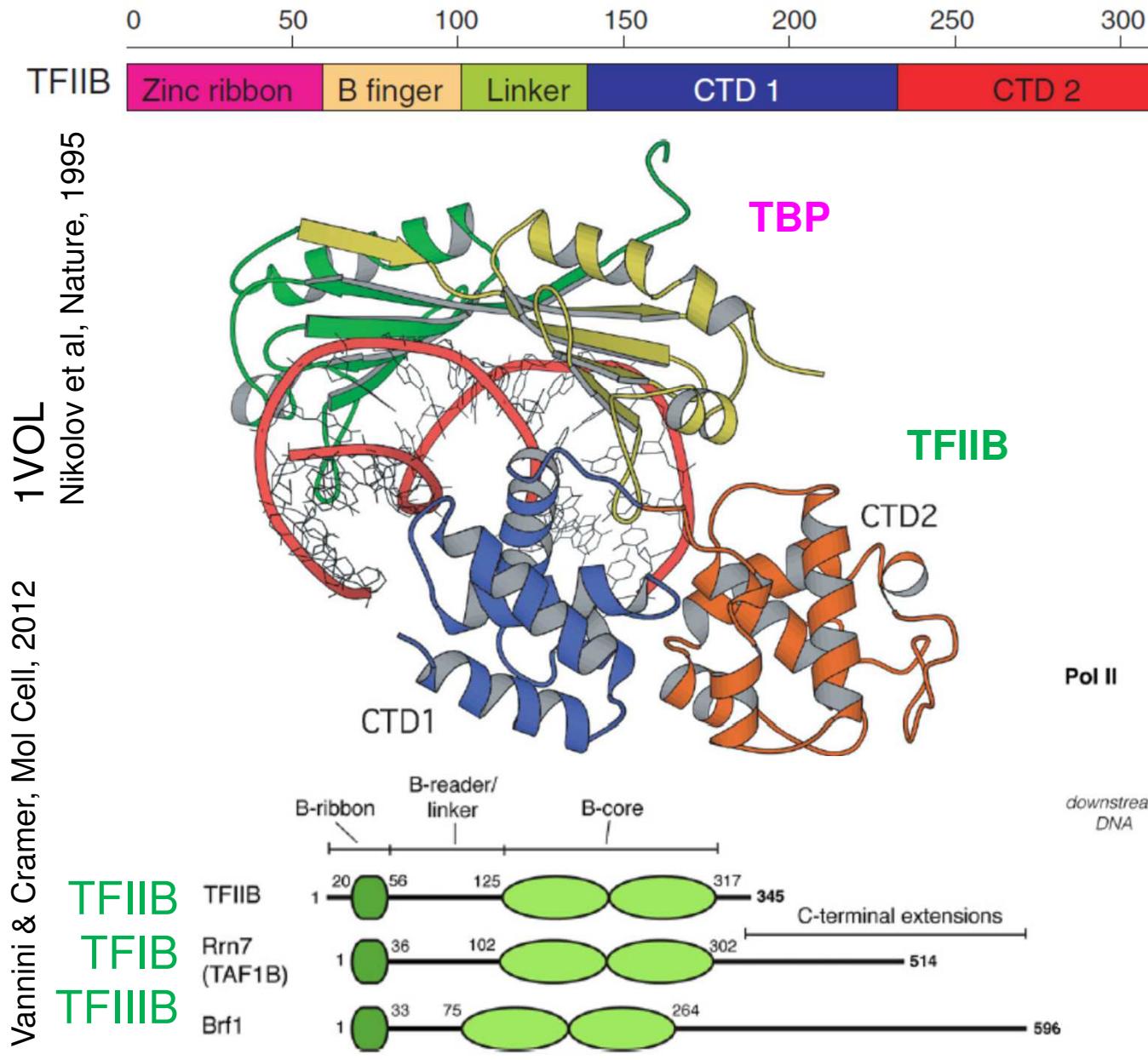
- **TFIIF** se váže na pol II, stabilizuje DNA v prohlubni/cleft pol II a pomáhá TFIIB s nastavením startu
- v pol I a III jsou paralogy TFIIF součástí komplexu polymerázy

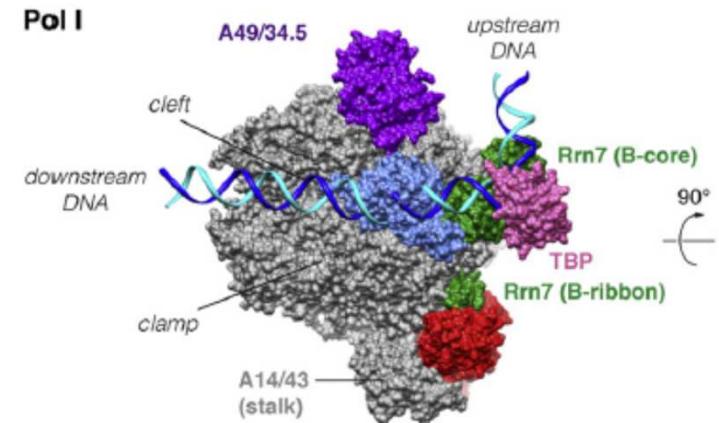
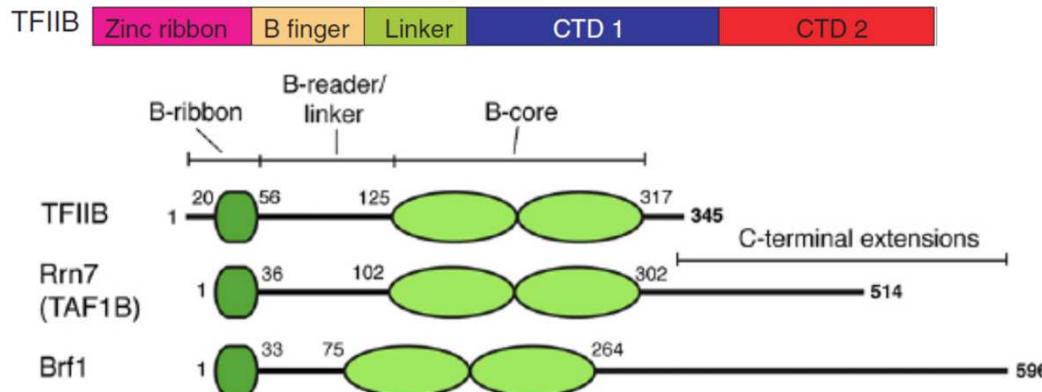


- **TFIIF** se váže na pol II, stabilizuje DNA v prohlubni/cleft pol II a pomáhá TFIIB s nastavením startu
- v pol I a III jsou paralogy TFIIF součástí komplexu polymerázy

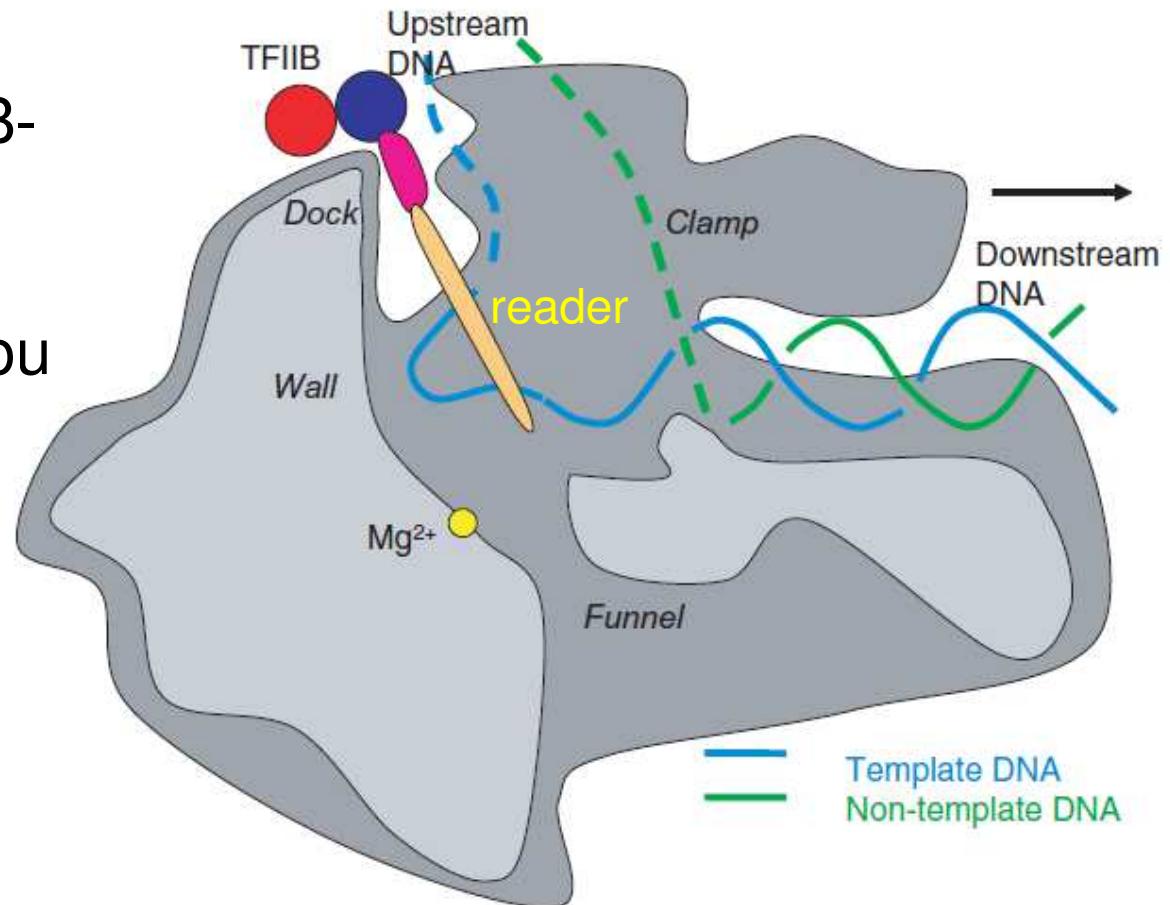


- TFIIB (C-konec) váže TBP a 6-7bp up- a downstream od ohybu DNA přes cukrfosfátovou kostru (kolem TATA boxu)

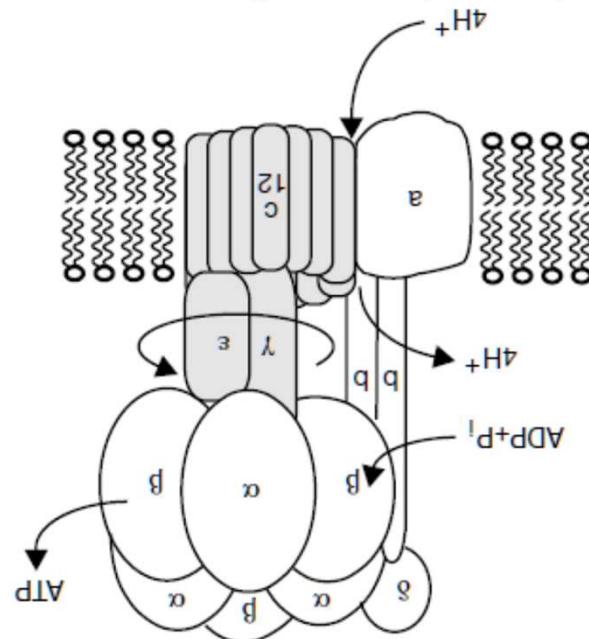
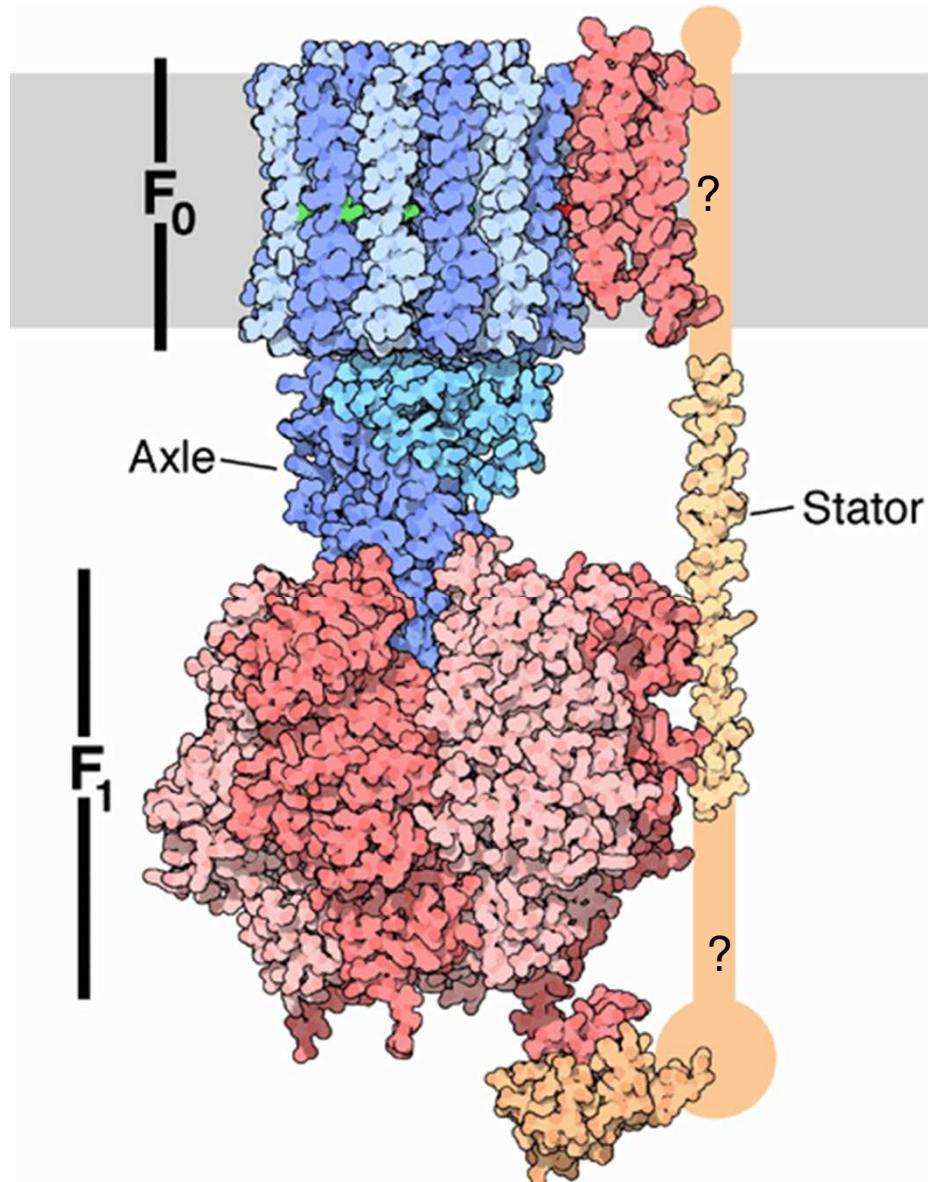




- Zn-ribbon s dock, B-finger/reader RNA tunel, B-core/CTD1 s wall, B-finger/reader s CC clamp
- podobné natolik, že vážou stejné TBP a mohou být zaměněny pro kteroukoli polymerásu – zatímco **reader** je specifický pro určitou polymerásu

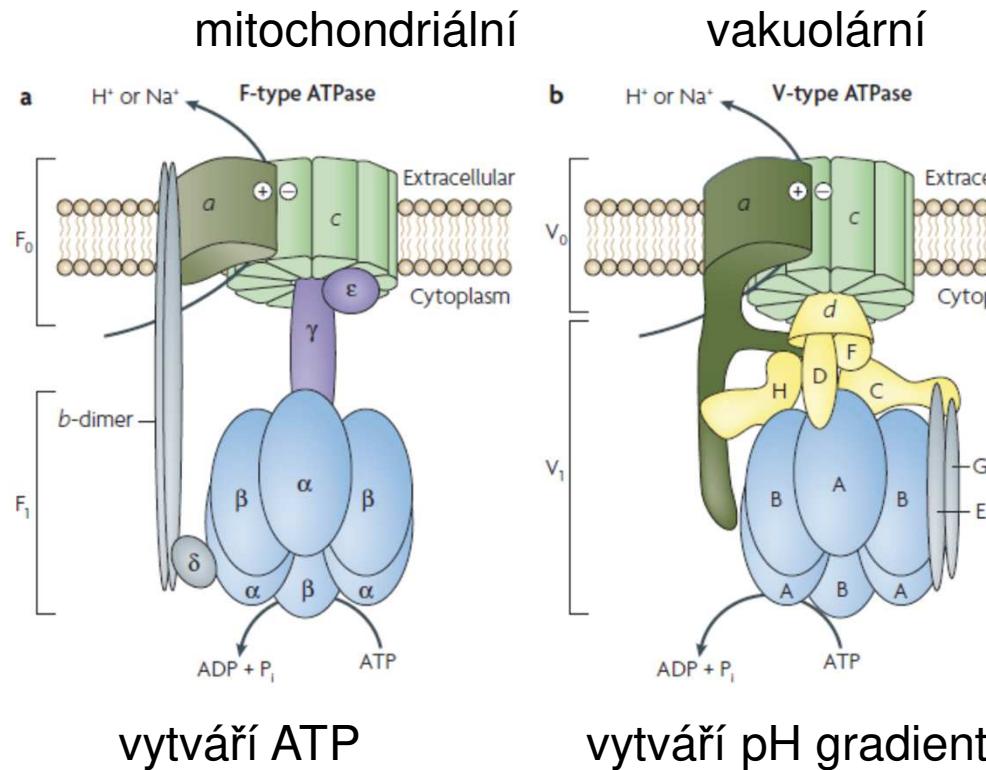


Molekula měsíce v prosinci 2005  
Rastogi & Girvin, Nature, 1999



F<sub>0</sub> je protonový motor (uložen v membráně) poháněný tokem vodíkových iontů (z dýchacího řetězce) přes membránu. Tento rotor je spojen s druhým F<sub>1</sub> chemickým motorem poháněným ATP (nebo vyrábějícím ATP). Oba motory jsou spojeny statorem.

„ATP syntasa je jedním z divů molekulárního světa“. Je to dvojitý molekulární motor – „nanostroj“ – vyrábějící většinu ATP (energie).



podobné proteinové komplexy – tzv. AAA ATPasy jsou součástí jiných komplexů (v jiných procesech):

- sekreční systém (T3SS injectisom)
- pohon bičíků
- „denaturace“ DNA: helikásy (MCM ...)
- v opravě poškozené DNA: Rad51, RecA
- ...

Mulkidjanian et al, NRM, 2007

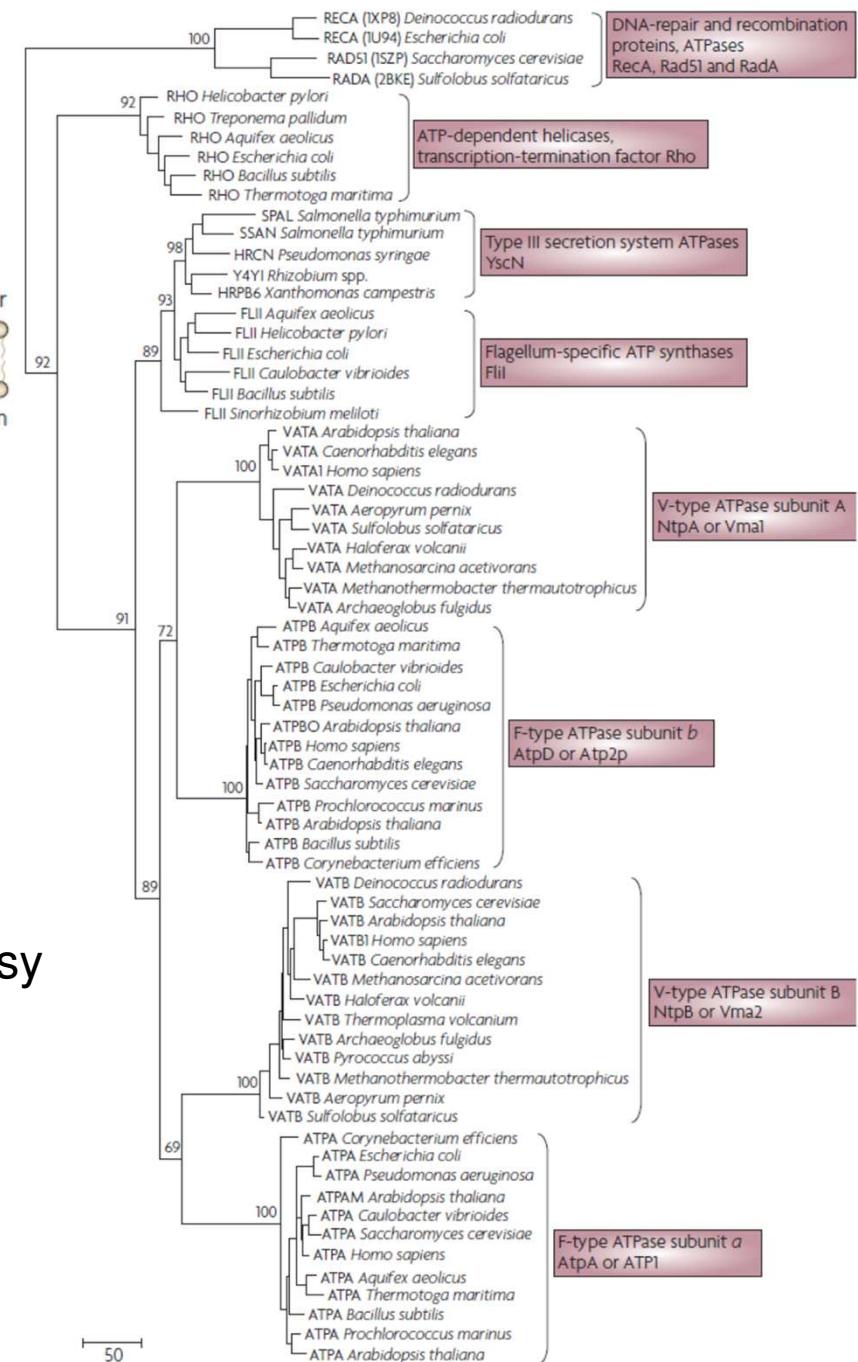
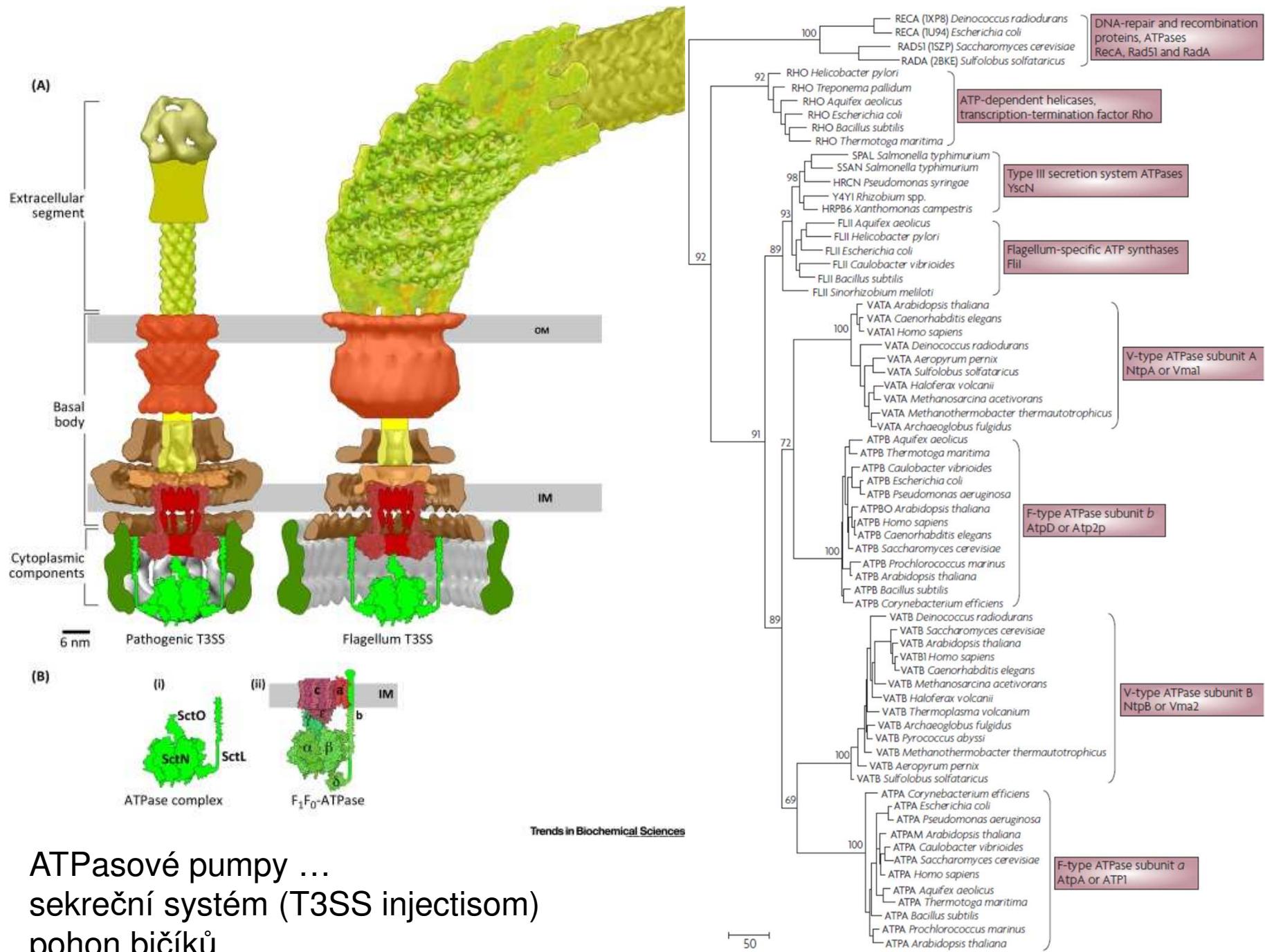


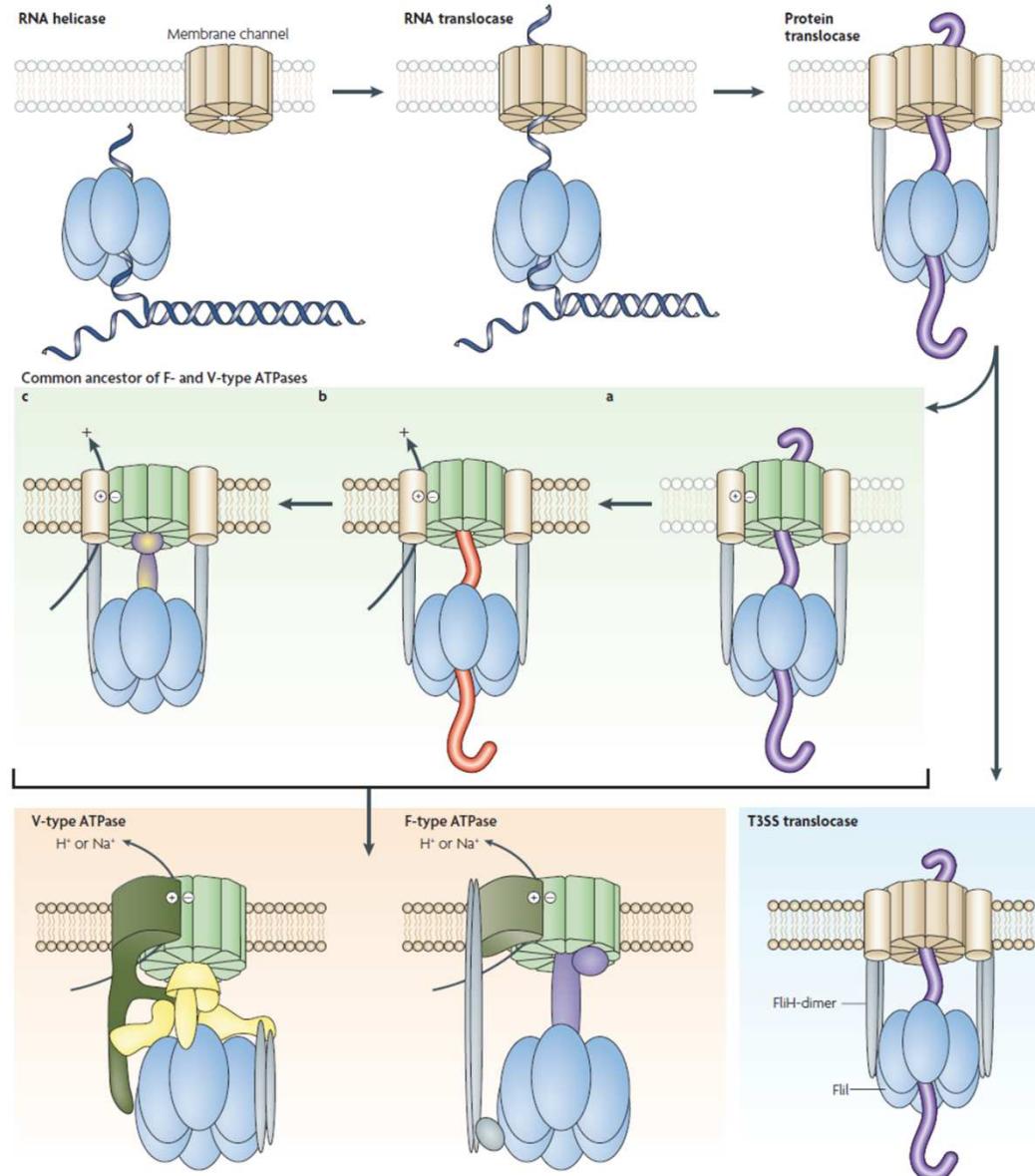
Figure 3 | Phylogenetic tree of the catalytic subunits of the F- and V-type ATPases and related P-loop ATPases. The protein sequences were retrieved from GenBank (for the RecA family, four



- ATPasové pumpy ...
- sekreční systém (T3SS injectisom)
- pohon bičíků ...

Mulkidjanian et al, NRM, 2007

Figure 3 | Phylogenetic tree of the catalytic subunits of the F- and V-type ATPases and related P-loop ATPases. The protein sequences were retrieved from [GenBank](#) (for the RecA family, four



- ... složité komplexy se patrně vyvinuly z RNA helikásy (RNA svět) přes (RNA, protein) translokásy, ATPasové pumpy ...

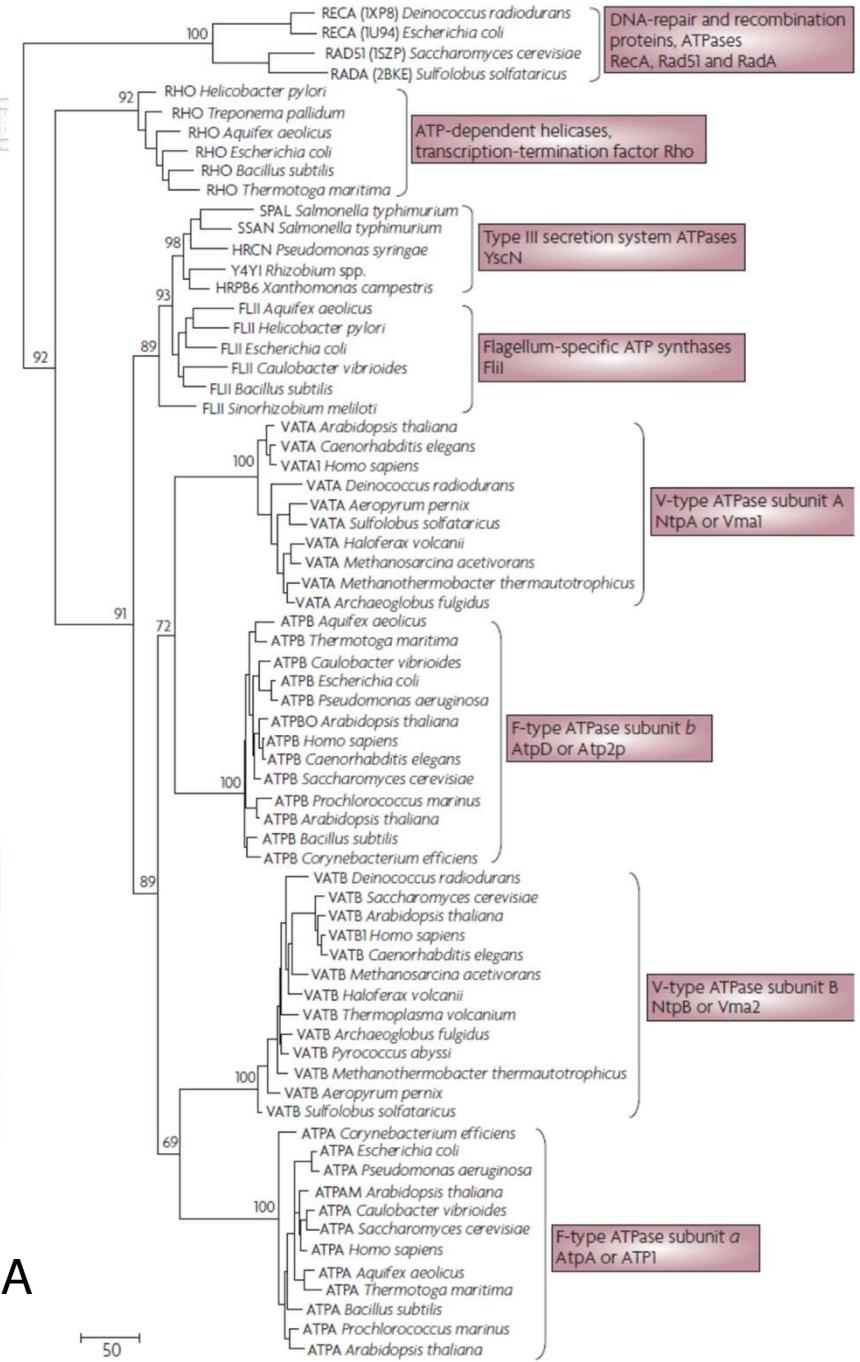


Figure 3 | Phylogenetic tree of the catalytic subunits of the F- and V-type ATPases and related P-loop ATPases. The protein sequences were retrieved from GenBank (for the RecA family, four

# Souhrn

Průběh evoluce je ovlivněn mnoha faktory

- Selekční tlaky udržující funkční a stabilní (dříve vytvořené) komplexy
- Mutace modifikující proteiny/komplexy (drift) jsou eliminovány u esenciálních proteinů
- Zatímco duplikované mohou podléhat mutacím „volněji“
- Duplikace a neofunkcionalizace (mutace) je hnací silou vzniku nových komplexů – funkcí – buněk - organismů

# Souhrn

Průběh evoluce je ovlivněn mnoha faktory

- Selekcí tlaky udržující funkční a stabilní (dříve vytvořené) komplexy
- Mutace modifikující proteiny/komplexy (drift)
- Duplikace a neofunkcionalizace (mutace) je hnací silou vzniku nových komplexů – funkcí – buněk - organismů

## Praktické implikace (pro zkoušku)

- analýza sekvenční podobnosti (stupeň konzervace)
  - napoví o přítomnosti domén (alignment – podobné AMK, doplnit analýzou sek. a terc. struktury)
  - projekce podobnosti do 3D modelu (ConSurf, PatchFinder) - konzervovaná struktura tj. vnitřní AMK držící fold (u ortologů i paralogů)
  - konzervované PPI kontaktní zóny na povrchu proteinu (povrchové AMK jsou konzervované pouze u ortologů – ne u paralogů - pokud jsou v alignmentu i paralogy, pak podobnost neuvidíte)