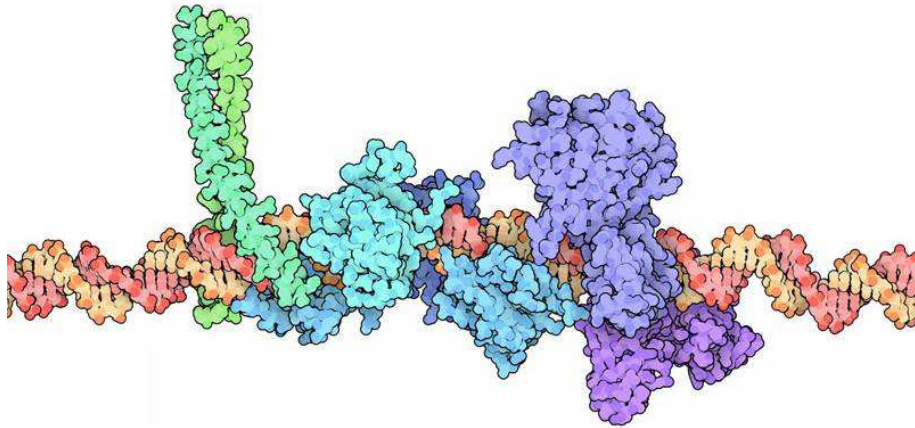


Změna programu přednášek

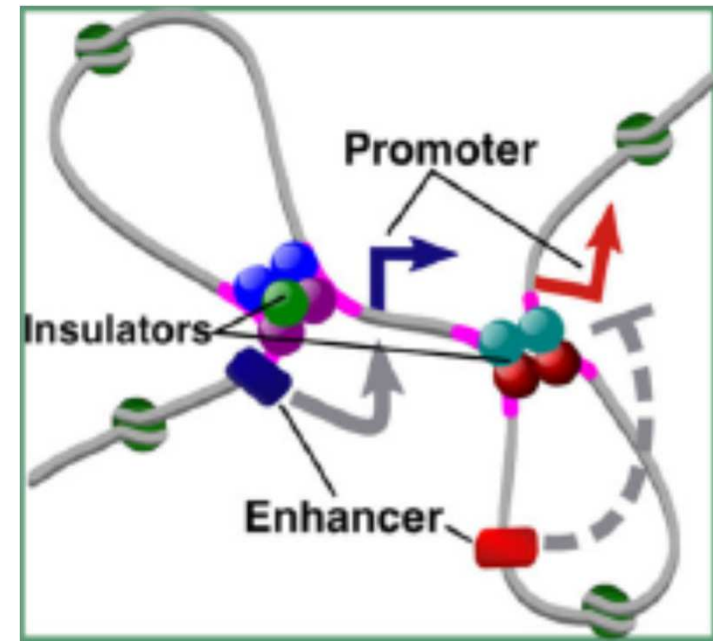
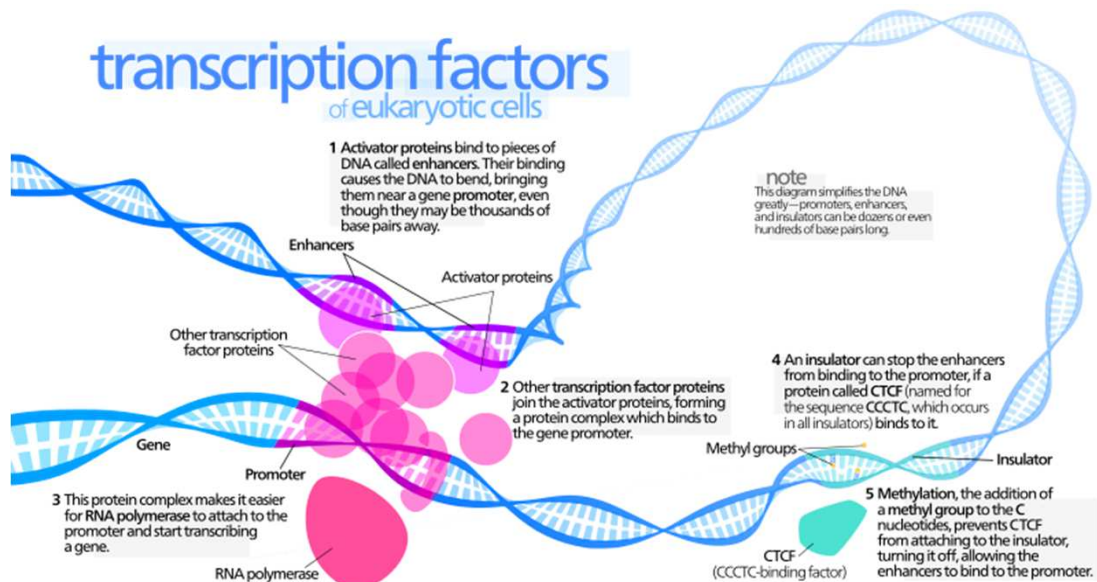
28.03.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	doc. Paleček	DNA-proteinové interakce II, transkripční komplexy
04.04.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	Dr. Štefanovie	Replikace DNA
11.04.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	doc. Paleček	Chromatinové komplexy
18.04.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	Dr. Šebesta	Oprava DNA, homologní rekombinace
25.04.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	doc. Paleček	Evoluce proteinových komplexů
02.05.2024	10-11.30 hod	C2-2.11	Mgr. Jemelková	Přehled nástrojů pro bioinformatickou analýzu komplexů
09.05.2024	9.30-12.00 hod	C2-2.11	doc. Paleček	zkouška (test + prezentace)?

Komplexy spojené s transkripcí

DNA-vazebné motivy specifických transkripčních faktorů
Obecné TFII komplexy, histon ... a proces transkripce

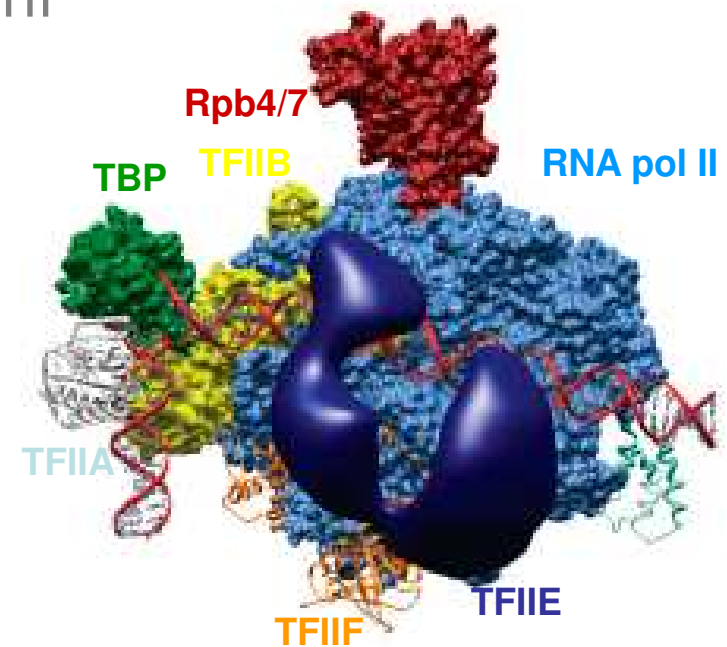


- velký žlábek DNA má velikost odpovídající rozměrům α -šroubovice a má exponované donor/akceptor skupiny
- nejčastěji interaguje Arg (pozitivní náboj + vodíkové vazby)

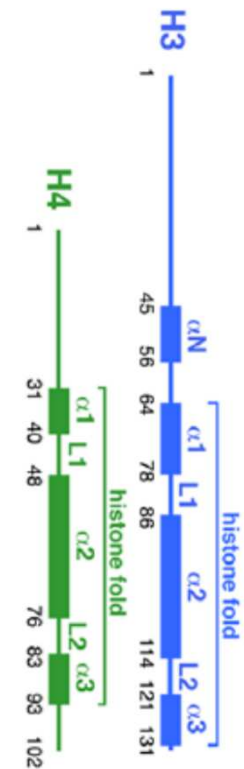
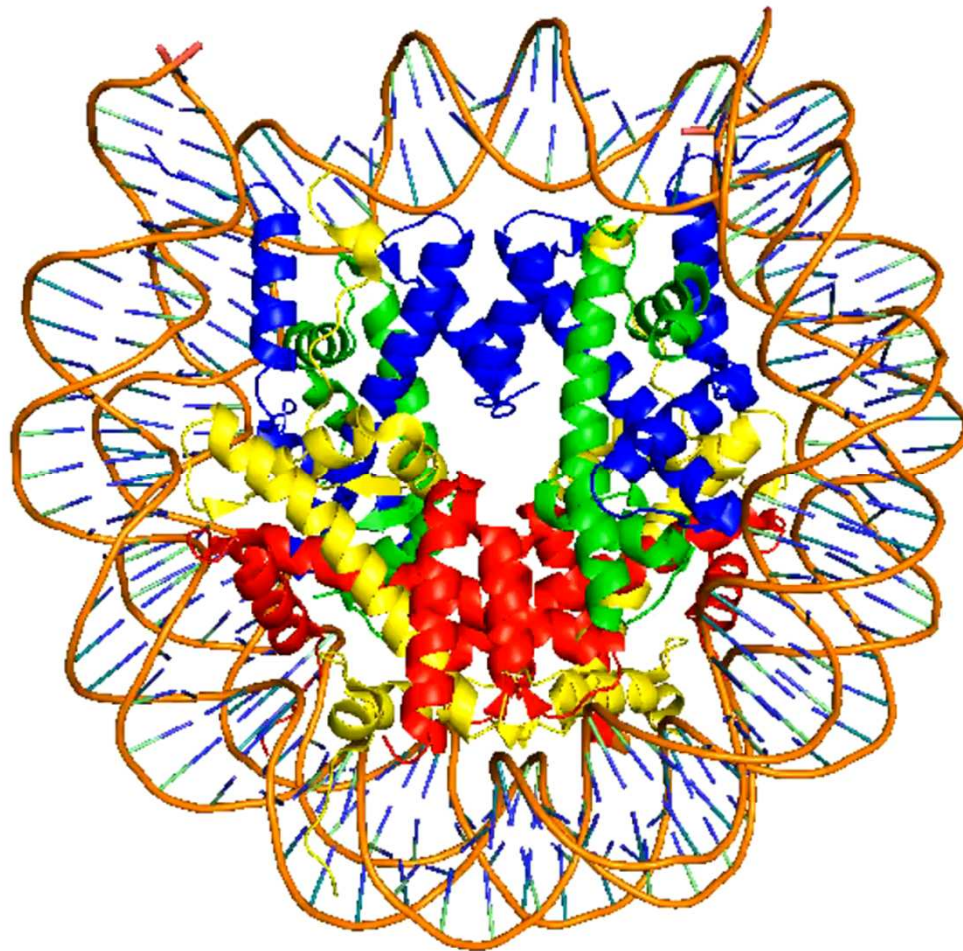


- **Zipper typ** – Jun-Fos
- **Helix-turn-helix** – H1, TALEN
- **Zinkový prst** – genome editing, GAL4
 - Velký žlábek DNA má velikost odpovídající rozměrům α -šroubovice a má exponované vazebné skupiny
 - Nejčastěji interaguje **Arg** (pozitivní náboj + vodíkové vazby)
- **Histon, HMG-box**
- **β -barrel**
- **β -hairpin/ribbon**
- **Smíšené α/β**

iniciace transkripce – skládání komplexů



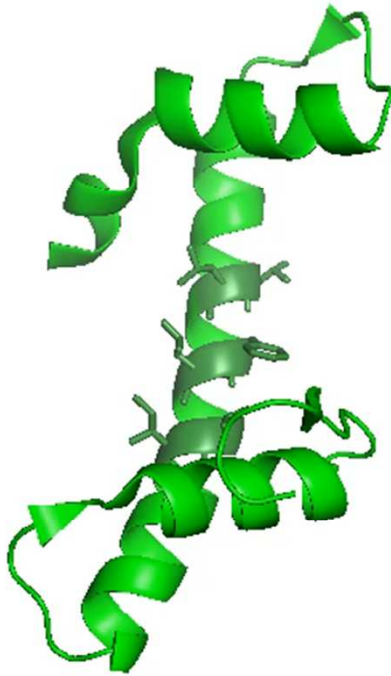
- **histony** vážou DNA sekvenčně nespecificky
- histonové podjednotky (H2A, H2B, H3, H4) obsahují svazky 3-4 šroubovic skládaných kolmo na sebe (**histon fold**)
- DNA se obtáčí kolem válcovitého oktameru (2x4 histony)
- šroubovice se vážou na cukrfosfátovou kostru DNA



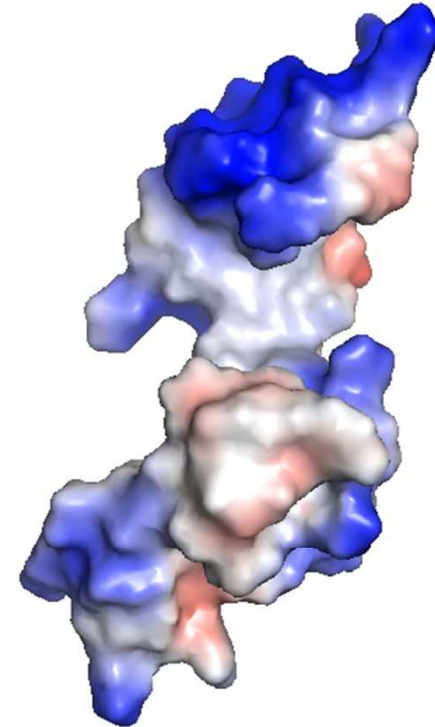
PDB: 3AFA

Histon fold H4

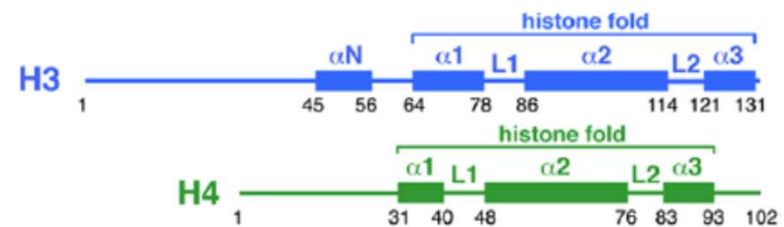
www.BANDICAM.COM



www.BANDICAM.COM

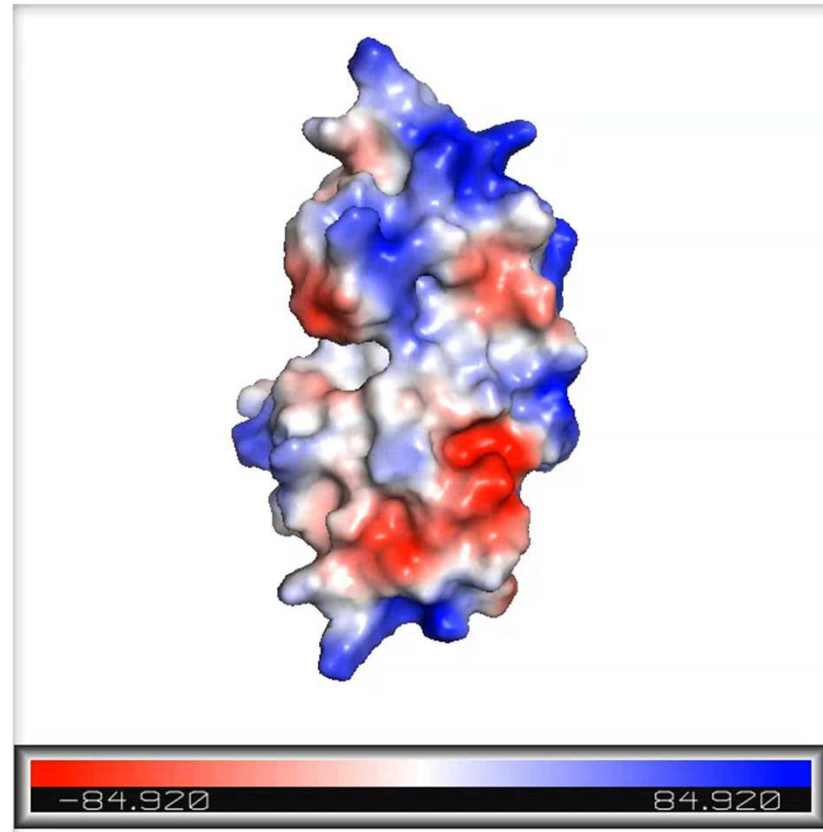
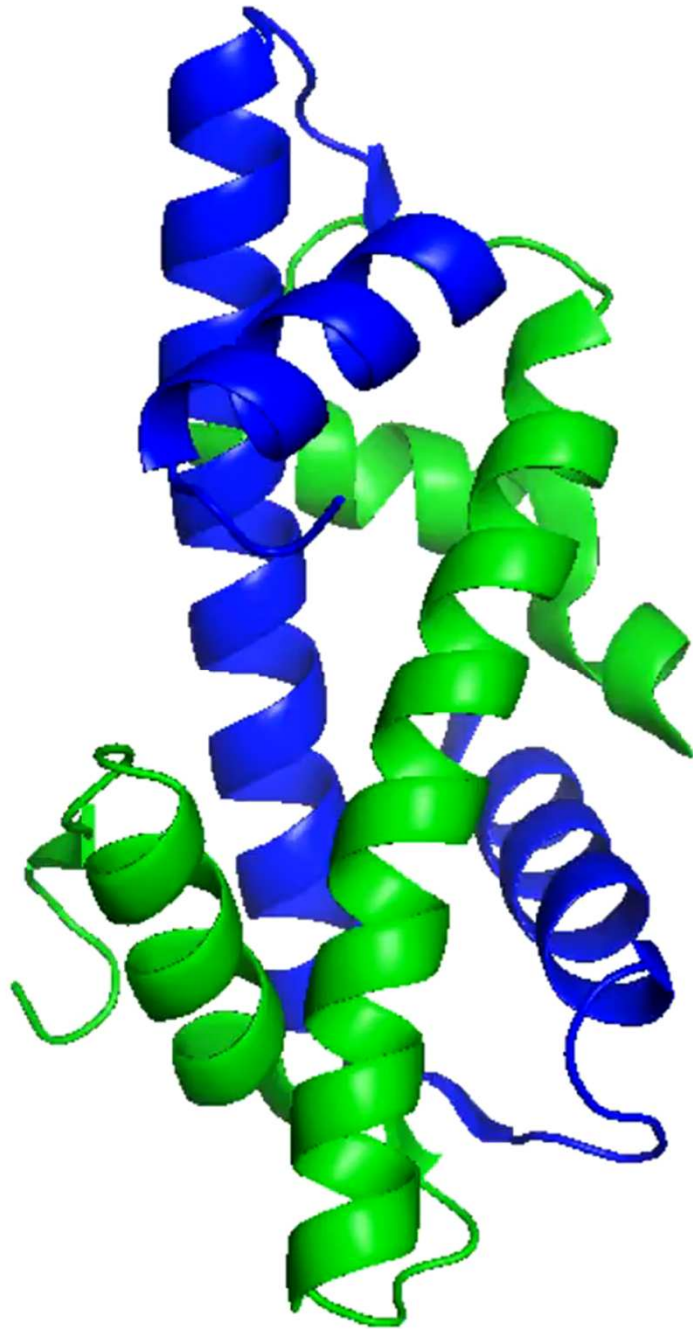


Povrch kapsy (kontakt) tvoří hydrofobní AMK
Vrchní část má pozitivní náboj – vazba DNA

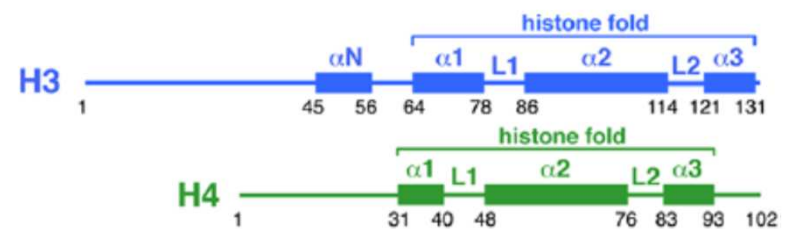


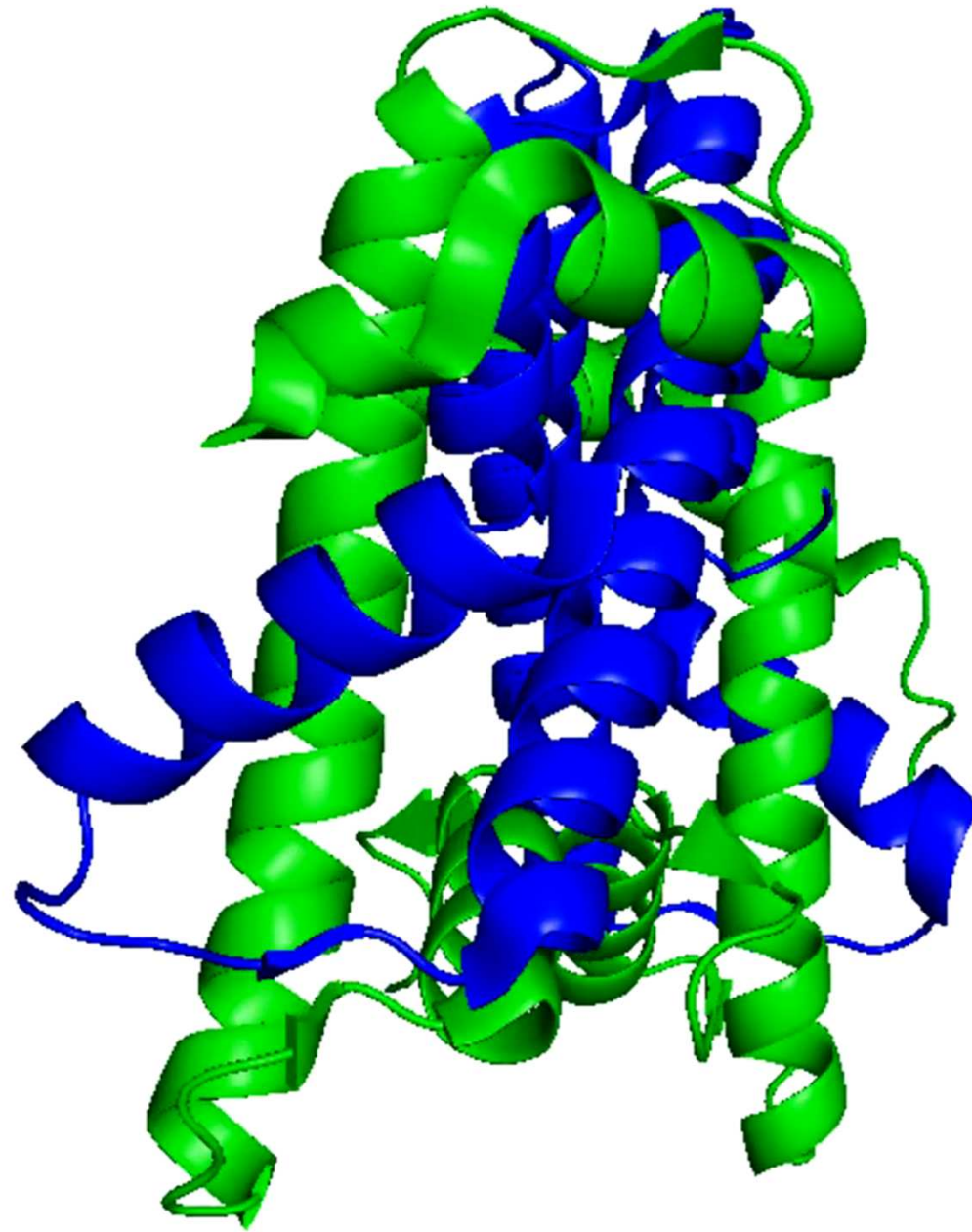
Histon fold

H3-H4 dimer

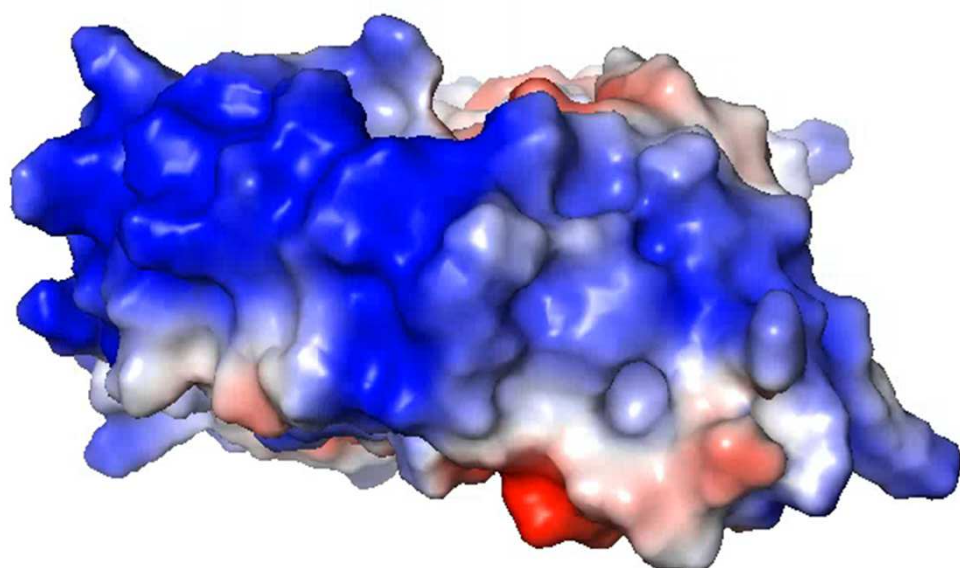


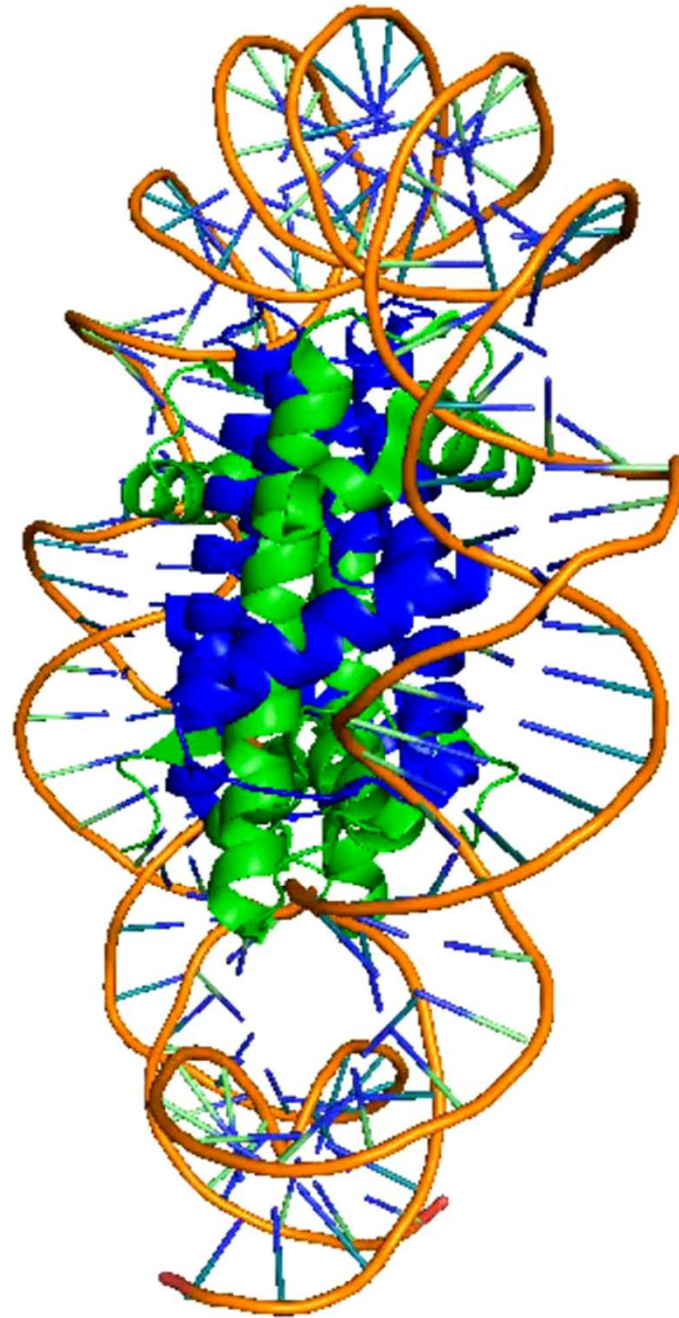
Povrch/kontakt tvoří lysiny a argininy



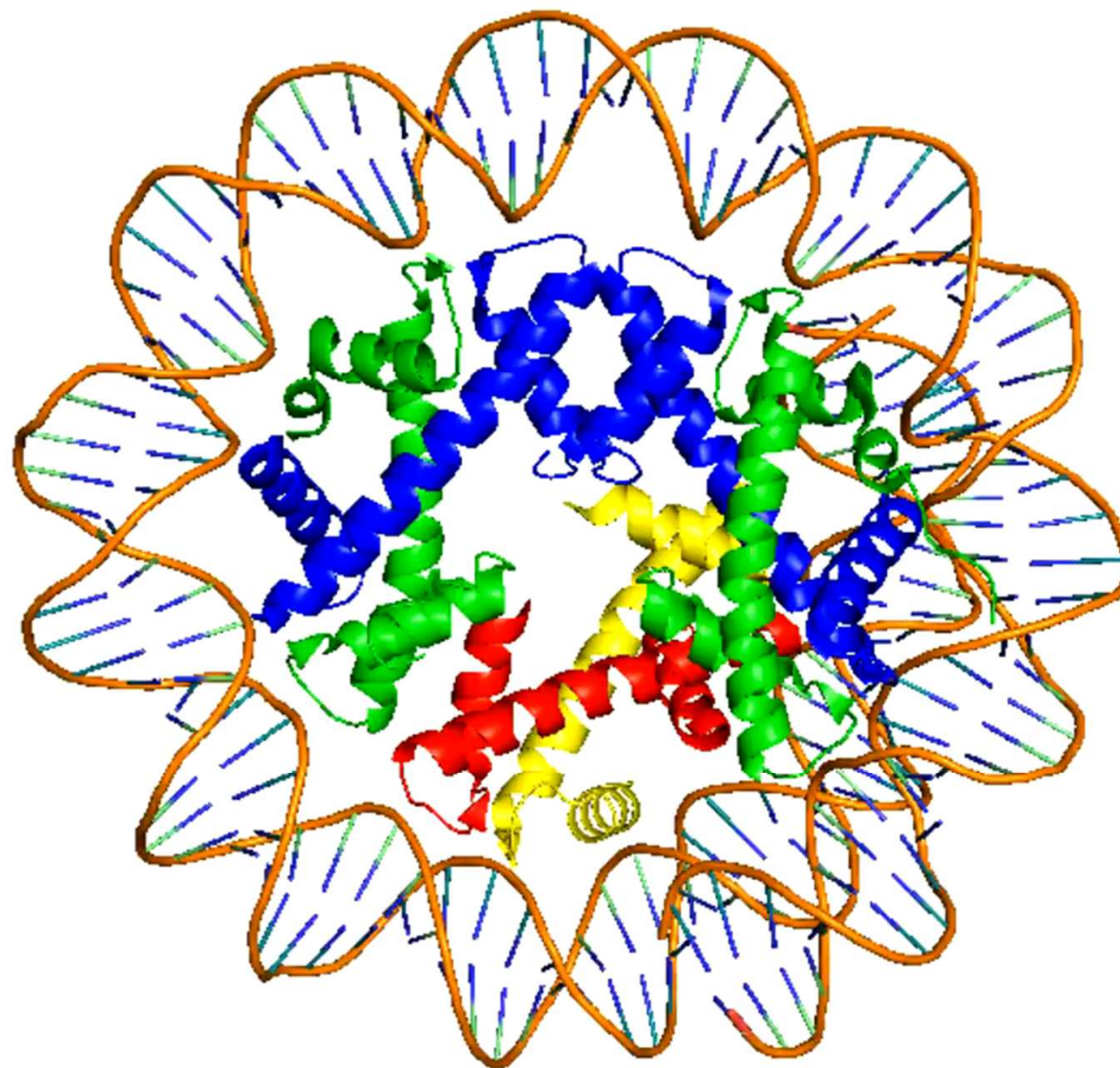


- H3-H3 interakce = (H3-H4)₂ tetramer

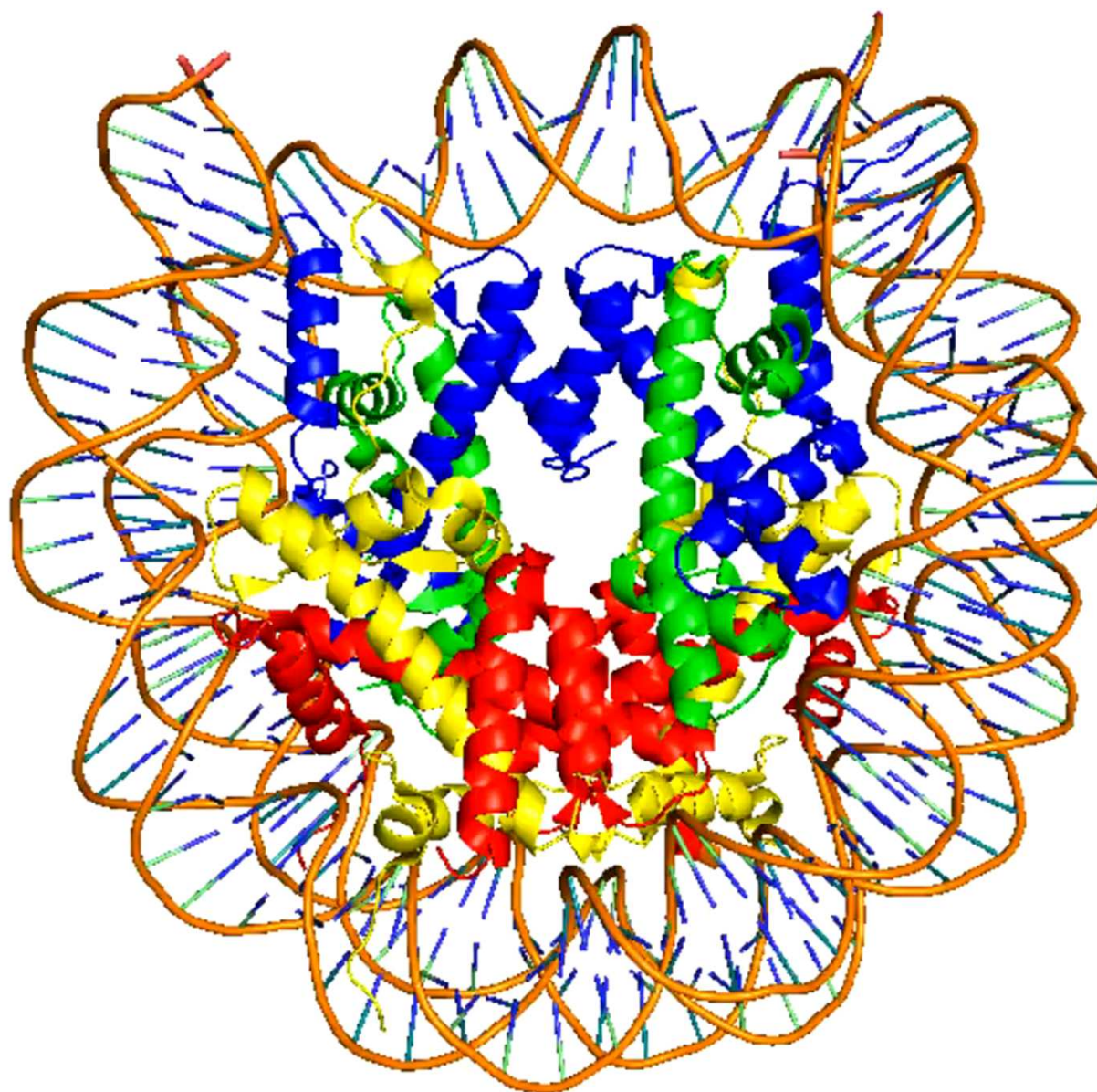




- H3-H3 interakce = (H3-H4)₂ tetramer – vazba na DNA



- H3-H3 interakce = (H3-H4)₂ tetramer
- dimery H2A-H2B (H2B – váže H4)



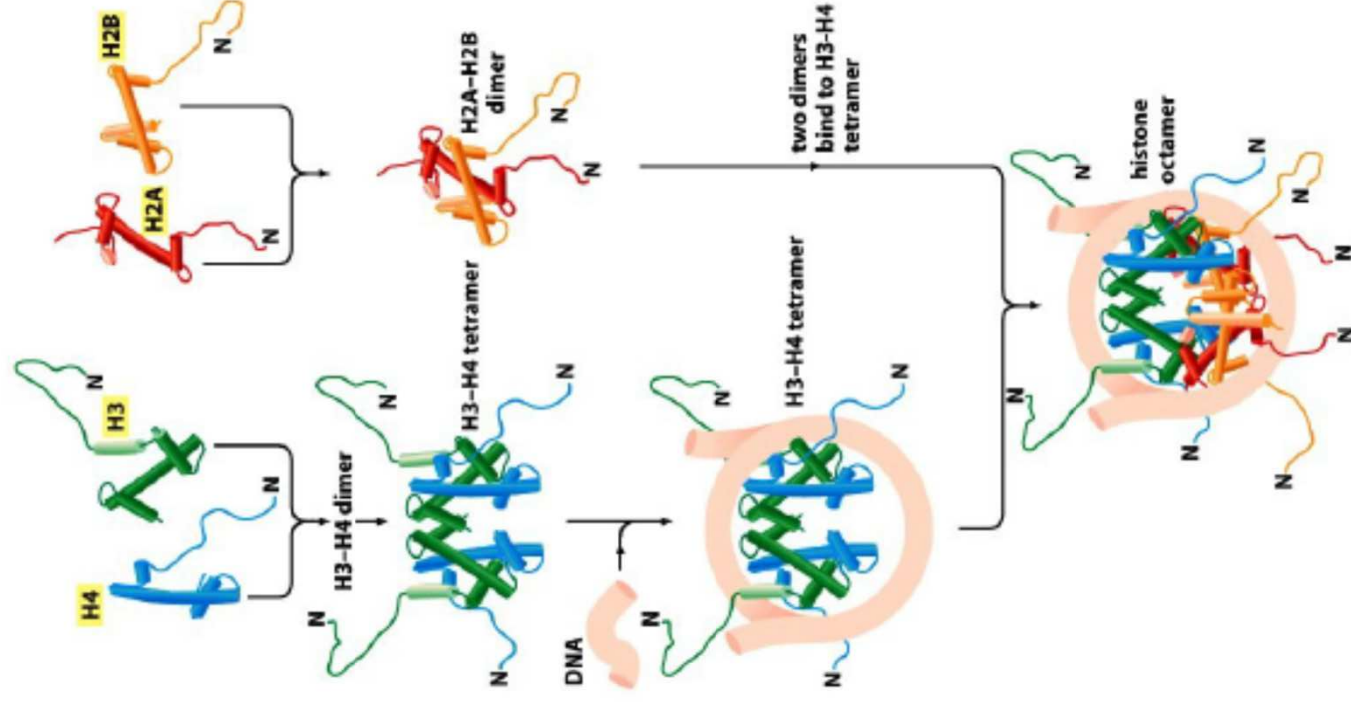
- H3-H3 interakce = (H3-H4)₂ tetramer
- dimery H2A-H2B (H2B – váže H4)

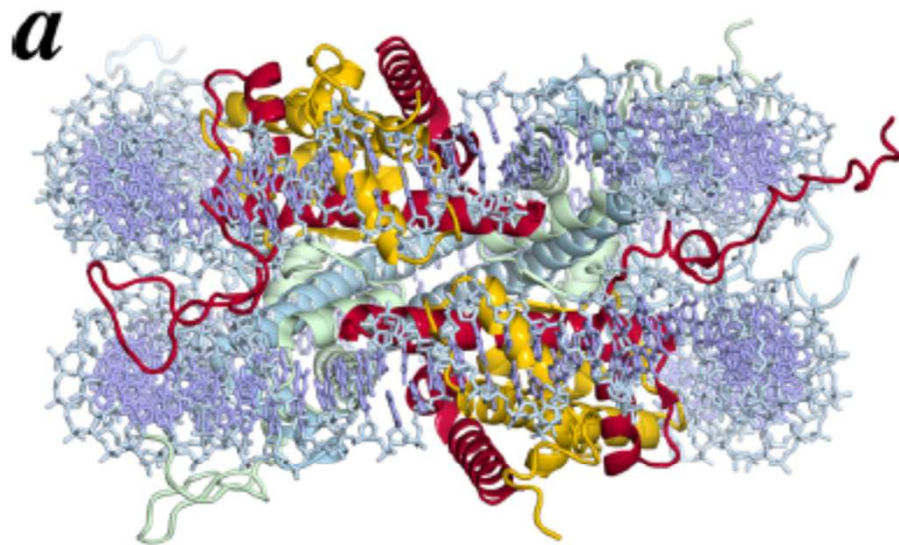
3AFA

Sestavování nukleozomu:

klíčová interakce mezi dvěma H3-H4 dimery je zprostředkována histonem H3

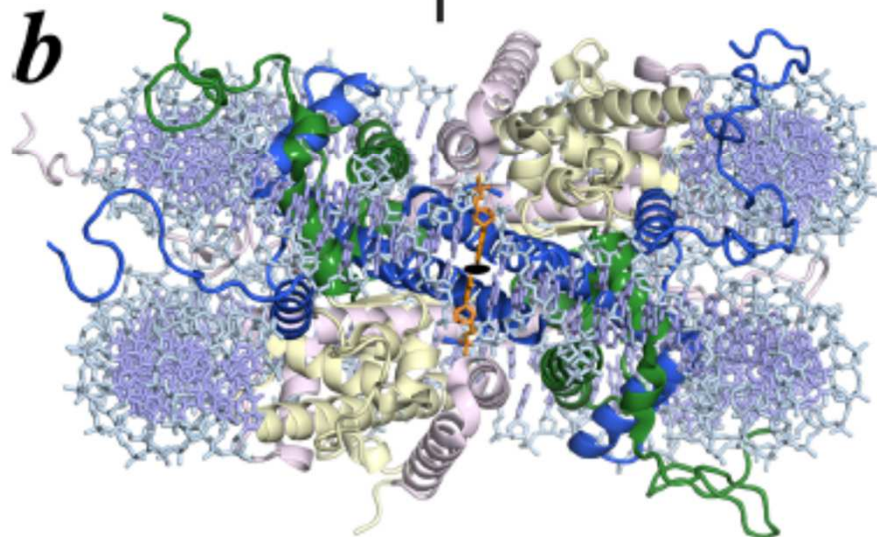
Dimery H2A-H2B se vážou následně z obou stran tetrameru $(H3-H4)_2$



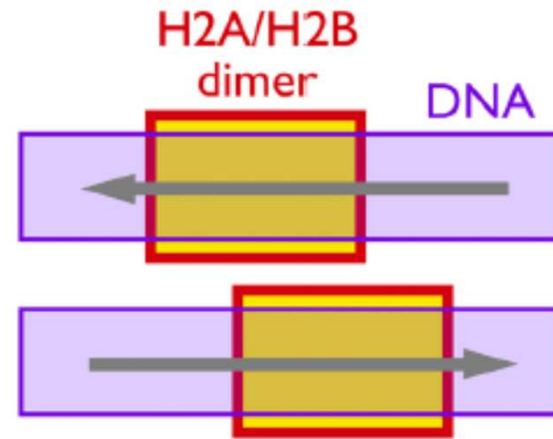


■ H3 ■ H4 ■ H2A ■ H2B ■ DNA

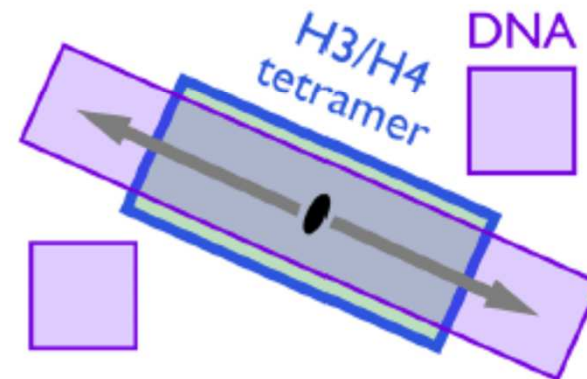
↻ 180°



■ H3 ■ H4 ■ H2A ■ H2B ■ DNA



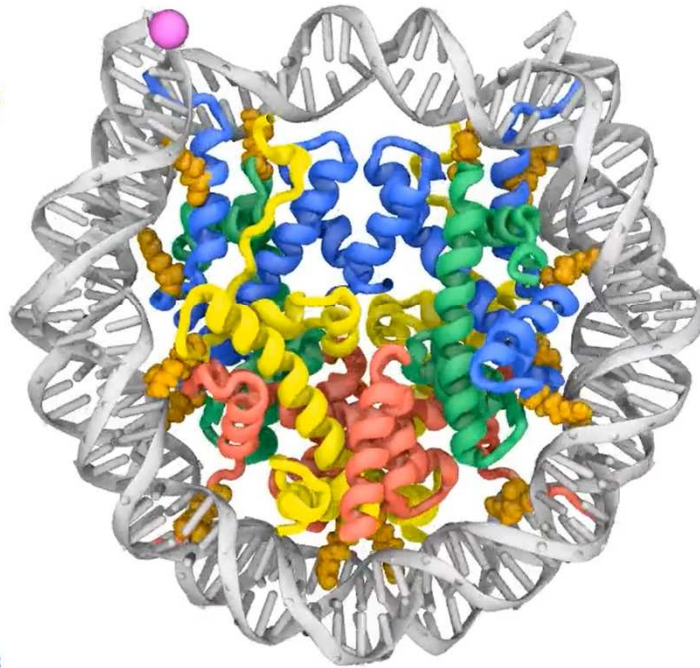
H2A/H2B váže dvě vlákna
H3/H4 váže jedno vlákno, ale
 silněji (více objímá – větší
 kontaktní povrch)



NCP^{tt}₁₄₅

Histones H3
Histones H4
Histones H2A
Histones H2B
Min groove ARG
DNA
05'DNA chain I

www.BANDICAM.com
Obraz v obraze



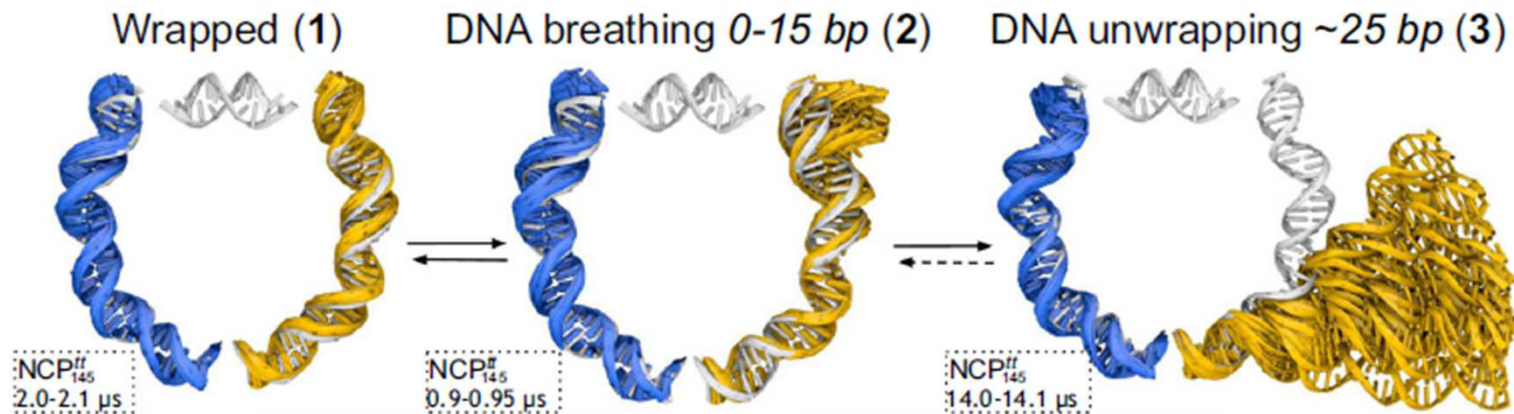
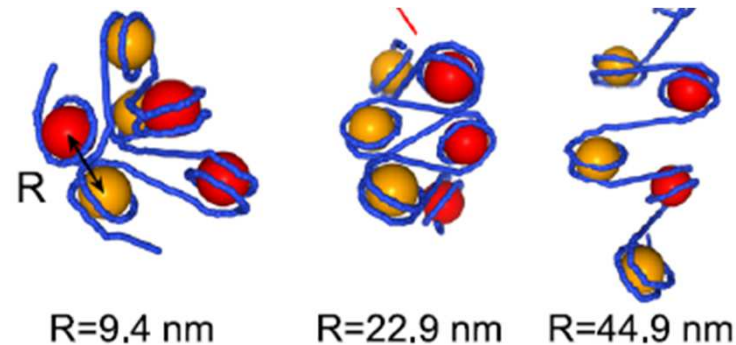
Time: 850.0 ns

Armeev a spol, Nat Com, 2021

konce stabilizují komplex

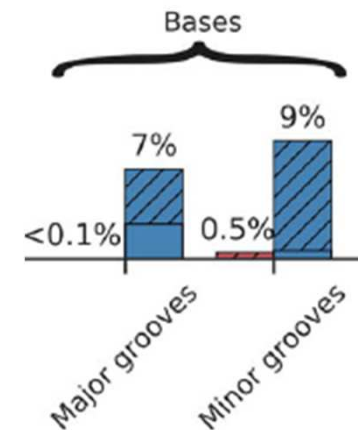
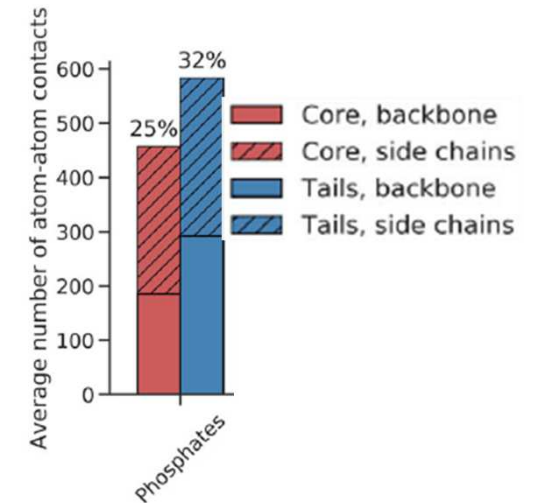
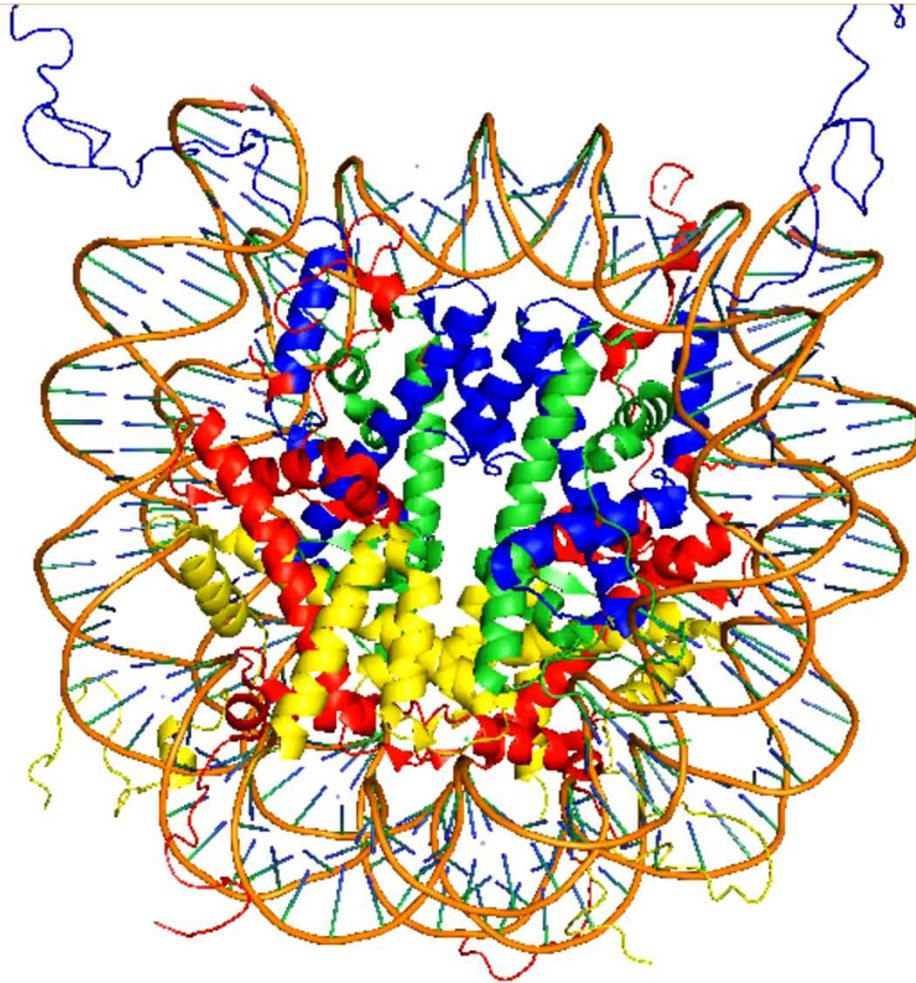
MD: breathing - unwrapping
(spíše se „odbalí“ při oslabení
vazby konců)

i pouhý breathing má velký vliv
na strukturu chromatinu



Konce histonů

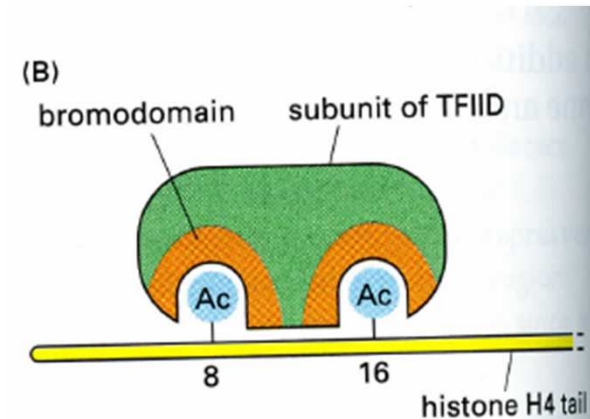
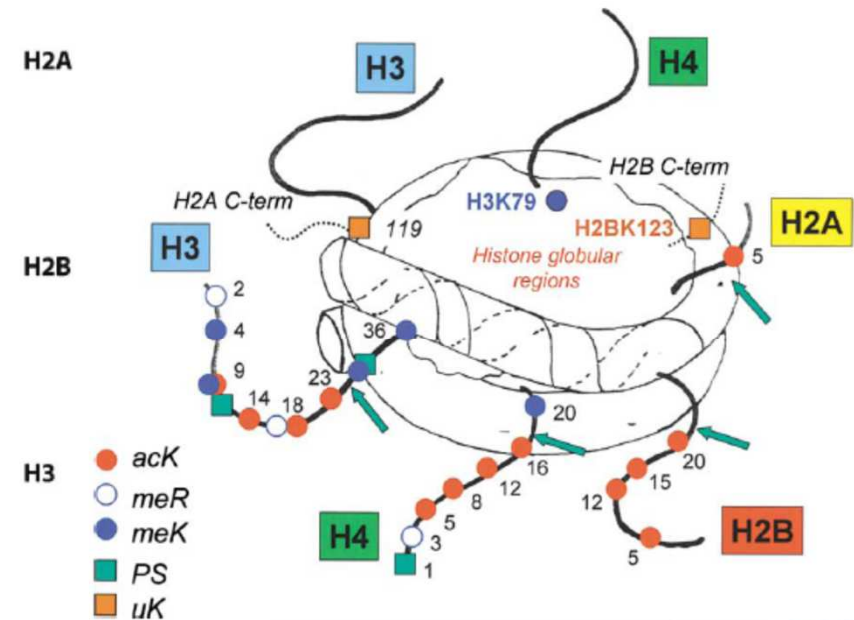
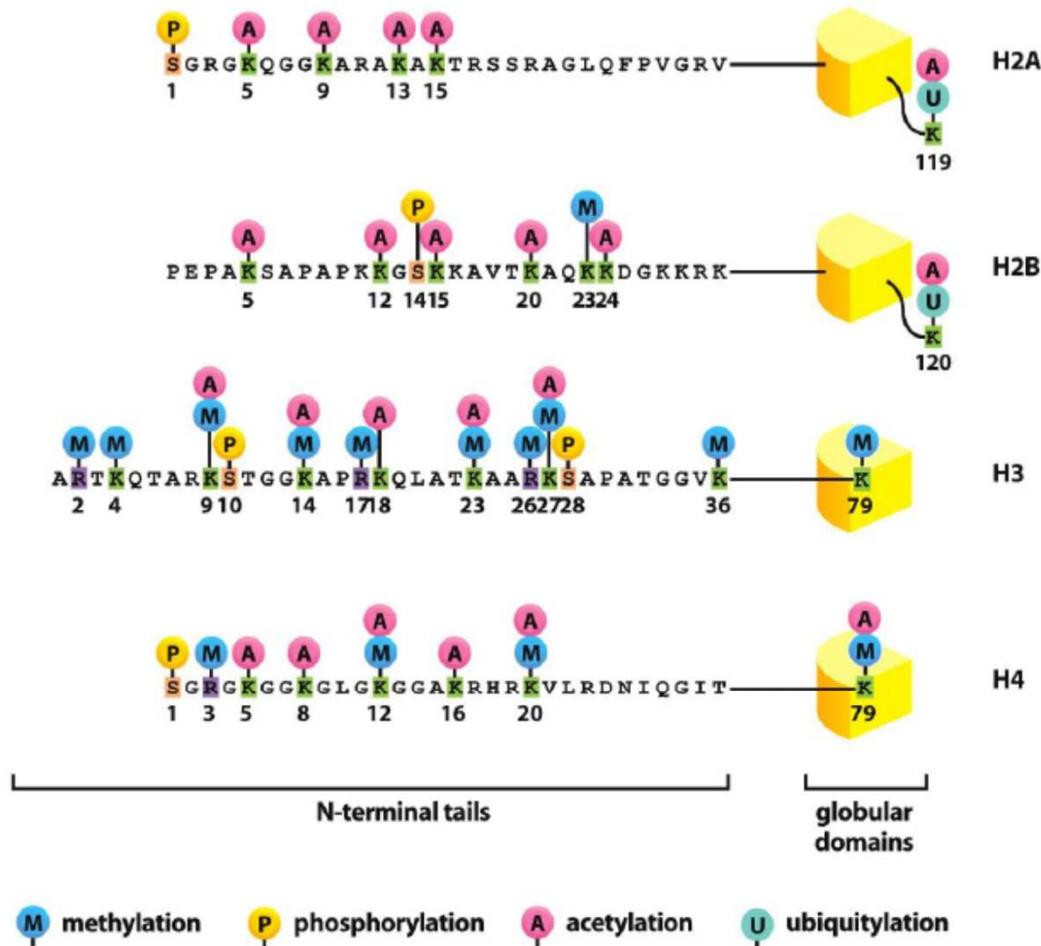
- N- a C-konce histonů vybíhají z jádra nukleosomu a ovlivňují jeho vazbu
- konce vážou velký i malý žlábek (ale nazpůsobují sekvenční preference)



PDB: 1KX5

Modifikace histonů

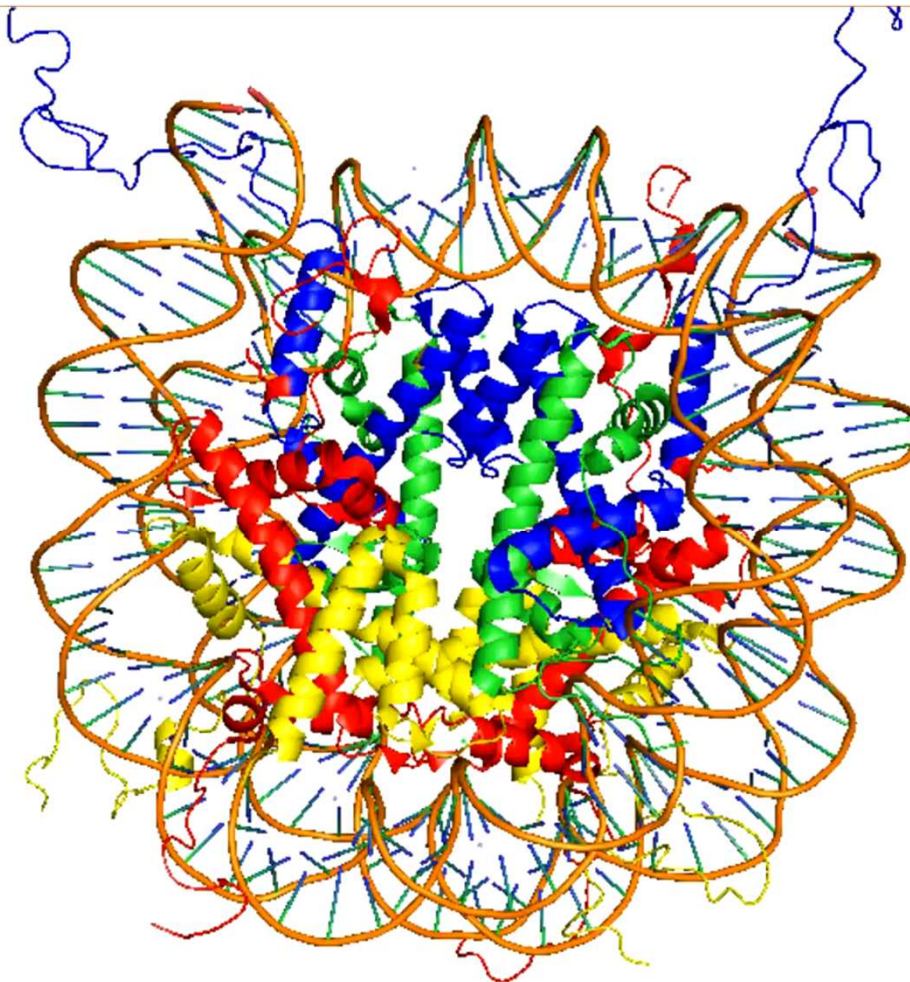
- acetylace lysinu (**H3/K56**) může oslabit interakci s DNA (změna náboje) a rozvolnit vazbu oktameru (zpřístupní DNA pro TF, TBP ... aktivaci transkripce)
- nebo změni interakční povrch pro vazbu proteinu (TFIID váže **Ac-H4/K8, K16** prostřednictvím bromodomény TAF1 proteinu (**reader/writer/eraser**))



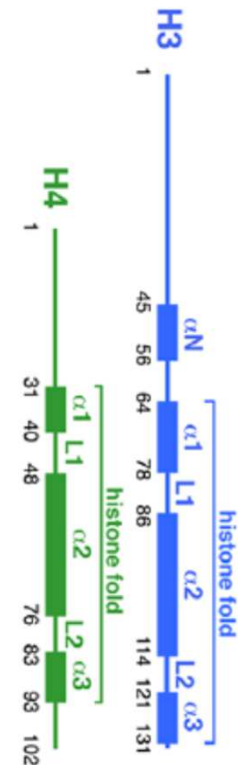
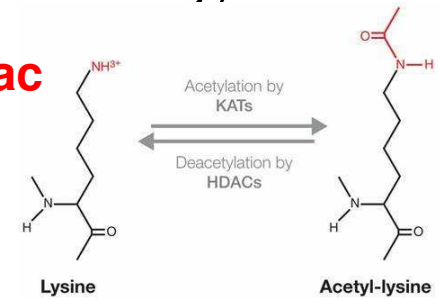
Modifikace histonů – H3K56

- modifikace (např. acetylace) mohou oslabit interakce s DNA a rozvolnit nukleosom (většina modifikací na úplném začátku mimo DNA kontakty) – mohou vázat jiné proteiny (např. bromodoména)

Only



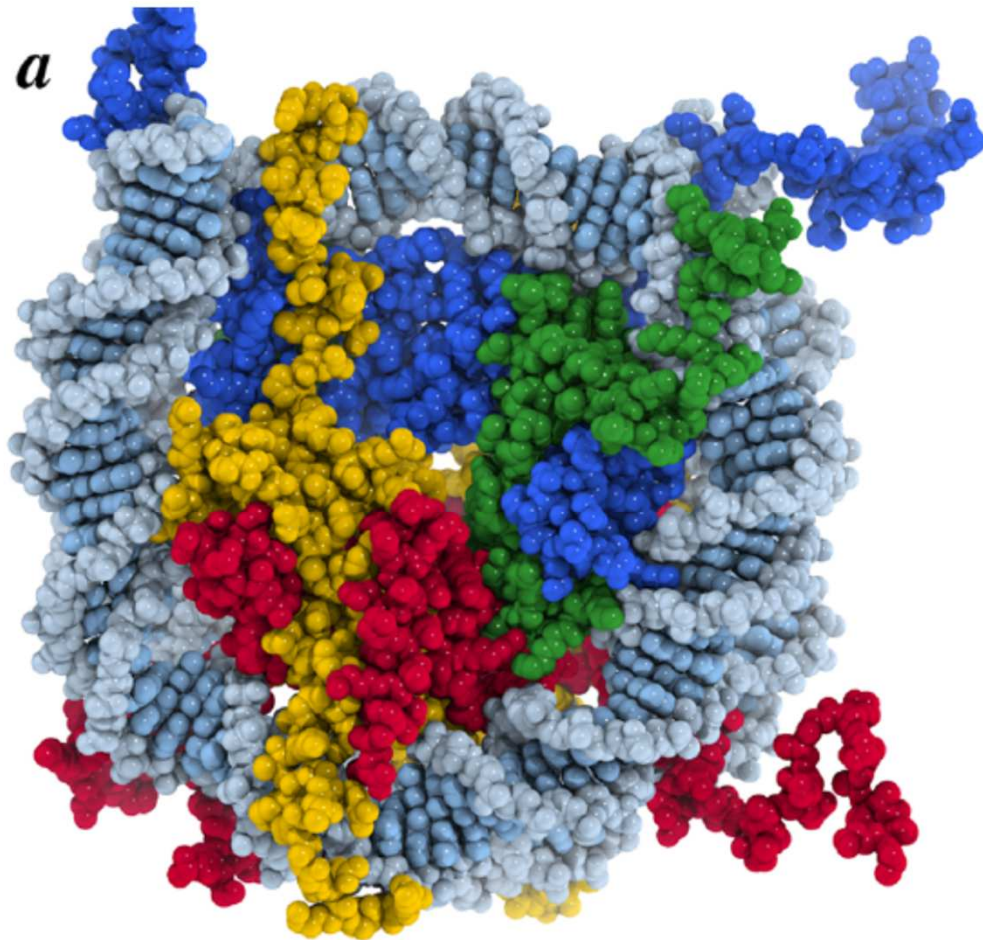
H3K56ac



1KX5

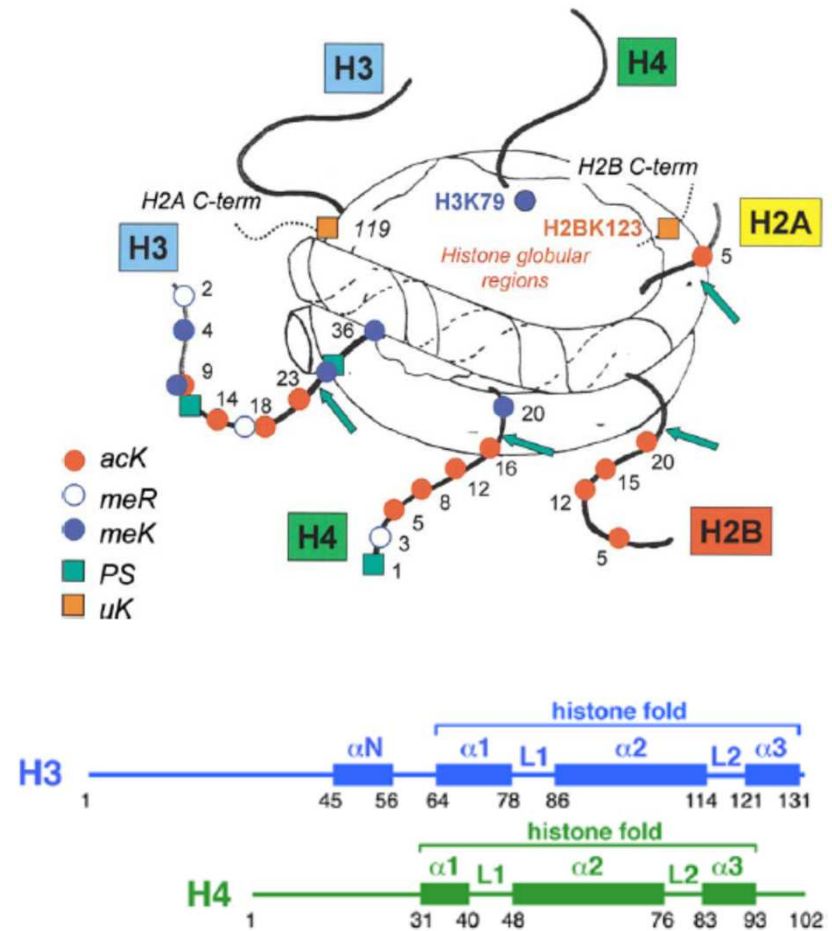
Modifikace histonů – H3K9

- modifikace (např. acetylace) mohou oslabit interakce s DNA a rozvolnit nukleosom – mohou vázat jiné proteiny (např. bromodoména, chromodoména)



■ H3 ■ H4 ■ H2A ■ H2B ■ DNA

H3K56ac



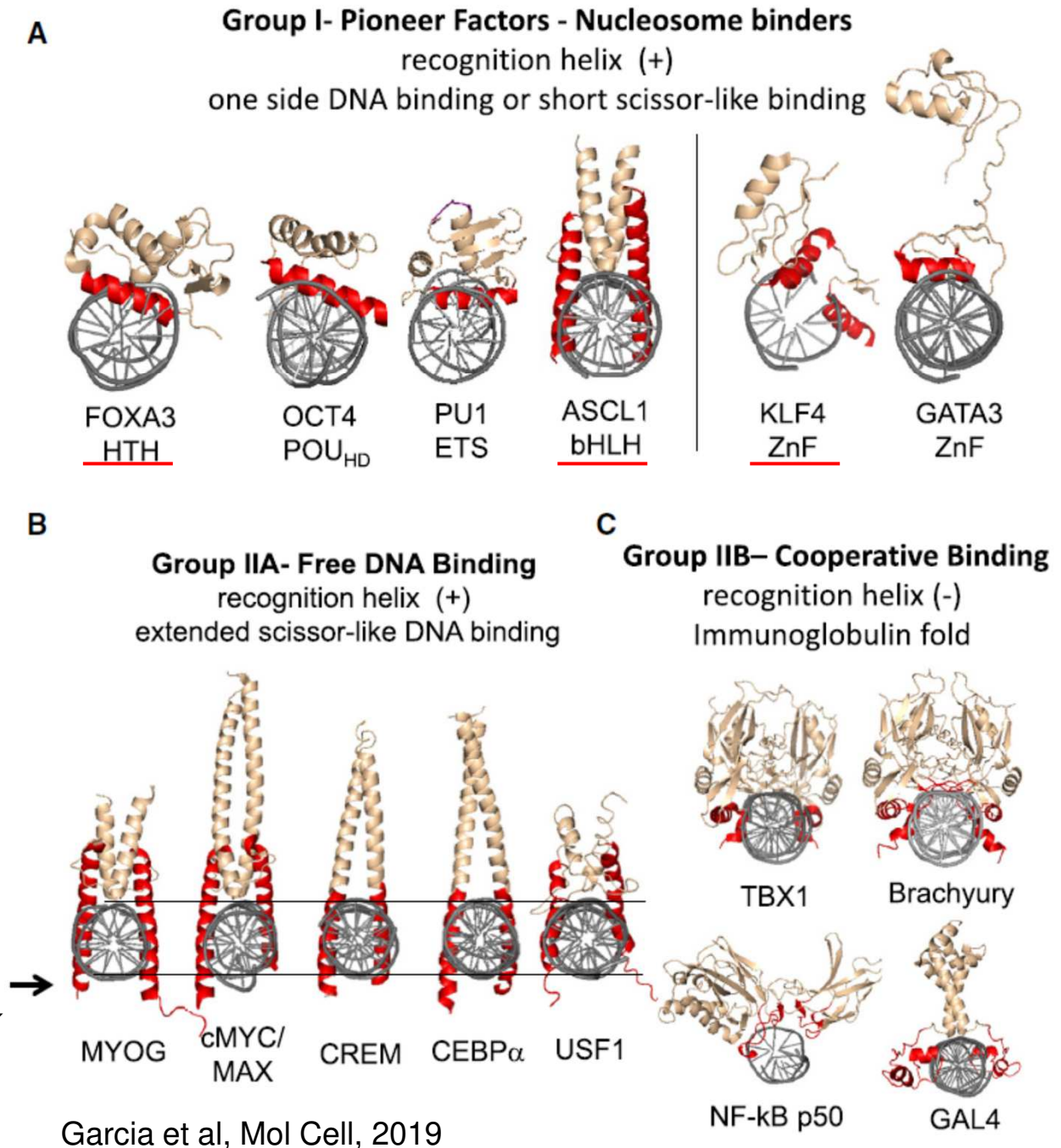
Pioneer TF

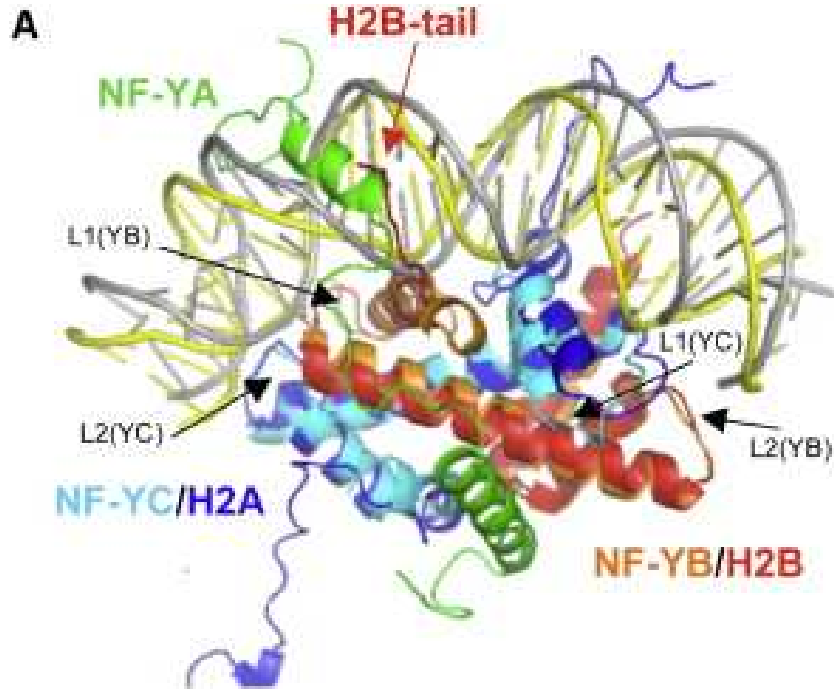
- přístupnost DNA v nukleosomu je zásadní pro aktivaci transkripce ...

- pioneer TF se váže silně i v přítomnosti histonového oktameru (Group I) – krátké šroubovice

- Group II TF se vážou slaběji v přítomnosti histonového oktameru (ze sterických důvodů) – delší šroubovice a složitější vazebné motivy

- pioneer TF se váže první a pomáhá dalším TF s vazbou ...

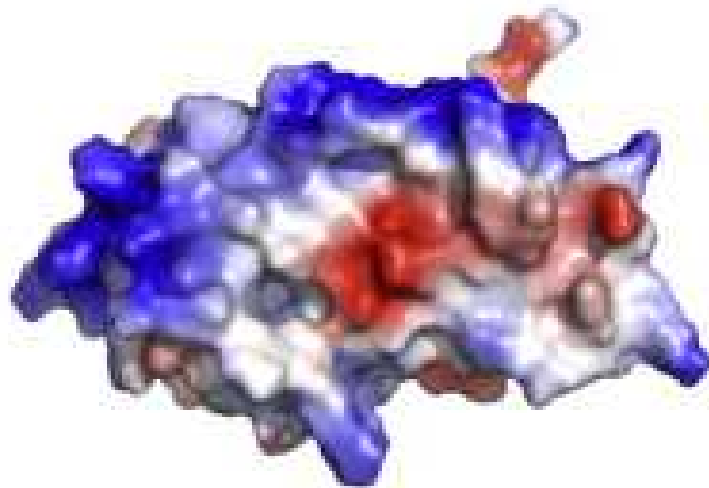




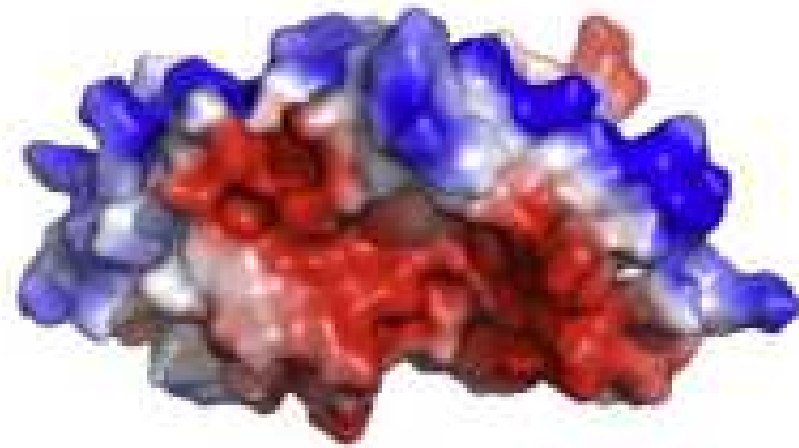
Transkripční faktory NF-Y

(podjednotky B a C) obsahují histon-fold a vážou se sekvenčně nespecificky na cukrfosfátovou kostru jako histony

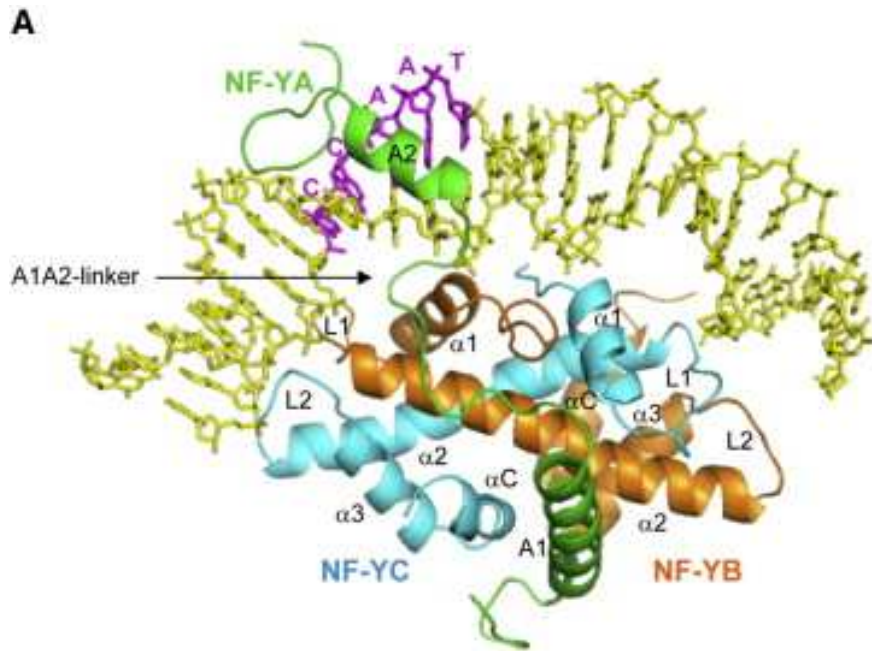
- DNA se v důsledku vazby ohýbá podobně jako v nukleosomech
- NF-YA podjednotka rozeznává CCAAT sekvenci pomocí α -šroubovice (interkalace do MŽ)



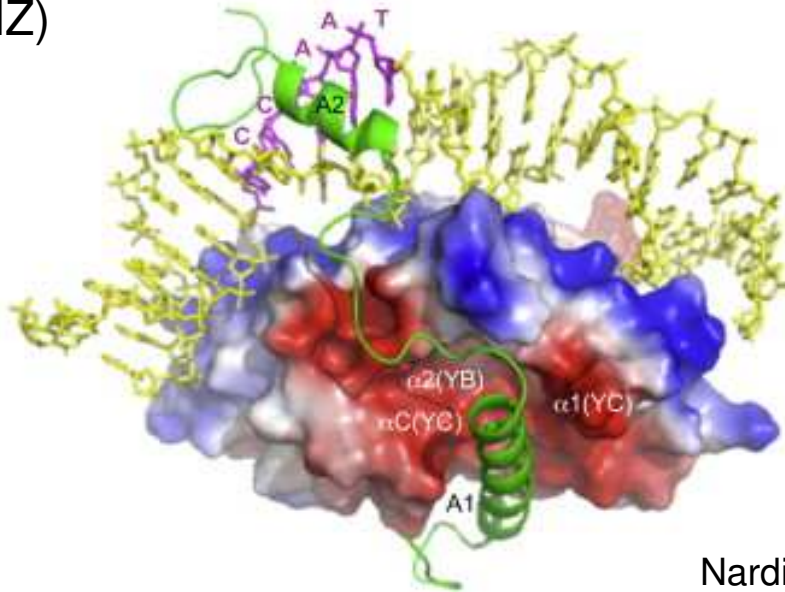
H2B/H2A



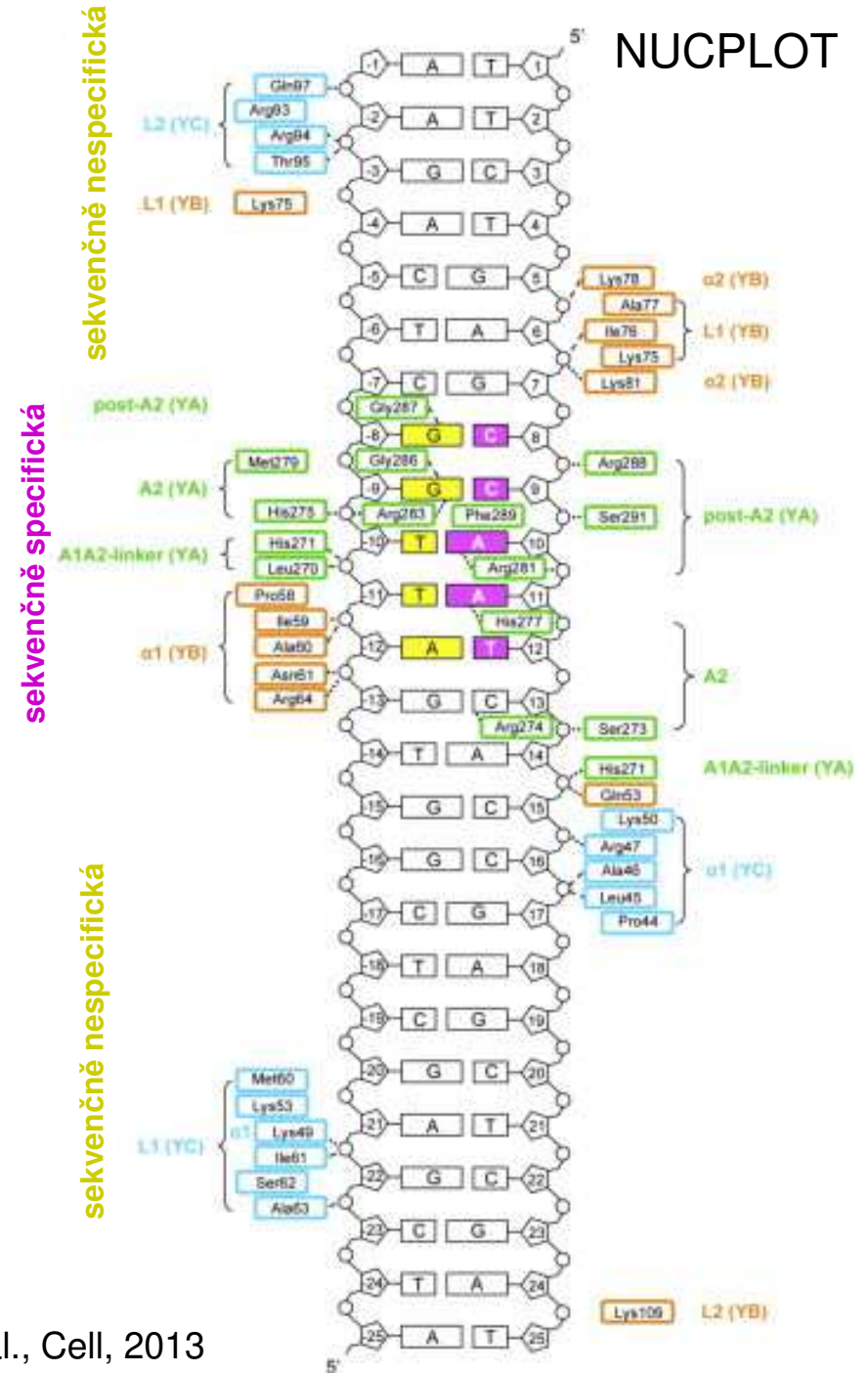
NF-YB/NF-YC



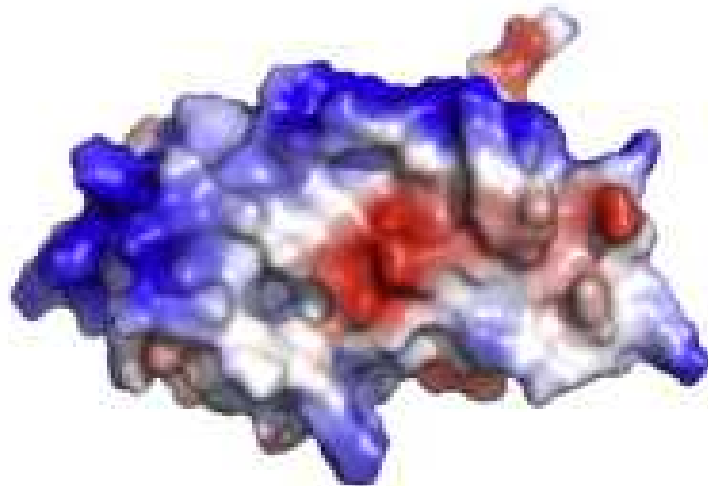
NF-YA podjednotka rozeznává CCAAT
sekvenci pomocí α -šroubovice (interkalace
do MŽ)



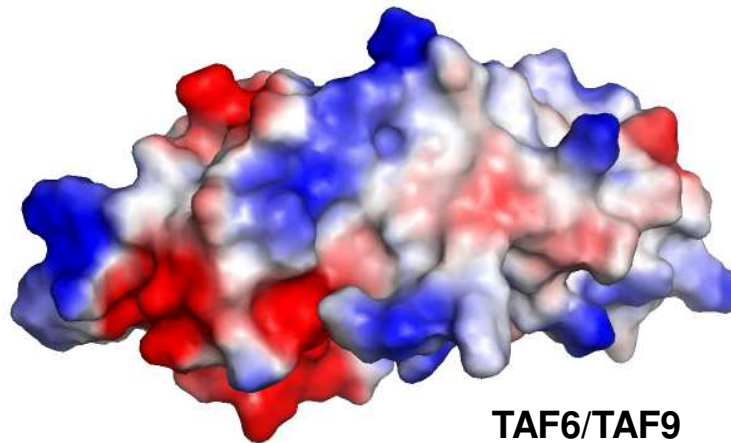
Nardini et al., Cell, 2013



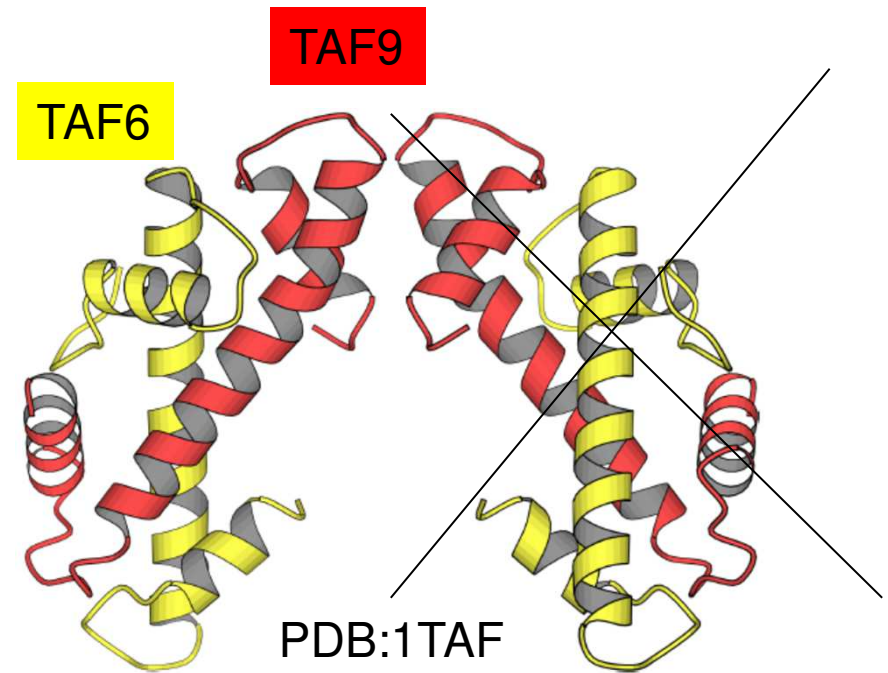
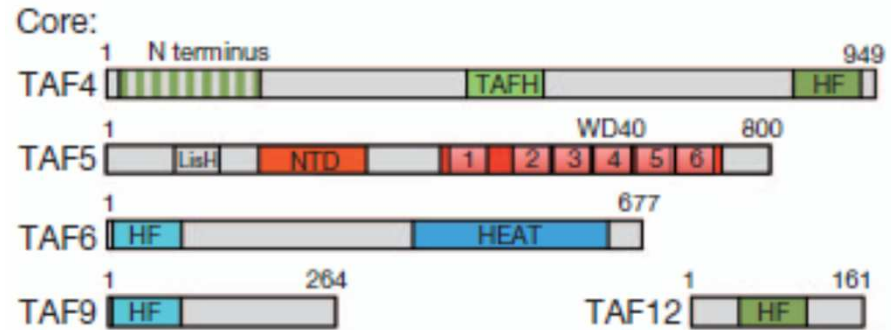
TBP-associated factors = TAF (podjednotky TFIID komplexu mají histon-fold (HF), ale nevytváří tetramery/oktamery)



H2B/H2A



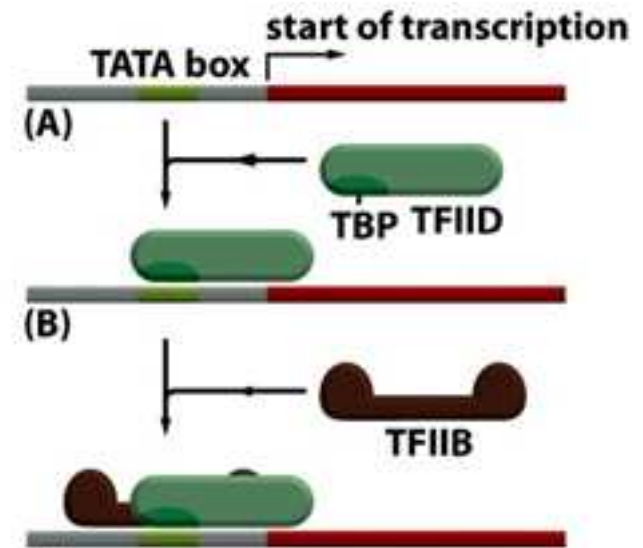
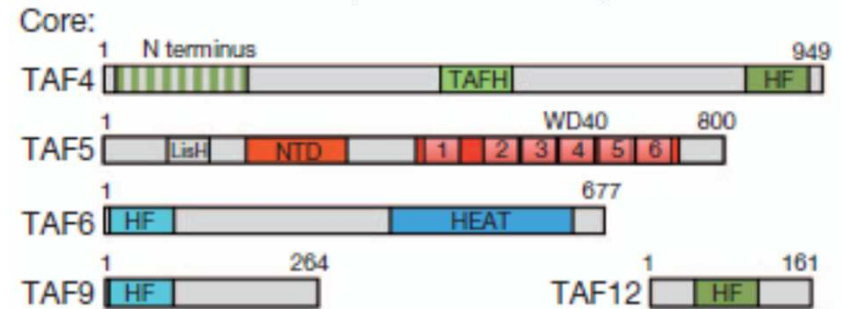
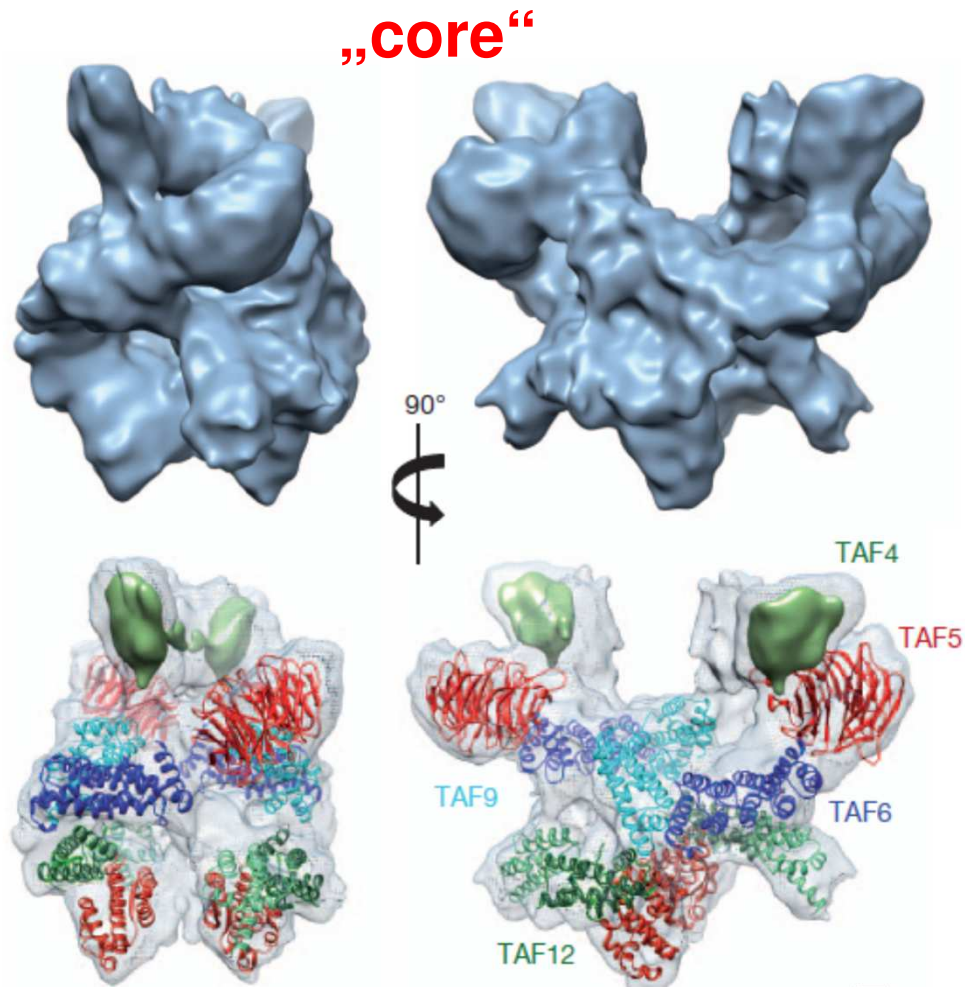
TAF6/TAF9



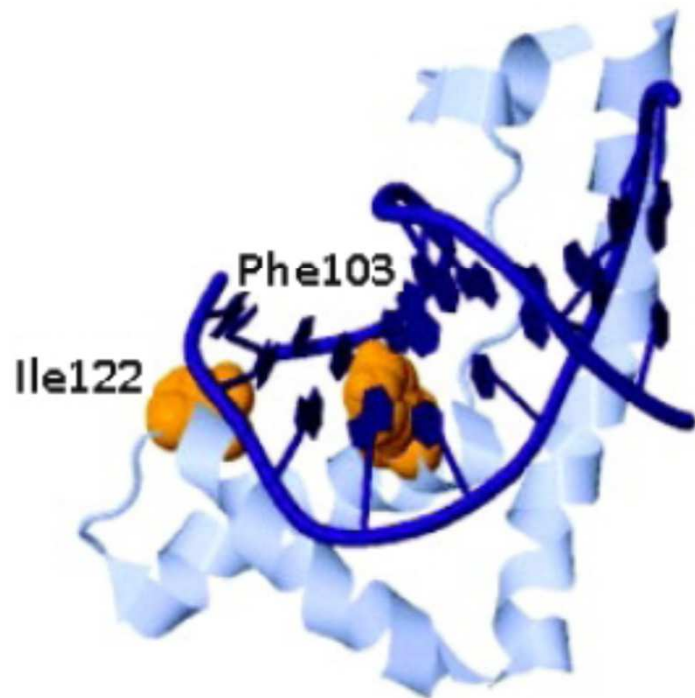
Histon-fold doména se neváže na DNA

Shao et al, MCB, 2005

- TAF4, 6, 9 a 12 obsahují histon-fold a jsou ve dvou kopiích (nikoli v dimerech) v „core“ části TFIID komplexu
- TFIID komplex a TBP jsou klíčové pro rozpoznání promotorů a poskytují scaffold/lešení pro sestavení transkripčního systému

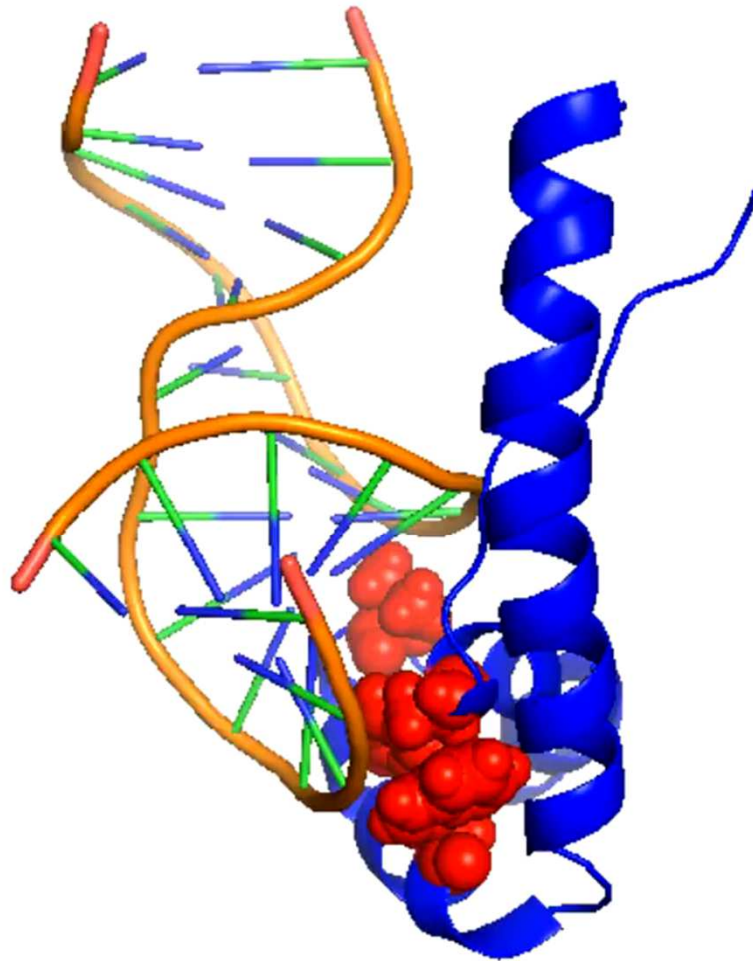


- **HMGB (HMG-box)** obsahuje 3 šroubovice uskupené ve tvaru L
- 1. a 2. šroubovice váže cukrfosfátovou kostru a báze v MŽ
- interkalace aromatických AMK způsobuje ohnutí DNA



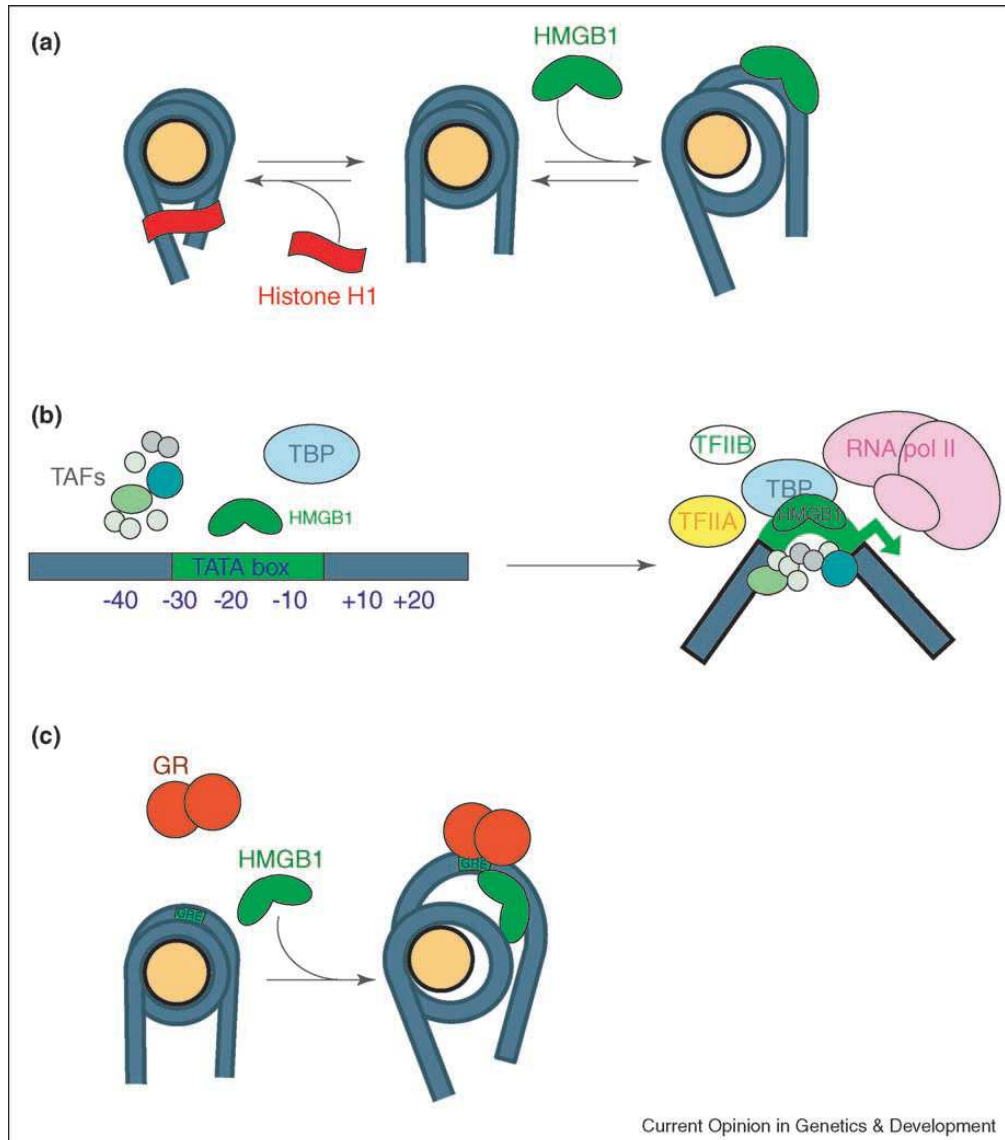
- ohyb a rozvolnění párování dsDNA může napomáhat procesům replikace, transkripce a rekombinace/opravy poškozené DNA
- ohyb napomáhá přiblížení vzdálených míst nebo zpřístupňuje DNA pro transkripční faktory

HMG-D (1E7J)



Aromatické aminokyseliny se interkalují do MŽ a vytváří kink

- 1. a 2. šroubovice váže cukrfosfátovou kostru a báze v MŽ
- interkalace Phe (aromatický kruh) způsobuje ohnutí DNA



- ohyb moduluje vazbu nukleosomu tj. napomáhá rozvolnění struktury chromatinu

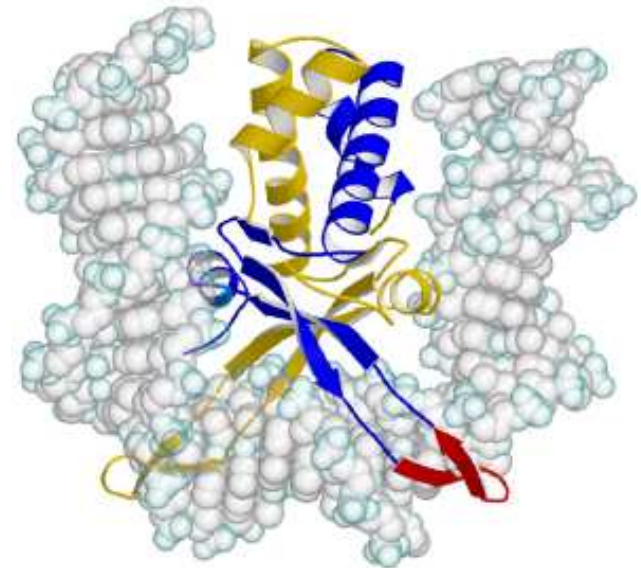
- ohyb může pomáhat TBP a iniciaci transkripce

- pomáhá zpřístupnit DNA pro transkripční regulátory

Motivy DNA vazebných domén

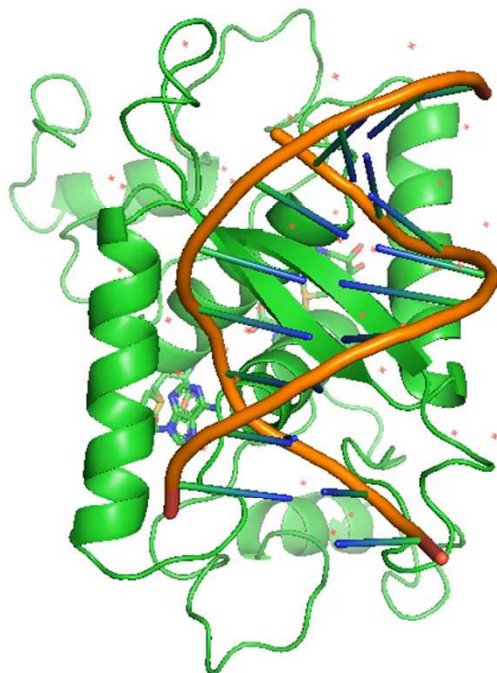
- **Zipper typ**
 - Leucinový zip
 - Helix-loop-helix
- **Helix-otáčka-helix**
 - Winged helix
- **Zinkový prst**
 - $\beta\beta\alpha$ zinc-finger
 - Hormon-receptor
 - Loop-sheet-helix
 - Gal4
- **Histon, HMG-box**
- **β -hairpin/ribbon**
- **β - barrel**

α -šroubovice



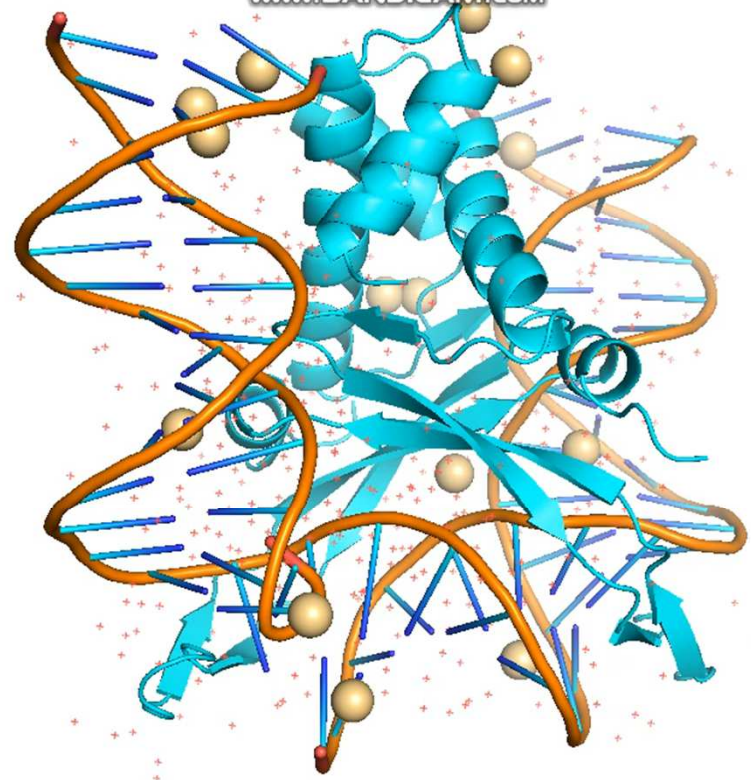
33. Integration host factor (1ihf)

β -listy



31. Met repressor (1cma)

- pouze β -list nebo hairpin (vlásenka)
- represory, chromosomální proteiny (lešení pro strukturu DNA)
- vážou velký nebo malý žlábek



33. Integration host factor (1ihf)

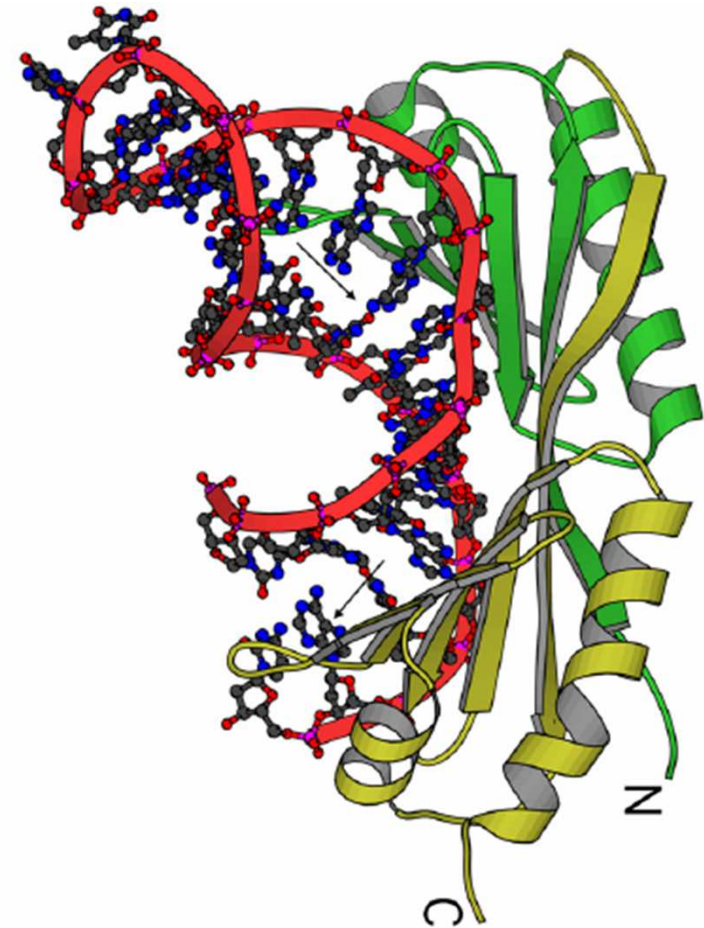
- β -hairpins lokalizovány podél malého žlábků
- inzerce Pro mezi baze - ohyb DNA

Motivy DNA vazebných domén

- **Zipper typ**
 - Leucinový zip
 - Helix-loop-helix
- **Helix-otáčka-helix**
 - Winged helix
- **Zinkový prst**
 - $\beta\beta\alpha$ zinc-finger
 - Hormon-receptor
 - Loop-sheet-helix
 - Gal4
- **Histon, HMG-box**
- **β -hairpin/ribbon**
- **β -barrel**

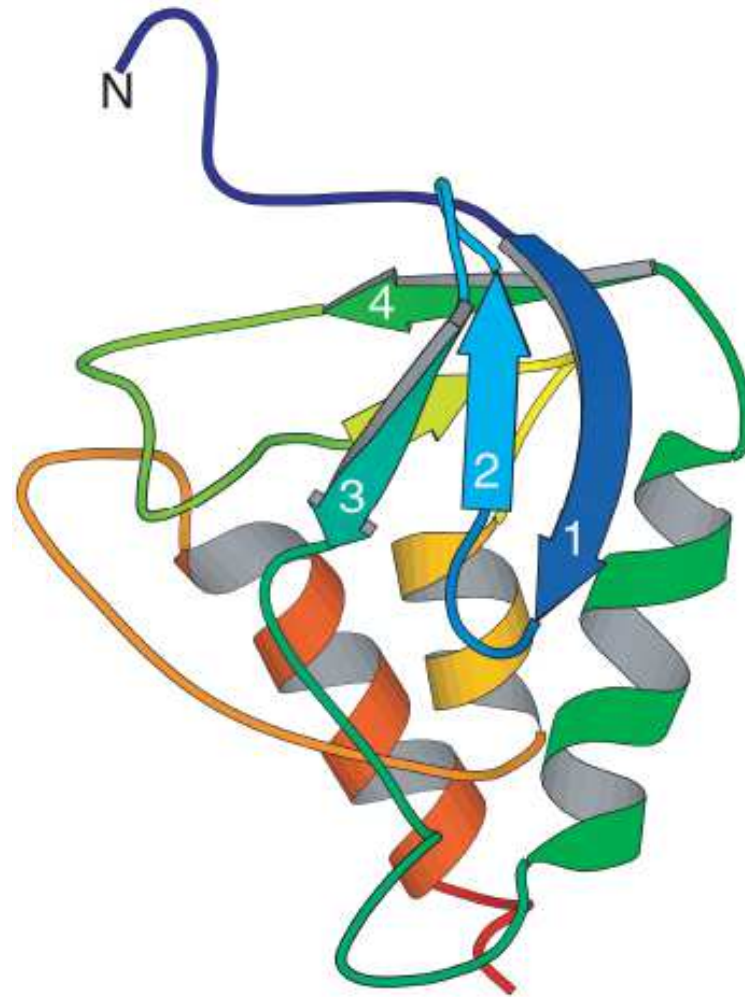
α -šroubovice

β -listy

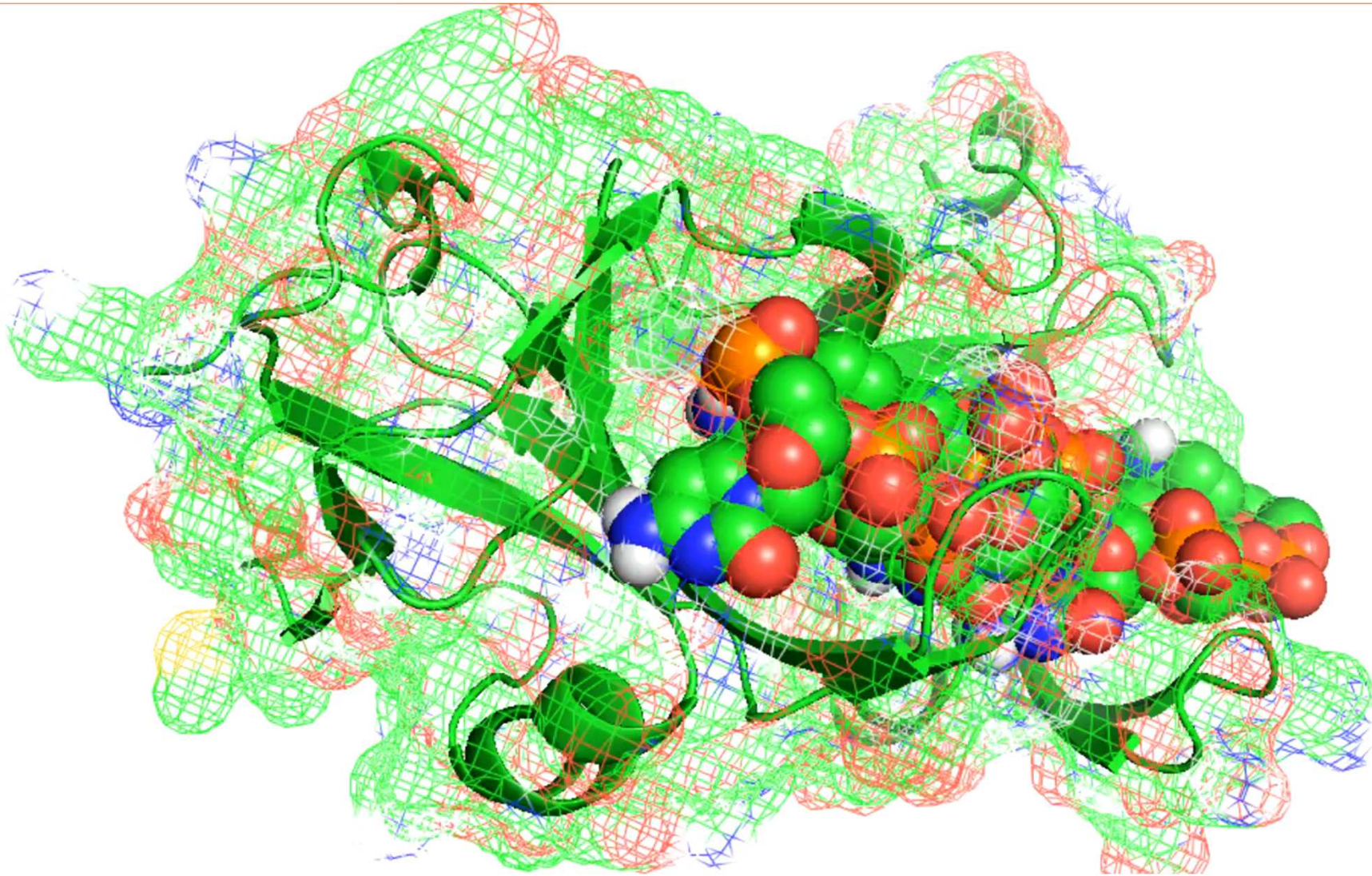


OB-fold (oligonucleotide/oligosaccharide binding)

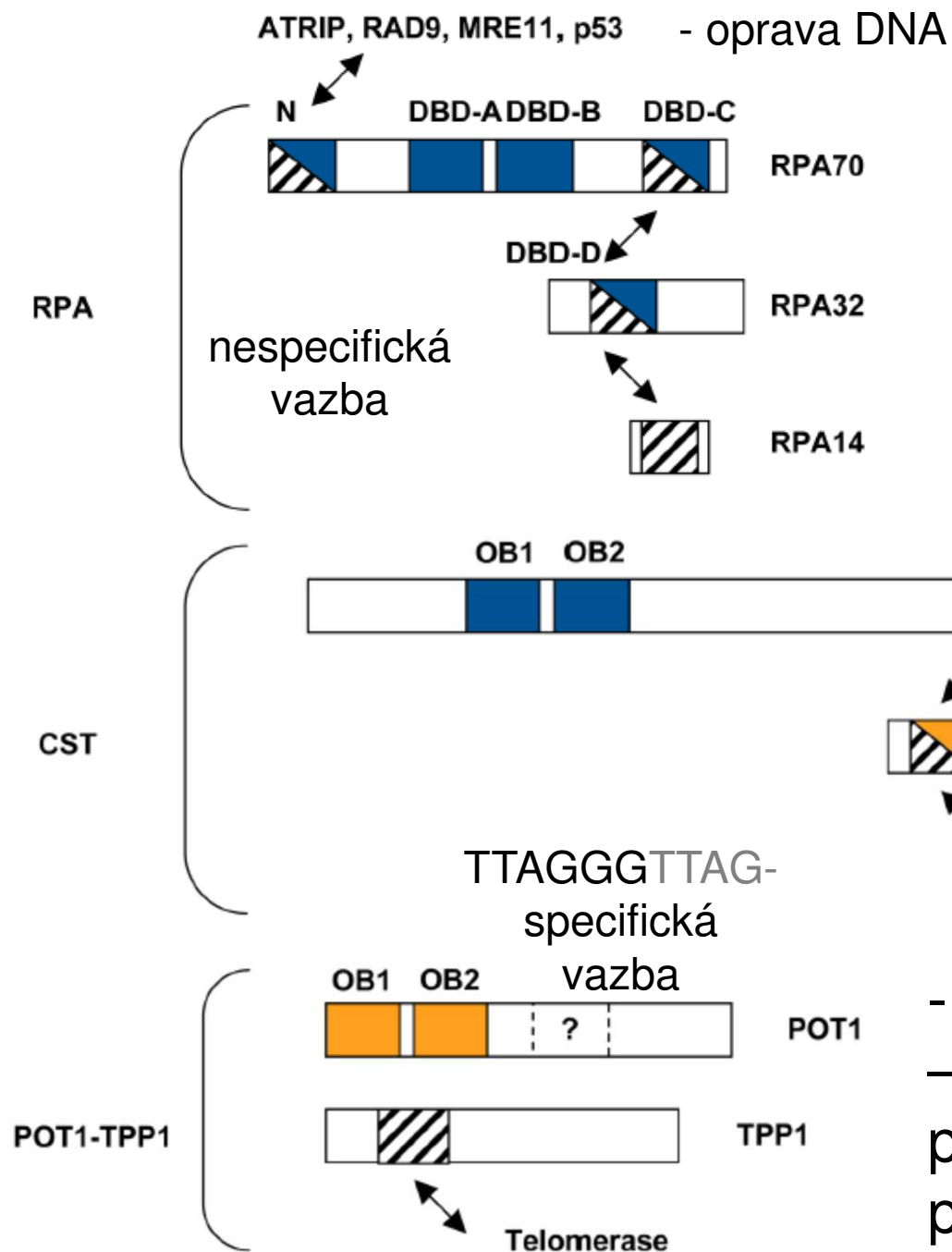
- 4-5 anti-paralelních β -listů (β -barel) zakončeno α -šroubovicí (kompaktní)
- vytváří úzkou jamku pro jednořetězcovou ssDNA (RNA, oligosacharidy)
- váže 2-5 nukleotidů (**báze, cukry i fosfáty**)
- SSB/RPA a TRF proteiny (replikace, HR, telomery ... Dr. Šebesta)



OB-fold (oligonucleotide/oligosaccharide binding, 1JMC)

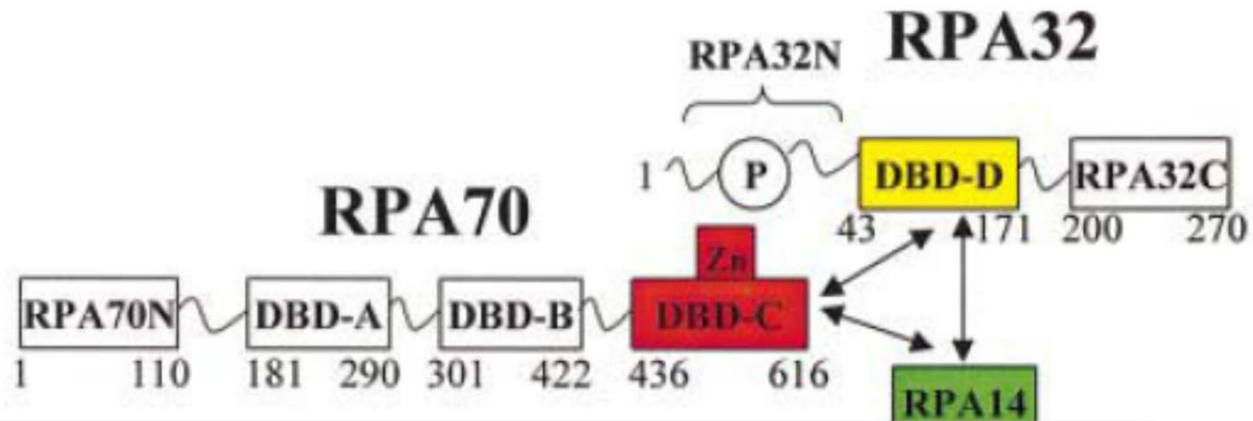


Více OB – RPA70 (A+B) vytváří prodlouženou lineární kapsu



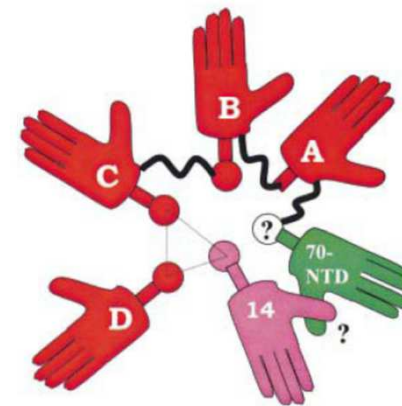
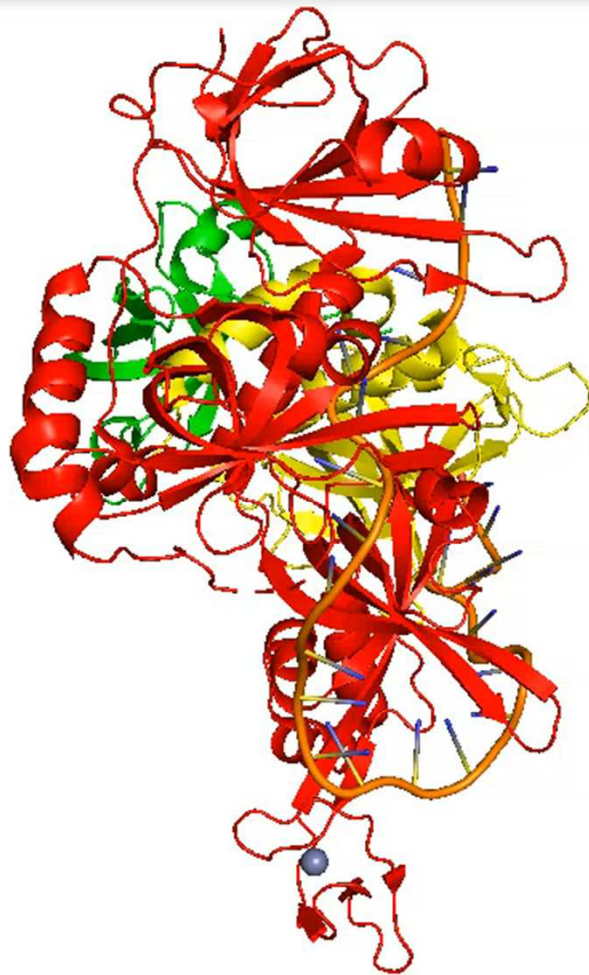
- RPA váže a chrání ssDNA (oprava poškozené DNA)
 - protein-proteinové interakce (integrita komplexu + interakce s dalšími proteiny/komplexy)

- část komplexu SHELTERIN – chrání telomery (aby nebyly považovány za DSB, reguluje přístup telomerázy)



- protein-proteinové interakce (integrita komplexu)
- celý komplex ~30nt

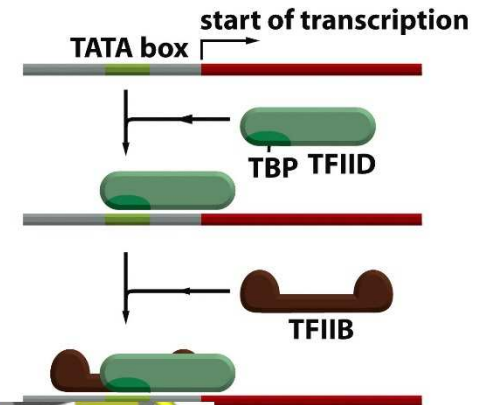
RPA komplex
ssDNA: 4GNX



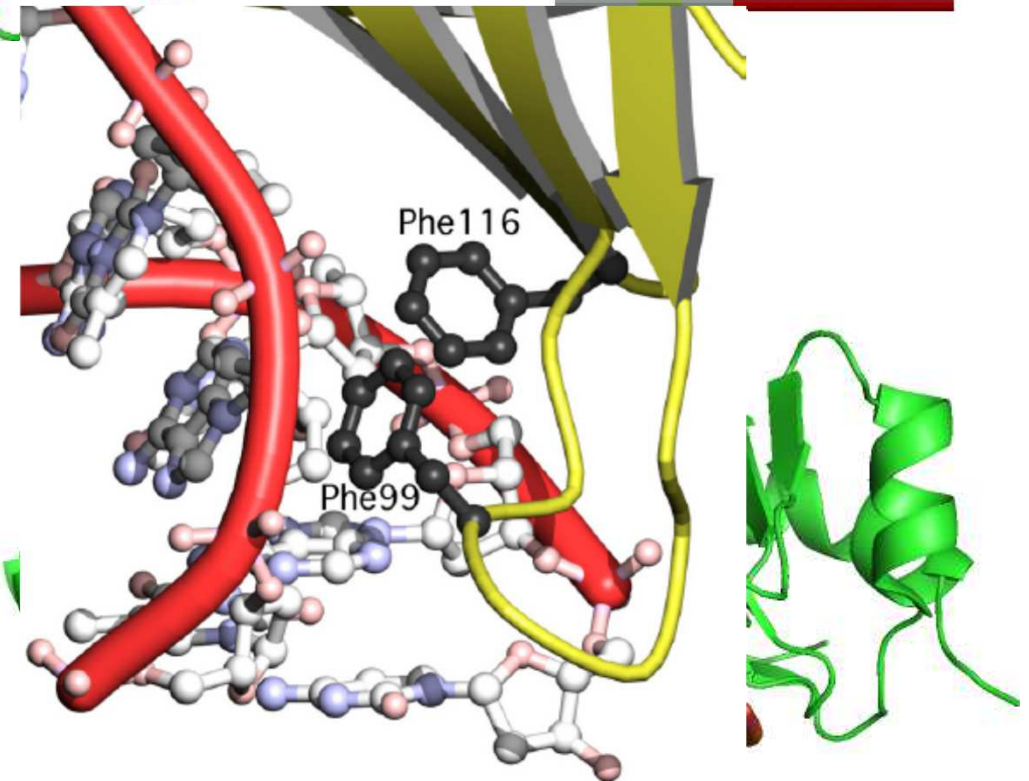
Bochkareva et al, EMBO J, 2002
Flynn a Zou, CR in BMB, 2010

1YTB

TATA-box vážící protein (TBP) – klíčový pro sestavení preiniciačního komplexu (PIC)

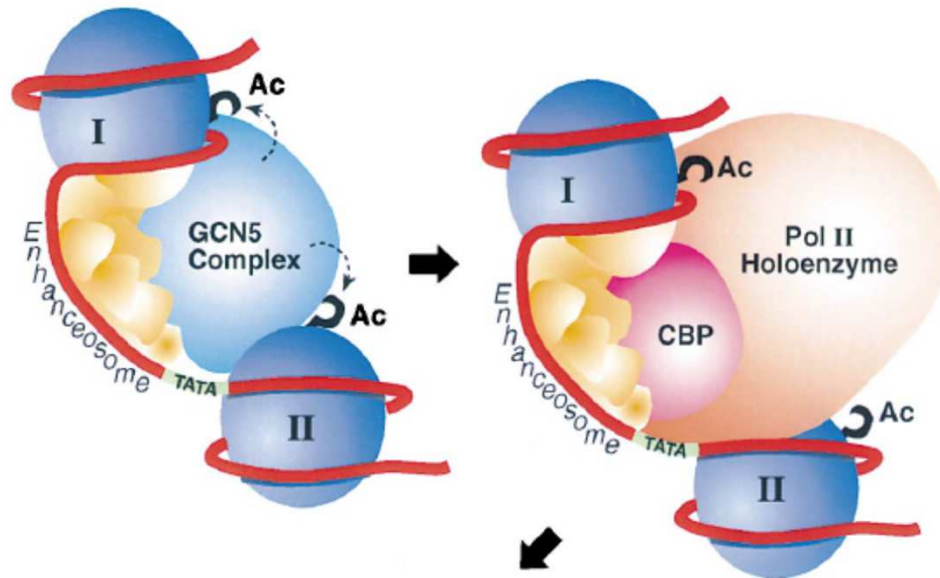


- 10 anti-paralelních β -listů pokrývá MŽ
- interkalují se mezi base postranní řetězce **Phe** (hydrofobní v.)
- vytváří zlom (**kink**) a částečně rozplétá dsDNA

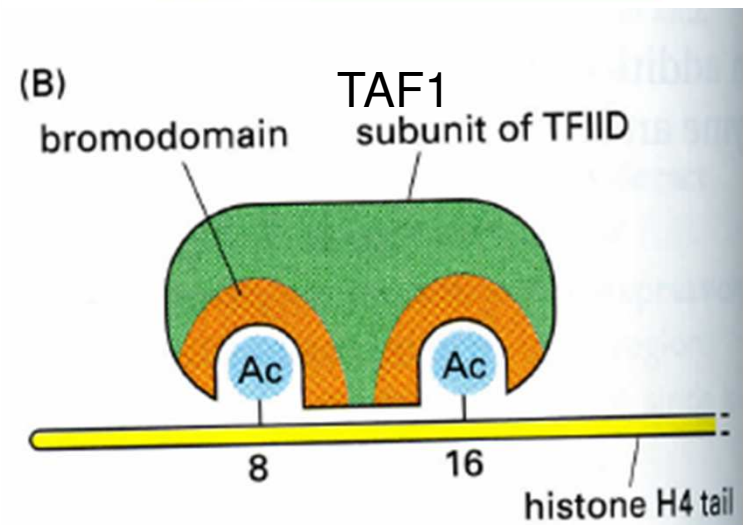
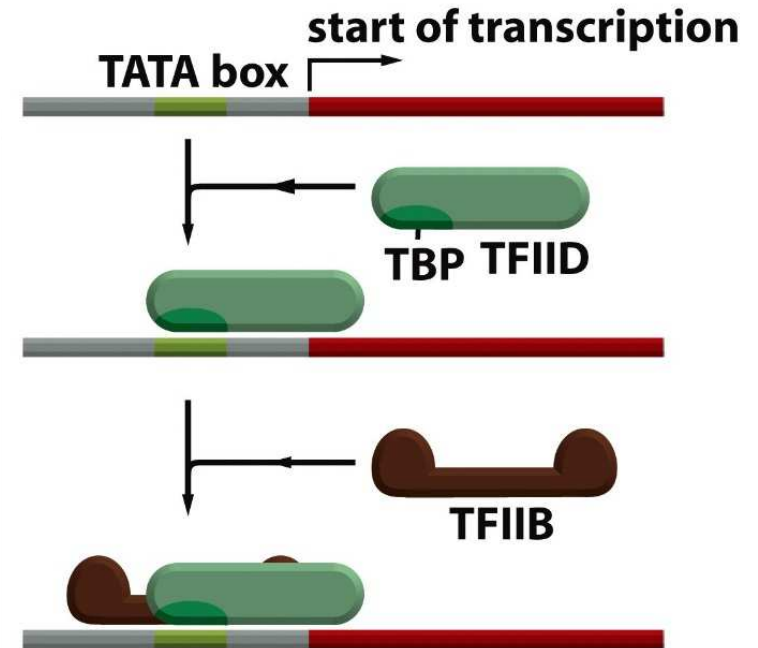


Transkripce

- Aktivace – specifické TF
- Iniclace – základní TF(IID ...)

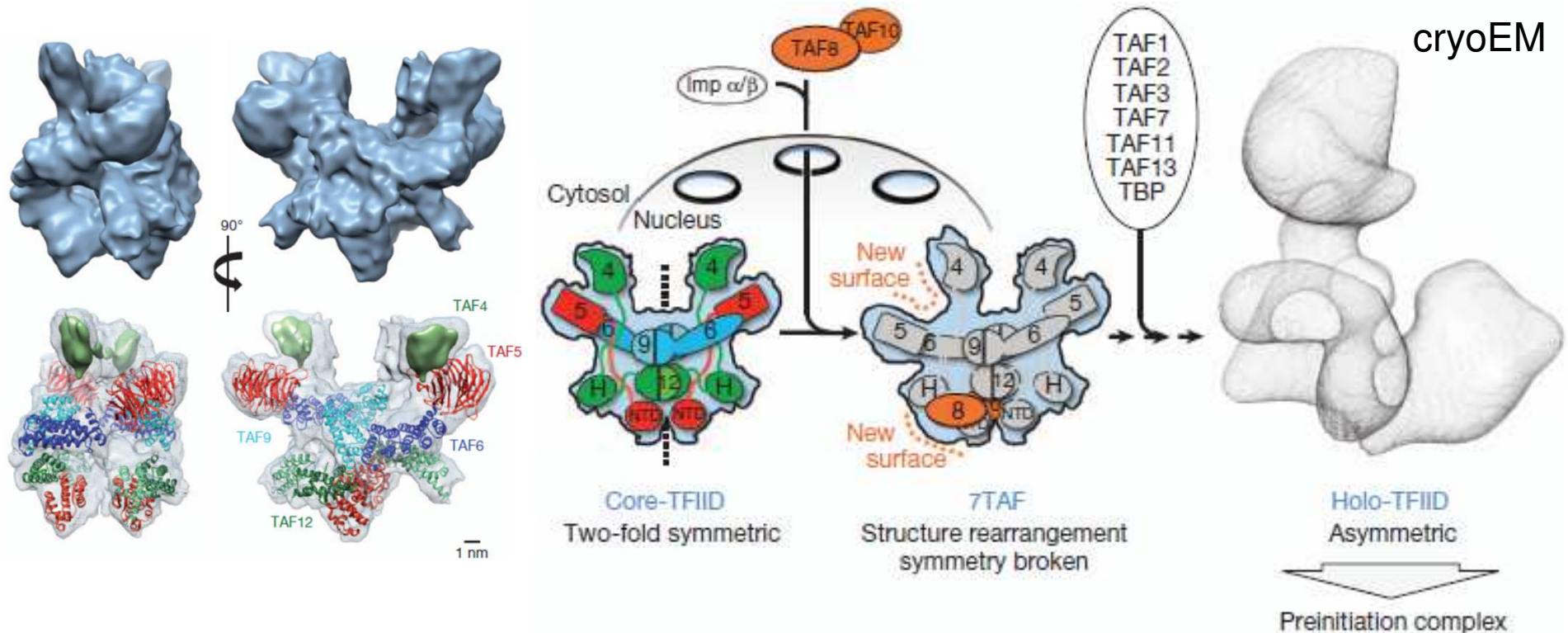


- aktivace (viz enhanceosom) – modulace chromatinu – iniclace (sestavení PIC)

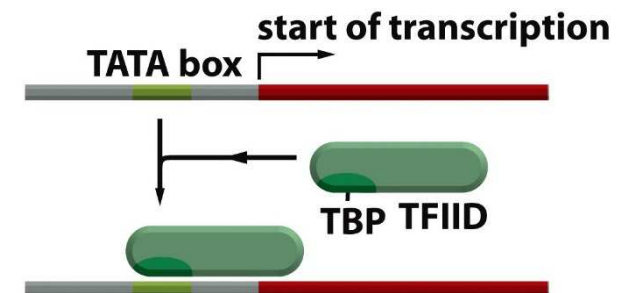


- TFIID (1MDa, TAFs) komplex a TBP jsou klíčové pro sestavení transkripčního systému (nukleace PIC)

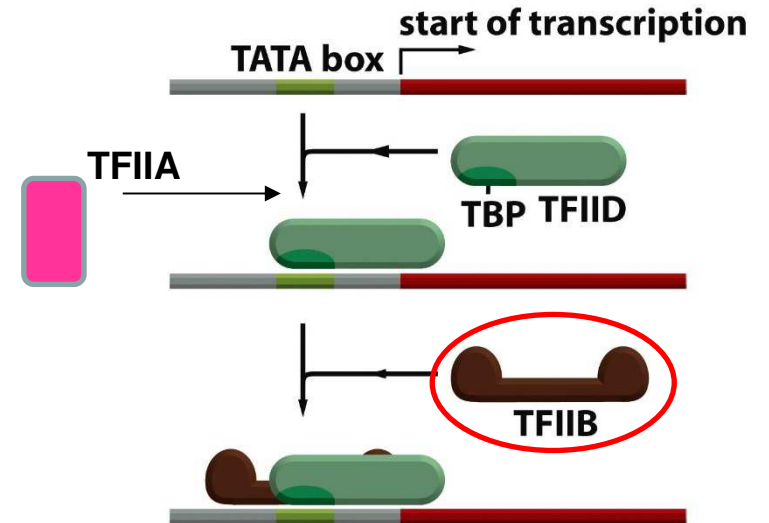
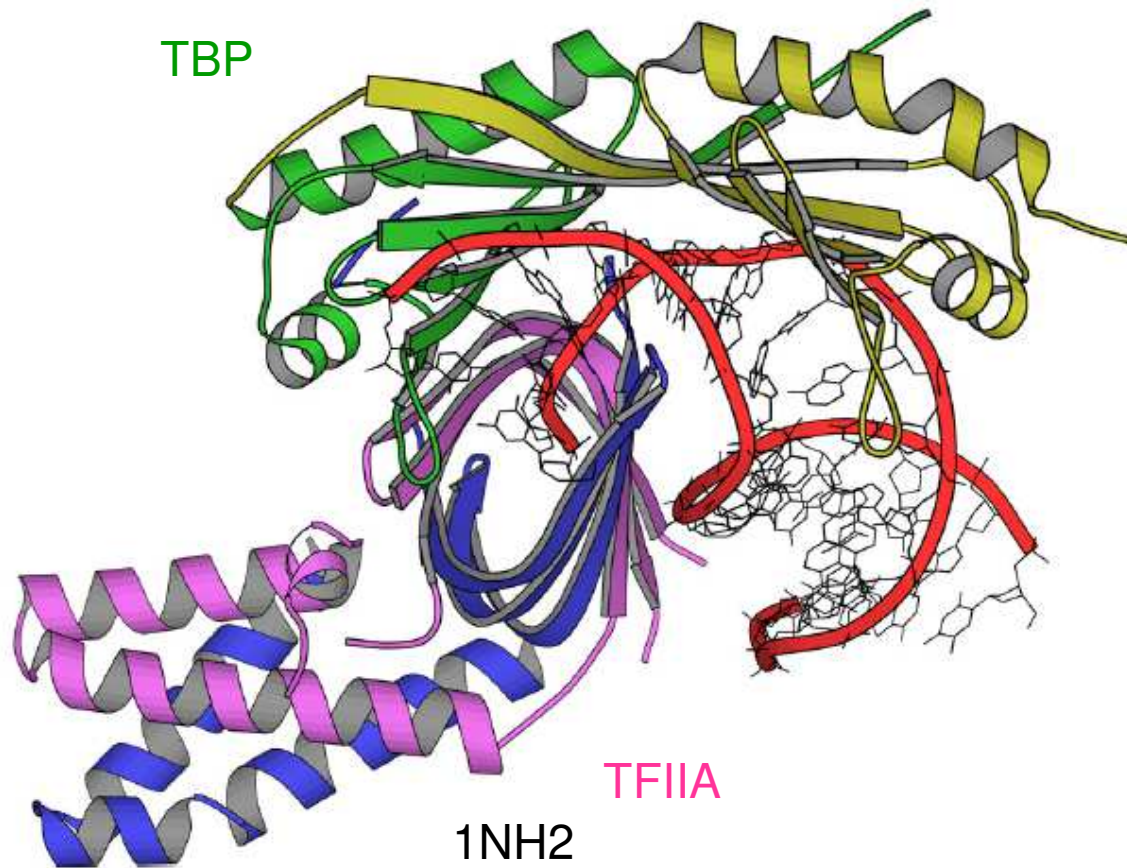
Bieniossek et al., Nature, 2013



- jádro komplexu (symetrické) tvoří TAF4, 5, 6, 9 a 12 - po připojení všech podjednotek TFIID komplexu včetně TBP vzniká funkční (asymetrický) holokomplex (PIC)



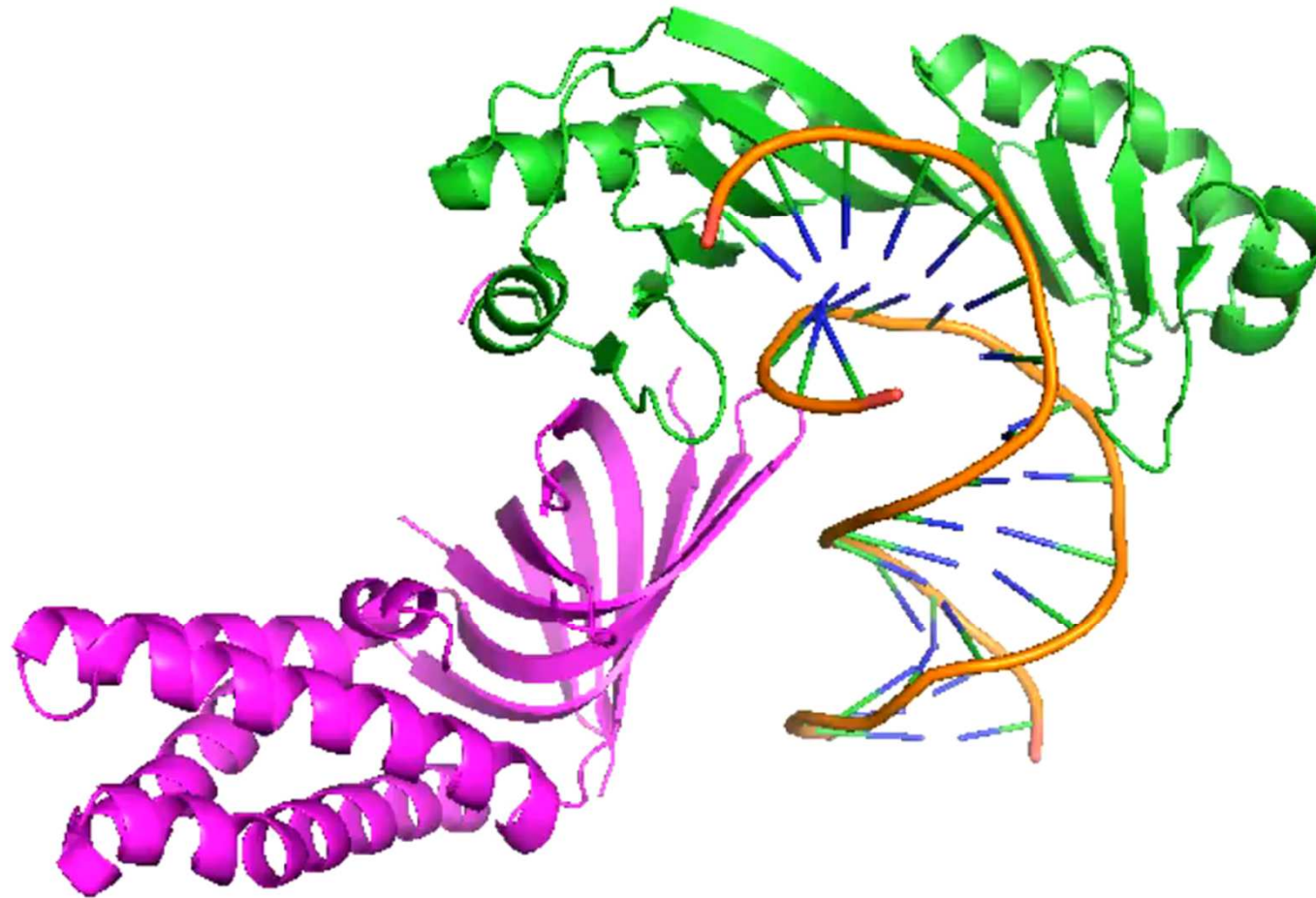
- TBP (v rámci TFIID) nastavuje začátek transkripce na molekule DNA (zajišťuje správnou pozici TFIID)



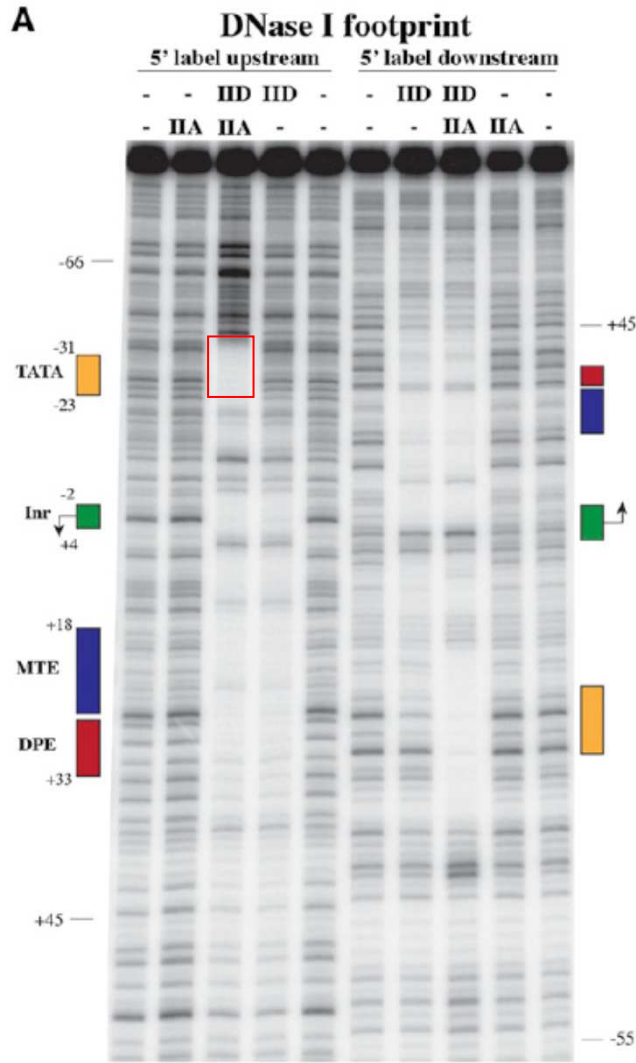
Liljas a spol.

TBP a TFIIA (β -barrel – neovlivní DNA strukturu)

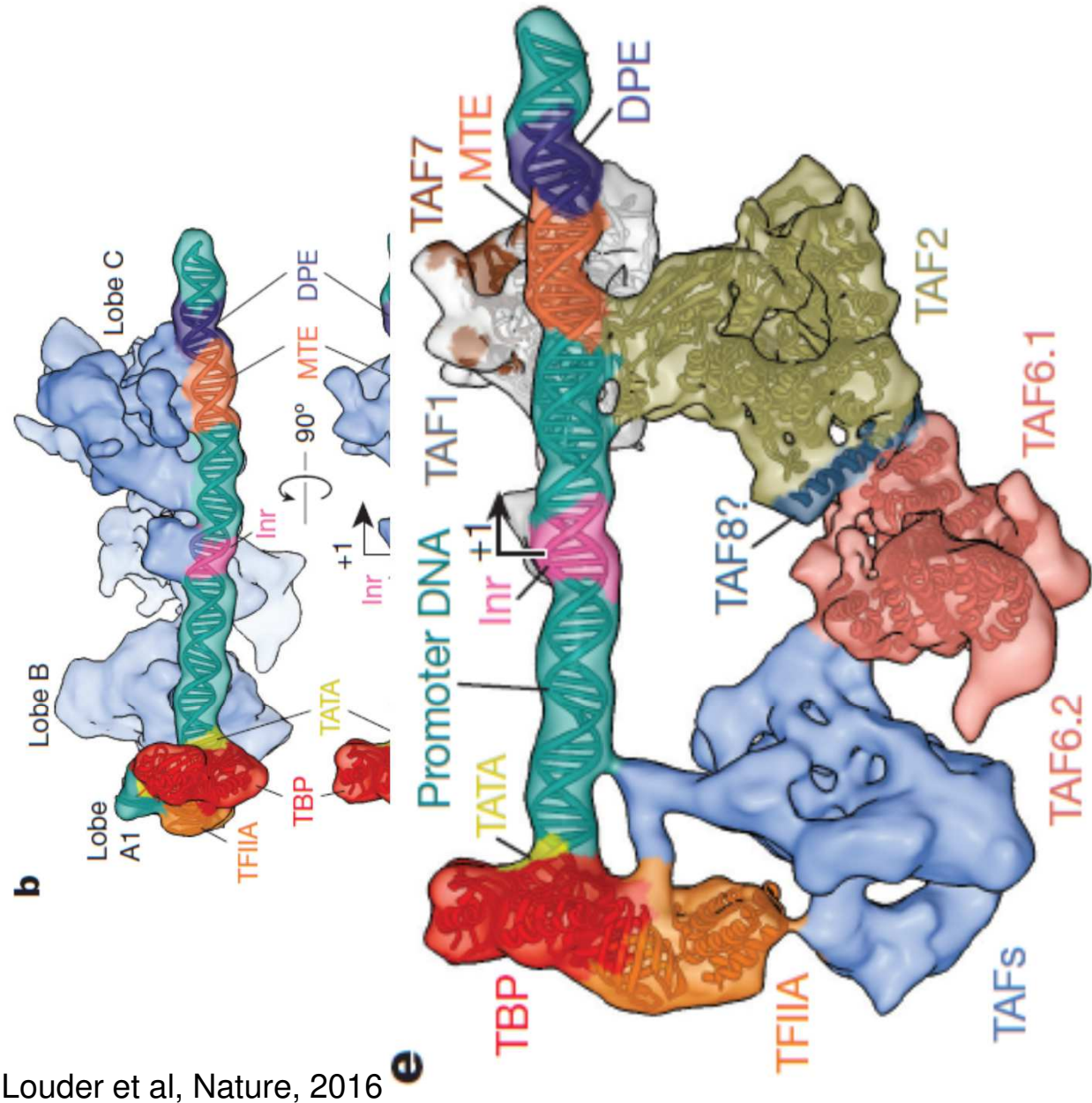
1NH2



- footprint analýza ukázala jak se TFIIA-TFIID/TBP komplex společně váže na DNA (TFIIA pomáhá vázat TATA box)

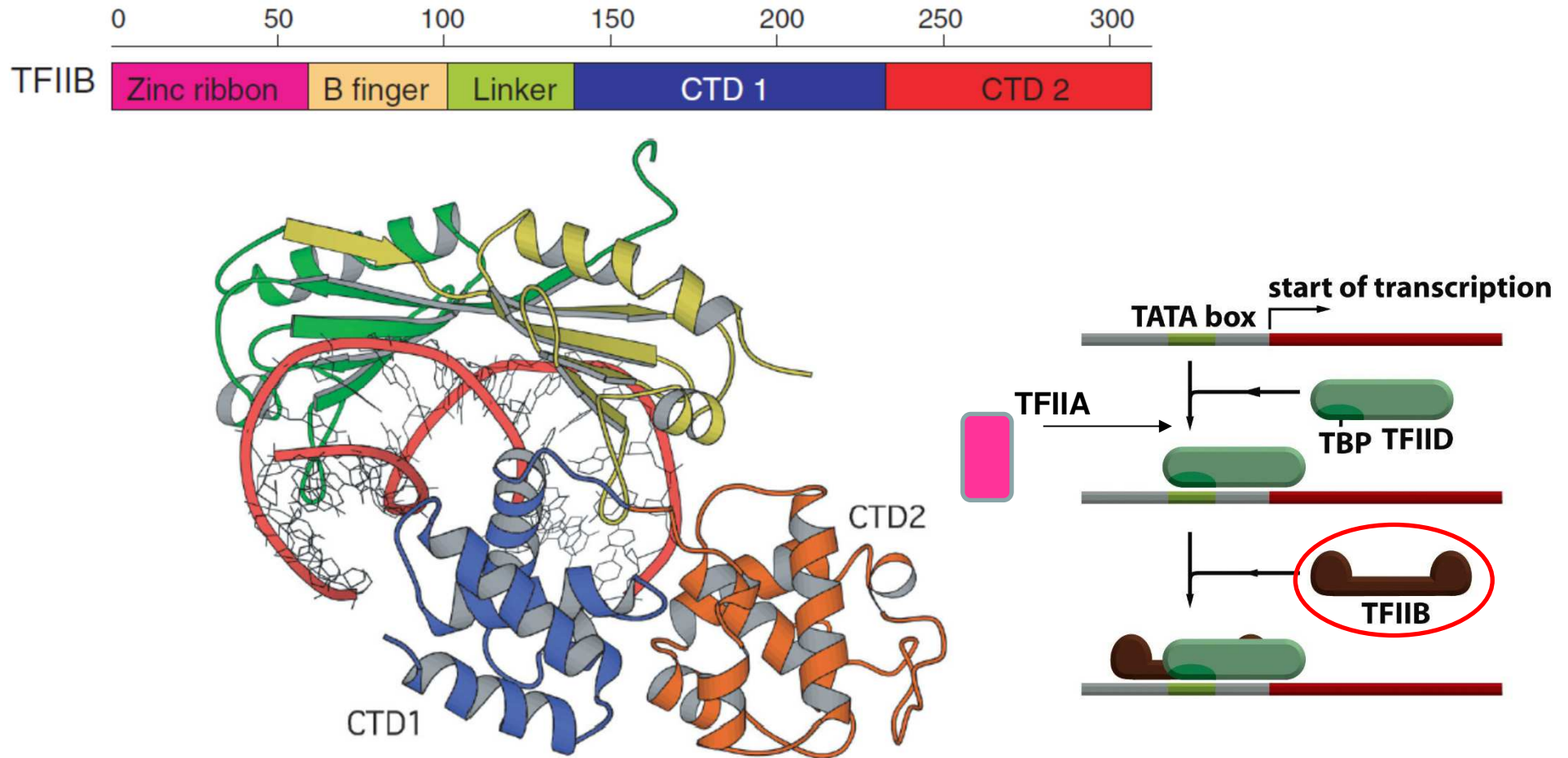


Cianfrocco et al, Cell, 2013



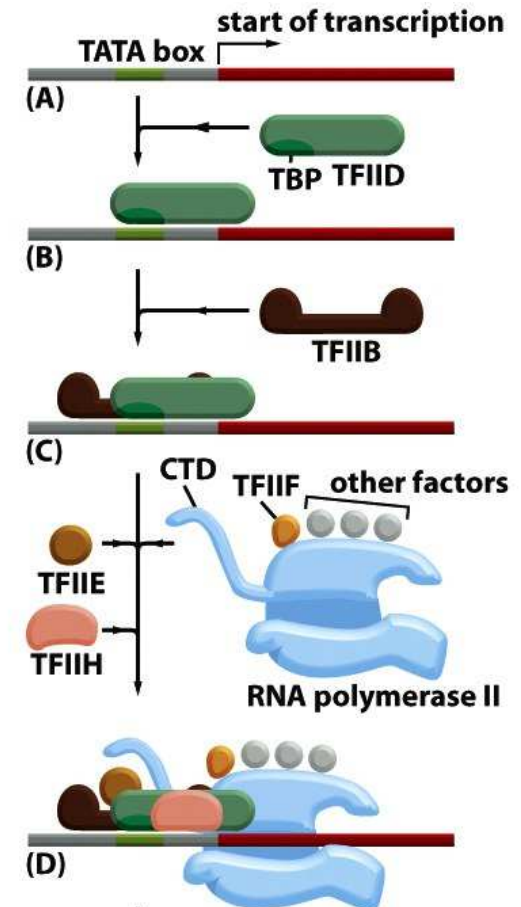
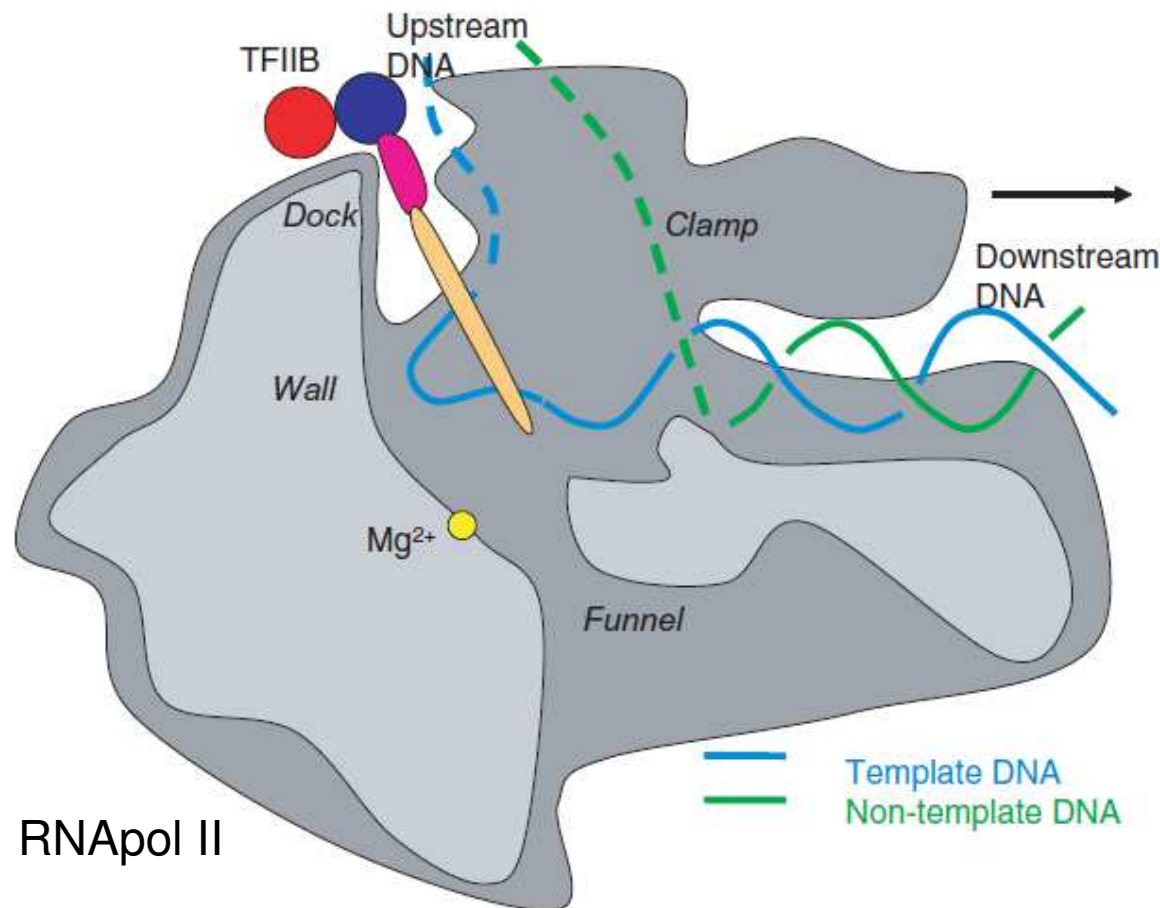
Louder et al, Nature, 2016

pro další postup transkripce je **klíčový TFIIB** – propojuje TFIID-TFIIA s RNAPol II



- TFIIB (C-konec = CTD1 a CTD2) váže TBP a 6-7bp up- a downstream od ohybu DNA přes cukrfosfátovou kostru (blízko TATA boxu)

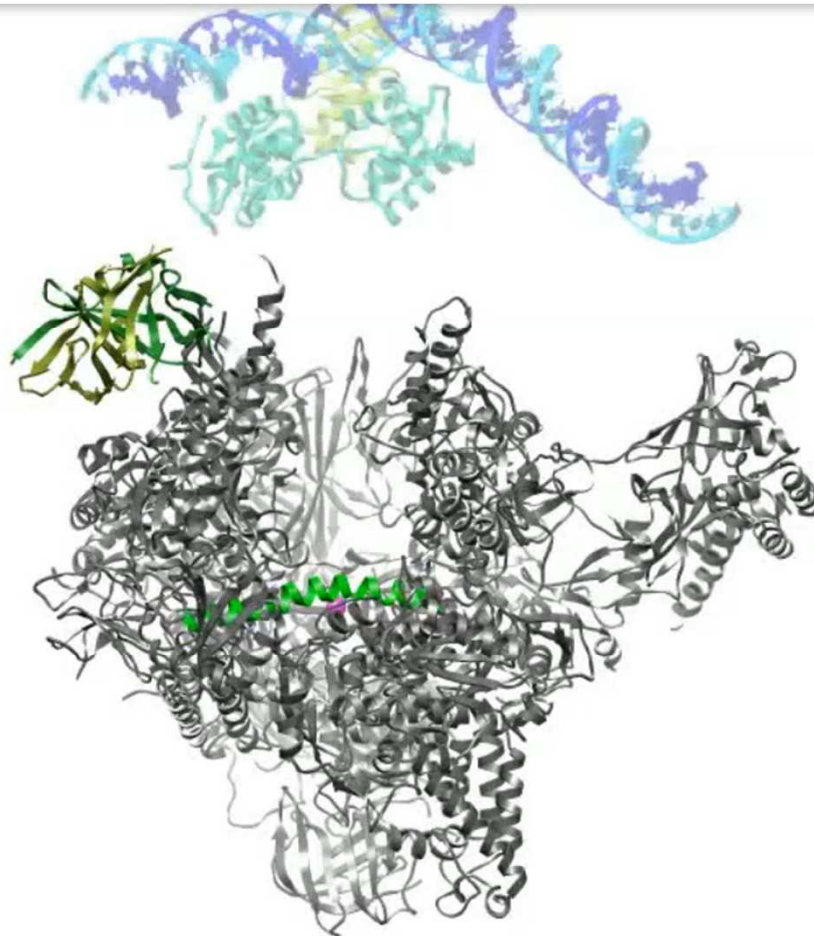
- TFIIB (N-konec) váže RNA polymerasu II a orientuje ji vůči TFIID/TBP-DNA komplexu
- umístí DNA do aktivního centra/cleft RNA polymerázy
- vazba Zn-ribbon na Dock, B-finger/reader do RNA tunelu



- TFIIB (N-konec) váže RNA polymerasu II a orientuje ji vůči TFIID/TBP-DNA komplexu
- umístí DNA do aktivního centra/cleft RNA polymerázy
- vazba Zn-ribbon na Dock, B-finger/reader do RNA tunelu

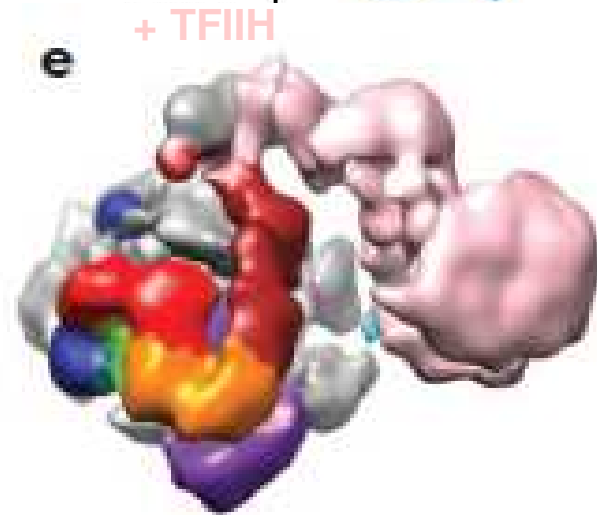
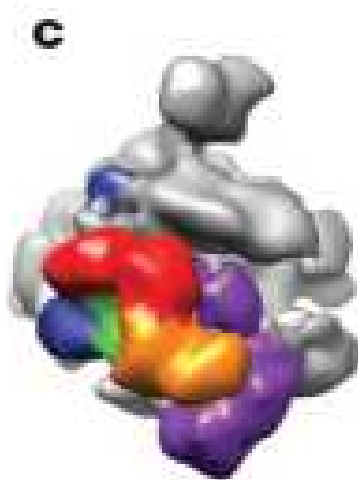
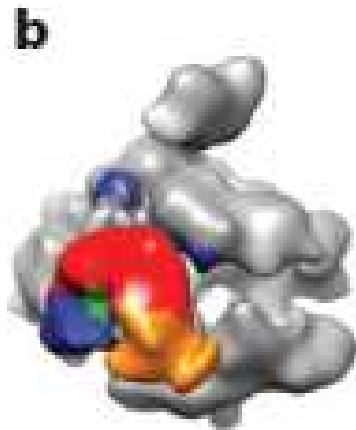
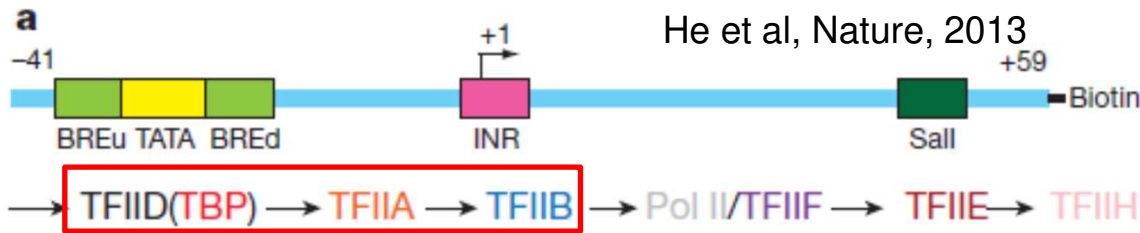
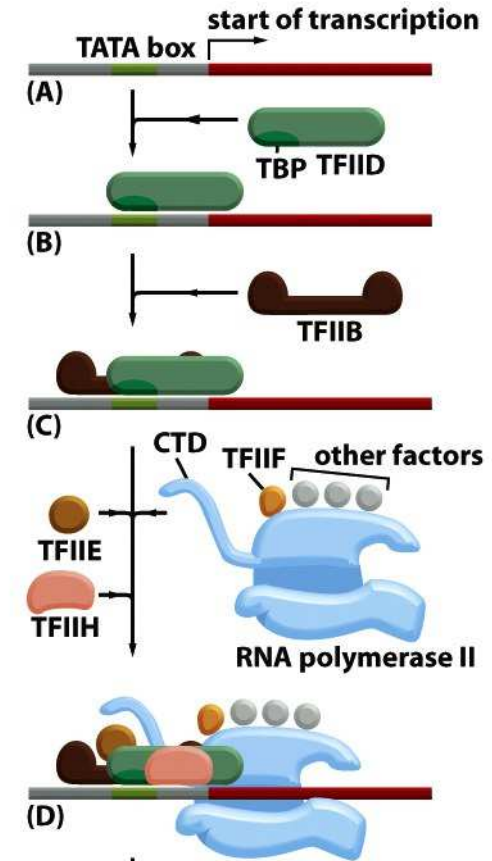
TFIIB Zinc ribbon B finger Linker CTD 1 CTD 2

TBP
Closed DNA
TFIIB core

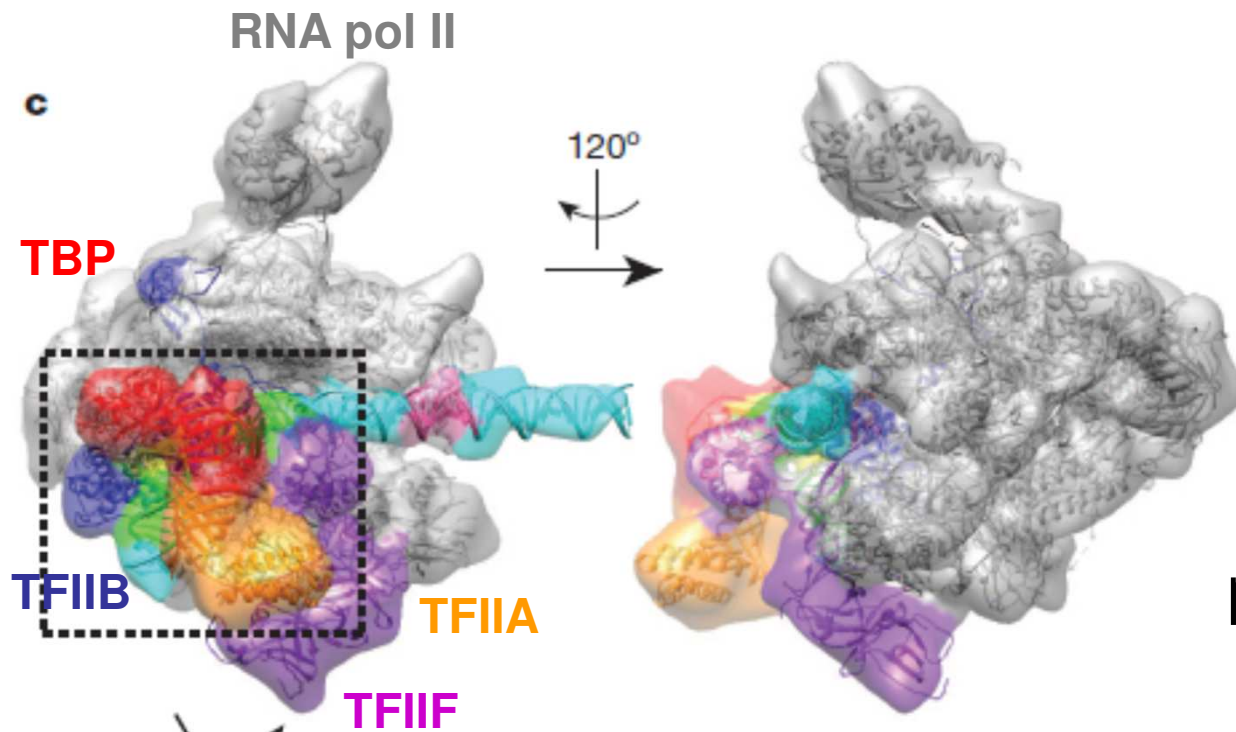


Rekonstrukce celého PIC

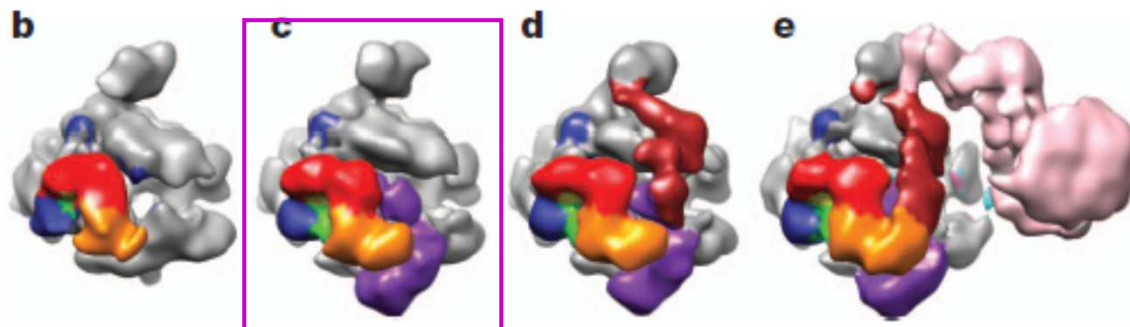
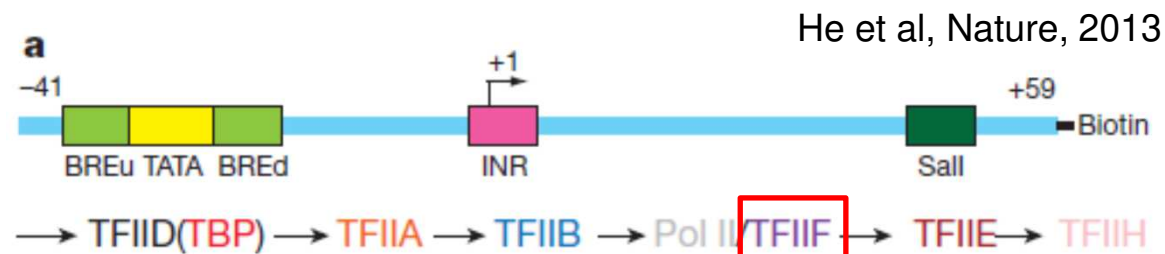
- biotin-DNA navázána na streptavidinové kuličky – na DNA nachytány *in vitro* sestavené komplexy – odštěpeno *Sall* a cryoEM - postupně rekonstruován celý PIC



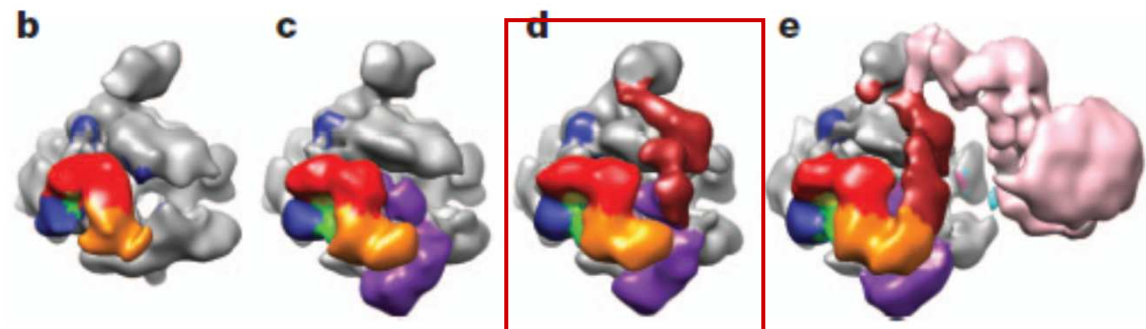
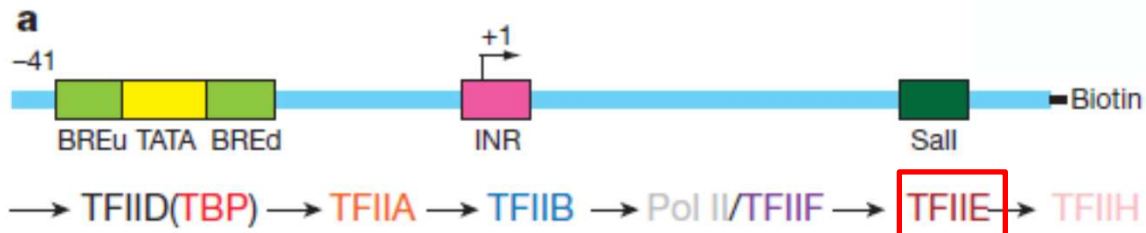
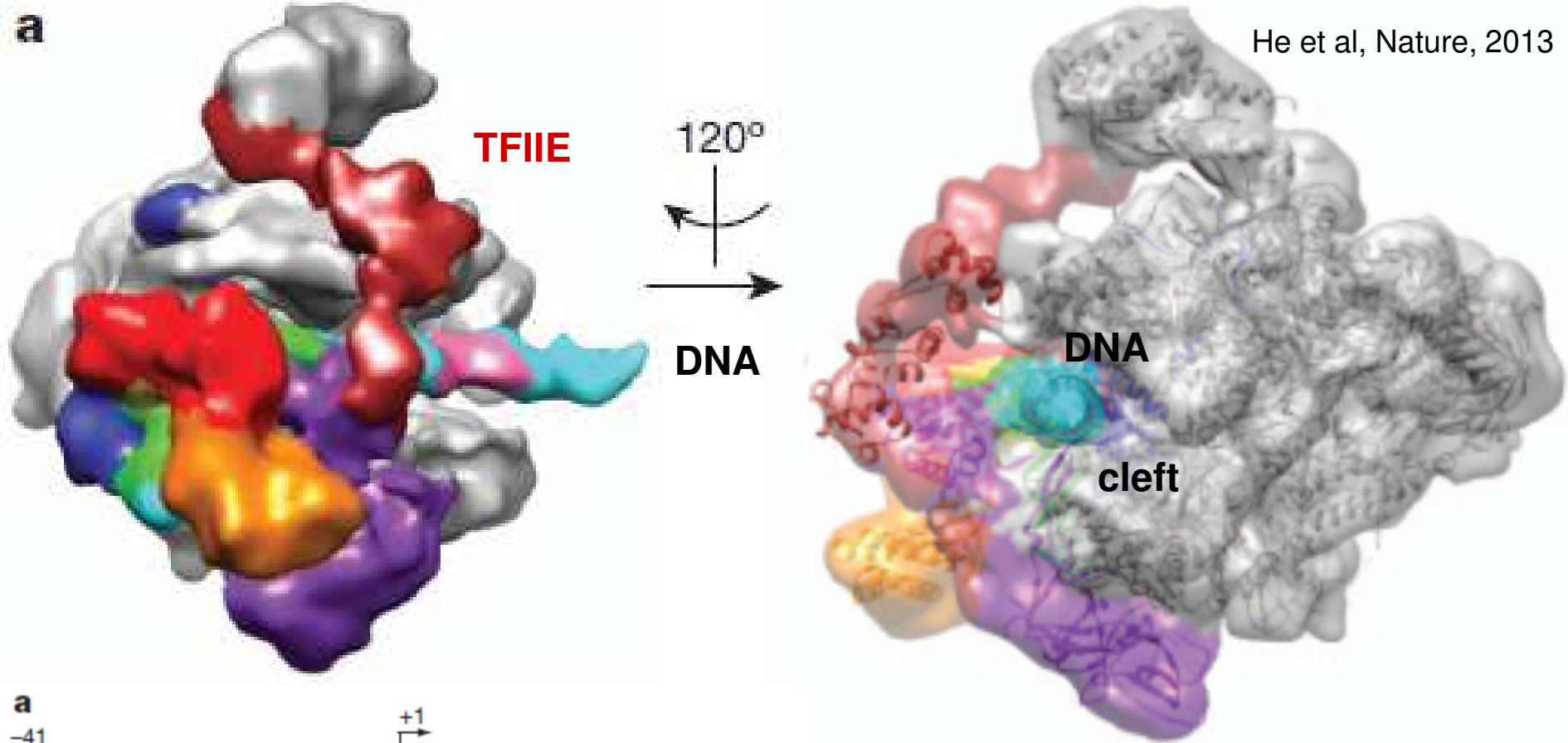
He et al, Nature, 2013



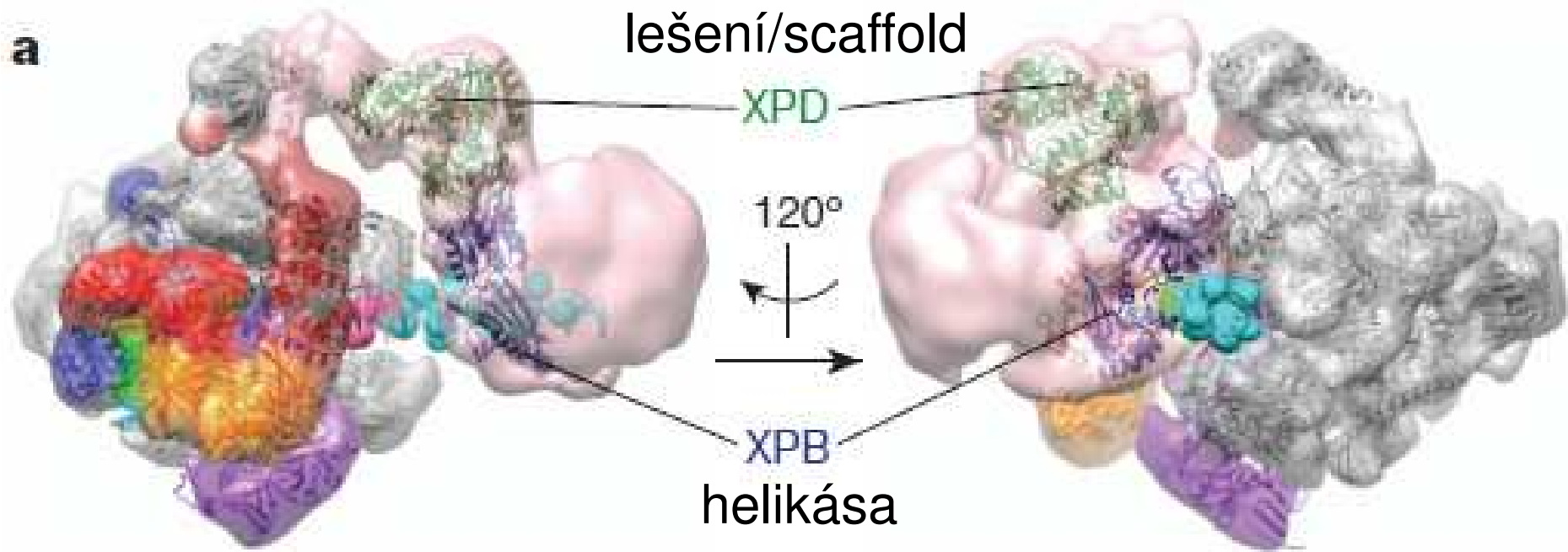
- **TFIIF** (navázaný na pol II) stabilizuje DNA v prohlubni/cleft pol II a pomáhá TFIIB s nastavením startu (WHD z RAP30 podjednotky váže přímo DNA: BRE_{downstream})



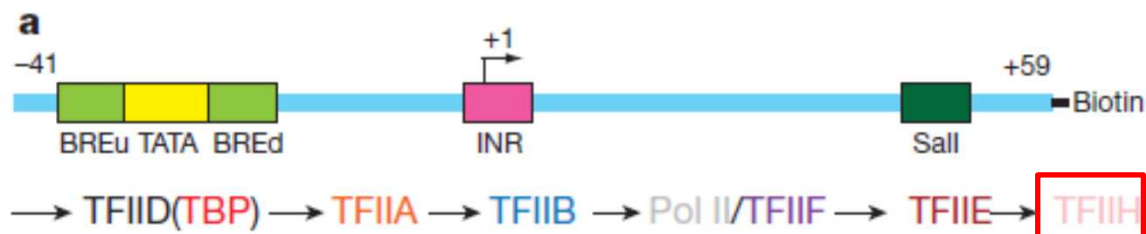
Vanini & Cramer, Mol Cell, 2012



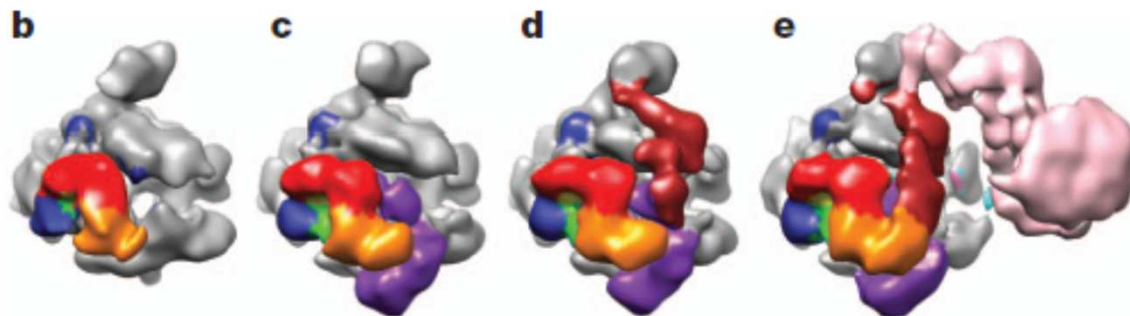
- TFIIF tandem 4x WHD uzamyká DNA v RNAPol II prohlubni
- váže TFIIE a pomáhá tak další stabilizaci komplexu



- XPB a XPD regulují transkripci vs opravu DNA (NER)



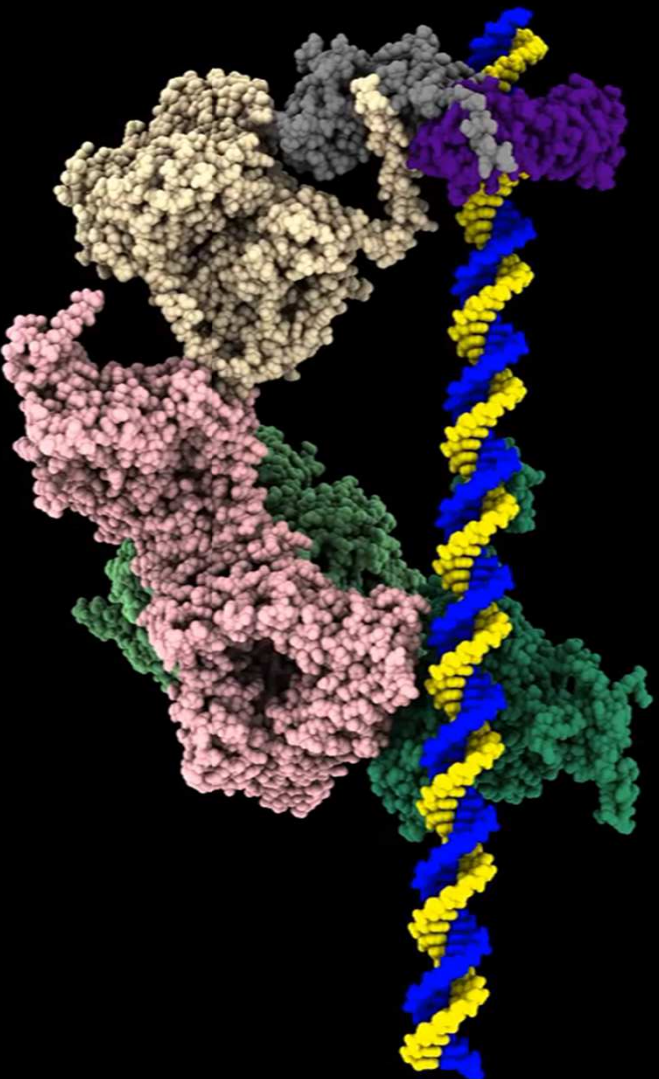
lidský PIC komplex
He et al, Nature, 2013



- **TFIIF** (10 podjednotek, 450KDa), podkomplex CDK7-cyklin H-MAT1 fosforyluje pol II (Rpb1)

- XPB v kontaktu s DNA rozvíjí dvoušroubovici

CPTATA-only-TFIID

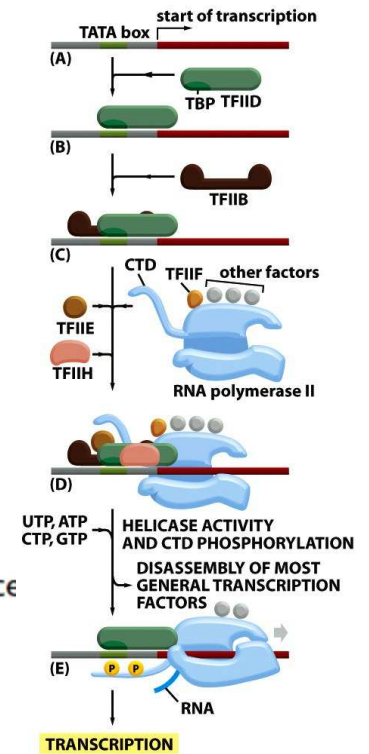


TFIIA
TBP
TAF1/7
IID-A
IID-B
IID-C2

začátek transkripce - faktory

TABLE 1 Components of the human general transcription machinery

Factor	Protein composition	Function
TFIIA	p35 (α), p19 (β), and p12 (γ)	Antirepressor; stabilizes TBP-TATA complex; coactivator
TFIIB	p33	Start site selection; stabilize TBP-TATA complex; pol II/TFIIF recruitment
TFIID	TBP + TAFs (TAF1-TAF14)	Core promoter-binding factor Coactivator Protein kinase Ubiquitin-activating/conjugating activity Histone acetyltransferase
TFIIE	p56 (α) and p34 (β)	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 promoter Recruits TFIIE 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 clearance 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 processing factors CTD phosphorylation, glycosylation, and ubiquitination

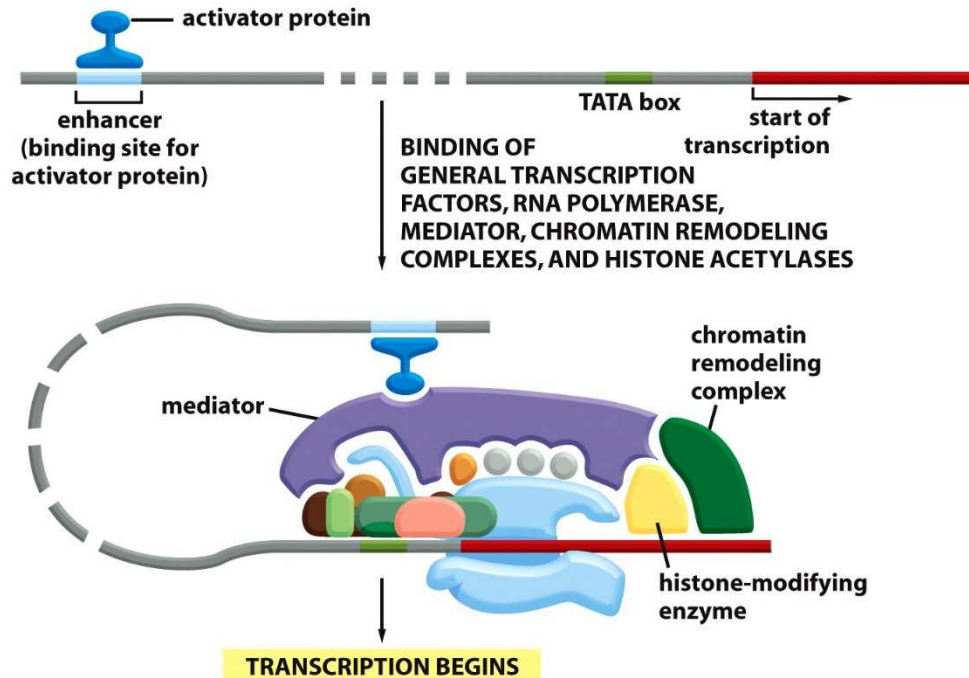


Thomas et al., CRiBMB, 2006

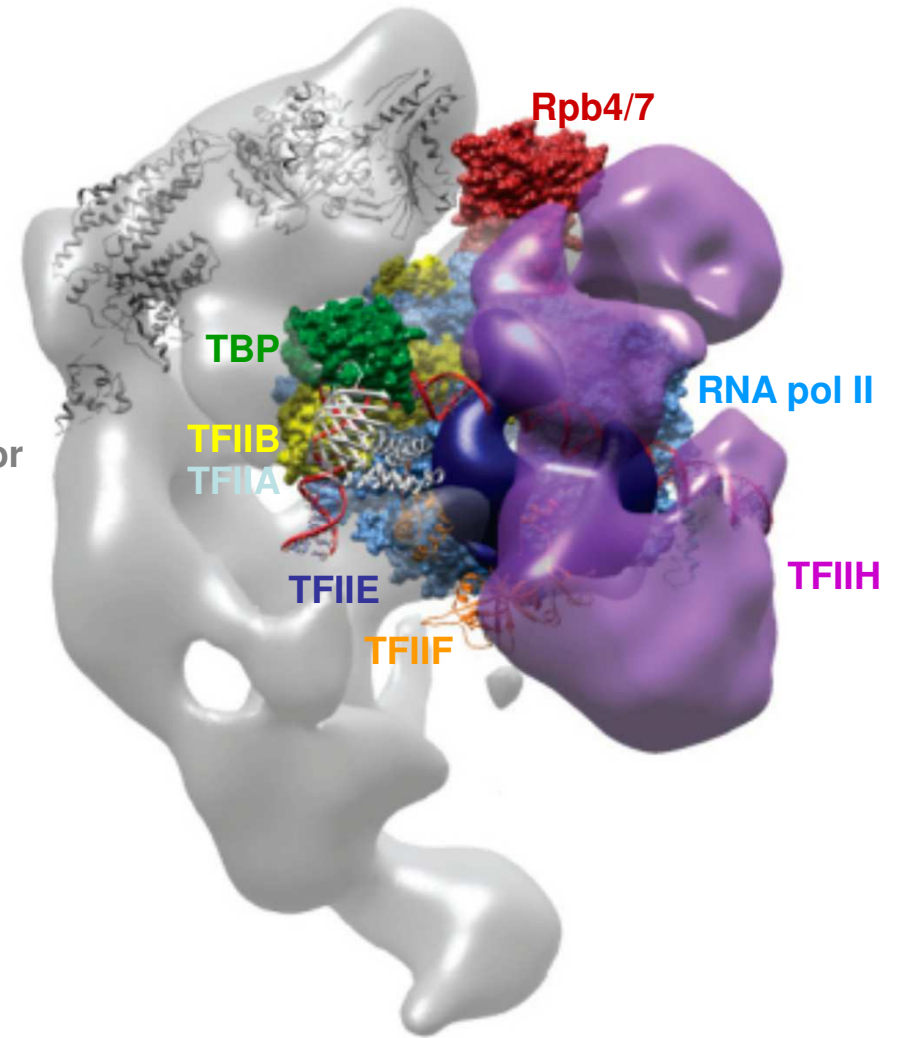
RPB1 CTD (heptapeptide YSPTSPS repeat) fosforylace

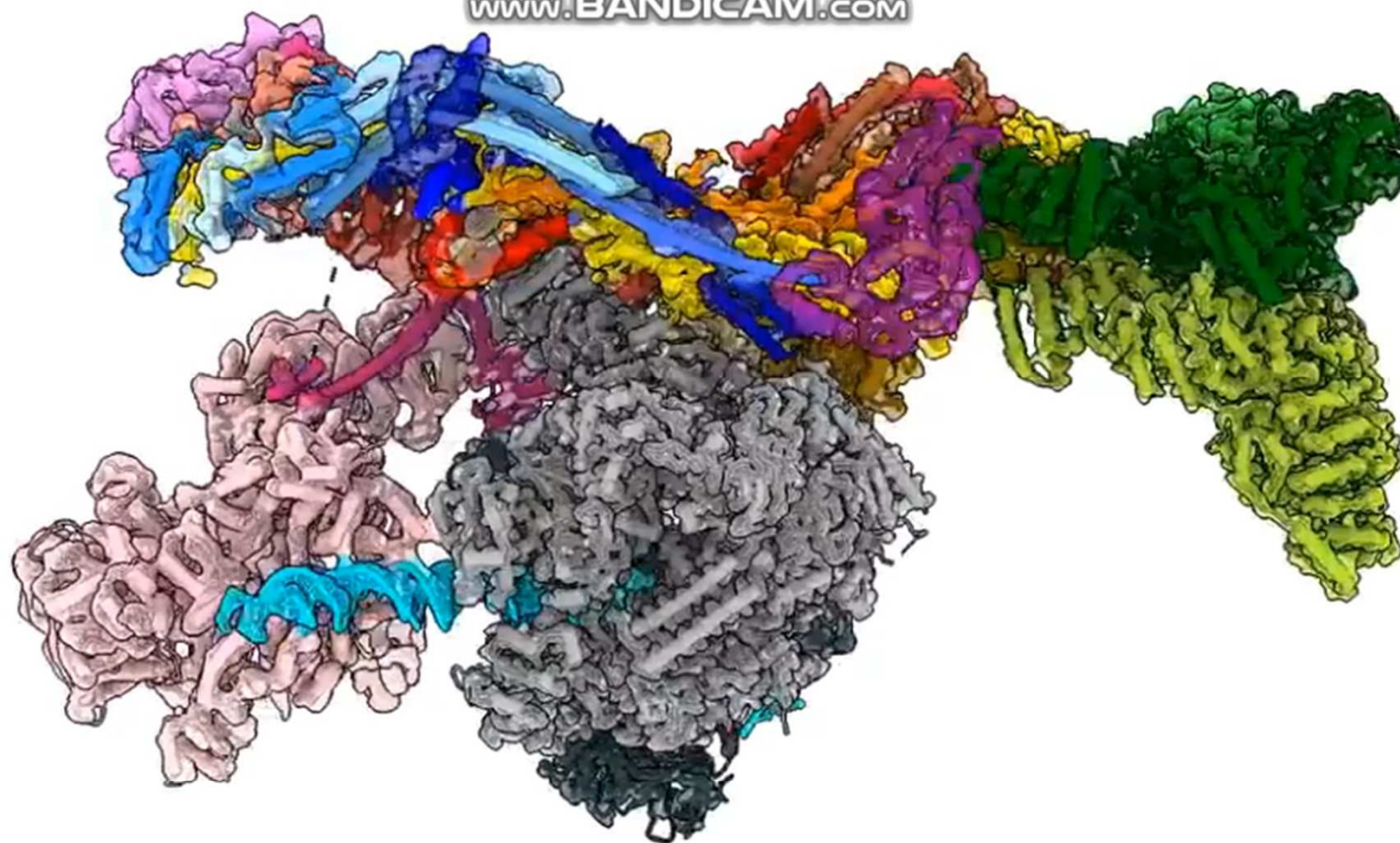
- mechanismus aktivace transkripce zahrnuje vazbu transkripčních aktivátorů, mediátoru (vytvoření transkripční smyčky) ...
 uvolnění chromatinové struktury

...



mediator





cPIC: RNA Pol II GTFs DNA

TFIIF: cTFIIH Mat1 cyclin-H CDK7

MedHead: Med6 Med8 Med11 Med17 Med18 Med20 Med22 Med27 Med28 Med29 Med30

MedMiddle: Med1 Med4 Med7 Med9 Med10 Med19 Med21 Med26 Med31

MedTail: Med15 Med16 Med23 Med24 Med25 Scaffold: Med14

0:07 | 32,1 tis. zobrazení

TRANSCRIPTION

