“遗传密码摆动识别”的分子基础被揭示

作者：writer 来源：科学网

本文原地址：https://www.iikx.com/news/progress/40084.html

本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！

“遗传密码摆动识别”的分子基础被揭示
。近日，四川农业大学动物医学院动物医学免疫学研究团队在《核酸研究》在线发表研究论文，系统揭示了蛋白质翻译过程中一个关键但精妙的“摆动”机制。该研究利用量子力学计算，阐明了tRNA通过修饰进而“摆动识别”遗传密码的底层原理，为理解基因中遗传密码解码为蛋白质的翻译控制提供了新视角，为后续研究tRNA修饰异常与疾病（如神经系统疾病、代谢病等）提供了结构生物学的新认知。

基因组中的遗传信息（即遗传密码）通过转录传递给信使RNA，将特定的遗传密码的组合转换为蛋白质中的氨基酸序列，但这一蛋白翻译过程存在“不匹配”的可能，即RNA的密码子有61种，而细胞中携带氨基酸的“转运工具”tRNA却少于61种。

科学家曾提出了著名的“摆动假说”，tRNA上反密码子的第34位碱基能与密码子第三位上的多个碱基发生非经典的配对，从而实现“一把钥匙开几把锁”。本研究首次从微观物理层面，揭开了第34位碱基上化学修饰如何赋予这种自由的“摆动”，即一定程度摆动解码，但不发生错误解码。研究团队通过量子力学计算，发现这些修饰不仅能锁定配对结构、诱导额外氢键，核糖体解码区的信使RNA也会通过微小构象调整提供柔性支持，创新提出“协同与动态互补”模型，揭示tRNA第34位的化学修饰、碱基本身的电子云状态，以及核糖体解码中心的微环境三者协同作用，从而实现“摆动配对”的识别机制。

相关论文信息：https://doi.org/10.1093/nar/gkag299

作者：杨晨 来源：中国科学报

更多 科学进展 请访问 https://www.iikx.com/news/progress/

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，爱科学iikx.com转发