

1.4 核酸和蛋白质的相互作用



核酸和蛋白质的识别和相互作用是遗传密码的复制、转录和翻译过程可能的分子机制。

特定的核苷酸序列，通常小于20bp，可作为特定蛋白调节基因的识别位点开关基因。

有上千种此类DNA序列被鉴别到，每种都被不同的基因调节蛋白（或一套相关的调节蛋白）所识别。

蛋白质与核酸的识别类型

螺旋-转折-螺旋(helix-turn-helix)结构

锌指(zinc fingers)结构

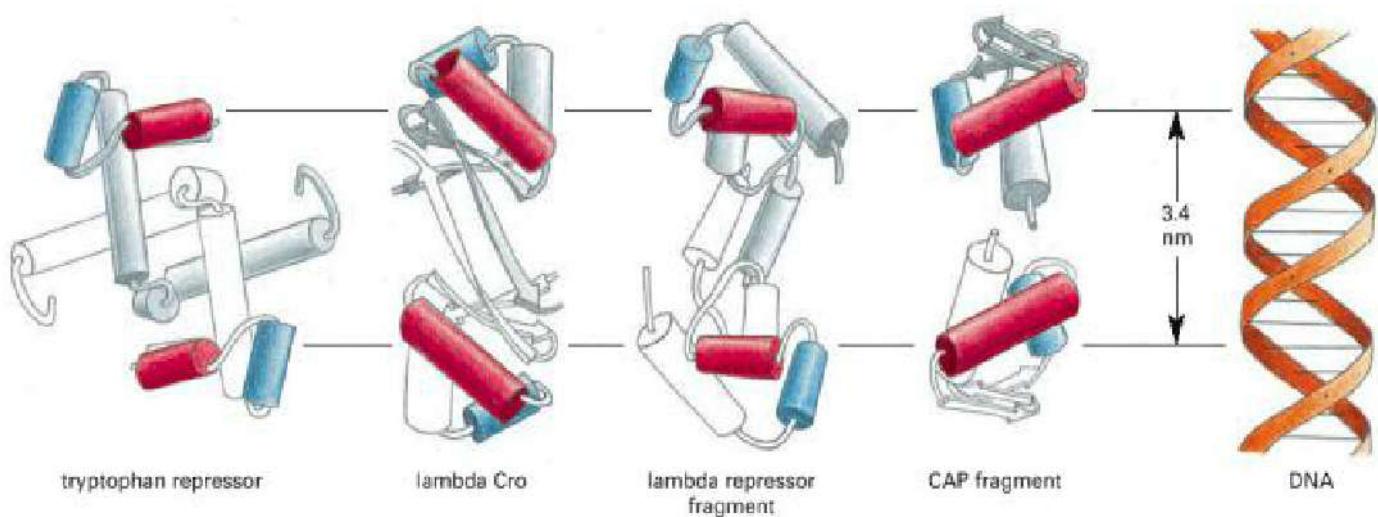
亮氨酸拉链(leucine zippers)结构

螺旋-环区-螺旋(helix-loop-helix)结构

登高必自卑，行远必自迩

螺旋-转折-螺旋结构

参与DNA识别的是一对 α -螺旋，彼此倾斜，中心距离3.4nm，恰好转过一周DNA螺旋。



登高必自卑，行远必自迩

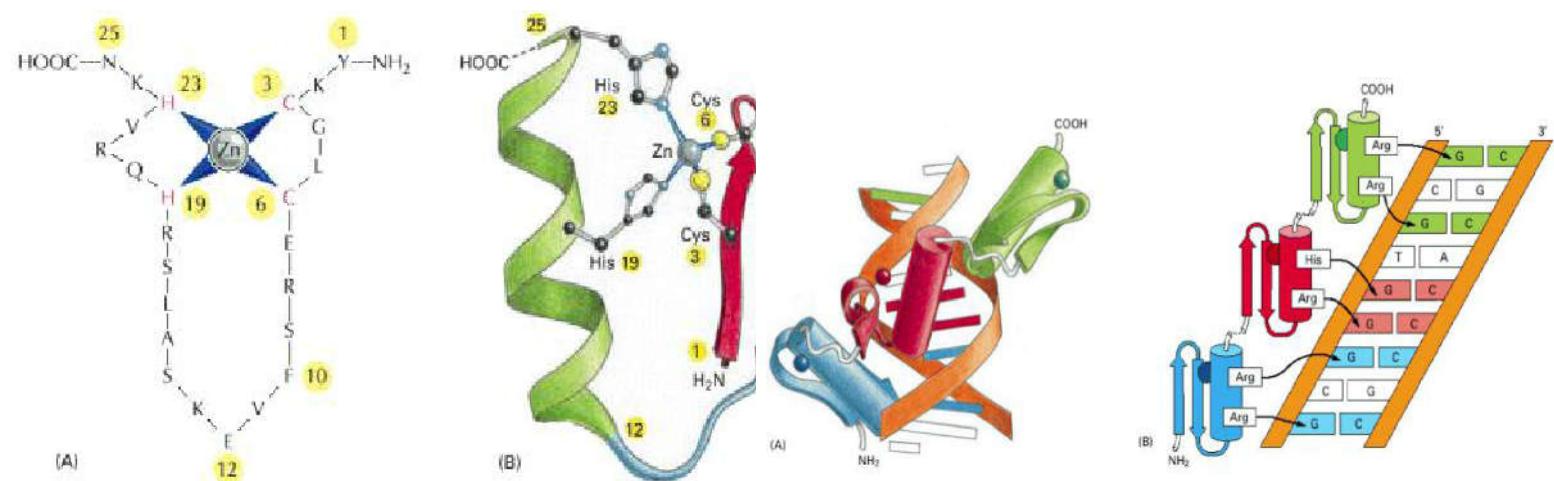
锌指结构

锌配合的DNA结合模体都叫做锌指（zinc finger）。

第一类是在激活真核rRNA基因的蛋白中发现的。它是一个简单结构，由一个 α -螺旋和 β -片层结构由锌原子连接在一起形成的。

第一类锌指通常一个接一个排列，以便每个锌指的 α -螺旋能与DNA大沟接触，沿着大沟形成一串几乎连续的螺旋。

第一类锌指的特点是可通过改变锌指重复的数量来调整DNA和蛋白质之间互作的键能。其他DNA结合模体难以想象会形成重复的链。



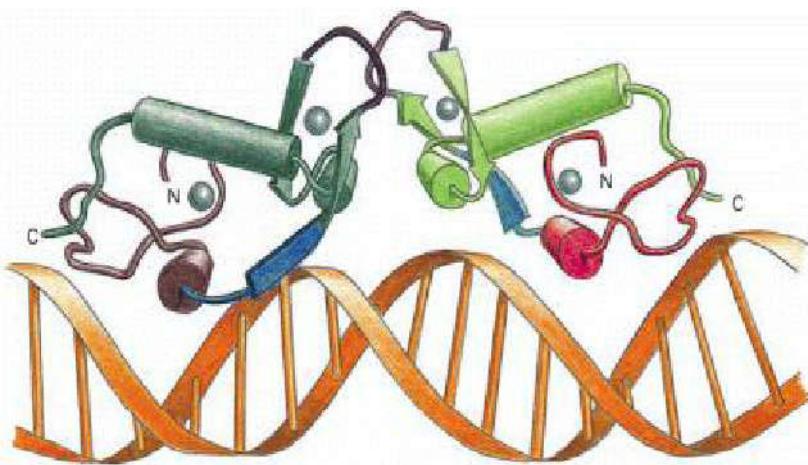
登高必自卑，行远必自迩



第二类锌指

第二类锌指发现于一大类胞内蛋白受体中。它的结构是两个螺旋被锌原子包装在一起，它们通常形成二聚体，其中的一个亚单位与蛋白质的大沟互作。

尽管两类锌指结构不同，但都有两个共同特征：都用锌作为结构元素，都用一个 α -螺旋识别DNA的大沟。



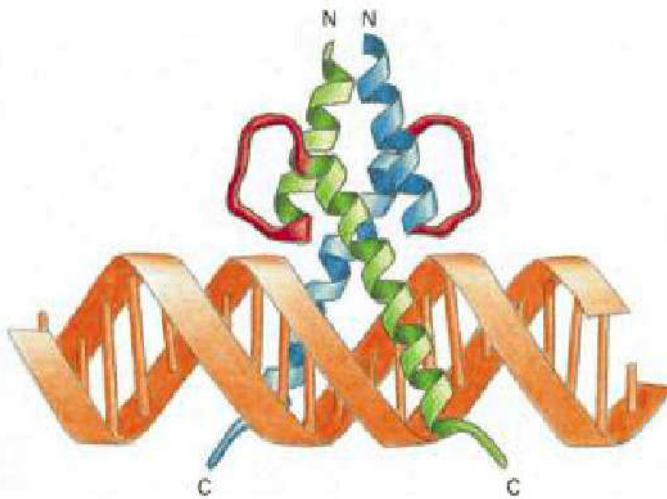
登高必自卑，行远必自迩

螺旋-环-螺旋结构

另一种重要的DNA结合模体与亮氨酸拉链有关，是螺旋-环-螺旋模体（helix-loop-helix，HLH），应与螺旋-转角-螺旋区别开。

HLH模体是由一段短的螺旋通过一段环与另一段长的螺旋连接而成的。环的灵活性允许一段螺旋相对于另一段螺旋折叠和包装。

这种二螺旋结构既能与DNA结合，又能与另一个HLH蛋白结合。这两个HLH蛋白可以组成同源二聚体，也可以组成异源二聚体。



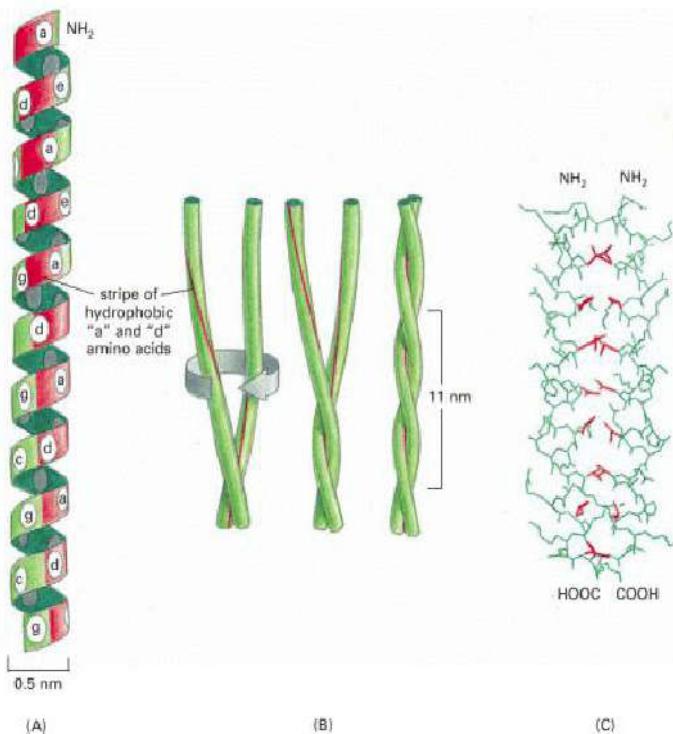
登高必自卑，行远必自迩

亮氨酸拉链结构

蛋白负责二聚化的部分与负责DNA结合的部分通常不同。但是，亮氨酸拉链结构

(leucine zipper motif) 把这两种功能以优雅而经济的方式结合起来。如此称呼是因为这两个 α -螺旋结合在一起形成一段短的卷曲螺旋。

二聚体被从每一个螺旋伸出的AA的疏水侧链(通常是亮氨酸)聚集在一起。在二聚体的接触面上面，两个 α -螺旋彼此分开，形成Y-状结构，允许它们的侧链与DNA大沟接触。二聚体抓住双螺旋的样子就像夹子夹住晒衣绳一样。



登高必自卑，行远必自迩