

ЗАДАНИЯ
практического тура регионального этапа XXXVI Всероссийской
олимпиады школьников по биологии. 2019-20 уч. год. 11 класс
БИОИНФОРМАТИКА

20 баллов

(вариант 1)

Мутации, приводящие к исчезновению либо появлению в кодирующей последовательности стоп-кодонов, как правило, значительно влияют на структуру и функцию кодируемого белка. При этом мутации замены одного нуклеотида на другой происходят намного чаще, чем потери или вставки нуклеотидов. Наиболее простой моделью, используемой для анализа нуклеотидных замен, является модель Кантора-Джукса, в которой вероятности замены любого определенного нуклеотида на любой из трёх других нуклеотидов считаются одинаковыми. Безусловно, у реальных живых организмов вероятности разных нуклеотидных замен различаются, однако для простоты анализа можно применить модель Кантора-Джукса и считать, что для каждого триплетного кодона существует девять других кодонов, отличающихся от него на одну нуклеотидную замену (три варианта по первому нуклеотиду, три по второму и ещё три по третьему). Рассмотрите на рисунке 1 таблицу генетического кода и ответьте **на Листе ответов**, кодоны каких аминокислот и каким количеством способов могут переходить в стоп-кодоны в результате **одной** нуклеотидной замены.

первый нуклеотид	Второй нуклеотид				третий нуклеотид
	(T)	(C)	(A)	(G)	
(T)	F Фенилаланин (Phe)	S (Ser)	Y Тирозин (Tyr)	C Цистеин (Cys)	T
	F Фенилаланин (Phe)	S Серин (Ser)	Y Тирозин (Tyr)	C Цистеин (Cys)	C
	L Лейцин (Leu)	S (Ser)	стоп-кодоны	стоп-кодон	A
	L Лейцин (Leu)	S (Ser)		W Триптофан (Trp)	G
(C)	L (Leu)	P (Pro)	H Гистидин (His)	R (Arg)	T
	L (Leu)	P (Pro)	H Гистидин (His)	R Аргинин (Arg)	C
	L Лейцин (Leu)	P Пролин (Pro)	Q (Gln)	R (Arg)	A
	L (Leu)	P (Pro)	Q Глутамин (Gln)	R (Arg)	G
(A)	I (Ile)	T (Thr)	N (Asn)	S Серин (Ser)	T
	I Изолейцин (Ile)	T Треонин (Thr)	N (Asn)	S Серин (Ser)	C
	I (Ile)	T (Thr)	K Лизин (Lys)	R Аргинин (Arg)	A
	M Метионин (Met)	T (Thr)	K Лизин (Lys)	R Аргинин (Arg)	G
(G)	V (Val)	A (Ala)	D Аспарагиновая (Asp)	G (Gly)	T
	V (Val)	A (Ala)	D кислота (Asp)	G Глицин (Gly)	C
	V Валин (Val)	A (Ala)	E Глутаминовая (Glu)	G (Gly)	A
	V (Val)	A (Ala)	E кислота (Glu)	G (Gly)	G

Рисунок 1. Таблица генетического кода

Ответьте **на Листе ответов**, сколько кодонов кодируют аминокислоты (являются значащими), сколько существует вариантов перехода одного значащего кодона в другой (не обязательно значащий) путём одной нуклеотидной замены, и какая доля нуклеотидных замен будет приводить к возникновению внутри рамки считывания стоп-кодона (считая, что нуклеотидные замены подчиняются модели Кантора-Джукса, а частоты всех кодирующих аминокислоты кодонов равны).

В норме стоп-кодоны узнаются специальными белками – факторами терминации трансляции, например, у бактерий фактор RF1 узнает UAA и UAG, фактор RF2 узнает UAA и UGA, а фактор RF3 не узнает стоп-кодонов напрямую, но помогает факторам RF1 или RF2 покинуть рибосому. У эукариот в цитоплазме все три стоп-кодона узнаются фактором eRF1, которому помогает фактор eRF3. При этом в митохондриальной ДНК значения стоп-кодонов могут переопределяться, поскольку в митохондриях для третьего нуклеотида в кодоне важно, пурин это или пиримидин, а не какой конкретно пурин (или пиримидин). Ответьте **на Листе ответов**, какое **минимальное количество** различных видов факторов терминации трансляции может быть в клетке позвоночного животного, а также какой стоп-кодон в митохондриальном коде интерпретируется как аминокислота.

Иногда стоп-кодоны могут прочитываться тРНК как обычные кодоны, кодирующие аминокислоты. Обычно это происходит в случае мутации в антикодоновой петле тРНК, приводящей к ошибочному распознаванию стоп-кодона. У одного из штаммов кишечной палочки с некоторой вероятностью трансляция не прекращается на стоп-кодоне UGA, а продолжается дальше, причем первой дополнительной аминокислотой у таких белков является глицин. Напишите **на Листе ответов** последовательность нуклеотидов антикодона нормальной глициновой тРНК этого штамма, и мутантную последовательность, узнающую UGA, которая возникла в результате одной нуклеотидной замены в последовательности антикодона. Учтите, что мРНК и тРНК антипараллельны.

БИОИНФОРМАТИКА

Стоп-кодон TAA		Стоп-кодон TAG		Стоп-кодон TGA	
Аминокислота	№ позиции	аминокислота	№ позиции	аминокислота	№ позиции
-----	-----			-----	-----

[illegible]

Последовательность антикодона исходной глициновой тРНК 5'-_____3' (1 б.)