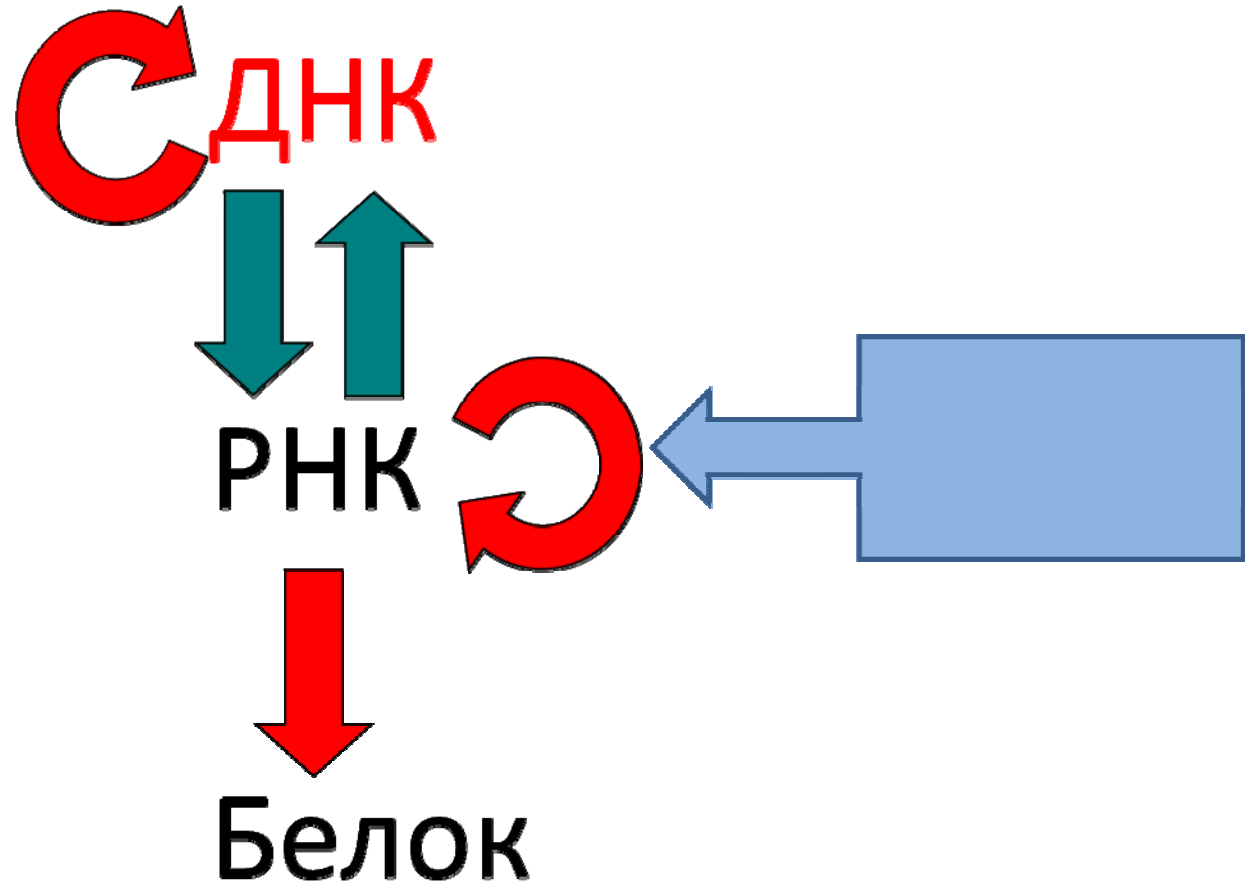


Характеристика РНК

ДНК —
«хранитель информации»

РНК — «посредник
информации»

Белок —
«рабочая лошадка —
исполнитель информации»



Предисловие:

После установления роли ДНК в передаче наследственных признаков и ее строения в 1944 – 1953 гг. ДНК была провозглашена "главной молекулой жизни", "нитью жизни", началом всего живого.

Молекулам РНК отводилась второстепенная роль – считалось, что РНК, в основном, выполняет функцию посредника, воспринимающего генетическую информацию от ДНК с помощью транскрипции и реализующего ее в виде биосинтеза белков.

Однако на самом деле – это не так!!!

Роль РНК в жизнедеятельности клетки:

- рибонуклеотид АТФ - универсальный источник энергии;
- кофакторы НАДН, НФДФН, ФАД, СоА – производные рибонуклеотидов;
- производные рибонуклеотидов являются ключевыми сигнальными молекулами в клетках, например, цАМФ, цГМФ;
- РНК необходима для запуска процесса репликации молекул ДНК – выполняет роль «затравки»;
- РНК выполняет роль генома у вирусов и вирионов;
- три типа РНК – мРНК, тРНК и рРНК участвуют в синтезе белка;
- РНК выполняет роль матрицы в обратной транскрипции;
- РНК участвует в наращивании теломерных концов хромосом;
- РНК способна самостоятельно созреть – обладает способностью к самосплайсингу;
- рРНК участвует в построении рибосом (различные типы рРНК);
- тРНК молекулы участвуют в нематричном синтезе белка (без участия рибосом);
- тРНК адапторы для аминокислот;
- тРНК участвует как затравка в обратной транскрипции;
- РНК способна к кодированию;
- РНК способна к рекомбинации;
- РНК- регулятор экспрессии генов (6S РНК);
- антисмысловые РНК;
- РНК – хелаторы ионов металлов;
- РНК имеет ферментативную активность – рибозимную;
- РНК может выполнять роль аптамеров (присоединять аминокислоты, пептиды, антибиотики);
- РНК выполняют роль транспортеров биологических молекул между отдельными компартментами клеток;
- РНК способна к гибридизации;
- РНК может редактироваться (исправлять ошибки в своей молекуле).

ПРИНЦИПЫ МАКРОМОЛЕКУЛЯРНОЙ СТРУКТУРЫ РНК

(1960 - 1962)

- 1) РНК, в отличие от ДНК, **одноцепочечна**.
- 2) Высокомолекулярные РНК представляют собой **ковалентно непрерывные цепи**.
- 3) РНК формирует **вторичную структуру** за счет в основном попарного антипараллельного взаимодействия смежных участков цепи.
- 4) РНК способна образовывать **компактные структуры** за счет дальних парных взаимодействий внутри цепи и межспиральных взаимодействий.
- 5) РНК обладает значительной конформационной подвижностью (**конформационные переходы**).

Краткая история открытия РНК

Джерард Маирбакс изолировал первую матричную РНК, кодирующую гемоглобин кролика и показал, что при её введении в ооциты образуется гемоглобин. Северо Очоа получил Нобелевскую премию по медицине в 1959 году за открытие механизма синтеза РНК. Последовательность 77 нуклеотидов одной из тРНК дрожжей *S.cerevisiae* была определена в 1965 году в лаборатории Роберта Холли, за что в 1968 году он получил Нобелевскую премию по медицине.

В 1967 Карл Вёзе предположил, что РНК обладают каталитическими свойствами. Он выдвинул так называемую Гипотезу РНК-мира, в которой РНК протоорганизмов служила и в качестве молекулы хранения информации (сейчас эта роль выполняется ДНК) и катализа реакций (сейчас это делают ферменты).

В 1976 Уолтер Фаэрс и его группа в Гентском Университете (Голландия) определили первую последовательность генома РНК-содержащего вируса, бактериофага MS2.

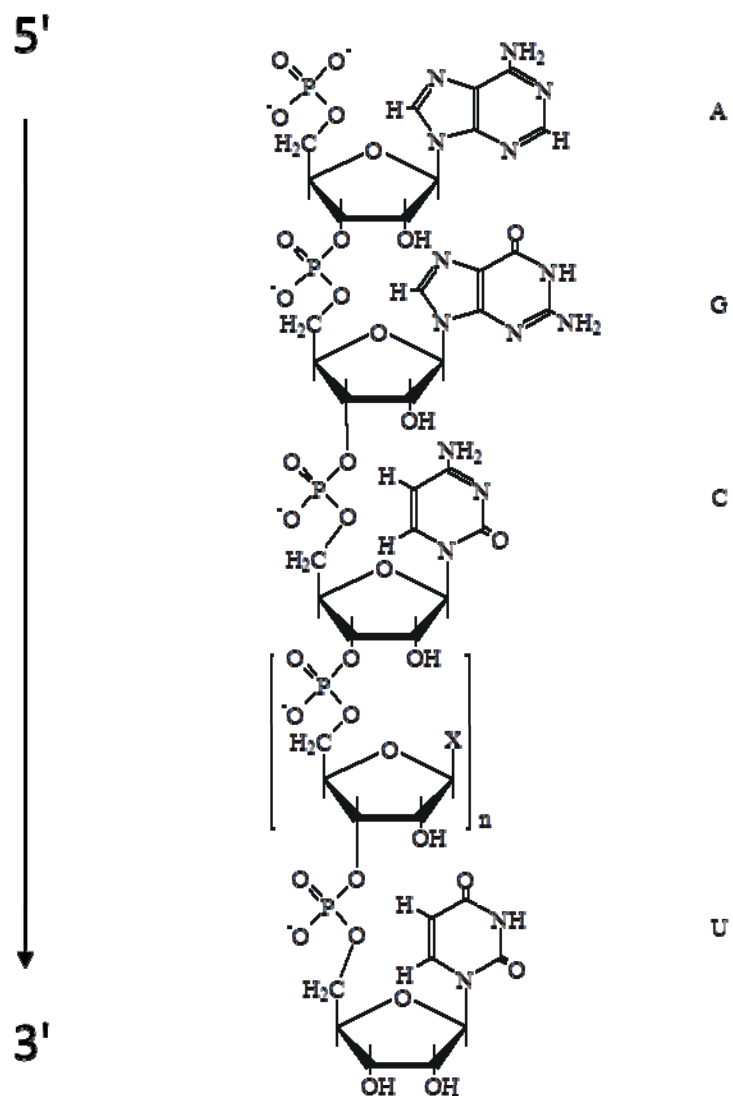
В начале 1990-х было обнаружено, что введение чужеродных генов в геном растений приводит к подавлению выражения аналогичных генов растения. Приблизительно в это же время было показано, что РНК длиной около 22 оснований, которые сейчас называются микро-РНК, играют регуляторную роль в онтогенезе нематод *C.elegans*.

Новое понимание роли молекул РНК имеет не только общенаучное, но и чисто практическое значение. Уже найдены подобные гены в раковых клетках. Это означает, что возможна разработка новых лекарств для воздействия на эти гены или соответствующие РНК.

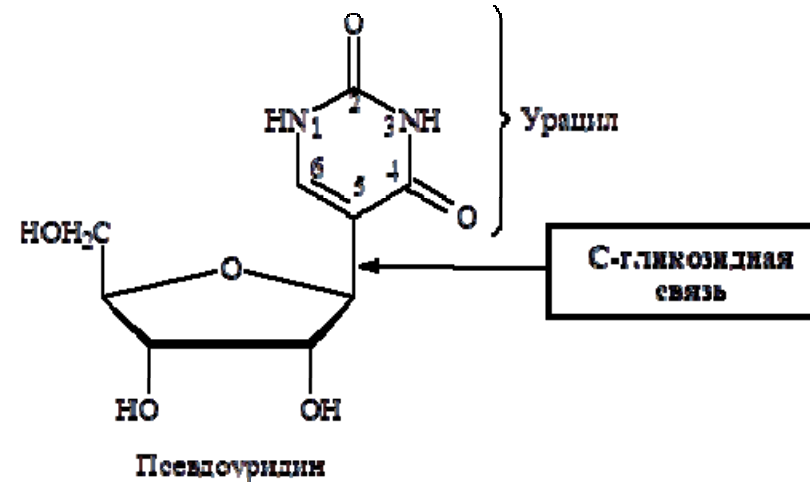
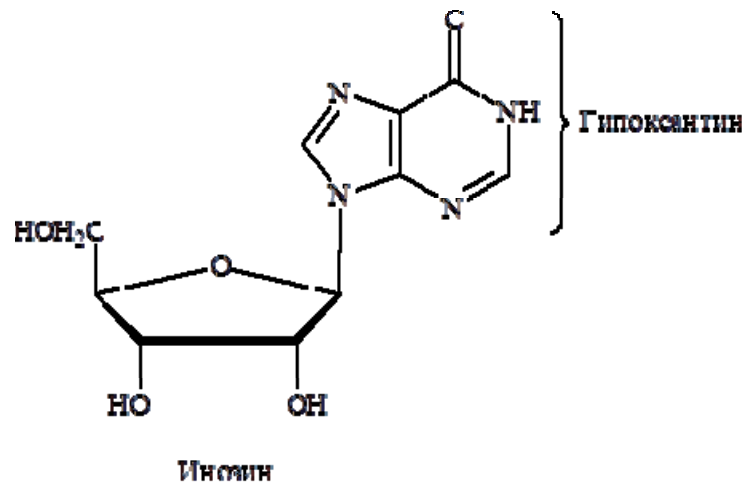
Однако дело не ограничивается лекарствами. РНК-генами заинтересовалась, например, компания Ibis Therapeutics, частично финансируемая министерством обороны США. Одним из направлений деятельности этой фирмы является разработка новых способов борьбы с биологическим оружием, а также поиск контрагентов РНК, которые могли бы внедриться в эти молекулы и воздействовать на их функции. Компания начала работу над созданием бактерий с мутированными РНК-генами, чтобы изучить, заражают ли измененные микробы лабораторных мышей так же эффективно, как нормальные бактерии.

Раскрытие новых функций РНК только начинается. Эта работа, кстати, подтверждает мнение такого именитого микробиолога как Фаустино Кордон. Он считал, что информация, содержащаяся в клеточном ядре, не является "пупом земли", и что многие компоненты клетки вне ядра играют столь же важную роль, как и ДНК.

ПОЛЯРНОСТЬ ПОЛИРИБОНУКЛЕОТИДНОЙ ЦЕПИ



НУКЛЕОЗИДЫ, ВХОДЯЩИЕ В СОСТАВ РНК (РИБОНУКЛЕОЗИДЫ)



Главные отличия в макромолекулярной структуре ДНК и РНК

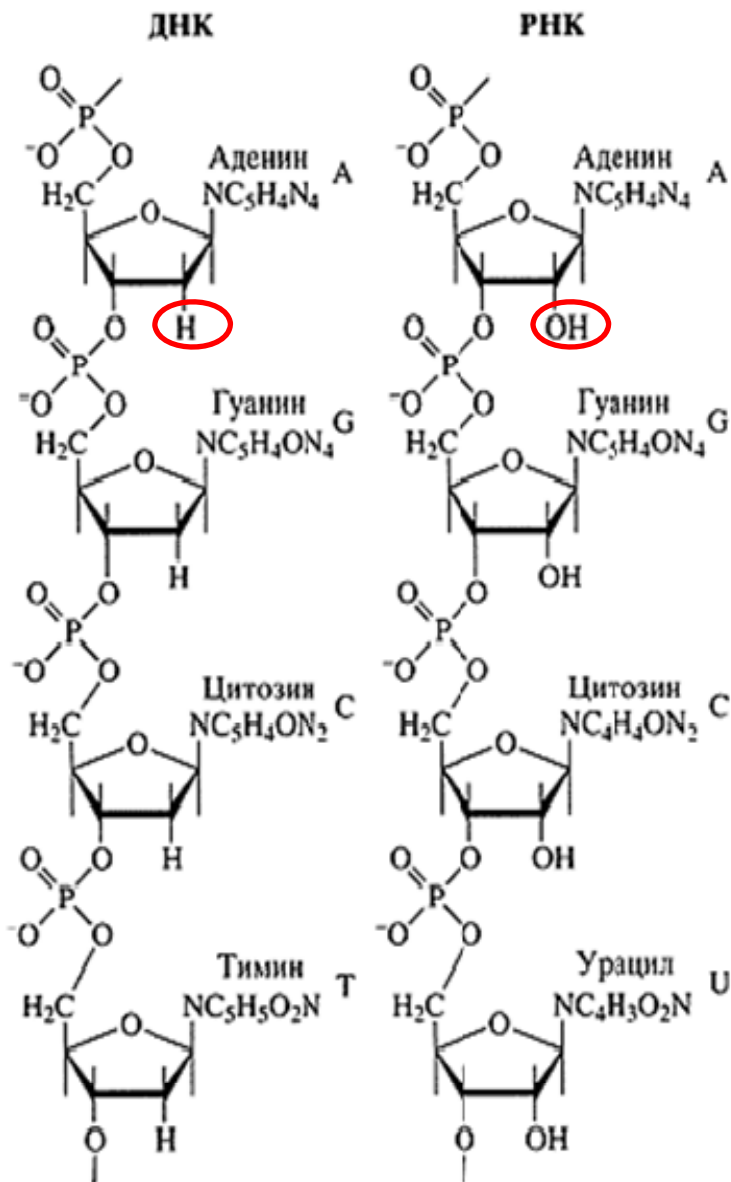
1. **РНК** – одноцепочечный полимер в отличие от ДНК, которая существует в основном в виде всем известной двойной спирали, в которой две цепи ДНК удерживаются вместе за счет образования водородных связей между комплементарными нуклеотидами, а жесткость спирали обеспечивается гидрофобными «стэкинг» взаимодействиями между азотистыми основаниями.

Объясняется это двумя причинами. Во-первых, у всех клеточных организмов отсутствует фермент для катализа реакции образования РНК на матрице РНК. Такой фермент есть лишь у некоторых вирусов, геном которых представлен молекулой РНК. Остальные организмы могут синтезировать РНК только на ДНК-матрице в ходе транскрипции.

Во-вторых, из-за потери метильной группы урацилом связь между ним и аденином получается малоустойчивой, поэтому "удержание" второй (комплементарной) нити для молекулы РНК является существенной проблемой.

В силу указанных причин, РНК не имеет постоянной двухспиральной структуры, а образование двойных участков небольшой протяженности связано с наличием в ее составе комплементарных зон (дуплексов или «шпилек»).

Главные отличия в строении молекул ДНК и РНК:



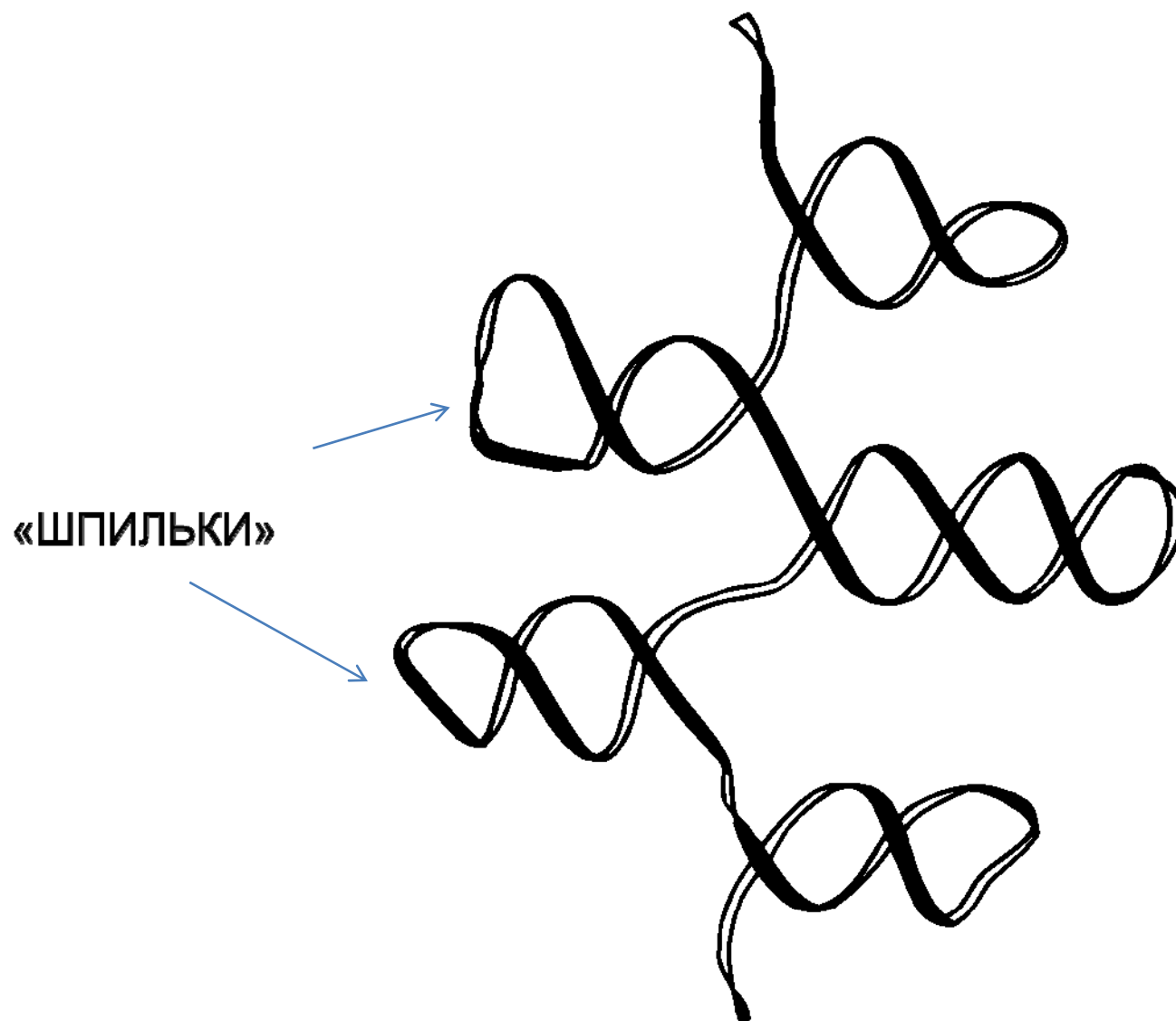
1. В состав сахарофосфатного остова РНК входит сахар рибоза, а ДНК – дезоксирибоза, являющаяся производным рибозы.

2. В дезоксирибозе при втором углеродном атоме (C2') находится атом водорода (H), в рибозе – гидроксильная группа (OH). Эта группа изменяет свойства РНК - увеличивает вероятность гидролиза молекулы РНК, то есть уменьшает ее стабильность

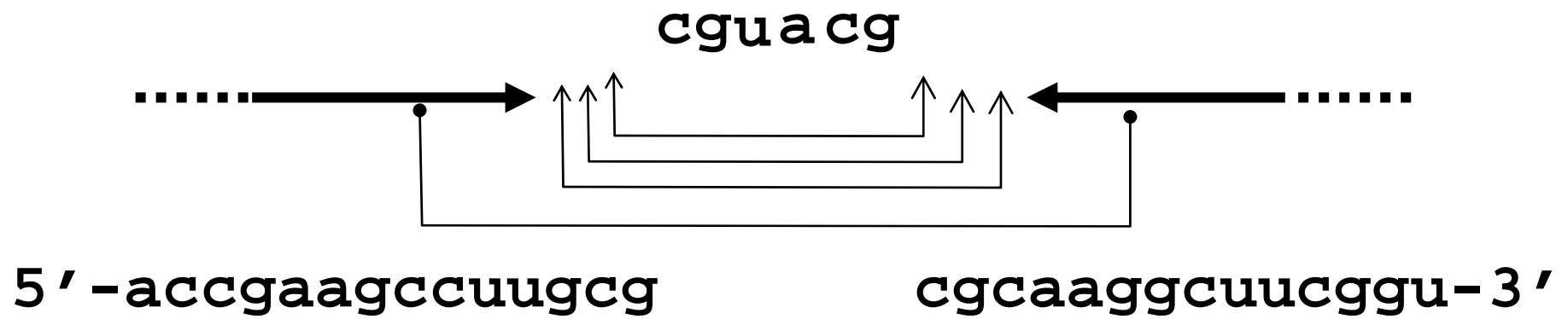
3. В РНК вместо тимина входит урацил, который отличается от тимина лишь тем, что у него отсутствует боковая метильная группа (-CH₃). Урацил – биосинтетический предшественник тимина.

4. Некоторые виды РНК имеет в своем составе большое число модифицированных оснований (сегодня известно около 100 различных модификаций). Например, молекулы тРНК содержат инозин, псевдоуридин, 7-метилгуанозин, 5-метилцитозин и др., что значительно увеличивает их стабильность и, соответственно, «продолжительность жизни».

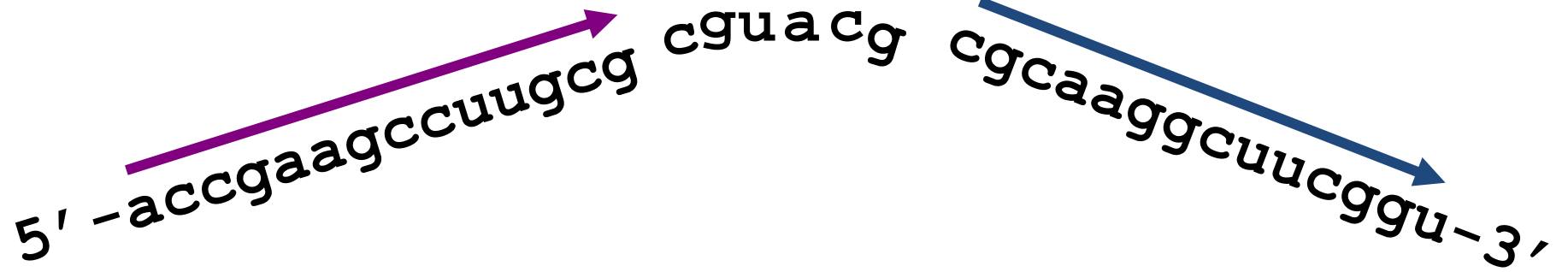
ОДНОЦЕПОЧЕЧНОСТЬ РНК И ФОРМИРОВАНИЕ КОРОТКИХ ДВОЙНЫХ СПИРАЛЕЙ ВНУТРИ ЦЕПИ



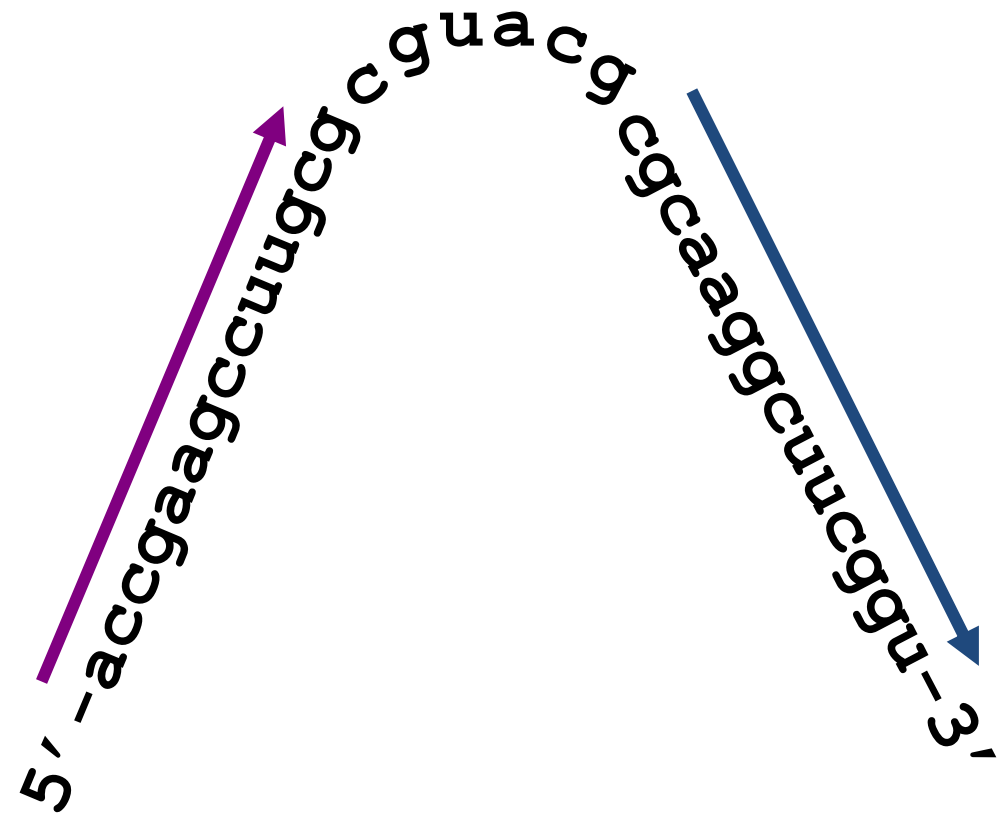
Однонитевая цепь



Однонитевая цепь



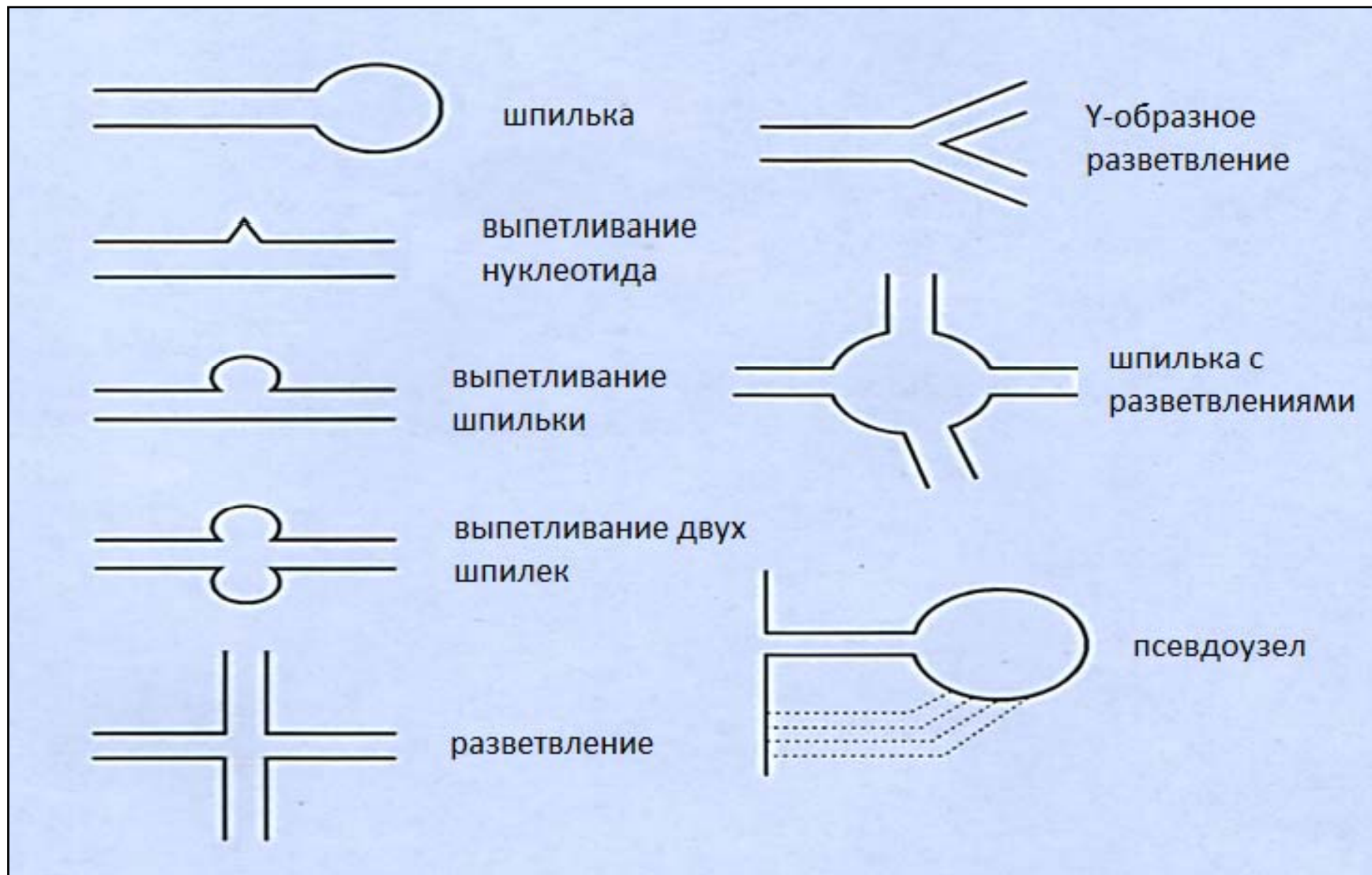
Однонитевая цепь



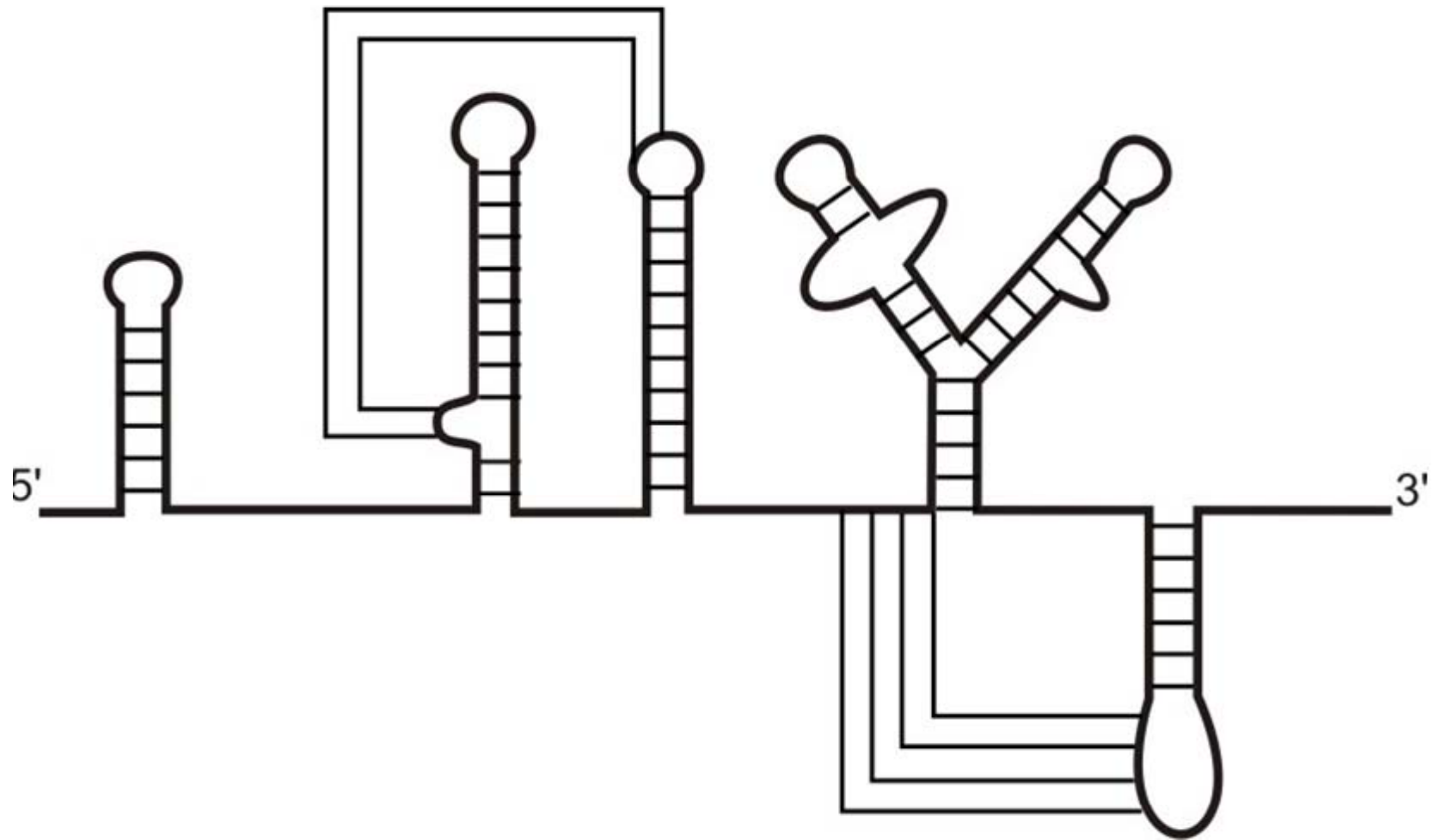
Шпилька



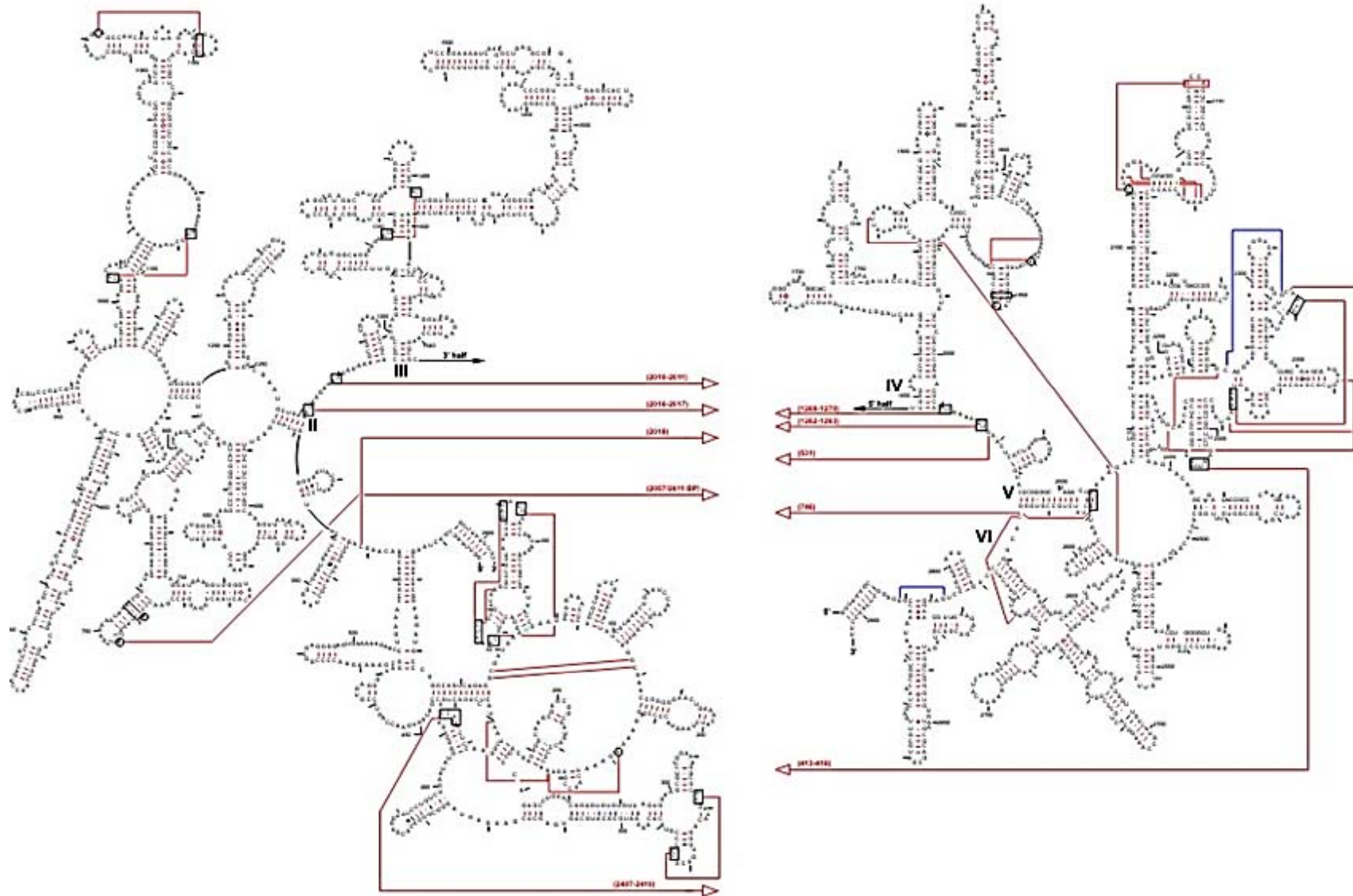
Структурные мотивы РНК



	А-форма	В-форма	Гибрид ДНК и РНК
Тип спирали (правая или левая)	Правозакрученная	Правозакрученная	Правозакрученная
Шаг спирали (Å)	28	34	28
Число оснований на виток	11	10	11
Диаметр молекулы (Å)	20	23	23
Угол наклона оснований относительно плоскости	20°	0°	20
Угол спирального обращения	32,7°	36°	32,7°



Пример вторичной структуры 23S рРНК



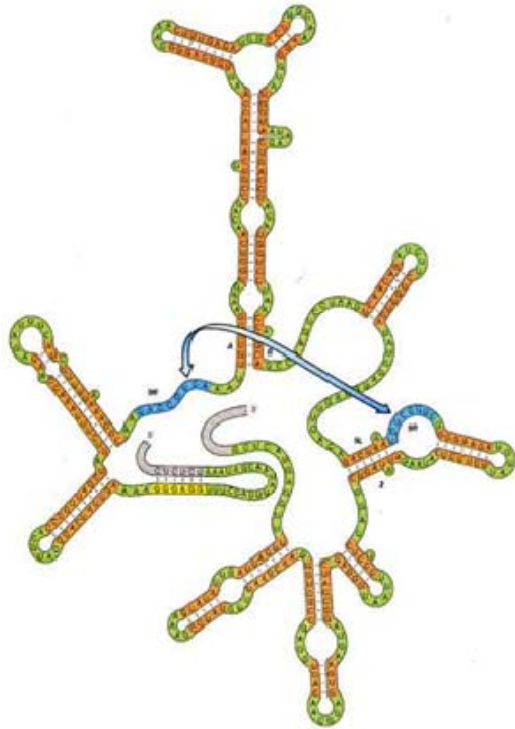


Рис. 2. Молекула рРНК простейшего организма *Tetrahymena*. Видны двухцепочечные участки. Стрелками выделены области, обладающие ферментативной активностью

Помимо «шпилек» дуплексы РНК имеют вид структур типа "головки молотка", петель, крестов, клубков и др.

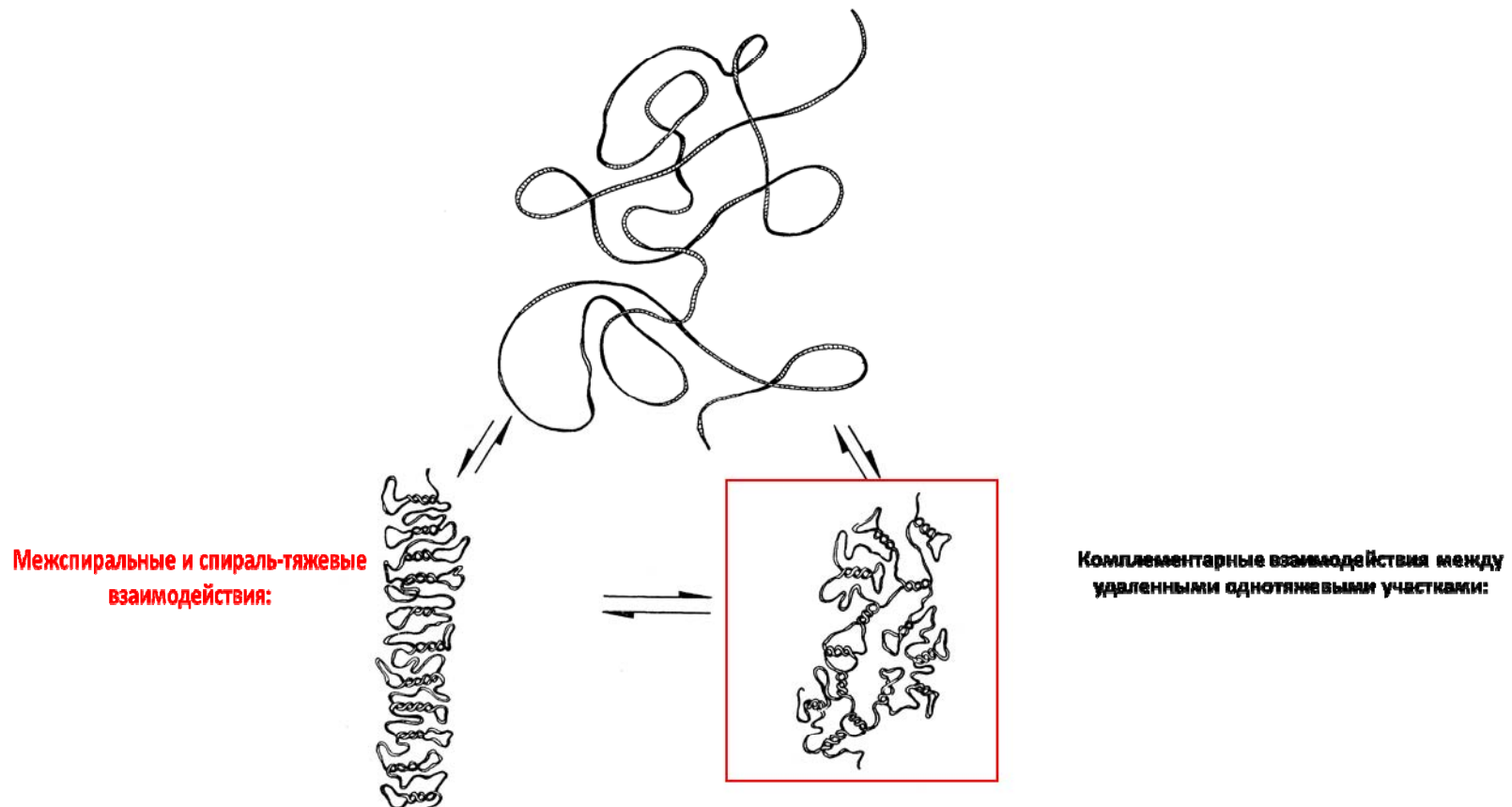
1. Ввиду того, что в С2' положении рибозы находится гидроксильная группа (напомним еще раз, что в ДНК там находится ион водорода), в дуплексных участках РНК образует А-форму двойной спирали.

2. Кроме того, С2'-ОН группа делает РНК не только более конформационно пластичной, но также обеспечивает способность образовывать дополнительные водородные связи (что делает возможным образование трехцепочечных участков) и дает возможность взаимодействовать не только с фосфорной кислотой, но и ионами металлов.

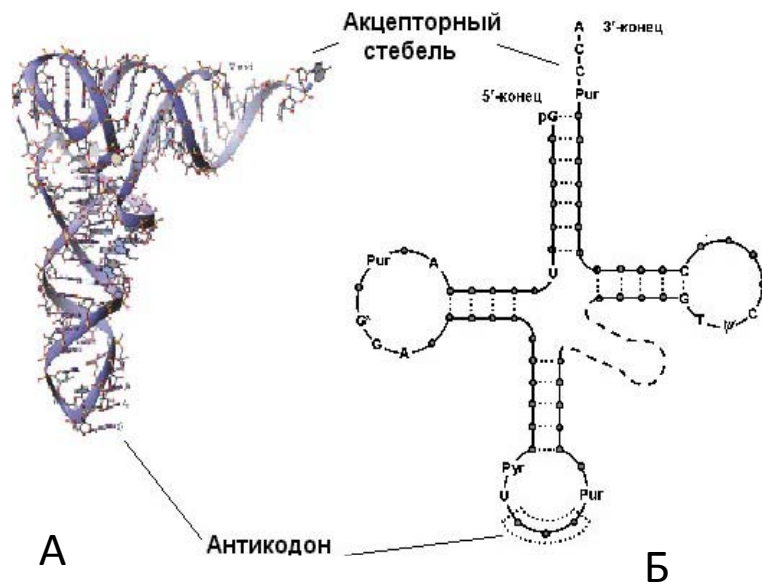
3. Благодаря наличию ОН-группы, РНК может атаковать другие фосфатные связи и их расщеплять. Примером тому служит молекула рибосомальной РНК простейшего организма *Tetrahymena*. Взаимодействие отдаленных друг от друга участков (на рисунке обозначены стрелками) приводит к формированию сложной трехмерной пространственной структуры, обладающей каталитической активностью.

4. Способность молекулы РНК к формированию компактных структур, как и в случае белков, дает основу для специфического взаимодействия с другими макромолекулами. Сворачивание молекулы РНК в специфическую глобулу создает на ее поверхности уникальные пространственные узоры, которые обладают способностью к специфическому молекулярному узнаванию нужными молекулами (подобно белкам), а также обеспечивают высокоизбирательный катализ, на манер ферментативного катализа, свойственного белкам.

КОМПАКТНОЕ СВОРАЧИВАНИЕ ВЫСОКОПОЛИМЕРНОЙ РНК



СТРУКТУРА тРНК



Впервые образование таких сложных компактных структур обладающих уникальной способностью «узнавать» другие молекулы было описано **на примере тРНК**. Была получена картина компактного глобулярного ядра (рис. 3, А), сформированного тРНК, из которого под прямым углом торчат два выступа, один из которых – акцепторный участок тРНК (3'-конец) для присоединения аминокислоты, а другой – антикодоновая петля, предназначенная для комплементарного взаимодействия с мРНК. Только такая компактная структура является биологически активной и обладает способностью специфически взаимодействовать с ферментом аминоктил-тРНК-синтетазой, навешивающей аминокислоту на тРНК, а также с рибосомой в процессе трансляции.

Рибосомальные РНК (рРНК) также служат примером формирования компактных специфических структур.

Рибосома состоит из двух неравных частей – большой и малой субчастиц (субъединиц). Каждая субчастица включает рРНК и целый ряд разнообразных рибосомальных белков. Длина цепей рРНК весьма значительна: так, РНК малой субчастицы бактериальной рибосомы содержит более 1 500 нуклеотидов, а РНК большой субчастицы – около 3 000 нуклеотидов.

У млекопитающих, включая человека, эти РНК еще больше – около 1 900 нуклеотидов и более 5 000 – в малой и большой субчастицах рибосом, соответственно.

Было показано, что изолированные рРНК, отделенные от белков и полученные в чистом виде, сами способны спонтанно сворачиваться в компактные структуры, по своим размерам и форме похожие на субчастицы. Таким образом, линейные молекулы рРНК самоорганизуются в специфические пространственные структуры, определяющие размеры, форму и, по-видимому, внутреннее устройство субчастиц рибосом, а, следовательно, и всей рибосомы. Однако функции рРНК не ограничиваются лишь участием в построении рибосом, они гораздо более разнообразны и многоплановы. Но об этом речь пойдет несколько позже.

Типы РНК

тРНК

Транспортная РНК (тРНК) переносит аминокислоты к рибосомам, где они соединяются пептидными связями в определенной последовательности, которую задает мРНК.

ПРЕДСКАЗАНИЕ И ОТКРЫТИЕ АДАПТОРНОЙ, ИЛИ ТРАНСПОРТНОЙ РНК (тРНК)

- (1) Ввиду отсутствия явного стереохимического соответствия между аминокислотами синтезируемого белка и нуклеотидами матричной РНК была предсказана необходимость адапторов в виде коротких РНК, способных присоединять к себе аминокислоты и комплементарных кодонам матричной РНК (F. Crick, 1955).
- (2) РНК с предсказанными свойствами были открыты, выделены и названы *transfer RNA* (транспортные РНК, тРНК) (M.B. Hoagland & P.C. Zamecnik, 1957; K. Ogata & H. Nohara, 1957).

Назначение тРНК в клетках – транспорт аминокислот на рибосомы. На долю тРНК приходится около 10-15% общего количества клеточной РНК.

Молекулы тРНК в некотором смысле пионеры среди нуклеиновых кислот. Из-за сравнительно небольших размеров (от 74 до 95 нуклеотидов), они ранее других раскрыли исследователям секреты своего строения.

Впервые нуклеотидная последовательность молекулы тРНК – дрожжевой аланиновой-тРНК – была расшифрована в 1965 году в лаборатории **Роберта Холли**. С тех пор были опубликованы данные о нуклеотидной последовательности (называемой первичной структурой) более чем 1700 видов тРНК из различных прокариотических и эукариотических организмов.



ОН 3'-конец

Р 5'-конец

аминокислота

водородные
связи

антикодон



Для всех молекул тРНК характерно присутствие большого числа (до 25%) разнообразных модифицированных нуклеотидов, часто называемых минорными. Они находятся в различных местах молекул, во многих случаях четко определенных, в результате модификации обычных нуклеотидов с помощью специальных ферментов. Общий список выявленных в тРНК модифицированных нуклеотидов превышает 60 названий. Среди них большое количество метилированных производных, часто встречаются псевдоуридин (5-рибофуранозилурацил), 5,6-дигидроуридин, 4-тиоуридин, инозин и многие другие. Все тРНК имеют одинаковый 3'-конец, построенный из двух остатков цитозина и одного – аденозина (ССА-конец).

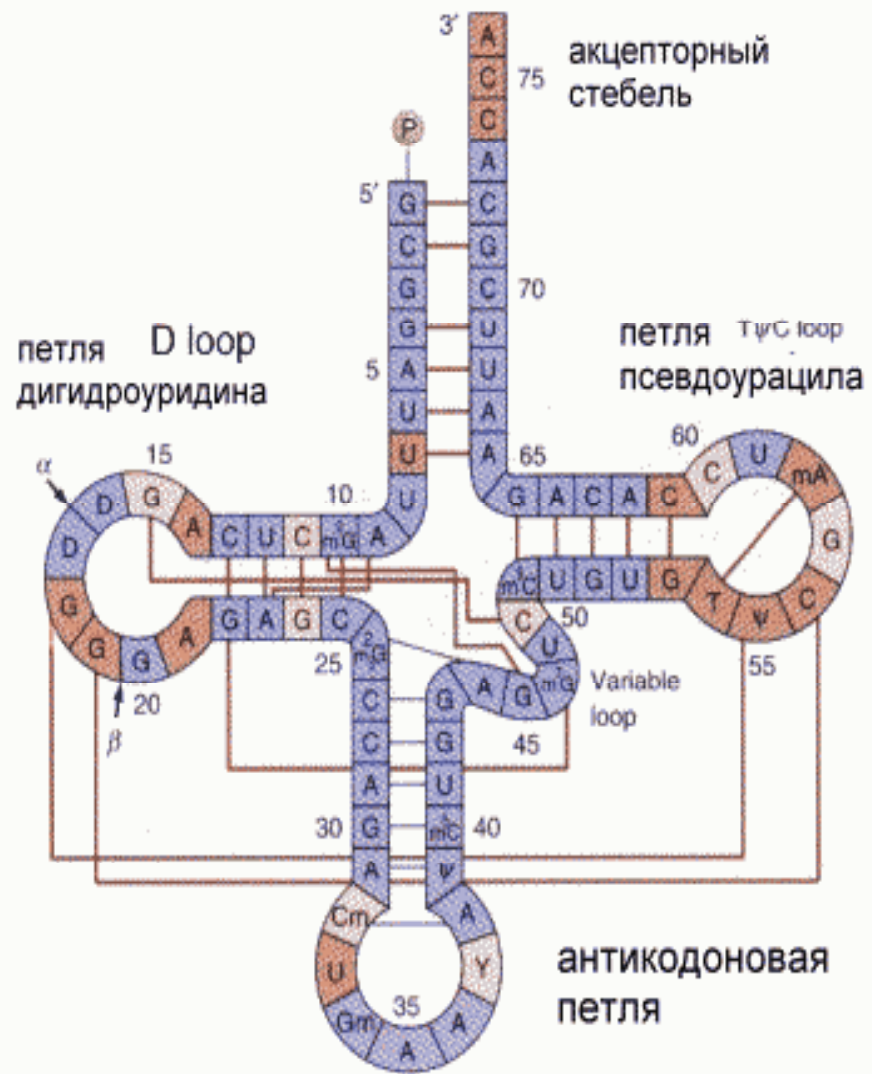
Все тРНК имеют общие черты, как в их первичной структуре, так и в способе складывания молекулы тРНК во вторичную структуру – клеверного листа.

Анализ нуклеотидной последовательности тРНК выявил возможность складывания цепи во вторичную структуру за счет комплементарного взаимодействия нуклеотидов. Кроме того, 5'-конец комплементарен участку, близкому к 3'-концу цепи, при их антипараллельном расположении; они формируют так называемый акцепторный стебель. В результате образуется структура, содержащая четыре стебля и три петли, которая получила название "клеверного листа".

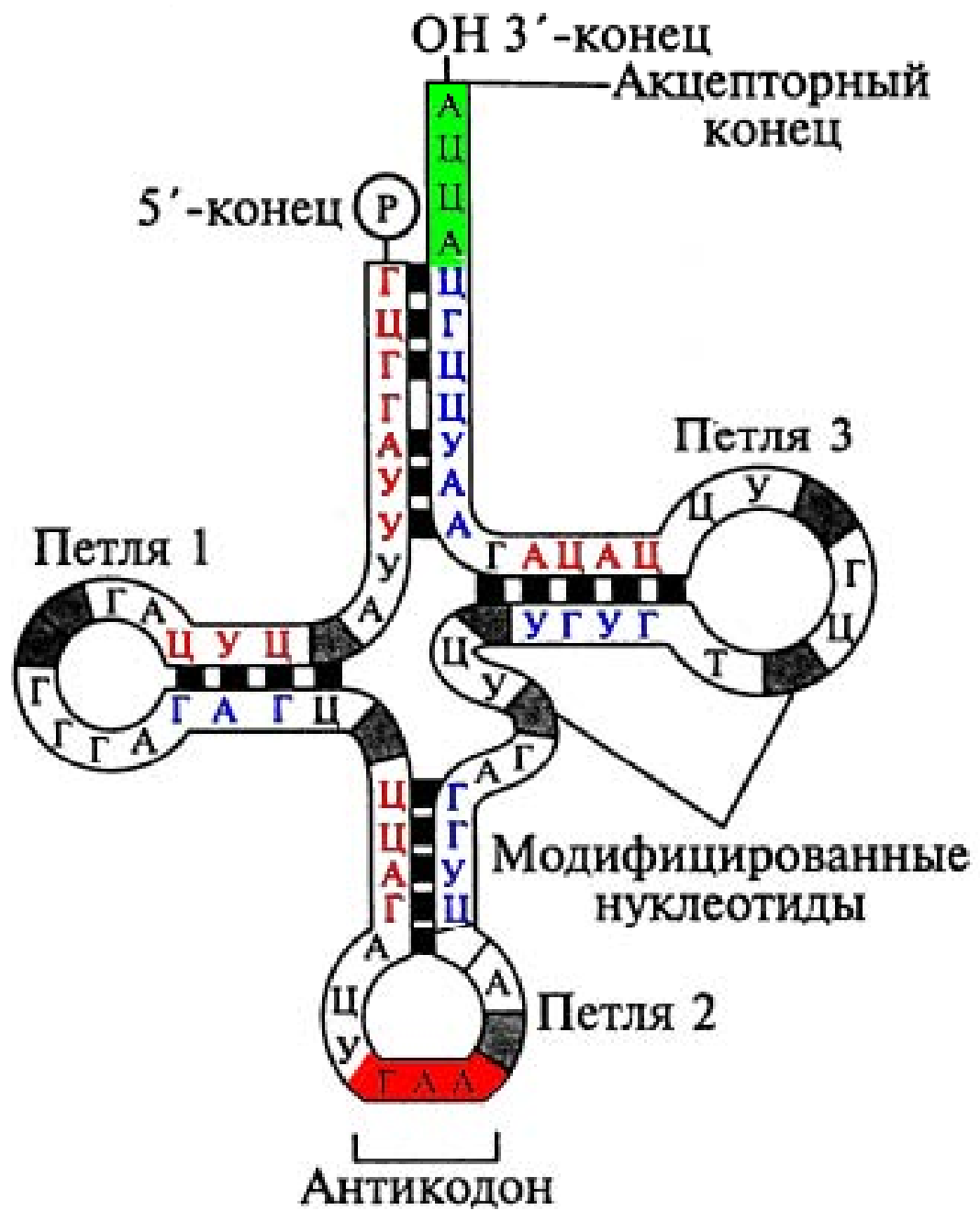
Внизу расположена антикодоновая петля, содержащая триплет (антикодон), специфичный и комплементарный к соответствующему кодону на мРНК, причем оба они являются антипараллельными в своей комплементарности.

Слева от нее расположена D-петля (дигидроуридиловая), названная из-за присутствия в ней необычных модифицированных оснований – дигидроуридинов. Эта петля необходима для узнавания специфическим ферментом – аминоацил-тРНК-синтетазой.

Справа находится T-петля, соответственно, названная так из-за присутствия в ней тимидина, псевдоуридина и цитидина. Функция ее – связывание нагруженной аминокислотой тРНК с поверхностью рибосомы.

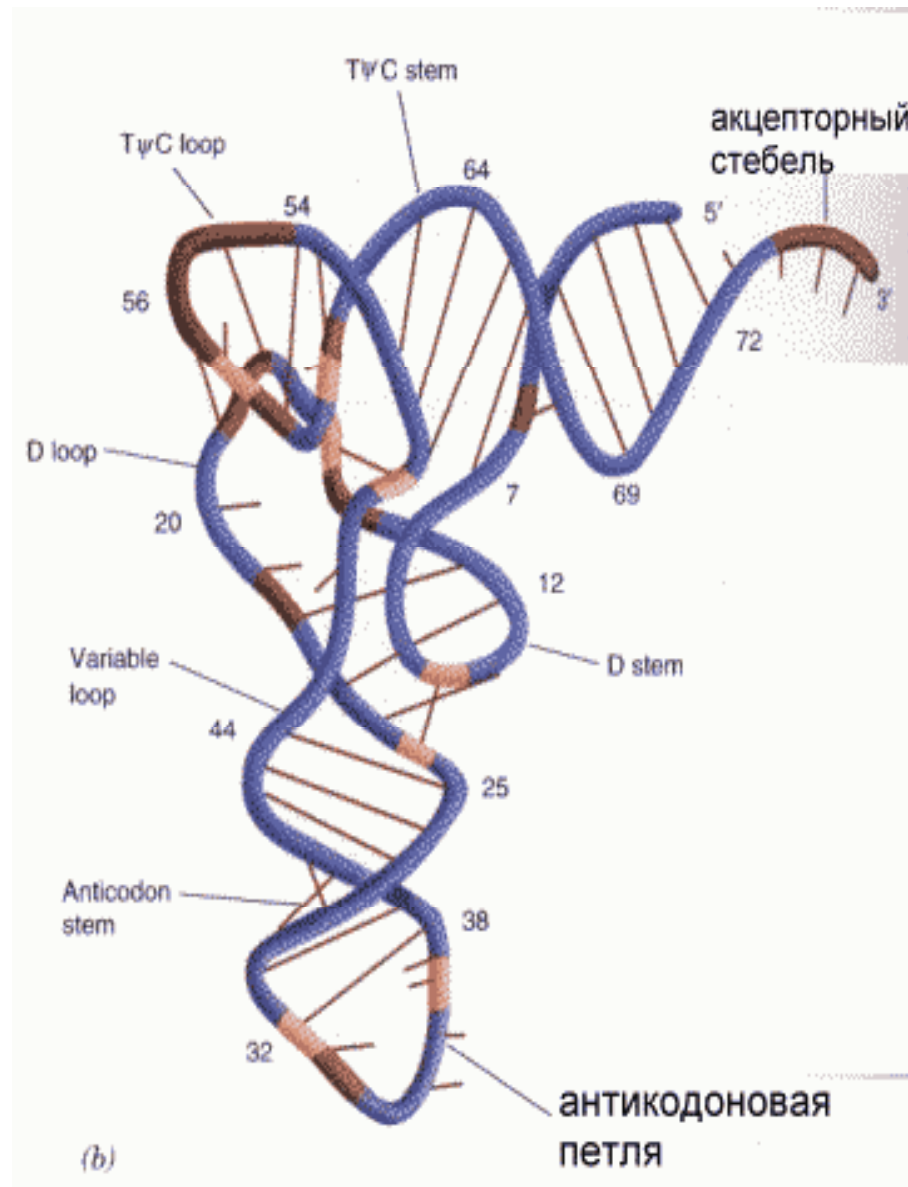


(a)



Изображение тРНК в виде клеверного листа на плоскости имеет такое же отношение к реальной пространственной структуре молекулы, как развертка куба, изображенная на листе бумаги, к трехмерному кубу. Впервые трехмерная структура тРНК была установлена в 1974 г. для дрожжевой тРНК с помощью рентгеноструктурного анализа. С тех пор удалось закристаллизовать и расшифровать пространственную структуру еще почти десятка тРНК.

Общие принципы сворачивания цепей различных тРНК в компактную третичную структуру оказались универсальными. За счет взаимодействия элементов вторичной структуры формируется третичная структура, которая получила название L-формы из-за сходства с латинской буквой L. При этом D- и T-петли оказываются сближенными и скрепляются между собой путем образования дополнительных, часто необычных пар оснований. ССА-конец тРНК и ее антикодоновый триплет находятся на максимальном удалении один от другого (расстояние около 8 нм), причем основания антикодона обращены внутрь угла L-образной молекулы.



В каждой клетке присутствует более чем 60 видов индивидуальных тРНК. Это значит, что несколько различных тРНК могут соединяться с одной и той же аминокислотой (аминокислот всего 20), такие тРНК получили название изоакцепторных.

Функции тРНК

- 1. Акцепторная функция.** Процесс аминоацилирования тРНК.
- 2. Адапторная функция.** Адапторная функция тРНК заключается в том, что она выполняет роль посредника при переводе смысла, записанного в виде последовательности нуклеотидов в мРНК на «язык» белков (последовательность аминокислот в белке).

В соответствии со специализацией тРНК – переносом аминокислот на рибосомы в процессе биосинтеза белка, различают две ее основные функции: акцепторную – способность ковалентно связываться с аминокислотой с помощью ферментативной реакции, осуществляемой аминоацил-тРНК-синтетазой, и адапторную – способность узнавать триплет на мРНК и обеспечивать поступление аминокислоты на законное место в растущей цепи белка. Некоторые тРНК выполняют также другие функции в метаболизме клетки, в частности, принимая участие в биосинтезе клеточной стенки, хлорофилла и гема и выступая в роли затравки при синтезе ДНК по матрице РНК у ретровирусов (в том числе вируса иммунодефицита человека).

Акцепторная функция тРНК

Процесс аминоацилирования тРНК заключается в присоединении аминокислоты к тРНК, которое осуществляется ферментом **аминоацил-тРНК-синтетазой**. Для каждой аминокислоты имеется свой фермент, синтез которого кодируется соответствующим геном (их. около 20). Все ферменты этой группы катализируют реакции аминоацилирования тРНК одинаковым образом.

Реакция сопряжена с расщеплением аденозин-5'-трифосфата (АТФ) и протекает в две стадии. На первой стадии происходит активация аминокислоты с использованием энергии, запасенной в АТФ, а на второй – активированный аминоацильный остаток переносится на одну из гидроксильных групп рибозного кольца концевой аденозина на ССА-конце тРНК и связывается с ним ковалентно.

Аминоацил-тРНК-синтетазы должны отличить «свои» тРНК от всех других, несмотря на удивительное сходство их вторичной и третичной структур. Поэтому необходимо, чтобы ферменты обладали очень высокой специфичностью, позволяющей им сделать правильный выбор из столь родственных структур и избежать ошибок при синтезе белка. Удивительно, но аминоацил-тРНК-синтетазы ошибок практически не делают. Они всегда «сажают» на тРНК ту аминокислоту, которая ей соответствует, т.е. аланин на тРНК^{Ala}, триптофан – на тРНК^{Trp} и т.д.

Исключительно низкая частота ошибок при аминоацилировании тРНК ($<10^{-4}$) является неременным условием.

Если произошла ошибка и к тРНК присоединилась аминокислота, не соответствующая специфичности антикодона, то эта ошибка уже не может быть исправлена на последующих этапах белкового синтеза.

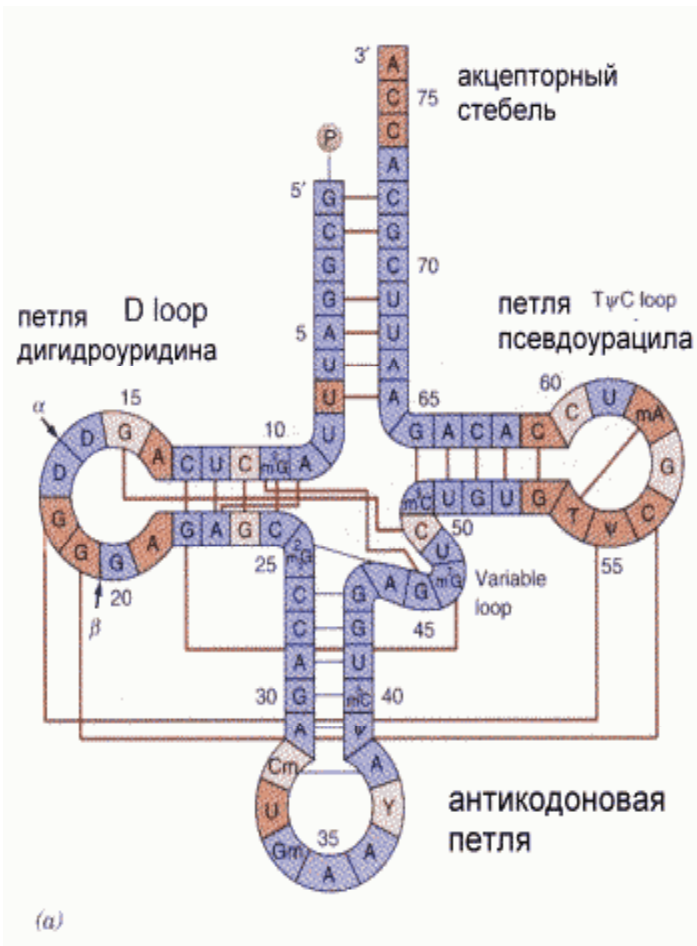
И неудивительно, что в ходе эволюции выработались специфические механизмы отбора "правильных" субстратов для аминоацил-тРНК-синтетаз, обеспечивающие безошибочное аминоацилирование тРНК.

В связи с особым значением этих механизмов для реализации генетической информации их называют иногда «вторым генетическим кодом».

Остановимся более детально на этом механизме ввиду крайней его важности и примера очередного совершенства молекулярных машин, работающих в клетках. Сразу же обозначим главное – отбор "правильных" тРНК в этих реакциях зависит от узнавания ферментом отдельных элементов L-образной структуры молекул тРНК, о которых говорилось чуть выше.

Однако решить эту проблему удалось недавно с помощью методов компьютерного моделирования их пространственных структур, а также кристаллизации и рентгеноструктурного анализа комплексов тРНК со "своей" синтетазой.

На сегодняшний день ученые знают набор нуклеотидов, существенных для аминоацилирования "своих" тРНК аминоацил-тРНК-синтетазой. Этот набор выглядит следующим образом:



1. Антикодонавый участок (нуклеотиды 34–36).

2. Нуклеотид 73, предшествующий CCA-концу. Присутствие в этом положении того или другого пуринового нуклеотида (А или G) коррелирует с типом аминокислот, присоединяемых к тРНК. Если в этом положении находится А, то тРНК акцептирует гидрофобные аминокислоты, а если G – то полярные.

3. Первые три пары нуклеотидов акцепторного участка. В разных случаях в узнавании аминоксил-тРНК-синтетазой может вовлекаться от одной до трех пар нуклеотидов акцепторного участка.

4. В случае некоторых тРНК к элементам узнавания относят также отдельные модифицированные нуклеотиды D- и T-петель (в первую очередь, 20-й нуклеотид D-петли).

Вторая цель, достигаемая присоединением аминокислоты к тРНК, заключается в том, что аминокислота таким путем активируется – на ее карбоксильном конце возникает богатая энергией связь, что дает ей возможность реагировать с аминогруппой соседней аминокислоты в данной аминокислотной последовательности, т.е. возможность образовать пептидную связь. Этот процесс активации – необходимый этап белкового синтеза, поскольку неактивированные аминокислоты не могут прямо присоединяться к растущей полипептидной цепи.

Адапторная функция тРНК

Адапторная функция тРНК заключается в том, что она выполняет роль посредника при переводе смысла, записанного в виде последовательности нуклеотидов в мРНК на «язык» белков (последовательность аминокислот в белке). Адапторная функция возможна благодаря наличию в структуре тРНК акцепторного участка для аминокислоты на 3'-конце и антикодона для спаривания (образования водородных связей между комплементарными парами) с кодоном на мРНК. Такое взаимодействие позволяет каждой аминокислоте включиться в растущую белковую цепь в том порядке, который диктуется нуклеотидной последовательностью мРНК и обеспечивает образование пептидной связи между последней аминокислотой образованного пептида и аминокислотой, присоединённой к тРНК в ходе трансляции.

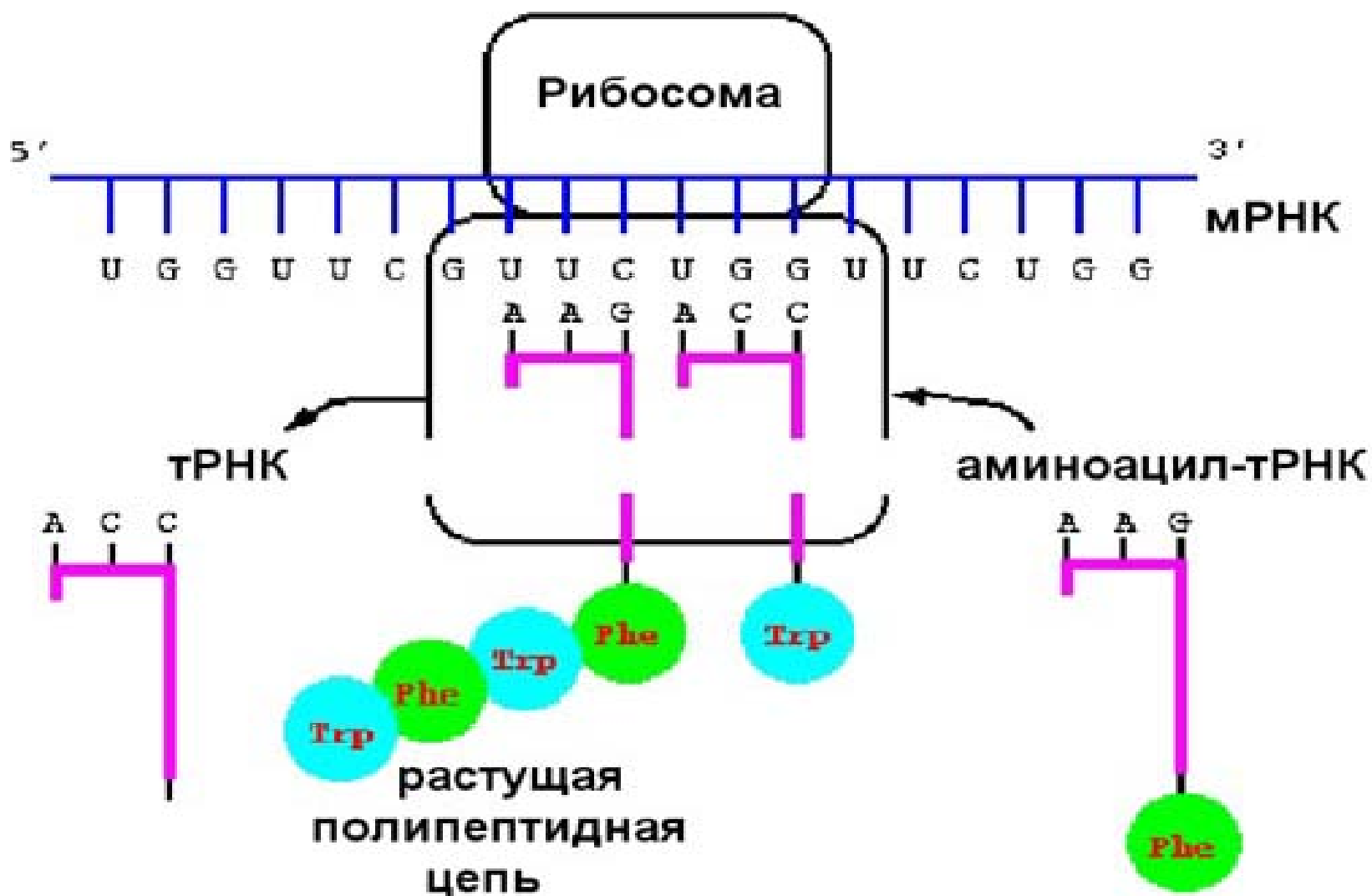


СХЕМА БИОСИНТЕЗА БЕЛКА

Узнавание кодона мРНК

- Взаимодействие **кодон** - **антикодон** основано на принципах комплементарности и антипараллельности:

- 3'-----Ц - Г- А*-----5' Антикодон тРНК

- 5'-----Г- Ц- У*-----3' Кодон мРНК

- Гипотеза качания (wobble)

была предложена Ф. Криком:

- 3'- основание кодона мРНК имеет нестрогое спаривание с 5'- основанием антикодона тРНК:

например, У (мРНК) может взаимодействовать с **А** и **Г** (тРНК).

Wobble гипотеза объясняет нестандартные спаривания оснований



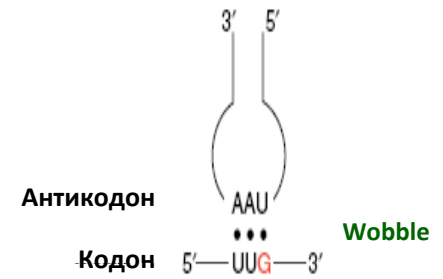
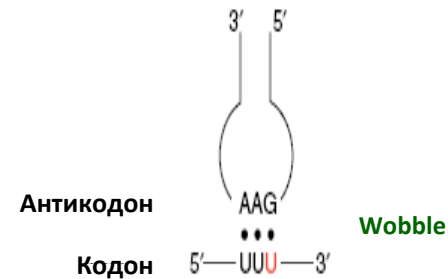
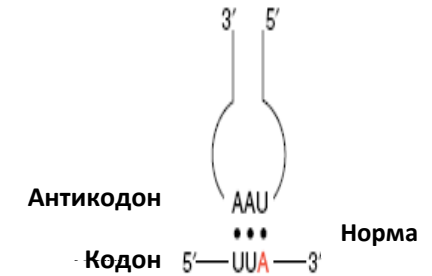
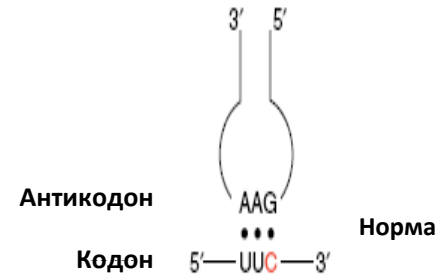
Основание **1** в антикодоне на тРНК может спариваться с различными вариантами оснований в **3-й** позиции кодона на мРНК

C	A	G	U	I
G	U	C	A	C
		U	G	A
				U

Основание **3** в кодоне на мРНК может спариваться с различными вариантами оснований в 1-й позиции антикодона на тРНК

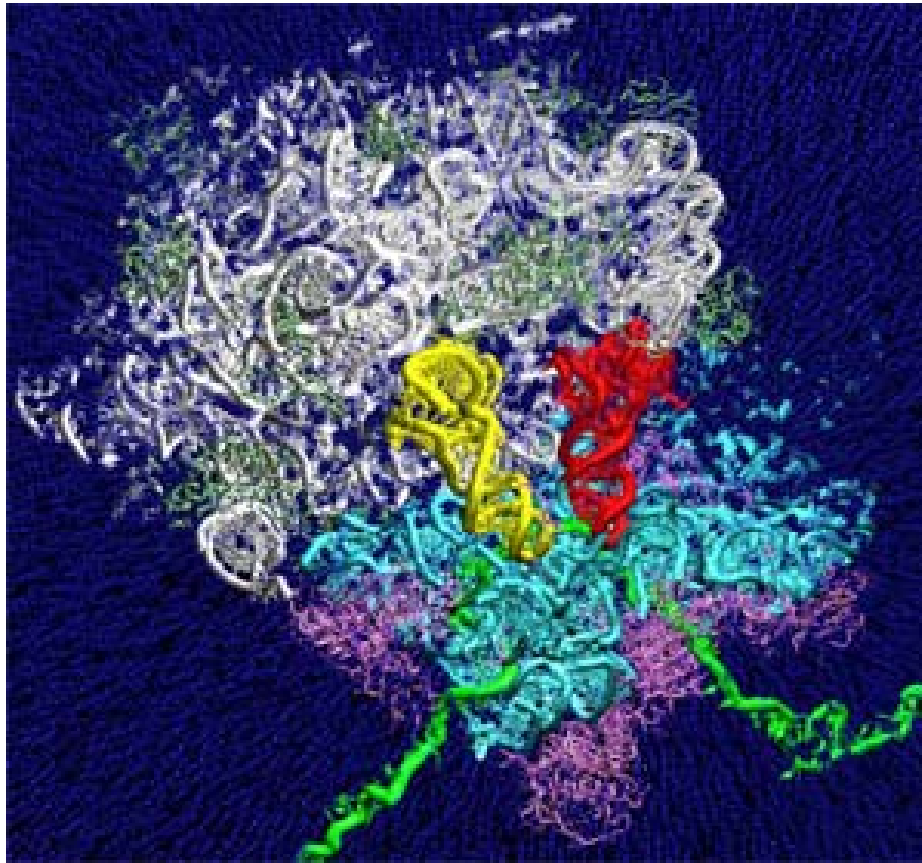


C	A	G	U
G	U	C	A
I	I	U	G
			I



Вы когда-нибудь задавали себе вопрос– каким образом тРНК, нагруженная соответствующей аминокислотой, находит свой кодон на мРНК? До недавнего времени на него не мог ответить никто!

И только недавно группа экспериментаторов под руководством американского ученого Кевина Санбонмацу смогла подойти к решению этого вопроса, благодаря использованию новейшего суперкомпьютера (его совокупная вычислительная мощность составляет 768 микропроцессоров), который смог учесть взаимодействие 2,64 миллионов атомов одновременно. В течение 260 дней американским исследователям удалось «снять» 20 миллионов кадров, отражающих лишь 2 наносекунды из жизни рибосомы.



Транспортная РНК (красный) снабжает аминокислотными «кирпичиками» синтезируемую **белковую молекулу (желтый)**. **Рибосома (белый и голубой)** отбирает подходящие аминокислоты на основании **данных, содержащихся в матричной РНК (зеленый)**. Для наглядности показана лишь десятая часть всех молекул воды (синий), а верхняя часть рибосомы удалена, чтобы были видны тРНК. Изображение с сайта news.com.com.



Модель отбора тРНК, нагруженных аминокислотой, в рибосоме (изображение с сайта www.lanl.gov). Примечание: **аминокислоты (зеленый)**, доставленные **молекулами тРНК (желтый)**, проходят через коридор рибосомы (фиолетовый).

Результаты эксперимента особенно интересны тем, что ученым, судя по-всему, удалось воссоздать прежде неизвестный механизм отбора аминокислот (тРНК, нагруженных аминокислотой), подходящих для синтеза белка. Обнаруженный в ходе моделирования «коридор» позволяет рибосоме отфильтровывать транспортные РНК, непригодные для выполнения текущей задачи.