

Эта стохастическая теория не исчерпывает проблемы. Необходимо установить молекулярные механизмы работы рибосом, действия макроэргов (ГТФ), работы экзонуклеаз (дальнейшие подробности, относящиеся к механизму трансляции, см. в работе [14]).

§ 9.9. МУТАЦИИ

Изменения наследственной программы — мутации происходят либо спонтанно, либо под влиянием мощных внешних факторов: химических или радиационных воздействий, на хромосомы. Видимые под микроскопом хромосомные мутации, т. е. перестройки хромосом, означают изменение надмолекулярных структур, точечные или генные мутации в ДНК означают изменение молекулярной первичной структуры.

Вопросы мутагенеза уже не раз затрагивались в предыдущем изложении.

Сейчас изучен ряд мутационно измененных белков, в частности мутанты белка ВТМ, щелочной фосфатазы *E. coli*, триптофансинтетазы *E. coli* и т. д. [107]. В ряде случаев удалось установить прямую корреляцию между изменениями нуклеотидов и соответствующими изменениями аминокислотных остатков. Рационально различать три типа точечных мутаций: а) мутации, изменяющие смысл кодона (*missense mutations*) и вызывающие поэтому замену аминокислотного остатка в белке, б) мутации, превращающие осмысленный кодон в бессмысленный УАА, УАГ, УГА (*nonsense mutations*) и обрывающие белковую цепь; в) делеции и включения, т. е. мутации сдвига рамки (см. стр. 557).

Спонтанные генные мутации определяются ошибками, возникающими вследствие теплового движения атомов и молекул при редупликации ДНК. Очевидно, что ошибки при транскрипции и трансляции не наследуются.

Редупликация ДНК — стохастический процесс, в котором не могут быть полностью исключены шумы.

Включение некомплémentарного матричному нуклеотида или делеция приводит, по-видимому, к образованию петли (см. стр. 499). В последующих поколениях вследствие полуконсервативного синтеза петля исчезает, но первичная структура ДНК остается измененной. Главная трудность при физико-химической трактовке таких ошибок связана с необходимостью выявить относительную роль термодинамических и кинетических факторов.

Из элементарных соображений следует, что замена пары А — Т на Г — Ц термодинамически выгодна. Можно рассчитать термодинамическую вероятность такой замены [139]. Если бы все сводилось к термодинамике, то в ходе эволюции должно было бы увеличиваться относительное содержание Г ± Ц в ДНК.

Это противоречит опыту — у высших организмов содержание Г + Ц стабилизовано на уровне 40—45 %. Вычисленные термодинамические вероятности образования различного рода петель (10^{-2} — 10^{-4}) значительно больше опытных (у бактерий число мутаций на ген на поколение не превышает 10^{-5} — 10^{-7}).

Для редупликации существенна как термодинамика, так и кинетика матричного синтеза. Появление ошибочного нуклеотида в цепи в результате добавления, замены или делеции определяются и темпом процесса, т. е. в конечном счете поведением ДНК-полимеразы, катализирующей редупликационный синтез ДНК. Если синтез идет прерывно, согласно Оказаки (см. стр. 547), то существенны кинетические условия и при репликации отрезков ДНК, и при их объединении в общую цепь.

Результаты мутационных шумов дают материал для естественного отбора на молекулярном и организменном уровне и, тем самым, находятся под мощным воздействием отбора. Отбор создал современный генетический код с его вырождением, сильно уменьшающим опасность ошибок, т. е. уменьшающим вероятность мутации белка. Особенности кода в смысле его помехоустойчивости к наиболее опасным мутациям, рассмотрены выше.

Очевидно, что эволюционное образование «Г + Ц-организма», выгодное с точки зрения термодинамики, невозможно, так как триплеты, не содержащие А и Т (А и У в мРНК), кодируют только Про, Арг, Ала и Гли, т. е. лишь $1/5$ всех аминокислот. Естественный отбор — биологический фактор, и он существенно ограничивает мутации, совместимые с жизнью, ограничивает роль термодинамических и кинетических факторов.

Возможность включения ошибочного нуклеотида в растущую цепь ДНК определяется прежде всего его связыванием данным локусом матрицы. Образование пары, отличной от уотсон-криковской, может в свою очередь определяться таутомерией нуклеотида и его способностью создавать необычные водородные связи (см. стр. 502). Фриз считал таутомерию главной причиной мутаций [140].

Некоторые производные азотистых оснований обладают высокой мутагенной активностью (химический мутагенез). Таковы, в частности, 5-бромурацил (БУ) и 2-аминопурин (АП). При синтезе ДНК *in vitro* БУ включается вместо Т. По-видимому, БУ может образовать пару с А, если он фигурирует в обычной кето-форме, а в более редкой енольной форме БУ имитирует Ц и образует пару с Г (рис. 9.15). В первом случае происходит ошибка включения во время редупликации. Во втором случае происходит ошибка редупликации — цепь ДНК, уже содержавшая БУ, образует в этом месте не пару БУ—А (что исправило бы ошибку включения: А—БУ—А, БУ—А—Т, БУ—А—А—Т, БУ, А—А—Т, БУ, А—Т и т. д.), но пару

БУ — Г вследствие таутомерного превращения БУ [141]. Вероятность такого превращения в присутствии атома Вг увеличена.

Очевидна важность квантовохимических расчетов таутомерии азотистых оснований. Наряду с таутомерией существенное значение для мутагенеза может иметь образование пар, отличных от уотсон-криковских вследствие иного расположения водородных связей (см. стр. 502).

Все, что мы знаем о ДНК, заставляет думать о кооперативной природе мутагенеза. Азотистые основания взаимодействуют

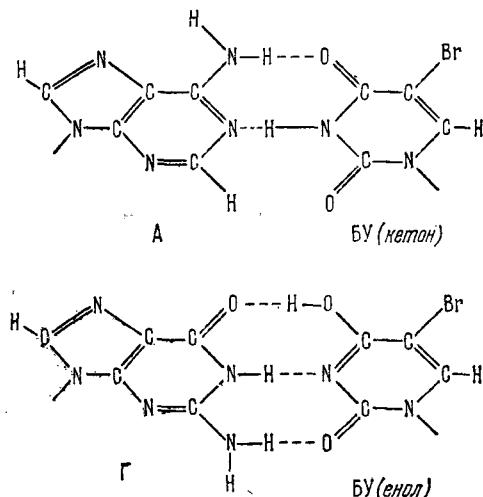


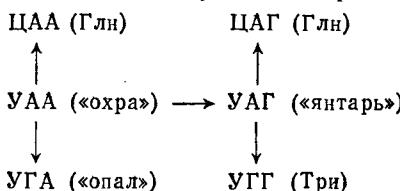
Рис. 9.15. Пары БУ-А и БУ-Г.

и «горизонтально» и «вертикально». Любая ошибка при редупликации означает изменение этих взаимодействий. Следовательно, вероятность мутаций в данном локусе ДНК должна зависеть от соседних пар оснований. Эта идея была выдвинута для объяснения «горячих точек», наблюдавшихся при изучении мутабильности локуса *r* II фага T 4 [141, 142]. Главная трудность при трактовке частот прямых и обратных мутаций связана с тем, что мы не знаем, какой вырожденный кодон

находится в данном месте ДНК. Однако определение аминокислотного состава ряда ревертантов «амбер-мутантов» (т. е. результатов мутаций, приводящих к бессмысленному кодону УАГ) в белке головки фага T 4 показало, что замены пар оснований в различных локусах цистрона происходят с разными вероятностями [143]. Мутации ЦАА → УАА в локусе *r* II фага T 4 индуцируются NH₂OH с частотами, меняющимися в 20 раз в зависимости от локуса ДНК [144]. Сходные факты обнаружены при ультрафиолетовой реверсии этих мутаций [145]. Все приведенные выше факты могут объясняться и тем, что вероятности мутаций внутри цистрона зависят от направления репликации гена, близости контрольных, регулирующих элементов и т. д. Однако Кох получил прямые доказательства влияния соседних пар оснований на мутагенез [146].

Обрывающие цепь кодоны «янтарь» УАГ и «охра» УАА превращаются друг в друга при замене третьего нуклеотида. Частоты мутаций первых двух нуклеотидов УАА и УАГ можно из-

мерить в локусе *r* II фага T 4. Мутаген A II вызывает транзиции (т. е. замены пурина на пурин или пиримидина на пиримидин), но не трансверсии (т. е. замены пурина на пиримидин и наоборот) [147]. Кох идентифицировал генотипы ревертантов, возникающих в локусе *r* II фага T 4 под действием АП. Схему этих мутаций можно записать следующим образом:



Оказалось, что частоты транзиций первых двух нуклеотидов кодона зависят от природы третьего нуклеотида и резко возрастают при замене пары А — Т на Г — Ц.

Механизм этой кооперативности еще совершенно не изучен. Физика спонтанного и химического мутагенеза не развита, ее построение требует детальной расшифровки структуры ДНК-полимеразы и выяснения механизма ее действия. Богатый материал, относящийся к молекулярному механизму мутаций, приведен в обзоре [148] и в монографии [147].

Наряду с аналогами азотистых оснований сильными химическими мутагенами являются азотистая кислота (см. стр. 558), диэтилсульфат $(C_2H_5)_2SO_4$, вызывающий этилирование Г и его последующее удаление из ДНК, гидроксиламин NH_2OH , взаимодействующий с Ц с образованием соединения, имитирующего Т. Найдены особо сильные мутагены — NN'-нитрозонитрогуанидин, акридиновые соединения азотистого аналога иприта и т. д.

Ряд веществ, в частности антибиотиков, оказывает сильное влияние на трансляцию кода. Речь идет не о мутагенах в собственном смысле слова. Изучение их действия важно в связи с проблемами молекулярной регуляции биологических процессов.

Л и т е р а т у р а

1. М. В. Волькенштейн, Молекулы и жизнь, «Наука», 1965.
2. Д. Уотсон, Молекулярная биология гена, «Мир», 1967.
3. J. Gamow, Nature 173, 318 (1954); Kgl. Dansk. Videnskab. Selskab. Biol. Medd. 22, 1 (1954).
4. Г. Гамов, А. Рич, М. Икас, в сб. «Вопросы биофизики», ИЛ, 1957.
5. М. Ичас, Генетический код, «Мир», 1971.
6. R. Wall, Nature 193, 1268 (1962).
7. C. Woese, The genetic code, Harper & Row, 1967.
8. F. H. C. Crick, L. Barnett, S. Brenner, R. Watts-Tobin, Nature 192, 1227 (1961).
9. S. Benzer, Proc. Nat. Acad. Sci. US 45, 1607 (1959); 47, 403 (1961).
10. E. Terzaghi a. o., Proc. Nat. Acad. Sci. US 56, 500 (1966).