



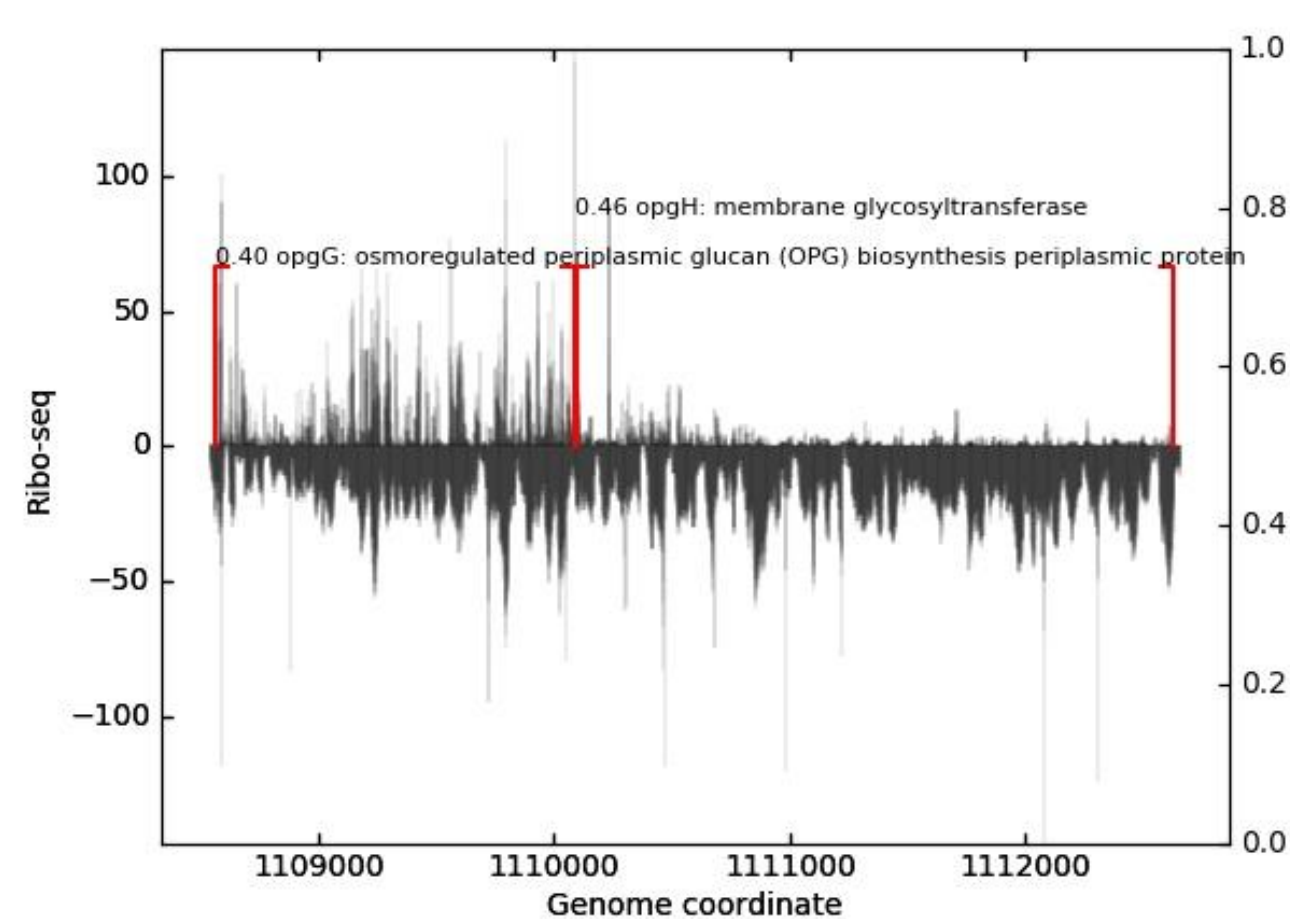
Тонкая настройка трансляции у бактерий

Complicated birth of protein complexes

Nikita Sytov, Zoe Chervontseva

Abstract

Bacterial mRNAs are often organized into operons. This allows bacteria to co-regulate transcription of functionally related genes. Nevertheless, levels of translation of cotranscribed genes can vary up to 100-fold. Factors providing such differences in protein synthesis still remain unclear. Recently, **secondary structure** of mRNA was shown to play a major role in the regulation of translation rate [1].



Materials and Methods

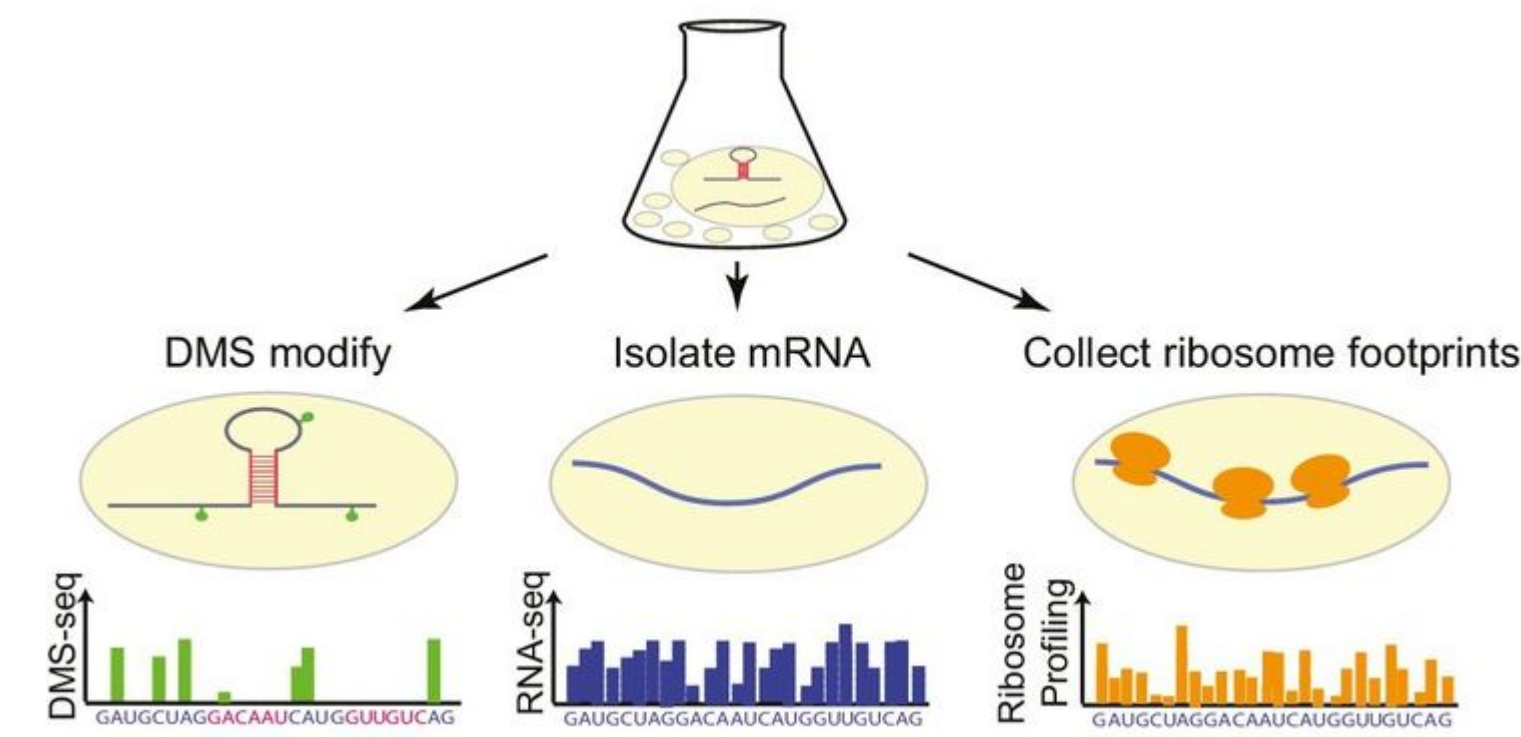


Figure 1. Scheme of three experiments used as data sources for this project.

Схематическое изображение трех экспериментов, данные которых были использованы в этой работе. [1]

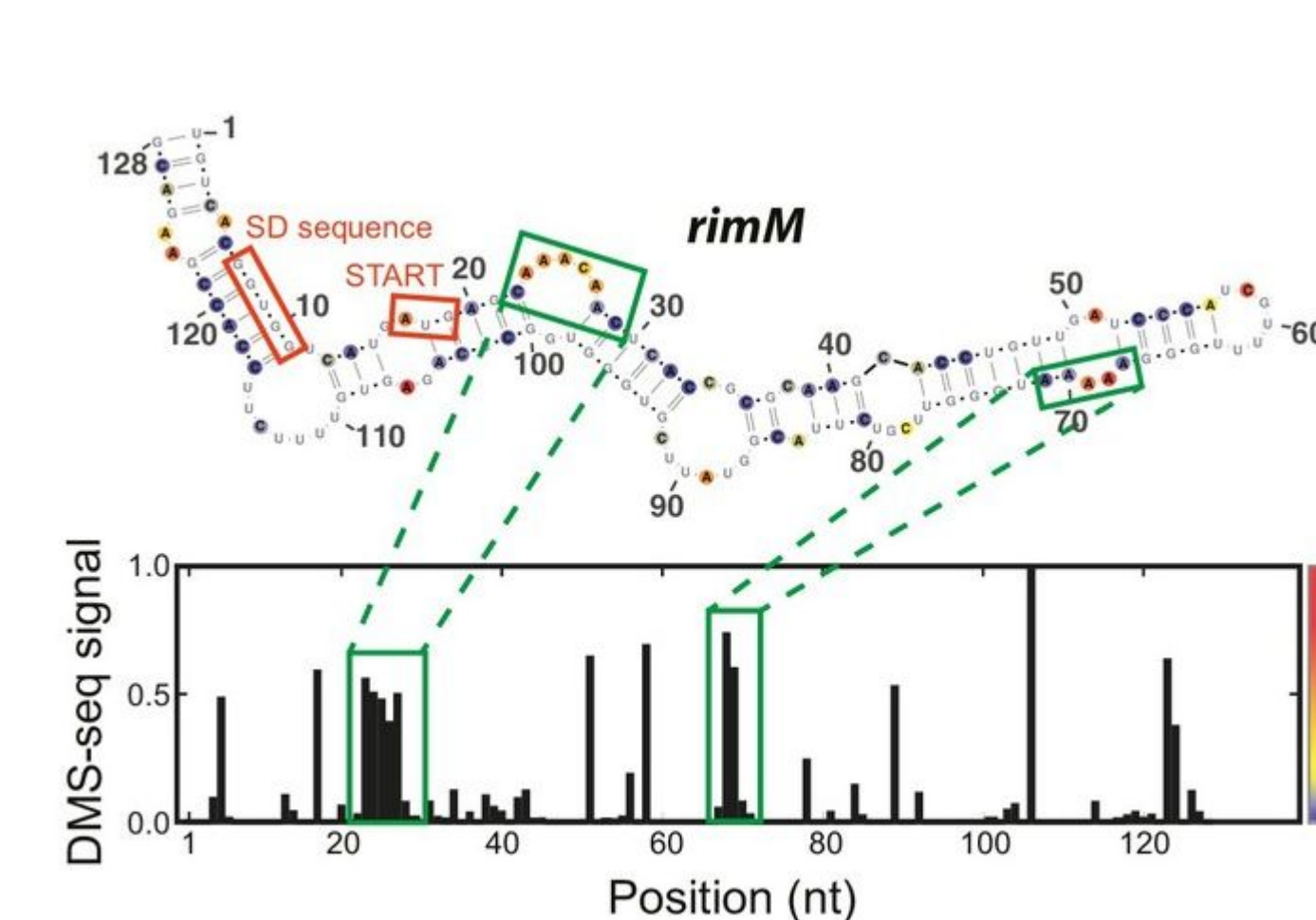
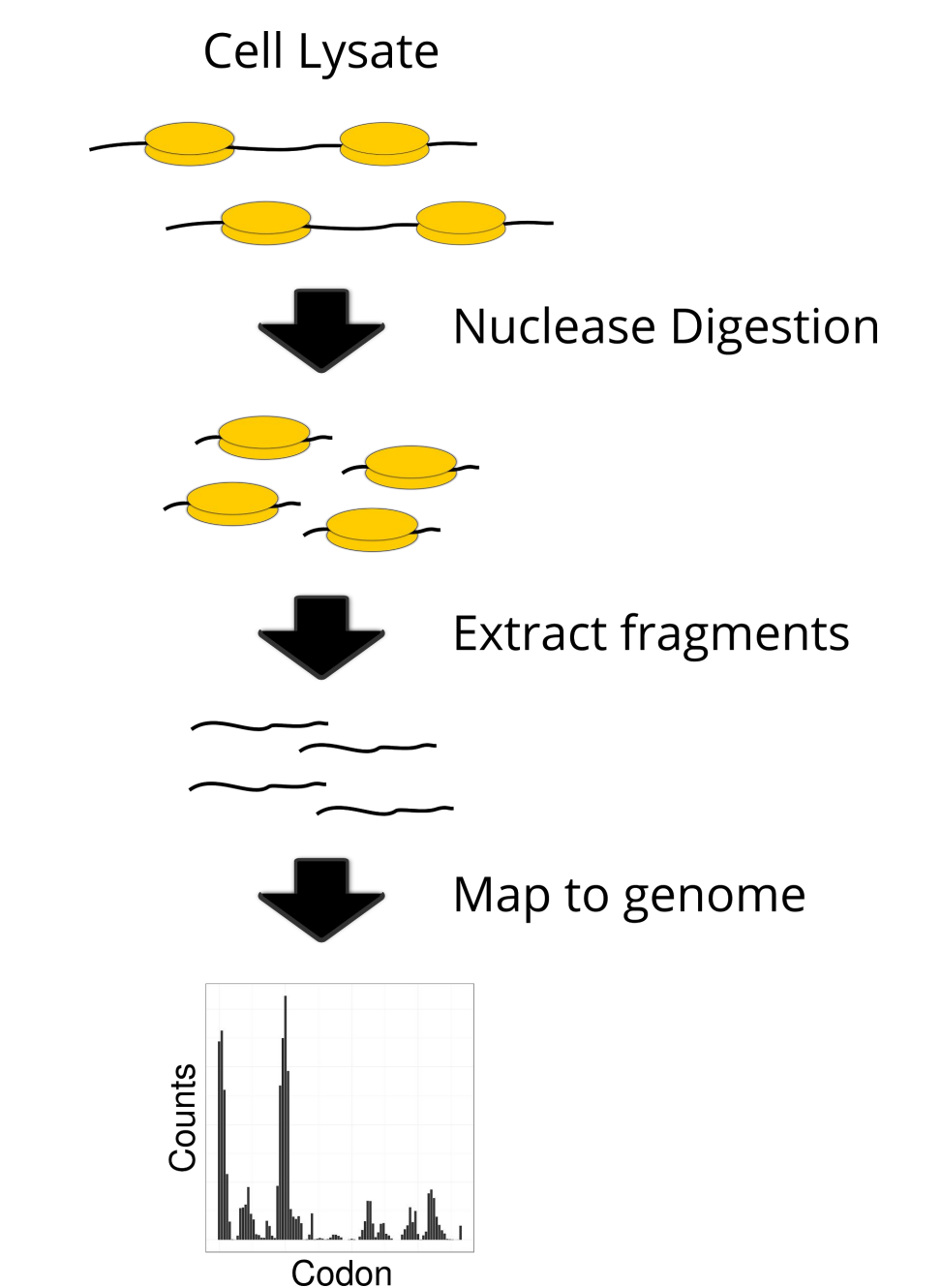


Figure 2. An example of predicted mRNA secondary structure based on the results of DMS-seq.

Пример предсказания вторичной структуры мРНК, основанный на данных DMS-seq. [1]



Translation of genes encoding subunits of the same protein complex with a defined stoichiometry should be regulated even more precisely. Here, we focused on ribosome dynamics of such gene pairs.

Results

mRNA ribosome occupancy is a good measure of protein abundance

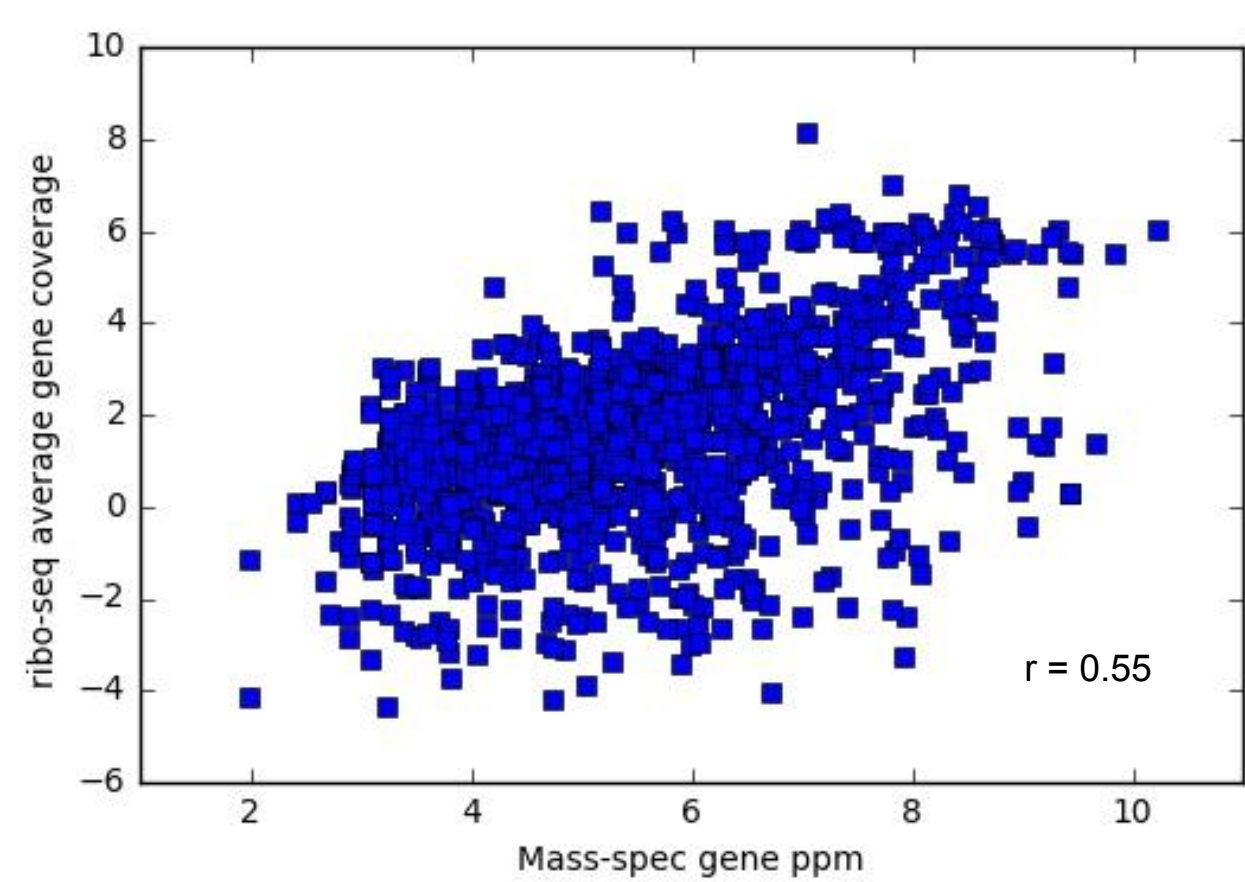


Figure 3. Ribosome occupancies highly correlate with protein amounts estimated from mass-spectrometry data.

Плотность покрытия рибосомами коррелирует с количеством белка, оцененным методом масс-спектрометрии.

Figure 4. Protein amounts derived from two different mass-spectrometry experiments (this figure) correlate no more than the ribosome occupancy with both of them (Fig. 3).

Корреляция между данными масс-спектрометрии, полученными из разных источников, не больше, чем корреляция с покрытием рибосомами для обоих случаев (см. Fig. 3).

Translation rates of genes encoding equimolar complex subunits are fine-tuned by mRNA secondary structure

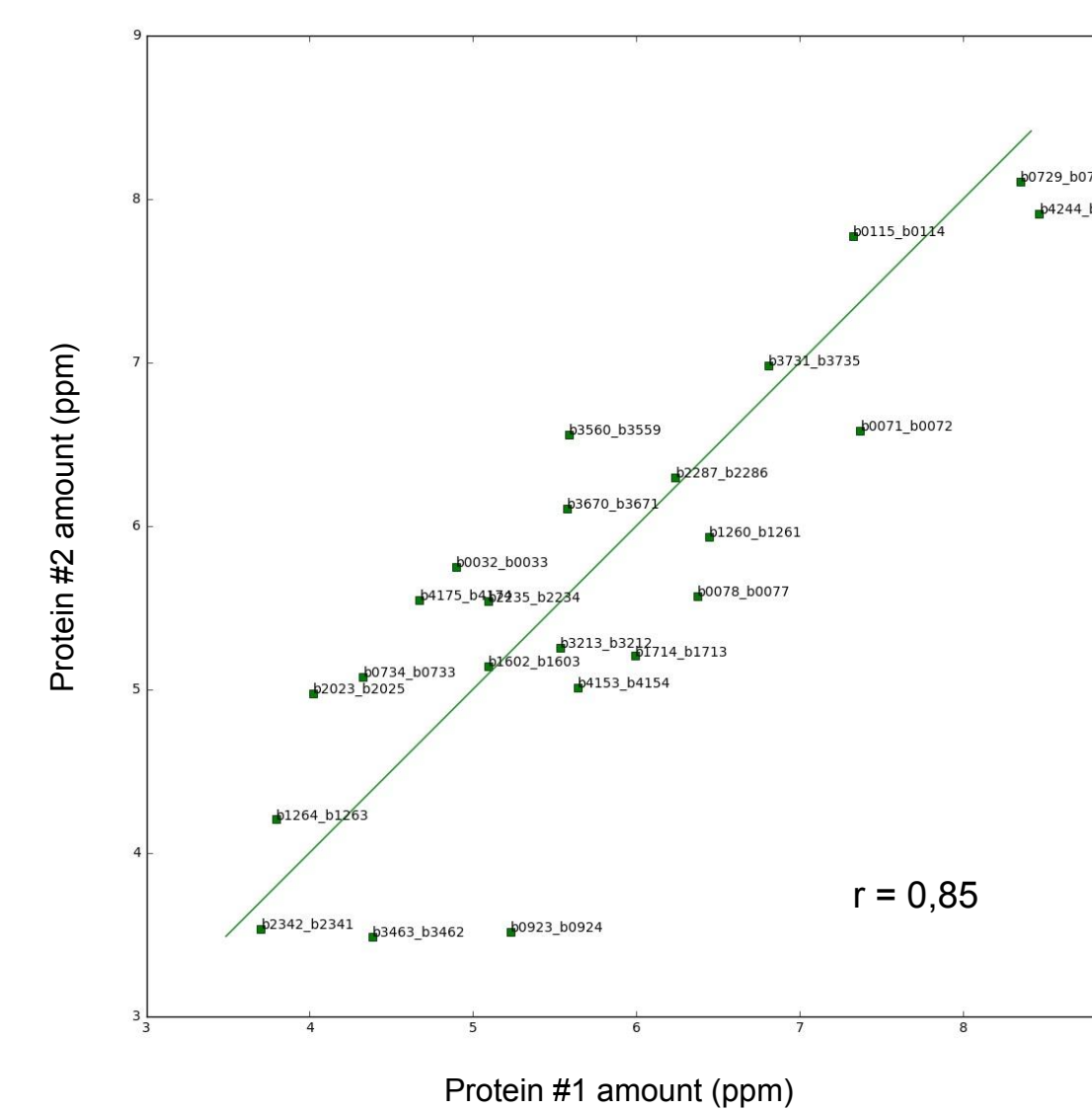


Figure 7. Correlation of protein amounts of equimolar complex subunits.

Корреляция количества белка для эквимоллярных субъединиц белкового комплекса.

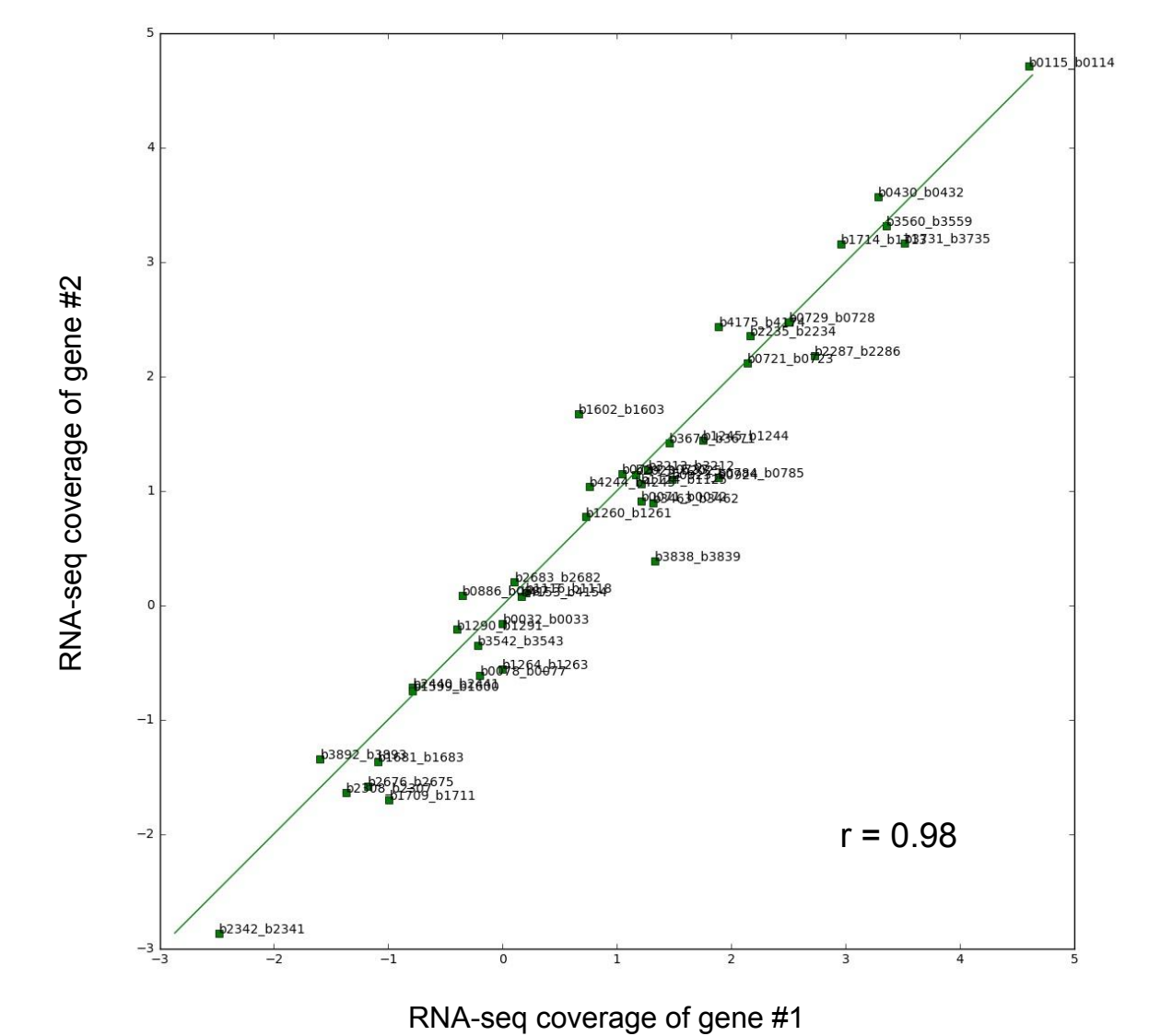


Figure 8. Correlation mRNA amounts of equimolar complex subunits of protein.

Корреляция количества мРНК.

Indeed, mRNA ribosome occupancy correlates with the degree of its secondary structure

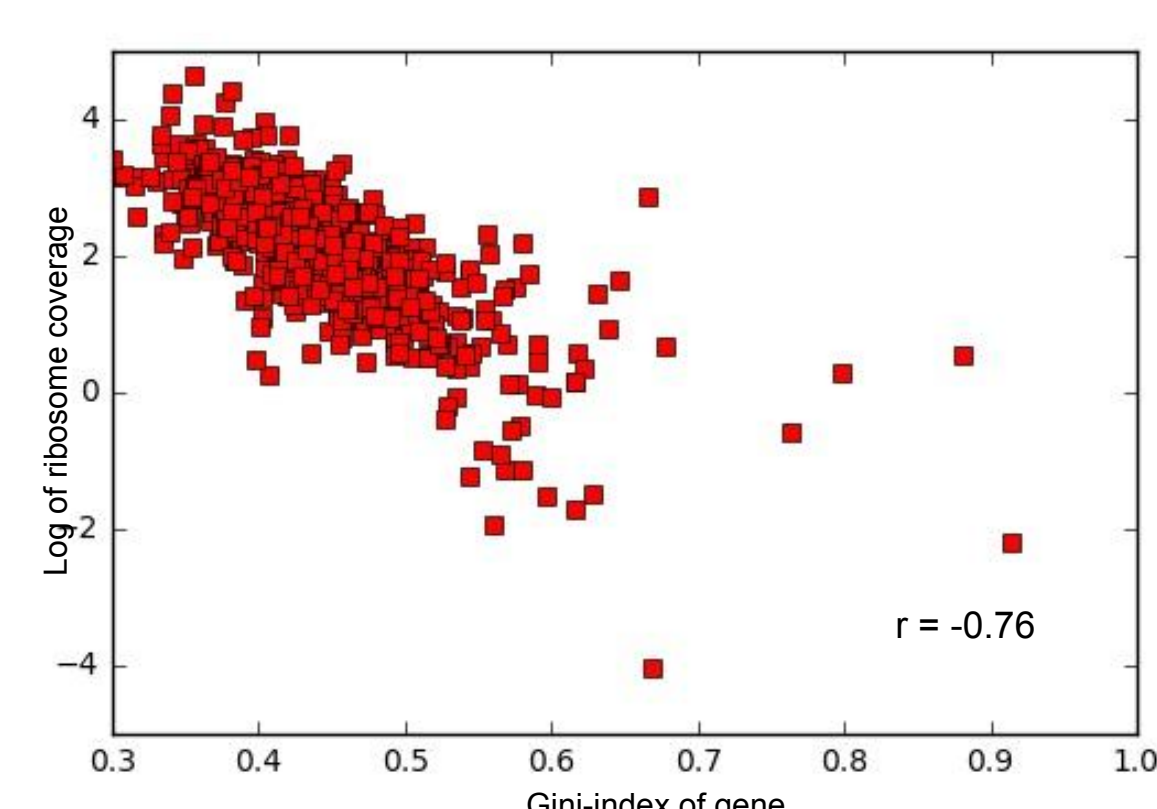


Figure 5. Correlation of ribosome coverage for a gene with the Gini-index of its DMS-seq coverage.

Корреляция покрытия рибосом с Джини-индексом покрытия по DMS-seq

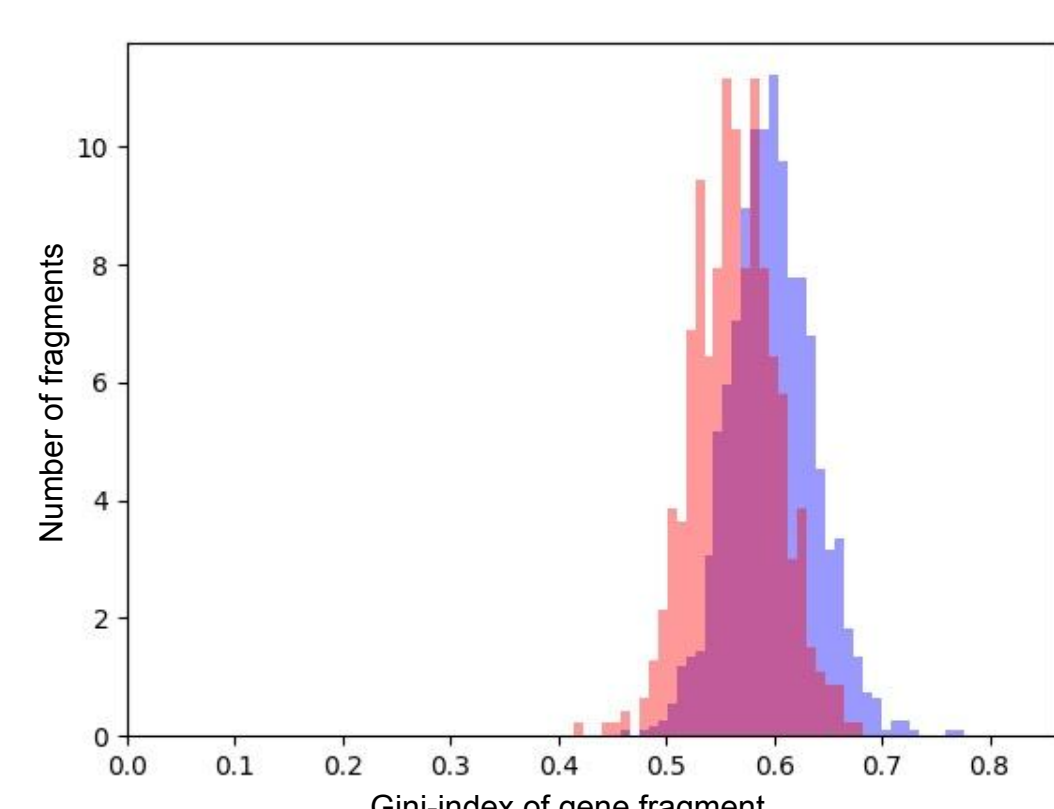


Figure 6. Histogram of Gini-indices for fragments with highest ribosome occupancies (red) and lowest ribosome occupancies (blue).

Гистограммы Джини-индексов для фрагментов, обильно покрытых рибосомами (красный график) и для фрагментов, слабо покрытых рибосомами.

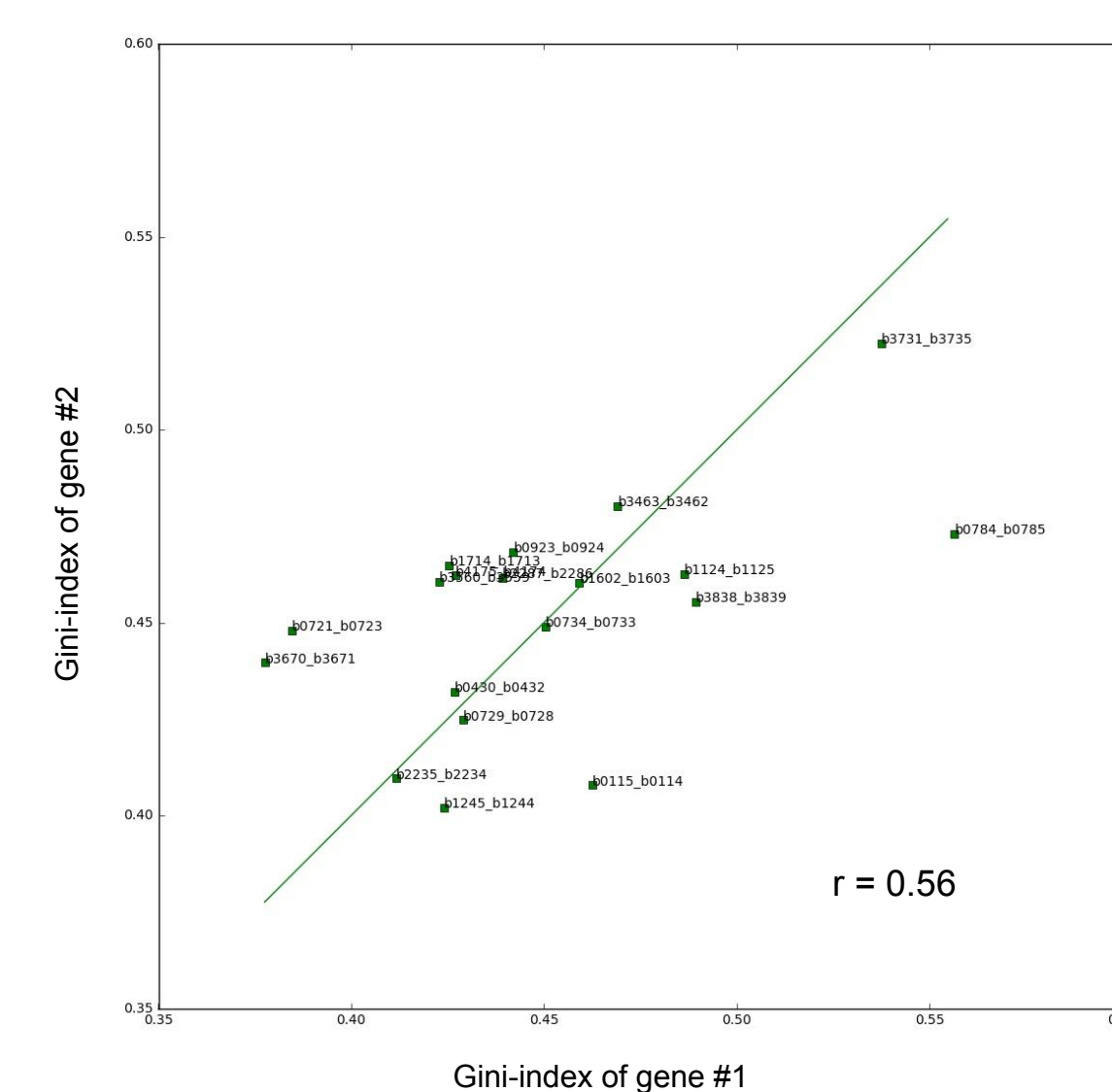


Figure 9. Correlation of Gini-indices for genes encoding proteins involved in equimolar complexes.

Корреляция Джини-индексов генов, кодирующих эквимоллярные субъединицы белковых комплексов.

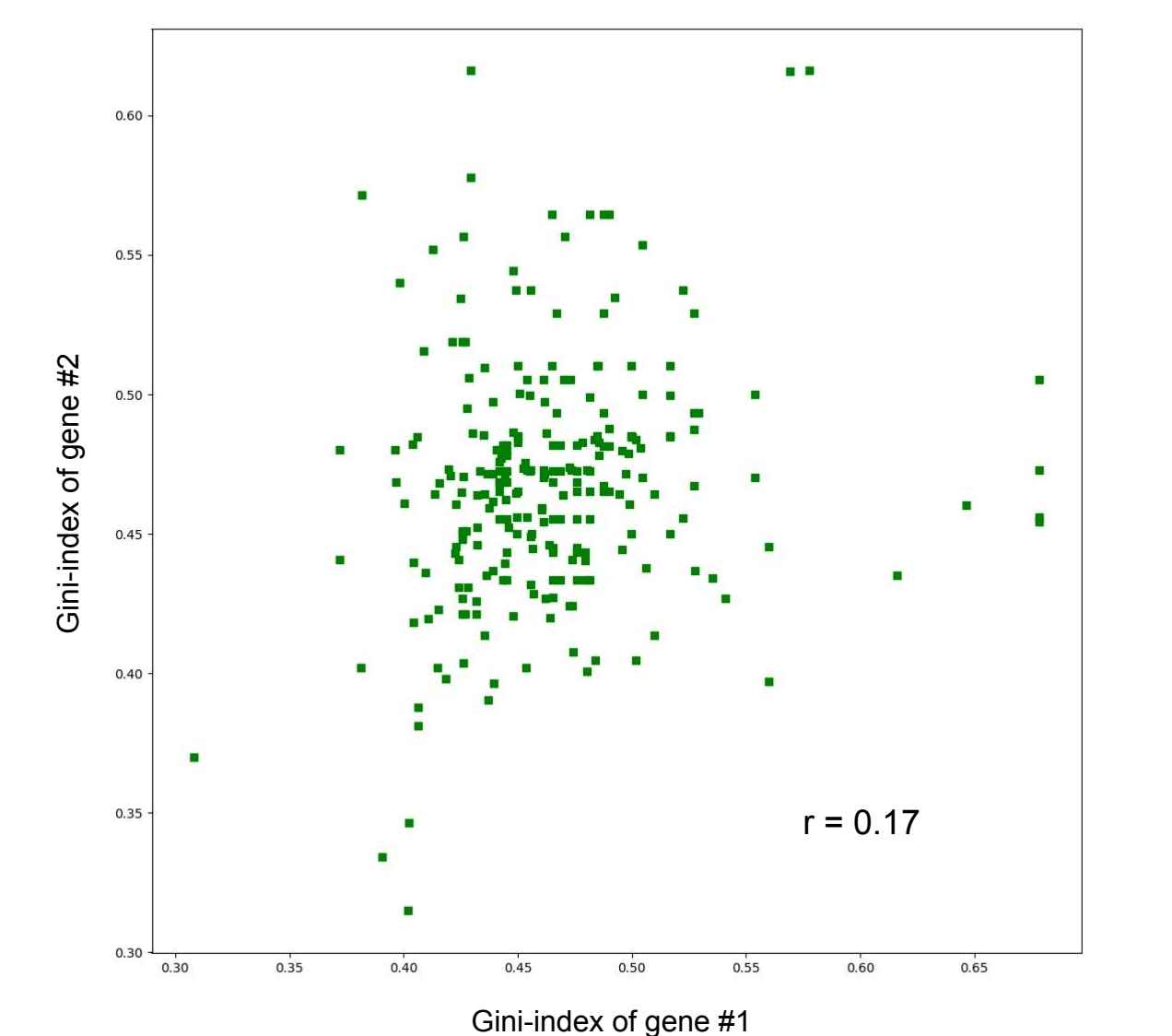


Figure 10. No correlation of Gini-indices for all genes in one operon.

Отсутствие корреляции Джини-индексов для всех генов, находящихся в одном опероне.

References

- Burkhardt DH, Rouskin S, Zhang Y, Li GW, Weissman JS, Gross CA. Operon mRNAs are organized into ORF-centric structures that predict translation efficiency. *Elife*. 2017;6
- Mao X, Ma Q, Zhou C, et al. DOOR 2.0: presenting operons and their functions through dynamic and integrated views. *Nucleic Acids Res*. 2014;42(Database issue):D654-9.

