همانندسازی و نسخه برداری در ژنوم DNA میتوکندری

• دکتر فاطمه منصوری
استادیار گروه ایمونولوژی و ژنتیک، دانشکده پزشکی
دانشگاه علوم پزشکی ارومیه، ارومیه، ایران
mansouri1600@hotmail.com

چکیده

ژنوم میتوکندریایی DNA حلقوی دو رشته ای است. همانند سازی DNA میتوکندری با کمک آنزیم های اختصاصی درون میتوکندری و مستقل از هسته انجام می شود. یک سلول دارای هزاران نسخه از DNA دو رشته ای میتوکندریایی در ماتریکس داخلی میتوکندری است. در مرحله اول همانند سازی احتیاج به نسخه های کوچک RNA ای است که به کمک RNA پلی مرازهای میتوکندریایی تولید شده اند و می توانند پرایمر های ضروری در همانند سازی DNA میتوکندریایی را فراهم نمایند. تاکنون چند روش برای همانند سازی مطرح شده است مانند مدل جابجایی نامتقارن، مدل رشته جفت شده و مدل RITOLS. این مقاله مروری بیشتر مدل های کنونی همانند سازی DNA میتوکندری و نیز پروتئین هایی که در همانند سازی میتوکندریایی دخیل هستند مانندDNA پلی مراز انسانی و زیر واحدهای فرعی آن، DNA هلیکاز میتوکندری یا هلیکاز چشمک زن، پروتئین های باند شونده به DNA تک رشته ای و چگونگی ترمیم شکاف بازی را مورد بررسی قرار می دهد.

کلمات کلیدی: میتوکندری، همانندسازی، نسخه برداری

مقدمه

ژنوم میتوکندریایی (mtDNA) یک ژنوم چند نسخه‌ای حلقوی بسته از 61.965 جفت باز تشکیل شده است که ۳۷ ژن را کد می کند. ۱۳ ژن برای کد کردن پروتئین های درگیر در زنجیره انتقال الکترون، ۲۲ ژن برای tRNA، ۲ ژن برای کد کردن ریبوزوم های 12S,16S و همچنین ۱۳ ژن برای سنتز پلی پپتید پروتئین میتوکندریایی هستند [۱]. سلول ها دارای هزاران نسخه از DNA میتوکندریایی هستند که در تعداد زیادی از میتوکندری ها توزیع شده اند. DNA میتوکندریایی به طور مستقل در ماتریکس داخلی میتوکندری واقع شده است. دو رشته تشکیل دهنده DNA میتوکندریایی میزان گوانین و سیتوزین متفاوتی دارند. از این‌رو رشته ای که درصد گوانین بیشتری دارد به نام رشته سنگین یا H می نامند و رشته ای که درصد گوانین کمتری دارد به نام رشته سبک یا L می نامند. رشته ها هر کدام دارای مبدا های جداگانه برای شروع همانند سازی هستند. همانند سازی DNA میتوکندریایی توسط تجمع پروتئین‌هایی که متشکل از DNA پلیمراز گاما (Polγ)، پروتئین های باند شونده به DNA تک رشته میتوکندریایی (SSB[1] میتوکندریایی)،DNA هلیکاز میتوکندریایی، توپوایزومرازها و فعالیت هایRNase H انجام می شود.

مدل های کنونی همانند سازی DNA میتوکندریایی

دو حالت همانند سازی DNA برای تکثیر ژنوم میتوکندریایی پیشنهاد شده است، ۱) مدل جابجایی غیر همزمان رشته[2] و ۲) مدل همانندسازی دو طرفه رشته جفت شده[3] [۲، ۳]. در مدل جابجایی غیر همزمان رشته‌ها و یا مدل کلایتون[4] همانند سازی DNA میتوکندریایی به روش نا متقارن انجام می شود به طوریکه همانند سازی

1- mtSSB
2- asynchronous strand displacement model
3- strand-coupled bidirectional replication model
4- Clayton

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

DNA میتوکندریایی از مبدا رشته سنگین (OH) دختری از روی رشته سبک مادری از جهت ´۵ به طرف ´۳ شروع می شود. در این شرایط رشته سنگین مادری ۵۰۰ تا ۶۰۰ نوکلئوتید کنار می رود و ساختاری به شکل حلقه یا لوپ را می سازد که به نام D-Loop می نامند. سنتز رشته سنگین آنقدر ادامه می یابد تا وقتی که دو- سوم رشته سنگین سنتز شود [٤]. سپس همانند سازی از مبدا رشته سبک (OL) شروع می‌شود و سنتز رشته سبک دختری از روی رشته سنگین مادری و از جهت ´۵ به طرف ´۳ در جهت خلاف رشته سنگین آغاز می شود [۵]. در هر دو رشته سنتز به طور پیوسته و در یک جهت انجام می شود [٦]. تحقیقات نشان داده که در روش همانند سازی متقارن در قسمت وسط همانندسازی رشته ها مکان های حساس به RNase H وجود دارد، که بیانگر یک مکانیسم دیگری است که ابتدای سنتز رشته پیشرو قطعات کوچک RNA ای گذاشته می‌شود و این روش به نام RNA گنجانیده شده در تمام رشته پیشرو[1] RITOLS نامیده شده است (شکل ۱). در همه مدل ها، آغاز همانندسازی کمک پرایمر RNA ای کوچک آماده توسط RNA Polymerase میتوکندری تولید می شود و همچنین واکنش های پلیمریزاسیون DNA توسط DNA پلیمراز هولوآنزیم γ انجام می شود [۷]. در مدل جابجایی نامتقارن رشته ها جهت انجام همانندسازی نیاز به نسخه برداری اولیه DNA میتوکندریایی در ناحیه OriH (داخل D-LOOP) از پروموتور رشته سبک[2] LPS است [۸]. پرایمر های لازم برای شروع همانندسازی DNA میتوکندریایی در OriH در مرحله اول توسط فرآیند آغاز نسخه برداری در پروموتور رشته سبک (LPS) تولید می‌شود. آنزیم Poly γ سنتز رشته H با استفاده از پرایمرهای کوچک RNA ای آغاز می کند وقتی سنتز رشته H تقریبا ۷۰٪ کامل شد، مبدا رشته سبک برای سنتز شروع به فعالیت می کند [۷، ۹]. همانند سازی رشته L در نزدیکی منطقه کد گذاری WANCY tRNA که در شکل تک رشته ای برای ایجاد یک ساختار شاخه- حلقه پایدار لازم است شروع می شود و سنتز DNA در طول رشته DNA میتوکندریایی پیشرفت می کند و پس از این که همانند سازی رشته L کامل شد خاتمه می یابد [۲].

با این وجود همانند سازی هر دو مدل نیازمند پرایمر های RNA ای هستند که با وساطت ماشین همانند سازی برای ایجاد یک RNA جدید و نوظهور مورد استفاده قرار می‌گیرند [۸]. این RNA ها تشکیل می شود، پردازش می شود و یک هیبرید DNA/RNA تشکیل می شود. از آنجا که DNA پلیمراز γ به انتهای 3´- OH نیاز دارد، این RNA های کوچک انتهای 3´-OH فعال را برای DNA پلیمراز γ فراهم می کند و سپس DNA پلیمراز γ از این انتها به عنوان آغازگر استفاده کرده و آن را گسترده می دهد [۱۰]. RNA پلیمراز توسط پروتئین های TFAM و TFB2 جذب ناحیه LPS می شود تا برای شروع نسخه برداری با اندازه متناسب با طول ژنوم به کار گرفته شوند [۱۱، ۱۲]. این نسخه های RNA ای از ناحیه LPS می‌توانند جدا شوند یا قبل از تولید آغازگرها برای همانند سازی DNA به کار روند. در شرایط همانندسازی، RNA پلیمراز میتوکندریایی پرایمرهای کوتاه RNA ای به اندازه ۷۵-۲۵ نوکلئوتید را خواهد ساخت و می تواند توسط DNA پلیمراز γ گسترش یابد [۱]. شواهد بیشتری پیشنهاد شده است که RNA پلیمراز ترکیب RNA پرایمری ۲۵ نوکلئوتیدی در ناحیه OriL سنتز می کند [۱۲]. این RNA پرایمرها با کمک پلیمراز γ توسعه یافته و برای تکمیل همانند سازی شروع شده در رشته پیشرو به کار می روند. بنابراین، RNA پلیمراز آغازگر پرایمرهای RNA ای برای DNA پلیمراز در نواحی OriH و OriL را فراهم می کند [۷]. در مدل رشته جفت شده، همانند سازی دو طرفه از یک منطقه در نزدیکی OriH به دنبال پیشرفت دو شاخه در اطراف حلقه DNA میتوکندریایی آغاز می شود [۹، ۱۰]، این روش به نام مدل Holt و یا مدل متقارن[3] نیز نام دارد [۳]. همانندسازی DNA توسط DNA پلیمراز، هلیکاز میتوکندریایی Twinkle ، SSB میتوکندریایی،توپوایزومرازها، RNaseH1 و عوامل آغازی و خاتمه دهنده رونویسی انجام می شود [۷] (شکل ۲).

1- RNA Incorporated Throughout Lagging Strand
2- light-strand promoter
3- Strand-symmetric model

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

DNA پلیمراز میتوکندریایی انسان، زیر واحد کاتالیتیکی و زیر واحد فرعی

از میان 16DNA پلیمراز موجود در یوکاریوت ها، DNA پلیمراز گاما تنها DNA پلیمراز موجود در میتوکندری پستانداران است و از این رو تکثیر و تعمیر تمام ۱۶/۵ kb ژنوم میتوکندریایی حلقوی را بر عهده دارد [۱۳]. هولوآنزیم پلیمراز انسان از یک زیر واحد کاتالیتیکی(توسط ژن POLG در ناحیه کروموزومی 15q25) و فرم دیمریک از زیر واحد فرعی) توسط ژن POLG2 در لوکوس کروموزومی (17q24.1) تشکیل شده است [۱٤]. زیر واحد کاتالیتیکی آنزیم ۱٤۰ کیلودالتون (p140) است که فعالیت اگزونوکلئازی ´۳ به ´ ۵ و فعالیت لیازی فسفات دئوکسی ریبوز (dRP) دارد [۱۵]. زیر واحد فرعی پروتئین ۵۵ کیلو دالتونی (p55) است که برای باند شدن و سنتز DNA مورد نیاز است [۱٦]. جهش در ژن POLG برای اولین بار در سال ۲۰۰۱ به علت التهاب خارجی چشمی پیشرونده (PEO) کشف شد [۱٤] و مشخص شد که یکی از عوامل عمده بیماری میتوکندری ناشی از اختلالات یا نقصان در DNA میتوکندریایی است [۱۷]، از جمله Alpersو اختلال وسیع میوهپاتوپاتی مغزی یا میتوکندریایی بیماری‌هایی مانند سندرم میونوروپاتی، آتاکسی حساس به میوپاتی که وابسته به اختلالات میتوکندری است [۱۸]. اگر چه بیشتر اختلالات مربوط به جهش ژن POLG است اما جهش در ژن POLG2 نیز می توانند باعث PEO و نشانه های مشابه PEO باشد [۱۹].

خصوصیات بیوشیمیایی DNA پلیمراز میتوکندری

DNAپلیمراز گاما دارای فعالیت قوی در شرایط آزمایشگاهی با سوبستراهای پرایمرهای مختلف از قبیل سوبسترای DNA طبیعی و سوبستراهای هوموپولیمریک مانند: پلی(dA)، الیگو (dT) پلی(dC) ، الیگو (dG) است. فعالیت پلیمرازی به اندازه سوبسترای الگوی و پرایمر بستگی دارد. همچنین پلیمراز می تواند نقش کاتالیزوری بر روی پرایمر و الگوی داشته باشد که در حضور فلزات Mn^{+2},Mg^{+2} (به عنوان فلز فعال کننده کاتالیزور) فعالیت DNA پلیمراز را تسریع می کنند تا پلیمریزاسیون با استحکام بالا انجام گیرد [۲۰]. همچنین DNA پلیمراز نسخه برداری معکوس با کارایی بالاتر از HIV-1 انجام می‌دهد، اما فعالیت نسخه برداری معکوس پلیمراز به مراتب کارآمدی کمتری نسبت به فعالیت همانندسازی آن در توالی طبیعی DNA است [۱٦]. از آنجایی که آنزیم پلیمراز گاما تنها پلیمراز DNA میتوکندریایی در انسان است، توانایی‌اش برای استفاده در طیف وسیعی از سوبستراها اجازه می دهد تا هم در همانندسازی و هم در تعمیر نقش تخصصی داشته باشد و این بر خلاف ۱۵ آنزیم DNA پلیمراز هسته ای است که هر یک نقش منحصر به فردی دارند. غلظت نمک مطلوب برای فعالیت پلیمراز نیز در حضور P55 به سوبستراهای مورد استفاده بستگی دارد. DNAپلیمراز گاما در حضور سوبستراهای هوموپولیمریک (rA) و سوبستراهای الیگو(dt_{12-14}) ، با غلظت ۷۵ میلی مول NaCl فعال است، در حالی که نمک بهینه ۲۵ میلی مول برای سوبسترای پلی (dA) مورد نیاز است. ناحیه N ترمینال زیر واحد کاتالیتیکی از DNA پلیمراز دارای فعالیت اگزونوکلئازی برای تجزیه نوکلئوتید تازه تشکیل شده در رشته DNA در حال شکل گیری است [۲۱]. این فعالیت به حضور اسید اسپارتیک و اسید گلوتامیک بستگی دارد. فعالیت اگزونوکلئازی به عوامل pH و حضور کاتیون های فلزی دو ظرفیتی نیاز دارد و توسط غلظت بالایی از NaCl تحریک می شود. فعالیت اگزونوکلئازی کارآمد می تواند DNA تک رشته ای را تجزیه کند و عدم تطابق نوکلئوتیدی و هر گونه اشتباه در دو رشته DNA را تشخیص می دهد [۲۰]. فعالیت اگزونوکلئاز γ انسانی دارای قدرت سنتز DNA با کیفیت بالا را دارا می باشد که آن هم به دلیل انتخاب صحیح نوکلئوتیدها و تصحیح کارآمد می باشد [۱۳]. از طرفی اتصال زیر واحد P55 سبب افزایش قدرت سنتز DNA می شود. عملکرد اصلاحی اگزونوکلئاز با افزایش ۲۰ برابری بیشتر از عملکرد اشتباه گذاری نوکلئوتیدها است. با کمال تعجب، فعالیت اگزونوکلئاز زیر واحد کاتالیتیکی بر اثر تعامل با زیر واحد فرعی آن میسر می شود و این ممکن است به دلیل تعامل زیر واحد فرعی با هسته کاتالیزوری در هولوآنزیم پلیمراز باشد [۱۵].

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

ترکیب ریبونوکلئوتید

در طی همانندسازی DNA ، DNA پلیمراز میتوکندری باید ترجیحا ترکیبی از دئوکسی ریبونوکلئوتید و ریبونوکلئوتید باشد و باید بین دو منطقه ای که در آن بیشتر ریبونوکلئوتید است، تفاوت قائل شود. در سال ۱۹۷۳، گراسمن و همکاران ثابت کردند که فراوانی ریبونوکلئوتیدها در DNA میتوکندریایی انسان و موش ده برابر سایر نقاط ژنوم می باشد [۲۲]. DNA میتوکندریایی دارای ۳۰-۱۰ ریبونوکلئوتید منفرد هستند که به اندازه bp ۵۰۰ بین آن ها فاصله افتاده است. ریبونوکلئوتیدها در DNA میتوکندریایی ممکن است از هضم ناقص پرایمر های تصادفی فاصله دار RNA به وجود آیند و یا به اشتباه در طول سنتز DNA گنجانیده شده اند، همانطور که در مدلRITOLS پیشنهاد شده است [٦]. بنابراین پلیمراز γ منبع احتمالی از ترکیبات ریبونوکلئوتیدی داخلDNA میتوکندریایی است. بررسی‌های اولیه نشان داد که DNA پلیمراز می تواند به شکل یک ریبونوکلئوتید داخل DNA ترکیب شده باشد و مطالعه اخیر نشان داد که پلیمراز انسان قادر به شناسایی هر چهار ریبونوکلئوزید تری فسفات می باشد [۲۳]. هر دو مدل از همانندسازی DNA میتوکندریایی (مدل جابجایی نامتقارن رشته و مدل همانندسازی جفت شده) با ۱٦/۵ کیلو جفت باز ژنوم میتوکندریایی انسان توسط هولو آنزیم پلیمراز گاما همانند سازی می شود [۱٦]. همانطور که قبلا اشاره شد در مدل نامتقارن DNA پلیمراز با گسترش رشته H از RNA پرایمر نشان می دهد که می توان سنتز DNA را از یک ریبونوکلئوتید شروع کرد. با این حال، در مدل همانند سازی RITOLS واسطه های همانند سازی شامل مناطق DNA/RNA هیبرید و توالی غنی از RNA گسترده در رشته پیشرو، نشان دهنده نقشی برای DNAپلیمراز در ترکیب این ریبونوکلئوتیدها در طی سنتز رشته در حال شکل گیری است [۲٤]. آنزیم RNase H می‌تواند RNA متصل به DNA را حذف کند جایی که RNase H1 طی فرآیندی قطعات طولانی هیبرید DNA/ RNA را می شکند و RNase H2 به طور تک تک ریبونوکلوئیدها را از DNA بر می دارد [۲٤]. در حالی که هر دو آنزیم H1 و H2 در هسته یافت شده اند، ولی فقط RNase H1 درمیتوکندری فعالیت دارد. بنابراین، عدم فعالیت RNase H2 در میتوکندری کمک می کند تا توضیح دهد که چرا باقیمانده های ریبونوکلئوتیدی در ژنوم میتوکندریایی (بدون در نظر گرفتن منبع) وجود دارند.

ترمیم شکاف بازی در میتوکندری

DNA پلیمراز گاما نیز در ترمیم به روش ایجاد شکاف باز BER[1] در DNA میتوکندریایی نقش دارد [۲۵]. روش‌های ترمیم در میتوکندری یا از طریق تک نوکلئوتیدی SN-BER[2] و یا از طریق مسیرهای طولانی LP-BER[3] می تواند رخ دهد [۱۳, ۲٦]. در هر دو مورد، DNA گلیکوزیلاز توالی آن قسمت از DNA آسیب دیده را حذف می کند و آنزیم AP اندونوکلئاز رشته ´5 DNA را برش می زند و به اندازه یک نوکلئوتید فضای خالی می گذارد که شامل یک گروه[4]dRP-´5 می باشد [۱۳]. در روش SN-BER این dRP نصف شده و سپس حذف می شود و در نتیجه شکاف توسط یک نوکلئوتید توسط پلیمراز پر می شود و سوبسترای مناسب برای بستن توسط لیگاز ساخته می شود [۲۵]. میزان و سرعت واکنش ترمیم توسط آنزیم لیاز به طور قابل توجهی برای پلیمراز گاما نسبت به پلیمراز هسته‌ای کندتر است [۲۷].

پروتئین باند شده به DNA تک رشته میتوکندریایی (SSB)

مدل نا متقارن همانند سازی DNA میتوکندریایی وجود تک رشته DNA میتوکندریایی با کمک پروتئین باند شده به DNA (SSB[5]) نشان می دهد که پروتئین میتوکندریایی SSB جزء اصلی همانند سازی DNA میتوکندریایی است و

1- Base excision repair
2- single-nucleotide BER
3- long-patch BER
4- 5´-deoxyribose phosphate
5- Single-stranded DNA binding protein

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

می تواند پیچش DNA را باز کند [۲۳]. پروتئین باند شده به DNA تک رشته میتوکندری در مخمر و برخی حیوانات به شکل منفرد و ۳۱ کیلو دالتون می باشد و پروتئین باند شده به DNA پستانداران به صورت تترامر با وزن مولکولی ۶۱ کیلو دالتون است [۲۸]. تترامر SSB میتوکندریایی دارای میل ترکیبی زیادی بهDNA و جایگاه های DNA ای دارای ۲ تا ۳۷ نوکلئوتیدی دارد. در دروزوفیلا، DNA پلیمراز γبا کمک SSB میتوکندریایی سنتز DNA میتوکندری را تقریبا ۴۲ برابر افزایش می دهد و در مگس سرکه هایی که ژن SSB میتوکندریایی آن ها جهش یافته بود، DNA میتوکندریایی آن ها دچار نقصان شده و عملکرد زنجیره تنفسی شان مختل می شود. در انسان ها تحریک دو برابری SSB میتوکندریایی قابل توجه است. در شرایط آزمایشگاهی سیستم همانندسازی، SSB میتوکندریایی انسان باعث تحریک سنتز DNA می شود و باعث می شود تا محصولاتی به اندازه ۳۱ کیلوباز تولید شود ولی اگر DNA پلیمراز γ به تنهایی عمل می کرد تنها محصولی با ۲ کیلوباز تولید می شد. تحریک پلیمراز γ انسانی توسط SSB میتوکندریایی انسانی اختصاصی است و این در مورد هیچ گونهDNA پلیمراز هسته ای مشاهده نشده است [۲۹]. علاوه بر این SSB میتوکندریایی به طور اختصاصی باعث تحریک DNA هلیکاز میتوکندری نیز می‌شود [۳۰].

هلیکاز DNA میتوکندریایی یا هلیکاز چشمک زن

محصول ژن C10orf2 کد کننده آنزیم هلیکاز است. آنزیم هلیکاز میتوکندریایی به شکل هگزامر و هپتامر و بسته به نمک وکو فاکتور مشاهده شده است [۳۱]. این هلیکاز میتوکندریایی در محل مشخص با نوکلئوتیدهای میتوکندریایی قرار می گیرد و با شکل نقطه به نقطه فلورسانس میتوکندریایی یادآور ستارگان چشمک زن است به خاطر همین نامش را، هلیکاز چشمک زن گذاشتند در طول مسیر نوکلئوتیدها حرکت می کند. این مشاهدات نشان می دهند که هلیکاز DNA میتوکندریایی چشمک زن برای تنظیم انواع همانند سازی DNA میتوکندریایی در پستانداران ضروری است. هلیکاز فعال به طور ویژه توسط SSB میتوکندریایی انسانی تحریک شده و آنزیم به تنهایی پیچ های اولیگونوکلئوتید کوتاه را باز می کند [۳۱].

توپوایزومراز

توپوایزومرازها (توپوزها) آنزیم هایی هستند که با شکستن پیوندهای فسفو دی استری در جهت معکوس باعث تغییر توپولوژی DNA می شود و باعث عبور رشته دوم DNA از شکاف می شود. در حالی که همه توپوزهای باعث می‌شوند DNA از جایگاه فعال تیروزین شکسته شوند بنابراین آن ها براساس مکانیسم عمل به دو نوعI(A,B) یا نوع II (A,B)طبقه بندی می شوند [۳۲]. نوع I توپوزایزومراز فقط یک رشته ازDNA را برش می زند، در حالی که نوع II توپوز باعث شکسته شدن همزمان دو رشته در DNA می شود. شکست هایی که توپوایزومراز ایجاد می کند باعث انجام عملکردهای خاص DNA بدون هیچ گونه محدودیتی می شوند [۳۳]. در نتیجه، توپوزها نقش اساسی در واکنش‌های DNA مانند از بین رفتن سوپرکویل در طول همانند سازی و نسخه برداری دارند. تا به امروز، شش توپوایزومراز در انسان شناخته شده است که دو تا از شش آنزیم نوع II هستند و توپوایزومراز میتوکندری از نوع I است. در این شش آنزیم، دو نوع فعال در میتوکندری‌اند، که اعمال آن ها در ذیل توضیح داده شده است. در حالی که این احتمال وجود دارد که دیگر توپوزها نقش اساسی در عملکردهای DNA میتوکندری داشته باشند ولی اطلاعات کمی در مورد هویت و نقششان موجود است [۳۲]. توپوایزومراز I و IIIA میتوکندریایی تنها دو توپوایزومرازی هستند که در میتوکندری انسانی واقع شده اند [۳۴]. علاوه بر این، شواهد نشان می دهند که این دو آنزیم برای عملکرد میتوکندری در نسخه برداری و یا همانندسازی مهم هستند [۳۲].

توپوایزومراز های میتوکندری

توپوایزومرازI میتوکندری از نوع توپوایزومراز IB است که برای فعالیت مطلوب نیاز به یک فلز دو ظرفیتی و pH قلیایی دارد. مطالعات نشان داده اند که این آنزیم سازگار شده تا در میتوکندری فعالیت اپتیمم داشته باشد. توپوایزومرازI میتوکندری در داخل میتوکندری متمرکز است و شدیدا در بافت های غنی از میتوکندری مانند قلب و مغز

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

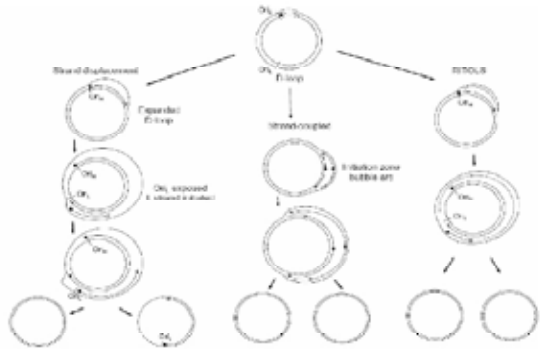
بیان می‌شـود. علاوه بر این، توپوایزومراز نوع یک میتوکندری به شـکل مجموعه های کووالانسی با DNA میتوکندری قرار می گیرد. اسـتفاده از camptothecin (سـم شـناخته شده توپوایزومـراز) محـل جدا شـدن توپوایزومراز I که شـبیه به یک خوشـه نامتقارن در لوپ D (مکان تنظیمی توپوایزومراز) میتوکندری قرار می‌گیرد نشـان داده است. camptothecin باعث کاهش سـطح شکل گیری لوپ D شـده که نهایتا عدم فعالیـت توپوایزومـراز میتوکندریایـی، تشـکیل لـوپ D در میتوکندری را کاهش می‌دهد [۳٤]. این نتایج حاکی از آن است که توپوایزومراز I می تواند نقش جدید در تنظیم همانندسازی میتوکندری و یا نسـخه برداری داشته باشد و می تواند استرس سـوپرکویل در طی همانند سازی DNA میتوکندری را کاهش دهد [۳۳]. در هسته، توپوایزومراز III به ترکیب مجدد عوامل واسـطه ای کمک می کند. شواهد دیگر اشاره به نقش اساسی توپوایزومـراز در بقا DNA میتوکندری دارد. در سـال ۲۰۱۰ Wu و همکاران نشـان دادند که توپوایزومراز برای حفظ ژنوم DNA میتوکندریایی مگس سرکه ضروری است [۳۵]. مگس سـرکه بدون فرم توپوزایزومراز میتوکنـدری می تواند تا دوره بلوغ رشـد کند، اما قدرت باروری آن کم می شود. اثر شگرف آن در مگس سـرکه های ماده اتفـاق می افتد، که به طور کامل نابارور می شـوند، چـون مقـدار DNA میتوکندریایی آن ها به طور چشـمگیری کاهش یافته اسـت. مطالعـات زیادی در باکتری‌ها نشـان می دهد که توپوایزومـراز III و توپوایزومراز نـوع IA، با همـکاری RecQ و SSB چنگال همانندسـازی در مرحلـه پایانـی را باز می کنـد. روی هم رفتـه، این نتایج نشـان می دهند که توپوایزومراز III نقش مهمی در بقا DNA میتوکندریایی دارد چرا که تعدادی شـاخه های رشـته DNA میتوکندریایی والدین را در پایان همانند سـازی حذف می کند [۳٤].

فعالیت ریبونوکلئاز H در میتوکندری

همانطور که قبلا اشـاره شـد آنزیم ریبونوکلئاز برای حذف RNA ضروری اسـت که در DNA یافت می شود. دو شکل از ریبونوکلئاز H وجود دارد (H1,H2). ریبونوکلئاز H1 طی فرآیندهایـی هیبرید RNA/DNA را شکسـته و ریبونوکلئاز H2 به صـورت تک تـک ریبونوکلئوزید ´5 منوفسـفات در DNA را حذف می کند. تنها ریبونوکلئاز H1 در میتوکندری نقش دارد [۳٦]. مطالعات نشان داده که جنین موش های حامل جهـش ژن ریبونوکلئاز H1 مرده به دنیا می آیند که می تواند منجر به کاهش قابل توجهی در محتوای DNA میتوکندریایی شـود. در حالی که بیشتر ریبونوکلئازهای H1 عمدتا در هسته واقع شـده انـد، اما بخشـی از پروتئیـن ریبونوکلئاز H1 در میتوکندری یافت می‌شـود [۲۱]. از آنجایی که بیان دیر هنگام ریبونوکلئاز H1 در میتوکندری می تواند به مرگ سلولی منجر شـود نقش احتمالی ممکن برای ریبونوکلئاز H1 حذف پرایمر RNA در منشـا همانندسازی در رشته سـنگین و سبک رشته DNA و یا پردازش قطعات در مدل همانندسازی جفت شده در همانندسازی DNA میتوکندریایی می باشد[۳٦].

نتیجه گیری

همانندسـازی DNA میتوکندری در ابتدا با فرآیند نسـخه برداری انجام می شـود. مدل غیر همزمان و مدل رشـته های جفت شده برای همانند سـازی و تکثیر DNA میتوکندریایی ارائه شـده اسـت. آنزیم های DNA هلیکاز، توپوایزومراز γ میتوکندریایی، پروتئین های باند شـونده به رشـته DNA و ریبونوکلئاز H1 در همانند سازی نقش دارند.

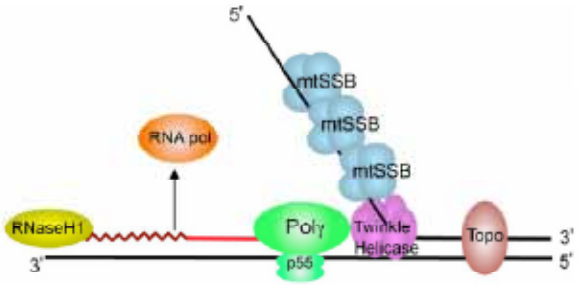


شکل ۱: مدل های همانندسازی DNA میتوکندریایی

سمت چپ، مدل جابجایی نامتقارن. همانندسازی در (OriH منشاء همانندسازی رشته سنگین DNA) با جابجایی رشته شروع می شود، بنابراین یک حلقه به شکل D ایجاد می شود. این سنتز پیشـرفت می کند تا این که در ناحیه مبدا رشـته سبک (OriL) همانند سـازی در جهت مخالف شروع می شود. قسمت وسط، مدل رشـته جفت شـده همانند سـازی دو جهتی از یک منطقه نزدیک OriH شـروع می شـود و با پیشروی همزمان دو شاخه همانند سـازی از هر دو طرف پیش می رود. سـمت راسـت،

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

مدل RITOLS همانندسازی رشته پیشرو مشابه مدل جابجایی نامتقارن شـــروع می شود اما رشته پیشـــرو در ابتدا از نسخه های RNA به عنوان پرایمر اولیه(RNA خط چین شده) قبل از تبدیل شدن به DNA استفاده می کند [۲].



شکل ۲: دیاگرام کلی همانند سازی DNA میتوکندریایی با پروتئین های شرکت کننده در

همانندسازی DNA میتوکندری

هلیکازDNA میتوکندریایی ســبب باز شــدن دو رشــته DNA می شــود که رشــته منفــرد بــا SSB میتوکندریایی پوشــانده شــده اســت، توپوایزومرازها وظیفــه آزاد کردن پیچش ســوپرکویل ها در DNA را دارند. ســنتز رشــته جدید توسط آنزیم DNA پلیمراز γ انجام می شــود در حالی کهRNA پرایمری که به وسیله RNA Polymerase تشکیل شده بود با فعالیت RNaseH1 از بین می رود.

References

1- Fernandez-Silva, P., J.A. Enriquez, and J. Montoya, Replication and transcription of mammalian mitochondrial DNA. Exp Physiol, 2003. 88(1): p. 41-56.

2-Brown, T.A., et al., Replication of mitochondrial DNA occurs by strand displacement with alternative light-strand origins, not via a strand-coupled mechanism. Genes Dev, 2005. 19(20): p. 2466-76.

3- Holt, I.J., H.E. Lorimer, and H.T. Jacobs, Coupled leading- and lagging-strand synthesis of mammalian mitochondrial DNA. Cell, 2000. 100(5): p. 515-24.

4- Tapper, D.P. and D.A. Clayton, Mechanism of replication of human mitochondrial DNA. Localization of the 5′ ends of nascent daughter strands. J Biol Chem, 1981. 256(10): p. 5109-15.

5- Clayton, D.A., Replication of animal mitochondrial DNA. Cell, 1982. 28(4): p. 693-705.

6- Yang, M.Y., et al., Biased incorporation of ribonucleotides on the mitochondrial L-strand accounts for apparent strand-asymmetric DNA replication. Cell, 2002. 111(4): p. 495-505.

7- Fuste, J.M., et al., Mitochondrial RNA polymerase is needed for activation of the origin of light-strand DNA replication. Mol Cell, 2010. 37(1): p. 67-78.

8- Falkenberg, M., N.G. Larsson, and C.M. Gustafsson, DNA replication and transcription in mammalian mitochondria. Annu Rev Biochem, 2007. 76: p. 679-99.

9- Bowmaker, M., et al., Mammalian mitochondrial DNA replicates bidirectionally from an initiation zone. J Biol Chem, 2003. 278(51): p. 50961-9.

10- Yasukawa, T., et al., A bidirectional origin of replication maps to the major noncoding region of human mitochondrial DNA. Mol Cell, 2005. 18(6): p. 651-62.

11- Tyynismaa, H., et al., Twinkle helicase is essential for mtDNA maintenance and regulates mtDNA copy number. Hum Mol Genet, 2004. 13(24): p. 3219-27.

12- Wanrooij, S., et al., Human mitochondrial RNA polymerase primes lagging-strand DNA synthesis in vitro. Proc Natl Acad Sci U S A, 2008. 105(32): p. 11122-7.

13- Graziewicz, M.A., M.J. Longley, and W.C. Copeland, DNA polymerase gamma in mitochondrial DNA replication and repair. Chem Rev, 2006. 106(2): p.405-383.

14- Wong, L.J., et al., Molecular and clinical genetics of mitochondrial diseases due to POLG mutations. Hum Mutat, 2008. 29(9): p. E150-72.

15- Johnson, A.A. and K.A. Johnson, Exonuclease proofreading by human mitochondrial DNA polymerase. J Biol Chem, 2001. 276(41): p. 38097-107.

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]

16- Bebenek, K. and T.A. Kunkel, Functions of DNA polymerases. Adv Protein Chem, 2004. 69: p. 137-65.

17- Longley, M.J., et al., Disease variants of the human mitochondrial DNA helicase encoded by C10orf2 differentially alter protein stability, nucleotide hydrolysis, and helicase activity. J Biol Chem, 2010. 285(39): p. 29690-702.

18- Copeland, W.C., Inherited mitochondrial diseases of DNA replication. Annu Rev Med, 2008. 59: p. 131-46.

19- Van Goethem, G., et al., Mutation of POLG is associated with progressive external ophthalmoplegia characterized by mtDNA deletions. Nat Genet, 2001. 28(3): p. 211-2.

20- Copeland, W.C., N.K. Lam, and T.S. Wang, Fidelity studies of the human DNA polymerase alpha. The most conserved region among alpha-like DNA polymerases is responsible for metal-induced infidelity in DNA synthesis. J Biol Chem, 1993. 268(15): p. 11041-9.

21- Lee, H.R. and K.A. Johnson, Fidelity and processivity of reverse transcription by the human mitochondrial DNA polymerase. J Biol Chem, 2007. 282(44): p. 31982-9.

22- Grossman, L.I., R. Watson, and J. Vinograd, The presence of ribonucleotides in mature closed-circular mitochondrial DNA. Proc Natl Acad Sci U S A, 1973. 70(12): p. 3339-43.

23- Mignotte, B., M. Barat, and J.C. Mounolou, Characterization of a mitochondrial protein binding to single-stranded DNA. Nucleic Acids Res, 1985. 13(5): p. 1703-16.

24- Lee, D.Y. and D.A. Clayton, Properties of a primer RNA-DNA hybrid at the mouse mitochondrial DNA leading-strand origin of replication. J Biol Chem, 1996. 271(39): p. 24262-9.

25- Pinz, K.G. and D.F. Bogenhagen, The influence of the DNA polymerase gamma accessory subunit on base excision repair by the catalytic subunit. DNA Repair (Amst), 2006. 5(1): p. 121-8.

26- Szczesny, B., et al., Long patch base excision repair in mammalian mitochondrial genomes. J Biol Chem, 2008. 283(39): p. 26349-56.

27- Akbari, M., et al., Mitochondrial base excision repair of uracil and AP sites takes place by single-nucleotide insertion and long-patch DNA synthesis. DNA Repair (Amst), 2008. 7(4): p. 605-16.

28- Van Dyck, E., et al., A single-stranded DNA binding protein required for mitochondrial DNA replication in S. cerevisiae is homologous to E. coli SSB. EMBO J, 1992. 11(9): p. 3. 30-421.

29- Lee, Y.S., W.D. Kennedy, and Y.W. Yin, Structural insight into processive human mitochondrial DNA synthesis and disease-related polymerase mutations. Cell, 2009. 139(2): p. 312-24.

30- Genuario, R. and T.W. Wong, Stimulation of DNA polymerase gamma by a mitochondrial single-strand DNA binding protein. Cell Mol Biol Res, 1993. 39(7): p. 625-34.

31- Spelbrink, J.N., et al., Human mitochondrial DNA deletions associated with mutations in the gene encoding Twinkle, a phage T7 gene 4-like protein localized in mitochondria. Nat Genet, 2001. 28(3): p. 223-31.

32- Zhang, H., L.H. Meng, and Y. Pommier, Mitochondrial topoisomerases and alternative splicing of the human TOP1mt gene. Biochimie, 2007. 89(4): p. 474-81.

33- Wang, J.C., Cellular roles of DNA topoisomerases: a molecular perspective. Nat Rev Mol Cell Biol, 2002. 3(6): p. 430-40.

34- Zhang, H. and Y. Pommier, Mitochondrial topoisomerase I sites in the regulatory D-loop region of mitochondrial DNA. Biochemistry, 2008. 47(43): p. 11196-203.

35- Wu, J., L. Feng, and T.S. Hsieh, Drosophila topo IIIalpha is required for the maintenance of mitochondrial genome and male germ-line stem cells. Proc Natl Acad Sci U S A, 2010. 107(14): p. 6228-33.

36- Cerritelli, S.M., et al., Failure to produce mitochondrial DNA results in embryonic lethality in Rnaseh1 null mice. Mol Cell, 2003. 11(3): p. 807-15.

[Downloaded from labdiagnosis.ir on 2025-08-01]