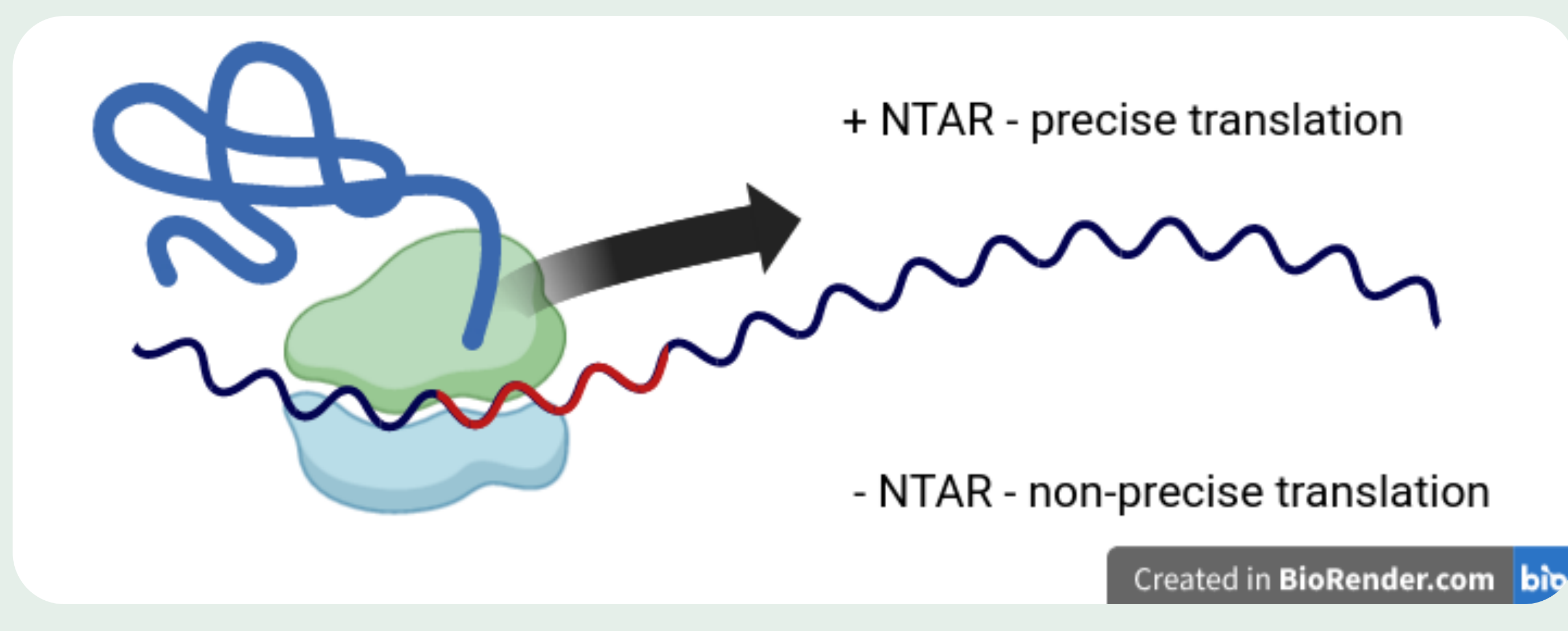


Role of NTAR sequences in guiding translation initiation

Роль последовательностей NTAR в контроле инициации трансляции

Introduction / Введение

NTARs are thought to work in concert with the 5'UTR to enhance the precise selection of correct start codons, thereby promoting effective translation initiation. Предполагается, что NTAR совместно с 5'UTR способствуют точному выбору правильных стартовых кодонов, что способствует эффективной инициации трансляции.



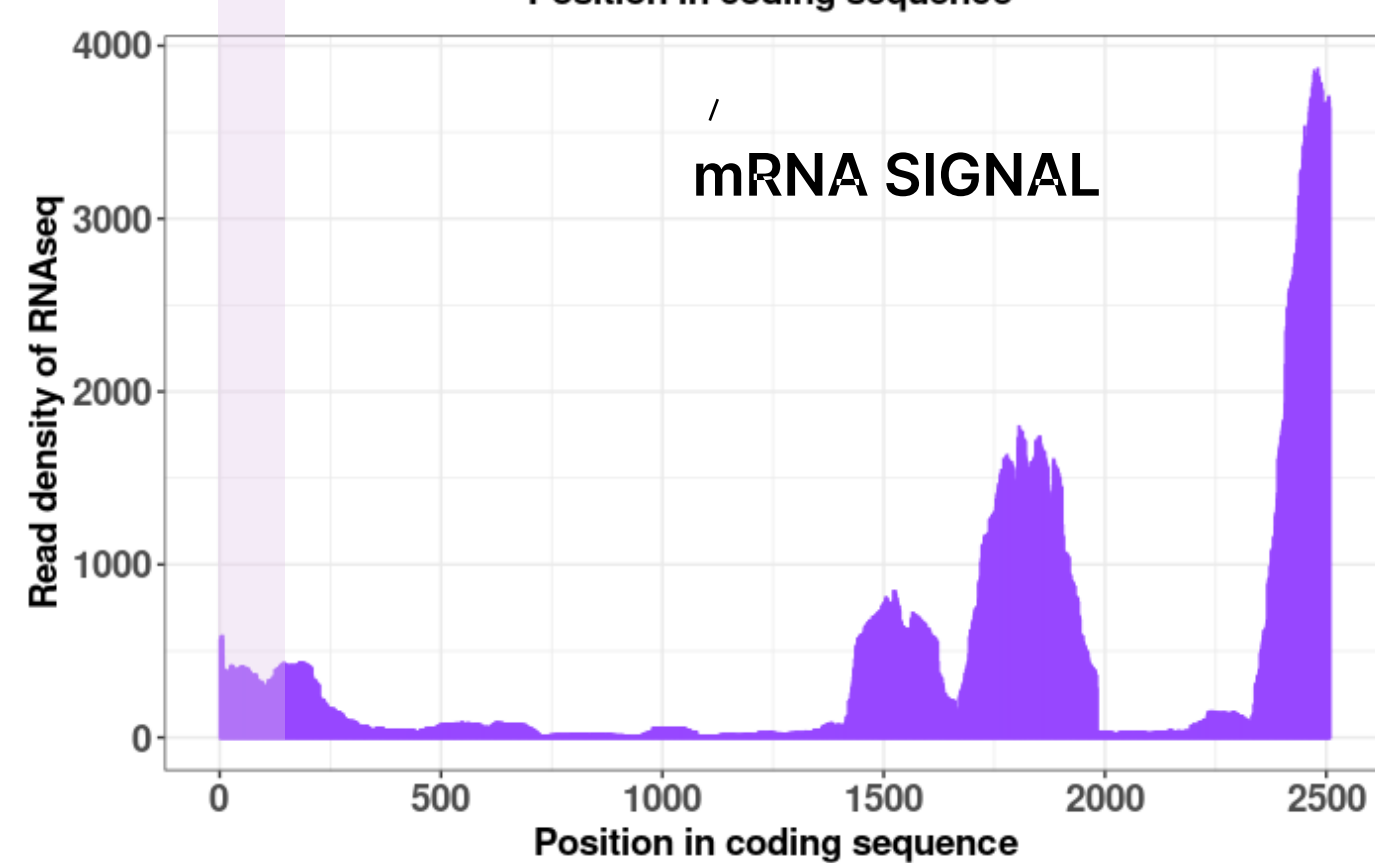
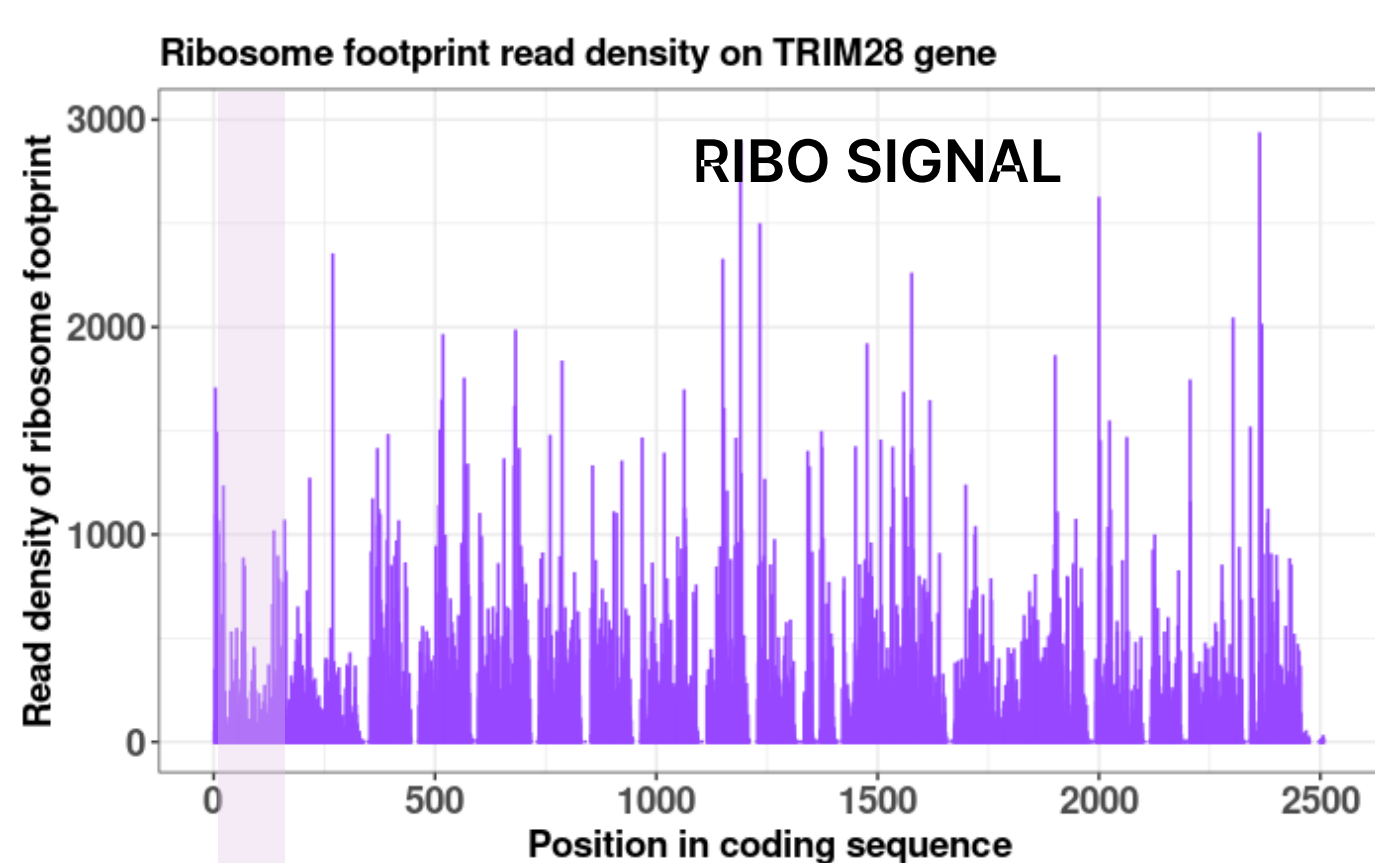
Research questions / Исследовательские вопросы

1. Does the presence of NTAR motifs impact ribosome speed?
2. Hundreds of human proteins possess NTARs. What these proteins have in common?

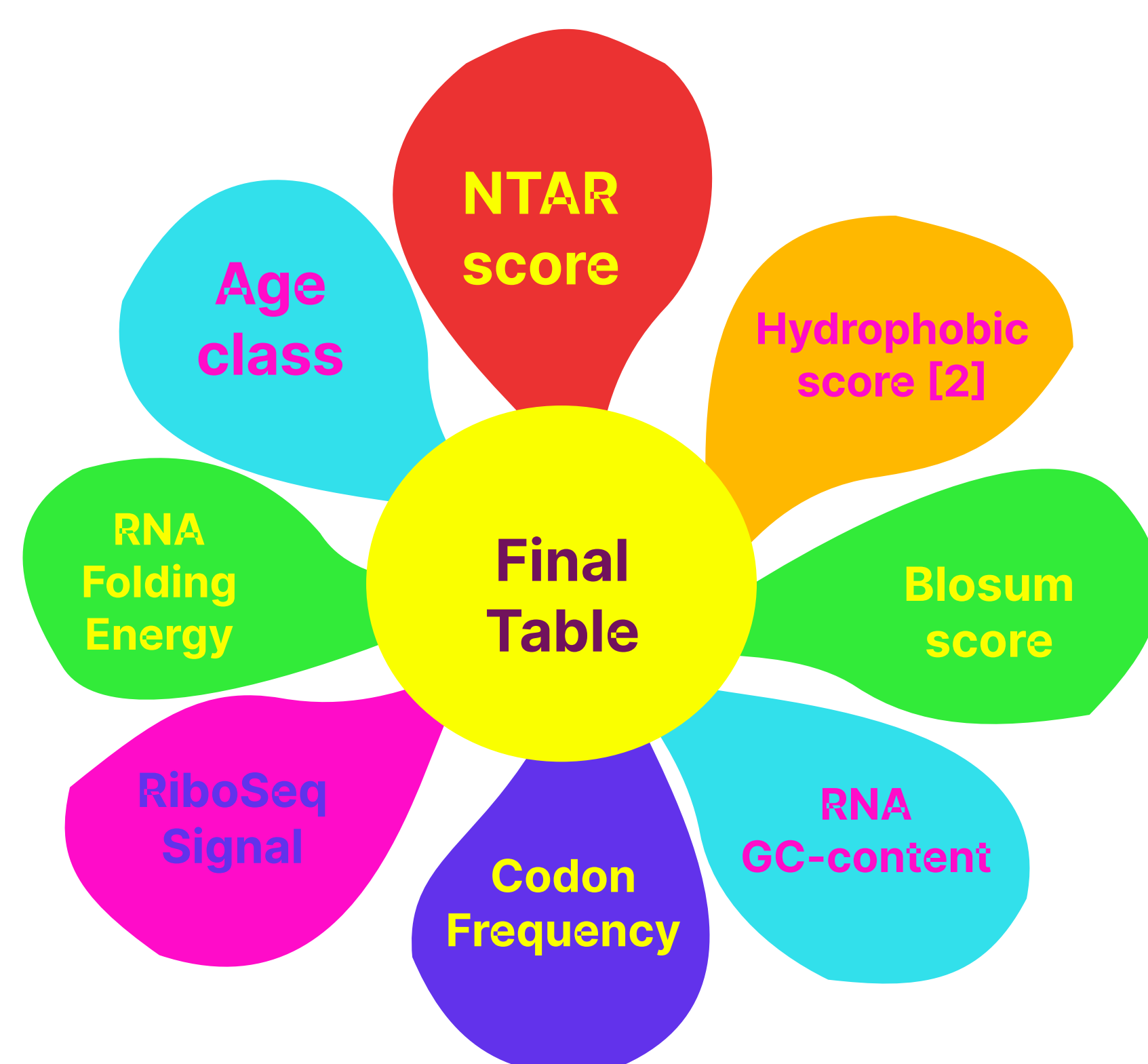
Наши вопросы:

1. Влияет ли наличие мотивов NTAR на скорость рибосомы?
2. Сотни человеческих белков обладают мотивами NTAR, но что их всех объединяет?

Methods



$$\frac{\text{mean (RIBO SIGNAL) } 0_{150} \text{ nt}}{\text{mean (mRNA SIGNAL) } 0_{150} \text{ nt}} = \text{RIBO DELAY}$$



References

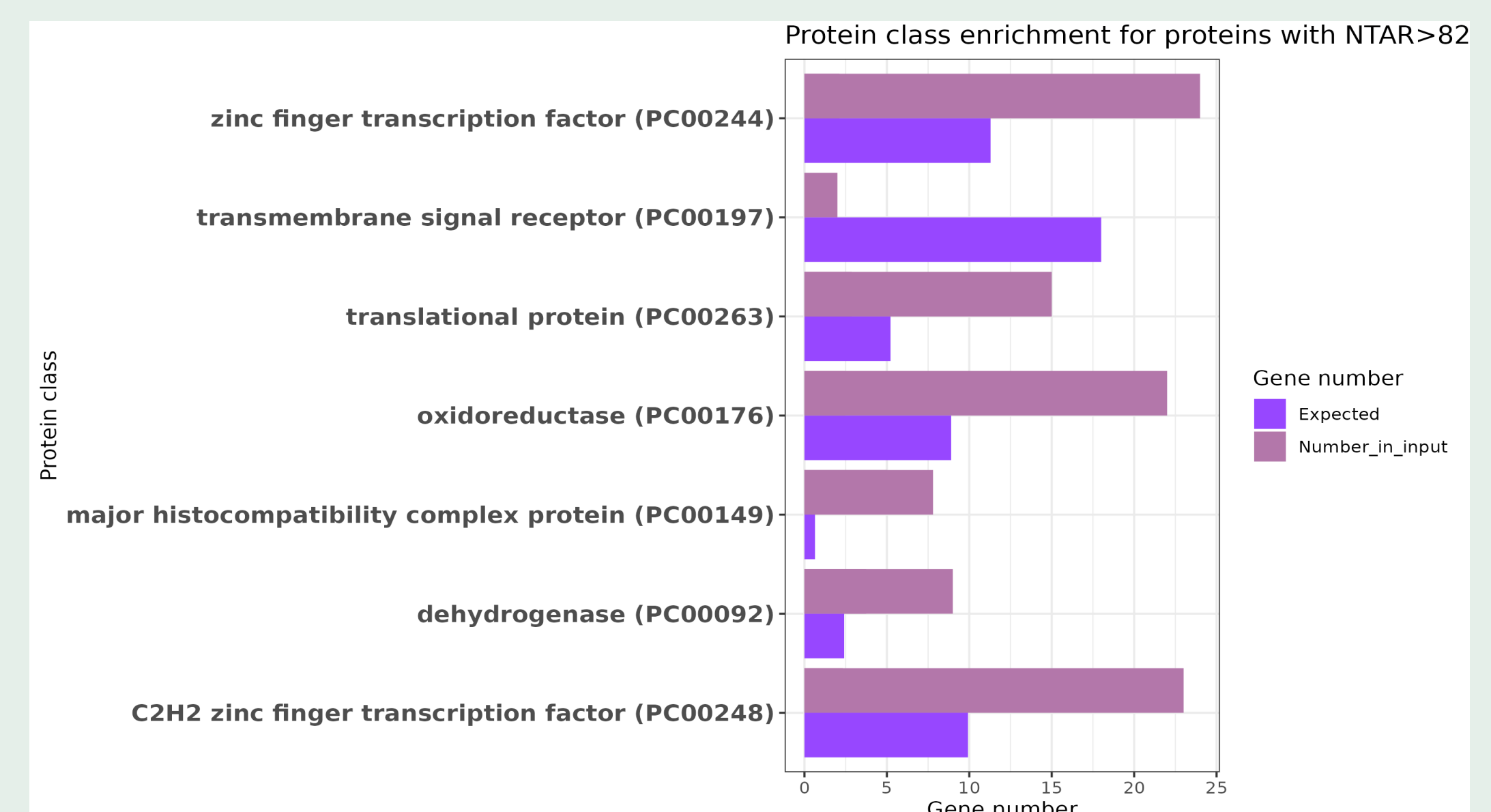
1. Buscà, Roser, et al. "N-terminal alanine-rich (NTAR) sequences drive precise start codon selection resulting in elevated translation of multiple proteins including ERK1/2." *Nucleic Acids Research* (2023): gkad528. DOI: [10.1093/nar/gkad528](https://doi.org/10.1093/nar/gkad528)
2. Zhu, Chongqin, et al. "Characterizing hydrophobicity of amino acid side chains in a protein environment via measuring contact angle of a water nanodroplet on planar peptide network." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113.46 (2016): 12946-12951. DOI: [10.1073/pnas.1616138113](https://doi.org/10.1073/pnas.1616138113)

Заключение

1. Тест на перерепрезентацию белковых классов показывает обогащение в классах МНСI, цинковых пальцев и трансляционных белковых семейств.
2. Рибосомные следы не позволяют нам обнаружить задержку рибосом в начале кодирующей последовательности.

Protein class overrepresentation analysis

Анализ представленности классов белков

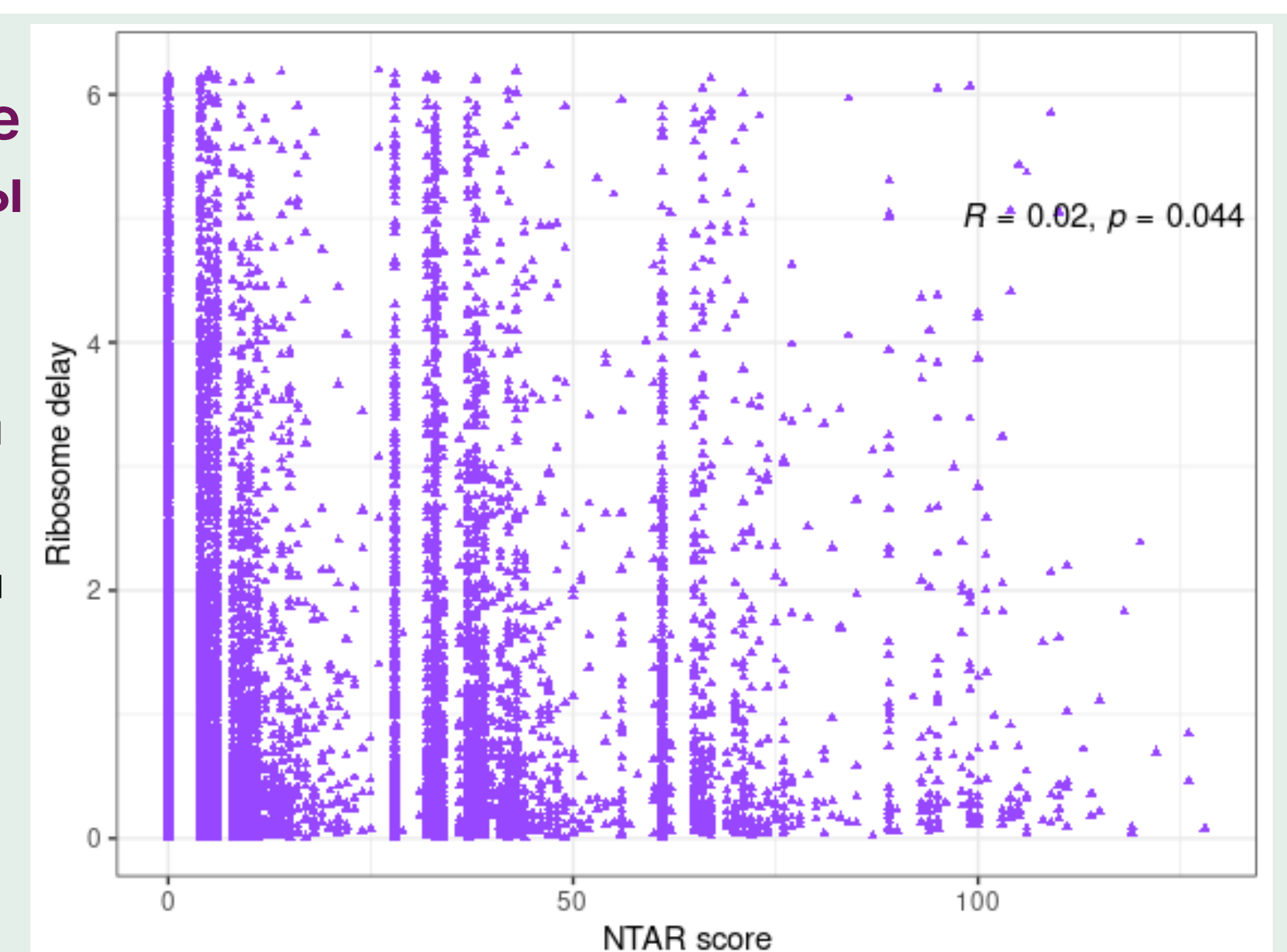


Ribosome delay versus NTAR-score

Зависимость задержки рибосомы от NTAR-score

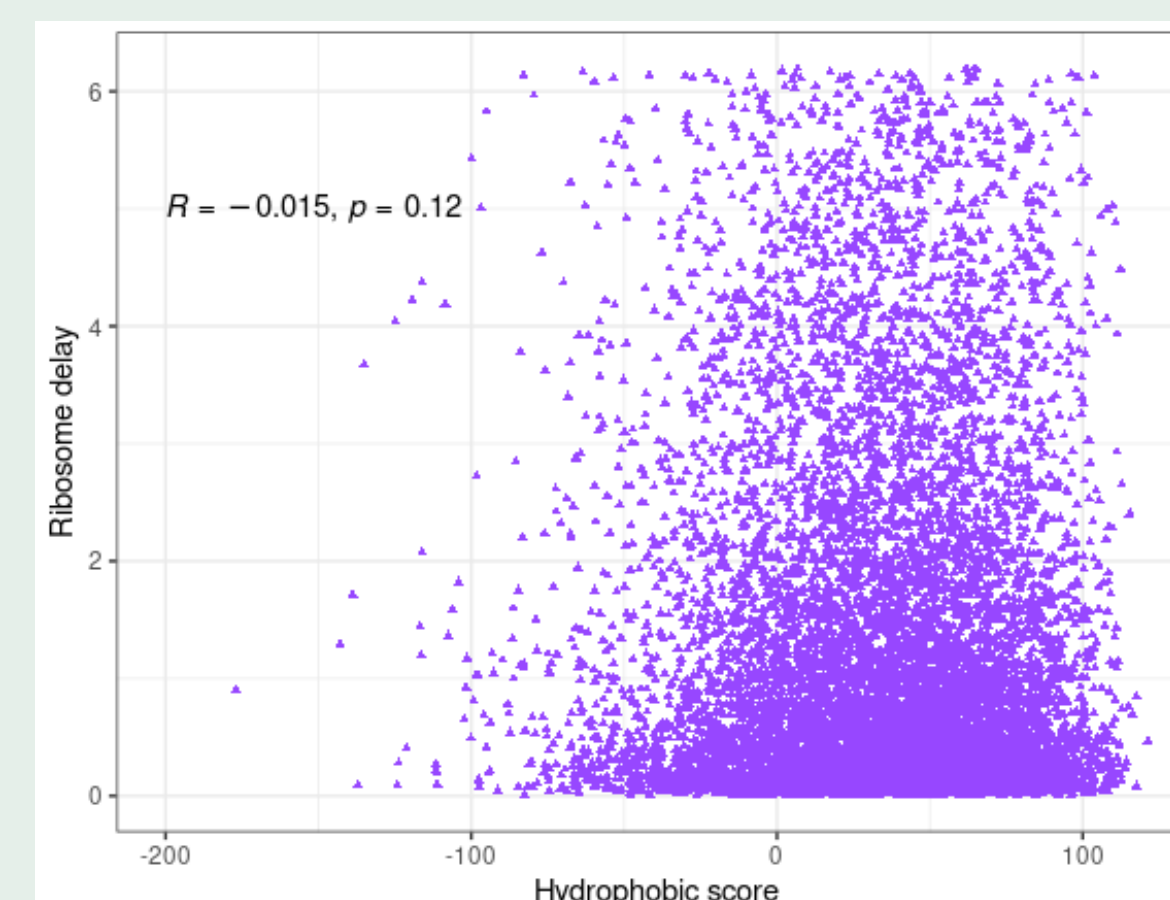
Неожиданный результат - задержка рибосомы слабо зависит от NTAR score. Мы предположили, что RIBO delay может быть неподходящей метрикой для оценки задержки рибосомы.

An unexpected result is that ribosome delay is weakly dependent on NTAR score. We hypothesized that RIBO delay might be an inappropriate metric for assessing ribosome delay.



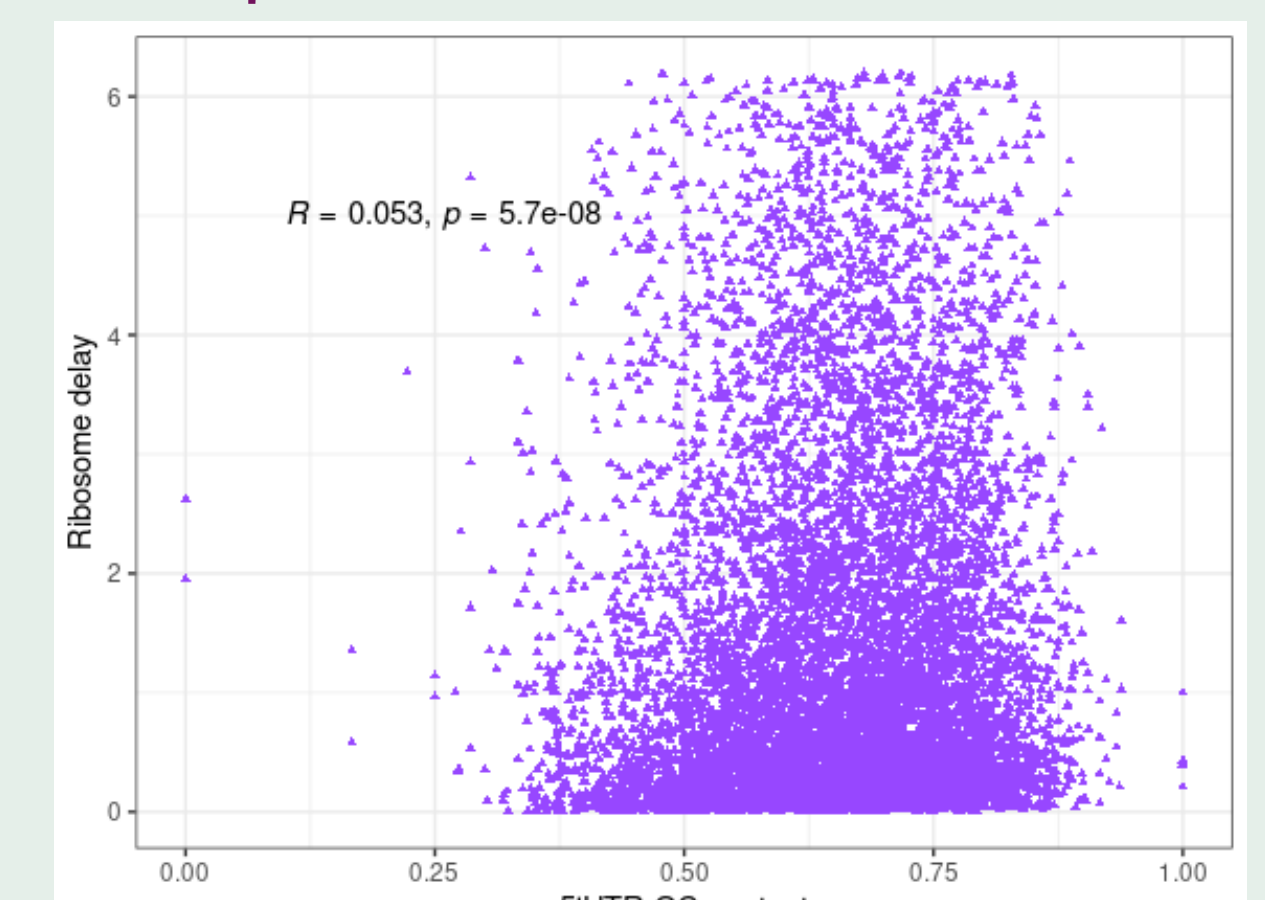
Plot Ribosome delay vs Hydrophobic score

График зависимости задержки рибосомы от гидрофобности N-конца



Plot Ribosome delay vs GC-content 5' UTR

График зависимости задержки рибосомы от GC-насыщенности 5' UTR

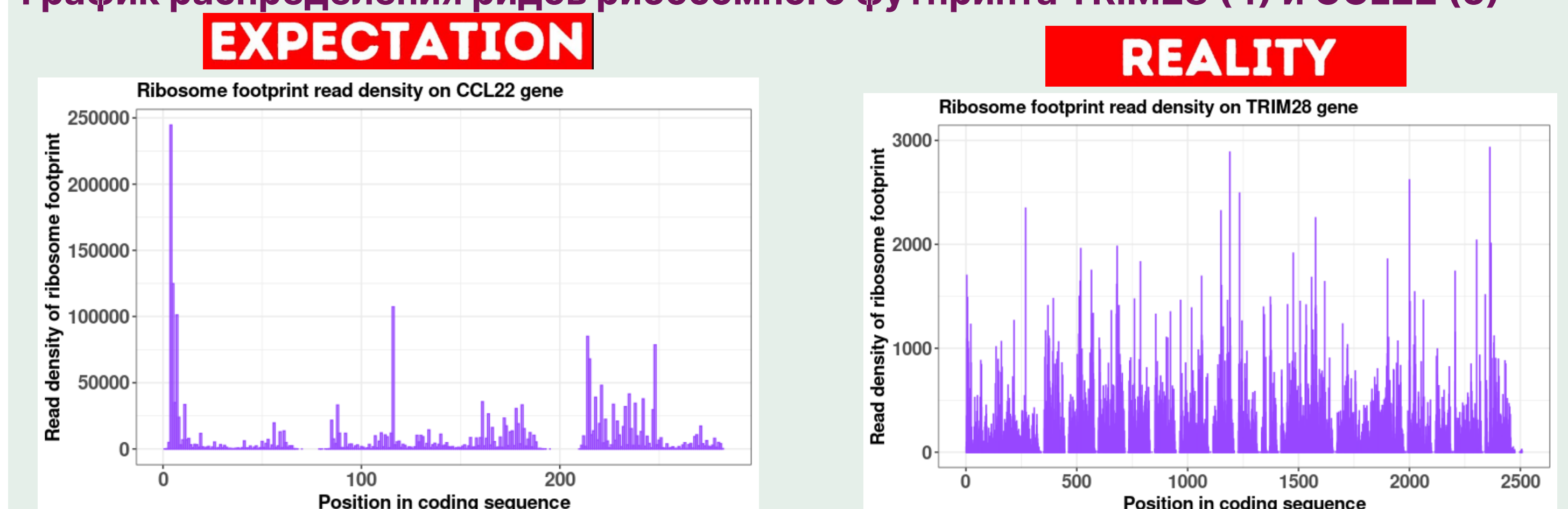


Скорость рибосомы под данным RiboSeq не зависит от гидрофобности N-конца и GC-насыщенности 5' UTR. Возможно данные RiboSeq недостаточно точные или неверные.

The speed of the ribosome under the RiboSeq data does not depend on the hydrophobicity of the N-terminus and the GC-saturation of the 5' UTR. The RiboSeq data may not be accurate enough or incorrect.

Plots distribution of ribosomal footprint reads of TRIM28 (plot4) and CCL22 (plot5)

График распределения ридов рибосомного футпринта TRIM28 (4) и CCL22 (5)



Данные RiboSeq плохо подходят для оценки скорости движения рибосомы в начале транслируемой области. Графики распределения в большинстве случаев ожидалось как у CCL22, но обычно встречались как у TRIM28.

RiboSeq data is poorly suited to estimate the speed of ribosome movement at the beginning of the translated region. Distribution plots were in most cases expected as those of CCL22, but were commonly encountered as of TRIM28.

Conclusion

1. Protein class overrepresentations test shows enrichment in MHC I, Zn-finger and translational protein families
2. Ribosome footprint doesn't allow us to detect ribosome delay at the beginning of coding sequence