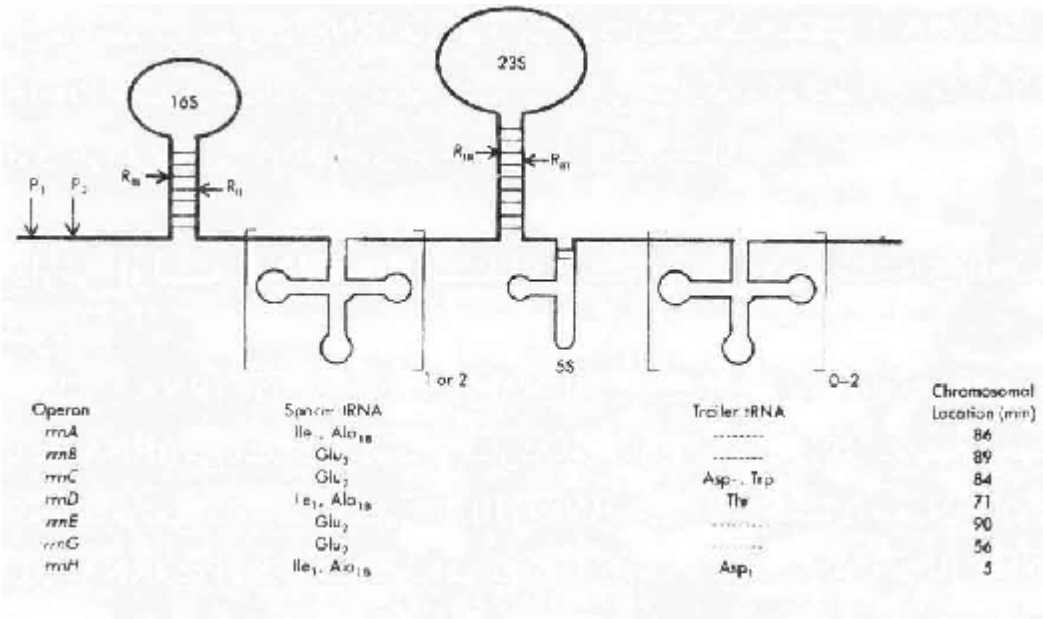
## مولکوهای $Pre-rRNA$ نیز دارای $tRNA$ هستند

معمولاً تنها یک یا دو قسمت از کروموزوم کلی باسیل هر یک از 30 تا 40 نوع مولکول $Pre-tRNA$ را کد می‌نماید در حالیکه زنجیره های $Pre-rRNA$ توسط هفت دسته ژن مختلف که بنام اپرونهای $rrn$ خوانده می شوند و در قسمتهای جداگانه ای از کروموزوم کلی باسیل قرار گرفته اند کد می شوند. ظاهراً تعداد زیادی از ژنهای فوق برای تهیه $RNA$ های ریبوزومی فراوان جهت رشد سریع باکتری لازم است. قسمتهایی از مولکول $Pre-rRNA$ که $RNA$ های ریبوزومی بالغ $S$ 16، $S$ 23 و $S$ 5 را می سازند در اپرونهای مختلف $rrn$ تا حد زیادی به یکدیگر شباهت دارند و تنها حدود یک درصد نوکلئوتیدهای آنها با هم فرق می‌کند، در حالی که نواحی که در آن توالیهای رهبر، دمی و فیمابینی وجود دارد در این اپرونها می تواند کاملاً متفاوت باشد.

بیشترین حد تنوع اپرونهای $rrn$ در نواحی فیمابینی و دمی $Pre-tRNA$، با کشف ژنهای $tRNA$ بازسازی شده نشان داده شد. بدین ترتیب معلوم شد که در نواحی فیمابینی موجود بین توالیهایی که $rRNA$ های بالغ $S$ 16 و $S$ 23 را می سازند یک یا دو ژن $tRNA$ و در قطعه دمی که بعد از توالی $RNA$ ریبوزومی $S$ 5 وجود دارد هیچ و یا یک قطعه $tRNA$ دیده می شود ( شکل 1).

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir




شکل 1: هفت اپرون $RNA$ ریبوزومی $(rrn)$ کلی باسیل $K-12$ .$R\ III$ نشان دهنده نواحی پردازش اولیه با $RNase\ III$ می باشند. نواحی فیمابینی که بیرون انداخته می شوند از نظر طول و توالی در اپرونهای مختلف متفاوت می‌باشند. $P2, P1$ نشان دهنده دو جایگاه شروع رونیسی است که با فاصله **100** نوکلئوتید نسبت به یکدیگر قرار گرفته اند. با وجودی که اپرونهای $rrn$ در کروموزوم کلی باسیل پراکنده هستند جهت رونویسی آنها همواره با جهت همانند سازی $DNA$ یکسان است. در بعضی از نژادهای کلی باسیل بجای $rrnH$، اپرون $rrnF$ در ناحیه **74** دقیقه قرار دارد ولی همگی نژادها هفت اپرون $rrn$ دارند.

**وجود $tRNA$ در مولکولهای $Pre-rRNA$ مستلزم پردازش همزمان $RNA$ های ریبوزومی و $tRNA$ های فوق می باشد. در این مورد نیز همان گونه که در مورد $Pre-tRNA$ ها ملاحظه شد، آنزیم $RNase\ P$ در پردازش $tRNA$ های موجود در $Pre-tRNA$ عمل می نماید و سبب ایجاد قطع در انتهای $5'$ $tRNA$ های فوق می شود. اینکه چرا بعضی از $tRNA$ ها در $Pre-tRNA$ جاسازی شده اند هنوز معلوم نشده است ولی همان گونه که انتظار می رفت $tRNA$ های فوق جزء فراوانترین $tRNA$ های موجود در سلول کلی باسیل می‌باشند.**

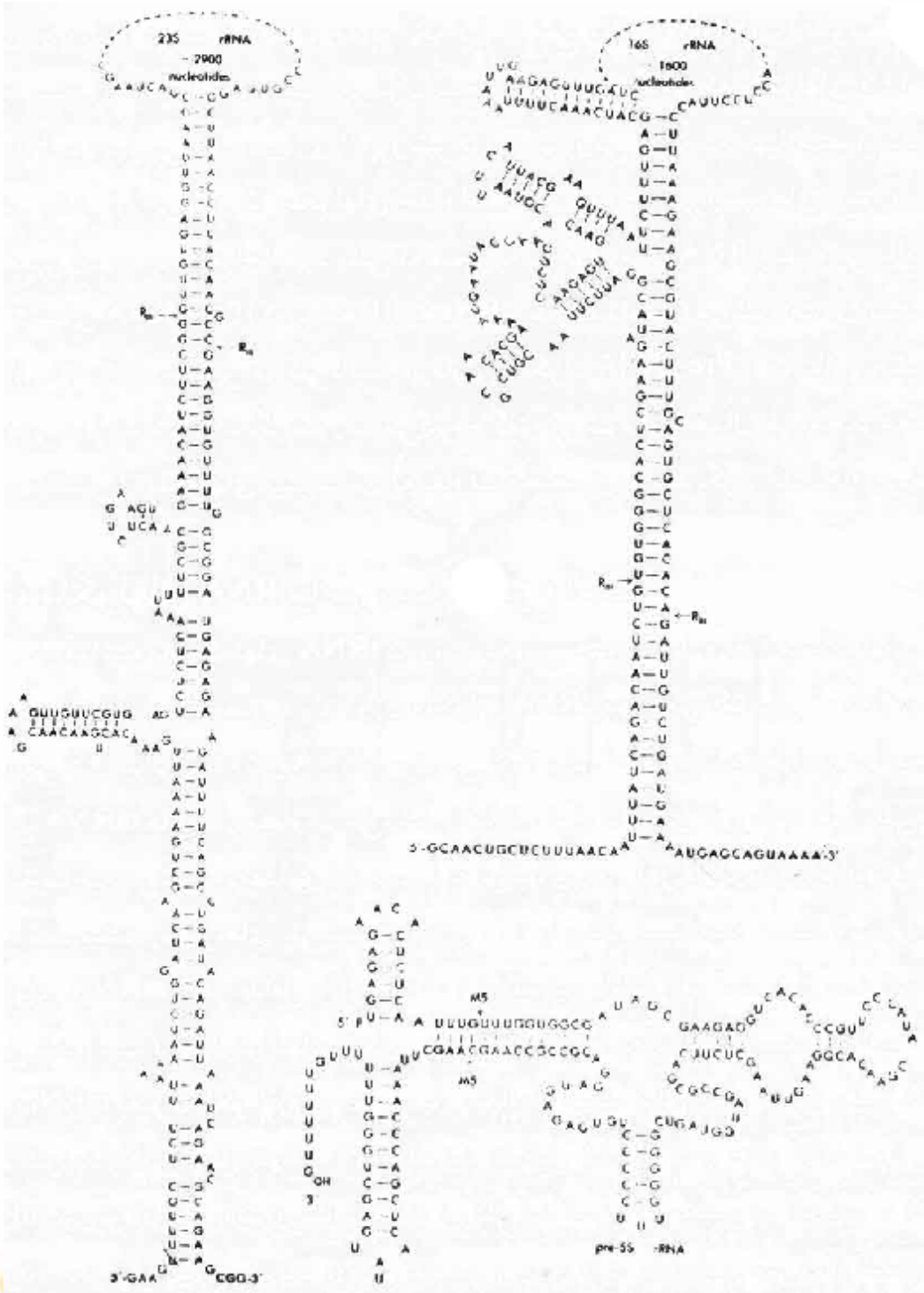
شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir

## پردازش اولیه $Pre-rRNA$ ابتدا در نواحی دو رشته ای انجام می شود.

مولکول $Pre-rRNA$، $S$ **30** که حاوی $RNA$ های ریبوزومی $S$ **16**، $S$ **23** و $S$ **5** ( و نیز یک یا سه $tRNA$) می‌باشد معمولاً عمر بسیار کوتاهی دارد. در بعضی از کلی باسیلهای جهش یافته که فاقد آنزیمی بنام ریبونوکلئاز $III$ $(RNase\ III)$ می‌باشند معمولاً مقدار زیادی از مولکولهای $Pre-tRNA$، $S$ **30** متراکم می‌شوند که نشان دهنده این است که آنزیم $RNase\ III$ نقش مهمی در پردازش $Pre-tRNA$ ایفا می نماید.

ابتدا $RNase\ III$ بعنوان آندونوکلئازی که قادر به قطع $RNA$ دو رشته ای است شناخته شد و پیش بینی می‌شد که با بررسی توالی نواحی رهبر، فیمابینی و دمی در $Pre-rRNA$ توالیهای مکمل مجاوری کشف شوند که در اثر تاخوردگی بر روی یکدیگر حلقه های سنجاق‌سری بزرگی بوجود می آورند که توسط $RNaseIII$ بریده و حذف می شوند. ولی برخلاف انتظار ملاحظه شد که توالیهای مکمل در $Pre-rRNA$ در کنار یکدیگر نبوده بلکه هزاران نوکلئوتید از یکدیگر فاصله دارند (ر.ک. به شکل 1 ). بعنوان مثال توالی رهبر قبل از ناحیه کد کننده $S$ **16** با توالیهایی که بین $S$ **16** و اولین $tRNA$ وجود دارند، جفت می‌شود همچنین توالی بین آخرین $tRNA$ و ابتدای $S$ **23** با توالی بین $S$ **23** و $RNA$ ریبوزومی $S$ **5** مکمل یکدیگر می‌باشند. بدین ترتیب نواحی مکمل در مولکول $Pre-rRNA$ با کنار هم قرار گرفتن ساختمان ساقه ای بوجود می آورند که هر یک حلقه بسیار بزرگی را تشکیل می دهد که در یکی $RNA$، $S$ **16** و در دیگری $S$ **23** وجود دارد. در مرحله بعد $RNase\ III$ در جایگاههای معینی از ساقه های فوق برش ایجاد می کند و مولکولهای مجزای $Pre-16$, $Pre-23S$ بوجود می‌آیند (شکل 2 ).

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir




شکل2 : توالیهای اطراف جایگاههایی که $Pre-rRNA$ توسط $RNase\ III\ (RIII)$ کلی‌باسیل یا $RNase-M5\ (M5)$ باسیلوس سوبتیلیس بریده می شود. $RNase\ III$ دو رشته $RNA$ مقابل را که کاملاً یا در حد کامل بصورت مارپیچ در آمده اند را با فاصله دو باز برش می دهد. آنزیمهای دیگر انتهاهای بریده شده را تغییر می‌دهند تا توالیهای بالغ $S$ 16 و $S$ 23 بوجود آید.

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir

$RNase-M\ 5$ در مولکول پیش ساز $RNA$ ، $5S$ باسیلوس سوبتیلیس که بصورت مارپیچ است یک برش در هر رشته مقابل به فاصله یک جفت باز ایجاد می‌کند و بدین ترتیب انتهاهای $3',5'$ $RNA$ ریبوزومی $5\ S$ بالغ را بوجود می‌آورد. برای آنکه آنزیم بتواند عمل نماید باید پروتئین هایی قبلاً به پیش ساز فوق متصل شده باشند.

**با وجودی که مولکول $Pre-rRNA$، $30\ S$ دارای جایگاههای تشخیص توسط $RNaseIII$ است ولی مراحل بعدی پردازش $RNA$ ریبوزومی ربطی به چنین جایگاههایی ندارند. همان‌گونه که قبلاً گفته شد بزودی پس از شروع رونویسی $Pre-rRNA$، پروتئین های ریبوزومی بر روی آن مونتاژ می‌شوند و با توجه به آنکه قبل از قطع مولکول $Pre-rRNA$ توسط $RNaseIII$ باید سنتز آن تکمیل شده باشد، می‌توان نتیجه گرفت که هنگامی که مولکولهای $Pre-16S$ و $Pre-23S$ بوجود می آیند، بسیاری از پروتئین های ریبوزومی قبلاً به آنها متصل شده‌اند. پردازش بیشتر نواحی $5',3'$ مولکولهای حد واسط فوق به وجود پروتئین‌های ریبوزومی نیاز دارد. همین امر در مورد مراحل پردازشی که منجر به بوجود آمدن $RNA$ ریبوزومی بالغ $5S$ از قطعه $3'$ انتهای $Pre-rRNA$ ( که توسط $RNase\ III$ بریده شده است) می‌شود صادق است (ر.ک. به شکل2). بنابراین در کلی باسیل پردازش مولکول $Pre-rRNA$ و مونتاژ پروتئین های ریبوزومی در ارتباط با یکدیگر صورت می‌گیرد و گفته می‌شود این اعمال طی مجموعه متوالی چندین واکنش از مولکولهای پیش سازی که تفاوت مختصری با یکدیگر دارند انجام می‌شود.**

## اندازه مولکولهای $RNA$ پیامبر بسیار متنوع است.

**در مقایسه با مولکولهای $tRNA$ که وزن مولکولی حدود $2/5\times10^4$ و مولکولهای $RNA$ ریبوزومی که**

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir

اندازه مشخصی دارند (وزن مولکولی $RNA$ ریبوزومی $S$ 5 برابر $4 \times 10^4$ و $RNA$ ریبوزومی $S$ 16 برابر $5\times10^5$ و $RNA$ ریبوزومی $S$ 23 برابر $10^6$ می باشد) طول و در نتیجه وزن مولکولی $mRNA$ها بسیار متفاوت می‌باشد. اختلاف فوق تا حدی مربوط به طول پلی پپتیدی است که ساخته می‌شود و مقداری نیز مربوط به توالیهای رهبر (در انتهای $5'$) و توالیهای انتهایی $3'$ می باشد. بیشتر زنجیره‌های پلی‌پپتیدی دارای 100 یا بیشتر اسید آمینه هستند و بنابراین اکثر مولکولهای $mRNA$ باید حداقل دارای $3 \times 100$ نوکلئوتید باشند ( هر کدون از سه نوکلئوتید تشکیل شده است). طول توالیهای انتهایی $3',5'$ که مربوط به کد کردن اسیدهای آمینه و برای عمل $mRNA$ بعنوان الگو لازم هستند بسیار متفاوت است. برای مثال توالی رهبر $mRNA$ بتاگالاکتوزیداز کلی باسیل تنها از 38 نوکلئوتید تشکیل شده است و حال آنکه توالی رهبر $mRNA$ تریپتوفان این باکتری شامل 162 نوکلئوتید است.همچنین در انتهای $3'$ $mRNA$ تریپتوفان بعد از ناحیه کد کننده، 35 نوکلئوتید وجود دارد. بنابراین می توان گفت که در کلی باسیل $mRNA$ هایی که مربوط به سنتز زنجیره‌های پلی‌پپتیدی متوسط (بطول 300 تا 500 اسید امینه) هستند معمولاً حاوی 1000 تا 2000 نوکلئوتید می‌باشند.

تفاوت بیشتر طول $mRNA$ می‌تواند مربوط به $mRNA$هایی باشد که بیش از یک رشته پلی‌پپتیدی را کد می‌نمایند. این مولکولهای پلی ژنیک علاوه بر توالیهای رهبر و دمی حاوی توالیهای بین ژنی هستند که گاهی طول آنها ممکن است به اندازه طول توالیهای رهبر باشد. محصولات پلی‌پپتیدی اکثر $mRNA$های پلی‌ژنیک در اکثر موارد اعمال مرتبطی انجام می دهند.

بعنوان مثال 5 آنزیم اختصاصی لازم برای سنتز اسید آمینه تریپتوفان توسط یک $mRNA$ واحد ساخته می‌شوند. توالی 6800 نوکلئوتید این مولکول $mRNA$ بزرگ، اخیراً تعیین و مشخص شده است که

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir

**بطور متوسط مجموع طول نواحی کد کننده و ناحیه بین ژنی مجاور مربوط به هر آنـزیم چیـزی حـدود 1400 نوکلئوتید است.**

شبکه رشد – شبکه ملی مدارس ایران
Olympiad.roshd.ir