

رابطه فراوانی RNA ناقل و میزان استفاده از کدون در مولکولهای RNA

پیامبر طبیعی

با توجه به اینکه بعضی از اسیدهای آمینه بیش از یک کدون دارند، آیا کدون‌های مختلف یک اسید آمینه به میزان مساوی مورد استفاده قرار می‌گیرند و یا اینکه بعضی از کدون‌ها بیشتر بکار گرفته می‌شوند؟ برای مثال برای موجوداتی که مولکولهای DNA غنی از $A-T$ دارند انتظار می‌رود که بیشتر نوکلئوتیدهای A,U در جایگاه سوم قرار گیرند. همچنین اگر ردیف بازهای آلی DNA تک رشته‌ای فاز $3X174$ مطالعه شود (درصد نوکلئوتیدها به این شرح است $A=24\%$ درصد، $C=22\%$ درصد، $G=23\%$ درصد و $T=31\%$ درصد) معلوم می‌شود که در جایگاه سوم کدون، U بیش از دیگر بازها دیده می‌شود. حتی در موجوداتی که کثرت بازهای آلی برابر است نحوه استفاده از نوکلئوتیدها در کدون بی‌نظم و اتفاقی نیست. با تعیین ردیف نوکلئوتیدهای بعضی از ژنهای سلول کلی‌بازیل مشخص شده است که بعضی از کدون‌ها بیش از دیگران تکرار می‌شود در حالیکه بعضی از کدونها اصلاً مشاهده نمی‌شوند. در جدول 1 فرکانس کدونها در ژنهای پروتئینهای ریبوزومی کلی‌بازیل بطور خلاصه آمده است.



جدول 1: کاربرد کدون در ژن پروتئینهای ریپوزومی کلی باسیل¹

	U	C	A	G	
جایگاه سوم (انتهای ۳)	U ۱۰ UUU ۲۳ UUC ۱ UUA ۲ UUG	۱۸ UCU ۱۸ UCC ۱ UCA ۱ UCG	۳ UAU ۱۳ UCA UAA UAG	۱ UGU ۶ UGC UGA ۳ UGG	U C A G
جایگاه دوم (انتهای ۵)	۴ CUU ۳ CUC صفر CUA ۷۹ CUG	۳ CCU صفر CCC ۴ CCA ۳۶ CCG	۳ CAU ۱۵ CAC ۹ CAA ۳۳ CAG	۴۸ CGU ۲۶ CGC صفر CGA صفر CGG	U C A G
جایگاه اول (انتهای ۴)	۱۳ AUU ۵۱ AUC صفر AUA ۳۰ AUG	۳۶ ACU ۲۶ ACC ۳ ACA صفر ACG	۳ AAU ۴۲ AAC ۹۰ AAA ۲۴ AAG	۱ AGU ۱۲ AGC ۱ UGA صفر AGG	U C A G
جایگاه اول (انتهای ۴)	۵۴ GUU ۶ GUC ۴۰ GUA ۱۶ GUG	۹۳ GCU ۱۰ GCC ۴۵ GCA ۲۸ GCG	۱۷ GAU ۴۵ GAC ۶۱ GAA ۱۶ GAG	۴۹ GGU ۳۴ GGC صفر GGA صفر GGG	U C A G

1. 1209 کدون شمارش شده است.

در موجودات تکامل یافته نیز نحوه کاربرد کدونها اتفاقی نیست ولی کدونهایی که ترجیحاً در آنها بیشتر

بکار گرفته می شوند همانهایی هستند که برای مثال در کلی باسیل با فرکانس بالا بکار گرفته می شوند (جدول 2).



جدول 2: فراوانی استفاده از کدون‌ها در ژنهای حیوانات¹

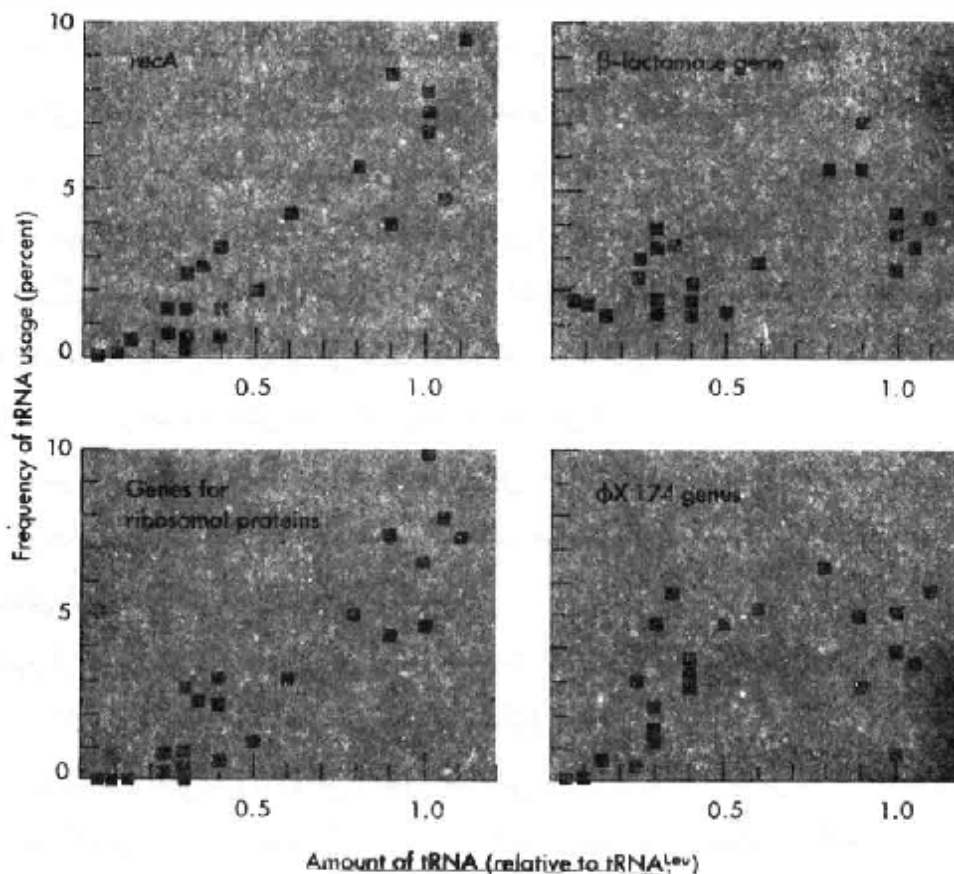
	U	C	A	G	
جایگاه سوم (انتهای 3)	U [۱۳ UUU ۲۸ UUC] فنیل آلانین [۲ UUA ۹ UUG] لوسین	U [۱۶ UCU ۱۸ UCC] سرین [۹ UCA ۲ UCG]	U [۱۰ UAU ۲۳ UAC] تیروزین [UAA UAG] خاتمه خاتمه	U [۱۰ UGU ۱۳ UGC] سیستین [UGA ۱۲ UGG] خاتمه تریپتوفان	U C A G
	C [۹ CUU ۲۷ CUC] لوسین [۷ CUA ۴۷ CUG]	C [۱۴ CCU ۱۷ CCC] پرولین [۱۰ CCA ۵ CCG]	C [۱۰ CAU ۲۱ CAC] هیستیدین [۱۰ CAA ۲۸ CAG] گلوتامین	C [۸ CGU ۱۱ CGC] آرژینین [۴ CGA ۵ CGG]	U C A G
	A [۱۱ AUU ۱۴ AUC] ایزولوسین [۴ AUA ۱۶ AUG] متیونین	A [۱۵ ACU ۲۸ ACC] ترونین [۱۱ ACA ۶ ACG]	A [۸ AAU ۲۸ AAC] اسپارازین [۱۹ AAA ۴۹ AAG] لیزین	A [۱۲ AGU ۲۱ AGC] سرین [۸ UGA ۱۰ AGG] آرژینین	U C A G
	G [۹ GUU ۲۱ GUC] والین [۵ GUA ۳۳ GUG]	G [۲۸ GCU ۲۸ GCC] آلانین [۱۴ GCA ۶ GCG]	G [۱۶ GAU ۲۴ GAC] اسیداسپارتیک [۲۱ GAA ۳۴ GAG] اسیدگلوتامیک	G [۲۲ GGU ۳۲ GGC] گلیسین [۱۶ GGA ۱۱ GGG]	U C A G

1- 2244 کدون شمارش شده است.

مطالعات دقیق نشان داده است که میزان فراوانی کدونهای موجود در mRNA کلی باسبیل نسبت مستقیم

با فراوانی انواع tRNA مربوط به آنها دارد (شکل 1).





شکل 1: ارتباط بین میزان $tRNA$ و کاربرد آن در ژن‌های کلی‌بازیل: 26 نوع $tRNA$ کلی‌بازیل در مقابل $tRNA^{leu}$ که

با شماره یک نشان داده شده است، قرار دادیم. برحسب ردیف آنتی‌کدون $tRNA$ ‌های شناخته شده فرکانس کدونهایی که در مقابلشان قرار می‌گیرند در چند ژن ($recA$ - بتا - لاکتاماز) و یا مجموعه ژنی (مثل $\phi Q174$ و پروتئین‌های ریبوزومی) محاسبه شده است. توجه کنید که در مقابل $tRNA$ ‌های با غلظت بالا، کدون‌هایی که در ژنهای کثیرالبیان قرار دارند، وجود دارند. اگر همه $tRNA$ ‌ها به میزان مساوی بکار گرفته می‌شدند، یک خط افقی نسبت به محور X دیده می‌شد.

حالت فوق مخصوصاً برای پروتئینهایی که به مقدار زیاد ساخته می‌شوند صدق می‌کند (مانند پروتئین $RecA$ و پروتئینهای ریبوزومی). چنین $mRNA$ ‌هایی دارای کدون‌هایی هستند که بوسیله $tRNA$ ‌های فراوانتر خوانده می‌شوند و فاقد کدون‌هایی می‌باشند که در مقابل آن مولکول $tRNA$ فرعی (نادر) قرار می‌گیرد. چنین ارتباطی البته به نسبت کمتری، در مورد پروتئینهای دیگر کلی‌بازیل مانند آنهایی که ترانسپوزونها و ژنوم فاژ را

کد می‌کنند صادق است. همچنین در سلولهای تکامل یافته تر $tRNA$ های مشابه اصلی همیشه با فرکانس بیشتری بکار گرفته می‌شوند.

برای مثال برای ایزوآنزیم I الکل دزهیدروژناز و گلیسرآلدئید فسفات دزهیدروژناز مخمر، نود و شش درصد از اسیدهای آمینه بوسیله 25 کدون بیان می‌شوند و مولکول $tRNA$ مربوط به آنها نیز به وفور یافت می‌شوند. بنابراین در ژن‌هایی که میزان بیان بالائی دارند، انتخاب کدون بستگی بحضور $tRNA$ مربوطه دارد و انتخاب اصلح در جهت افزایش سرعت روند ترجمه ژن است. بعبارت دیگر می‌توان گفت که کدون‌هایی که در مقابلشان $tRNA$ های فرعی قرار می‌گیرند، موجب کاهش سرعت روند ترجمه می‌شوند.

حتی اگر یک $tRNA$ بخاطر پدیده وابل بتواند چند کدون را بخواند، یکی از کدونها بر دیگران ارجعیت دارد. مطالعه چگونگی انتخاب مناسب یک کدون نکات جالبی را در مورد واکنشهای کدون - آنتی کدون بیان می‌کند:

- بعضی از تغییرات ثانویه بر روی U در قسمت 5 (وابل) آنتی کدون موجب می‌شود A بهتر از G در جایگاه سوم کدون، ساختمان مکمل تشکیل دهد.

- I در جایگاه 5' آنتی کدون (وابل) بطور انتخابی به U و یا C و کمتر به A متصل می‌شود.

- اگر جایگاه اول و دوم اتصال کدون - آنتی کدون بصورت جفت‌های AU باشند اتصال جایگاه سوم

از نوع جفت GC بوده و از نوع AU نیست. بعبارت دیگر اتصالات پایدارتر در مورد واکنش

کدون با آنتی کدون ترجیح داده می‌شود.

با توجه به قوانین فوق و کثرت نسبی گونه‌های مختلف $tRNA$ ، پیشگویی در مورد کدون‌هایی که بیشتر در

RNA پیامبر مورد استفاده قرار می‌گیرند امکان پذیر است.

شبکه رشد - شبکه ملی مدارس ایران



Olympiad.roshd.ir