

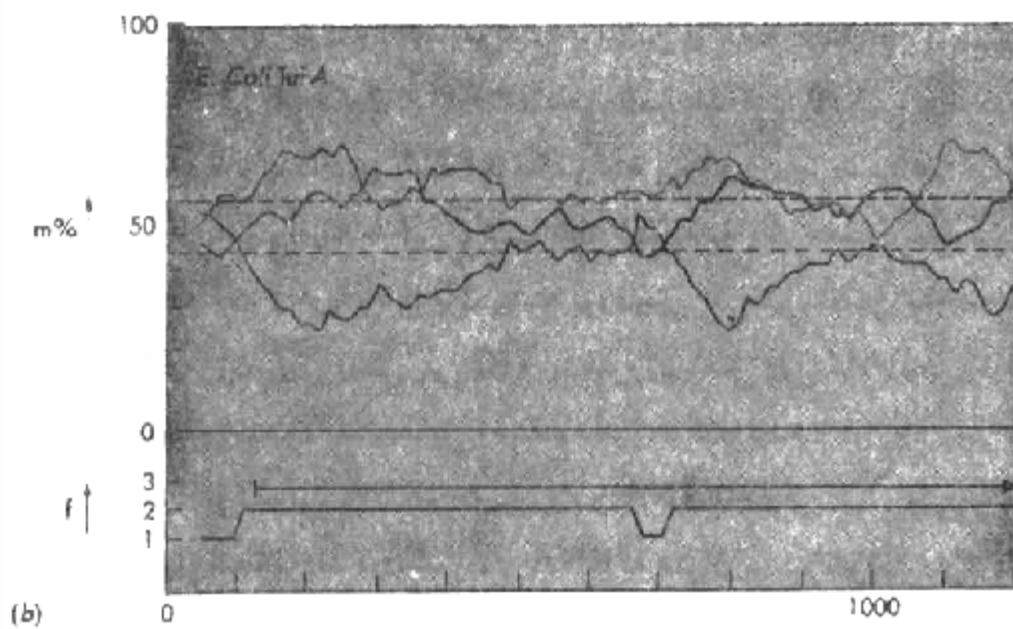
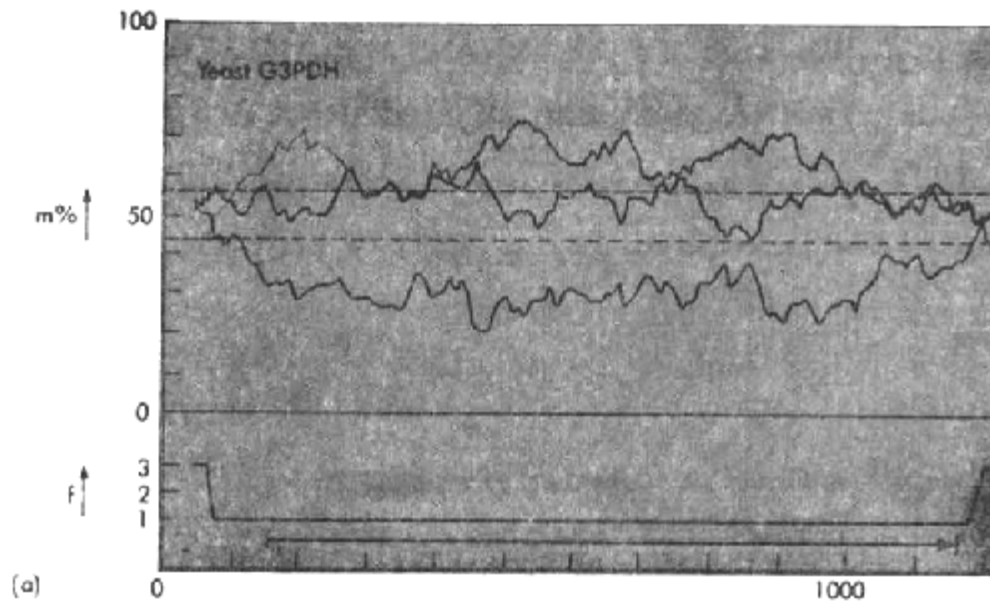
تکامل رمزها

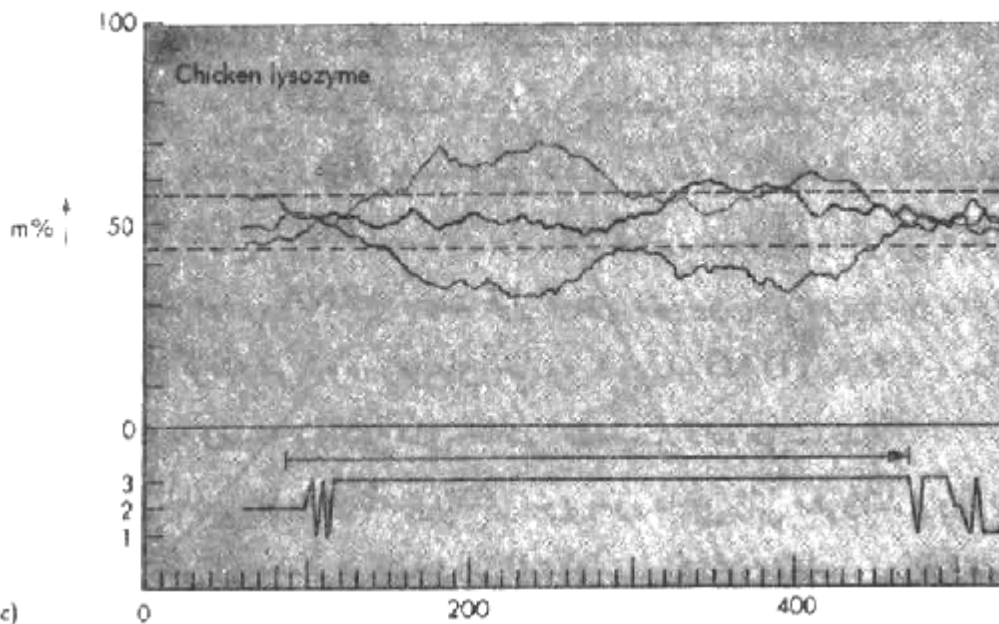
از زمانی که ساختمان رمز هر یک از اسیدهای آمینه مشخص شده است روند تکاملی این رمزها مورد سوال بوده است. چگونه 20 اسید آمینه رمزهای خود را پیدا کرده‌اند؟ احتمالاً زمانی که اولین جفت‌های کدون و آنتی‌کدون (بدوی) بوجود آمدند شکل‌گیری رمزهای اسیدهای آمینه آغاز شد. این سیستم بتدریج روند تکاملی خویش را طی کرد و بصورت کامل درآمد.

مطالعه ردیف *DNA* از ژنوم جانداران مختلف چگونگی روند تکاملی رمزها را نشان می‌دهد. آنچه که مسلم است جایگاه ثابت پورین‌ها و پیریمیدین‌ها در رمزهای پروتئین است. برای مثال رمز *RNY* شایع‌ترین نوع رمز در میان اسیدهای آمینه است (که *R* یک پورین *Y* یک پیریمیدین و *N* می‌تواند هر یک از این دو باشد). و بنظر می‌رسد که کلیه رمزهای اولیه نیز این حالت داشته‌اند. در شکل اولیه رمز *RNY* ممکن بود که فقط یک حالت را به خود بگیرد و یکی از سه قاب احتمالی را اختیار کند و فقط یکی از رمزهای شروع یک ژن مورد استفاده قرار گیرد.

برای مثال در میان هشت اسید آمینه‌ای که امروزه از رمز *RNY* استفاده می‌کنند (گلیسین، ایزولوسین، ترئونین، آسپاراژین، سرین، والین، آلانین و اسپارتیک اسید) احتمالاً رمزهای موجود در دوره تکاملی قبل از حیات نیز وجود داشته است که در فسیل‌ها مشاهده شده است.

اگر امروزه ما در یک ژنوم بدنبال توالیهای تکرار شده *RNY* باشیم قسمت‌های کد شده و وسعت آنها را پیدا خواهیم کرد. همانطور که در شکل 1 دیده می‌شود.





شکل 1: جستجو برای یافتن پیام RNY در توالیهای DNA حاوی سه ژن. درجه موتاسیون ($m\%$) در تکرار

پذیری RNY، در مقابل عدد توالی بازی در سه قاب خواندن مختلف رسم شده است. قاب خواندن f که به بهترین نحوی با پیام

RNY هماهنگ است (حداقل $m\%$ را داراست) بصورت رنگی نشان داده شده است. در هر یک از سه مورد فوق قاب و طول

ناحیه کد کننده نشان داده شده است. ژن لیزوزیم جوجه در ابتدای خود بطور بدی جهش یافته است در حالیکه ژن *TufA*

کلی باسیل (یکی از دو ژن *Ef-Tu* در وسط خود دارای ناحیه کوچکی است که بنظر می رسد در آنجا تغییر قاب خواندن صورت

گرفته باشد.

ژن هایی که توانایی بیان خود را حفظ کرده اند، در حقیقت قادر بوده اند که ردیف RNY خود را دست

نخورده نگهدارند (مانند آنزیم گلیسر آلدئید -3- فسفات دز هیدروژناز مخمر). در بعضی از ژنها

ردیف های RNY هنوز هم قابل تشخیص است اما ظاهراً در آنها موتاسیون رخ داده است (مثل آنزیم لیزوزیم

مرغ) و یا اینکه در اثر موتاسیون های از نوع حذف و یا اضافه از یک ناحیه ژن به ناحیه دیگر تغییر یافته اند

(مثل ژن *TufA* سلول کلی باسیل). ژنهای نهفته باکتریوفاژ از همه جالب تر هستند، چرا که ردیف آنها در ژن

اصلی انتقال یافته (ژن نهفته هنوز بصورت *RNY* خوانده می‌شود) و یا اینکه در مرحله ترجمه آنها بصورت قابهای *NYR* خوانده شده پروتئین‌هایی می‌سازند که درصد بسیار زیادی از اسیدهای آمینه غیر قطبی دارند. در *RNY* ریبوزومی 16S و یا 23S سلول کلی‌بسیل بدنبال قابهای تکرار شونده *RNY* نظم خاصی پیدا نمی‌شود چونکه یا آنها اصلاً فاقد ردیف‌های فوق بوده‌اند و یا اینکه با وجود موتاسیون‌های پیاپی نظم ظاهری ردیف‌های *RNY* بهم خورده است.

چرا قاب‌های *RNY* در مقاطع اولیه تکاملی ابداع شد و چه اهمیتی در انتخاب این نوع قاب نقش داشته است؟ ردیف‌های *RNY* می‌توانند در خود ساختمان مکمل تولید کنند. در ضمن نظم *RNY* را در مولکول‌های اولیه *tRNA* نیز می‌توان یافت. حداقل این توجیه را می‌توان کرد که مولکول‌های اولیه *tRNA* نقش دو گانه داشته و بجای *mRNA* نیز عمل می‌کرده‌اند بنابراین نظم ظاهری قاب‌های *RNY* در هر دو مولکول مشهور بوده است. اگر شرایط فوق مصداق داشته باشد بیان ژن قبل از پیدایش ریبوزوم توسط یک دسته از مولکول‌های *RNA* انجام می‌گرفته است.

