

4. Ekspresja informacji genetycznej

Informacja genetyczna to informacja o sekwencji aminokwasów w białkach danego organizmu, a pośrednio też o jego cechach. Nośnikiem informacji genetycznej są cząsteczki kwasów nukleinowych.

Sposób zapisu (zaszyfrowania) informacji genetycznej nazywamy **kodem genetycznym**, a ujawnianie się zaszyfrowanych treści – **ekspresją informacji genetycznej**, co na poziomie molekularnym oznacza syntezę białek o określonej sekwencji aminokwasów, a na poziomie organizmowym – ujawnianie się konkretnych cech.

4.1. Transkrypcja

Transkrypcja jest pierwszym etapem ekspresji informacji genetycznej i oznacza przepisanie tej informacji z DNA na RNA.

Istotą procesu jest synteza cząsteczki RNA komplementarnej do fragmentu jednej z dwóch nici DNA. Substratami do syntezy RNA są **trifosforany nukleozydów** (patrz roz. 1), a enzymami katalizującymi ten proces – **polimerazy RNA**.

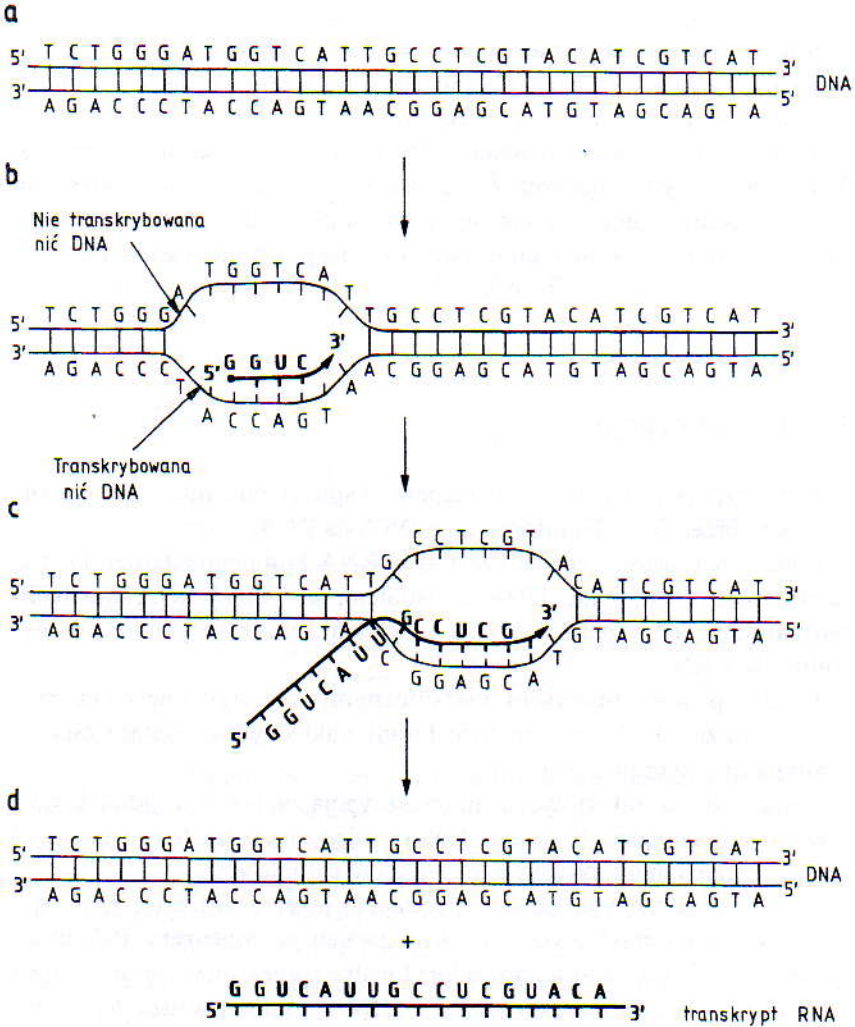
Transkrypcja jest **procesem anabolicznym**, przy czym energii niezbędnej do jego zajścia dostarczają trifosforany nukleozydów, będące zarazem substratami w tym procesie.

U organizmów eukariotycznych transkrypcja zachodzi w jądrze komórkowym, mitochondriach i płastydach (a więc organellach zawierających DNA), u organizmów prokariotycznych – w cytoplazmie.

Transkrypcja zaczyna się od rozpoznania przez polimerazę RNA specjalnej sekwencji nukleotydów w DNA zwanej **promotorem**. Polimeraza przyłącza się do promotora i powoduje lokalne rozerwanie wiązań wodorowych między komplementarnymi niemi DNA, co doprowadza do ich rozdzielania na pewnym odcinku. Następnie polimeraza RNA przesuwa się wzdłuż jednej z dwóch rozdzielonych nici DNA (tzw. **nici matrycowej**)

i odczytując kolejne zasady azotowe syntetyzuje komplementarną do niej nić RNA. Druga nić DNA nie jest transkrybowana (rys. 4.1).

Odczytując kolejne zasady azotowe nici matrycowej, polimeraza RNA do syntezy nowego łańcucha polinukleotydu wykorzystuje trifosforany nukleozydów zawierające zasady komplementarne do odczytywanych.



Rys. 4.1. Schemat przebiegu transkrypcji

Tak więc: gdy polimeraza RNA odczytuje cytozynę na nici matrycowej – wykorzystuje **GTP**, gdy odczytuje tyminę – **ATP**, gdy odczytuje adeninę – **UTP**, gdy odczytuje guaninę – **CTP**. W ten sposób syntetyzowana nić RNA wydłuża się, przy czym przed wbudowaniem do niej, każda cząsteczka trifosforanu nukleozydu ulega defosforylacji polegającej na odłączeniu dwóch reszt kwasu fosforowego (patrz roz. 1). Uwalniana podczas defosforylacji trifosforanów energia pokrywa koszty energetyczne syntezy RNA.

Polimeraza RNA przesuwa się po odczytywanej nici DNA tylko w jednym kierunku: 3'–5'. Synteza nici RNA odbywa się w kierunku przeciwnym: 5'–3', stąd też powstająca nić jest zawsze antyrównoległa do matrycy, jej pierwszym nukleotydem jest nukleotyd na końcu 5', a ostatnim – nukleotyd na końcu 3' (rys. 4.1).

Transkrypcja kończy się, gdy polimeraza RNA natrafi na specjalną sekwencję nukleotydów w DNA (tzw. **sekwencję terminalną**). Następuje wtedy oddzielenie polimerazy od DNA, odłączenie się gotowej cząsteczki RNA, będącej właściwym produktem procesu (tzw. **transkryptem**) oraz ponowne wytworzenie wiązań wodorowych pomiędzy rozdzielonymi na czas transkrypcji niemi DNA.

Transkrypty są jednoniciowe, przy czym w obrębie jednej nici RNA mogą występować odcinki o sekwencjach komplementarnych (patrz roz. 1). Na tych odcinkach pomiędzy nukleotydami wytwarzają się wiązania wodorowe, a jednoniciowe cząsteczki lokalnie przyjmują strukturę dwuniciową przypominającą podwójny heliks DNA. Pomiedzy odcinkami dwuniciowymi tworzą się różnej długości pętle złożone z fragmentów niekomplementarnych. Tak więc mimo jednoniciowej budowy cząsteczek, struktura przestrzenna RNA jest zróżnicowana.

W procesie transkrypcji powstają trzy rodzaje RNA: **matrycowy** (w skrócie **mRNA**), **rybosomowy** (w skrócie **rRNA**) i **transportujący** (w skrócie **tRNA**). Wszystkie one biorą udział w kolejnym etapie ekspresji informacji genetycznej – **translacji**, jednak na skutek pewnych różnic w budowie, wielkości i strukturze przestrzennej każdy z nich pełni w tym procesie nieco inną rolę.

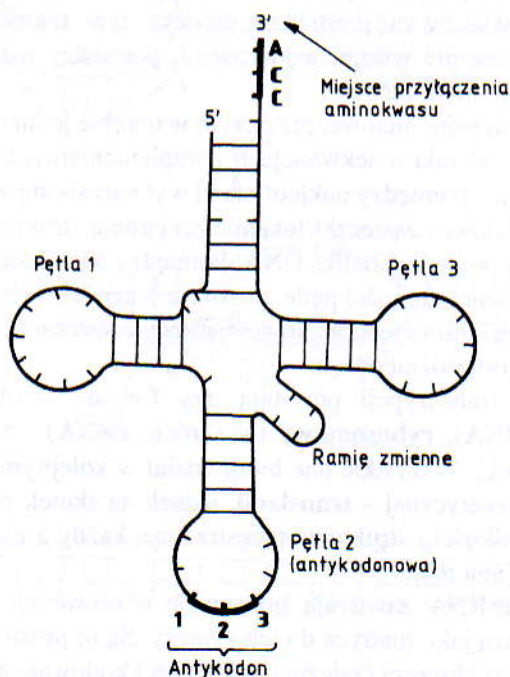
Cząsteczki mRNA zawierają informację o sekwencji aminokwasów w białkach i służą jako matryca do ich syntezy. Są to proste, jednoniciowe łańcuchy o różnej długości (zależnej od długości kodowanego łańcucha polipeptydowego), bardzo nietrwałe i szybko ulegające degradacji.

Cząsteczki rRNA to różnej długości łańcuchy (zawierające od 100 do 4000 nukleotydów) o skomplikowanej strukturze przestrzennej. Wchodzą

one w skład rybosomów i uczestniczą wraz z białkami rybosomalnymi w odczytywaniu informacji genetycznej zapisanej w cząsteczkach mRNA.

Cząsteczki tRNA to bardzo krótkie łańcuchy (zbudowane z około 80 nukleotydów), o skomplikowanej strukturze przestrzennej. Na schemacie dwuwymiarowym „rozpłaszczona” cząsteczka tRNA przypomina liść koniczyny, gdyż posiada cztery ramiona o lokalnie dwuniciowej strukturze, przy czym trzy z nich zakończone są pętlami niesparowanych nukleotydów (rys. 4.2). Najważniejszą pętlą jest pętla antykodonowa, na której mieści się trójka nukleotydów zwana **antykodeonem**. Koniec 3' cząsteczki tRNA, gdzie znajduje się stała **sekwencja CCA**, jest miejscem, w którym tRNA łączy się z aminokwasem.

Cząsteczki tRNA pełnią funkcję transportową podczas translacji: łączą się z aminokwasami i dostarczają je do rybosomów, w których zachodzi synteza łańcuchów polipeptydowych.



Rys. 4.2. Schemat budowy cząsteczki tRNA. 1,2,3 – kolejne nukleotydy antykodonu. Wytluszczony został antykonon i stała sekwencja CCA na końcu 3', gdzie przyłącza się aminokwas.