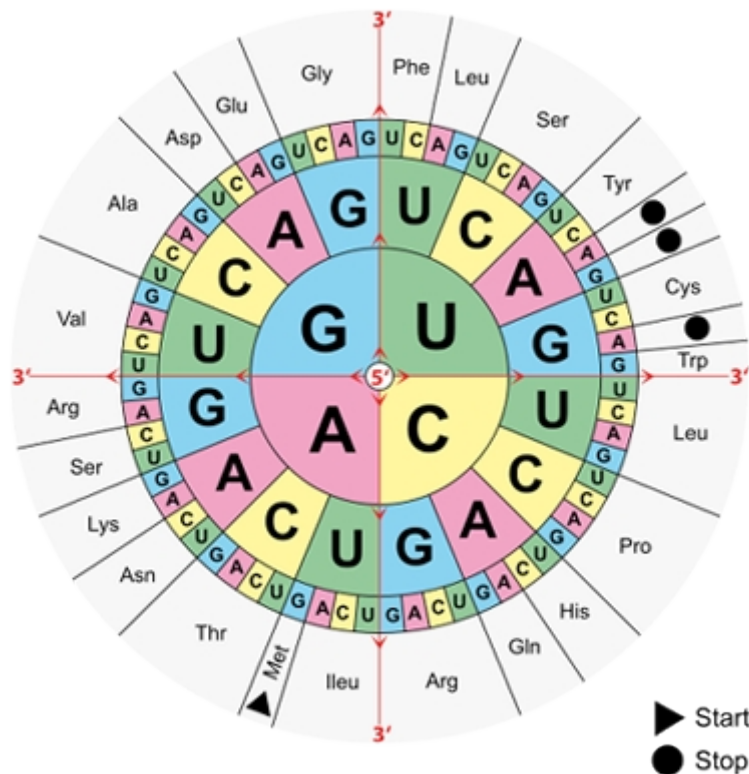


kod genetyczny



Cząsteczka DNA jest nośnikiem informacji genetycznej, niezbędnej do reprodukcji organizmu.

Odczytywanie tej informacji z wykorzystaniem w syntezie białek nazywamy ekspresją genów. W procesie tym informacja zawarta w DNA zostaje przepisana na RNA, które następnie kieruje syntezą białka.

Sekwencja zasad na kodującej nici DNA w kierunku $5' \rightarrow 3'$, określa kolejność aminokwasów polipeptydu (kierunek od aminowego do karboksylowego).

Nie ma tu miejsca na żaden bałagan, czy przypadkowość. Sposób, w jaki sekwencja zasad kwasu nukleinowego zostanie przekształcona w sekwencję aminokwasów podczas biosyntezy białek jest ściśle określony, narzucony i opisany przy pomocy kodu genetycznego, posługującego się kodonami. Kodon z kolei jest to układ trzech zasad tworzących jednostkę (kodon), będącą składową sekwencji DNA genu.

Ponieważ cztery zasady w DNA mogą utworzyć 64 kodony (43) określające 20 aminokwasów występujących w białkach, a zatem liczba kodonów jest większa od liczby białkowych aminokwasów, są więc one kodowane przez więcej niż jeden kodon, co nazywamy degeneracją. Wyjątek tutaj stanowią metionina i tryptofan - kodowane jednym kodonem.

Kodony "obsługujące" te same aminokwasy są podobne (różnią się głównie w trzeciej pozycji - pozycja tolerancji) i nazywane są synonimami, np. kodujące treoninę ACU, ACC, ACA i ACG.

Chociaż degeneracja kojarzy nam się nie koniecznie pozytywnie, to w przypadku kodu genetycznego minimalizuje ona efekty mutacji i ich wpływ na funkcje białek.

Do kodowania aminokwasów wykorzystywane są 61 (spośród 64) kodony. Pozostałe trzy (UAG, UGA, UAA) nie kodują, lecz stanowią sygnał zakończenia translacji i są określane jako kodony terminacyjne lub kodony stop.(co nieco przypomina nadawanie telegramu)

Słusznie ktoś spyta w tym momencie, czy jeśli posiadamy kodony stop, to mamy również kodony start? I owszem.

Kodonem start (lub inaczej inicjującym), który dla wszystkich białek jest sygnałem startu translacji jest kodon metioninowy AUG.

Kodon inicjujący spełnia kilka funkcji: rozpoczyna wszystkie polipeptydy, jak również określa ramkę odczytu RNA.

Z każdej sekwencji RNA można odczytać trzy zestawy kodonów, z czego tylko jedna ramka odczytu zawiera właściwe informacje. Dwie pozostałe zawierają najczęściej kilka kodów stop, co wyklucza możliwość wykorzystania ich w kierowaniu syntezą białka.

Kodony składając się obok siebie tworzą zestawy. Taki wielokodonowy zestaw, zaczynający się kodonem inicjującym i zakończony kodonem terminacyjnym (niczym wieloetapowa trasa ze startem i metą) jest określany jako ORF, czyli Otwarta Ramka Odczytu. ORF wykorzystuje się do identyfikacji sekwencji DNA kodujących białko.

Wiadomo jest, że (choć rzadko spotykane) istnieją różne warianty kodu. Przykładem mogą być tu mitochondria, które zawierają mały genom DRN (ok. 20 genów ze zmianami w stosunku do kodu uniwersalnego). Zmiany dotyczą najczęściej kodonów start i stop. np. UGA (stop) w mitochondriach koduje tryptofan, a zamiast niego funkcję kodonu terminacyjnego przejęły AGA i AGG (normalnie kodujące argininę).

pierwsza pozycja (koniec 5')	pozycja druga	pozycja trzecia (koniec 3')
---------------------------------	---------------	--------------------------------

	U		C		A		G		
U	Phe	UUU	Ser	UCU	Tyr	UAU	Cys	UGU	U
	Phe	UUC	Ser	UCC	Tyr	UAC	Cys	UGC	C
	Leu	UUA	Ser	UCA	Stop	UAA	Stop	UGA	A
	Leu	UUG	Ser	UCG	Stop	UAG	Trp	UGG	G
C	Leu	CUU	Pro	CCU	His	CAU	Arg	AGU	U
	Leu	CUC	Pro	CCC	His	CAC	Arg	AGC	C
	Leu	CUA	Pro	CCA	Gln	CAA	Arg	AGA	A
	Leu	CUG	Pro	CCG	Gln	CAG	Arg	AGG	G
A	Ile	AUU	Thr	ACU	Asn	AAU	Ser	AGU	U
	Ile	AUC	Thr	ACC	Asn	AAC	Ser	AGC	C
	Ile	AUA	Thr	ACA	Lys	AAA	Arg	AGA	A
	Met	AUG	Thr	ACG	Lys	AAG	Arg	AGG	G
G	Val	GUU	Ala	GCU	Asp	GAU	Gly	GGU	U
	Val	GUC	Ala	GCC	Asp	GAC	Gly	GGC	C
	Val	GUA	Ala	GCA	Glu	GAA	Gly	GGA	A
	Val	GUG	Ala	GCG	Glu	GAG	Gly	GGG	G