**Για την τριαδικότητα του Γενετικού Κώδικα**

**Ερώτηση**:

Πώς αποδεικνύεται ότι δεν μπορεί ένα αμινοξύ να κωδικοποιείται από τέσσερεις ή περισσότερες βάσεις, και επομένως είναι τριαδικός ο κώδικας;  
Γνωρίζουμε ότι αν κωδικοποιούταν ένα αμινοξύ από μία βάση αποκλείεται γιατί θα κωδικοποιούνταν 4 αμινοξέα, από δύο βάσεις ομοίως αποκλείεται γιατι θα ήταν 16, από τρείς βάσεις 64, φτάνουν. Όμως γιατί να μην κωδικοποιείται από τέσσερις βάσεις; δηλαδή 256 πιθανότητες>20. Επομένως γιατί να μην ειναι δεκτό και αυτό; (και ομοίως από 5,6... κ.ο.κ)

**Απάντηση**:

Η απάντηση βρίσκεται **εμμέσως**στο βιβλίο (σελ. 91):

«Ένας άλλος σημαντικός τύπος γονιδιακών μεταλλάξεων περιλαμβάνει προσθήκη ή έλλειψη βάσεων (Εικόνα 6.2). Αλλαγές στον αριθμό των βάσεων έχουν ως αποτέλεσμα την εμφάνιση μεταλλαγμένων φαινοτύπων. Η **προσθήκη ή η έλλειψη διαδοχικών βάσεων** σε οποιοδήποτε αριθμό πολλαπλάσιο του τρία δημιουργεί, αντίστοιχα, προσθήκη ή έλλειψη ενός ή περισσότερων αμινοξέων στην πολυπεπτιδική αλυσίδα, που μπορεί να αλλάζει τη λειτουργικότητά της. Αν όμως ο αριθμός των βάσεων είναι διαφορετικός του τρία ή πολλαπλασίων του, τότε η αλληλουχία των αμινοξέων δεν εμφανίζει πλέον πολλές ομοιότητες με την αρχική»

Η απόδειξη για την τριαδικότητα του γενετικού κώδικά ήταν **πειραματική**(Crick F. et al, 1961) και βασίστηκε ακριβώς στο παραπάνω γεγονός, δηλαδή της αλλαγής ή όχι  του πλαισίου ανάγνωσης του mRNA μετά από προσθήκη ή αφαίρεση 1 ή 2 ή 3 ή 4 νουκλεοτιδίων.

Πλαίσιο ανάγνωσης είναι ο τρόπος που χωρίζονται και διαβάζονται τα κωδικόνια του mRNA (ανοιχτό πλαίσιο: όλα τα κωδικόνια, κλειστό πλαίσιο: τα κωδικόνια πλην του κωδικονίου λήξης)

(Μπορείτε να διαβάσετε σχετικά στο παρακάτω link:

<http://www.nature.com/scitable/topicpage/reading-the-genetic-code-1042>)

Σχετική επίσης είναι και η άσκηση 2, σελ. 102, μεταλλαγμένες πρωτεΐνες Β και Δ

2. Η αλληλουχία αμινοξέων: Glu-Cys-Met-Phe-Trp-Asp αποτελεί τμήμα μίας φυσιολογικής πρωτεΐνης. Προσδιορίστε τον τύπο μετάλλαξης, ο οποίος έχει ως αποτέλεσμα την αλλαγή της αλληλουχίας ή του αριθμού των αμινοξέων σε κάθε μία από τις παρακάτω μεταλλαγμένες πρωτείνες. (Συμβουλευτείτε τον πίνακα με το γενετικό κώδικα).

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| Φυσιολογική πρωτεΐνη |  | Glu - Cys - Met - Phe - Trp - Asp |
| Μεταλλαγμένη πρωτεΐνη | Α | Glu - Cys - Ile - Phe - Trp - Asp |
| **Μεταλλαγμένη πρωτεΐνη** | **Β** | **Glu - Val - Cys - Ser - Gly - Thr** |
| Μεταλλαγμένη πρωτεΐνη | Γ | Glu - Cys - Met - Phe |
| **Μεταλλαγμένη πρωτεΐνη** | **Δ** | **Glu - Met - Tyr - Val - Leu - Gly** |

Ποια είναι η αλληλουχία των αζωτούχων βάσεων της κωδικής αλυσίδας του DNA, η οποία κωδικοποιεί τη συγκεκριμένη αλληλουχία των αμινοξέων στη φυσιολογική πρωτεΐνη;

**Δειτε το παρακάτω παράδειγμα για να καταλάβετε:**

έστω η φυσιολογική κωδική αλυσίδα του DNA

5'ATG ATG ATG ATG TAG 3'  και το ολιγοπεπτίδιο που φτιάχνει είναι H2N –Met Met Met Met -COOH

έστω προσθήκη μίας Α ανάμεσα σε Α και Τ 2ου κωδικoνίου:

5'ATG AΑT GAT GAT GTA G 3'  και το ολιγοπεπτίδιο που φτιάχνει είναι H2N –Met Αsn Asp Asp Val -COOH αλλαγή πλαισίου, ριζικές αλλαγές στο πεπτίδιο

έστω προσθήκη δύο Α ανάμεσα σε Α και Τ 2ου κωδικoνίου:

5'ATG AΑA TGA TGA TGT AG 3'  και το ολιγοπεπτίδιο που φτιάχνει είναι H2N –Met Lys -COOH αλλαγή πλαισίου, ριζικές αλλαγές στο πεπτίδιο

έστω προσθήκη τριών Α ανάμεσα σε Α και Τ 2ου κωδικoνίου:

5'ATG AΑΑ ATG ATG ATG TAG 3'  και το ολιγοπεπτίδιο που φτιάχνει είναι H2N –Met Lys Met Met Met -COOH  Όχι αλλαγή πλαισίου, μικρή αλλαγή στο πεπτίδιο!!

έστω προσθήκη τεσσάρων Α ανάμεσα σε Α και Τ 2ου κωδικoνίου:

5'ATG AΑΑ AAT GAT GAT GTA G 3'  και το ολιγοπεπτίδιο που φτιάχνει είναι H2N –Met Lys Asn Asp Asp Val -COOH αλλαγή πλαισίου, μικρή αλλαγή στο πεπτίδιο

Αυτό συμβαίνει γιατί ο γενετικός κώδικας είναι τριαδικός.

Αν ήταν κώδικας τετράδας το πλαίσιο ανάγνωσης δεν θα άλλαζε με προσθήκη ή αφαίρεση 4 νουκλεοτιδίων κ.ο.κ....