

## Βασικά προβλήματα στην μεταγραφή και την μετάφραση

### 1<sup>ο</sup> πρόβλημα

Δίνεται γονίδιο υπεύθυνο για τη σύνθεση μιας πεπτιδικής αλυσίδας και ζητείται ο καθορισμός του προσανατολισμού των αλυσίδων του (το γονίδιο να θεωρηθεί συνεχές)

```

      A  A  A  T  T  A  C  C  C  C  G  G  C  A  T  T  A  T  A  T
      T  T  T  A  A  T  G  G  G  G  C  C  G  T  A  A  T  A  T  A
  
```

Λύση:

[*γραφω την αλληλουχία βαφτίζοντας τους κλώνους*]

Ονομάζω την επάνω αλυσίδα A και την κάτω B

```

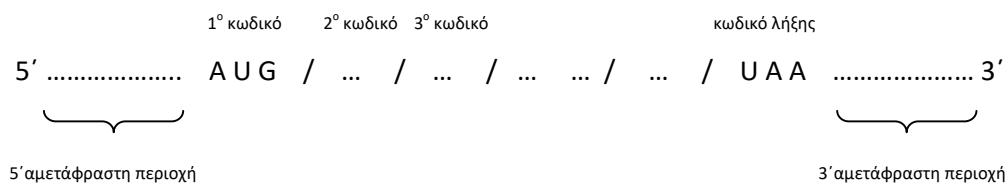
Αλυσίδα A  A  A  A  T  T  A  C  C  C  C  G  G  C  A  T  T  A  T  A  T
Αλυσίδα B  T  T  T  A  A  T  G  G  G  G  C  C  G  T  A  A  T  A  T  A
  
```

Αφού το δεδομένο τμήμα είναι γονίδιο που κωδικοποιεί για μια πεπτιδική αλυσίδα, τότε από την μεταγραφή του θα προκύψει ένα μόριο mRNA το οποίο από το 5' προς το 3' άκρο θα περιέχει διαδοχικά:

- Πρώτα μια 5' αμετάφραστη περιοχή.
- Αμέσως μετά την περιοχή που κωδικοποιεί τα αμινοξέα της πεπτιδικής αλυσίδας που ξεκινά με το κωδικόνιο έναρξης της μετάφρασης AUG και τελειώνει με κάποιο από τα κωδικόνια λήξης της μετάφρασης (UAA, UGA, UAG), και τέλος
- Την 3' αμετάφραστη περιοχή

[*δίνω σχηματικά τα βασικά της αλληλουχίας του mRNA*]

Το mRNA θα έχει την εξής μορφή:



Αυτό το mRNA θα είναι συμπληρωματικό με τη μια από τις παραπάνω αλυσίδες (την A ή την B). Θα είναι συμπληρωματικό με την αλυσίδα που μεταγράφηκε.

[*δικαιολογώ το συμπληρωματικό και το αντιπαράλληλο:*]

Η μεταγραφή είναι ένας πολυμερισμός ριβονουκλεοτιδίων με κατεύθυνση 5' → 3' αφού γίνεται με την πρόσθεση των νεοεισερχόμενων νουκλεοτιδίων στο 3' άκρο της επιμηκυνόμενης ριβονουκλεοτιδικής αλυσίδας.

Τα νουκλεοτίδια που εισέρχονται στην αλυσίδα επιλέγονται με βάση την συμπληρωματικότητα που παρουσιάζουν με τα νουκλεοτίδια της μεταγραφόμενης αλυσίδας (αυτής που χρησιμοποιείται σαν μήτρα για την μεταγραφή).

Συμπληρωματικές είναι οι αζωτούχες βάσεις που μπορούν να ζευγαρώσουν με δεσμούς υδρογόνου, και αυτό το ζευγάρισμα μπορεί να γίνει μόνο αν οι αλυσίδες στις οποίες βρίσκονται είναι αντιπαράλληλες μεταξύ τους.

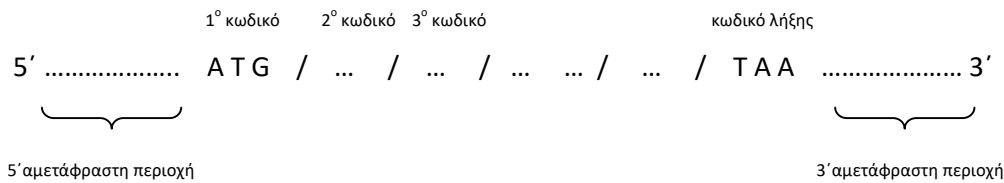
Συνεπώς το mRNA ως συμπληρωματικό της μεταγραφόμενης αλυσίδας είναι αντιπαράλληλο με αυτή, ακριβώς όπως συμβαίνει με την αλυσίδα του γονιδίου που δεν μεταγράφεται, δηλαδή ακριβώς όπως συμβαίνει με την κωδική αλυσίδα του γονιδίου.

Άρα mRNA και κωδική διαβαζόμενα με την ίδια κατεύθυνση 5' → 3', θα εμφανίζουν ίδια αλληλουχία βάσεων με τη διαφορά ότι εκεί που στο RNA έχω U (ουρακίλη) στην κωδική του DNA θα έχω T (θυμίνη).

[γράφω την αναμενόμενη μορφή της κωδικής:]

Τα κωδικόνια δεν βρίσκονται μόνο στο mRNA αλλά και στην κωδική του γονιδίου που μεταγράφηκε για να δημιουργηθεί αυτό το mRNA. Το κωδικόνιο έναρξης AUG του mRNA αντιστοιχεί στο κωδικόνιο ATG του DNA Κ.Ο.Κ.

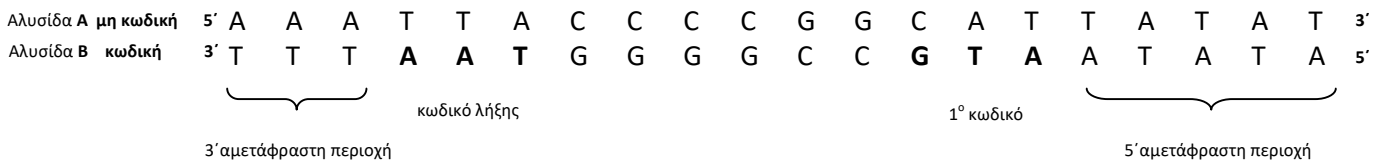
Η κωδική θα έχει την εξής μορφή:



[συμπέρασμα, απάντηση:]

Διαβάζοντας λοιπόν την κωδική αλυσίδα με κατεύθυνση 5' → 3', θα πρέπει μετά την 5 αμετάφραστη περιοχή να βρω ένα κωδικόνιο έναρξης ATG και στη συνέχεια προχωρώντας με βήμα τριπλέτας να συναντήσω ένα από τα κωδικόνια λήξης (TGA, TAA, TAG).

Κοιτάζοντας τις δυο αλυσίδες Α και Β παρατηρώ πως ρόλο κωδικής μπορεί να παίξει μόνο η αλυσίδα Β αν διαβαστεί με κατεύθυνση 5' → 3' από δεξιά προς τα αριστερά



**Παρένθετη άσκηση:**

Ποιο από τα παρακάτω είναι το συμπληρωματικό του τμήματος 5' AACGA 3'

- i. 5' TTGCT 3'
- ii. 5' AGCAA 3'
- iii. 5' UUGCU 3'
- iv. 5' UCGUU 3'