

# Нуклеиновые кислоты

ДНК

РНК

### 3.2.4. Биологические полимеры — нуклеиновые кислоты

К середине XIX в. было установлено, что способность к наследованию признаков определяется материалом, находящимся в ядре клетки. В 1869 г. Ф. Мишер, исследуя химический состав ядер клеток гнойного содержимого, выделил из них вещество кислого характера, названное им *нуклеином*. Это событие расценивается сейчас как открытие нуклеиновых кислот.

Сам термин «нуклеиновые кислоты» был введён в 1889 г. немецким биохимиком А. Кёсселем, описавшим гидролиз нуклеиновых кислот. Учёный установил, что они состоят из остатков сахара (пентозы), фосфорной кислоты и одного из четырёх гетероциклических азотистых оснований, принадлежащих к *пуринам* или *пиримидинам* (рис. 3.20).

Значение нуклеиновых кислот огромно. Особенности их химического строения обеспечивают возможность хранения, переноса и передачи по наследству дочерним клеткам информации о структуре белковых молекул, которые синтезируются в каждой ткани на определённом этапе индивидуального развития.

Стабильность нуклеиновых кислот — важнейшее условие нормальной жизнедеятельности клеток и целых организмов. Часто изменения строения нуклеиновых кислот (мутации) влекут за собой изменения структуры клеток или активности физиологических процессов в них, влияя таким образом на жизнеспособность клеток, тканей и организмов в целом. С другой стороны, именно изменения структуры ДНК лежат в основе эволюционных преобразований.

Структуру нуклеиновых кислот впервые установили американский биохимик Дж. Уотсон и английский физик Ф. Крик (1953). Её изучение имеет исключительно важное значение для понимания наследования признаков у организмов и закономерностей функционирования отдельных клеток и клеточных систем — тканей и органов.

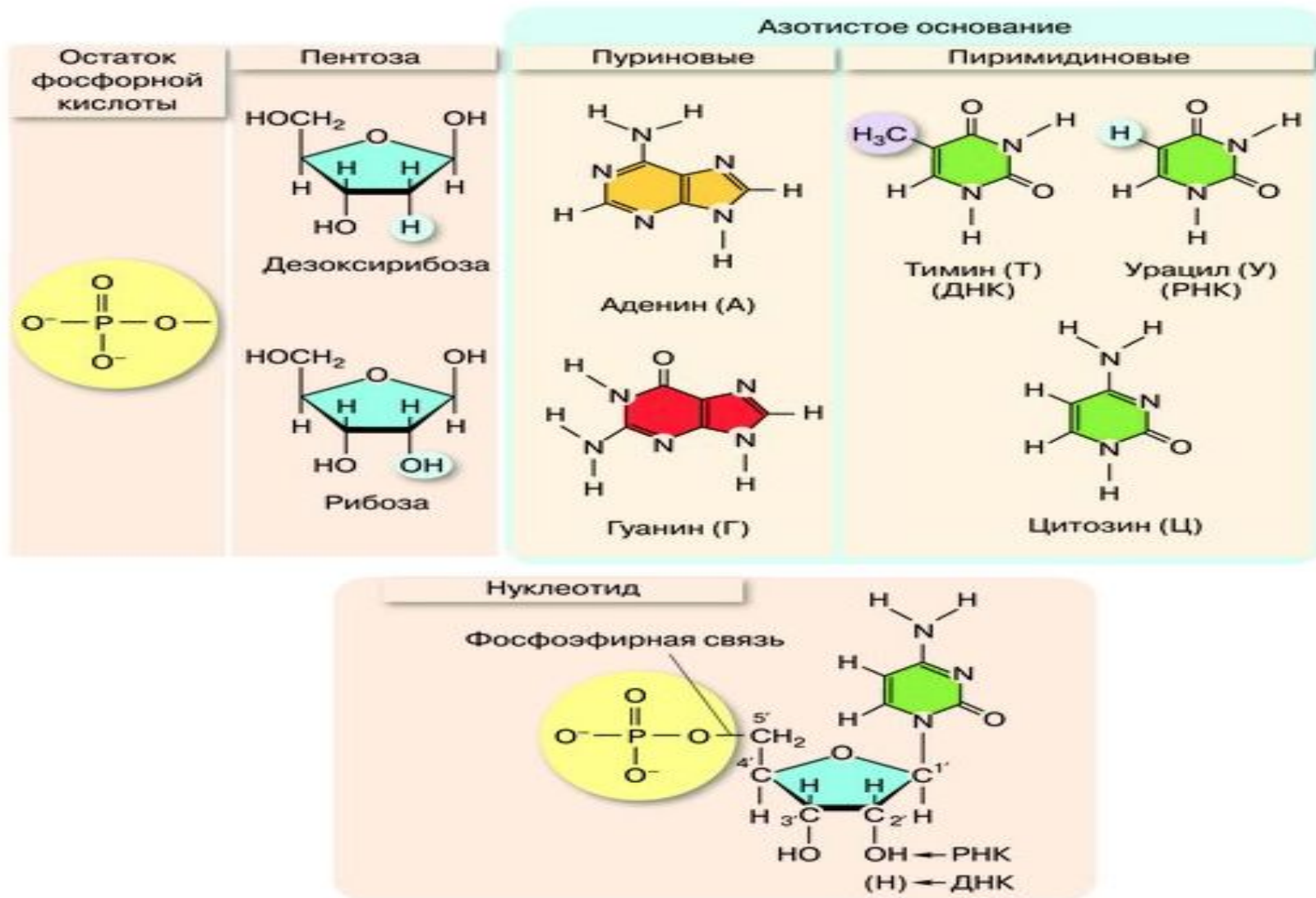
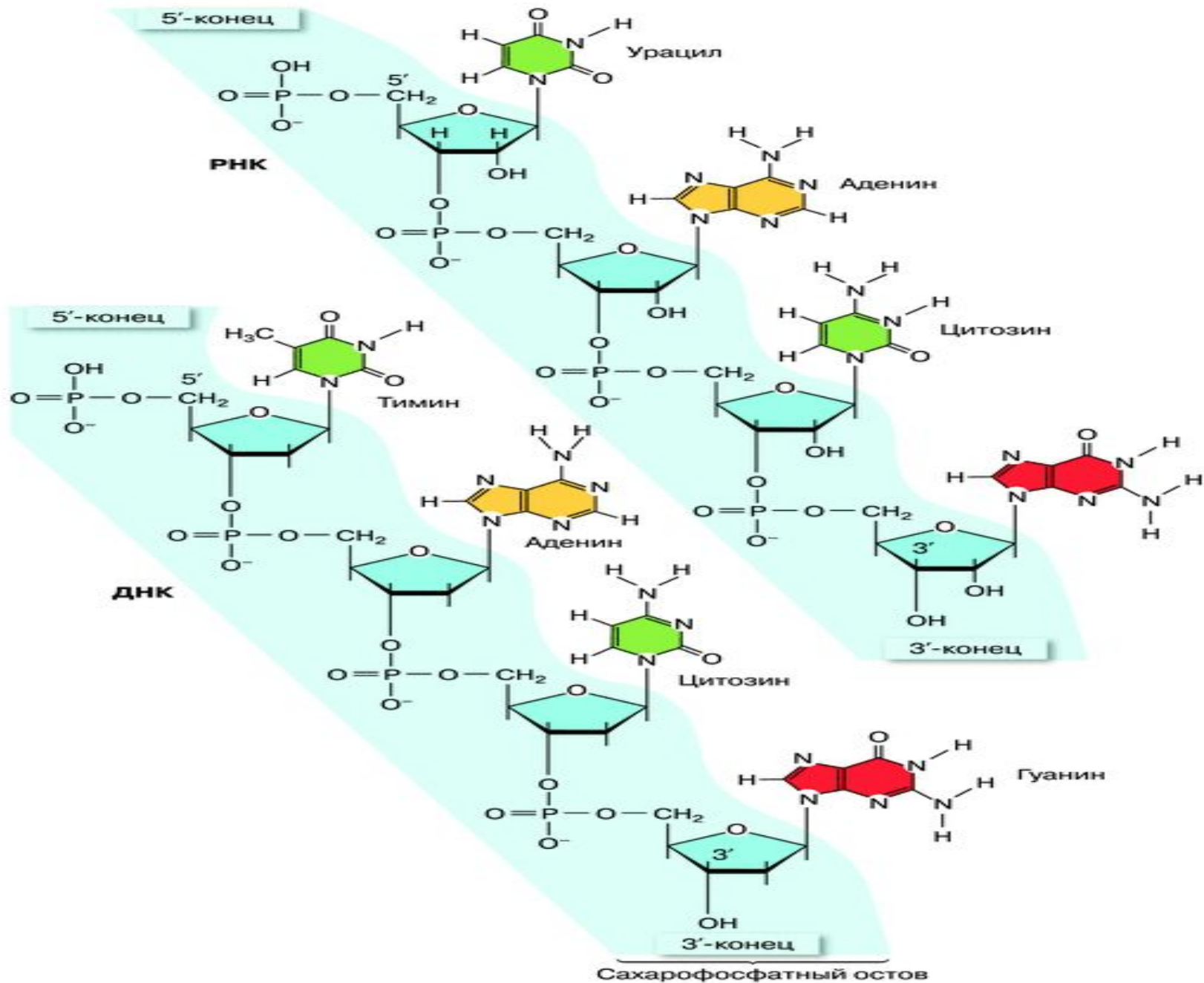


Рис. 3.20. Структура нуклеотида и его компонентов

Существуют два различных типа нуклеиновых кислот: дезоксирибонуклеиновая кислота (ДНК) и рибонуклеиновые кислоты (РНК).



### 3.2.4.1. ДНК — дезоксирибонуклеиновая кислота

ДНК представляет собой генетический материал большинства организмов. В прокариотических клетках кроме основной хромосомной ДНК часто встречаются внехромосомные ДНК — *плазмиды*. В эукариотических клетках основная масса ДНК расположена в клеточном ядре, где она связана

с различными белками в хромосомах, а также содержится в некоторых органеллах — митохондриях и пластидах.

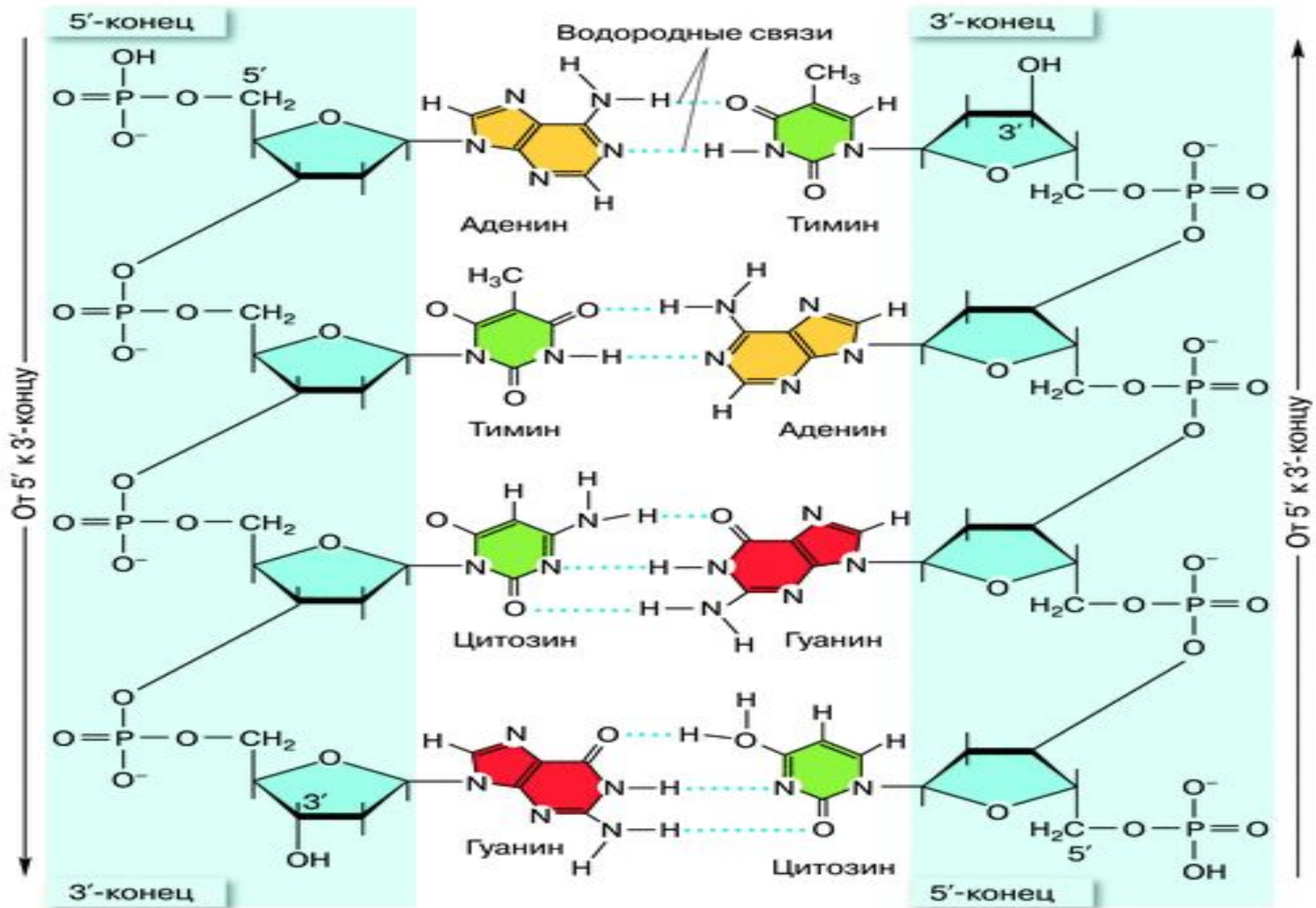
ДНК — это линейный, нерегулярный биологический полимер, состоящий, как правило, из двух полинуклеотидных цепей, соединённых друг с другом. Мономеры, составляющие каждую из цепей ДНК, — сложные органические соединения — *нуклеотиды*. Одни из важнейших компонентов нуклеотидов представляют собой азотистые основания.

В подавляющем большинстве случаев в состав нуклеотидов ДНК входят азотистые основания тимин (Т) и цитозин (Ц) — производные пиримидина, а также аденин (А) и гуанин (Г), относящиеся к производным пурина. Кроме того, нуклеотиды включают в себя пятиатомный сахар (пентозу) — дезоксирибозу и остаток фосфорной кислоты. На рисунке 3.20 показано, как компоненты нуклеотида соединены друг с другом. Обратите внимание, что атомы углерода в дезоксирибозе пронумерованы как 1', 2', 3', 4' и 5'. К С<sub>1'</sub>-атому присоединено азотистое основание, к С<sub>5'</sub>-атому — остаток фосфорной кислоты, а С<sub>3'</sub>-атом предназначен для соединения с последующим нуклеотидом в полинуклеотидной цепи.

ДНК — полимер с очень большой молекулярной массой: в одну молекулу может войти 10<sup>8</sup> и более нуклеотидов. В каждой полинуклеотидной цепи нуклеотиды соединяются между собой благодаря образованию эфирных связей между дезоксирибозой одного и остатком фосфорной кислоты другого нуклеотида (рис. 3.21). При этом в начале молекулы — у первого нуклеотида — свободным от образования эфирной связи остаётся остаток фосфорной кислоты. Это так называемый 5'-конец молекулы. На другом, «заднем» конце молекулы, не задействованным в образовании эфирной связи, оказывается 3'-атом углерода дезоксирибозы — 3'-конец полинуклеотидной цепи. Подобный принцип лежит и в основе строения РНК.

Две полинуклеотидные цепи объединяются в единую молекулу при помощи водородных связей, возникающих между азотистыми основаниями, входящими в состав нуклеотидов и образующих разные цепи. Количество таких связей между разными азотистыми основаниями неодинаково, и вследствие этого азотистое основание А одной цепи полинуклеотидов всегда связано двумя водородными связями с Т другой цепи, а Г — тремя водородными связями с азотистым основанием Ц противоположной полинуклеотидной цепочки. Такая способность к избирательному соединению нуклеотидов, в результате чего формируются пары А—Т и Г—Ц, называется *комплементарностью* (рис. 3.22). Если известна последовательность нуклеотидов в одной цепи (например, Т—Ц—А—Т—Г), то благодаря принципу комплементарности легко определить последовательность оснований противоположной цепи (А—Г—Т—А—Ц).

Последовательность соединения нуклеотидов одной цепи противоположна таковой в другой, т. е. цепи, составляющие одну молекулу ДНК, разнонаправлены, или антипараллельны. Сахарофосфатные группировки нуклеотидов находятся снаружи, а комплементарно связанные нуклеотиды —



**Рис. 3.22.** Схема комплементарного соединения полинуклеотидных цепей в молекуле ДНК

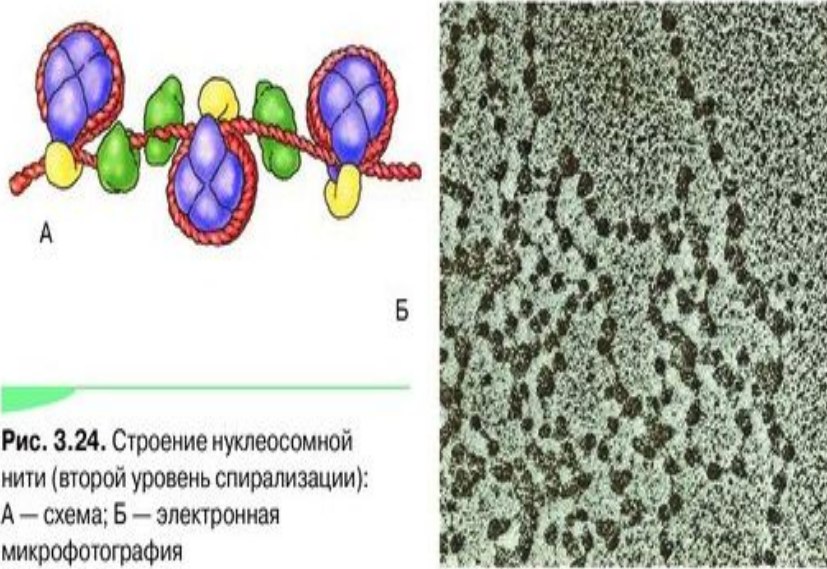
внутри. Цепи закручиваются друг вокруг друга, а также вокруг общей оси и образуют правозакрученные объёмные спирали по 10 пар оснований в каждом витке — двойную спираль (рис. 3.23).

При соединении с определёнными белками — *гистонами* — степень спирализации молекулы повышается. Молекула утолщается и укорачивается, возникает нуклеосомная нить, представляющая собой по сути дезокси-нуклеопротеид (рис. 3.24). В дальнейшем степень спирализации возрастает: нуклеосомная нить, закручиваясь вокруг своей оси, формирует хроматиновую фибриллу (рис. 3.25). Последняя в результате дальнейшей спирализации образует петлистую структуру, молекула ещё более укорачивается и утолщается (рис. 3.26). Наконец, спирализация достигает максимума, возникает спираль ещё более высокого уровня — суперспираль. При этом молекула ДНК, связанная с различными белками, становится различима в световой микроскоп как вытянутое, хорошо окрашиваемое тельце — *хромосома* (см. рис. 3.26).

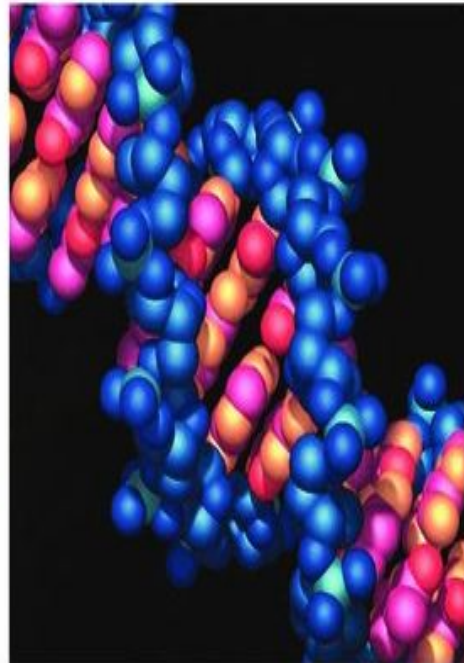
Хромосомой можно назвать самостоятельное ядерное тельце вытянутой формы, имеющее *плечи* и первичную перетяжку — *центромеру*. До удвоения в S-периоде митотического цикла хромосома состоит из одной молекулы ДНК — *хроматиды* (однохроматидная хромосома), а после редупликации — из двух хроматид (двуххроматидная хромосома), связанных в области центромеры. Важно отметить, что наблюдать хромосому в состоянии суперспирализации ДНК можно лишь в метафазе митоза или делений мейоза. В другие периоды жизненного цикла клетки хромосомный материал —

молекулы ДНК находятся в состоянии меньшей спирализации или деспирализованы, раскручены. Участки молекулы ДНК (хромосомы), полностью деспирализованные из-за своей малой толщины, видны лишь при максимальном увеличении электронного микроскопа.

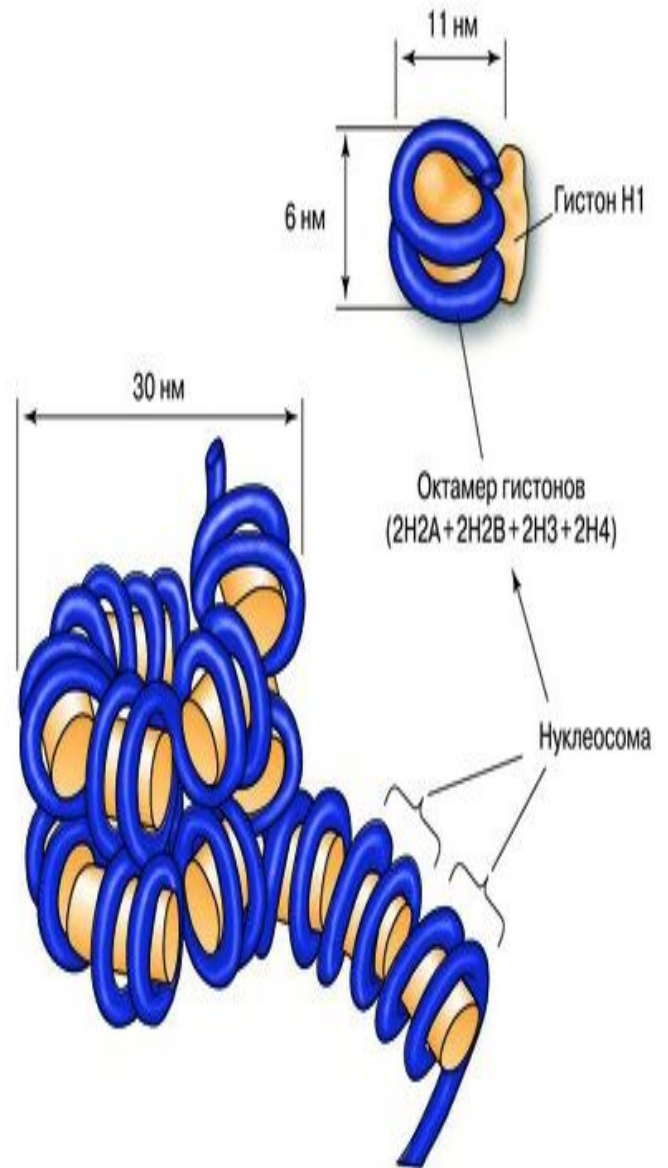
Одной из важнейших функций ДНК можно считать хранение наследственной информации. Каким же образом ДНК обеспечивает эту важнейшую задачу?



**Рис. 3.24.** Строение нуклеосомной нити (второй уровень спирализации): А — схема; Б — электронная микрофотография

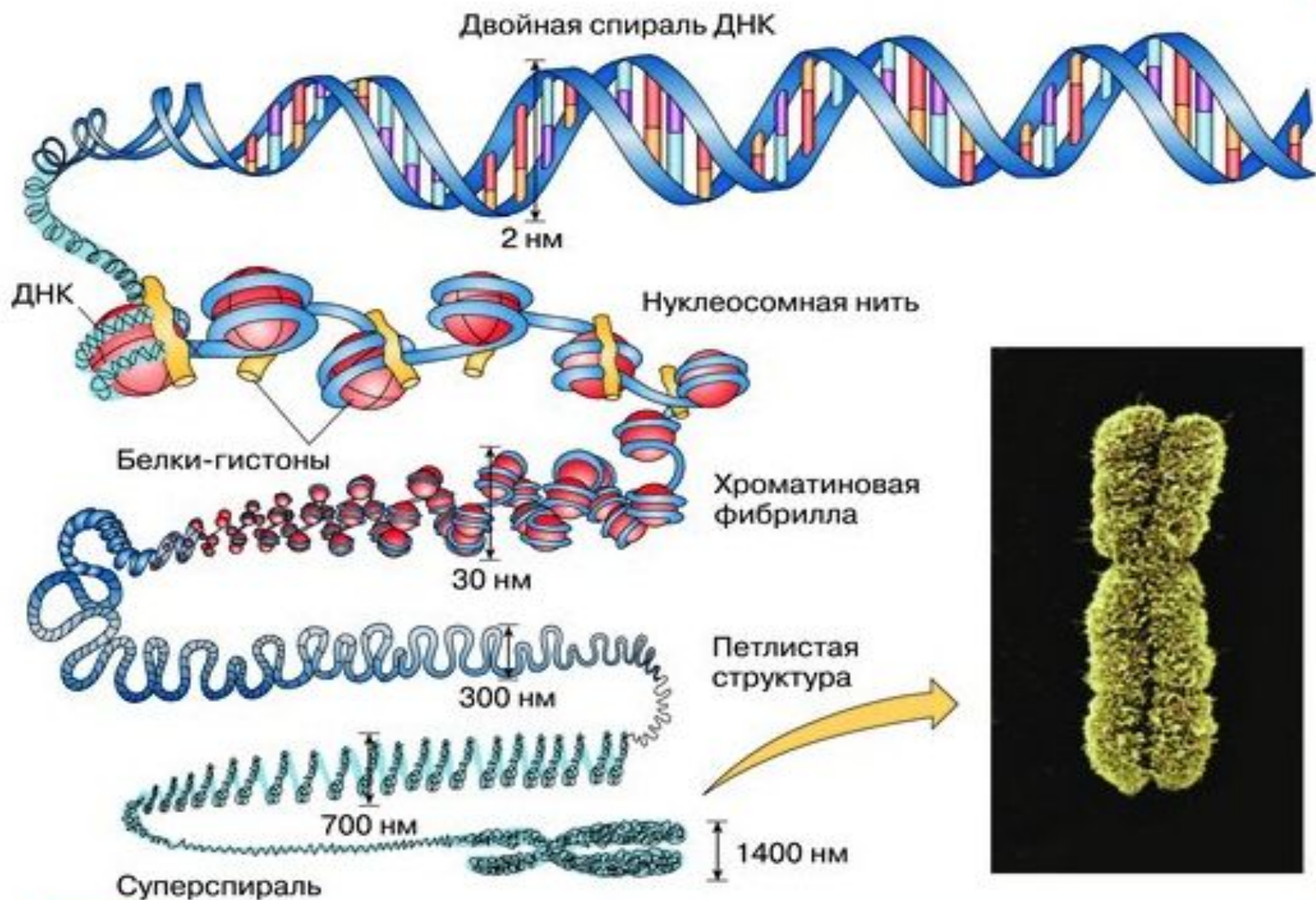


**Рис. 3.23.** Объёмная модель двойной спирали ДНК (первый уровень спирализации). Открыта Дж. Уотсоном и Ф. Криком (1953)



**Рис. 3.25.** Схема строения хроматиновой фибриллы (третий уровень спирализации)





**Рис. 3.26.** Схема уровней спирализации хромосомного материала (ДНК)

**Запись генетической информации в молекуле ДНК — генетический код.** Всё многообразие жизни обуславливается разнообразием белковых молекул, выполняющих в клетках, тканях и организмах различные биологические функции. Структура белков определяется набором и порядком расположения аминокислот в полипептидных цепях. Именно эта последовательность аминокислот пептидов зашифрована в молекулах ДНК с помощью *генетического кода*. В процессе транскрипции генетический код из кодонов ДНК переводится в последовательность кодонов информационной РНК (рис. 3.27).

В 1954 г. Г. Гамов высказал предположение, что кодирование информации в молекулах ДНК должно осуществляться сочетаниями нескольких нуклеотидов. Для шифровки двадцати различных аминокислот достаточное

количество сочетаний нуклеотидов может обеспечить лишь триплетный код, в котором каждая аминокислота шифруется тремя расположенными друг за другом в полинуклеотидной цепи нуклеотидами. В этом случае комбинация из четырёх нуклеотидов образует 64 триплета ( $4^3 = 64$ ).

Одним из самых важных этапов в изучении функции нуклеиновых кислот стала расшифровка способа записи информации в ДНК и принцип передачи её на белковую структуру, т. е. формулирование генетического кода. В 1961 г. Ф. Крик и С. Бреннер доказали, что каждой аминокислоте в белке соответствует триплет нуклеотидов. Полностью генетический код, состоящий из 64 кодонов, был установлен в 1966 г. благодаря работам М. Ниренберга, Г. Кораны и С. Очоа.

Генетическим кодом называют принцип записи наследственной информации, который состоит в том, что генетическая информация о структуре белков заключена в ДНК в последовательности нуклеотидов одной из её цепей. Эта цепь получила название *кодогенной*, а комплементарная ей цепь нуклеотидов — *матричной*. На матричной цепи по принципу комплементарности синтезируются молекулы РНК (рис. 3.28).

Оказалось, что из 64 возможных триплетов ДНК 61 триплет кодирует различные аминокислоты, а оставшиеся 3 получили название *бессмыслен-*

*ных* или *нонсенс-триплетов*. Они не шифруют аминокислоты и выполняют функцию знаков препинания (*стоп-триплеты*) при считывании наследственной информации. К ним относятся триплеты АТТ, АЦТ, АТЦ. Кроме этого, существует метиониновый кодон ТАЦ, выполняющий роль ещё и *стартового триплета*, с которого начинается любой ген. Впоследствии при доработке белковой молекулы первая аминокислота метионин удаляется из полипептидной цепи.

Первый нуклеотид (5')	Второй нуклеотид				Третий нуклеотид (3')
	У	Ц	А	Г	
У	УУУ Фен	УЦУ Сер	УАУ Тир	УГУ Цис	У
	УУЦ Фен	УЦЦ Сер	УАЦ Тир	УГЦ Цис	Ц
	УУА Лей	УЦА Сер	УАА Стоп	УГА Стоп	А
	УУГ Лей	УЦГ Сер	УАГ Стоп	УГГ Три	Г
Ц	ЦУУ Лей	ЦЦУ Про	ЦАУ Гис	ЦГУ Арг	У
	ЦУЦ Лей	ЦЦЦ Про	ЦАЦ Гис	ЦГЦ Арг	Ц
	ЦУА Лей	ЦЦА Про	ЦАА Глн	ЦГА Арг	А
	ЦУГ Лей	ЦЦГ Про	ЦАГ Глн	ЦГГ Арг	Г
А	АУУ Иле	АЦУ Тре	ААУ Асн	АГУ Сер	У
	АУЦ Иле	АЦЦ Тре	ААЦ Асн	АГЦ Сер	Ц
	АУА Иле	АЦА Тре	ААА Лиз	АГА Арг	А
	АУГ Мет	АЦГ Тре	ААГ Лиз	АГГ Арг	Г
Г	ГУУ Вал	ГЦУ Ала	ГАУ Асп	ГГУ Гли	У
	ГУЦ Вал	ГЦЦ Ала	ГАЦ Асп	ГГЦ Гли	Ц
	ГУА Вал	ГЦА Ала	ГАА Глу	ГГА Гли	А
	ГУГ Вал	ГЦГ Ала	ГАГ Глу	ГГГ Гли	Г

Рис. 3.27. Таблица генетического кода в триплетах иРНК

**Свойства генетического кода.** Помимо упомянутой выше, генетический код обладает и другими свойствами. В процессе изучения свойств генети-



**Рис. 3.28.** Последовательность нуклеотидов иРНК повторяет последовательность нуклеотидов кодогенной цепи

ческого кода была обнаружена его **специфичность**: каждый триплет способен кодировать только одну определённую аминокислоту. Обращает на себя внимание явная избыточность кода, проявляющаяся в том, что многие аминокислоты шифруются несколькими триплетами (см. таблицу генетического кода). Это свойство триплетного кода, названное **вырожденностью**, имеет очень важное значение, так как возникновение в структуре молекулы ДНК изменений по типу замены одного нуклеотида в полинуклеотидной цепи может не изменить смысла триплета. Возникшее таким образом новое сочетание из трёх нуклеотидов определяет ту же самую аминокислоту.

Установлено полное соответствие, идентичность кода у различных видов живых организмов. Такая **универсальность** генетического кода свидетельствует о единстве происхождения всего многообразия живых форм на Земле, возникших в процессе биологической эволюции.

Незначительные отличия генетического кода обнаружены в ДНК митохондрий некоторых видов. Это не противоречит в целом положению об универсальности кода, но свидетельствует в пользу определённой дивергентности (расхождения) в его эволюции на ранних этапах существования жизни. Расшифровка кода ДНК митохондрий различных видов живых организмов показала, что во всех случаях в митохондриальных ДНК отмечается общая особенность: триплет АЦТ читается как АЦЦ, и поэтому из нонсенс-триплета он превращается в шифр аминокислоты триптофана.

Другие особенности специфичны для различных видов организмов. У дрожжей триплет ГАТ, и, возможно, всё семейство ГА кодирует вместо аминокислоты лейцина — треонин. У млекопитающих триплет ТАГ имеет то же значение, что и ТАЦ, и соответствует аминокислоте метионину вместо изолейцина. Триплеты ТЦГ и ТЦЦ в ДНК митохондрий некоторых видов не определяют какой-либо аминокислоты, становясь нонсенс-триплетами.

Наряду с триплетностью, вырожденностью, специфичностью и универсальностью важнейшими характеристиками генетического кода являются его **непрерывность** и **неперекрываемость кодонов при считывании**. Это означает, что последовательность нуклеотидов считывается триплет за триплетом без пропусков, при этом соседние триплеты не перекрывают друг друга, т. е. каждый отдельный нуклеотид входит в состав только одного триплета при заданной рамке считывания (рис. 3.29).

Говоря о генетическом коде, мы имели в виду кодирующую цепь ДНК. Такая же последовательность нуклеотидов оказывается и в информационной, или матричной, РНК с учётом замены в полинуклеотидной цепи РНК ну-



Рис. 3.29. Схема соответствия нуклеотидов кодонам иРНК

клеотида с азотистым основанием тимин на рибозосодержащий нуклеотид, включающий урацил (У) (см. рис. 3.28).

Триплеты иРНК, соответствующие триплетам ДНК, также называются кодонами. В действительности именно их линейное расположение непосредственно определяет порядок включения аминокислот в синтезируемую на рибосоме полипептидную цепь.

**Структурно-функциональная единица наследственной информации — ген.** Ген с молекулярно-биологической точки зрения — это участок молекулы ДНК, последовательность нуклеотидов (кодонов) которого определяет последовательность аминокислот в одном полипептиде. В данном случае полипептид — элементарный, наипростейший признак. Однако мы знаем, что многие функционально активные белки, имеющие четвертичную структурную организацию, состоят из нескольких, часто различающихся субъединиц — полипептидов. Например, гемоглобин включает по две  $\alpha$ - и  $\beta$ -цепи. Следовательно, за развитие такого более сложного признака отвечает уже не один, а два гена: первый определяет структуру  $\alpha$ -цепей, а второй —  $\beta$ -цепей гемоглобина. Рассматривая более сложные признаки, мы понимаем, что в их развитии принимает участие гораздо большее количество генов.

### 3.2.4.2. Гены, не кодирующие белки

Помимо генов, ответственных за синтез белков, в геноме имеются гены, кодирующие особые молекулы РНК, не являющиеся посредниками в синтезе белка. Для построения полипептидных цепей из аминокислот необходимы небольшие, но многочисленные **транспортные РНК** (тРНК) (рис. 3.32). Рибосомы содержат молекулы **рибосомальных РНК** (рРНК) (рис. 3.30); у прокариот — это три различные молекулы рРНК, а у эукариот — четыре. При транскрипции 80—85% от общего количества РНК приходится на долю рРНК. Поскольку тРНК и рРНК по сравнению с иРНК живут дольше, большая часть РНК в клетке представлена именно этими формами. В клетках кишечной палочки (*E. coli*) три рРНК и несколько тРНК транскрибируются вместе в виде большой молекулы предшественника, которая затем разрезается на соответствующие более мелкие фрагменты.

Поскольку клетке нужно много тРНК и рРНК, существуют множественные копии этих генов. У эукариот насчитывают до нескольких десятков тысяч генов рРНК.

### 3.2.4.3. Мобильные генетические элементы

В начале 40-х гг. XX в. американская исследовательница Б. Мак-Клинтон открыла подвижные генетические элементы у кукурузы. К настоящему времени подобные мобильные фрагменты ДНК обнаружены практически у всех исследованных организмов, в том числе и у человека. Они получили название *транспозонов*.

Что же собой представляют эти «блуждающие» по геному транспозоны?

Современные учёные подразделяют перемещающиеся фрагменты ДНК на ряд групп. К одной из них относят ДНК-копии РНК-геномов некоторых

вирусов, таких как вирус гепатита С, ВИЧ и других (см. главу 5, с. 193). Таким участкам ДНК учёные дали наименование ретротранспозонов. Встраиваясь в хромосомы эукариотической клетки, они становятся провирусами. Другая группа перемещающихся по хромосомам фрагментов ДНК представлена неинформативными повторами нуклеотидов различной длины.

Характерной чертой транспозонов является присутствие в их составе участка узнавания фермента рестриктазы, разрезающего молекулу ДНК в определённом месте. Присутствие этого элемента и позволяет подвижным генетическим элементам как встраиваться в хромосомы, так и покидать их.

Значение мобильных генетических элементов неоднозначно. Внедрение фрагментов ДНК в хромосомы может вызвать мутации. Так, например, около 80% спонтанных мутаций у мушки-дрозофилы вызвано подобными вставками. Выступая в качестве регуляторов активности генов (энхансеров — см. с. 118), ретротранспозоны могут изменять её, нарушая интенсивность процессов обмена веществ или даже приводя к злокачественному перерождению клетки.



#### 3.2.4.4. Понятие о геноме

В 1920 г. для описания совокупности генов, заключённых в гаплоидном наборе хромосом организмов одного вида, Г. Винклер предложил термин «гено́м». Первоначальный смысл этого термина указывал на то, что геном, в отличие от генотипа, является генетической характеристикой не только отдельной особи, но и вида в целом и представляет собой как бы «список» генов, имеющихся у данного организма и/или вида.

Сейчас известно, что ДНК — носитель генетической информации у большинства организмов и, следовательно, основа генома. Она включает в себя не только структурные гены, но и регуляторные области. Кроме того, большая часть ДНК эукариотических клеток представлена некодирующими («избыточными») последовательностями нуклеотидов, которые не заключают в себе информации о белках и рибонуклеиновых кислотах. Таким образом, основную часть генома любого организма составляет вся ДНК его гаплоидного набора хромосом.

Однако генетическую информацию в клетках содержат не только хромосомы ядра. Жизненно важная генетическая информация заключена и во внехромосомных молекулах ДНК. У бактерий к таким ДНК относятся плазмиды, а в клетках эукариот это ДНК митохондрий, хлоропластов и других пластид.

В процессе индивидуального развития соматические клетки (от греч. *soma* — тело) могут утрачивать часть генетической информации, полученной с половыми клетками родителей, или, напротив, амплифицировать (избирательно редуплицировать) группы генов и значительно перестраивать исходные гены, как это происходит в лейкоцитах с генами, определяющими структуру иммуноглобулинов.

Следовательно, под геномом организма в настоящее время понимают суммарную ДНК гаплоидного набора хромосом и каждого из внехромосом-

ных генетических элементов, содержащуюся в отдельной клетке зародышевой линии — половой клетке многоклеточного организма. Однако сформулировать определение генома отдельного биологического вида в целом непросто. В таком определении необходимо учитывать прежде всего генетические различия, связанные с полом организма, поскольку мужские и женские половые хромосомы различаются. Другая сложность заключается в наличии громадного числа аллельных вариантов генов и сопутствующих им последовательностей, присутствующих в генофонде популяции и вида в целом. Вот почему говорят лишь об усреднённом геноме, обладающем существенными отличиями от конкретных геномов отдельных особей.

Как видно из таблицы 3.1, размеры геномов организмов различных видов значительно отличаются друг от друга. Причём часто не наблюдается корреляции между уровнем эволюционной сложности биологического вида и размером его генома.

Суммарное количество ДНК в гаплоидном геноме принято обозначать латинским символом *C*. В 1978 г. Т. Кавалье-Смит описал в качестве парадокса наблюдение того, что у эукариот используется лишь незначительная часть последовательностей нуклеотидов генома (у человека около 3% генома). В соответствии с этим не объяснённый до недавнего времени феномен значительной избыточности генома эукариот в отношении некодирующих последовательностей нуклеотидов известен в генетике под названием парадокса *C*.

Структурная организация генома — фундаментальный таксономический признак, лежащий в основе современной систематики всего живого мира.

**Геном человека.** В 2003 г., в канун 50-летнего юбилея открытия Дж. Уотсоном и Ф. Криком структуры молекулы ДНК, завершились работы в рамках международного проекта «Геном человека». Исследуя генетический материал нескольких человек, учёным разных стран, среди которых были и российские исследователи, удалось определить последовательность нуклеотидов во всех хромосомах. Было показано, где и какие гены человека расположены. Оказалось, что структурных генов, определяющих развитие каких-либо признаков, менее 30 тыс. Хотя общая картина локализации генов в хромосомах человека в принципе ясна, работа в этом направлении ещё предстоит. Впереди исследования различных вариантов каждого из генов, а также форм и путей взаимодействия; исследование регуляции активности генов как в определении течения физиологических процессов, так и в ходе развития.

Другими, не менее важными свойствами ДНК можно считать способность молекул к удвоению — редупликации (см. с. 175) и участие в обеспечении метаболизма. Редупликация ДНК лежит в основе явления наследственности — передачи признаков и свойств из поколения в поколение, а участие ДНК в метаболизме определяет события реализации генетической информации в ходе развития организма.

### 3.2.4.5. РНК — рибонуклеиновые кислоты

РНК, так же как и ДНК, представляет собой полимер, мономерами которого являются нуклеотиды. Азотистые основания трёх нуклеотидов те же, что входят в состав ДНК (аденин, гуанин, цитозин). Четвёртое основание — урацил — присутствует в молекуле РНК вместо тимина (см. рис. 3.20). Нуклеотиды РНК отличаются от нуклеотидов ДНК и по строению входящего в их состав углевода: вместо дезоксирибозы они содержат другую пентозу — рибозу. В цепочку РНК нуклеотиды соединяются благодаря образованию эфирных связей между рибозой одного и остатком фосфорной кислоты последующего нуклеотида.

РНК выполняют множество функций. Они переносят информацию о последовательности аминокислот в белках, т. е. о структуре белков, от хромосом к месту их синтеза, участвуют в синтезе белков и т. д. По структуре различают двухцепочечные и одноцепочечные РНК. Двухцепочечные РНК — хранители генетической информации у ряда вирусов, т. е. выполняют у них функции хромосом (так называемые РНК-содержащие вирусы).

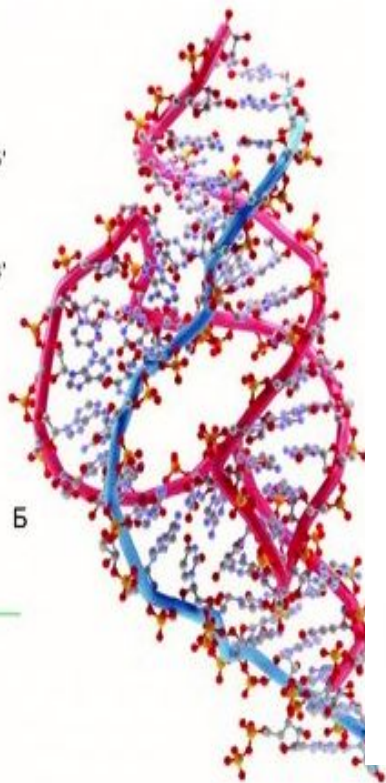
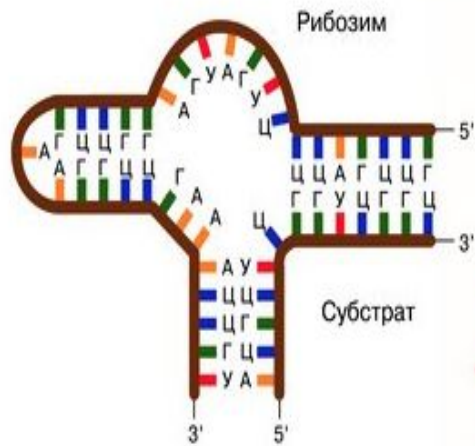
Существует несколько видов одноцепочечных РНК. Их названия обусловлены выполняемой функцией или местонахождением в клетке.

Большую часть РНК цитоплазмы (до 80—90%) составляет **рибосомальная РНК (рРНК)**, содержащаяся в рибосомах. Молекулы рРНК относительно невелики и состоят из 3—5 тыс. нуклеотидов (см. рис. 3.30).

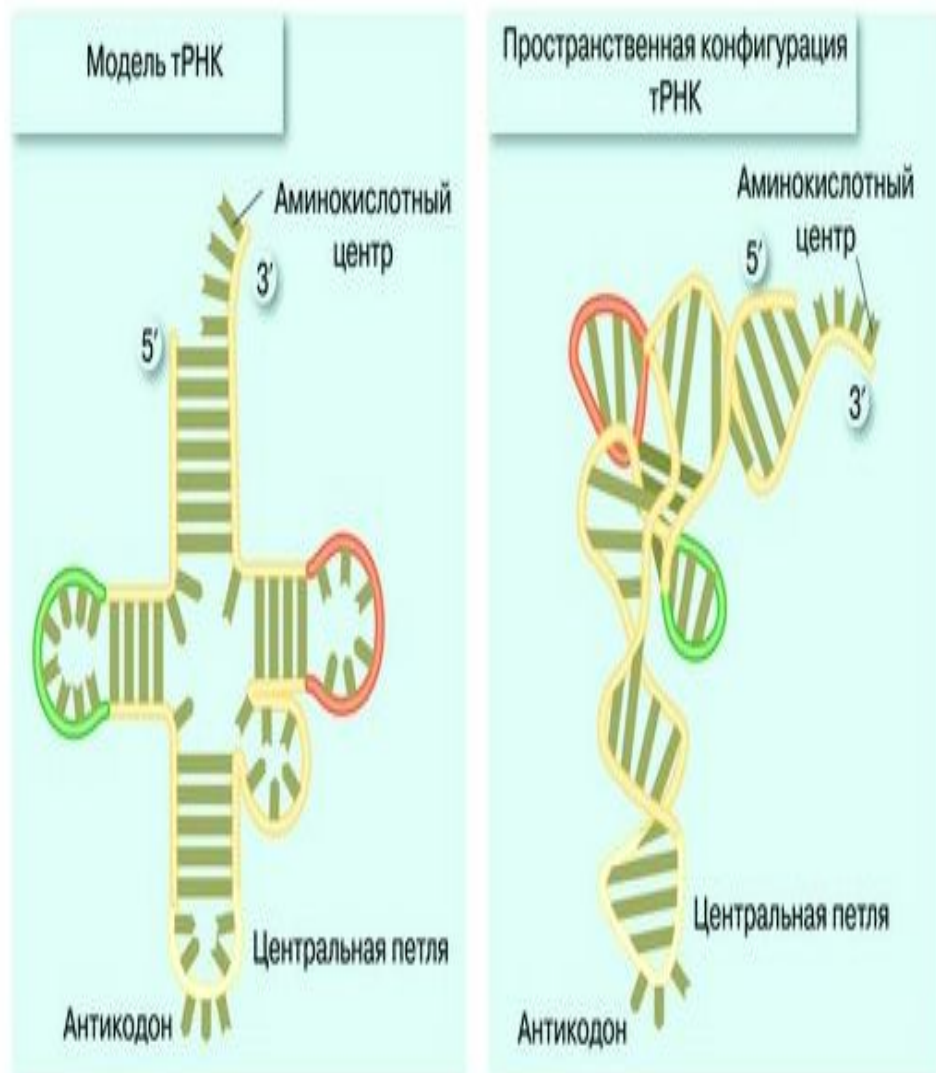
Другой вид — **информационные (иРНК), или матричные (мРНК), РНК**, переносящие к рибосомам информацию о последовательности аминокислот в белках, которые должны синтезироваться в клетке. Размер этих РНК зависит от длины участка ДНК, на котором они синтезированы. Молекулы иРНК, как правило, состоят из 300—30 000 нуклеотидов.



**Рис. 3.30.** Схема строения одного из видов рибосомальной РНК. В состав рибосом прокариот входят три различные рРНК, эукариот — четыре



**Рис. 3.31.** Комплекс «рибозим — субстрат» (взаимодействие происходит по принципу комплементарности): А — схема; Б — объёмная модель



**Рис. 3.32.** Схема строения транспортной РНК

В начале 80-х гг. прошлого века в США было сделано сенсационное открытие, осуществившее революцию в биохимии и молекулярной биологии: учёные выяснили, что некоторые РНК могут быть специфическими катализаторами биохимических реакций. Их назвали **каталитическими РНК**. По аналогии с белками-ферментами — **энзимами** — каталитические РНК были названы **рибозимами** (рис. 3.31). По-видимому, почти все рибозимы, естественно существующие в живой природе в клетках современных организмов, так или иначе участвуют в процессах, связанных с превращениями полинуклеотидных цепей самих РНК. Однако оказалось возможным создавать и искусственные рибозимы с более широким спектром катализируемых реакций. Кроме того, как выяснилось, каталитический центр рибосомы, где происходит трансляция, формируется определённым участком рибосомальной РНК без принципиального участия рибосомных белков, т. е. имеет рибозимную природу.

**Регуляторные РНК** встречаются достаточно часто, однако их значение в настоящее время недостаточно изучено. По-видимому, регуляторные РНК, а точнее их комплексы с белками — рибонуклеопротеиды, играют значительную роль в обеспечении процессов транскрипции и трансляции. Так, например, терминирующим фактором, завершающим трансляцию, является рибонуклеопротеид, комплементарно связывающийся со стоп-кодоном молекулы иРНК. В результате этого трансляция прекращается и комплекс «рибосома — иРНК — пептид» распадается.

**Транспортные РНК** могут состоять из 74—95 нуклеотидов. В любой клетке имеется большое количество различных видов тРНК. Например,

у человека их структура определяется более чем 1300 генами. Любая тРНК за счёт образования участков комплементарного соединения в пределах одной полинуклеотидной цепи формирует универсальную пространственную структуру, называемую «листом клевера» (см. рис. 3.32). Каждая моле-

кула тРНК имеет два активных центра. Один — **акцепторный** — связывает определённую аминокислоту, а другой, состоящий из трёх последовательно расположенных нуклеотидов, — **антикодон** — соединяется по принципу комплементарности с кодоном иРНК. Количество видов тРНК превышает число аминокислот, включающихся в белки, и, таким образом, имеется несколько тРНК практически для каждой аминокислоты. Они доставляют аминокислоты к месту синтеза белка, «узнают» (по принципу комплементарности) триплет иРНК, соответствующий переносимой аминокислоте, и осуществляют точную ориентацию аминокислоты на рибосоме.

В следующей главе мы познакомимся с тем, как нуклеиновые кислоты ДНК и РНК участвуют в реализации наследственной информации и обеспечивают процессы обмена веществ в организме.

## ОПОРНЫЕ ТОЧКИ

- Нуклеиновые кислоты преимущественно локализованы в клеточном ядре.
- Дезоксирибонуклеиновая кислота — нерегулярный линейный полимер, состоящий из двух полинуклеотидных цепей.
- Наследственная информация заключена в последовательности нуклеотидов ДНК.
- Редупликация ДНК обеспечивает передачу наследственной информации из поколения в поколение.

## ОСНОВНЫЕ ПОЛОЖЕНИЯ

В состав молекул живого вещества входят практически все химические элементы, но на 98% органические молекулы состоят из С, Н, О, N, S и Р.

Вода как полярный растворитель служит средой, где протекают все биохимические превращения.

Большая часть неорганических соединений находится в клетке в виде солей. От концентрации солей внутри клетки зависят её буферные свойства.

Нерегулярные линейные биологические полимеры — белки выполняют множество функций, среди которых наиболее важны каталитическая и пластическая.

Углеводы — моносахариды и полисахариды — главным образом являются источником энергии для химических процессов, протекающих в организме. У растений и прокариот полисахарид целлюлоза входит в состав клеточных стенок.

Жиры составляют основу всех биологических мембран клеток как прокариотических, так и эукариотических организмов. Важна также энергетическая роль липидов и их способность растворять гидрофобные соединения.

Дезоксирибонуклеиновая кислота — биологический полимер, мономером которого является нуклеотид. ДНК — хранитель наследственной информации — участвует в её передаче из поколения в поколение и к месту синтеза белка.

При участии РНК осуществляется реализация генетической информации.