



ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД

Авторы: С. Г. Инге-Вечтомов

ГЕНЕТИЧЕСКИЙ КОД, система записи наследственной информации в виде последовательности оснований нуклеотидов в молекулах ДНК (у некоторых вирусов – РНК), определяющая первичную структуру (расположение аминокислотных остатков) в молекулах белков (полипептидов). Проблема Г. к. была сформулирована после доказательства генетич. роли ДНК (амер. микробиологи О. Эйвери, К. Мак-Леод, М. Маккарти, 1944) и расшифровки её структуры (Дж. [Уотсон](#), Ф. [Крик](#), 1953), после установления того, что гены определяют структуру и функции ферментов (принцип «один ген – один фермент» Дж. [Бидла](#) и Э. [Тейтема](#), 1941) и что существует зависимость пространственной структуры и активности белка от его первичной структуры (Ф. [Сенгер](#), 1955). Вопрос о том, как комбинации из 4 оснований нуклеиновых кислот определяют чередование 20 обычных аминокислотных остатков в полипептидах, впервые поставил Г. [Гамов](#) в 1954.

На основании эксперимента, в котором исследовали взаимодействия вставок и выпадений пары нуклеотидов, в одном из генов бактериофага Т4 Ф. Крик и др. учёные в 1961 определили общие свойства Г. к.: триплетность, т. е. каждому аминокислотному остатку в полипептидной цепи соответствует набор из трёх оснований (триплет, или кодон) в ДНК гена; считывание кодонов в пределах гена идёт с фиксированной точки, в одном направлении и «без запятых», т. е. кодоны не отделены к.-л. знаками друг от друга; вырожденность, или избыточность, – один и тот же аминокислотный остаток могут кодировать неск. кодонов (кодоны-синонимы). Авторы предположили, что кодоны не перекрываются (каждое основание принадлежит только одному кодону). Прямое изучение кодирующей способности триплетов было продолжено с использованием бесклеточной системы синтеза белка под контролем синтетич. матричной РНК (мРНК). К 1965 Г. к. был полностью расшифрован в работах С. [Очоа](#), М. [Ниренберга](#) и Х. Г. [Кораны](#). Раскрытие тайны Г. к.

явилось одним из выдающихся достижений биологии в 20 в.

Реализация Г. к. в клетке происходит в ходе двух матричных процессов – транскрипции и трансляции. Посредником между геном и белком является мРНК, образующаяся в процессе транскрипции на одной из нитей ДНК. При этом последовательность оснований ДНК, несущая информацию о первичной структуре белка, «переписывается» в виде последовательности оснований мРНК. Затем в ходе трансляции на рибосомах последовательность нуклеотидов мРНК считывается транспортными РНК (тРНК). Последние имеют акцепторный конец, к которому присоединяется аминокислотный остаток, и адаптерный конец, или антикодон-триплет, который узнаёт соответствующий кодон мРНК. Взаимодействие кодона и антикодона происходит на основании комплементарного спаривания оснований: Аденин (А) – Урацил (U), Гуанин (G) – Цитозин (C); при этом последовательность оснований мРНК переводится в аминокислотную последовательность синтезирующегося белка. Разл. организмы используют для одной и той же аминокислоты разные кодоны-синонимы с разной частотой. Считывание мРНК, кодирующей полипептидную цепь, начинается (инициируется) с кодона AUG, соответствующего аминокислоте метионину. Реже у прокариот инициирующими кодонами служат GUG (валин), UUG (лейцин), AUU (изолейцин), у эукариот – UUG (лейцин), AUA (изолейцин), ACG (треонин), CUG (лейцин). Это задаёт т. н. рамку, или фазу, считывания при трансляции, т. е. далее всю нуклеотидную последовательность мРНК считывают триплет за триплетом тРНК до тех пор, пока на мРНК не встретится любой из трёх кодонов-терминаторов, часто называемых стоп-кодонами: UAA, UAG, UGA (табл.). Считывание этих триплетов приводит к завершению синтеза полипептидной цепи. Кодоны AUG и стоп-кодона стоят соответственно в начале и в конце участков мРНК, кодирующих полипептиды.

Генетический код, при помощи которого в мРНК записана информация о первичной структуре белка

Аминокислота	Кодирующие триплеты			
	(кодона)			
Аланин	GCU	GCC	GCA	GCG

Аригин	CGU	CGC	CGA	CGG	AGA	AGG
Аспаргин	AAU	AAC				
Аспаргиновая кислота	GAU	GAC				
Валин	GUU	GUC	GUA	GUG		
Гистидин	CAU	CAC				
Глицин	GGU	GGC	GGA	GGG		
Глутамин	CAA	CAG				
Глутаминовая кислота	GAA	GAG				
Изолейцин	AUU	AUC	AUA			
Лейцин	CUU	CUC	CAU	CUG	UUA	UUG
Лизин	AAA	AAG				
Метионин (инициирующий кодон)	AUG					
Пролин	CCU	CCC	CCA	CCG		
Серин	UCU	UCC	UCA	UCG	AGU	AGC
Тирозин	UAU	UAC				
Треонин	ACU	ACC	ACA	ACG		
Триптофан	UGG					
Фенилаланин	UUU	UUC				
Цистеин	UGU	UGC				
Стоп-кодона	UAA	UAG	UGA			

Г. к. квазиуниверсален. Это значит, что существуют небольшие вариации в значении некоторых кодонов у разных объектов, и это касается прежде всего кодонов-терминаторов, которые могут быть значащими; напр., в митохондриях некоторых эукариот и у микоплазм UGA кодирует триптофан. Кроме того, в некоторых мРНК бактерий и эукариот UGA кодирует необычную аминокислоту – селеноцистеин, а UAG у одной из архебактерий – пирролизин.

Существует точка зрения, согласно которой Г. к. возник случайно (гипотеза

«замороженного случая»). Более вероятно, что он эволюционировал. В пользу такого предположения говорит существование более простого и, по-видимому, более древнего варианта кода, который считывается в митохондриях согласно правилу «два из трёх», когда аминокислоту определяют только два из трёх оснований в триплете.

Литература

Лит.: Crick F. H. a. o. General nature of the genetic code for proteins // Nature. 1961. Vol. 192; The genetic code. N. Y., 1966; Ичас М. Биологический код. М., 1971; Инге-Вечтомов С. Г. Как читается генетический код: правила и исключения // Современное естествознание. М., 2000. Т. 8; Ратнер В. А. Генетический код как система // Соросовский образовательный журнал. 2000. Т. 6. № 3.