

Analiza porównawcza wariantów jądrowych oraz mitochondrialnego genu tRNA metioniny u człowieka

Comparative analysis of the nuclear and mitochondrial tRNA methionine genes in human

Uniwersytet Przyrodniczy w Lublinie, Wydział Nauk o Zwierzętach i Biogospodarki,
Międzywydziałowe Studenckie Koło Naukowe Genetyki Zwierząt

Martyna Jachowicz, Natalia Pasula, Maria Bętkowska, Natalia Sałęga, Katarzyna Makowska, Angelika Tkaczyk-Wlizło, Krzysztof Kowal

Wstęp

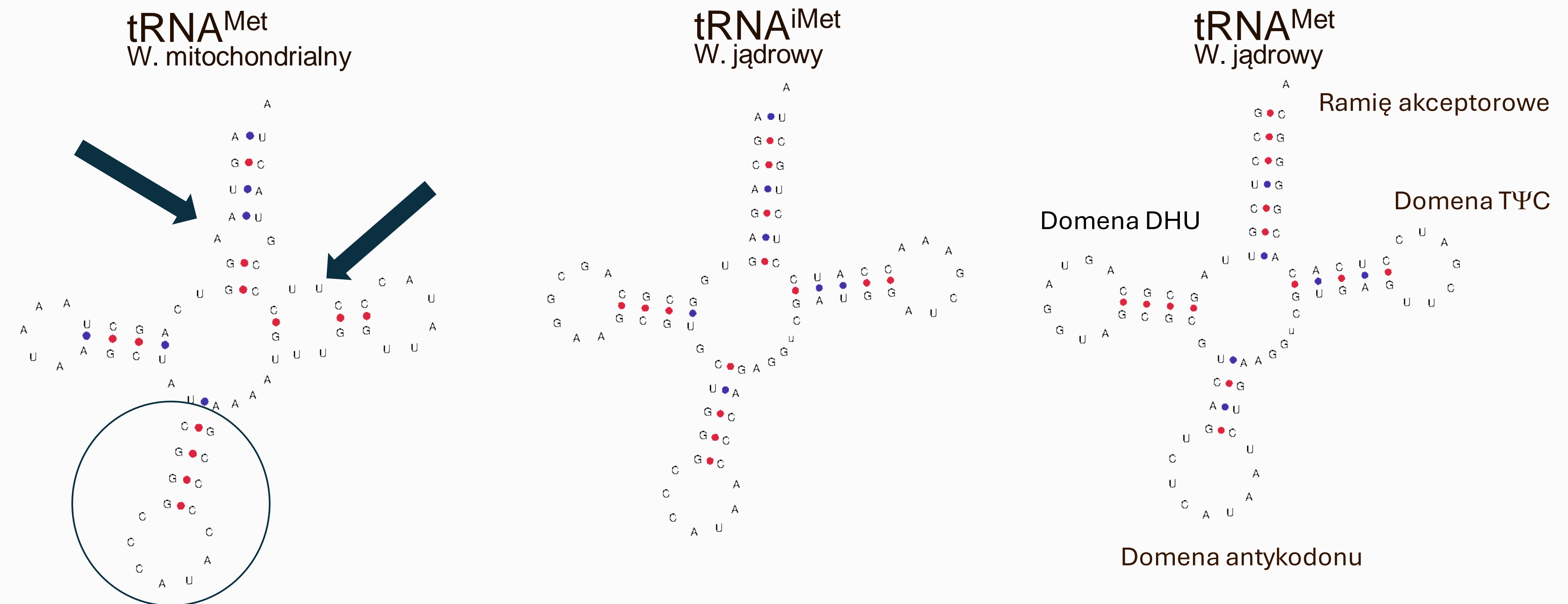
Inicjatorowe tRNA metioniny jako jedyna cząsteczka posiada zdolność do inicjowania translacji. Do ramienia akceptorowego ma ona przyłączoną metioninę, której duża zawartość w białku, stanowi adaptacyjny proces w przeciwdziałaniu stresowi oksydacyjnemu. W zależności od lokalizacji jądrowej bądź mitochondrialnej genu kodującego tRNA metioniny ($tRNA^{Met}$) można zaobserwować zmiany w strukturze i sekwencji tych cząsteczek.

Cel pracy

Wskazanie różnic pomiędzy mitochondrialnym wariantem oraz wariantami jądrowymi genu kodującego cząsteczkę $tRNA^{Met}$ u człowieka.

Metodyka

Sekwencje genów kodujących cząsteczkę $tRNA^{Met}$ pobrano z ogólnodostępnej bazy GenBank, zestawiono w narzędziu Unipro UGENE. Następnie za pomocą narzędzia tRNAscan wygenerowano modele drugorzędowe tych cząsteczek.



Rys. 1. Struktury drugorzędowe tRNA metioniny

Wyniki

Sekwencja genu mitochondrialnego metioniny jest krótsza o 5 nukleotydów od jądrowego tRNA. Ponadto zaobserwowano różnice w 61 z 68 nukleotydów całościowego mitochondrialnego $tRNA^{Met}$. Najbardziej zauważalne zmiany strukturalne występują w domenie akceptorowej oraz domenie TΨC. Objawiają się one brakiem jednego wiązania wodorowego w ramieniu akceptorowym oraz brakiem dwóch wiązań w ramieniu TΨC w genie mitochondrialnym. Jest to spowodowane obecnością w tych miejscach nukleotydów niekomplementarnych względem siebie.

Podsumowanie

Możliwe jest, że powstałe w ten sposób wypętlenia stanowią znak do działania endonukleaz, a tym samym świadczą o niedojrzałości mitochondrialnej formy tRNA metioniny względem wariantów jądrowych. Tak duże różnice pomiędzy porównywanymi genami najprawdopodobniej wynikają z endosymbiotycznego pochodzenia mitochondriów. Może mieć na to wpływ także fakt, że mitochondrialny DNA nie ulega rekombinacji.



Rys. 2. Sekwencje nukleotydowe z programu Unipro UGENE