الشفرة الوراثية Genetic Code:

عبارة عن وصف العلاقة بين تتابع قواعد البيورينات والبارميدينات في جزيئات الدنا والرنا المراسل من جهة و تتابع الأحماض الأمينية في البروتينات المشفر لها بواسطة الـــ DNA و mRNA ويتألف الكودون من ثلاث من القواعد الأحادية للبيورين أو/ و البايرمدين والتي تعين حامض أميني واحد في السلسلة متعددة الببتيد . يوجد هناك 64 تشكيلاً ثلاثياً ممكناً من tRNA رغم وجود 20 حامض أميني فقط وذلك لأنه يمكن لحامض أميني معين واحد أن يشفرمن قبل اكثر من tRNA واحد هذا يعني أن عدة تشكيلات ثلاثية نيوكليوتيدية ممكن ان تشفر لنفس الحامض الأميني و لكن لا يمكن لـــ tRNA تحديد أكثر من حامض أميني واحد وأول من أستنبط فهرس كلمات الشفرة لكل حامض أميني هو Nirenberg وكان واحد من أعظم الأنجازات أهمية في علم الأحياء الحديثة .

عدد القواعد في الكودون

عدد القواعد الهيدروجينية $4^2 = 16$ ولكن أذا كان $4^3 = 64$

(G.C.T.A) لاتعطي الـ 20 حامض أميني تعطي الـ 20 حامض أميني

لا تشفر ثلاث من هذه الثلاثيات الـ 64 (كودون) لاي من الأحماض الأمينية الـــ 20 وتدعى هذه الكودونات بوحدات الشفرة التي لا معنى لها Non-sense codons وعلى الرغم من ذلك فأن هذة الكودونات الثلاثة مهمة جداً لأنها تستخدم في تبليغ اشارة نهاية سلسلة البروتين , أي أنها تستخدم كعلامات ترقيم بين الجينات . تتميز الكودونات الثلاثة التي لا معنى لها بواسطة بروتينات نوعية تحرر سلسلة كاملة متعددة الببتيد من جزيئة الـــ tRNA و هي تطابق بعملها علامات التنقيط الموجودة في لغات البشر . لأن عدم وجود التنقيط أو الترقيم في

الشفرة الوراثية فأن جميع البروتينات المشفرة بواسطة جزيئة مفردة من mRNA ستتصل مع بعضها و لايتم التمييز بينها ومن المهم جداً أن تبدأ عملية أبتداء الأستنساخ عند الكودون الصحيح بل عند النيوكليوتيد الصحيح ضمن ذلك الكودون ، ويمكن قراءة تتابع النيوكليوتيدات (القواعد) بثلاث طرق مميزة أعتماداً على النقطة التي يبدأ نسق القراءة عندها و بالتالي فهو يعتمد على موقع أبتداء الكودون الأول حيث يمكن تعيين مجموعة مختلفة تماماً من الأحماض الأمينية وهذا يؤكد البداية الدقيقة لأستنساخ الدنا وترجمة الرنا المراسل وحالما يحدد موقع أبتداء الأستنساخ والترجمة فأن نسق القراءة سوف يستمر بالقراءة المتسلسلة لثلاثة قواعد في كل مرة . تتطلب طبيعة الشفرة الوراثية أن يكون تتابع الكودونات في الجين متطابقا بشكل مباشر لترتيب الأحماض الأمينية في البروتين المشفر بواسطة ذلك الجين .

الجين الأصطناعي Artificial gene

حقق العالم (1976) Khorana *et al*. أنجازاً هائلاً هو التخليق الكيميائي للجين و الذي يعمل بصورة طبيعية عند أدخالة في الجرثومة ***Escherichia coli*** يشفرهذا الجين الأصطناعي لتخليق RNA الذي يرتبط بالثايروسين. وتم تخليق جزيئة DNA حاوية على تتابع دقيق للبيورينات و البايرمدينات للجين أضافة الى تخليق أشارة أبتداء قصيرة عند بداية الجين و أشارة توقف في نهاية ذلك لكي يعبر الجين عن نفسة بصورة صحيحة وكان يأمل هذا العالم في دراسته معرفة تأثير تغيير تتابع البيورينات و البارمدينات في أشارات الأبتداء و التوقف و السيطرة على الأستنساخ لكي يقدم المفهوم الصحيح عن كيفية تكون جينات معينة لخلايا السرطان خارج نطاق السيطرة .

أستنساخ الخيط الحسي للجين :

هناك خيطين في الجين متكاملين وغير متماثلين يطلق على الخيط الذي يستنسخ الى الرنا الرسول mRNA بـ Antisense strand الخيط ضد الحسي وهو الذي يحدد تتابع الأحماض الأمينية للبروتين المشفر له أما الخيط الأخر المكمل للخيط الحسي فيسمى بالخيط الحسي sense حيث لا يستنسخ الى mRNA لان تتابع القواعد لا يعني شيئاً ولكن تكمن أهميته في أستعمالة كقالب لأنتاج خيط ضد الحسي أثناء عملية تكرار أو تضاعف الدنا . يكون الحفاز

والفاصل على شكل وحدات ثنائية موجودة على الخيطين اللذان يشتركان في عمل هذه العوامل المسيطرة .