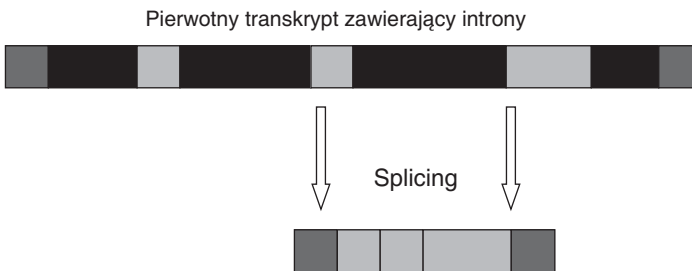


aminokwasy do rybosomów w porządku zgodnym z sekwencją mRNA, co zapewnia ich łączenie we właściwej kolejności (Rys. 3). W komórkach znajduje się zwykle 31–40 indywidualnych rodzajów tRNA, z których każdy wiąże jeden konkretny z 20 aminokwasów. W rezultacie na jeden aminokwas może przypadać więcej niż jeden tRNA. Warianty tRNA wiążące ten sam aminokwas noszą nazwę **izoakceptorów**. Przed rozpoczęciem translacji każdy aminokwas zostaje kowalencyjnie połączony ze swym tRNA, który rozpoznaje następnie wskazujące nań kodony w mRNA. Wiązanie aminokwasu z odpowiednim tRNA nazywamy **aminoacylacją** lub **ładowaniem**. Każdy aminokwas jest kowalentnie wiązany z końcem ramienia akceptora tRNA przez enzym nazywany **syntetazą aminoacylo tRNA**. Dla poszczególnych aminokwasów istnieją odrębne takie enzymy, z których każdy może łądować wszystkie izoakceptory tRNA swojego aminokwasu.



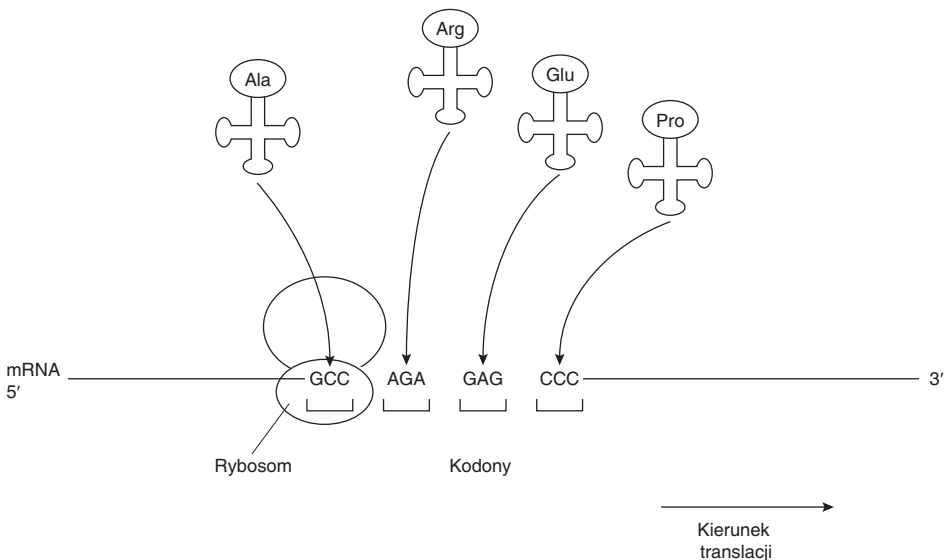
Rysunek 2. Splicing pre-mRNA. Pierwotny transkrypt zawiera introny (pola czarne), eksony (pola jasno szare) oraz obszary niepodlegające translacji 3' i 5'. Po splicingu cząsteczki mRNA introny są usunięte i cząsteczka jest gotowa do przyłączenia czapeczki na końcu 5' oraz dodawania poli-A na końcu 3', przed eksportem do cytoplazmy w celu translacji

Po dołączeniu odpowiedniego aminokwasu tRNA rozpoznaje jego kodon w mRNA, pozwalając umieścić ten aminokwas we właściwej pozycji, zgodnie z sekwencją mRNA. Zapewnia to dokładną translację kodów zawartych w mRNA na odpowiadającą im sekwencję aminokwasów. Rozpoznanie kodonu odbywa się za pośrednictwem pętli antykodonu w tRNA, a dokładniej trzech nukleotydów tworzących **antykodon**, który wiąże kodon przez komplementarne parowanie zasad. Kiedy dwa aminokwasy są do siebie zbliżone, enzym **transferaza peptydylowa** tworzy między nimi wiązanie peptydowe, i w ten sposób następuje wydłużanie powstającego łańcucha polipeptydowego. Cztery zasady obecne w DNA mogą utworzyć 64 kodony. Trzy z nich działają jako sygnały do zatrzymania procesu translacji, a pozostałe 61 koduje 20 aminokwasów, z których składają się białka (Sekcja A3).

Rybosomy istnieją jako oddzielne wielkie i małe podjednostki. Pierwszy krok translacji polega na związaniu podjednostki małej rybosomu z mRNA. Translacja zaczyna się zwykle od sekwencji **AUG** (w bakteriach czasami wykorzystywane są GUG lub UUG) kodującej metioninę i nazywanej kodonem inicjującym translacji.

Translacja przebiega wzdłuż mRNA, poczynając od miejsca inicjacji, przy czym aminokwasy łączone są wiązaniami peptydowymi. Początkowa metionina jest usuwana z powstającego polipeptydu. RNA matrycowe (mRNA) mogą uczestniczyć w translacji równocześnie w wielu rybosomach, tworząc struktury zwane polisomami. Proces translacji zatrzymują kodony terminacyjne (Sekcja A3).

Polipeptydy są dalej przetwarzane przez enzymy modyfikujące niektóre aminokwasy. Może to obejmować dodawanie niewielkich grup chemicznych; przykładami takich procesów są: metylacja, hydroksylacja i formylowanie. Często dodawane są łańcuchy cukrów w procesie zwanym glikozylacją. Ogólnie biorąc, wszystkie białka wystające poza komórkę są glikozylowane. Proces ten odbywa się w aparatach Golgiego. Konkretny przykład dotyczy ludzkich erytrocytów, gdy krew grupy A ma *N*-acetylogalaktozaminę w łańcuchu polisacharydowym, zwaną substancją H. We krwi grupy B zamiast niej jest galaktoza, a komórki krwi grupy AB mają obydwie substancje przyłączone do odrębnych łańcuchów. We krwi grupy 0 występuje niezmodyfikowana substancja H.



Rysunek 3. Rola tRNA w translacji