

Počítačové simulace osvětlily, jak neobvyklé tRNA mění pravidla čtení genetického kódu

8.6.2026 - Jakub Dražanský | Vysoká škola chemicko-technologická v Praze

Vědci z VŠCHT Praha přispěli k rozsáhlé studii, která ukázala, že i malá změna v transferové RNA (tRNA) může zásadně ovlivnit, jak buňka čte svou genetickou informaci. Počítačové simulace vysvětlily, proč některé tRNA dokážou ignorovat signál, který za běžných okolností znamená konec syntézy bílkovin. Takové tRNA byly známy u vyšších organismů. Studie však zmapovala, jak běžné jsou tyto zvláštní tRNA v bakteriích.

Genetický kód je sada pravidel, podle kterých buňka překládá genetickou informaci během syntézy proteinů. Klíčovou roli v tomto procesu hrají transferové RNA (tRNA), které rozpoznávají malé kousky mRNA, tzv. kodony, prostřednictvím svého antikodonu. Kromě aminokyselinových kodonů existuje jeden startovací kodon a několik terminačních. Terminační kodony nejsou rozpoznávány transferovými RNA, ale specializovanými enzymy, které syntézu proteinu ukončí. Standardní tRNA mají v oblasti tzv. antikodonového stonku pět párů nukleobází. Nedávno se ale ukázalo, že některé organismy nesou funkční tRNA s pouze čtyřmi páry. Tyto „zkrácené“ varianty dokážou rozpoznávat i kodony, které by jim podle klasických pravidel neměly odpovídat.

Mezinárodní tým pod vedením Biologického centra AV ČR v Českých Budějovicích analyzoval přes 42 000 bakteriálních genomů a zjistil, že tRNA se čtyřpárovým stonkem se v bakteriích vyskytují překvapivě často. V některých případech tyto varianty pravděpodobně umožňují čtení terminačního kodonu UGA jako aminokyselinu tryptofan. Tento jev byl dosud spojován především s jednobuněčnými eukaryoty.

Skupina doc. Koláře z Ústavu fyzikální chemie na VŠCHT Praha se v projektu zaměřila na otázku, jak čtyřpárový stoněk mění dekódovací vlastnosti tRNA. K tomu využili atomistické simulace molekulární dynamiky, které umožňují sledovat pohyb každého atomu tRNA v čase.

Jakub Žváček, student magisterského programu Datové inženýrství v chemii, připravil celkem devět variant odvoze tryptofanové tRNA z bakterie *Escherichia coli*: původní typ s pětípárovým stonkem, šest mutantů s rozrušeným horním párem bazí a dvě dříve popsané varianty podporující čtení terminačního kodonu UGA (mutace G24A a A9C). Výsledky simulací ukázaly, že rozrušení horního páru bazí nezpůsobuje rozpad celkové trojrozměrné struktury tRNA. Ta zůstává stabilizována patrovými interakcemi sousedních bazí a nekanonickými vodíkovými vazbami. Klíčový poznatek se ale týká oblasti na rozhraní D-ramena a stonku, jakéhosi kloubu tRNA. U některých mutantů simulace odhalily destabilizaci této oblasti a zvýšenou flexibilitu antikodonového stonku, což připomíná chování známých mutací podporujících čtení terminačních kodonů. Simulace tak poskytly strukturní vysvětlení experimentálních pozorování a pomohly formulovat predikce o tom, které kombinace nukleotidů v rozrušeném páru jsou funkčně relevantní.

Studie navrhla rozšíření tzv. superwobble hypotézy o nekanonické C:A párování na třetí pozici kodonu. Pokud se tato hypotéza potvrdí i u dalších typů tRNA, bude mít zásadní dopady na naše chápání toho, jak se genetický kód společný všem známým organismům evolucí formoval.

Výsledky byly publikovány v časopise *Nucleic Acids Research* (2026, 54, gkag327).

Molekulární architektura transferové RNA s vyznačeným 5. párem nukleobází, který má vliv na dekódovací schopnosti antikodonu.

Analýza flexibility antikodonového stonku ukázala, že mutace 5. páru nukleobází (C27A) umožňující pročitání terminačního kodonu UGA rozvolňuje antikodonový stonek podobně, jako dříve známá Hirschova mutace G24A. Naopak mutace C27U stonek nerozvolňuje, což je v souladu s pozorováním, že v genomech bakterií obsahujících tRNA se čtyřpárovými stonky se tato mutace nevyskytuje.

<https://www.vscht.cz/popularizace/cim-se-zabyvame/michal-kolar-trna>