

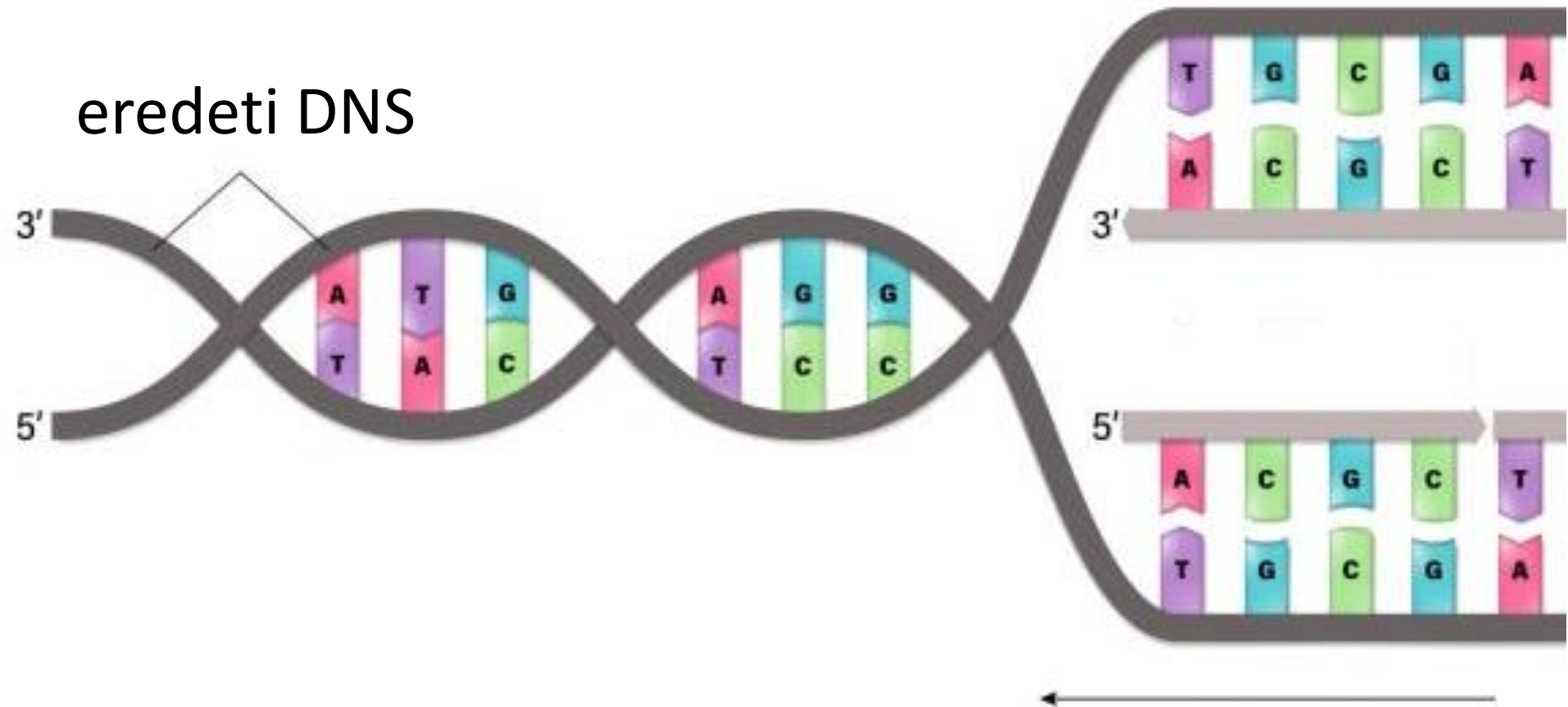
Információátadás a sejtben és fehérjeszintézis

Minden sejtosztódás előtt megkettőződik a DNS (replikáció), ez a nagy DNS molekula teljes hosszában lejátszódik.

Széttekerő (helikáz) enzim szétnyitja a DNS két szálát/láncát a bázisok közötti hidrogénkötések megbontásával, majd mindkét lánc mentén a bázispárosodás szabályainak megfelelően (A-T C-G) komplementer láncot hoz létre a DNS-polimeráz enzim.

A létrejött két kettős láncú DNS az eredetivel és egymással is megegyezik. Mindkét DNS egyik lánc az eredeti molekulából származik, a másik lánc/szál újonnan képződött (ezért mondjuk a replikáció folyamatát szemikonzervatívnak – „félíg megőrző”-nek.)

Replikáció



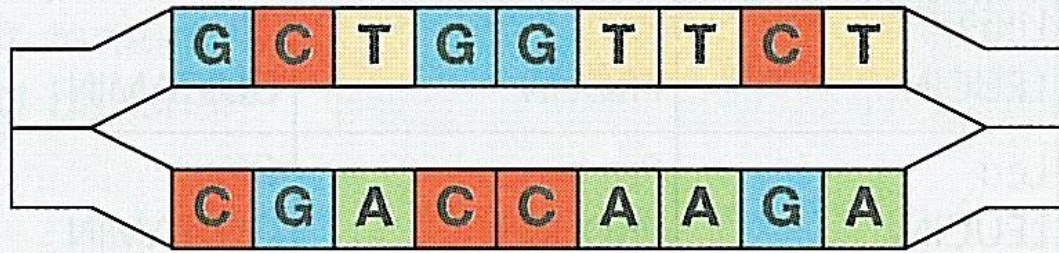
Replikáció

[DNS megkettőződés egyszerűen \(42 másodperces animáció\)](#)

[DNS megkettőződés részletesen \(3,5 perces animáció\)](#)

az információátadás iránya

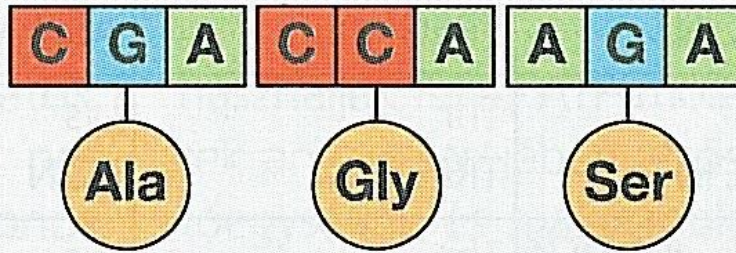
DNS



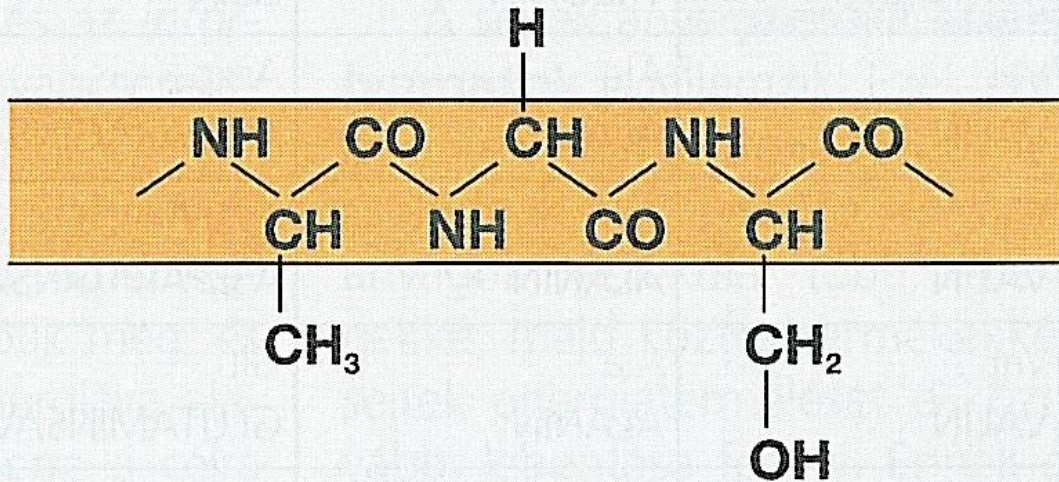
mRNS



tRNS

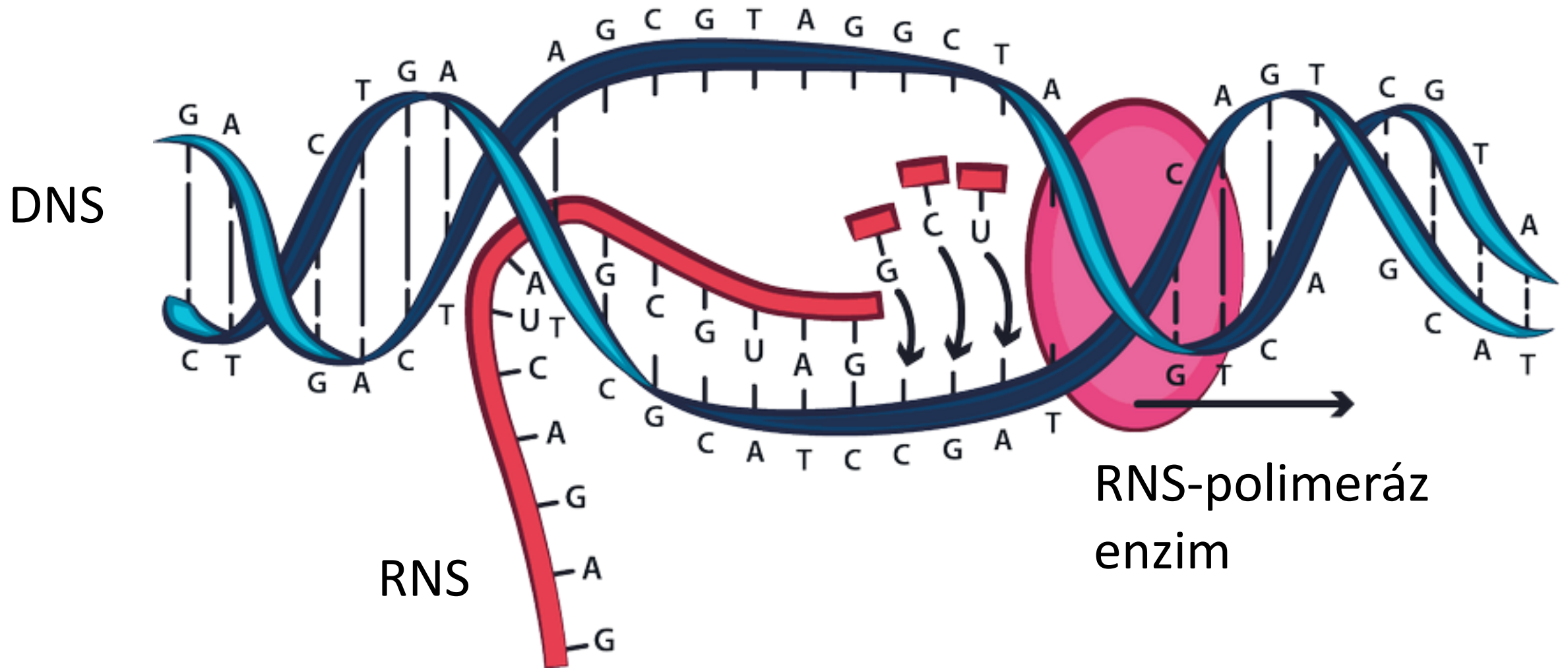


FEHÉRJE



A DNS-ben tárolt információ átadási iránya

Az RNS képződésekor (transzkripció) a DNS-nek csak egyik szála szolgál mintaként (minta szál/átíródő szál). Az RNS-polimeráz enzim a bázispárosodás szabályai szerint hozza létre a DNS minta szála mentén az új RNS molekulát.



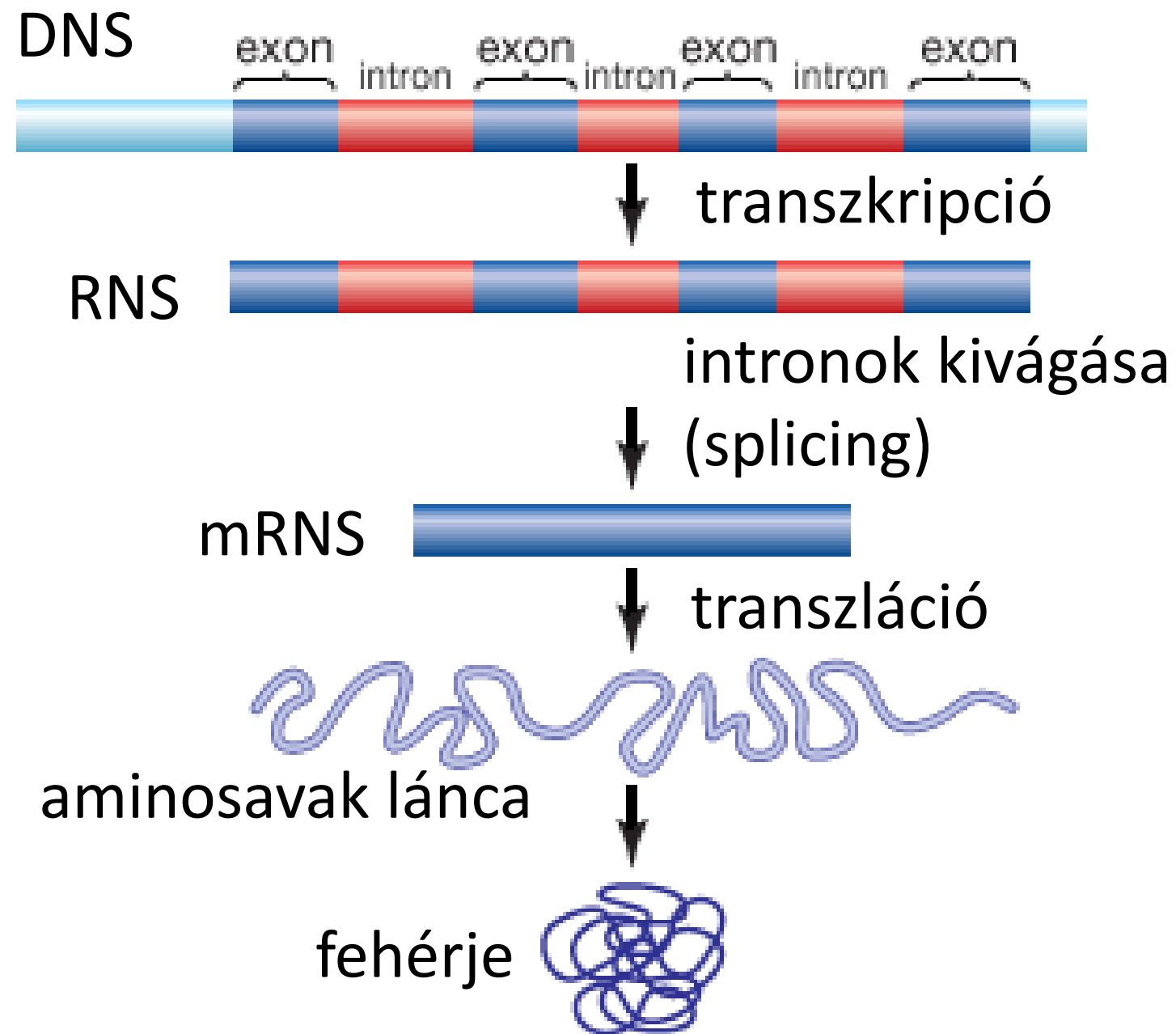
Transzkripció

33 másodperces animáció:

<https://www.youtube.com/watch?v=bmeB2Bwl35M>

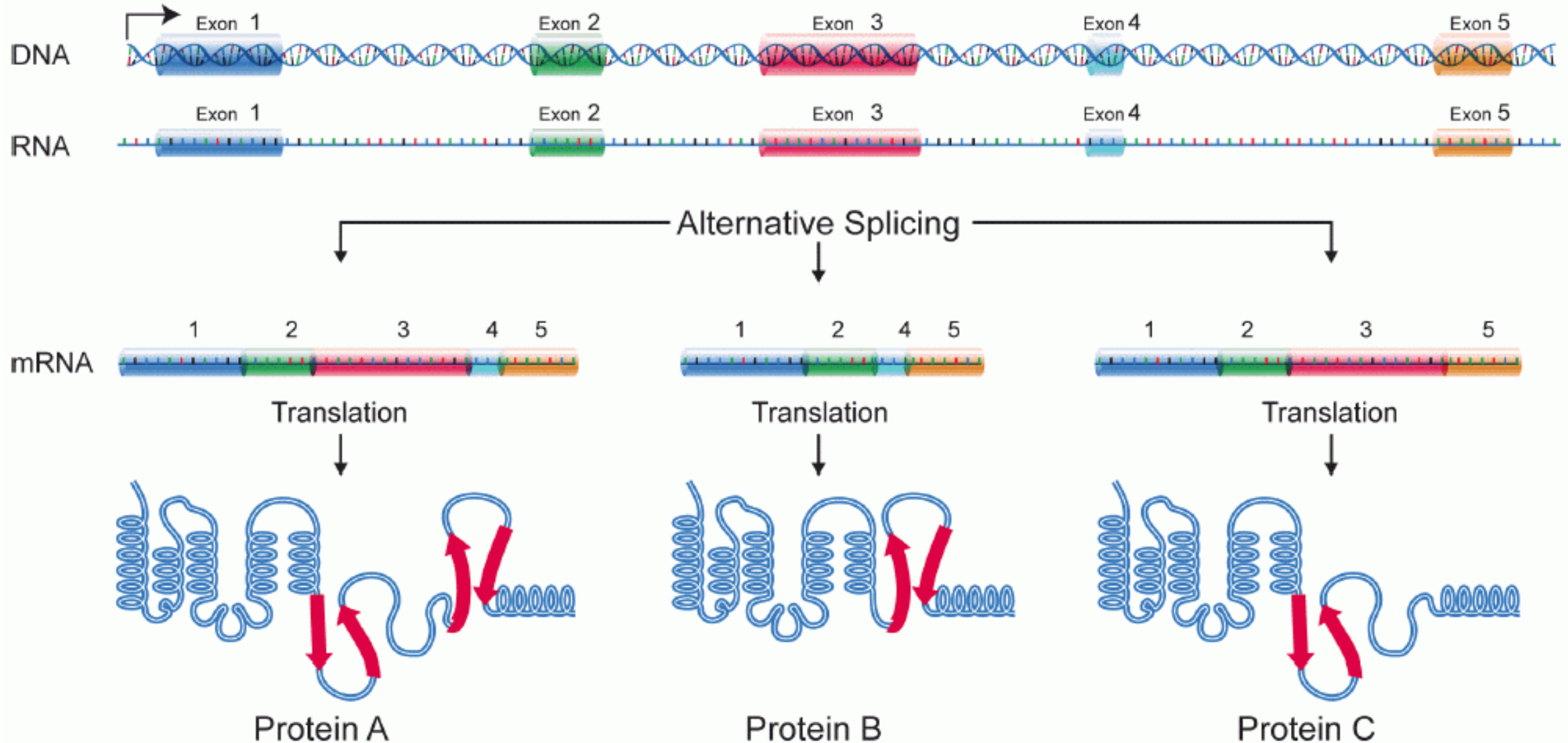
1 p 40 mp-es videó:

<https://www.youtube.com/watch?v=YpXkIESUSUc>



Az eukariótákban a DNS-láncon a gén nem mindig folytonos, egyes génekben vannak olyan szakaszok, amelyek nem kódolják a fehérje egy részét sem (intronok), amelyek a sejtmagban kivágásra kerülnek. Az érett mRNS-be az exonok kerülnek.

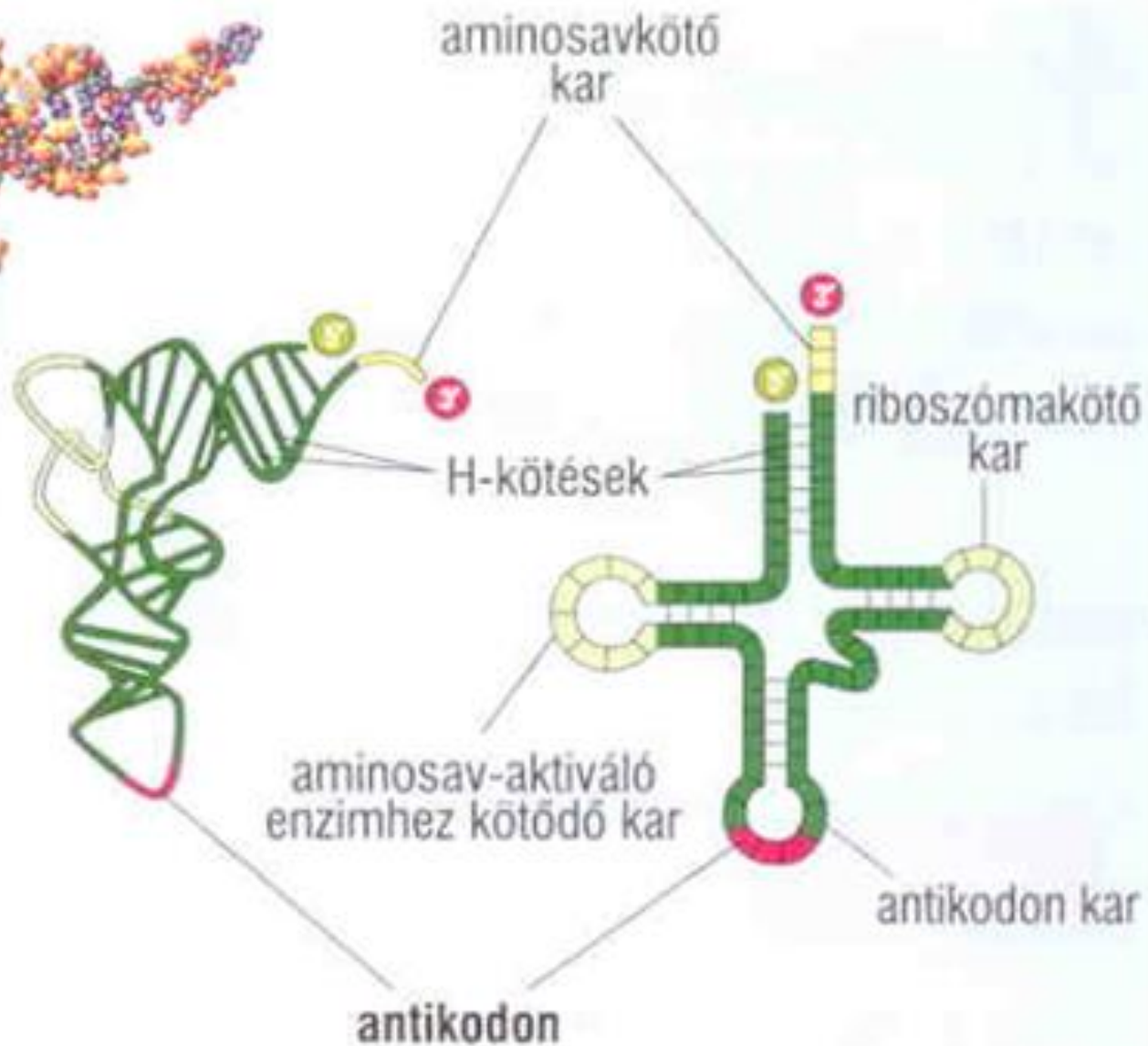
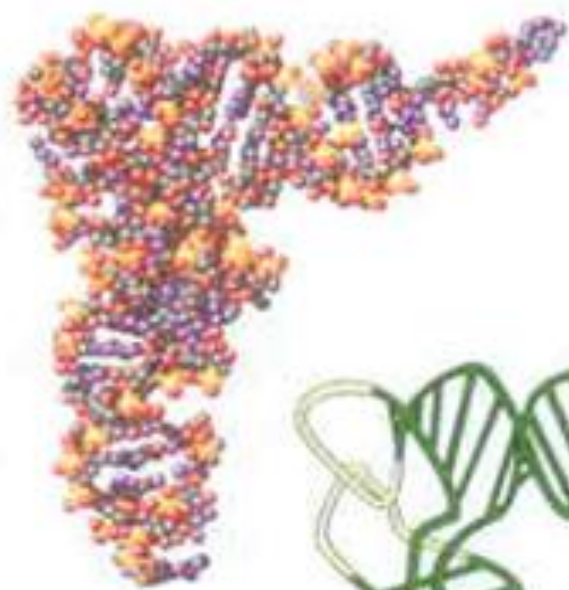
Adott gén (fehérjét kódoló DNS szakasz) alapján, ha különböző exonok kerülnek az érett mRNA-be, eltérő fehérjék keletkeznek.
(A folyamat neve: alternatív splicing.)



Aminosavak aktiválása (32 másodperces animáció)

<https://www.youtube.com/watch?v=yaw0eHZ333Q>

Mind a húszféle aminosavnak külön aktiváló enzime van. Ezek az enzimek gondoskodnak arról is, hogy adott tRNS-hez csak a meghatározott aminosav kapcsolódhasson.



A tRNS két térbeli
modellje
és jobb oldalon
ugyanazon molekula
kétdimenziós
leképezése

A transzláció lényege röviden

33 másodperces animáció:

<https://www.youtube.com/watch?v=xCtI6dO7nSI>

A riboszóma végighalad az mRNS-en, és közben az mRNS kodonjaihoz sorban a megfelelő tRNS-ek kapcsolódnak. Az érkező tRNS által szállított aminosav hozzákapcsolódik a képződő fehéréhez. A folyamat akkor fejeződik be, amikor a riboszóma egy STOP jelhez (STOP-kodonhoz) érkezik.

Transzláció (1 perces animáció)

<https://www.youtube.com/watch?v=bH0fays96C0>

A kodonszótár az mRNS kodonja (bázishármasa)
és a képződő fehérjébe beépülő aminosav
közötti kapcsolatot mutatja.

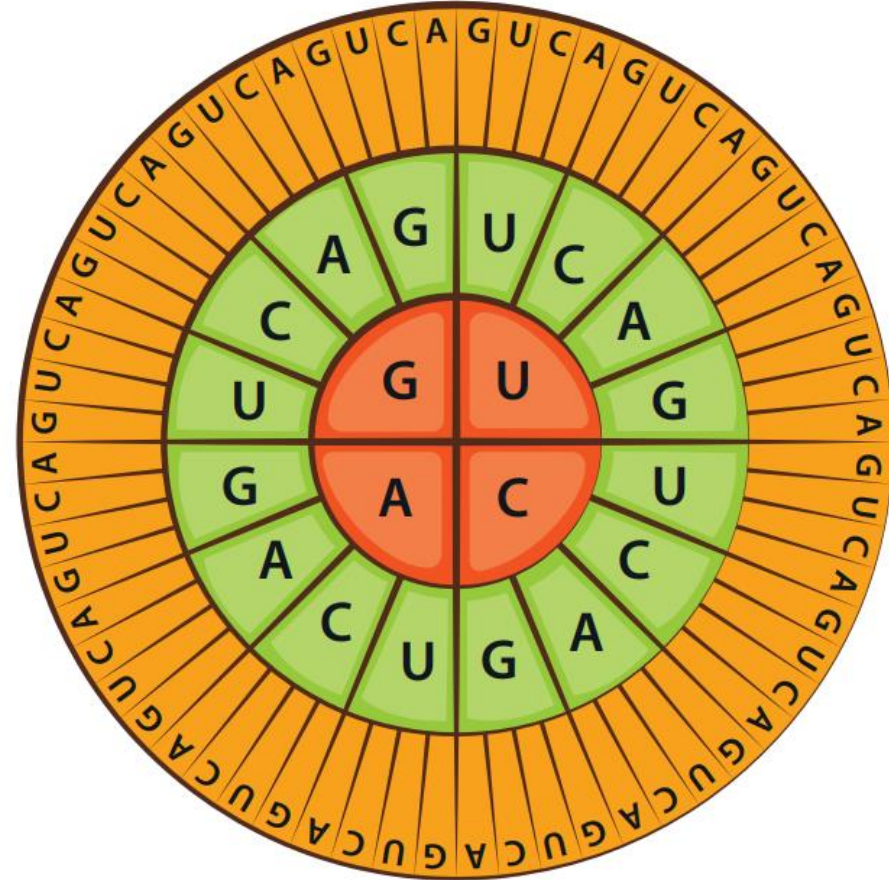
A húsz aminosav kódolásához 3 bázis szükséges

A
U
G
C

1 bázis
4 lehetőség

AU	UU	CU	GU
AG	UG	CG	GG
AC	UC	CC	GC
AA	UA	CA	GA

2 bázis
16 lehetőség



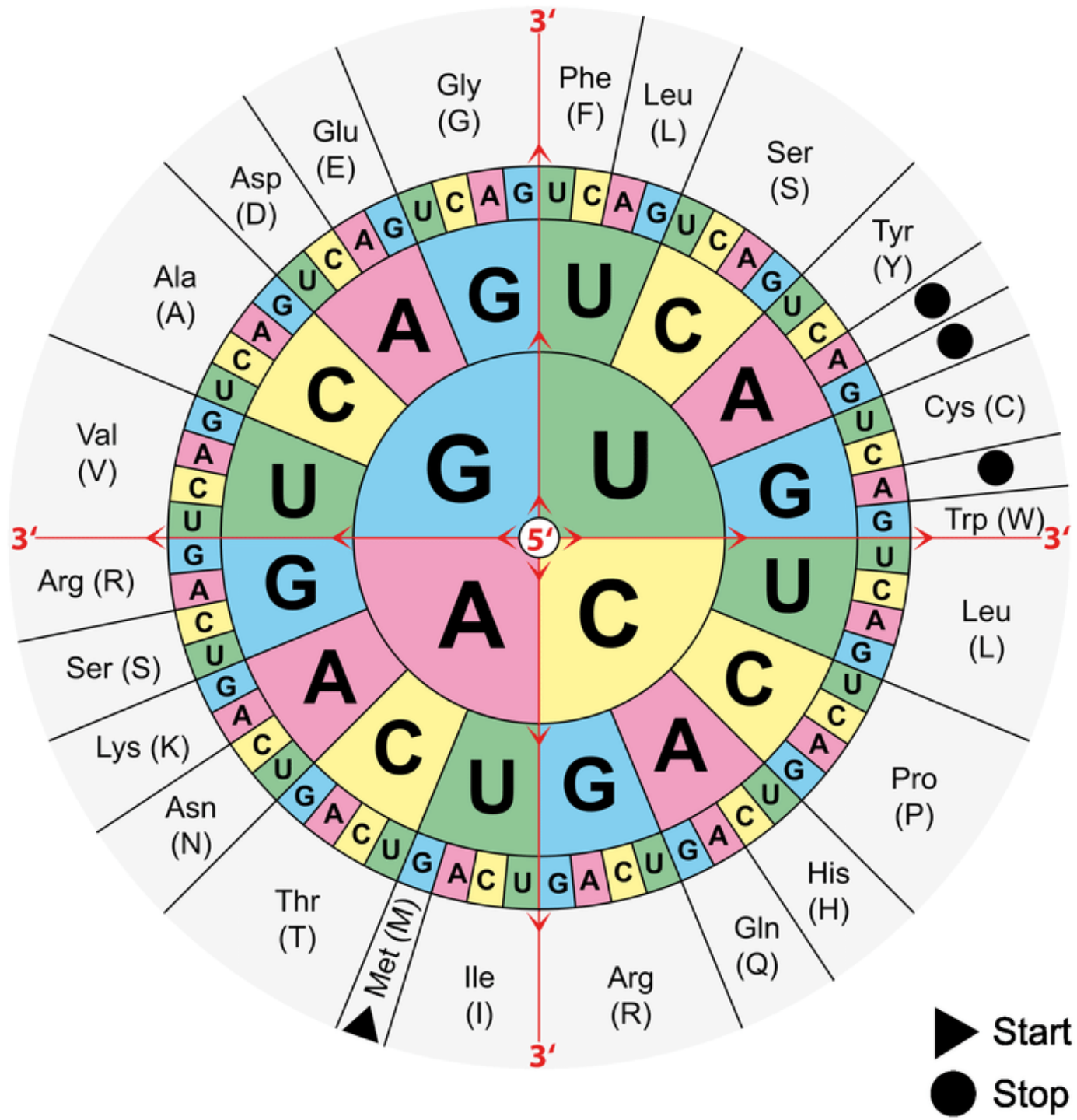
3 bázis
64 lehetőség

Az mRNS bázishármasa (kodon)					
1. bázis	2. bázis				3. bázis
	U	C	A	G	
U	fenilalanin	szerin	tirozin	cisztein	U
	fenilalanin	szerin	tirozin	cisztein	C
	leucin	szerin	STOP	STOP	A
	leucin	szerin	STOP	triptofán	G
C	leucin	prolin	hisztidin	arginin	U
	leucin	prolin	hisztidin	arginin	C
	leucin	prolin	glutamin	arginin	A
	leucin	prolin	glutamin	arginin	G
A	izoleucin	treonin	aszparagin	szerin	U
	izoleucin	treonin	aszparagin	szerin	C
	izoleucin	treonin	lizin	arginin	A
	metionin lánckezdő	treonin	lizin	arginin	G
G	valin	alanin	aszparaginsav	glicin	U
	valin	alanin	aszparaginsav	glicin	C
	valin	alanin	glutaminsav	glicin	A
	valin	alanin	glutaminsav	glicin	G

Nem kell megtanulni,
használni kell tudni:

- bal oszlopban 1. bázis
- felül a 2. bázis
- jobb oldalon a 3. bázis olvasható le.

Pl.: AUG - metionin



A kodonszótár
kör alakú
ábrázolása

Keresd lent a
metionint! AUG

Csak érdekesség: Az egyes aminosavakat hány kodon határozza meg (A kodonszótárból kigyűjtve)

GCA GCC GCG GCU	AGA AGG CGA CGC CGG CGU	GAC GAU	AAC AAU	UGC UGU	GAA GAG	CAA CAG	GGA GGC GGG GGU	CAC CAU	AUA AUC AUU	
Ala	Arg	Asp	Asn	Cys	Glu	Gln	Gly	His	Ile	
UUA UUG CUA CUC CUG CUU	AAA AAG	AUG	UUC UUU	CCA CCC CCG CCU	AGC AGU UCA UCC UCG UCU	ACA ACC ACG ACU	UGG	UAC UAU	GUA GUC GUG GUU	UAA UAG UGA
Leu	Lys	Met	Phe	Pro	Ser	Thr	Trp	Tyr	Val	stop

A kodonszótár minden ismert földi élőlényben megegyezik: ugyanaz a bázishármas (kodon) ugyanazt az aminosavat kódolja*. (Univerzális = egyetemes a genetikai kódrendszer.)

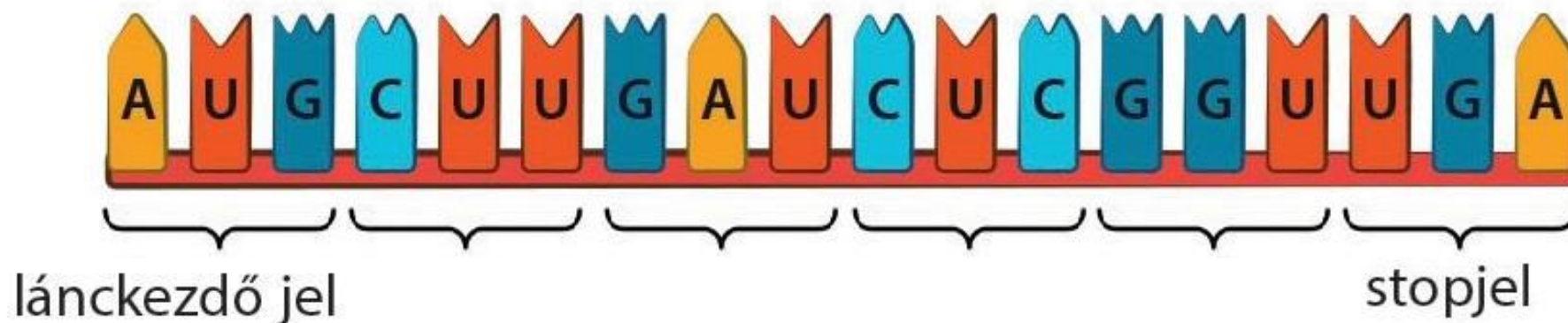
Ez a földi élet közös eredetének legfőbb bizonyítéka, minden ismert élőlény egy közös ősi életformából származik, rokonai vagyunk egymásnak.

Ez teszi lehetővé, hogy például emberi inzulin génjét baktériumba ültetve, a baktérium az emberi fehérjét termeli, hiszen adott bázishármas ugyanazt az aminosavat kódolja mindkét fajban.

**Néhány kivétel akad: például mitokondriumokban, egyes élesztőknél, más élőlényeknél előfordul, hogy adott bázishármas más aminosavat kódol, de a kodonszótár döntő része itt is megegyezik a többi élőlényével.*

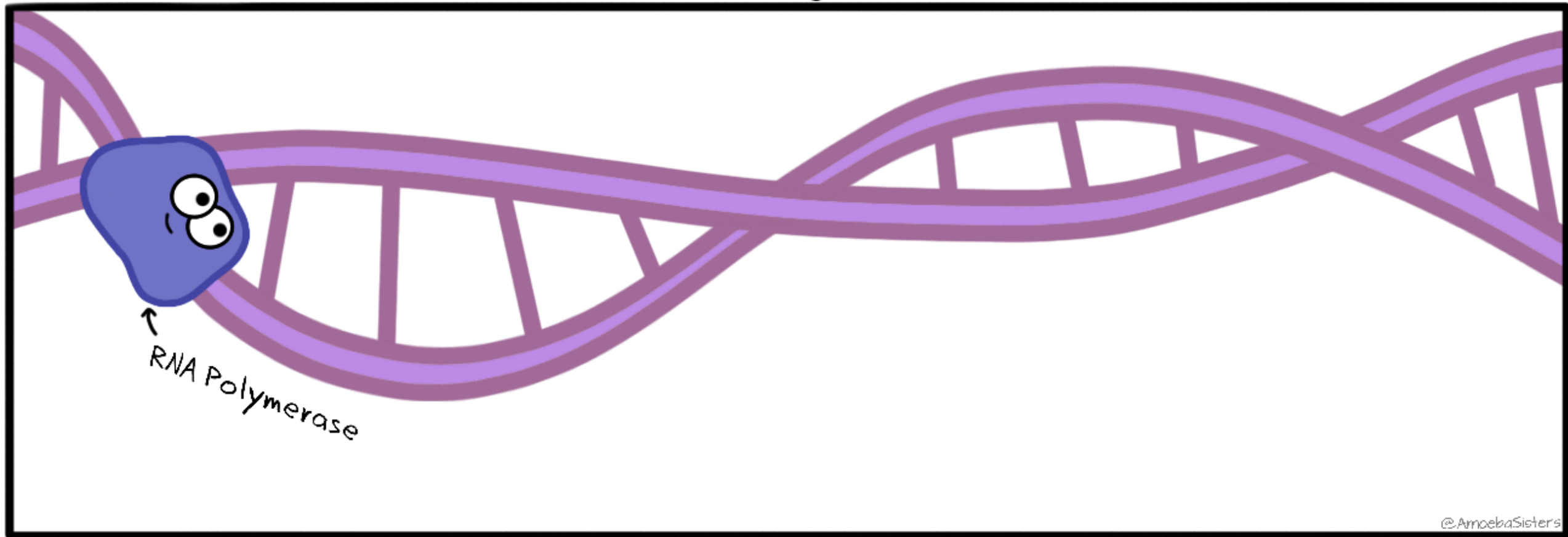
A DNS és RNS molekulákban nem különülnek el a bázishármasok (tripletek), nincs szünetjel, minden bázis azonos értékű. Honnan tudja a sejt, hogy hol vannak a tripletek határai ezekben a nukleinsavakban?

Mindig a kezdő triplettől indul a leolvasás (mRNS-ben ez az AUG kodon), három egységenként találjuk a következő tripletet. A riboszóma is három egységgel mozdul el az mRNS-en, így „felismerhetők” a kodonok határai.



Protein Synthesis

@AmoebaSisters



@AmoebaSisters

Step 1: Transcription

Összeállította:

Gergely Tibor, a Nyíregyházi Krúdy Gyula Gimnázium tanára