

Inżynieria genetyczna INGE2

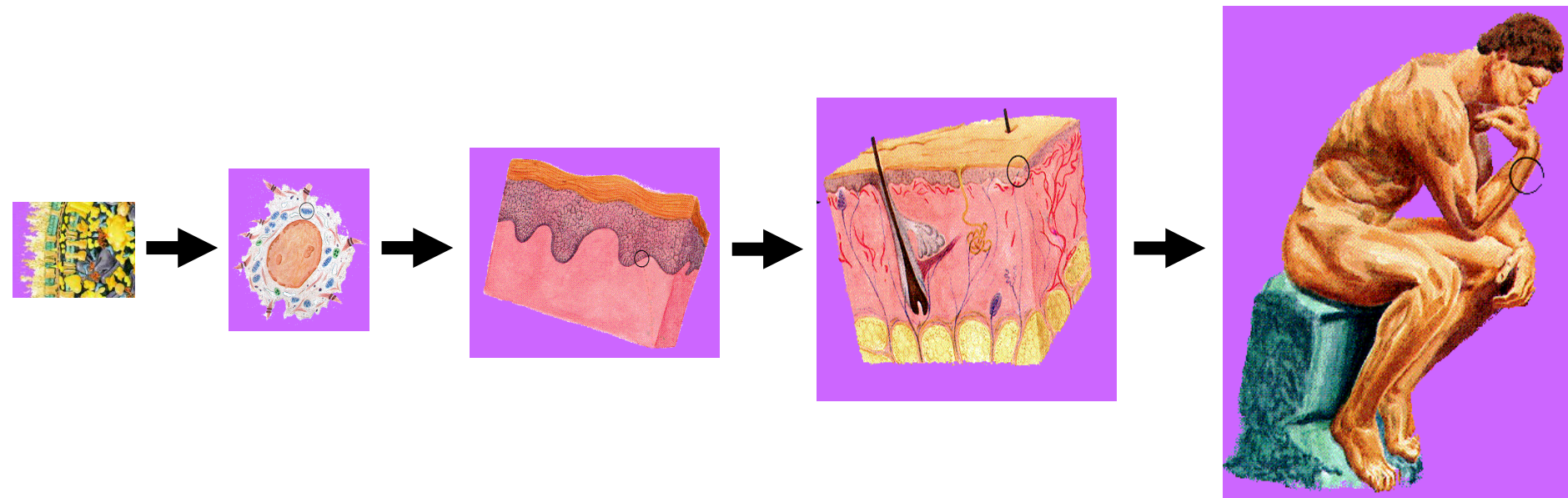
Michał Mikula

Zakład Genetyki
Centrum Onkologii-Instytut
im. Marii Skłodowskiej-Curie

email: mikula.michal@gmail.com

<http://www.ire.pw.edu.pl/~trubel/dydaktyka/inge/>

Hierarchiczna organizacja organizmu żywego



Węgiel - podstawowy budulec biomolekuł

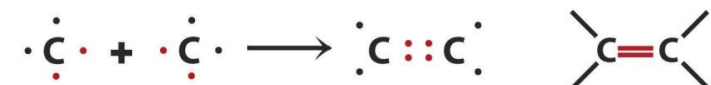
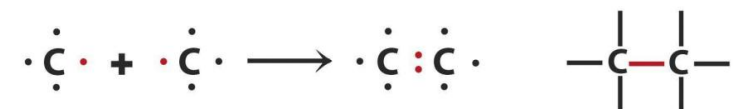
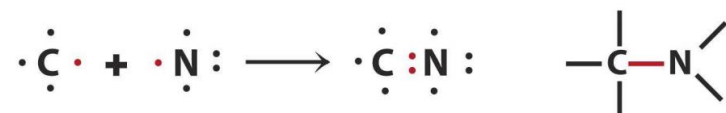
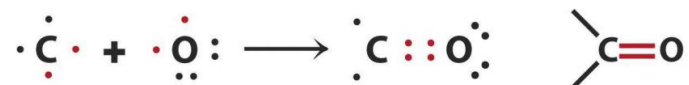
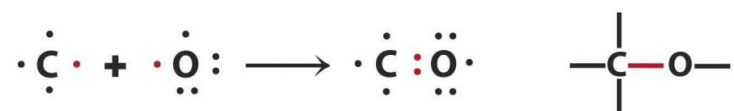
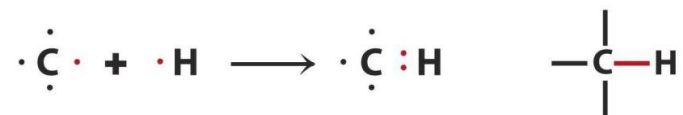
►30 pierwiastków budujących ciało człowieka:

O (65%), **C** (18%), H (10%), N (3%)

1 H																	2 He						
3 Li	4 Be																	5 B	6 C	7 N	8 O	9 F	10 Ne
11 Na	12 Mg																	13 Al	14 Si	15 P	16 S	17 Cl	18 Ar
19 K	20 Ca	21 Sc	22 Ti	23 V	24 Cr	25 Mn	26 Fe	27 Co	28 Ni	29 Cu	30 Zn	31 Ga	32 Ge	33 As	34 Se	35 Br	36 Kr						
37 Rb	38 Sr	39 Y	40 Zr	41 Nb	42 Mo	43 Tc	44 Ru	45 Rh	46 Pd	47 Ag	48 Cd	49 In	50 Sn	51 Sb	52 Te	53 I	54 Xe						
55 Cs	56 Ba		72 Hf	73 Ta	74 W	75 Re	76 Os	77 Ir	78 Pt	79 Au	80 Hg	81 Tl	82 Pb	83 Bi	84 Po	85 At	86 Rn						
87 Fr	88 Ra		Lanthanides Actinides																				

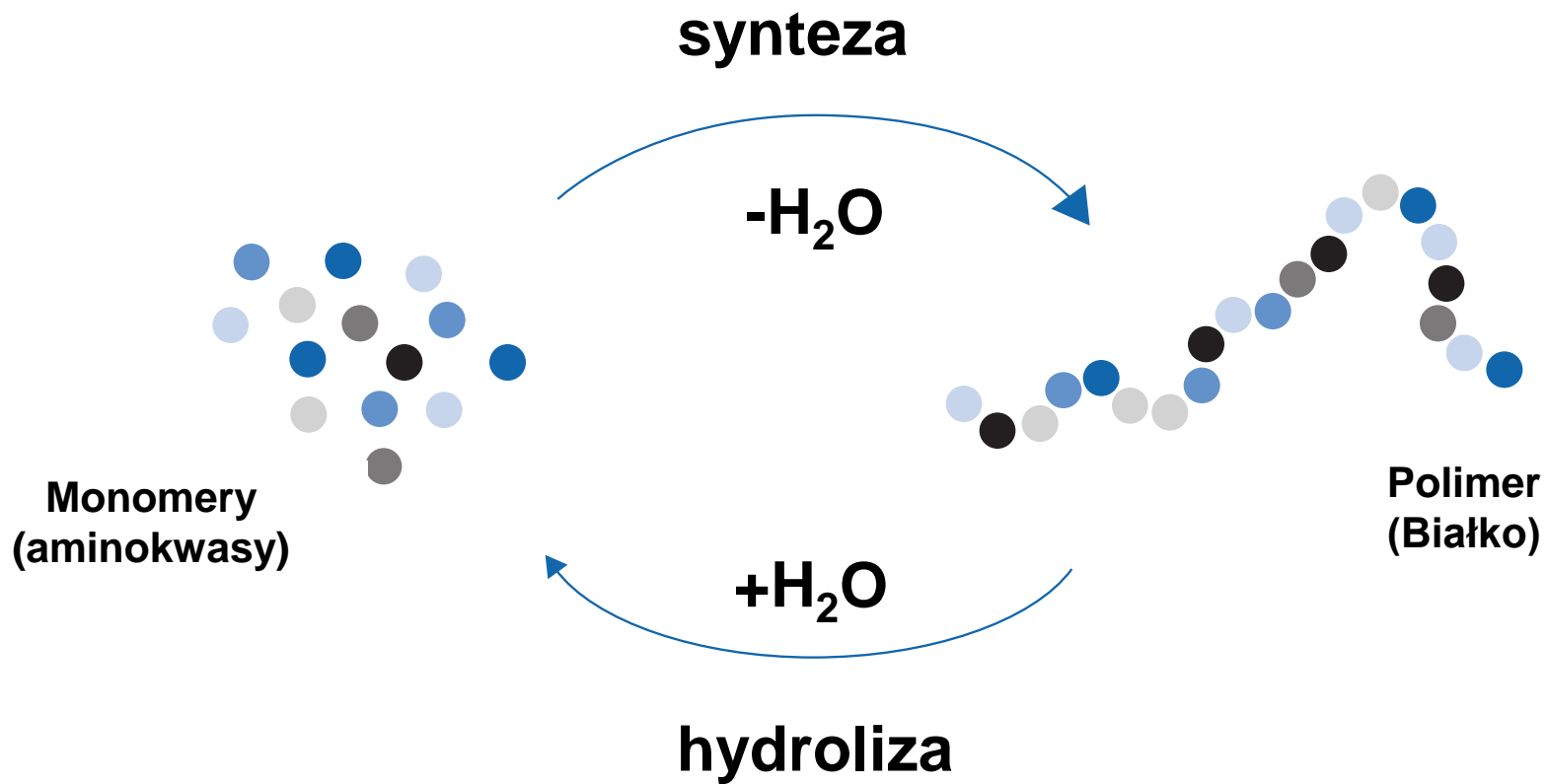
Węgiel - podstawowy budulec biomolekuł

► atomy → molekuly (monomery) → makromolekuly (polimery)



- ▶ Biolodzy rozróżniają 4 grupy makromolekuł
 - ▶ Węglowodany
 - ▶ Lipidy
 - ▶ Kwasy nukleinowe
 - ▶ Białka

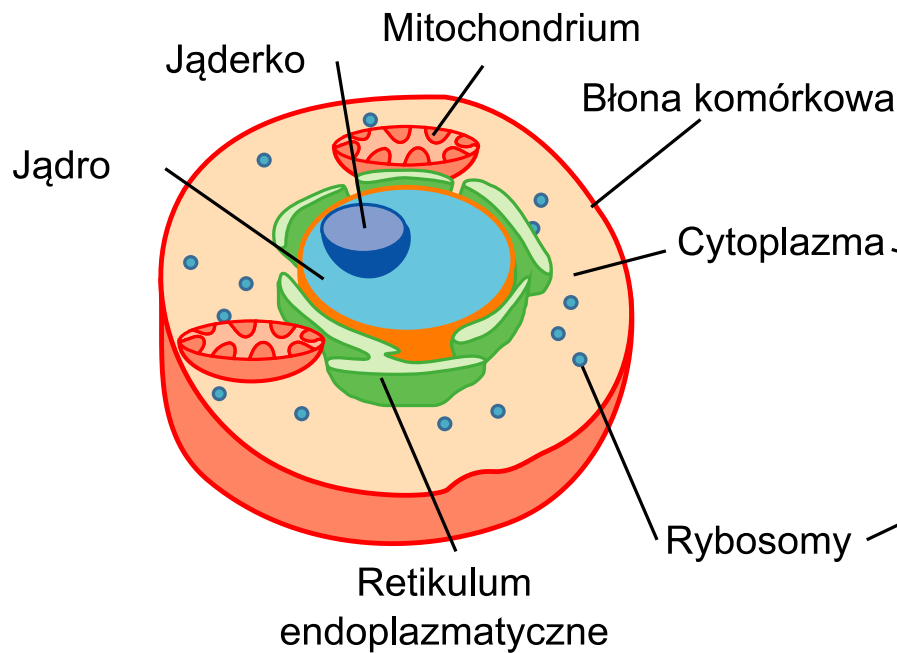
Cykl monomer-polimer



Komórka – podstawowa jednostka biologicznego systemu

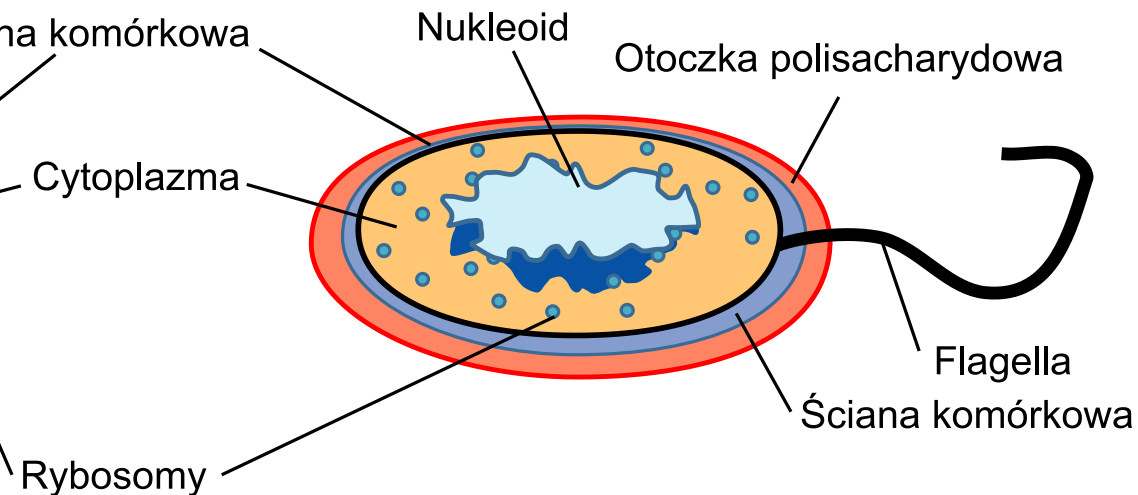
► Organizacja materiału genetycznego

Eukarionty



Rozmiar 10-100 μm

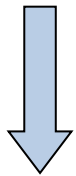
Prokarionty



Rozmiar 1-10 μm

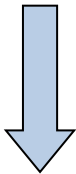
Przepływ informacji genetycznej – Centralny Dogmat Biologii

DNA – informacja genetyczna



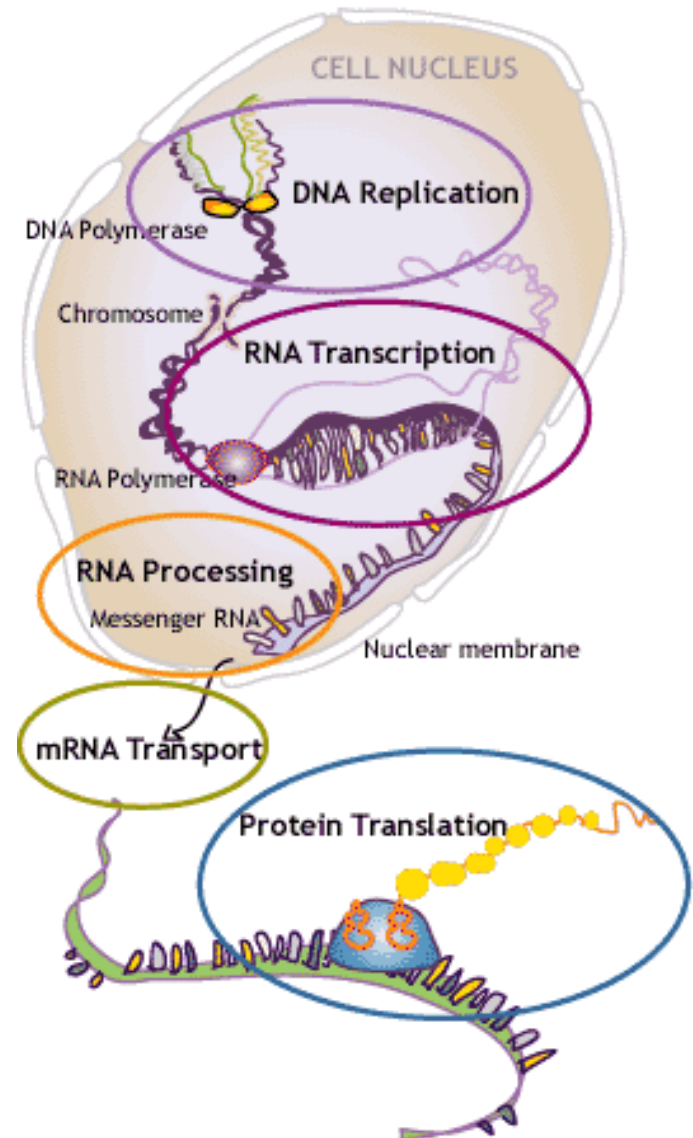
Transkrypcja

RNA – stanowi szablon syntezy białek

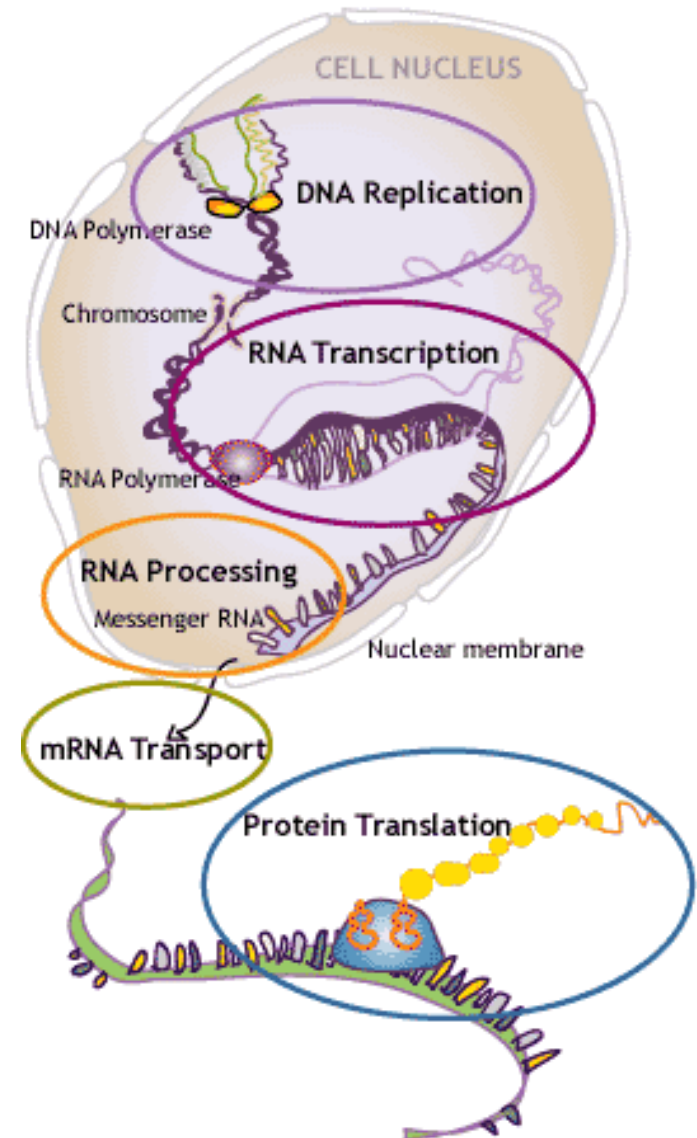
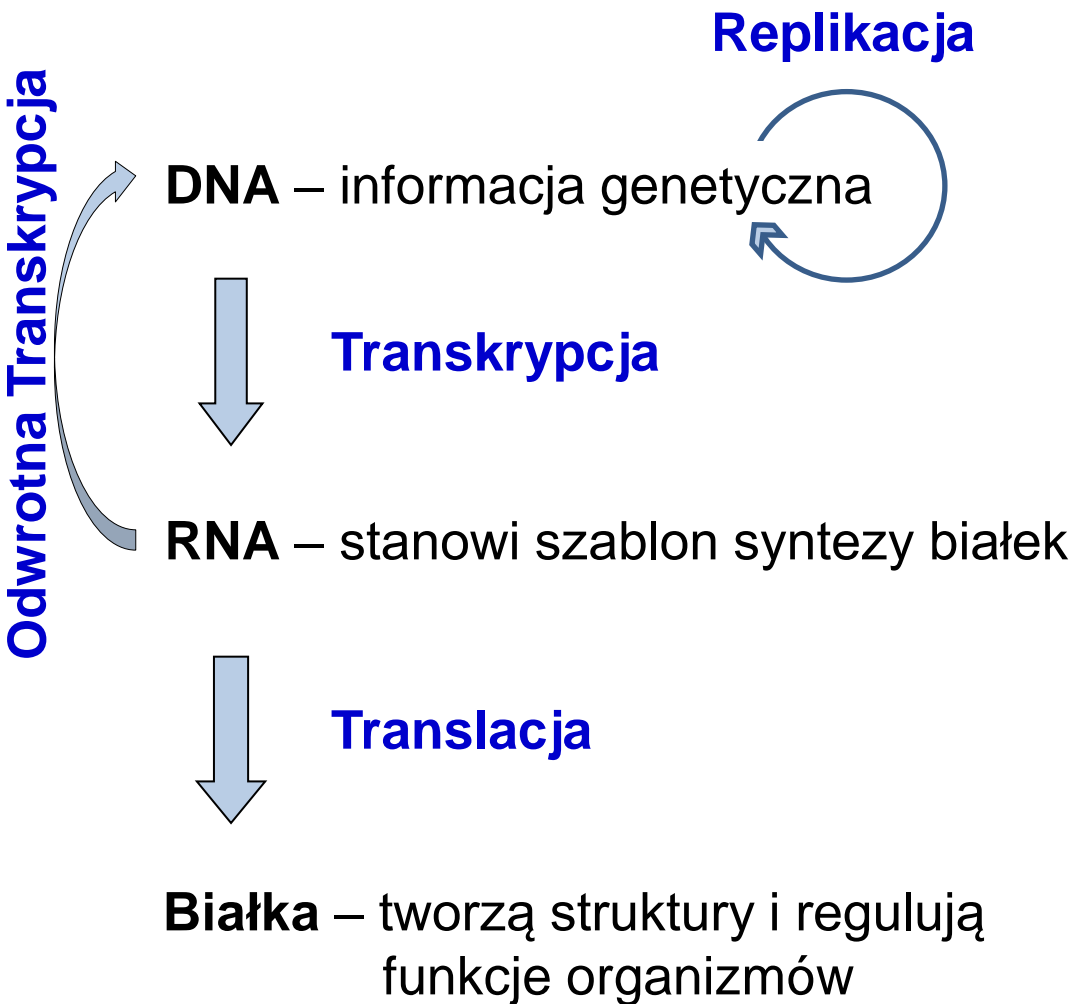


Translacja

Białka – tworzą struktury i regulują funkcje organizmów



Przepływ informacji genetycznej – Centralny Dogmat Biologii

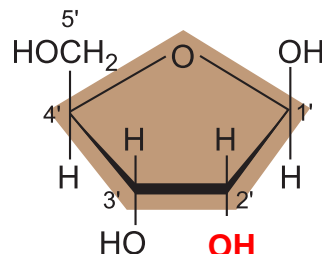
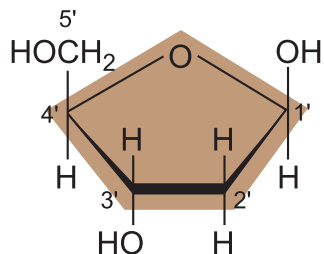


Struktura DNA i RNA

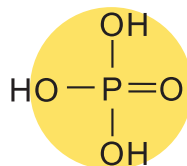
► Kwasy nukleinowe to polimery złożone z monomerów nazywanych **nukleotydami**

► Nukleotydy składają się z trzech komponentów:

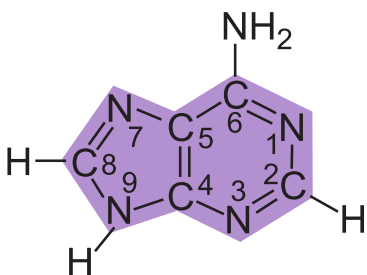
► **2'-deoksyryboza (DNA)** lub **ryboza (RNA)**



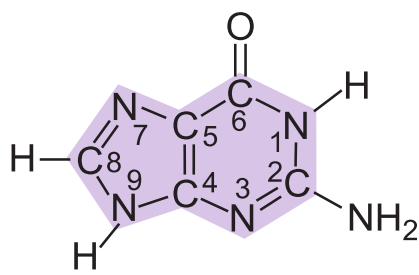
► reszta fosforanowa



► zasady azotowe

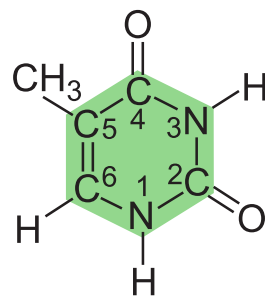


Adenina (A)

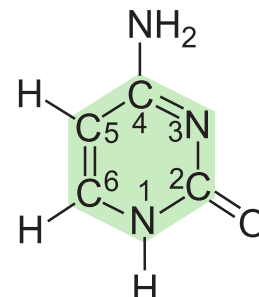


Guanina (G)

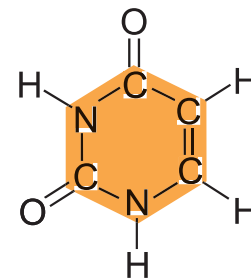
Puryny



Tymina (T)



Cytozyna (C)

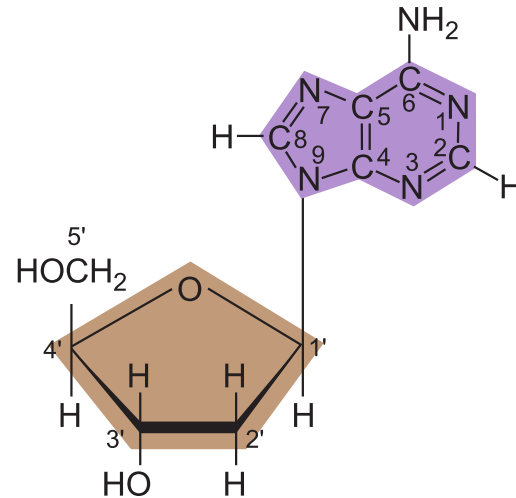


Uracyl (U)

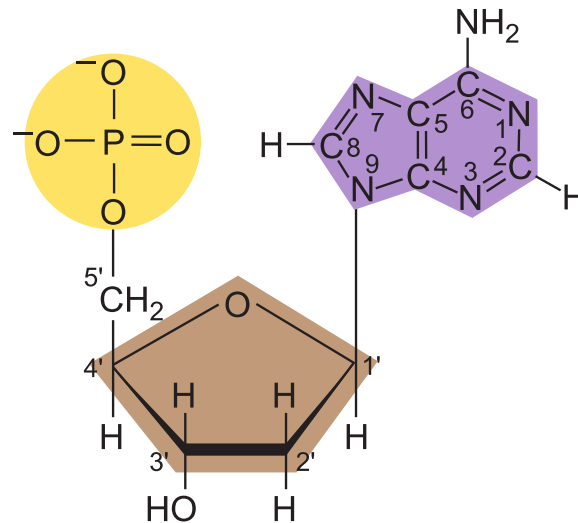
Pirymidyny

Struktura DNA i RNA

- Połączenie reszty cukrowej do zasady azotowej – **nukleozyd**



- Połączenie reszty cukrowej do zasady oraz reszty fosforanowej – **nukleotyd**



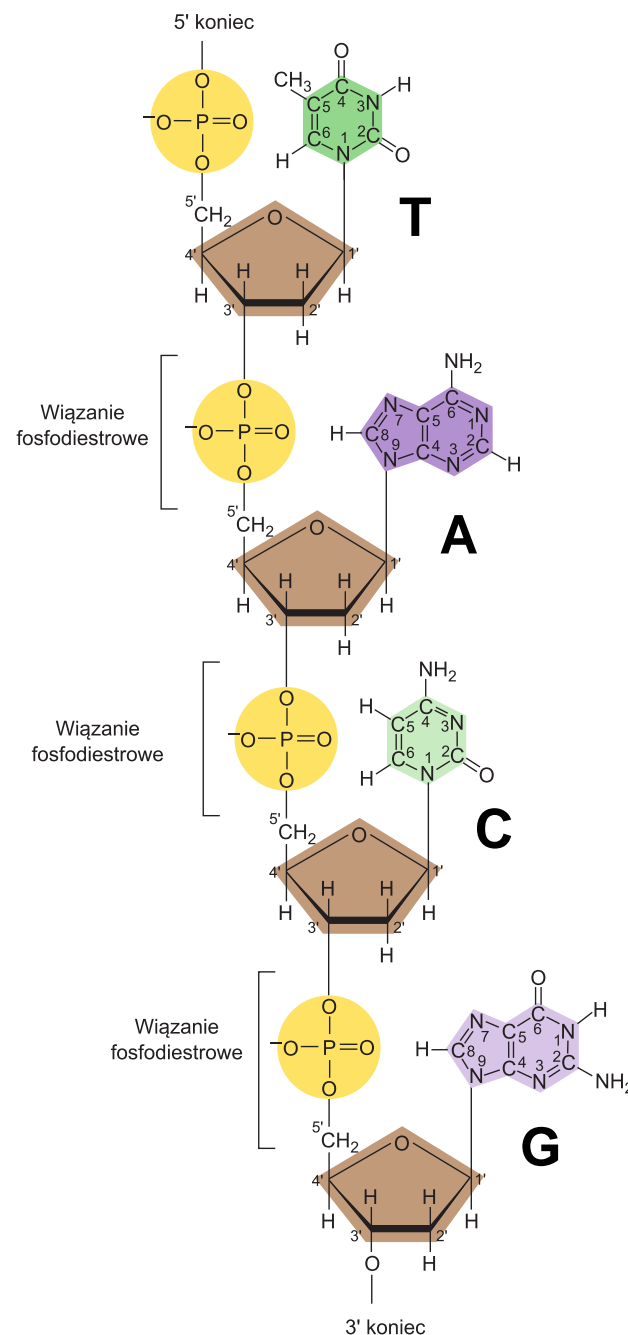
Struktura DNA i RNA

► Łańcuch polinukleotydowy powstaje dzięki **wiązaniom fosfodiesterowym** łączącym atomy węgla 5' i 3' deoksyrybozy sąsiednich nukleotydów

► Łańcuch ma dwa różne końce:
koniec 5' (5' P)
koniec 3' (3' OH)

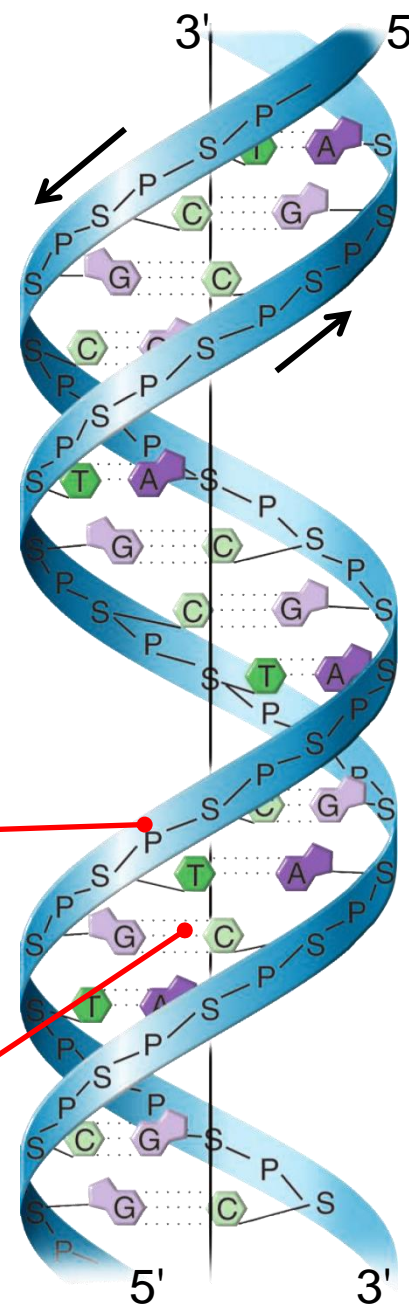
► Może mieć dwie różne orientacje:
od końca 5' do końca 3' ($5' \rightarrow 3'$)
od końca 3' do końca 5' ($3' \rightarrow 5'$).

► Sekwencja zasad zapisywana jest w kierunku $5' \rightarrow 3'$: **TACG**



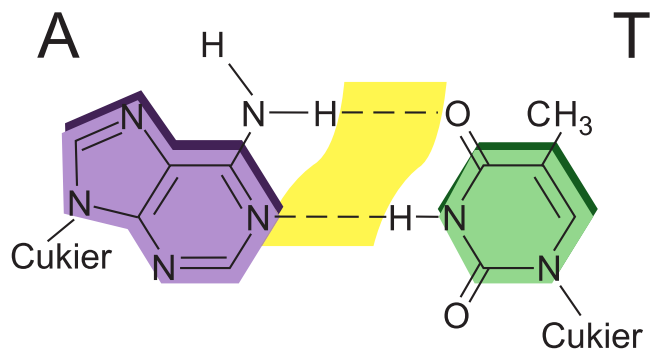
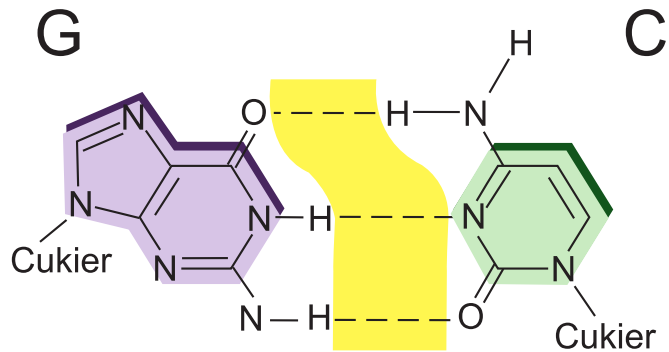
Struktura DNA i RNA

- ▶ W 1952 Franklin oraz M. Wilkins proponują wzór struktury dyfrakcyjnej DNA
 - DNA jest helikalną strukturą o średnicy 20 Å, przestrzeń między powtórzonymi jednostkami wynosi 3.4 Å, heliks podlega pełnemu skrętowi co 34 Å
- ▶ W 1953 Watson i Crick opisują podwójną helisę
- ▶ Częsteczki DNA występują w postaci **podwójnej helisy** złożonej z dwóch nici polinukleotydowych ułożonych antyrównolegle
- ▶ **Cukrowo-fosforanowe** części nukleotydów tworzą **szkielet**, znajdujący się na zewnątrz helisy.
- ▶ Zasady skierowane są do wewnątrz, a **wiązania wodorowe** pomiędzy nimi łączą obie nici helisy.



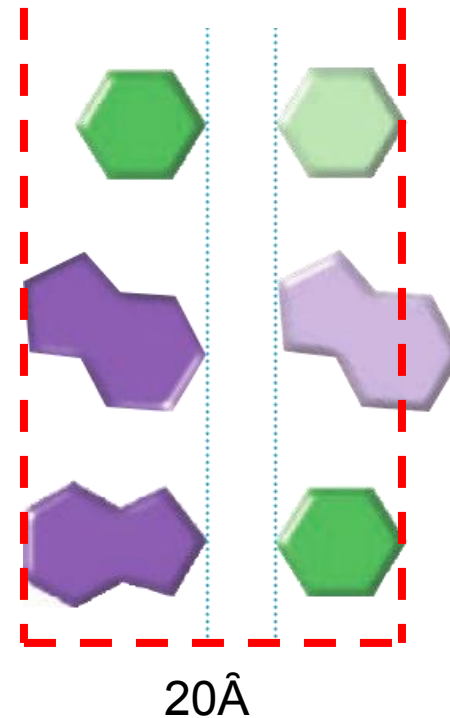
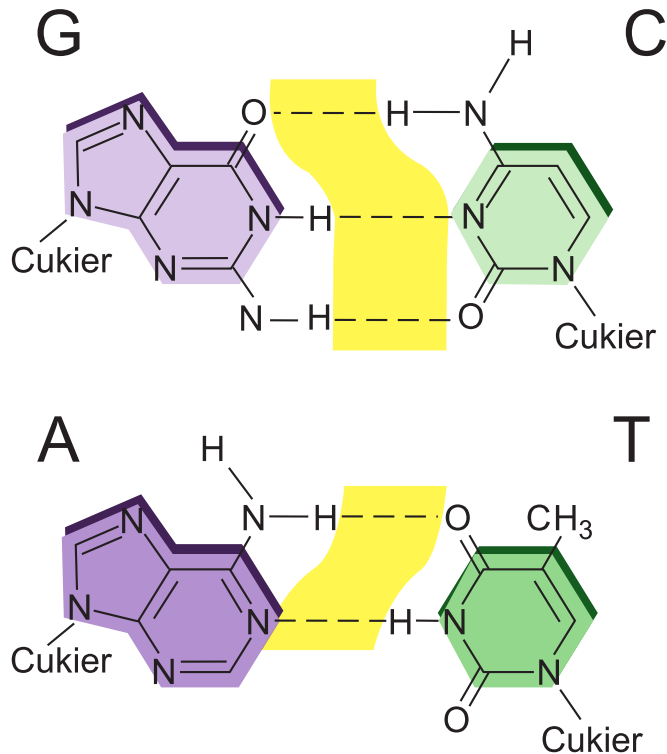
Struktura DNA i RNA

- ▶ Oba łańcuchy podwójnej helisy połączone są wiązaniami wodorowymi pomiędzy **komplementarnymi parami zasad azotowych**:
adenina (A) zawsze łączy się z tyminą (T), a guanina (G) z cytozyną (C)
- ▶ Stosunek zasad A:T oraz G:C (1:1)



Struktura DNA i RNA

- ▶ Oba łańcuchy podwójnej helisy połączone są wiązaniami wodorowymi pomiędzy **komplementarnymi parami zasad azotowych**:
adenina (A) zawsze łączy się z tyminą (T), a guanina (G) z cytozyną (C)
- ▶ Stosunek zasad A:T oraz G:C (1:1)

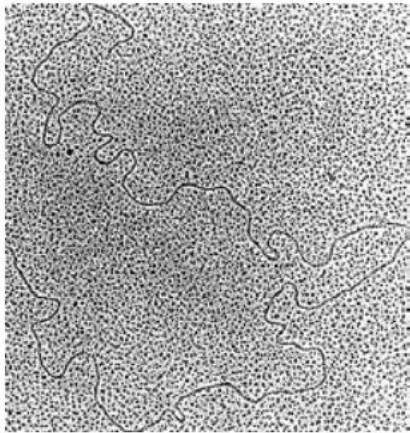


- ▶ Komplementarność wynika z geometrii zasad i względnego położenia atomów, które mogą uczestniczyć w tworzeniu wiązania wodorowego.

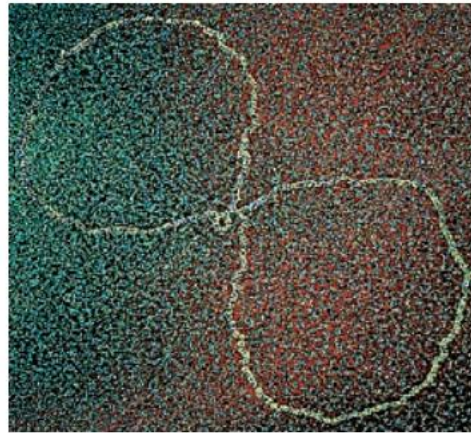
Struktura DNA i RNA

- ▶ naturalnie występujące DNA może być liniowe lub koliste oraz dwu i jednoniciowe.

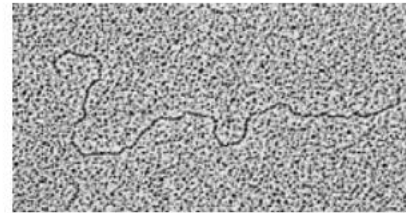
Obrazy z mikroskopu elektronowego przedstawiają: (a) liniowe dwuniciowe DNA ludzkiego chromosomu, (b) koliste dwuniciowe DNA wirusa Popowa, (c) liniowe jednoniciowe DNA parwowirusa, (d) koliste jednoniciowe DNA bakteriofaga M13



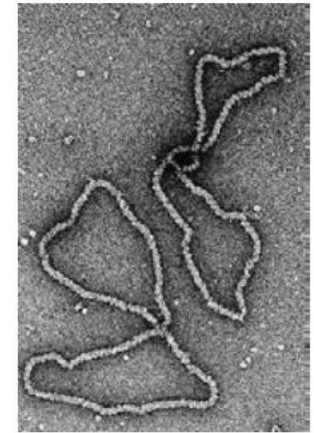
(a)



(b)



(c)



(d)

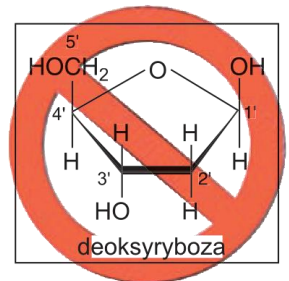
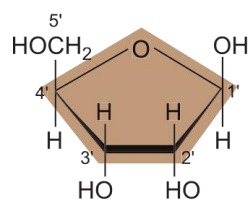
Figure 6.13 GENETICS: FROM GENES TO GENOMES, FOURTH EDITION

Struktura DNA i RNA

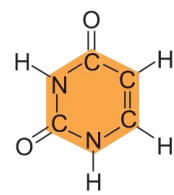
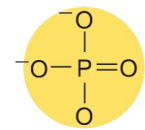
► Kwas rybonukleinowy (RNA)

1 . Cukier

ryboza

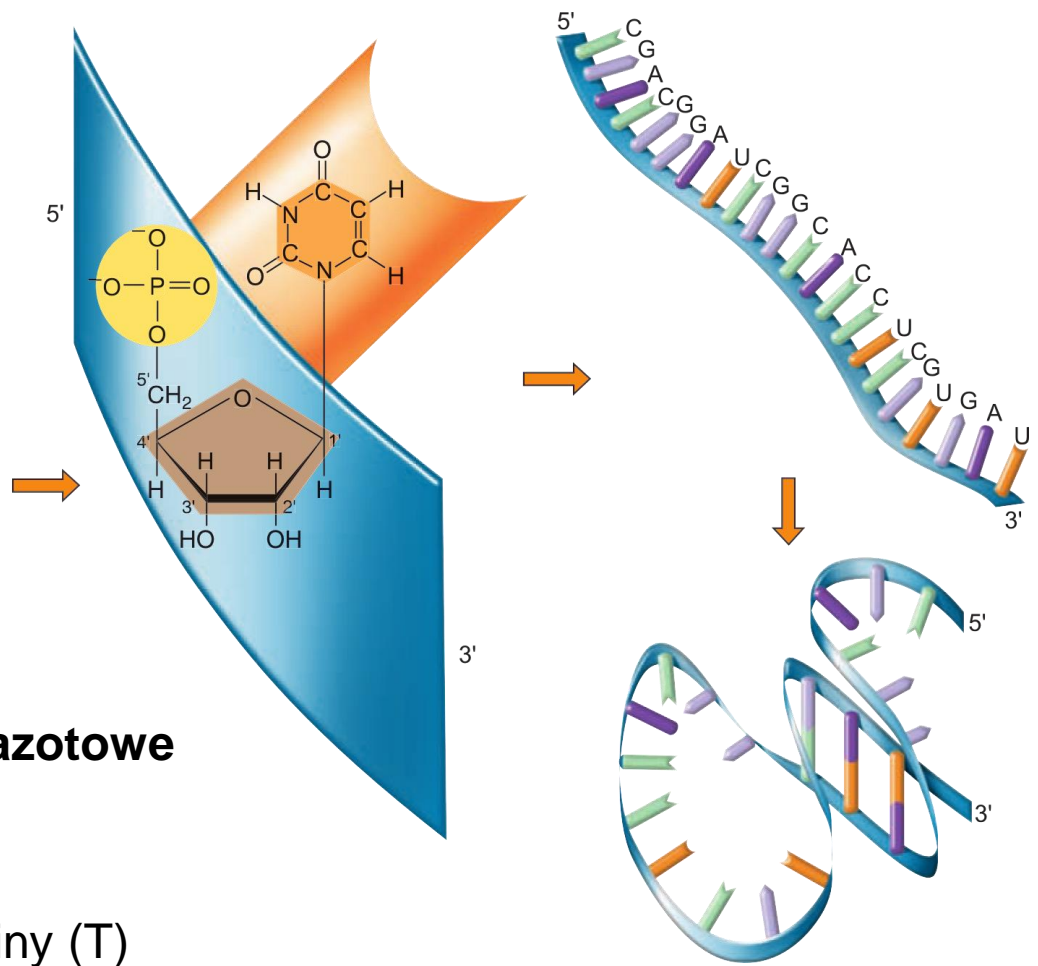


2 . Reszta fosforanowa



3 . 4 zasady azotowe

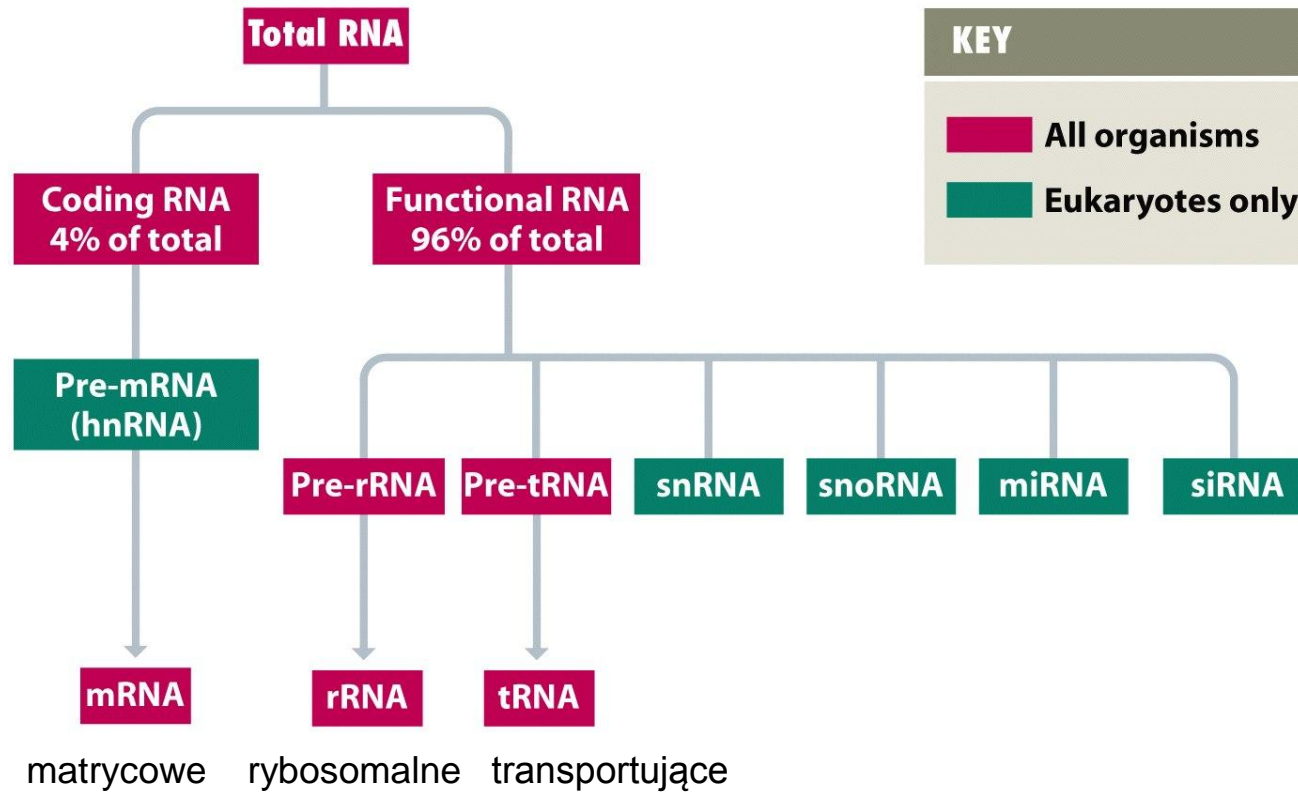
Uracyl (U) zamiast tyminy (T)
oraz A, G, C



Struktura DNA i RNA

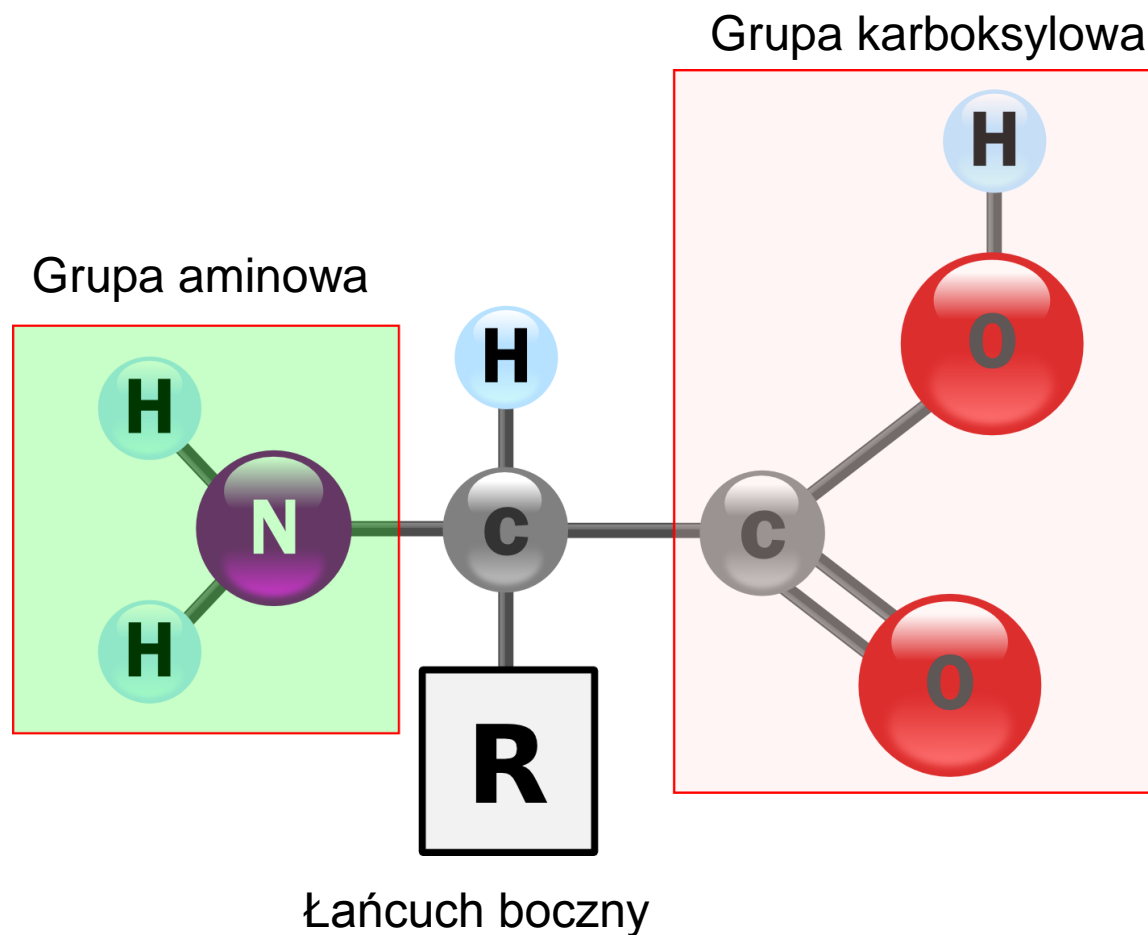
► Kwas rybonukleinowy (RNA)

Istnieje **wiele rodzajów RNA**, z których zdecydowana większość pełni funkcje w procesie syntezy białek na podstawie informacji genetycznych odczytanych z DNA w procesie **transkrypcji**.



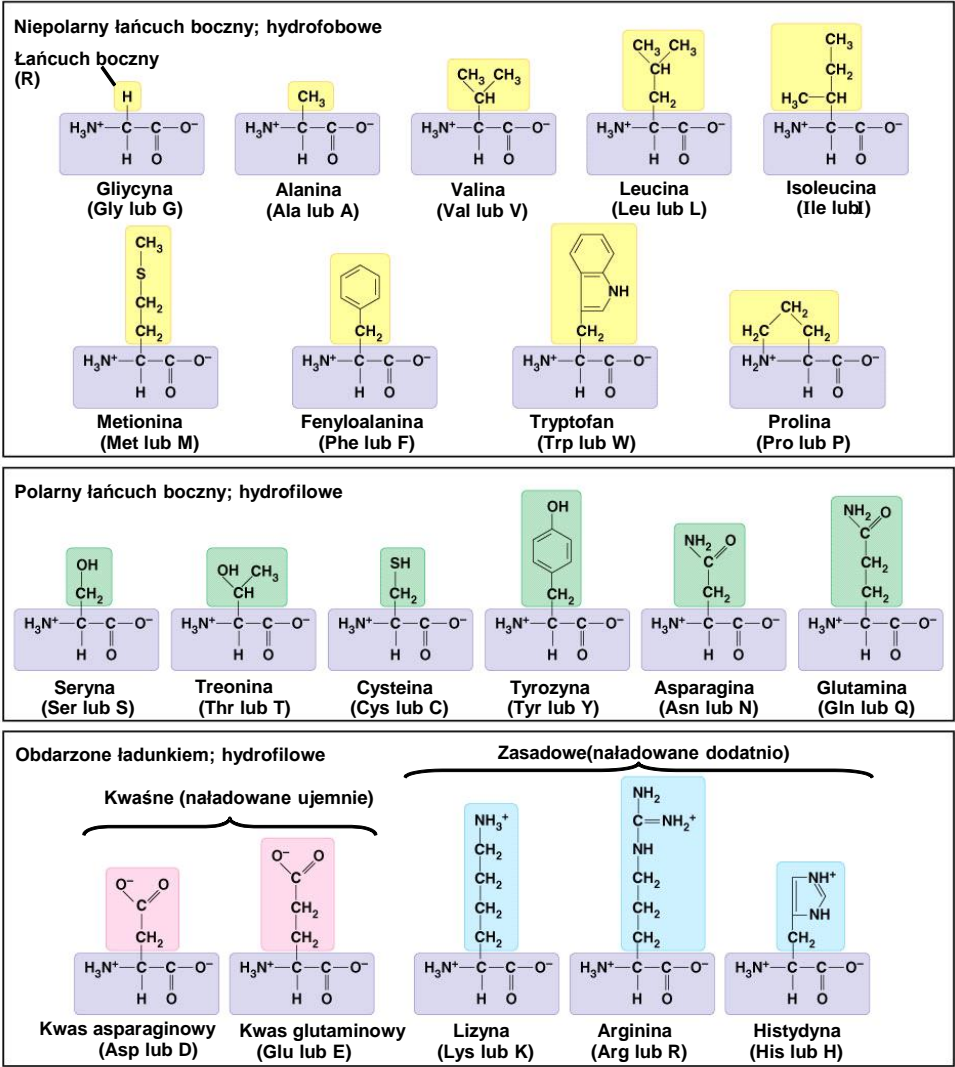
Struktura białek: aminokwasy

- ▶ Podstawowymi jednostkami strukturalnymi białek są **aminokwasy**
- ▶ Każdy aminokwas zbudowany jest **grupy karboksylowej** (COOH) i **aminowej** (NH_2), atomu **wodoru** (H) oraz **łańcucha bocznego** (R)



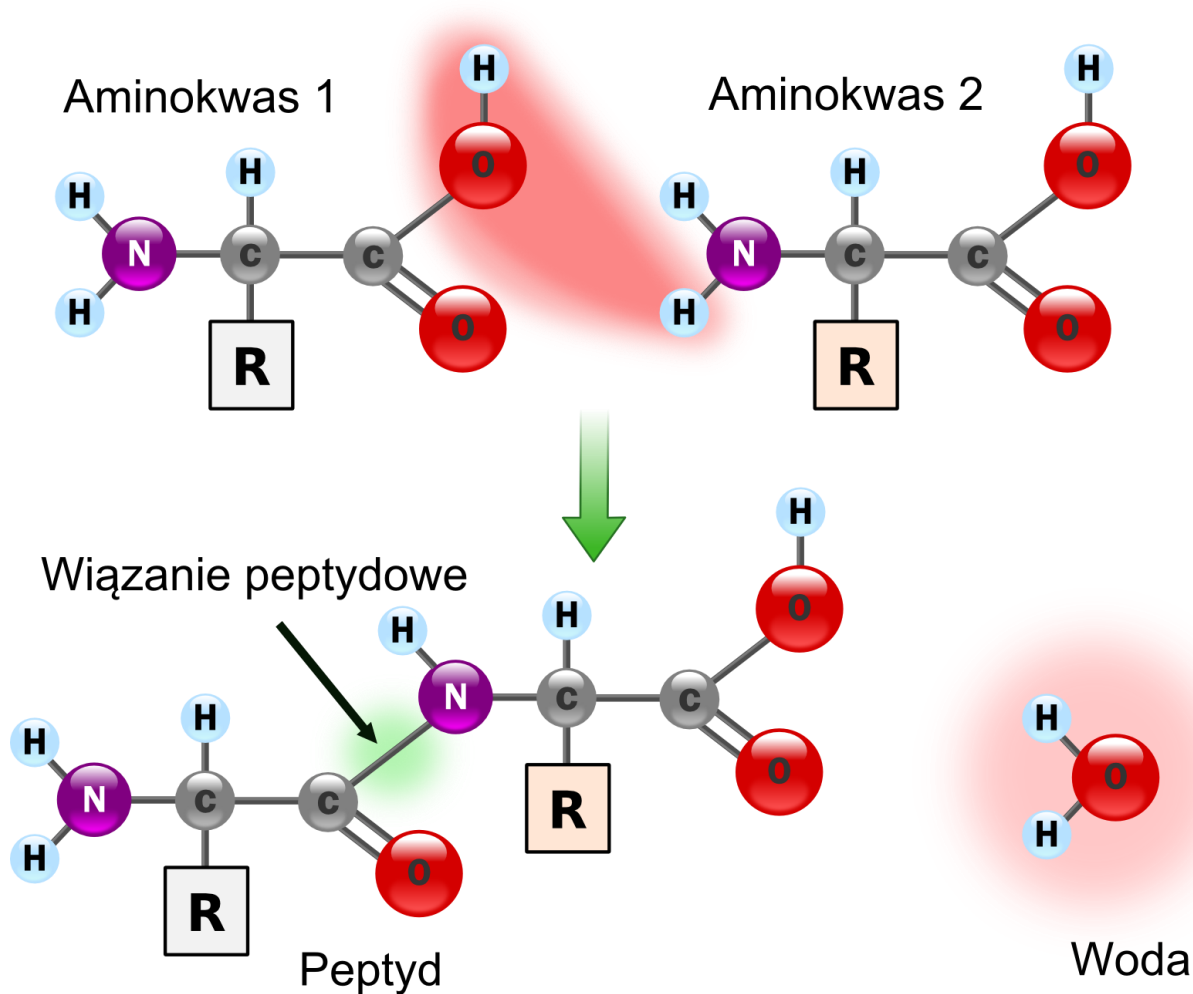
Struktura białek: aminokwasy

►W skład białek wchodzi **20** aminokwasów, o łańcuchach bocznych różniących się składem i właściwościami chemicznymi



Struktura białek: aminokwasy

- ▶ Podstawową cechą aminokwasów jest ich zdolność do łączenia się ze sobą za pośrednictwem **wiązania peptydowego** pomiędzy grupami aminową i karboksylową.
- ▶ Częstkę złożoną z dwóch lub więcej aminokwasów nazywamy **peptydem**



Struktura białek: łańcuchy polipeptydowe

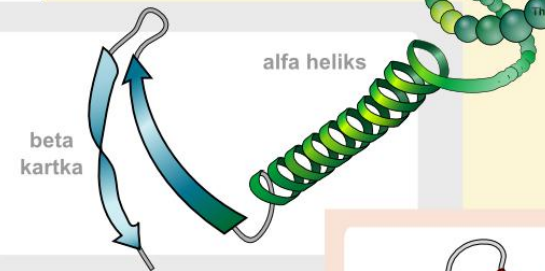
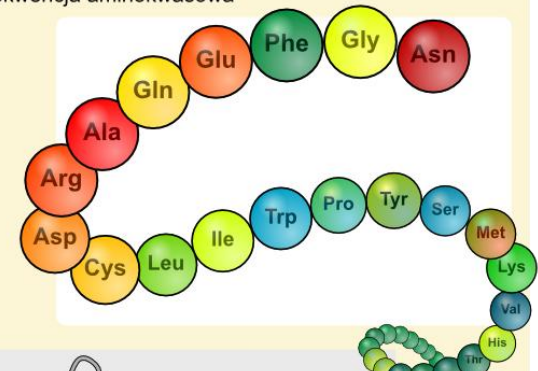
► Wiele aminokwasów połączonych wiązaniami peptydowymi tworzy strukturę liniowego **łańcucha polipeptydowego**

► Linowy łańcuch polipeptydowy zwykle pozbawiony jest aktywności biologicznej. Aktywność ta pojawia się dopiero wraz z odpowiednią konformacją, czyli przestrzennym ułożeniem łańcucha. Przyjmowanie właściwej struktury przestrzennej określane jest mianem **zwijania (ang. folding)** białka

► **Białka** zbudowane są z jednego lub większej liczby łańcuchów polipeptydowych

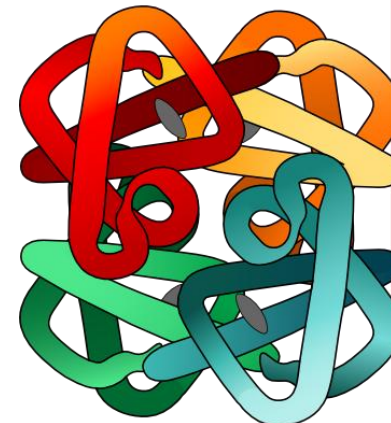
► Budowa białek opisywana jest przez poziomy organizacji : **od 1 do 4 rzędowej**

Struktura 1-rzędowa
sekwencja aminokwasowa

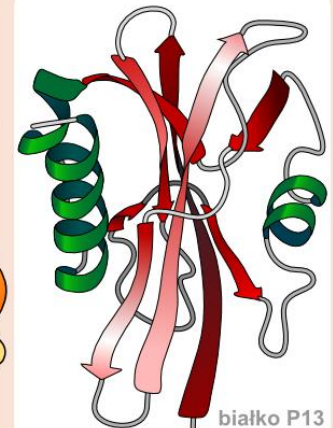


Struktura 2-rzędowa
oddziaływania aminokwasowe

hemoglobina



Struktura 4-rzędowa
≥ 2 polipeptydów w strukturze białka



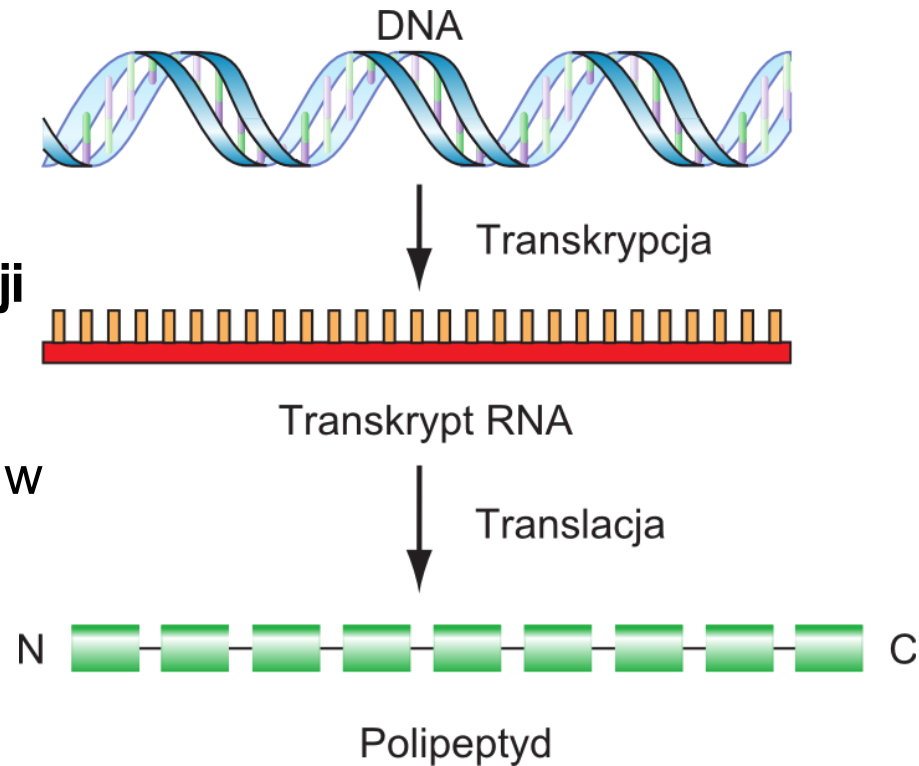
Struktura 3-rzędowa
3 wymiarowa struktura polipeptydu

Anatomia genu

► Informacja o budowie i funkcjonowaniu organizmu jest zakodowana w sekwencji nukleotydów cząsteczek DNA i jest podzielona na **geny**.

► **Gen** jest odcinkiem DNA przepisywanym w procesie **transkrypcji** na RNA kodującym informację niezbędną do uzyskania cząsteczki funkcjonalnego RNA lub syntezy białka w procesie **translacji**

► Translacja podlega zasadzie „**kodu genetycznego**”



Anatomia genu

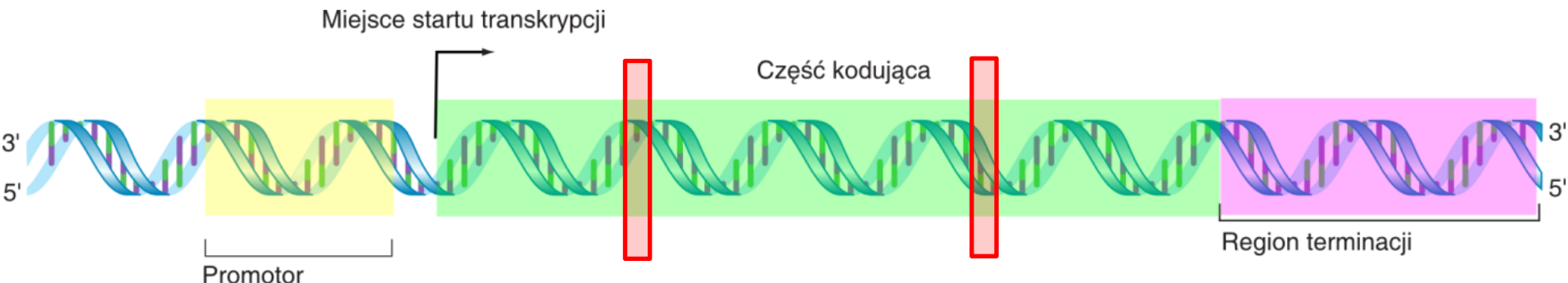
- ▶ Orientację genu zapewniają **sekwencje regulatorowe**, które nie kodują bezpośrednio informacji o budowie cząsteczki białka lub funkcjonalnego RNA, ale wpływają na proces transkrypcji genu
- ▶ Najważniejszym regionem regulatorowym jest **promotor**, czyli sekwencja znajdująca się powyżej genu, z którą wiążą się białka inicjujące proces jego transkrypcji.



- ▶ Poniżej genu funkcję sygnału zakończenia transkrypcji pełni sekwencja **terminatora**.

Anatomia genu

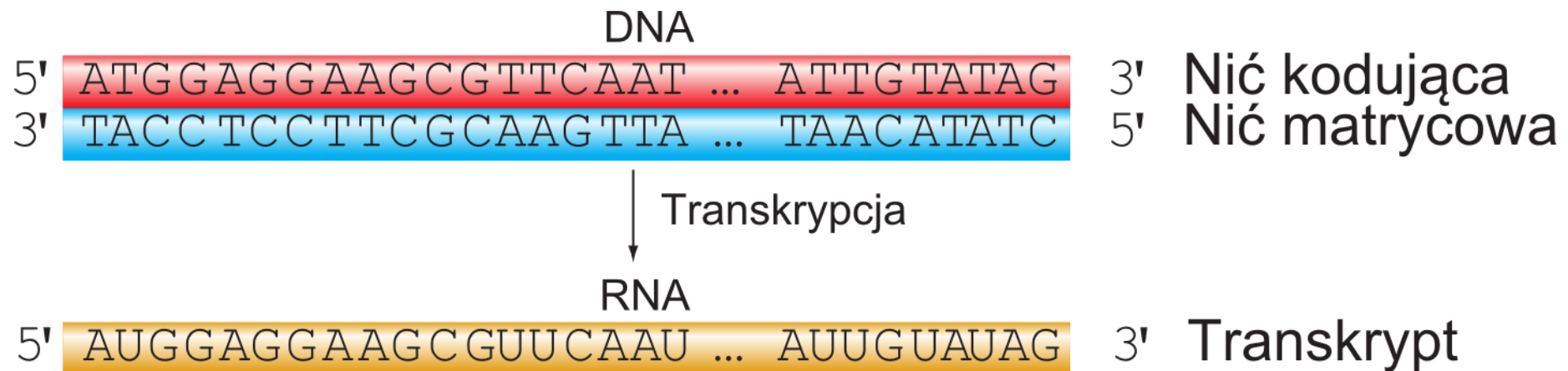
- Orientację genu zapewniają **sekwencje regulatorowe**, które nie kodują bezpośrednio informacji o budowie cząsteczki białka lub funkcjonalnego RNA, ale wpływają na proces transkrypcji genu
- Najważniejszym regionem regulatorowym jest **promotor**, czyli sekwencja znajdująca się powyżej genu, z którą wiążą się białka inicjujące proces jego transkrypcji.



- Poniżej genu funkcję sygnału zakończenia transkrypcji pełni sekwencja **terminatora**.
- Geny bakteryjne mogą być zgrupowane w tzw. **operony** – grupy genów, kodujących różne polipeptydy, przepisywanych z tej samej cząsteczki mRNA

Transkrypcja: od DNA do RNA

- ▶ **Transkrypcja** jest pierwszym etapem ekspresji genu. Jest to proces syntezy cząsteczki RNA na matrycy, którą stanowi jedną z nici DNA (nić matrycowa)
- ▶ Enzymem katalizującym syntezę RNA jest **polimeraza RNA** zależna od DNA



Transkrypcja (na przykładzie bakterii): od DNA do RNA

► Transkrypcja odbywa się w trzech krokach:

► **Inicjacja** – dołączenie polimerazy RNA do sekwencji promotora genu, rozplecenie podwójnej helisy DNA na odcinku kilkunastu par zasad, synteza RNA przez dołączenie pierwszych nukleotydów

► **Elongacja** – przesuwanie się polimerazy RNA wzdłuż cząsteczki DNA, któremu towarzyszy rozplatanie helisy i dołączanie nukleotydów komplementarnych do sekwencji nici matrycowej DNA

► **Terminacja** – zakończenie transkrypcji po dotarciu do regionu **terminacji**, oddysocjowanie transkryptu i polimerazy



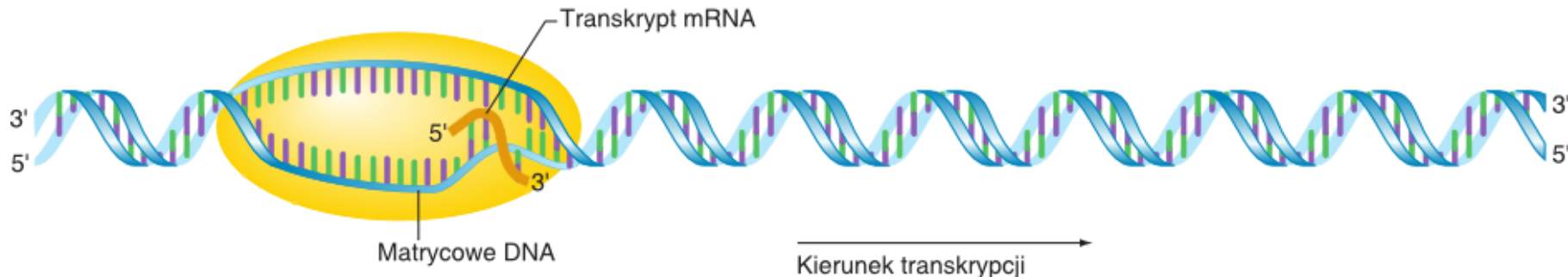
Transkrypcja (na przykładzie bakterii): od DNA do RNA

► Transkrypcja odbywa się w trzech krokach:

► **Inicjacja** – dołączenie polimerazy RNA do sekwencji promotora genu, rozplecenie podwójnej helisy DNA na odcinku kilkunastu par zasad, synteza RNA przez dołączenie pierwszych nukleotydów

► **Elongacja** – przesuwanie się polimerazy RNA wzdłuż cząsteczki DNA, któremu towarzyszy rozplatanie helisy i dołączanie nukleotydów komplementarnych do sekwencji nici matrycowej DNA

► **Terminacja** – zakończenie transkrypcji po dotarciu do regionu **terminacji**, oddysocjowanie transkryptu i polimerazy



Transkrypcja (na przykładzie bakterii): od DNA do RNA

► Transkrypcja odbywa się w trzech krokach:

► **Inicjacja** – dołączenie polimerazy RNA do sekwencji promotora genu, rozplecenie podwójnej helisy DNA na odcinku kilkunastu par zasad, synteza RNA przez dołączenie pierwszych nukleotydów

► **Elongacja** – przesuwanie się polimerazy RNA wzdłuż cząsteczki DNA, któremu towarzyszy rozplatanie helisy i synteza mRNA komplementarnego do sekwencji nici matrycowej DNA

► **Terminacja** – zakończenie transkrypcji po dotarciu do regionu terminacji, oddysocjowanie transkryptu i polimerazy

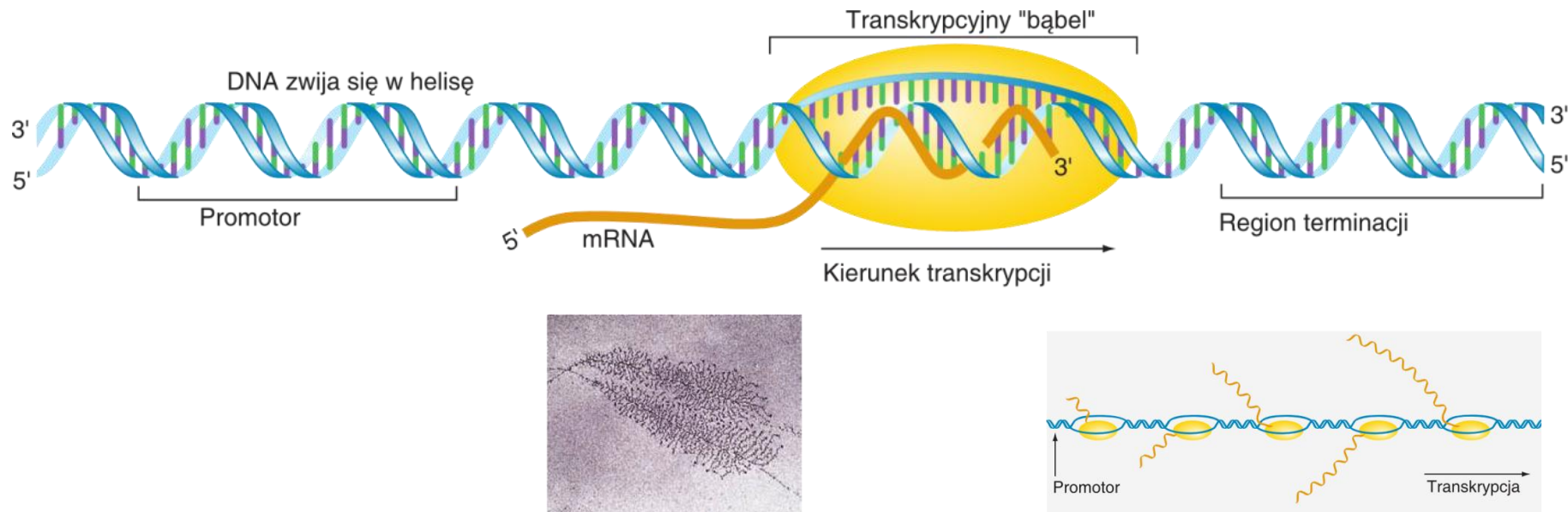


Figure 8.11 GENETICS: FROM GENES TO GENOMES, FOURTH EDITION

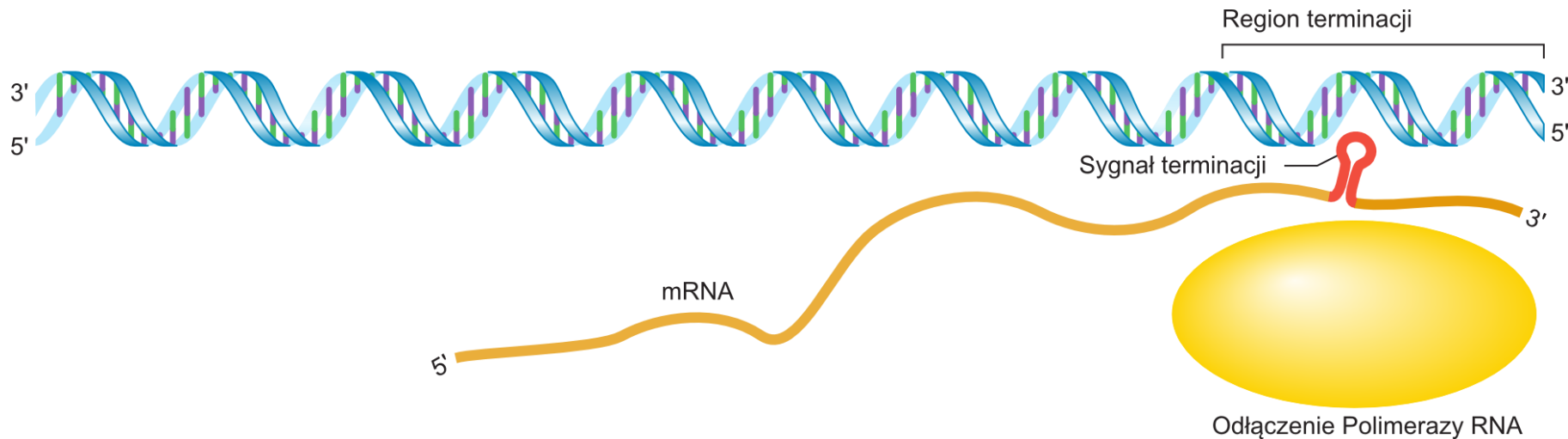
Transkrypcja (na przykładzie bakterii): od DNA do RNA

► Transkrypcja odbywa się w trzech krokach:

► **Inicjacja** – dołączenie polimerazy RNA do sekwencji promotora genu, rozplecenie podwójnej helisy DNA na odcinku kilkunastu par zasad, synteza RNA przez dołączenie pierwszych nukleotydów

► **Elongacja** – przesuwanie się polimerazy RNA wzdłuż cząsteczki DNA, któremu towarzyszy rozplatanie helisy i synteza mRNA komplementarnego do sekwencji nici matrycowej DNA

► **Terminacja** – zakończenie transkrypcji po dotarciu do regionu **terminacji**, oddysocjowanie transkryptu i polimerazy.



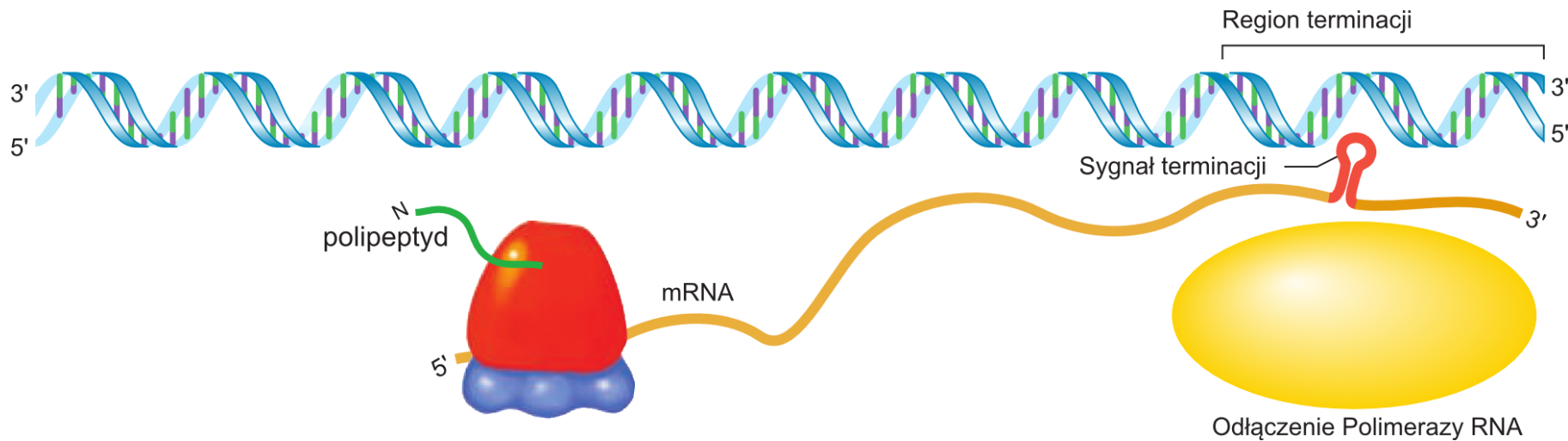
Transkrypcja (na przykładzie bakterii): od DNA do RNA

► Transkrypcja odbywa się w trzech krokach:

► **Inicjacja** – dołączenie polimerazy RNA do sekwencji promotora genu, rozplecenie podwójnej helisy DNA na odcinku kilkunastu par zasad, synteza RNA przez dołączenie pierwszych nukleotydów

► **Elongacja** – przesuwanie się polimerazy RNA wzdłuż cząsteczki DNA, któremu towarzyszy rozplatanie helisy i synteza mRNA komplementarnego do sekwencji nici matrycowej DNA

► **Terminacja** – zakończenie transkrypcji po dotarciu do regionu **terminacji**, oddysocjowanie transkryptu i polimerazy. U bakterii proces transkrypcji może zachodzić jednocześnie z translacją



Transkrypcja: od DNA do RNA – Eukarionty

U organizmów eukariotycznych proces transkrypcji dzieli się na identyczne etapy jednak jest on jest bardziej złożony

►w zależności od rodzaju genu synteza RNA odbywa się przy udziale jednej z czterech polimeraz RNA: **polimeraza II** (geny kodujące białka, snRNA, miRNA), **polimerazy I** (geny rRNA) oraz **III** (tRNA, 5S rRNA) oraz **polimeraza mitochondrialna**

►występowanie w obszarze genów sekwencji niekodujących (**intronów**) powoduje, że pierwotny transkrypt wymaga dalszej obróbki, co jest określane **dojrzewaniem mRNA**

►odmienny i raczej stochastyczny mechanizm **terminacji** transkrypcji w wykonaniu **polimerazy II RNA**, zdefiniowane rejony terminacji dla polimerazy I i III podobnie jak u bakterii

►końce 5' i 3' transkryptu są modyfikowane przez dodanie, odpowiednio: **5' czapeczki** (zmodyfikowanego nukleozydu G) i **ogona poli-(A)**



Transkrypcja: od DNA do RNA – Eukarionty

U organizmów eukariotycznych proces transkrypcji dzieli się na identyczne etapy jednak jest on jest bardziej złożony

►w zależności od rodzaju genu synteza RNA odbywa się przy udziale jednej z czterech polimeraz RNA: **polimeraza II** (geny kodujące białka, snRNA, miRNA), **polimerazy I** (geny rRNA) oraz **III** (tRNA, 5S rRNA) oraz **polimeraza mitochondrialna**

►występowanie w obszarze genów sekwencji niekodujących (**intronów**) powoduje, że pierwotny transkrypt wymaga dalszej obróbki, co jest określane **dojrzewaniem mRNA**

►odmienny i raczej stochastyczny mechanizm **terminacji** transkrypcji w wykonaniu **polimerazy II RNA**, zdefiniowane rejony terminacji dla polimerazy I i III podobnie jak u bakterii

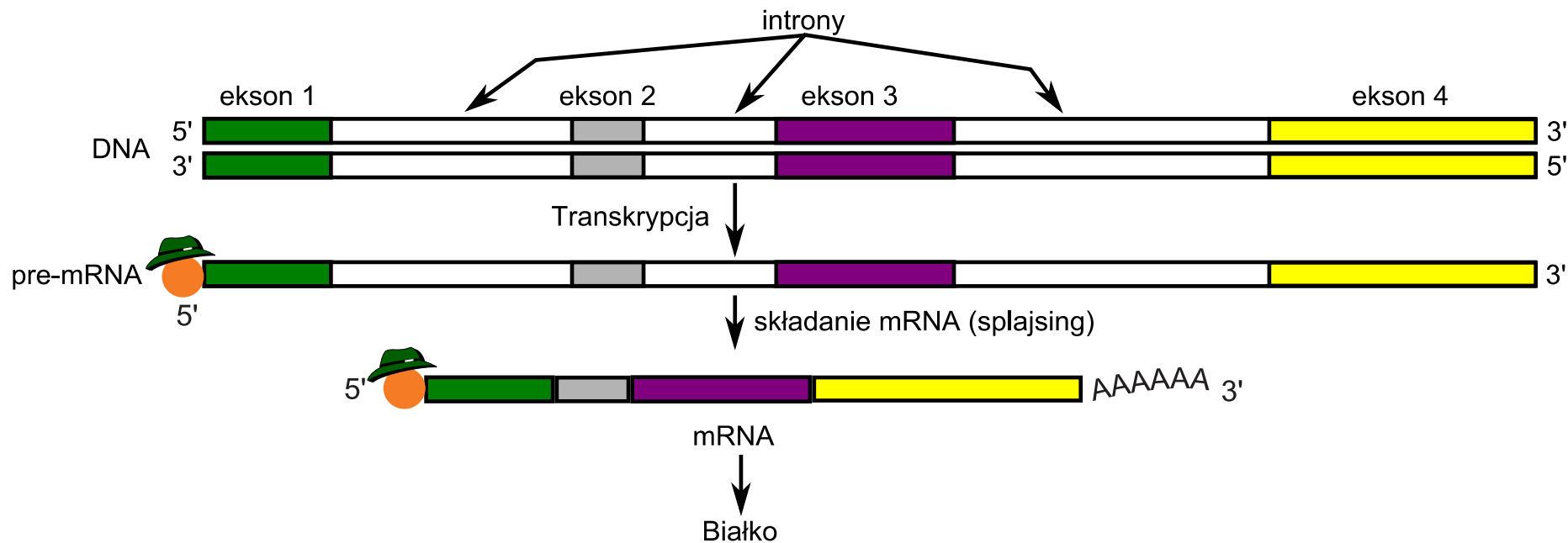
►końce 5' i 3' transkryptu są modyfikowane przez dodanie, odpowiednio: **5' czapeczki** (zmodyfikowanego nukleozydu G) i **ogona poli-(A)**



Transkrypcja: od DNA do RNA – Eukarionty – dojrzewanie RNA

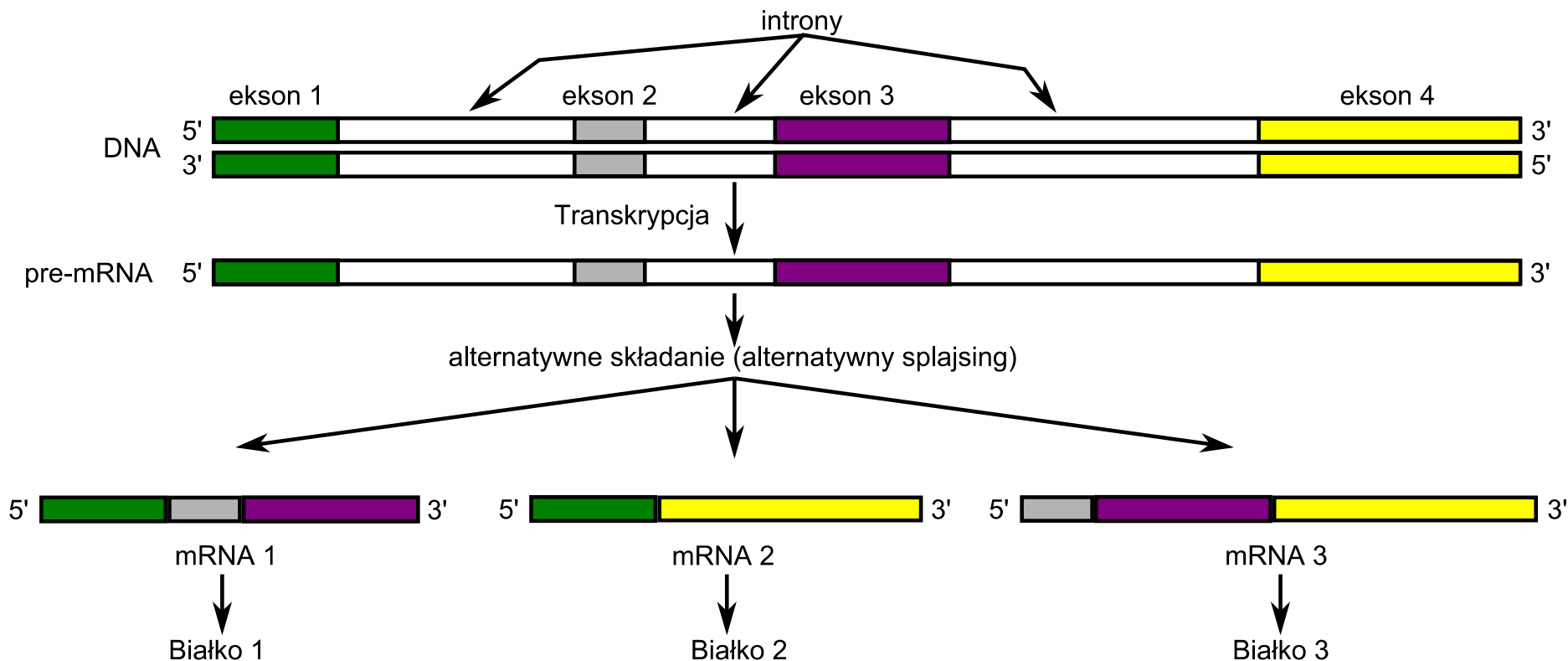
► Podczas transkrypcji kopiowana jest cała sekwencja genu. Powstaje cząsteczka prekursorowego mRNA (pre-mRNA) zawierająca zarówno **rejony kodujące** (eksony), jak i **niekodujące** (introny).

► Przekształcenie jej w dojrzałe mRNA odbywa się w procesie **składania** (splicingu), polegającym na usunięciu sekwencji intronów.



Transkrypcja: od DNA do RNA – Eukarionty – dojrzewanie RNA

►Cząsteczki pre-mRNA znacznej części genów mogą podlegać różnym sposobom składania. W wyniku tego mechanizmu, zwanego **alternatywnym składaniem**, z jednego transkryptu mogą powstać różne cząsteczki mRNA, kodujące białka o odmiennych właściwościach.



Kod genetyczny i jego właściwości

► **Kod genetyczny** określa w jaki sposób sekwencja DNA oraz RNA jest tłumaczona na aminokwasy w procesie translacji. **Kodon (3 nukleotydy) → aminokwas**

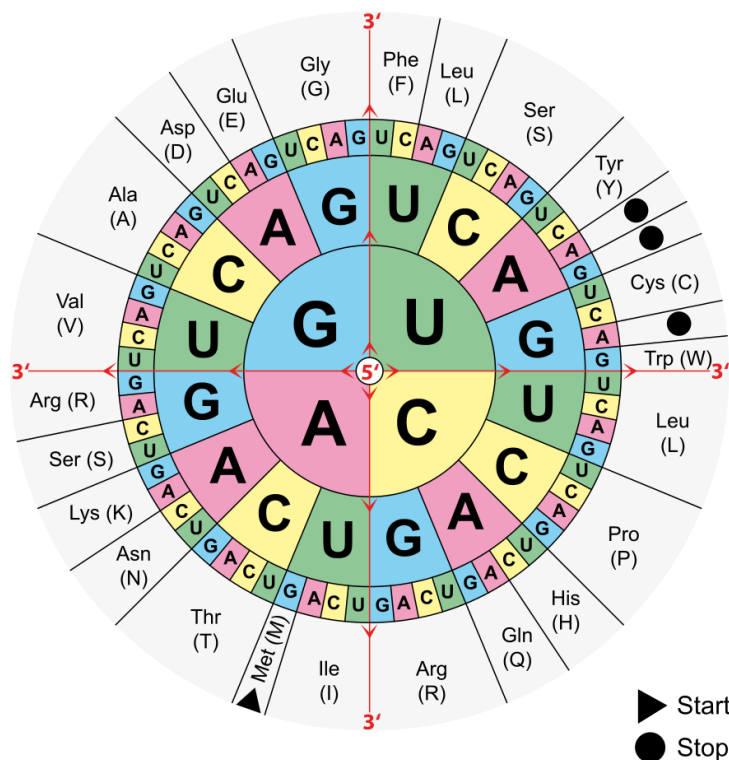
► **Trójkowy** – trzy kolejne nukleotydy kodują pojedynczy aminokwas lub sygnał zakończenia translacji

► **Jednoznaczny** – każdy kodon koduje ściśle określony aminokwas lub sygnał zakończenia translacji

► **Zdegenerowany** – większość aminokwasów może być kodowanych przez różne kodony (wyjątkami są jedynie metionina i tryptofan).

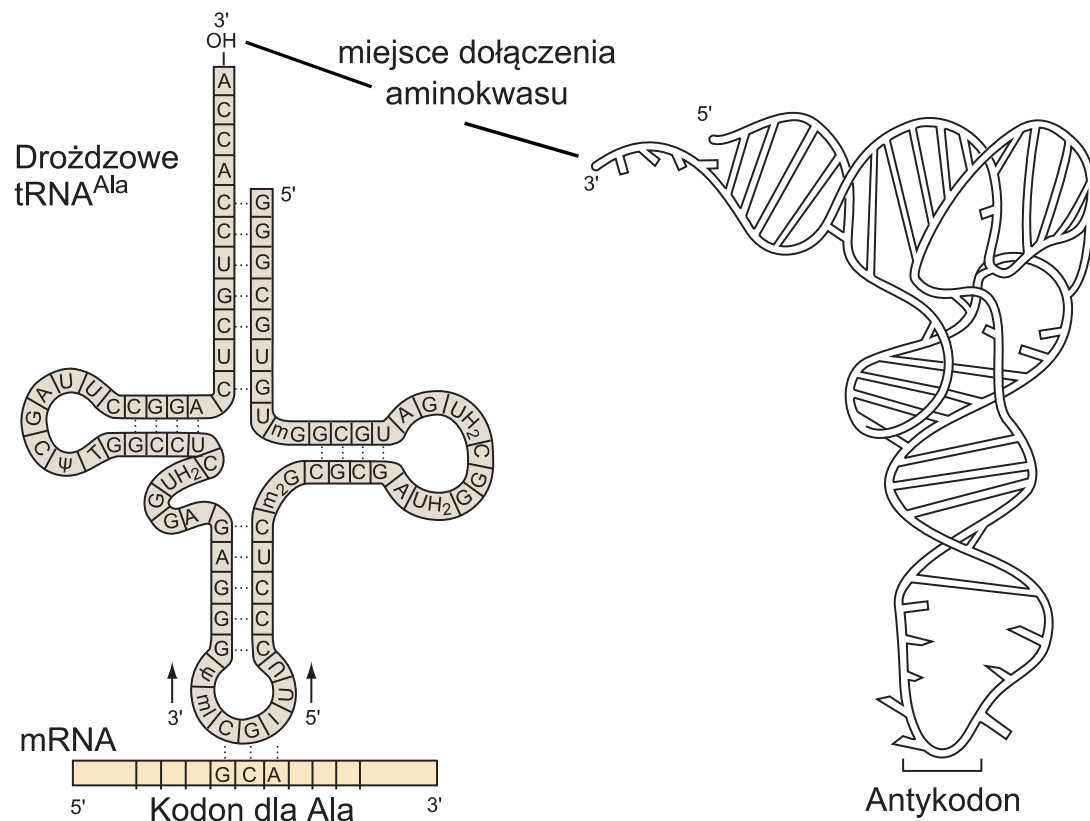
► **Niezachodzący i bezprzecinkowy** – kolejne trójki nukleotydów w sekwencji DNA stanowią kolejne kodony, pomiędzy którymi nie ma nukleotydów niekodujących

► **Uniwersalny** i wspólny dla zdecydowanej większości organizmów
















Translacja: od RNA do białka - tRNA

- ▶ **Translacja** jest procesem syntezy łańcucha polipeptydowego o kolejności aminokwasów odpowiadającej kolejności kodonów w mRNA
- ▶ Synteza łańcucha polipeptydowego zachodzi w **rybosomach** przy udziale cząsteczek **transportującego RNA (tRNA)**
- ▶ tRNAs to krótkie, jednoniciowe RNA o długości 74–95 nukleotydów
- ▶ Struktura tRNA pozwala im pełnić rolę pośrednika pomiędzy mRNA a aminokwasami podczas translacji.



Translacja: od RNA do białka - rybosomy

► Rybosomy są strukturami komórkowymi zbudowanymi z rybosomalnego RNA (rRNA) i białek

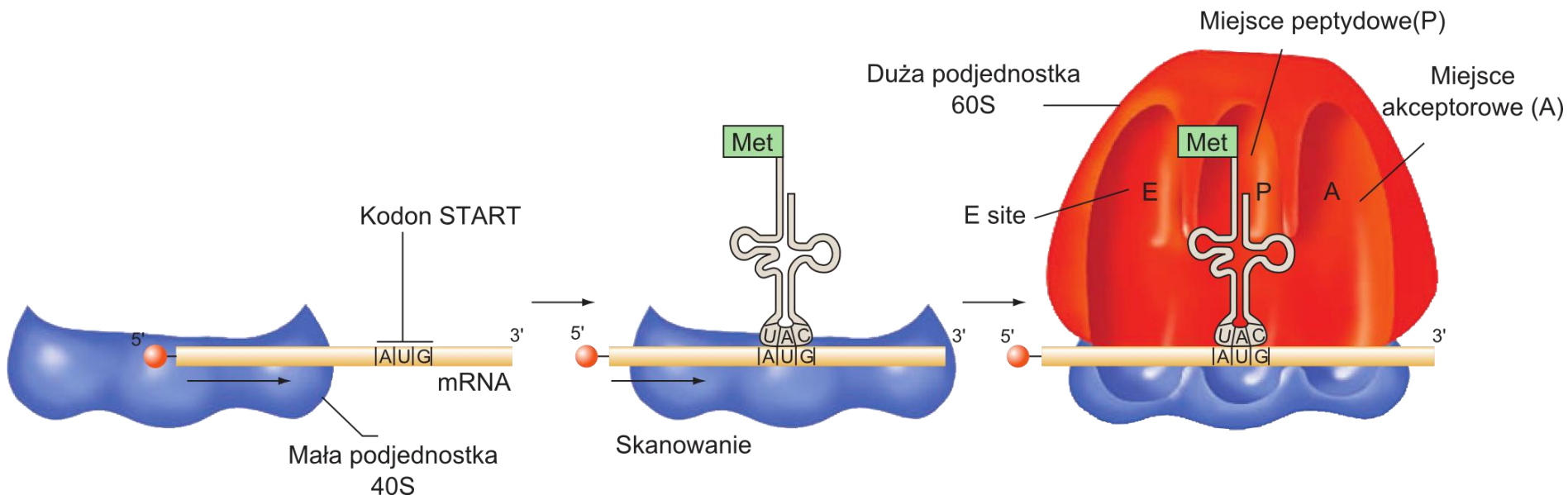
Rybosom	Podjednostki	Kwasy nukleinowe	Białka
Prokariotyczny 	 50S	 23S rRNA 3000 nucleotides	31
	 30S	 5S rRNA 120 nucleotides  16S rRNA 1700 nucleotides	21
Eukariotyczny 	 60S	28S rRNA 5000 nucleotides  5.8S rRNA  160 nucleotides 5S rRNA  120 nucleotides	~ 45
	 40S	 18S rRNA 2000 nucleotides	~ 33

Translacja: od RNA do białka – mechanizm translacji

Inicjacja- Mała podjednostka wiąże 5' koniec oraz poszukuje kodonu START (AUG) na 5' końcu mRNA, u bakterii tRNA inicjujące dołącza formylowaną metioninę (fMet)

Elongacja- aminokwasy dodawane do rosnącego polipeptydu, rybosomy przesuwają się do 5'-do-3' wzdłuż mRNA, 2-15 aminokwasów jest dołączane do C-końca na sekundę

Terminacja – synteza polipeptydu zatrzymuje się po rozpoznaniu kodonu STOP, następuje uwolnienie rybosomu, polipeptydu oraz mRNA

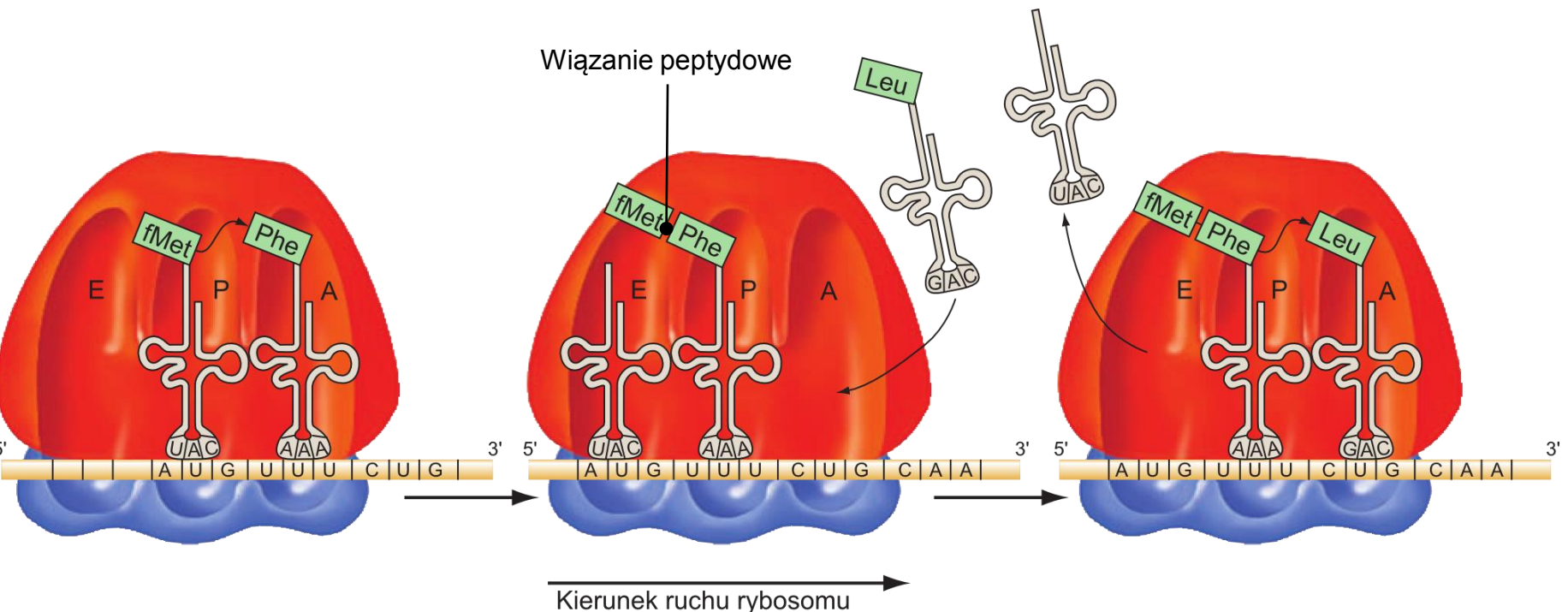


Translacja: od RNA do białka – mechanizm translacji

Inicjacja- Mała podjednostka wiąże 5' koniec oraz poszukuje kodonu START (AUG) na 5' końcu mRNA, u bakterii tRNA inicjujące dołącza formylowaną metioninę (fMet)

Elongacja- aminokwasy dodawane do rosnącego polipeptydu, rybosomy przesuwają się do 5'-do-3' wzdłuż mRNA, 2-15 aminokwasów jest dołączane do C-końca na sekundę

Terminacja – synteza polipeptydu zatrzymuje się po rozpoznaniu kodonu STOP, następuje uwolnienie rybosomu, polipeptydu oraz mRNA

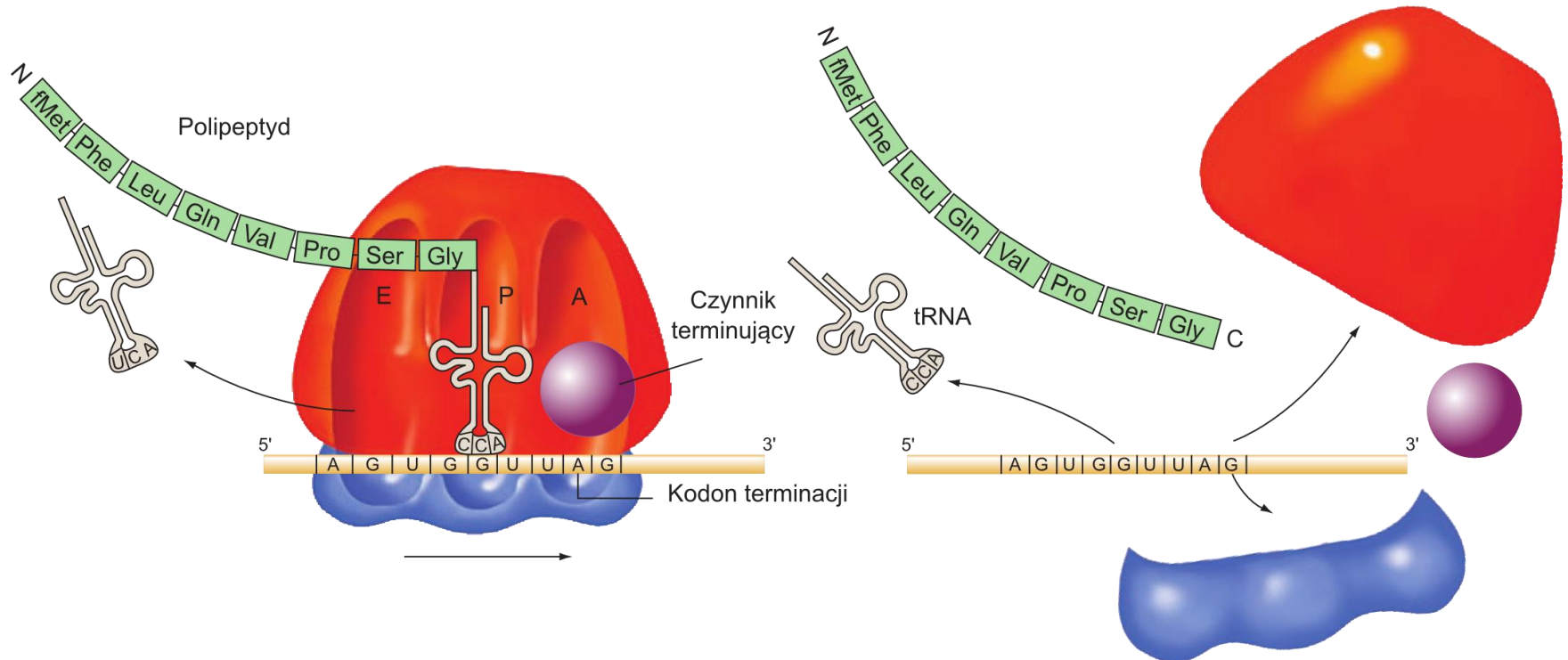


Translacja: od RNA do białka – mechanizm translacji

Inicjacja- Mała podjednostka wiąże 5' koniec oraz poszukuje kodonu START (AUG) na 5' końcu mRNA, u bakterii tRNA inicjujące dołącza formylowaną metionię (fMet)

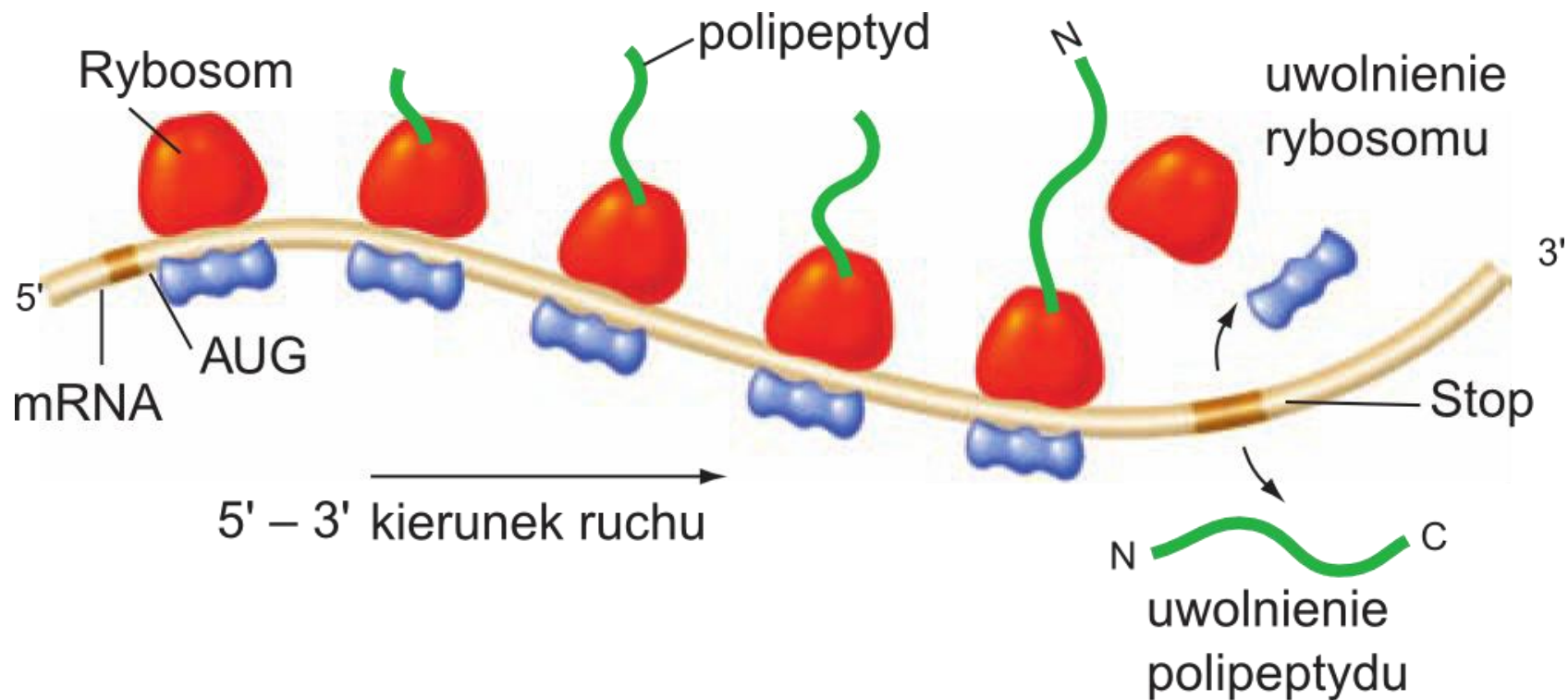
Elongacja- aminokwasy dodawane do rosnącego polipeptydu, rybosomy przesuwają się do 5'-do-3' wzdłuż mRNA, 2-15 aminokwasów jest dołączane do C-końca na sekundę

Terminacja – synteza polipeptydu zatrzymuje się po rozpoznaniu kodonu STOP, następuje uwolnienie rybosomu, polipeptydu oraz mRNA



Translacja: od RNA do białka – Polirybosomy

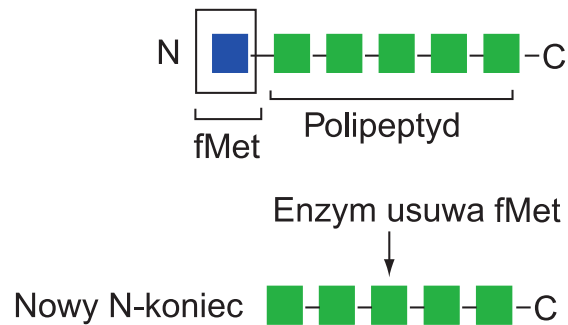
► Polirybosomy umożliwiają jednoczasową syntezę wielu kopii polipeptydu z pojedynczej cząsteczki mRNA



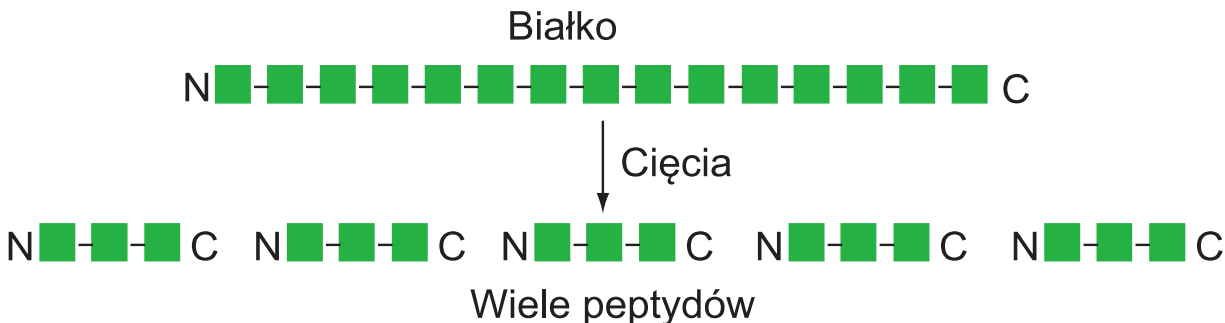
Translacja: białka – modyfikacje potranslacyjne

► Białka mogą podlegać licznym modyfikacjom potranslacyjnym np. modulującym ich aktywność

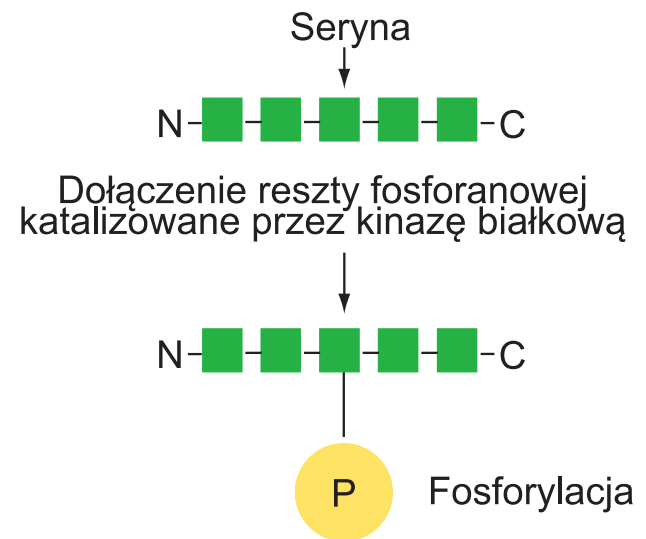
(a) Cięcie usuwające aminokwas



(b) Cięcie na wiele mniejszych polipeptydów



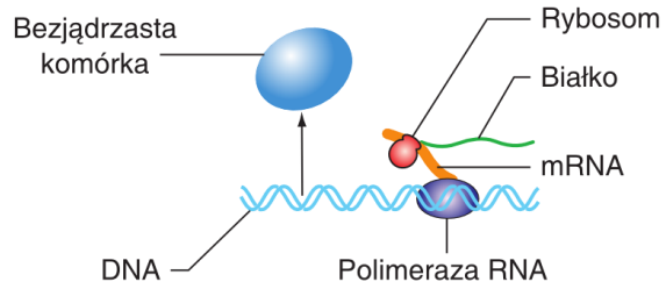
(c) Chemiczna modyfikacja aminokwasów



Ekspresja genów – Prokaryoty vs Eukaryoty - Podsumowanie

Prokaryoty

1. Brak jądra. Transkrypcja i translacja zachodzi w tym samym kompartmentie komórkowym, a translacja może być powiązana z transkrypcją

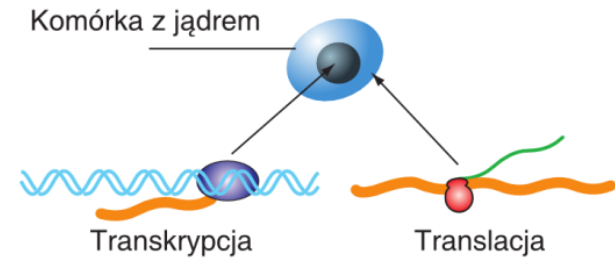


2. Geny nie są podzielone na eksony i introny

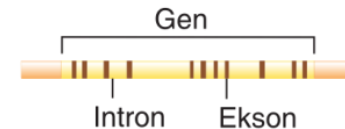


Eukaryoty

1. Jądro oddzielone od cytoplazmy błoną jądrową
Transkrypcja zachodzi w jądrze, a translacja w cytoplazmie



2. Geny podzielone na eksony i introny
Mogą występować geny bez intronów



Ekspresja genów – Prokaryoty vs Eukaryoty - Podsumowanie

Transkrypcja

Prokaryoty

1. Polimeraza RNA zbudowana z 4 podjednostek
2. Pierwotne transkrypty tworzą mRNA; posiadają resztę trifosforanową na 5' końcu oraz brak modyfikacji na 3' końcu



Eukaryoty

1. Polimeraza I, II, III oraz mitochondrialna, zbudowane z 10 lub więcej podjednostek. Polimeraza II RNA transkrybuje geny kodujące białka
2. Pierwotne transkrypty przechodzą proces składania eksonów w dojrzałe mRNA; mRNA posiada czapkę na 5' końcu. Poliadenylacja na 3' końcu



Translacja

1. tRNA inicjujące dołącza formyl metioninę (fMet)
2. mRNA posiada wiele miejsc startu translacji przez co możliwa jest synteza wielu różnych polipeptydów



3. Mała podjednostka rybosomu natychmiast wiąże się to miejsca startu translacji



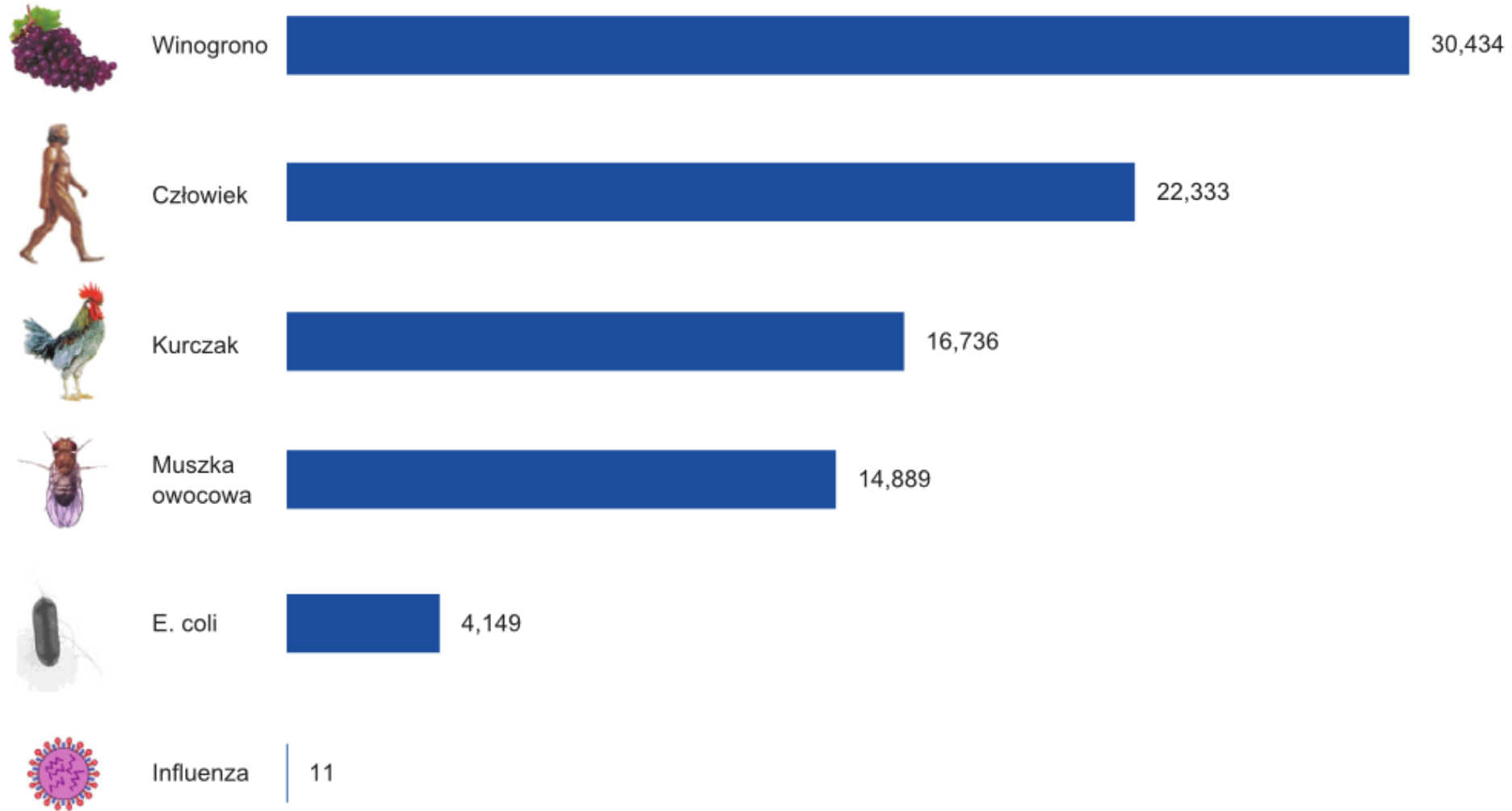
1. tRNA inicjujące dołącza metioninę (Met)
2. mRNA posiada pojedyncze miejsce startu translacji wiązania rybosomu, z którego powstaje polipeptyd



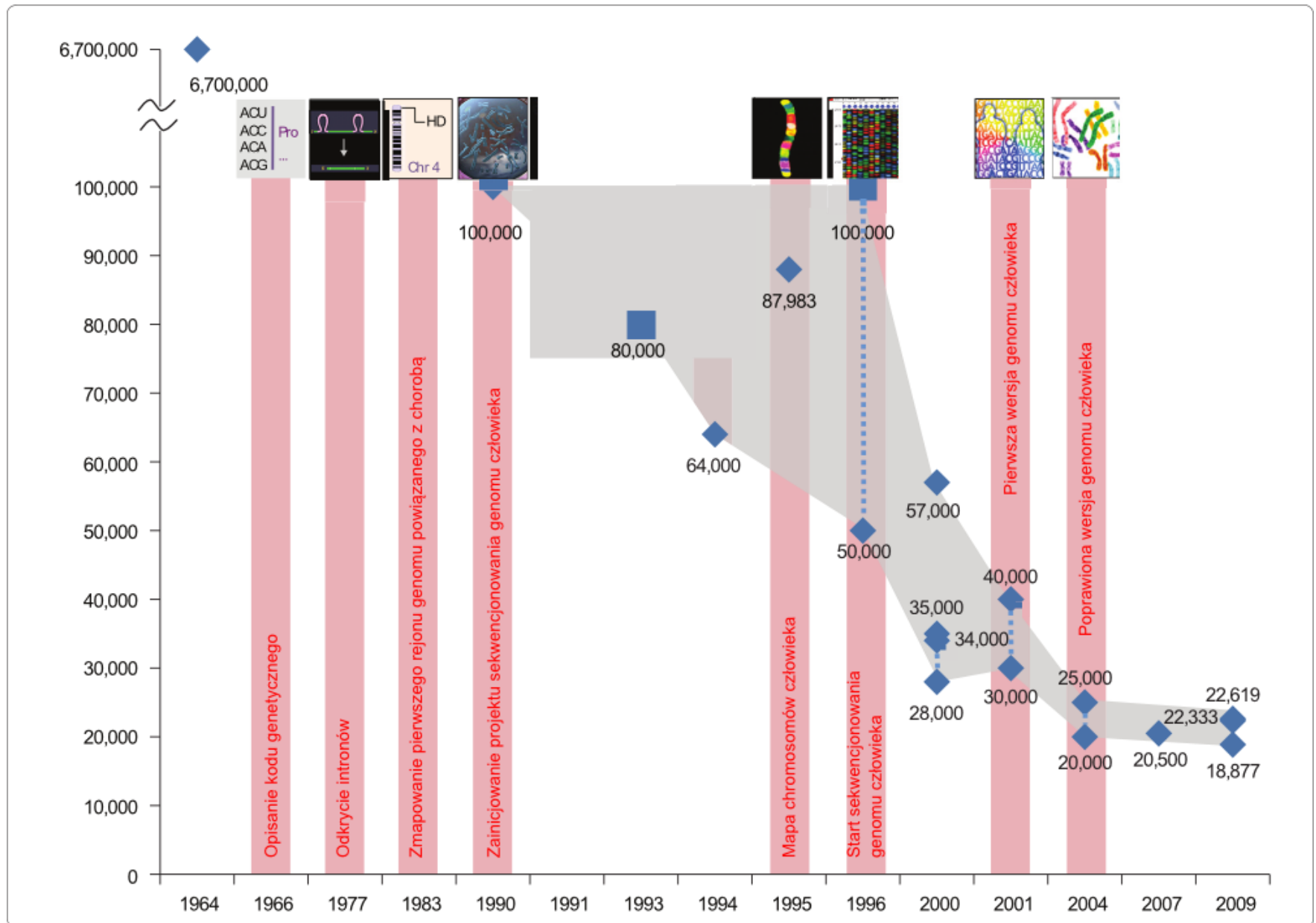
3. Mała podjednostka rybosomu wiąże czapkę, następnie przesuwa się wzdłuż mRNA to miejsca startu translacji



Liczba genów u różnych organizmów



Liczba genów u człowieka



INGE– Wykład 2 – podsumowanie

