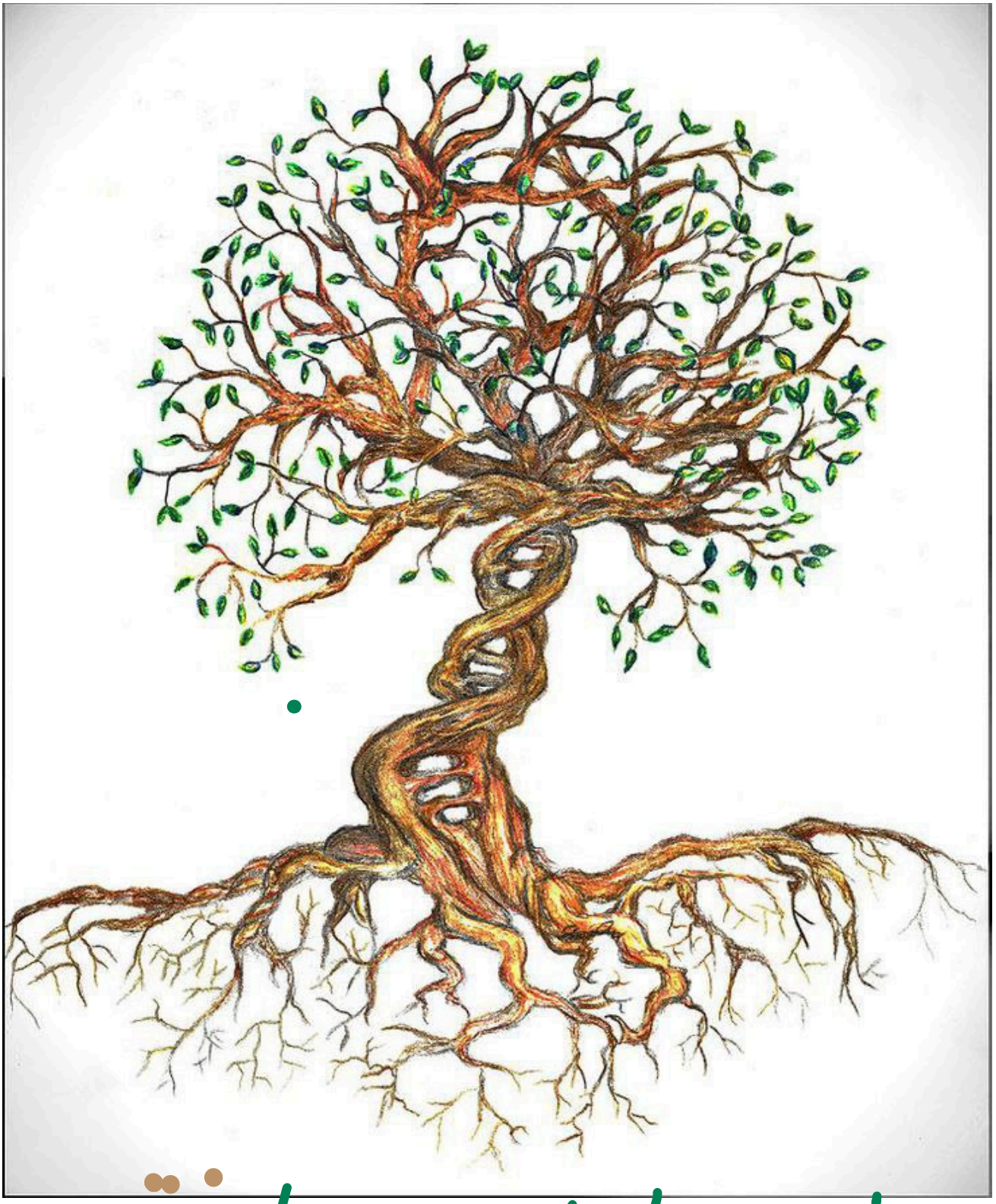
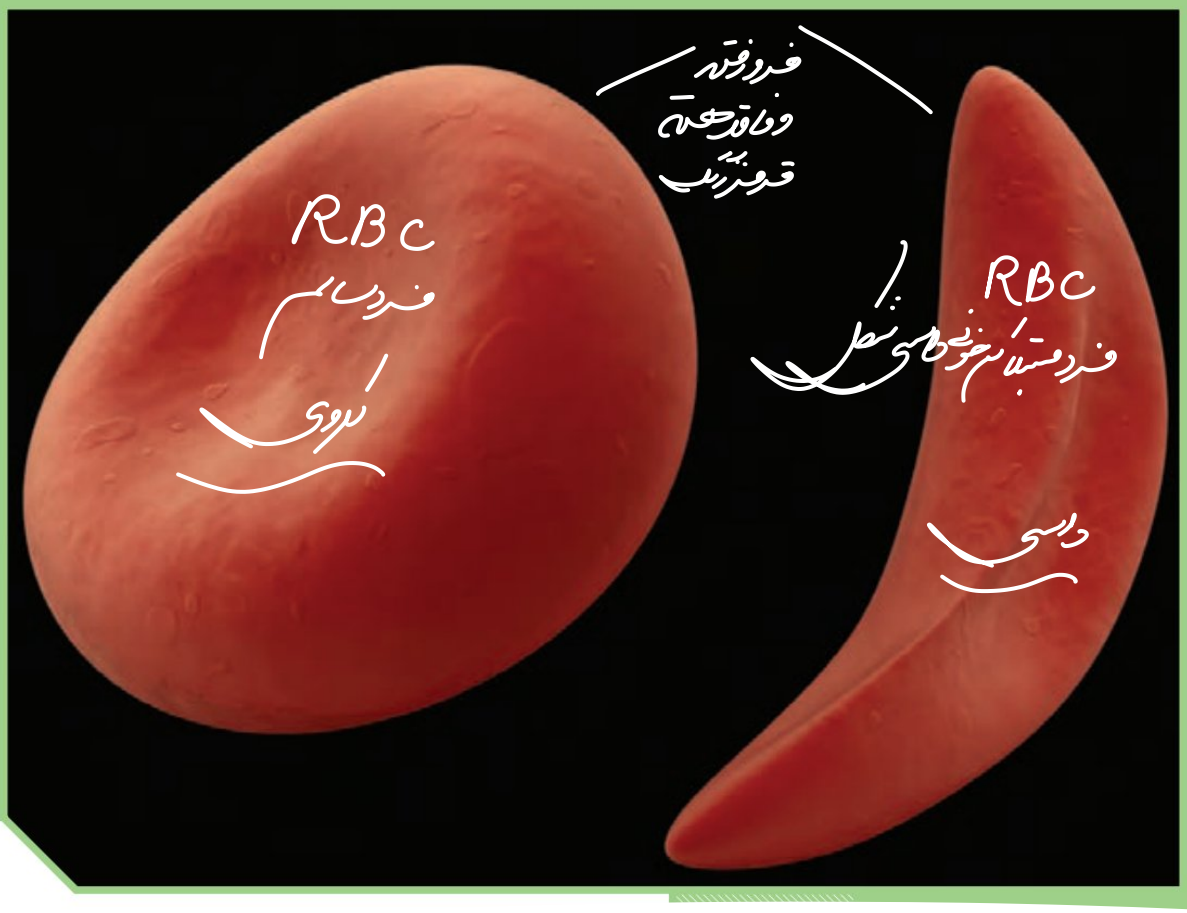
نکات فصل (2 دوازدهم)



«جریان اطلاعات در یاخته»


فرد فاقد
و فاقد سلامت
قرمز تیره
RBc
فرد سالم
گرد
RBc
فرد مبتلا به کم خونی داسی شکل
داسی

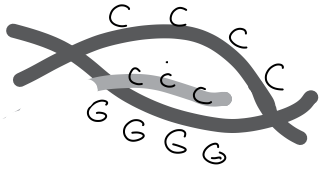
گفتار ۱ رونویسی

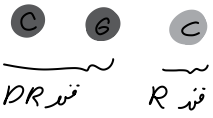
در حباب رونویسی

حدافل

نوکلئوتید ۳ نوع

بازآرایی ۲ نوع



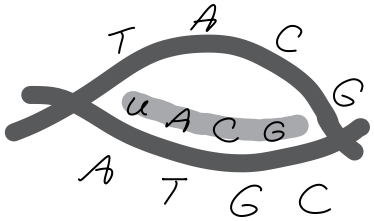


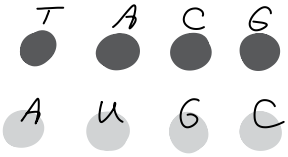
حداکثر

نوکلئوتید ۵

بازآرایی ۵ نوع

A, T, C, G, U





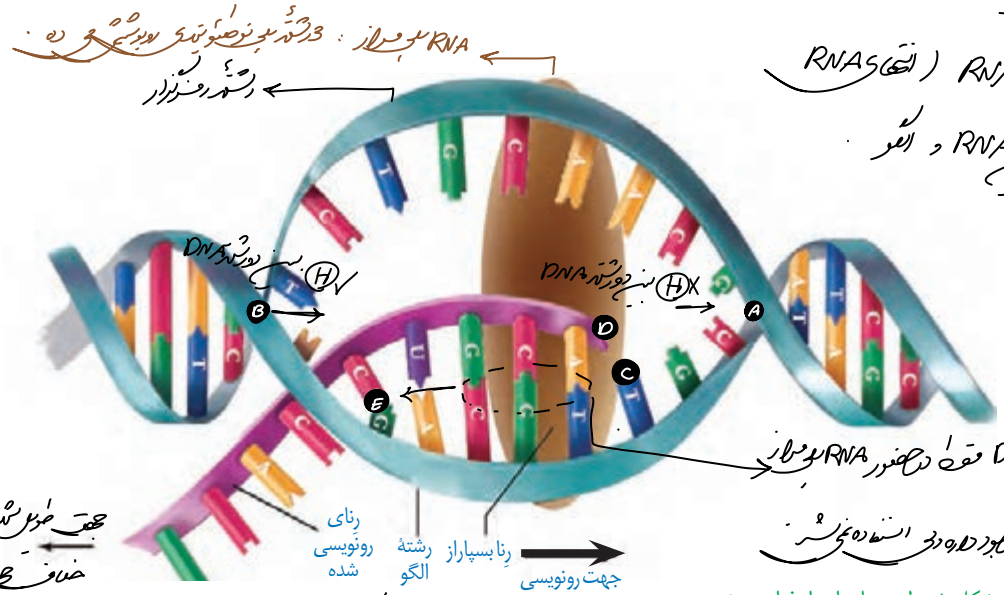
A ← شکستن H بین دو رشته DNA

B ← ایجاد H بین دو رشته DNA

C ← محل ایجاد H بین نوکلئوتید R و DNA

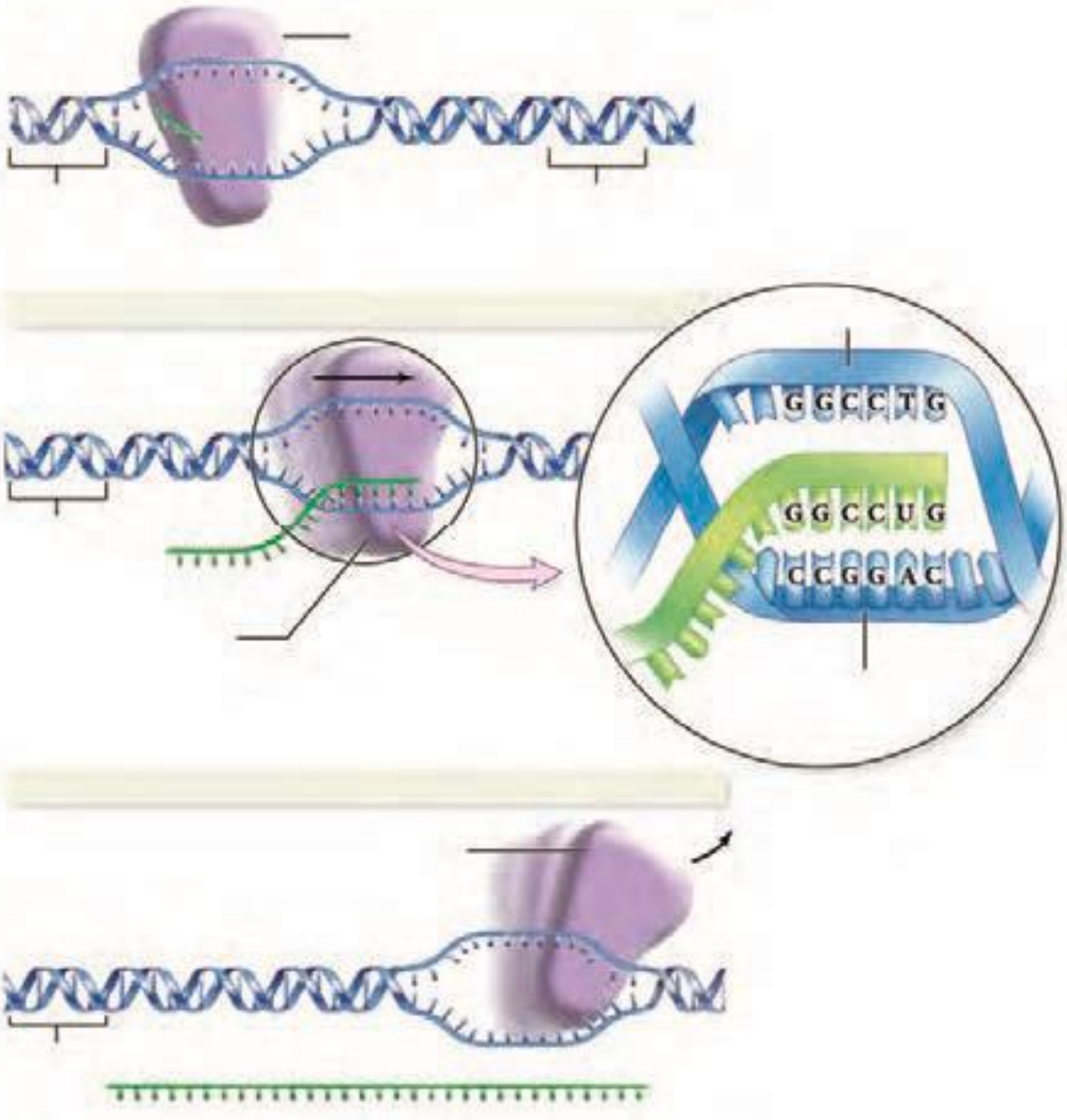
D ← در رشته RNA (انتهای RNA)

E ← شکستن H بین RNA و الگو



شکل ۱ــ طرح ساده‌ای از فرایند رونویسی

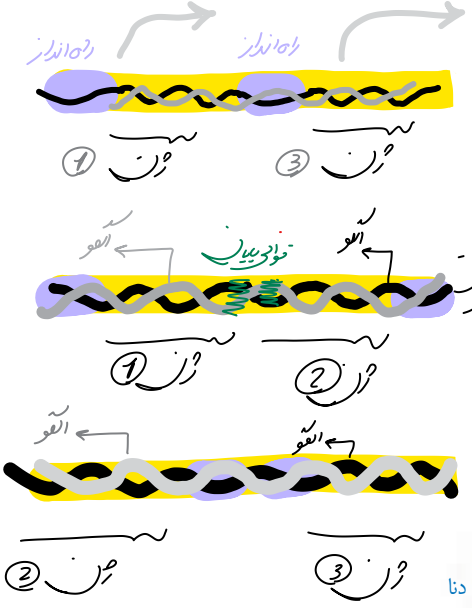
۱ــ Transcription

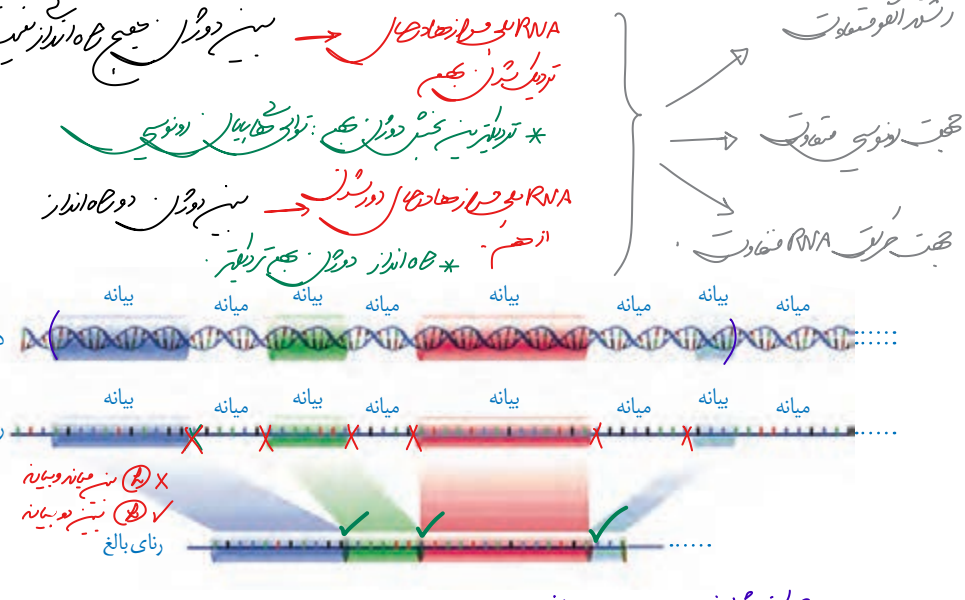

GGCCTG
GGCCUG
CCGGAC



رنای در حال رونویسی

شکل ۳ـ همان طور که در شکل مشاهده می‌شود، فقط یکی از دو رشته هر ژن رونویسی می‌شود.

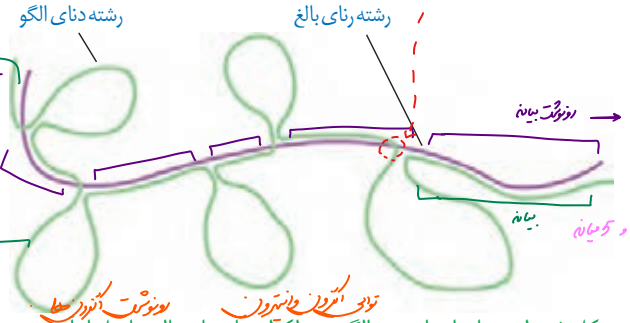




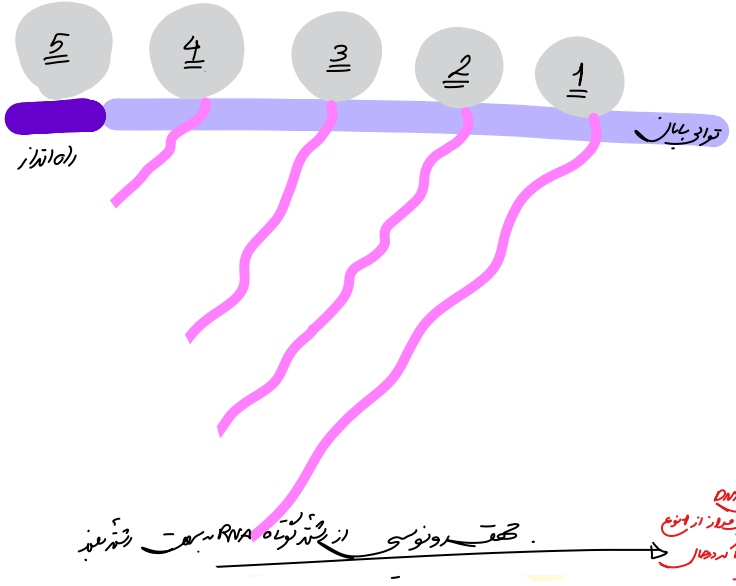
شکل ۴ـ پیرایش در بخشی از رنای یک ژن

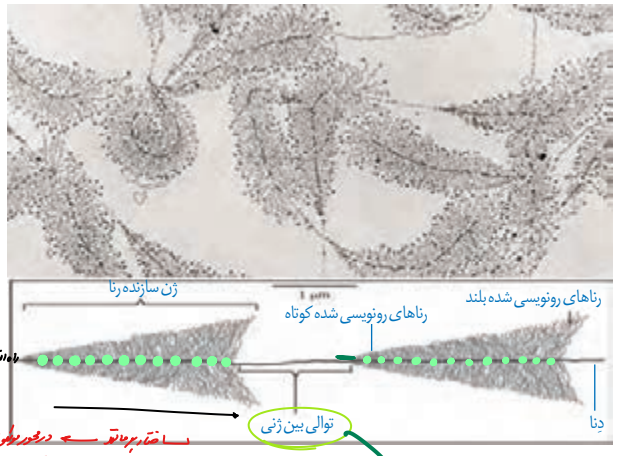
۱ـ Splicing

۲ـ Intron



شکل ۵ــ طرح ساده‌ای از رشته الگوی مولکول دنا و رنای بالغ حاصل از آن.
به نظر شما حلقه‌های سبز میانه هستند یا بیانه؟

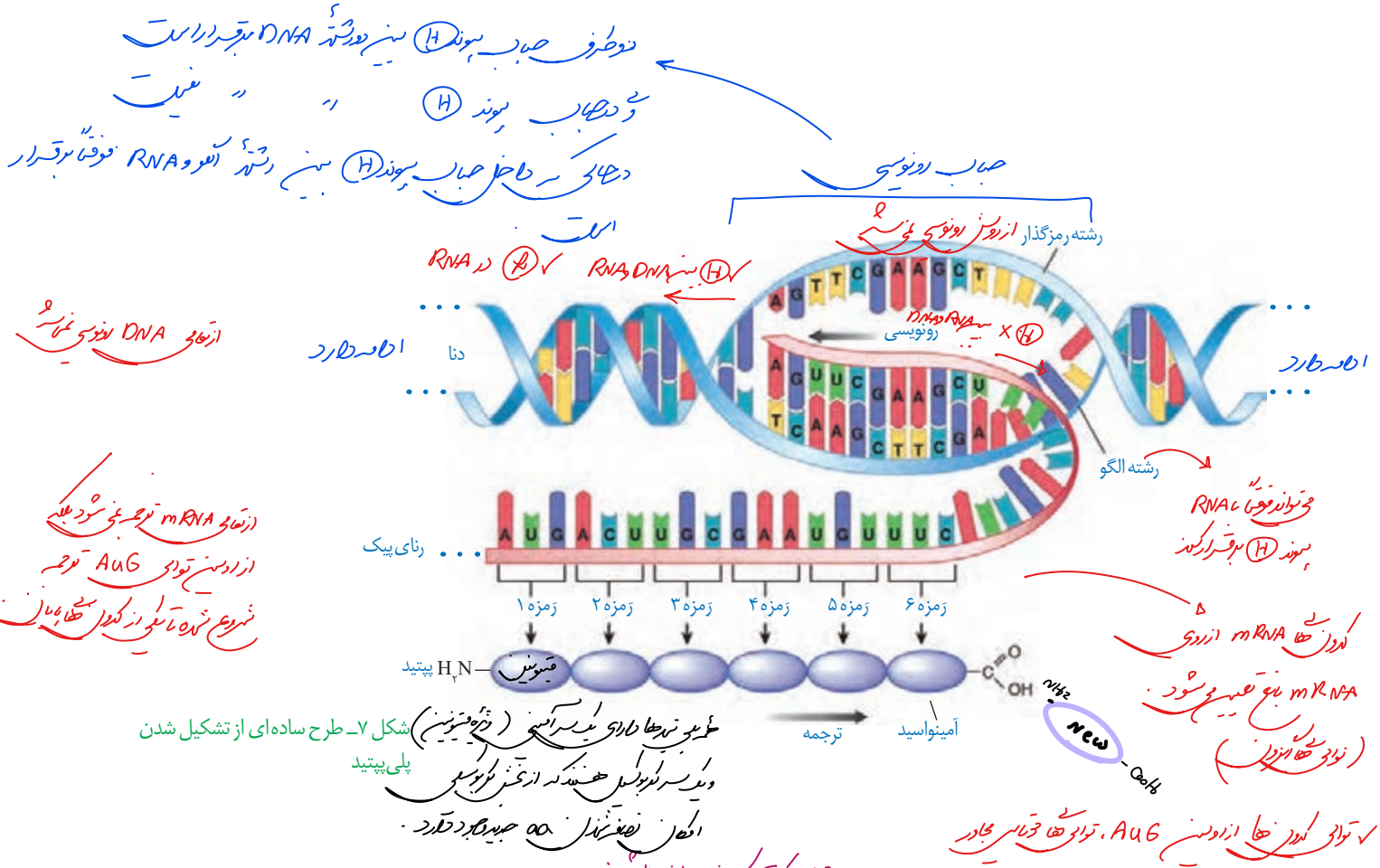




شکل ۶ــ ساخته شدن هم‌زمان چندین رنا از روی ژن

1. Exon
2. Precursor mRNA (Pre-mRNA)
3. Mature messenger RNA

گفتار ۲ به سوی پروتئین



شکل ۷ـ طرح ساده‌ای از تشکیل شدن پلی‌پپتید

۱ـ Translation

۲ـ Codon

3 حلقه ← حلقه‌های آنتی کدون
(فاقد H)
2 حلقه کناری
دراتنهای بازوی اصلی

← همگی شامل 7 نوکلئوتید مجاور هستند و اندازه حلقه‌ها برابر است.

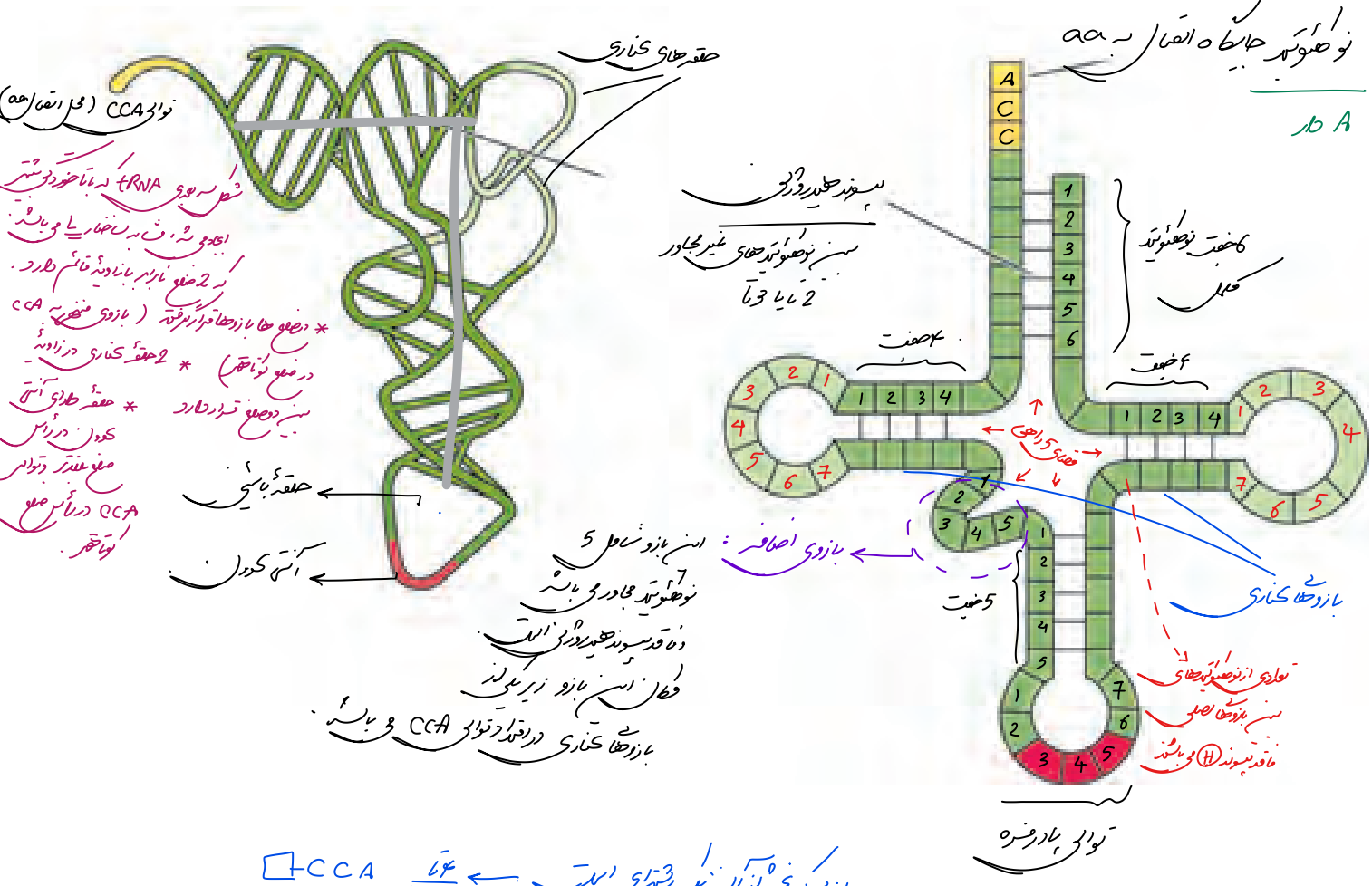
← تنها حلقه‌ای که امکان ایجاد H دارد. ← 3 نوکلئوتید وسطی حلقه آنتی کدون است. (5'A 3')

ساختار ثانویه

← ایجاد دو هلیکس - بدون ایجاد پیوند
اقدام تا خوردگی - اتصال
اتصال به aa

تا خوردگی نهایی

← ایجاد دو هلیکس با ایجاد پیوند H (شروع تا خوردگی)
عدم توانایی در اتصال به aa



شکل سه‌بعدی tRNA به تا خوردگی شبیه ایجاد می‌شه، شبیه یک ضمار یا می‌باشه
به 2 صفحه نازک با زاویه‌ی قائم دارد.
* دو صفحه با بازوها قرار گرفته (بازوی منتهی به CCA در صفحه قرار ندارد)
* 2 حلقه کناری در زاویه بین دو صفحه قرار دارد
* حلقه‌های آنتی کدون در رأس صفحه مقدار و توالی CCA در رأس صفحه دیگر.

این بازو شامل 5 نوکلئوتید مجاور می‌باشه
و فاقد پیوند هیدروژنی است.
فعال این بازو زیاد می‌شود.
بازوهای کناری در انتهای توالی CCA می‌باشه.

بازوی اضافه: ← این بازو شامل 5 نوکلئوتید مجاور می‌باشه و فاقد پیوند هیدروژنی است.

4 تا بازو اصلی
پیوند هیدروژنی دارد و در جهت بازوی منتهی به توالی CCA هستند.
دراتنهای حلقه‌ای هستند.
8 تای

بازوی منتهی به توالی CCA
1 رشته‌ای حاوی 6 نوکلئوتید و رشته دیگر حاوی 7 نوکلئوتید است.
حداقل 12 و حداکثر 18 پیوند هیدروژنی دارد

بازوهای کناری (2 تا)
این دو بازو که در انتها ساختار حلقه‌ای دارند، با هم طول برابر داشته و بازوی به توالی CCA است.
به دلیل وجود بازوی اضافی کمی بلاتر است.

بازو منتهی به آنتی کدون
دارای 4 جفت نوکلئوتید مکمل هستند و حداقل 8 و حداکثر 12 پیوند هیدروژنی دارد.
این بازو کوتاه‌تر از بازوی منتهی به CCA و بلندتر از بازوهای کناری است.
از 5 جفت نوکلئوتید مکمل ساخته شده (حداقل 10 و حداکثر 18 پیوند هیدروژنی دارد)

* در ساختار حلقه‌ها و بازوی اضافی نوکلئوتید تک رشته‌ای پیوند هیدروژنی نداریم.

✓ بلندترین بازو ← بازوی اصلی منتهی به CCA
✓ کوتاه‌ترین بازو ← بازوی اضافی
✓ ... ← ... اصلی ← ... کناری

آنزیم اتصال دهندهٔ tRNA به aa ← این آنزیم از جنس RNA بوده و سنتز نکرده. رونویسی از ژن این آنزیم توسط RNA پلیمراز II، این آنزیم حاصل ترجمه در سیتوپلاسم است و در سیتوپلاسم فعالیت می‌کند.

فعالیت این آنزیم نیازمند ترجمه است و انرژی خواه است.

طی 2 جایگاه فعال نامرابر

نوکلئوتید ← tRNA

آمینو اسید ← aa

2 نوع سنتز داده ← پلی پپتید (4 نوع مونومر) + aa

1 نوع محصول ← tRNA متصل به aa (5 نوع مونومر)

از قند نوکلئوتید حاوی باز A

آمینو اسید پیوند پپتیدی برقرار کرده

aa و tRNA

ایجاد پیوند کووالانسی بین

تولید آب و مصرف انرژی در هر بار سنتز داده‌ها در جایگاه فعال آنزیم

شکل ۹ـ نحوهٔ پیوستن آمینواسید به رنای ناقل مربوط به خود توسط آنزیم ویژه آن

آمینواسید میونین

جایگاه فعال آنزیم

پیوند

باز ضد رمز

رنای ناقل با آمینواسید

خروج محصول این آنزیم از جایگاه فعال

tRNA در اثر نیروی خارجی وارد جایگاه فعال می‌شود

آنزیم اتصال دهندهٔ رنا به آمینواسید

رنای ناقل

پادرمزه

آنزیم بخش تخریب شده را تخریب می‌کند

تغییر شکل دهد، تخریب کند

تغییر نکند

ترین متصل جایگاه فعال مربوط به tRNA به جایگاه فعال aa، توالی CCA بوده و آنتی کدون دورترین بخش به آن است.

✓ تشکیل زیرواحد بزرگ ← هسته

✓ تشکیل زیرواحدهای بزرگ ← هسته / لیزوزوم / سیتوپلاسم

✓ تشکیل زیرواحد کوچک ← سیتوپلاسم

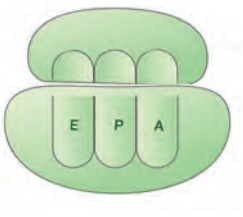
✓ جهت حرکت رنا پلی‌مراز به سمت زیرواحدهای ریبوزوم است.

✓ زیرواحدهای ریبوزوم پلی‌پپتید آغاز در رنا پیام قرار می‌گیرند و پس از پایان ترجمه مجدد از هم جدا می‌شوند.

✓ در سطح جایگاه‌های E، P و A قرار دارند و این جایگاه‌ها فقط در ریبوزوم فعال هستند.

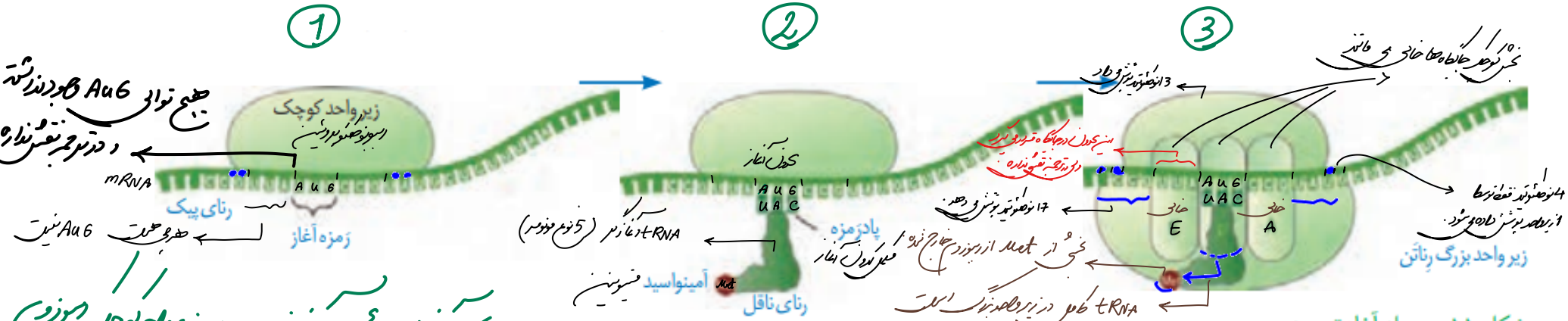
✓ محل قرارگیری tRNA در موقع سنتز پلی‌پپتید در جایگاه‌های زیرواحد بزرگ ریبوزوم است.

✓ هر جایگاه به اندازه ۳ نوکلئوتید پوشش می‌دهد، بطوری که در ریبوزوم 3 کدون (یا نوکلئوتید) در جایگاه‌های ریبوزوم است و در پلی‌پپتید زیرواحدها پوشش می‌دهد.



شکل ۱۰ـ ترتیب قرارگیری زیرواحدهای رِناتَن

۱ـ Anticodon



شکل ۱۱ـ مرحله آغاز ترجمه

✓ پایان مرحله آغاز

✓ بدون ایجاد پیوند

✓ تکمیل ساختار ترجمه در ریبوزوم

✓ ایجاد جایگاه‌های E، P، A (در بخش‌های tRNA آغازگر در جایگاه P قرار می‌گیرد)

✓ tRNA در بخش زیرواحد بزرگ ریبوزوم است.

✓ زیرواحد بزرگ ریبوزوم آخرین بخش تشکیل شده در مجاورت بازهای آغاز mRNA قرار می‌گیرد.

* هر جایگاه ۳ نوکلئوتید (۱ کدون) پوشش می‌دهد. در نهایت ۳ کدون (۹ نوکلئوتید) در جایگاه‌های ریبوزوم است.

✓ آغاز مرحله آغاز ← زیرواحد کوچک ریبوزوم

✓ ابتدا AUG در وسط زیرواحد کوچک است

✓ زیرواحد کوچک در مجاورت قندوفسفات mRNA قرار می‌گیرد.

✓ جایگاه E، P، A وجود ندارد.

✓ زیرواحد کوچک ریبوزوم ← ۱۳ نوکلئوتید جایگاه پوشش می‌دهد

✓ پیوند ایجاد نمی‌شود ✗

✓ ۲ نوع RNA عامل فرعی ← rRNA، mRNA

✓ ایجاد پیوند هیدروژنی ← ۷ تا

(۳ تا) RNA بین دو نوع

A–U، U–A، G–C

✓ آغاز tRNA آغازگر دارد زیرواحد کوچک می‌شود

✓ " دومین عامل وارد شده قدرمحه

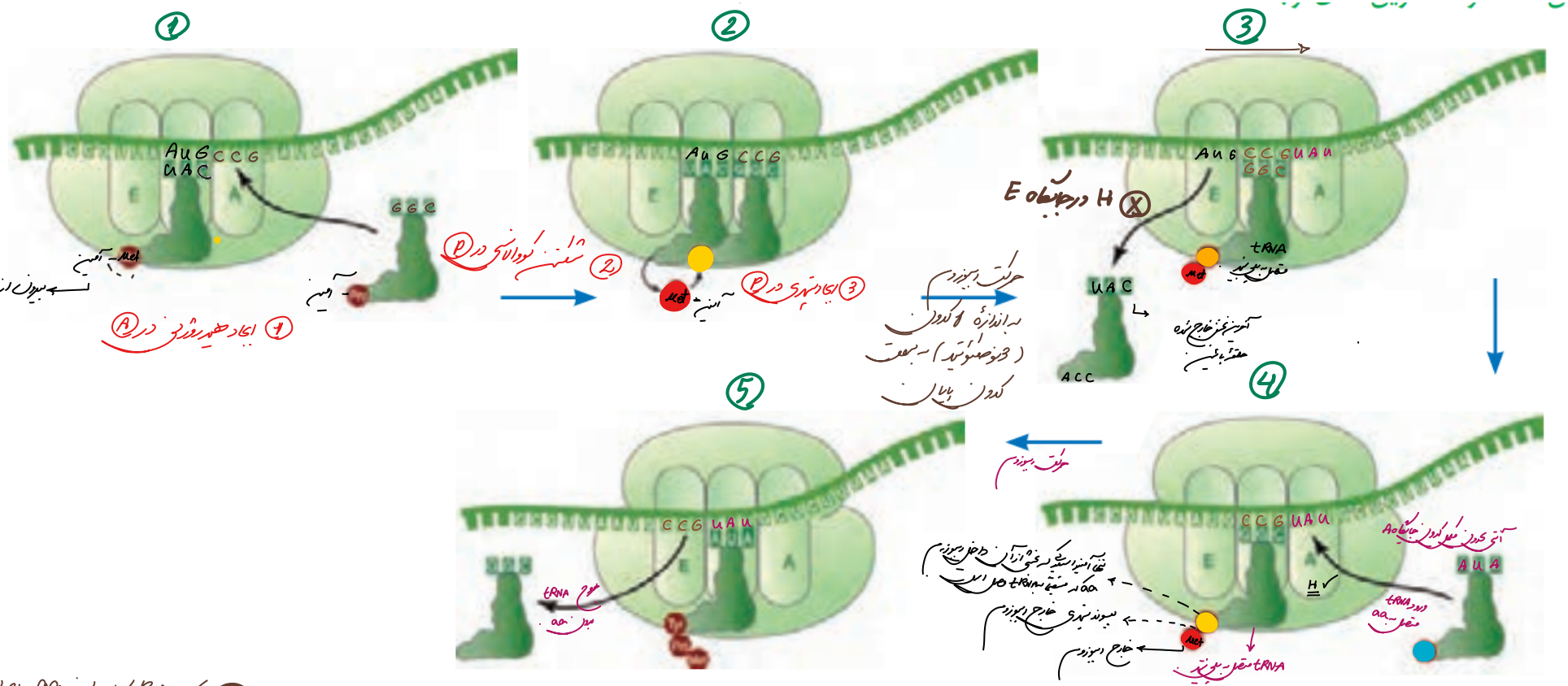
✓ جایگاه E، P، A نداریم

✓ ۳ نوع RNA عامل فرعی ← rRNA، mRNA، tRNA

✓ در ساختار در حال ترجمه پیوند هیدروژنی داریم ← بین tRNA و mRNA (موقت)

در ساختار tRNA

✓ " " " ← پپتیدی داریم ← در ساختاری ریبوزوم pro در حال ایجاد در حال تشکیل هستند.



① ✓ انواع tRNA که احتمال ورود به جایگاه A دارد ← ۶ نوع

✓ " " " متصل‌شدن در جایگاه A دارد ← ۱ نوع

✓ شروع مرحله طویل شدن ← ورود tRNA متصل-aa به جایگاه A

✓ ایجاد پیوند پپتیدی در جایگاه A

- حداقل ۶ تا
- حداکثر ۹ تا

✓ ورود tRNA جدید به زیرواحد بزرگ ریبوزوم از حفره دارای آنتی کدون صورت می‌گیرد.

② ✓ در این مرحله انتها ⊗ کوواسی بین tRNA و aa در جایگاه P و بعد ایجاد پپتیدی بین دو aa در جایگاه A (ورود aa بدون tRNA از P به A)

✓ در این مرحله قبل حرکت ریبوزوم tRNA 2 در ریبوزوم است (حداقل 12 و حداکثر 18 پیوند H بین tRNA و mRNA)

✓ در این مرحله حرکت aa (یا پپتید) نداریم.

③ ✓ tRNA بدون aa بعد از حرکت ریبوزوم (tRNA آزاد شده بعد از ۱ حرکت و tRNA ها از ۲ حرکت) وارد جایگاه E می‌شوند

✓ شکستن پیوند H در جایگاه E (حداقل ۶ و حداکثر ۹)

✓ خروج tRNA بدون aa از جایگاه E

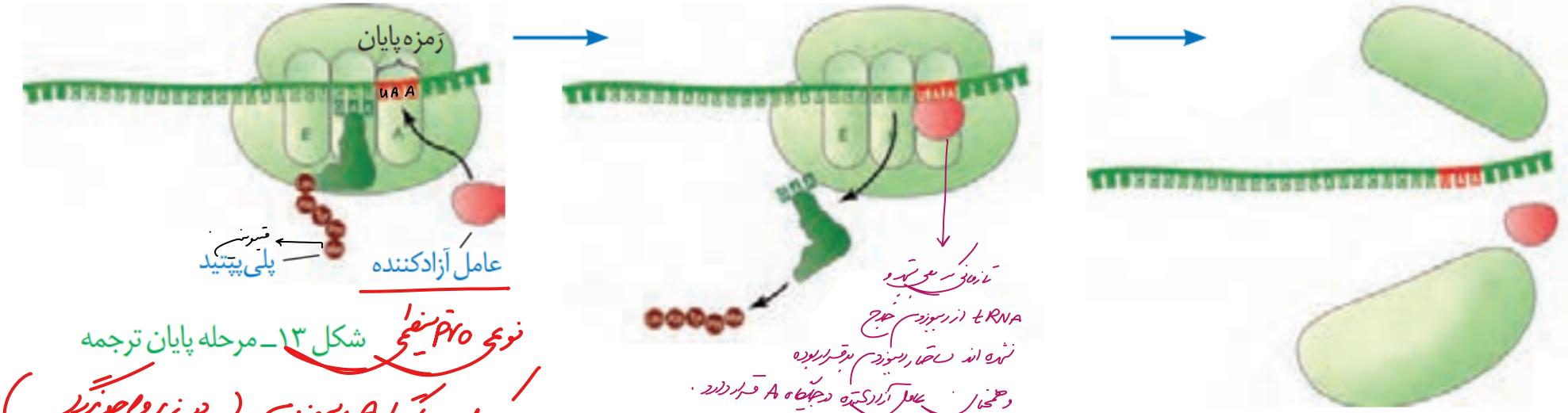
از سمتی که دارای توالی مخصوص اتصال به aa است.

④ هسته ریبوزوم بزرگ وارد عمل می‌شود

شبه‌ی سوراخ ← مشابه از ریبوزوم دورتر می‌شود.

* با حرکت ریبوزوم ← ورود tRNA متصل-پپتید به جایگاه P = خروج tRNA متصل-پپتید از A

" " بدون aa به جایگاه E = " " بدون aa از P



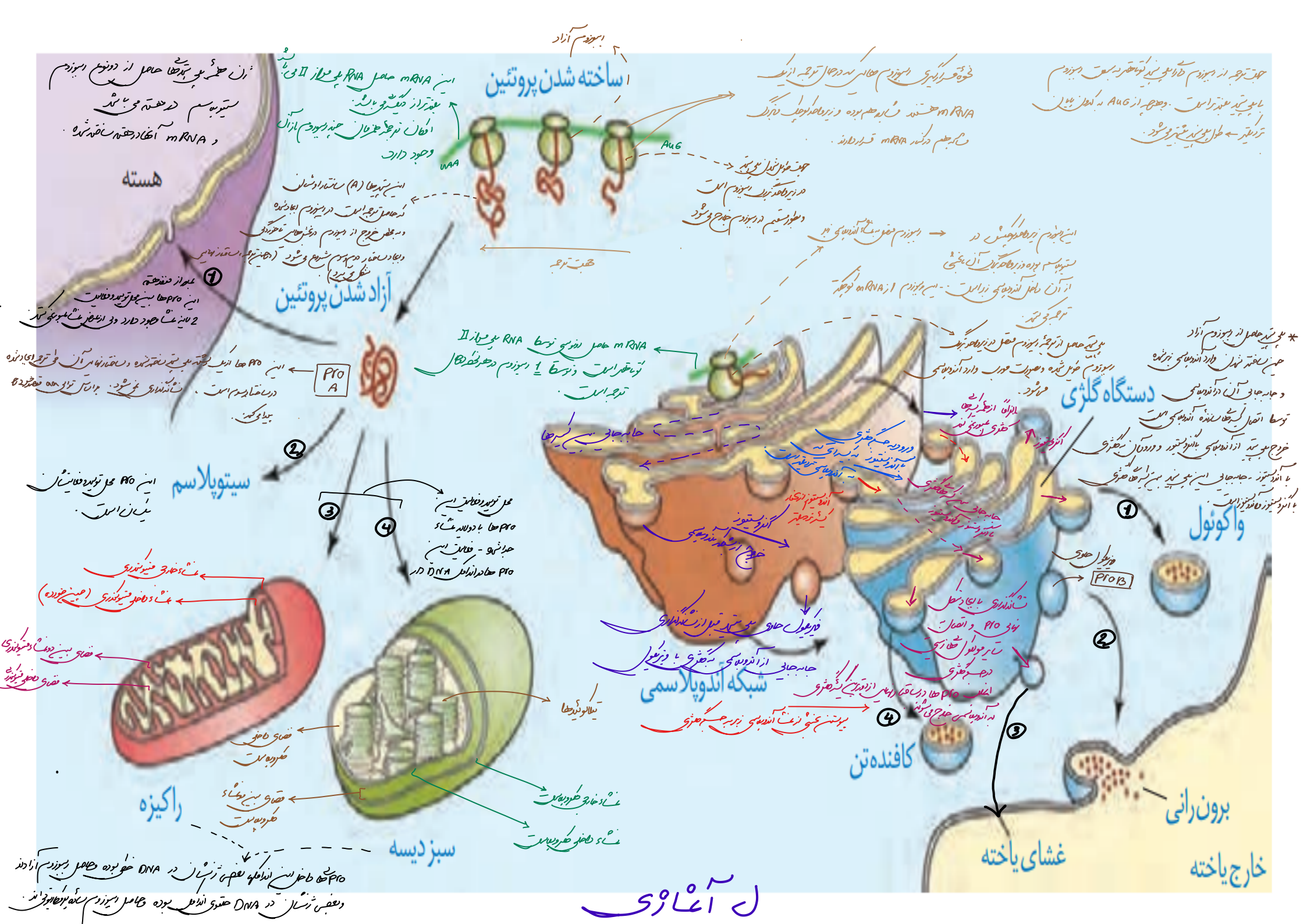
شکل ۱۳ـ مرحله پایان ترجمه

نوعی Pro سنتز می‌شود که در جایگاه A ریبوزوم (در نزدیکی انتهای رشته بزرگ) می‌ماند و در تماس با بازهای آلی کدون پایان قرار می‌گیرد.

* هرچه فاصلهٔ کدون پایان از آغاز بیشتر باشد

⇓

طول پلی‌پپتید بیشتر و مدت زمان قرارگیری رمز پایان در جایگاه A ریبوزوم بیشتر است.


ریبوزوم آزاد
ساخته شدن پروتئین
AUG
UAA
جهت ترجمه
آزاد شدن پروتئین
هسته
سیتوپلاسم
PRO A
دستگاه گلژی
واکوئول
شبکه آندوپلاسمی
کافنده تن
برون رانی
غشای یاخته
خارج یاخته
راکیزه
سبز دیسه
لـ آغازی

پروتئین‌های فاقد شده در سول یوکاریوت که بخش آمینی در DNA هسته‌ی باشد.

A

پروتئین‌های حاصل از ریبوزوم‌های آزاد

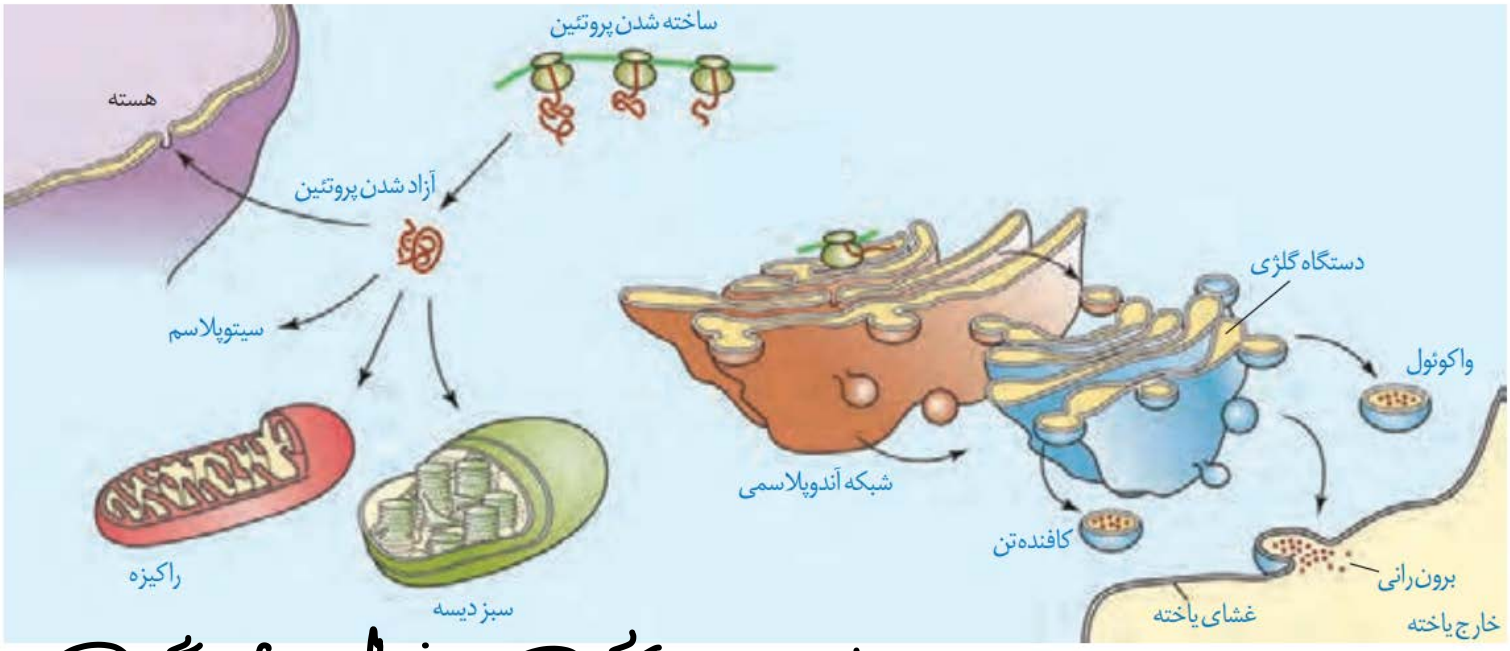
1. هسته:
   - ✓ RNA پلی‌مراز - DNA پلی‌مراز - هیستون‌ها - آنزیم‌های اصلاحی مانند ...
   - هیستون - عوامل رونویسی - Pro ساختاری ریبوزومی - Pro های متفرقه
   - Pro انتقالی نوترکیب
2. سیتوپلاسم:
   - ✓ دول تقسیم - زیرواحد و زیرواحد در اسطقت سلول - اکتین - میوزین - آنزیم اتصال دهنده‌ی aa به tRNA - عوامل آزادکننده
3. میتوکندری:
   - ✓ Pro های مورد نیاز در تنفس سلولی (بعضی)
4. هیالوپلاسمت:
   - ✓ روبیسکو - بعضی از Pro های مورد نیاز در فتوسنتز

B

پروتئین‌های حاصل از ریبوزوم‌های متصل به غشاء آندوپلاسمی

1. واکوئل:
   - ✓ آنزیم‌های گوارشی - پروتئین‌های حمل
2. ترشحی:
   - ✓ تمامی آنزیم‌های گوارشی (به جز پپسین) - لیزوزیم - لیزوزین - پادتن - فاکتورهای انعقادی - هورمون - تمامی هورمون‌های Pro
3. عرض غشاء سلولی:
   - ✓ Pro های غشایی - کانال‌های دریچه‌دار - پمپ سدیم پتاسیم - Pro سطحی - گیرنده‌ی Ag - گیرنده‌ی هورمون ...
4. لیزوزوم:
   - ✓ آنزیم‌های گوارشی

ProB ← همیشه در سلول‌های یوکاریوتی است و نمی‌تواند به سلول‌های سوم یا جوراه داشته باشد. همان شبکه‌ی آندوپلاسمی زبر.

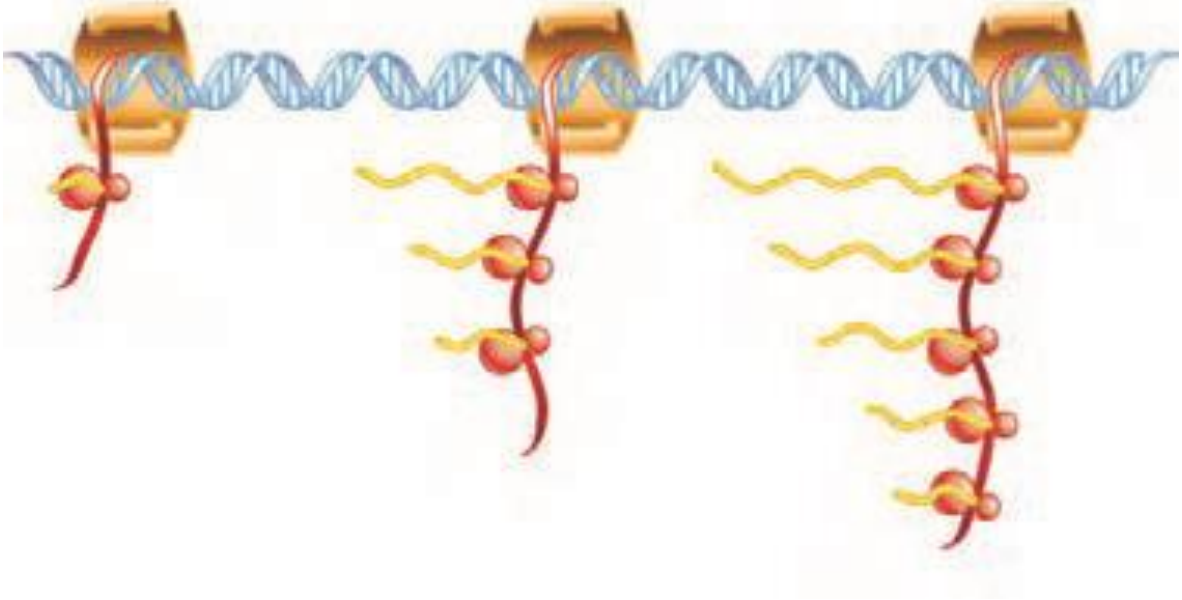


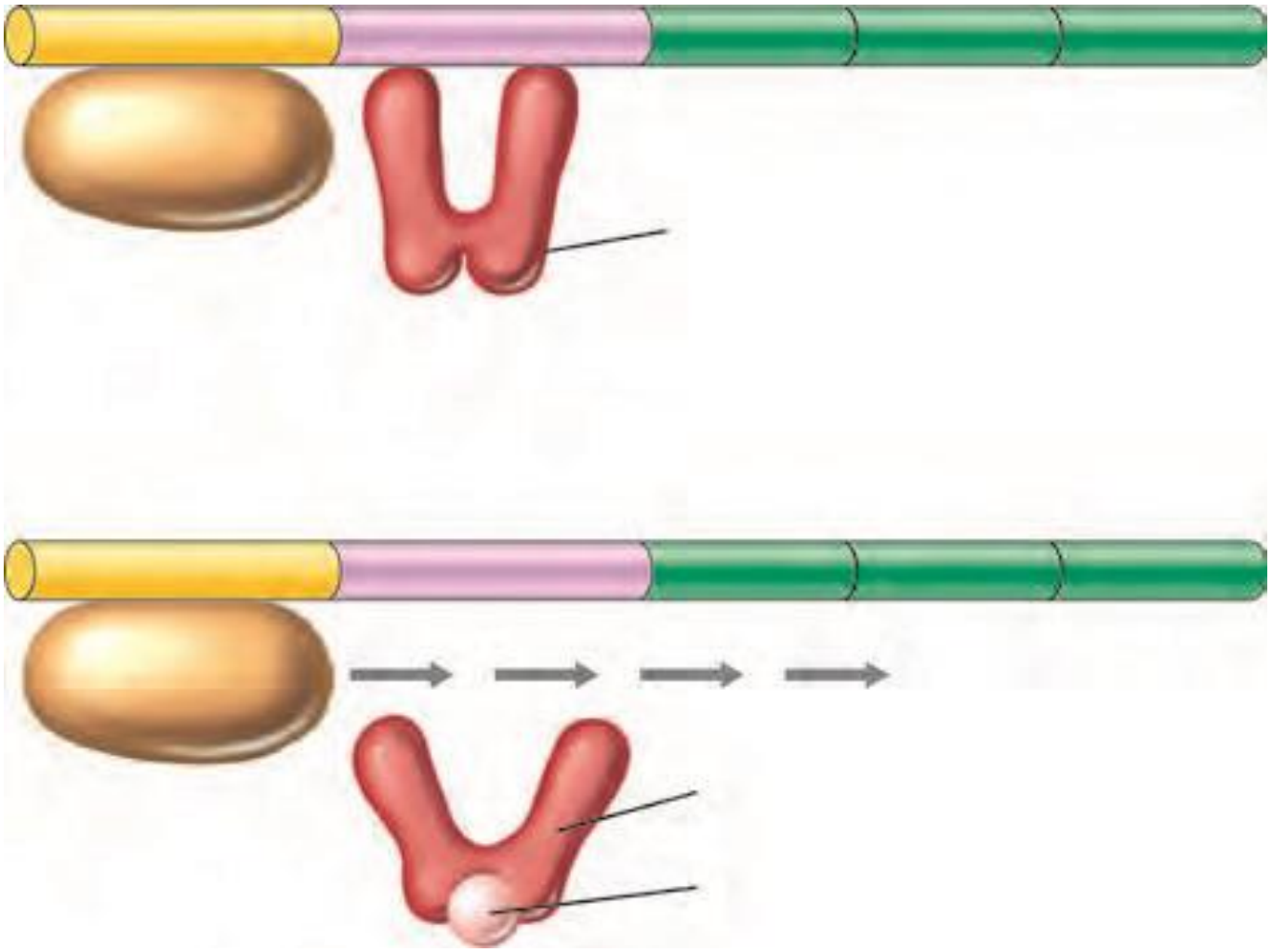
پروتئین‌های A

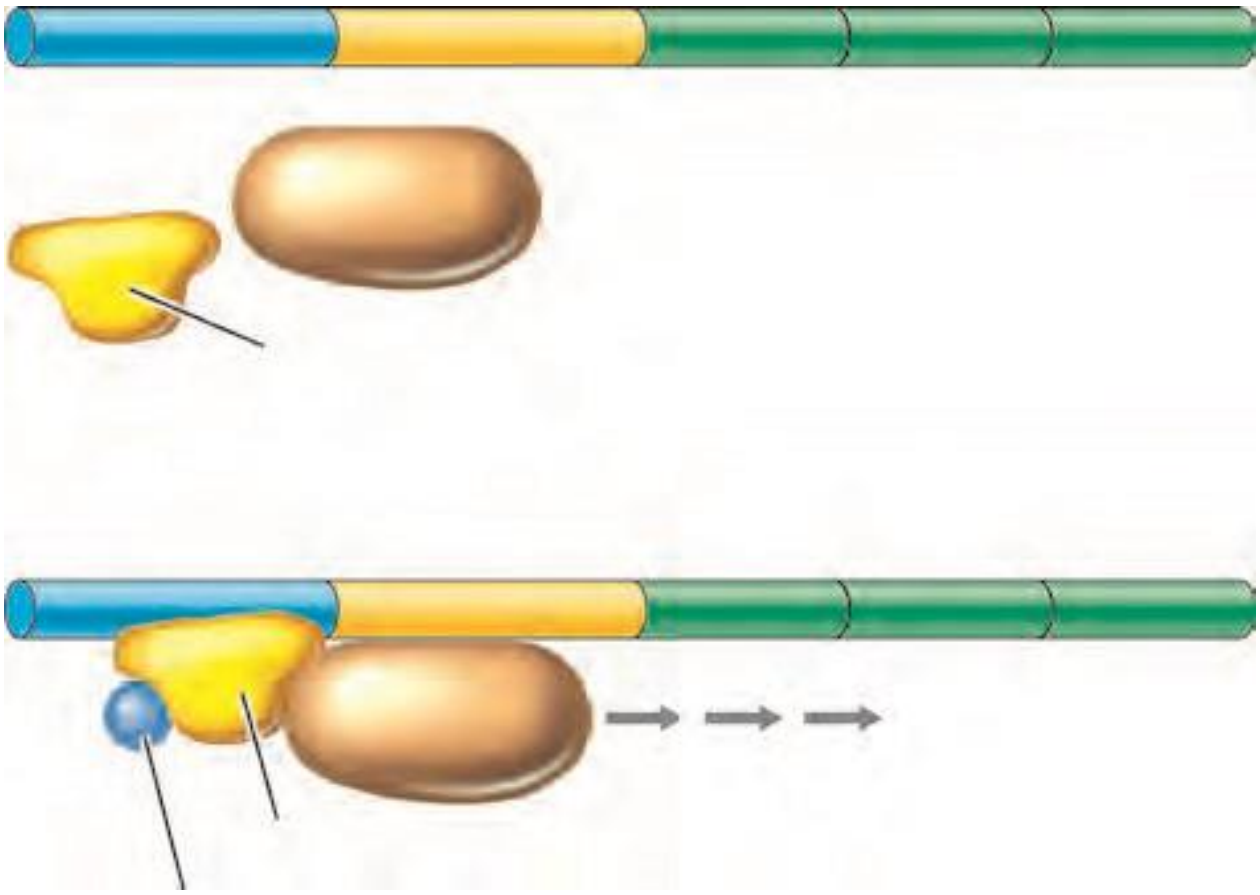
پروتئین‌های B

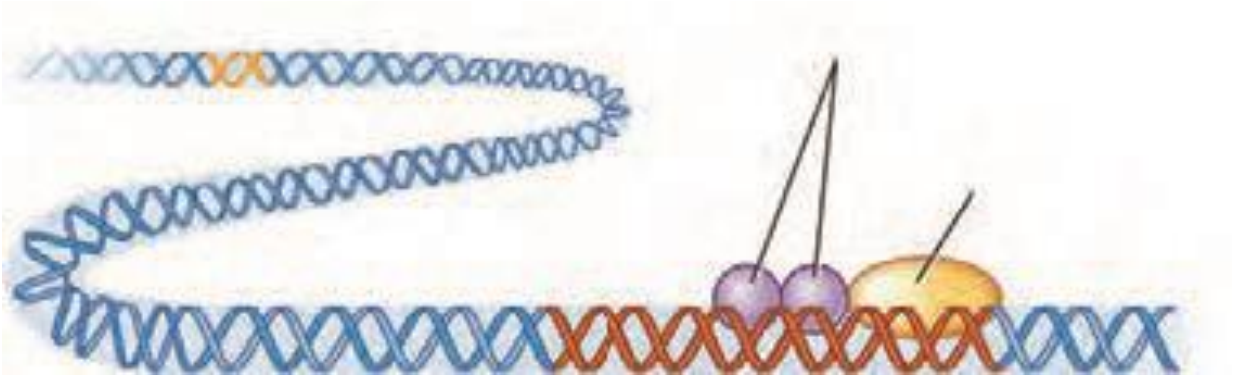


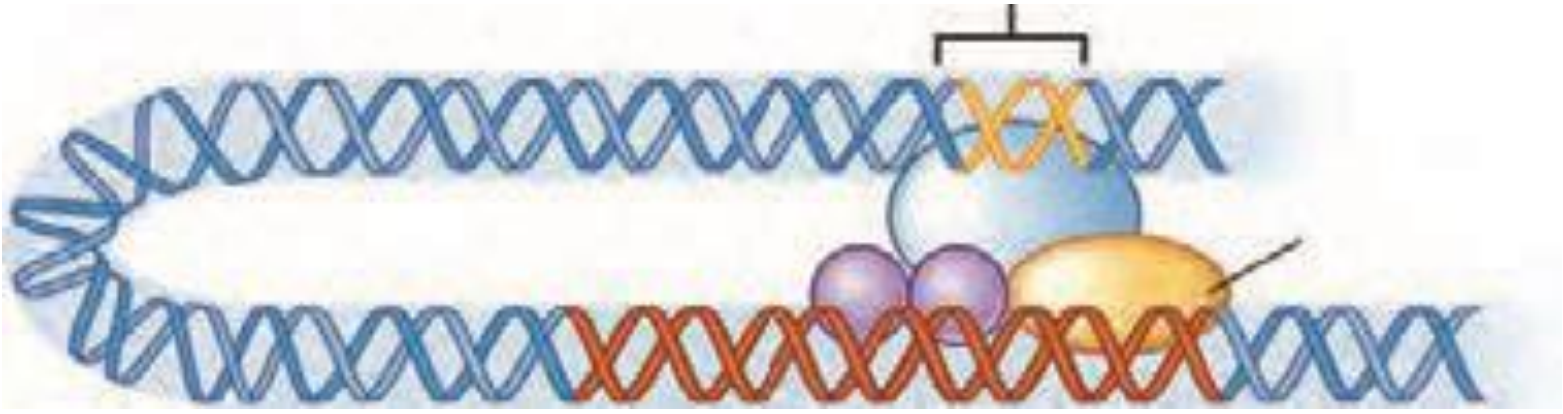
جهت رونویسی



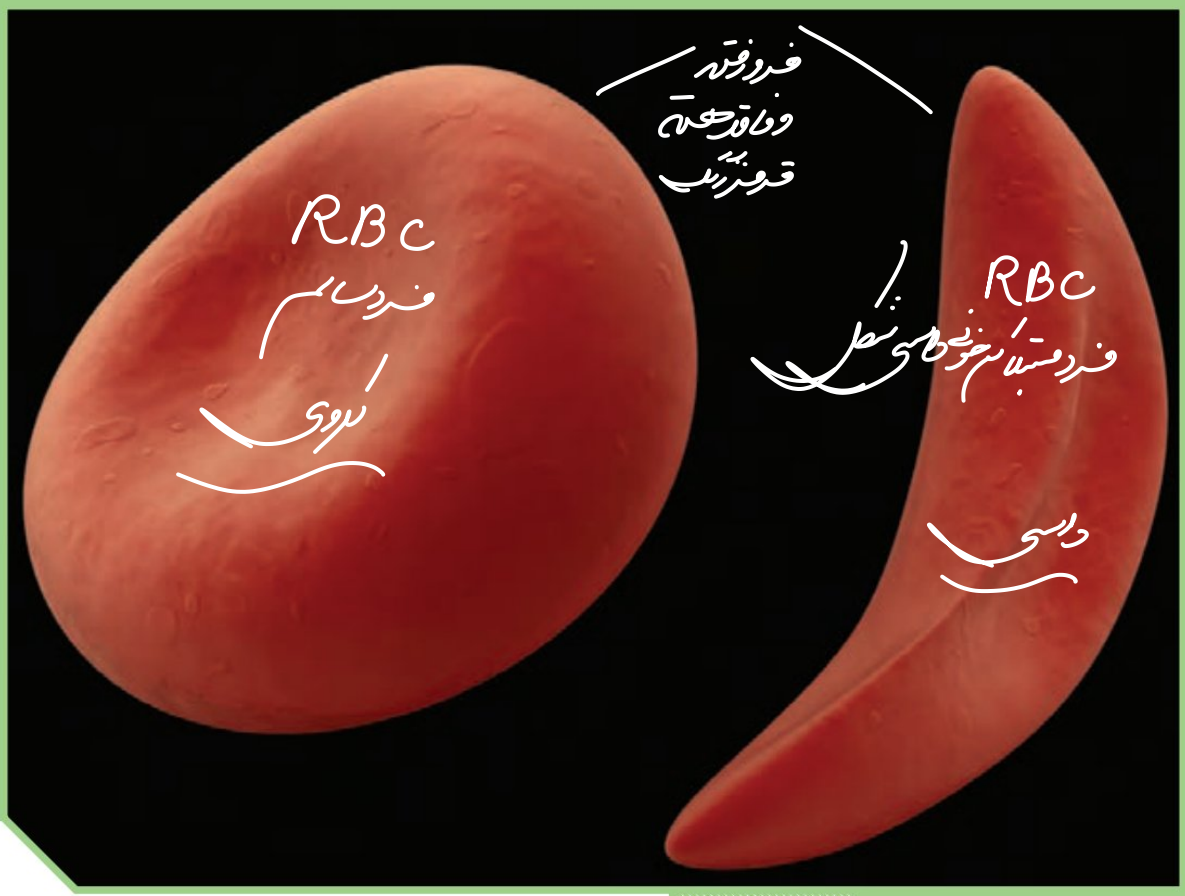












فصل ۲

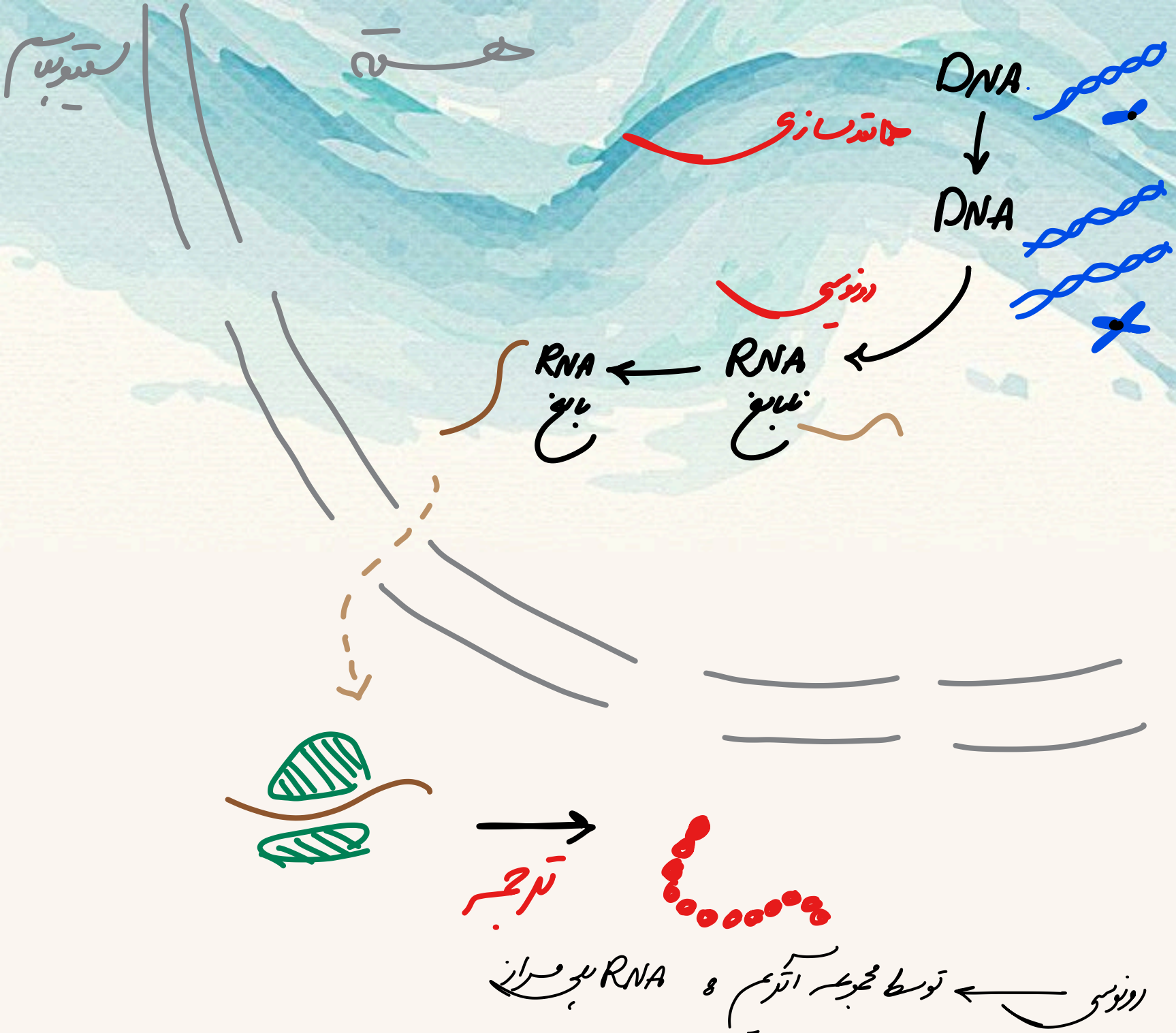
جریان اطلاعات در یاخته

طرح سؤالات عددی و محاسباتی از مباحث این فصل در همهٔ آزمون‌ها از جمله کنکور سراسری ممنوع است.

تصویر بالا دو گویچه قرمز را نشان می‌دهد. گویچهٔ سمت راست مربوط به شخصی است که دچار نوعی بیماری ارثی به نام **کم‌خونی داسی شکل**[۱] است. علت این بیماری نوعی تغییر ژنی است که باعث می‌شود پروتئین هموگلوبین حاصل از آن دچار تغییر شود که نتیجه آن تغییر شکل گویچه قرمز از حالت گرد به داسی‌شکل است. این تغییر ژنی، بسیار جزئی است و در آن تنها یک جفت از صدها جفت نوکلئوتید دنا در افراد بیمار تغییر یافته است. همچنین این بیماری به نوعی، رابطهٔ بین ژن و پروتئین را نشان می‌دهد. به‌نظر شما اطلاعات ژن‌ها چگونه در این یاخته‌ها مورد استفاده قرار می‌گیرد؟ آیا این اطلاعات در سایر یاخته‌ها نیز وجود دارد؟ چرا بعضی ژن‌ها مانند ژن سازنده هموگلوبین فقط در گویچه‌های قرمز بروز می‌کنند و مثلاً در یاخته‌های بافت پوششی پوست بروز نمی‌کنند؟ این موارد نمونهٔ پرسش‌هایی هستند که در این فصل به آنها پاسخ داده می‌شود.

۱ـ Sickle cell anemia

CamScanner



رونویسی ← توسط مجموعه آنزیمی RNA پلی‌مراز

✓ رونویسی از بخش‌هایی که در DNA هستند

RNA پلی‌مراز پروکاریوت ← RNA (هم mRNA، هم tRNA، rRNA و ...)

✓ " " " خط

RNA پلی‌مراز I ← تولید rRNA

RNA پلی‌مراز II ← " mRNA

RNA پلی‌مراز III ← " tRNA

* RNA پلی‌مراز پروکاریوت هم در سلول یوکاریوت

هم در سلول پروکاریوت ← تنوع محصول زیاد

* RNA پلی‌مرازهای I و II و III ویژه سلول یوکاریوت ← تنوع محصول هدف آنزیمی که!

RNA پلی‌مراز ← مجموعه آنزیمی Pro (پیچیده‌تر)

محصول ترجمه: محل تولید در ریبوزوم

فعالیت در هسته (رونویسی)

محصول: RNA

گفتار ۱ رونویسی

در فصل گذشته دیدید که واحد سازندهٔ مولکول دنا، نوکلئوتید است ولی پلی‌پپتیدها از آمینواسید تشکیل شده‌اند. (چون دستورالعمل ساخت پلی‌پپتیدها در مولکول دنا قرار دارد، پس باید بین نوکلئوتیدهای ژن و آمینواسیدهای پلی‌پپتید، ارتباطی وجود داشته باشد.)

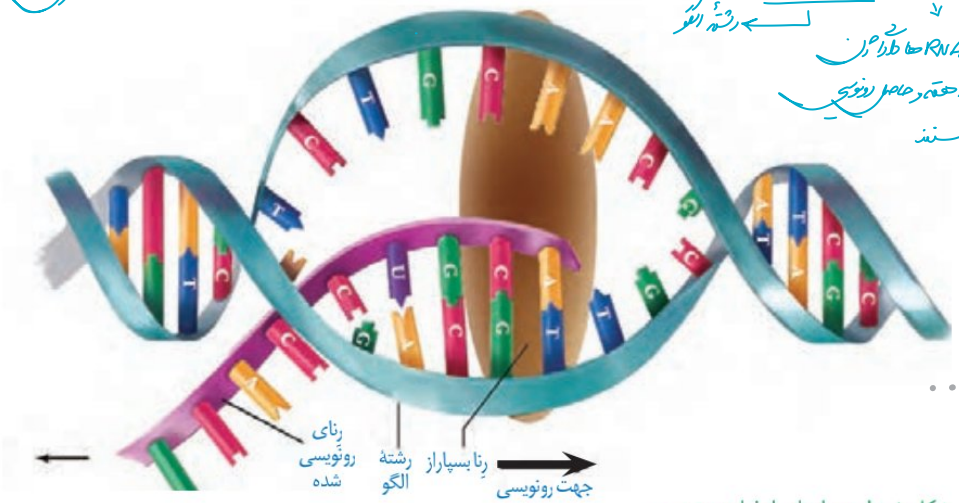
دنا چگونه نوع آمینواسیدهای پلی‌پپتید را تعیین می‌کند؟

آموختید که در مولکول دنا، ۴ نوع نوکلئوتید وجود دارد که فقط در نوع بازهای آلی تفاوت دارند. درحالی‌که پلی‌پپتیدها از ۲۰ نوع آمینواسید تشکیل شده‌اند. پس از پژوهش‌هایی مشخص شد که (هر توالی ۳ تایی از نوکلئوتیدهای دنا، بیانگر نوعی آمینواسید است. با ۴ نوع نوکلئوتید به‌کار رفته در دنا، ۶۴ توالی ۳ نوکلئوتیدی مختلف ایجاد می‌شود که می‌توانند رمز ساخت پلی‌پپتیدهایی با ۲۰ نوع آمینواسید را داشته باشند؛ (به هر یک از این توالی‌های سه نوکلئوتیدی در دنا **رمز** می‌گویند.)

نقش مولکول رنا به عنوان میانجی

می‌دانید که پلی‌پپتیدها بر اساس اطلاعات دنا و توسط رناتن‌ها در سیتوپلاسم ساخته می‌شوند. در یاخته‌های دارای هسته، چون رناتن‌ها درون هسته حضور ندارند، فرایند ساخت پلی‌پپتید در آن انجام نمی‌شود. با توجه به اینکه اطلاعات دنا برای ساخت پلی‌پپتید ضروری است و دنا هم از هسته خارج نمی‌شود، این سؤال پیش می‌آید که دستورات ساخت پلی‌پپتید چگونه به بیرون هسته منتقل می‌شود؟

پاسخ در مولکول رنا است. همان‌طور که دیدید انواعی از رنا در یاخته وجود دارند که در پروتئین‌سازی نقش دارند. این رناها از روی مولکول دنا ساخته می‌شوند. (به ساخته شدن مولکول رنا از روی بخشی از یک رشته دنا، **رونویسی**[1] گفته می‌شود (شکل ۱).)



شکل ۱ــ طرح ساده‌ای از فرایند رونویسی

۱ــ Transcription

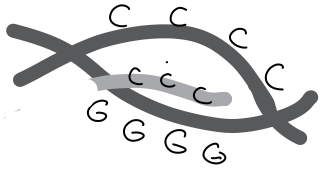
گفتار ۱ رونویسی

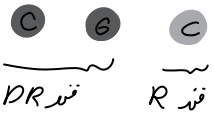
در حباب رونویسی

حدافل

نوکلئوتید ۳ نوع

بازآرایی ۲ نوع



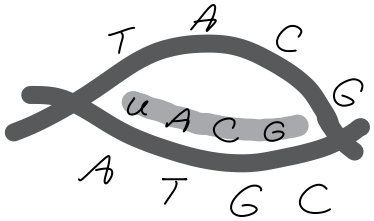


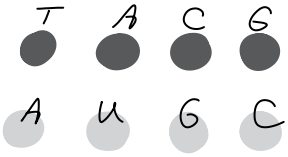
حداکثر

نوکلئوتید ۵

بازآرایی ۵ نوع

A, T, C, G, U





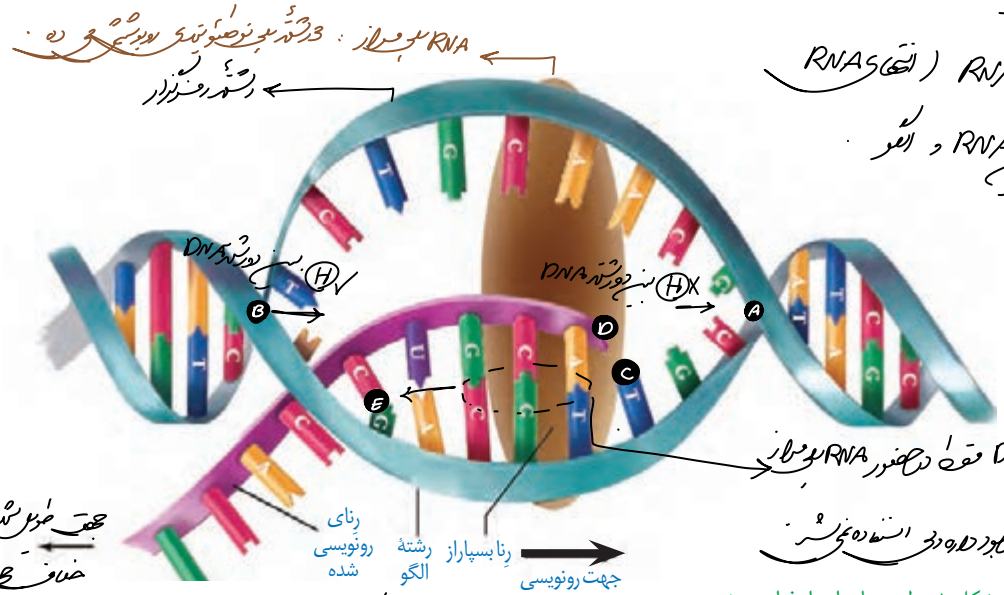
A ← شکستن H بین دو رشته DNA

B ← ایجاد H بین دو رشته DNA

C ← محل ایجاد H بین نوکلئوتید R و DNA

D ← در رشته RNA (انتهای RNA)

E ← شکستن H بین RNA و الگو



شکل ۱ــ طرح ساده‌ای از فرایند رونویسی

۱ــ Transcription

DNA

ژن A (rRNA)

ژن B (tRNA)

ژن C (نوعی پپتید)

رونویسی توسط RNA پلی مراز I

رونویسی توسط RNA پلی مراز II

رونویسی توسط RNA پلی مراز III

rRNA

tRNA

mRNA نابالغ

محصول نهایی این ژن rRNA

محصول نهایی این ژن tRNA

mRNA بالغ

* محصول نهایی این ژن mRNA نیست

* محصول نهایی ژن‌ها یا RNA پلی پپتید است.

* از روی ژن پلی پپتیدها حتماً RNA پلی مراز II رونویسی می‌شود.

* تولید پلی پپتید در یوکاریوت‌ها و ژن آن در هسته.

در پروکاریوت‌ها سیتوپلاسم محل ترجمه

پلی پپتید

محصول نهایی

DNA رمزه

RNA رمزه (کدون)

mRNA

aa

TAC

AUG

Met

اساس رونویسی شبیه همانندسازی است. (در این فرایند نیز با توجه به نوکلئوتیدهای رشته دنا، نوکلئوتیدهای مکمل در زنجیره رنا قرار می‌گیرد و به هم متصل می‌شوند.) برخلاف همانندسازی که در هر چرخهٔ یاخته‌ای یک‌بار انجام می‌شود، رونویسی یک ژن می‌تواند در هر چرخه بارها انجام شود و چندین رشته رنا ساخته شود. آیا می‌توانید تفاوت‌های دیگری برای این دو فرایند بیان کنید؟

آنزیم‌های ویژه‌ای رونویسی را تسهیل می‌کنند

در یاخته انواعی از رنا ساخته می‌شود. عمل رونویسی از دنا به کمک آنزیم‌ها انجام می‌شود. این آنزیم‌ها را، تحت عنوان کلی **رنابسپاراز**[1] نام‌گذاری می‌کنند.

در پروکاریوت‌ها یک نوع رنابسپاراز وظیفهٔ ساخت انواع رنا را بر عهده دارد. در یوکاریوت‌ها، انواعی از رنابسپاراز، ساخت رناهای مختلف را انجام می‌دهند؛ مثلاً رنای پیک توسط رنابسپاراز ۲، رنای ناقل توسط رنابسپاراز ۳ و رنای رناتنی توسط رنابسپاراز ۱ ساخته می‌شود.

مراحل رونویسی

رونویسی فرایندی پیوسته است ولی برای سادگی موضوع، آن را به سه مرحلهٔ **آغاز**، **طویل شدن** و **پایان** تقسیم می‌کنند. در این مراحل آنزیم رنابسپاراز عمل رونویسی را از بخشی از یک رشته دنا انجام می‌دهد.

مرحله آغاز[2]: در این مرحله، رنابسپاراز به مولکول دنا متصل می‌شود و دو رشتهٔ آن را از هم باز می‌کند. به نظر شما برای باز شدن دو رشته کدام پیوندها در این ناحیه شکسته می‌شوند؟ برای اینکه رونویسی ژن از محل صحیح خود شروع شود توالی‌های نوکلئوتیدی ویژه‌ای در دنا وجود دارد که رنابسپاراز آن را شناسایی می‌کند. به این توالی‌ها، **راه‌انداز**[3] گفته می‌شود. راه‌انداز موجب می‌شود رنابسپاراز اولین نوکلئوتید مناسب را به‌طور دقیق پیدا و رونویسی را از آنجا آغاز کند. در این حالت بخش کوچکی از مولکول دنا باز و زنجیره کوتاهی از رنا ساخته می‌شود (شکل ۲ـ الف). نحوهٔ عمل رنابسپاراز به این صورت است که آنزیم با توجه به نوع نوکلئوتید رشته الگوی دنا، نوکلئوتید مکمل را در برابر آن قرار می‌دهد و سپس این نوکلئوتید را به نوکلئوتید قبلی رشته رنا متصل می‌کند. در رونویسی، نوکلئوتید یوراسیل‌دار رنا به عنوان مکمل در برابر نوکلئوتید آدنین‌دار دنا قرار می‌گیرد.

مرحله طویل شدن[4]: در این مرحله رنابسپاراز ساخت رنا را ادامه می‌دهد که در نتیجهٔ آن، رنا طویل می‌شود. همچنان که مولکول رنابسپاراز به پیش می‌رود، دو رشته دنا در جلوی آن باز و در چندین نوکلئوتید عقب‌تر، رنا از دنا جدا می‌شود و دو رشتهٔ دنا مجدداً به هم می‌پیوندند (شکل ۲ـ ب).

مرحله پایان[5]: در دنا توالی‌های ویژه‌ای وجود دارد که موجب پایان رونویسی توسط آنزیم رنابسپاراز

۱_ RNA Polymerase
۲_ Initiation
۳_ Promoter
۴_ Elongation
۵_ Termination

راه انداز

ژن

توالی نوکلئوتیدی ← بخشی از DNA که در بیان ژن خاصی نقش دارد و جزء ژن محسوب نمی‌شود

از روی آن رونویسی نمی‌شود. Ex: راه انداز

RNA پلی مراز ها ← اغلب توسط نوعی Pro به راه انداز ها هدایت می‌شوند

Pro تنظیمی

← همهٔ RNA پلی مراز های I و II و III

← بعضی از RNA پلی مراز ها به پروتئین دارند

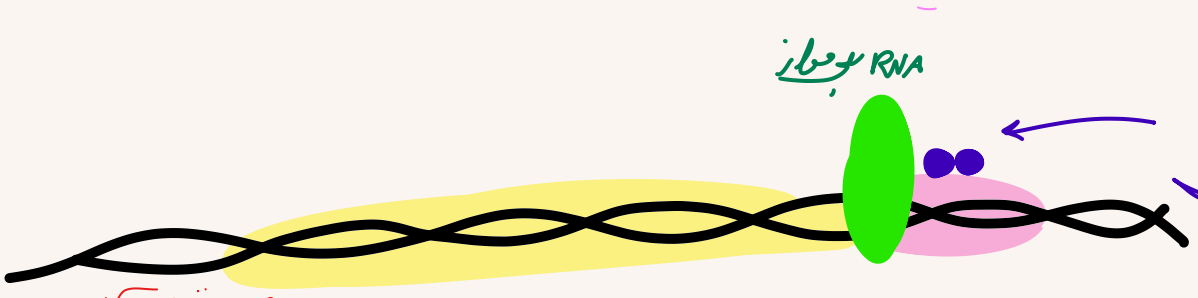
تعداد کمی خودشان به راه انداز متصل می‌شوند

← بعضی از RNA پلی مراز های پروکاریوتی

* لازمهٔ اتصال RNA پلی مراز ها به راه انداز در DNA خطی

← گروهی Pro به نام عوامل رونویسی

Pro تنظیمی



① RNA پلی مراز براساس نوکلئوتید رشته الگو نوکلئوتید مکمل در مجاورش قرار می‌دهد.

R ← سرشماره - آزاد

DR ← ته شماره - در رشته

② ایجاد پیوند هیدروژنی بین نوکلئوتید رشته الگو و نوکلئوتید آزاد (بین باز دار) ← رابطه مکمل

2 یا 3 تا

DR ← ته شماره - در رشته

R ← سرشماره - آزاد.

* بین دو نوکلئوتید با قند متفاوت و تعداد فسفات متفاوت

پیوند هیدروژنی ایجاد می‌شود *

③ شکستن دو فسفات نوکلئوتید آزاد و ایجاد پیوند مستقیم استر بین دو نوکلئوتید RNA.

هر دو R دارد
هر دو تا فسفات

موقت

از ⓟ نوکلئوتید جدید

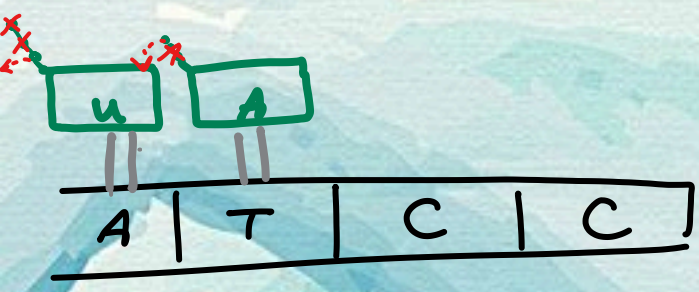
به OH قند آخرین نوکلئوتید RNA

آزاد شدن انرژی

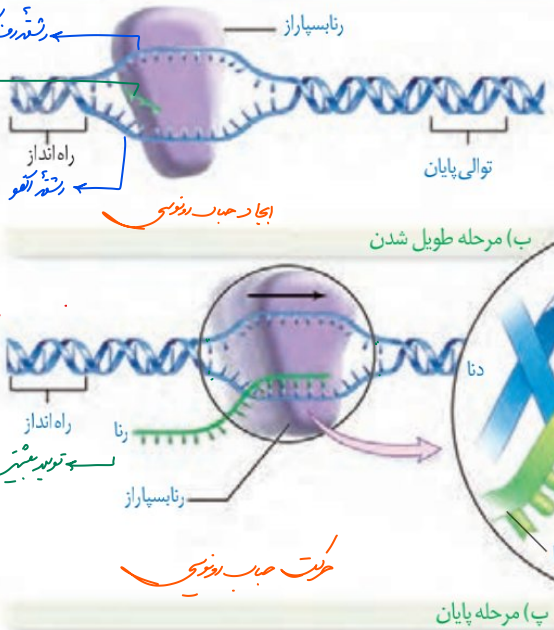
اول پیوند هیدروژنی با نوکلئوتید رشته الگو

بعد در مقدری استر با رشته RNA

ترتیب مراحل ایجاد توالی RNA حین رونویسی



می‌شوند. در این محل‌ها، آنزیم از مولکول دنا و رنای تازه ساخت جدا و دو رشتهٔ دنا به هم متصل می‌شوند (شکل ۲ـ پ).

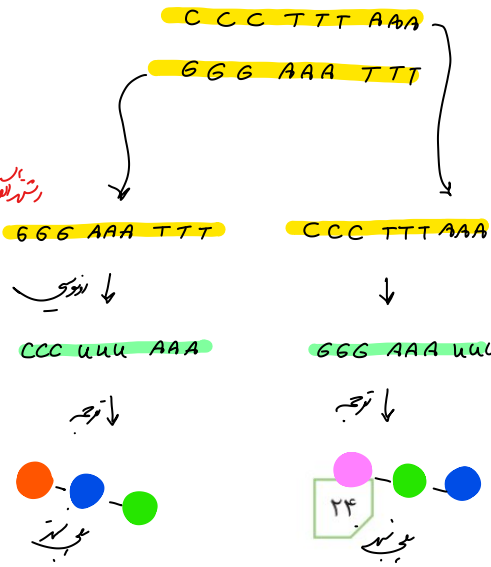


شکل ۲ـ مراحل مختلف رونویسی

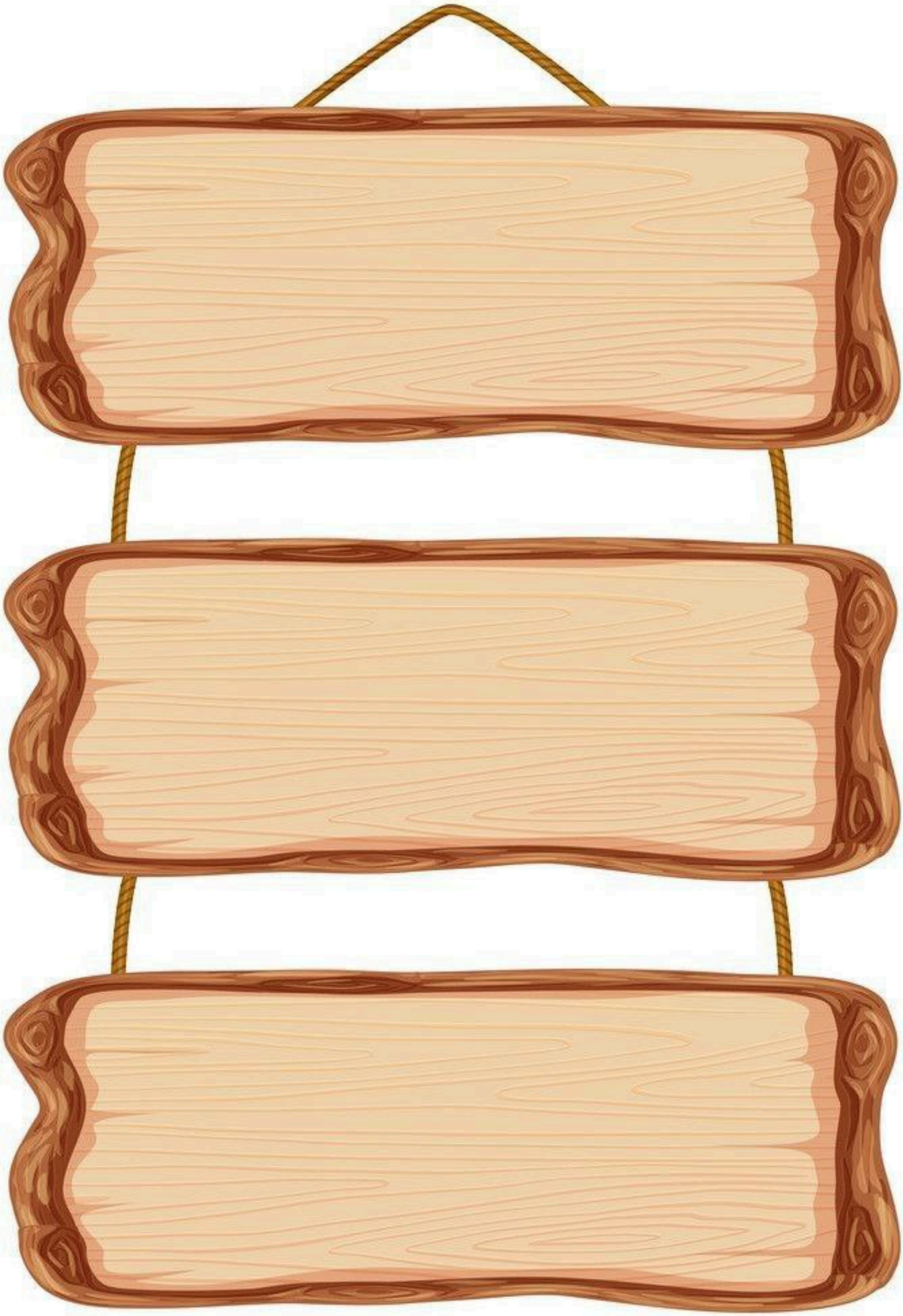
فقط یکی از دو رشتهٔ دنا در هر ژن رونویسی می‌شود

همان‌طور که گفته شد، ژن بخشی از مولکول دنای دو رشته‌ای است ولی رونویسی از روی هردو رشته یک ژن انجام نمی‌شود. به نظر شما اگر از روی دو رشتهٔ یک ژن رونویسی انجام می‌شد، محصولات این دو رشتهٔ مکمل نسبت به هم چگونه می‌شدند؟ مسلماً رنا و پلی‌پپتید ساخته‌شده از روی دو رشتهٔ مکمل دنا بسیار متفاوت می‌شدند. بنابراین برای هر ژن خاص، یکی از دو رشته رونویسی می‌شود. به بخشی از رشته دنا که مکمل رشته رنای رونویسی شده است **رشته الگو**[1] می‌گویند (شکل ۲ـ الف). به رشته مکمل همین بخش در مولکول دنا، **رشتهٔ رمزگذار** گفته می‌شود، زیرا توالی نوکلئوتیدی آن شبیه رشته رنایی است که از روی رشته الگوی آن ساخته می‌شود. به نظر شما رشته رنا با رشته رمزگذار چه تفاوت‌هایی می‌تواند داشته باشد؟ پاسخ در نوکلئوتیدهای مورد استفاده است؛ مثلاً به جای نوکلئوتید تیمین‌دار در دنا، نوکلئوتید یوراسیل‌دار در رنا قرار دارد.

۱ـ Template

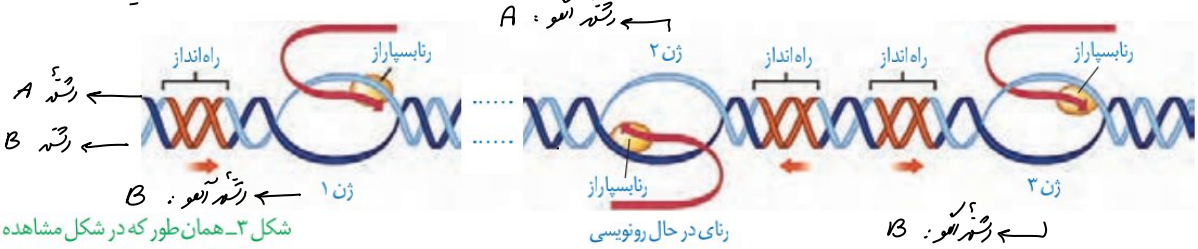


CamScanner



VectorStock®
VectorStock.com/33326136

رشتهٔ مورد رونویسی یک ژن ممکن است با رشته مورد رونویسی ژن‌های دیگر یکسان یا متفاوت باشد (شکل ۳).



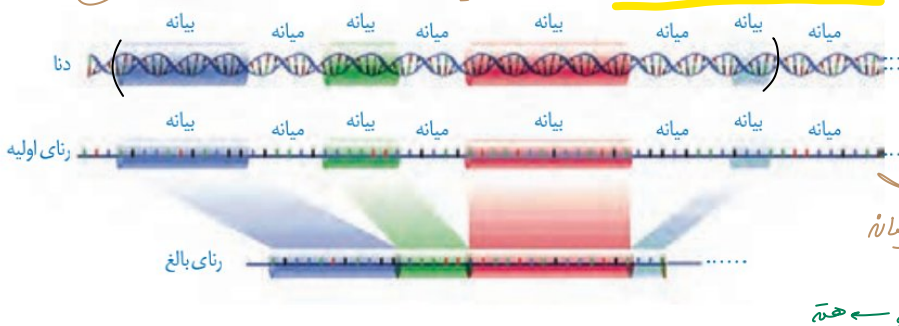
شکل ۳ـ همان‌طور که در شکل مشاهده می‌شود، فقط یکی از دو رشته هر ژن رونویسی می‌شود.

رناهای ساخته شده دچار تغییر می‌شوند

در چند دهه گذشته، پژوهشگران دریافتند که در یاخته‌های یوکاریوتی، رنای ساخته شده در رونویسی با رنایی که در سیتوپلاسم وجود دارد تفاوت‌هایی دارد. بعدها مشخص شد که این مولکول‌ها برای انجام کارهای خود دستخوش تغییراتی می‌شوند.

تغییرات رنای پیک

رنای پیک ممکن است دستخوش تغییراتی در حین رونویسی و یا پس از آن شود. یکی از این تغییرات حذف بخش‌هایی از مولکول رنای پیک است (در بعضی ژن‌ها، توالی‌های معینی از رنای ساخته شده، جدا و حذف می‌شود و سایر بخش‌ها به هم متصل می‌شوند و یک رنای پیک یکپارچه می‌سازند. به این فرایند **پیرایش**[1] گفته می‌شود (شکل ۴).



شکل ۴ـ پیرایش در بخشی از رنای یک ژن

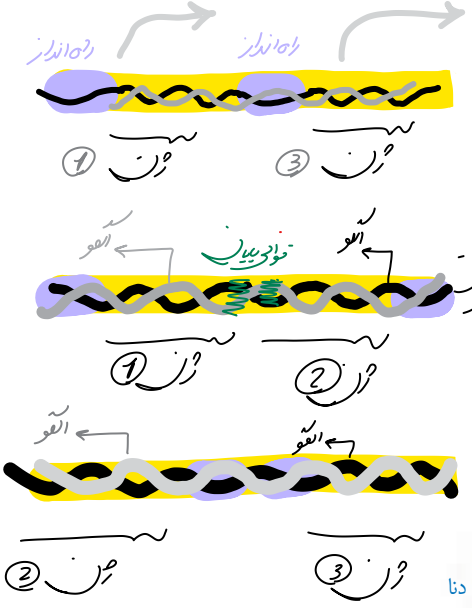
این فرایند هنگامی آشکار شد که دانشمندان یک رنای پیک درون سیتوپلاسم را با رشتهٔ الگوی ژن آن در دنا مجاورت دادند. آنها دریافتند که بخش‌هایی از دنای الگو با رنای رونویسی شده، دو رشته مکمل را تشکیل می‌دهند ولی بخش‌هایی نیز فاقد مکمل باقی می‌مانند. این بخش‌ها به‌صورت حلقه‌هایی بیرون از مولکول دو رشته‌ای قرار می‌گیرند. به این نواحی که در مولکول دنا وجود دارد ولی رونوشت آن در رنای پیک سیتوپلاسمی حذف شده **میانه (اینترون)**[2] می‌گویند به سایر بخش‌های مولکول

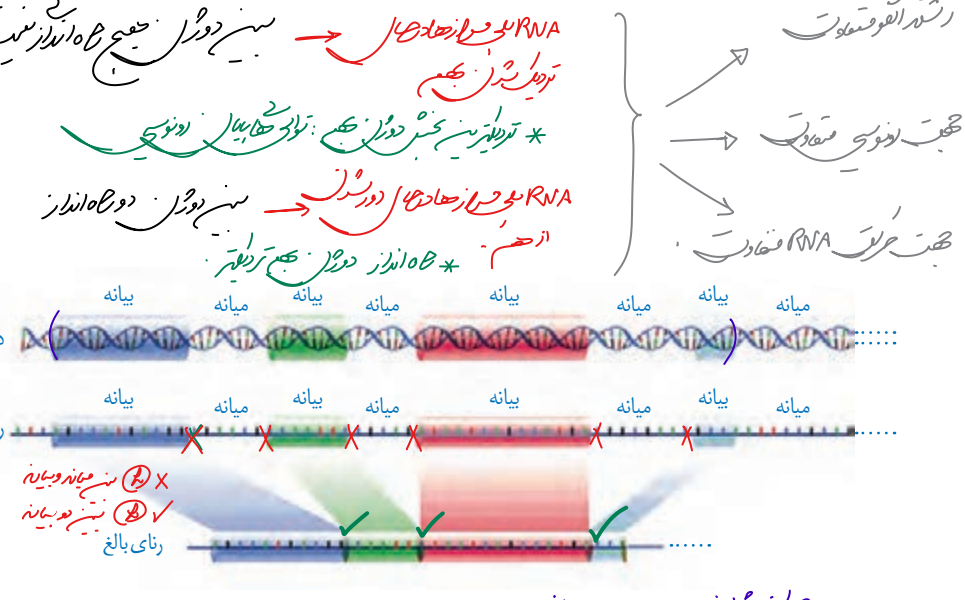
۱ـ Splicing
۲ـ Intron



رنای در حال رونویسی

شکل ۳ـ همان طور که در شکل مشاهده می‌شود، فقط یکی از دو رشته هر ژن رونویسی می‌شود.



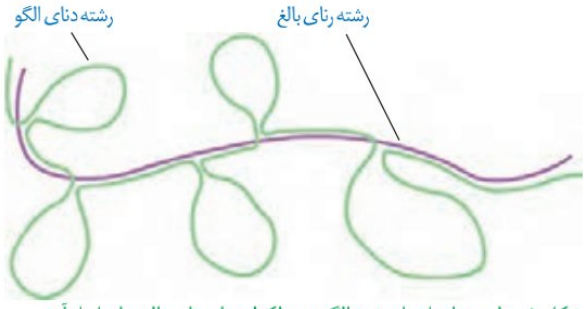


شکل ۴ـ پیرایش در بخشی از رنای یک ژن

۱ـ Splicing

۲ـ Intron

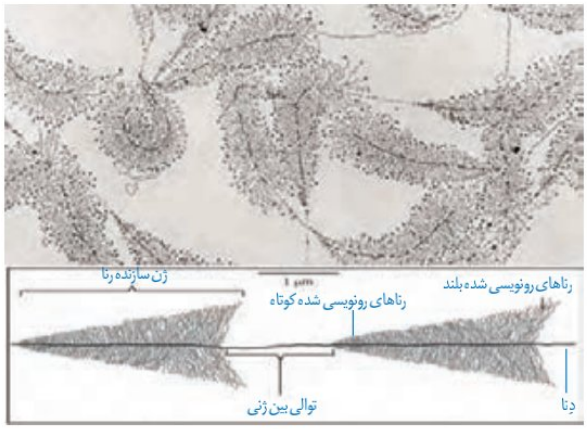
دنا، که رونوشت آنها حذف نمی‌شوند **بیانه (اگزون)**[1] گفته می‌شود (شکل۵). در واقع رنای رونویسی شده از رشته الگو، در ابتدا دارای رونوشت‌های میانهٔ دنا است. به این رنا، **رنای نابالغ** یا **اولیه**[2] گفته می‌شود. با حذف این رونوشت‌ها از رنای اولیه و پیوستن بخش‌های باقی‌مانده به هم، **رنای بالغ**[3] ساخته می‌شود.



شکل ۵ــ طرح ساده‌ای از رشته الگوی مولکول دنا و رنای بالغ حاصل از آن.
به نظر شما حلقه‌های سبز میانه هستند یا بیانه؟

شدت و میزان رونویسی

به‌طور کلی میزان رونویسی یک ژن به مقدار نیاز یاخته به فراورده‌های آن بستگی دارد. بعضی ژن‌ها، مانند ژن‌های سازنده رنای رِناتَنی در یاخته‌های تازه تقسیم شده بسیار فعال‌اند؛ زیرا باید تعداد زیادی از این نوع رِنا را بسازند. در این نوع ژن‌ها، هم‌زمان تعداد زیادی رنابسپاراز از ژن رونویسی می‌کنند. به این دلیل که در هر زمان، رنابسپارازها در مراحل مختلفی از رونویسی هستند، در زیر میکروسکوپ الکترونی، اندازه رناهای ساخته شده متفاوت دیده می‌شود. در این تصاویر رناها از اندازهٔ کوتاه به بلند دیده می‌شود (شکل۶). با توجه به شکل آیا می‌توانید جهت رونویسی هر ژن را مشخص کنید؟



شکل ۶ ــ ساخته شدن هم‌زمان چندین رنا از روی ژن

بیشتر بدانید

نقش زیستی میانه‌ها و بیانه‌ها

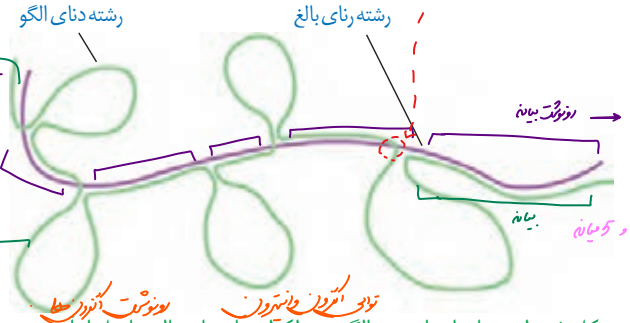
اندازهٔ میانه‌ها ممکن است بخش عمده‌ای از رنای اولیه را تشکیل دهد که در رنای بالغ حذف می‌شود. با توجه به اینکه یاخته برای رونویسی میانه‌ها انرژی زیادی صرف می‌کند، این سؤال پیش می‌آید که نقش زیستی این اجزا در یاخته چیست؟

به نظر می‌رسد یکی از نقش‌های میانه، تنظیم رونویسی و در نتیجه تعداد رونوشت‌ها است. با افزایش تعداد و اندازه میانه‌ها، رونویسی از ژن‌ها بیشتر طول می‌کشد و در نتیجه محصول کمتری تولید می‌شود. نقش دیگر میانه‌ها، ایجاد تنوع در محصول است که نتیجهٔ پیرایش متفاوت رنای پیک است. با اینکه در بعضی ژن‌ها چسبیدن رونوشت‌های بیانه یک ژن، به‌طور منظم و یکنواخت انجام می‌شود، در بعضی دیگر از ژن‌ها، چسبیدن رونوشت‌های بیانه به‌صورت تصادفی انجام می‌شود (شکل زیر). پیرایش‌های متفاوت از یک ژن منجر به ساخته شدن رناهای مختلف می‌شود که می‌تواند پلی‌پپتیدهای متفاوتی را ایجاد کند. در پیرایش حتی ممکن است بخش‌های بیانه یک رونوشت به بخش‌هایی از بیانه‌های رونوشت دیگر متصل شود و برگونه‌ای محصول اضافه کند. نقش دیگری که برای میانه‌ها در نظر می‌گیرند، کاهش آسیب‌های مؤثر به دِنا است زیرا برخی آسیب‌ها ممکن است در محل میانه‌ها رخ دهند که با حذف آنها، آسیب‌ها اثری نخواهند داشت.

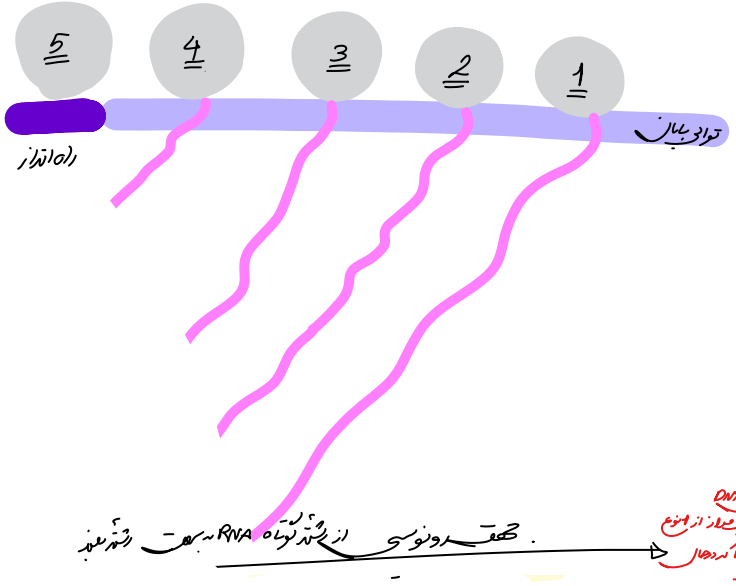


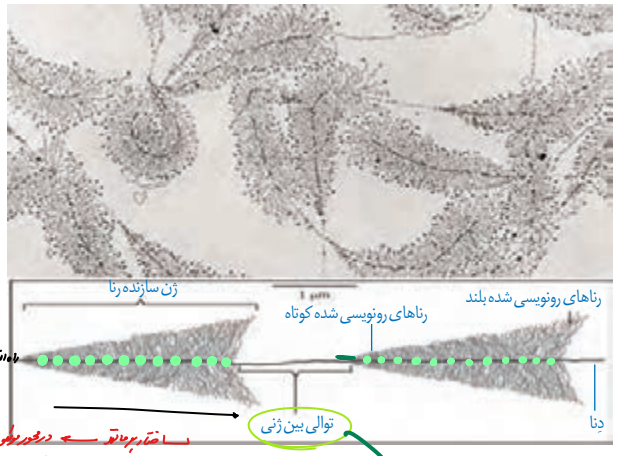
پیرایش‌های متفاوت یک ژن: با کنار هم قرار گیری متفاوت بیانه‌ها، ترکیب‌های متفاوتی حاصل می‌شود.

۱ــ Exon
۲ــ Precursor mRNA (Pre-mRNA)
۳ــ Mature messenger RNA



شکل ۵ــ طرح ساده‌ای از رشته الگوی مولکول دنا و رنای بالغ حاصل از آن.
به نظر شما حلقه‌های سبز میانه هستند یا بیانه؟





شکل ۶ــ ساخته شدن هم‌زمان چندین رنا از روی ژن

1. Exon
2. Precursor mRNA (Pre-mRNA)
3. Mature messenger RNA

ژن

رونویسی

mRNA نابالغ

mRNA بالغ

AUG | AAA | CCC | AUG | ... | ...

mRNA (بیانه‌ی پیوسته)

ترجمه Start

اولین AUG

پایان

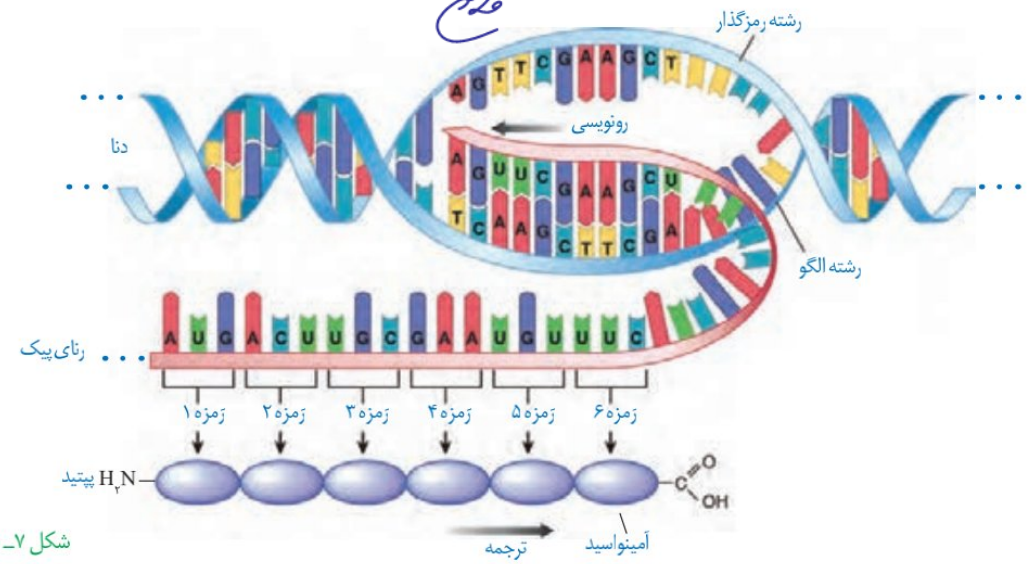
یکی از UGA
UAG
UAA

گفتار ۲ به سوی پروتئین

پلی پپتیدها از مهم‌ترین فراورده‌های ژن‌ها هستند. پروتئین‌ها اعمال مختلفی را در بدن انجام می‌دهند که پیش از این با برخی از آنها آشنا شده‌اید. اینکه چگونه ژن‌ها و پروتئین‌های حاصل از آن، صفات را ایجاد می‌کنند در آینده مورد بحث قرار می‌گیرند. در این گفتار به نحوهٔ تبدیل اطلاعات وراثتیِ رنا، به پروتئین می‌پردازیم.

تبدیل زبان نوکلئیک اسیدی رنا به زبان پلی پپتیدی

دانستید که در فرایند رونویسی از روی توالی‌های دنا، رنا ساخته می‌شود که هر دو از نوکلئوتید تشکیل شده‌اند. ولی در ساختار پلی‌پپتیدها، آمینواسید وجود دارد. به ساخته شدن پلی‌پپتید از روی اطلاعات رنای پیک، **ترجمه**[1] می‌گویند. طرح ساده‌ای از ژن تا پلی‌پپتید را در شکل زیر مشاهده می‌کنید (شکل ۷).



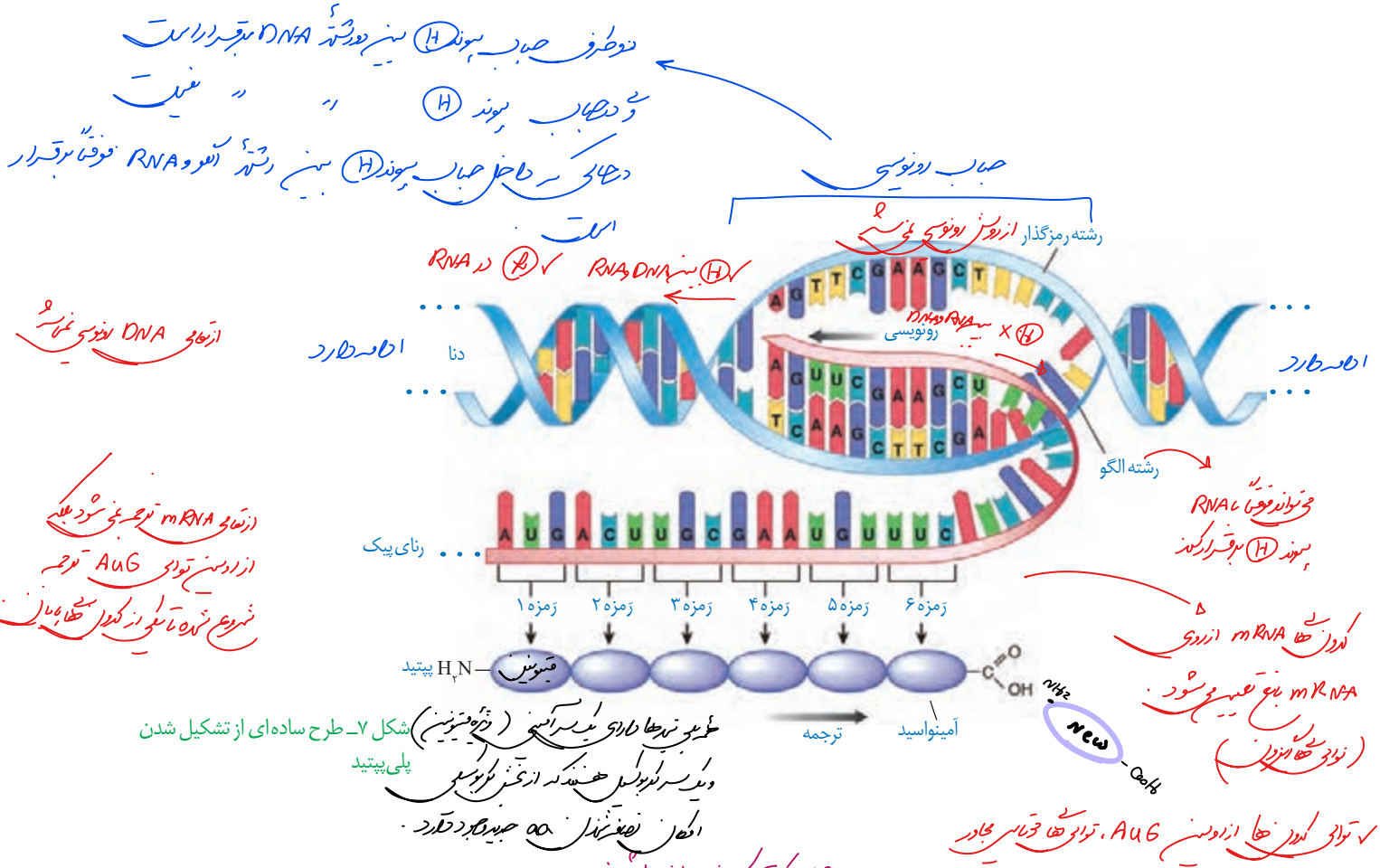
شکل ۷ـ طرح ساده‌ای از تشکیل شدن پلی‌پپتید

توالی‌های ۳ نوکلئوتیدی رنای پیک تعیین می‌کند که کدام آمینواسیدها باید در ساختار پلی‌پپتید قرار بگیرد. به این توالی‌ها، **رمزه** (کُدون)[2] گفته می‌شود. در یاخته ۶۴ نوع رَمزه وجود دارد. نکته قابل توجه این است که رَمزه آمینواسیدها در جانداران یکسان‌اند. به نظر شما این موضوع بیانگر چه واقعیتی است؟

رَمزه‌های **UAA**، **UGA** و **UAG** هیچ آمینواسیدی را رمز نمی‌کنند که به آنها **رَمزهٔ پایان** می‌گویند، زیرا حضور این رَمزه‌ها در رنای پیک موجب پایان یافتن عمل ترجمه می‌شود. **رَمزهٔ آغاز** یا **AUG** رَمزه‌ای است که ترجمه از آن آغاز می‌شود. این رَمزه، معرف آمینواسید متیونین نیز است.

۱ـ Translation
۲ـ Codon

گفتار ۲ به سوی پروتئین



شکل ۷ـ طرح ساده‌ای از تشکیل شدن پلی‌پپتید

۱ـ Translation

۲ـ Codon

رمز آغاز — TAC

← توالی در رشته الگو DNA

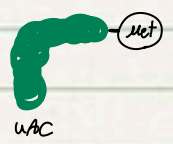
کدون آغاز — AUG

← mRNA

آنتی کدون tRNA ناقل آغاز — UAC

← tRNA

فقط آمینو اسید متیونین

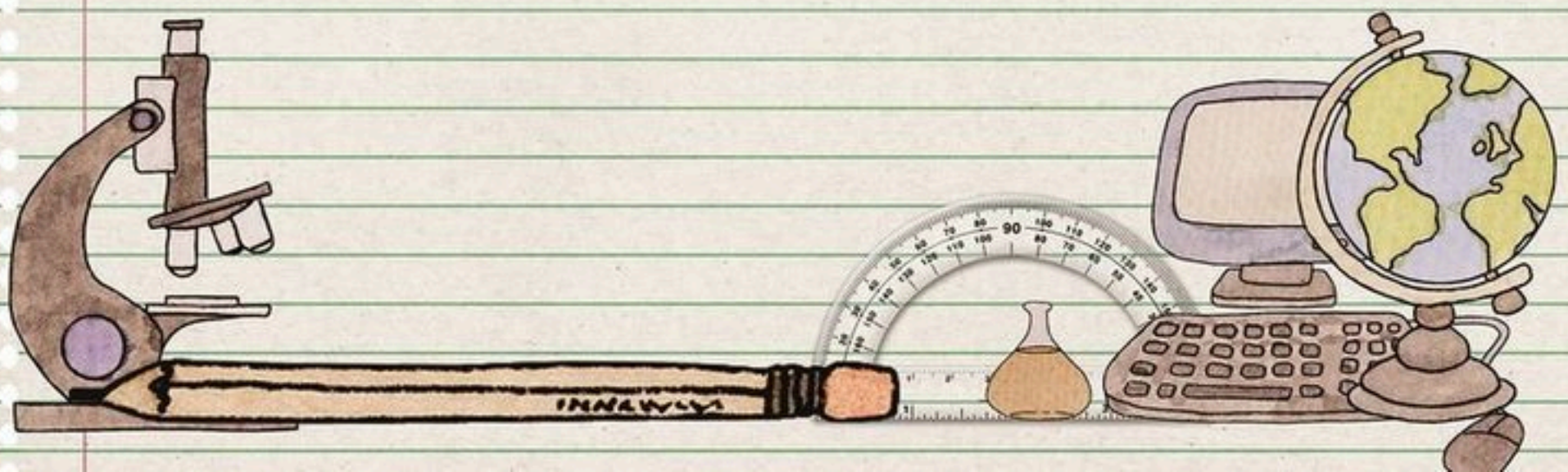


رمز پایان — mRNA کدون پایان

ACT	ATC	ATT
UGA ✓	UAG ✓	UAA ✓

آنتی کدون های محال

ACU	AUC	AUU
✗	✗	✗



بیشتر بدانید

انواع رَمزه و آمینواسیدهای مربوط به آنها

حرف اول	U	C	A	G	حرف سوم
U	UUU, UUC: فنیل آلانین	UCU, UCC, UCA, UCG: سرین	UAU, UAC: تیروزین	UGU, UGC: سیستئین	U C A G
	UUA, UUG: لوسین		UAA, UAG: رَمزه پایان	UGA: رَمزه پایان؛ UGG: تریپتوفان	
C	CUU, CUC, CUA, CUG: لوسین	CCU, CCC, CCA, CCG: پرولین	CAU, CAC: هیستیدین	CGU, CGC, CGA, CGG: آرژنین	U C A G
			CAA, CAG: گلوتامین		
A	AUU, AUC, AUA: ایزولوسین	ACU, ACC, ACA, ACG: ترئونین	AAU, AAC: آسپاراژین	AGU, AGC: سرین	U C A G
	AUG: (متیونین) رَمزه آغاز		AAA, AAG: لیزین	AGA, AGG: آرژنین	
G	GUU, GUC, GUA, GUG: والین	GCU, GCC, GCA, GCG: آلانین	GAU, GAC: آسپارتیک اسید	GGU, GGC, GGA, GGG: گلیسین	U C A G
			GAA, GAG: گلوتامیک اسید		

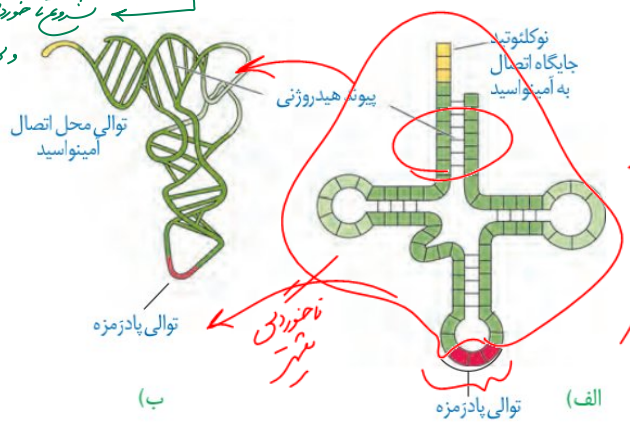
طرح پرسش از این جدول در همهٔ آزمون‌ها از جمله کنکور سراسری ممنوع است.

عوامل لازم در ترجمه

ترجمه نیازمند عوامل مختلفی است. ترجمه را می‌توان به یک فرایند آشپزی از روی کتاب آن تشبیه کرد. براساس دستورالعمل این کتاب، مواد اولیه به مقدار و ترتیب خاصی استفاده و غذای خاصی درست می‌شود. در ترجمه هم براساس رَمزه‌های رنای پیک، پلی‌پپتید خاصی ساخته می‌شود. مواد اولیه مصرفی در ترجمه، آمینواسیدها هستند. رِناتَن‌ها و رناهای ناقل از دیگر عوامل لازم در ترجمه هستند. انرژی لازم برای تهیه پلی‌پپتید هم از مولکول‌های پر انرژی مانند ATP به‌دست می‌آید.

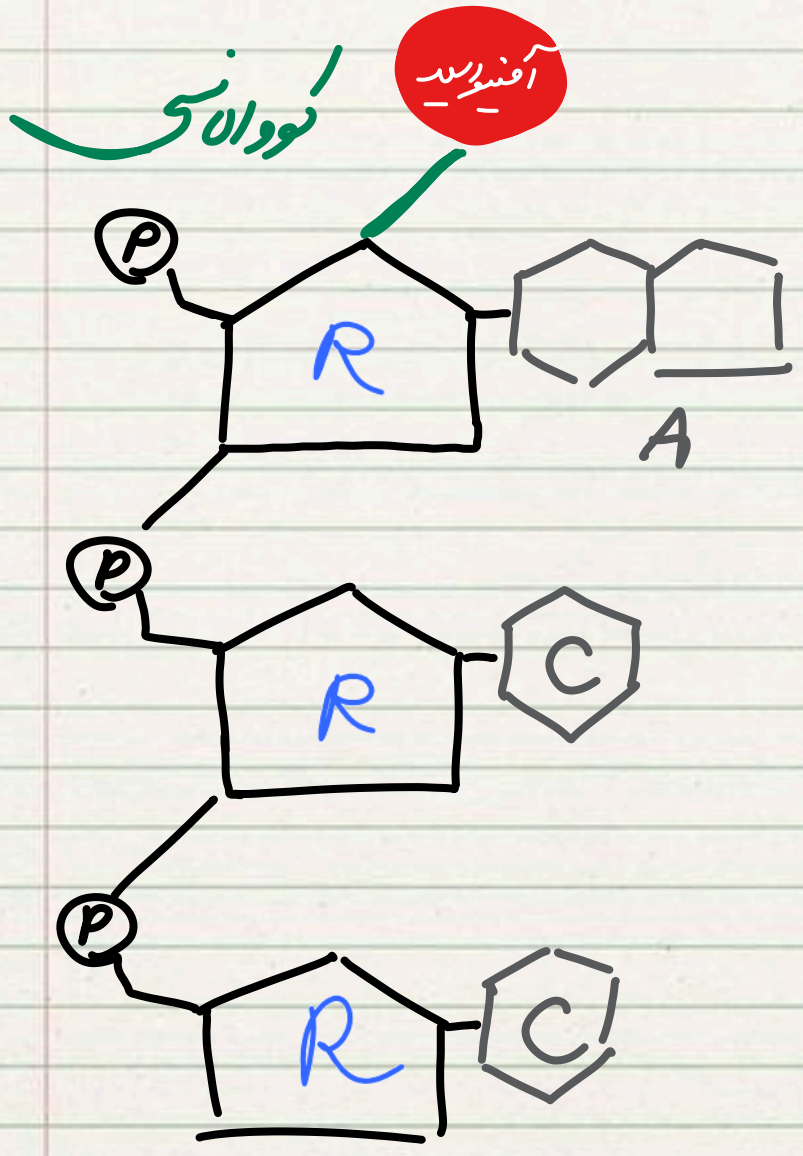
ساختار رنای ناقل

رنای ناقل پس از رونویسی دچار تغییراتی می‌شود. در ساختار نهایی رنای ناقل، نوکلئوتیدهای مکمل می‌توانند پیوند هیدروژنی ایجاد کنند. به همین علت رنای تک رشته‌ای، روی خود تا می‌خورد (شکل ۸ ـ الف). رنای ناقل تاخوردگی‌های مجددی پیدا می‌کند که ساختار سه‌بعدی را

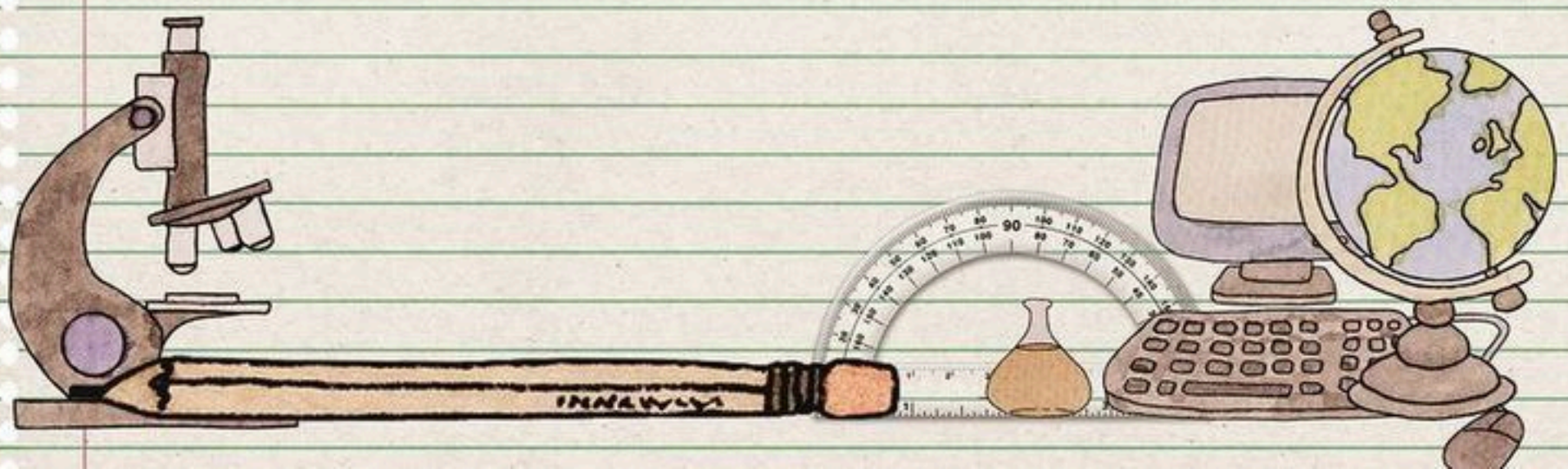


شکل ۸ ـ رنای ناقل
الف) تاخوردگی اولیه
ب) ساختار سه بعدی

انتهای CCA به فسفر نوکلئوتید حاوی باز A



توالی CCA



3 حلقه ← حلقه‌های آنتی کدون
(فاقد H)
2 حلقه‌ی کناری
در تمامی بازوی اصلی

← همگی شامل 7 نوکلئوتید مجاور هستند و اندازه‌ی حلقه‌ها برابر است.

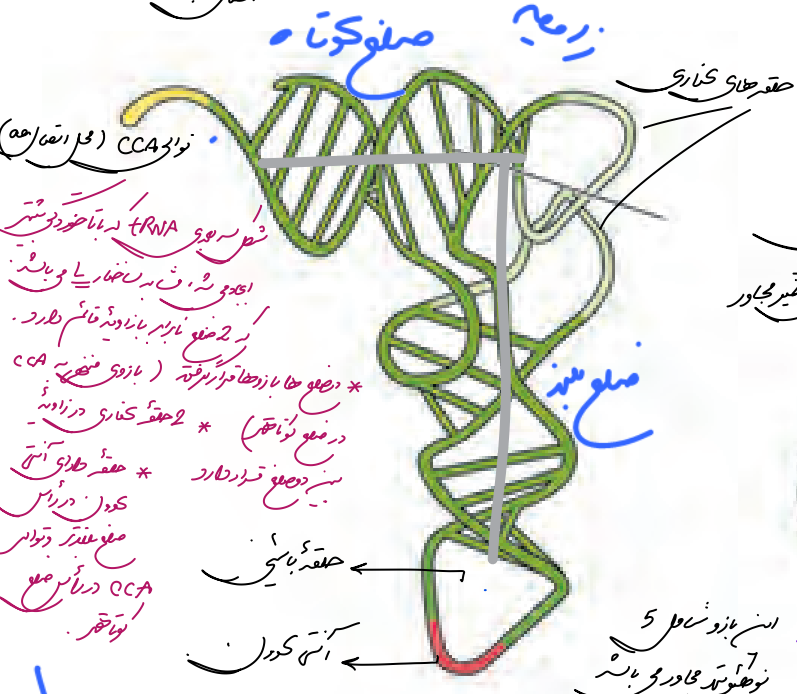
← تمام حلقه‌ای را اطراف ایجاد (H) دارد. ← 3 نوکلئوتید وسطی حلقه آنتی کدون است. (5' و 3')

ساختار ثانویه

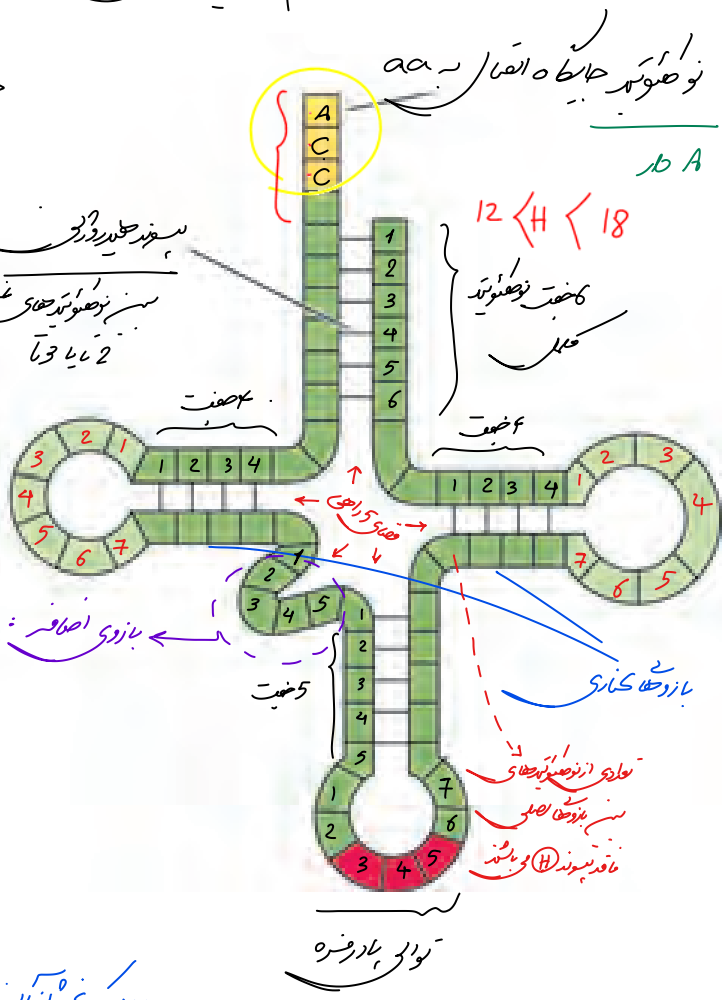
تاخوردگی نوعیه

← ایجاد دو حلقه - بدون ایجاد پیوند
افتراس تاخوردگی - اتصال
اتصال به aa

← ایجاد دو حلقه با ایجاد پیوند (H) (شروع تاخوردگی)
عدم توانایی در اتصال به aa



شکل سه‌بعدی tRNA به تاخوردگی شبیه ایجاد می‌شه، شکل به‌شکل خمیدگی یا می‌باشد
به 2 ضلع بازوها و حلقه‌ی قائم دارد.
* دو ضلع بازوها قرار گرفته (بازوی منتهی به CCA در ضلع کوتاهتر) * 2 حلقه‌ی کناری در زاویه‌ی بین دو ضلع قرار دارد * حلقه‌ی آنتی کدون در رأس ضلع بلندتر و توالی CCA در رأس ضلع کوتاهتر.



این بازو شامل 5 نوکلئوتید مجاور می‌باشد و فاقد پیوند هیدروژنی است. فعال این بازو زیاد می‌باشد.
بازوهای کناری در اقتدار توالی CCA می‌باشد.

بازوی که بخشی از آن تنه‌ی اسید است ← تنه ← CCA

بازوی منتهی به توالی CCA ← 1 رشته‌ی حاوی 6 نوکلئوتید و رشته دیگر حاوی 5 نوکلئوتید است.
حداقل 12 و حداکثر 18 پیوند هیدروژنی دارد

بازوهای کناری (2تا) ← این دو بازو که در انتها ساقه حلقه‌ای دارند، با هم طول برابر داشته و بازوی که در اقتدار توالی CCA است به دلیل وجود بازوی اضافی کمی بلاتر است.

بازو منتهی به آنتی کدون ← دارای 4 جفت نوکلئوتید مکمل هستند و حداقل 8 و حداکثر 12 پیوند هیدروژنی دارد.
این بازو دربرگیرنده‌ی بازوی منتهی به CCA و عقب‌تر از بازوهای کناری است
از 5 جفت نوکلئوتید مکمل ساخته شده (حداقل 10 و حداکثر 18 پیوند هیدروژنی دارد)

4 تا بازو اصلی
پیوند هیدروژنی دارد و در هر بازوی منتهی به توالی CCA تشکیل
در انتها حلقه‌ای هستند.
دارای

* در ساختار حلقه‌ها و بازوی اضافه و بخش نوکلئوتیدی پیوند هیدروژنی نداریم.

✓ طویل‌ترین بازو ← بازوی اصلی منتهی به CCA
✓ کوتاه‌ترین بازو ← بازوی اضافه
✓ ... ← بازوی اصلی به ... توالی

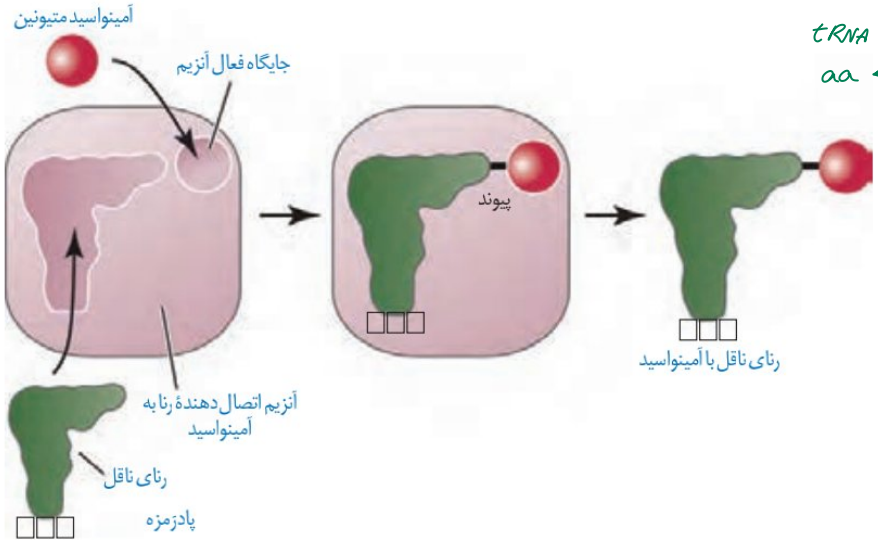
به‌وجود می‌آورد. در این ساختار یک بخش محل اتصال آمینواسید و دیگری توالی ۳ نوکلئوتیدی به نام **پادرمزه (آنتی کدون)**[1] است (شکل ۸). به نظر شما علت این نام‌گذاری چیست؟ هنگام ترجمه، این توالی با توالی رَمزه مکمل خود پیوند هیدروژنی مناسب برقرار می‌کند.

در همه رناهای ناقل، به جز در ناحیه پادرَمزه‌ای، انواع توالی‌های مشابهی وجود دارند. انتظار این است که به تعداد انواع رَمزه‌ها، پادرَمزه وجود داشته باشد ولی تعداد انواع پادرَمزه‌ها کمتر از رَمزه‌ها است؛ مثلاً برای رَمزه‌های پایان، رنای ناقل وجود ندارد.

نحوهٔ عمل رنای ناقل: همان‌طور که گفته شد، آمینواسید به رنای ناقل متصل می‌شود. حال پرسش این است که آیا هر نوع آمینواسید به هر نوع رنای ناقل می‌تواند متصل شود؟ اهمیت بخش پادرَمزه‌ای در این اتصال چیست؟

در واقع در یاخته‌ها، آنزیم‌های ویژه‌ای وجود دارند که براساس نوع توالی پادرَمزه، آمینواسید مناسب را به رنای ناقل متصل می‌کنند؛ یعنی آنزیم با تشخیص پادرَمزه در رنای ناقل، آمینواسید مناسب را یافته و به آن وصل می‌کند. این فرایند نیازمند انرژی است (شکل ۹).

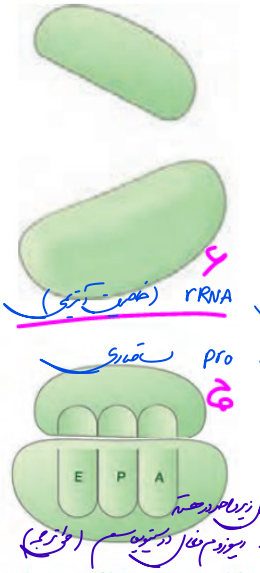
حال بر اساس آنچه تاکنون دربارهٔ رَمزه‌ها خوانده‌اید آیا می‌توانید حدس بزنید رنای ناقل با چه توالی پادرَمزه‌ای می‌تواند به آمینواسید متیونین متصل شود؟



شکل ۹ـ نحوهٔ پیوستن آمینواسید به رنای ناقل مربوط به خود توسط آنزیم ویژه آن

ساختار رِناتَن

دانستید که رِناتَن در ساخت پلی‌پپتید نقش دارد. رِناتَن‌ها از دو زیرواحد تشکیل شده‌اند (شکل ۱۰). هر زیرواحد نیز از رنا و پروتئین تشکیل شده است. به یاد می‌آورید که رنای رِناتَنی به‌وسیله کدام رنابسپارازها ساخته می‌شود؟ در یاخته، پروتئین‌های رِناتَنی ساخته شده و رنای مربوط به آنها در کنار هم قرار گرفته و زیرواحد کوچک و بزرگ رِناتَن را می‌سازد. رِناتَن در ساختار کامل، سه جایگاه به نام P، A و E دارد که با آنها در ادامه آشنا خواهیم شد.



شکل ۱۰ـ ترتیب قرارگیری زیرواحدهای رِناتَن

۱ـ Anticodon

آنزیم اتصال دهنده tRNA به aa ← این آنزیم از جنس RNA بوده و سنتز نکرده . روشی از جزء این آنزیم توسط RNA پلیمراز II ، این آنزیم حاصل ترجمه در سیتوپلاسم است و در سیتوپلاسم فعالیت می‌کند .

فعالیت این آنزیم نیازمند ترجمه است و انرژی خواه است .

دارای 2 جایگاه فعال نامبرده

نوکلئوتید ← tRNA

آمینو اسید ← aa

2 نوع سنتز شده ← پلی پپتید (4 نوع مونومر) + aa

1 نوع محصول ← tRNA متصل به aa (5 نوع مونومر)

از قند نوکلئوتید حاوی باز A

آمینو اسید ← aa و tRNA

ایجاد پیوند کووالانسی بین

تولید آب و مصرف انرژی

در پایان سنتز ماده‌ها در جایگاه‌های فعال قرار دارند

شکل ۹ـ نحوهٔ پیوستن آمینواسید به رنای ناقل مربوط به خود توسط آنزیم ویژه آن

آمینواسید متیونین

جایگاه فعال آنزیم

پیوند

رنای ناقل با آمینواسید

خروج محصول این آنزیم از جایگاه فعال

tRNA مربوط به جایگاه فعال aa ، توالی CCA بوده و آنتی کدون دورترین بخش می‌باشد

tRNA در اثر نیروی خارج از محیط وارد جایگاه فعال می‌شود

آنزیم اتصال دهندهٔ رنا به آمینواسید

رنای ناقل

پادرمزه

آنزیم بخش مختلف تنه‌ها و حلقه‌ها را تشخیص داده و تغییر می‌کند .

شکل ۱۰ـ ترتیب قرارگیری زیرواحدهای رِناتن

1_ Anticodon

✓ تشکیل زیرواحد بزرگ ریبوزوم ← هسته

✓ تشکیل زیرواحدهای ریبوزوم ← هسته / سیتوپلاسم

✓ تشکیل و شناخته ریبوزوم فعال نهایی ← سیتوپلاسم

✓ جهت حرکت رنا پلی‌مراز به سمت زیرواحدهای ریبوزوم است .

✓ زیرواحدهای ریبوزوم پلی‌پپتید آغاز در انتهای قرار می‌گیرند و پس از پایان ترجمه مجدد از هم جدا می‌شوند .

✓ در سطح جداگانه جایگاه‌ها E P A دارد . و سه جایگاه‌ها قابلیت ریبوزوم فعال دارد

✓ محل قرارگیری tRNA در وقوع فرآیندهای ترجمه در جایگاه‌های زیرواحدهای بزرگ ریبوزوم است .

✓ هر جایگاه به اندازه ۳ نوکلئوتید پوشش می‌دهد بطوری که در ریبوزوم 3 کدون (نوکلئوتید) در جایگاه‌های ریبوزوم است و در پایان ترجمه زیرواحدها پوشش می‌دهد

مرحلهٔ آغاز 8

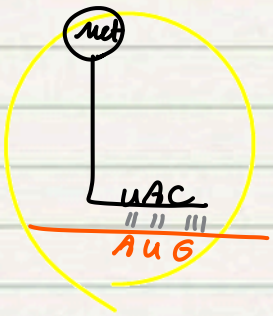
ایجاد ریبوزوم کامل



✓ در این مرحله mRNA با کمک کپیده کوچک زیرواحد کوچک ریبوزوم به جودی شود.

✓ آغاز کننده همیشه اولین tRNA است ترجمه را شروع می کند، همیشه از ابتدای سیتی جایگاه P در آن حضور دارد

اولین tRNA است که از جایگاه E خارج می شود، متصل به آمینواسید متیونین بوده دارای کدون آنتی UAC است.



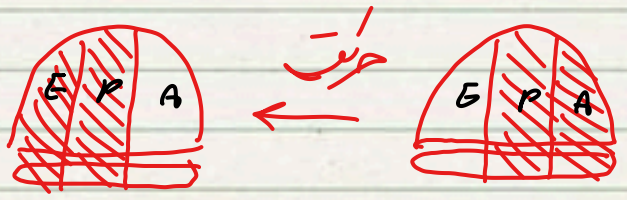
این tRNA ابتدا وارد جایگاه A می شود.

* ایجاد پیوند پپتیدی در P

✓ آغاز مرحله آغاز ← اتصال زیرواحد کوچک ریبوزوم به mRNA

✓ پایان " " ← " " بزرگ " "

مرحلهٔ طویل شدن 8 مرحله تکرار و حلقه پذیره!



1. ایجاد H ← A
2. شکستن پیوند بین tRNA و aa ← P
3. ایجاد پپتیدی ← A
4. حرکت ریبوزوم
5. شکستن H ← E

ورود tRNA متصل به پپتید به P ، tRNA بدون aa به E بدون پپتید H

خروج " " از A " " از P بدون شکستن H

* در مرحله طویل شدن ورود tRNA متصل به aa به A (با پپتید H)

خروج tRNA بدون aa از E (با X H)

سنتز آبدهی - تولید آب، کاهش فشار اسمزی

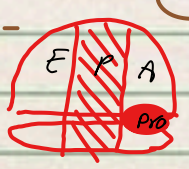
در ستیوپلاسم:

* ایجاد و شکستن همیشه پیوند پپتیدی داریم

* ایجاد و شکستن کوواالنسی هم داریم

✓ آغاز مرحله طویل شدن ← ورود اولین tRNA متصل به aa به A

✓ پایان " " ← خروج آخرین tRNA بدون aa از جایگاه E



مرحلهٔ پایان 8

✓ ورود عوامل آزادکننده به A

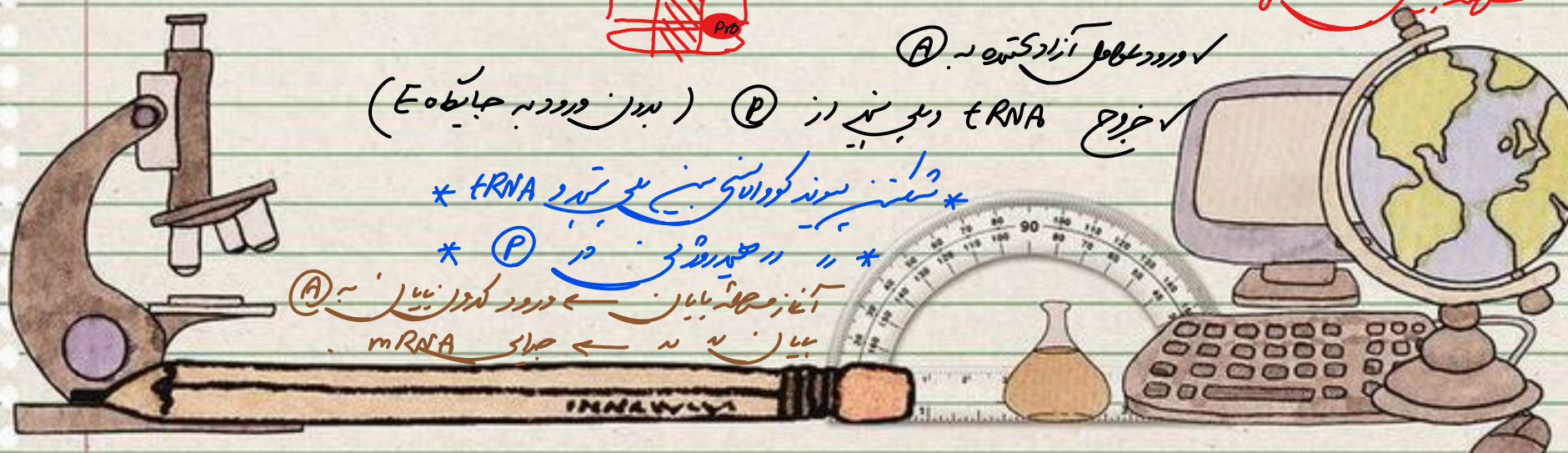
✓ خروج tRNA دیگر پپتید از P (بدون ورود به جایگاه E)

* شکستن پیوند کوواالنسی بین پپتید و tRNA

* " " پپتیدی در P

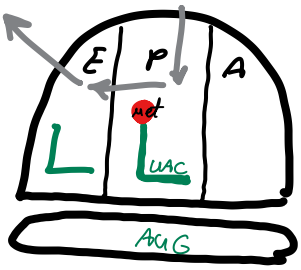
آغاز مرحله پایان ← ورود کدون پایان به A

پایان " " ← جدای mRNA



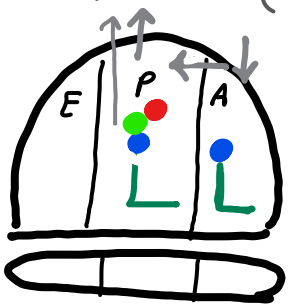
حرکت tRNA ها

tRNA آغازگر



- ✓ این tRNA وارد A نمی‌شود
- ✓ " به همراه یک aa (met) وارد (P) می‌شود
- ✓ " طی 1 حرکت ریبوزوم از آن خارج می‌شود
- ✓ ورود این tRNA بدون aa به جایگاه E (با حرکت ریبوزوم)
- ✓ خروج " " از " (با شکستن H) . (با هیچ پیوندی دیده نمی‌شود)

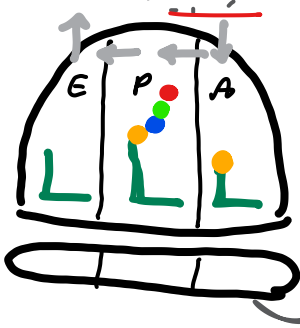
tRNA آخر



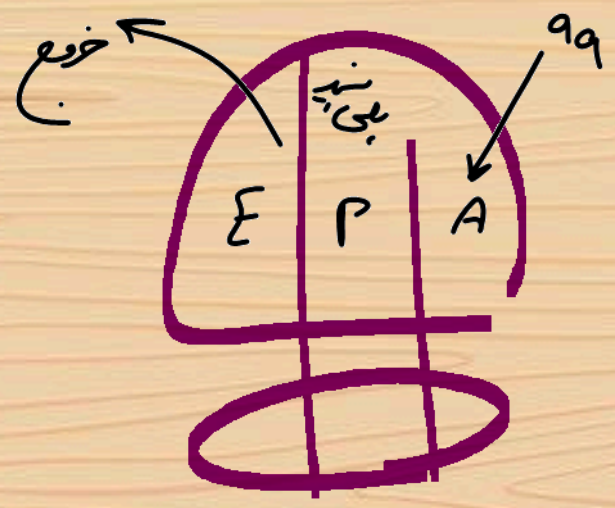
- ✓ این tRNA آخرین tRNA است که وارد ریبوزوم می‌شود
- ✓ این tRNA با یک aa وارد جایگاه (A) شده (✓ H)
- ✓ طی 1 بار حرکت از ریبوزوم خارج می‌شود. (این tRNA وارد E نمی‌شود و با ⓧ H از (P) خارج می‌شود)
- ✓ این tRNA با هیچ پیوندی به جایگاه (P) وارد شده و در ادامه از جایگاه (P) ازهیچ پیوندی جدا شده و بدون هیچ پیوندی از (P) خارج می‌شود

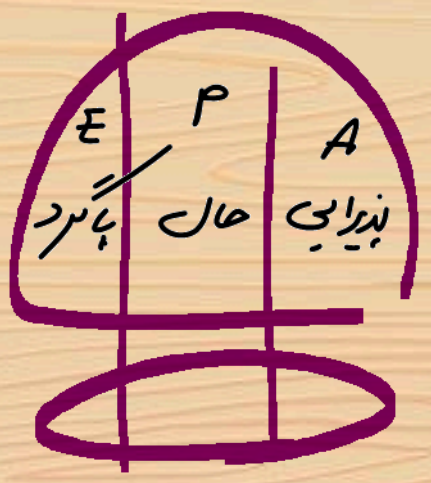
بیشترین پیوند

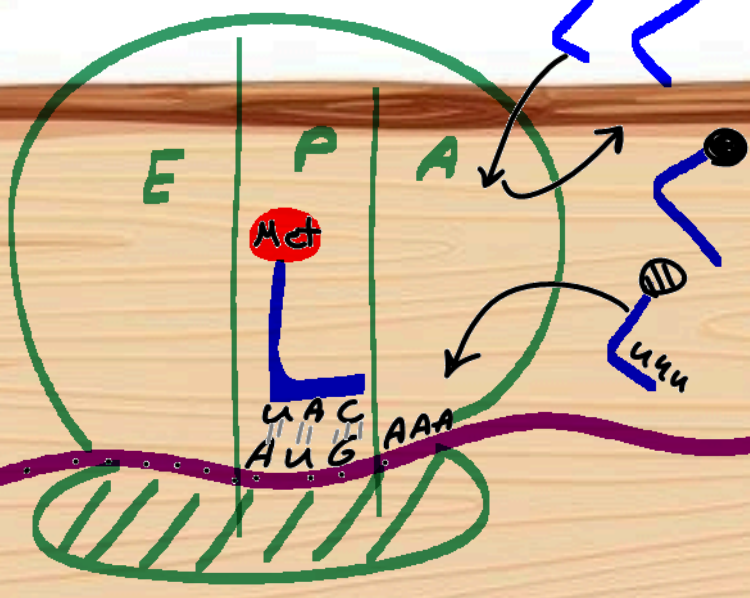
تفاوت tRNA ریبوزوم tRNA آخر و tRNA آغازگر

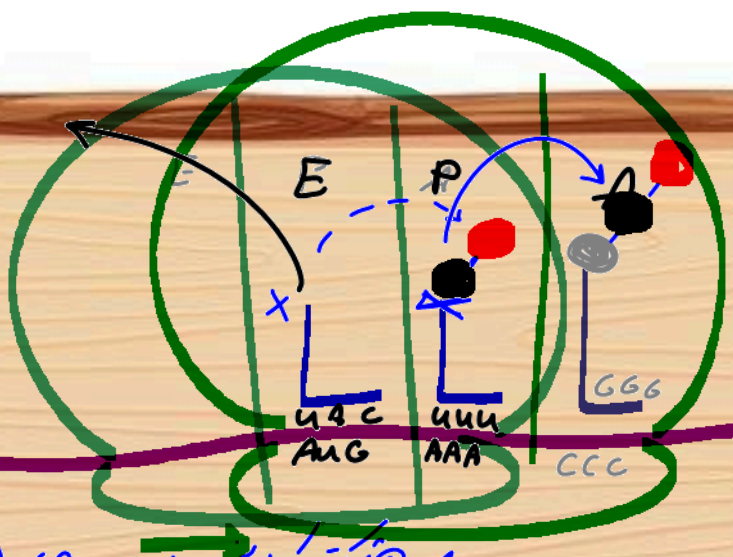


- ✓ tRNA ریبوزوم tRNA آخر و tRNA آغازگر ابتدا با یک aa وارد جایگاه (A) می‌شوند (✓ H) ، دو بار حرکت ریبوزوم را تجربه می‌کنند طی حرکت اول با یک پیوند وارد (P) شده و بار دوم بدون aa وارد جایگاه E می‌شوند. و در نهایت از جایگاه (E) با ✗ H خارج می‌شوند.









(ناقص) GTP و آب ← ① -1

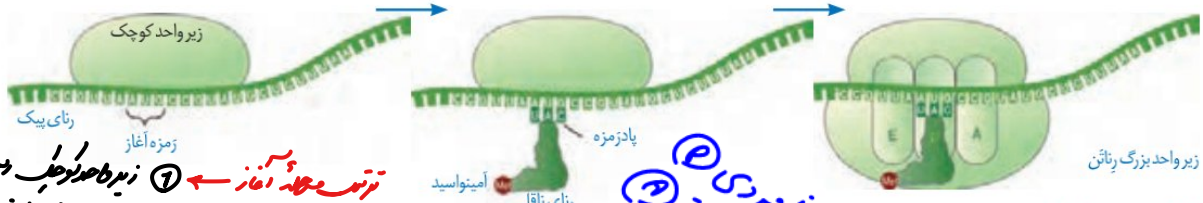
(ناقص) ایجاد پیوند پپتیدی بین دو aa ← ② -2

مراحل ترجمه

ترجمه نیز فرایندی پیوسته است که برای سادگی در یادگیری آن را به سه مرحلهٔ **آغاز**، **طویل شدن** و **پایان** تقسیم می‌کنند.

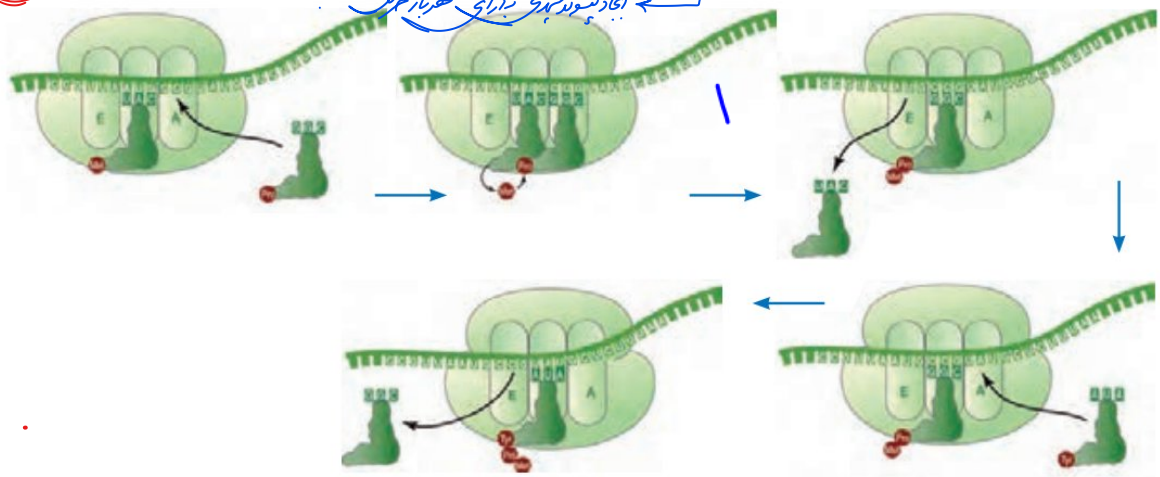
مرحله آغاز: در این مرحله بخش‌هایی از رنای پیک، زیرواحد کوچک رناتن را به‌سوی رَمزهٔ آغاز، هدایت می‌کند. سپس در این محل رنای ناقلی که مکمل رَمزه اغاز است به آن متصل می‌شود. با افزوده شدن زیرواحد بزرگ رناتن به این مجموعه، ساختار رناتن کامل می‌شود.

در این مرحله جایگاه P در رناتن، محل قرارگیری رنای ناقل دارای آمینواسید است. این جایگاه در ابتدا توسط رنای ناقل متیونین اشغال می‌شود. جایگاه A محل قرارگیری رنای ناقل بعدی و آمینواسید متصل به آن خواهد بود. پیوند پپتیدی در جایگاه A برقرار می‌شود. جایگاه E محل خروج رنای ناقل بدون آمینواسید است. در مرحله آغاز فقط جایگاه P پر می‌شود و جایگاه A و E خالی می‌ماند (شکل ۱۱).



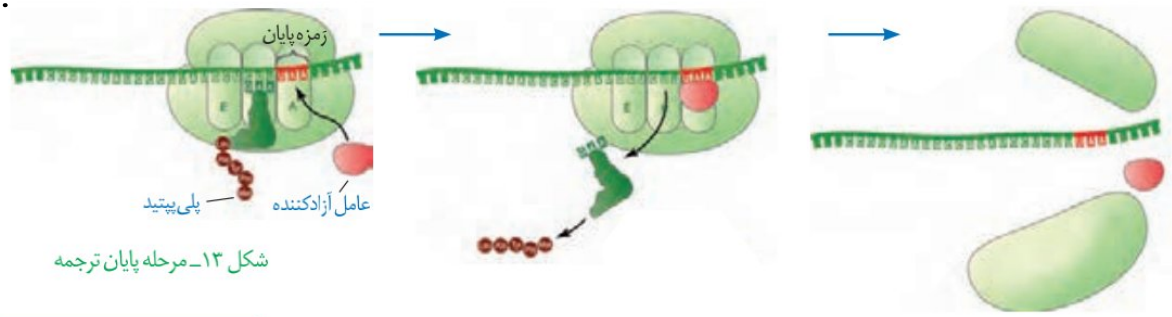
شکل ۱۱ـ مرحله آغاز ترجمه

مرحلهٔ طویل شدن: در این مرحله ممکن است رناهای ناقل مختلفی وارد جایگاه A رناتن شوند ولی فقط رنایی که مکمل رَمزهٔ جایگاه A است، استقرار پیدا می‌کند؛ در غیر این صورت جایگاه را ترک می‌کند. سپس آمینواسیدِ جایگاهP از رنای ناقل خود جدا می‌شود و با آمینواسید جایگاه A پیوند برقرار می‌کند. آیا می‌دانید پیوند حاصل چه نام دارد؟ پس از آن رناتن به اندازهٔ یک رَمزه به سوی رَمزه پایان پیش می‌رود. در این موقع رنای ناقل که حامل رشته پپتیدی در حال ساخت است در جایگاه P قرار می‌گیرد (علت نام‌گذاری جایگاهP) و جایگاه A خالی می‌شود تا پذیرای رنای ناقل بعدی باشد. رنای ناقل بدون آمینواسید نیز در جایگاه E قرار می‌گیرد و سپس از این جایگاه خارج می‌شود. این فرایند بارها تکرار می‌شود و طول زنجیرهٔ آمینواسیدی بیشتر می‌شود تا رناتن به یکی از رَمزه‌های پایان برسد (شکل ۱۲).



شکل ۱۲ـ مرحله طویل شدن ترجمه

مرحلهٔ پایان: با ورود یکی از رَمزه‌های پایان ترجمه در جایگاه A، (چون رنای ناقل مکمل آن وجود ندارد) این جایگاه توسط پروتئین‌هایی به نام عوامل آزادکننده[1] اشغال می‌شود. (عوامل آزادکننده باعث جدا شدن پلی‌پپتید از آخرین رنای ناقل می‌شوند؛ همچنین باعث جدا شدن زیرواحدهای رناتن از هم و آزاد شدن رنای پیک می‌شوند) زیرواحدهای رِناتن‌ها می‌توانند مجدداً این مراحل را تکرار کنند تا چندین نسخه از یک پلی‌پپتید ساخته شود (شکل ۱۳).



شکل ۱۳ــ مرحله پایان ترجمه

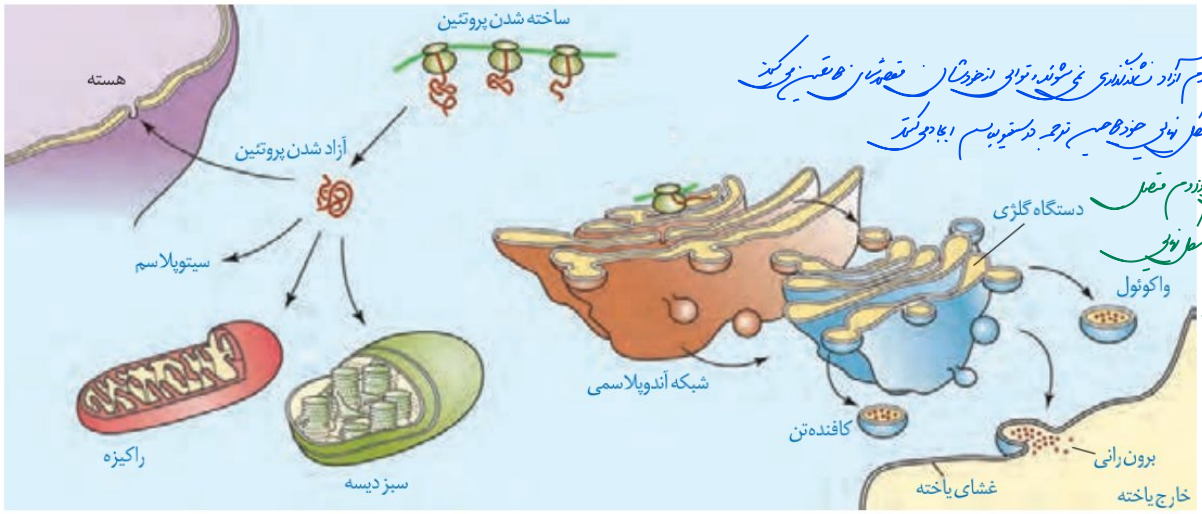
طرح سؤال از توالی‌های رمزه، پادرمزه و آمینواسیدهای مربوط به آنها در همهٔ آزمون‌ها از جمله کنکور سراسری ممنوع است.

محل پروتئین‌سازی و سرنوشت آنها

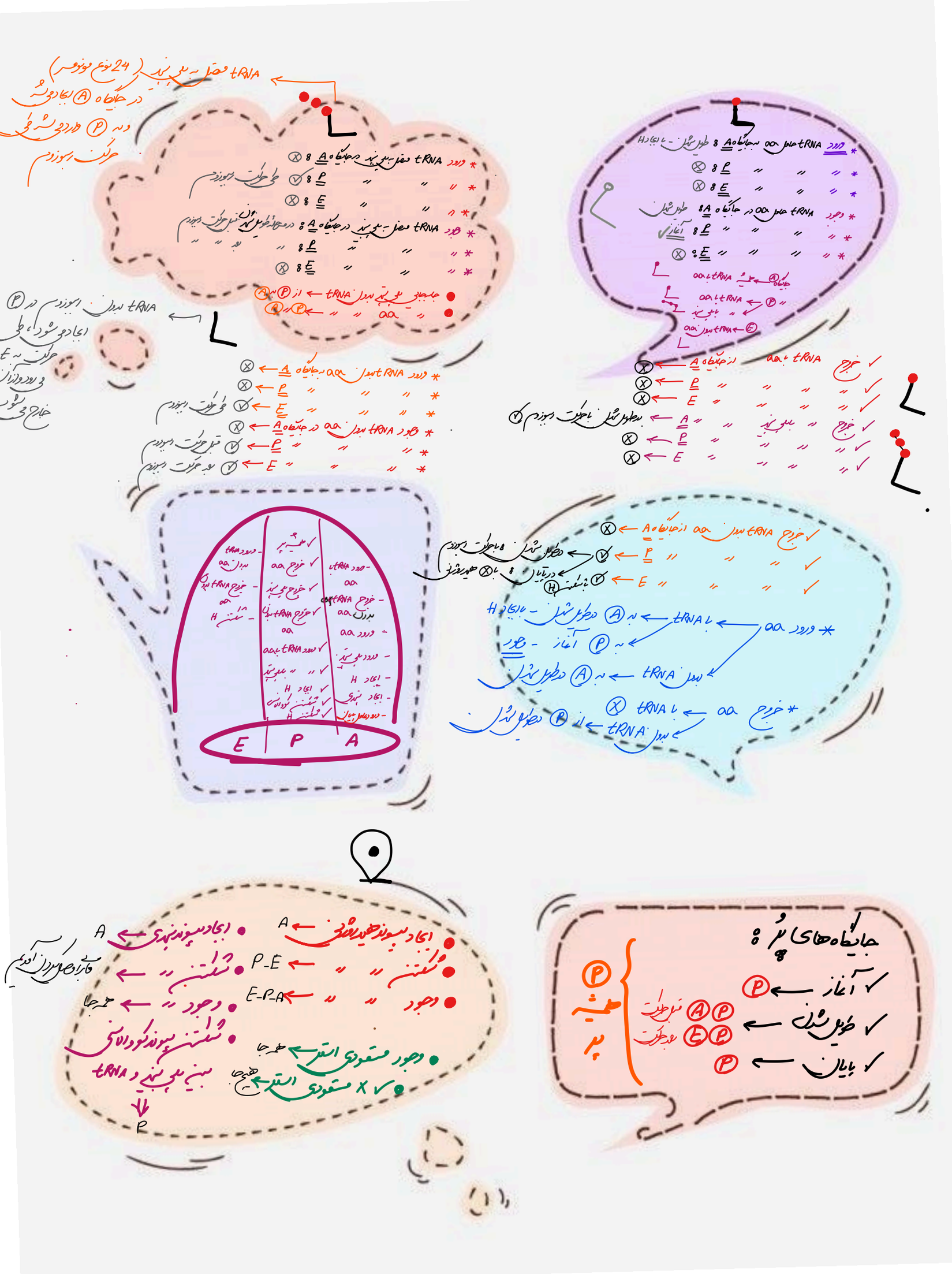
پروتئین‌ها در بخش‌های مختلفی از یاخته ساخته می‌شوند. به‌طور کلی پروتئین‌سازی در هر بخشی از یاخته که رِناتن‌ها حضور داشته باشند می‌تواند انجام شود.

همان‌طور که در شکل ۱۴ می‌بینید، پروتئین‌های ساخته شده در سیتوپلاسم سرنوشت‌های مختلفی پیدا می‌کنند. بعضی از این پروتئین‌ها به شبکهٔ آندوپلاسمی و دستگاه گلژی می‌روند و ممکن است برای ترشح به خارج رفته یا به بخش‌هایی مثل واکوئل (کُریچه) و کافنده‌تن بروند. بعضی پروتئین‌ها نیز در سیتوپلاسم می‌مانند و یا اینکه به راکیزه‌ها، هسته و یا دیسه‌ها می‌روند. در هر یک از این موارد براساس مقصدی که پروتئین باید برود، توالی‌های آمینواسیدی در آن وجود دارد که پروتئین را به مقصد هدایت می‌کند (شکل ۱۴).

شکل ۱۴ــ سرنوشت پروتئین‌های ساخته‌شده در سیتوپلاسم



۱ــ Release Factors


E
P
A

محل ورود tRNA ←

محل ورود آمینواسید به tRNA ←

" " بدون tRNA ←

" " رشته پلی‌پپتید به tRNA ←

" " رشته پلی‌پپتید بدون tRNA ←

محل تشکیل پیوند پپتیدی ←

محل خروج پلی‌پپتید بدون tRNA

✓ ورود tRNA به (A) ←

✓ " " به (P) ←

✓ " " " (E) ←

✓ خروج tRNA از (A) ←

✓ " " " (P) ←

✓ " " " (E) ←

محل ورود آمینواسید بدون tRNA

محل ورود آمینواسید به tRNA

✓ محل ایجاد پیوند هیدروژنی ←

✓ " تخریب " ←

✓ " ایجاد کووالانسی (پپتیدی) ←

✓ " تخریب " ←

✓ " " پپتیدی ←

خروج tRNA متصل به پپتید

با X (H) نداریم !!

رشته‌ی الگو: TACGCA ATG CCA TTT ATG CTG CCT TAA ACC GGCT

رشته‌ی رونویسی شده: ATGCGT TAC GGT AAA TAC GAC GGA ATT TGG CCGA

رونویسی توسط RNA پلیمراز ۲

آغاز — کدون پایان

CCGA AUG CCA uuu AUG CUG CCU uAA ACC

1 2 3 4 5 6 7

E P A

E P A

E P A

E P A

E P A

P A

P A

Met Met

1- تعداد کدون مؤثر در ترجمه ← $n=7$

2- تعداد کدون قبل ترجمه ← $n-1$ (همه‌ی جز کدون پایان) ($\bar{16}$)

3- تعداد نوکلئوتید mRNA ← $n > 21$

4- تعداد نوکلئوتید mRNA مؤثر در ترجمه ← $3n$ ($3 \times 7 = 21$)

تعداد کدون × تعداد نوکلئوتید هر کدون

5- تعداد مستعدی استر بین کدون‌ها ← $i2$ (□-□-□)

6- تعداد مستعدی استر بین کدون‌ها ← $n-1$ ($\bar{16}$)

7- تعداد نوکلئوتید موجود در کدون قبل ترجمه ← $3(n-1)$ ($3 \times 6 = 18$)

تعداد کدون قبل ترجمه

8- تعداد مستعدی استر عبوری از ریبوزوم ← $23 < n$ (۲۰ تا بین نوکلئوتیدهای کدون + تعداد کدونی که در آنها آغاز و پایان + تعداد نوکلئوتید)

9- تعداد aa موجود در رشته‌ی پلی‌پپتید ← $n-1$ (همه کدون‌ها به جز کدون پایان)

10- تعداد پیوند پپتیدی در پلی‌پپتید حاصل از ترجمه ← $n-2$ (یعنی از aa ها یکی کمتر)

11- دفعات حرکت ریبوزوم ← $n-2$ (به تعداد ایجاد پیوند پپتیدی حرکت ریبوزوم داریم)

12- تعداد و انواع مولکول حاصل از ترجمه ← ۱ نوع ۱ عدد (پلی‌پپتید)

13- انواع مولکول مؤثر در ترجمه ← ATP - mRNA - tRNA - rRNA - pro

14- انواع پیوند ایجاد شده در ترجمه ← هیدروژنی - پپتیدی (موقت)

15- " " شکسته شده در ترجمه ← هیدروژنی - کووالانسی

16- " " موجود در ساختار نهایی ترجمه ← پپتیدی - هیدروژنی - کووالانسی - مستعدی استر

17- tRNA که افعال ورود به ریبوزوم دارند ← ۶۱ نوع — چند تا وارد می‌شه؟ $n-1$ ($\bar{16}$)

18- " کدون‌هایی که " " " ← ۶۴ نوع

19- aa " " " " ← ۲۰ نوع

20- تعداد کدون ورودی A ← n-1 (همه به جز کدون آغاز)

21- " " P " " " ← n-1 (همه به جز کدون پایان)

22- " " E " " " ← n-2 (همه به جز کدون پایان و یکی مانده به آخر)

23- " خروجی از A " " " ← n-2 (کدون آغاز وارد می‌شود و کدون پایان وارد می‌شود و خارج نمی‌شود)

24- " " P " " " ← n-2 (کدون پایان وارد نشده که خارج شود و کدون یکی مانده به آخر وارد می‌شه و می‌خارج نمی‌شه)

25- " " E " " " ← n-3 (کدون پایان و یکی مانده به آخر وارد می‌شود که خارج شود و کدون 2 تا به آخر وارد می‌شه خارج نمی‌شه)

26- تعداد آنتی کدون ورودی به A ← n-2 (به جز tRNA آغازگر و کدون پایان) ← اون‌هایی که ست می‌شوند

27- " " " " P " " " ← n-1 (به تعداد کدون ورودی به آن، آنتی کدون وارد می‌شود)

28- " " " " E " " " ← n-2 (" " " " " ")

29- تعداد آنتی کدون خروجی از A ← n-2 (همه tRNA ها بدون پیوند خارج می‌شوند)

30- " " " " P " " " ← n-2

31- " " " " E " " " ← n-2

همه آنتی کدون‌ها ورودی بخارج می‌شوند.

32- تعداد aa ورودی به A ← n-1 (تعداد aa ها - 1 - تعداد A های کدون همه به جز اولین استوپ)

33- " " " " P " " " ← n-1 (همه aa ها به P وارد می‌شوند)

34- " " " " E " " " ← اصلاً aa وارد E نمی‌شه

35- تعداد aa خروجی از A ← n-1 (هرچی وارد می‌شه، خارج می‌شه)

36- " " " " P " " " ← n-1 (" " " " " ")

37- " " " " E " " " ← aa وارد نمی‌شه که خارج بشه

38- تعداد نوکلئوتید بصورت mRNA از A ← $3(n-1) < n$

39- " " " " P " " " ← $3(n-1) = n$

40- " " " " E " " " ← $3(n-1) < n$

---

* همیشه تعداد کدون خروجی از جایگاهی برابر یا کمتر از ورودی آن است.

« جنس اون سلیه کی اونو ساخته »

DNA

حاصل همانندسازی

* DNA پلی مراز *

RNA

حاصل رونویسی

* RNA پلی مراز *

پروتئین

حاصل ترجمه

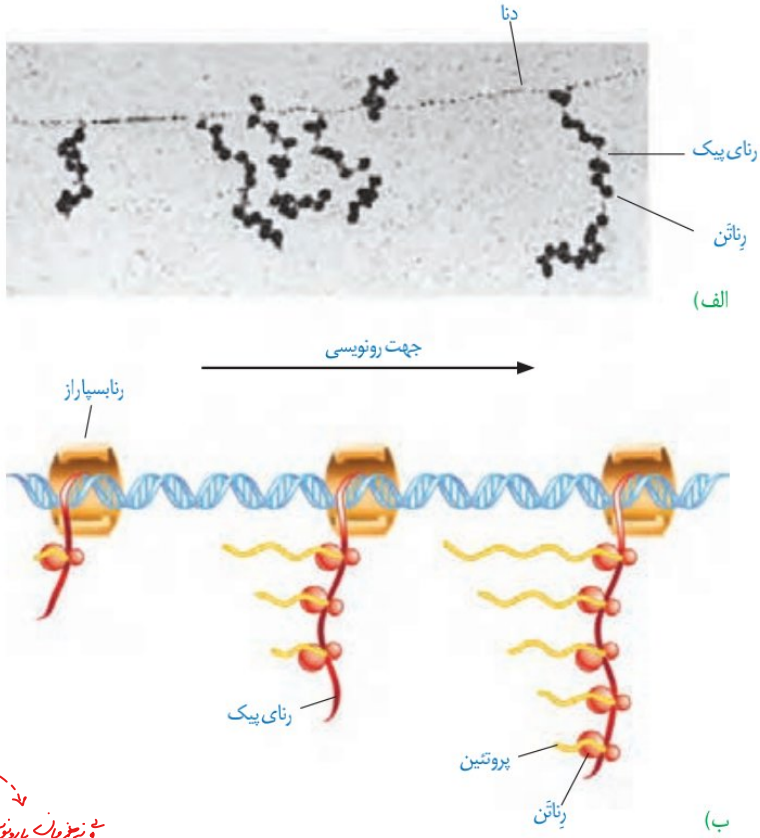
* rRNA *

- ساخت هستون ← پروتئین
- ساخت rRNA ← rRNA
- ساخت آنزیم سازنده هستون ← RNA پلی مراز I
- ساخت DNA پلی مراز ← DNA
- ساخت ژن هستون ← DNA پلی مراز
- رونویسی از ژن هستون ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن RNA پلی مراز II ← DNA
- رونویسی از ژن RNA پلی مراز II ← RNA پلی مراز II
- ساخت RNA پلی مراز II ← rRNA
- ساخت عوامل آزادکننده ← rRNA
- رونویسی از ژن عوامل آزادکننده ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن عوامل آزادکننده ← DNA
- ساخت ژن DNA پلی مراز ← DNA
- رونویسی از ژن DNA پلی مراز ← RNA پلی مراز II
- ساخت DNA پلی مراز ← rRNA
- ساخت آنزیم سازنده هستون ← RNA پلی مراز I
- ساخت هستون ← rRNA
- رونویسی از ژن هستون ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن هستون ← DNA پلی مراز
- ساخت DNA پلی مراز ← rRNA
- رونویسی از ژن DNA پلی مراز ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن DNA پلی مراز ← DNA
- ساخت هستون ← rRNA
- رونویسی از ژن هستون ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن هستون ← DNA پلی مراز
- ساخت RNA پلی مراز II ← rRNA
- رونویسی از ژن RNA پلی مراز II ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن RNA پلی مراز II ← DNA
- ساخت عوامل آزادکننده ← rRNA
- رونویسی از ژن عوامل آزادکننده ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن عوامل آزادکننده ← DNA
- ساخت آنزیم سازنده هستون ← RNA پلی مراز I
- ساخت هستون ← rRNA
- رونویسی از ژن هستون ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن هستون ← DNA پلی مراز
- ساخت DNA پلی مراز ← rRNA
- رونویسی از ژن DNA پلی مراز ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن DNA پلی مراز ← DNA
- ساخت هستون ← rRNA
- رونویسی از ژن هستون ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن هستون ← DNA پلی مراز
- ساخت RNA پلی مراز II ← rRNA
- رونویسی از ژن RNA پلی مراز II ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن RNA پلی مراز II ← DNA
- ساخت عوامل آزادکننده ← rRNA
- رونویسی از ژن عوامل آزادکننده ← RNA پلی مراز II
- ساخت ژن عوامل آزادکننده ← DNA

سرعت و مقدار پروتئین سازی

به‌طور کلی سرعت و مقدار پروتئین‌سازی در یاخته‌ها بسته به نیاز تنظیم می‌شود. در پروکاریوت‌ها پروتئین‌سازی حتی ممکن است پیش از پایان رونویسی رنای پیک آغاز شود؛ زیرا طول عمر رنای پیک در این یاخته‌ها کم است. برای پروتئین‌هایی که به مقدار بیشتری مورد نیازند، ساخت پروتئین‌ها، به‌طور هم‌زمان و پشت سر هم توسط مجموعه‌ای از رِناتَن‌ها انجام می‌شود تا تعداد پروتئین بیشتری در واحد زمان ساخته‌شود (شکل ۱۵). در این مجموعه، رِناتَن‌ها مانند دانه‌های تسبیح و رنای پیک شبیه نخی است که از درون این دانه‌ها می‌گذرد. همکاری جمعی رناتَن‌ها به پروتئین‌سازی سرعت بیشتری می‌دهد.

تجمع رِناتَن‌ها در یاخته‌های یوکاریوتی نیز دیده می‌شوند. البته در این یاخته‌ها سازوکارهایی برای حفاظت رنای پیک در برابر تخریب وجود دارد. بنابراین، فرصت بیشتری برای پروتئین‌سازی هست. در مجموع، این عوامل موجب طولانی‌تر شدن عمر رنای پیک پیش از تجزیه می‌شود.

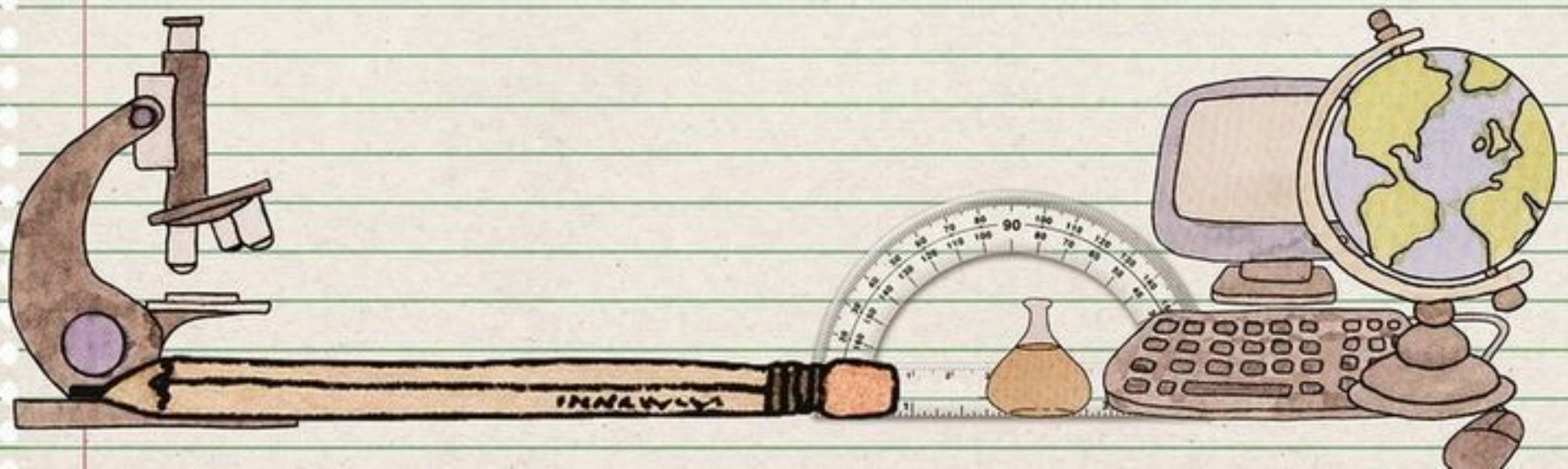


شکل ۱۵ـ الف) تصویر میکروسکوپی مجموعهٔ رِناتَن‌ها
ب) طرحی ساده از رناتن‌هایی که چند رنای در حال رونویسی را ترجمه می‌کنند.

فعّالیت ۱

الف) چه رابطه‌ای بین طول عمر رنای پیک یاخته‌ها با میزان پروتئین‌سازی آنها برقرار است؟

ب) رونویسی و ترجمه در پروکاریوت‌ها و یوکاریوت‌ها را با هم مقایسه کنید.



گفتار ۳ تنظیم بیان ژن

در سال گذشته آموختید که همه یاخته‌های پیکری بدن از تقسیم رِشتمان (میتوز) یاخته تخم منشأ می‌گیرند. یاخته‌های حاصل، از نظر فام‌تنی و ژن‌ها یکسان‌اند. با این حال در ادامهٔ تقسیمات و رشد جنین، یاخته‌های متفاوتی ایجاد می‌شوند که اعمال مختلفی انجام می‌دهند؛ مثلاً یاخته‌های عصبی و ماهیچه‌ای بدن یک فرد، ژن‌های یکسانی دارند ولی دارای عملکرد و شکل متفاوتی هستند. حال این سؤال مطرح می‌شود که چگونه ممکن است یاخته‌هایی با ژن‌های یکسان تا این حد متفاوت باشند؟ پاسخ این است که در هر یاخته تنها تعدادی از ژن‌ها فعال و سایر ژن‌ها غیر فعال هستند. هرگاه اطلاعات ژنی در یک یاخته مورد استفاده قرار بگیرد، می‌گوییم آن ژن بیان شده و به‌اصطلاح روشن است و ژنی که مورد استفاده قرار نمی‌گیرد خاموش و به‌اصطلاح بیان نشده است. مقدار، بازه و زمان استفاده از ژن در یاخته‌های مختلف یک جاندار ممکن است فرق داشته باشد و حتی در یک یاخته هم بسته به نیاز متفاوت باشد. به فرایندهایی که تعیین می‌کنند در چه هنگام، به چه مقدار و کدام ژن‌ها بیان شوند و یا بیان نشوند، فرایندهای **تنظیم بیان ژن**[۱] می‌گویند. تنظیم بیان ژن فرایندی بسیار دقیق و پیچیده است و عوامل متعددی ممکن است بر آن اثر بگذارند. تنظیم بیان ژن موجب می‌شود تا جاندار به تغییرات پاسخ دهد؛ مثلاً در گیاه، نور می‌تواند باعث فعال شدن ژن سازندهٔ آنزیمی شود که در فتوسنتز مورد استفاده قرار می‌گیرد. در نبود نور این ژن بیان نمی‌شود. همچنین تنظیم بیان ژن می‌تواند موجب ایجاد یاخته‌های مختلفی از یک یاخته شود. یاخته‌های متفاوتی که از یاخته‌های بنیادی مغز استخوان ایجاد می‌شوند، مثالی مناسب در این مورد هستند. در مورد این یاخته‌ها در کتاب دهم مطالبی را فرا گرفتید. آیا می‌توانید برخی یاخته‌های حاصل از یاخته‌های بنیادی مغز استخوان را نام ببرید؟

تنظیم بیان ژن در پروکاریوت‌ها

محصول ژن، رنا و پروتئین است. بنابراین، تغییر در فعالیت ژن‌ها، بر ساخت این محصولات نیز اثر می‌گذارد. تنظیم بیان ژن در پروکاریوت‌ها می‌تواند در هر یک از مراحل ساخت رنا و پروتئین تأثیر بگذارد ولی به‌طور معمول تنظیم بیان ژن در مرحلهٔ رونویسی انجام می‌شود. در مواردی هم ممکن است یاخته با تغییر در پایداری (طول عمر) رنا یا پروتئین، فعالیت آن را تنظیم کند.

تنظیم رونویسی در پروکاریوت‌ها

در این نوع تنظیم عواملی به پیوستن رنابسپاراز به توالی راه‌انداز کمک و یا مانعِ حرکت رنا بسپاراز می‌شوند. در نتیجه، رونویسی ژن تسهیل یا ممانعت می‌شود؛ مثلاً با اتصال پروتئین‌های خاصی به بخشی از دنا که سر راه رنابسپاراز است، از انجام رونویسی جلوگیری می‌شود. نمونهٔ این نوع تنظیم، در نوعی باکتری به نام **اشرشیا کلای**[۲] شناخته شده است. قند مصرفی ترجیحی این باکتری گلوکز است.

۱- Regulation of gene expression

۲_ *Escherichia coli*

بیشتر بدانید

در باکتری‌ها ژن‌هایی که محصولات آنها چند فرایند مرتبط به هم را اداره می‌کند در واحدهایی به نام اُپران[۱] قرار گرفته‌اند و بیان یا عدم بیان آنها به‌طور هماهنگ انجام می‌شود. برای مثال برای جذب و تجزیه لاکتوز در باکتری اشرشیاکلای، ۳ آنزیم مورد نیاز است که ژن‌های سازندهٔ آنها در کنار هم قرار دارند و توسط یک بخش تنظیمی اداره می‌شوند. به مجموعهٔ این ژن‌ها و بخش تنظیمی آن اُپران گفته می‌شود. مثال دیگر، ژن‌های مسئول ساخت آمینواسید تریپتوفان است. ۵ ژن در ساخت این آمینواسید دخالت دارند که در یک اُپران قرار دارند.

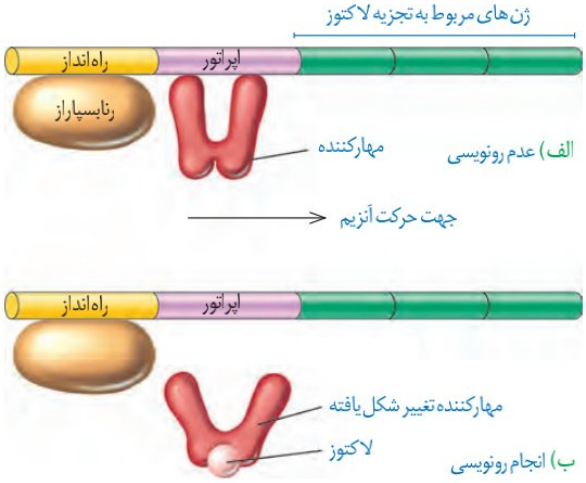
۱_ Operons

CamScanner



Templates @brukrautzysyn

مراحل تجزیهٔ قند گلوکز در یاخته را در فصول بعد خواهید آموخت. اگر گلوکز در محیط باکتری وجود نداشته باشد ولی قند دیگری به نام **لاکتوز**[1] در اختیار باکتری قرار بگیرد، باکتری می‌تواند از این قند استفاده کند. این قند متفاوت از گلوکز بوده است و آنزیم‌های لازم برای مصرف آن نیز متفاوت است. بنابراین وقتی لاکتوز در محیط وجود دارد باکتری باید آنزیم‌های تجزیه‌کننده آن را بسازد و در نبود یا کاهش لاکتوز نیز ساخت آنزیم‌های تجزیه کننده آن متوقف یا کاهش پیدا کند. حال این پرسش پیش می‌آید که باکتری چگونه می‌تواند حضور لاکتوز را در محیط تشخیص دهد و آنزیم‌های تجزیه کننده آن را بسازد؟ ژن‌هایی که این آنزیم‌ها را می‌سازند چگونه روشن و یا خاموش می‌شوند؟ در پروکاریوت‌ها بیان ژن به دو صورت منفی و مثبت تنظیم می‌شود.



شکل ۱۶ـ الف) عدم رونویسی ژن‌ها در غیاب لاکتوز ب) رونویسی ژن‌ها در حضور لاکتوز

تنظیم منفی رونویسی: در گفتار ۱ آموختید که رونویسی با چسبیدن رنابسپاراز به راه‌انداز مربوط به ژن شروع می‌شود. حال اگر مانعی بر سر راه رنابسپاراز وجود داشته باشد، رونویسی انجام نمی‌شود. به این نوع تنظیم، تنظیم منفی رونویسی گفته می‌شود. مانع پیش روی رنابسپاراز نوعی پروتئین به نام **مهارکننده**[2] است. این پروتئین به توالی خاصی از دنا به‌نام **اپراتور**[3] متصل می‌شود و جلوی حرکت رنابسپاراز را می‌گیرد (شکل ۱۶ـ الف). لاکتوز موجود در محیط به باکتری وارد می‌شود و با اتصال به مهارکننده، شکل آن را تغییر می‌دهد. تغییر شکل مهارکننده، آن را از اپراتور جدا می‌کند و نیز مانع از اتصال آن به اپراتور می‌شود. با برداشته شدن مانع سر راه، رنابسپاراز می‌تواند رونویسی ژن‌ها را انجام دهد (شکل ۱۶ـ ب). محصولات این ژن‌ها تجزیه لاکتوز را ممکن می‌کند.

تنظیم مثبت رونویسی: در این نوع تنظیم، پروتئین‌های خاصی به رنابسپاراز کمک می‌کنند تا بتواند به راه‌انداز متصل شود و رونویسی را شروع کند. مثال این نوع تنظیم نیز در باکتری اشرشیاکلای وجود دارد. مشخص شده که اگر در محیط باکتری، قند **مالتوز**[4] وجود داشته باشد، درون باکتری آنزیم‌هایی ساخته می‌شوند که در تجزیهٔ آن دخالت دارند. در عدم حضور مالتوز این آنزیم‌ها ساخته نمی‌شوند چون باکتری نیازی به آنها ندارد.

تنظیم رونویسی در مورد این ژن‌ها به‌صورت مثبت انجام می‌شود. در حضور قند مالتوز، انواعی از پروتئین به نام **فعال کننده**[5] وجود دارند که به توالی‌های خاصی از دنا متصل می‌شوند. به این توالی‌ها **جایگاه اتصال فعال کننده**[6] گفته می‌شود. (شکل ۱۷ـ الف) در حضور مالتوز در محیط، پروتئین فعال کننده به جایگاه خود متصل می‌شود و پس از اتصال به رنابسپاراز کمک می‌کند تا به راه‌انداز متصل

۱ـ Lactose
۲ـ Repressor
۳ـ Operator
۴ـ Maltors
۵ـ Activator
۶ـ Activator Binding Site

بیشتر بدانید

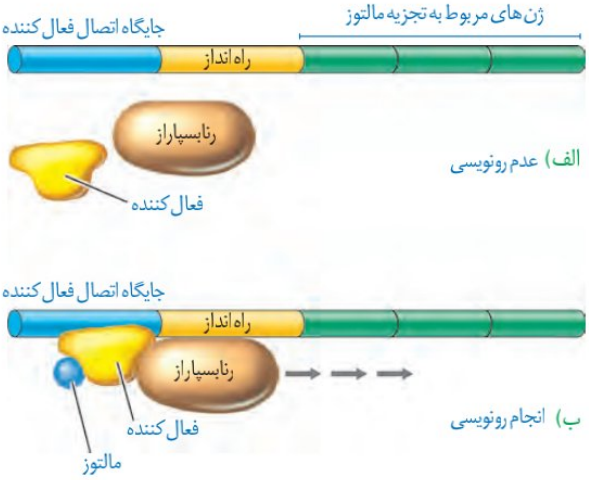
تنظیم منفی در پروکاریوت به دو صورت **القایی**[1] و **مهاری**[2] انجام می‌شود. در حالت القایی، حضور یک ماده موجب بیان ژن‌ها می‌شود. تنظیم بیان ژن در حضور لاکتوز مثالی از تنظیم منفی از نوع القایی است. در حالت مهاری، حضور یک ماده موجب خاموش شدن ژن و عدم بیان آنها می‌شود. مثال این نوع تنظیم در مورد آمینواسید **تریپتوفان** دیده می‌شود. در باکتری اشرشیاکلای با حضور تریپتوفان، ژن‌هایی که در ساخت آن دخالت دارند خاموش می‌شوند. وقتی تریپتوفان در محیط نیست، این ژن‌ها روشن می‌شوند تا آنزیم‌های سازندهٔ تریپتوفان ساخته شوند.

۱ـ Inducer
۲ـ Repressor

CamScanner

Templates @brukrautzysyn

شود و رونویسی را شروع کند. چه عاملی سبب می‌شود که فعال کننده به جایگاه خود بچسبد؟ این عامل مالتوز است. اتصال مالتوز به فعال‌کننده باعث پیوستن آن به جایگاه اتصال شده و رونویسی شروع می‌شود (شکل ۱۷ـ ب).

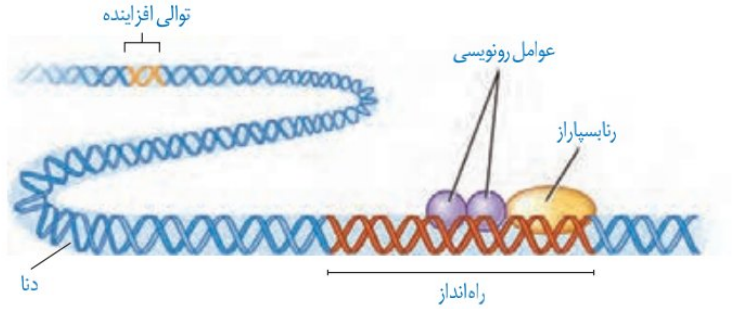


شکل ۱۷ـ تنظیم مثبت رونویسی ژن‌های مؤثر در تجزیه مالتوز

تنظیم بیان ژن در یوکاریوت‌ها

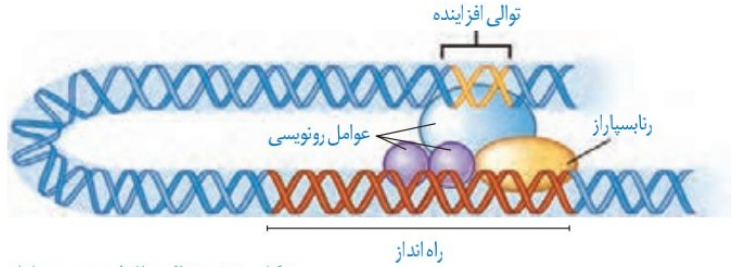
تنظیم بیان ژن در یوکاریوت‌ها پیچیده‌تر از پروکاریوت‌هاست و می‌تواند در مراحل بیشتری انجام شود. یاخته‌های یوکاریوتی به‌وسیلهٔ غشاها به بخش‌های مختلفی تقسیم شده‌اند. بنابراین، برای آنکه یاخته نسبت به یک ماده واکنش نشان دهد، آن ماده باید به طریقی از غشاها عبور کند و ژن‌ها را تحت تأثیر قرار دهد. در یاخته‌های یوکاریوتی، بیشتر ژن‌ها در هسته و برخی در راکیزه‌ها و دیسه‌ها قرار دارند. در هر یک از این محل‌ها، یاخته می‌تواند بر بیان ژن نظارت داشته باشد. بنابراین تنظیم بیان ژن می‌تواند در مراحل متعددی انجام شود.

تنظیم بیان ژن در مرحلهٔ رونویسی: در یوکاریوت‌ها نیز مانند پروکاریوت‌ها، رونویسی با پیوستن رنابسپاراز به راه‌انداز آغاز می‌شود. در یوکاریوت‌ها رنابسپاراز نمی‌تواند به تنهایی راه‌انداز را شناسایی کند و برای پیوستن به آن نیازمند پروتئین‌هایی به‌نام **عوامل رونویسی**[1] هستند. گروهی از این پروتئین‌ها با اتصال به نواحی خاصی از راه‌انداز، رنابسپاراز را به محل راه‌انداز هدایت می‌کند، چون تمایل پیوستن این پروتئین‌ها به راه‌انداز در اثر عواملی تغییر می‌کنند، مقدار رونویسی ژن آن هم تغییر می‌کند (شکل ۱۸).



شکل ۱۸ـ تنظیم بیان ژن در یوکاریوت‌ها

در یوکاریوت‌ها ممکن است عوامل رونویسی دیگری به بخش‌های خاصی از دنا به نام **توالی افزاینده**[2] متصل شوند. با پیوستن این پروتئین‌ها به توالی افزاینده و با ایجاد خمیدگی در دنا، عوامل رونویسی در کنار هم قرار می‌گیرند. کنار هم قرارگیری این عوامل، سرعت رونویسی را افزایش می‌دهند. توالی‌های افزاینده متفاوت از راه‌انداز هستند و ممکن است در فاصلهٔ دوری از ژن قرار داشته باشند. اتصال این پروتئین‌ها بر سرعت و مقدار رونویسی ژن مؤثر است (شکل ۱۹).



شکل ۱۹ـ توالی افزاینده و عوامل رونویسی متصل به آن

۱ـ Transcription Factors
۲ـ Enhancer

CamScanner

Templates @brukrautzysyn

بیشتر بدانید

بعضی ژن‌ها در یاخته‌ها به‌طور دائم بیان می‌شوند. ژن‌های سازنده اجزای رِناتَن از این جمله‌اند. این ژن‌ها رنای رِناتَن و پروتئین‌های آن را می‌سازند. با توجه به نیاز یاخته‌های درحال تقسیم به تعداد زیادی رِناتَن، این ژن‌ها به‌طور دائم روشن هستند.

تنظیم بیان ژن در مراحل غیررونویسی: در یوکاریوت‌ها تنظیم بیان ژن می‌تواند پیش از رونویسی یا پس از آن هم انجام شود. اتصال بعضی رناهای کوچک مکمل به رنای پیک مثالی از تنظیم بیان ژن پس از رونویسی است. با اتصال این رناها، از کار رِناتَن جلوگیری می‌شود. در نتیجه، عمل ترجمه متوقف و رنای ساخته شده پس از مدتی تجزیه می‌شود.

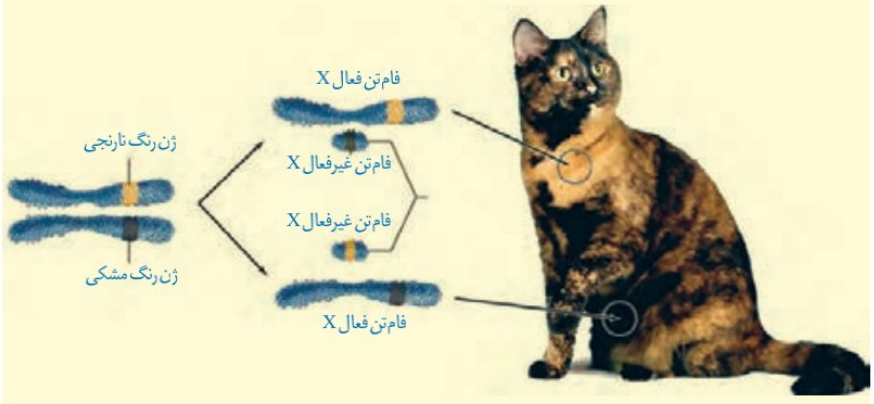
روش تنظیم دیگر در سطح فام‌تنی است. به‌طور معمول بخش‌های فشرده فام‌تن کمتر در دسترس رنابسپارازها قرار می‌گیرند بنابراین یاخته می‌تواند با تغییر در میزان فشردگی فام‌تن در بخش‌های خاصی، دسترسی رنابسپاراز را به ژن مورد نظر تنظیم کند. به نظر شما این تنظیم بیان ژن پیش از رونویسی است یا پس از آن؟

از روش‌های دیگر تنظیم بیان ژن طول عمر رنای پیک است. افزایش طول عمر رنای پیک موجب افزایش محصول می‌شود. این فرایندها در میزان پروتئین‌سازی مؤثر خواهند بود. شیوه‌های دیگری نیز در تنظیم بیان ژن مؤثرند که نحوه عمل بسیاری از آنها ناشناخته است.

بیشتر بدانید

بیان ژن به روش‌های مختلفی ممکن است کاهش یا افزایش یابد. یکی از این روش‌ها افزایش تعداد ژن‌هایی است که به محصولات آنها به مقدار زیادی نیاز است. در این موارد ممکن است یاخته چندین کپی از یک ژن داشته باشد. در نتیجه رونویسی از تعداد بیشتری ژن انجام شود. این حالت موجب ساخت محصول بیشتر در زمان کمتر می‌شود. نمونهٔ این ژن‌ها، ژن‌های سازندهٔ رنای رِناتَنی است. نوعی از این رنای رِناتَنی هزاران ژن در یک یاخته دوزیست دارد.

روش دیگر فعال یا غیرفعال کردن برخی فام‌تن‌ها مانند فام‌تن X در انسان است. چون در یاخته‌های پیکری زن، دو نسخه از فام‌تن X و در مرد یک نسخه وجود دارد، برای بیان متعادل در دو جنس، یکی از فام‌تن‌های X در یاخته‌های زن غیرفعال می‌شود تا ژن‌های آن بیان نشوند. در اثر این فرایند ژن‌های فام‌تن X در زن و مرد، به یک نسبت بیان می‌شود. مثالی از بیان ژن‌های روی فام‌تن X و اثرات آن بر صفات را در تصویر زیر مشاهده می‌کنید. در یاخته‌ها، یکی از فام‌تن‌های X به‌صورت تصادفی غیرفعال می‌شوند.



CamScanner

Date:

Date:

Date:

Date: