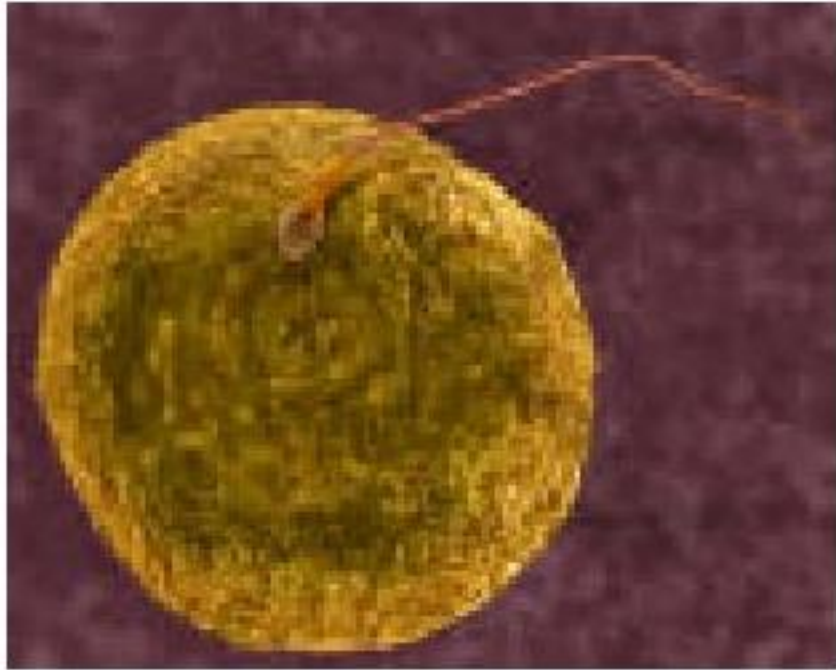


Τόσο η **αναπτυξιακή** πορεία ενός οργανισμού



**Sperm and egg**



**A human being**

όσο και η **κυτταρική διαφοροποίηση**  
εξαρτώνται κύρια από την **μεταγραφική**  
**ρύθμιση.**



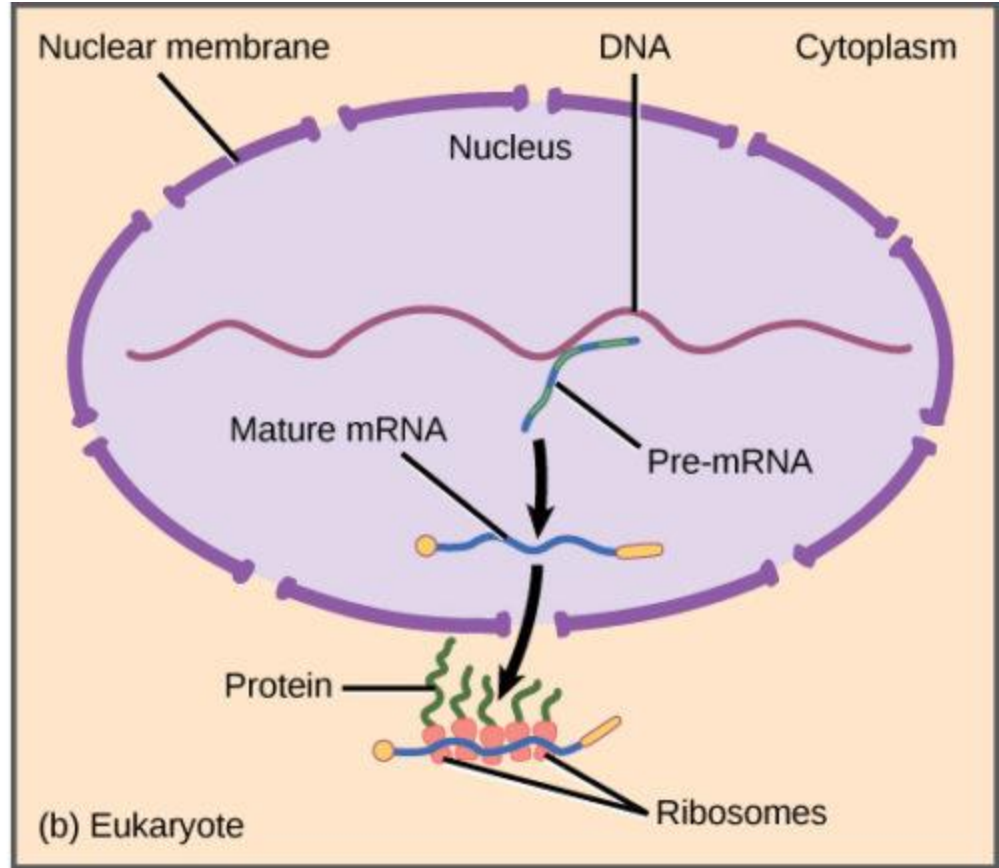
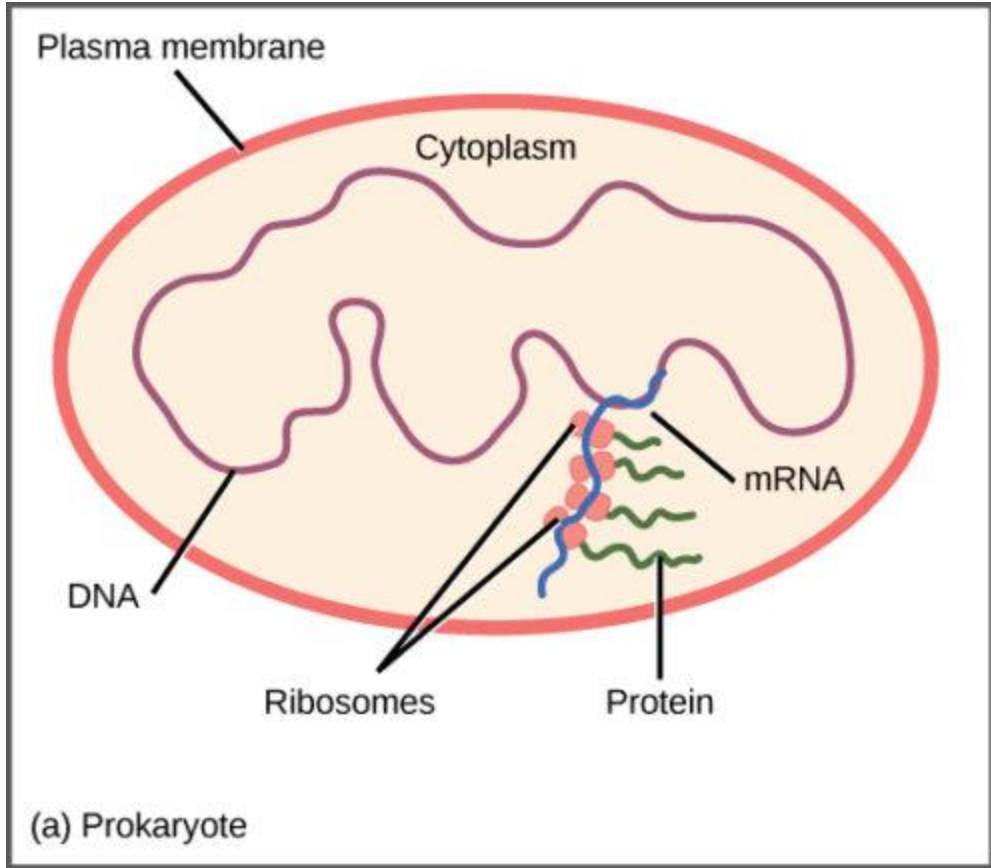
Neuron

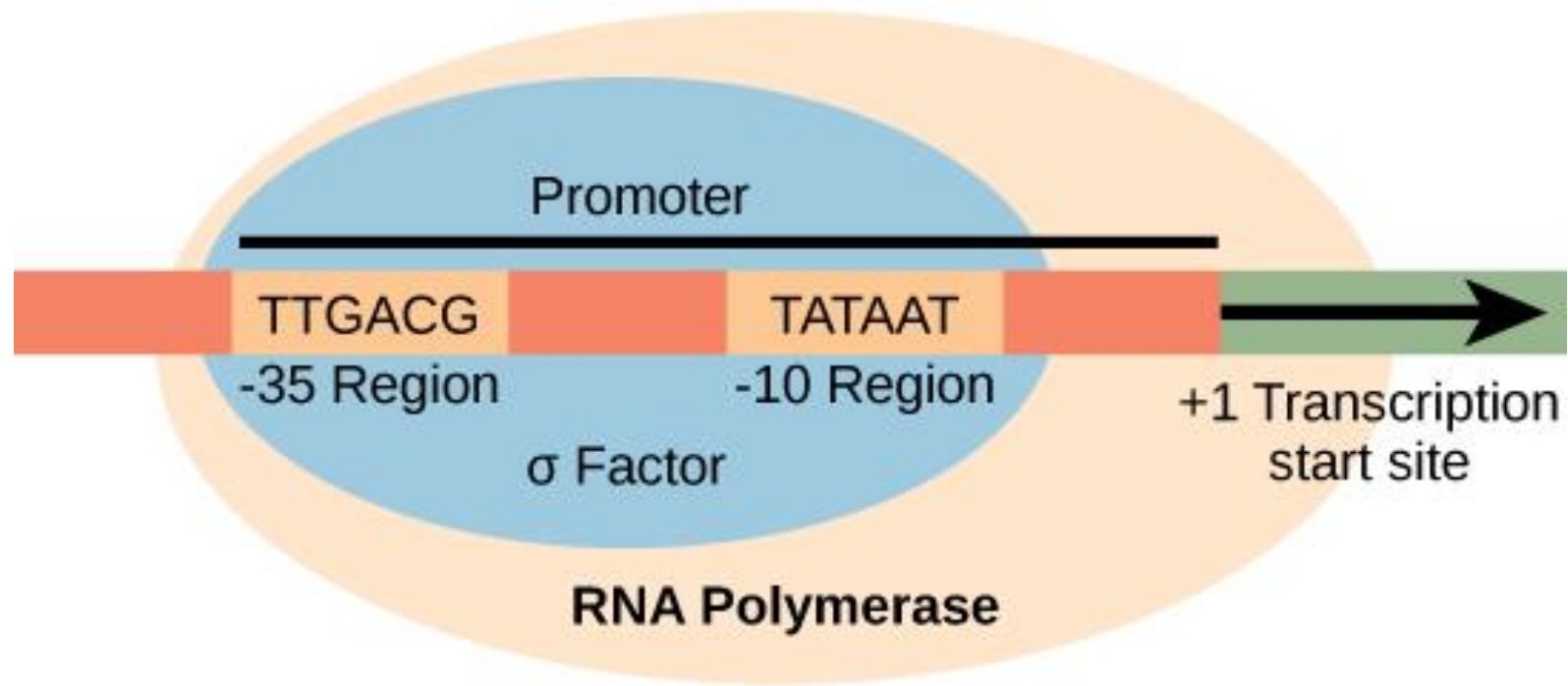


Macrophage



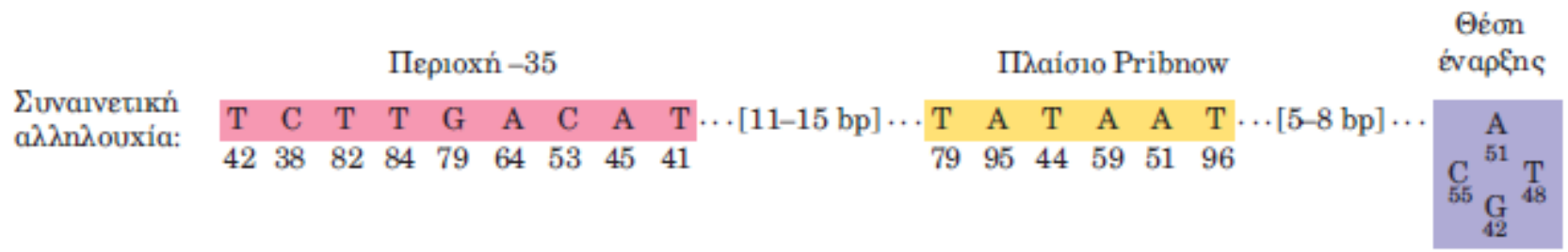
Muscle



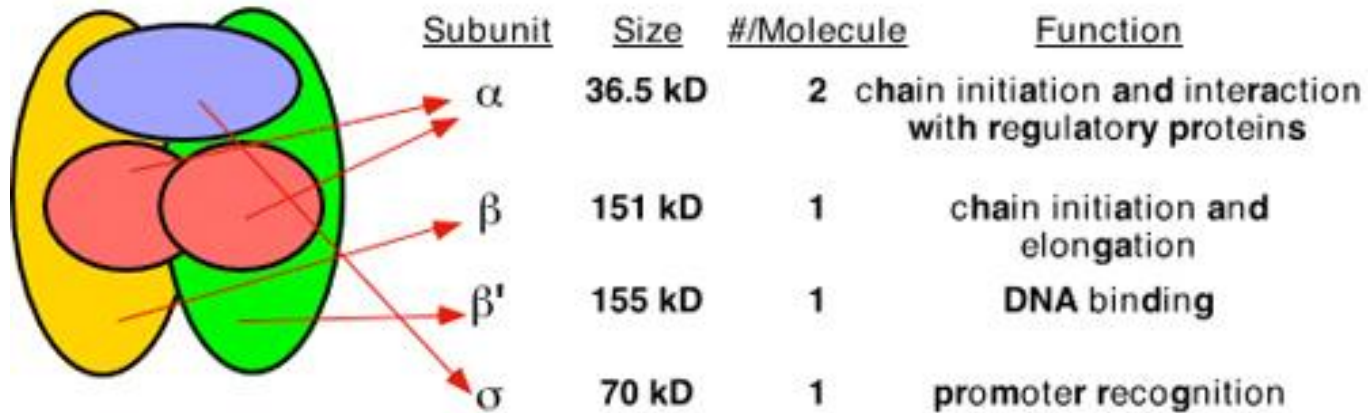


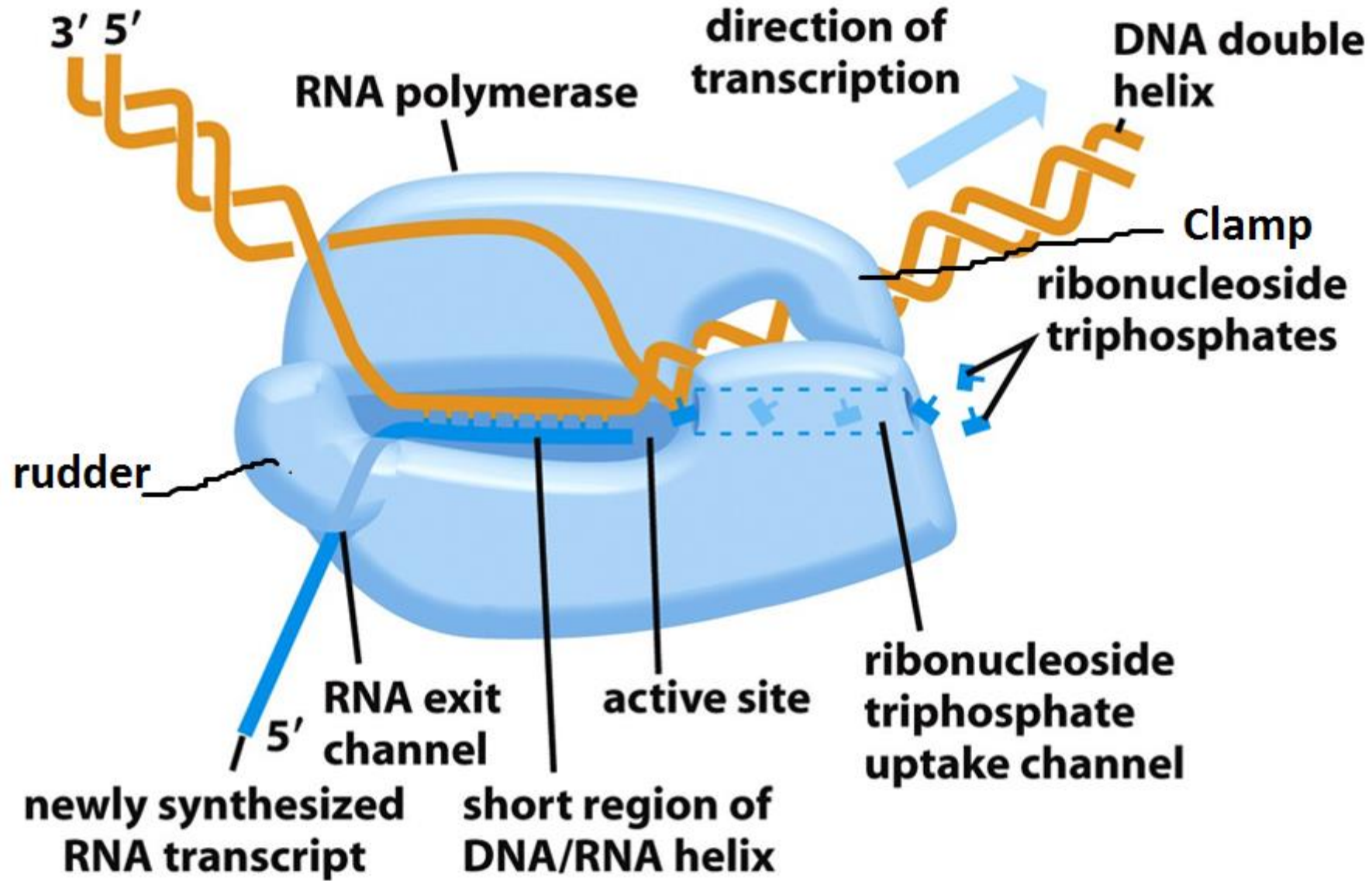


| Γονίδιο                   | Περιοχή -35                                  | Πλαίσιο Pribnow<br>(περιοχή -10) | Θέση<br>έναρξης (+1)             |
|---------------------------|--|----------------------------------|----------------------------------|
| <i>araBAD</i>             | GGATCCT <b>ACCTGACGCTTTT</b> TTATCGCAACTCTC  | <b>TACTGTT</b> TTC TCCAT         | <b>A</b> C C C G T T T T T       |
| <i>araC</i>               | GCCGTGATT <b>ATAGACACTTT</b> TGTTACGCGTTTT   | <b>TGTCAT</b> GGC TTT            | <b>G</b> T C C C G C T T T G     |
| <i>bioA</i>               | TTCCAAAACGTGTTTTTTT <b>TGTTG</b> TTAATTCGGTG | <b>TAGACT</b> TG TAA             | <b>A</b> C C T A A A T C T T T T |
| <i>bioB</i>               | CATAATCG <b>ACTTGTAAACCA</b> AATTGAAAAGATT   | <b>TAGGTTT</b> T A C A A G T C   | <b>T</b> A C A C C G A A T       |
| <i>galP2</i>              | ATTTATTCC <b>ATGTCACACTTT</b> TCGCATCTTTGT   | <b>TATGCT</b> AT GGT T A         | <b>A</b> T T T C A T A C C A T   |
| <i>lac</i>                | ACCCAG <b>GCTTTACACTTT</b> ATGCTTCCGGCTCG    | <b>TATGTT</b> GT GT G            | <b>G</b> A A T T G T G A G C G G |
| <i>lacI</i>               | CCATCGAATGGCGCAAAACC <b>TTTCGCGGT</b> ATGG   | <b>CATGAT</b> A G C G C C C      | <b>G</b> G A A G A G A G T C     |
| <i>rmA1</i>               | AAAATAAATGCTTGACTCTGT <b>AGCGGGA</b> AAGGCG  | <b>TATTA</b> T C A C A C C       | <b>C</b> C C G C G C C G C T G   |
| <i>rmD1</i>               | CAAAAAAAT <b>ACTTGTGC</b> AAAAAAATTGGGATCCC  | <b>TATAAT</b> G C G C C T C C    | <b>G</b> T T G A G A C G A       |
| <i>rmE1</i>               | CAATTTTTC <b>TATTGCGGC</b> CTGCGGAGA ACTCCC  | <b>TATAAT</b> G C G C C T C C    | <b>A</b> T C G A C A C G G       |
| <i>tRNA<sup>Tyr</sup></i> | CAACGTAAC <b>ACTTTACAGCGG</b> CGCGTCATTTGA   | <b>TATGAT</b> G C G C C C C      | <b>G</b> C T T C C C G A T A     |
| <i>trp</i>                | AAATGAGC <b>TGTTGACAATTA</b> ATCATCGAACTAG   | <b>TTAAC</b> T A G T A C G C A   | <b>A</b> G T T C A C G T A       |



## Prokaryotic RNA Polymerase: Holoenzyme Enzyme





**Βήμα 1** Αναγνώριση του υποκινητή από την υπομονάδα  $\sigma$ , πρόσδεση του ολοενζύμου της πολυμεράσης στο DNA, μετακίνηση προς τον υποκινητή

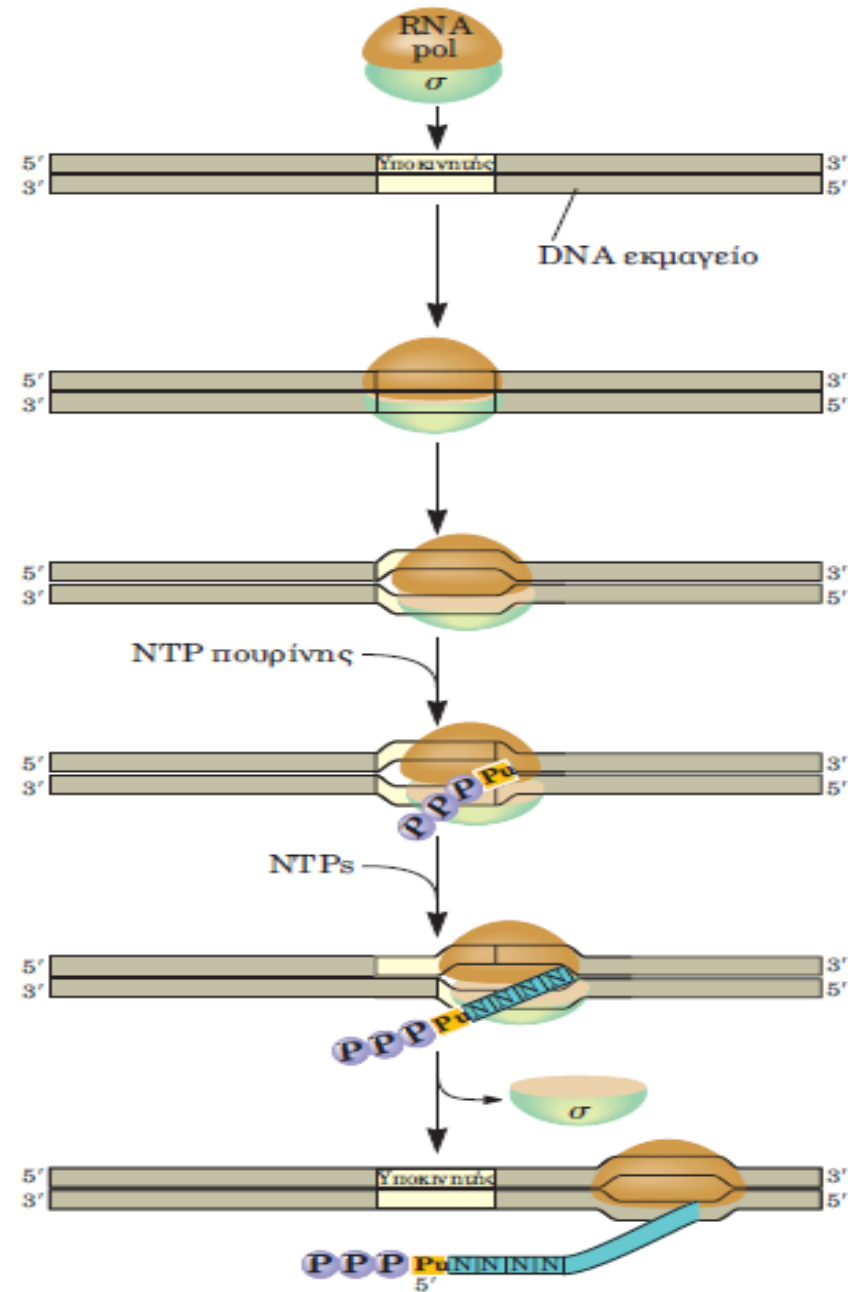
**Βήμα 2** Σχηματισμός ενός συμπλόκου RNA πολυμεράσης-κλειστού υποκινητή

**Βήμα 3** Αποσυσπείρωση του DNA στον υποκινητή και σχηματισμός ανοικτού συμπλόκου υποκινητή

**Βήμα 4** Η RNA πολυμεράση αρχίζει τη σύνθεση mRNA, συνήθως με μια πουρίνη

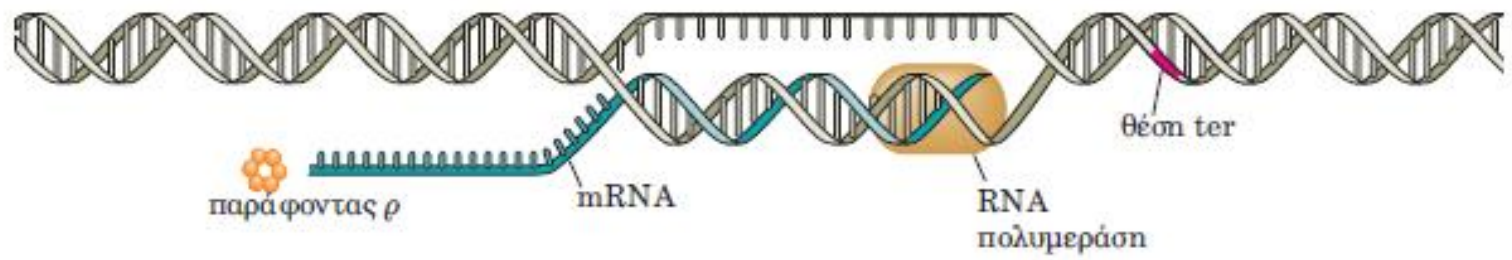
**Βήμα 5** Καταλυόμενη από το ολοένζυμο της RNA πολυμεράσης επιμήκυνση του mRNA κατά περίπου 4 νουκλεοτίδια

**Βήμα 6** Απελευθέρωση της  $\sigma$ -υπομονάδας καθώς ο πυρήνας της RNA πολυμεράσης προχωρά κατά μήκος του εκμαγείου, επιμηκύνοντας το μεταγράφο RNA





(α)



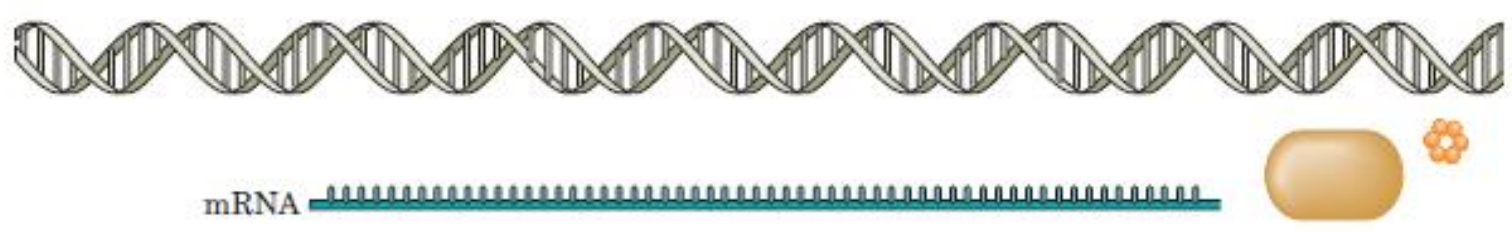
(β)

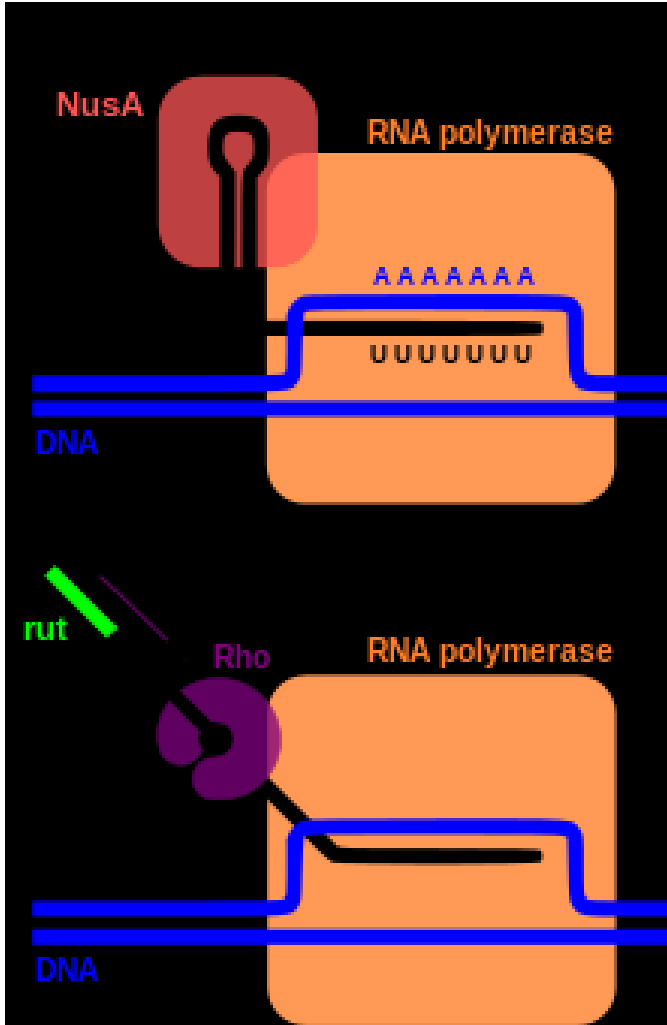


(γ)

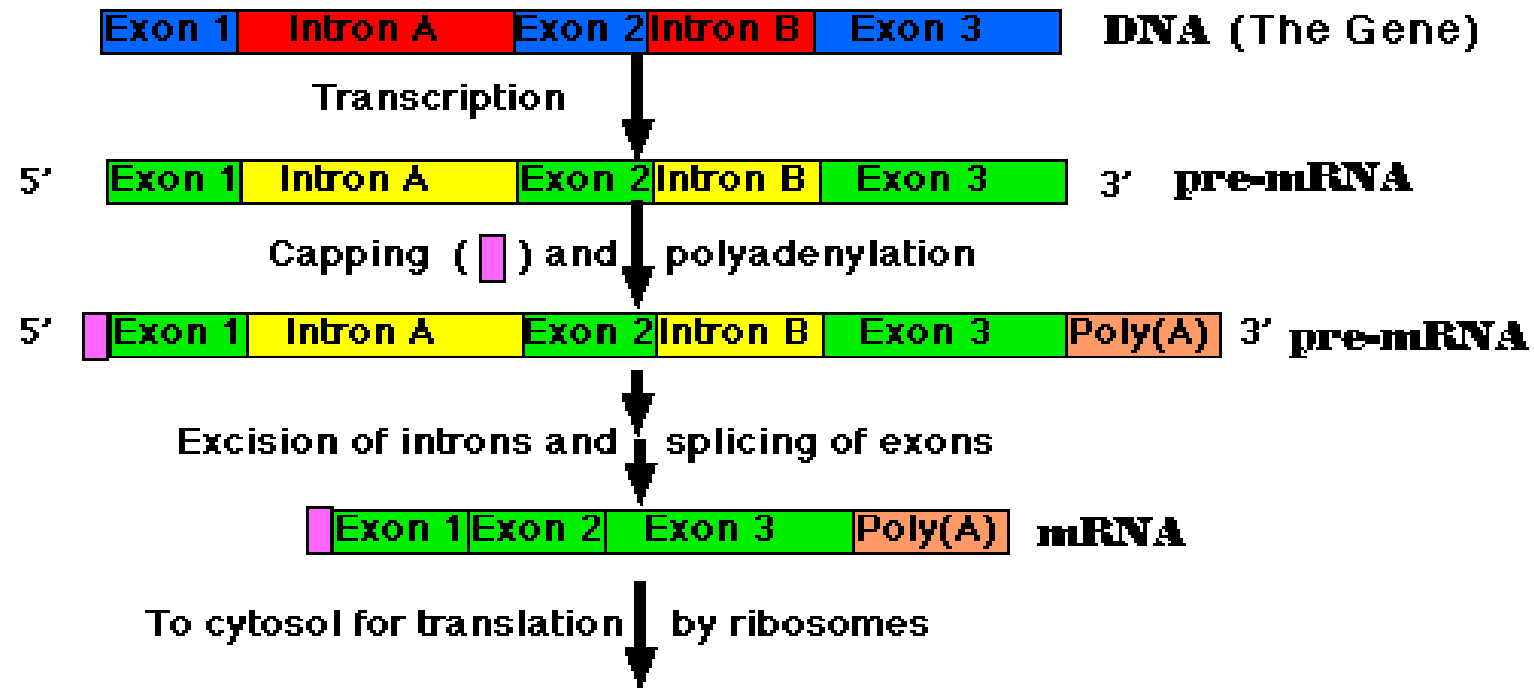


(δ)





Στους ευκαρυωτικούς οργανισμούς πολλά από τα γονίδια που κωδικοποιούν πρωτεΐνες είναι διακεκομμένα. Τα **εξώνια** περιέχουν την πληροφορία που μεταφράζεται σε πρωτεΐνη, ενώ υπάρχει και παρεμβαλλόμενη νουκλεοτιδική ακολουθία που δεν μεταφράζεται (**εσώνια**).

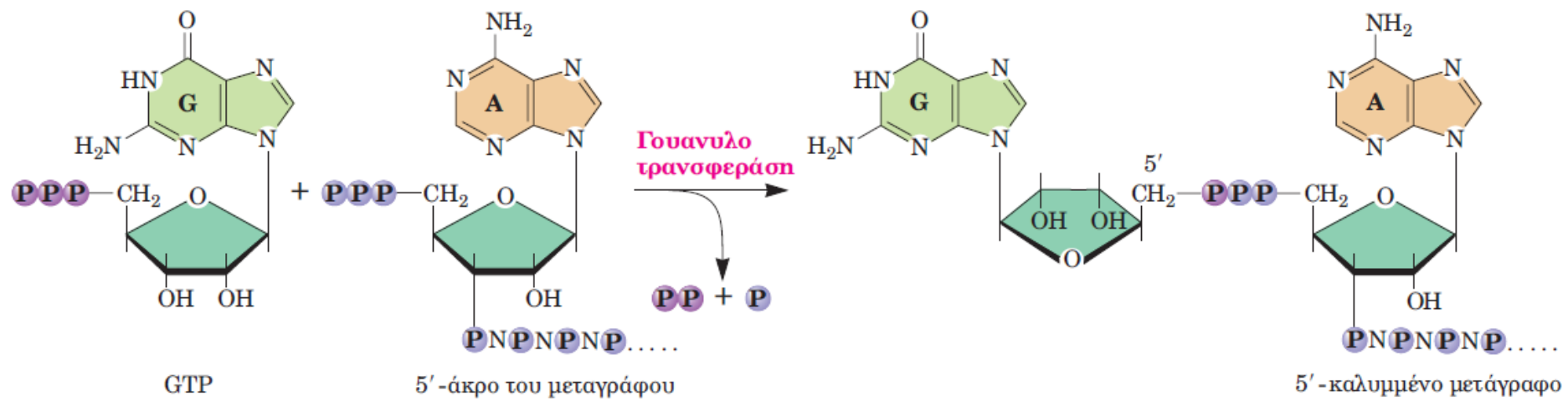


Το γονίδιο μιας πρωτεΐνης μεταγράφεται από την **RNA pol II**, ως ενιαία μονάδα, σχηματίζοντας το **πρόδρομο RNA (pre-mRNA ή hnRNA)**, το οποίο αφού μετατραπεί σε ώριμο mRNA (*προσθήκη του καπέλου στο 5' άκρο, της πολυ (A) ουράς 3' άκρο, απομάκρυνση εσωνίων – μάτισμα -*) εξέρχεται από τον πυρήνα και μεταφράζεται σε πρωτεΐνη.

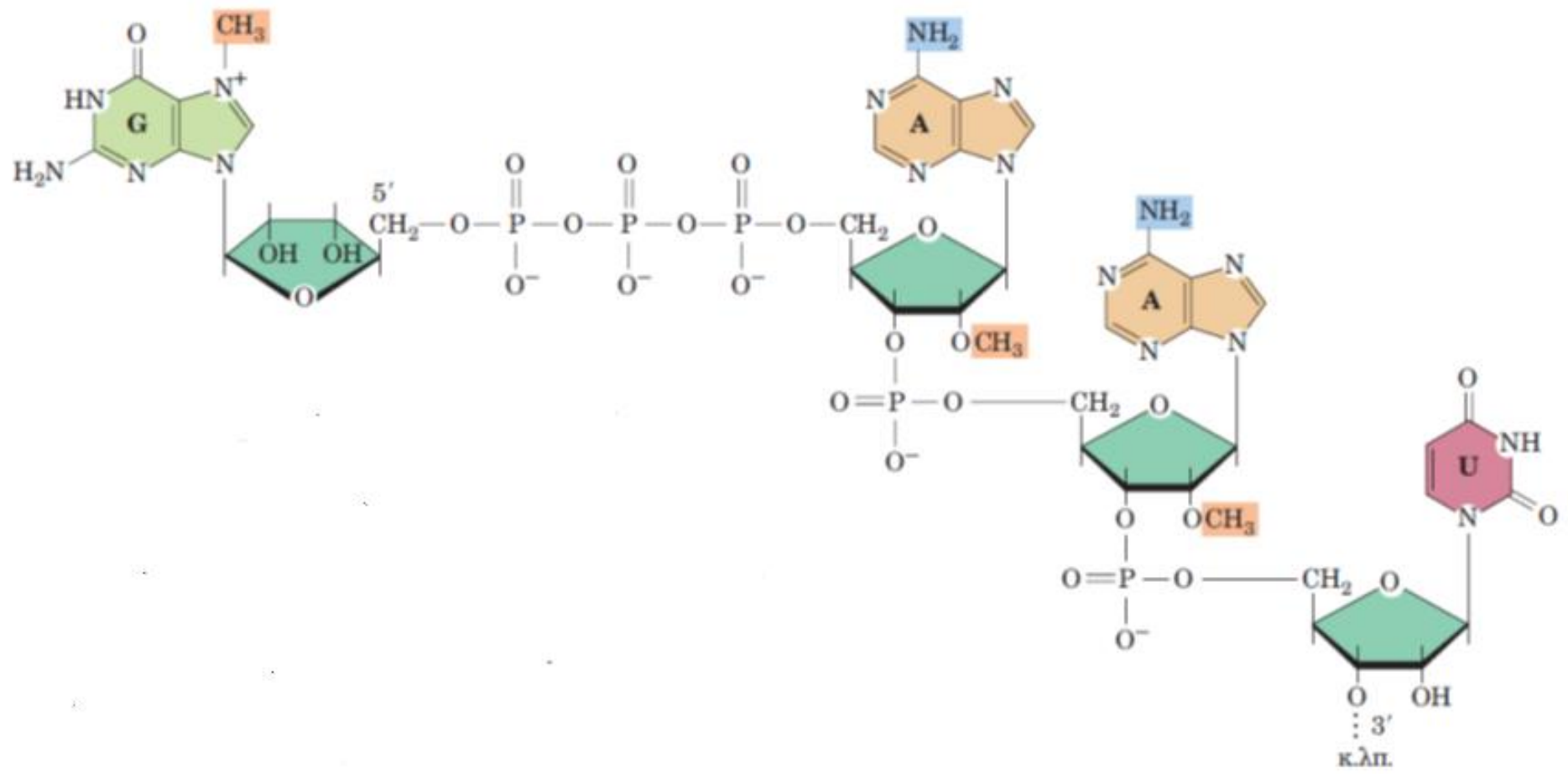
**ΠΙΝΑΚΑΣ 29.3** Μια επιλογή συναινετικών αλληλουχιών που προσδιορίζουν διάφορα δομικά στοιχεία υποκινητών της RNA πολυμεράσης II και οι μεταγραφικοί παράγοντες που προσδέονται σε αυτές

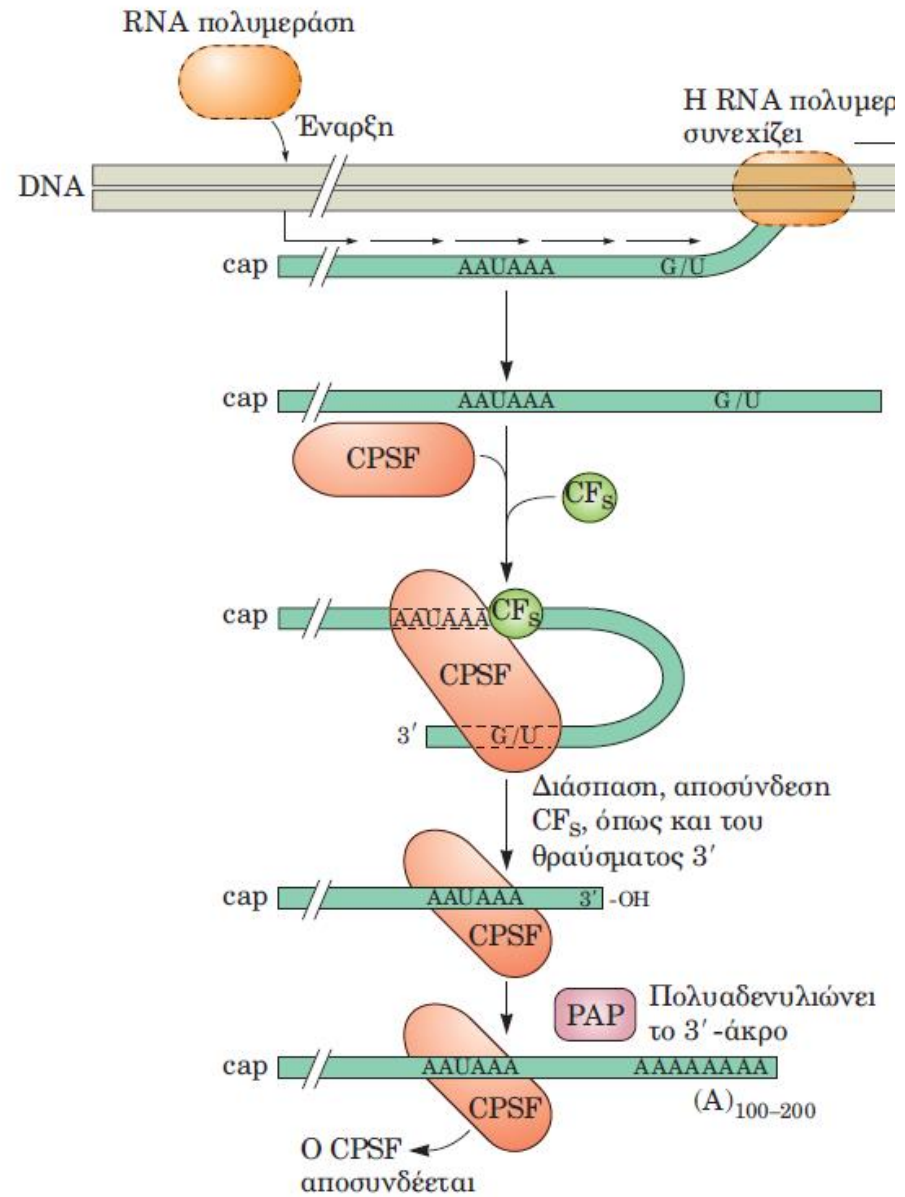
| Δομικό στοιχείο αλληλουχίας | Συναινετική αλληλουχία | Προσδεδεμένο DNA | Παράγοντας    |
|-----------------------------|------------------------|------------------|---------------|
| Πλαίσιο TATA                | TATAAAA                | ~10 bp           | TBP (TFIID)   |
| Πλαίσιο CAAT                | GGCCAATCT              | ~22 bp           | CTF/NF1       |
| Πλαίσιο GC                  | GGGCGG                 | ~20 bp           | SP1           |
| Οκταμερές                   | ATTTGCAT               | ~20 bp           | Oct-1 ή Oct-2 |
| kB                          | GGGACTTTCC             | ~10 bp           | NFκB ή H2 TF1 |
| ATF                         | GTGACGT                | ~20 bp           | ATF           |

Προσαρμογή από Lewin, B., 1994. *Genes V*. Cambridge, MA: Cell Press.

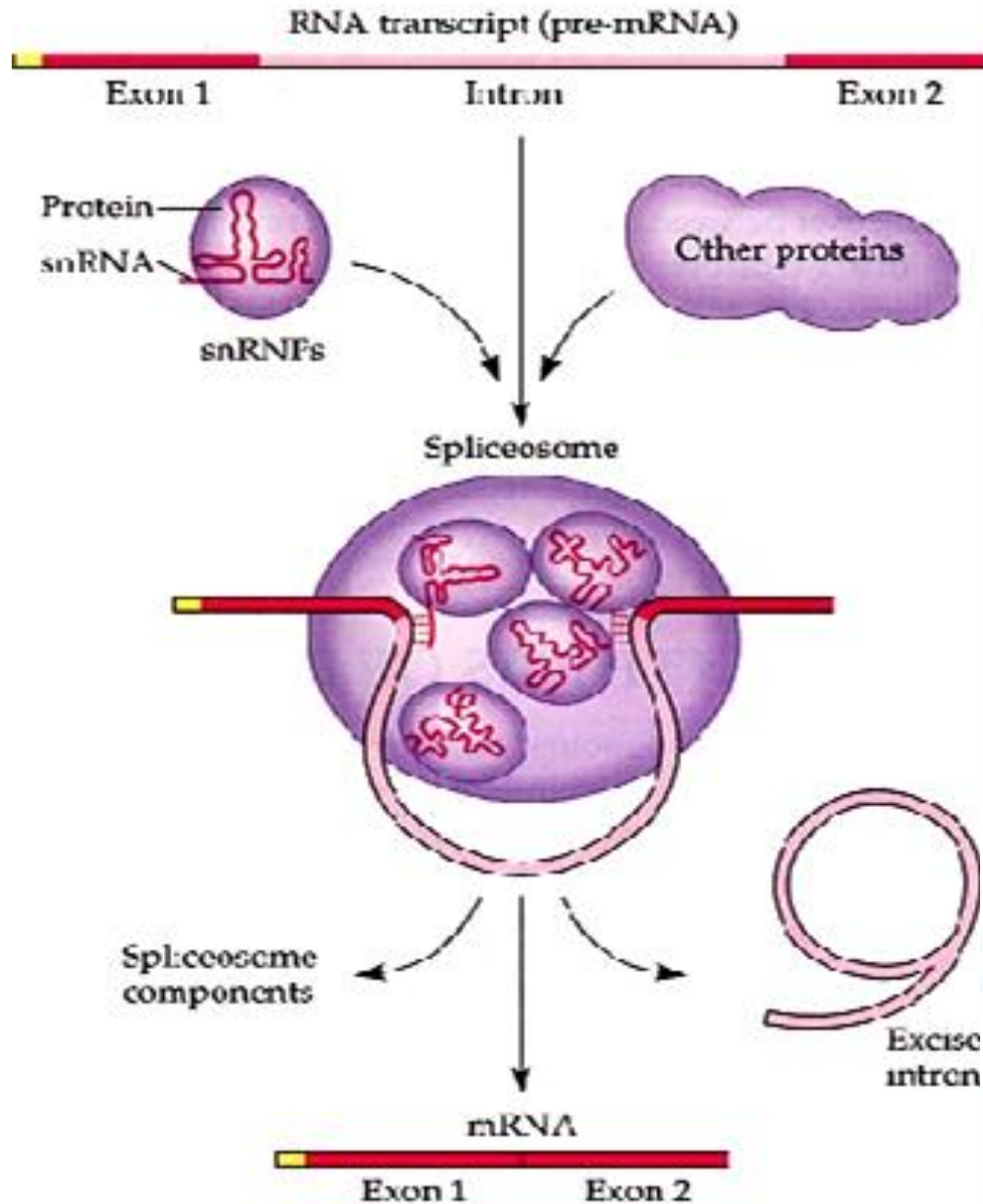




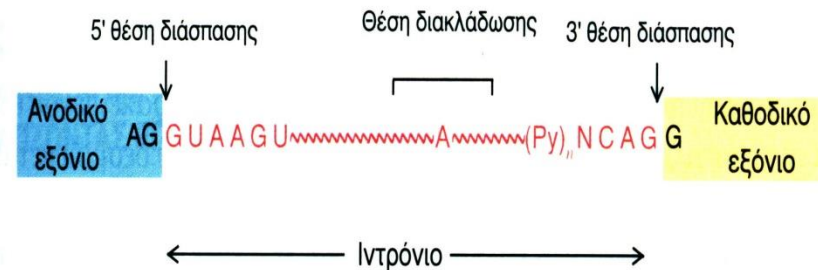


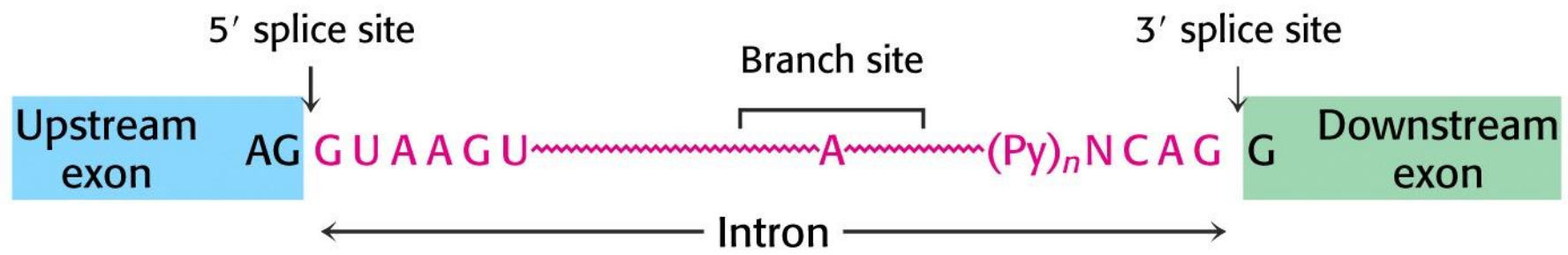


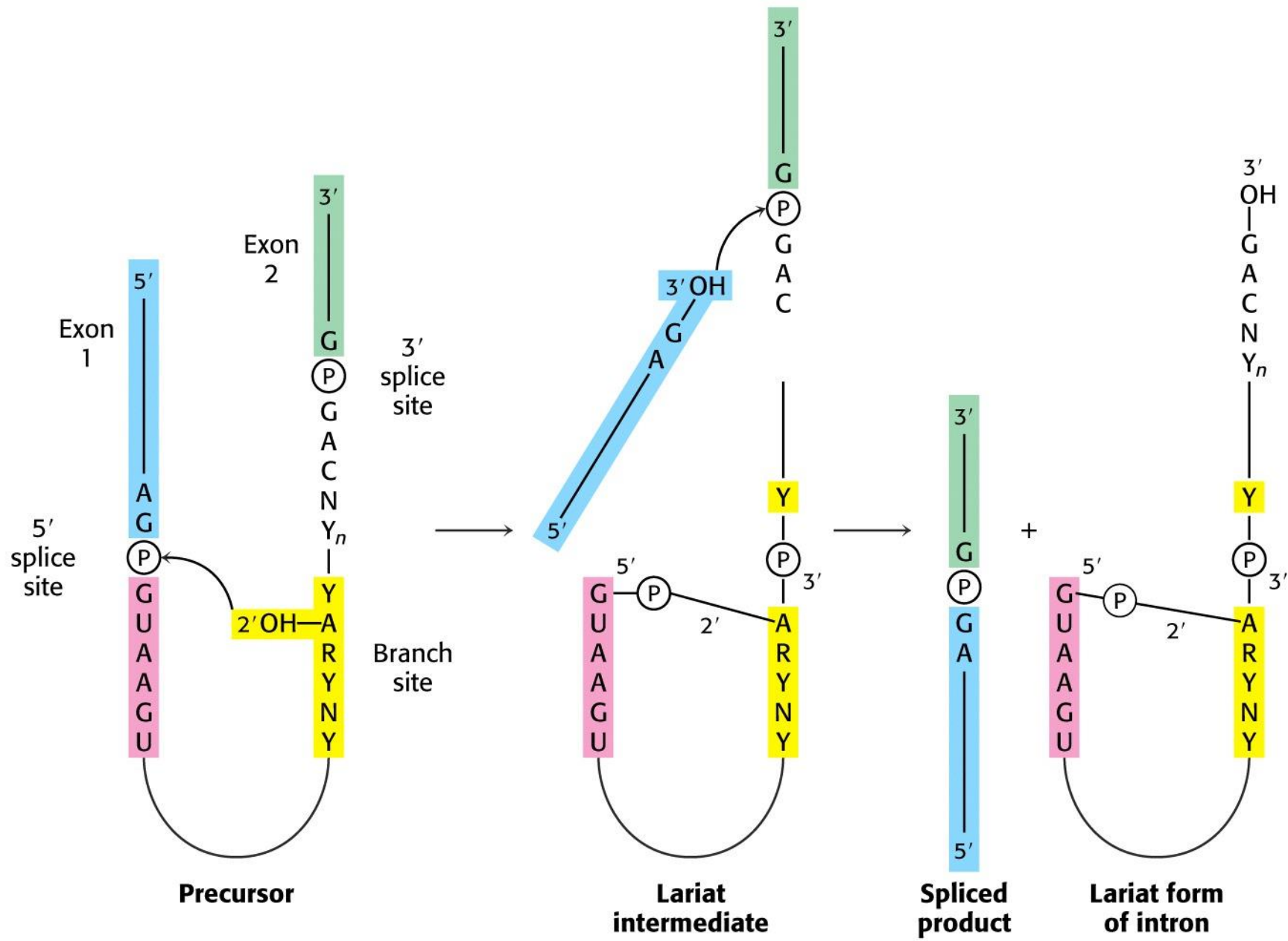
# Μάτισμα του pre-mRNA (splicing).



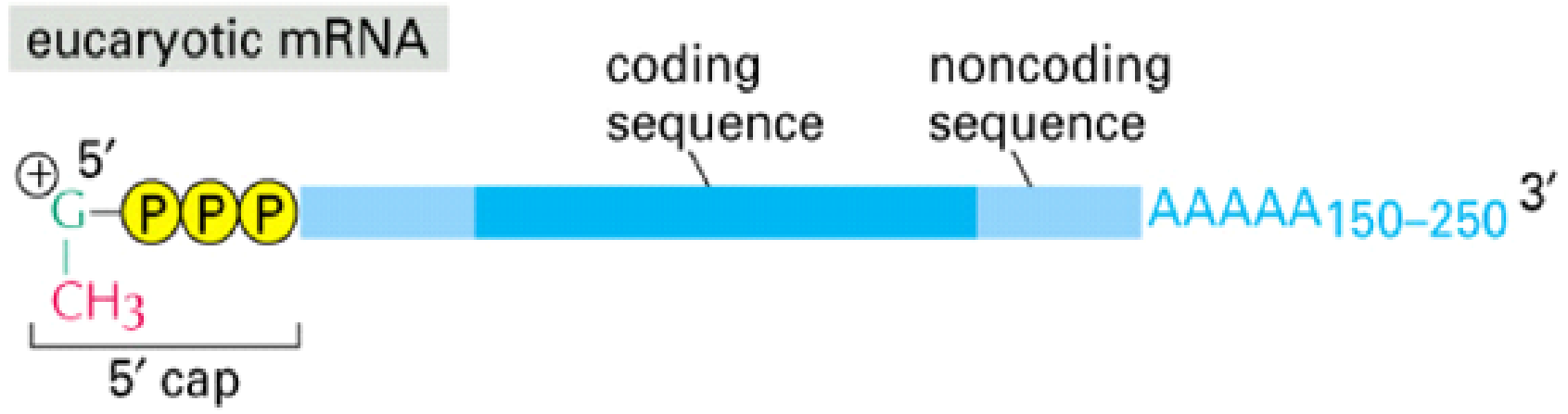
Η αφαίρεση των ιντροίων γίνεται από ειδικά σωματίδια ματίσματος (spliceosomes), τα οποία είναι ριβονουκλεοπρωτεϊνικά σύμπλοκα που περιέχουν μικρά πυρηνικά RNA καθώς και διάφορους άλλους παράγοντες ματίσματος.





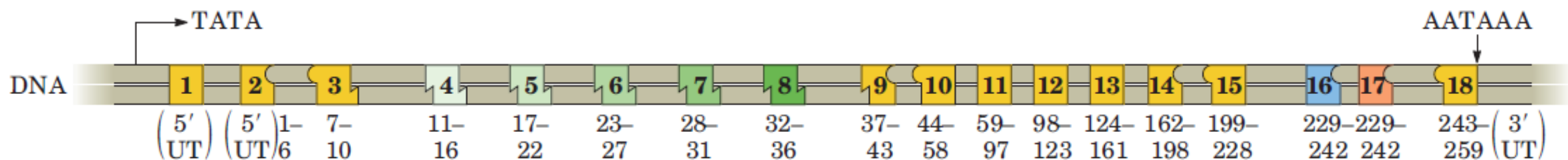




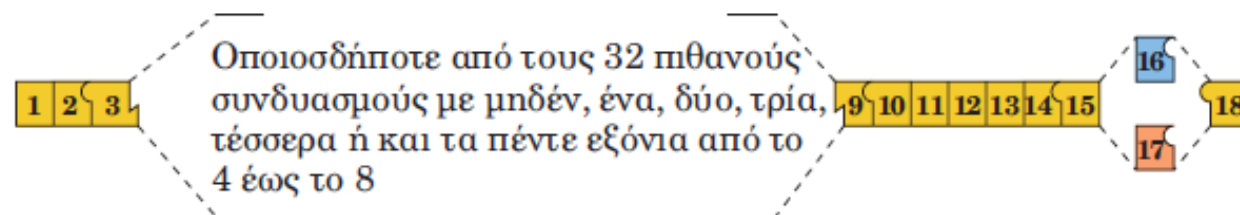


(A)

Γονίδιο τροπονίνης Τ ταχέων σκελετικών μυών και mRNA που έχουν υποστεί συρραφή



mRNAs



**ΠΙΝΑΚΑΣ 30.1**

Ο γενετικός κώδικας

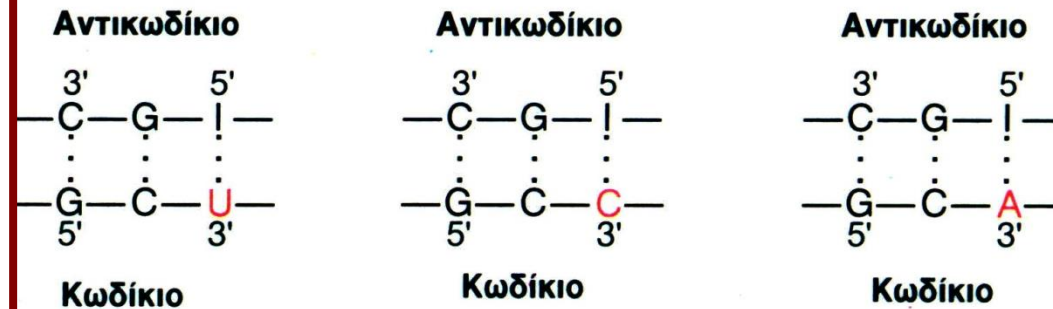
| Πρώτη<br>βάση<br>(5'-άκρο) | Δεύτερη βάση                              |  |  |  | Τρίτη<br>βάση<br>(3'-<br>άκρο) |
|----------------------------|---|--|--|--|--------------------------------|
|                            | U   | C  | A  | G  |                                |
|                            | U   | UUU Phe<br>UUC Phe<br>UUA Leu<br>UUG Leu | UCU Ser<br>UCC Ser<br>UCA Ser<br>UCG Ser | UAU Tyr<br>UAC Tyr<br>UAA Stop<br>UAG Stop |                                |
| C                          | CUU Leu<br>CUC Leu<br>CUA Leu<br>CUG Leu  | CCU Pro<br>CCC Pro<br>CCA Pro<br>CCG Pro | CAU His<br>CAC His<br>CAA Gln<br>CAG Gln | CGU Arg<br>CGC Arg<br>CGA Arg<br>CGG Arg   | U<br>C<br>A<br>G               |
| A                          | AUU Ile<br>AUC Ile<br>AUA Ile<br>AUG Met* | ACU Thr<br>ACC Thr<br>ACA Thr<br>ACG Thr | AAU Asn<br>AAC Asn<br>AAA Lys<br>AAG Lys | AGU Ser<br>AGC Ser<br>AGA Arg<br>AGG Arg   | U<br>C<br>A<br>G               |
| G                          | GUU Val<br>GUC Val<br>GUA Val<br>GUG Val  | GCU Ala<br>GCC Ala<br>GCA Ala<br>GCG Ala | GAU Asp<br>GAC Asp<br>GAA Glu<br>GAG Glu | GGU Gly<br>GGC Gly<br>GGA Gly<br>GGG Gly   | U<br>C<br>A<br>G               |

Αν και υπάρχουν 61 κωδικόνια που προσδιορίζουν την ενσωμάτωση των 20 αμινοξέων ο αριθμός των διαφορετικών tRNA είναι 35 στους προκαρυωτικούς οργανισμούς και 50 στους ευκαρυωτικούς. Δηλαδή ορισμένα tRNA (**ισοδεκτικά**) μπορούν και αναγνωρίζουν περισσότερα του ενός κωδικόνια. Αυτό συμβαίνει γιατί η πρώτη βάση του αντικωδικονίου μπορεί να αναγνωρίζει περισσότερες από μία ως τρίτη βάση του αντικωδικονίου. Το φαινόμενο αυτό καλείται ταλάντωση (wobble) και συμβάλει στην εκφύλιση του γενετικού κώδικα.

Επιτρεπόμενα ζυγαρώματα στην τρίτη βάση του κωδικίου σύμφωνα με την υπόθεση «wobble».

| Πρώτη βάση του αντικωδικίου | Τρίτη βάση του κωδικίου |
|-----------------------------|-------------------------|
| C                           | G                       |
| A                           | U                       |
| U                           | A ή G                   |
| G                           | U ή C                   |
| I                           | U, C, ή A               |

Π.χ το αντικωδικόνιο (**IGC**) του tRNA της αλανίνης στους ζυμομύκητες μπορεί και αναγνωρίζει και τα τρία κωδικόνια της αλανίνης (**GCU, GCC, GCA**).



# Στάδια Πρωτεϊνοσύνθεσης

## ● **Ενεργοποίηση του αμινοξέος**

Αμινοξέα, t-RNA, Αμινο ακυλο tRNA συνθετάση, ATP, Mg

## ● **Εναρξη Σύνθεσης**

Πολυπεπτιδικής Αλυσίδας

Εναρκτήριο αμινοακυλο t-RNA, mRNA, GTP, Παράγοντες  
εναρξης F1, F2, F3 μεγάλη, μικρή ριβοσωμική υπομονάδα

## ● **Επιμηκυνση πολυπεπτιδικής αλυσίδας**

Αμινοακυλο t-RNA που αντιστοιχεί στα διαφορα  
κωδικόνια, Mg, Παράγων T, GTP, Παράγων G.

## ● **Ληξη της Πρωτεϊνοσύνθεσης**

Κώδων λήξης, Παραγοντες λήξης

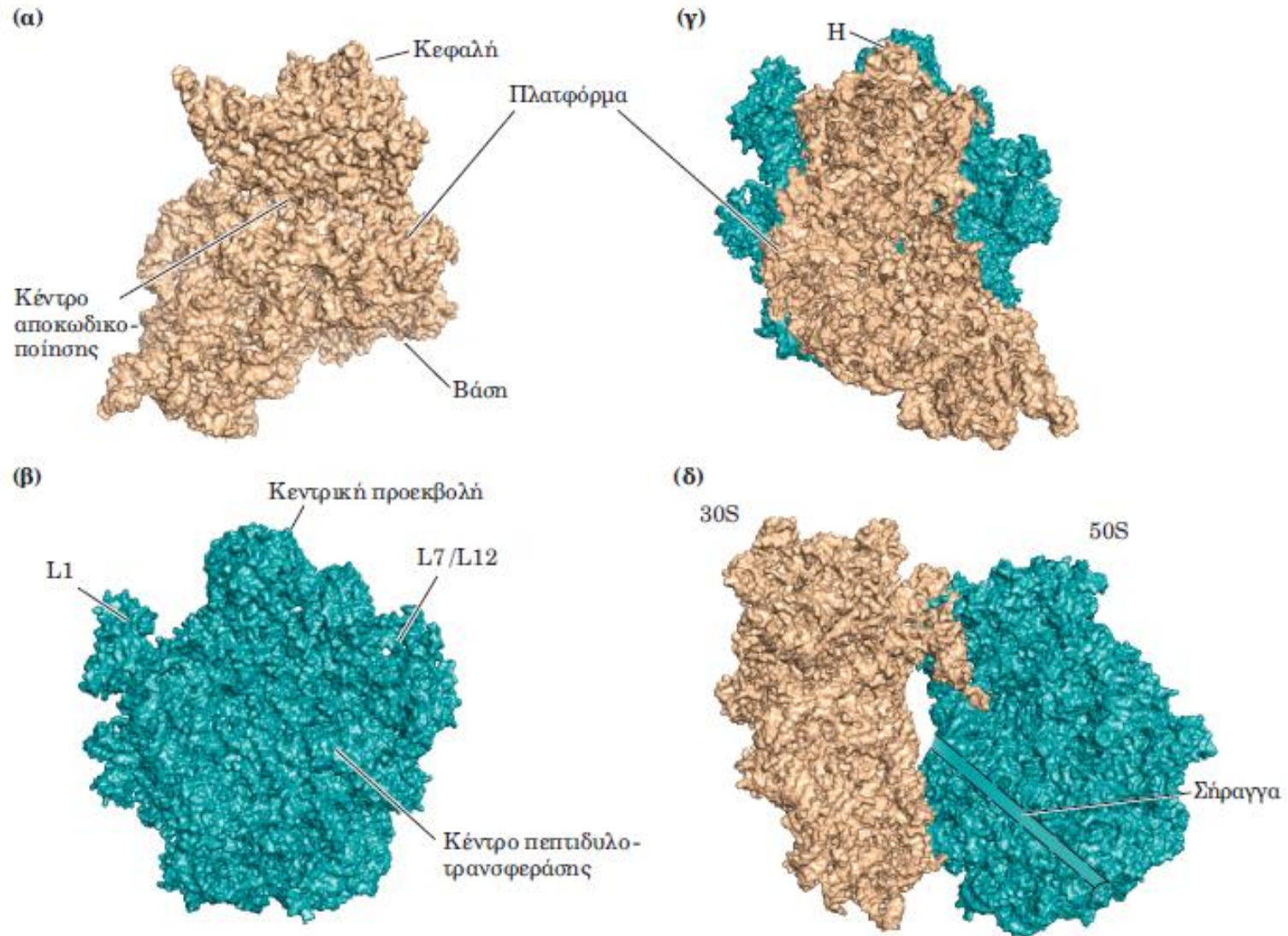


**ΠΙΝΑΚΑΣ 30.5**Δομική οργάνωση των ριβοσωμάτων της *E.coli*

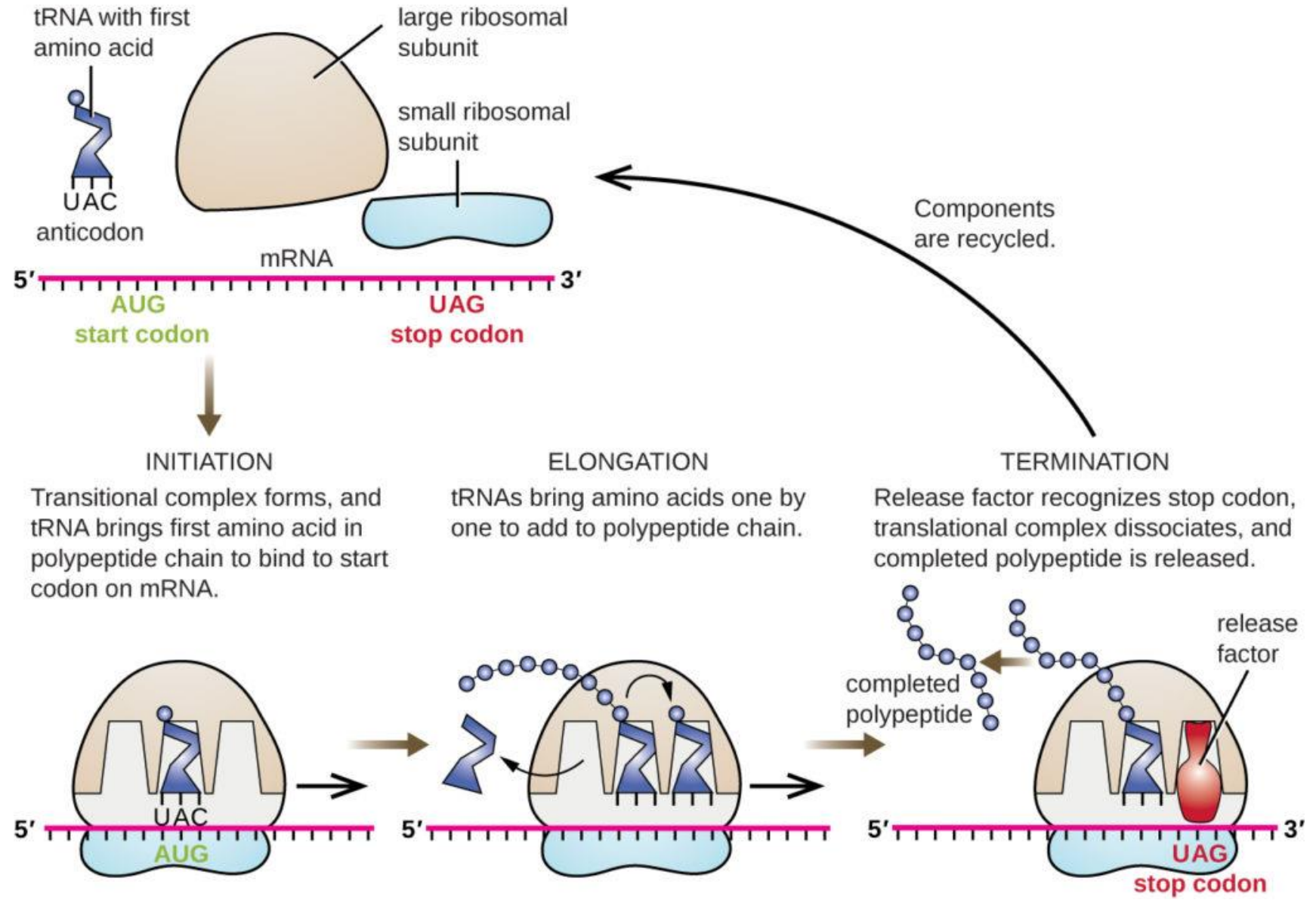
|                         | Ριβόσωμα | Μικρή υπομονάδα   | Μεγάλη υπομονάδα  |
|-------------------------|----------|-------------------|-------------------|
| Συντελεστής καταβύθισης | 70S      | 30S               | 50S               |
| Μάζα (kD)               | 2520     | 930               | 1590              |
| Κύρια RNAs              |          | 16S = 1542 βάσεις | 23S = 2904 βάσεις |
| Δευτερεύοντα RNAs       |          |                   | 5S = 120 βάσεις   |
| Μάζα RNA (kD)           | 1664     | 560               | 1104              |
| Ποσοστό RNA             | 66%      | 60%               | 70%               |
| Αριθμός πρωτεϊνών       |          | 21 πολυπεπτίδια*  | 31 πολυπεπτίδια†  |
| Μάζα πρωτεϊνών (kD)     | 857      | 370               | 487               |
| Ποσοστό πρωτεΐνης       | 34%      | 40%               | 30%               |

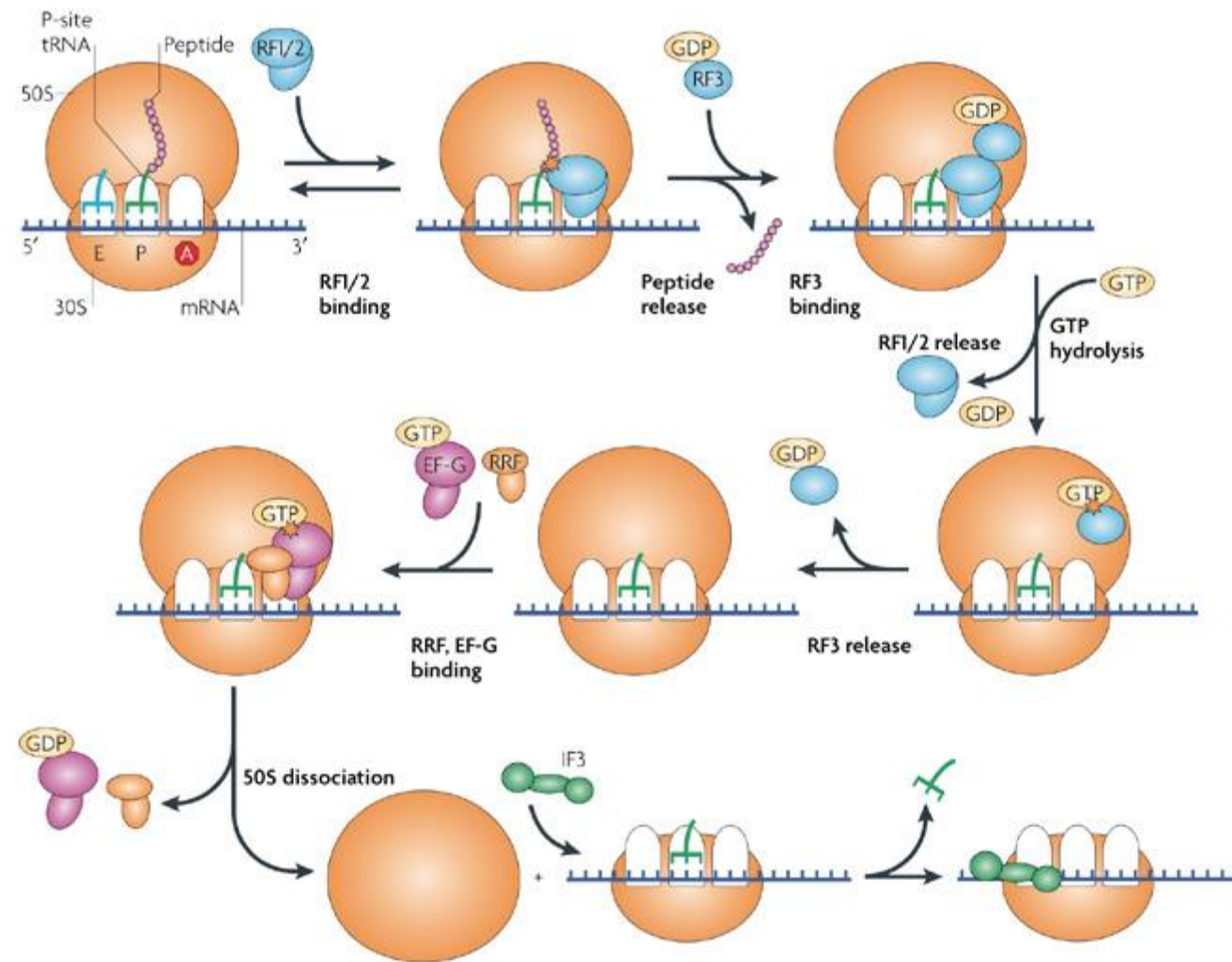
\* Πρωτεΐνες S (Small subunit)

† Πρωτεΐνες L (Large subunit)

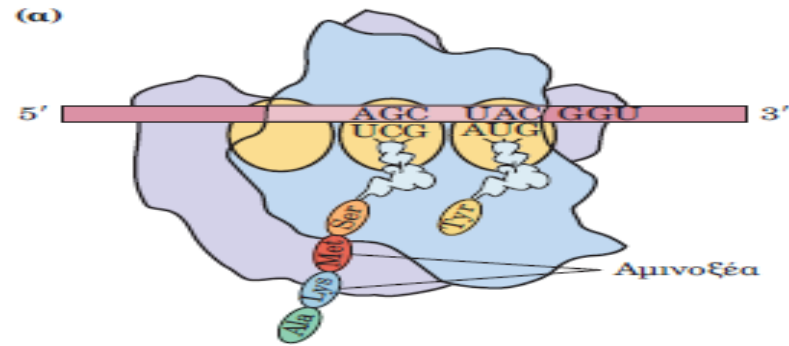




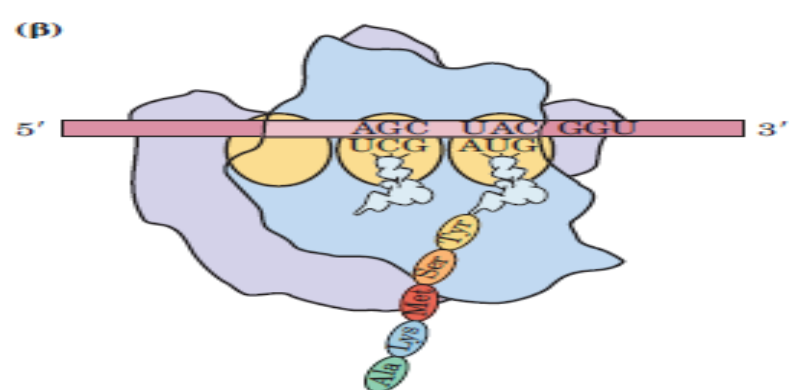








↓ Δημιουργία πεπτιδικού δεσμού



↓ Μετάτοση (μετακίνηση ριβοσώματος)

