

Semester	Course	Hours	Credit	Sub. Code	Marks
V	MBE 1	6	6	18K5BELB1	25 + 75 = 100

CYTOGENETICS AND MOLECULAR BIOLOGY

UNIT-II

Structure and function of Nucleus – Nuclear membrane, Nucleoplasm, Chromatin reticulum and Nucleolus, Chromosome-Structure and function; Special types of chromosome- Lamp brush and Polytene chromosomes. Cell cycle and Cell division -Amitosis, Mitosis and Meiosis.

UNIT-IV: MOLECULAR BIOLOGY

Nucleic acids – Components of Nucleic acid, DNA- Types, structure (Watson and Crick model) and Replication. RNA – Structure, types and functions.

UNIT-V

Genetic code, Regulation of gene expression in Prokaryotes -Lac Operon concept, Gene Expression through Protein Synthesis- Transcription, Translation.

REFERENCES

1. Power, C.B. (1984). Cell Biology. Himalaya Publishing Co., Mumbai.
2. Sharma, N.S. (2005). Molecular Cell Biology. International Book distributors, Dehradun.
3. Verma, P.S. and Agarwal, V.K. (1986). Cell Biology and Molecular Biology (Cytology). S. Chand and Company Ltd., New Delhi.
4. Pandey, B.P. (2012). Cytology, Genetics and Molecular Genetics. Tata McGraw-Hill Education Private Ltd., New Delhi.

PREPARED BY

UNIT-II:

Mrs. N.KARTHIKA

Assistant Professor in Botany

K.N. Government Arts College for Women (Autonomous),

Thanjavur -613 007.

UNIT-IV AND V :

Dr. M. BOOMINATHAN

Assistant Professor in Botany

K.N. Government Arts College for Women (Autonomous),

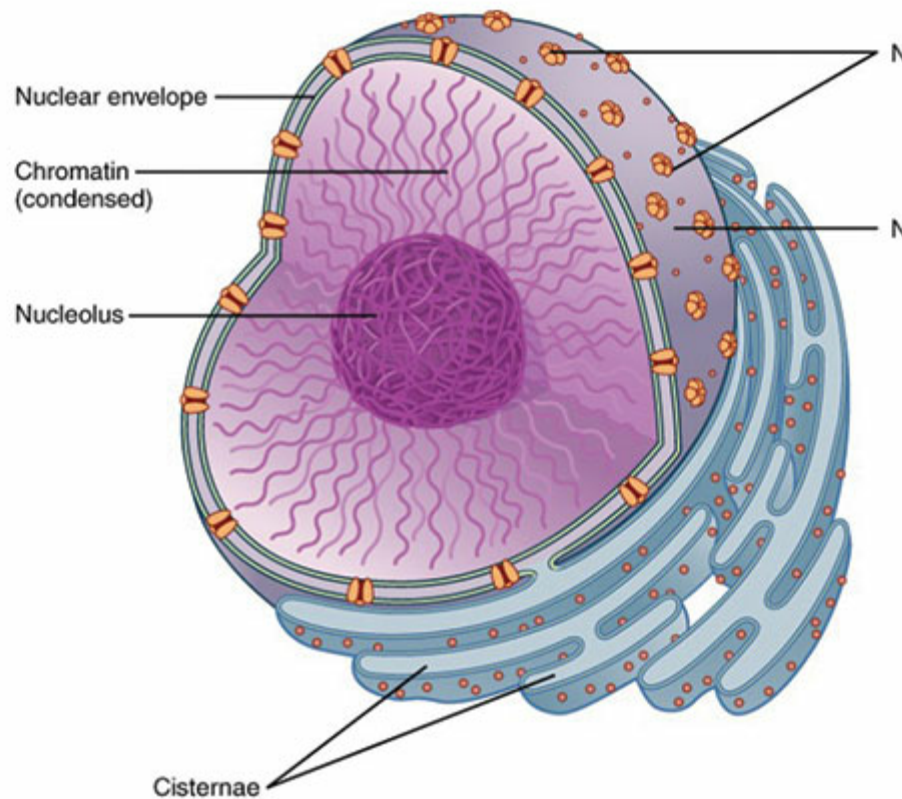
Thanjavur -613 007.

NUCLEUS :

- The cell nucleus is a membrane-bound structure that contains the cell hereditary information and controls the cell's growth and reproduction.
- It is the command center of a eukaryotic cell and is commonly the most prominent organelle in a cell accounting for about 10 percent of the cell's volume.
- In general, a eukaryotic cell has only one nucleus. However, some eukaryotic cells are enucleated cells (without a nucleus), for example, red blood cells (RBCs); whereas, some are multinucleate (consists of two or more nuclei), for example, slime molds.
- The nucleus is separated from the rest of the cell or the cytoplasm by a nuclear membrane.
- As the nucleus regulates the integrity of genes and gene expression, it is also referred to as the control center of a cell.

Nucleus

Structure and Functions



The structure of a nucleus encompasses the nuclear membrane, nucleoplasm, chromosomes, and nucleolus.

Nuclear Membrane

- The nuclear membrane is a double-layered structure that encloses the contents of the nucleus. The outer layer of the membrane is connected to the endoplasmic reticulum.
- Like the cell membrane, the nuclear envelope consists of phospholipids that form a lipid bilayer.
- The envelope helps to maintain the shape of the nucleus and assists in regulating the flow of molecules into and out of the nucleus through nuclear pores. The nucleus communicates with the remaining of the cell or the cytoplasm through several openings

called nuclear pores.

- Such nuclear pores are the sites for the exchange of large molecules (proteins and RNA) between the nucleus and cytoplasm.
- A fluid-filled space or perinuclear space is present between the two layers of a nuclear membrane.

Nucleoplasm

- Nucleoplasm is the gelatinous substance within the nuclear envelope.
- Also called karyoplasm, this semi-aqueous material is similar to the cytoplasm and is composed mainly of water with dissolved salts, enzymes, and organic molecules suspended within.
- The nucleolus and chromosomes are surrounded by nucleoplasm, which functions to cushion and protect the contents of the nucleus.
- Nucleoplasm also supports the nucleus by helping to maintain its shape. Additionally, nucleoplasm provides a medium by which materials, such as enzymes and nucleotides (DNA and RNA subunits), can be transported throughout the nucleus. Substances are exchanged between the cytoplasm and nucleoplasm through nuclear pores.

Nucleolus

- Contained within the nucleus is a dense, membrane-less structure composed of RNA and proteins called the nucleolus.
- Some of the eukaryotic organisms have a nucleus that contains up to four nucleoli.
- The nucleolus contains nucleolar organizers, which are parts of chromosomes with the genes for ribosome synthesis on them. The nucleolus helps to synthesize ribosomes by transcribing and assembling ribosomal RNA subunits. These subunits join together to form a ribosome during protein synthesis.
- The nucleolus disappears when a cell undergoes division and is reformed after the completion of cell division.

Chromosomes

- The nucleus is the organelle that houses chromosomes.
- Chromosomes consist of DNA, which contains heredity information and instructions for cell growth, development, and reproduction.
- Chromosomes are present in the form of strings of DNA and histones (protein molecules) called chromatin.
- When a cell is “resting” i.e. not dividing, the chromosomes are organized into long entangled structures called chromatin.
- The chromatin is further classified into heterochromatin and euchromatin based on the functions. The former type is a highly condensed, transcriptionally inactive form, mostly present adjacent to the nuclear membrane. On the other hand, euchromatin is a delicate, less condensed organization of chromatin, which is found abundantly in a transcribing cell.

Besides the nucleolus, the nucleus contains a number of other non-membrane-delineated bodies. These include Cajal bodies, Gemini of coiled bodies, polymorphic interphase karyosome association (PIKA), promyelocytic leukemia (PML) bodies, paraspeckles, and splicing speckles.

Functions of Nucleus

The nucleus provides a site for genetic transcription that is segregated from the location of translation in the cytoplasm, allowing levels of gene regulation that are not available to prokaryotes. The main function of the cell nucleus is to control gene expression and mediate the replication of DNA during the cell cycle.

- It controls the hereditary characteristics of an organism.
- The organelle is also responsible for protein synthesis, cell division, growth, and differentiation.
- Storage of hereditary material, the genes in the form of long and thin DNA (deoxyribonucleic acid) strands, referred to as chromatin.
- Storage of proteins and RNA (ribonucleic acid) in the nucleolus.
- The nucleus is a site for transcription in which messenger RNA (mRNA) are produced for protein synthesis.
- During the cell division, chromatins are arranged into chromosomes in the nucleus.
- Production of ribosomes (protein factories) in the nucleolus.
- Selective transportation of regulatory factors and energy molecules through nuclear pores.

In Eukaryotic organisms certain chromosomes are found only in certain special tissues and are not seen in other tissues. These chromosomes are larger in size and are called giant chromosomes. In certain plants, they are found in the suspensors of the embryo. There are two types of giant chromosomes - polytene chromosome and lamp brush chromosome.

Polytene chromosomes were observed by C.G. Balbiani in 1881 in the salivary glands of *Drosophila*. The characteristic feature of polytene chromosome is that along the length of the chromosome there is a series of dark bands alternate with clear zones called inter bands. The polytene chromosome has extremely large puff called Balbiani ring. It is also known as chromosomal puff. As this chromosome occurs in the salivary gland it is known as salivary gland chromosomes.

Lamp brush chromosomes were first observed by Flemming in 1882. It looked like brushes. They occur at the diplotene stage of meiotic prophase in oocytes of an animal Salamander and in giant nucleus of the unicellular alga *Acetabularia*. The highly condensed chromosome forms the chromosomal axis, from which lateral loops of DNA extend as a result of intense RNA synthesis.

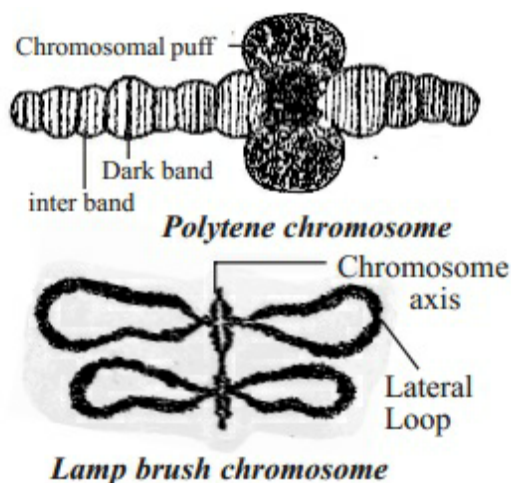


Fig. Special types of chromosomes

Cell division is the process by which a parent cell divides into two or more daughter cells.^[1] Cell division usually occurs as part of a larger cell cycle. In eukaryotes, there are two distinct types of cell division: a vegetative division, whereby each daughter cell is genetically identical to the parent cell (mitosis), and a reproductive cell division, whereby the number of chromosomes in the daughter cells is reduced by half to produce haploid gametes (meiosis).^[2] In cell biology, mitosis (/maɪˈtoʊsɪs/) is a part of the cell cycle, in which, replicated chromosomes are separated into two new nuclei. Cell division gives rise to genetically identical cells in which the total number of chromosomes is maintained. In general, mitosis (division of the nucleus) is preceded by the S stage of interphase (during which the DNA is replicated) and is often followed by telophase and cytokinesis; which divides the cytoplasm, organelles and cell membrane of one cell into two new cells containing roughly equal shares of these cellular components. The different stages of Mitosis all together define the mitotic (M) phase of an animal cell cycle—the division of the mother cell into two daughter cells genetically identical to each other^[citation needed]. Meiosis results in four haploid daughter cells by undergoing one round of DNA replication followed by two divisions. Homologous chromosomes are separated in the first division, and sister chromatids are separated in the second division. Both of these cell division cycles are used in the process of sexual reproduction at some point in their life cycle. Both are believed to be present in the last eukaryotic common ancestor.

Prokaryotes (bacteria and archaea) usually undergo a vegetative cell division known as binary fission, where their genetic material is segregated equally into two daughter cells. While binary fission may be the means of division by most prokaryotes, there are alternative manners of division, such as budding, that have been observed. All cell divisions, regardless of organism, are preceded by a single round of DNA replication.

There are two types of cell division called mitosis and meiosis.

Mitosis produces identical diploid body cells for growth and repair.

Meiosis produces haploid non-identical sex cells, or gametes (sperm in males and ova/eggs in females). These fuse to form a diploid fertilised egg cell during fertilisation.

Mitosis and the cell cycle

Multicellular organisms need cells to divide so that organisms can grow and repair damaged tissue.

Cells divide when:

- an organism grows
- an organism becomes damaged and needs to produce new cells

It is essential that any new cells produced contain genetic information that is identical to the parent cell.

Watch this film to learn about mitosis and the cell cycle. Use a pen and paper to take notes.

Greg Foot explains the process of mitosis in growth and asexual reproduction

A growing and dividing cell goes through a series of stages called the cell cycle.

The first stage of the cell cycle involves cell growth, then synthesis of DNA where the single

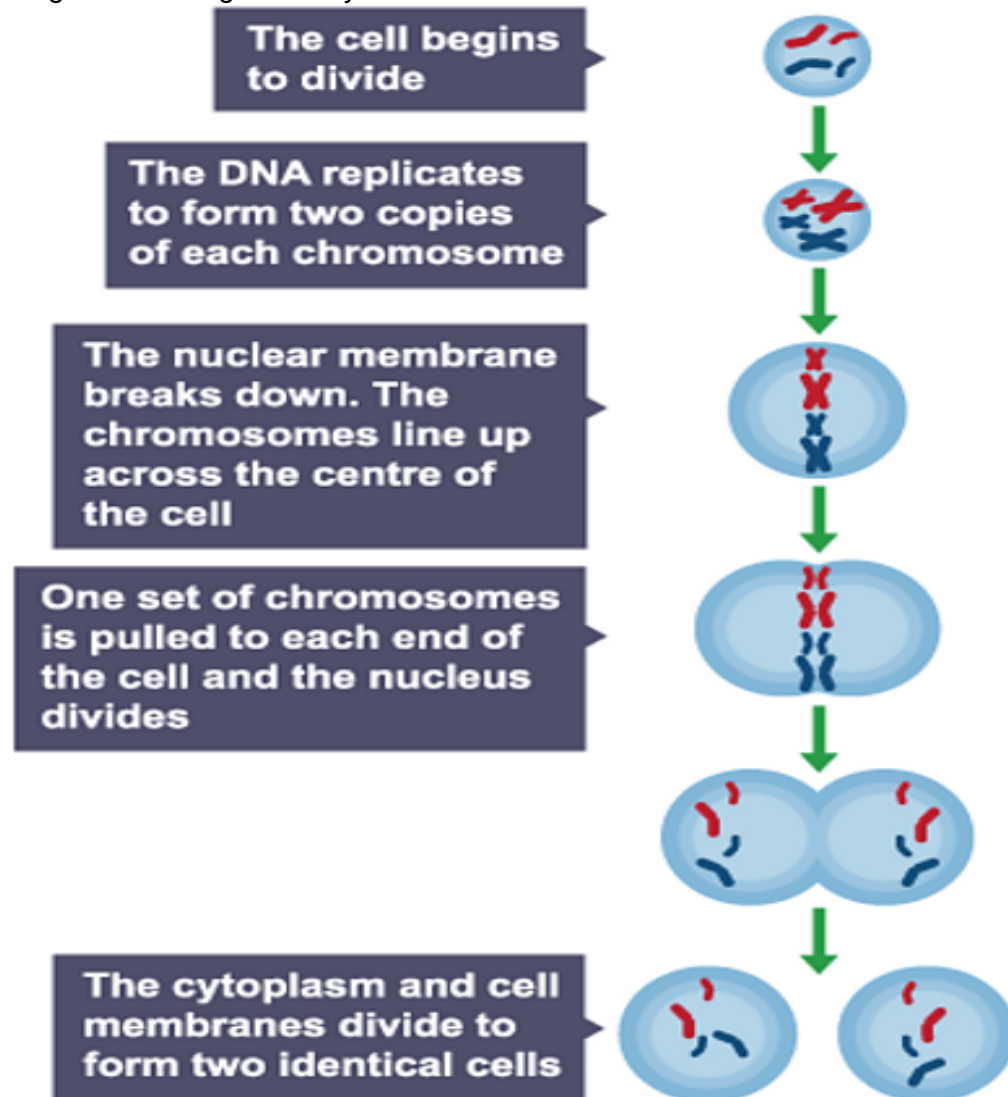
strand of DNA that makes up each chromosome produces an exact copy of itself.

Before a cell can divide, it must grow and make copies of all the organelles such as mitochondria and ribosomes. The cell must also replicate the chromosomes in the nucleus, then it can divide by mitosis.

Sexual reproduction uses the process of meiosis, which creates gametes. These are sperm and eggs (ova) in animals, and pollen and ova in plants.

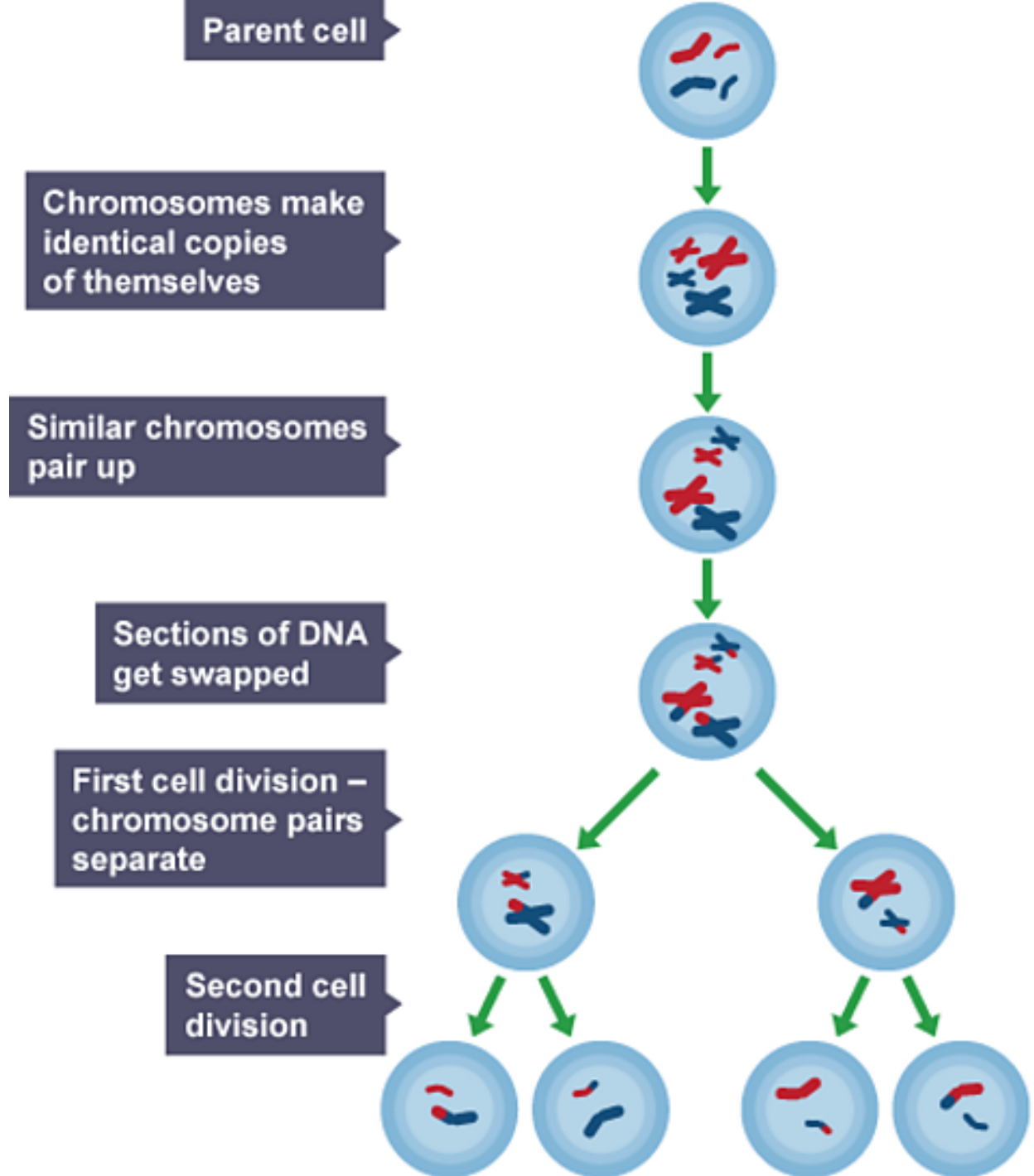
The process of meiosis happens in the male and female reproductive organs. As a cell divides to form gametes:

- copies of the genetic information are made
- the cell divides twice to form four gametes, each with a single set of chromosomes
- gametes are haploid
- all gametes are genetically different from each other



In meiosis:

- One diploid cell produces four haploid gametes, in two divisions.
- Human sex cells contain one chromosome from each of the 23 pairs.



The four gametes produced in meiosis are genetically different.

- The process of independent assortment leads to all gametes being different.
- Independent assortment and the random nature of fertilisation lead to variation in living organisms – no two organisms are the same (apart from identical twins).

UNIT-IV: MOLECULAR BIOLOGY

DNA AND IT'S STRUCTURE, FUNCTION, TYPES, MODES OF REPLICATION AND REPAIR

The discovery that DNA is the prime genetic molecule, carrying all the hereditary information within chromosomes, immediately had its attention focused on its structure. It was hoped that knowledge of the structure would reveal how DNA carries the genetic messages that are replicated when chromosomes divide to produce two identical copies of themselves. During the late 1940s and early 1950s, several research groups in the United States and in Europe engaged in serious efforts— both cooperative and rival—to understand how the atoms of DNA are linked together by covalent bonds and how the resulting molecules are arranged in three-dimensional space. Not surprisingly, it was feared that DNA might have very complicated and perhaps bizarre structures that differed radically from one gene to another. Great relief, if not general elation, was thus expressed when the fundamental DNA structure was found to be the double helix. It told us that all genes have roughly the same three-dimensional form and that the differences between two genes reside in the order and number of their four nucleotide building blocks along the complementary strands.

What is DNA?

The work of many scientists paved the way for the exploration of DNA. Way back in 1868, almost a century before the Nobel Prize was awarded to Watson, Crick and Wilkins, a young Swiss physician named Friedrich Miescher, isolated something no one had ever seen before from the nuclei of cells. He called the compound "nuclein." This is today called nucleic acid, the "NA" in DNA (deoxyribo-nucleic-acid) and RNA (ribo- nucleic-acid)

. Two years earlier, the Czech monk Gregor Mendel, had finished a series of experiments with peas. His observations turned out to be closely connected to the finding of nuclein. Mendel was able to show that certain traits in the peas, such as their shape or colour, were inherited in different packages. These packages are what we now call genes.

For a long time the connection between nucleic acid and genes was not known. But in 1944 the American scientist Oswald Avery managed to transfer the ability to cause disease from one strain of bacteria to another. But not only that: the previously harmless bacteria could also pass the trait along to the next generation. What Avery had moved was nucleic acid. This proved that genes were made up of nucleic acid.

Solving the Puzzle

In the late 1940's, the members of the scientific community were aware that DNA was most likely the molecule of life, even though many were skeptical since it was so "simple". They also knew that DNA included different amounts of the four bases adenine, thymine, guanine and cytosine (usually abbreviated A, T, G and C), but nobody had the slightest idea of what the molecule might look like.

In order to solve the elusive structure of DNA, a couple of distinct pieces of information needed to be put together. One was that the phosphate backbone was on the outside with bases on the inside; another that the molecule was a double helix. It was also important to figure out that the two strands run in opposite directions and that the molecule had a specific base pairing.

Watson and Crick

In 1951, the then 23-year old biologist James Watson travelled from the United States to work with Francis Crick, an English physicist at the University of Cambridge. Crick was already using the process of X-ray crystallography to study the structure of protein molecules. Together, Watson and Crick used X-ray crystallography data, produced by Rosalind Franklin and Maurice Wilkins at King's College in London, to decipher DNA's structure.

This is what they already knew from the work of many scientists, about the DNA molecule:

1. DNA is made up of subunits which scientists called nucleotides.
2. Each nucleotide is made up of a sugar, a phosphate and a base.
3. There are 4 different bases in a DNA molecule: adenine (a purine) cytosine (a pyrimidine) guanine (a purine) thymine (a pyrimidine)
4. The number of purine bases equals the number of pyrimidine bases
5. The number of adenine bases equals the number of thymine bases
6. The number of guanine bases equals the number of cytosine bases
7. The basic structure of the DNA molecule is helical, with the bases being stacked on top of each other

Components of DNA

DNA is a polymer. The monomer units of DNA are nucleotides, and the polymer is known as a "polynucleotide". Each nucleotide consists of a 5-carbon sugar (deoxyribose), a nitrogen containing base attached to the sugar, and a phosphate group. There are four different types of nucleotides found in DNA, differing only in the nitrogenous base. The four nucleotides are given one letter abbreviations as shorthand for the four bases.

- A is for adenine
- G is for guanine
- C is for cytosine
- T is for thymine

Purine Bases

Adenine and guanine are purines. Purines are the larger of the two types of bases found in DNA. Structures are shown below:

Pyrimidine Bases

Cytosine and thymine are pyrimidines. The 6 atoms (4 carbon, 2 nitrogen) are numbered 1-6. Like purines, all pyrimidine ring atoms lie in the same plane.

Deoxyribose Sugar

The deoxyribose sugar of the DNA backbone has 5 carbons and 3 oxygens. The carbon atoms are numbered 1', 2', 3', 4', and 5' to distinguish from the numbering of the atoms of the purine and pyrimidine rings. The hydroxyl groups on the 5'- and 3'- carbons link to the phosphate groups to form the DNA backbone. Deoxyribose lacks an hydroxyl group at the 2'-position when compared to ribose, the sugar component of RNA.

Nucleosides

A nucleoside is one of the four DNA bases covalently attached to the C1' position of a sugar. The sugar in deoxynucleosides is 2'-deoxyribose. The sugar in ribonucleosides is ribose. Nucleosides differ from nucleotides in that they lack phosphate groups. The four different nucleosides of DNA are deoxyadenosine (dA), deoxyguanosine (dG), deoxycytosine (dC), and (deoxy)thymidine (dT, or T).

Nucleotides

A nucleotide is a nucleoside with one or more phosphate groups covalently attached to the 3'- and/or 5'-hydroxyl group(s).

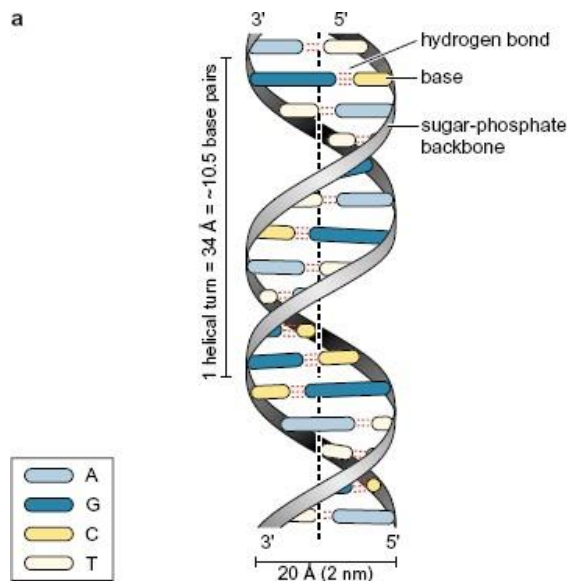
DNA Backbone

The DNA backbone is a polymer with an alternating sugar- phosphate sequence. The deoxyribose sugars are joined at both the 3'- hydroxyl and 5'-hydroxyl groups to phosphate groups in ester links, also known as "phosphodiester" bonds.

DNA Double Helix

DNA is a normally double stranded macromolecule. Two polynucleotide chains, held together by weak thermodynamic forces, form a DNA molecule.

Structure of DNA Double Helix

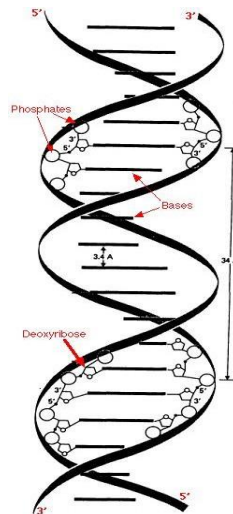


The Double Helix

The double helix of DNA has these features:

- It contains two polynucleotide strands wound around each other.
- The backbone of each consists of alternating deoxyribose and phosphate groups.
- The phosphate group bonded to the 5' carbon atom of one deoxyribose is covalently bonded to the 3' carbon of the next.
- The two strands are "antiparallel"; that is, one strand runs 5' to 3' while the other runs 3' to 5'.
-
- The DNA strands are assembled in the 5' to 3' direction and, by convention, we "read" them the same way.

- The purine or pyrimidine attached to each deoxyribose projects in toward the axis of the helix.
- Each base forms hydrogen bonds with the one directly opposite it, forming **base pairs** (also called nucleotide pairs).
- 3.4 Å separate the planes in which adjacent base pairs are located.
- The double helix makes a complete turn in just over 10 nucleotide pairs, so each turn takes a little more (35.7 Å to be exact) than the 34 Å shown in the diagram.
- There is an average of 25 hydrogen bonds within each complete turn of the double helix providing a stability of binding about as strong as what a covalent bond would provide.
- The diameter of the helix is 20 Å.
- The helix can be virtually any length; when fully stretched, some DNA molecules are as much as 5 cm (2 inches!) long.
- The path taken by the two backbones forms a major (wider) groove (from "34 Å" to the top of the arrow) and a minor (narrower) groove (the one below).



Nucleic acids (DNA and RNA) are the polymers i.e. long chain compounds. The molecular structure of DNA has two aspects

- 1) its chemical sub units and
- 2) the way in which these chemical sub units are arranged to form a long chain molecule.

The second aspect is very significant as the accepted DNA model should be such that it explains biochemically the various aspects (function) of a gene such as stability to metabolic and external agents, the capacity for replication (self duplication) the capacity to store vast hereditary information in coded form and the capacity to express the phenotypes they control.

FUNCTIONS OF DNA

DNA carries the genetic information of a cell and consists of thousands of genes. Each gene serves as a recipe on how to build a protein molecule. Proteins perform important tasks for the cell functions or serve as building blocks. The flow of information from the genes determines the protein composition and thereby the functions of the cell.

The DNA is situated in the nucleus, organized into chromosomes. Every cell must contain the genetic information and the DNA is therefore duplicated before a cell divides (**replication**). When proteins are needed, the corresponding genes are transcribed into RNA (**transcription**). The RNA is first processed so that non-coding parts are removed (**processing**) and is then transported out of the nucleus (**transport**). Outside the nucleus, the proteins are built based upon the code in the RNA (**translation**).

Types of DNA

DNA can be classified in various ways based on 1. number of base pair per turn. 2. coiling pattern, 3. location 4. structure, 5. nucleotide sequence and 6. number of strands.

1. Number of base per turn. Depending upon the nucleotide base per turn of the helix, tilt of the base pair and humidity of the sample, the DNA can be observed in four different forms namely A,B, C and D.

2. Coiling pattern. On the basis of coiling pattern of the helix DNA is of two types viz right handed and left handed. Most of the DNA molecules are right handed i.e. coiling of helix is in the right direction. It is also called positive coiling. All the four forms of DNA viz A, B, C and D are right handed. The Z DNA has left handed double helical structure. This DNA is considered to be associated with gene regulation.

3. Location. Based on the location in the cell DNA is of three types. Viz., chromosomal DNA cytoplasm DNA and promiscuous DNA. Chromosomal DNA is found in chromosomes. And are called as chromosomal DNA or nuclear DNA.

4. Cytoplasmic DNA is found in the cytoplasm especially in mitochondria and chloroplasts. Such DNA plays an important role in cytoplasmic inheritance and has circular structure. Promiscuous DNA.

5. Some DNA segments with common base sequence are found in the chloroplasts, mitochondria and nucleus. This suggests that some DNA sequences move from one organelle to other. Such DNA is referred to as promiscuous DNA.

6. Structure of RNA: It contains ribose sugar, nitrogen bases and phosphate group. The nitrogen bases include adenine, guanine, cytosine and uracil. In DNA thymine is present in place of uracil and deoxyribose sugar is found in place of ribose sugar. In RNA, the pairing occurs between adenine and uracil. It has usually single strand. However, some viruses have double stranded RNA.

The DNA molecule that Watson and Crick described was in the B form. It is now known that DNA can exist in several other forms. The primary difference between the forms is the direction that the helix spirals.

A, B, C = right-handed helix Z = left-handed helix (found in vitro under high salt)

B is the major form that is found in the cell. Z-DNA was initially found only under high salt conditions, but the cellular environment is actually a low-salt environment. The question then is whether type Z exist under cellular conditions. Several features have been discovered that can stabilize Z-DNA under in a low salt environment.

Differences between DNA and RNA

S. No	Particulars	DNA	RNA
1.	Strands	Usually two, rarely one	Usually one, rarely two
2.	Sugar	Deoxyribose	Ribose
3.	Base	Adenine guanine cytosine and thymine	Adenine guanines cytosine
4.	Pairing	AT and GC	AU and GC
5.	Location	Mostly in chromosomes some in mitochondria and chloroplasts	In chromosomes and ribosomes

MODES OF REPLICATION

There are three possible modes of DNA replication:

- (1) Dispersive
- (2) Conservative
- (3) Semiconservative

1. **In dispersive replication**, the old DNA molecule would break into several pieces, each fragment would replicate and the old and new segments would recombine randomly to yield progeny DNA molecules. Each progeny molecule would have both old and new segments along its length.

2. According to the **conservative scheme**, the two newly synthesized strands (following the replication of a DNA molecule) would associate to form one double helix, while the two old strands would remain together as one double helix.

3. In contrast, in the **semi conservative mode** of DNA replication, each newly synthesized strand would remain associated with the old strand against which it was synthesized. Thus each progeny DNA molecule would consist of one old and one newly synthesized strand.

Semi Conservative Replication

The semi conservative mode of DNA replication was postulated by Watson and Crick along with the double helix model of DNA. The main features of this mode of DNA replication are as follows:

1. A progressive separation of the two strands of a DNA molecule.
2. Complementary base pairing of the bases located in the single stranded regions thus produced with the appropriate free deoxyribonucleotides.
3. Formation of phosphodiester linkages between the neighbouring deoxyribonucleotides that have base paired with the single stranded regions, thereby producing regions the new strand.
4. This ensures that the base sequence of the new strands are strictly complementary to those of the old strands.

5. The base sequence of a newly synthesized strand is dictated by the base sequence of the old strand, since the old strand serves as a template or mould for the synthesis of the new strand.

DNA Replication

It is proposed by Watson and Crick. According to this method, both the strands of parental DNA separate from one another. Each old strand synthesizes a new strand. Thus, each of the two resulting DNA has one parental and one new strand. This method of DNA replication is universally accepted because there are several evidences in support of semi conservative method and it consists of several steps.

1. Initiation of Replication DNA replication starts at a specific point on the chromosome. This unique site is known as origin. The site of initiation differs from organism to organism. Sometime replication starts with an incision made by an incision enzyme known as endonuclease.

2. Unwinding of strands. The two stands of DNA double helix unwind. The opening of DNA stands take's places with the help of DNA unwinding protein.

3. Formation of RNA Primer. Synthesis of RNA primer is essential for initiation of DNA synthesis RNA primer is synthesized by the DNA template near the origin with the help of a special type of RNA polymerase.

4. Synthesis of DNA on primer. After formation of RNA primer, DNA synthesis starts on the RNA primer. Deoxyribose nucleotides are added to the 3e end position of RNA primer. The main DNA strand is synthesized on the DNA template with help of DNA polymerase. The DNA synthesis takes place in short pieces. Which are known as Okazaki fragments.

5. Removal of RNA Primer: DNA polymerase degrades the RNA primer

1. This enzyme also catalyzes the synthesis of short DNA segment to replace the prime. The newly synthesized segment is joined to the main DNA strand with the help of DNA ligase enzyme.

6. Union of Okazaki Fragments. The discontinuous fragment of Okazaki is joined to make continuous strands. The union of Okazaki fragments takes place with the help of a joining enzyme called polynucleotide ligase. The replication may take place either in one direction or in both the directions from the point of origin.

Evidence for semi conservation replication

Various experiments have demonstrated the semi-conservative mode of DNA replication. Now it is universally accepted that DNA replicates in a semi-conservative manner. There are three important experiments, which support that DNA replication is semi-conservative. These include (1) Meselson and Stahl experiment (2) Cairns experiment and (3) Taylor.s experiment.

Taylor.s experiment: Taylor (1969) conducted his experiments with root tip cells of *vicia faba*. He treated root tips with radioactive thymidine to label the DNA. The root tips were grown in the normal medium. In the first generation both chromatids were labeled.

In the second generation of cell division, one chromatid of each chromosome was labeled and the other one was normal. This demonstrated semi conservative mode of chromosome replication. The DNA replication is associated with chromosome replication.

Enzymes involved in DNA / RNA replication

DNA replication involves several proteins and enzymes, which together form the multienzymes complex, replication apparatus or replisome. In E coli at least two dozen gene products are involved in DNA replication. Many of these proteins were first identified through studies of mutants e.g. Genes dna E, dna N, dna x etc of E colic code for the four of the seven polypeptides of the complete DNA polymerase III enzyme, and dna G specifies the primase enzyme. Some enzymes like ligase, DNA polymerase 1 etc were discovered biochemically.

DNA repair systems

Damages to the genetic material, i.e., DNA are taken care of by the DNA repair systems. The various damages to DNA may be grouped into the following two types:

(1) Single base changes: Such changes affect a single base of a DNA molecule they do not produce structural distortions and do not affect either replication or transcription of the affected molecules. These changes are represented by the conversion of one base into another, eg; deamination of 5 methylcytosine results in thymine and by the covalent addition of a small group to a base which affects its pairing behavior. As a result, the affected base does not pair properly with its partner base.

(2) Structural distortions: These changes generally adversely affect the replication and or transcription of the affected DNA molecule. They are represented by a single strand nick, removal of a base, covalent links between bases in the same or in the opposite strands (eg) Pyrimidine dimers and addition of a bulky adduct to a base which may distort the configuration of the double helix.

The repair systems recognize a variety of changes in DNA to initiate action. Each cell possesses several repair systems in order to be able to deal with the various types of DNA damage; these systems may be grouped into the following general categories

1. Direct repair
2. Excision repair
3. Mismatch repair
4. Tolerance systems
5. Retrieval systems

1. Direct repair of DNA

The reversal or simple removal of the damage to the DNA is known as direct repair, eg., removal of the covalent bonds between the two 4 and two 5 carbons of the two thymine residues participating in the formation of thymine dimers. Thymine dimers are generally formed due to UV radiation and interfere with replication and transcription. A specific enzyme mediates the splitting of the covalent bonds between the two T residues, which specifically recognizes thymine dimers. The enzyme can bind to the thymine dimers in the dark, but requires the energy from blue light for removal of the covalent bonds between the T residues; that is why this process is known as photoreactivation. The direct repair system is wide spread in nature and is especially important in plants.

2. Excision repair

In this repair pathway, the damaged or mispaired segment of the DNA strand is excised and new stretch of DNA is synthesized in its place. The various excision repair systems vary in their specificity. The repair process consists of the following steps:

a. Recognition and incision: The damaged section of a strand recognized by an endonuclease; this enzyme then cuts the affected strand on both the sides of damage.

b. Excision: After the incision, a 5' to 3' exonuclease digests away the damage/ mispaired section; this generates a single stranded region in the DNA double helix.

c. Synthesis: In this step, the single stranded region produced by excision serves as a template for a DNA polymerase which synthesizes the replacement for the excised segment. DNA ligase then seals the nick that remains after the synthesis of the replacement for the excised section.

3. Mismatch repair: When single bases in the DNA are mismatched, either due to alterations in the existing bases or due to errors during replication, structural distortions result in the DNA double helix.

4. Tolerance systems: These systems deal with the damages that block normal replication at the damaged sites possibly by permitting the replication of the damaged sites possibly with a high frequency of errors. These systems may be particularly important in the eukaryotes where the genome size is very large and hence a complete repair of the damage is rather unlikely.

5. Retrieval systems: These systems are also known as post replication repair or recombination repair.

RNA AND ITS STRUCTURE, FUNCTION AND TYPES

With the discovery of the molecular structure of the DNA double helix in 1953, researchers turned to the structure of ribonucleic acid (RNA) as the next critical puzzle to be solved on the road to understanding the molecular basis of life. Ribonucleic acid (RNA) is a type of molecule that consists of a long chain of nucleotide units. Each nucleotide consists of a nitrogenous base, a ribose sugar, and a phosphate. RNA is very similar to DNA, but differs in a few important structural details: in the cell, RNA is usually single-stranded, while DNA is usually double-stranded; RNA nucleotides contain ribose while DNA contains deoxyribose (a type of ribose that lacks one oxygen atom); and RNA has the base uracil rather than thymine that is present in DNA.

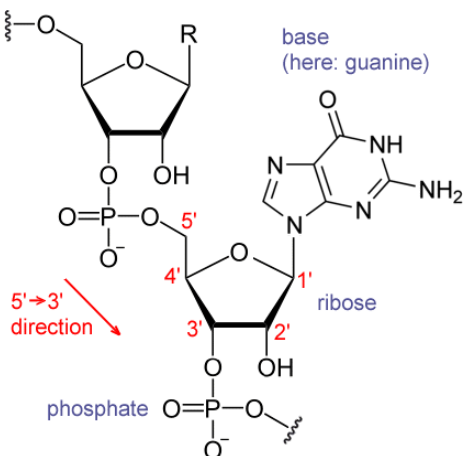
RNA is transcribed from DNA by enzymes called RNA polymerases and is generally further processed by other enzymes. RNA is central to the synthesis of proteins. Here, a type of RNA called messenger RNA carries information from DNA to structures called ribosomes. These ribosomes are made from proteins and ribosomal RNAs, which come together to form a molecular machine that can read messenger RNAs and translate the information they carry into proteins. There are many RNAs with other roles – in particular regulating which genes are expressed, but also as the genomes of most viruses.

Ribose Nucleic Acids

Most cellular RNA is single stranded, although some viruses have double stranded RNA. The single RNA strand is folded upon itself, either entirely or in certain regions. In the folded region a majority of the bases are complementary and are joined by hydrogen bonds. This helps in the stability of the molecule. In the unfolded region the bases have no complements. Because of this RNA does not have the purine, pyrimidine equality that is found in DNA.

RNA also differs from DNA in having ribose as the sugar instead of deoxyribose. The common nitrogenous bases of RNA are adenine, guanine, cytosine and uracil. Thus the pyrimidine uracil substitutes thymine of DNA. In regions where purine pyrimidine pairing takes place, adenine pairs with uracil and guanine with cytosine. In addition to the four bases mentioned above, RNA also has some unusual bases.

CHEMICAL STRUCTURE OF RNA



An important structural feature of RNA that distinguishes it from DNA is the presence of a hydroxyl

group at the 2' position of the ribose sugar. The presence of this functional group causes the helix to adopt the A-form geometry rather than the B-form most commonly observed in DNA. This results in a very deep and narrow major groove and a shallow and wide minor groove. A second consequence of the presence of the 2'-hydroxyl group is that in conformationally flexible regions of an RNA molecule (that is, not involved in formation of a double helix), it can chemically attack the adjacent phosphodiester bond to cleave the backbone.

Most cellular RNA molecules are single stranded. They may form secondary structures such as stem-loop and hairpin.

Secondary structure of RNA. (a) stem-loop. (b) hairpin.



There are more unusual bases in RNA than in DNA. All normal RNA chains either start with adenine or guanine: Three types of cellular RNA have been distinguished:

- Messenger RNA (mRNA) or template RNA**
- Ribosomal RNA (rRNA) and**
- Soluble RNA (sRNA) or transfer RNA (tRNA)**

Ribosomal and transfer RNA comprise about 98% of all RNA. All three forms of RNA are made on a DNA template.

Transfer RNA and messenger RNA are synthesized on DNA templates of the chromosomes, while ribosomal RNA is derived from nucleolar DNA. The three types of RNA are synthesized during different stages in early development. Most of the RNA synthesized during cleavage is mRNA. Synthesis of tRNA occurs at the end or cleavage, and rRNA synthesis begins during gastrulation.

Comparison between DNA and RNA

	DNA	RNA
1.	DNA is the usual genetic material	RNA is the genetic material of some viruses.
2.	DNA is usually double-stranded, (In certain viruses DNA is single stranded, e.g. ϕ X 174).	Most cellular RNA is single stranded. (Some viruses e.g. retrovirus, have double stranded RNA).
3.	The pentose sugar is deoxyribose.	The pentose sugar is ribose.
4.	The common organic bases are adenine, guanine, cytosine and thymine.	The common organic bases are adenine, guanine, cytosine and uracil.
5.	Base pairing: adenine pairs with thymine and guanine with cytosine.	Adenine pairs with uracil and guanine with cytosine.
6.	Pairing of bases is throughout the length of the molecule.	Pairing of bases is only in the helical region
7.	There are fewer uncommon bases	There are more uncommon bases.
8.	DNA is only of one type	There are three types of RNA messenger, ribosomal and transfer RNA.
9.	Most of the DNA is found in the chromosomes. Some DNA is also found in the cytoplasm e.g. in mitochondria and chloroplasts.	Messenger RNA is formed on the chromosomes, and is found in the nucleolus and cytoplasm. rRNA and tRNA are also formed on the chromosomes, and are found in cytoplasm.
10.	Denaturation (melting) is partially reversible only under certain conditions of slow cooling (renaturation).	Complete and practically in instantaneous reversibility of the process of melting.
11.	Sharp, narrow temperature interval of transition in melting.	Broad temperature interval of transition in melting.
12.	DNA on replication forms DNA, and on transcription forms RNA.	Usually RNA does not replicate or transcribe. (In certain viruses RNA can synthesize an RNA chain).
13.	Genetic messages are usually encoded in DNA.	The usual function of RNA is translating messages encoded in DNA into proteins.
14.	DNA consists of a large number of nucleotides, up to 4.3 million	RNA consists of fewer nucleotides, up to 12,000.

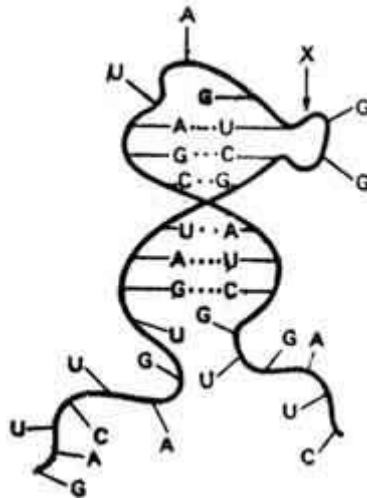
Ribosomal RNA – rRNA

Ribosomal RNA, as the name suggests, is found in the ribosomes. It comprises about 80% of the total RNA of the cell. The base sequence of rRNA is complementary to that of the region of DNA where it is synthesized.

In eukaryotes ribosomes are formed on the nucleolus. Ribosomal RNA is formed from only a small section of the DNA molecule, and hence there is no definite base relationship between rRNA and DNA as a whole.

Ribosomal RNA consists of a single strand twisted upon itself in some regions. It has helical regions connected by intervening single strand regions. The helical regions may show presence or absence of positive interaction. In the helical region most of the base pairs are complementary, and are joined by hydrogen bonds. In the unfolded single strand regions the bases have no complements.

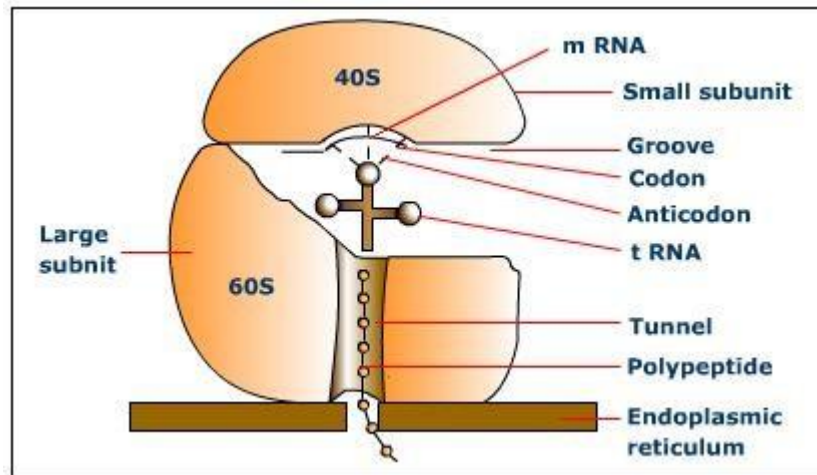
Ribosomal RNA contains the four major RNA bases with a slight degree of methylation, and shows differences in the relative proportions of the bases between species. Its molecules appear to be single polynucleotide strands which are unbranched and flexible. At low ionic strength rRNA behaves as a random coil, but with increasing ionic strength the molecule shows helical regions produced by base pairing between adenine and uracil and guanine and cytosine.



Hence rRNA does not show purine-pyrimidine equality. The rRNA strands unfold upon heating and refold upon cooling. Ribosomal RNA is stable for at least two generations. The ribosome consists of proteins and RNA. The 70S ribosome of prokaryotes consists of a 30S subunit and a 50S subunit. The 30S subunit contains 16S rRNA, while the 50S subunit contains 23S and 5S rRNA.

The 80S eukaryote ribosome consists of a 40S and a 60S subunit. In vertebrates the 40S subunit contains 18S rRNA, while the 60S subunit contains 28- 29S, 5.8S and 5S rRNA. In plants and invertebrates the 40S subunit contains 16- 18S RNA, while the 60S subunit contains 25S and 58 and 5.8S rRNA. There are three types of ribosomal RNA on the basis of sedimentation and molecular weight.

Two of these classes are high molecular weight RNAs, while the third is a low molecular weight RNA. The three classes are: (1) high molecular weight rRNA with molecular weight of over a million, e.g. 21s-29s rRNA, (2) high molecular weight rRNA with molecular weight below a million e.g. 12-8-188 rRNA, (3) low molecular weight rRNA e.g. 58 rRNA.



Messenger RNA - mRNA - Jacob and Monod (1961) proposed the name messenger RNA for the RNA carrying information for protein synthesis from the DNA (genes) to the sites of protein formation (ribosomes). It consists of only 3 to 5% of the total cellular RNA.

Size of Messenger RNA - mRNA - The molecular weight of an average sized mRNA molecule is about 500,000, and its sedimentation coefficient is 8S. It should be noted however, that mRNA varies greatly in length and molecular weight. Since most proteins contain at least a hundred amino acid residues, mRNA must have at least $100 \times 3 = 300$ nucleotides on the basis of the triplet code.

Stability of Messenger RNA - mRNA - The cell does not contain large quantities of mRNA. This is because mRNA, unlike other RNAs is constantly undergoing breakdown. It is broken down to its constituent ribonucleotides by ribonucleases.

Structure of Messenger RNA - mRNA

Messenger RNA is always single stranded. It contains mostly the bases adenine, guanine, cytosine and uracil. There are few unusual substituted bases. Although there is a certain amount of random coiling in extracted mRNA, there is no base pairing. In fact base pairing in the mRNA strand destroys its biological activity.

Since mRNA is transcribed on DNA (genes), its base sequence is complementary to that of the segment of DNA on which it is transcribed. This has been demonstrated by hybridization experiments in which artificial RNA, DNA double strands are produced. Hybridization takes place only if the DNA and RNA strands are complementary.

Usually each gene transcribes its own mRNA. Therefore, there are approximately as many types of mRNA molecules as there are genes. There may be 1,000 to 10,000 different species of mRNA in a cell. These mRNA types differ only in the sequence of their bases and in length.

When one gene (cistron) codes for a single mRNA strand the mRNA is said to be monocistronic. In many cases, however, several adjacent cistrons may transcribe an mRNA molecule, which is then said to be polycistronic or polygenic.

The mRNA molecule has the following structural features:

- 1. Cap.** At the 5' end of the mRNA molecule in most eukaryote cells and animal virus molecules is found a 'cap'. This is blocked methylated structure, m⁷Gpp Nmp Np or m⁷Gpp Nmp Nmp Np. where: N = any of the four nucleotides and Nmp = 20 methyl ribose. The rate of protein synthesis depends upon the presence of the cap. Without the cap mRNA molecules bind very poorly to the ribosomes.
- 2. Noncoding region 1 (NC1).** The cap is followed by a region of 10 to 100 nucleotides. This region is rich in A and U residues, and does not translate protein.
- 3. The initiation codon** is AUG in both prokaryotes and eukaryotes
- 4. The coding region** consists of about 1,500 nucleotides on the average and translates protein. It is made up of 73-93 nucleotides (Rich and RajBhandary, 1976). Each bacterial cell probably contains about a hundred or more different types of tRNA. The function of tRNA is to carry amino acids to mRNA during protein synthesis. Each amino acid is carried by a specific tRNA. Since 20 amino acids are coded to form proteins, it follows that there must be at least 20 types of tRNA.

It was formerly thought that only 20 tRNA molecular types exist, one for each amino acid. It has, however, been shown that in several cases there are at least two types of tRNA for each amino acid. Thus there are many more tRNA molecules than amino acid types. These are probably coded by one gene.

Transfer RNA is synthesized in the nucleus on a DNA template. Only 0.025% of DNA codes for tRNA. Synthesis of tRNA occurs near the end of cleavage stages. Transfer RNA is an exception to other cellular RNAs in that a part of its ribonucleotide sequence (-CCA) is added after it comes off the DNA template. Like rRNA, tRNA is also formed from only a small section of the DNA molecule.

Therefore, it does not show any obvious base relationships to DNA. The tRNA molecule consists of a single strand looped about it self. The 3' end always terminates in a -C-C-A (cytosine- cytosine-adenine) sequence. The 5' end terminates in G (guanine) or C (cytosine). Many of the bases are bonded to each other, but there are also unpaired bases.

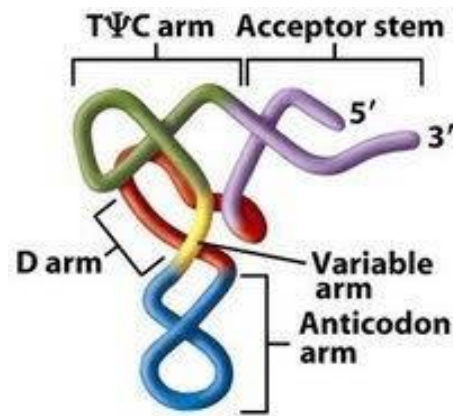
Transfer RNA - tRNA OR Soluble RNA – sRNA

After rRNA the second most common RNA in the cell is transfer RNA. It is also called soluble RNA because it is too small to be precipitated by ultracentrifugation at 100,000 g. It constitutes about 10-20% of the total RNA of the cell. Transfer RNA is a relatively small RNA having a molecular weight of about 25,000 to 30,000 and the sedimentation coefficient of mature eukaryote tRNA is 3.8S.

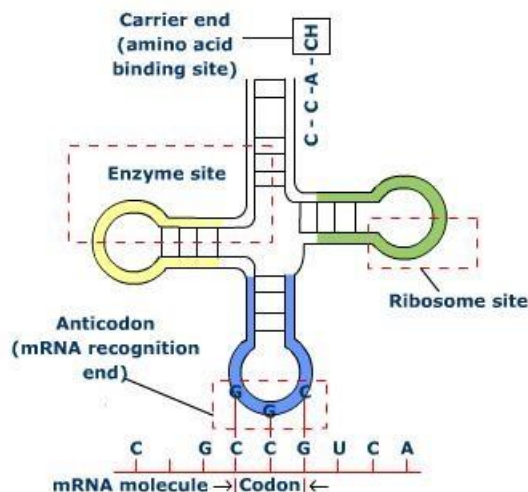
Structure of Transfer RNA – tRNA

The nucleotide sequence (primary structure) of tRNA was first worked out by Holley et al (1965) for yeast alanine tRNA. Since then the sequence of about 75 different tRNAs, ranging from bacteria to mammals, has been established. The different tRNAs are all minor variants of the same basic type of structure. Several models of the secondary structure of tRNA have been proposed, and of these the cloverleaf model of Holley is the most widely accepted.

Transfer RNA (tRNA) is an essential component of the protein synthesis reaction. There are at least twenty different kinds of tRNA in the cell¹ and each one serves as the carrier of a specific amino acid to the site of translation. tRNA's are L-shaped molecules. The amino acid is attached to one end and the other end consists of three anticodon nucleotides. The anticodon pairs with a codon in messenger RNA (mRNA) ensuring that the correct amino acid is incorporated into the growing polypeptide chain. The L-shaped tRNA is formed from a small single-stranded RNA molecule that folds into the proper conformation. Four different regions of double-stranded RNA are formed during the folding process.



The two ends of the molecule form the *acceptor stem* region where the amino acid is attached. The anticodon is an exposed single-stranded region in a loop at the end of the *anticodon arm*. The two other stem/loop structures are named after the modified nucleotides that are found in those parts of the molecule. The *D arm* contains dihydrouridylate residues while the *TΨC arm* contains a ribothymidylate residue (T), a pseudouridylate residue (Ψ) and a cytidylate (C) residue in that order. All tRNA's have a similar *TΨC* sequence. The *variable arm* is variable, just as you would expect. In some tRNA's it is barely noticeable while in others it is the largest arm. tRNA's are usually drawn in the "cloverleaf" form (below) to emphasize the base-pairs in the secondary structure.



Clover leaf model of tRNA

Unusual Bases in tRNA

In addition to the usual bases A, U, G and C, tRNA contain a number of unusual bases, and in this respect differs from mRNA and rRNA. The unusual bases of tRNA account for 15-20% of the total RNA of the cell. Most of the unusual bases are formed by methylation (addition of -CH₃ or methyl group to the usual bases), e.g. cytosine and guanine on methylation yield methylcytosine and methyl/guanine, respectively. Precursor tRNA molecules transcribed on the DNA template contains the usual bases. These are then modified to unusual bases. The unusual bases are important because they protect the tRNA molecule against degradation by RNase. This protection is necessary because RNA is found floating freely in the cell.

Some of the unusual bases of tRNA are methyl guanine (GMe), dimethylguanine(GMe₂), methylcytosine (Me), ribothymine (T), pseudouridine (ψ), dihydrouridine (DHU, H₂U, UH₂), inosine (I) and methylinosine (IMe, MeI). In general, organisms high in the evolutionary scale contain more modified bases than lower organisms.

Classification of tRNA - A Study of different tRNAs shows that the structure of the acceptor stem, the anticodon arm and the TψC arm are constant. The differences in the tRNAs lie in the D arm and the variable arm. Based on the differences in these two variable regions, three classes of tRNA have been recognized.

Class I (D₄-V₄-5), with 4 base pairs in the D stem and 4-5 bases in the variable loop.

Class II (D₅-V₄-5), with 3 base pairs in the D stem and 4-5 bases pairs in the variable loop.

Class III (D₃-VN), with 3 base pairs in the D stem and a large variable arm.

A simpler classification based only on the variable arm recognizes two types of tRNA.

Class I with 4-5 bases in the variable loop

Class II with a large variable arm of 13-21 bases.

Tertiary Structure of Transfer - tRNA - Electron density maps have revealed that tRNA has a tertiary structure. This structure is due to hydrogen bonds

- (i) between bases,
- (ii) between bases and ribose phosphate backbone and
- (iii) between the backbone residues. (The hydrogen bonding in the double helical stem regions of the tRNA molecular are considered to be in the secondary structure).

Initiator Transfer RNA - tRNA

The starting amino acid in eukaryote protein synthesis is methionine, while in prokaryotes it is N-formyl methionine. The tRNA molecule³ specific for these two amino acids are methionyl tRNA (tRNA^{met}) and N-formyl- methionyl IRNA (tRNA^{fmet}) respectively.

These tRNAs are called initiator tRNAs, because they initiate protein synthesis. Initiator tRNAs have certain features which distinguish them from other tRNAs, and the initiator tRNAs of prokaryotes' and eukaryotes also differ.

In most prokaryotes the 5' terminal nucleoside is C. It has opposite it (i.e. in the fifth position from the 3' end) an A nucleotide. There is no Watson-Crick base pairing between the two. In the blue green 'alga' *Anacystis nidulans*, however, the fifth nucleotide from the 3' end is C. In eukaryotes there is an A.U base pair at the acceptor stem.

As noted previously, prokaryotes use tRNA^f-met for initiation of protein synthesis, while eukaryotes use tRNA^{met}. The prokaryote *Halo bacterium cutirubrum* is, however, reported to initiate protein synthesis with tRNA^{met} and has an A.U base pair at the end of the acceptor stem. In these respects it resembles eukaryotes

The D loop of prokaryote initiator tRNAs contains an A11, U24 base pair. All other tRNAs have a Y11, R24 base pair. Eukaryotic cytoplasmic initiator tRNAs have AU or AU* instead of T ψ in the T ψ C loop. Also, in eukaryotes instead of a pyrimidine nucleotide (Y) there is A at the 3' end of the T ψ C loop.

In some eukaryotic cytoplasmic initiator tRNAs the anticodon sequence CAU is preceded by C instead of U as in all other tRNAs. In prokaryotes the purine nucleotide following C in the T ψ C loop is A, while in eukaryotes it is G. In tRNA^f-met the nucleotide adjacent to the 3' side of the anticodon triplet is adenosine while in tRNA^{met} it is alkylated adenosine

Specificity of Transfer RNA - tRNA

Two important steps in translation during protein synthesis are the activation of amino acids and the transfer of amino acids to tRNAs. Each amino acid has a specific activating enzyme tRNA aminoacyl synthetase. Thus there are 20 different tRNA aminoacyl synthetases for the 20 common amino acids found in proteins.

Some tRNA synthetases can activate more than one amino acid, i.e. they show only a limited substrate specificity. Thus isoleucine tRNA synthetase can also activate L valine, and valine tRNA synthetase can also react with threonine. The enzymes, however, recognize only a specific set of tRNAs as substrates. Isoleucine tRNA synthetase recognizes only tRNA^{ileu} and valine tRNA synthetase recognizes only tRNA^{val}. Thus specificity is involved at two stages, activation of the amino acid and transfer of the amino acid to tRNA. Another group of enzymes, the tRNA aminoacyl transferases catalyse the transfer of an amino acid from the amino acid - tRNA complex to specific acceptor molecules.

UNIT-V: MOLECULAR BIOLOGY

GENETIC CODE

The genetic code is the set of rules used by living cells to translate information encoded within genetic material (DNA or mRNA sequences of nucleotide triplets, or codons) into proteins. Translation is accomplished by the ribosome, which links amino acids in an order specified by messenger RNA (mRNA), using transfer RNA (tRNA) molecules to carry amino acids and to read the mRNA three nucleotides at a time. The genetic code is highly similar among all organisms and can be expressed in a simple table with 64 entries.

The code defines how codons specify which amino acid will be added next during protein synthesis. With some exceptions,^[2] a three-nucleotide codon in a nucleic acid sequence specifies a single amino acid. The vast majority of genes are encoded with a single scheme (see the RNA codon table). That scheme is often referred to as the canonical or standard genetic code, or simply *the* genetic code, though variant codes (such as in human mitochondria) exist.

While the "genetic code" is what determines a protein's amino acid sequence, other genomic regions determine when and where these proteins are produced according to various "gene regulatory codes".

Codons

The Crick, Brenner, Barnett and Watts-Tobin experiment first demonstrated that codons consist of three DNA bases. Marshall Nirenberg and Heinrich J. Matthaei were the first to reveal the nature of a codon in 1961.

They used a cell-free system to translate a poly-uracil RNA sequence (i.e., UUUUU...) and discovered that the polypeptide that they had synthesized consisted of only the amino acid phenylalanine. They thereby deduced that the codon UUU specified the amino acid phenylalanine.

This was followed by experiments in Severo Ochoa's laboratory that demonstrated that the poly-adenine RNA sequence (AAAAA...) coded for the polypeptide poly-lysine^[6] and that the poly-cytosine RNA sequence (CCCC...) coded for the polypeptide poly-proline. Therefore, the codon AAA specified the amino acid lysine, and the codon CCC specified the amino acid proline. Using various copolymers most of the remaining codons were then determined.

Subsequent work by Har Gobind Khorana identified the rest of the genetic code. Shortly thereafter, Robert W. Holley determined the structure of transfer RNA (tRNA), the adapter molecule that facilitates the process of translating RNA into protein. This work was based upon Ochoa's earlier studies, yielding the latter the Nobel Prize in Physiology or Medicine in 1959 for work on the enzymology of RNA synthesis.

Extending this work, Nirenberg and Philip Leder revealed the code's triplet nature and deciphered its codons. In these experiments, various combinations of mRNA were passed through a filter that contained ribosomes, the components of cells that translate RNA into protein. Unique triplets promoted the binding of specific tRNAs to the ribosome. Leder and Nirenberg were able to determine the sequences of 54 out of 64 codons in their experiments.^[9] Khorana, Holley and Nirenberg received the 1968 Nobel for their work.

The three stop codons were named by discoverers Richard Epstein and Charles Steinberg. "Amber" was named after their friend Harris Bernstein, whose last name means "amber" in German. The other two stop codons were named "ochre" and "opal" in order to keep the "color names" theme.

Start/stop codons

Translation starts with a chain-initiation codon or start codon. The start codon alone is not sufficient to begin the process. Nearby sequences such as the Shine-Dalgarno sequence in *E. coli* and initiation factors are also required to start translation. The most common start codon is AUG, which is read as methionine or, in bacteria, as formylmethionine. Alternative start codons depending on the organism include "GUG" or "UUG"; these codons normally represent valine and leucine, respectively, but as start codons they are translated as methionine or formylmethionine.

The three stop codons have names: UAG is *amber*, UGA is *opal* (sometimes also called *umber*), and UAA is *ochre*. Stop codons are also called "termination" or "nonsense" codons. They signal release of the nascent polypeptide from the ribosome because no cognate tRNA has anticodons complementary to these stop signals, allowing a release factor to bind to the ribosome instead.^[26]

		1st base					
		U	C	A	G		
2nd base	U	UUU Phenylalanine UUC Phenylalanine UUA Leucine UUG Leucine	UCU Serine UCC Serine UCA Serine UCG Serine	UAU Tyrosine UAC Tyrosine UAA Stop UAG Stop	UGU Cysteine UGC Cysteine UGA Stop UGG Tryptophan	U C A G	
	C	CUU Leucine CUC Leucine CUA Leucine CUG Leucine	CCU Proline CCC Proline CCA Proline CCG Proline	CAU Histidine CAC Histidine CAA Glutamine CAG Glutamine	CGU Arginine CGC Arginine CGA Arginine CGG Arginine	U C A G	
	A	AUU Isoleucine AUC Isoleucine AUA Isoleucine AUG Methionine (Start)	ACU Threonine ACC Threonine ACA Threonine ACG Threonine	AAU Asparagine AAC Asparagine AAA Lysine AAG Lysine	AGU Serine AGC Serine AGA Arginine AGG Arginine	U C A G	
	G	GUU Valine GUC Valine GUA Valine GUG Valine	GCU Alanine GCC Alanine GCA Alanine GCG Alanine	GAU Aspartic Acid GAC Aspartic Acid GAA Glutamic Acid GAG Glutamic Acid	GGU Glycine GGC Glycine GGA Glycine GGG Glycine	U C A G	

Nonpolar, aliphatic
 Polar, uncharged
 Aromatic
 Positively charged
 Negatively charged

GENE EXPRESSION IN PROKARYOTES -LAC OPERON CONCEPT

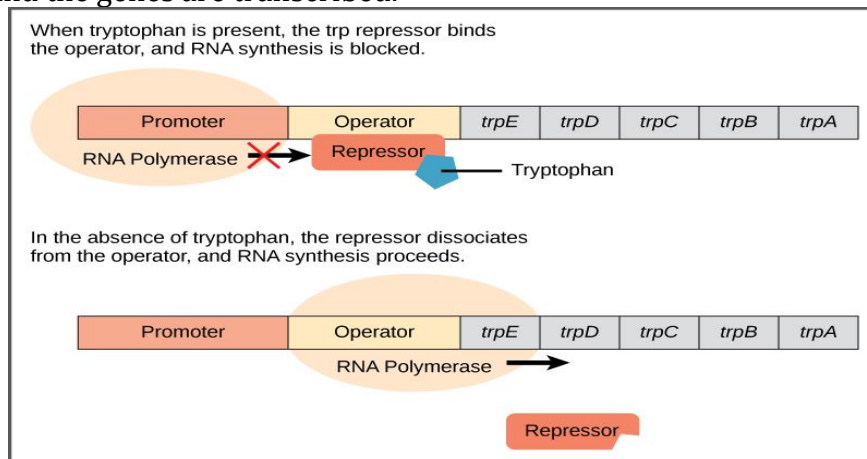
The DNA of prokaryotes is organized into a circular chromosome, supercoiled within the nucleoid region of the cell cytoplasm. Proteins that are needed for a specific function, or that are involved in the same biochemical pathway, are encoded together in blocks called operons. For example, all of the genes needed to use lactose as an energy source are coded next to each other in the lactose (or *lac*) operon, and transcribed into a single mRNA.

In prokaryotic cells, there are three types of regulatory molecules that can affect the expression of operons: repressors, activators, and inducers. Repressors and activators are proteins produced in the cell. Both repressors and activators regulate gene expression by binding to specific DNA sites *adjacent* to the genes they control. *In general, activators bind to the promoter site, while repressors bind to operator regions.* Repressors prevent transcription of a gene in response to an external stimulus, whereas activators increase the transcription of a gene in response to an external stimulus. Inducers are small molecules that may be produced by the cell or that are in the cell's environment. Inducers either activate or repress transcription depending on the needs of the cell and the availability of substrate.

The *trp* Operon: A Repressible Operon

Bacteria such as *Escherichia coli* need amino acids to survive, and are able to synthesize many of them. Tryptophan is one such amino acid that *E. coli* can either ingest from the environment or synthesize using enzymes that are encoded by five genes. These five genes are next to each other in what is called the tryptophan (*trp*) operon ((Figure)). The genes are transcribed into a single mRNA, which is then translated to produce all five enzymes. If tryptophan is present in the environment, then *E. coli* does not need to synthesize it and the *trp* operon is switched off. However, when tryptophan availability is low, the switch controlling the operon is turned on, the mRNA is transcribed, the enzyme proteins are translated, and tryptophan is synthesized.

The tryptophan operon. The five genes that are needed to synthesize tryptophan in *E. coli* are located next to each other in the *trp* operon. When tryptophan is plentiful, two tryptophan molecules bind the repressor protein at the operator sequence. This physically blocks the RNA polymerase from transcribing the tryptophan genes. When tryptophan is absent, the repressor protein does not bind to the operator and the genes are transcribed.



The *trp* operon includes three important regions: the coding region, the *trp* operator and the *trp* promoter. The coding region includes the genes for the five tryptophan biosynthesis enzymes. Just before the coding region is the transcriptional start site. The promoter sequence, to which RNA polymerase binds to initiate transcription, is before or “upstream” of the transcriptional start site. Between the promoter and the transcriptional start site is the operator region.

The *trp* operator contains the DNA code to which the *trp* repressor protein can bind. However, the repressor alone cannot bind to the operator. When tryptophan is present in the cell, two tryptophan molecules bind to the *trp* repressor, which changes the shape of the repressor protein to a form that can bind to the *trp* operator. Binding of the tryptophan–repressor complex at the operator physically prevents the RNA polymerase from binding to the promoter and transcribing the downstream genes.

When tryptophan is not present in the cell, the repressor by itself does not bind to the operator, the polymerase can transcribe the enzyme genes, and tryptophan is synthesized. Because the repressor protein actively binds to the operator to keep the genes turned off, the *trp* operon is said to be *negatively regulated* and the proteins that bind to the operator to silence *trp* expression are negative regulators.

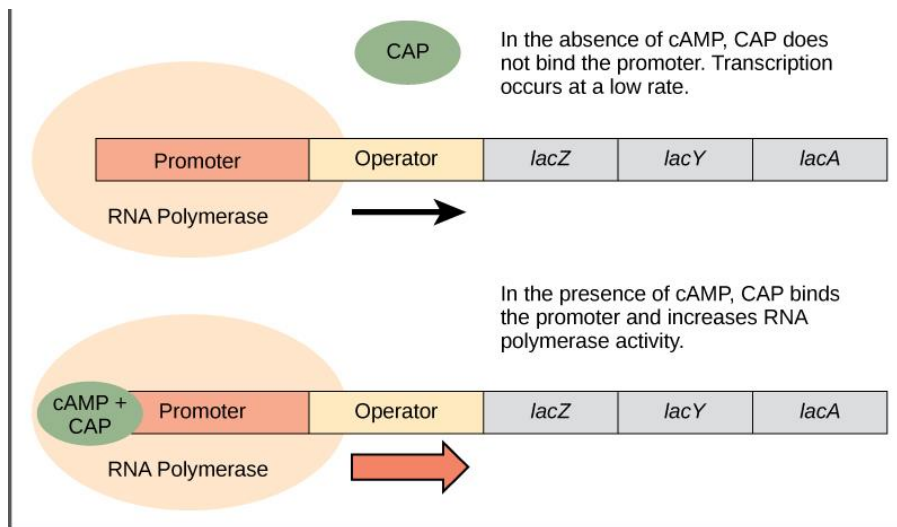
[Link to Learning](#)

Catabolite Activator Protein (CAP): A Transcriptional Activator

Just as the *trp* operon is negatively regulated by tryptophan molecules, there are proteins that bind to the promoter sequences that act as positive regulators to turn genes on and activate them. For example, when glucose is scarce, *E. coli* bacteria can turn to other sugar sources for fuel. To do this, new genes to process these alternate sugars must be transcribed. When glucose levels drop, cyclic AMP (cAMP) begins to accumulate in the cell.

The cAMP molecule is a signaling molecule that is involved in glucose and energy metabolism in *E. coli*. Accumulating cAMP binds to the positive regulator catabolite activator protein (CAP), a protein that binds to the promoters of operons which control the processing of alternative sugars. When cAMP binds to CAP, the complex then binds to the promoter region of the genes that are needed to use the alternate sugar sources (([Figure](#))). In these operons, a CAP-binding site is located upstream of the RNA-polymerase-binding site in the promoter. CAP binding stabilizes the binding of RNA polymerase to the promoter region and increases transcription of the associated protein-coding genes.

Transcriptional activation by the CAP protein. When glucose levels fall, *E. coli* may use other sugars for fuel but must transcribe new genes to do so. As glucose supplies become limited, cAMP levels increase. This cAMP binds to the CAP protein, a positive regulator that binds to a promoter region upstream of the genes required to use other sugar sources.



The *lac* Operon: An Inducible Operon

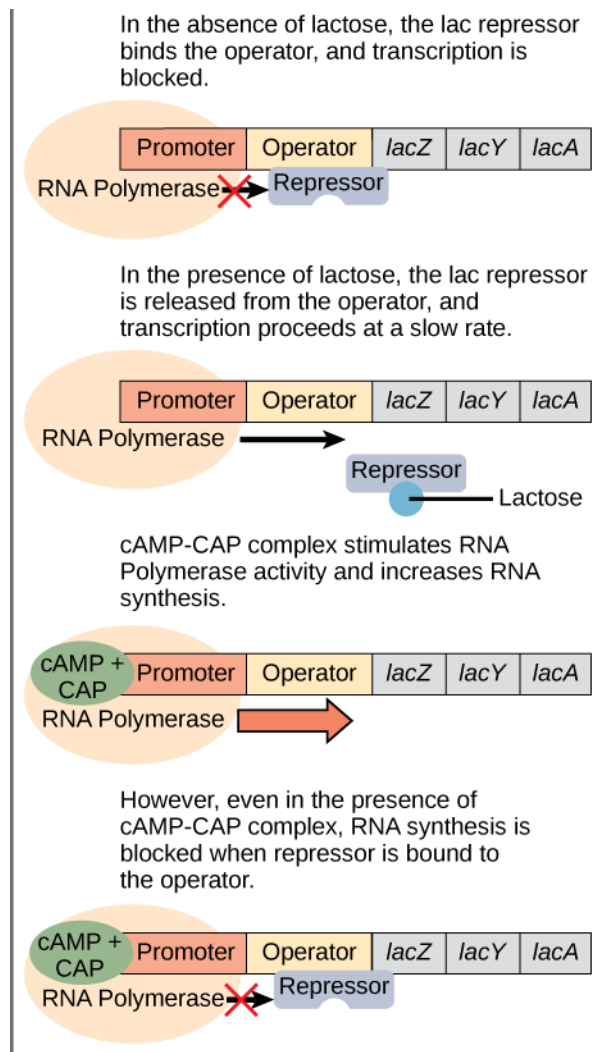
The third type of gene regulation in prokaryotic cells occurs through *inducible operons*, which have proteins that bind to activate or repress transcription depending on the local environment and the needs of the cell. The *lac* operon is a typical inducible operon. As mentioned previously, *E. coli* is able to use other sugars as energy sources when glucose concentrations are low. One such sugar source is lactose. The *lac* operon encodes the genes necessary to acquire and process the lactose from the local environment. The Z gene of the *lac* operon encodes beta-galactosidase, which breaks lactose down to glucose and galactose.

However, for the *lac* operon to be activated, two conditions must be met. First, the level of glucose must be very low or non-existent. Second, lactose must be present. Only when glucose is absent and lactose is present will the *lac* operon be transcribed ((Figure)). In the absence of glucose, the binding of the CAP protein makes transcription of the *lac* operon more effective. When lactose is present, it binds to the *lac* repressor and changes its shape so that it cannot bind to the *lac* operator to prevent transcription. This combination of conditions makes sense for the cell, because it would be energetically wasteful to synthesize the enzymes to process lactose if glucose was plentiful or lactose was not available.

Visual Connection

Regulation of the *lac* operon. Transcription of the *lac* operon is carefully regulated so that its expression only occurs when glucose is limited and lactose is present to serve as an alternative fuel source.

Tryptophan is an amino acid essential for making proteins, so the cell always needs to have some on hand. However, if plenty of tryptophan is present, it is wasteful to make more, and the expression of the *trp* receptor is repressed. Lactose, a sugar found in milk, is not always available. It makes no sense to make the enzymes necessary to digest an energy source that is not available, so the *lac* operon is only turned on when lactose is present.



If glucose is present, then CAP fails to bind to the promoter sequence to activate transcription. If lactose is absent, then the repressor binds to the operator to prevent transcription. If either of these conditions is met, then transcription remains off. Only when glucose is absent and lactose is present is the *lac* operon transcribed ((Figure)).

Gene Expression through Protein Synthesis- Transcription, Translation.

One of the most important activities of a cell is the production of proteins that fulfill major roles in the cell--structural, enzymatic, hormonal, and more. The instructions for building all the proteins an organism needs to make are located in the DNA molecules of the chromosomes. Chromosomes never leave the nucleus of the cell. However, protein synthesis is carried out by the ribosomes, small structures which either float freely in the cytoplasm or are attached to membrane networks that snake their way through the cell—both outside the nucleus.

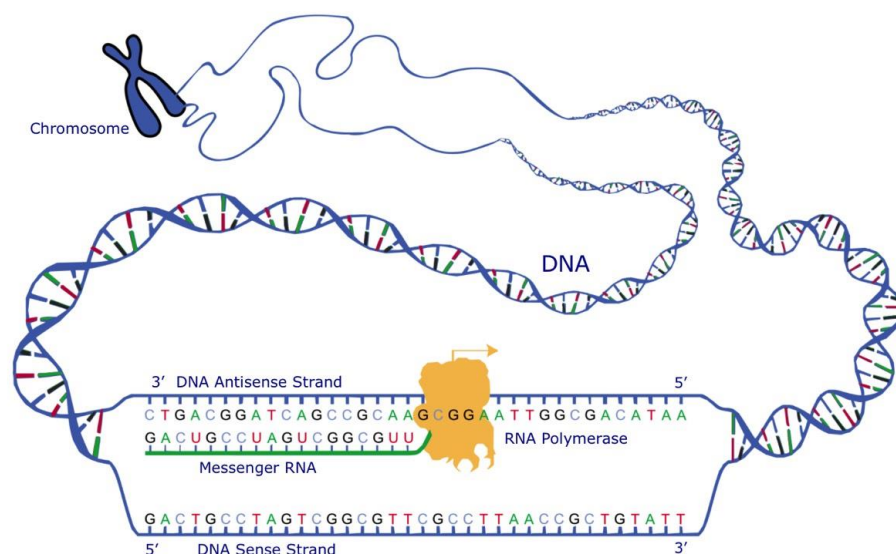
This section will explain briefly and superficially the way the instructions reach the ribosomes and how they are translated into the language of proteins. This information is not critical for understanding the use of DNA for genealogy but does form a foundation for understanding the way genetic mutations are expressed and a basis for understanding genetic differences.

A protein is a chainlike molecule built of subunits of smaller molecules called amino acids. We obtain most of our amino acids by digesting proteins taken in with our food. The digestive process breaks the protein chains down into individual amino acid molecules which are then absorbed by the blood and transported to the individual body cells. Human cells can also manufacture some amino acids. However, eight of the amino acids that are essential to building human proteins must be acquired from food. They eight essential amino acids are phenylalanine, valine, leucine, isoleucine, lysine, threonine, tryptophan and methionine. Histidine is essential for infants but not for adults.

Transcription

During protein synthesis, the free floating amino acids are reassembled into new chains. Each kind of protein has its own particular sequence of amino acids which differs from the sequence in every other kind of protein. In the same way the order of letters in a word give it its own specific form and meaning, it is the order of the amino acids in the chain that determines the protein's structure and function.

The code for ordering the amino acids of a protein is written as a sequence of bases in the DNA in the nucleus. However, since DNA never leaves the nucleus and proteins are constructed by ribosomes in the cytoplasm, the instructions must somehow be carried out of the nucleus to the ribosomes.



This is accomplished when the double spiral of DNA unwinds and unzips at the point where the instructions for the given protein are located. **This section of the DNA molecule is called a gene.** While it is unzipped, the gene acts as a pattern or template for another kind of nucleic acid called messenger RNA (mRNA). Each adenine of the unzipped DNA attracts a uracil, U (instead of a thymine as in DNA). The other bases, G, T, and C attract the same partners as they do in DNA replication, G attracts C, C attracts G, and T attracts A.

The newly formed, single stranded mRNA carries an accurate reproduction of the information that was recorded in the DNA. The formation of messenger RNA is called transcription.

Translation

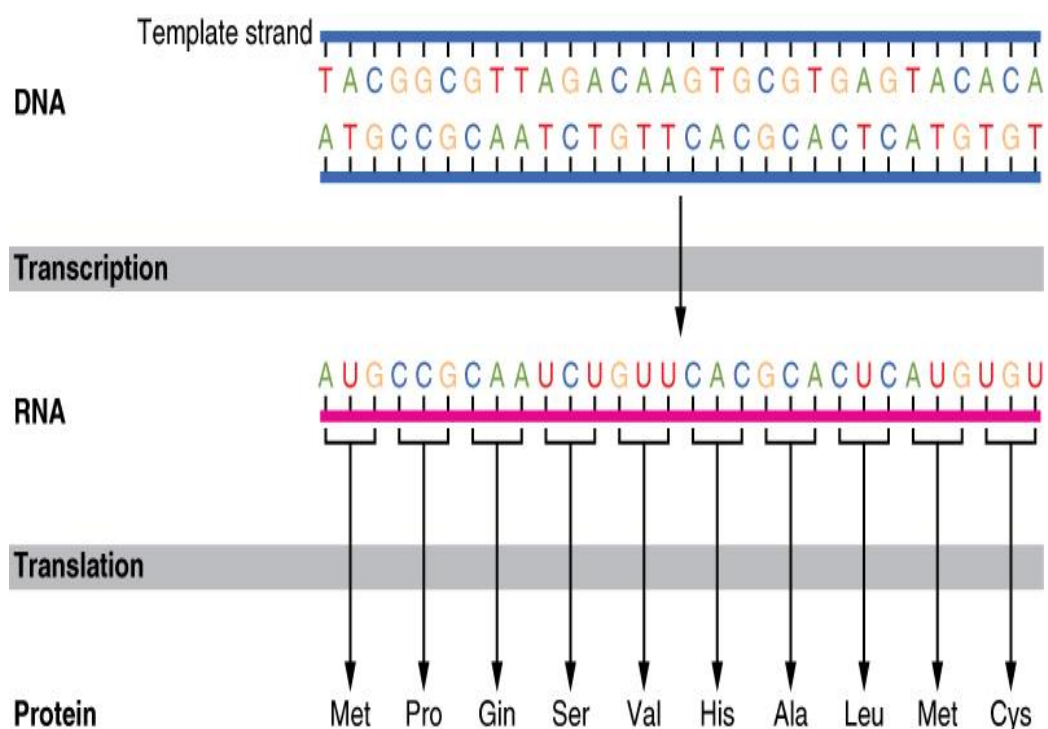
The molecules of messenger RNA (mRNA) leave the nucleus through small pores in the nuclear membrane carrying with them the instructions (encoded in the sequence of their nucleotides) that they picked up from the DNA molecule. In the cytoplasm, the mRNA molecule attaches to a small granular appearing organelle called a ribosome.

From the ribosome, mRNA molecules attract a second kind of smaller RNA molecule called **transfer RNA (tRNA)**. One end of a tRNA molecule has a special site which can only bind to one specific kind of amino acid.

There are many different types of transfer RNA molecules. In fact, there are more than one for each of 18 of the 20 different amino acids found in proteins (methionine and tryptophan being the exceptions). The other end of each tRNA molecule carries a unique "tag." The tag is written in the usual code of a nucleic acid--a sequence of bases. Each amino acid carrying molecule has its own three letter tag or code.

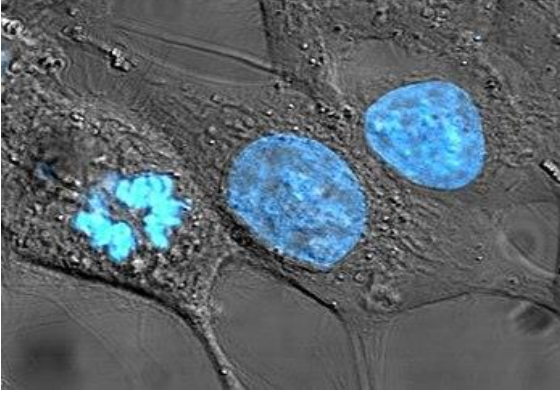
For example, the valine tRNA is tagged AAC, the alanine-transfer RNA is tagged GGC, the phenylalanine -tRNA is tagged AAA and so on. The three base pairs of the tRNA tags are attracted to their complementary partners on the mRNA that is lined up on the ribosome.

The three letter sequences of the mRNA are called a **codons**. The three letter tRNA tags are called **anticodons**. Guided by the mRNA, each transfer RNA donates its amino acid, in the proper order, to a growing chain of amino acids that will be joined by peptide bonds to form a new polypeptide (protein). And thus the language of nucleic acids is **translated** into the language of proteins.

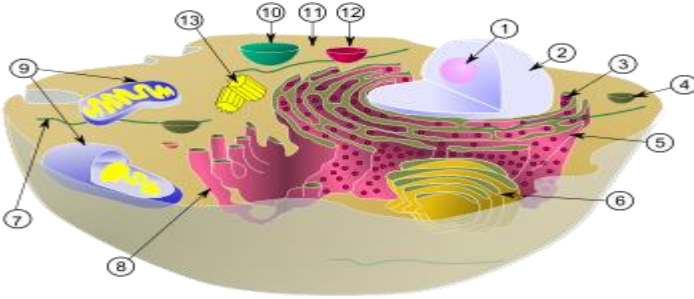


உயிரணுக் கரு

உயிரணு உயிரியலில், சில நேரங்களில் "கட்டுப்பாட்டு மையம்" எனவும் அழைக்கப்படும் கரு வானது (*கருக்கள்* என்பது பன்மை; *லத்தீன்* மொழியின் *nucleus* அல்லது *nuculeus* இலிருந்து வந்தது, இது கருமூலப்பகுதி என்னும் பொருளுடையது), யூக்கரியோட்டி உயிரணுக்களில் காணப்படுகின்ற மென்படலத்தால் உள்ளடக்கப்பட்ட அணு உள் அமைப்பு ஆகும். இது உயிரணுவின் பாரம்பரியப் பொருளைக் கொண்டிருக்கும். இது நிறமூர்த்தங்களை உருவாக்குவதற்கு, ஹிஸ்டோன்கள் போன்ற பலவகைப் புரதங்களுடனான சேர்மத்தில் பல நீண்ட நேரான டி.என்.ஏ மூலக்கூறுகளாக ஒழுங்கமைக்கப்பட்டிருக்கும். இந்த நிறமூர்த்தங்களிலுள்ள *மரபணுக்களே* உயிரணுவின் கருவுக்குரிய மரபுத்தொகுதி ஆகும். மரபணு வெளிப்படும் தன்மையை ஒழுங்குபடுத்துவதன் மூலம், இந்த மரபணுக்களின் ஒருமைப்பாட்டைப் பேணுவதும், உயிரணுவின் செயற்பாடுகளைக் கட்டுப்படுத்துவதும் கருவின் பணியாகும். ஆகவே கருவானது உயிரணுவின் கட்டுப்பாட்டு மையமாகும். கரு உறை மற்றும் கரு அடுக்கு ஆகியவை கருவை உருவாக்குகின்ற முக்கியமான கட்டமைப்புகள் ஆகும். இதில் கரு உறை என்பது இரட்டை மென்சவ்வு. இது அணு உள் அமைப்பை முழுமையாக மூடி, கருவின் சைட்டோப்பிளாசத்திலிருந்து அதன் உள்ளடக்கங்களைப் பிரிக்கிறது. கரு அடுக்கு என்பது கருவுக்குள் உள்ள ஒரு வலைப்பின்னல் ஆகும். செல்சட்டகம் மொத்தமாக உயிரணுவைத் தாங்குவது போல, இது பொறிமுறை ஆதரவை வழங்குகிறது. கரு மென்சவ்வானது பெரும்பாலான மூலக்கூறுகளை ஊடுபுகவிடாது என்பதால், கரு உறையினூடாக மூலக்கூறுகள் அசைவதை அனுமதிப்பதற்கு கருத் துளைகள் தேவைப்படுகின்றன. இந்தத் துளைகள் இரு மென்சவ்வுகளையும் கடக்கின்றன. இது சிறிய மூலக்கூறுகளும், அயன்களும் சுதந்திரமாக அசைய அனுமதிக்கின்ற தடத்தை வழங்குகிறது. புரதங்கள் போன்ற பெரிய மூலக்கூறுகளின் அசைவானது கவனமாகக் கட்டுப்படுத்தப்படுகிறது. இதற்கு காவிப் புரதங்களால் ஒழுங்குபடுத்தப்படும் இயக்கத்திலுள்ள போக்குவரத்து அவசியம். கருவுக்குரிய போக்குவரத்தானது உயிரணுவின் செயற்பாட்டுக்கு இன்றியமையாதது. ஏனெனில் துளைகளின் ஊடான அசைவானது மரபணு வெளிப்படுத்தும் தன்மை மற்றும் நிறமூர்த்தப் பராமரிப்பு இரண்டுக்குமே தேவையாகும்.

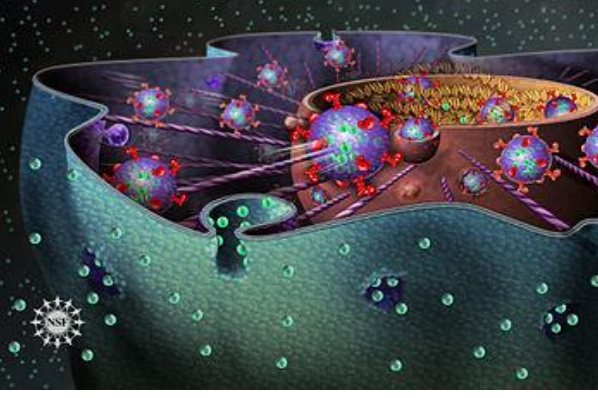


புளூ ஹோஎசெஸ்ட் மையால் டி.என்.ஏ க்கு நிறமூட்டப்பட்ட HeLa உயிரணுக்கள். மத்திய மற்றும் வலதுபக்கத்திலுள்ள உயிரணுக்கள் இடைக்கட்டத்தில் உள்ளன. எனவே அவற்றின் முழு கருக்களும் குறியிடப்படுகின்றன. இடது புறத்தில் ஒரு உயிரணுவானது இழையுருப் பிரிப்புக்கு உள்ளாகிறது. இதன் டி.என்.ஏ ஆனது பிரிவுக்காக சுருக்கப்பட்டுள்ளது.



மாதிரி விலங்கு உயிரணுவின் நுண் உறுப்புகள்:

- (1) கருவிற்கரு அல்லது புன்கரு
- (2) உயிரணுக் கரு
- (3) இரைபோசோம்
- (4) சுரப்பு புடகம் (Vesicle)
- (5) அழுத்தமற்ற அகக்கலவுருச் சிறுவலை
- (6) கொல்கி உபகரணம்
- (7) கலமென்சவ்வு
- (8) அழுத்தமான அகக்கலவுருச் சிறுவலை
- (9) இழைமணி
- (10) புன்வெற்றிடம் (Vacuole)
- (11) குழியமுதலுரு (Cytosol)
- (12) இலைசோசோம்
- (13) புன்மையுத்தி (Centriole)



உயிரணு விழுங்கல் ஊடாக கருவினுள் ஒரு பொருள் உட்செல்லல். உயிரணு மென்சவ்விலிருந்து கருவுக்குச் செல்லும் பகோசோம். பின்னர் கருவால் விழுங்கப்படும். இதனால் அதன் உள்ளடக்கங்கள் விடுவிக்கப்படுகின்றன.

கருவின் உட்பகுதியானது மென்சவ்வால் சூழப்பட்ட எந்தவொரு உப அறைகளைக் கொண்டிராத போதும், இதன் உள்ளடக்கங்கள் சீரானவை அல்ல. மேலும் தனித்துவமான புரதங்கள், [ஆர்.என்.ஏ](#) மூலக்கூறுகள், மற்றும் நிறமூர்த்தங்களின் நுணுக்கமான பகுதிகள் ஆகியவற்றாலான பல [துணைக்கரு உடல்கள்](#) உள்ளன. இவற்றில் மிகவும் அறியப்பட்டது புன்கரு ஆகும். இது பிரதானமாக [ரைபோசோம்களின்](#) கூட்டத்தில் உள்ளடக்கப்படும். புன்கருவில் உருவாக்கப்பட்ட பின்னர், ரைபோசோம்களானவை mRNA ஐ மொழிபெயர்க்கின்ற சைட்டோபிளாசத்திற்கு அனுப்பப்படும்.

நிறப்புரி:

நிறப்புரி அல்லது நிறமூர்த்தம் (*Chromosome*, குரோமோசோம்)

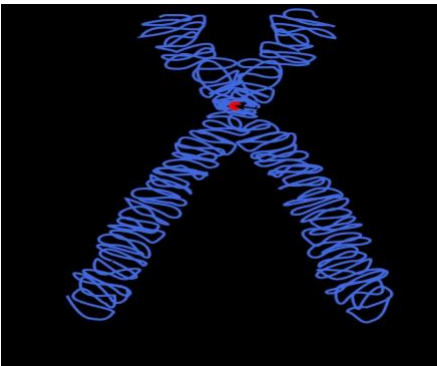
என்பது [மரபியல்](#) தகவல்களை

கடத்தக்கூடிய [மரபணுக்களைக்](#) கொண்ட, [உயிரணுக்களில்](#) காணப்படு

ம் [டி.என்.ஏ](#) மூலக்கூற்றையும் அதனுடன்

இணைந்த [புரதங்களையும்](#) குறிக்கின்றது.

இது [மெய்க்கருவுயிரிகளின்](#) உயிரணுவில் இருக்கும் [கருவில்](#) ஒரு நூலிழை போன்ற அமைப்பையும்; [பாக்டீரியாக்களிலும்](#),



மெய்க்கருவுயிரிகளின் [இழைமணிகளிலும்](#), [தாவரங்களின்பச்சையவுருமணிகளிலும்](#) வட்டவடிவிலான அமைப்பையும் கொண்டிருக்கின்றது^[1]

கலப்பிரிவு

e

கலப்பிரிவு அல்லது உயிரணுப்பிரிவு (*cell division*)

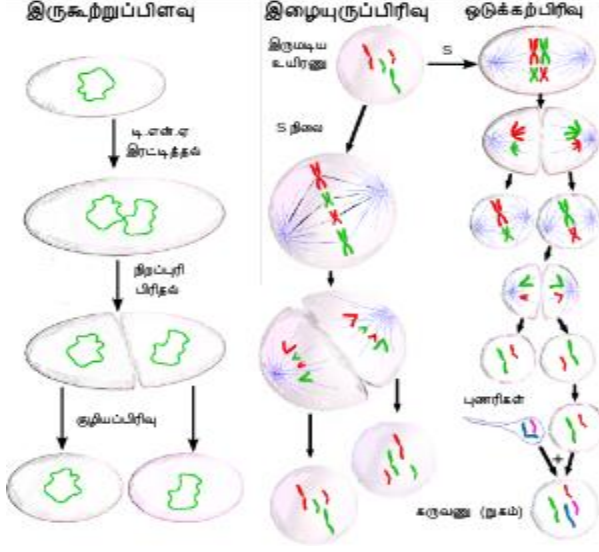
என்பது [உயிரணுக்கள் அல்லது கலங்கள் பிரிந்து பெருகும் செய்முறை](#) ஆகும். கலப்பிரிவானது கலவட்டத்தின் ஒரு சிறிய பகுதியாகும். பல்கல உயிரினங்கள் வளர்ச்சியின் போது பருமனில் அதிகரித்துச் செல்லவும் புதிய [இழையங்களை](#) உருவாக்கவும் இழந்தவற்றை ஈடு செய்யவும் [இனப்பெருக்கத்தின்](#) போது [புணரிகளின்](#) எண்ணிக்கையை அதிகரித்துக் கொள்வதற்காகவும் கலப்பிரிவு உதவுகின்றது. ஒருகல உயிரினங்களில் எளிய கலப்பிரிவு மூலம் இனப்பெருக்கம் நடைபெறுகின்றது. இத்தகைய கலப்பிரிவு இருகூற்றுப்பிளவு (Binary fission) எனப்படும்.

பல்கல [உயிரினங்களில்](#) சில கலங்கள் கணிசமான அளவு காலப்பகுதியின் பின்னர் பிரியும் சக்தியை இழந்து விடுகின்றன. சில கலங்கள் தொடர்ந்து பிரியும் ஆற்றலுடையவையாக காணப்படுகின்றன. [என்பு](#) மச்சைக் குழியங்கள், மூலவுயிர் மேலணிக் கலங்கள் போன்றன

இத்தகையனவாகும். [நரம்புக்](#) கலங்கள், [தசைக்கலங்கள்](#) போன்ற சில கலங்கள் பிரியுமாற்றல் அற்றவையாக அனேகமாக உயிரினத்தின் பெருமளவு வாழ்க்கைக் காலப்பகுதி முழுவதும் காணப்படுகின்றன.

[மெய்க்கருவுயிரி](#) வகை

உயிரினங்களில் [இழையுருப்பிரிவு](#), [ஒடுக்கற்பிரிவு](#) என்னும் இரண்டு பிரதான கலப்பிரிவு வகைகள் காணப்படுகின்றன. இவையிரண்டுமே இரண்டு திட்டமான படிமுறைகளினூடாக நடைபெறுபவை. இழையுருப் பிரிவு, உயிரணுக்களிலுள்ள [நிறப்புரிகளின்](#) மடிய எண்ணிக்கையில் [1] மாற்றம் ஏற்படுத்தாத நிலையையும், ஒடுங்கற்பிரிவு மடிய எண்ணிக்கையை அரைவாசியாக மாற்றுவதாகவும் அமையும்.



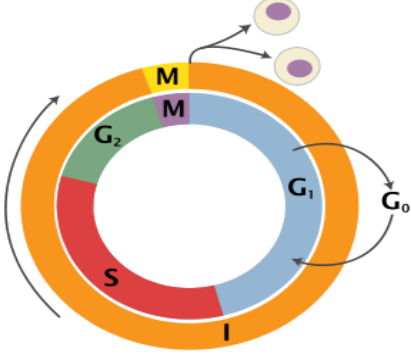
கலப்பிரிவின் மூன்று வகைகள்

கல வட்டம்: ஒரு கலத்தின் கலப்பிரிவின் ஆரம்பத்துக்கும், அடுத்த

கலப்பிரிவின் ஆரம்பத்துக்கும் இடையே கலத்தில் நடைபெறும் சகல செயற்பாடுகளும் ஒருமித்து கல வட்டம் (cell cycle, அல்லது cell-division cycle) என அழைக்கப்படும். கலவட்டத்தின் இறுதியில் புதிய கலங்கள் தோற்றுவிக்கப்படும். பாக்டீரியா கலங்களில் இருகூற்றுப் பிளவு இறுதியாக நடைபெற்று இரு புதிய கலங்கள் தோற்றுவிக்கப்படும். யூக்கரியோட்டா (மெய்க்கருவயிரி) கலங்களில் தாய்க்கலத்தை ஒத்த இரு மகட்கலங்கள் தோற்றுவிக்கப்படும் இழையுருப்பிரிவோ அல்லது புணரி உருவாக்கத்துக்காக நடைபெறும் ஒடுக்கற்பிரிவு நடைபெறலாம். பொதுவாக இழையுருப்பிரிவு இரண்டு மகட் கலங்களையும், ஒடுக்கற்பிரிவு நான்கு மகட் கலங்களையும் தோற்றுவிக்கின்றன. கலப்பிரிவு கல வட்டத்தை எல்லைப்படுத்தும் அவத்தையாக இருந்தாலும், அனேகமான கலங்களில் அது கல வட்டத்தின் குறுகிய நேரத்தையே பிடித்திருக்கும். கல வட்டத்தில் கலப்பிரிவு (இழையுருப்பிரிவு அல்லது ஒடுக்கற்பிரிவு) நடைபெறாத அவத்தை இடையவத்தை என அழைக்கப்படும். இடையவத்தையின் போதே கலம் வளர்ச்சியடைவதுடன் ஊட்டச்சத்துக்களையும் சேமிக்கின்றது. பொதுவாக கலவட்டத்தில் இடையவத்தையே மிக நீண்ட அவத்தையாகும். போதியளவு வளர்ச்சியடைந்த பிற்பாடே கலப்பிரிவு நடைபெறும். பல கல வட்டங்கள் பூர்த்தியாக்கப்படுவதாலேயே கருக்கட்டலின் போது உருவாகும் தனிக்கல நுகம் வளர்ச்சியடைந்து பல்கல முழுவடலி ஆகின்றது. தொடர்ச்சியாக வளர்ச்சியடையும்

கலத்திரளில் இடையவத்தை, இழையுருப்பிரிவு அவத்தை ஆகிய இரு அவத்தைகளே உள்ளன. எனினும் வியத்தமடைந்த கலங்கள் G_0 எனும்

நிலைக்கும் செல்கின்றன. இது இறுதி கல வட்டத்தின் இறுதியில் பெறப்படும் அவத்தையாகும். இந்நிலையை அடைந்த கலங்கள் மீண்டும் கலவட்டத்துக்குள் சென்று புதிய கலங்களைத் தோற்றுவிப்பதில்லை. தூண்டப்படும் போது சில G_0 அவத்தைக் கலங்கள் மீண்டும் கலவட்டத்துக்குள் உள்வாங்கப்படலாம். கல வட்ட அவத்தைகள்:



கல வட்ட அவத்தைகளைக் காட்டும் வரைபடம். வெளி வளையத்தால் குறிக்கப்பட்டுள்ள பிரதான அவத்தைகள்: I = [இடையவத்தை](#), M = [இழையுருப்பிரிவு](#); உள் வளையத்தால் காட்டப்படும் அவத்தைகளும் உப அவத்தைகளும்: M = [இழையுருப்பிரிவு](#), G_1 = [G1 அவத்தை](#), G_2 = [G2 அவத்தை](#), S = [S அவத்தை](#); வளையத்தால் காட்டப்படாதது: G_0 = [G0 அவத்தை](#).^[1]

இழையுருப்பிரிவு

mitosis

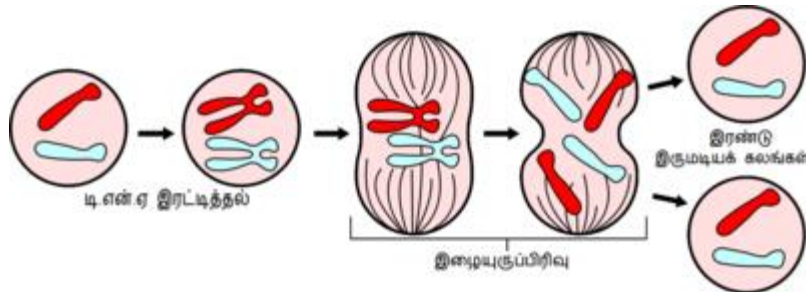
[உயிரியலில் இழையுருப்பிரிவு](#) (*Mitosis*)

என்பது [மெய்க்கருவுயிரிகளின் உயிரணுக்களில்](#) (கலங்களில்) [உயிரணுப்பிரிவு](#) நடைபெறும்போது, ஒன்றையொன்று ஒத்த, ஒரே மாதிரியான இரு [உயிரணுக்கள்](#) உருவாவதுடன், ஒவ்வொரு உயிரணுவிலும் காணப்படும் [நிறப்புரிகளும்](#), [மரபியல்](#) உள்ளடக்கமும் தாய் உயிரணுவை ஒத்ததாகக் இருக்குமாறும் நிகழும் செயல்முறையாகும். பொதுவாக இழையுருப்பிரிவு நிறைவடைந்தவுடன் குழியவுருப்பிரிவு (Cytokinesis) நடைபெறும்.^[1] குழியவுருப்பிரிவின் போது புன்னங்கங்கள், குழியவுரு, கல மென்சவ்வு என்பன இழையுருப்பிரிவின் போது தோற்றுவிக்கப்பட்ட இரு மகட்கலங்களுக்கும் பகிர்ந்தளிக்கப்படுகின்றன. இழையுருப்பிரிவு மெய்க்கருவுயிரிகளுக்கு மாத்திரம் தனித்துவமான ஒன்றாகும். இது [பாக்டீரியா](#), [ஆர்க்கியா](#) ஆகிய நிலைக்கருவிலிகளில் நடைபெறுவதில்லை. வெவ்வேறு நிலைக்கருவிலி வகைகளில்

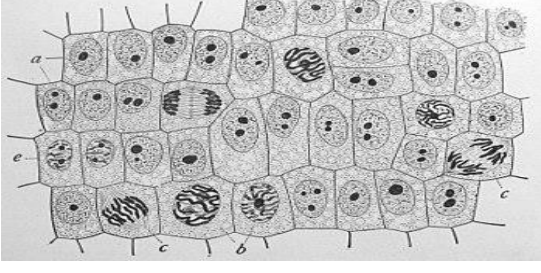
வெவ்வேறு விதமாக இழையுருப்பிரிவு நடைபெறுகின்றது. விலங்குக்கலங்களில் முன் அனுவவத்தையின் போது கருவுறை/ கரு மென்சவ்வு அழிந்து, கலத்தினுள்ளே நிறமூர்த்தங்கள் பகிரப்படுகின்றன. பூஞ்சைகளிலும் சில புரொட்டிஸ்டுக்களிலும் கரு மென்சவ்வு அழிவடைவதில்லை. கரு மென்சவ்வு அவ்வாறே இருக்க கருவினுள்ளே இழையுருப்பிரிவு நடைபெறுகின்றது. பின்னர் கருவும், கலமும் பிரிகின்றன (பூஞ்சையில் கரு மாத்திரமே பிரிகின்றது-கலம் பிரிவடைவதில்லை). இழையுருப்பிரிவே பல்கல உயிரினங்களின் உடல் வளர்ச்சிக்குக் காரணமாகின்றது.

ஒருகல நுகம் இழையுருப்பிரிவு மூலமே பல்கல நிறையுடலியாக மாற்றமடைகிறது. அதாவது இழையுருப்பிரிவு மூலம் உருவாகிய ஒரு மனிதனின் உடலிலுள்ள கலங்கள் அமைப்பு, உருவம், தொழில் என்பவற்றால் மாறுபட்டாலும், அவை அனைத்தும் ஒரே மரபணுத்தகவலையே கொண்டுள்ளன. பல்கல உயிரினங்களில் பொதுவாக வளர்ச்சிக்காகவே இழையுருப்பிரிவைப் பயன்படுத்தினாலும், சில வேளைகளில் இலிங்கமில் இனப்பெருக்கத்துக்கும் இழையுருப்பிரிவு பயன்படுத்தப்படுகின்றது. இழையுருப்பிரிவு பொதுவாக ஐந்து அவத்தைகளில் நிகழ்கின்றது. இழையுருப்பிரிவு ஆரம்பிக்கையில் ஒரு கலமும் முடிவுறும் போது இரு கலங்களும் இருக்கும். அவத்தைகள்:

- முன்னவத்தை (prophase)
- முன் அனுவவத்தை (prometaphase)
- அனுவவத்தை (metaphase)
- மேன்முக அவத்தை (anaphase)
- ஈற்றவத்தை (telophase)



இழையுருப்பிரிவுக்கு முன்னும் பின்னும்: அடிப்படை



கல வட்டத்தின் வெவ்வேறு அவத்தைகளில் உள்ள [வெங்காயக்](#) கலங்கள். சில இழையுருப்பிரிவை நிகழ்த்துகின்றன.

குழியவுருப்பிரிவு [தொகு](#)



இழையுருப்பிரிவடைந்த பின் குழியவுருப்பிரிவடையும் இரு புரொட்டிஸ்டுக் கலங்கள். இங்கு பிளவுச் சாலைத் தெளிவாக அவதானிக்கலாம்.

இழையுருப்பிரிவு நிறைவடைந்த பின்னர் கல வட்டத்தின் இறுதி அவத்தையாக நடைபெறுவது குழியவுருப்பிரிவாகும். விலங்குக்கலங்களின் குழியவுருப்பிரிவின் போது பிளவுச்சால் உருவாக்கப்பட்டு அதில் சுருங்கும் வளையம் விருத்தியாக்கப்படும். இவ்வமைப்புகள் குழியவுருவையும், புன்னங்கங்களையும் இரு கலங்களுக்கும் பகிர்ந்தளித்து கலங்களை பொறிமுறை ரீதியாகப் பிரித்தெடுக்கும்.

இழையுருப்பிரிவின் முக்கியத்துவம் [தொகு](#)

- வளர்ச்சியும் விருத்தியும்

பல்கல உயிரினங்களின் கல எண்ணிக்கை அதிகரிக்கச் செய்தல். தனிக்கல நுகத்திலிருந்து இழையுருப்பிரிவின் மூலம் பல்கல உயிரினம் உருவாகின்றது.

- கலப் பிரதியீடு

கல இறப்பினால் இழக்கப்பட்ட கலங்களைப் பிரதியீடு செய்ய இழையுருப்பிரிவு பயன்படுகின்றது. உடலில் வாழ்நாள் குறைந்த குருதிக் கலங்கள், மேலணிக் கலங்கள் இறக்க அவற்றை

இழையுருப்பிரிவு மூலம் உருவாகிய புதிய கலங்கள் பிரதியீடு செய்கின்றன.

- **இழந்த பகுதிகளைப் புத்துயிர்த்தல்**

இழக்கப்பட்ட பாகங்களைச் சில உயிரினங்களால் இழையுருப்பிரிவு மூலம் புத்துயிர்க்கச் செய்ய முடியும். [பல்லிகளின்](#) வால் இழக்கப்பட்ட பின்னர் புத்துயிர்ப்பு மூலமே மீண்டும் வளருகின்றது.

- **இலிங்கமில் இனப்பெருக்கம்**

மெய்க்கருவுயிரிகளின் இலிங்கமில் இனப்பெருக்கம் பொதுவாக இழையுருப்பிரிவால் அல்லது அதன் விளைவுகளாலேயே நடைபெறுகின்றது. உதாரணமாக தாவரங்களின் நிலக்கீழ்த் தண்டு போன்ற இலிங்கமில் இனப்பெருக்க உறுப்புக்கள் இழையுருப்பிரிவு மூலமே தோற்றம் பெற்றன.

இழையுருப்பிரிவு மற்றும் ஒடுக்கற்பிரிவுக்கிடையிலான ஒப்பீடு [தொகு](#)

	ஒடுக்கற்பிரிவு	இழையுருப்பிரிவு
இறுதி விளைவு	தாய்க்கலத்தினை விட நிறமூர்த்த எண்ணிக்கை அரைவாசியாக்கப்பட்ட 4 மகட்கலங்கள்	தாய்க்கலத்தின் நிறமூர்த்த எண்ணிக்கையை உடைய 2 மகட்கலங்கள்
நோக்கம்	இலிங்க இனப்பெருக்கத்துக்காக புணரிகளை (அ) புணரிச் சந்ததியை உருவாக்கல்	கல எண்ணிக்கையைக் கூட்டல், வளர்ச்சி, கலப்பிரதியீடு, இலிங்கமில் இனப்பெருக்கம்.
எந்த உயிரினங்களில் நடைபெறும்?	அனைத்து யூக்கரியோட்டாக்களிலும்	அனைத்து யூக்கரியோட்டாக்களிலும்

படிமுறைகள்	முன்னவத்தை I, அனு அவத்தை I, மேன்முக அவத்தை I, ஈற்றவத்தை I, முன்னவத்தை II, அனு அவத்தை II, மேன்முக அவத்தை II, ஈற்றவத்தை II	முன்னவத்தை, அனு அவத்தை, மேன்முக அவத்தை, ஈற்றவத்தை
பிறப்புரிமை ரீதியாகத் தாய்க்கலத்தை ஒத்திருத்தல்	இல்லை	பொதுவாக ஒத்திருக்கும்.
குறுக்குப் பரிமாற்றம் நிகழல்	முன்னவத்தை I இல் நிகழும்	பொதுவாக இல்லை. சிலவேளை நடைபெறலாம்.
அமைப்பொத்த நிறமூர்த்தங்கள் சோடி சேரல்	ஆம்	இல்லை
குழியவுருப் பிரிவு	ஈற்றவத்தை I, ஈற்றவத்தை II இல் நிகழும்	ஈற்றவத்தையில் நிகழும்.
ஒட்டும் புரதம் பிளத்தல்	மேன்முக அவத்தை Iஇல் நடைபெறாது, மேன்முக அவத்தை IIஇல் நடைபெறும்.	மேன்முக அவத்தையில் நடைபெறும்.

UNIT-IV: ඌலக்கூறு உயிரியல்

நியூக்ளிக் அமிலம்(Nucleic acid)

நியூக்ளிக் அமிலங்கள் பையோபாலிமர்கள் அல்லது பெரிய உயிர் அணுக்கள் ஆகும். அவை அறியப்பட்ட அனைத்து வகையான உயிர்களுக்கும் அவசியம். நியூக்ளிக் அமிலம் என்ற சொல் டி.என்.ஏ மற்றும் ஆர்.என்.ஏ ஆகியவற்றின் ஒட்டுமொத்த பெயர். அவை நியூக்ளியோடைட்களால் ஆனவை, அவை மூன்று கூறுகளால் ஆன மோனோமர்கள்: 5-கார்பன் சர்க்கரை, ஒரு பாஸ்பேட் குழு மற்றும் ஒரு நைட்ரஜன் அடிப்படை. சர்க்கரை ஒரு கலவை ரைபோஸ் என்றால், பாலிமர் ஆர்.என்.ஏ (ரிபோநியூக்ளிக் அமிலம்); சர்க்கரை ரைபோஸிலிருந்து டியோக்ஸிரிபோஸ் எனப் பெறப்பட்டால், பாலிமர் டி.என்.ஏ (டியோக்ஸைரிபோனூக்ளிக் அமிலம்) ஆகும்.

அனைத்து உயிரி மூலக்கூறுகளிலும் நியூக்ளிக் அமிலங்கள் மிக முக்கியமானவை. இவை எல்லா உயிரினங்களிலும் ஏராளமாகக் காணப்படுகின்றன, அங்கு அவை பூமியில் உள்ள ஒவ்வொரு உயிரின வடிவ உயிரினங்களின் ஒவ்வொரு உயிரணுக்களின் தகவல்களையும் உருவாக்கி குறியாக்கி பின்னர் சேமித்து வைக்கின்றன. இதையொட்டி, அவை உயிரணுக்களுக்கு உள்ளேயும் வெளியேயும் அந்த தகவலை-கலத்தின் உட்புற செயல்பாடுகளுக்கும், இறுதியில் ஒவ்வொரு உயிரினத்தின் அடுத்த தலைமுறையினருக்கும் அனுப்பவும் வெளிப்படுத்தவும் செயல்படுகின்றன. குறியிடப்பட்ட தகவல்கள் நியூக்ளிக் அமில வரிசை வழியாகக் கொண்டு அனுப்பப்படுகின்றன, இது ஆர்.என்.ஏ மற்றும் டி.என்.ஏ மூலக்கூறுகளுக்குள் நியூக்ளியோடைட்களின் 'ஏணி-படி' வரிசையை வழங்குகிறது.

நியூக்ளியோடைட்களின் சரங்கள் ஹெலிகல் முதுகெலும்புகளை உருவாக்குவதற்கு பிணைக்கப்பட்டுள்ளன-பொதுவாக, ஆர்.என்.ஏ-க்கு ஒன்று, டி.என்.ஏ-க்கு இரண்டு-மற்றும் ஐந்து முதன்மை, அல்லது நியமன, நியூக்ளியோபேஸ்களிலிருந்து தேர்ந்தெடுக்கப்பட்ட அடிப்படை-ஜோடிகளின் சங்கிலிகளாக அவை இணைக்கப்படுகின்றன, அவை: அடினின், சைட்டோசின், குவானைன், தைமைன், மற்றும் யுரேசில். தைமைன் டி.என்.ஏ மற்றும் யுரேசில் ஆர்.என்.ஏவில் மட்டுமே நிகழ்கிறது. அமினோ அமிலங்கள் மற்றும் புரத தொகுப்பு என அழைக்கப்படும் செயல்முறையைப் பயன்படுத்தி, இந்த நியூக்ளியோபேஸ்-ஜோடிகளின் டி.என்.ஏவில் குறிப்பிட்ட வரிசைமுறை குறியீட்டு வழிமுறைகளை மரபணுக்களாக சேமித்து அனுப்ப உதவுகிறது. ஆர்.என்.ஏ இல், அடிப்படை-ஜோடி வரிசைமுறை புதிய புரதங்களை உற்பத்தி செய்வதற்கு வழங்குகிறது, அவை பிரேம்கள் மற்றும் பாகங்கள் மற்றும் அனைத்து உயிர் வடிவங்களின் பெரும்பாலான வேதியியல் செயல்முறைகளையும் தீர்மானிக்கின்றன.

டியோக்ஸைரிபோனியூக்ளிக் அமிலம் (டி.என்.ஏ) என்பது இரண்டு பாலிநியூக்ளியோடைடு சங்கிலிகளால் ஆன ஒரு மூலக்கூறு ஆகும், அவை ஒருவருக்கொருவர் சுருண்டு, வளர்ச்சி, செயல்பாடு, வளர்ச்சி மற்றும் அறியப்பட்ட அனைத்து உயிரினங்கள் மற்றும் பல வைரஸ்களின் இனப்பெருக்கம். டி.என்.ஏ மற்றும் ரிபோநியூக்ளிக் அமிலம் (ஆர்.என்.ஏ) நியூக்ளிக் அமிலங்கள். புரதங்கள், லிப்பிடுகள் மற்றும் சிக்கலான கார்போஹைட்ரேட்டுகள் (பாலிசாக்கரைடுகள்) ஆகியவற்றுடன், நியூக்ளிக் அமிலங்கள் நான்கு முக்கிய வகை மேக்ரோமிகுலூக்களில் ஒன்றாகும், அவை அறியப்பட்ட அனைத்து வகையான உயிர்களுக்கும் அவசியமானவை.

இரண்டு டி.என்.ஏ இழைகளும் நியூக்ளியோடைடுகள் எனப்படும் எளிமையான மோனோமெரிக் அலகுகளால் ஆனதால் அவை பாலிநியூக்ளியோடைடுகள் என அழைக்கப்படுகின்றன. ஒவ்வொரு நியூக்ளியோடைடும் நான்கு நைட்ரஜன் கொண்ட நியூக்ளியோபேஸ்களில் (சைட்டோசின் [சி], குவானைன் [ஜி], அடினைன் [ஏ] அல்லது தைமைன் [டி]), டியோக்ஸைரிபோஸ் எனப்படும் சர்க்கரை மற்றும் ஒரு பாஸ்பேட் குழுவால் ஆனது. ஒரு நியூக்ளியோடைட்டின் சர்க்கரைக்கும் அடுத்த பாஸ்பேட்டுக்கும் இடையில் கோவலன்ட் பிணைப்புகள் (பாஸ்போ-டைஸ்டர் இணைப்பு என அழைக்கப்படுகிறது) மூலமாக நியூக்ளியோடைடுகள் ஒன்றோடு ஒன்று இணைக்கப்படுகின்றன, இதன் விளைவாக சர்க்கரை-பாஸ்பேட் முதுகெலும்பாக மாறுகிறது. இரண்டு தனித்தனி பாலிநியூக்ளியோடைடு இழைகளின் நைட்ரஜன் தளங்கள் அடிப்படை இணைத்தல் விதிகளின்படி (A உடன் T மற்றும் C உடன் G உடன்), ஹைட்ரஜன் பிணைப்புகளுடன் இரட்டை அடுக்கு டி.என்.ஏவை உருவாக்குகின்றன. நிரப்பு நைட்ரஜன் தளங்கள் பிரமிடிகள் மற்றும் ப்யூரின்ஸ் என இரண்டு குழுக்களாக பிரிக்கப்பட்டுள்ளன. டி.என்.ஏவில், பைரிமிடிகள் தைமைன் மற்றும் சைட்டோசின்; ப்யூரின்கள் அடீன் மற்றும் குவானைன் ஆகும்.

இரட்டை அடுக்கு டி.என்.ஏவின் இரண்டு இழைகளும் ஒரே உயிரியல் தகவல்களை சேமிக்கின்றன. இந்த தகவல்கள் இரண்டு இழைகளையும் பிரிக்கும்போது எப்போது பிரதிபலிக்கப்படுகின்றன. டி.என்.ஏவின் பெரும்பகுதி (மனிதர்களுக்கு 98% க்கும் அதிகமானவை) குறியீட்டு அல்லாதவை, அதாவது இந்த பிரிவுகள் புரத வரிசைகளுக்கான வடிவங்களாக செயல்படாது. டி.என்.ஏவின் இரண்டு இழைகளும் ஒருவருக்கொருவர் எதிர் திசைகளில் இயங்குகின்றன, இதனால் அவை இணையானவை. ஒவ்வொரு சர்க்கரையிலும் இணைக்கப்பட்டிருப்பது நான்கு வகையான நியூக்ளியோபேஸ்களில் ஒன்றாகும் (முறைசாரா முறையில், தளங்கள்).

முதுகெலும்புடன் இந்த நான்கு நியூக்ளியோபேஸ்களின் வரிசைதான் மரபணு தகவல்களை குறியீடாக்குகிறது. டிரான்ஸ்கிரிப்டன் எனப்படும் ஒரு செயல்பாட்டில் டி.என்.ஏ இழைகளை ஒரு டெம்ப்ளேட்டாகப் பயன்படுத்தி ஆர்.என்.ஏ இழைகள் உருவாக்கப்படுகின்றன, அங்கு டி.என்.ஏ தளங்கள் தைமினின் (டி) விஷயத்தைத் தவிர்த்து அவற்றின் தொடர்புடைய தளங்களுக்கு பரிமாறிக்கொள்ளப்படுகின்றன, இதற்காக ஆர்.என்.ஏ யுரேசில் (யு) ஐ மாற்றுகிறது. மரபணுக் குறியீட்டின் கீழ், இந்த ஆர்.என்.ஏ இழைகள் மொழிபெயர்ப்பு எனப்படும் ஒரு செயல்பாட்டில் புரதங்களுக்குள் அமினோ அமிலங்களின் வரிசையைக் குறிப்பிடுகின்றன. யூகாரியோடிக் கலங்களுக்குள், டி.என்.ஏ குரோமோசோம்கள் எனப்படும் நீண்ட கட்டமைப்புகளாக ஒழுங்கமைக்கப்படுகிறது. வழக்கமான உயிரணுப் பிரிவுக்கு முன், இந்த குரோமோசோம்கள் டி.என்.ஏ நகலெடுக்கும் செயல்பாட்டில் நகலெடுக்கப்படுகின்றன,

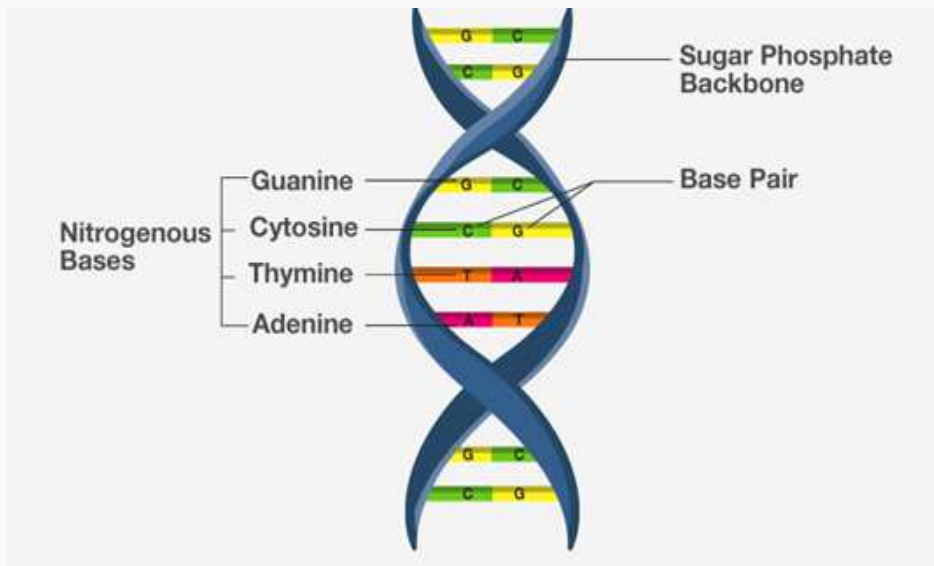
யூகாரியோடிக் உயிரினங்கள் (விலங்குகள், தாவரங்கள், பூஞ்சை மற்றும் புரோட்டிஸ்டுகள்) உயிரணு கருவுக்குள் அவற்றின் டி.என்.ஏவை அணு டி.என்.ஏவாகவும், சில மைட்டோகாண்ட்ரியாவில் மைட்டோகாண்ட்ரியல் டி.என்.ஏவாகவும் அல்லது குளோரோபிளாஸ்ட்களில் குளோரோபிளாஸ்ட் டி.என்.ஏவாகவும் சேமிக்கின்றன. [5] இதற்கு மாறாக, புரோகாரியோட்டுகள் (பாக்டீரியா மற்றும் ஆர்க்கியா) அவற்றின் டி.என்.ஏவை சைட்டோபிளாஸ்டில், வட்ட

நிறமூர்த்தங்களில் மட்டுமே சேமிக்கின்றன. யூகாரியோடிக் குரோமோசோம்களுக்குள், ஹிஸ்டோன்கள் போன்ற குரோமாடின் புரதங்கள் டி.என்.ஏவைச் சுருக்கி ஒழுங்கமைக்கின்றன. இந்த சுருக்கமான கட்டமைப்புகள் டி.என்.ஏ மற்றும் பிற புரதங்களுக்கிடையேயான தொடர்புகளை வழிநடத்துகின்றன, டி.என்.ஏவின் எந்த பகுதிகள் படியெடுக்கப்படுகின்றன என்பதைக் கட்டுப்படுத்த உதவுகின்றன.

டி.என்.ஏ முதன்முதலில் 1869 ஆம் ஆண்டில் ஃபிரெட்ரிக் மிஷரால் தனிமைப்படுத்தப்பட்டது. அதன் மூலக்கூறு கட்டமைப்பை முதன்முதலில் பிரான்சிஸ் கிரிக் மற்றும் ஜேம்ஸ் வாட்சன் ஆகியோர் கேம்பிரிட்ஜ் பல்கலைக்கழகத்திற்குள் உள்ள கேவென்டிஷ் ஆய்வகத்தில் 1953 இல் அடையாளம் கண்டனர், அதன் மாதிரி கட்டும் முயற்சிகள் ரேமண்ட் கையகப்படுத்திய எக்ஸ்-ரே வேறுபாடு தரவுகளால் வழிநடத்தப்பட்டன. லண்டனின் கிங்ஸ் கல்லூரியில் ரோசாலிண்ட் பிராங்க்ளின் முதுகலை மாணவராக இருந்த கோஸ்லிங். எர்கோடிக் தேற்றம் மற்றும் நெகிழ்ச்சி கோட்பாடு போன்ற இயற்பியல் விதிகள் மற்றும் கோட்பாடுகளை ஆராய டி.என்.ஏ ஒரு மூலக்கூறு கருவியாக ஆராய்ச்சியாளர்களால் பயன்படுத்தப்படுகிறது. டி.என்.ஏவின் தனித்துவமான பொருள் பண்புகள் மைக்ரோ மற்றும் நானோ புனையலில் ஆர்வமுள்ள பொருள் விஞ்ஞானிகள் மற்றும் பொறியியலாளர்களுக்கு இது ஒரு கவர்ச்சிகரமான மூலக்கூறாக அமைந்துள்ளது. இந்த துறையில் குறிப்பிடத்தக்க முன்னேற்றங்களில் டி.என்.ஏ ஒரிகமி மற்றும் டி.என்.ஏ அடிப்படையிலான கலப்பின பொருட்கள் உள்ளன.

டியோக்ஸிரிபோனூக்ளிக் அமிலம் (டி.என்.ஏ):

டி.என்.ஏ என சுருக்கமாக அழைக்கப்படும் டியோக்ஸைரிபோனூக்ளிக் அமிலம், கலத்தின் முதன்மை தகவல் மேக்ரோமிகுலூக் ஆகும், இது மரபணு தகவல்களை சேமித்து, மொழிபெயர்க்கிறது மற்றும் மாற்றும். புரோகாரியோட்களில், டி.என்.ஏ பெரும்பாலும் அணு மண்டலத்தில் காணப்படுகிறது. யூகாரியோட்களில் இது கரு, மைட்டோகாண்ட்ரியா மற்றும் குளோரோபிளாஸ்ட் ஆகியவற்றில் காணப்படுகிறது. கலத்தின் மரபணு தகவல்களை சேமித்து பயன்படுத்துவது பற்றிய தற்போதைய புரிதல் 1953 இல் வாட்சன் மற்றும் கிரிக் ஆகியோரால் டி.என்.ஏவின் கட்டமைப்பைக் கண்டுபிடித்ததை அடிப்படையாகக் கொண்டது.

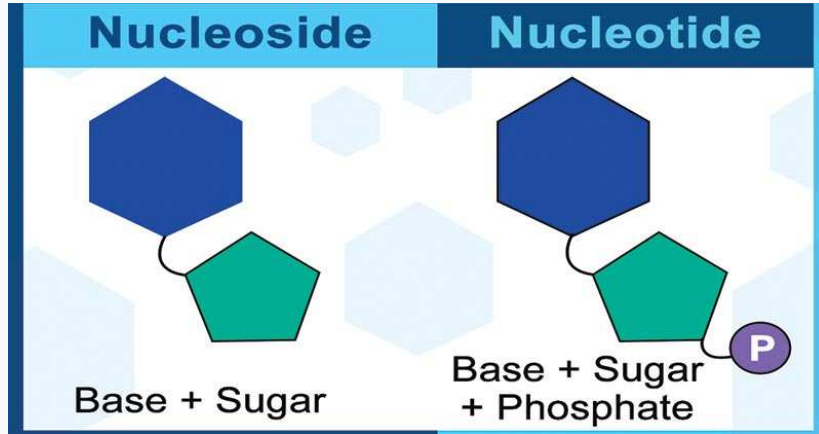
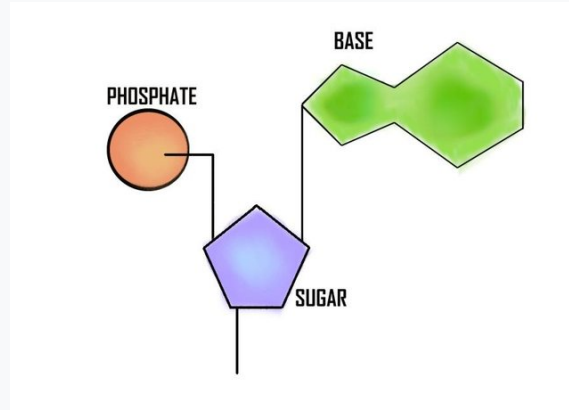


டி.என்.ஏவின் கட்டமைப்பு:

டி.என்.ஏவின் இரட்டை ஹெலிகல் அமைப்பு (வாட்சன் மற்றும் கிரிக் மாடல்): வாட்சன் மற்றும் கிரிக் ஆகியோரால் முன்மொழியப்பட்ட டி.என்.ஏவின் முப்பரிமாண அமைப்பு மற்றும் அதன் சமீபத்திய முன்னேற்றங்கள் இங்கே சுருக்கப்பட்டுள்ளன:

1. டி.என்.ஏ ஒரு வலது கை இரட்டை ஹெலிக்ஸ் உருவாக, ஒரே அச்சில் சுற்றப்பட்ட இரண்டு ஹெலிகல் சங்கிலிகளால் ஆனது.
2. ஹெலிக்ஸில் உள்ள இரண்டு சங்கிலிகள் ஒருவருக்கொருவர் இணையாக உள்ளன, அதாவது, ஒரு பாலிநியூக்ளியோடைடு சங்கிலியின் 5'-முடிவும், மற்ற பாலிநியூக்ளியோடைடு சங்கிலியின் 3'-முடிவும் ஒரே பக்கத்தில் உள்ளது மற்றும் ஒன்றாக மூடுகின்றன.
3. ஒவ்வொரு திருப்பத்திற்கும் இடையிலான தூரம் 3.6 என்எம் (முன்பு 3.4 என்எம்) ஆகும்.
4. ஒரு முறைக்கு 10.5 நியூக்ளியோடைடுகள் உள்ளன (முன்பு 10 நியூக்ளியோடைடுகள்).
5. இரண்டு இழைகளுக்கிடையேயான இடஞ்சார்ந்த உறவு இரண்டு இழைகளுக்கிடையில் பெரிய மற்றும் சிறிய பள்ளங்களை உருவாக்குகிறது. இந்த பள்ளங்களில் சில புரதங்கள் தொடர்பு கொள்கின்றன.
6. மாற்று டியோக்ஸைரிபோஸ் மற்றும் எதிர்மறையாக சார்ஜ் செய்யப்பட்ட பாஸ்பேட் குழுக்களின் ஹைட்ரோஃபிலிக் முதுகெலும்புகள் இரட்டை ஹெலிக்ஸ் வெளியே உள்ளன.
7. ஹைட்ரோபோபிக் பைரிமிடின் மற்றும் ப்யூரின் தளங்கள் இரட்டை ஹெலிக்ஸ் உள்ளே உள்ளன, இது டி.என்.ஏவின் இரட்டை ஹெலிக்ஸை உறுதிப்படுத்துகிறது.
8. இரட்டை ஹெலிக்ஸ் ஒரு ப்யூரின் மற்றும் பைரிமிடின் தளத்திற்கு இடையில் உருவாகும் இடை-சங்கிலி ஹைட்ரஜன் பிணைப்பால் உறுதிப்படுத்தப்படுகிறது.
9. ஒரு குறிப்பிட்ட ப்யூரின் அடிப்படை, ஹைட்ரஜன் பிணைப்பால் ஜோடிகள், ஒரு குறிப்பிட்ட பைரிமிடின் தளத்துடன் மட்டுமே, அதாவது, தைமினுடன் (டி) அடீன் (ஏ) ஜோடிகள் மற்றும் சைட்டோசின் (சி) உடன் குவானைன் (ஜி) ஜோடிகள் மட்டுமே.
10. இரண்டு ஹைட்ரஜன் பிணைப்பு ஜோடிகளான அடினைன் மற்றும் தைமைன் ($A = T$), மூன்று ஹைட்ரஜன் பிணைப்பு ஜோடிகளான குவானைன் மற்றும் சைட்டோசின் ($G \equiv C$).
11. அடிப்படை ஜோடிகள் $A = T$ மற்றும் $G \equiv C$ ஆகியவை நிரப்பு அடிப்படை ஜோடிகள் என அழைக்கப்படுகின்றன.
12. நிரப்பு அடிப்படை இணைத்தல் இருப்பதால், டி.என்.ஏ இரட்டை ஹெலிக்ஸின் இரண்டு சங்கிலிகள் ஒருவருக்கொருவர் பூர்த்தி செய்கின்றன. ஆகவே கொடுக்கப்பட்ட இரட்டை இழைந்த டி.என்.ஏவில் A ' தளங்களின் எண்ணிக்கை T' தளங்களின் எண்ணிக்கைக்கு சமம் (அல்லது 'G' என்பது 'C' க்கு சமம்).

13. இரட்டை ஹெலிக்ஸில் உள்ள இழைகளில் ஒன்று சென்ஸ் ஸ்ட்ராண்ட் என்று அழைக்கப்படுகிறது, அதாவது, இது ஆர்.என்.ஏ / புரதங்களுக்கான குறியீடுகளாகும், மற்ற ஸ்ட்ராண்டை ஆண்டிசென்ஸ் ஸ்ட்ராண்ட் என்று அழைக்கப்படுகிறது.



டி.என்.ஏவின் செயல்பாடுகள்:

டி.என்.ஏவின் அடிப்படை வரிசை மரபணு பொருள் எனப்படும் தகவல் சமிக்ஞையை உருவாக்குகிறது. இந்த நியூக்ளியோடைடு அடிப்படை வரிசை டி.என்.ஏவை மரபணு தகவல்களை செயல்பட, சேமிக்க, வெளிப்படுத்த மற்றும் மாற்ற உதவுகிறது. எனவே இது ஒரு உயிரினத்தின் அனைத்து நடவடிக்கைகளையும் அதன் வாழ்க்கைச் சுழற்சி முழுவதும் நேரடியாகவோ அல்லது மறைமுகமாகவோ நிரல் செய்து கட்டுப்படுத்துகிறது.

(அ) ஒவ்வொரு உயிரினத்தின் அனைத்து புரதங்கள் மற்றும் ஆர்.என்.ஏக்களின் கட்டமைப்பைக் குறிப்பிட (வடிவமைக்க) தேவையான முழுமையான மரபணு தகவல்களை டி.என்.ஏ சேமிக்கிறது.

(ஆ) அனைத்து செல்லுலார் உடல் புரதங்களின் தொகுப்புக்கான தகவல்களின் ஆதாரமாக டி.என்.ஏ உள்ளது. சில புரதங்கள் கட்டமைப்பு புரதங்கள் மற்றும் சில நொதிகள். இந்த நொதிகள் மைக்ரோ மூலக்கூறுகளை மேக்ரோமிகுலூக்குகளை உருவாக்குகின்றன. இந்த மேக்ரோமிகுலூல்கள் சூப்பர்-மூலக்கூறு வளாகங்கள் அல்லது உயிரணு உறுப்புகளை உருவாக்க ஏற்பாடு செய்யப்படுகின்றன. இந்த செல்கள் திசுக்களை உருவாக்குகின்றன, அவை உடலின் வெவ்வேறு உறுப்புகளை உருவாக்குகின்றன, குறிப்பாக கரு வளர்ச்சி, வளர்ச்சி மற்றும் பழுதுபார்ப்பு ஆகியவற்றின் போது அந்த உயிரினத்திற்கு விசித்திரமானது. எனவே நேரம் மற்றும்

இடைவெளியில் டி.என்.ஏ திட்டங்கள் செல்கள் மற்றும் திசு கூறுகளின் ஒழுங்கான உயிரியக்கவியல்.

(இ) இது ஒரு உயிரினத்தின் வாழ்க்கைச் சுழற்சி முழுவதும் அதன் செயல்பாடுகளை தீர்மானிக்கிறது, அதாவது, கர்ப்பம், பிறப்பு, முதிர்ச்சி, முதிர்ச்சி மற்றும் இறப்பு காலம்.

(ஈ) கொடுக்கப்பட்ட உயிரினத்தின் தனித்துவத்தையும் அடையாளத்தையும் இது தீர்மானிக்கிறது.

டி.என்.ஏ பிரதி: DNA REPLICATION

இரட்டை இழைந்த டி.என்.ஏ மூலக்கூறில் உள்ள மரபணு தகவல்கள் மைட்டோசிஸின் போது ஒரு கலத்திலிருந்து மற்றொரு கலத்திற்கு பரவுகின்றன மற்றும் பெற்றோரின் டி.என்.ஏ மூலக்கூறுகளின் உண்மையுள்ள நகலெடுப்பால் பெற்றோரிடமிருந்து முன்னேற்றத்திற்கு அனுப்பப்படுகின்றன. டி.என்.ஏ மூலக்கூறு சுருண்டு முறுக்கப்பட்ட மற்றும் மிகப்பெரிய அளவைக் கொண்டுள்ளது. இது டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்புக்கு பல கட்டுப்பாடுகளை விதிக்கிறது. டி.என்.ஏ மூலக்கூறு இணைக்கப்படாமல் இருக்க வேண்டும் மற்றும் நகலெடுக்கும் செயல்முறைக்கு இரண்டு இழைகளையும் பிரிக்க வேண்டும்.

டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்பின் அடிப்படை அம்சங்கள்:

எந்தவொரு டி.என்.ஏ மூலக்கூறின் மரபணு ரீதியாக தொடர்புடைய அனைத்து தகவல்களும் அதன் வரிசையில் இரண்டு இழைகளின் அடிப்படையில் உள்ளன. எனவே பிரதிபலிப்பின் முக்கிய பங்கு பெற்றோர் டி.என்.ஏ மூலக்கூறின் அடிப்படை வரிசையை நகலெடுப்பதாகும். இரண்டு இழைகளிலும் நிரப்பு அடிப்படை இணைத்தல் உள்ளது. எதிர் ஸ்ட்ராண்டின் தைமினுடன் ஒரு ஸ்ட்ராண்ட் ஜோடிகளின் அடினீன் மற்றும் சைட்டோசினுடன் குவானைன் ஜோடிகள். இந்த குறிப்பிட்ட நிரப்பு அடிப்படை இணைத்தல் நகலெடுப்பதற்கான மெகார்டிசத்தை வழங்குகிறது.

இரண்டு இழைகளும் ஒன்றோடொன்று நிரந்தரமாக பிரிக்கப்படுகின்றன. ஒவ்வொரு ஸ்ட்ராண்டும் புதிய நிரப்பு மகள் ஸ்ட்ராண்டிற்கான ஒரு டெம்ப்ளேட்டாக செயல்படுகிறது. பெற்றோர் அல்லது பழைய ஸ்ட்ராண்டின் அடிப்படை வரிசை புதிய அல்லது மகள் ஸ்ட்ராண்டின் அடிப்படை வரிசையை இயக்குகிறது. பெற்றோர் அல்லது பழைய ஸ்ட்ராண்டில் அடினீன் இருந்தால், புதிய ஸ்ட்ராண்டில் நிரப்பு தைமைன் சேர்க்கப்படும். இதேபோல், பெற்றோர் இழையில் சைட்டோசின் இருந்தால், நிரப்பு குவானைன் புதிய மகள் இழைக்கு நகலெடுக்கப்படும். மரபணு தகவலின் ஒருமைப்பாட்டை பராமரிப்பது நகலெடுப்பின் முக்கிய அம்சமாகும்.

டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்புக்கான வழிமுறை:

டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்பின் பொறிமுறையானது வாட்சன் மற்றும் கிரிக் ஆகியோரால் முன்மொழியப்பட்ட டி.என்.ஏ இரட்டை ஹெலிகல் கட்டமைப்பின் நேரடி விளைவாகும். இது பல என்சைம்களை உள்ளடக்கிய ஒரு சிக்கலான மல்டிஸ்டெப் செயல்முறையாகும்.

1. தீட்சை:

இது பிரதிபலிப்பின் தோற்றத்தை உள்ளடக்கியது. டி.என்.ஏ தொகுப்பு தொடங்குவதற்கு முன், பெற்றோரின் இழைகள் இரண்டையும் பிரித்து

நிரந்தரமாக ஒற்றை இழை நிலையில் பிரிக்க வேண்டும். புதிய மகள் இழைகளின் தொகுப்பு பிரதி முட்கரண்டியில் தொடங்கப்படுகிறது. உண்மையில், பல தொடக்க தளங்கள் உள்ளன.

2. நீட்சி:

அடுத்த கட்டத்தில் புதிய நிரப்பு இழைகளைச் சேர்ப்பது அடங்கும். புதிய ஸ்ட்ராண்டில் சேர்க்க வேண்டிய நியூக்ளியோடைட்களின் தேர்வு வார்ப்புரு ஸ்ட்ராண்டில் உள்ள தளங்களின் வரிசையால் கட்டளையிடப்படுகிறது. டி.என்.ஏ பாலிமரேஸ் எனப்படும் ஒரு நொதியால் வளர்ந்து வரும் இழையின் முடிவில் புதிய நியூக்ளியோடைடுகள் ஒவ்வொன்றாக சேர்க்கப்படுகின்றன. சைட்டோபிளாஸில் நான்கு நியூக்ளியோடைடுகள் உள்ளன, டியோக்ஸிரிப்டூக்ளியோடைடு ட்ரைபாஸ்பேட்ஸ் டிஜிடிபி, டிசிடிபி, டிஏடிபி, டிடிடிபி.

3. முடித்தல்:

அனைத்து இறுதி முடித்தல் எதிர்வினைகளும் நிகழ்கின்றன. நகல் டி.என்.ஏ மூலக்கூறுகள் ஒருவருக்கொருவர் பிரிக்கப்படுகின்றன.

டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்பின் நோக்கம் பெற்றோர் மூலக்கூறுக்கு ஒத்த இரண்டு மகள் டி.என்.ஏ மூலக்கூறுகளை உருவாக்குவதாகும்.

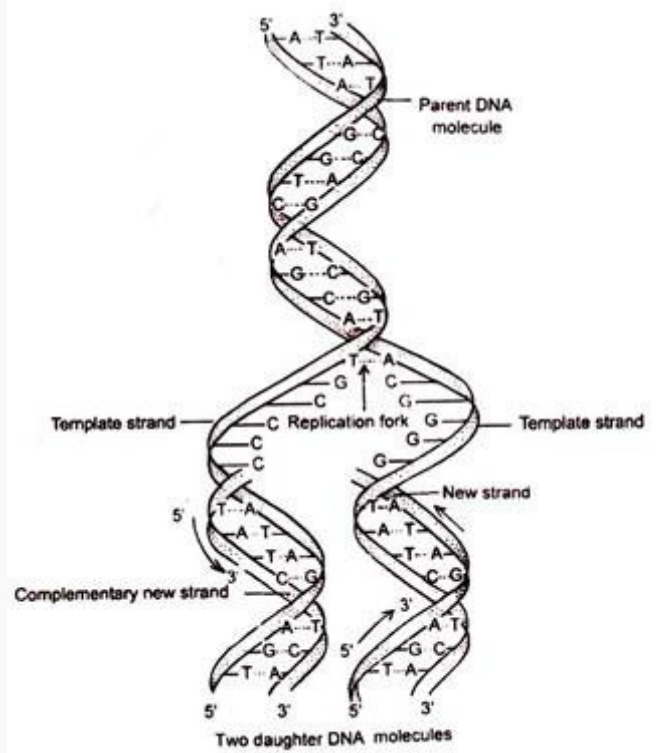


Fig. 4.1.

டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்பு அரை-கன்சர்வேடிவ்: வாட்சன் மற்றும் கிரிக் மாதிரி டி.என்.ஏ பிரதிபலிப்பு அரை பழமைவாதமானது என்று பரிந்துரைத்தது. டி.என்.ஏவின் பாதி பாதுகாக்கப்படுவதாக இது குறிக்கிறது. ஒரு புதிய இழை மட்டுமே ஒருங்கிணைக்கப்படுகிறது, மற்ற இழையானது அசல் டி.என்.ஏ இழை (வார்ப்புரு) தக்கவைக்கப்படுகிறது. ஒவ்வொரு பெற்றோரின் டி.என்.ஏ இழைகளும் ஒரு புதிய நிரப்பு இழைக்கான வார்ப்புருவாக செயல்படுகின்றன. புதிய இழையானது அதன் பெற்றோர் வார்ப்புரு இழையுடன் ஹைட்ரஜன் பிணைக்கப்பட்டு இரட்டை ஹெலிக்ஸ் உருவாகிறது. இரட்டை ஹெலிக்ஸின் இந்த இழைகளில் ஒவ்வொன்றும் ஒரு அசல்

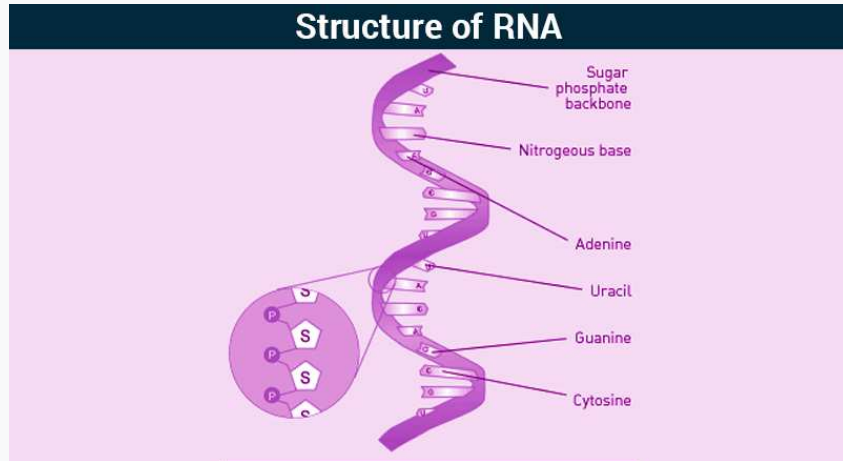
பெற்றோர் இழையையும் புதிதாக உருவாக்கப்பட்ட ஒரு இழையையும் கொண்டுள்ளது.

ஆர்.என்.ஏவின் கட்டமைப்பு:

ஆர்.என்.ஏ என்பது ரிபோநியூக்ளியோடைட்களின் பாலிமராகும், இது 3', 5'-பாஸ்போடிஸ்டர் பாலங்களால் ஒன்றிணைக்கப்படுகிறது. ஆர்.என்.ஏ டி.என்.ஏ கட்டமைப்போடு சில ஒற்றுமைகள் இருந்தாலும், அவை பல குறிப்பிட்ட வேறுபாடுகளைக் கொண்டுள்ளன.

ஆர்.என்.ஏவில் உள்ள ஒவ்வொரு நியூக்ளியோடைடும் ஒரு ரைபோஸ் சர்க்கரையைக் கொண்டுள்ளது, கார்பன்கள் 1 'முதல் 5' வரை உள்ளன. 1 'நிலைக்கு ஒரு அடிப்படை இணைக்கப்பட்டுள்ளது, பொதுவாக, அடீன் (ஏ), சைட்டோசின் (சி), குவானைன் (ஜி) அல்லது யுரேசில் (யு). அடினைன் மற்றும் குவானைன் ப்யூரின்ஸ், சைட்டோசின் மற்றும் யுரேசில் ஆகியவை பைரிமிடீன்கள்.

ஒரு பாஸ்பேட் குழு ஒரு ரைபோஸின் 3 'நிலை மற்றும் அடுத்த 5' நிலைக்கு இணைக்கப்பட்டுள்ளது. பாஸ்பேட் குழுக்கள் ஒவ்வொன்றும் எதிர்மறையான கட்டணத்தைக் கொண்டுள்ளன, இதனால் ஆர்.என்.ஏ ஒரு சார்ஜ் செய்யப்பட்ட மூலக்கூறு (பாலியானியன்) ஆகும். தளங்கள் சைட்டோசின் மற்றும் குவானினுக்கு இடையில், அடீன் மற்றும் யுரேசிலுக்கு இடையில் மற்றும் குவானைன் மற்றும் யுரேசிலுக்கு இடையில் ஹைட்ரஜன் பிணைப்புகளை உருவாக்குகின்றன. இருப்பினும், மற்ற இடைவினைகள் சாத்தியமாகும், அதாவது ஒரு அடீன் தளங்கள் ஒருவருக்கொருவர் ஒரு வீக்கத்தில் பிணைக்கப்படுகின்றன, அல்லது குவானைன்-அடீன் அடிப்படை-ஜோடியைக் கொண்ட ஜி.என்.ஆர்.ஏ டெட்ராலூப்.



டி.என்.ஏவிலிருந்து வேறுபடும் ஆர்.என்.ஏவின் ஒரு முக்கியமான கட்டமைப்பு கூறு, ரைபோஸ் சர்க்கரையின் 2 'நிலையில் ஒரு ஹைட்ராக்சைல் குழு இருப்பது. இந்த செயல்பாட்டுக் குழுவின் இருப்பு பெரும்பாலும் ஹெலிக்ஸ் ஏ-வடிவ வடிவவியலை எடுக்க காரணமாகிறது, இருப்பினும் ஒற்றை ஸ்ட்ராண்ட் டைனூக்ளியோடைடு சூழல்களில், ஆர்.என்.ஏ அரிதாகவே டி.என்.ஏவில் பொதுவாகக் காணப்படும் பி-வடிவத்தையும் ஏற்றுக்கொள்ள முடியும்.

ஏ-வடிவ வடிவியல் மிகவும் ஆழமான மற்றும் குறுகிய பெரிய பள்ளம் மற்றும் ஆழமற்ற மற்றும் பரந்த சிறிய பள்ளம் ஆகியவற்றில் விளைகிறது. 2'-ஹைட்ராக்சைல் குழுவின் இருப்பின் இரண்டாவது விளைவு என்னவென்றால், ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறின் இணக்கமான நெகிழ்வான பகுதிகளில் (அதாவது, இரட்டை ஹெலிக்ஸ் உருவாவதில் ஈடுபடவில்லை), இது முதுகெலும்பைப்

பிளவுபடுத்த அருகிலுள்ள பாஸ்போடிஸ்டர் பிணைப்பை வேதியியல் ரீதியாகத் தாக்கும்.

ஆர்.என்.ஏ நான்கு தளங்களுடன் (அடினின், சைட்டோசின், குவானைன் மற்றும் யுரேசில்) மட்டுமே படியெடுக்கப்படுகிறது, ஆனால் ஆர்.என்.ஏக்கள் முதிர்ச்சியடையும் போது இந்த தளங்கள் மற்றும் இணைக்கப்பட்ட சர்க்கரைகள் பல வழிகளில் மாற்றப்படலாம்.

சூடோரிடின் (Ψ), இதில் யுரேசிலுக்கும் ரைபோஸுக்கும் இடையேயான இணைப்பு சி-என் பிணைப்பிலிருந்து சி-சி பிணைப்பாக மாற்றப்படுகிறது, மேலும் ரிபோதிமைடின் (டி) பல்வேறு இடங்களில் காணப்படுகின்றன (இதில் குறிப்பிடத்தக்கவை டிஆர்என்ஏவின் டிΨசி சுழற்சியில் உள்ளன). மற்றொரு குறிப்பிடத்தக்க மாற்றியமைக்கப்பட்ட அடிப்படை ஹைபோக்சான்டைன் ஆகும், இது ஒரு டிமினேட் அடினின் தளமாகும், அதன் நியூக்ளியோசைடு ஐனோசின் (I) என அழைக்கப்படுகிறது. மரபணு குறியீட்டின் தள்ளாடும் கருதுகோளில் ஐனோசின் முக்கிய பங்கு வகிக்கிறது.

இயற்கையாக நிகழும் 100 க்கும் மேற்பட்ட பிற மாற்றியமைக்கப்பட்ட நியூக்ளியோசைடுகள் உள்ளன. மாற்றங்களின் மிகப்பெரிய கட்டமைப்பு பன்முகத்தன்மை டிஆர்என்ஏவில் காணப்படுகிறது, அதே நேரத்தில் ஆர்ஆர்என்ஏவில் பெரும்பாலும் இருக்கும் 2'-ஓ-மெதைல்ரிபோஸுடன் சூடோரிடின் மற்றும் நியூக்ளியோசைடுகள் மிகவும் பொதுவானவை. ஆர்.என்.ஏவில் இந்த மாற்றங்களில் பலவற்றின் குறிப்பிட்ட பாத்திரங்கள் முழுமையாக புரிந்து கொள்ளப்படவில்லை.

இருப்பினும், ரைபோசோமால் ஆர்.என்.ஏவில், பெப்டிடைல் டிரான்ஸ்-பெரேஸ் சென்டர் மற்றும் சப்யூனிட் இன்டர்-பேஸ் போன்ற அதிக செயல்பாட்டு பகுதிகளில் டிரான்ஸ்கிரிப்ட்ஷனல் பிந்தைய மாற்றங்கள் நிகழ்கின்றன, அவை சாதாரண செயல்பாட்டிற்கு முக்கியமானவை என்பதைக் குறிக்கிறது.

புரதங்களைப் போலவே ஒற்றை-தனிமைப்படுத்தப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறுகளின் செயல்பாட்டு வடிவத்திற்கும் அடிக்கடி ஒரு குறிப்பிட்ட மூன்றாம் நிலை கட்டமைப்பு தேவைப்படுகிறது. இந்த கட்டமைப்பிற்கான சாரக்கட்டு மூலக்கூறுக்குள் ஹைட்ரஜன் பிணைப்புகளாக இருக்கும் இரண்டாம் கட்ட கட்டமைப்பு கூறுகளால் வழங்கப்படுகிறது. இது ஹேர்பின் சுழல்கள், வீக்கம் மற்றும் உள் சுழல்கள் போன்ற இரண்டாம் கட்டமைப்பின் பல அடையாளம் காணக்கூடிய "களங்களுக்கு" வழிவகுக்கிறது. ஆர்.என்.ஏ சார்ஜ் செய்யப்படுவதால், பல இரண்டாம் நிலை மற்றும் மூன்றாம் நிலை கட்டமைப்புகளை உறுதிப்படுத்த Mg^{2+} + போன்ற உலோக அயனிகள் தேவைப்படுகின்றன.

ஆர்.என்.ஏ இன் இயற்கையாக நிகழும் என்னடியோமர் டி-ஆர்.என்.ஏ என்பது டி-ரிபோநியூக்ளியோடைட்களால் ஆனது. அனைத்து சிராலிட்டி மையங்களும் டி-ரைபோஸில் அமைந்துள்ளன. எல்-ரைபோஸ் அல்லது எல்-ரிபோநியூக்ளியோடைட்களைப் பயன்படுத்துவதன் மூலம், எல்-ஆர்.என்.ஏவை ஒருங்கிணைக்க முடியும். எல்-ஆர்.என்.ஏ ஆர்னேஸின் சீரழிவுக்கு எதிராக மிகவும் நிலையானது.

புரதங்கள் போன்ற பிற கட்டமைக்கப்பட்ட பயோபாலிமர்களைப் போலவே, ஒரு மடிந்த ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறின் இடவியலை ஒருவர் வரையறுக்க முடியும். இது பெரும்பாலும் மடிந்த ஆர்.என்.ஏ க்குள் உள்ளக-சங்கிலி தொடர்புகளின் ஏற்பாட்டின் அடிப்படையில் செய்யப்படுகிறது, இது சுற்று இடவியல் என அழைக்கப்படுகிறது.

மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ (எம்.ஆர்.என்.ஏ) உயிரணுக்களில் உள்ள புரத தொகுப்பு தொழிற்சாலைகளான ரைபோசோம்களுக்கு ஒரு புரத வரிசை பற்றிய தகவல்களை எடுத்துச் செல்கிறது. ஒவ்வொரு மூன்று நியூக்ளியோடைடுகளும் (ஒரு கோடான்) ஒரு அமினோ அமிலத்துடன் ஒத்திருக்கும் வகையில் இது குறியிடப்பட்டுள்ளது. யூகாரியோடிக் கலங்களில், டி.என்.ஏவிலிருந்து முன்னோடி எம்.ஆர்.என்.ஏ (முன்-எம்.ஆர்.என்.ஏ) படியெடுத்தவுடன், அது முதிர்ந்த எம்.ஆர்.என்.ஏ க்கு செயலாக்கப்படுகிறது.

இது எம்.ஆர்.என்.ஏ-க்கு முந்தைய குறியீட்டு அல்லாத பிரிவுகளை அதன் அகங்களை நீக்குகிறது. எம்.ஆர்.என்.ஏ பின்னர் கருவில் இருந்து சைட்டோபிளாஸிற்கு ஏற்றுமதி செய்யப்படுகிறது, அங்கு அது ரைபோசோம்களுடன் பிணைக்கப்பட்டு டி.ஆர்.என்.ஏ உதவியுடன் அதனுடன் தொடர்புடைய புரத வடிவத்தில் மொழிபெயர்க்கப்படுகிறது.

நியூக்ளியஸ் மற்றும் சைட்டோபிளாசம் பெட்டிகளைக் கொண்டிருக்காத புரோகாரியோடிக் கலங்களில், எம்.ஆர்.என்.ஏ டி.என்.ஏவிலிருந்து படியெடுக்கும் போது ரைபோசோம்களுடன் பிணைக்க முடியும். ஒரு குறிப்பிட்ட நேரத்திற்குப் பிறகு, செய்தி அதன் கூறு நியூக்ளியோடைட்களாக ரிபோநியூக்ளியஸின் உதவியுடன் குறைகிறது.

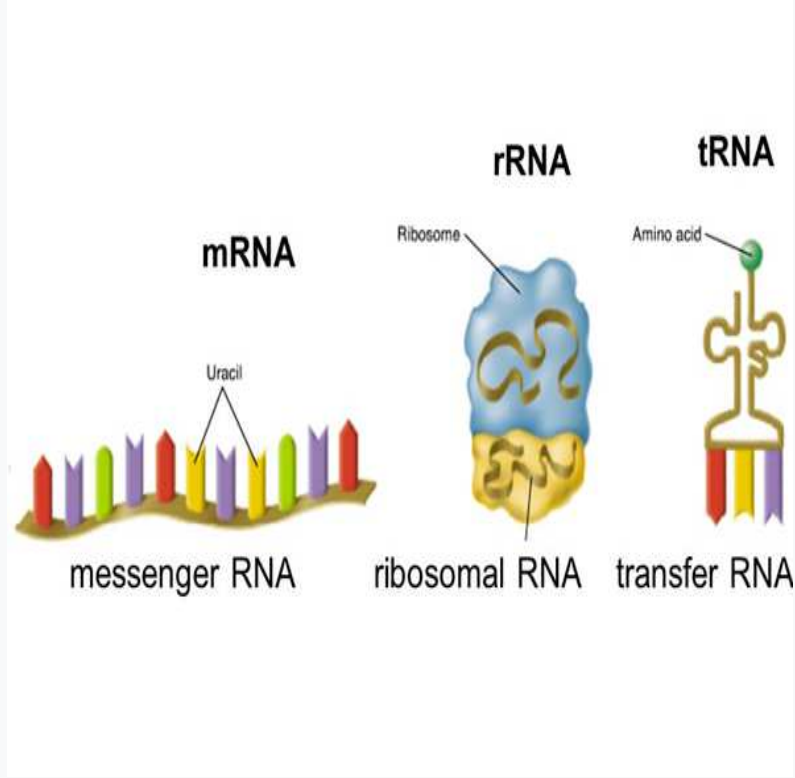
டிரான்ஸ்-பர் ஆர்.என்.ஏ (டி.ஆர்.என்.ஏ) என்பது சுமார் 80 நியூக்ளியோடைட்களைக் கொண்ட ஒரு சிறிய ஆர்.என்.ஏ சங்கிலியாகும், இது ஒரு குறிப்பிட்ட அமினோ அமிலத்தை மொழிபெயர்ப்பின் போது புரதத் தொகுப்பின் ரைபோசோமால் தளத்தில் வளர்ந்து வரும் பாலிபெப்டைட் சங்கிலிக்கு மாற்றுகிறது. இது அமினோ அமில இணைப்புக்கான தளங்களையும் கோடான் அங்கீகாரத்திற்கான ஒரு ஆண்டிகோடன் பகுதியையும் கொண்டுள்ளது, இது ஹைட்ரஜன் பிணைப்பு மூலம் தூதர் ஆர்.என்.ஏ சங்கிலியில் ஒரு குறிப்பிட்ட வரிசையுடன் பிணைக்கிறது.

ரைபோசோமால் ஆர்.என்.ஏ (ஆர்.ஆர்.என்.ஏ) என்பது ரைபோசோம்களின் வினையூக்கக் கூறு ஆகும். யூகாரியோடிக் ரைபோசோம்களில் நான்கு வெவ்வேறு ஆர்ஆர்என்ஏ மூலக்கூறுகள் உள்ளன: 18 எஸ், 5.8 எஸ், 28 எஸ் மற்றும் 5 எஸ் ஆர்ஆர்என்ஏ. ஆர்.ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறுகளில் மூன்று நியூக்ளியோலஸில் ஒருங்கிணைக்கப்படுகின்றன, மேலும் ஒன்று வேறு இடங்களில் ஒருங்கிணைக்கப்படுகிறது.

சைட்டோபிளாஸில், ரைபோசோமால் ஆர்.என்.ஏ மற்றும் புரதம் இணைந்து ஒரு ரைபோசோம் எனப்படும் நியூக்ளியோபுரோட்டீனை உருவாக்குகின்றன. ரைபோசோம் எம்.ஆர்.என்.ஏவை பிணைக்கிறது மற்றும் புரதத் தொகுப்பைச் செய்கிறது. எந்த நேரத்திலும் ஒரு ஒற்றை எம்.ஆர்.என்.ஏ உடன் பல ரைபோசோம்கள் இணைக்கப்படலாம். ஒரு பொதுவான யூகாரியோடிக்

கலத்தில் காணப்படும் கிட்டத்தட்ட அனைத்து ஆர்.என்.ஏவும் ஆர்.ஆர்.என்.ஏ ஆகும்.

டிரான்ஸ்க்ரீப்டிவ்-மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ (டி.எம்.ஆர்.என்.ஏ) பல பாக்டீரியாக்கள் மற்றும் பிளாஸ்டிட்களில் காணப்படுகிறது. இது எம்.ஆர்.என்.ஏக்களால் குறியிடப்பட்ட புரோட்டீன்களைக் குறிக்கிறது, அவை சீரழிவுக்கான நிறுத்தக் கோடன்கள் இல்லாதவை மற்றும் ரைபோசோமை நிறுத்துவதைத் தடுக்கின்றன.



UNIT-V: ඌலக்கூறு உயிரியல்

மரபுக்குறியீடு

மரபணு குறியீடு என்பது மரபணு பொருட்களுக்குள் குறியிடப்பட்ட தகவல்களை (நியூக்ளியோடைடு மும்மூர்த்திகளின் டி.என்.ஏ அல்லது எம்.ஆர்.என்.ஏ வரிசைமுறைகள் அல்லது கோடன்கள்) புரதங்களாக மொழிபெயர்க்க உயிரணுக்கள் பயன்படுத்தும் விதிகளின் தொகுப்பாகும். ரிபோசோமால் மொழிபெயர்ப்பு செய்யப்படுகிறது, இது புரோட்டீனோஜெனிக் அமினோ அமிலங்களை மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ (எம்.ஆர்.என்.ஏ) குறிப்பிட்ட வரிசையில் இணைக்கிறது, பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏ (டி.ஆர்.என்.ஏ) மூலக்கூறுகளைப் பயன்படுத்தி அமினோ அமிலங்களை எடுத்துச் செல்லவும், எம்.ஆர்.என்.ஏ மூன்று நியூக்ளியோடைட்களை ஒரே நேரத்தில் படிக்கவும் செய்கிறது. மரபணு குறியீடு அனைத்து உயிரினங்களிடமும் மிகவும் ஒத்திருக்கிறது மற்றும் 64 உள்ளீடுகளைக் கொண்ட எளிய அட்டவணையில் வெளிப்படுத்தலாம்.

புரதத் தொகுப்பின் போது எந்த அமினோ அமிலம் அடுத்து சேர்க்கப்படும் என்பதை கோடன்கள் எவ்வாறு குறிப்பிடுகின்றன என்பதை குறியீடு வரையறுக்கிறது. சில விதிவிலக்குகளுடன், ஒரு நியூக்ளிக் அமில வரிசையில் மூன்று-நியூக்ளியோடைடு கோடான் ஒற்றை அமினோ அமிலத்தைக் குறிப்பிடுகிறது. பெரும்பாலான மரபணுக்கள் ஒற்றை திட்டத்துடன் குறியாக்கம் செய்யப்பட்டுள்ளன (ஆர்.என்.ஏ கோடான் அட்டவணையைப் பார்க்கவும்). மாறுபட்ட குறியீடுகள் (மனித மைட்டோகாண்ட்ரியா போன்றவை) இருந்தாலும் அந்த திட்டம் பெரும்பாலும் நியமன அல்லது நிலையான மரபணு குறியீடு அல்லது வெறுமனே மரபணு குறியீடு என குறிப்பிடப்படுகிறது.

"மரபணு குறியீடு" என்பது ஒரு புரதத்தின் அமினோ அமில வரிசையை தீர்மானிக்கிறது, மற்ற மரபணு பகுதிகள் பல்வேறு "மரபணு ஒழுங்குமுறை குறியீடுகளின்" படி இந்த புரதங்கள் எப்போது, எங்கு உற்பத்தி செய்யப்படுகின்றன என்பதை தீர்மானிக்கிறது.

வரலாறு

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

மரபணு குறியீடு

1953 ஆம் ஆண்டில் டி.என்.ஏவின் கட்டமைப்பு கண்டுபிடிக்கப்பட்ட பின்னர் புரதங்கள் எவ்வாறு குறியாக்கம் செய்யப்படுகின்றன என்பதைப் புரிந்துகொள்வதற்கான முயற்சிகள் தொடங்கியது. புரதங்களை உருவாக்க உயிரணுக்கள் பயன்படுத்தும் 20 நிலையான அமினோ அமிலங்களை குறியாக்க மூன்று தளங்களின் தொகுப்புகள் பயன்படுத்தப்பட வேண்டும் என்று ஜார்ஜ் காமோ குறிப்பிட்டார், இது அதிகபட்சமாக $4^3 = 64$ அமினோ அமிலங்கள் கோடன்கள்

கோடன்கள் மூன்று டி.என்.ஏ தளங்களைக் கொண்டிருப்பதை கிரிக், ப்ரென்னர், பார்னெட் மற்றும் வாட்ஸ்-டோபின் சோதனை முதலில் நிரூபித்தன. மார்ஷல் நிரன்பெர்க் மற்றும் ஹென்ரிச் ஜே. மத்தேய் ஆகியோர் 1961 ஆம் ஆண்டில் ஒரு கோடனின் தன்மையை முதன்முதலில் வெளிப்படுத்தினர்.

பாலி-யுரேசில் ஆர்.என்.ஏ வரிசையை (அதாவது, யு.யு.யு.யு ...) மொழிபெயர்க்க அவர்கள் செல்-இலவச அமைப்பைப் பயன்படுத்தினர், மேலும் அவை தொகுத்த பாலிபெப்டைட் அமினோ அமிலம் ஃபைனிலலனைனை மட்டுமே கொண்டிருப்பதைக் கண்டுபிடித்தனர். இதன் மூலம் கோடான் UUU அமினோ அமிலம் ஃபைனிலலனைனைக் குறிப்பிடுவதாகக் கண்டறிந்தது.

பாலிபெப்டைட் பாலி-லைசினுக்கு குறியிடப்பட்ட பாலி-அடினீன் ஆர்.என்.ஏ வரிசை (ஏஏஏஏஏ ...) மற்றும் பாலி-சைட்டோசின் ஆர்என்ஏ வரிசை (சி.சி.சி.சி ...) பாலிபெப்டைட் பாலி-புரோலின். எனவே, கோடான் AAA அமினோ அமில லைசினையும், கோடான் சி.சி.சி அமினோ அமில புரோலினையும் குறிப்பிட்டது. பல்வேறு கோபாலிமர்களைப் பயன்படுத்தி மீதமுள்ள கோடன்களில் பெரும்பாலானவை பின்னர் தீர்மானிக்கப்பட்டது.

ஹர் கோவிந்த் கோரானாவின் அடுத்தடுத்த பணிகள் மீதமுள்ள மரபணு குறியீட்டை அடையாளம் கண்டன. அதன்பிறகு, ராபர்ட் டபிள்யூ. ஹோலி, ஆர்.என்.ஏவை புரதமாக மொழிபெயர்க்கும் செயல்முறையை எளிதாக்கும் அடாப்டர் மூலக்கூறான பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏ (டி.ஆர்.என்.ஏ) இன் கட்டமைப்பை தீர்மானித்தார். இந்த வேலை ஓச்சோவாவின் முந்தைய ஆய்வுகளின் அடிப்படையில் அமைந்தது, ஆர்.என்.ஏ தொகுப்பின் நொதிவியல் குறித்த வேலைக்காக 1959 ஆம் ஆண்டில் உடலியல் அல்லது மருத்துவத்திற்கான நோபல் பரிசை வழங்கியது.

இந்த வேலையை விரிவுபடுத்தி, நிரன்பெர்க் மற்றும் பிலிப் லெடர் குறியீட்டின் மும்மடங்கு தன்மையை வெளிப்படுத்தினர் மற்றும் அதன் கோடன்களை புரிந்துகொண்டனர். இந்த சோதனைகளில், எம்.ஆர்.என்.ஏவின் பல்வேறு சேர்க்கைகள் ரைபோசோம்களைக் கொண்ட ஒரு வடிகட்டி வழியாக அனுப்பப்பட்டன, ஆர்.என்.ஏவை புரதமாக மொழிபெயர்க்கும் கலங்களின் கூறுகள். தனித்துவமான மும்மூர்த்திகள் குறிப்பிட்ட டிஆர்என்ஏக்களை ரைபோசோமுடன் பிணைப்பதை ஊக்குவித்தன.

லெடர் மற்றும் நிரன்பெர்க் ஆகியோர் தங்கள் சோதனைகளில் 64 கோடன்களில் 54 வரிசைகளை தீர்மானிக்க முடிந்தது. கோரானா, ஹொலி மற்றும் நிரன்பெர்க் ஆகியோர் 1968 ஆம் ஆண்டு நோபலை தங்கள் பணிக்காகப் பெற்றனர்.

மூன்று ஸ்டாப் கோடன்களுக்கு கண்டுபிடிப்பாளர்கள் ரிச்சர்ட் எப்ஸ்டீன் மற்றும் சார்லஸ் ஸ்டீன்பெர்க் பெயரிட்டனர். "அம்பர்" அவர்களின் நண்பர் ஹாரிஸ் பெர்ன்ஸ்டைனின் பெயரிடப்பட்டது, அதன் கடைசி பெயர் ஜெர்மன் மொழியில் "அம்பர்" என்று பொருள்படும். "வண்ணப் பெயர்கள்" கருப்பொருளை வைத்திருக்க மற்ற இரண்டு ஸ்டாப் கோடன்களுக்கு "ஓச்சர்" மற்றும் "ஓபல்" என்று பெயரிடப்பட்டது.

படித்தல் சட்டகம்

மொழிபெயர்ப்பு தொடங்கும் நியூக்ளியோடைட்களின் ஆரம்ப மும்மடங்கால் ஒரு வாசிப்பு சட்டகம் வரையறுக்கப்படுகிறது. இது "திறந்த வாசிப்பு சட்டகம்" (ORF) என அழைக்கப்படும் அடுத்தடுத்த, ஒன்றுடன் ஒன்று இல்லாத கோடன்களின் ஓட்டத்திற்கான சட்டத்தை அமைக்கிறது. எடுத்துக்காட்டாக, 5'-AAATGAACG-3' (படம் பார்க்கவும்), முதல் நிலையில் இருந்து படித்தால், AAA, TGA மற்றும் ACG கோடன்களைக் கொண்டுள்ளது; இரண்டாவது நிலையில் இருந்து படித்தால், அதில் AAT மற்றும் GAA கோடன்கள் உள்ளன; மூன்றாம் இடத்திலிருந்து படித்தால், அதில் ATG மற்றும் AAC கோடன்கள் உள்ளன. ஒவ்வொரு வரிசையும் அதன் 5' → 3' திசையில் மூன்று வாசிப்பு பிரேம்களில் படிக்கப்படலாம், ஒவ்வொன்றும் தனித்துவமான அமினோ அமில வரிசையை உருவாக்குகின்றன:

கொடுக்கப்பட்ட எடுத்துக்காட்டில், Lys (K) -Trp (W) -Thr (T), Asn (N) -Glu (E), அல்லது Met (M) -Asn (N), முறையே (முதுகெலும்பு மைட்டோகாண்ட்ரியல் குறியீட்டைக் கொண்டு மொழிபெயர்க்கும்போது). டி.என்.ஏ இரட்டை இழைகளாக இருக்கும்போது, ஆறு சாத்தியமான வாசிப்பு பிரேம்கள் வரையறுக்கப்படுகின்றன, மூன்று ஒரு ஸ்ட்ராண்டில் முன்னோக்கி நோக்குநிலையிலும், எதிர் ஸ்ட்ராண்டில் மூன்று தலைகீழ்.: 330 புரோட்டீன்-குறியீட்டு பிரேம்கள் ஒரு தொடக்க கோடனால் வரையறுக்கப்படுகின்றன, பொதுவாக முதல் ஏ.யூ.ஐ. ஆர்.என்.ஏ (டி.என்.ஏ) வரிசையில் (ஏ.டி.ஐ) கோடான்.யூகாரியோட்களில், எக்ஸான்களில் உள்ள ORF கள் பெரும்பாலும் இன்ட்ரான்களால் குறுக்கிடப்படுகின்றன.

கோடன்களைத் தொடங்கு / நிறுத்து

மொழிபெயர்ப்பு ஒரு சங்கிலி-துவக்க கோடான் அல்லது தொடக்க கோடனுடன் தொடங்குகிறது. செயல்முறையைத் தொடங்க தொடக்க கோடான் மட்டும் போதாது. மொழிபெயர்ப்பைத் தொடங்க ஈ.கோலியில் உள்ள ஷைன்-டல்கர்னோ வரிசை மற்றும் துவக்க காரணிகள் போன்ற அருகிலுள்ள காட்சிகளும் தேவை. மிகவும் பொதுவான தொடக்க கோடான் AUG ஆகும், இது மெத்தியோனைன் அல்லது பாக்டீரியாவில் ஃபார்மில்மெத்தியோனைன் என படிக்கப்படுகிறது.

உயிரினத்தைப் பொறுத்து மாற்று தொடக்க கோடன்களில் "GUG" அல்லது "UUG" அடங்கும்; இந்த கோடன்கள் பொதுவாக முறையே வாலின் மற்றும் லுசைனைக் குறிக்கின்றன, ஆனால் தொடக்க கோடன்களாக அவை மெத்தியோனைன் அல்லது ஃபார்மில்மெத்தியோனைன் என மொழிபெயர்க்கப்படுகின்றன.

மூன்று ஸ்டாப் கோடன்களுக்கு பெயர்கள் உள்ளன: யுஏஜி அம்பர், யுஜிஏ ஓப்பல் (சில நேரங்களில் உம்பர் என்றும் அழைக்கப்படுகிறது), மற்றும் யுஏஏ ஓச்சர். ஸ்டாப் கோடன்கள் "முடித்தல்" அல்லது "முட்டாள்தனமான" கோடன்கள் என்றும் அழைக்கப்படுகின்றன. அவை ரைபோசோமில் இருந்து புதிய பாலிபெப்டைடை வெளியிடுவதை சமிக்ஞை செய்கின்றன, ஏனெனில் எந்த அறிவாற்றல் டிஆர்என்ஏவிற்கும் இந்த நிறுத்த சமிக்ஞைகளுக்கு பூர்த்திசெய்யும் ஆன்டிகோடன்கள் இல்லை, இதனால் வெளியீட்டு காரணி ரைபோசோமுடன் பிணைக்க அனுமதிக்கிறது.

புரோகாரியோட்களில் மரபணு வெளிப்பாடு

புரோகாரியோட்டுகள் அந்த நேரத்தில் அவற்றின் இறுதி புரதங்கள் தேவை என்று மரபணுக்களை மட்டுமே படியெடுக்கின்றன. ஆற்றலைச் சேமிக்கவும் செயல்திறனை அதிகரிக்கவும் அவர்கள் இந்த ஒழுங்கைச் செய்கிறார்கள். மரபணு வெளிப்பாட்டின் கட்டுப்பாடு முக்கியமாக அவற்றின் உடனடி சூழலைப் பொறுத்தது. எடுத்துக்காட்டாக ஊட்டச்சத்துக்கள் இருப்பது மற்றும் இல்லாதது. புரோகாரியோட்களில் மரபணு வெளிப்பாடு முதன்மையாக டிராஸ்கிரிப்டன் மட்டத்தில் நிகழ்கிறது.

மரபணு வெளிப்பாடு என்பது ஒரு செயல்பாட்டு மரபணு உற்பத்தியின் தொகுப்பில் ஒரு மரபணுவிலிருந்து தகவல் பயன்படுத்தப்படும் செயல்முறையாகும். இந்த தயாரிப்புகள் பெரும்பாலும் புரதங்களாக இருக்கின்றன, ஆனால் பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏ (டிஆர்.என்.ஏ) அல்லது சிறிய அணு ஆர்.என்.ஏ (எஸ்.என்.ஆர்.என்.ஏ) மரபணுக்கள் போன்ற புரத-குறியீட்டு மரபணுக்களில், தயாரிப்பு ஒரு செயல்பாட்டு ஆர்.என்.ஏ ஆகும். 1958 ஆம் ஆண்டில் பிரான்சிஸ் கிரிக் முதன்முதலில் வடிவமைத்த மூலக்கூறு உயிரியலின் மையக் கோட்பாட்டில் மரபணு வெளிப்பாடு சுருக்கமாகக் கூறப்படுகிறது, அவரது 1970 கட்டுரையில் மேலும் உருவாக்கப்பட்டது மற்றும் தலைகீழ் படியெடுத்தல் கண்டுபிடிப்புகளால் விரிவாக்கப்பட்டது. மற்றும் ஆர்.என்.ஏ பிரதி.

மரபணு வெளிப்பாட்டின் செயல்முறை அனைத்து அறியப்பட்ட உயிர்களாலும் பயன்படுத்தப்படுகிறது - யூகாரியோட்டுகள் (பல்லுயிர் உயிரினங்கள் உட்பட), புரோகாரியோட்கள் (பாக்டீரியா மற்றும் ஆர்க்கியா), மற்றும் வைரஸ்களால் பயன்படுத்தப்படுகின்றன life வாழ்க்கைக்கான மேக்ரோமொலிகுலர் இயந்திரங்களை உருவாக்க.

மரபியலில், மரபணு வெளிப்பாடு என்பது பிளோடைப்பிற்கு வழிவகுக்கும் மிக அடிப்படையான நிலை, அதாவது கவனிக்கத்தக்க பண்பு. டி.என்.ஏவில் சேமிக்கப்பட்ட மரபணு தகவல்கள் மரபணு வகையை குறிக்கின்றன, அதேசமயம் அந்த தகவலின் "விளக்கத்திலிருந்து" பிளோடைப் விளைகிறது. இத்தகைய பிளோடைப்கள் பெரும்பாலும் உயிரினங்களின் அமைப்பு மற்றும் வளர்ச்சியைக் கட்டுப்படுத்தும் புரதங்களின் தொகுப்பால்

வெளிப்படுத்தப்படுகின்றன, அல்லது அவை குறிப்பிட்ட வளர்சிதை மாற்ற பாதைகளை ஊக்குவிக்கும் நொதிகளாக செயல்படுகின்றன.

மரபணு வெளிப்பாடு செயல்பாட்டின் அனைத்து படிசுளும் ஒரு புரதத்தின் டிரான்ஸ்கிரிப்டன், ஆர்.என்.ஏ பிளவுதல், மொழிபெயர்ப்பு மற்றும் மொழிபெயர்ப்புக்கு பிந்தைய மாற்றம் உள்ளிட்டவற்றை மாற்றியமைக்கலாம் (கட்டுப்படுத்தலாம்). மரபணு வெளிப்பாட்டைக் கட்டுப்படுத்துவது ஒரு கலத்தில் இருக்கும் கொடுக்கப்பட்ட மரபணு உற்பத்தியின் (புரதம் அல்லது என்.சி.ஆர்.என்.ஏ) நேரம், இருப்பிடம் மற்றும் அளவைக் கட்டுப்படுத்துகிறது மற்றும் செல்லுலார் அமைப்பு மற்றும் செயல்பாட்டில் ஆழமான தாக்கத்தை ஏற்படுத்தும். மரபணு வெளிப்பாட்டைக் கட்டுப்படுத்துவது செல்லுலார் வேறுபாடு, வளர்ச்சி, மார்கோஜெனெசிஸ் மற்றும் எந்தவொரு உயிரினத்தின் பன்முகத்தன்மை மற்றும் தகவமைப்புக்கு அடிப்படையாகும். எனவே மரபணு ஒழுங்குமுறை பரிணாம மாற்றத்திற்கான அடி மூலக்கூறாக செயல்படக்கூடும்.

லாக் ஓபரான் (lac operon)

லாக்டோஸ் ஓபரான் (லாக் ஓபரான்) என்பது ஈ.கோலி மற்றும் பல நுண்ணுயிர் பாக்டீரியாக்களில் உள்ள லாக்டோஸின் போக்குவரத்து மற்றும் வளர்சிதை மாற்றத்திற்கு தேவையான ஓபரான் ஆகும். குளுக்கோஸ் பெரும்பாலான பாக்டீரியாக்களுக்கு விருப்பமான கார்பன் மூலமாக இருந்தாலும், பீட்டா-கேலக்டோசிடேஸின் செயல்பாட்டின் மூலம் குளுக்கோஸ் கிடைக்காதபோது லாக்டோஸை திறம்பட ஜீரணிக்க லாக் ஓபரான் அனுமதிக்கிறது. லாக் ஓபரானின் மரபணு ஒழுங்குமுறை தெளிவாக புரிந்து கொள்ளப்பட்ட முதல் மரபணு ஒழுங்குமுறை பொறிமுறையாகும், எனவே இது புரோகாரியோடிக் மரபணு ஒழுங்குமுறைக்கு ஒரு சிறந்த எடுத்துக்காட்டு. இந்த காரணத்திற்காக இது பெரும்பாலும் அறிமுக மூலக்கூறு மற்றும் செல்லுலார் உயிரியல் வகுப்புகளில் விவாதிக்கப்படுகிறது. இந்த லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்ற முறை பிரான்சுவா ஜேக்கப் மற்றும் ஜாக் மோனோட் ஆகியோரால் ஒரு உயிரியல் கலத்திற்கு எந்த நொதியை ஒருங்கிணைக்கத் தெரியும் என்பதை தீர்மானிக்க பயன்படுத்தப்பட்டது. லாக் ஓபரான் குறித்த அவர்களின் பணி 1965 ஆம் ஆண்டில் உடலியல் நோபல் பரிசை வென்றது.

பாக்டீரியா ஓபரான்கள் ஒரு எம்ஆர்என்ஏ டிரான்ஸ்கிரிப்ட்டில் இருந்து பல புரதங்களை உருவாக்கக்கூடிய பாலிசிஸ்டிரானிக் டிரான்ஸ்கிரிப்ட்கள் ஆகும். இந்த வழக்கில், பாக்டீரியத்திற்கு சர்க்கரை மூலமாக லாக்டோஸ் தேவைப்படும்போது, லாக் ஓபரானின் மூன்று மரபணுக்களை வெளிப்படுத்தலாம் மற்றும் அவற்றின் அடுத்தடுத்த புரதங்கள் மொழிபெயர்க்கப்படுகின்றன: lacZ, lacY மற்றும் lacA. LacZ இன் மரபணு தயாரிப்பு β-கேலக்டோசிடேஸ் ஆகும், இது லாக்டோஸ், ஒரு டிசாக்கரைடு, குளுக்கோஸ் மற்றும் கேலக்டோஸாக பிரிக்கிறது. lacY குறியாக்குகிறது பீட்டா-கேலக்டோசைடு ஊடுருவல், இது ஒரு சவ்வு புரதம், இது சைட்டோபிளாஸ்மிக் மென்படலத்தில் உட்பொதிந்து லாக்டோஸை செல்லுலார் செல்லுக்குள் செல்ல உதவுகிறது. இறுதியாக, lacA கேலக்டோசைட் அசிடைல்ட்ரான்ஸ்-பெரேஸை குறியாக்குகிறது.

லாக்டோஸ் கிடைக்காதபோது அல்லது குளுக்கோஸ் போன்ற விரும்பத்தக்க ஆற்றல் மூலங்கள் கிடைக்கும்போது என்சைம்களை உருவாக்குவது வீணாகும். லாக் ஓபரான் இரண்டு பகுதி கட்டுப்பாட்டு பொறிமுறையைப் பயன்படுத்துகிறது, இது தேவைப்படும் போது மட்டுமே லாக் ஓபரான் குறியாக்கம் செய்த நொதிகளை உற்பத்தி செய்யும் ஆற்றலை செல் செலவழிக்கிறது என்பதை உறுதி செய்கிறது. [2] லாக்டோஸ்

இல்லாத நிலையில், லாக் ஒடுக்கி, லாக்ஐ, லாக் ஓபரான் குறியாக்கம் செய்யப்பட்ட நொதிகளின் உற்பத்தியை நிறுத்துகிறது. இணை தூண்டி அதனுடன் பிணைக்கப்படாவிட்டால், லாக் அடக்கி எப்போதும் வெளிப்படுத்தப்படுகிறது. வேறு வார்த்தைகளில் கூறுவதானால், இது சிறிய மூலக்கூறு இணை தூண்டியின் முன்னிலையில் மட்டுமே படியெடுக்கப்படுகிறது. குளுக்கோஸின் முன்னிலையில், நொதிகளின் உற்பத்திக்குத் தேவையான கேடபோலைட் ஆக்டிவேட்டர் புரதம் (சிஏபி) செயலற்ற நிலையில் உள்ளது, மேலும் லாக்டோஸ் கலத்திற்குள் செல்வதைத் தடுக்க EIIAGlc லாக்டோஸ் ஊடுருவலை மூடுகிறது. இந்த இரட்டைக் கட்டுப்பாட்டு பொறிமுறையானது குளுக்கோஸ் மற்றும் லாக்டோஸை தொடர்ச்சியாக இரண்டு வெவ்வேறு வளர்ச்சி கட்டங்களில் பயன்படுத்துகிறது. இது டயாக்ஸி என அழைக்கப்படுகிறது.

அமைப்பு

லாக்டோஸின் கட்டமைப்பு மற்றும் அதன் பிளவுகளின் தயாரிப்புகள். லாக் ஓபரான் 3 கட்டமைப்பு மரபணுக்களைக் கொண்டுள்ளது, மேலும் ஒரு விளம்பரதாரர், ஒரு டெர்மினேட்டர், ரெகுலேட்டர் மற்றும் ஒரு ஆபரேட்டர். மூன்று கட்டமைப்பு மரபணுக்கள்: *lacZ*, *lacY* மற்றும் *lacA*.

lacZ குறியாக்கங்கள் β - கேலக்டோசிடேஸ் (*LacZ*), இது ஒரு உள்விளைவு நொதி, இது டிசாக்கரைடு லாக்டோஸை குளுக்கோஸ் மற்றும் கேலக்டோஸாக பிரிக்கிறது.

அதே திசையில் ஒரு புரோட்டான் சாய்வு பயன்படுத்தி லாக்டோஸ் உள்ளிட்ட β - கேலக்டோசைட்களை கலத்திற்குள் செலுத்தும் டிரான்ஸ்மெம்பிரேன் சிம்போர்ட்டான பீட்டா-கேலக்டோசைட் பெர்மீஸ் (*LacY*) ஐ *lacY* குறிக்கிறது. பெர்மீஸ் கலத்தின் ஊடுருவலை β - கேலக்டோசைட்களாக அதிகரிக்கிறது.

lacA குறியீடுகளை β - கேலக்டோசைட் டிரான்செடிவேஸ் (*LacA*), ஒரு அசிடேல் குழுவை அசிடேல்-CoA இலிருந்து β - கேலக்டோசைடுகளுக்கு மாற்றும் ஒரு நொதி.



லாக்டோஸ் கேடபாலிசத்திற்கு *lacZ* மற்றும் *lacY* மட்டுமே அவசியம் என்று தோன்றுகிறது. லாக் மரபணுக்களின் குறிப்பிட்ட கட்டுப்பாடு பாக்டீரியத்திற்கு அடி மூலக்கூறு லாக்டோஸ் கிடைப்பதைப் பொறுத்தது. கார்பன் மூலமாக லாக்டோஸ் கிடைக்காதபோது புரதங்கள் பாக்டீரியத்தால் உற்பத்தி செய்யப்படுவதில்லை. லாக் மரபணுக்கள் ஒரு ஓபரானாக ஒழுங்கமைக்கப்பட்டுள்ளன; அதாவது, அவை குரோமோசோமில் உடனடியாக ஒட்டியிருக்கும் அதே திசையில் நோக்குநிலை கொண்டவை மற்றும் ஒற்றை பாலிசிஸ்டிரானிக் எம்ஆர்என்ஏ மூலக்கூறாக இணைக்கப்படுகின்றன.

அனைத்து மரபணுக்களின் படியெடுத்தல் டி.என்.ஏ-பிணைப்பு புரதமான ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் (ஆர்.என்.ஏ.பி) என்ற நொதியின் பிணைப்புடன் தொடங்குகிறது, இது ஒரு குறிப்பிட்ட டி.என்.ஏ பிணைப்பு தளமான ப்ரொமோட்டருடன் பிணைக்கிறது.

உடனடியாக மரபணுக்களின் அப்ஸ்ட்ரீம். ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸை விளம்பரதாரருடன் பிணைப்பது சிஏஎம்பி-பிணைந்த கேட்போலைட் ஆக்டிவேட்டர் புரதத்தால் (சிஏபி, சிஏஎம்பி ஏற்பி புரதம் என்றும் அழைக்கப்படுகிறது) உதவுகிறது. [4] இருப்பினும், lacI மரபணு (lac operon க்கான ஒழுங்குமுறை மரபணு) ஒரு புரதத்தை உருவாக்குகிறது, இது RNAP ஐ ஓபரானின் ஆபரேட்டருடன் பிணைப்பதைத் தடுக்கிறது. அலோலாக்டோஸ் அதனுடன் பிணைக்கப்பட்டு, அதை செயலிழக்கச் செய்தால் மட்டுமே இந்த புரதத்தை அகற்ற முடியும். லசிஐ மரபணுவால் உருவாகும் புரதம் லாக் ரெப்ரஸ்ர் என்று அழைக்கப்படுகிறது. லாக் ஓபரான் உட்படுத்தும் ஒழுங்குமுறை வகை எதிர்மறை தூண்டக்கூடியது என்று குறிப்பிடப்படுகிறது.

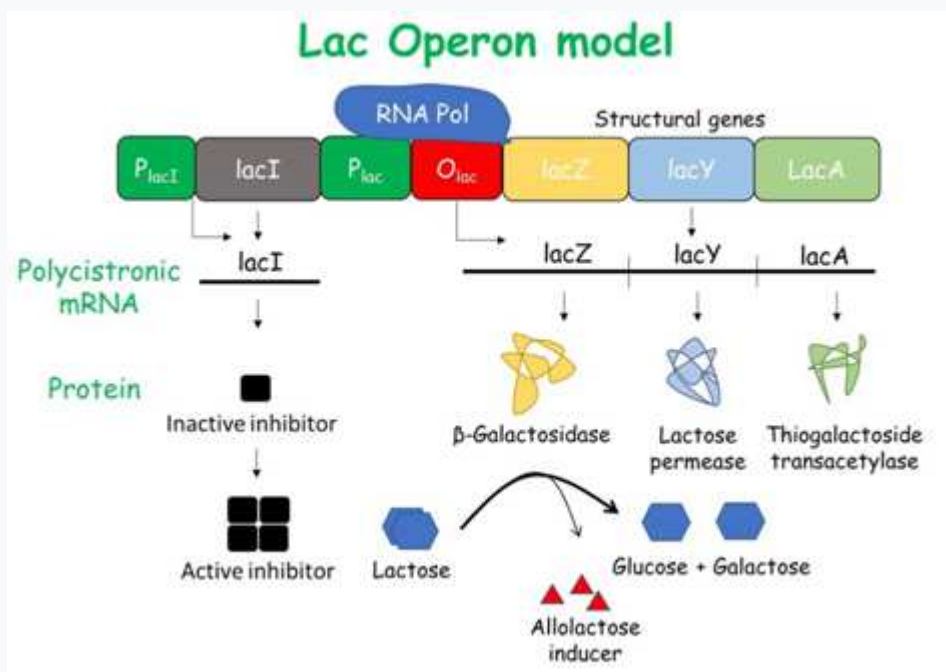
அதாவது சில மூலக்கூறுகள் (லாக்டோஸ்) சேர்க்கப்படாவிட்டால் மரபணு ஒழுங்குமுறை காரணி (லாக் ரெப்ரஸ்ர்) ஆல் அணைக்கப்படுகிறது. லாக் ரெப்ரஸ்ர் புரதம் இருப்பதால், லாக் இசிட் மரபணுவை மற்றொரு மரபணுவின் மாற்றும் மரபணு பொறியாளர்கள் அகாரில் சோதனை பாக்கிரியாவை லாக்டோஸுடன் கிடைக்கச் செய்ய வேண்டும். அவர்கள் அவ்வாறு செய்யாவிட்டால், அவர்கள் வெளிப்படுத்த முயற்சிக்கும் மரபணு வெளிப்படுத்தப்படாது, ஏனெனில் அடக்குமுறை புரதம் இன்னும் RNAP ஐ விளம்பரதாரருடன் பிணைப்பதைத் தடுக்கிறது மற்றும் மரபணுவை படியெடுத்தல் செய்கிறது.

அடக்குமுறை அகற்றப்பட்டதும், ஆர்.என்.ஏ.பி பின்னர் மூன்று மரபணுக்களையும் (லாக்ஜியா) எம்.ஆர்.என்.ஏவாக மாற்றும். எம்.ஆர்.என்.ஏ ஸ்ட்ராண்டில் உள்ள மூன்று மரபணுக்களில் ஒவ்வொன்றும் அதன் சொந்த ஹைன்ட்ல்கர்னோ வரிசையைக் கொண்டுள்ளன, எனவே மரபணுக்கள் சுயாதீனமாக மொழிபெயர்க்கப்படுகின்றன. [5] ஈ.கோலை லாக் ஓபரான், லாக்ஜியா எம்.ஆர்.என்.ஏ மற்றும் லசிஐ மரபணுக்களின் டி.என்.ஏ வரிசை ஜென்பேங்கிலிருந்து கிடைக்கிறது முதல் கட்டுப்பாட்டு பொறிமுறையானது லாக்டோஸிற்கான ஒழுங்குமுறை மறுமொழியாகும், இது லாக்டோஸ் இல்லாத நிலையில் β -கேலக்டோசிடேஸின் உற்பத்தியைத் தடுக்க லாக்டோஸ் ரெப்ரஸ்ர் எனப்படும் உள்விளைவு ஒழுங்குமுறை புரதத்தைப் பயன்படுத்துகிறது.

அடக்குமுறைக்கான lacI மரபணு குறியீட்டு முறை lac operon க்கு அருகில் உள்ளது மற்றும் எப்போதும் வெளிப்படுத்தப்படுகிறது (அமைப்புரீதியானது). வளர்ச்சி ஊடகத்தில் லாக்டோஸ் காணவில்லை எனில், லாக் ஆபரேட்டர் எனப்படும் லாக்ஸின் தொடக்கத்திற்கு அருகில் ஊக்குவிப்பாளரின் கீழ்நோக்கி ஒரு குறுகிய டி.என்.ஏ வரிசைக்கு அடக்குமுறை மிகவும் இறுக்கமாக பிணைக்கிறது. ஆபரேட்டருடன் பிணைப்பு அடக்குமுறை ஆர்.என்.ஏ.பி ஐ விளம்பரதாரருடன் பிணைப்பதில் தலையிடுகிறது, எனவே எம்.ஆர்.என்.ஏ குறியாக்கம் லாக்இசிட் மற்றும் லேசி ஆகியவை மிகக் குறைந்த மட்டத்தில் மட்டுமே செய்யப்படுகின்றன.

இருப்பினும், லாக்டோஸின் முன்னிலையில் செல்கள் வளரும்போது, லாக்டோஸிலிருந்து லாக்டோஸ் மெட்டாபொலிட், லாக்டோஸிலிருந்து லாக் இசிட் மரபணுவால் தயாரிக்கப்படுகிறது, இது அடக்குமுறையுடன் பிணைக்கப்பட்டு, அலோஸ்டெரிக் மாற்றத்தை ஏற்படுத்துகிறது. இவ்வாறு மாற்றியமைக்கப்பட்டால், ஒடுக்கியால் ஆபரேட்டருடன் பிணைக்க இயலாது, இதனால் ஆர்.என்.ஏ.பி லாக் மரபணுக்களை படியெடுக்க அனுமதிக்கிறது, இதன் மூலம் குறியிடப்பட்ட புரதங்களின் உயர் மட்டங்களுக்கு வழிவகுக்கிறது.

இரண்டாவது கட்டுப்பாட்டு பொறிமுறையானது குளுக்கோஸின் பிரதிபலிப்பாகும், இது குளுக்கோஸ் இல்லாத நிலையில் β -கேலக்டோசிடேஸின் உற்பத்தியை பெரிதும் அதிகரிக்க கேட்போலைட் ஆக்டிவேட்டர் புரதம் (சிஏபி) ஹோமோடிமரைப் பயன்படுத்துகிறது. சுழற்சி அடினோசின் மோனோபாஸ்பேட் (சிஏஎம்பி) என்பது ஒரு சமிக்ஞை மூலக்கூறு ஆகும், இதன் பரவலானது குளுக்கோஸின் நேர்மாறான விகிதாசாரமாகும். இது CAP உடன் பிணைக்கிறது, இதன் விளைவாக CAP பிணைப்பு தளத்துடன் பிணைக்க அனுமதிக்கிறது (கீழேயுள்ள வரைபடத்தில் இடதுபுறத்தில் உள்ள விளம்பரதாரரின் 16 பிபி டிஎன்ஏ வரிசை, டிரான்ஸ்கிரிப்டன் தொடக்க தளத்தின் சுமார் 60 பிபி அப்ச்ட்ரீம்), இது டி.என்.ஏ உடன் பிணைக்க ஆர்.என்.ஏ.பி க்கு உதவுகிறது. குளுக்கோஸ் இல்லாத நிலையில், cAMP செறிவு அதிகமாக உள்ளது மற்றும் CAP-cAMP ஐ டி.என்.ஏ உடன் பிணைப்பது கணிசமாக β -கேலக்டோசிடேஸின் உற்பத்தியை அதிகரிக்கிறது, இதனால் உயிரணு ஹைட்ரோலைஸ் லாக்டோஸை உருவாக்க உதவுகிறது மற்றும் கேலக்டோஸ் மற்றும் குளுக்கோஸை வெளியிடுகிறது.



படியெடுத்தல் (Transcription)

டி.என்.ஏ அடிப்படையிலான மரபணு வெளிப்பாட்டின் பல படிகளில் டிரான்ஸ்கிரிப்டன் முதன்மையானது, இதில் டி.என்.ஏவின் ஒரு குறிப்பிட்ட பிரிவு ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் என்ற நொதியால் ஆர்.என்.ஏ (குறிப்பாக எம்.ஆர்.என்.ஏ) இல் நகலெடுக்கப்படுகிறது.

டி.என்.ஏ மற்றும் ஆர்.என்.ஏ இரண்டும் நியூக்ளிக் அமிலங்கள், அவை நியூக்ளியோடைட்களின் அடிப்படை ஜோடிகளை ஒரு நிரப்பு மொழியாகப் பயன்படுத்துகின்றன. டிரான்ஸ்கிரிப்டனின் போது, ஒரு டி.என்.ஏ வரிசை ஒரு ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸால் படிக்கப்படுகிறது, இது ஒரு முதன்மை டிரான்ஸ்கிரிப்ட் எனப்படும் ஒரு நிரப்பு, ஆன்டிபரலல் ஆர்.என்.ஏ ஸ்ட்ராண்டை உருவாக்குகிறது.

படியெடுத்தல் பின்வரும் பொதுவான படிகளில் தொடர்கிறது:

- ❖ ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ், ஒன்று அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட பொது டிரான்ஸ்கிரிப்டன் காரணிகளுடன் சேர்ந்து, டி.என்.ஏவை ஊக்குவிக்கும்.
- ❖ ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஒரு டிரான்ஸ்கிரிப்டன் குமிழியை உருவாக்குகிறது, இது டி.என்.ஏ ஹெலிக்ஸின் இரண்டு இழைகளையும் பிரிக்கிறது. நிரப்பு
- ❖ டி.என்.ஏ நியூக்ளியோடைட்களுக்கு இடையில் ஹைட்ரஜன் பிணைப்புகளை உடைப்பதன் மூலம் இது செய்யப்படுகிறது.
- ❖ ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஆர்.என்.ஏ நியூக்ளியோடைட்களைச் சேர்க்கிறது (அவை ஒரு டி.என்.ஏ ஸ்ட்ராண்டின் நியூக்ளியோடைட்களுக்கு நிரப்புகின்றன).
- ❖ ஆர்.என்.ஏ சர்க்கரை-பாஸ்பேட் முதுகெலும்பு ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸின் உதவியுடன் ஆர்.என்.ஏ இழையை உருவாக்குகிறது.
- ❖ ஆர்.என்.ஏ-டி.என்.ஏ ஹெலிக்ஸ் உடைப்பின் ஹைட்ரஜன் பிணைப்புகள், புதிதாக ஒருங்கிணைக்கப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ இழையை விடுவிக்கின்றன.
- ❖ கலத்திற்கு ஒரு கரு இருந்தால், ஆர்.என்.ஏ மேலும் செயலாக்கப்படலாம். இதில் பாலிடெனிலேஷன், கேப்பிங் மற்றும் பிளவுதல் ஆகியவை இருக்கலாம்.
- ❖ ஆர்.என்.ஏ கருவில் இருக்கக்கூடும் அல்லது அணு துளை வளாகத்தின் வழியாக சைட்டோபிளாஸிலிருந்து வெளியேறலாம்.

ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறாக டிரான்ஸ்கிரிப்ட் செய்யப்பட்ட டி.என்.ஏவின் டிரான்ஸ்கிரிப்டன் யூனிட் என்று அழைக்கப்படுகிறது மற்றும் குறைந்தது ஒரு மரபணுவை குறியாக்குகிறது. மரபணு ஒரு புரதத்தை குறியீடாக்கினால், டிரான்ஸ்கிரிப்டன் மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ (எம்.ஆர்.என்.ஏ) ஐ உருவாக்குகிறது; எம்.ஆர்.என்.ஏ, மொழிபெயர்ப்பின் மூலம் புரதத்தின் தொகுப்புக்கான ஒரு டெம்ப்ளேட்டாக செயல்படுகிறது.

மாற்றாக, டிரான்ஸ்கிரிப்ட் செய்யப்பட்ட மரபணு மைக்ரோஆர்என்ஏ, ரைபோசோமால் ஆர்என்ஏ (ஆர்ஆர்என்ஏ), பரிமாற்ற ஆர்என்ஏ (டிஆர்என்ஏ) அல்லது ரைபோசைம்கள் எனப்படும் என்சைடிக் ஆர்என்ஏ மூலக்கூறுகள் போன்ற குறியீட்டு அல்லாத ஆர்.என்.ஏ க்காக குறியாக்கம் செய்யலாம். ஒட்டுமொத்தமாக, புரதங்களை ஒருங்கிணைக்க, ஒழுங்குபடுத்த மற்றும் செயலாக்க ஆர்.என்.ஏ உதவுகிறது; எனவே இது ஒரு கலத்திற்குள் செயல்பாடுகளைச் செய்வதில் அடிப்படை பங்கு வகிக்கிறது.

வைராலஜியில், ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறிலிருந்து (அதாவது, ஆர்.என்.ஏ பிரதி) எம்.ஆர்.என்.ஏ தொகுப்பைக் குறிப்பிடும்போது இந்த சொல் பயன்படுத்தப்படலாம். உதாரணமாக, எதிர்மறை-உணர்வு ஒற்றை-தனிமைப்படுத்தப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ (எஸ்.எஸ்.ஆர்.என்.ஏ -) வைரஸின் மரபணு நேர்மறை உணர்வு ஒற்றை-தனிமைப்படுத்தப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ (எஸ்.எஸ்.ஆர்.என்.ஏ +) க்கான வார்ப்புருவாக இருக்கலாம் [தெளிவு தேவை].

ஏனென்றால், வைரஸ் பிரதிபலிப்புக்கு வைரஸ் புரதங்களை மொழிபெயர்க்க தேவையான தகவல்களை நேர்மறை-உணர்வு இழை கொண்டுள்ளது. இந்த செயல்முறை ஒரு வைரஸ் ஆர்.என்.ஏ பிரதி மூலம் வினையூக்கப்படுகிறது

முக்கிய படிகள் (Major steps)

டிரான்ஸ்கிரிப்டன் துவக்கம், விளம்பரதாரர் தப்பித்தல், நீட்சி மற்றும் முடித்தல் என பிரிக்கப்பட்டுள்ளது.

தீட்சை

டிரான்ஸ்கிரிப்டன் ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேசை பிணைப்பதன் மூலம், ஒன்று அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட பொதுவான டிரான்ஸ்கிரிப்டன் காரணிகளுடன், ஒரு ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ்-விளம்பரதாரர் "மூடிய வளாகத்தை" உருவாக்குவதற்கு "விளம்பரதாரர்" என்று குறிப்பிடப்படும் ஒரு குறிப்பிட்ட டி.என்.ஏ வரிசைக்கு. "மூடிய வளாகத்தில்" விளம்பரதாரர் டி.என்.ஏ இன்னும் முழுமையாக இரட்டிப்பாக உள்ளது.

ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ், ஒன்று அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட பொது டிரான்ஸ்கிரிப்டன் காரணிகளால் உதவுகிறது, பின்னர் சுமார் 14 அடிப்படை ஜோடி டி.என்.ஏவை பிரித்து ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ்-விளம்பரதாரர் "திறந்த வளாகத்தை" உருவாக்குகிறது. "திறந்த வளாகத்தில்" விளம்பரதாரர் டி.என்.ஏ ஓரளவு காயமடையாத மற்றும் ஒற்றை-தனிமைப்படுத்தப்பட்டதாகும். வெளிப்படும், ஒற்றை-தனிமைப்படுத்தப்பட்ட டி.என்.ஏ "டிரான்ஸ்கிரிப்டன் குமிழி" என்று குறிப்பிடப்படுகிறது.

ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ், ஒன்று அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட பொதுவான டிரான்ஸ்கிரிப்டன் காரணிகளால் உதவுகிறது, பின்னர் டிரான்ஸ்கிரிப்டன் குமிழில் ஒரு டிரான்ஸ்கிரிப்டன் தொடக்க தளத்தைத் தேர்ந்தெடுத்து, துவங்கும் என்.டி.பி மற்றும் டிரான்ஸ்கிரிப்டன் தொடக்க தள வரிசைக்கு நிரப்பக்கூடிய என்.டி.பி (அல்லது ஒரு குறுகிய ஆர்.என்.ஏ ப்ரைமர் மற்றும் நீட்டிக்கும் என்.டி.பி) உடன் பிணைக்கிறது. , மற்றும் ஆரம்ப ஆர்.என்.ஏ தயாரிப்பை வழங்க பத்திர உருவாக்கத்தை ஊக்குவிக்கிறது.

பாக்டீரியாவில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஹொலோஎன்சைம் ஐந்து துணைக்குழுக்களைக் கொண்டுள்ளது: 2α துணைக்குழுக்கள், 1β துணைக்குழு, $1 \text{ sub } \omega$ துணைக்குழு மற்றும் 1ω துணைக்குழு. பாக்டீரியாவில், சிக்மா காரணி எனப்படும் ஒரு பொதுவான ஆர்.என்.ஏ டிரான்ஸ்கிரிப்டன் காரணி உள்ளது. ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் கோர் என்சைம் ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஹொலோஎன்சைமை உருவாக்குவதற்கு பாக்டீரியா பொது டிரான்ஸ்கிரிப்டன் (சிக்மா) காரணியுடன் பிணைக்கப்பட்டு பின்னர் ஒரு விளம்பரதாரருடன் பிணைக்கிறது. (சிக்மா சப்யூனிட் கோர் என்சைமுடன் இணைக்கப்படும்போது ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஒரு ஹொலோஎன்சைம் என அழைக்கப்படுகிறது, இது 2α துணைக்குழுக்கள், 1β சப்யூனிட், $1 \text{ sub } \omega$ சப்யூனிட் மட்டும்) கொண்டது.

ஆர்க்கியா மற்றும் யூகாரியோட்களில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸில் பாக்டீரியாவில் உள்ள ஐந்து ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் துணைக்குழுக்களில் ஒவ்வொன்றிற்கும் ஒரே மாதிரியான துணைக்குழுக்கள் உள்ளன, மேலும் கூடுதல் துணைக்குழுக்களும் உள்ளன. ஆர்க்கியா மற்றும் யூகாரியோட்களில்,

பாக்கிரியா பொது டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் காரணி சிக்மாவின் செயல்பாடுகள் பல பொது டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் காரணிகளால் செய்யப்படுகின்றன.

தொல்பொருளில், மூன்று பொதுவான டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் காரணிகள் உள்ளன: TBP, TFB மற்றும் TFE. யூகாரியோட்களில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் II- சார்பு டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ்ஸில், ஆறு பொதுவான டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் காரணிகள் உள்ளன: டி.எஃப்.ஐ.ஐ.ஏ, டி.எஃப்.ஐ.ஐ.பி (தொல்பொருள் டி.எஃப்.பியின் ஒரு ஆர்த்தோலாஜிக்), டி.எஃப்.ஐ.ஐ.டி (முக்கிய துணைக்குழு, டி.பி.பி, தொல்பொருள் டி.பீ.பியின் எலும்பியல் ஆகும்), TFIIE (தொல்பொருள் TFE இன் எலும்பியல்), TFIIF மற்றும் TFIIH. TBP ஐ பிணைப்பதன் காரணமாக டி.என்.ஏ உடன் பிணைக்கப்படும் முதல் கூறு TFIID ஆகும், அதே நேரத்தில் TFIIH என்பது ஆட்சேர்ப்பு செய்யப்படும் கடைசி அங்கமாகும். ஆர்க்கியா மற்றும் யூகாரியோட்களில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ்-விளம்பரதாரர் மூடிய வளாகம் பொதுவாக "முன்கூட்டியே சிக்கலானது" என்று குறிப்பிடப்படுகிறது.

டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் துவக்கம் கூடுதல் புரதங்களால் கட்டுப்படுத்தப்படுகிறது, அவை ஆக்டிவேட்டர்கள் மற்றும் அடக்குமுறைகள் என அழைக்கப்படுகின்றன, மேலும் சில சந்தர்ப்பங்களில், தொடர்புடைய கோட்பாட்டர்கள் அல்லது கோர்ப்ரெசர்கள், அவை டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் துவக்க வளாகத்தின் உருவாக்கம் மற்றும் செயல்பாட்டை மாற்றியமைக்கின்றன.

விளம்பரதாரர் தப்பித்தல்

முதல் பிணைப்பு ஒருங்கிணைக்கப்பட்ட பிறகு, ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் விளம்பரதாரரிடமிருந்து தப்ப வேண்டும். இந்த நேரத்தில் ஆர்.என்.ஏ டிரான்ஸ்கிரிப்டை வெளியிடுவதற்கும் துண்டிக்கப்பட்ட டிரான்ஸ்கிரிப்ட்களை உருவாக்குவதற்கும் ஒரு போக்கு உள்ளது. இது கருக்கலைப்பு துவக்கம் என்று அழைக்கப்படுகிறது, இது யூகாரியோட்கள் மற்றும் புரோகாரியோட்கள் இரண்டிற்கும் பொதுவானது. ஏறத்தாழ 10 நியூக்ளியோடைட்களின் வாசல் நீளத்தின் ஆர்.என்.ஏ தயாரிப்பு ஒருங்கிணைக்கப்படும் வரை கருக்கலைப்பு தொடக்கம் தொடர்கிறது, அந்த நேரத்தில் ஊக்குவிப்பு தப்பித்தல் நிகழ்கிறது மற்றும் ஒரு டிரான்ஸ்கிரிப்டிவ் நீட்டிப்பு வளாகம் உருவாகிறது.

இயக்கவியல் ரீதியாக, டி.என்.ஏ ஸ்க்ரூசிங் மூலம் விளம்பரதாரர் தப்பித்தல் ஏற்படுகிறது, இது ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் ஹோலோஎன்சைம் மற்றும் ஊக்குவிப்பாளருக்கு இடையிலான தொடர்புகளை உடைக்க தேவையான சக்தியை வழங்குகிறது.

பாக்கிரியாவில், விளம்பரதாரர் அனுமதி ஏற்பட்ட பிறகு சிக்மா காரணி நிச்சயமாக வெளியிடப்படும் என்று வரலாற்று ரீதியாக கருதப்பட்டது. இந்த கோட்பாடு கட்டாய வெளியீட்டு மாதிரி என்று அறியப்பட்டது. இருப்பினும், பிற்காலத் தகவல்கள், விளம்பரதாரர் அனுமதியைப் பின்பற்றி, தொடர்ந்து, சிக்மா காரணி சீரற்ற வெளியீட்டு மாதிரி எனப்படும் ஒரு ஒத்திசைவான மாதிரியின் படி வெளியிடப்படுகிறது.

யூகாரியோட்களில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் II- சார்பு ஊக்குவிப்பாளரில், விளம்பரதாரர் அனுமதியின் பேரில், ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் II இன் கார்பாக்ஸி முனைய களத்தில் டி.எஃப்.ஐ.ஐ.எச் பாஸ்போரிலேட்டுகள் செரின் 5, இது கேப்பிங் என்சைம் (சி.இ) ஆட்சேர்ப்புக்கு வழிவகுக்கிறது.

யூகாரியோட்களில் CE எவ்வாறு விளம்பரதாரர் அனுமதியைத் தூண்டுகிறது என்பதற்கான சரியான வழிமுறை இன்னும் அறியப்படவில்லை.

நீட்சி

டி.என்.ஏவின் ஒரு இழை, டெம்ப்ளேட் ஸ்ட்ராண்ட் (அல்லது அல்லாத குறியீட்டு ஸ்ட்ராண்ட்), ஆர்.என்.ஏ தொகுப்புக்கான வார்ப்புருவாக பயன்படுத்தப்படுகிறது. டிரான்ஸ்கிரிப்டன் தொடரும்போது, ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் வார்ப்புரு இழையை கடந்து, டி.என்.ஏ வார்ப்புருவுடன் அடிப்படை இணைத்தல் நிரப்புதலைப் பயன்படுத்தி ஆர்.என்.ஏ நகலை உருவாக்குகிறது (இது பயணத்தின் போது நீண்டு செல்கிறது). ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ் 3' → 5' இலிருந்து டெம்ப்ளேட் ஸ்ட்ராண்டைக் கடந்து சென்றாலும், குறியீட்டு (வார்ப்புரு அல்லாத) ஸ்ட்ராண்ட் மற்றும் புதிதாக உருவாக்கப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ ஆகியவையும் குறிப்பு புள்ளிகளாகப் பயன்படுத்தப்படலாம், எனவே டிரான்ஸ்கிரிப்டன் 5' → 3' என விவரிக்கப்படலாம். இது 5' → 3' இலிருந்து ஒரு ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறை உருவாக்குகிறது, இது குறியீட்டு இழையின் சரியான நகலாகும் (தைமின்கள் யுரேசில்களால் மாற்றப்படுகின்றன என்பதைத் தவிர, மற்றும் நியூக்ளியோடைடுகள் ஒரு ரைபோஸ் (5-கார்பன்) சர்க்கரையால் ஆனவை, அங்கு டி.என்.ஏ டியோக்சைரிபோஸ் (ஒரு குறைவான ஆக்ஸிஜன் அணு) அதன் சர்க்கரை-பாஸ்பேட் முதுகெலும்பில்).

எம்.ஆர்.என்.ஏ டிரான்ஸ்கிரிப்டனில் ஒரு டி.என்.ஏ வார்ப்புருவில் பல ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸ்கள் மற்றும் பல சுற்று டிரான்ஸ்கிரிப்டன் (குறிப்பிட்ட எம்.ஆர்.என்.ஏவின் பெருக்கம்) ஆகியவை அடங்கும், எனவே பல எம்.ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறுகள் ஒரு மரபணுவின் ஒற்றை நகலிலிருந்து விரைவாக உருவாக்கப்படலாம். மற்றும் யூகாரியோட்டுகள் சுமார் 10-100 nts / sec ஆகும். இருப்பினும், யூகாரியோட்களில், டிரான்ஸ்கிரிப்டன் நீட்டிப்பின் போது பாலிமரேஸ்களைப் படியெடுப்பதற்கு நியூக்ளியோசோம்கள் முக்கிய தடைகளாக செயல்படுகின்றன.

இந்த உயிரினங்களில், நியூக்ளியோசோம்களால் தூண்டப்படுவதை TFIIIS போன்ற டிரான்ஸ்கிரிப்டன் நீட்டிப்பு காரணிகளால் கட்டுப்படுத்தலாம். நீட்டிப்பு என்பது தவறாக இணைக்கப்பட்ட தளங்களை மாற்றக்கூடிய ஒரு சரிபார்ப்பு பொறிமுறையையும் உள்ளடக்கியது. யூகாரியோட்களில், இது பொருத்தமான ஆர்.என்.ஏ எட்டிங் காரணிகளை பிணைக்க அனுமதிக்கும் டிரான்ஸ்கிரிப்டனின் போது குறுகிய இடைநிறுத்தங்களுடன் ஒத்திருக்கலாம். இந்த இடைநிறுத்தங்கள் ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸுக்கு உள்ளார்ந்ததாக இருக்கலாம் அல்லது குரோமாடின் அமைப்பு காரணமாக இருக்கலாம்.

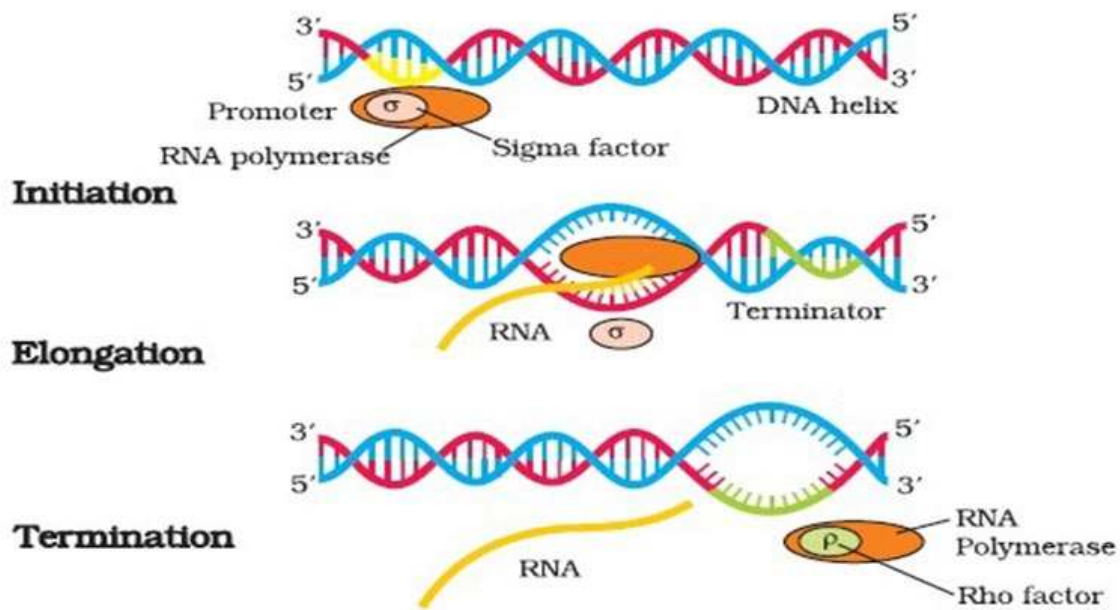
முடித்தல்

டிரான்ஸ்கிரிப்டன் முடிவுக்கு பாக்கிரியாக்கள் இரண்டு வெவ்வேறு உத்திகளைப் பயன்படுத்துகின்றன - ரோ-சுயாதீன முடித்தல் மற்றும் ரோ-சார்ந்த முடித்தல். ரோ-சுயாதீன டிரான்ஸ்கிரிப்டன் நிறுத்தத்தில், புதிதாக ஒருங்கிணைக்கப்பட்ட ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறு ஜி-சி நிறைந்த ஹேர்பின் சுழற்சியை உருவாக்கும் போது ஆர்.என்.ஏ டிரான்ஸ்கிரிப்டன் நிறுத்தப்படும்.

ஹேர்பின் உருவாகும்போது, இயந்திர அழுத்தம் பலவீனமான rU-dA பிணைப்புகளை உடைக்கிறது, இப்போது டி.என்.ஏ-ஆர்.என்.ஏ கலப்பினத்தை நிரப்புகிறது. இது ஆர்.என்.ஏ பாலிமரேஸின் செயலில் உள்ள தளத்திலிருந்து

பாலி-யு டிரான்ஸ்கிரிப்டை வெளியே இழுத்து, டிரான்ஸ்கிரிப்டை நிறுத்துகிறது. "ரோ-சார்ந்த" வகை நிறுத்தத்தில், "ரோ" என்று அழைக்கப்படும் ஒரு புரத காரணி வார்ப்புரு மற்றும் எம்ஆர்என்ஏ இடையேயான தொடர்புகளை சீர்குலைக்கிறது, இதனால் புதிதாக ஒருங்கிணைக்கப்பட்ட எம்ஆர்என்ஏவை நீட்டிப்பு வளாகத்திலிருந்து விடுவிக்கிறது.

யூகாரியோட்களில் டிரான்ஸ்கிரிப்டின் முடித்தல் பாக்கிரியாவைக் காட்டிலும் குறைவாகவே புரிந்து கொள்ளப்படுகிறது, ஆனால் புதிய டிரான்ஸ்கிரிப்டின் பிளவுகளை உள்ளடக்கியது, அதன்பிறகு அதன் புதிய 3 முடிவில் அடினின்களை வார்ப்புரு-சுயாதீனமாக சேர்ப்பது, பாலிடெனிலேஷன் எனப்படும் ஒரு செயல்பாட்டில்.



மொழிபெயர்ப்பு (Translation)

சில ஆர்.என்.ஏ (குறியீட்டு அல்லாத ஆர்.என்.ஏ) க்கு முதிர்ந்த ஆர்.என்.ஏ இறுதி மரபணு தயாரிப்பு ஆகும். மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ (எம்.ஆர்.என்.ஏ) விஷயத்தில், ஆர்.என்.ஏ என்பது ஒன்று அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட புரதங்களின் தொகுப்புக்கான தகவல் கேரியர் குறியீடாகும். ஒற்றை புரத வரிசையை (யூகாரியோட்களில் பொதுவானது) சுமந்து செல்லும் எம்.ஆர்.என்.ஏ மோனோசிஸ்டிரானிக் ஆகும், அதே நேரத்தில் பல புரத வரிசைகளை (புரோகாரியோட்களில் பொதுவானது) சுமக்கும் எம்.ஆர்.என்.ஏ பாலிசிஸ்டிரானிக் என அழைக்கப்படுகிறது. ரைபோசோம் மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏவை அமினோ அமிலங்களின் சங்கிலிக்கு (புரதம்) மொழிபெயர்க்கிறது.

மொழிபெயர்ப்பின் போது, அமினோ அமிலத்துடன் சார்ஜ் செய்யப்பட்ட டிஆர்என்ஏ ரைபோசோம்க்குள் நுழைந்து சரியான எம்ஆர்என்ஏ மும்மடங்குடன் இணைகிறது. ரைபோசோம் பின்னர் வளர்ந்து வரும் புரதச் சங்கிலியில் அமினோ அமிலத்தை சேர்க்கிறது.

ஒவ்வொரு எம்.ஆர்.என்.ஏவும் மூன்று பகுதிகளைக் கொண்டுள்ளது: 5' மொழிபெயர்க்கப்படாத பகுதி (5' UTR), ஒரு புரத-குறியீட்டு பகுதி அல்லது திறந்த வாசிப்பு சட்டகம் (ORF), மற்றும் 3' மொழிபெயர்க்கப்படாத பகுதி (3' UTR). குறியீட்டு பகுதி மரபணு குறியீட்டால் குறியிடப்பட்ட புரத தொகுப்புக்கான தகவல்களை மும்மடங்காக உருவாக்குகிறது. குறியீட்டு பகுதியின் நியூக்ளியோடைட்களின் ஒவ்வொரு மும்மடங்கு ஒரு கோடான் என்று

அழைக்கப்படுகிறது மற்றும் பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏவில் ஒரு ஆன்டிகோடன் மும்மடங்குடன் பூர்த்தி செய்யும் ஒரு பிணைப்பு தளத்திற்கு ஒத்திருக்கிறது. ஒரே ஆன்டிகோடன் வரிசையுடன் பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏக்கள் எப்போதும் ஒரே மாதிரியான அமினோ அமிலத்தைக் கொண்டுள்ளன.

அமினோ அமிலங்கள் பின்னர் குறியீட்டு பகுதியில் உள்ள மும்மூர்த்திகளின் வரிசைக்கு ஏற்ப ரைபோசோம் மூலம் ஒன்றாக இணைக்கப்படுகின்றன. ரைபோசோம் ஆர்.என்.ஏவை மெசஞ்சர் ஆர்.என்.ஏ உடன் பிணைக்க உதவுகிறது மற்றும் ஒவ்வொரு பரிமாற்ற ஆர்.என்.ஏவிலிருந்து அமினோ அமிலத்தை எடுத்து அதிலிருந்து ஒரு கட்டமைப்பு-குறைவான புரதத்தை உருவாக்குகிறது. ஒவ்வொரு எம்.ஆர்.என்.ஏ மூலக்கூறும் பல புரத மூலக்கூறுகளாக மொழிபெயர்க்கப்படுகின்றன, சராசரியாக 00 2800 பாலுட்டிகளில்.

புரோகாரியோட்களில் மொழிபெயர்ப்பு பொதுவாக டிரான்ஸ்கிரிப்டின் புள்ளியில் (இணை-டிரான்ஸ்கிரிப்டினலி) நிகழ்கிறது, பெரும்பாலும் ஒரு தூதர் ஆர்.என்.ஏவைப் பயன்படுத்துகிறது, அது இன்னும் உருவாக்கப்பட்டு வருகிறது. யூகாரியோட்களில், புரதம் எழுதப்பட வேண்டிய இடத்தைப் பொறுத்து செல்லின் பல்வேறு பகுதிகளில் மொழிபெயர்ப்பு ஏற்படலாம். முக்கிய இடங்கள் கரையக்கூடிய சைட்டோபிளாஸ்மிக் புரதங்களுக்கான சைட்டோபிளாசம் மற்றும் உயிரணுக்களிலிருந்து ஏற்றுமதி செய்ய அல்லது உயிரணு சவ்வுக்குள் செருகுவதற்கான புரதங்களுக்கான எண்டோபிளாஸ்மிக் ரெட்டிகுலத்தின் சவ்வு ஆகும். எண்டோபிளாஸ்மிக் ரெட்டிகுலத்தில் வெளிப்படுத்தப்பட வேண்டிய புரதங்கள் மொழிபெயர்ப்பு செயல்முறை மூலம் பகுதி வழி அங்கீகரிக்கப்படுகின்றன. இது சமிக்ஞை அங்கீகார துகள் மூலம் நிர்வகிக்கப்படுகிறது - இது ஒரு புரதமானது ரைபோசோமுடன் பிணைக்கப்பட்டு, வளர்ந்து வரும் (புதிய) அமினோ அமில சங்கிலியில் ஒரு சமிக்ஞை பெப்டைட்டைக் கண்டறிந்தால் அதை எண்டோபிளாஸ்மிக் ரெட்டிகுலத்திற்கு வழிநடத்துகிறது

தீட்சை

பாக்டீரியாவில் மொழிபெயர்ப்பைத் தொடங்குவது மொழிபெயர்ப்பு அமைப்பின் கூறுகளின் கூட்டத்தை உள்ளடக்கியது, அவை: இரண்டு ரைபோசோமால் துணைக்குழுக்கள் (50 எஸ் மற்றும் 30 எஸ் துணைக்குழுக்கள்); மொழிபெயர்க்கப்பட வேண்டிய முதிர்ந்த எம்.ஆர்.என்.ஏ; டி.ஆர்.என்.ஏ என்-ஃபார்மில்மெத்தியோனனுடன் சார்ஜ் செய்யப்படுகிறது (புதிய பெப்டைடில் உள்ள முதல் அமினோ அமிலம்); குவானோசின் ட்ரைபாஸ்பேட் (ஜிடிபி) ஆற்றல் மூலமாகவும், மூன்று புரோகாரியோடிக் துவக்க காரணிகளான ஐஎஃப் 1, ஐஎஃப் 2 மற்றும் ஐஎஃப் 3 ஆகியவை துவக்க வளாகத்தின் கூட்டத்திற்கு உதவுகின்றன. பொறிமுறையில் உள்ள மாறுபாடுகளை எதிர்பார்க்கலாம்.

ரைபோசோம் மூன்று செயலில் உள்ள தளங்களைக் கொண்டுள்ளது: ஒரு தளம், பி தளம் மற்றும் மின் தளம். ஒரு தளம் அமினோசைல் டிஆர்என்ஏவிற்கான நுழைவு புள்ளியாகும் (முதல் அமினோசைல் டிஆர்என்ஏ தவிர, இது பி தளத்தில் நுழைகிறது). பி தளம் என்பது ரைபோசோமில் பெப்டைடைல் டிஆர்என்ஏ உருவாகிறது. வளர்ந்து வரும் பெப்டைட் சங்கிலிக்கு அதன் அமினோ அமிலத்தை வழங்கிய பின்னர், இப்போது சார்ஜ் செய்யப்படாத டிஆர்என்ஏவின் வெளியேறும் தளமான F தளம்.

ஒரு துவக்க தளத்தின் தேர்வு (பொதுவாக ஒரு AUG கோடான்) 30S துணைக்குழு மற்றும் mRNA வார்ப்புருவுக்கு இடையிலான தொடர்புகளைப் பொறுத்தது. 30 எஸ் சப்யூனிட் எம்.ஆர்.என்.ஏ வார்ப்புருவுடன் பியூரின் நிறைந்த பகுதியில் (ஷைன்-டல்கர்னோ வரிசை) ஏ.யூ.ஜி துவக்கக் கோடனின் அப்ஸ்ட்ரீமில் பிணைக்கிறது. ஷைன்-டல்கர்னோ வரிசை 30 எஸ் துணைக்குழுவின் 16 எஸ் ஆர்ஆர்என்ஏ கூறுகளில் ஒரு பைரிமிடின் நிறைந்த பகுதிக்கு நிரப்புகிறது. இந்த வரிசை பரிணாம ரீதியாக பாதுகாக்கப்பட்டு இன்று நமக்குத் தெரிந்த நுண்ணுயிர் உலகில் முக்கிய பங்கு வகிக்கிறது. துவக்க வளாகத்தின் உருவாக்கத்தின் போது, இந்த நிரப்பு நியூக்ளியோடைடு வரிசைகள் ஜோடி இரட்டை ஸ்ட்ராண்ட்ட் ஆர்.என்.ஏ கட்டமைப்பை உருவாக்குகின்றன, இது எம்.ஆர்.என்.ஏவை ரைபோசோமுடன் பிணைக்கிறது, இது துவக்க கோடான் பி தளத்தில் வைக்கப்படுகிறது.

AUG துவக்க கோடன்கள் இல்லாத நன்கு அறியப்பட்ட குறியீட்டு பகுதிகள் ஈ.கோலை லாக் ஓபரானில் உள்ள lacI (GUG) மற்றும் lacA (UUG) ஆகும். இரண்டு ஆய்வுகள் சுயாதீனமாக 17 அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட ஏ.யூ.ஜி அல்லாத தொடக்க கோடன்கள் ஈ.கோலியில் மொழிபெயர்ப்பைத் தொடங்கக்கூடும் என்பதைக் காட்டுகின்றன.

நீட்சி

பாலிபெப்டைட் சங்கிலியின் நீளம் வளர்ந்து வரும் சங்கிலியின் கார்பாக்சைல் முடிவில் அமினோ அமிலங்களைச் சேர்ப்பதை உள்ளடக்குகிறது. வளர்ந்து வரும் புரதம் பெரிய துணைக் குழுவில் உள்ள பாலிபெப்டைட் வெளியேறும் சுரங்கப்பாதை வழியாக ரைபோசோமில் இருந்து வெளியேறுகிறது.

எஃப்மெட்-டிஆர்என்ஏ பி தளத்திற்குள் நுழையும் போது நீட்சி தொடங்குகிறது, இது ஒரு இணக்கமான மாற்றத்தை ஏற்படுத்துகிறது, இது புதிய அமினோசைல்-டிஆர்என்ஏ பிணைக்க ஒரு தளத்தைத் திறக்கிறது. இந்த பிணைப்பு ஒரு சிறிய ஜி.டி.பி பேஸான நீட்டிப்பு காரணி-து (ஈ.எஃப்-து) மூலம் எளிதாக்கப்படுகிறது. பொருத்தமான டி.ஆர்.என்.ஏவை விரைவாகவும் துல்லியமாகவும் அங்கீகரிப்பதற்காக, ரைபோசோம் பெரிய இணக்க மாற்றங்களை (இணக்க சரிபார்த்தல்) பயன்படுத்துகிறது.

இப்போது பி தளத்தில் குறியாக்கம் செய்யப்பட வேண்டிய புரதத்தின் பெப்டைட் சங்கிலியின் தொடக்கமும், ஒரு தளத்தில் அடுத்த அமினோ அமிலமும் பெப்டைட் சங்கிலியில் சேர்க்கப்பட வேண்டும். பி தளத்தில் டிஆர்என்ஏவுடன் இணைக்கப்பட்ட வளர்ந்து வரும் பாலிபெப்டைட் பி தளத்தில் உள்ள டிஆர்என்ஏவிலிருந்து பிரிக்கப்பட்டு, பாலிபெப்டைட்டின் கடைசி அமினோ அமிலங்களுக்கும் ஏ தளத்தில் டிஆர்என்ஏவுடன் இணைக்கப்பட்டுள்ள அமினோ அமிலத்திற்கும் இடையே ஒரு பெப்டைட் பிணைப்பு உருவாகிறது. பெப்டைட் பிணைப்பு உருவாக்கம் என அழைக்கப்படும் இந்த செயல்முறை ஒரு ரைபோசைம் (50 எஸ் ரைபோசோமால் சப்யூனிட்டில் 23 எஸ் ரைபோசோமால் ஆர்.என்.ஏ) மூலம் வினையூக்கப்படுத்தப்படுகிறது.

இப்போது, ஒரு தளத்தில் புதிதாக உருவாக்கப்பட்ட பெப்டைட் உள்ளது, அதே நேரத்தில் பி தளத்தில் சார்ஜ் செய்யப்படாத டிஆர்என்ஏ (அமினோ அமிலங்கள் இல்லாத டிஆர்என்ஏ) உள்ளது. ஒரு தளம் டிஆர்என்ஏவில் புதிதாக

உருவாக்கப்பட்ட பெப்டைட் டிபெப்டைட் என்றும் முழு சட்டசபை டிபெப்டைட்டில்- டிஆர்என்ஏ என்றும் அழைக்கப்படுகிறது. பி தளத்தில் உள்ள டிஆர்என்ஏ அமினோ அமிலத்தை கழித்தல் செயலிழக்கச் செய்யப்படுகிறது.

டிரான்ஸ்லோகேஷன் எனப்படும் நீட்டிப்பின் இறுதி கட்டத்தில், டிஆசைலேட்டட் டிஆர்என்ஏ (பி தளத்தில்) மற்றும் டிபெப்டைட்டில்-டிஆர்என்ஏ (ஏ தளத்தில்) ஆகியவற்றுடன் அதனுடன் தொடர்புடைய கோடன்களும் முறையே ஈ மற்றும் பி தளங்களுக்கு நகரும், மேலும் ஒரு புதிய கோடான் நகரும் ஒரு தளத்திற்குள். இந்த செயல்முறை நீட்டிப்பு காரணி G (EF-G) ஆல் வினையூக்கப்படுகிறது. E தளத்தில் உள்ள டிசிலேட்டட் டிஆர்என்ஏ அடுத்த ஏ-சைட் ஆக்கிரமிப்பின் போது ரைபோசோமில் இருந்து ஒரு அமினோசைல்- டிஆர்என்ஏ மூலம் மீண்டும் ஈ.எஃப்-டு மூலம் வசதி செய்யப்படுகிறது.

ரைபோசோம் எம்ஆர்என்ஏ (யுஏஏ, யுஜிஏ, அல்லது யுஏஜி) இல் ஸ்டாப் கோடனை அடையும் வரை, எம்ஆர்என்ஏவில் மீதமுள்ள கோடான்களை அதிக அமினோஅசில்-டிஆர்என்ஏ ஒரு தளத்துடன் பிணைக்கிறது.

டி.என்.ஏ நகலெடுப்பை ஊக்குவிக்கும் என்சைம் அமைப்புகளுடன் ஒப்பிடும்போது மொழிபெயர்ப்பு இயந்திரங்கள் மெதுவாக இயங்குகின்றன. பாக்டீரியாவில் உள்ள புரதங்கள் வினாடிக்கு 18 அமினோ அமில எச்சங்கள் மட்டுமே என்ற விகிதத்தில் தொகுக்கப்படுகின்றன, அதேசமயம் பாக்டீரியா மறுபதிப்புகள் டி.என்.ஏவை வினாடிக்கு 1000 நியூக்ளியோடைடுகள் என்ற விகிதத்தில் ஒருங்கிணைக்கின்றன. விகிதத்தில் உள்ள இந்த வேறுபாடு, நியூக்ளிக் அமிலங்களை உருவாக்க நான்கு வகையான நியூக்ளியோடைட்களை பாலிமரைஸ் செய்வதற்கும், புரதங்களை உருவாக்க 20 வகையான அமினோ அமிலங்களை பாலிமரைஸ் செய்வதற்கும் உள்ள வித்தியாசத்தை ஒரு பகுதியாக பிரதிபலிக்கிறது.

தவறான அமினோசைல்-டிஆர்என்ஏ மூலக்கூறுகளை சோதித்து நிராகரிப்பது நேரம் எடுக்கும் மற்றும் புரத தொகுப்பை குறைக்கிறது. பாக்டீரியாவில், ஒரு எம்.ஆர்.என்.ஏவின் 5' முடிவு ஒருங்கிணைக்கப்பட்டவுடன் மொழிபெயர்ப்பு துவக்கம் ஏற்படுகிறது, மேலும் மொழிபெயர்ப்பும் படியெடுத்தலும் இணைக்கப்படுகின்றன. யூகாரியோட்களில் இது சாத்தியமில்லை, ஏனெனில் டிரான்ஸ்கிரிப்டின் மற்றும் மொழிபெயர்ப்பு கலத்தின் தனி பெட்டிகளில் (நியூக்ளியஸ் மற்றும் சைட்டோபிளாசம்) மேற்கொள்ளப்படுகின்றன.

முடித்தல்

மூன்று முடித்தல் கோடன்களில் ஒன்று A தளத்திற்கு நகரும்போது முடித்தல் ஏற்படுகிறது. இந்த கோடன்கள் எந்த டிஆர்என்ஏக்களாலும் அங்கீகரிக்கப்படவில்லை. அதற்கு பதிலாக, அவை வெளியீட்டு காரணிகள் எனப்படும் புரதங்களால் அங்கீகரிக்கப்படுகின்றன, அதாவது RF1 (UAA மற்றும் UAG நிறுத்த கோடன்களை அங்கீகரித்தல்) அல்லது RF2 (UAA மற்றும் UGA நிறுத்த கோடன்களை அங்கீகரித்தல்). இந்த காரணிகள் பெப்டைட்டில்-டிஆர்என்ஏவில் உள்ள எஸ்டர் பிணைப்பின் நீராற்பகுப்பு மற்றும் ரைபோசோமிலிருந்து புதிதாக ஒருங்கிணைக்கப்பட்ட புரதத்தின் வெளியீட்டைத் தூண்டுகின்றன. மூன்றாவது வெளியீட்டு காரணி RF-3 முடித்தல் செயல்முறையின் முடிவில் RF-1 மற்றும் RF-2 வெளியீட்டை ஊக்குவிக்கிறது.

