Study Materials for

II B. Sc Zoology – III Semester

Subject – CELL AND MOLEULAR BIOLOGY

Subject Code: 18K3Z04

(Unit III to V)

UNIT: III

CHROMOSOMES
Structure and Organization in Prokaryotic and Eukaryotic

Contents

Prokaryotic and Eukaryotic Chromosomes

- The genome of an organism encompasses all of the genes of that organism.
- **Gene** is a distinct sequence of nucleotides forming part of a chromosome, the order of which determines the order of monomers in a polypeptide or nucleic acid molecule.
- Thus a protein-coding gene is defined as a region of DNA that encodes a single polypeptide or a set of closely related polypeptides.
- Genes are contained in chromosomes.
- Chromosomes are thus structures within cells that contain hundreds to thousands of genes.

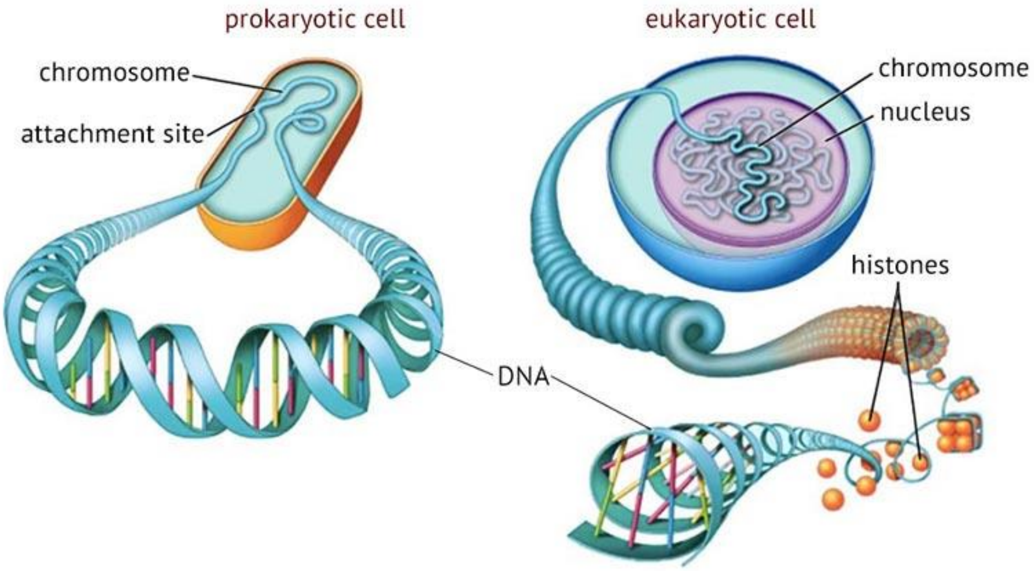


Image Source: https://image.slidesharecdn.com/3-150517031851-lva1-app6892/95/ib-biology-32-slides-chromosomes-3-638.jpg **and** http://bio1100.nicerweb.com/Locked/media/SAVE/ch06/chromosome.html

Prokaryotic Chromosomes

- The DNA of a bacterial cell, such as *Escherichia coli*, is a circular double-stranded molecule often referred to as the bacterial chromosome.
- The circular DNA is packaged into a region of the cell called the nucleoid where it is organized into 50 or so loops or domains that are bound to a central protein scaffold, attached to the cell membrane.
- The DNA is negatively supercoiled, that is, it is twisted upon itself.
- It is complexed with several DNA-binding proteins, the most common of which are proteins HU, HLP-1 and H-NS. These are histone-like proteins.

Eukaryotic Chromosomes

- The large amount of genomic DNA in a eukaryotic cell is tightly packaged in chromosomes contained within a specialized organelle, the nucleus.
- With the exception of the sex chromosomes, diploid eukaryotic organisms such as humans have two copies of each chromosome, one inherited from the father and one from the mother.

- Chromosomes contain both DNA and protein.
- Most of the protein on a weight basis is histones, but there are also many thousands of other proteins found in far less abundance and these are collectively called **non-histone proteins (NHP).**
- This nuclear DNA–protein complex is called chromatin.
- In the nucleus, each chromosome contains a single linear double-stranded DNA molecule.
- The length of the packaged DNA molecule varies. In humans, the shortest DNA molecule in a chromosome is about 1.6 cm and the longest is about 8.4 cm.
- The extensive packaging of DNA in chromosomes results from three levels of folding involving nucleosomes, 30 nm filaments and radial loops.

1. Nucleosomes

- The first level of packaging involves the binding of the chromosomal DNA to histones.
- Overall, in chromosomes, the ratio of DNA to histones on a weight basis is approximately 1:1.
- There are five main types of histones called H1, H2A, H2B, H3 and H4.
- Histones are very basic proteins; about 25% of their amino acids are lysine or arginine so histones have a large number of positively charged amino acid side-chains.
- These positively charged groups therefore bind to the negatively charged phosphate groups of DNA

2. 30 nm fiber

- If nuclei are lysed very gently, the chromatin is seen to exist as a 30 nm diameter fiber.
- The fiber is formed by a histone H1 molecule binding to the linker DNA of each nucleosome at the point where it enters and leaves the nucleosome.
- The histone H1 molecules interact with each other, pulling the nucleosomes together.

3. Radial loops

- When chromosomes are depleted of histones, they are seen to have a central fibrous ‘protein scaffold’ (or nuclear matrix) to which the DNA is attached in loops.
- Therefore, in vivo it seems likely that the next order of packaging involves the attachment of the 30 nm fiber to multiple locations on this central protein scaffold in a series of radial loops.
- The mitochondria and chloroplasts of eukaryotic cells also contain DNA but, unlike the nuclear DNA, this consists of double-stranded circular molecules resembling bacterial chromosomes.

References

1. David Hames and Nigel Hooper (2005). Biochemistry. Third ed. Taylor & Francis Group: New York.
2. Verma, P. S., & Agrawal, V. K. (2006). Cell Biology, Genetics, Molecular Biology, Evolution & Ecology (1 ed.). S .Chand and company Ltd.
3. https://www.msdmanuals.com/home/fundamentals/genetics/genes-and-chromosomes
4. https://www2.le.ac.uk/projects/vgec/highereducation/topics/dna-genes-chromosomes.

GAINT CHROMOSOMES

Polytene chromosomes are large chromosomes which have thousands of DNA strands. They provide a high level of function in certain tissues such as salivary glands of insects.

Polytene chromosomes were first reported by E.G.Balbiani in 1881. Polytene chromosomes are found in dipteran flies: the best understood are those of *Drosophila*, *Chironomus* and *Rhynchosciara*. They are present in another group of arthropods of the class Collembola, a protozoan group Ciliophora, mammalian trophoblasts and antipodal, and suspensor cells in plants. In insects, they are commonly found in the salivary glands when the cells are not dividing.

They are produced when repeated rounds of DNA replication without cell division forms a giant chromosome. Thus polytene chromosomes form when multiple rounds of replication produce many sister chromatids *which stay fused together*.

Polytene chromosomes, at interphase, are seen to have distinct thick and thin banding patterns. These patterns were originally used to help map chromosomes, identify small chromosome mutations, and in taxonomic identification. They are now used to study the function of genes in transcription.

Structure

In insects, polytene chromosomes are commonly found in the salivary glands; they are also referred to as "salivary gland chromosomes". The large size of the chromosome is due to the presence of many longitudinal strands called chromonemata; hence the name polytene (many stranded). They are about 0.5 mm in length and 20 µm in diameter. The chromosomal strands are formed after repeated division of the chromosome in the absence of cytoplasmic division.

This type of division is called endomitosis. The polytene chromosome contains two types of bands, dark bands and interbands. The dark bands are darkly stained and the inter bands are lightly stained with nuclear stains. The dark bands contain more DNA and less RNA. The interbands contain more RNA and less DNA. The amount of DNA in interbands ranges from 0.8 - 25%.

The bands of polytene chromosomes become enlarged at certain times to form swellings called puffs. The formation of puffs is called puffing. In the regions of puffs, the chromonemata uncoil and open out to form many loops. The puffing is caused by the uncoiling of individual chromomeres in a band. The puffs indicate the site of active genes where mRNA synthesis takes place.

The chromonemata of puffs give out a series of many loops laterally. As these loops appear as rings, they are called Balbiani rings after the name of the researcher who discovered them. They are formed of DNA, RNA and a few proteins. As they are the site of transcription, transcription mechanisms such as RNA polymerase and ribonucleoproteins are present.

In protozoans, there is no transcription, since the puff consists only of DNA.

Polytene chromosomes in a *Chironomus* salivary gland cell

Polytene chromosomes were originally observed in the larval salivary glands of *Chironomus* midges by Édouard-Gérard Balbiani in 1881. Balbiani described the chromosomal puffs among the tangled thread inside the nucleus, and named it "permanent spireme". In 1890, he observed similar spireme in a ciliated protozoan *Loxophyllum meleagris*.

The existence of such spireme in *Drosophila melanogaster* was reported by Bulgarian geneticist Dontcho Kostoff in 1930. Kostoff predicted that the discs (bands) which he observed were "the actual packets in which inherited characters are passed from generation to generation."

The hereditary nature of these structures was not confirmed until they were studied in *Drosophila melanogaster* in the early 1930s by German biologists Emil Heitz and Hans Bauer. In 1930, Heitz studied different species of *Drosophila* (*D. melanogaster*, *D. simulans*, *D. hydei*, and *D. virilis*) and found that all their interphase chromatins in certain cells were swollen and messy.

In 1932, he collaborated with Karl Heinrich Bauer with whom he discovered that the tangled chromosomes having distinct bands are unique to the cells of the salivary glands, midgut, Malphigian tubules, and brain of the flies *Bibio hurtulunus* and *Drosophila funebris*. The two papers were published in the early 1933. Unaware of these papers, an American geneticist Theophilus Shickel Painter reported in

December 1933 the existence of giant chromosome in *D. melanogaster* (followed by a series of papers the following year).

Learning of this, Heitz accused Painter of deliberately ignoring their original publication to claim priority of discovery.[13] In 1935, Hermann J. Muller and A.A. Prokofyeva established that the individual band or part of a band corresponds with a gene in *Drosophila*. The same year, P.C. Koller hesitantly introduced the name "polytene" to describe the giant chromosome, writing:

It seems that we can regard these chromosomes as corresponding with paired pachytene chromosomes at meiosis in which the intercalary parts between chromomeres have been stretched and separated into smaller units, and in which, instead of two threads lying side by side, we have 16 or even more. Hence they are "polytene" rather than pachytene; I do not, however, propose to use this term; I shall refer to them as "multiple threads."

CELL DIVISION

Cell division is the process cells go through to divide. There are several types of cell division, depending upon what type of organism is dividing. Organisms have evolved over time to have different and more complex forms of cell division. Most prokaryotes, or bacteria, use binary fission to divide the cell. Eukaryotes of all sizes use *mitosis* to divide.

Sexually-reproducing eukaryotes use a special form of cell division called *meiosis* to reduce the genetic content in the cell. This is necessary in sexual reproduction because each parent must give only half of the required genetic material, otherwise the offspring would have too much DNA, which can be a problem. These different types of cell division are discussed below.

Types of Cell Division

Prokaryotic Cell Division

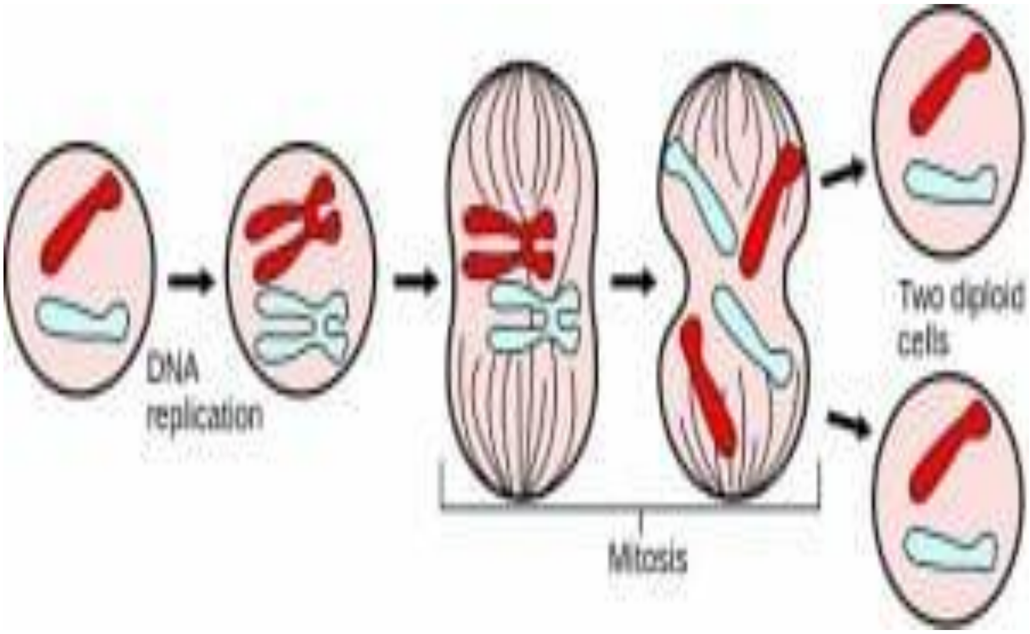
Prokaryotes replicate through a type of cell division known as *binary fission*. Prokaryotes are simple organism, with only one membrane and no division internally. Thus, when a prokaryote divides, it simply replicates the DNA and splits in half. The process is a little more complicated than this, as DNA must first be unwound by special proteins. Although the DNA in prokaryotes usually exists in a ring, it can get quite tangled when it is being used by the cell. To copy the DNA efficiently, it must be stretched out. This also allows the two new rings of DNA created to be separated after they are produced. The two strands of DNA separate into two different sides of the prokaryote cell. The cell then gets longer, and divides in the middle. The process can be seen in the image below.

The DNA is the tangled line. The other components are labeled. Plasmids are small rings of DNA that also get copied during *binary fission* and can be picked up in the environment, from dead cells that break apart. These plasmids can then be further replicated. If a plasmid is beneficial, it will increase in a population. This is in part how antibiotic resistance in bacteria happens. The ribosomes are small protein structures that help produce proteins. They are also replicated so each cell can have enough to function.

Eukaryotic Cell Division: Mitosis

Eukaryotic organisms have membrane bound organelles and DNA that exists on chromosomes, which makes cell division harder. Eukaryotes must replicate their DNA, organelles, and cell mechanisms before dividing. Many of the organelles divide using a process that is essentially *binary fission*, leading scientist to believe that eukaryotes were formed by prokaryotes living inside of other prokaryotes.

After the DNA and organelles are replicated during *interphase* of the cell cycle, the eukaryote can begin the process of mitosis. The process begins during prophase, when the chromosomes condense. If mitosis proceeded without the chromosomes condensing, the DNA would become tangled and break. Eukaryotic DNA is associated with many proteins which can fold it into complex structures. As mitosis proceeds to *metaphase* the chromosomes are lined up in the middle of the cell. Each half of a chromosome, known as *sister chromatids* because they are replicated copies of each other, gets separated into each half of the cell as mitosis proceeds. At the end of mitosis, another process called *cytokinesis* divides the cell into two new daughter cells.



All eukaryotic organisms use mitosis to divide their cells. However, only single-celled organisms use mitosis as a form of reproduction. Most multicellular organisms are sexually reproducing and combine their DNA with that of another organism to reproduce. In these cases, organisms need a different method of cell division. Mitosis yields identical cells, but meiosis produces cells with half the genetic information of a regular cell, allowing two cells from different organisms of the same species to combine.

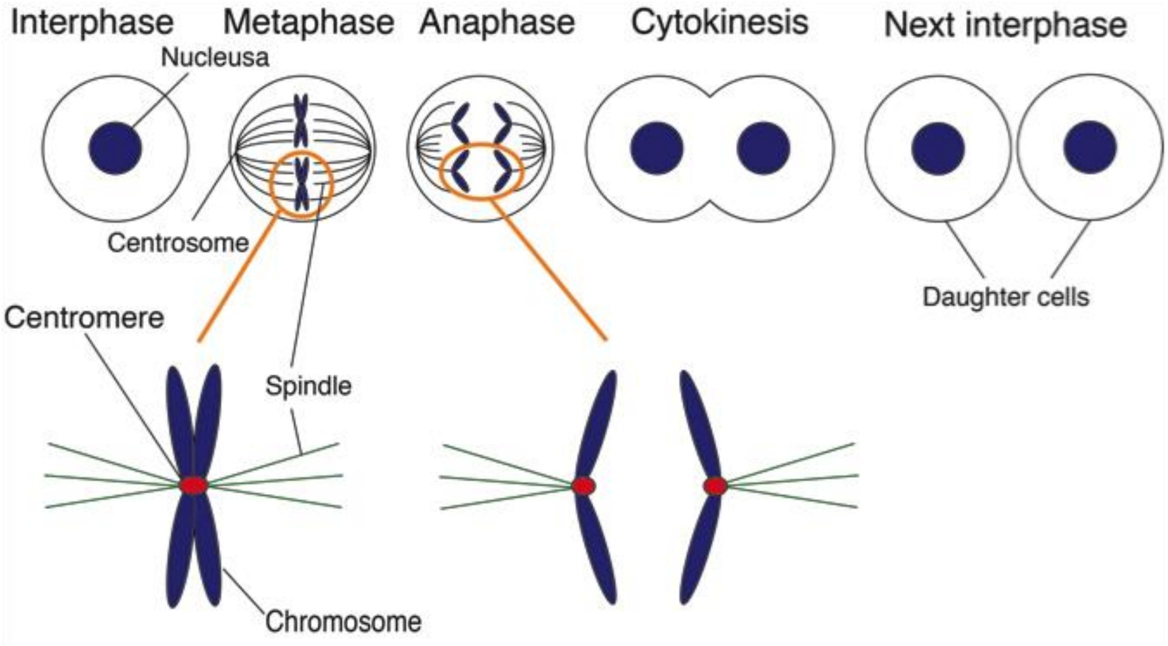
Eukaryotic Cell Division: Meiosis

In sexually reproducing animals, it is usually necessary to reduce the genetic information before fertilization. Some plants can exist with too many copies of the genetic code, but in most organisms it is highly detrimental to have too many copies. Humans with even one extra copy of one chromosome can experience detrimental changes to their body. To counteract this, sexually reproducing organisms undergo a type of cell division known as *meiosis*. As before mitosis, the DNA and organelles are replicated. The process of meiosis contains two different cell divisions, which happen back-to-back. The first meiosis, *meiosis I*, separates homologous chromosomes. The homologous chromosomes present in a cell represent the two alleles of each gene an organism has. These alleles are recombined and separated, so the resulting daughter cells have only one allele for each gene, and no homologous pairs of chromosomes. The second division, *meiosis II*, separated the two copies of DNA, much like in mitosis. The end result of meiosis in one cell is 4 cells, each with only one copy of the genome, which is half the normal number.

Organisms typically package these cells into *gametes*, which can travel into the environment to find other gametes. When two gametes of the right type meet, one will fertilize the other and produce a *zygote*. The zygote is a single cell that will undergo mitosis to produce the millions of cells necessary for a large organism. Thus, most eukaryotes use both mitosis and meiosis, but at different stages of their lifecycle.

Cell Division Stages

Depending upon which type of cell division an organism uses, the stages can be slightly different.



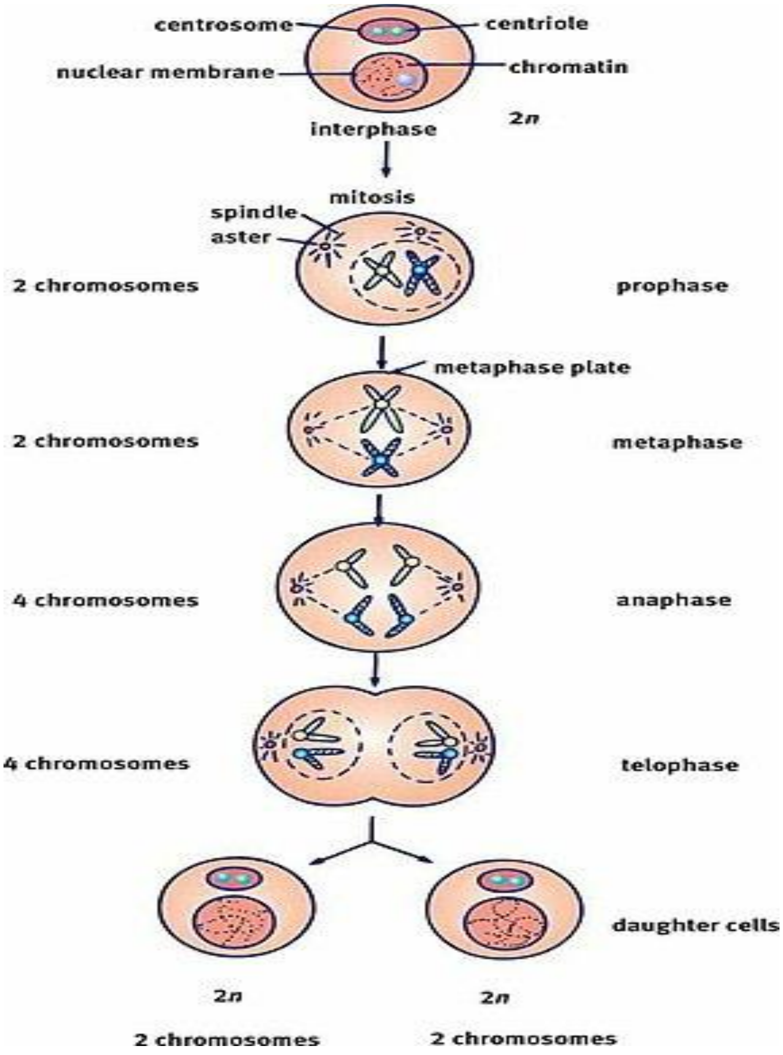
Mitosis Stages

Mitosis starts with *prophase* in which the chromosome is condensed. The cell proceeds to *metaphase* where the chromosomes are aligned on the metaphase plate. Then the chromosomes are separated in *anaphase* and the cell's cytoplasm is pinched apart during *telophase*. *Cytokinesis* is the final process that breaks the cell membrane and divides the cell into two.

Meiosis Stages

The stages of meiosis are similar to mitosis, but the chromosomes act differently. Meiosis has two phases, which include two separate cell divisions without the DNA replicating between them. *Meiosis I* and *meiosis II* have the same 4 stages as mitosis: prophase, metaphase, anaphase, and telophase. Cytokinesis concludes both rounds of meiosis.

prophase I, the chromosomes are condensed. In metaphase I, the chromosomes line up across from their homologous pairs. When they are separated in anaphase I and telophase I, there is only one form of each gene in each cell, known as a reduction division. Meiosis II proceeds in the same manner as mitosis, which sister chromatids dividing on the metaphase plate. By telophase II, there are 4 cells, each with half of the alleles as the parent cell and only a single copy of the genome. The cells can now become gametes and fuse together to create new organisms.

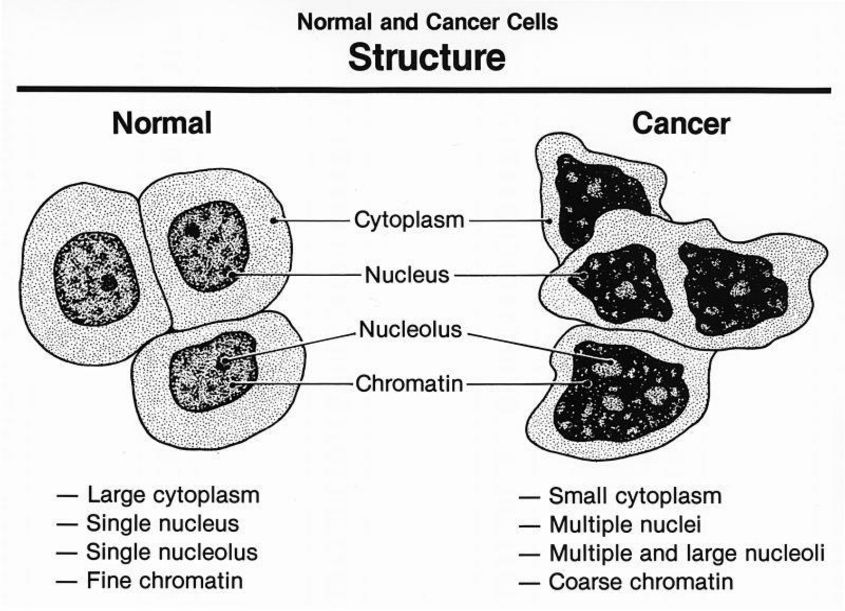


CYTOLOGY OF CANCER CELL

Cancer cells are cells that divide relentlessly, forming solid tumors or flooding the blood with abnormal cells. Cell division is a normal process used by the body for growth and repair. A parent cell divides to form two daughter cells, and these daughter cells are used to build new tissue or to replace cells that have died because of aging or damage. Healthy cells stop dividing when there is no longer a need for more daughter cells, but cancer cells continue to produce copies. They are also able to spread from one part of the body to another in a process known as metastasis.

There are different categories of cancer cell, defined according to the cell type from which they originate.

- Carcinoma, the majority of cancer cells are epithelial in origin, beginning in the membranous tissues that line the surfaces of the body.
- Leukaemia, originate in the tissues responsible for producing new blood cells, most commonly in the bone marrow.
- Lymphoma and myeloma, derived from cells of the immune system.
- Sarcoma, originating in connective tissue, including fat, muscle and bone.
- Central nervous system, derived from cells of the brain and spinal cord.
- Mesothelioma, originating in the mesothelium; the lining of body cavities.



Cancer cells have distinguishing histological features visible under the microscope. The nucleus is often large and irregular, and the cytoplasm may also display abnormalities.

The shape, size, protein composition, and texture of the nucleus are often altered in malignant cells. The nucleus may acquire grooves, folds or indentations, chromatin may aggregate or disperse, and the nucleolus can become enlarged. In normal cells, the nucleus is often round or ellipsoid in shape, but in cancer cells the outline is often irregular. Different combinations of abnormalities are characteristic of different cancer types, to the extent that nuclear appearance can be used as a marker in cancer diagnostics and staging.

Cancer cells are created when the genes responsible for regulating cell division are damaged. Carcinogenesis is caused by mutation and epimutation of the genetic material of normal cells, which upsets the normal balance between proliferation and cell death. This results in uncontrolled cell division in the body. The uncontrolled and often rapid proliferation of cells can lead to benign or malignant tumours (cancer). Benign tumors do not spread to other parts of the body or invade other tissues. Malignant tumors can invade other organs, spread to distant locations (metastasis) and become life-threatening.

More than one mutation is necessary for carcinogenesis. In fact, a series of several mutations to certain classes of genes is usually required before a normal cell will transform into a cancer cell.

Damage to DNA can be caused by exposure to radiation, chemicals, and other environmental sources, but mutations also accumulate naturally over time through uncorrected errors in DNA transcription, making age another risk factor. Oncoviruses can cause certain types of cancer, and genetics are also known to play a role.

Stem cell research suggests that excess SP2 protein may turn stem cells into cancer cells. However, a lack of particular co-stimulated molecules that aid in the way antigens react with lymphocytes can impair the natural killer cells' function, ultimately leading to cancer

Aging changes in organs, tissues, and cells

All vital organs begin to lose some function as you age during adulthood. Aging changes occur in all of the body's cells, tissues, and organs, and these changes affect the functioning of all body systems.

Living tissue is made up of cells. There are many different types of cells, but all have the same basic structure. Tissues are layers of similar cells that perform a specific function. The different kinds of tissues group together to form organs.

There are four basic types of tissue:

Connective tissue supports other tissues and binds them together. This includes bone, blood, and lymph tissues, as well as the tissues that give support and structure to the skin and internal organs.

Epithelial tissue provides a covering for superficial and deeper body layers. The skin and the linings of the passages inside the body, such as the gastrointestinal system, are made of epithelial tissue.

Muscle tissue includes three types of tissue:

- Striated muscles, such as those that move the skeleton (also called voluntary muscle)
- Smooth muscles (also called involuntary muscle), such as the muscles contained in the stomach and other internal organs
- Cardiac muscle, which makes up most of the heart wall (also an involuntary muscle)

Nerve tissue is made up of nerve cells (neurons) and is used to carry messages to and from various parts of the body. The brain, spinal cord, and peripheral nerves are made of nerve tissue.

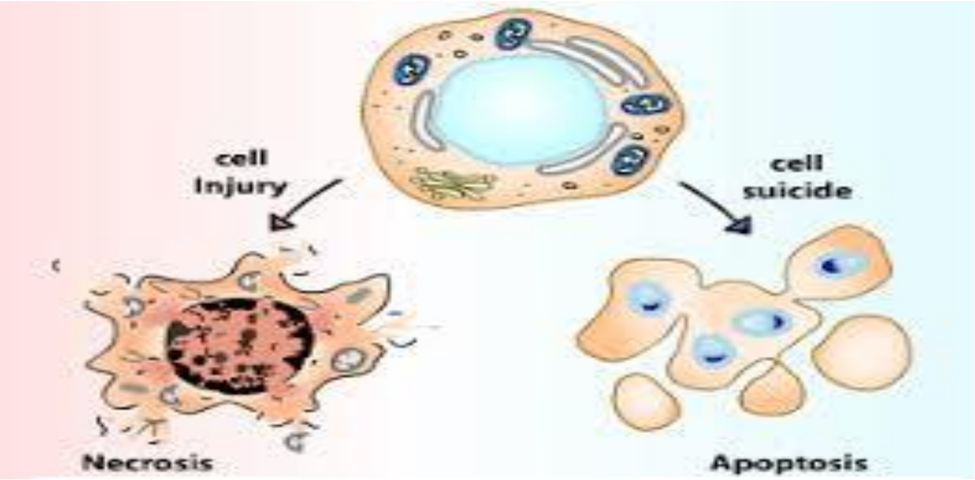
AGING CHANGES

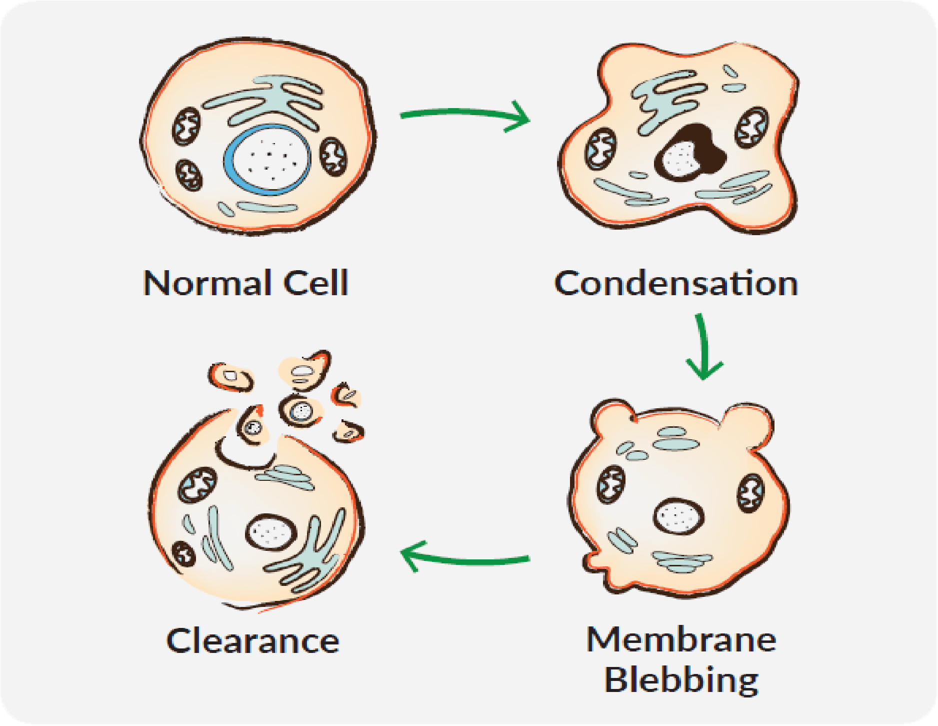
Cells are the basic building blocks of tissues. All cells experience changes with aging. They become larger and are less able to divide and multiply. Among other changes, there is an increase in pigments and fatty substances inside the cell (lipids). Many cells lose their ability to function, or they begin to function abnormally.

As aging continues, waste products build up in tissue. A fatty brown pigment called lipofuscin collects in many tissues, as do other fatty substances.

Connective tissue changes, becoming more stiff. This makes the organs, blood vessels, and airways more rigid. Cell membranes change, so many tissues have more trouble getting oxygen and nutrients, and removing carbon dioxide and other wastes.

Many tissues lose mass. This process is called atrophy. Some tissues become lumpy (nodular) or more rigid.





Because of cell and tissue changes, your organs also change as you age. Aging organs slowly lose function. Most people do not notice this loss immediately, because you rarely need to use your organs to their fullest ability.

Organs have a reserve ability to function beyond the usual needs. For example, the heart of a 20-year-old is capable of pumping about 10 times the amount of blood that is actually needed to keep the body alive. After age 30, an average of 1% of this reserve is lost each year.

The biggest changes in organ reserve occur in the heart, lungs, and kidneys. The amount of reserve lost varies between people and between different organs in a single person.

These changes appear slowly and over a long period. When an organ is worked harder than usual, it may not be able to increase function. Sudden heart failure or other problems can develop when the body is worked harder than usual. Things that produce an extra workload (body stressors) include the following:

- Illness
- Medicines
- Significant life changes
- Sudden increased physical demands on the body, such as a change in activity or exposure to a higher altitude

Loss of reserve also makes it harder to restore balance (equilibrium) in the body. Drugs are removed from the body by the kidneys and liver at a slower rate. Lower doses of medicines may be needed, and side effects become more common. Recovery from illnesses is seldom 100%, leading to more and more disability.

Side effects of medicine can mimic the symptoms of many diseases, so it is easy to mistake a drug reaction for an illness. Some medicines have entirely different side effects in the elderly than in younger people.

AGING THEORY

No one knows how and why people change as they get older. Some theories claim that aging is caused by injuries from ultraviolet light over time, wear and tear on the body, or byproducts of metabolism. Other theories view aging as a predetermined process controlled by genes.

No single process can explain all the changes of aging. Aging is a complex process that varies as to how it affects different people and even different organs. Most gerontologists (people who study aging) feel that aging is due to the interaction of many lifelong influences. These influences include heredity, environment, culture, diet, exercise and leisure, past illnesses, and many other factors.

Unlike the changes of adolescence, which are predictable to within a few years, each person ages at a unique rate. Some systems begin aging as early as age 30. Other aging processes are not common until much later in life.

Although some changes always occur with aging, they occur at different rates and to different extents. There is no way to predict exactly how you will age.

TERMS TO DESCRIBE TYPES OF CELL CHANGES

Atrophy:

- Cells shrink. If enough cells decrease in size, the entire organ atrophies. This is often a normal aging change and can occur in any tissue. It is most common in skeletal muscle, the heart, the brain, and the sex organs (such as the breasts and ovaries). Bones become thinner and more likely to break with minor trauma.
- The cause of atrophy is unknown, but may include reduced use, decreased workload, decreased blood supply or nutrition to the cells, and reduced stimulation by nerves or hormones.

Hypertrophy:

- Cells enlarge. This is caused by an increase of proteins in the cell membrane and cell structures, not an increase in the cell's fluid.
- When some cells atrophy, others may hypertrophy to make up for the loss of cell mass.

Hyperplasia:

- The number of cells increases. There is an increased rate of cell division.
- Hyperplasia usually occurs to compensate for a loss of cells. It allows some organs and tissues to regenerate, including the skin, lining of the intestines, liver, and bone marrow. The liver is especially good at regeneration. It can replace up to 70% of its structure within 2 weeks after an injury.
- Tissues that have limited ability to regenerate include bone, cartilage, and smooth muscle (such as the muscles around the intestines). Tissues that rarely or never regenerate include the nerves, skeletal muscle, heart muscle, and the lens of the eye. When injured, these tissues are replaced with scar tissue.

Dysplasia:

- The size, shape, or organization of mature cells becomes abnormal. This is also called atypical hyperplasia.
- Dysplasia is fairly common in the cells of the cervix and the lining of the respiratory tract.

Neoplasia:

- The formation of tumors, either cancerous (malignant) or noncancerous (benign).
- Neoplastic cells often reproduce quickly. They may have unusual shapes and abnormal function.

As you grow older, you will have changes throughout your body, including changes in:

- Hormone production
- Immunity
- The skin
- Sleep
- Bones, muscles, and joints
- The breasts
- The face
- The female reproductive system
- The heart and blood vessels
- The kidneys
- The lungs
- The male reproductive system
- The nervous system

குரோமோசோம்கள்

Chromosomes

குரோமோசோம்கள் உட்கருவில் இருக்கும் இழைகள் போன்ற உறுப்புக்கள். இவை செல் பிரிவின் பொழுது தெளிவாகத் தெரிகின்றன. குரோமோசோம்கள் மரபு வழிப் பண்புகளை கடத்துதல் திடீர் மரபு மாற்றம் வேறுபாடுகள் சிறப்பினமாக்கம் ஆகிய முக்கிய செயல்களில் பெரும் பங்கேற்கின்றன.

புரோகேரியாட்டிக் குரோமோசோம்கள்

பாக்டீரியாவில் காணப்படும் குரோமோசோம்கள் பாக்டீரியல் குரோமோசோம்கள் அல்லது புரோகேரியாட்டிக் குரோமோசோம்கள் எனப்படும். பாக்டீரியாவின் குரோமோசோம் நியூக்ளியாய்டு எனப்படும். இது இரட்டைச் சுருள் DNA யால் ஆன ஒரு பெரிய வட்ட வடிவ இழைக்கூறு. இதனின் மையப் பகுதியில் RNA இருக்கிறது. ஒவ்வொரு பாக்டீரியா செல்லிலும் ஒரு பெரிய வட்டக் குரோமோசோம் தவிர ஒன்று முதல் 20 மிகச் சிறிய வட்ட வடிவ இரட்டைச் சுருள் DNA மூலக்கூறுகள் காணப்படுகின்றன. இவை பிளாஸ்மிட்கள் எனப்படுகின்றன.

யூகேரியோட்டிக் குரோமோசோம்கள்

யூகேரியோட்டிக் செல்களில் உள்ள குரோமோசோம்கள் அதிக எண்ணிக்கையுடையவை. இடைநிலை உட்கருவில் குரோமோசோம்கள், குரோமாட்டின் இழைகளினான வலையாக இருக்கின்றன. செல் பிரிவின் பொழுது பல வடிவங்களும் அளவுகளும் கொண்ட தெளிவான குரோமோசோம்களாக இருக்கின்றன.

ஒற்றைமையம் மற்றும் இரட்டைமையம் :-

பொதுவாக ஒரு உயிரியின் உடற்செல்களில் வகைக்கு இரண்டாக குரோமோசோம்கள் குறிப்பிட்ட எண்ணிக்கையோடு காணப்படுகிறது. இனச் செல்களில் காணப்படும் குரோமோசோம் எண்ணிக்கை ஒரு அடிப்படை குரோமோசோம் தொகுதியை நிறுவுகின்றது. இக்குரோமோசோம் தொகுதி ஒற்றைமையம்(n) எனப்படுகிறது. இவை ஜீனோம் எனப்படுகின்றன. உயிரியின் உடற்செல்கள் இரு குரோமோசோம் தொகுதிகளை கொண்டிருக்கின்றன எனவே அவை இரட்டை மையம்(2n) எனப்படுகிறது.

மறைமுகப் பிரிவு பல படிநிலைகளை கொண்டிருக்கின்றது. அவை

(i) இடைநிலை (interphase) செல்லின் ஓய்வு நிலை அல்லது இரு மறைமுகப் பிரிவுகளுக்கு இடைப்பட்ட நிலை இடைநிலை எனப் படுகிறது. இந்நிலையில் சைட்டோபிளாசமும் உட்கருவும் வளர்சிதை மாற்றச் செயல்களில் ஈடுபட்டு உட்கரு மற்றும் சைட்டோபிளாச பொருட்களை அதிகமாக உற்பத்தி செய்து கொள்கின்றன. இடைநிலையில் இருக்கும் செல்களில் மூன்று முக்கிய செயல்கள் நடைபெறுகின்றன.

i) DNA இரட்டிக்கின்றது. (ii) சென்ட்ரியோல்கள் பிரிந்து இரு புதிய சென்ட்ரியோல்களாகின்றன. (iii) உயர்ந்த சக்தியைக் கொண்ட மூலக்கூறுகள் உருவாக்கப் படுகின்றன.

<u>புரோபேஸ்</u> : இந்நிலையில் கீழ்வரும் நிகழ்வுகள் நடைபெறுகின்றன

(i) செல் வட்ட வடிவமாகவும் ஒளிக்கதிரை சிதறும் திறனுடைய தாகவும் மாறுகிறது.

(ii) உட்கருப் படலம் சிதையத் தொடங்குகிறது.

(iii) குரோமாட்டிட்கள் குட்டையாகவும், கனமாகவும் மாறுகின்றன

(iv) உட்கரு மணி மறையத் துவங்கிறது.

(iv) அஸ்டர்கள் தோன்றி ஸ்பிண்டில் இழைகளை உருவாக்கிறது

மெட்டாபேஸ்:-

(i) ஒவ்வொரு குரோமோசோமும் மையக் கோட்டை அடைந்து ஸ்பிண்டில் இழைகளின் புறப்பகுதியில் ஆர அமைப்பில் அமைகின்றன.

(ii) குரோமோசோமல் இழைகள் உருவாகின்றன.

(iii) தொடர்ச்சியான இழைகள் காணப்படுகிறது.

அனபேஸ் :

(i) ஒவ்வொரு குரோமோசோமின் சென்ட்ரோமியரும் இரண்டாகப் பிரிகின்றது.

(ii) குரோமாட்டிட்கள் பிரிந்து இரு குரோமோசோம்களாகிறது.

(iii) குரோமோசோம் இழைகள் சுருங்குவதால் சேய் குரோமோசோம்கள் துருவங்களை நோக்கி இழுக்கப்படுகிறது.

டீலோபேஸ்:-

(i) உட்கரு மணி மீண்டும் தோன்றுகிறது.

(ii) எண்டோபிளாச வலை புதிய உட்கருப் படலத்தை

2. அக்ரோசென்ட்ரிக்: இவைகளும் இச்சி வடிவுடையவை. இதில் சென்ட்ரோமியர் ஒரு முனையில் காணப்படுகிறது. இதனால் குரோமோசோம் குட்டையான ஒரு கையையும் நீண்ட மற்றொரு கையையும் கொண்டிருக்கின்றன.

3. சப்மெட்டாசென்ட்ரிக்: இவை J வடிவ அல்லது L வடிவ குரோமோசோம்கள் இவற்றில் சென்ட்ரோமியர் ஏற்க்குறைய நடுப்பகுதியில் அமைந்தும் கைகள் சமமற்றும் காணப்படுகிறது.

4. மெட்டாசென்ட்ரிக்:
இவை V வடிவ குரோமோசோம்கள் இவற்றில் சென்ட்ரோமியர் மைய பகுதியில் அமைந்துள்ளது. எனவே இரு சமமான கைகளைக் கொண்டதாய் காணப்படுகின்றன.

5. டைசென்ட்ரிக்: இரு சென்ட்ரோமியர்கள் காணப்படுகிறது.

6. பாலிசென்ட்ரிக்: சென்ட்ரோமியர் ஒரே இடத்தில் தெளிவாக அமையாமல் பரவலாக காணப்படுகிறது.

குரோமோசோமின் வகைகள்:
யூகேரியாட்டிக் குரோமோசோம்கள் உடற்குரோமோ-சோம்கள், பால் குரோமோசோம்கள் என பிரிக்கப்படுகிறது.

அமைப்பு:
குரோமோசோம்கள் குரோமோனிமாவையும் சென்ட்ரோமியர்களையும் கொண்டிருக்கின்றன. இழையுடையதாக தோன்றுகிறது.

குரோமோனிமா: ஒரு சுருண்ட இழை குரோமோனிமா எனப்படுகிறது. இது ~~இ~~ இந்த சுருண்ட இழை இரண்டு, நான்கு, அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட இழைகளை கொண்டதாக காணப்படுகிறது. குரோமோனிமாவில் உள்ள இழைகள் ஒன்றோடொன்று இருவழிகளில் சுற்றிக் கொண்டு காணப்படுகிறது.

(i) பாரானிமிக் சுருள்கள் (Paranemic coils): இழைகள் ஒன்றொன்றினின்று எளிதாக பிரிக்கப்பட கூடியவாறு அமைந்திருந்தால் அவை பாரானிமிக் சுருள்கள் எனப்படுகிறது.

(ii) பிளக்டோனிமிக் சுருள்கள் (Plectonemic coils): இழைகள் எளிதில் பிரிக்க இயலாத அளவில் அமைந்து காணப்பட்டால் அது பிளக்டோனிமிக் சுருள்கள் எனப்படுகிறது.

iv) பாக்கினீமா : ஒன்றிணைதல் முற்றுப் பெறுகிறது. நான்மைய குரோமோசோம்கள் உருவாகிறது. குறுக்கெதிர் மாற்றம் (crossing over) நடைபெறுகிறது.

v) டிப்ளோனீமா :- ஒத்த குரோமோசோம்களின் ஈர்ப்பு சக்தி குறைவதனால் ஒன்றை விட்டு ஒன்று பிரியத் துவங்குகிறது.

vi) டையகைனிஸில் (Diakinesis) : ஈரிணை குரோமோசோம்கள் மிகக் குறுகி உறைந்து உட்கருவில் சீராக பரவுகிறது. உட்கருமணி மறைந்து விடுகிறது.

மெட்டாபேஸ் I: ஸ்பிண்டிலின் நுண்குழல்கள் ஒத்த குரோமோசோம்களின் செண்ட்ரோமியர்களோடு இணைகின்றன. ஒவ்வொரு குரோமோசோமின் செண்ட்ரோமியரும் எதிரெதிர் துருவங்களை நோக்கி அமைகின்றன.

அனாபேஸ் I :- குரோமோசோமின் இழைகள் அல்லது நுண்குழல்கள் சுருங்குவதனால் ஒத்த குரோமோசோமும் அதன் ஒரு குரோமாட்டிட்களோடு செல்லின் எதிரெதிர் துருவங்களை அடைகின்றது. இந்நிலையில் குரோமோசோம் எண்ணிக்கை குறைப்பு நடைபெறுகிறது.

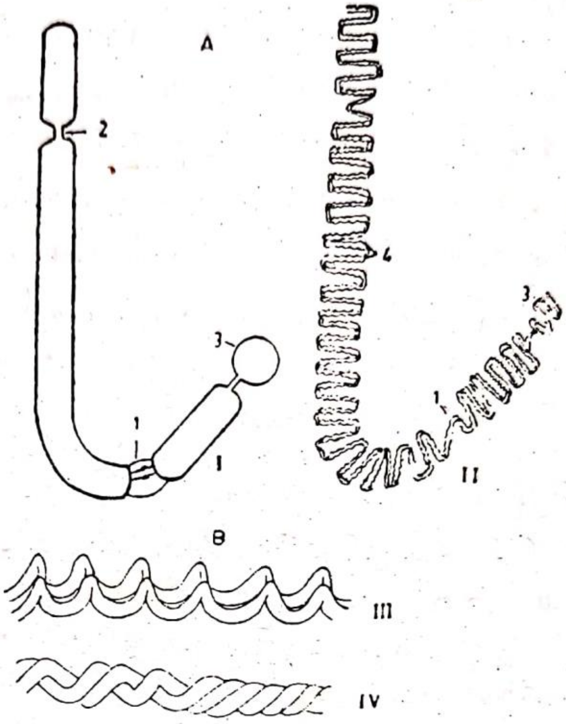
டீலோபேஸ் I: குரோமோசோம்கள் சுருள் அவிழ்கின்றன. கேரியோகைனிசிஸை அடுத்து உட்கருமணி உண்டாகின்றது. சைட்டோகைனசிஸ் நடைபெறுகிறது. முடிவில் ஒற்றைமய குரோமோசோம்கள் கொண்ட இரு சேய் செல்கள் உருவாகின்றன.

இரண்டாம் குன்றல் பிரிவு
(Second Meiotic division)

இரண்டாம் குன்றல் பிரிவு இரு சேய் ஒற்றைமயச் செல்களில் நடைபெறும் மறைமுகப் பிரிவு ஆகும். இதன் விளைவாக ஒவ்வொரு ஒற்றைமயச் செல்லும் இரு சேய் ஒற்றைமயச் செல்களைத் தோற்றுவிக்கின்றன.

புரோபேஸ் II: நுண்குழல்கள் ஸ்பிண்டிலாக உருவாகின்றன. உட்கரு படலமும் உட்கருமணியும் மறைந்து விடுகிறது.

மெட்டாபேஸ் II : குரோமோசோம்கள் ஸ்பிண்டிலின் மையக் கோட்டில் அமைகின்றன. ஸ்பிண்டிலின் நுண்குழல்கள் குரோமோசோம்களின் செண்ட்ரோமியரோடு இணைகின்றன.



படம் 56 மெட்டா் சென்ட்ரிக் குரோமோசோமின் அமைப்பு

I. புற அமைப்பு
1. சென்ட்ரோமியர்
3. சாட்டலைட்
B. இருவித குரோமோசோம் சுருள்கள்
III. பாரானிமிக் சுருள்கள்

II. உட்புற அமைப்பு
2. இரண்டாம் நிலை ஒடுக்கம்
4. இருகுரோமோனிமேட்டா
IV. பிளீக்டோனிமிக் சுருள்கள்

[பெலிக்கிளும், இடையீட்டுப் பொருளும் இருப்பதாகக் கூறப்படுவது

(5)

பூத குரோமோசோம்கள்
(Giant chromosomes)

சில செல்கள் குறிப்பிட்ட நிலைகளில், மிகப்பெரிய அளவிலான பூத குரோமோசோம்கள் கொண்ட உட்கருக்களை பெற்றுள்ளன.

எ.கா: பாலிபீன் மற்றும் லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோம்கள்

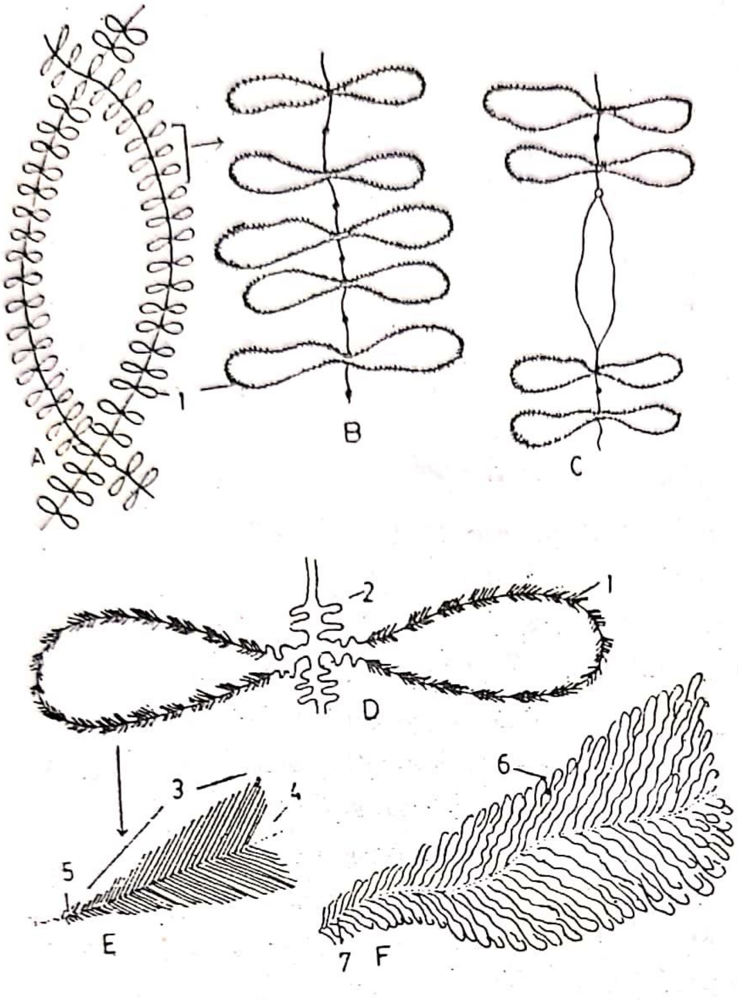
1. பாலிபீன் குரோமோசோம்கள்:-

இவ்வகை குரோமோசோம்கள் டிப்டிரா பூச்சிகளின் உமிழ்நீர் சுரப்பிகள், மால்பீஜியன் குழல்கள் ஆகியவற்றின் திசுக்களின் செல்களில் காணப்படுகிறது. பால்பியானி 1881-ல் பாலிபீன் குரோமோசோம்களை கண்டறிந்தார். கோலார் இப்பெயரிட்டார். பாலிபீன் குரோமோசோம்களின் முழுநீளத்திற்கு மாறி மாறி கருமையான பட்டைகளும் தெளிவான பகுதிகளும் தொடராக காணப்படுகிறது. சில சமயங்களில் இப்பட்டைகள் வீங்கி குரோமோசோம் புடைப்புகள் அல்லது பால்பியானி வளையங்களை தோற்றுவிக்கின்றன.

லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோம்கள்:-

பிளெம்மிங் 1882-ல் இரு வாழ்விகளின் அண்ட செல்களில் லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோம்களை முதலில் கண்டார். இவை பாலிபீன் குரோமோசோம்களை விடப் பெரியவை. அவை 100μ நீளமும் 20μ அகலமும் உடையதாகும் புரோபேஸ் நிலையில் காணப்படுகிறது.

அமைப்பு: ஒவ்வொரு லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோமும் ஒரு நடு அச்சு மற்றும் பக்க வளையங்களை கொண்டுள்ளது. நடு அச்சு நான்கு குரோமாட்டிட்களால் ஆனதாகும். நடு அச்சின் மேல் ஒரு வரிசை குரோமோமியர்கள் காணப்படுகிறது. குரோமோசோமின் அச்சு இரட்டைத் திருகு குரோமோசோம்களின் நான்கு குரோமாட்டிட்களால் ஆனது. இக்குரோமாட்டிட்கள் குரோமோனிமாக்கள் மெல்லிய வளையங்களில் பக்கங்களில் கொடுப்பதினால் லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோம்கள் பிரஷ் வடிவில் காணப்படுகிறது.



படம் 58 – லாம்ப்பிரஷ் குரோமோசோம்

A அமைப்பு.

செல் பிரிவு
cell division

ஒவ்வொரு உயிரினத்தின் வளர்ச்சியும் அதன் செல்கள் பெரிதாகி பலமடங்காகி பெருக்கமடைவதை சார்ந்திருக்கின்றன. உடலில் உள்ள எல்லா செல்களும் முன்பே உள்ள செல்கள் பிரிவடைவதன் மூலம் தோன்றுகிறது. உட்கரு கொண்ட செல்களின் பிரிவு இரு ஒன்றோடொன்று இணைந்த செயல்களான உட்கரு பிரிதல் (Karyokinesis) மற்றும் சைட்டோபிளாசம் பிரிதல் (Cytokinesis) ஆகியவற்றின் மூலம் நடைபெறுகிறது.

செல் பிரிவுகளின் வகைகள்:

தாவர மற்றும் விலங்கு செல்களில் மூன்று வகையான செல் பிரிவுகள் காணப்படுகிறது.

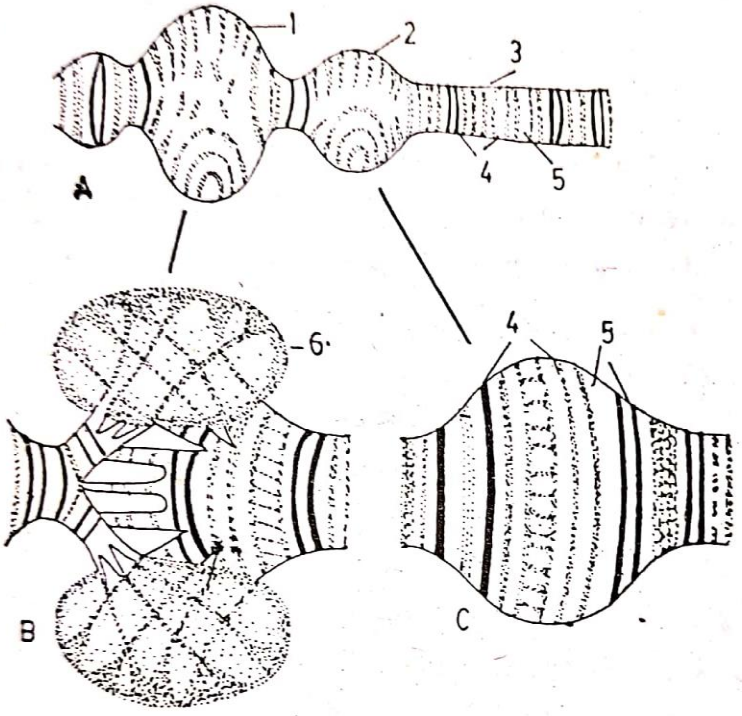
1. நேர்முகப் பிரிவு அல்லது ஏமைட்டாசிஸ் (Amitosis)
2. மறைமுகப் பிரிவு அல்லது மைட்டாசிஸ் (mitosis)
3. குன்றல்பிரிவு அல்லது மியாசிஸ் (Meiosis)

நேர்முகப் பிரிவு

நேர்முகப் பிரிவு பாக்டீரியாக்கள் மற்றும் புரோட்டோசோவாக்கள் போன்ற ஒரு செல் உயிரிகளில் பாலிலி இனப்பெருக்கம் நடைபெறும் பொழுது நடைபெறுகிறது. சில முதுகெலும்பு உயிரினங்களில் கருப்படலங்களின் வளர்ச்சியின் பொழுதும் நேர்முகப் பிரிவு நடைபெறுகிறது. நேர்முகப் பிரிவு நடைபெறும் பொழுது செல்லின் உட்கரு நீண்டு மையத்தில் இழந்து இரண்டாகப் பிரிகிறது. உட்கருவினைத் தொடர்ந்து சைட்டோபிளாசம் பிரிந்து இரு ஒரே மாதிரியான சேய் செல்கள் தோன்றுகிறது.

மறைமுகப் பிரிவு
(Mitosis)

மறைமுகப் பிரிவு சோமாட்டிக் செல்களில் நடைபெறுகிறது. மறைமுகப் பிரிவின் மூலம் தோன்றும் இரு சேய் செல்களும் ஒரே அளவாகவும் ஒரே குரோமோசோம் எண்ணிக்கை உடையதாகவும் இருக்கின்றன. மறைமுகப்பிரிவு இரு உறுப்பமைப்புக்களைக் கொண்டிருக்கின்றது.



படம் 58 – பாலிடீன் குரோமோசோம்கள்

A பெரிதாக்கப்பட்ட குரோமோசோம் பகுதி.

B பெரிதாக்கப்பட்ட புடைப்பு (Puff)

C பெரிதாக்கப்பட்ட குமிழ் (Knob)

1. புடைப்பு
3. புடைப்பற்ற பகுதி
5. இடைப்பட்டைகள்
2. குமிழ்
4. பட்டைகள்
6. பால்பியானி வளையம்

குரோமோசோம்கள் மற்றும் உட்கருமணியை அற்ற தோற்றுவிக்கின்றன.

மறைமுகப் பிரிவின் முக்கியத்துவம்:

i) குரோமோசோம்களின் எண்ணிக்கை தாய் செல்லில் இருப்பது போன்றே இரு சேய் செல்களிலும் இருக்கின்றது.

ii) DNA, RNA அளவுகள் சம அளவில் பாதுகாக்கப்படுகிறது.

குன்றற் பிரிவு:
Meiosis

குன்றற் பிரிவு நடைபெறும் பொழுது குரோமோசோம்கள் ஒரு முறையும் உட்கரு சைட்டோபிளாசம் இரு முறைகளும் பிரிவடைகின்றன. குன்றற் பிரிவின் மூலம் ஒரு இரட்டை மயச் செல்லிலிருந்து நான்கு ஒற்றைமயச் செல்கள் தோன்றுகின்றன.

முதல் குன்றற் பிரிவு
(First Meiotic Division)

இடைநிலை: DNA இரட்டிப்படைகிறது. அதிக அளவு ஹிஸ்டோன் புரதம் உருவாக்கப்படுகிறது.

முதல் புரோபேஸ்: (First prophase) இது ஆறு துணைப் படிநிலைகளை பெற்றுள்ளது. (i) முன் லெப்டோனிமா (ii) லெப்டோனிமா iii) சைகோனிமா (iv) பாக்கினிமா (v) டிப்ளோனிமா (vi) டையக்கைனெஸிஸ்

(i) முன் லெப்டோனிமா: குரோமோசோம்கள் மிக மெல்லியதாக நீண்டு சுருள்களற்று ஒற்றையாக நூலிழைகள் போன்று காணப்படுகிறது.

(ii) லெப்டோனிமா: குரோமோசோம்கள் நீண்ட நூலிழை வடிவு கொள்கிறது. சென்ட்ரியோல்கள் எதிரெதிர் துருவங்களை நோக்கி நகர்கின்றன.

iii) சைகோனிமா:- ஒத்த குரோமோசோம்களின் இணைதல் நடைபெறுகிறது. ஒத்த குரோமோசோம்கள் ஒன்றோடொன்று இணைந்து கொள்கின்றன. இதற்கு ஒன்றிணைதல் (Synopsis) என்று பெயர்.

4)

குரோமோனிமா இழைகள் சுருள்வது அவற்றின் நீளத்தைப் பொறுத்து அமைகிறது. செல் பிரிதலின் போது (மறைமுக மற்றும் குன்றல் பிரிவில்) மூன்று வித சுருள்கள் காணப்படுகிறது.

(i) பெரிய சுருள்கள் (major coils): இவை 10 முதல் 30 கைரிகள் கொண்ட சுருள்கள்.

(ii) சிறிய சுருள்கள் (minor coils): பெரிய சுருள்களுக்கு செங்குத்தாக அமைந்துள்ளன.

(iii) சோமாட்டிக் சுருள்கள் (somatic coils): குன்றல் பிரிவின் பெரிய சுருள்கள் போலன்றே சோமாட்டிக் செல்களில் மறைமுக பிரிவில் காணப்பட்டால் அவை சோமாட்டிக் சுருள்கள் எனப்படுகிறது.

குரோமோமியர்: மறைமுக மற்றும் குன்றல் பிரிவுகளின் போது மெல்லிய குரோமோசோம்களின் குரோமோனிமா இழை மாறி மாறி வரும் அடர்ந்த மற்றும் அடர்த்தி குன்றிய பகுதிகளைக் கொண்டுள்ளதாய் காணப்படுகிறது. அடர்ந்த பகுதி மணி போன்ற (bead) அமைப்புடையதாய் காணப்படுகிறது இதற்கு குரோமோமியர் எனப்படுகிறது. இரண்டு குரோமோமியர்களுக்கு இடைப்பட்ட பகுதி இடை குரோமோமியர் எனப்படுகிறது.

சென்ட்ரோமியர்:

குரோமோமியர்களின் நெருங்கிய பகுதி சென்ட்ரோமியர் எனப்படுகிறது. ஒரு சென்ட்ரோமியர் காணப்பட்டால் மோனோ சென்ட்ரிக், இரண்டு அல்லது அதற்கு மேற்பட்ட சென்ட்ரோமியர் காணப்பட்டால் டைசென்ட்ரிக் மற்றும் பாலி சென்ட்ரிக் எனப்படுகிறது.

குரோமோசோம்களின் மரபியல் முக்கியத்துவம்:

1. இருதலைமுறைகளை இணைக்கும் இணைப்பாக காணப்படுகிறது
2. DNA அல்லது RNA ஆகிய மரபு பொருட்கள் இவற்றில் வைக்கப்பட்டுள்ளன.
3. குரோமோசோம்கள், அவற்றின் DNA-வால் உள்ள மரபுச் செய்திகளை தலைமுறை தலைமுறைகளுக்கு சீராக பாதுகாத்து வருகிறது.

அனபேஸ் II : குரோமோட்டிட்கள் எதிரெதிர் துருவங்களை நோக்கி குரோமோசோமல் இணைகளின் அருக்கத்தினால் இழுக்கப்படுகின்றன.

டீலோபேஸ் II : உட்கருமணி உருவாகிறது. உட்கருப்படலம் உருவாகிறது. சைட்டோபிளாச பிரிவு நடைபெற்று இரு ஒற்றைமய சேய்ச் செல்கள் உருவாகின்றன.

குன்றற்பிரிவின் முக்கியத்துவம்:

(i) குன்றற்பிரிவு ஒரு நிரந்தரமான, திட்டமான குரோமோசோம் எண்ணிக்கையை உயிரினங்களில் நிலைப்படுத்துகிறது.

(ii) உயிரினங்களிடையே வேறுபாடுகள் நடைபெற்று பரிணாமத்தின் மூலம் புதிய உயிரினங்களைத் தோற்றுவிக்கின்றன.

செல் சுழற்சி
(cell cycle)

செல் அளவில் பெரிதாவதற்கு வளர்ச்சியும், ஒவ்வொரு சேய் செல்லும் மரபுப் பொருட்களை சரிசமமாகப் பெறுவதற்கு DNA இரட்டிப்பும் செல் அழியாமல் இருப்பதற்கு செல் பிரிவு நடைபெறுகிறது. இந்நிகழ்ச்சிகள் ஒரு செல்லின் வாழ்க்கை காலத்தில் சீராக அடுத்தடுத்து நடைபெறுவது தொகுப்பாக செல் சுழற்சி எனப்படுகிறது.

முதுமையடைதல்
(aging)

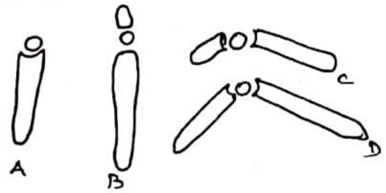
உயிரினங்கள் முதிர்ந்த நிலையை அடையும்பொழுது அவற்றின் பல்வேறு திசுக்களின் செல்கள் பிறப்பு விகிதமும் இறப்பு விகிதமும் சமநிலையில் இருக்கின்றன. நாளடைவில் இறப்பு விகிதம் பிறப்பு விகிதத்தை விட அதிகரிக்க துவங்கிறது. இதனை முதுமையடைதல் என்கிறோம்

முதுமையடையக் காரணங்கள்: முதுமை ஜீன்கள், மரபுக் கடிகாரம் .

குரோமோசோம்களின் எண்ணிக்கை:-

ஒரு சிறப்பினத்தின் எல்லா தனி உயிர்களும் ஒரே குரோமோசோம்கள் எண்ணிக்கை கொண்டிருக்கும். முழு தொகுதி குரோமோசோம்கள் காணப்பட்டால் அது யூப்ளாய்டி (euploidy) எனப்படுகிறது. இதில் ஒற்றை மயங்கள் (haploids) இரட்டை மயங்கள் (diploids), மும்மயங்கள் (triploids) நான்மையங்கள் (tetraploids) யாவும் தொகுக்கப்பட்டுள்ளன. இனச் செல்களில் ஒற்றை மய எண்ணிக்கை காணப்படுகிறது. சோமாடிக் செல்களில் இரட்டை மய எண்ணிக்கை காணப்படுகிறது. குரோமோசோம்களின் தொகுதிகள், n-னின் பன்மடங்காக இருந்தால் அது பன்மயம் அல்லது பாலிப்ளாய்டி எனப்படுகிறது. குரோமோசோம்கள் எண்ணிக்கை மிகக்குறைவாக காணப்படும் உயிரினம் அஸ்காரிஸ், இரு குரோமோசோம்கள் மட்டுமே செல்லில் காணப்படுகிறது. அதிக அளவு குரோமோசோம்கள் எண்ணிக்கையான 127 துறவி நண்டான யூபெக்யூரஸ் சோடன்சினிஸ் காணப்படுகிறது.

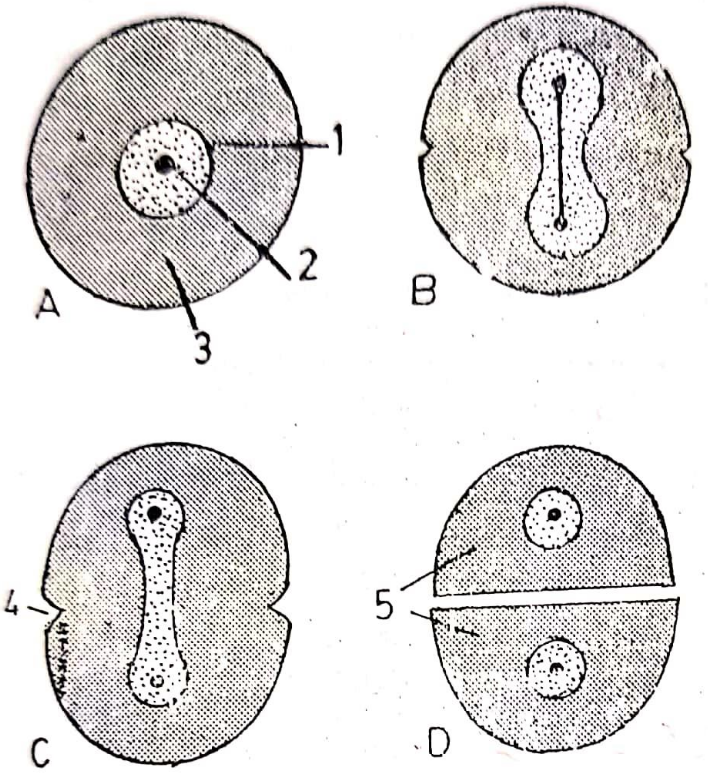
குரோமோசோம் வகைகள்:-



A டீலோசென்ட்ரிக் B அக்ரோசென்ட்ரிக்
C சப்மெட்டாசென்ட்ரிக் D மெட்டாசென்ட்ரிக்

ஒவ்வொரு குரோமோசோமும் சென்ட்ரோமியர் (அ) கைனிட்டோகோர் என்னும் குறுகிய தெளிவான பகுதியை கொண்டுள்ளன. சென்ட்ரோமியர் குரோமோசோமை இரு பகுதிகளாக பிரிக்கின்றது. ஒவ்வொரு பகுதியும் குரோமோசோம் கை எனப்படுகின்றது. அச் சென்ட்ரோமியர் அமையப் பெற்ற இடத்திற்கேற்ப குரோமோசோம்களின் வடிவம் வேறுபடுகிறது.

டீலோசென்ட்ரிக் : சென்ட்ரோமியரை அண்மைப் பகுதியால் கொண்டுள்ள குச்சி வடிவ குரோமோசோம்கள்.

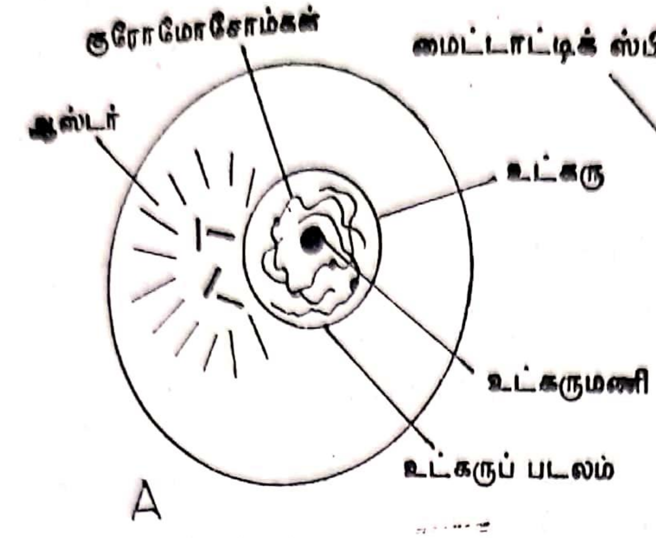


படம் 93 – நேர்முகப் பிரிவு

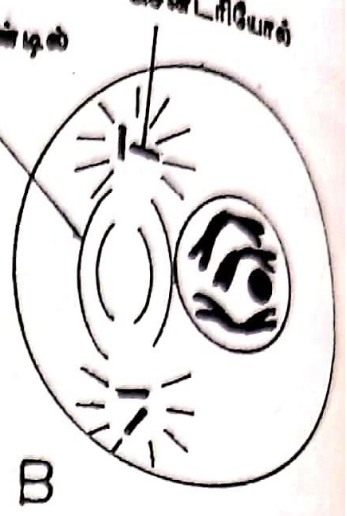
A - D பிரிவின் பல நிலைகள்

1. உட்கரு
2. உட்கருமணி
3. சைட்டோபிளாசம்
4. சேய் செல்கள்

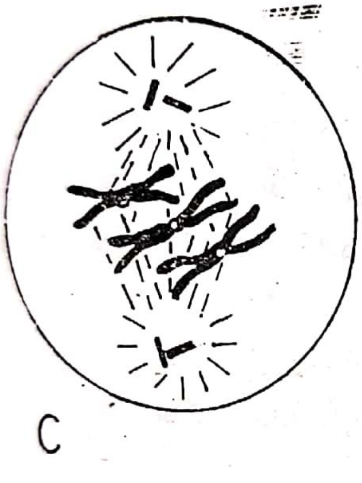
கரு



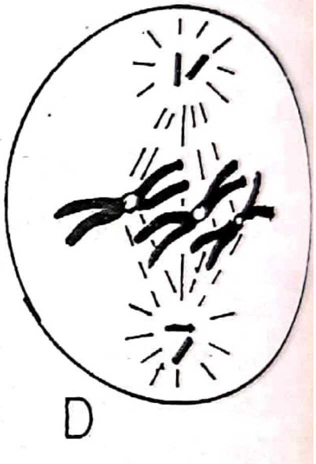
முன்புரோபேஸ்



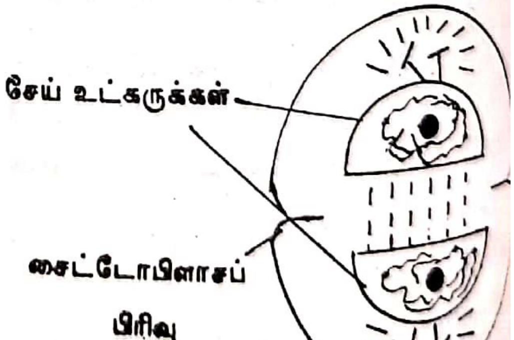
புரோபேஸ்

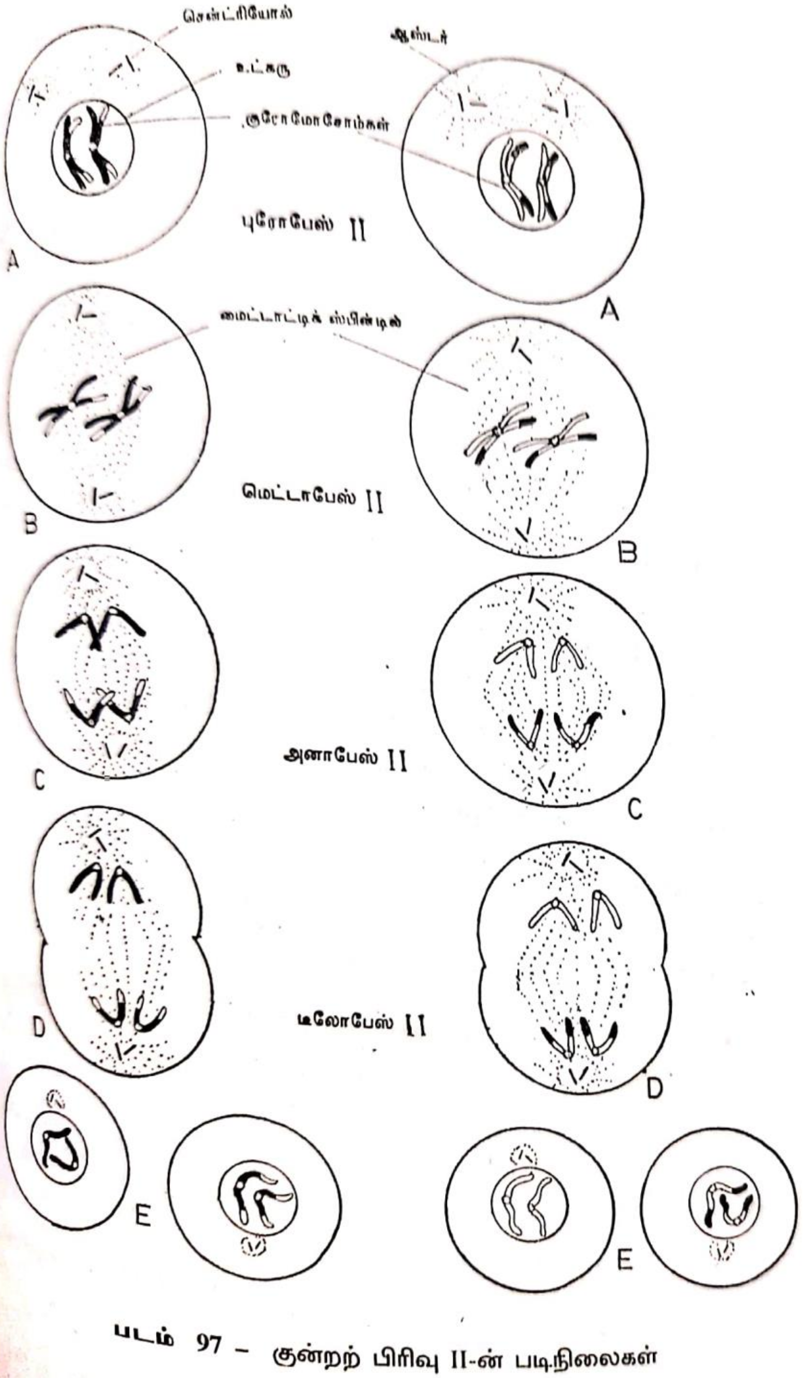


முன் மெட்டாபேஸ்



மெட்டாபேஸ்





படம் 97 – குன்றற் பிரிவு II-ன் படிநிலைகள்

புற்று நோய்
(Cancer)

பொதுவாக எல்லா செல்களும் கட்டுப்படுத்தப் படக்கூடிய வளர்ச்சியை கொண்டிருக்கின்றன. சில சமயங்களில் பல்வேறு காரணிகளால் செல்கள் கட்டுப்பாடின்றி முடிவின்றி வளர்ச்சியைக் த பிரிவடைந்து கட்டி அல்லது கழலை மற்றும் புற்று நோய் போன்றவற்றை தோற்றுவிக்கின்றன. உயிருக்கு சேதம் விளைவிக்காத கழலையாக இருந்தால் பினைன் கழலை எனவும் உயிருக்கு சேதம் விளைவிக்கும் கழலையாக இருந்தால் மாலிக்னன்ட் கழலை எனவும் அழைக்கப்படுகிறது.

புற்று செல்களின் பண்புகள்:

(i) புற்று செல்கள் இறப்பதில்லை (ii) தொடுகின்ற தடை இழக்கப் படுகிறது (iii) வளர்சிதை மாற்றச்செயல்களில் மாற்றங்கள்
iv) உட்கரு மாற்றம் அடைகிறது.

புற்று நோய் தோன்றும் இடங்கள்: தோல், நுரையீரல், இரைப்பை, சிறுகுடல், வாய் ஆகிய இடங்களிலும் பெண்களில் மார்பகங்கள், கருப்பை, சிறுகுடல் தோல் ஆகிய இடங்களில் புற்று நோய் தோன்றுகின்றது.

புற்று நோயின் வகைகள்:

(i) கார்சினோமா: எபிதீலிய செல்களில் ஏற்படும் புற்றுநோய்
(ii) சார்கோமா: இணைப்பு திசுக்களில் ஏற்படும் புற்றுநோய்
(iii) ஆஸ்டியோமா: எலும்பில் ஏற்படக்கூடிய புற்று நோய்
(iv) லிம்போமா: நிணநீர் முடிச்சுக்களிலும் சுரப்பிகளிலும் தோன்றும் புற்று நோய்

புற்று நோய் குறிகள்:-

(i) ஆறாமல் இருக்கும் புண் அல்லது ஆறிய பின் மீண்டும் அதே இடத்தில் தோன்றும் புண்.
ii) இரைப்பையில் தொடர்ந்து உணவு செரிக்கப்படாமல் இருத்தல்
(iii) மலச்சிக்கலும் வயிற்றுப் போக்கும் மாறி மாறி [illegible] ஏற்படுதல்
iv) தொடர்ந்து இருமலும் தொண்டைப் புண் உண்டாதல்

unit - III

வினாக்கள்

1. குரோமோசோம் வரையறு
2. இடைநிலை உட்கரு வரையறு
3. டீலோசெண்ட்ரிக் வரையறு
4. பாரானிமிக் சுருள்கள் வரையறு
5. ஆத குரோமோசோம்கள் வரையறு.
6. யூகேரியோட்டிக் குரோமோசோமின் அமைப்பினை வரைக
7. குரோமோசோம் வகைகளை விளக்குக
8. குரோமோனிமா இழைகள் பற்றி எழுது.
9. குரோமோசோம்களின் மரபியல் முக்கியத்துவம் கூறுக.
10. ஆத குரோமோசோம்களை விளக்குக.
11. செல் பகுதலில் ~~[illegible]~~ மறைமுக பகிர்வு விளக்குக.
12. செல் பகுதலில் ~~[illegible]~~ குன்றல் பகுப்பு பிரிவினை விளக்குக.

UNIT: IV

DNA: MOLECULAR STRUCTURE

I Primary structure of the molecule: covalent backbone and bases aside

I-1 Phosphoric acid

I-2 Sugar

I-3 Nitrogenous bases

II Secondary and tertiary structures of the molecule -Three-dimentional conformation of DNA

II.1 Dinucleotides

II.2 DNA molecule

II.2.1 Hydrogen bonds: bases pairing

II.2.2 Major groove and minor groove

II.3 Non-B DNA

II.3.1 Z-DNA

II.3.2 Cruciform DNA and hairpin DNA

II.3.3 H-DNA or triplex DNA

II.3.4 G4-DNA

III Quaternary structure of the molecule - Chromatin

IV Various

IV.1 DNA and mitochondria

IV.2 DNA denaturation

Deoxyribonucleic acid (DNA) IS the genetic information of most living organisms (a contrario, some viruses, called retroviruses, use ribonucleic acid as geneticinformation).
-DNA can be copied over generations of cells: DNA replication
- DNA can be translated into proteins: DNA transcription into RNA, further ranslated into proteins ,- DNA can be repaired when needed: DNA repair .
Ribonucleic acids (RNAs) are described in another chapter (mRNA, r-RNA, t-RNA...)
-DNA is a polymere, made of units called nucleotides (or mononucleotides).
- Nucleotides also have other functions: (energy carriers: ATP, GTP; cellular respiration: NAD, FAD; signal transduction: cyclic AMP; coenzymes: CoA, UDP; vitamins: nicotinamide mononucleotide, Vit B2).

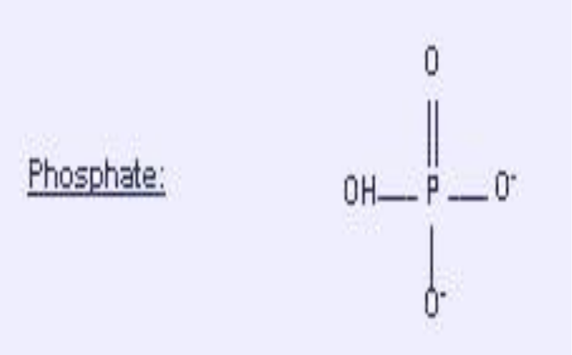
Using the protein nomenclature, we could speak in terms of primary, secondary, tertiary and quaternary structures of the molecule:

I Primary structure of the molecule: covalent backbone and bases aside

A nucleoside is made of a sugar + a nitrogenous base.A nucleotide is made of a phosphate + a sugar + a nitrogenous base. In DNA, the nucleotide is a deoxyribonucleotide (in RNA, the nucleotide is a ribonucleotide).

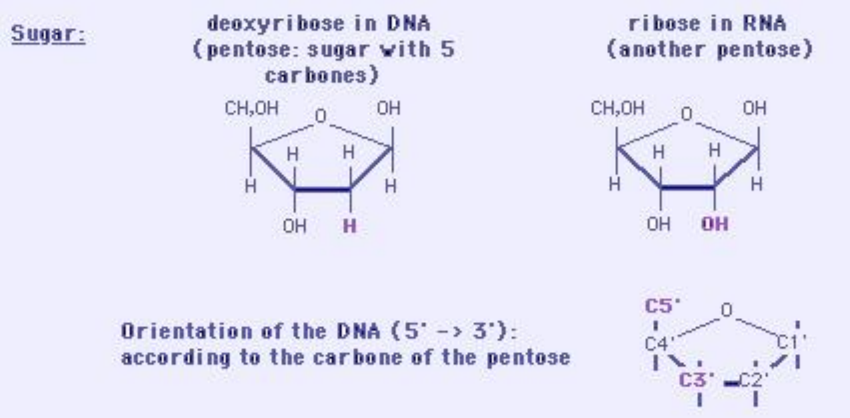
I-1 Phosphoric acid

Gives a phosphate group.



I-2 Sugar:

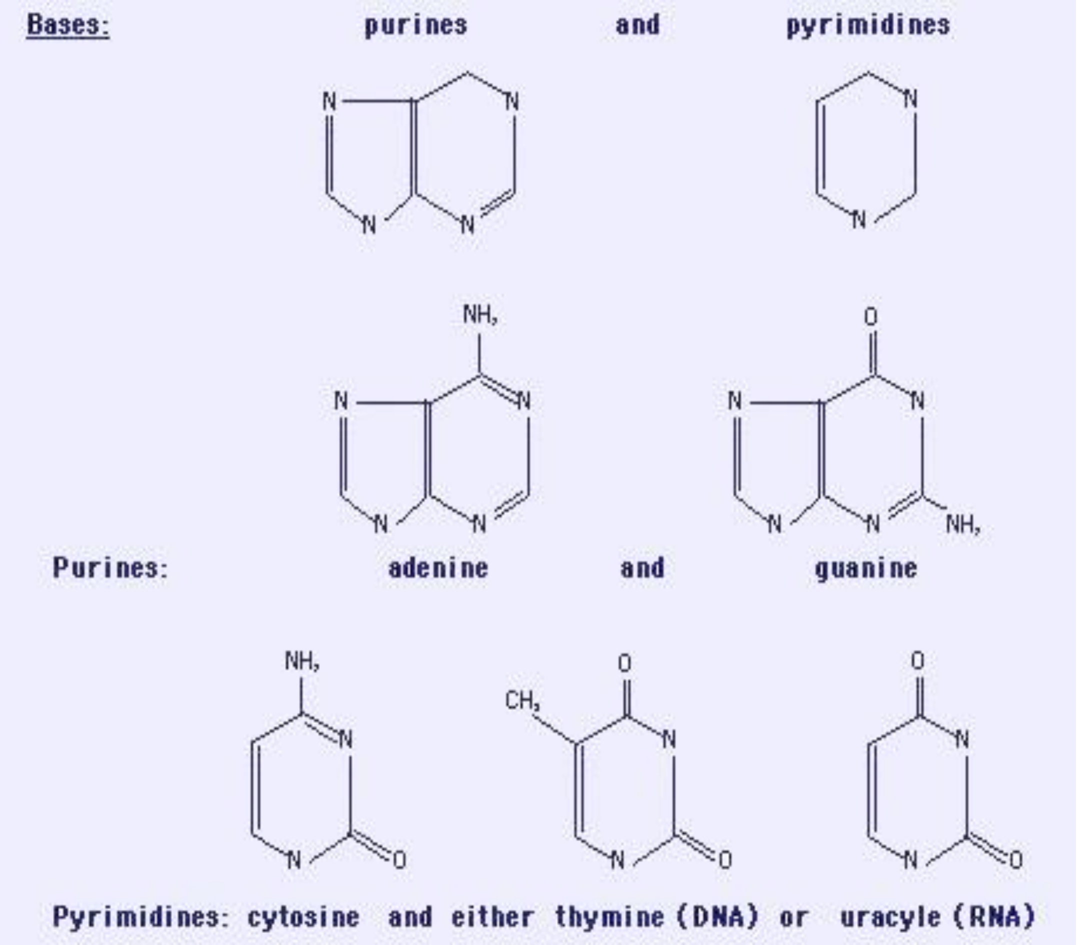
Deoxyribose, which is a cyclic pentose (5-carbon sugar). Note: the sugar in RNA is a ribose. Carbons in the sugar are noted from 1' to 5'. A nitrogen atom from the nitrogenous base links to C1' (glycosidic link), and the phosphate links to C5' (ester link) to make the nucleotide. The nucleotide is therefore: phosphate - C5' sugar C1' - base.



I-3 Nitrogenous bases:

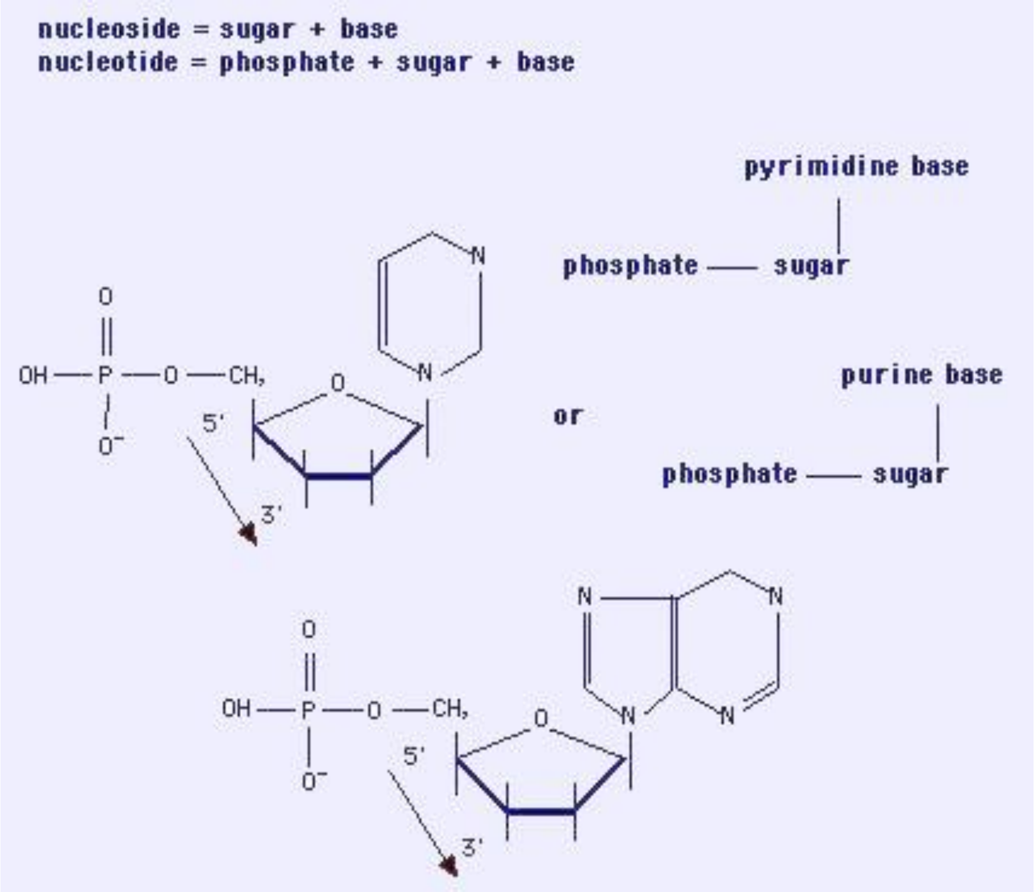
Aromatic heterocycles; there are purines and pyrimidines.
- Purines: adenine (A) and guanine (G).- Pyrimidines: cytosine (C) and thymine (T) (Note: thymine is replaced by uracyle (U) in RNA).

Note: other nitrogenous bases exist, in particular methylated bases derived from the above mentioned; methylation of the bases has a functional role (see chapter ad hoc).



Glossary:

- Nucleoside names: deoxyribonucleosides in DNA: deoxyadenosine, deoxyguanosine, deoxycytidine, deoxythymidine in DNA (ribonucleosides in RNA: adenosine, guanosine, cytidine, uridine).
- Nucleotide names: deoxyribonucleotides in DNA: deoxyadenylic acid, deoxyguanylic acid, deoxycytidylic acid, deoxythymidylic acid (ribonucleotides in RNA: adenylic acid, guanylic acid, cytidylic acid, uridylic acid).



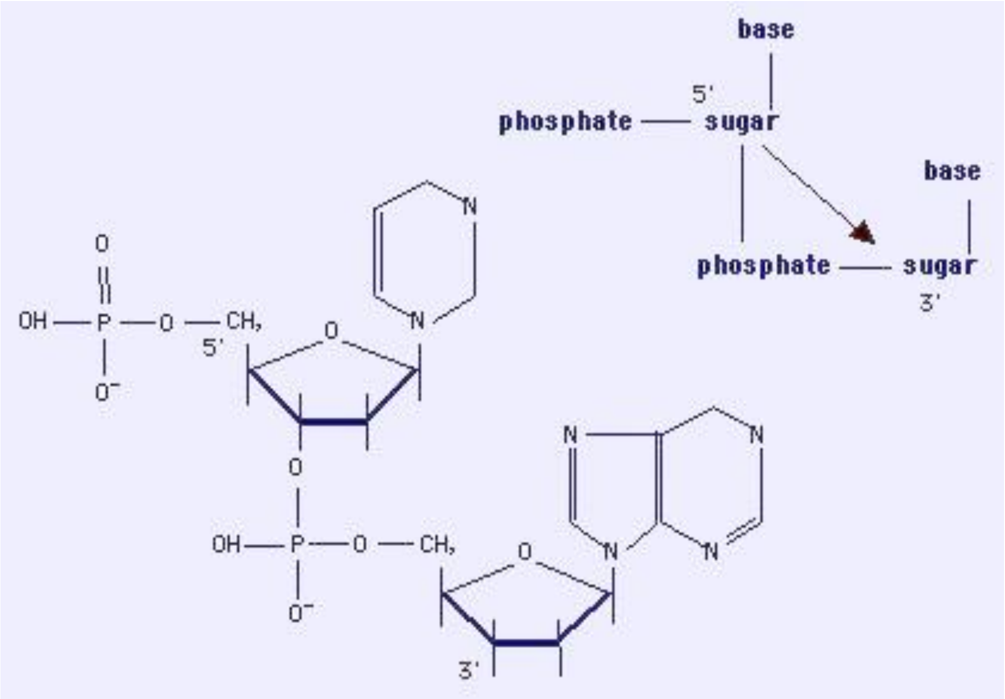
II Secondary and tertiary structures of the molecule - Three-dimentional conformation of DNA

II.1 Dinucleotides

Dinucleotides form from a phosphodiester link between 2 mononucleotides. The phosphate of a mononucleotide (in C5' of its sugar) being linked to the C3' of the sugar of the previous mononucleotide.

Then, we start with a phosphate, a 5' sugar (+base) and the 3' of this sugar, linked to a second phosphate - 5' sugar, which 3' is free for next step. The link -and the orientation of the molecule- is therefore 5' -> 3'.

Polynucleotides are made of the successive addition of monomeres in a general 5' -> 3' configuration. The backbone of the molecule is made of a succession of phosphate-sugar (nucleotide n) - phosphate-sugar (nucleotide n+1), and so on, covalently linked, the bases being aside.



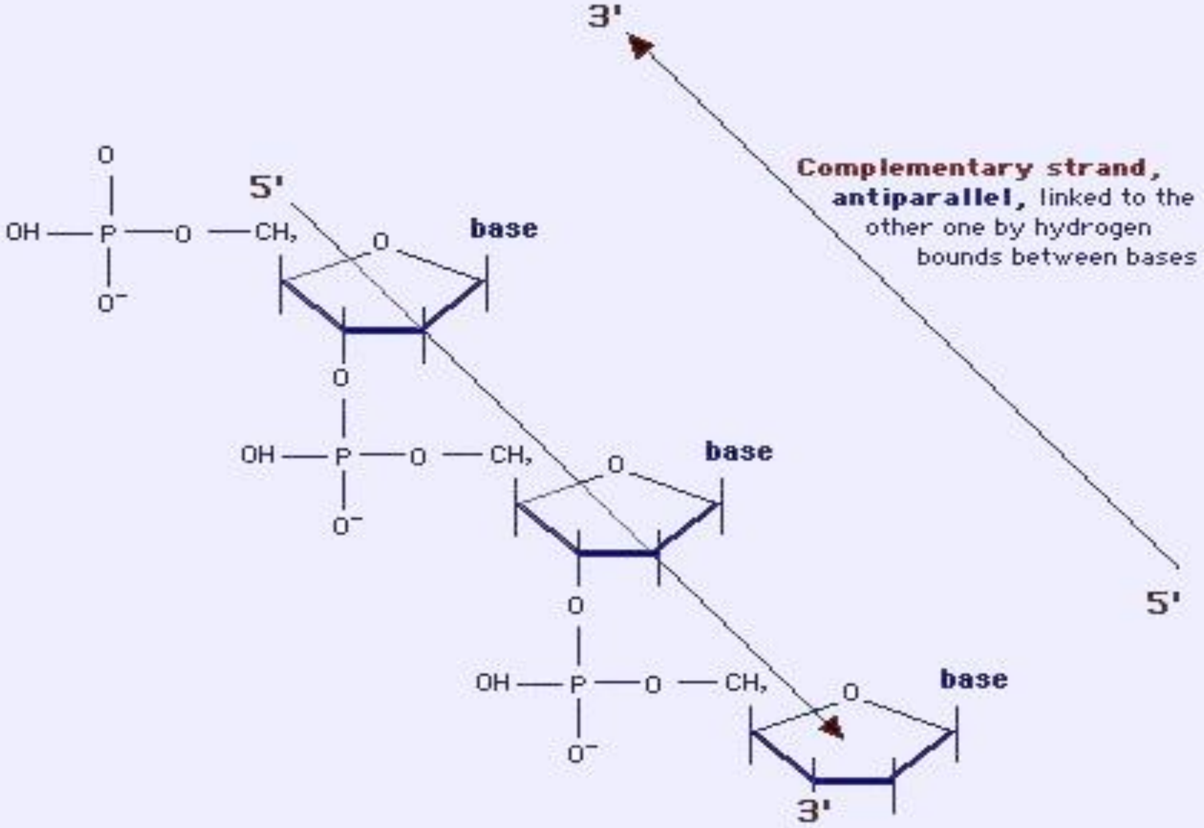
II.2 DNA molecule

DNA is made of two ("duplex DNA") dextrogyre (like a screw; right-handed) helical chains or strands ("the double helix"), coiled around an axis to form a double helix of 20A° of diameter.

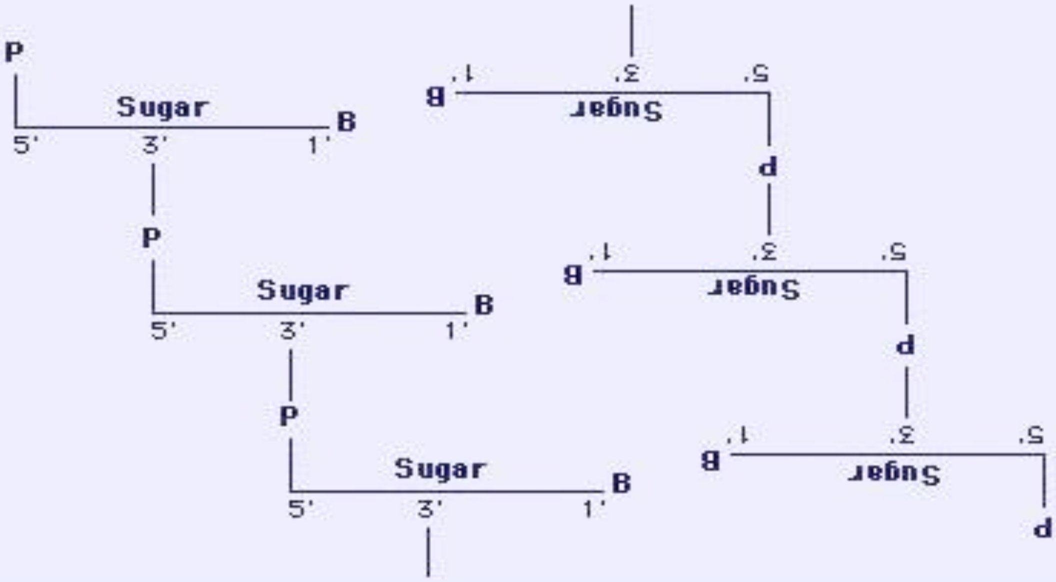
The two strands are antiparallel (id est: their 5'->3' orientations are in opposite direction). The general appearance of the polymere shows a periodicity of 3.4 A°, corresponding to the distance between 2 bases, and another one of 34 A°, corresponding to one helix turn (and also to 10 bases pairs).

II.2.1 Hydrogen bounds: bases pairing

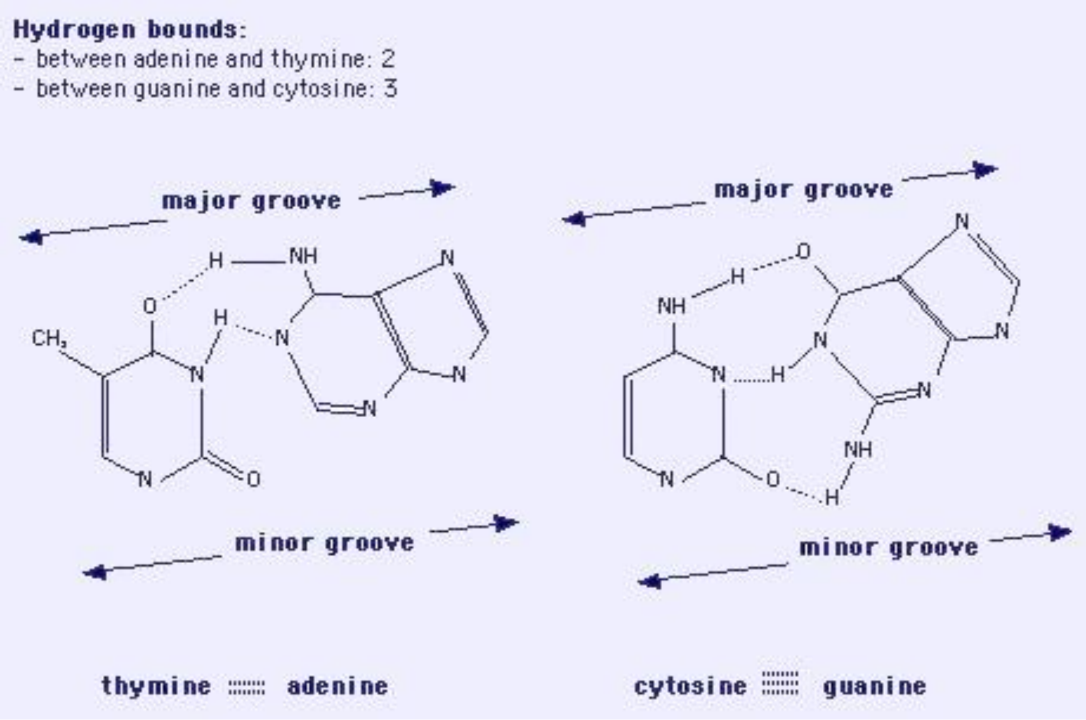
The (hydrophobic) bases are stacked on the inside, there planes are perpendicular to the axis of the double helix. The outside (phosphate and sugar) are hydrophilic.Hydrogen bounds between the bases of one strand and that of the other strand hold the two strands together.



DNA is double strand: the 2 strands are antiparallel
-they run in opposite direction- and complementary.
(RNA is single strand)



A purine on one strand shall link to a pyrimidine on the other strand. As a corollary, the number of purines residues equals the number of pyrimidine residues. A binds T (with 2 hydrogen bounds).G binds C (with 3 hydrogen bounds: more stable link: 5.5 kcal vs 3.5 kcal).Note: the content in A in the DNA is therefore equal to the content in T, and the content in G equals the content in C. This strict correspondance (A<->T and G<->C) makes the 2 strands complementary. One is the template of the other one, and reciprocally: this property will allow exact replication (semi-conservative replication: one strand -the template- is conserved, another is newly synthesized, same with the second strand, conserved, allowing another one to be newly synthesized; see chapter ad hoc).

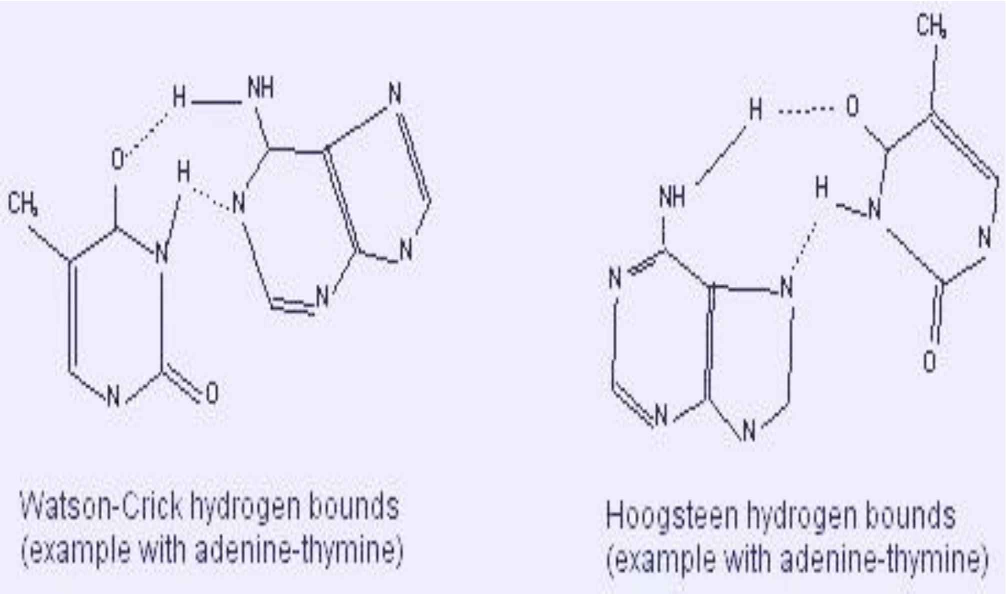


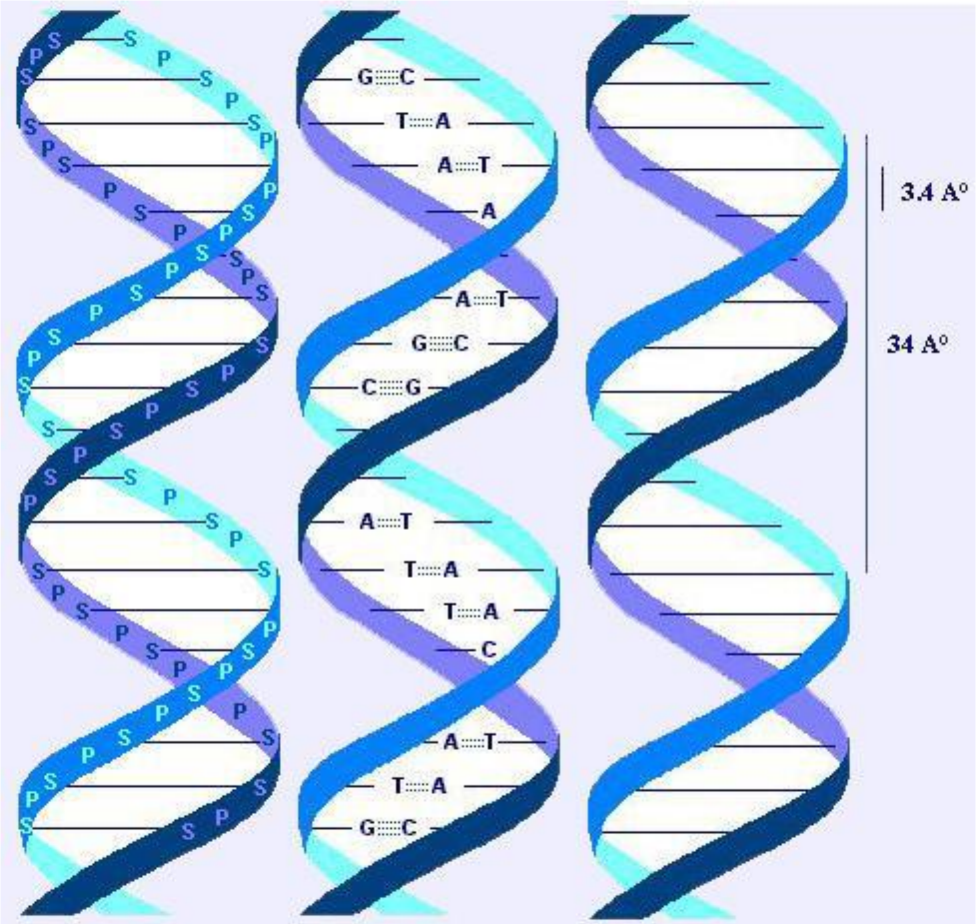
Notes:

Hydrogen bounds in base pairing are sometimes different from the model of Watson and Crick above described, using the N7 atom of the purine instead of the N1 (Hoogsteen model).

II.2.2 Major groove and minor groove

The double helix is a quite rigid and viscous molecule of an immense length and a small diameter. It presents a major groove and a minor groove.





The major groove is deep and wide, the minor groove is narrow and shallow. DNA-protein interactions are major/essential processes in the cell life (transcription activation or repression, DNA replication and repair).

Proteins bind at the floor of the DNA grooves, using specific binding: hydrogen bounds, and non specific binding: van der Waals interactions, generalized electrostatic interactions; proteins recognize H-bond donnors, H-bond acceptors, metyl groups (hydrophobic), the later being exclusively in the major groove; there are 4 possible patterns of recognition with the major groove, and only 2 with the minor groove (see iconography).- Some proteins bind DNA in its major groove, some other in the minor groove, and some need to bind to both.

Notes:

- The 2 strands are called "plus" and "minus" strands, or "direct" and "reverse" strands. At a given location where one strand (any of the two) bears coding sequences, it is unlikely (but not impossible) that the other strand also bears coding sequences.- DNA is ionized in vivo and behave like a polyanion.The double helix as described above is the "B" form of the DNA; it is the form the most commonly found in vivo, but other forms exist in vivo (see below) or in vitro. The "A" form resemble B-DNA but it is less hydrated than B-DNA, "A" form is not found in vivo.

II.3 Non-B DNA

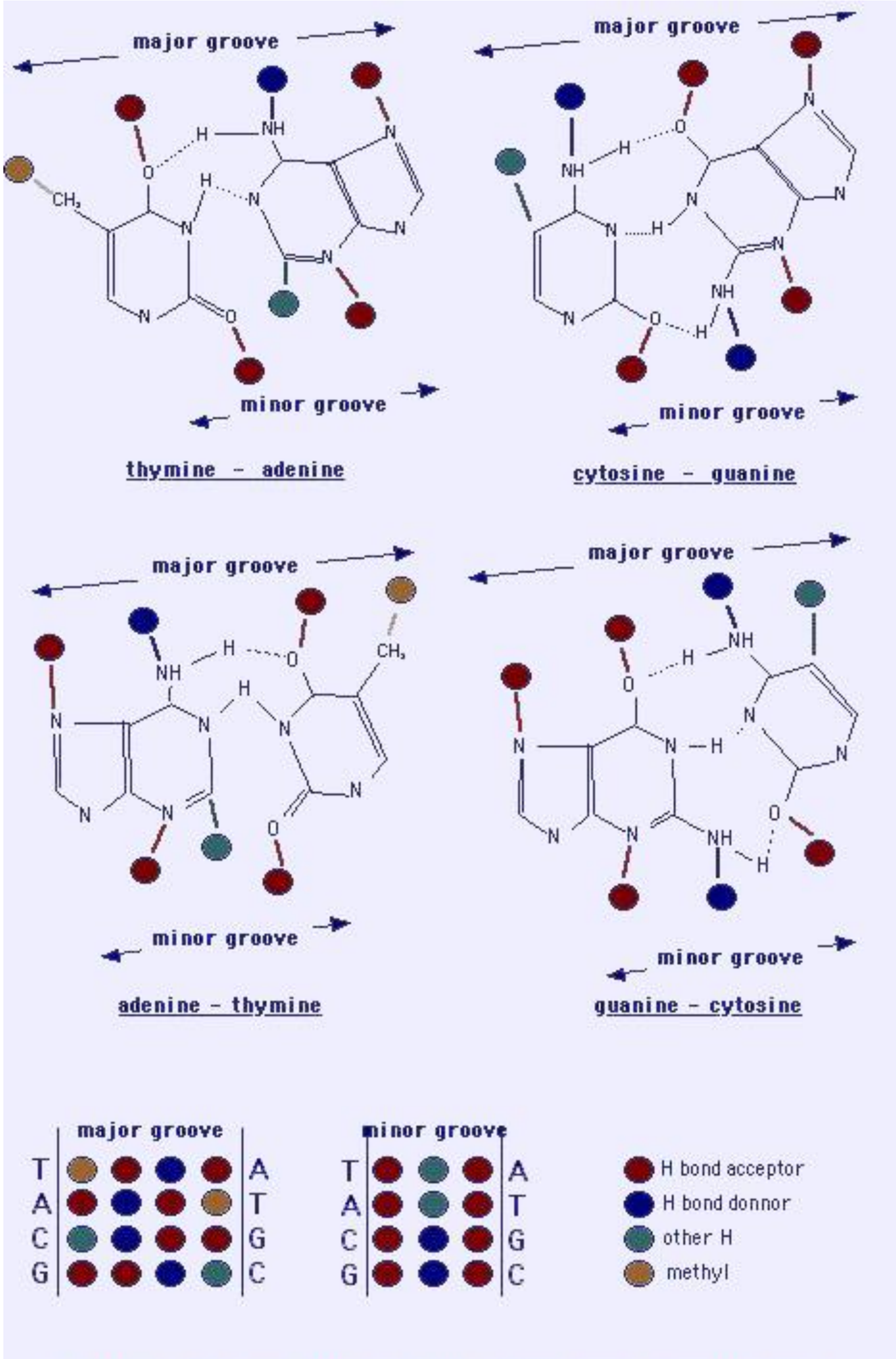
DNA is a molecule which moves, fidgets, does gymnastics, dances. The structures below cited are being proved to have funtional roles; on the other hand, they may favour DNA breaks and further deletions, amplification, recombination, and mutations.

Glossary:

Palindromes: these are names that read the same backwards and forwards (e.g. "DNA LAND"). DNA uses to play with palindromes: see below).

II.3.1 Z-DNA

- Z form is a levogyre (left handed) double helix with a zig-zag conformation of the backbone (less smooth than B-DNA). Only one groove is observed, resembling the minor groove, the base pairs being set off to the side, far from the axis. The bases (which form the major groove -close to the axis- in B-DNA) are here at the outer surface.



Proteins bind at the floor of the DNA grooves, using hydrogen bounds

Phosphates are closer together than in B-DNA. Z-DNA cannot form nucleosomes.- A high G-C content favours Z conformation. Cytosine methylation, and molecules which can be present in vivo such as spermine and spermidine can stabilize Z conformation.- DNA sequences can flip from a B form to a Z form and vice versa: Z-DNA is a transient form in vivo.- Z-DNA formation occurs during transcription of genes, at transription start sites near promoters of actively transcribed genes.

During transcription, the movement of RNA polymerase induces negative supercoiling upstream and positive supercoiling downstream the site of transcription The negative supercoiling upstream favours Z-DNA formation; a Z-DNA function would be to absorb negative supercoiling. At the end of transcription, topoisomerase relaxes DNA back to B conformation.- Certain proteins bind to Z-DNA, in particular double-stranded RNA adenosine deaminase (ADAR1), a Z-DNA binding nuclear-RNA-editing enzyme; this enzyme converts adenine to inosine in the pre-mRNA. Following, ribosomes will interpret inosine as guanine, and the protein coded with this epigenetic modification will be different (see chpater on Epigenetics).

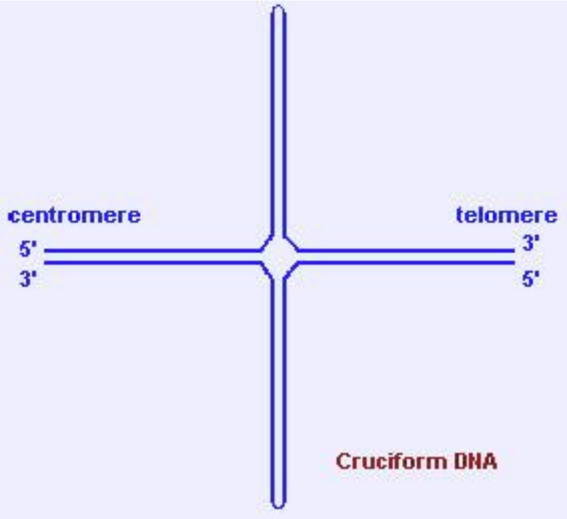
- Z-DNA antibodies are found in lupus erythematosus and other autoimmune diseases.
- Double stranded RNA (dsRNA) can adopt a Z conformation.

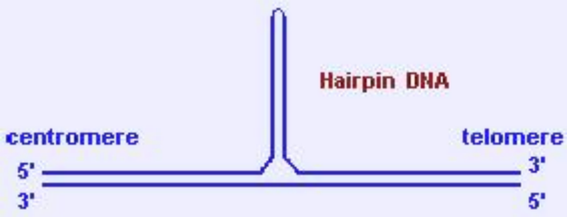
II.3.2 cruciform DNA and hairpin DNA

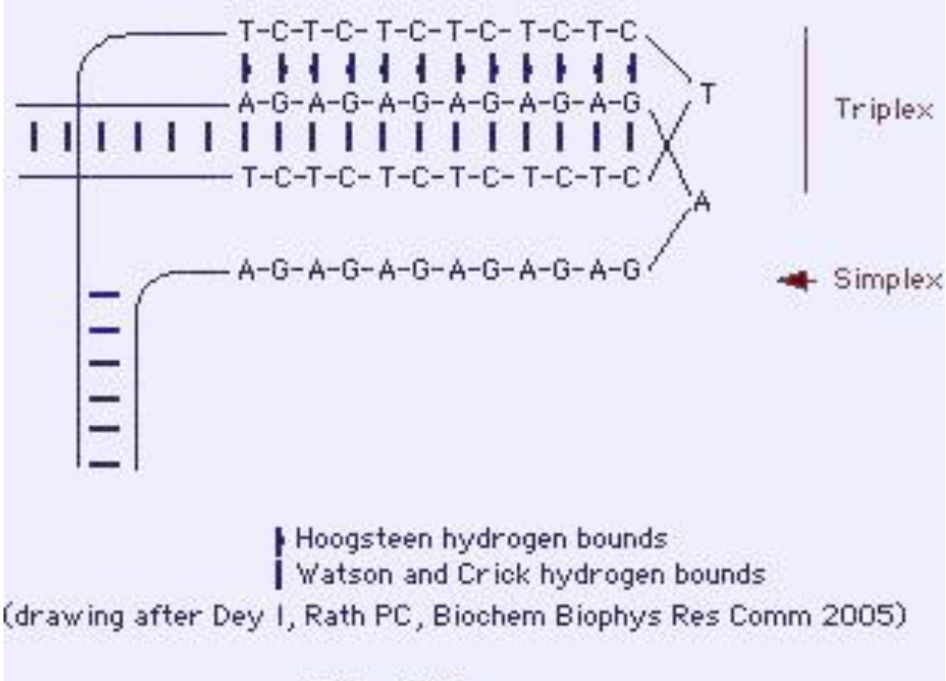
- Holliday junctions (formed during recombination) are cruciform structures. Inverted (or mirror) repeats (palindromes) of polypurine/polypyrimidine DNA stretches can also form cruciform or hairpin structures through intra-strand pairing.
- Palindromic AT-rich repeats are found at the breakpoints of the t(11;22)(q23;q11), the only known recurrent constitutional reciprocal translocation.
- Nucleases bind and cleave holliday junctions after recombination. Other well known proteins such as HMG proteins and MLL (for further reading, see: MLL) can also bind cruciform DNA.

II.3.3 H-DNA or triplex DNA

- Inverted repeats (palindromes) of polypurine/polypyrimidine DNA stretches can form triplex structures (triple helix). A triple-stranded plus a single stranded DNA are formed.- H-DNA may have a role in functional regulation of gene expression as well as on RNAs (e.g. repression of transcription).







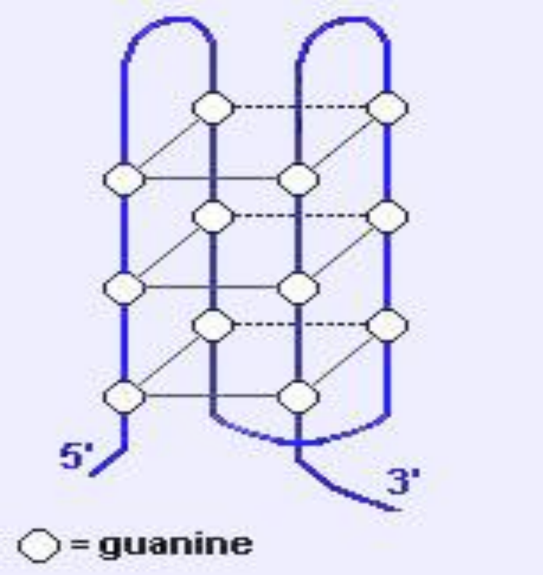
(drawing after Dey I, Rath PC, Biochem Biophys Res Comm 2005)

Triplex DNA

II.3.4 G4-DNA

- G4 DNA or quadruplex DNA: folding of double stranded GC-rich sequence onto itself forming Hoogsteen base pairing between 4 guanines ("G4"), a highly stable structure. Often found near promotors of genes and at the telomeres.

- Role in meiosis and recombination; may be regulatory elements.
- RecQ family helicases are able to unwind G4 DNA (e.g. BLM, the gene mutated in Bloom syndrome (for further reading, see: Bloom syndrome)).



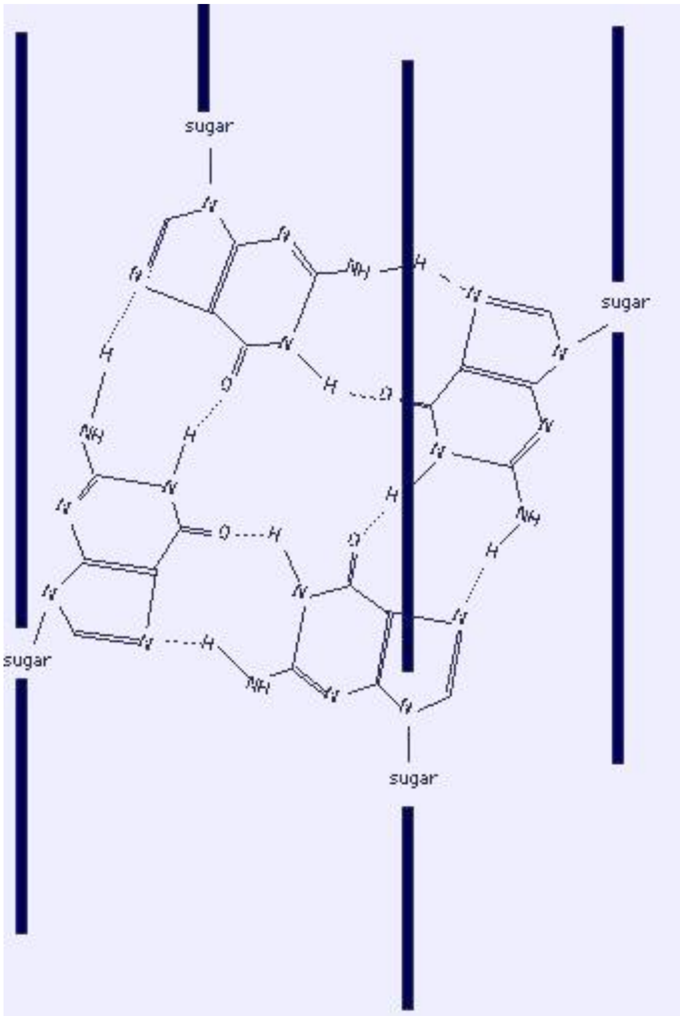
quadruplex DNA
(drawing after Nakagama H et al, Mutation Res 2006)

III Quaternary structure of the molecule - Chromatin

DNA is associated with proteins: histones and non histone proteins, to form the chromatin. DNA as a whole is acidic (negatively charged) and binds to basic (positively charged) proteins called histones: see chapter ChromatinThere is 3 x 10^{9} nucleotide pairs in the human haploid genome representing about 30 000 genes dispersed over 23 chromosomes for a haploid set.

IV.1 DNA and mitochondria

- DNA is found in the nucleus of the cell, but a small amount is also present in the mitochondria.- Mitochondrias would originate from archeobacterias which became endosymbiotic to eukaryotic cells.- Their genetic code is different from the so-called



Hoogsteen hydrogen bounds between guanines in a quadruplex DNA

"universal" code (UGA, AUA, AGA, AGG: respectively STOP, Ile, Arg, Arg in the universal code, and Trp, Met, STOP, STOP in the mitochondria of mammals, and other meanings in mitochondria of other spieces).- The number of DNA copies in one given mitochondria is variable.- Mitochondrial DNA is circular, with a heavy and a light chains, has no introns, not any non-coding sequence.- Genes from the mitochondria code for proteins involved in electron transport, ribosomic RNAs (rRNAs), and transfer RNAs (tRNAs).

- Each DNA strand is transcribed, then cut into the mRNAs, but also into rRNAs and tRNAs.

Note: the mitochondria also use proteins imported from the cytoplasm of the cell (and coded by the nucleus); so far, proteins from the mitochondria are not exported into the cytoplasm except in case of apoptosis.

IV.2 DNA denaturation:

The double helix undergoes unwinding in vitro with heat, extremes ph, and other conditions (urea, ...). A melting point can be calculated; it is characteristic of the A/T versus G/C proportion of the specimen studied, due to the fact that there is only 2 hydrogen bounds in A/T, and 3 in G/C, a more stable binding. Upon denaturation, the physical properties of the DNA change; e.g. hyperchromic effect: light absorption at 260 nm is higher with denatured DNA than with double standed DNA. Light absorption also varies according to the A/T vs G/C proportion: it is higher in A/T rich specimens than in G/C rich ones.DNA denaturation is to be known, because: 1- it allows to measure A/T vs G/C content; 2- it is the basis of in situ hybridization techniques.

RNA: MOLECULAR STRUCTURE

RNA, abbreviation of **ribonucleic acid**, complex compound of high molecularweight that functions in cellular protein synthesis andreplaces DNA (deoxyribonucleic acid) as a carrier of genetic codes in some viruses. RNA consists of ribose nucleotides (nitrogenous bases appended to a ribose sugar) attached by phosphodiester bonds, forming strands of varying lengths. The nitrogenous bases in RNA are adenine, guanine, cytosine, and uracil, which replaces thymine in DNA.

- RNA or ribonucleic acid is a polymer of nucleotides which is made up of a ribose sugar, a phosphate, and bases such as adenine, guanine, cytosine, and uracil.
- It is a polymeric molecule essential in various biological roles

in coding, decoding, regulation, and expression of genes.

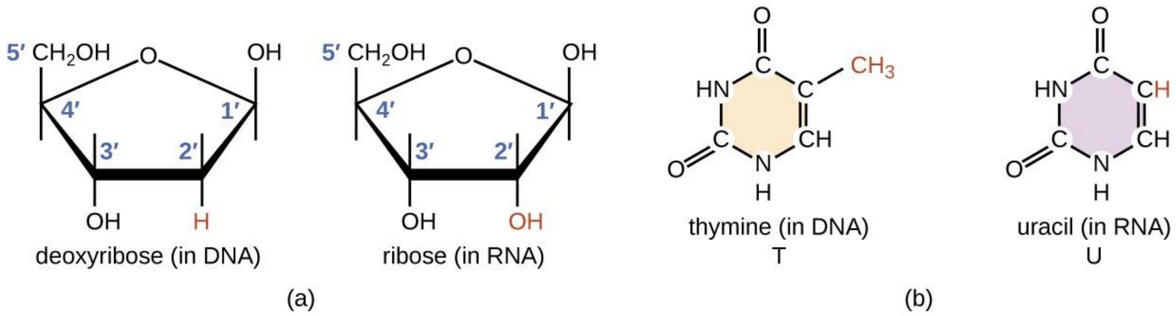
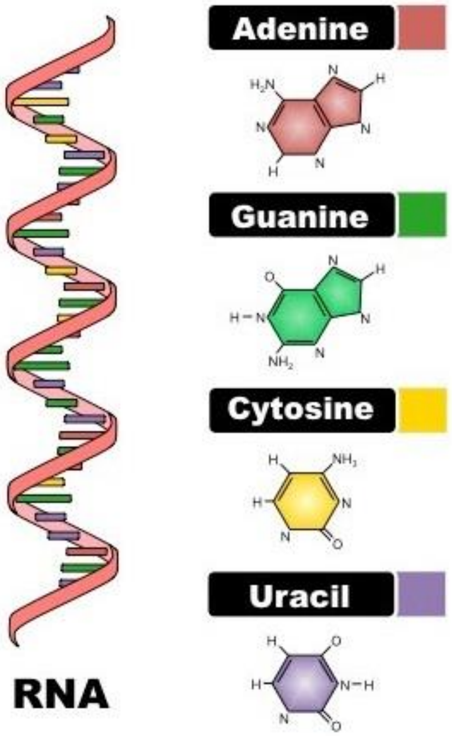


Figure: (a) Ribonucleotides contain the pentose sugar ribose instead of the deoxyribose found in deoxyribonucleotides. (b) RNA contains the pyrimidine uracil in place of thymine found in DNA.

RNA STRUCTURE



Like **DNA**, RNA is a long polymer consisting of nucleotides.

- RNA is a single-stranded helix.
- The strand has a 5′end (with a phosphate group) and a 3′end (with a hydroxyl group).
- It is composed of ribonucleotides.
- The ribonucleotides are linked together by 3′ –> 5′ phosphodiester bonds.

- The nitrogenous bases that compose the ribonucleotides include adenine, cytosine, uracil, and guanine.

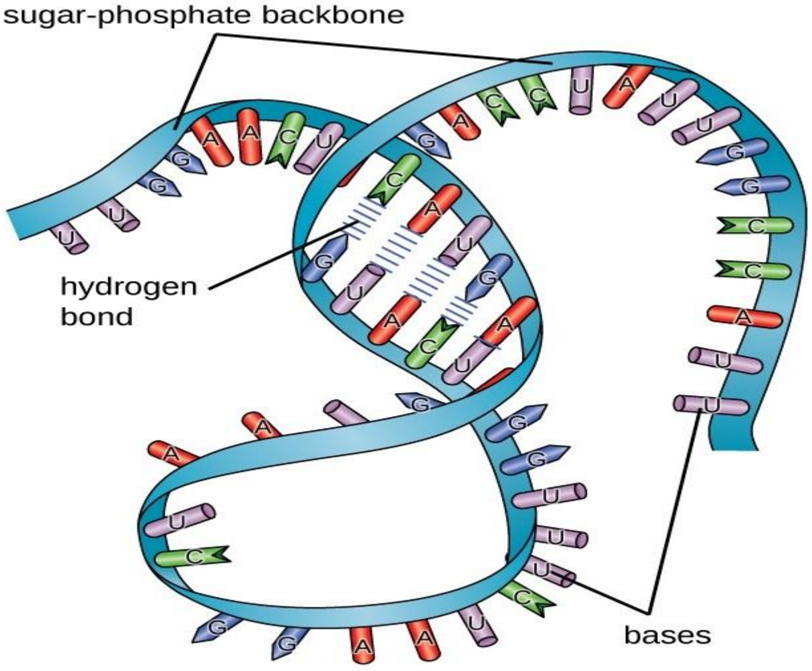
Thus, the difference in the structure of RNA from that of DNA include:

- The bases in RNA are adenine (abbreviated A), guanine (G), uracil (U) andcytosine (C).

Thus thymine in DNA is replaced by uracil in RNA, a different pyrimidine. However, like thymine, uracil can form base pairs with adenine.

- The sugar in RNA is ribose rather than deoxyribose as in DNA.
- The corresponding ribonucleosides are adenosine, guanosine, cytidine and uridine. The corresponding ribonucleotides are adenosine 5'-triphosphate (ATP), guanosine 5'-triphosphate (GTP), cytidine 5'-triphosphate (CTP) and uridine 5'-triphosphate (UTP).

RNA Secondary Structure



- Most RNA molecules are single-stranded but an RNA molecule may contain regions which can form complementary base pairing where the RNA strand loops back on itself.
- If so, the RNA will have some double-stranded regions.

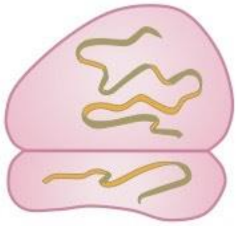
- Ribosomal RNAs (rRNAs) and transfer RNAs (tRNAs) exhibit substantial secondary structure, as do some messenger RNAs (mRNAs).

Types of RNA

In both prokaryotes and eukaryotes, there are three main types of RNA –

- **rRNA (ribosomal)**
- **tRNA (transfer)**
- **mRNA (messenger)**

Messenger RNA (mRNA)



Ribosomal RNA (rRNA)

Transfer RNA (tRNA)

Messenger RNA (mRNA)

- Accounts for about 5% of the total RNA in the cell.
- Most heterogeneous of the 3 types of RNA in terms of both base sequence and size.
- It carries the genetic code copied from the DNA during transcription in the form of triplets of nucleotides called codons.
- As part of post-transcriptional processing in eukaryotes, the 5’ end of mRNA is capped with a guanosine triphosphate nucleotide, which helps in mRNA recognition during translation or protein synthesis.
- Similarly, the 3’ end of an mRNA has a poly A tail or multiple adenylate residues added to it, which prevent enzymatic degradation of mRNA. Both 5’ and 3’ end of an mRNA imparts stability to the mRNA.

Function

mRNA transcribes the genetic code from DNA into a form that can be read and used to make proteins. mRNA carries genetic information from the nucleus to the cytoplasm of a cell.

Ribosomal RNA (rRNA)

- Found in the ribosomes and account for 80% of the total RNA present in the cell.
- Ribosomes consist of two major components: the small ribosomal subunits, which read the RNA, and the large subunits, which join amino acids to form a polypeptide chain. Each subunit comprises one or more ribosomal RNA (rRNA) molecules and a variety of ribosomal proteins (r-protein or rProtein).
- Different rRNAs present in the ribosomes include small rRNAs and large rRNAs, which denote their presence in the small and large subunits of the ribosome.
- rRNAs combine with proteins in the cytoplasm to form ribosomes, which act as the site of protein synthesis and has the enzymes needed for the process.
- These complex structures travel along the mRNA molecule during translation and facilitate the assembly of amino acids to form a polypeptide chain. They bind to tRNAs and other molecules that are crucial for protein synthesis.

Function

rRNA directs the translation of mRNA into proteins.

Transfer RNA (tRNA)

- tRNA is the smallest of the 3 types of RNA having about 75-95 nucleotides.
- tRNAs are an essential component of translation, where their main function is the transfer of amino acids during protein synthesis. Therefore they are called transfer RNAs.
- Each of the 20 amino acids has a specific tRNA that binds with it and transfers it to the growing polypeptide chain. tRNAs also act as adapters in the translation of the genetic sequence of mRNA into proteins. Therefore they are also called adapter molecules.

Structure of tRNA

tRNAs have a clover leaf structure which is stabilized by strong hydrogen bonds between the nucleotides. Apart from the usual 4 bases, they normally contain some unusual bases mostly formed by methylation of the usual bases, for example, methyl guanine and methylcytosine.

- Three structural loops are formed via hydrogen bonding.
- The 3′ end serves as the amino acid attachment site.
- The center loop encompasses the anticodon.

- The anticodon is a three-base nucleotide sequence that binds to the mRNA codon.
- This interaction between codon and anticodon specifies the next amino acid to be added during protein synthesis.

DNA REPLICATION

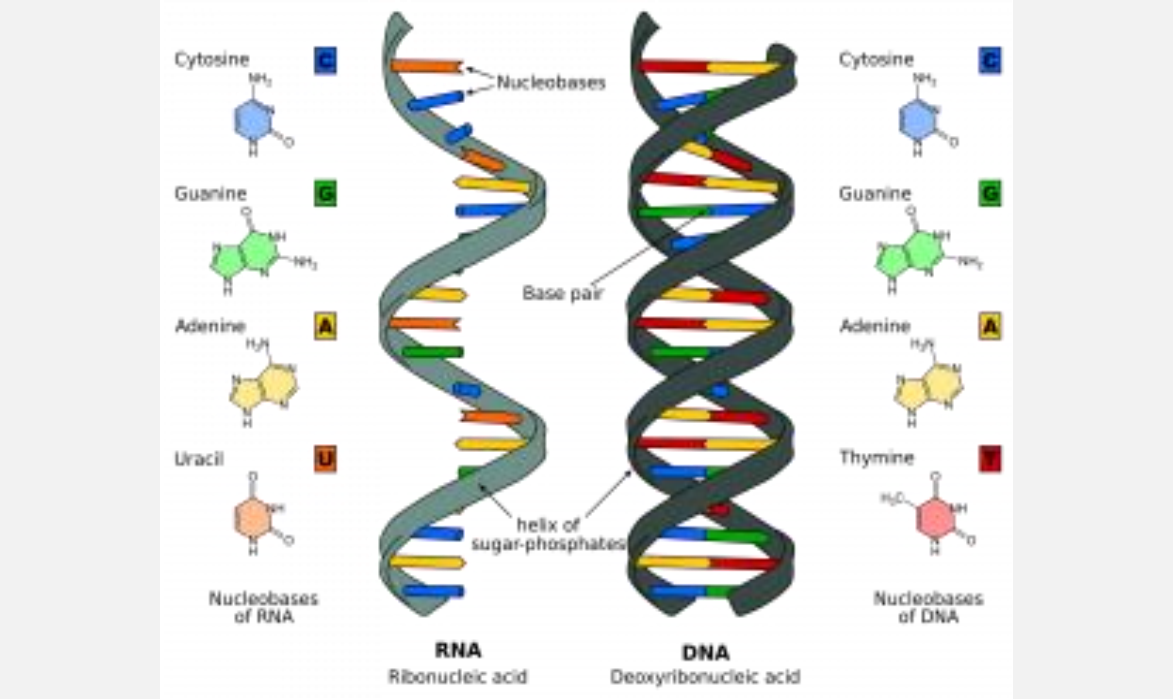
DNA replication, also known as **semi-conservative replication**, is the process by which DNA is essentially doubled. It is an important process that takes place within the dividing cell.

In this article, we shall look briefly at the **structure** of DNA, at the precise steps involved in **replicating** DNA (initiation, elongation and termination), and the **clinical consequences** that can occur when this goes wrong.

DNA is made up of millions of **nucleotides.** These are molecules composed of a deoxyribose sugar, with a phosphate and a base (or nucleobase) attached to it. These nucleotides are attached to each other in strands via phosphodiester bonds to form a 'sugar-phosphate backbone'. The bond formed is between the third carbon atom on the deoxyribose sugar of one nucleotide (henceforth known as the 3') and the fifth carbon atom of another sugar on the next nucleotide (known as the 5').

N.B: 3' is pronounced 'three prime' and 5' is pronounced 'five prime'.

There are two strands running in opposite or **antiparallel** directions to each other. These are attached to each other throughout the length of the strand through the bases on each nucleotide. There are 4 different bases associated with DNA; Cytosine, Guanine, Adenine, and Thymine. In normal DNA strands, Cytosine binds to Guanine, and Adenine binds to Thymine. The two strands together form a double helix.



Stages of DNA replication

DNA replication can be thought of in three stages; **Initiation, Elongation, Termination**

Initiation

DNA synthesis is initiated at particular points within the DNA strand known as '**origins**', which are specific coding regions.

These origins are targeted by initiator proteins, which go on to recruit more proteins that help aid the replication process, forming a replication complex around the DNA origin. There are multiple origin sites, and when replication of DNA begins, these sites are referred to as **replication forks**.

Within the replication complex is the enzyme **DNA Helicase**, which unwinds the double helix and exposes each of the two strands, so that they can be used as a template for replication.

It does this by hydrolysing the ATP used to form the bonds between the nucleobases, therefore breaking the bond holding the two strands together.

DNA Primase is another enzyme that is important in DNA replication. It synthesises a small **RNA primer**, which acts as a 'kick-starter' for **DNA Polymerase.** DNA

Polymerase is the enzyme that is ultimately responsible for the creation and expansion of the new strands of DNA.

Elongation

Once the DNA Polymerase has attached to the original, unzipped two strands of DNA (i.e. the **template** strands), it is able to start synthesising the new DNA to match the templates. It is essential to note that DNA polymerase is only able to extend the primer by adding free nucleotides to the **3' end.**

One of the templates is read in a 3' to 5' direction, which means that the new strand will be formed in a 5' to 3' direction. This newly formed strand is referred to as the **Leading Strand.**

Along this strand, DNA Primase only needs to synthesise an **RNA primer** once, at the beginning, to initiate DNA Polymerase. This is because DNA Polymerase is able to extend the new DNA strand by reading the template 3′ to 5′, synthesising in a 5′ to 3′ direction as noted above.

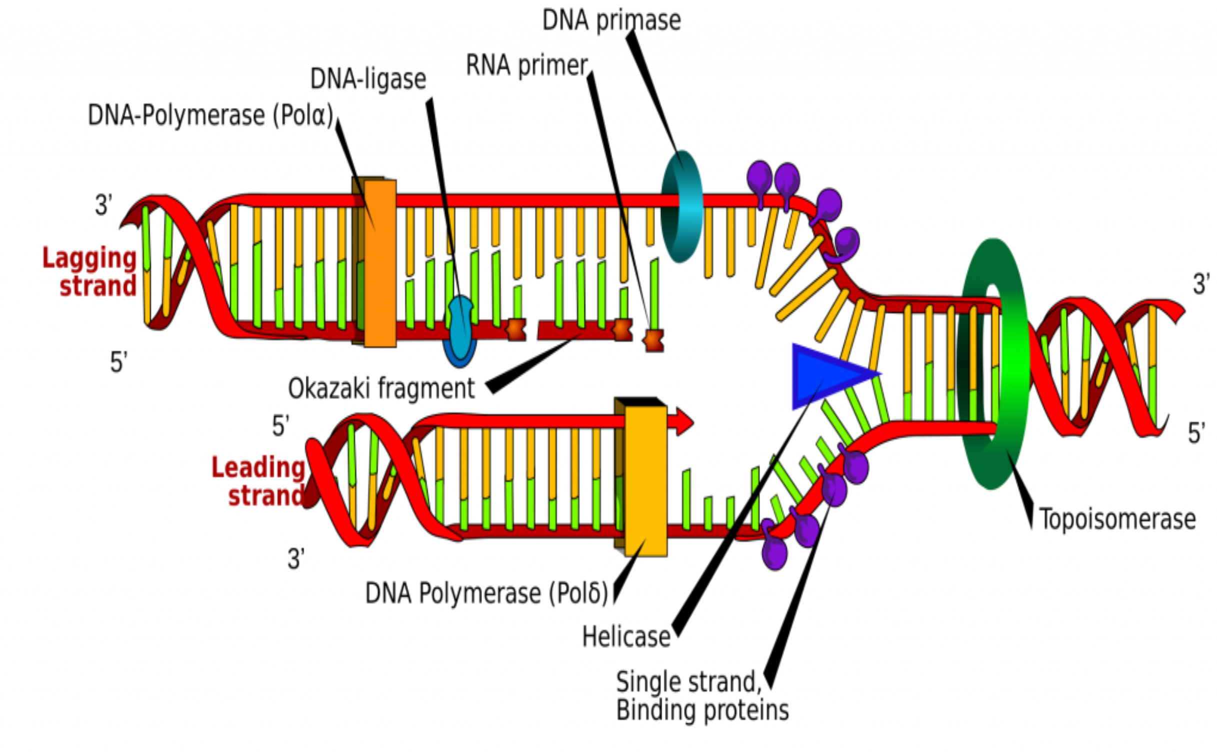
However, the other template strand (the **lagging strand**) is antiparallel, and is therefore read in a **5' to 3'** direction. Continuous DNA synthesis, as in the **leading strand**, would need to be in the 3′ to 5′ direction, which is impossible as we cannot add bases to the 5′ end. Instead, as the helix unwinds, RNA primers are added to the newly exposed bases on the **lagging strand** and DNA synthesis occurs **in fragments,** but still in the 5′ to 3′ direction as before. These fragments are known as **Okazaki fragments.**

Termination

The process of expanding the new DNA strands continues until there is either no more DNA template left to replicate (i.e. at the end of the chromosome), or two replication forks meet and subsequently **terminate.**

The meeting of two replication forks is not regulated and happens randomly along the course of the chromosome.

Once DNA synthesis has finished, it is important that the newly synthesised strands are bound and stabilized. With regards to the lagging strand, two enzymes are needed to achieve this; **RNAase H** removes the RNA primer that is at the beginning of each Okazaki fragment, and **DNA Ligase** joins fragments together to create one complete strand.



Diagrammatic representation of DNA replication

4) ①

டி ஆக்ஸிரைபோ நியூக்ளிக் அமிலம்
(Deoxyribonucleic acid)

டி.என்.ஏ வின் மூலக்கூறு அமைப்பு :
(Molecular structure of DNA)

வாட்சன் - கிரிக் இரட்டைச் சுருள் :

வாட்சன் மற்றும் கிரிக் என்பவர்கள் DNA யின் X கதிர் விளிம்பு விளைவு புகைப்படத்தை ஆராய்ந்து அதன் இரட்டைச் சுருள் முப்பரிமாண அமைப்பினை விளக்கினர்.

(i) ஒரு ஒழுங்கான திருகு சுருள் அமைப்பினைக் கொண்ட பாலி நியூக்ளியோடைடு சங்கிலியாகும்

(ii) திருகு சுருள், இரு பாலி நியூக்ளியோடைடு சங்கிலிகள் கொண்ட இரட்டைச் சுருள் அல்லது டியூப்ளக்ஸ் ஆக இருக்கிறது.

(iii) DNA திருகு சுருளின் விட்டம் 20A° அளவுடையதாக இருக்கிறது

(iv) திருகுச் சுருள் தன் நீளத்தில் ஒவ்வொரு 34°A நீள இடை வெளியிலும் ஒரு முழுதிருப்பம் அடைகின்றது. இதனால் இடை நியூக்ளியோடைட் இடைவெளி 3.4A° ஆக இருக்கின்றது.

(v) ஒவ்வொரு திருப்பத்திற்கும் இடையிலும் 10.4 நியூக்ளியோடைட் இணைகள் இருக்கின்றன.

வேதி அமைப்பு: ஒவ்வொரு நியூக்ளியோடைடும் ஒரு பாஸ்பேட் அமைப்பு (2) பென்டோஸ் சர்க்கரை, ஒரு அழல் நைட்ரஜன் பேஸ். DNA-யில் அடினைன் குவானைன், தைமின், சைட்டோசின் என்னும் நான்கு வகை பேஸ்கள் காணப்படுகிறது.

திருகு சுருள்கள் நிலையாக இருப்பதற்கு நைட்ரஜன் இணைப்புகள் பியூரின் பைரிமிடின் பேஸ்களுக்கிடையே காணப்படுகிறது. இரட்டைச் சுருள்களில் ஒரு சுருளின் பியூரைன் பேஸ் மற்றொரு சுருளின் பைரிமிடின் பேஸ் இணைக்கப் பட்டுள்ளது. எப்பொழுதும் தைமின் அடினைனோடும், சைட்டோசின் குவானைனோடு மட்டுமே இணையும் (சார்காஃப் விதி). எனவே DNA யில் நான்கு வகை நைட்ரஜன் பேஸ்கள் மட்டும் காணப்படுகிறது. இவை A-T, T-A, G-C, C-G இந்நான்கு வகைகளும், எவ்வரிசையிலும் எத்தனை முறையிலும் காணப்படலாம்.

2)

DNA மூலக்கூறு வடிவமைப்பின் வேறுபாடுகள் :

DNA மூலக்கூறுகள் A, B, C மற்றும் D ஆகிய நான்கு வடிவமைப்புகளில் (forms) காணப்படுகிறது.

A வடிவமைப்பு (A-DNA) – இது 3' உட்புறச் சுருக்கம் (3' endo puckering) கொண்டிருக்கிறது.

B வடிவமைப்பு (B-DNA) மற்றும் C வடிவமைப்புகள் (C DNA) 3' வெளிப்புற சுருக்கம் (3' exo puckering) கொண்டிருக்கிறது.

D வடிவமைப்பு (D-DNA) 2 - உட்புற சுருக்கம் (2 endo Puckering கொண்டிருக்கிறது.

B வடிவமைப்பு DNA (B DNA) வாட்சன் கிரிக் இரட்டைச் சுருள் DNA B வடிவமைப்பு எனப்படுகிறது. ஏறக்குறைய எல்லா உயிரினங்களின் செல்களிலும் B-DNA காணப்படுகிறது. B வடிவமைப்பு கொண்ட DNA சராசரியாக 10.4 நியூக்ளியோடைடு இடைவெளியில் முழு திருப்பம் அடைகின்றது. இதில் ஜோடி பேஸ் இணையின் சாய்வு (tilting) 6.3° ஆக இருக்கிறது. குறைந்த அளவு உப்புக்கள் கொண்ட நீர்மமான அடர்த்தி அதிகம் அற்ற நியூக்ளியோ பிளாசத்தில் DNA – B வடிவமைப்பில் இருக்கிறது.

A வடிவமைப்பு : சில மூலக்கூறு II நியூக்ளியோடைடுகள் இணைகள் இடைவெளியில் முழு திருப்பம் அடைகிறது. இது A-DNA எனப்படுகிறது. இதன் சாய்வு 20.2° ஆக இருக்கிறது.

C வடிவமைப்பு : நியூக்ளியோ பிளாசத்தில் உப்பு அடர்த்தி அதிகரிக்கும் பொழுதும். நீரின் அளவு குறையும் பொழுதும் B வடிவமைப்பு C வடிவமைப்பாக மாறுகிறது. C வடிவமைப்பில் முழு திருப்பம் 9.5 நியூக்ளியோடைட் இடைவெளியில் அமைந்திருக்கின்றது - சாய்வு 7.8° ஆக இருக்கிறது.

D வடிவமைப்பு: இவ்வடிவமைப்பில் திருகு சுருள் 8 நியூக்ளியோடைட் இடைவெளியில் திருப்பமடைகிறது, சாய்வு 16.7° ஆக இருக்கிறது.

3)

5

தற்பொழுது DNA திருகு சுருள் சில வலப்புறமாக திருகு அமையாமல் இடப்புறமாக திருகி அமைந்துள்ளது கண்டறியப்பட்டுள்ளது. இது Z DNA என்றும் இதன் வடிவமைப்பு Z வடிவமைப்பு என்றும் அழைக்கப்படுகிறது.

DNA இரட்டித்தல்
(DNA Replication)

DNAவை இரட்டிக்க அல்லது உருவாக்க DNAவே கட்டளையிடுகிறது. இது ஆட்டோகேட்டலிடிக் செயல் எனப்படும். DNA இரட்டித்தல் இ.கோலை பாக்டீரியாவில் தெளிவாக அறியப் பட்டுள்ளது.

(i) இரட்டித்தலை தூண்டிவிடும் குறிப்பிட்ட இடம் அறிந்துகொள்தல்: DNA இரட்டித்தல் ஒரு குறிப்பிட்ட இடத்தில் துவங்குகிறது. இது துவங்கி விடும் குறியிடம் எனப்படுகிறது.

(ii) DNA சுருள் பிரிக்கப்படல்: இரு DNA திருகு சுருள்களும் பிரிவதால் சுருள் பிணைந்திருந்த புரோட்டீன்கள் பிரிக்கப்படுகின்றன

(iii) RNA உருப்படி உருவாக்கம்: DNA இயக்கிவிட்ட RNA பாலிமரேஸ் செயல்களினால் உருப்படி இழைகளை உருவாக்குகின்றன. RNA உருப்படி இழைகள் DNA இழை மேல் அமைகிறது.

(iv) RNA உருப்படிகளில் RNA இழை உருவாதல்: புதிய DNA இழைகள் 3'–4' டெம்ப்ளேட் DNA இழையிலிருந்து RNA உருப்படியின் 3' முனையில் டி ஆக்ஸிரைபோஸ் நியூக்ளியோடைடுகள் சேர்க்கப்படுவதின் மூலம் உருவாகின்றன. DNA இழைகள் 1000 முதல் 2000 நியூக்ளியோடைட்கள் கொண்ட குறுகிய பகுதிகளாக உருவாக்கப்படுகின்றன. இக்குறுகிய பகுதிகள் ஒக்காசாகித் துண்டுகள் எனப்படுகிறது.

5. RNA உருப்படிகள் பிரிந்து அகற்றப்படுதல்: ஒக்கசாகித் துண்டின் ஒருபகுதி உருவானவுடன் RNA உருப்படிகளின் நியூக்ளியோடைட்கள் 5' முனையிலிருந்து RNA பாலிமரேஸ் I ன் 5' – 3' எக்ஸோ நியூக்ளியேஸ் நொதியின் செயலினால் ஒன்று ஒன்றாக நீக்கப்படுகிறது.

6 ஒக்கசாகித் துண்டுகளை இணைத்தல்: ஒக்கசாகித் துண்டுகளுக்கு இடையே உள்ள இடைவெளிகள், எக்ஸியமபடி ஆக்ஸிரிபோ நியூக்ளியோடைடுகளால் நீக்கப்படுகிறது. இச்செயலை DNA polymerase செய்து முடிக்கிறது. இதனால் அடுத்தடுத்த 5' மற்றும் 3' முனைகள் DNA லைகேஸ் நொதிகளால் இணைக்கப்படுகிறது

DNA உருவாக்கத்தில் ஈடுபட்டுள்ள நொதிகள்:-

DNA polymerase, பாலிநியூக்ளியோடைட் லைகேஸ்

DNA பாலிமரேஸ் → DNA பாலிமரேஸ் I, II மற்றும் III.

ரைபோஸ் நியூக்ளிக் அமிலம்
(RNA)

அநேக புரோகேரியோட்டிக் மற்றும் யூகேரியோட்டிக் செல்களில் DNA தவிர ரைபோஸ் நியூக்ளிக் அமிலம் (RNA) என்னும் முக்கிய உட்கரு அமிலமும் இருக்கின்றன. சில வைரஸ்களில் RNA மட்டுமே காணப்படுகிறது. இந்த RNA மூலக்கூறு மரபுப் பண்புகளை தலைமுறைகளுக்கு எடுத்துச் செல்லும் பணியைச் செய்கிறது.

RNA மூலக்கூறு நான்கு ரைபோநியூக்ளியோடைட்கள் கொண்ட பாலிமரிக் உட்கரு அமிலம் ஆகும். ஒவ்வொரு ரைபோநியூக்ளியோடைடும் ஒரு பென்டோஸ் சர்க்கரை, ஒரு பாஸ்பாரிக் அமிலம் மற்றும் ஒரு நைட்ரஜன் பேஸ் ஆகிய மூன்றை கொண்டுள்ளது. RNA நைட்ரஜன் பேஸ்கள் அடினைன் குவானைன் ஆகிய இரு ப்யூரின்களையும், சைட்டோசைன் யுராசில் ஆகிய இரு பைரிமிடின்களை கொண்டுள்ளன.

மரபுப் பண்புகளை தலைமுறைகளுக்கு கடத்தும் RNA மரபு RNA என்றும் மரபுச் செய்திகளை DNA மூலக்கூறுகளில் கொண்டுள்ள உயிரினங்களில் இருக்கின்ற RNA க்கள் மரபு சாரா RNA க்கள் எனப்படுகிறது. மரபு சாரா RNA புரோட்டீன் உருவாக்கச் செயல்களின் அடிப்படையில் மூன்று வகைகளாக பிரிக்கப்பட்டுள்ளன.

1. ரைபோசோமல் RNA (Ribosomal RNA)
2. தூதுவர் RNA (messenger RNA)
3. மாற்றும் RNA (Transfer RNA).

ரைபோசோமல் RNA

ரைபோசோம்களில் காணப்படுகிறது. செல்லின் மொத்த RNA வில் 80% ஆக இருக்கிறது. யூகேரியோட்டுக் செல்களில் உட்கருமணியில் உருவாகிறது. ஞெக் கூறு எடையின் அடிப்படையில் rRNA மூன்று வகைகளாக பிரிக்கப்பட்டுள்ளன.

(i) ஞெக் கூறு எடை ஒரு மில்லியன் டால்டனுக்கு மேலாக உள்ள rRNAக்கள் எ.கா: 21S மற்றும் 29S rRNA

(ii) ஞெக் கூறு எடை ஒரு மில்லியன் டால்டனுக்கு சற்றுக் குறைவாக உள்ள rRNA எ.கா 12S மற்றும் 18S

(iii) மிகக் குறைந்த ஞெக் கூறு எடை: 12S, 18 rRNA.

யூகேரியோட்டுக் செல்களில் 28S, 18S, 5.8S மற்றும் 5S rRNA

புரோகேரியோட்டுக் செல்களில் 23S, 18S, மற்றும் 5S rRNA காணப்படுகிறது.

தூதுவர் RNA (mRNA)

அமைப்பு: எப்பொழுதும் ஒற்றை முறுக்கிழைக் கொண்டதாக அம் இயல்பான பேஸ்களை பெற்றுள்ளன. அவைகள் குல்லாய், மீத்தைலேசன், குறியீட்டு சொற்கோவை அற்ற பகுதி, துவக்கக் கோடான், குறியீட்டு சொற்கோவை பகுதி, முடிக்கும் கோடான், பாலி அடினிலேட் ஆகியன காணப்படுகிறது.

மாற்றும் RNA, சிறிய 50 அலகுடைய RNA அமிலங்கள் கொண்ட ஒரு இடம்பு இவை அமினோஅசைல் சிந்தட்டேஸ் என்னும் நொதியின் உதவியால் பல அமினோ அமிலங்கள் இருக்கும் தொகுப்பிலிருந்து குறிப்பிட்ட ஒரேயொரு அமினோ அமிலத்தை இணைக்கும் திறன் பெற்றவை.

6)

Transcription
படியெடுத்தல்

DNA சார்ந்த RNA பாலிமரேஸ் நொதியின் முன்னிலையில் DNA-வில் உள்ள புரோட்டீன் உருவாக்கத்திற்கு உரியதான மரபு குறியீட்டுச் செய்திகள் நகல் எடுக்கப்படும் செயல் படியெடுத்தல் எனப்படுகிறது.

1. வார்ப்பு அல்லது அச்சு (Template) DNA-வின் இரட்டைத்தொடரில் அதன் முறுக்கிழைகளில் ஒரு முறுக்கிழை வார்ப்பாக செயல்படுகிறது.

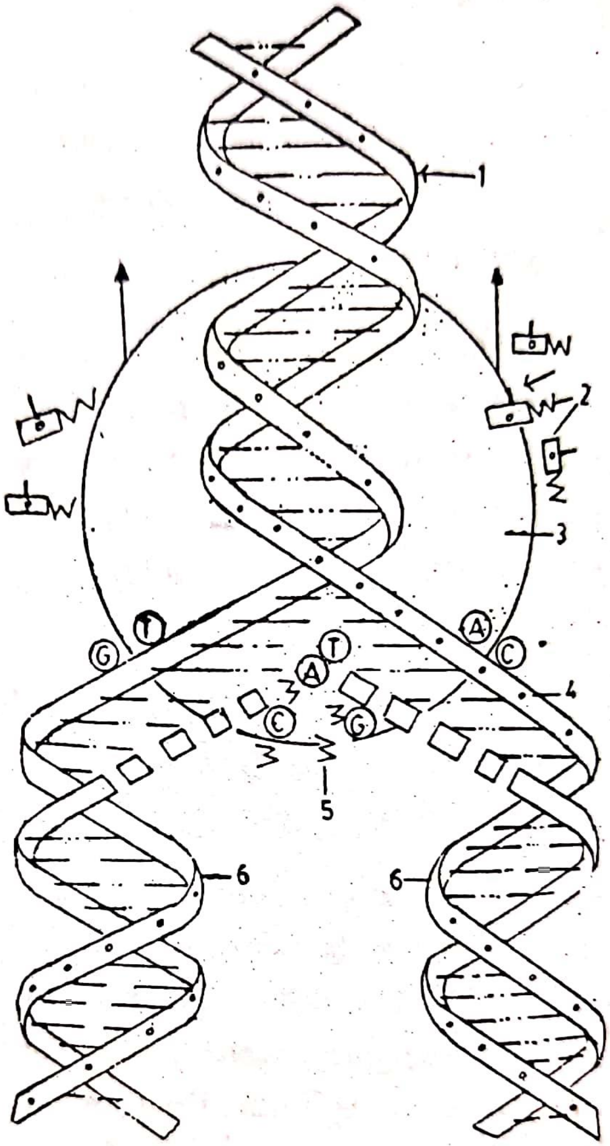
2) செயல் தூண்டப்பட்ட முன்னோடிகள்: mRNA உருவாக்கத்திற்கு ATP, CTP, GTP and UTP தேவைப்படுகிறது.

3) இணை உலோக அயனங்கள்: Mg^{++} அல்லது Mn^{++}

4. RNA பாலிமரேஸ்: ரைபோநியூக்ளியோடைட் ட்ரைபாஸ்பேட்கள் ஒன்றுடன் ஒன்று இணைப்பதில் பங்கேற்கிறது.

படியெடுத்தல் செயல் துவங்கும் விதம்:

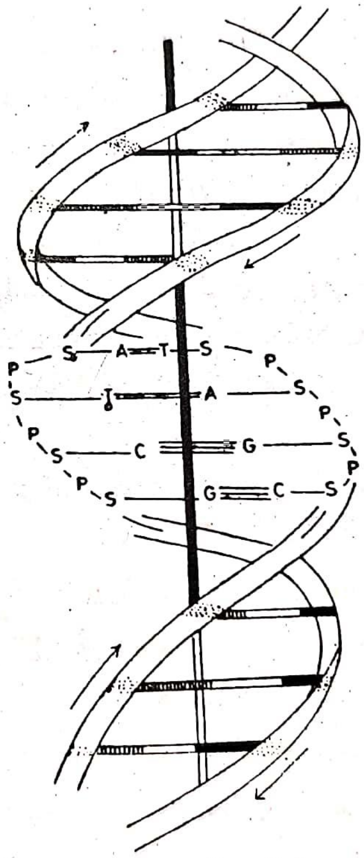
(i) RNA பாலிமரேஸ் பணி: RNA பாலிமரேஸின் கோர் என்சைமும் σ காரணியும் இணைந்து முழு நொதியாக அல்லது ஹோலோ என்சைமாக மாறுகிறது. படியெடுக்கும் வார்ப்பாக செயல்படும் DNA முறுக்கிழையில் நீள்வரும் முக்கிய இடங்கள் தெளிவாகத் தெரிகின்றன.
அடையாளம் கண்டு கொள்ளும் இடம், பிணைக்கும் இடம், படியெடுத்தலின் துவக்கம் நிகழும் இடம், முறுக்கிழை அவிழ் பிரிதல் RNA சங்கிலி உருவாக்கம் சங்கிலி முற்றுப் பெறுதல்



படம் 75 – DNA இரட்டித்தல்

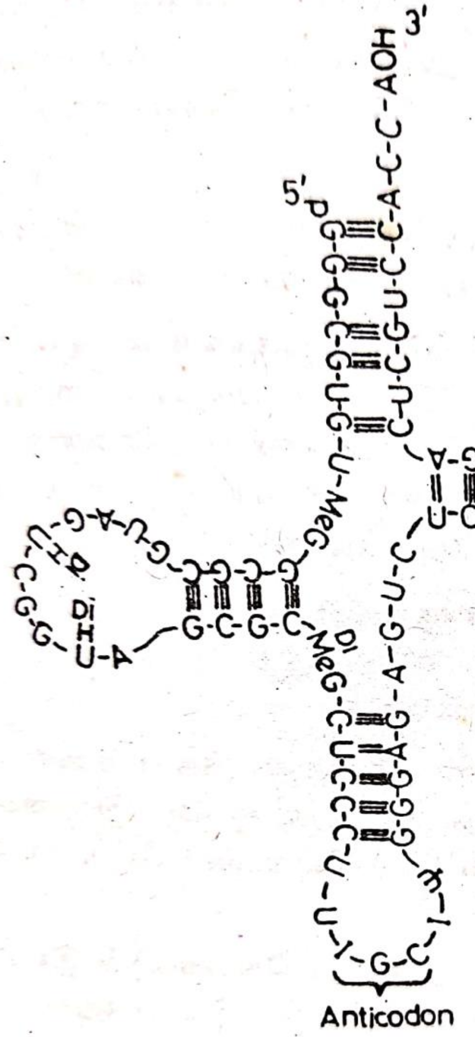
1. DNA மூலக்கூறு 2. நியூக்ளியோடைட் டிரை பாஸ்பேட்
3. DNA பாலிமரேஸ் 4. டெம்ப்ளேட் அல்லது வார்ப்பு முறுக்கிழை
5. பாஸ்பேட் 6. புதிய DNA முறுக்கிழை

கள் சரி சமமான



படம் 71 – DNA மூலக்கூறின் உருப்படிவம்

2. அடினைனின் அளவு (A) தைமினின் (T) அளவிற்குச் சரி யாக



படம் 86 – ஈஸ்ட் அலனைன் t RNAயின் கிளாவர் இலையமைப்பு Anticodon – ஆன்டிகோடன். (Gardner, 1984)

Unit 4

வினாக்கள்

1. டிஎன்ஏ வரையறு
2. ஆர் என்ஏ வரையறு
3. சார்காஃப் விதி
4. Z டிஎன்ஏ
5. டிஎன்ஏ இரட்டித்தல்
6. தூதுவர் ஆர்என்ஏ விவரி
7. மாற்றும் ஆர்என்ஏ விவரி
8. ரைபோசோமல் ஆர்என்ஏ விவரி
9. படியெடுத்தல் விவரி
10. வாட்சன் மற்றும் கிரிக் மாதிரி டிஎன்ஏ விளக்குக
11. டிஎன்ஏ இரட்டிப்பில் விளக்கு
12. ஆர் என் ஏ வின் அமைப்பு கிளாவர் இலை மாதிரி.

UNIT: V

PROTEIN SYNTHESIS

Objectives

- Explain how the genetic code stored within DNA determines the protein that will form
- Describe the process of transcription
- Describe the process of translation

Most structural components of the cell are made up, at least in part, by proteins and virtually all the functions that a cell carries out are completed with the help of proteins. One of the most important classes of proteins is enzymes, which help speed up necessary biochemical reactions that take place inside the cell. Some of these critical biochemical reactions include building larger molecules from smaller components (such as occurs during DNA replication or synthesis of microtubules) and breaking down larger molecules into smaller components (such as when harvesting chemical energy from nutrient molecules). Whatever the cellular process may be, it is almost sure to involve proteins. Just as the cell's genome describes its full complement of DNA, a cell's **proteome** is its full complement of proteins.

Protein synthesis begins with genes. A **gene** is a functional segment of DNA that provides the genetic information necessary to build a protein. Each particular gene provides the code necessary to construct a particular protein. **Gene expression**, which transforms the information coded in a gene to a final gene product, ultimately dictates the structure and function of a cell by determining which proteins are made.

The interpretation of genes works in the following way. Recall that proteins are polymers, or chains, of many amino acid building blocks. The sequence of bases in a gene (that is, its sequence of A, T, C, G nucleotides) translates to an amino acid sequence. A **triplet** is a section of three DNA bases in a row that codes for a specific amino acid. Similar to the way in which the three-letter code *d-o-g* signals the image of a dog, the three-letter DNA base code signals the use of a particular amino acid. For example, the DNA triplet CAC (cytosine, adenine, and cytosine) specifies the amino acid valine. Therefore, a gene, which is composed of multiple triplets in a unique sequence, provides the code to build an entire protein, with multiple amino acids in the proper sequence. The mechanism by which cells turn the DNA code into a protein product is a two-step process, with an RNA molecule as the intermediate.

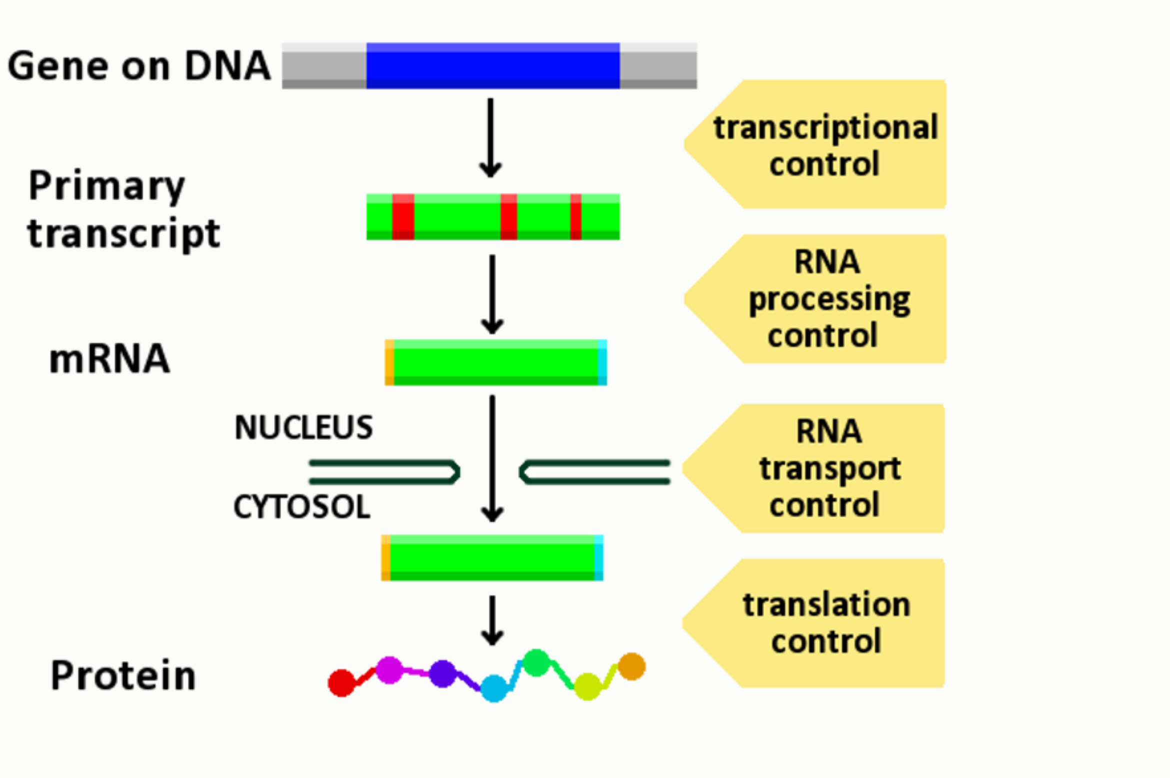
REGULATION OF GENE EXPRESSION

Gene expression is the process by which the instructions in our DNA are converted into a functional product, such as a protein.

- When the information stored in our DNA$^{?}$ is converted into instructions for making proteins$^{?}$ or other molecules, it is called gene expression$^{?}$.
- Gene expression is a tightly regulated process that allows a cell to respond to its changing environment.
- It acts as both an on/off switch to control when proteins are made and also a volume control that increases or decreases the amount of proteins made.
- There are two key steps involved in making a protein, transcription and translation.

Steps I

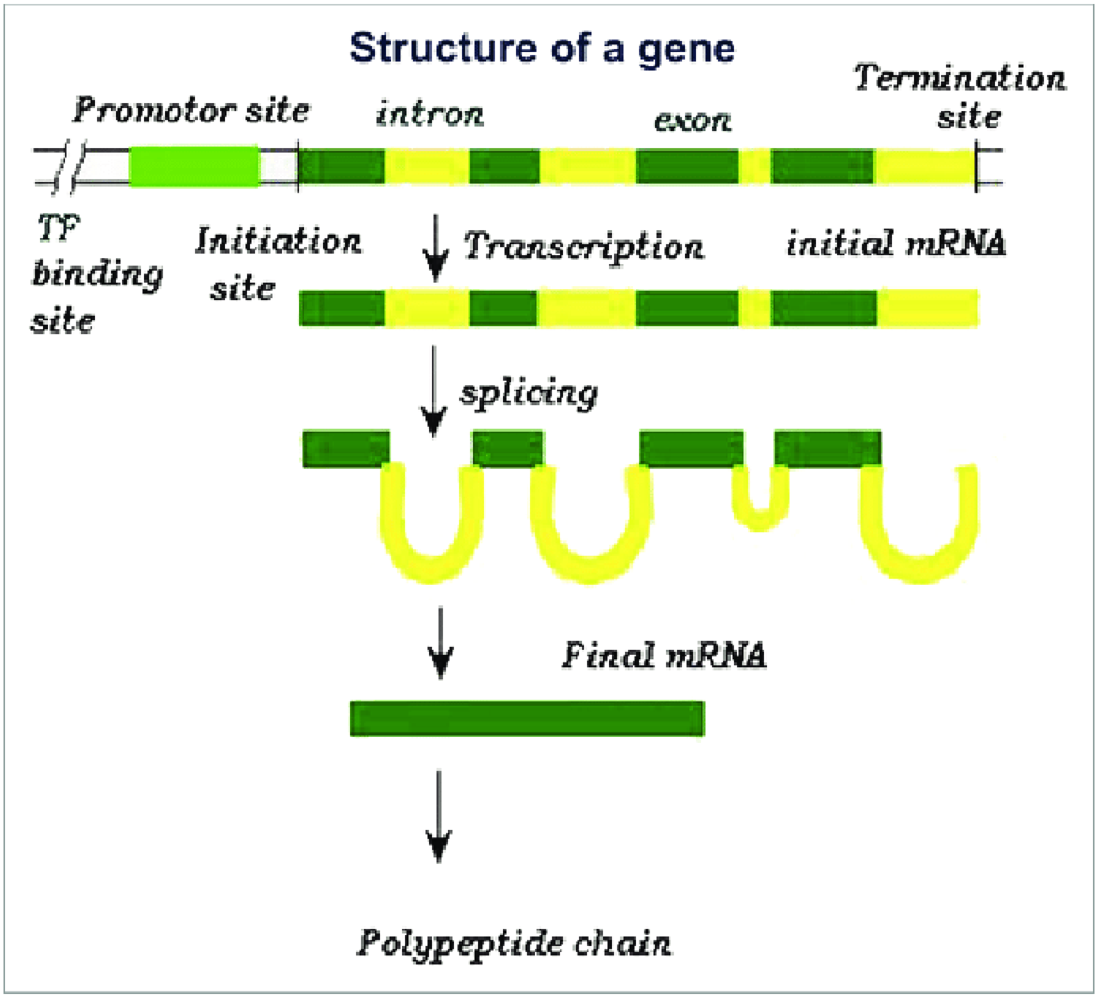
- Transcription is when the DNA in a gene$^{?}$ is copied to produce an RNA$^{?}$ transcript called messenger RNA$^{?}$ (mRNA).
- This is carried out by an enzyme$^{?}$ called RNA polymerase which uses available bases from the nucleus$^{?}$ of the cell to form the mRNA.
- RNA is a chemical similar in structure and properties to DNA, but it only has a single strand of bases$^{?}$ and instead of the base thymine $^{?}$(T), RNA has a base called uracil$^{?}$ (U).



Steps II

- Translation occurs after the messenger RNA (mRNA) has carried the transcribed 'message' from the DNA to protein-making factories in the cell, called ribosomes?.
- The message carried by the mRNA is read by a carrier molecule called transfer RNA ?(tRNA).
- The mRNA is read three letters (a codon) at a time.
- Each codon specifies a particular amino acid?. For example, the three bases 'GGU' code for an amino acid called glycine.
- As there are only 20 amino acids but 64 potential combinations of codon, more than one codon can code for the same amino acid. For example, the codons 'GGU' and 'GGC' both code for glycine.
- Each amino acid is attached specifically to its own tRNA molecule.
- When the mRNA sequence is read, each tRNA molecule delivers its amino acid to the ribosome and binds temporarily to the corresponding codon on the mRNA molecule.

- Once the tRNA is bound, it releases its amino acid and the adjacent amino acids all join together into a long chain called a polypeptide.
- This process continues until a protein is formed.
- Proteins carry out most of the active functions of a cell.



TRANSCRIPTION

DNA is housed within the nucleus, and protein synthesis takes place in the cytoplasm, thus there must be some sort of intermediate messenger that leaves the nucleus and manages protein synthesis. This intermediate messenger is **messenger RNA (mRNA)**, a single-stranded nucleic acid that carries a copy of the genetic code for a single gene out of the nucleus and into the cytoplasm where it is used to produce proteins.

There are several different types of RNA, each having different functions in the cell. The structure of RNA is similar to DNA with a few small exceptions. For one thing, unlike DNA, most types of RNA, including mRNA, are single-stranded and contain no complementary strand. Second, the ribose sugar in RNA contains an additional oxygen atom compared with DNA. Finally, instead of the base thymine, RNA contains the base uracil. This means that adenine will always pair up with uracil during the protein synthesis process.

Gene expression begins with the process called **transcription**, which is the synthesis of a strand of mRNA that is complementary to the gene of interest. This process is called transcription because the mRNA is like a transcript, or copy, of the gene's DNA code. Transcription begins in a fashion somewhat like DNA replication, in that a region of DNA unwinds and the two strands separate, however, only that small portion of the DNA will be split apart. The triplets within the gene on this section of the DNA molecule are used as the template to transcribe the complementary strand of RNA (Figure 2). A **codon** is a three-base sequence of mRNA, so-called because they directly encode amino acids. Like DNA replication, there are three stages to transcription: initiation, elongation, and termination.

Stage 1: Initiation. A region at the beginning of the gene called a **promoter**—a particular sequence of nucleotides—triggers the start of transcription.

Stage 2: Elongation. Transcription starts when RNA polymerase unwinds the DNA segment. One strand, referred to as the coding strand, becomes the template with the genes to be coded. The polymerase then aligns the correct nucleic acid (A, C, G, or U) with its complementary base on the coding strand of DNA. **RNA polymerase** is an enzyme that adds new nucleotides to a growing strand of RNA. This process builds a strand of mRNA.

Stage 3: Termination. When the polymerase has reached the end of the gene, one of three specific triplets (UAA, UAG, or UGA) codes a "stop" signal, which triggers the enzymes to terminate transcription and release the mRNA transcript.

Before the mRNA molecule leaves the nucleus and proceeds to protein synthesis, it is modified in a number of ways. For this reason, it is often called a pre-mRNA at this stage. For example, your DNA, and thus complementary mRNA, contains long regions called non-coding regions that do not code for amino acids. Their function is still a mystery, but the process called **splicing** removes these non-coding regions from the pre-mRNA transcript (Figure 3). A **spliceosome**—a structure composed of various proteins and other molecules—attaches to the mRNA and "splices" or cuts out the non-coding regions. The removed segment of the transcript is called an **intron**. The remaining exons are pasted together. An **exon** is a segment of RNA that remains after splicing. Interestingly, some introns that are removed from mRNA are not always non-coding. When different coding regions of mRNA are spliced out, different variations of the protein will eventually result, with differences in structure and function. This process results in a much larger variety of possible proteins and protein functions. When the mRNA transcript is ready, it travels out of the nucleus and into the cytoplasm.

TRANSLATION

Like translating a book from one language into another, the codons on a strand of mRNA must be translated into the amino acid alphabet of proteins. **Translation** is the process of synthesizing a chain of amino acids called a **polypeptide**. Translation requires two major aids: first, a "translator," the molecule that will conduct the translation, and second, a substrate on which the mRNA strand is translated into a new protein, like the translator's "desk." Both of these requirements are fulfilled by other types of RNA. The substrate on which translation takes place is the ribosome.

Remember that many of a cell's ribosomes are found associated with the rough ER, and carry out the synthesis of proteins destined for the Golgi apparatus. **Ribosomal RNA (rRNA)** is a type of RNA that, together with proteins, composes the structure of the ribosome. Ribosomes exist in the cytoplasm as two distinct components, a small and a large subunit. When an mRNA molecule is ready to be translated, the two subunits come together and attach to the mRNA. The ribosome provides a substrate for translation, bringing together and aligning the mRNA molecule with the molecular "translators" that must decipher its code.

The other major requirement for protein synthesis is the translator molecules that physically "read" the mRNA codons. **Transfer RNA (tRNA)** is a type of RNA that ferries the appropriate corresponding amino acids to the ribosome, and attaches each new amino acid to the last, building the polypeptide chain one-by-one. Thus tRNA transfers specific amino acids from the cytoplasm to a growing polypeptide.

The tRNA molecules must be able to recognize the codons on mRNA and match them with the correct amino acid. The tRNA is modified for this function. On one end of its structure is a binding site for a specific amino acid. On the other end is a base sequence that matches the codon specifying its particular amino acid. This sequence of three bases on the tRNA molecule is called an **anticodon**. For example, a tRNA responsible for shuttling the amino acid glycine contains a binding site for glycine on one end. On the other end it contains an anticodon that complements the glycine codon (GGA is a codon for glycine, and so the tRNAs anticodon would read CCU). Equipped with its particular cargo and matching anticodon, a tRNA molecule can read its recognized mRNA codon and bring the corresponding amino acid to the growing chain.

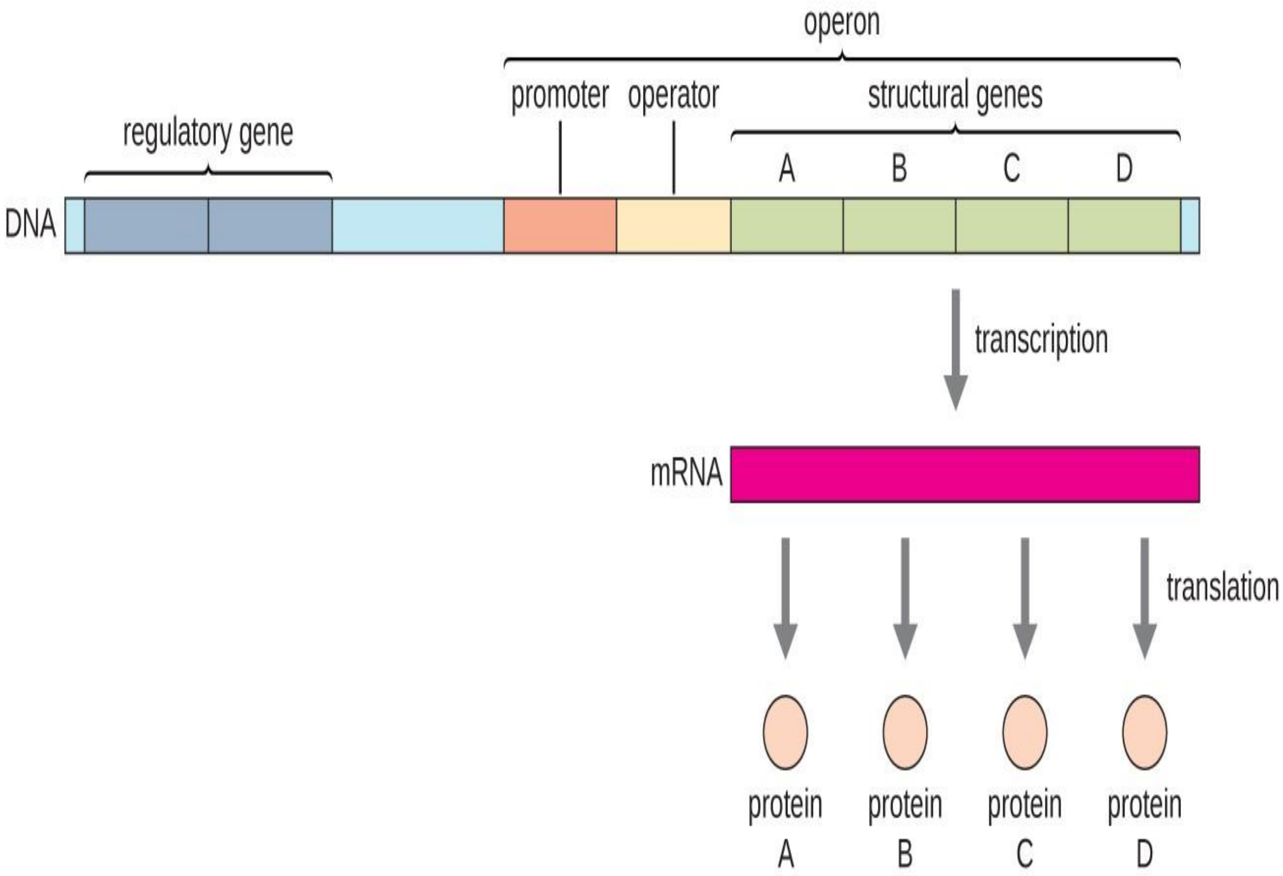
OPERON MODEL IN PROKARYOTES

Each nucleated cell in a multicellular organism contains copies of the same DNA. Similarly, all cells in two pure bacterial cultures inoculated from the same starting colony contain the same DNA, with the exception of changes that arise from spontaneous mutations. If each cell in a multicellular organism has the same DNA, then how is it that cells in different parts of the organism’s body exhibit different characteristics? Similarly, how is it that the same bacterial cells within two pure cultures exposed to different environmental conditions can exhibit different phenotypes? In both cases, each genetically identical cell does not turn on, or express, the same set of genes. Only a subset of proteins in a cell at a given time is expressed.

Genomic DNA contains both **structural genes**, which encode products that serve as cellular structures or enzymes, and **regulatory genes**, which encode products that regulate gene expression. The expression of a gene is a highly regulated process. Whereas regulating gene expression in multicellular organisms allows for cellular differentiation, in single-celled organisms like prokaryotes, it primarily ensures that a cell’s resources are not wasted making proteins that the cell does not need at that time.

Elucidating the mechanisms controlling **gene expression** is important to the understanding of human health. Malfunctions in this process in humans lead to the development of cancer and other diseases. Understanding the interaction between the gene expression of a pathogen and that of its human host is important for the understanding of a particular infectious disease. Gene regulation involves a complex web of interactions within a given cell among signals from the cell's environment, signaling molecules within the cell, and the cell's DNA. These interactions lead to the expression of some genes and the suppression of others, depending on circumstances.

Prokaryotes and eukaryotes share some similarities in their mechanisms to regulate gene expression; however, gene expression in eukaryotes is more complicated because of the temporal and spatial separation between the processes of transcription and translation. Thus, although most regulation of gene expression occurs through transcriptional control in prokaryotes, regulation of gene expression in eukaryotes occurs at the transcriptional level and post-transcriptionally (after the primary transcript has been made).



In prokaryotes, structural genes of related function are often organized together on the genome and transcribed together under the control of a single promoter. The operon's regulatory region includes both the promoter and the operator. If a repressor binds to the operator, then the structural genes will not be transcribed. Alternatively, activators may bind to the regulatory region, enhancing transcription.

Prokaryotic Gene Regulation

In bacteria and **archaea**, structural proteins with related functions are usually encoded together within the genome in a block called an **operon** and are transcribed together under the control of a single **promoter**, resulting in the formation of a polycistronic transcript (Figure 1).

In this way, regulation of the transcription of all of the structural genes encoding the enzymes that catalyze the many steps in a single biochemical pathway can be controlled simultaneously, because they will either all be needed at the same time, or none will be needed.

For example, in ***E. coli***, all of the structural genes that encode enzymes needed to use lactose as an energy source lie next to each other in the lactose (or *lac*) operon under the control of a single promoter, the *lac* promoter. French scientists François **Jacob** (1920–2013) and Jacques **Monod** at the Pasteur Institute were the first to show the organization of bacterial genes into operons, through their studies on the ***lac*** **operon** of *E. coli*.

For this work, they won the Nobel Prize in Physiology or Medicine in 1965. Although eukaryotic genes are not organized into operons, prokaryotic operons are excellent models for learning about gene regulationgenerally.

There are some gene clusters in eukaryotes that function similar to operons. Many of the principles can be applied to eukaryotic systems and contribute to our understanding of changes in gene expression in eukaryotes that can result pathological changes such as cancer.

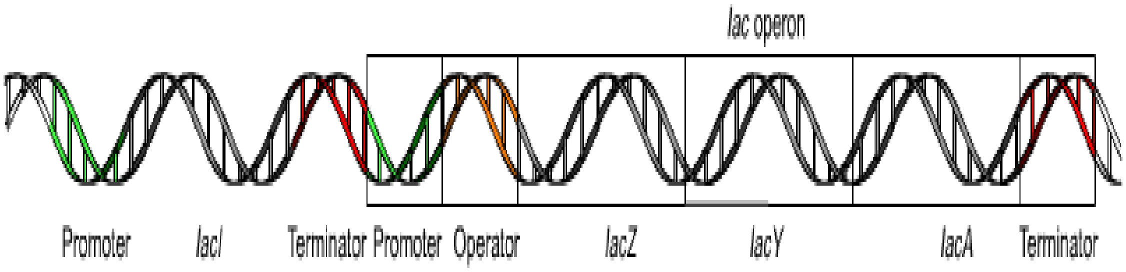
Each operon includes DNA sequences that influence its own transcription; these are located in a region called the regulatory region. The regulatory region includes the promoter and the region surrounding the promoter, to which **transcription factors**, proteins encoded by regulatory genes, can bind. Transcription factors influence the binding of **RNA polymerase** to the promoter and allow its progression to transcribe structural genes. A **repressor** is a transcription factor that suppresses transcription of a gene in response to an external stimulus by binding to a DNA sequence within the regulatory region called the **operator**, which is located between the RNA polymerase binding site of the promoter and the transcriptional start site of the first structural gene. Repressor binding physically blocks RNA polymerase from transcribing structural genes.

Conversely, an **activator** is a transcription factor that increases the transcription of a gene in response to an external stimulus by facilitating RNA polymerase binding to the promoter. An **inducer**, a third type of regulatory molecule, is a small molecule that either activates or represses transcription by interacting with a repressor or an activator.

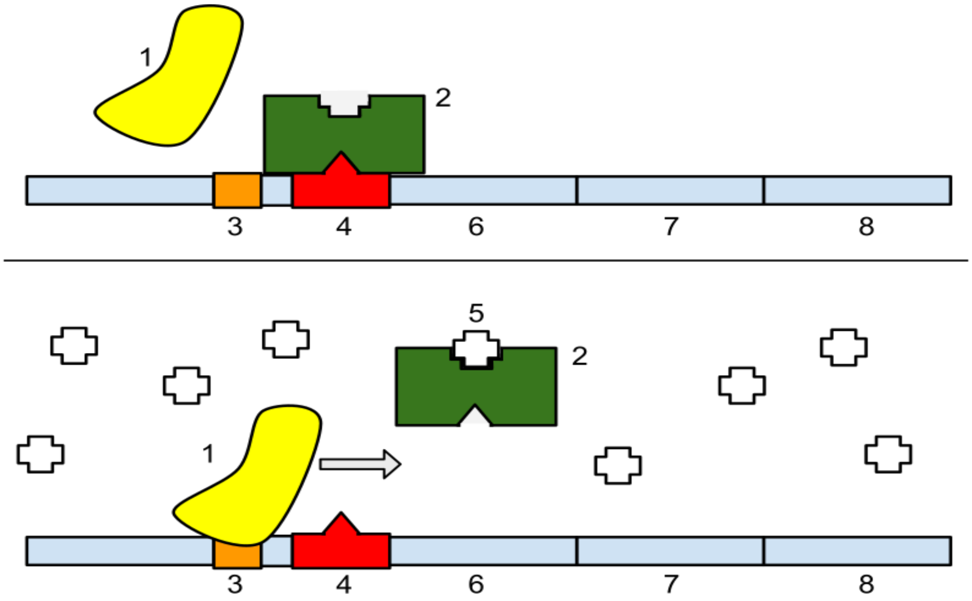
In prokaryotes, there are examples of operons whose gene products are required rather consistently and whose expression, therefore, is unregulated. Such operons are **constitutively expressed**, meaning they are transcribed and translated continuously to provide the cell with constant intermediate levels of the protein products. Such genes encode enzymes involved in housekeeping functions required for cellular maintenance, including DNA replication, repair, and expression, as well as enzymes involved in core metabolism. In contrast, there are other prokaryotic operons that are expressed only when needed and are regulated by repressors, activators, and inducers.

LAC OPERON MODEL

The ***lactose* operon** (lac operon) is an operon required for the transport and metabolism of lactose in *E.coli* and many other enteric bacteria. Although glucose is the preferred carbon source for most bacteria, the *lac* operon allows for the effective digestion of lactose when glucose is not available through the activity of beta-galactosidase.[1] Gene regulation of the *lac* operon was the first genetic regulatory mechanism to be understood clearly, so it has become a foremost example of prokaryotic gene regulation. It is often discussed in introductory molecular and cellular biology classes for this reason. This lactose metabolism system was used by François Jacob and Jacques Monod to determine how a biological cell knows which enzyme to synthesize. Their work on the lac operon won them the Nobel Prize in Physiology in 1965.



Bacterial operons are polycistronic transcripts that are able to produce multiple proteins from one mRNA transcript. In this case, when lactose is required as a sugar source for the bacterium, the three genes of the lac operon can be expressed and their subsequent proteins translated: *lacZ*, *lacY*, and *lacA*. The gene product of *lacZ* is β-galactosidase which cleaves lactose, a disaccharide, into glucose and galactose. *lacY* encodes Beta-galactoside permease, a membrane protein which becomes embedded in the cytoplasmic membrane to enable the cellular transport of lactose into the cell. Finally, *lacA* encodes Galactoside acetyltransferase.



The *lac* operon. Top: Repressed, Bottom: Active. ***1*: RNA polymerase, *2*: Repressor, *3*: Promoter, *4*: Operator, *5*: Lactose, *6*: *lacZ*, *7*: *lacY*, *8*: *lacA*.**

It would be wasteful to produce enzymes when no lactose is available or if a preferable energy source such as glucose were available. The *lac* operon uses a two-part control mechanism to ensure that the cell expends energy producing the enzymes encoded by the *lac* operon only when necessary.[2] In the absence of lactose, the *lac* repressor, *lacI*, halts production of the enzymes encoded by the *lac* operon.[3] The lac repressor is always expressed, unless a co-inducer binds to it. In other words, it is transcribed only in the presence of small molecule co-inducer. In the presence of glucose, the catabolite activator protein (CAP), required for production of the enzymes, remains inactive, and EIIA shuts down lactose permease to prevent transport of lactose into the cell.

ஜீன் வழி குறியீட்டுச் செய்திமுறை
(Genetic code)

மார்ஷல் நிரன் பெர்க் (1961) என்பவர் முதன் முதலில் ஜீன் வழி குறியீட்டுச் செய்தியை தன் ஆராய்ச்சிகளின் மூலம் விளக்கினார்.

புரோட்டீன்கள் சைட்டோபிளாசத்தில் உள்ள பலவித அமினோ அமிலங்களிலிருந்து உருவாக்கப்படுகிறது. ஒரு குறிப்பிட்ட புரோட்டீன் மூலக்கூறு உருவாவதற்கு குறிப்பிட்ட அமினோ அமிலங்கள் குறிப்பிட்ட வரிசையில் அமைக்கப்பட்டிருக்க வேண்டும். சரியான வரிசையில் அமைக்க மூன்று வகை RNAக்களும் உதவுகின்றன.

குறிப்பிட்ட அமினோ அமிலங்களை பொறுக்கி எடுப்பதற்கு, வரிசைப்படுத்துவதற்கும் தேவையான செய்தி DNA உருவாக்கி அனுப்பும் mRNA வில் பதிக்கப்பட்டுள்ளது.

ஜீன் வழிகுறியீட்டு செய்தியின் பண்புகள்:

1. இது முக்குறியீட்டு சொற்கோவை மூன்று அடுத்தடுத்த பேஸ்கள் ஒரு அமினோ அமிலத்திற்கான குறியீட்டு செய்தியை கொண்டுள்ளன.
2. குறியீட்டு செய்திகள் ஒன்றின் மேல் ஒன்று அமைவதில்லை ஒரே செய்தி பல அமினோ அமிலங்களை குறியீட்டுக் காட்டுவதில்லை.
3) ஒரே அமினோ அமிலத்திற்கு பல குறியீட்டுச் செய்திகள் காணப்படுகிறது.
4) குறியீட்டுச் செய்தி உலகப் பொதுவானது.
5) குறியீட்டுச் செய்திகளுக்கிடையே கமா, போன்ற நிறுத்தற் குறிகள் கிடையாது.
6) AUG குறியீட்டு செய்தியானது துவக்க செய்தி
7) UAA, UGA / UGA ஆகியவை முற்றுச் சொற்கோவைகள் முடிக்கும் அட்டக் குறி கோடான்கள்.

புரத உருவாக்கம் (Protein Synthesis)

புரோட்டீன்கள் (புரதம்) செல் கட்டமைப்பிலும் எல்லாச் செயல்களிலும் முக்கியப் பங்காற்றுகின்றன. இவை அமினோ அமில மூலக்கூறுகள் ஒன்றோடொன்று நீள்வசமாக இணைந்து தோன்றும் நீண்ட பாலிபெப்டைட் சங்கிலியாக இருக்கின்றன. 23 அமினோ அமிலங்கள் புரத உருவாக்கத்தின் சங்கிலி உருவாக்கத்தில் பங்கேற்கின்றன. இந்த 23 அமினோ அமிலங்களும் பல்வேறுபட்ட வரிசையில் அமைக்கப் படுவதன் மூலம் பல ஆயிரக்கணக்கான வகை புரோட்டீன்கள் உருவாக்கப்படுகிறது.

புரோட்டீன் உருவாக்கம் பற்றிய கோட்பாடு:

(i) மைய உறுதிக் கோட்பாடு (central dogma of protein)

இக் கருத்தினை கிரிக் (1958) தெரிவித்துள்ளார். இதன் படி DNA RNAக்களை உருவாக்கிகிறது.

$$DNA \xrightarrow{\text{இரட்டித்தல்}} DNA \xrightarrow[\text{Transcription}]{\text{படியெடுத்தல்}} RNA \xrightarrow[\text{Translation}]{\text{மொழிபெயர்த்தல்}} \text{புரதம்}$$

2. பேர்காமனரின் கோட்பாடு

DNA, RNAக்களிடம் செய்திகளை படியெடுத்து கொடுக்கின்றது. RNA புரோட்டீனாக மொழிபெயர்க்கிறது.

3) டெமினின் கோட்பாடு:

கழலை வைரஸ்களில் RNA DNAவை உருவாக்குகிறது DNA புரதத்தை உருவாக்குகிறது.

புரத உருவாக்கத்திற்கு தேவையான அடிக்கூறுகள்

1) அமினோ அமிலம்
2. DNA,
3) மரபுசார RNAக்கள்
4 ரைபோசோம்கள் மற்றும் நொதிகள்

அமினோ அமிலங்கள்:- புரதங்கள் பல அமினோ அமிலங்கள் இணைந்த சங்கிலியாதலினால் அவற்றின் உருவாக்கத்

பல அமினோ அமிலங்கள் மூலப் பொருட்களாக இருக்கின்றன

2) DNA-DNA மூலக் கூறு: புரத உருவாக்கத்தினை துவக்குகிறது கட்டுப்படுத்துகிறது மற்றும் தலைமையேற்று நடத்துகின்றது.

3) மூன்று வகை RNAக்கள்: rRNA, mRNA tRNA ஆகிய மூன்று RNAக்களும் புரோட்டீன் உருவாக்கத்தில் முக்கிய பங்காற்றுகிறது.

4) ரைபோசோம் மற்றும் நொதிகள்: புரத உருவாக்கத்தில் பெரும் பங்காற்றுகிறது. ரைபோசோமின் புறப்பரப்பு mRNAயும் tRNAயும் இறுதி இணைந்து கொள்வதற்கான இடமாக காணப்படுகிறது.

5. RNA Polymerase நொதி ஒரு RNA பாலிமரேஸ் நொதி ஒரு கோர் என்சைம் மற்றும் ஒரு சிக்மா காரணி ஆகிய இரு அடக்க கூறுகளை கொண்டிருக்கிறது.

புரத உருவாக்கம் துவங்கும் விதம்:

புரத உருவாக்கம் படியெடுத்தல் மற்றும் மொழிபெயர்த்தல் ஆகிய இரு பெரும் செயல்களின் மூலம் நடைபெறுகிறது.

படியெடுத்தல்

DNA சார்ந்த RNA பாலிமரேஸ் நொதியின் முன்னிலையில் DNAயில் உள்ள புரத உருவாக்கத்திற்கான மரபு குறியீட்டு செய்திகள் அப்படியே mRNAக்கு நகல் எடுக்கப்படும் செயல் படியெடுத்தல் எனப்படுகிறது. இச்செயலுக்கு ஒரு வார்ப்பு செயல் தூண்டப்பட்ட முன்னோடிகள் ஒரு ஈரிணை திற உலோக அயனி மற்றும் RNA Polymerase நொதி ஆகியவை தேவைப்படுகிறது

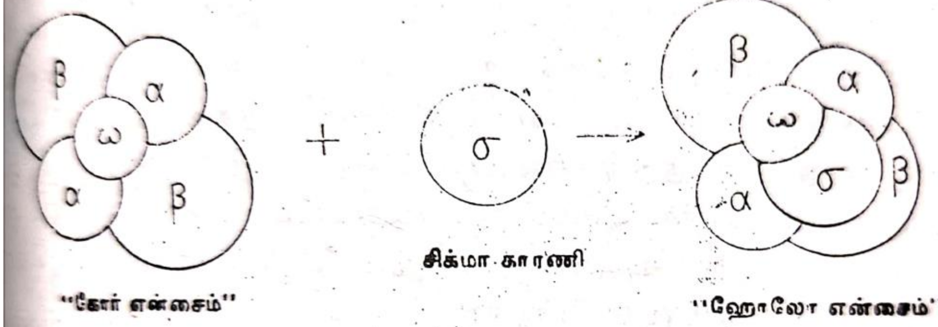
(i) வார்ப்பு (அ) அச்சு - DNAயின் இரட்டைச்சுருளின் இழைகளில் ஒரு இழைக்கிடை வார்ப்பாக செயல்படுகிறது.

2) செயல் தூண்டப்பட்ட முன்னோடிகள்: ATP, GTP, CTP and UTP.

3) ஈரிணை திற உலோக அயனிகள்: Mg^{++} or Mn^{++}.

லை.

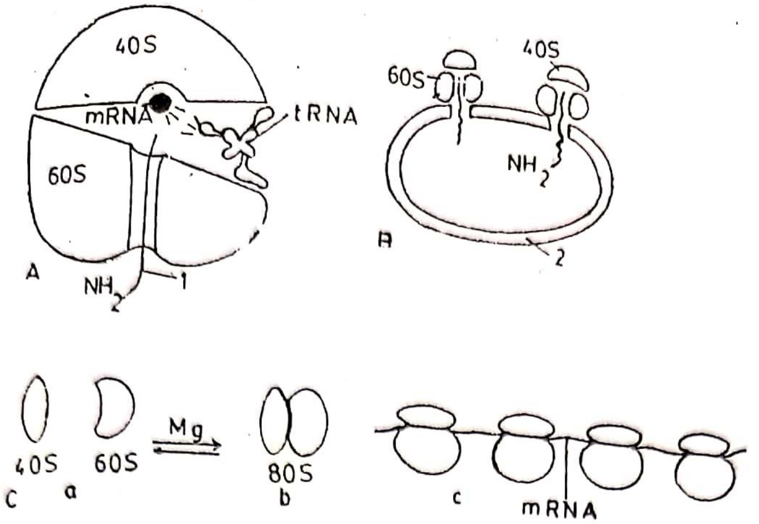
தனும் செயலில் பங்கேற்கும் எனக் கருதப்படுகின்றது.



படம் 87 – RNA பாலிமரேஸ் நொதி (Gardner 1984)

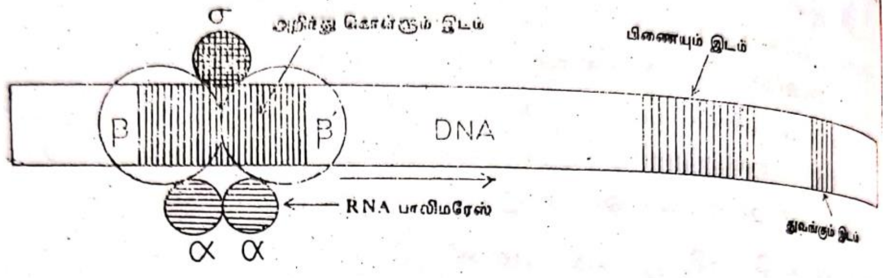
σ துணைக் கூறு, DNA வார்ப்பின் துவக்கச் சுட்டுக் குறியை அறிந்து கொண்டு RNA

புரோட



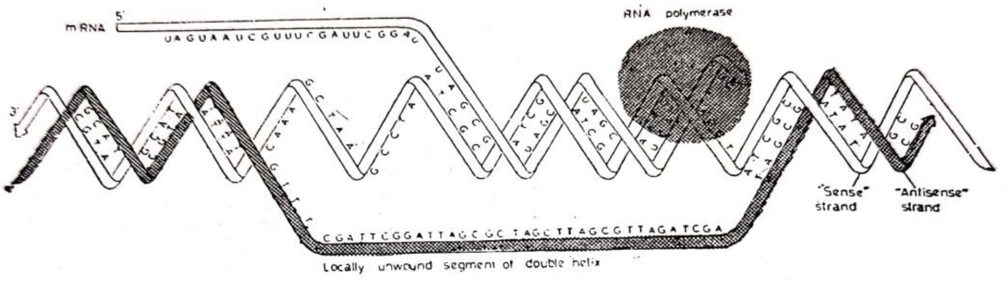
படம் 90 – ரைபோசோம்களுக்கிடையே உள்ள தொடர்புகள்

போசோமின் நுண்ணமைப்பு



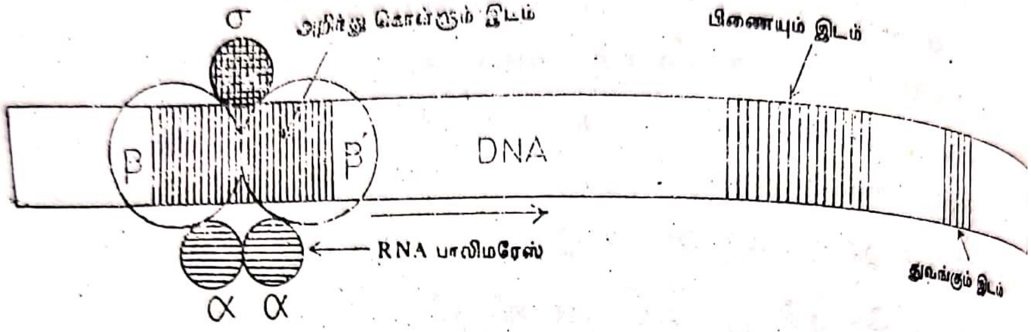
படம் 88 – DNAயில் உள்ள அறிந்து கொள்ளும், பிணையும் மற்றும் துவங்கும் இடங்கள்

3. RNA **சங்கிலி உருவாக்கம்** – முதலில் RNA சங்கிலியின் முதல் பேஸான pppG அல்லது pppA பியூரின் தோன்றுகின்ற



படம் 89 – mRNA படியெடுத்தல் நடைபெறும் விதம்

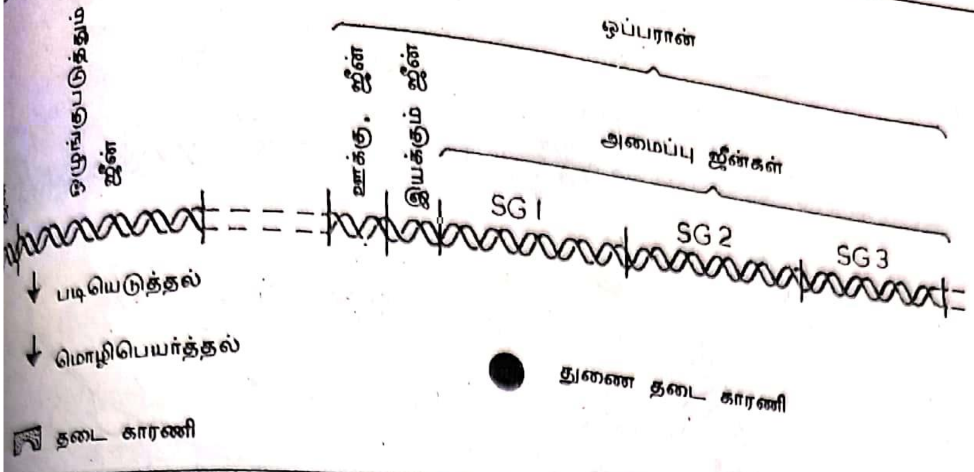
mRNA – படியெடுத்தல் மூலம் உருவாக்கப்படும் m RNA
RNA Polymerase – RNA பாலிமரேஸ் நொதி
Sense strand – வார்ப்பாக அமையும் DNA முறுக்கிழை
Antisense Strand – வார்ப்பாக இல்லாத DNA முறுக்கிழை



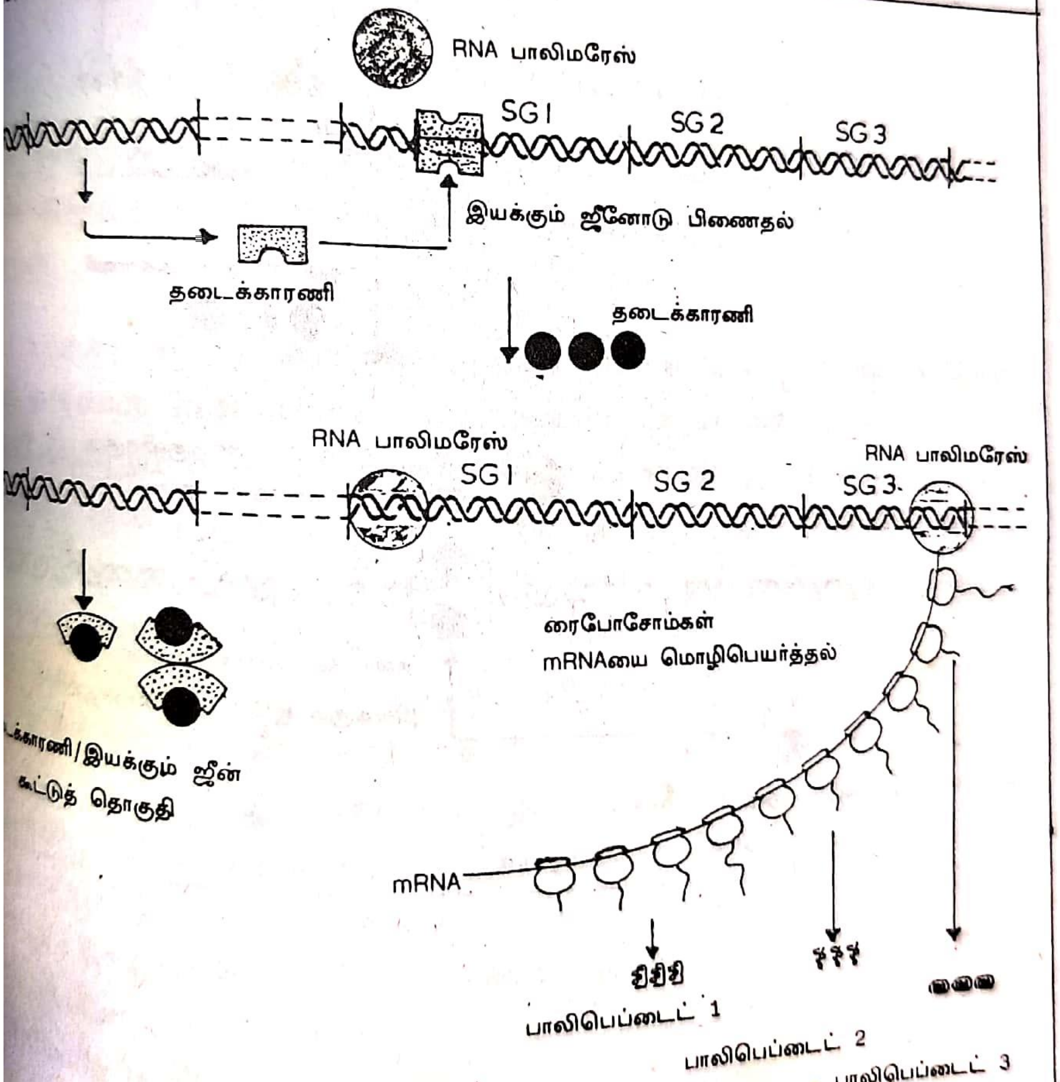
படம் 88 – DNAயில் உள்ள அறிந்து கொள்ளும், பிணையும் மற்றும் துவங்கும் இடங்கள்

3. RNA **சங்கிலி உருவாக்கம்** – முதலில் RNA சங்கிலியி

பரான் மாதிரி - ஆக்கக் கூறுகள்



ரான் மாதிரி - தூண்டல்



4) RNA Polymerase:- இது ரைபோநியூக்ளியோசைட் ட்ரை பாஸ்பேட்களை ஒன்றுடன் ஒன்று இணைக்கிறது.

படியெடுத்தல் துவங்கும் விதம்:

I RNA பாலிமரேஸ் பணி:- RNA பாலிமரேஸின் கோர் என்சைமும் சிக்மா காரணியும் இணைந்து ஒரு நொதியாக அல்லது ஹோலோ என்சைமாக மாறுகின்றன. இது DNA யின் புரோமோட்டர் பகுதிக்கு சென்று அதனுடன் இணைந்து கொள்ள வழிகாட்டுகிறது.

படியெடுக்கும் வார்ப்பாக செயல்படும் DNA சில முக்கிய இடங்களில் தெளிவாக தெரிகிறது.

1. டாடாபாக்ஸ் கொண்டு தொடங்கும் இடம் 2. பிணைக்கும் இடம் 3. படியெடுத்தல் துவக்கம் நிகழும் இடம்.

II DNA முறுக்கிழை அவிழ் பிரிதல்

RNA Polymerase DNA யுடன் இணைந்த உடன் அப்பகுதியில் DNA பிரிகிறது. இரு முறுக்கிழைகளும் அவிழ் பிரிகின்றன. இவற்றில் ஒன்று "சென்ஸ்" இழை மற்றொன்று "ஆண்டி சென்ஸ்" முறுக்கிழை எனப்படுகிறது.

III) RNA சங்கிலி உருவாக்கம்: முதலில் RNA சங்கிலியின் முதல் பேஸான pppG அல்லது pppA ஒழுங்கின் தோன்றுகிறது. முதல் பேஸ் தோன்றியதும் அடுத்தடுத்து செயல் தூண்டப்பட்ட ரைபோ நியூக்ளியோடைட் ட்ரை பாஸ்பேட்கள் (ATP, GTP, UTP + CTP) ஆகியவை வார்ப்பு இழைகளில் சேர்க்கப் படுகிறது.

mRNA சங்கிலி நீட்சியடையத் துவங்கியதும் சிக்மா காரணி கோர் என்சைமிலிருந்து பிரிந்து மற்றொரு கோர் என்சைமோடு இணையத் தயாராகிறது.

IV RNA சங்கிலி முற்றுப் பெறுதல்:- mRNA சங்கிலி முற்றுப் பெறுதல்:

முற்றுப் பெறும் அடுக்குறியை DNA அறிந்து கொண்டு mRNA யில் பாலி U வரிசையை படியெடுத்து mRNA உருவாக்கத்தினை முடிக்கிறது.

மொழி பெயர்த்தல் (Translation)

கீழ்காணும் படிநிலைகளில் நடைபெறுகிறது.

(1) அமினோ அமிலம் தூண்டப்படுகிறது.
2) செயல் தூண்டப்பட்ட அமினோ அமிலங்கள் tRNAக்கு கடத்தப்படுதல்
3) பாலிபெப்டைட் சங்கிலி உருவாக்கம் பெறுதல்
4) பாலிபெப்டைட் சங்கிலி நீட்சியடைதல்
5) பாலிபெப்டைட் சங்கிலி முற்றுப்பெற வைத்தல்

அமினோ அமிலங்கள் தூண்டப்படல் : L அமினோ அமிலங்கள் மட்டுமே புரோட்டீன் உருவாக்கத்தில் பங்கேற்கின்றன.

$$AA + ATP \xrightarrow[\text{நொதி}]{\text{AA செயல் தூண்டு}} \underset{\text{அமினோ அசைல் அடினிலேட்}}{AMP \sim AA} + PPi$$

2) செயல் தூண்டப்பட்ட அமினோ அமிலங்கள் tRNA யுடன் இணைதல்

$$\text{அமினோ அசைல் அடினிலேட் சின்த்தேடேஸ்} + tRNA \longrightarrow \underset{\text{அமினோ அசைல்}}{tRNA} + AMP + \text{நொதி}$$

புரோட்டீன் உருவாக்கத் துவக்கம்:
துவக்க காரணிகள் IF_1, IF_2 and IF_3.

பாலிபெப்டைட் சங்கிலியின் நீட்சி: நீட்சிக் காரணிகள் EF-TS ம் EF-TU இணைப்பு பணியினை செய்கிறது.
பெப்டைட் பிணைப்பு உருவாக்கம் – பெப்டைட் பிணைப்பு
பாலிபெப்டைட் சங்கிலி முற்றுப்பெறுதல் – முற்றுப் பெற்ற சங்கிலி விடுவிக்கப்படுதல்.

அமைப்பு ஜீன் a – β காலக்டோசைட் ட்ரான்ஸ் அசிட்டைலேஸ் நொதியை உருவாக்குகிறது.

லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்றத்தை ஒழுங்குபடுத்தும் ஜீனை லாக் ஒழுங்குபடுத்தும் ஜீன் (lac regulator gene) i ஜீன் ஒரு தடை புரோட்டீனை உருவாக்குகிறது. லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்றத்திற்கு தேவையான நொதிகள் உருவாக்க தூண்டல் இல்லாத பொழுது இத்தடைபுரதம் லாக் இயக்கும் ஜீன் வரிசையோடு இணைந்து இறுகப் பிணைந்து கொள்கிறது. இதனால் லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்றத்திற்கு தேவையான நொதிகளை உருவாக்கும் குறியீட்டுச் செய்திகள் கொண்ட mRNA யை லாக் ஒப்பரான் உருவாக்குவது இல்லை.

இ.கோலை வாழும் சூழ்நிலையில் குளுகோஸ் இல்லாத நிலை ஏற்பட்டு குளுகோசிற்குப் பதிலாக லாக்டோஸ் இருக்குமேயானால், இந்த லாக்டோஸ் மூலக்கூறுகள் இ.கோலை செல்லினுள் நுழைந்து பல மாறுபாடுகள் அடைந்து லாக் ஒழுங்குபடுத்தும் தடைபுரத உருவாக்கம் தடுக்கப்பட்டு லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்றத்திற்கு தேவையான நொதிகள் உருவாக்கும் செயலில் ஈடுபடுகிறது

ஒப்பரான் உருப்படிவம் (operon model)

ஜேக்கப் மற்றும் மோனாட் (1961) என்பவர்கள் இகோலையில் லாக்டோஸ் வளர்சிதை மாற்றத்தை ஆராயும் பொழுது பல ஜீன்களின் செயல்கள் படியெடுத்தல் நிலையால் தூண்டப்படுகிறது அல்லது தடைசெய்யப்படுகின்றன. ஜீன்களின் செயலின் ஒழுங்கமைவு விளக்க ஒப்பரான் உருப்படிவத்தை எடுத்துரைத்தனர்

ஜீன்கள் படியெடுத்தல் நிகழ்ச்சியை இரு காரணிகள் ஒழுங்குசெய்கின்றன.

கட்டுப்படுத்தும்

(i) ஒழுங்குபடுத்தும் ஜீன் (Regulator or repressor) இது தடுக்கும் பொருளாக செயல்படும் ஒரு தடை புரோட்டீனை உருவாக்குகிறது.

(ii) இயக்கும் ஜீன் (operator gene) இது படியெடுத்தல் நிகழ்வை கட்டுப்படுத்தும் DNA பகுதியாகும்

(iii) உக்குவிக்கும் ஜீன் (Promoter gene): இது RNA Polymerase இணையும் பகுதி. இது இயக்கும் ஜீனை அடுத்து அல்லது அதனோடே அமைந்து காணப்படுகிறது.

லாக் ஒப்பரான்:-

ஜேக்கப் மற்றும் மோனாட் இ.கோலையில் லாக் ஒப்பரானை கூறாக்கியுள்ளனர்

லாக் ஒப்பரான் ஒரு ஊக்குவிக்கும் ஜீன் ஒரு இயக்கும் ஜீன் மற்றும் z, y, a ஆகிய மூன்று அமைப்பு ஜீன்களை பெற்றுள்ளன.

<u>அமைப்பு ஜீன் z</u> - β காலக்டோசைடேஸ் நொதியை உருவாக்கிறது. இந்நொதி லாக்டோஸ் மூலக்கூறுகளை ~~[illegible]~~ ~~[illegible]~~ பிளக்கிறது.

அமைப்பு ஜீன் y : β காலக்டோசைடேஸ் பெர்மியேஸ் நொதியை உருவாக்குகிறது. இந்நொதி லாக்டோஸ் மூலக்கூறுகளை செல்லினுள் தள்ளுகிறது

unit 5

வினாக்கள்.

1. முக்கோடான் – வரையறு.
2. AUG கோடான்
3. UAA/UGA/UAG
4. புரத உருவாக்கம்
5. படியெடுத்தல்
6. மொழிபெயர்த்தல்
7. ஜீன் வழி குறியீட்டு செய்தியின் பண்புகள்
8. படியெடுத்தல் சிறுகுறிப்பு
9. RNA பாலிமரேஸ் நொதி
10. ஆப்பரான் கருத்து.
11. ஜீன் வழி குறியீட்டு செய்தி முறை விளக்குக
12. புரத உருவாக்கம் விளக்குக
13. லாக் ஆப்பரான் உருப்படிவம் விளக்குக.