

KURS

„BIOLOGIA POD KLUCZ"

REPLIKACJA DNA, TRANSKRYPCJA, TRANSLACJA

Prezentacja jest chroniona prawnie przed kopiowaniem bez pisemnej zgody autora i stanowi „utwór" i w myśl Ustawy z dnia 4 lutego 1994 r. o prawie autorskim i prawach pokrewnych (Dz. U. z 1994 r., Nr 24, poz. 83 z późn. zm.).

PODSTAWA PROGRAMOWA 2025



1. Wyjaśnia mechanizm replikacji DNA, z uwzględnieniem roli enzymów (helikaza, prymaza, polimeraza DNA, ligaza).

2. Porównuje strukturę genu organizmu prokariotycznego i eukariotycznego.

3. Opisuje proces transkrypcji z uwzględnieniem roli polimerazy RNA.

4. Opisuje proces obróbki potranskrypcyjnej u organizmów eukariotycznych.

PODSTAWA PROGRAMOWA 2025



5. Przedstawia cechy kodu genetycznego.

6. Opisuje proces translacji i przedstawia znaczenie modyfikacji potranslacyjnej białek.

7. Porównuje przebieg ekspresji informacji genetycznej w komórce prokariotycznej i eukariotycznej.

8. Przedstawia istotę regulacji ekspresji genów u organizmów eukariotycznych.



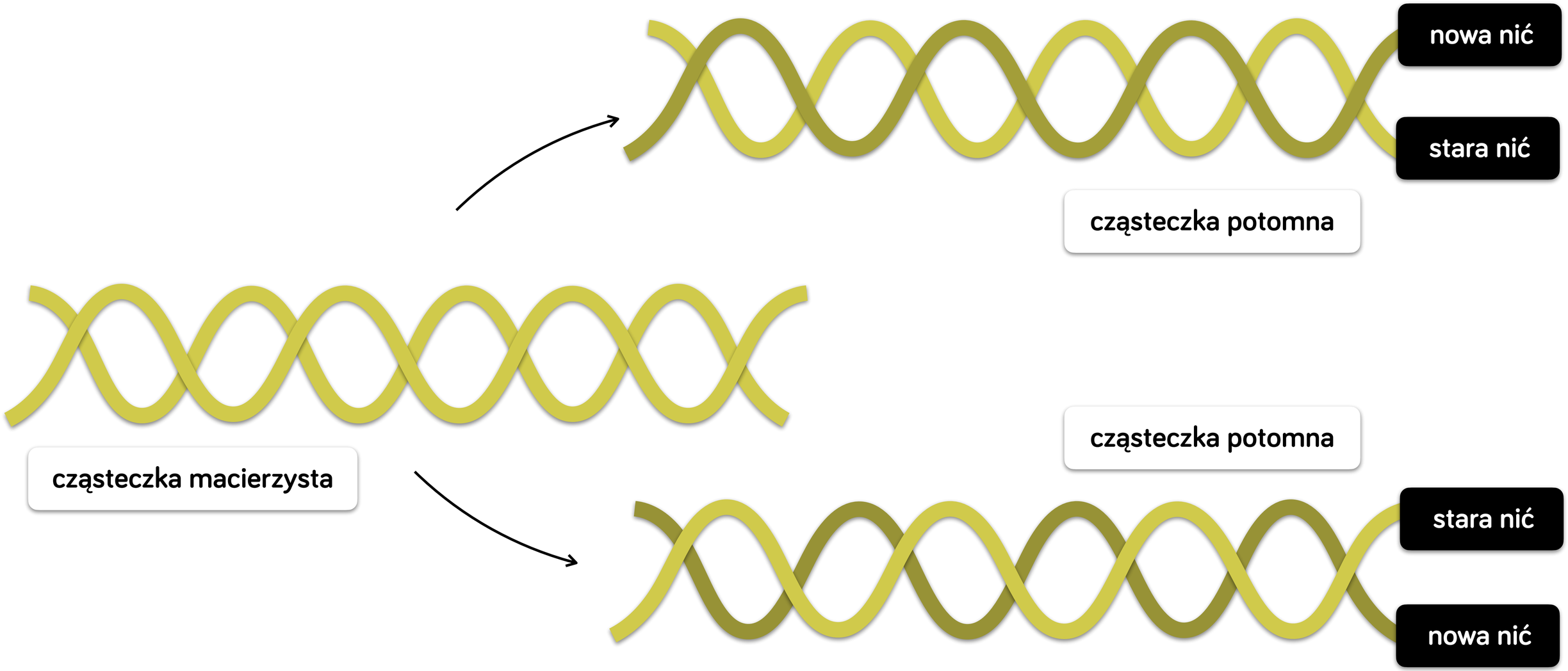
REPLIKACJA DNA

SYNTEZA DNA



- Replikacja DNA to proces powielenia DNA prowadzący do wytworzenia **dwóch cząsteczek DNA identycznych z cząsteczką macierzystą**.
- Jest procesem **anabolicznym**.
- Proces ten zachodzi w **fazie S interfazy**.
- Replikacja zachodzi przed każdym podziałem komórki – dzięki temu komórki potomne otrzymują kompletną informację genetyczną.
- Replikacja jest **semikonserwatywna** - **półzachowawcza**: w każdej z dwóch uzyskanych cząsteczek DNA będzie jedna nić **macierzysta** (stara) i jedna **nowa**.

PÓŁZACHOWAWCZOŚĆ / SEMIKONSERWATYWNOŚĆ



SUBSTRATY W REPLIKACJI DNA



Do zajścia replikacji DNA niezbędne są:

- **cząsteczka matrycowa DNA**, która ma ulec replikacji,
- **wolne nukleotydy** - różnią się one od nukleotydów budujących DNA tym, że mają zamiast jednej trzy reszty fosforanowe, pomiędzy którymi występują wiązania wysokoenergetyczne - ich rozerwanie skutkuje dostarczeniem energii niezbędnej do syntezy nowych nici DNA,
- **enzymy**.

ENZYMY W REPLIKACJI DNA



Do enzymów biorących udział w replikacji należą:

- **helikaza DNA** – **rozrywa wiązania wodorowe** między nićmi matrycowego DNA, rozplatając helisę i umożliwiając rozpoczęcie procesu replikacji;
- **prymaza** – jedna z polimeraz RNA, **syntetyzuje starter RNA** na matrycy DNA;
- **polimerazy DNA** – **odpowiada za syntezę nowej nici**, wykorzystując jako matrycę DNA, do rozpoczęcia syntezy DNA **potrzebny jest jej starter**, bo to do niego **przyłącza wolne nukleotydy**; potrafi także **rozpoznawać błędy** i je **naprawiać**;
- **ligaza DNA** – łączy fragmenty Okazaki w jedną nić DNA.

1. INICJACJA REPLIKACJI



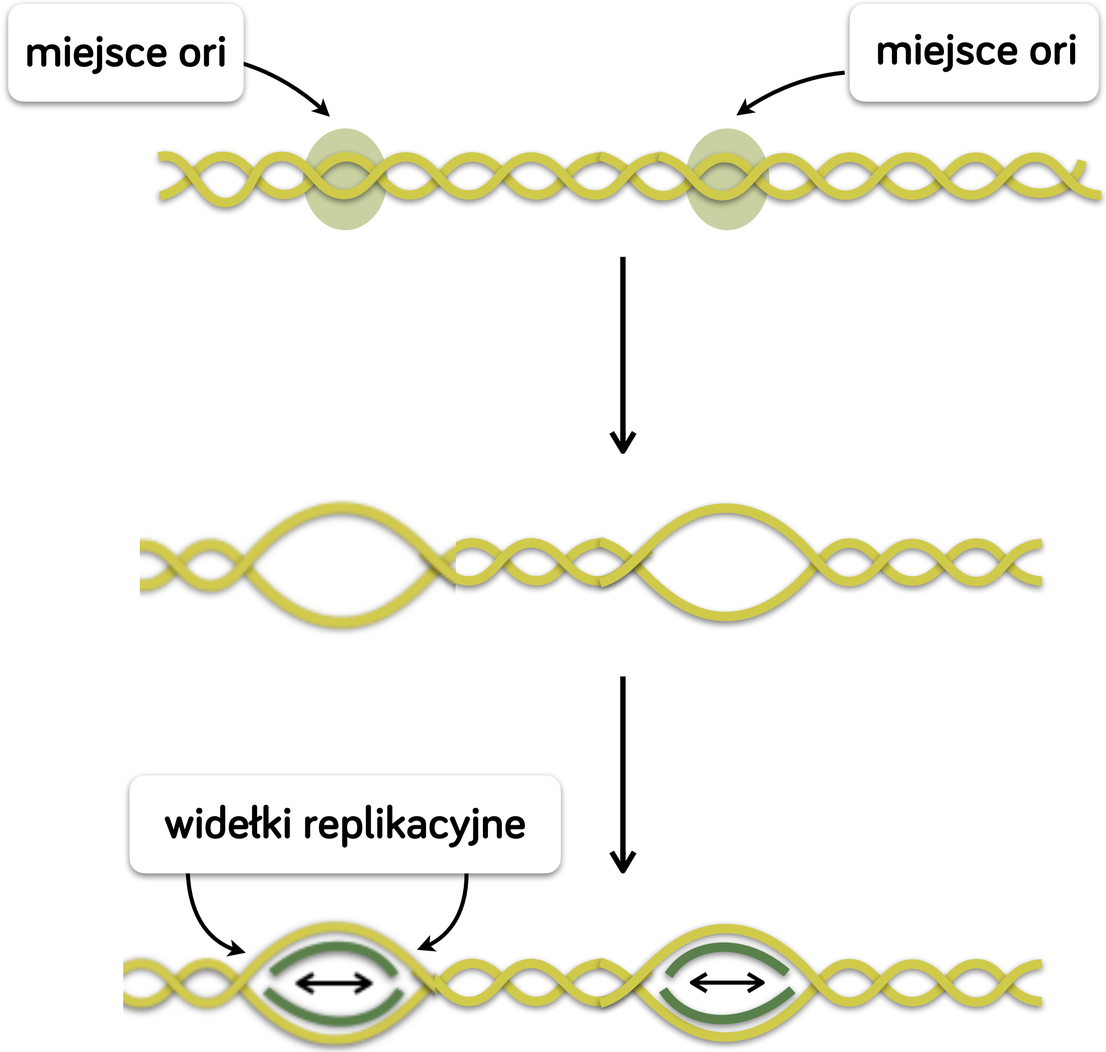
Na początku replikacji **helikazy** rozplatają niewielkie fragmenty DNA w miejscach inicjacji replikacji o ściśle określonej sekwencji nukleotydów - są to tzw. **miejsca ori** (origin).

W wyniku tego powstają **oczka replikacyjne**. Boki takiego oczka nazywane są **widełkami replikacyjnymi**. Do widełek replikacyjnych w każdym oczku dołączają się kolejne białka biorące udział w replikacji.

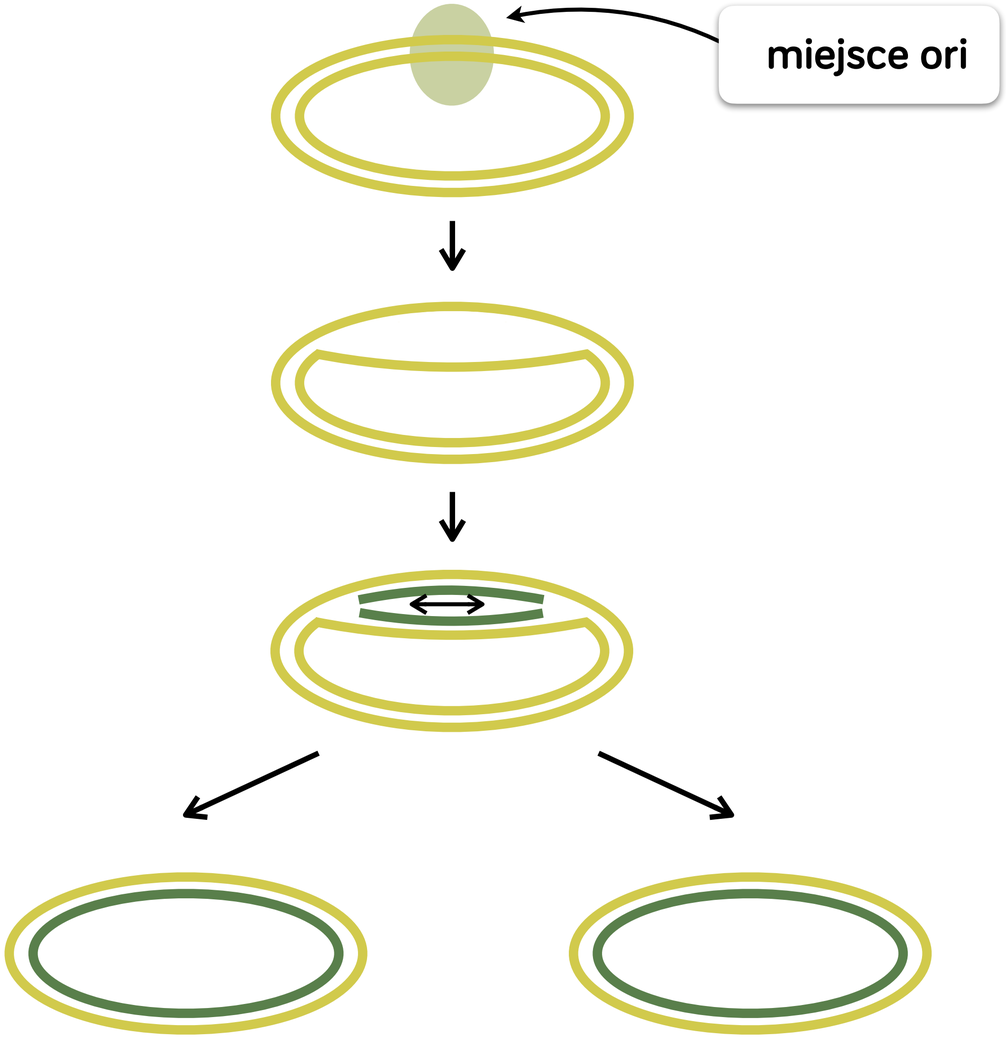
MIEJSCA ORI



EUKARIOTA



PROKARIOTA



2. ELONGACJA REPLIKACJI



Helikazy kontynuują rozplatanie DNA, co powoduje że widełki replikacyjne przesuwają się w przeciwnych kierunkach.

Następnie dochodzi do **syntezy starterów** z udziałem **prymazy** oraz dobudowywania kolejnych nukleotydów przez **polimerazę DNA**. Polimeraza DNA dołącza wolne nukleotydy **zgodnie z zasadą komplementarności**.

Nowa nić jest zawsze syntetyzowana w kierunku od 5’ do 3’.

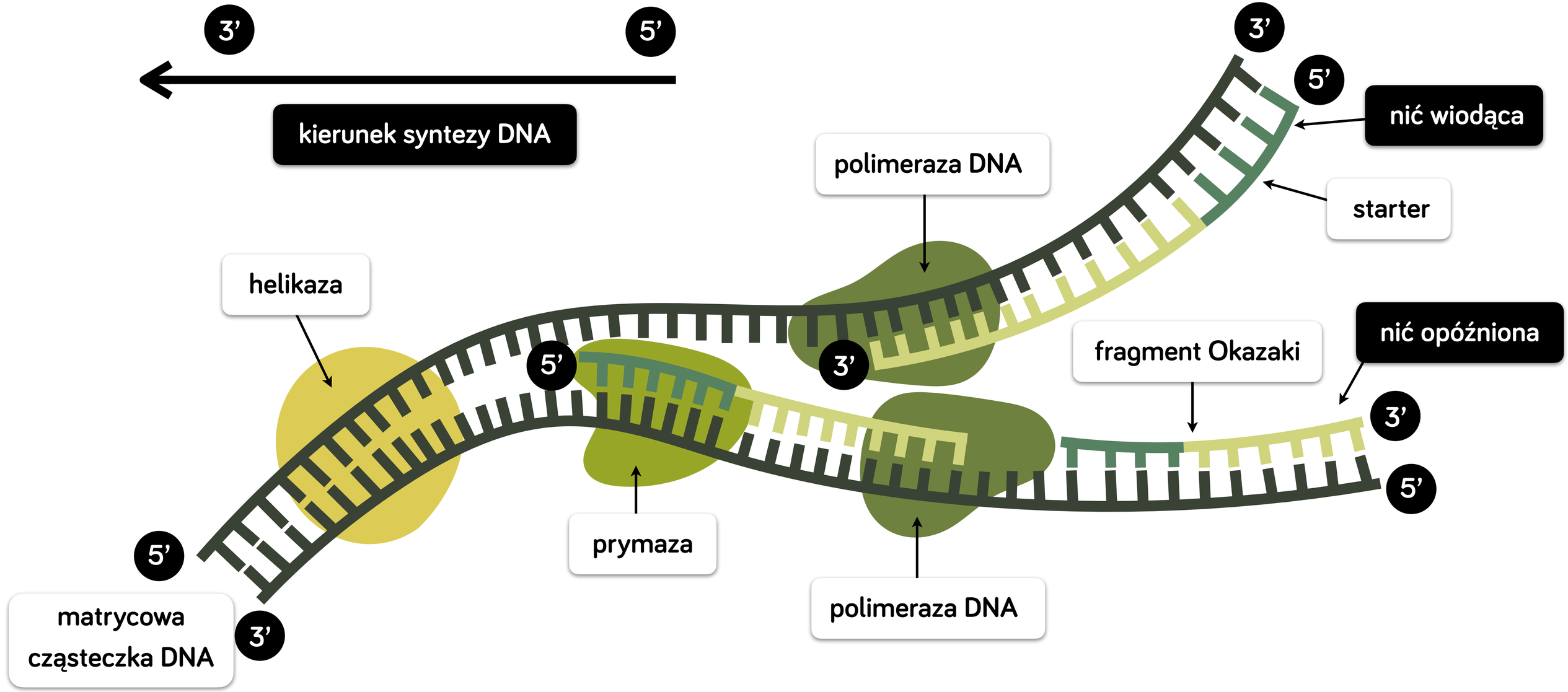
2. ELONGACJA REPLIKACJI



Nici w cząsteczce DNA są **antyrównoległe**: tylko jedna z nich umożliwia ciągłą syntezę nowego łańcucha polinukleotydowego i nazywa się „**nicią wiodącą**”, na drugiej nici tworzone są **fragmenty Okazaki** (krótkie fragmenty DNA), które są łączone przez **ligazę** w jedną całość i ta nić nazywa się „**nicią opóźnioną**”.

Z tego powodu na nici wiodącej potrzebny jest tylko **jeden starter**, a na nici opóźnionej - **wiele starterów**.

2. ELONGACJA REPLIKACJI



2. ELONGACJA REPLIKACJI

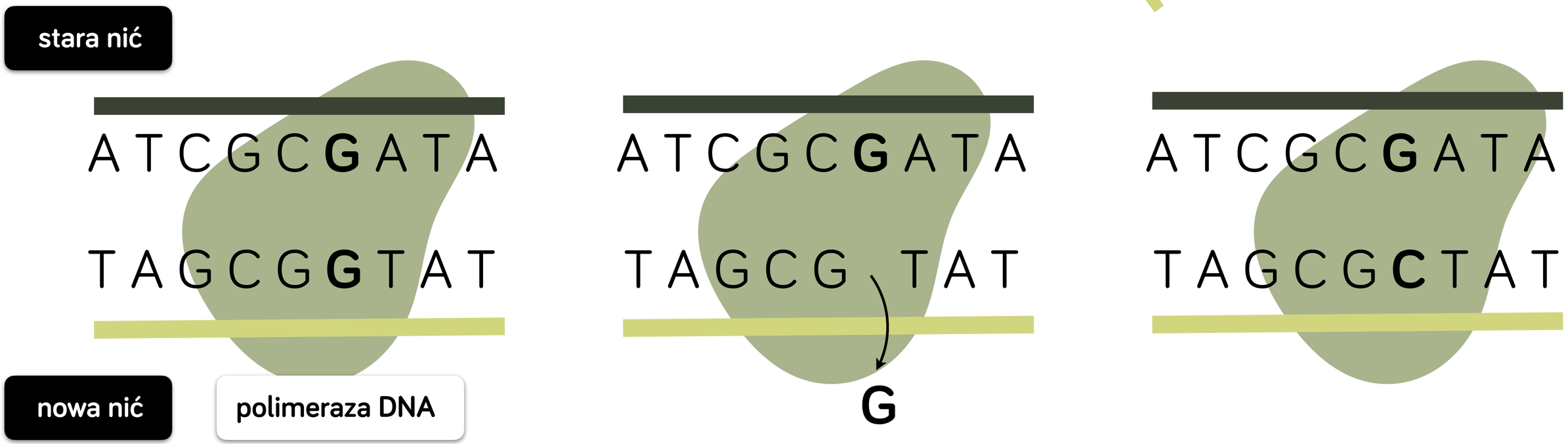


Za **wycinanie starterów** i **dobudowanie w ich miejsce nukleotydów** także odpowiada **polimeraza DNA**.

U eukariontów, z powodu występowania DNA w postaci **liniowej**, dochodzi do **skracania się cząsteczki DNA** z każdą kolejną replikacją. Jest tak, ponieważ w miejscu usunięcia **ostatniego startera z nici opóźnionej** polimeraza DNA **nie dobudowuje kolejnych nukleotydów**.

2. ELONGACJA REPLIKACJI

Polimeraza DNA **sprawdza poprawność** wstawionych nukleotydów, a w razie zauważenia błędów **wymienia** nieprawidłowo wstawiony nukleotyd na prawidłowy.



3. TERMINACJA REPLIKACJI

W momencie skopiowania całych nici DNA dochodzi do odłączenia białek uczestniczących w replikacji.

Replikacja jest **zakończona**.



GENY U PROKARIOTÓW I EUKARIOTÓW

POJĘCIE GENU



Gen jest podstawową jednostką dziedziczności. Stanowi go **fragment DNA**, który zawieraj informacje konieczne do wytworzenia RNA lub białka.

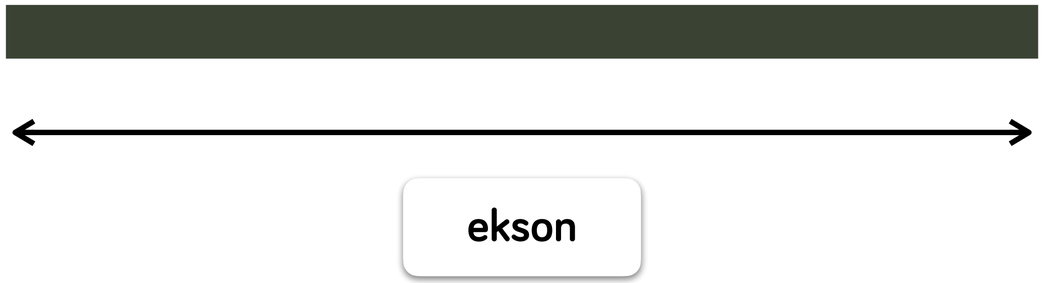
Wsród genów wyróżnia się odcinki:

- kodujące = **eksony**
- niekodujące = **introny**.

GENY U PROKARIOTA I EUKARIOTA

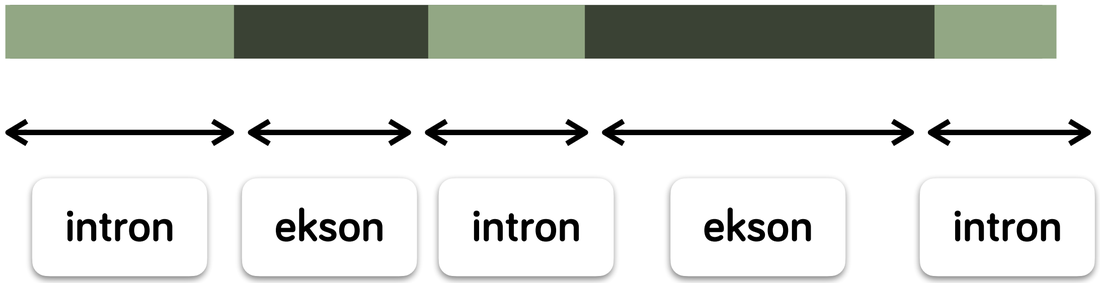
PROKARIOTA

U prokariotów występują geny **ciągłe** - oznacza to, że budują je wyłącznie odcinki kodujące, czyli **eksony**. Nie występują tam introny.



EUKARIOTA

U eukariotów występują geny **nieciągłe** - oznacza to, że budują je odcinki kodujące, czyli **eksony** oraz odcinki niekodujące, czyli **introny**.





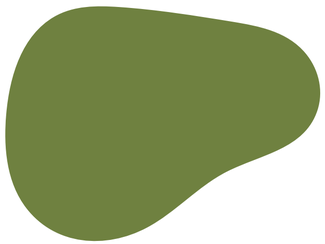
EKSPRESJA INFORMACJI GENETYCZNEJ

Procesy, które prowadzą do odczytania informacji genetycznej zawartej w genie nazywa się **ekspresją genu**.











TRANSKRYPCJA



Transkrypcja to proces polegający na przepisaniu informacji genetycznej zawartej w DNA na RNA.

Wszystkie rodzaje RNA: **mRNA**, **tRNA** oraz **rRNA** powstają w procesie transkrypcji. Produktem transkrypcji genów kodujących białka jest cząsteczka **mRNA**.

- W komórce eukariotycznej: transkrypcja zachodzi w j**ądrze komórkowym**, w **mitochondrium** oraz w **plastydach**.
- W komórce prokariotycznej transkrypcja zachodzi w **cytozolu**.



- Transkrypcja jest procesem **anabolicznym**.
- Transkrypcja przebiega w **trzech etapach**, podobnie jak replikacja DNA i są to: etap **inicjacji**, etap **elongacji** i etap **terminacji**.
- Substraty niezbędne do zajścia transkrypcji to **matrycowa cząsteczka DNA**, **wolne nukleotydy** i **enzymy**.
- Enzymy biorące udział w transkrypcji to **polimerazy RNA**.

Helikaza, prymaza i ligaza nie biorą tutaj udziału!

1. INICJACJA



Początek transkrypcji wyznacza tzw. **promotor**, który wskazuje polimerazie RNA gen należący przepisać na RNA.

Polimeraza RNA w odróżnieniu od polimerazy DNA do rozpoczęcia syntezy nowej nici **nie potrzebuje startera**!

Polimeraza RNA **potrafi rozplatać podwójną nić DNA** - pełni więc funkcję podobną do **helikazy**.

2. ELONGACJA

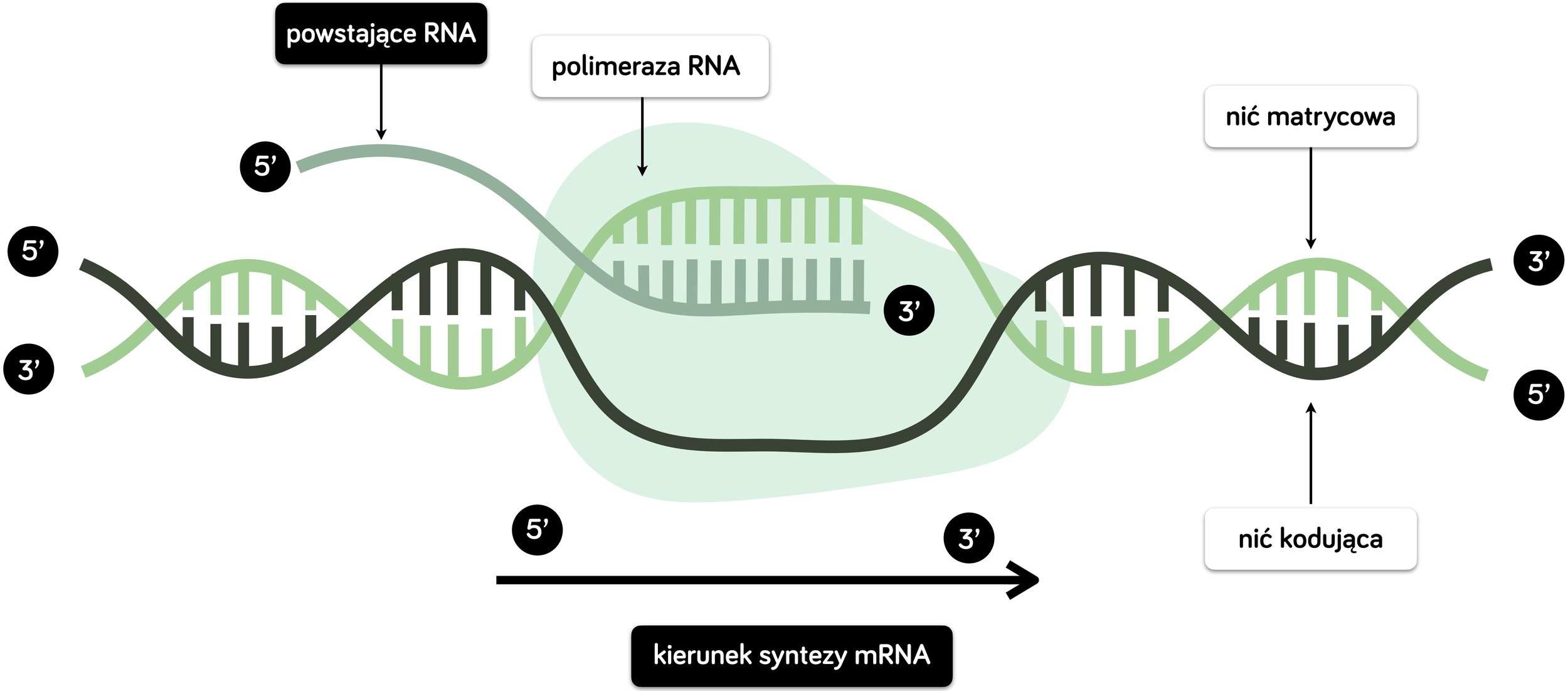


Podczas elongacji, w której dwuniciowa helisa DNA jest rozpleciona na odcinku kilkunastu nukleotydów polimeraza RNA przesuwając się wzdłuż cząsteczki DNA **rozplata DNA przed sobą** oraz **zaplata helisę po przepisaniu** danego fragmentu DNA.

Synteza nowo powstającego RNA odbywa się zawsze w **kierunku 5' → 3'**. Polimeraza RNA zgodnie z **zasadą komplementarności** dołącza kolejne nukleotydy do **nici matrycowej DNA**. Druga nić DNA nazywana jest **nicią kodującą**.

W przeciwieństwie do polimerazy DNA, **polimeraza RNA nie potrafi znajdować i poprawiać błędów**.

2. ELONGACJA


powstające RNA
polimeraza RNA
nić matrycowa
5’
5’
3’
3’
3’
5’
5’
3’
nić kodująca
kierunek syntezy mRNA

2. ELONGACJA



DNA

nić **kodująca**:	5’	T	A	G	C	C	C	G	G	G	T	T	T	A	G	C	A	T	C	A	G	T	3’
nić **matrycowa**:	3’	A	T	C	G	G	G	C	C	C	A	A	A	T	C	G	T	A	G	T	C	A	5’

RNA

	5’	U	A	G	C	C	C	G	G	G	U	U	U	A	G	C	A	U	C	A	G	U	3’

Sekwencja **RNA** jest **komplementarna** do sekwencji **matrycowej nici DNA**. Warto zauważyć, że **sekwencja RNA jest prawie taka sama jak sekwencja kodującej nici DNA**, z jedną różnicą - **zamiast tyminy** (T) w RNA występuje **uracyl** (U).

3. TERMINACJA



Gdy polimeraza RNA dotrze do sekwencji, która stanowi sygnał terminacji transkrypcji (sekwencja ta, nazywana jest **terminatorem transkrypcji**) to odłącza się od genu, a utworzona nić RNA zostaje uwolniona.

Powstały łańcuch jest poddawany **dalszym obróbkom**.



OBRÓBKA POTRANSKRYPCYJNA

Obróbka potranskrypcyjna to obróbka, dzięki której z uzyskanego w procesie transkrypcji **pre-mRNA** powstaje dojrzały **mRNA**.

Na obróbkę posttranskrypcyjną składają się następujące procesy:

- dołączenie **czapeczki** na końcu 5’,
- dołączenie **ogonka poli(A)** na końcu 3’,
- **splicing**.

Powyższe procesy mają miejsce w jądrze komórkowym.

DOŁĄCZENIE CZAPECZKI

Na **końcu 5’ pre-mRNA** dołączana jest **czapeczka**. Czapeczka to nietypowy nukleotyd - 7-metyloguanozyna. Chroni ona przed nukleazami w cytozolu i umożliwia rozpoznawanie mRNA przez rybosomy.



DOŁĄCZENIE OGONKA

Na **końcu 3’ pre-mRNA** dołączany jest **ogonek poli(A)**. Ogonek poli(A) jest krótką nicią złożoną z kilkudziesięciu nukleotydów z adeniną. Zabieg ten zabezpiecza cząsteczkę mRNA przed degradacją, zanim zdąży ona opuścić jądro komórkowe.



SPLICING

Splicing to **najważniejszy** element obróbki posttranskrypcyjnej

Proces ten polega na **wycinaniu odcinków niekodujących, czyli intronów i na łączeniu odcinków kodujących, czyli eksonów**. Bez splicingu niemożliwe byłoby odczytanie informcji genetycznej i wytworzenie białka.



ALTERNATYWNY SPLICING

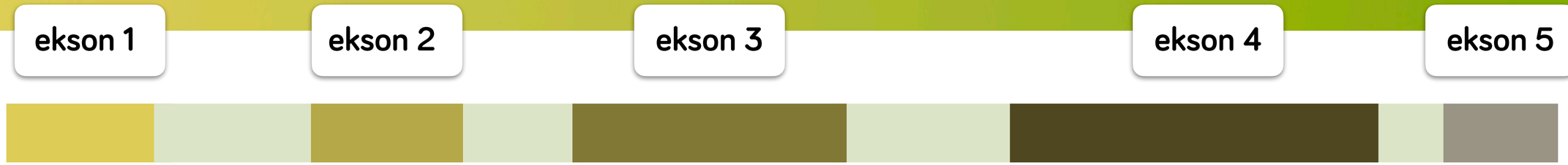


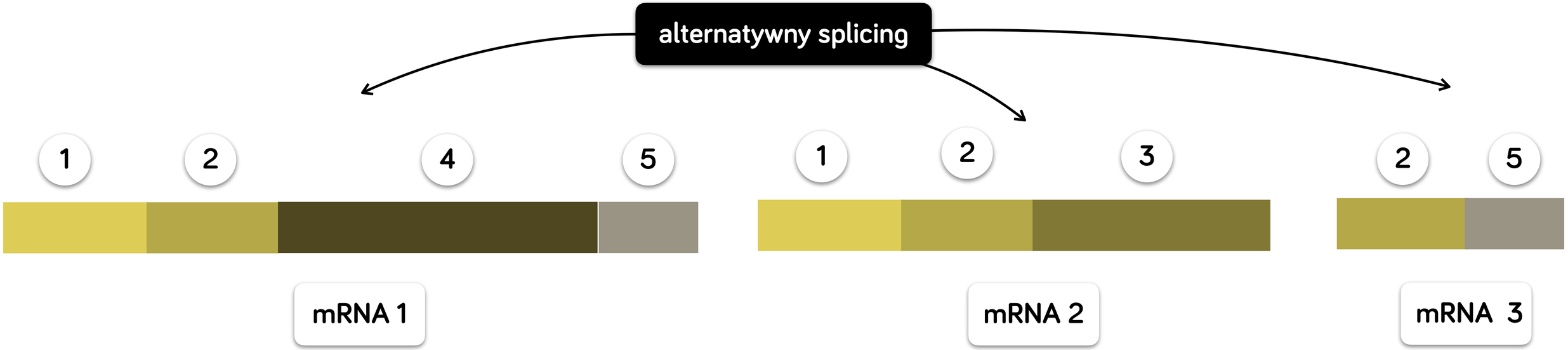
Alternatywny splicing polega na wycięciu intronów i połączeniu na na różne sposoby eksonów, np. z pominięciem niektórych z nich, jednak przy zachowaniu odpowiedniej kolejności w genie.

W ten sposób z jednego genu może powstać więcej niż jedna cząsteczka mRNA, co jest źródłem zmienności białek.

ALTERNATYWNY SPLICING











KOD GENETYCZNY



Kod genetyczny to sposób zapisu i odczytu informacji genetycznej w DNA.

Określa on zależność między sekwencją nukleotydów w DNA a kolejnością aminokwasów w łańcuchu polipeptydowym.

Kodon (triplet nukleotydów) – trzy kolejne nukleotydy w DNA i mRNA, oznaczające jeden aminokwas w łańcuchu polipeptydowym lub zatrzymanie syntezy białka.

POD KLUCZ!



Nie należy traktować „kodu genetycznego” jako synonimu słowa „informacja genetyczna” lub „materiał genetyczny”.

Kod genetyczny jest stały i nie ulega zmianom ponieważ są to tylko zasady zapisu i odczytu informacji genetycznej.

Natomiast informacja genetyczna jest unikalna dla każdego osobnika danego gatunku i zawarta jest w DNA. Może ona ulec zmianie, np. w wyniku mutacji spowo-dowanej czynnikiem mutagennym.

CECHY KODU GENETYCZNEGO

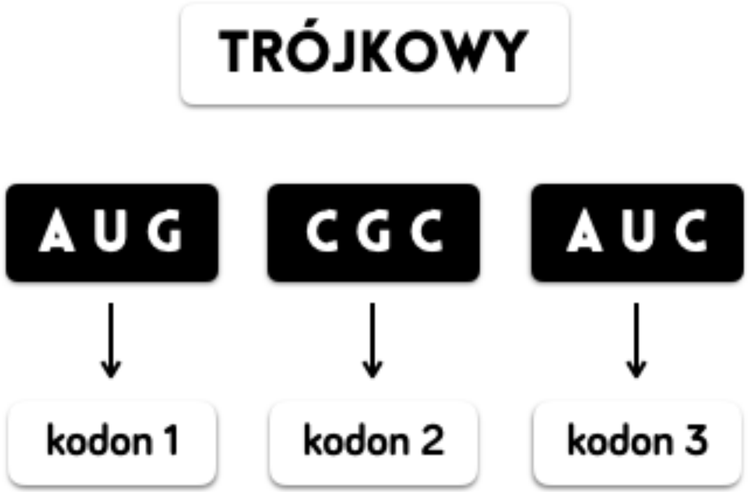


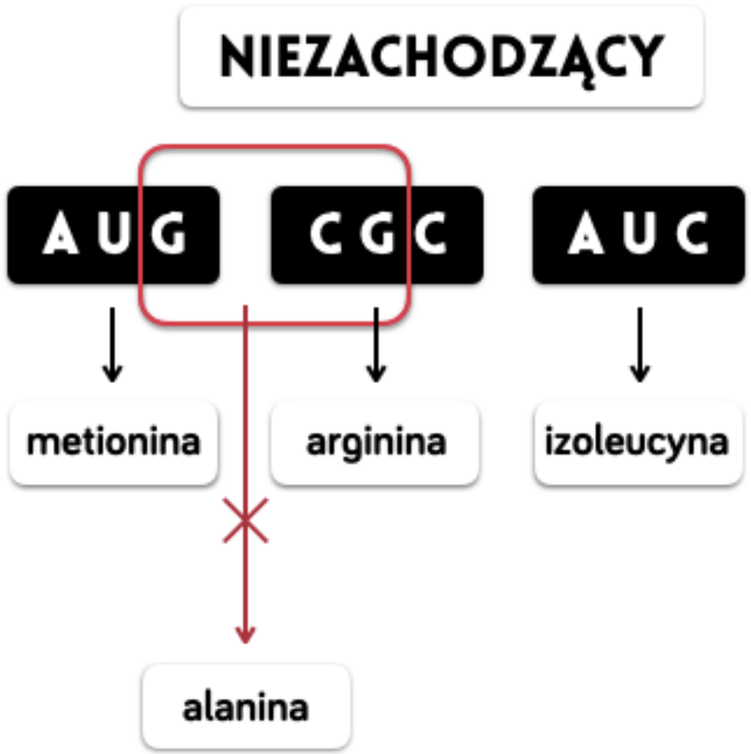
- **trójkowy**: trzy sąsiadujące / kolejne nukleotydy (kodony), określają/ wyznaczają tylko jeden aminokwas w łańcuchu polipeptydowym.

- **niezachodzący**: kolejne trójki nukleotydów tworzą kolejne kodony (żaden nukleotyd danego kodonu nie wchodzi w skład kodonu kolejnego). Kodony nie nakładają się na siebie.

- **bezprzecinkowy**: poszczególne kodony nie są przedzielone dodatkowymi nukleotydami.

CECHY KODU GENETYCZNEGO





CECHY KODU GENETYCZNEGO



- **zdegenerowany** = wieloznaczny: dany aminokwas może być kodowany przez kilka kodonów (dwa do sześciu), np. leucyna jest kodowana przez następujące kodony: UUA, CUU, CUA, UUG, CUC, CUG

- **uniwersalny**: u różnych gatunków określona trójka nukleotydów koduje ten sam aminokwas np. kodon UUU zawsze oznacza fenyloalaninę. Wyjątkiem jest genom mitochondrialny, genom niektórych bakterii oraz wirusów.

- **jednoznaczny**: określony kodon wyznacza jeden, zawsze ten sam aminokwas.

W tabeli kodu genetycznego umieszczono **64 trójki nukleotydów**, bo tyle wynosi maksymalna liczba kombinacji czterech różnych nukleotydów tworzących kodony (4 x 4 x 4 = 64).

$$\underline{\text{A / U / C / G}} \times \underline{\text{A / U / C / G}} \times \underline{\text{A / U / C / G}} = \mathbf{64}$$

KODON „START" I KODONY „STOP"



Kodonem odpowiadającym za rozpoczęcie syntezy białka jest zwykle kodon wyznaczający **metioninę** - **kodon start** = **AUG**.

Trzy z kodonów, które nie kodują żadnego aminokwasu odpowiadają za zakończenie procesu syntezy białka. Nukleotydy te nazywamy **kodonami STOP** (lub kodonami terminacyjnymi) i są to = **UAA**, **UAG**, **UGA**.



KOD GENETYCZNY

Pierwsza pozycja	Druga pozycja				Trzecia pozycja
	U	C	A	G	
U	UUU fenyloalanina UUC fenyloalanina UUA leucyna UUG leucyna	UCU seryna UCC seryna UCA seryna UCG seryna	UAU tyrozyna UAC tyrozyna UAA *STOP* UAG *STOP*	UGU cysteina UGC cysteina UGA *STOP* UGG tryptofan	U C A G
C	CUU leucyna CUC leucyna CUA leucyna CUG leucyna	CCU prolina CCC prolina CCA prolina CCG prolina	CAU histydyna CAC histydyna CAA glutamina CAG glutamina	CGU arginina CGC arginina CGA arginina CGG arginina	U C A G
A	AUU izoleucyna AUC izoleucyna AUA izoleucyna AUG metionina, *START*	ACU treonina ACC treonina ACA treonina ACG treonina	AAU asparagina AAC asparagina AAA lizyna AAG lizyna	AGU seryna AGC seryna AGA arginina AGG arginina	U C A G
G	GUU walina GUC walina GUA walina GUG walina	GCU alanina GCC alanina GCA alanina GCG alanina	GAU kw. asparaginowy GAC kw. asparaginowy GAA kw. glutaminowy GAG kw. glutaminowy	GGU glicyna GGC glicyna GGA glicyna GGG glicyna	U C A G



TRANSLACJA



Translacja to proces tłumaczenia sekwencji nukleotydów zawartych w mRNA na sekwencję aminokwasów w białku zgodnie z zasadami kodu genetycznego.

Translacja zachodzi w **cytozolu** z udziałem **rybosomów** zarówno u komórek **prokariotycznych**, jak i **eukariotycznych**

Translacja, tak samo jak transkrypcja, jest procesem **anabolicznym**. Przebieg procesu translacji można umownie podzielić na etapy: inicjacji, elongacji i terminacji.

SUBSTRATY W PROCESIE TRANSLACJI



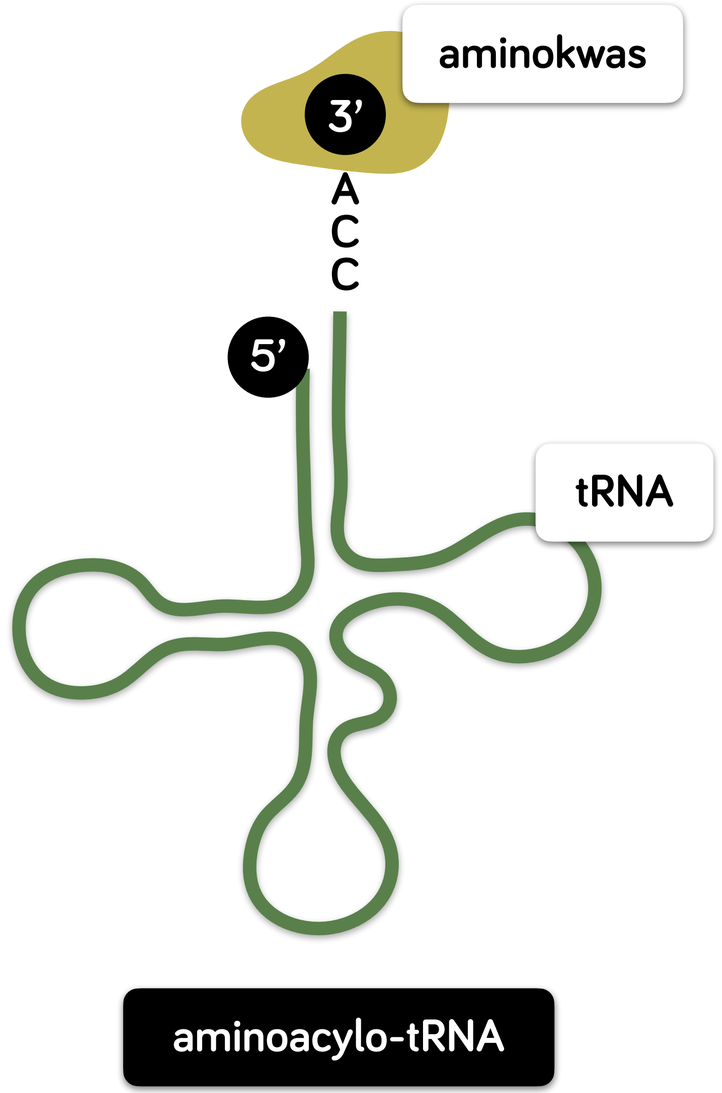
Substratami w procesie translacji są:

- nić **mRNA**, z której odczytywana jest informacja o kolejności aminokwasów w białku,
- **podjednostki rybosomów**, które na czas translacji łączą się tworząc **rybosomy**,
- **aminokwasy** i **cząsteczki tRNA**, które te aminokwasy transportują.

ROLA tRNA W TRANSLACJI

Funkcją tRNA jest **transport aminokwasów** do powstającego łańcucha polipeptydowego.

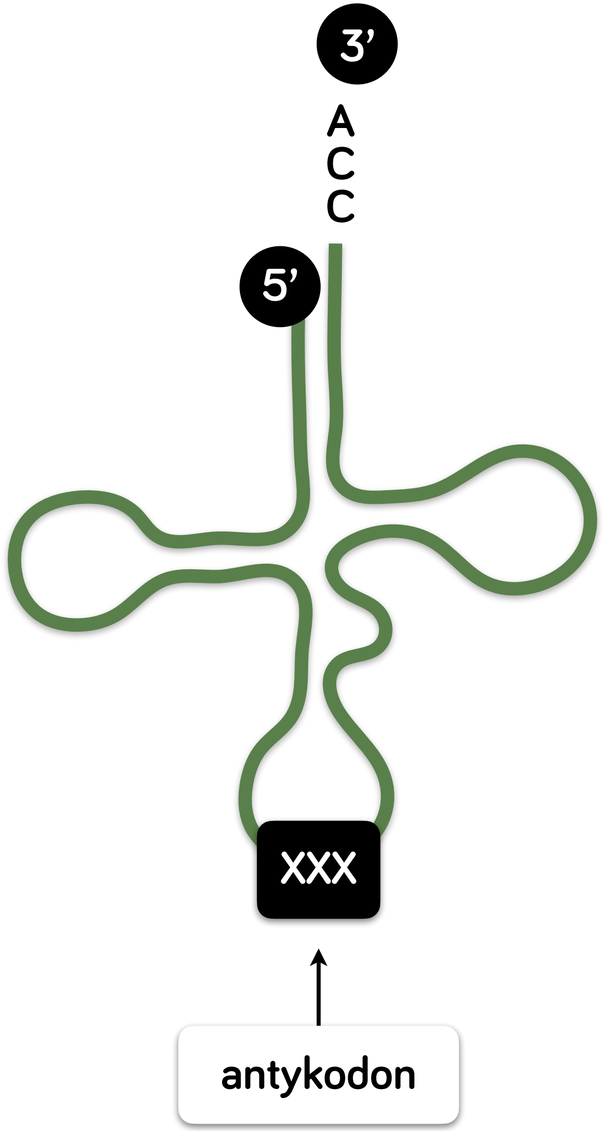
Cząsteczka tRNA przypomina kształtem liść koniczyny: ma charakterystyczne **trzy pętle**. Na końcu **3'** nici tRNA zawsze występuje sekwencja nukleotydów **CCA** - jest to **miejsce wiązania aminokwasu** przez tRNA. Przyłączenie aminokwasu do tRNA prowadzi do powstania cząsteczki o nazwie - **aminoacylo-tRNA**.



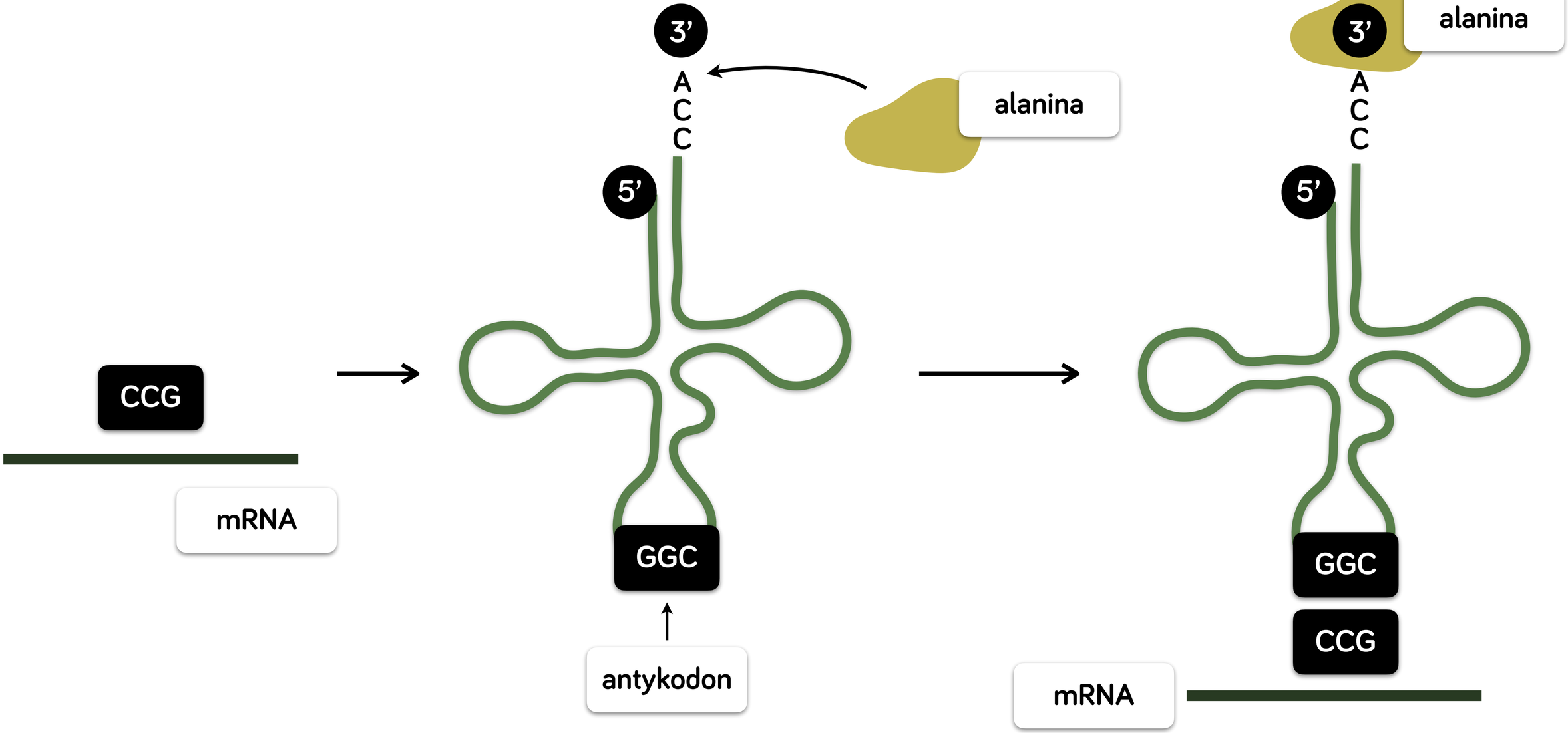
ROLA tRNA W TRANSLACJI

W dolnej pętli tRNA obecna jest trójnukleotydowa sekwencja, nazywana **antykodonem**. Dzięki niej tRNA wie, w którym miejscu na mRNA ma się przyłączyć i dostarczyć dany aminokwas, ponieważ **antykodon jest komplementarny do kodonu na mRNA**.

To jaki aminokwas niesie tRNA jest wyznaczane przez kodon na mRNA, a nie przez antykodon!



ROLA tRNA W TRANSLACJI



ROLA RYBOSOMÓW W TRANSLACJI



Rybosomy zbudowane są z dwóch **podjednostek**: **małej** i **dużej**. Połączenie tych podjednostek następuje tylko w momencie translacji, natomiast poza tym okresem podjednostki występują oddzielnie.

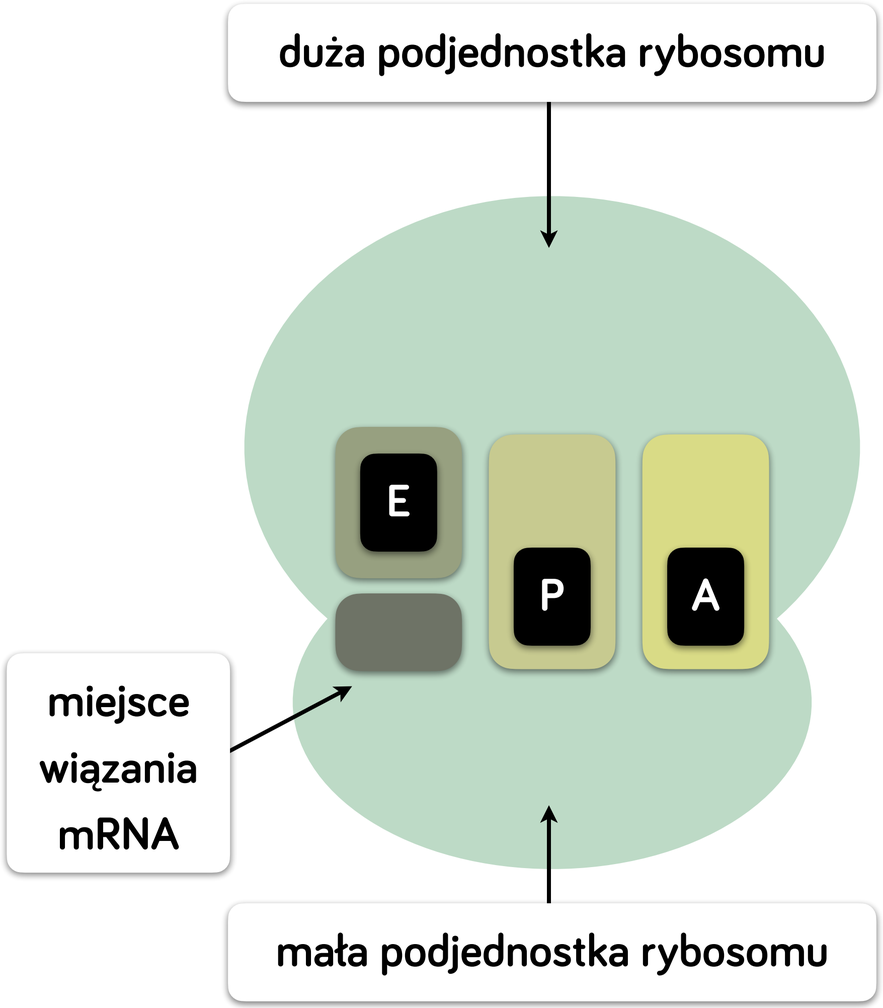
Za utrzymanie spoistości podjednostek rybosomu odpowiadają **jony magnezu** (Mg^{2+}), dlatego są one koniecznym czynnikiem do prawidłowego zajścia translacji.

Rybosom odpowiada za **dopasowanie odpowiedniego aminoacylo-tRNA do kodonu mRNA** oraz za **tworzenie wiązań peptydowych między aminokwasami.**

MIEJSCA W RYBOSOMIE

Rybosom posiada trzy aktywne miejsca:

- **A** – (od aminoacylo-tRNA) - miejsce przyłączania tRNA z dołączonym aminokwasem
- **P** – (od peptydylo-tRNA) – miejsce przyłączania tRNA z wydłużającym się łańcuchem polipeptydowym
- **E** – (od exit) – miejsce odłączenia tRNA
- miejsce wiązania mRNA.



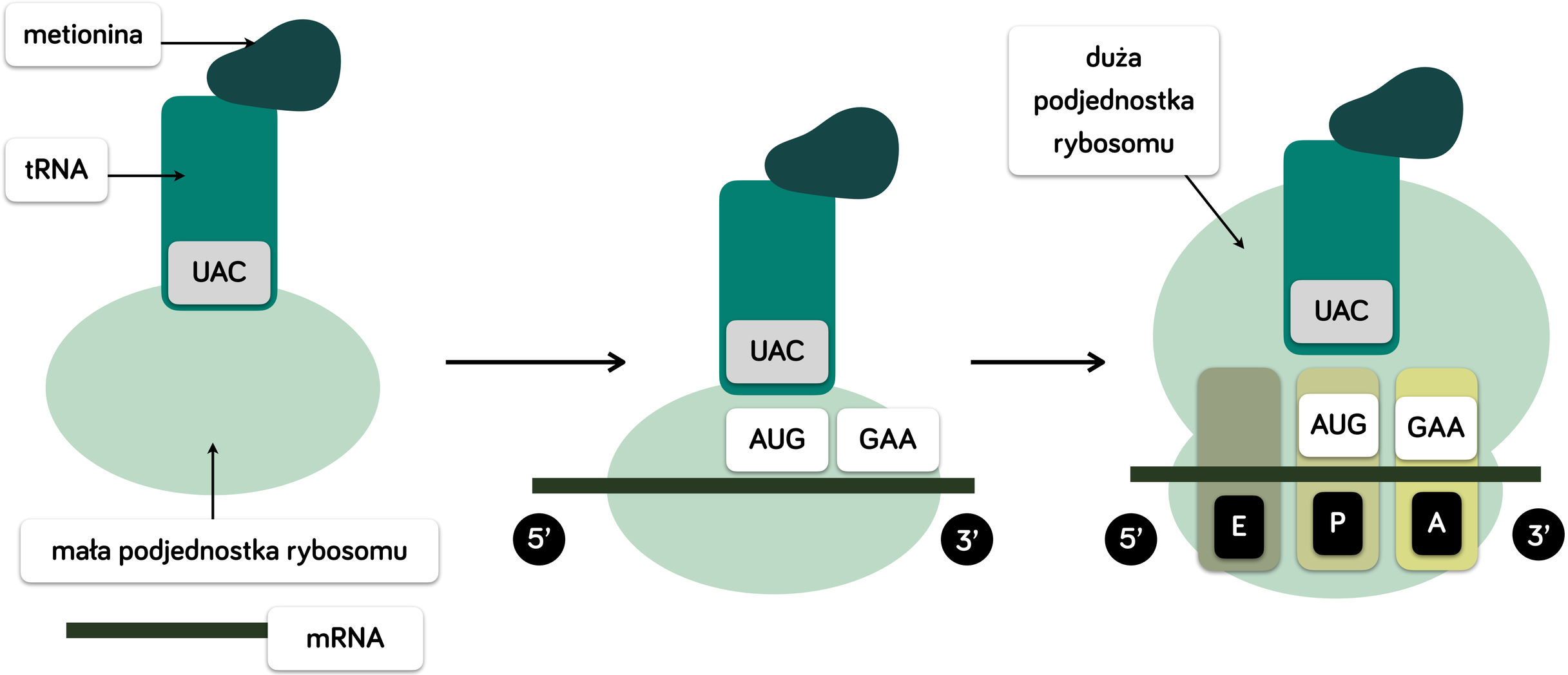
1. INICJACJA TRANSLACJI



Inicjacja translacji wiąże się z koniecznością ustalenia tzw. **ramki odczytu** - odnalezienia **kodonu „START”** wyznaczającego **metioninę** i rozpoczęcie translacji znajdujących się za nim kodonów.

Mała podjednostka rybosomu łączy się najpierw z **tRNA transportującym metionię**. Dopiero wówczas do takiego kompleksu przyłączany jest **mRNA.** Podjednostka przesuwa się w kierunku końca 3’ aż znajdzie na mRNA **kodon „START” - AUG**. Kodon AUG łączy się z komplementarnym antykodonem UAC metionylo-tRNA. Wtedy może przyłączyć się **duża podjednostka rybosomu**.

1. INICJACJA TRANSLACJI



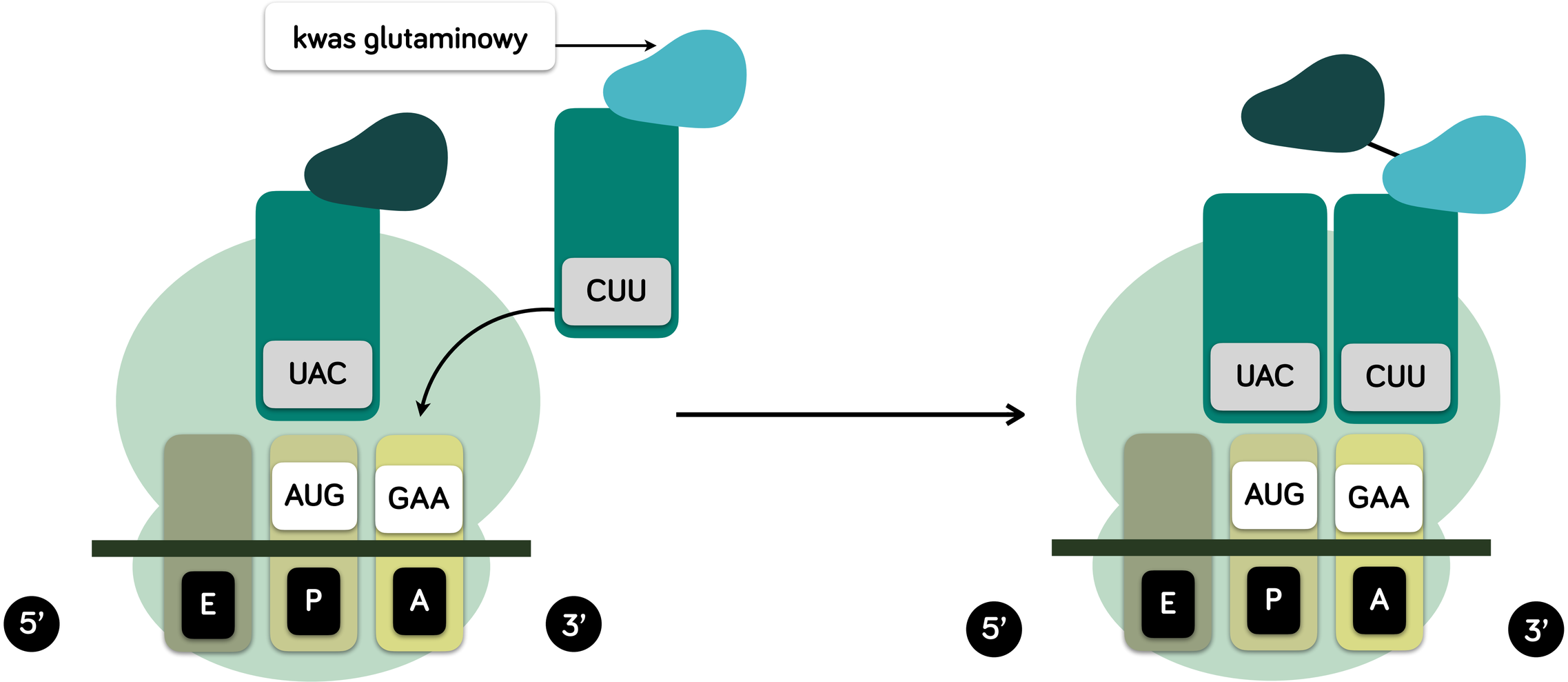
2. ELONGACJA TRANSLACJI



Elongacja rozpoczyna się gdy do **wolnego miejsca A** dołączy się **aminoacylo-tRNA z antykodonem komplementarnym do kodonu, który znajduje się bezpośrednio za kodonem START**. Miejsce P na rybosomie wciąż zajmuje metionylo-tRNA (tRNA połączony z metioniną).

Pomiędzy aminokwasami znajdującymi się w miejscach A i P na rybosomie dochodzi do powstania **pierwszego wiązania peptydowego**. Wiązanie między metioniną a tRNA jest **zrywane**.

2. ELONGACJA TRANSLACJI



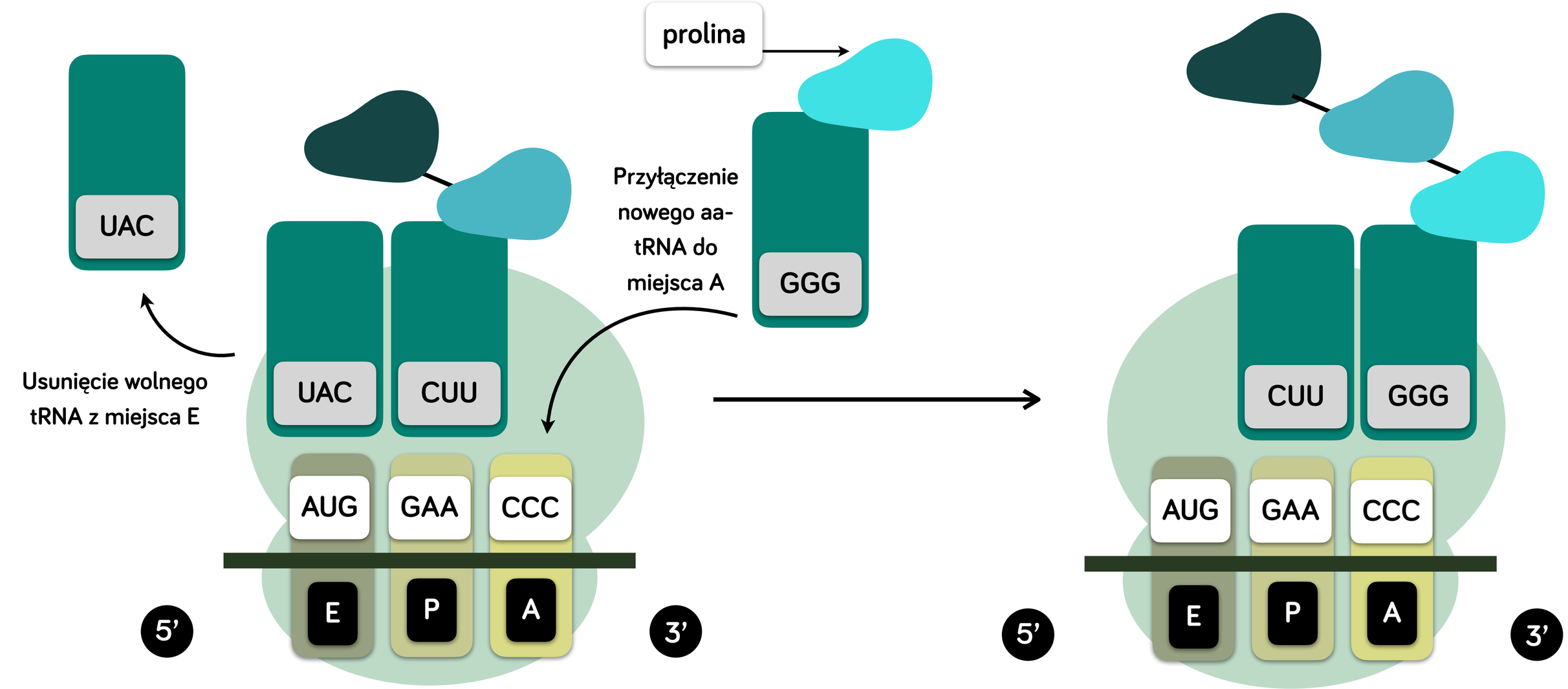
2. ELONGACJA TRANSLACJI



Po powstaniu wiązania rybosom ulega przesunięciu względem mRNA o 1 kodon = 3 nukleotydy w kierunku 3'. Wolne tRNA niosące wcześniej metioninę ulega przesunięciu w **miejsce E**, skąd może opuścić już rybosom. Powstający kompleks **peptydylo-tRNA** (Met-Glu) przesuwa się wówczas w **miejsce P**, a **miejsce A** zajmuje **kolejne aminoacylo-tRNA**.

Elongacja trwa tak długo, aż w miejscu A nie pojawi się jeden z **kodonów „STOP”**.

2. ELONGACJA TRANSLACJI



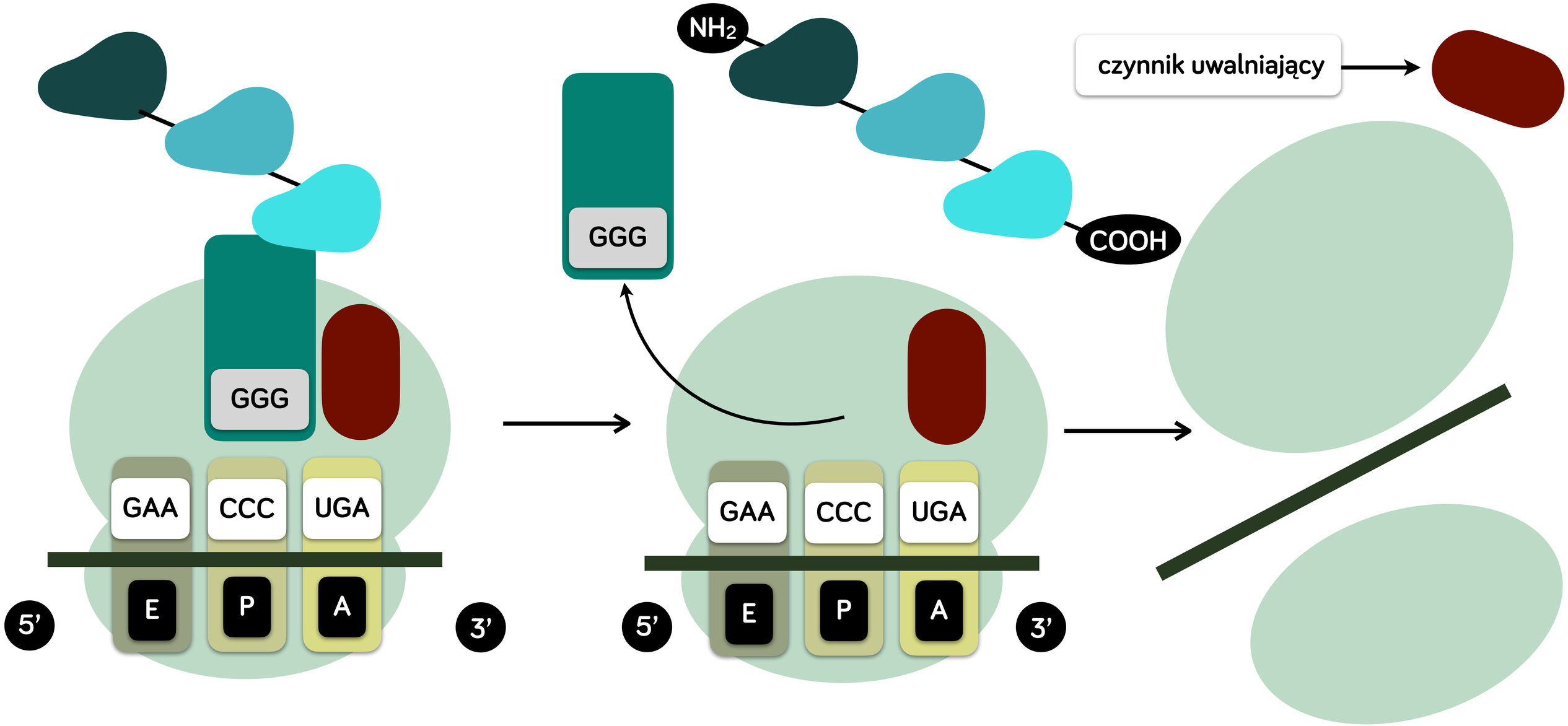
3. TERMINACJA TRANSLACJI



Terminacja translacji następuje w momencie, gdy w **miejscu A** pojawi się jeden z trzech kodonów **STOP**.

Nie istnieją cząsteczki tRNA z antykodonami rozpoznającymi kodony STOP. Do miejsca A zamiast aminoacylo-tRNA przyłącza się wtedy tzw. **czynnik uwalniający** - białko, które powoduje uwolnienie powstałego łańcucha polipeptydowego od tRNA. Po uwolnieniu peptydu rozdzielają się podjednostki rybosomów i uwalniane jest też mRNA.

3. TERMINACJA TRANSLACJI





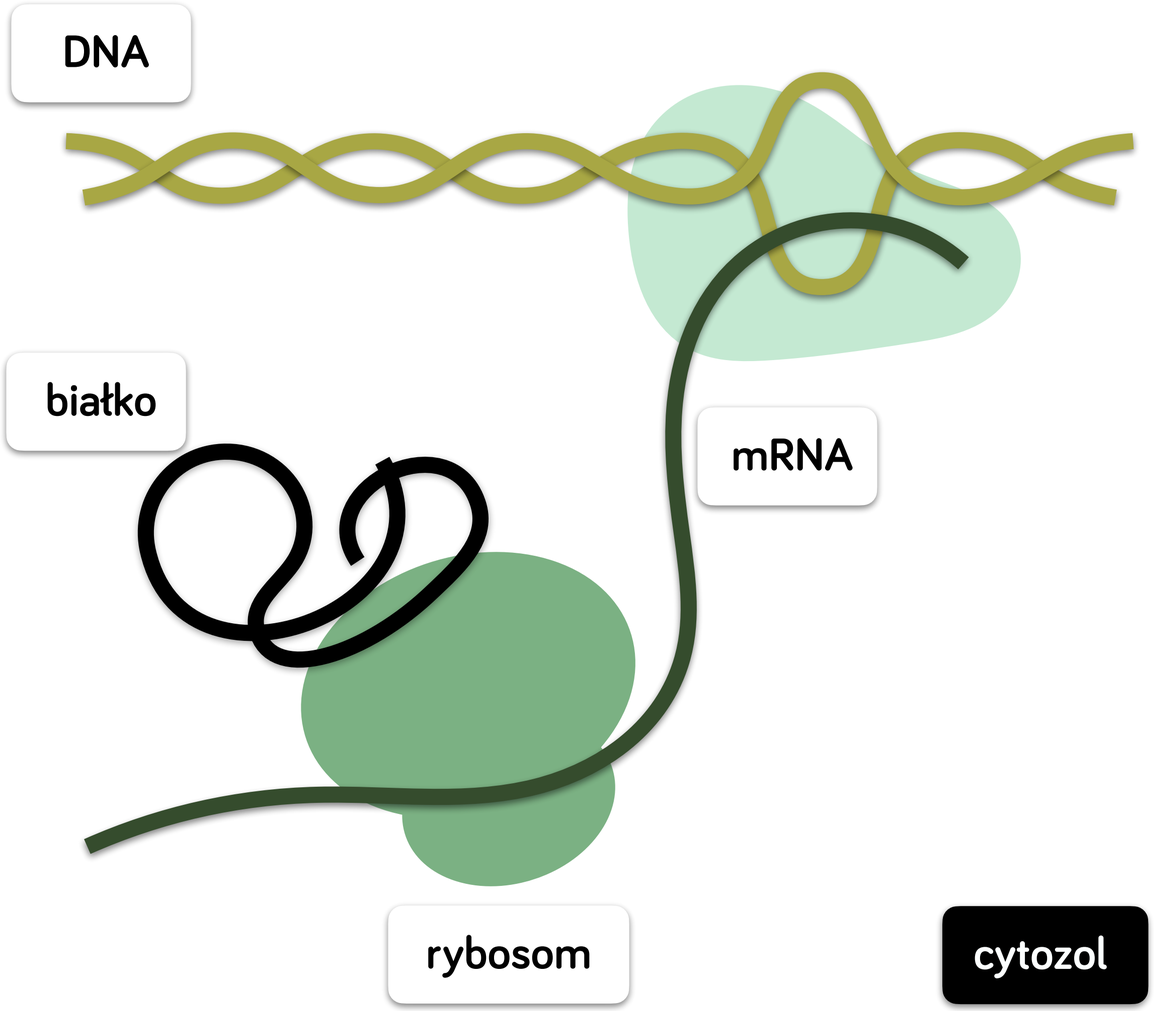
EKSPRESJA GENÓW U EUKARIOTÓW I PROKARIOTÓW



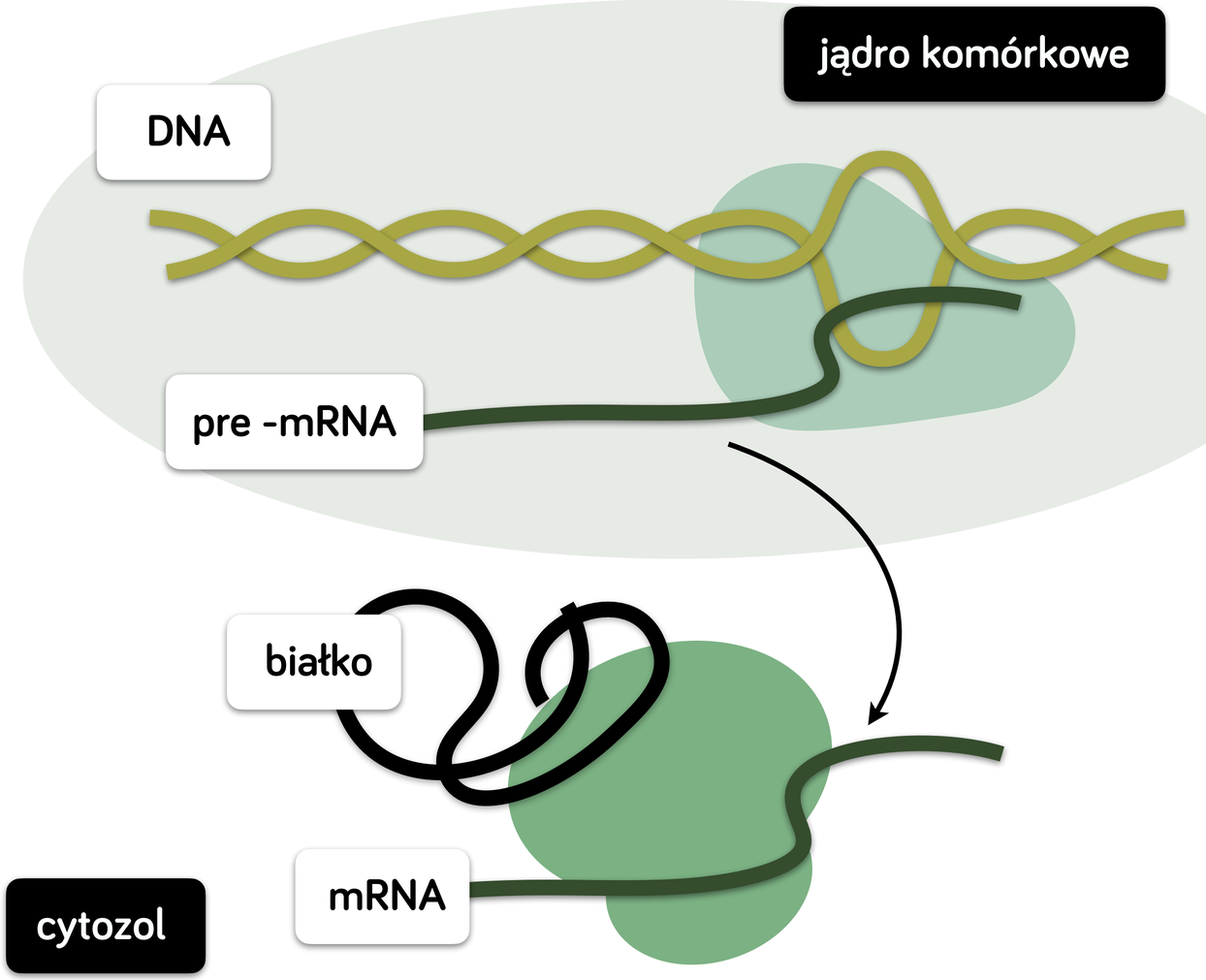
- U organizmów **eukariotycznych** transkrypcja zachodzi w **jądrze komórkowym**, natomiast translacja zachodzi w cytozolu. Oba te procesy są więc **rozdzielone w przestrzeni, ale też i w czasie**, ponieważ translacja nie zostanie rozpoczęta, **dopóki nie zostanie ukończona transkrypcja i obróbka potranskrypcyjna**.

- U organizmów **prokariotycznych** transkrypcja i translacja zachodzą w **cytozolu**, dlatego translacja może być rozpoczęta zanim cała nić DNA zostanie przepisana podczas transkrypcji na RNA.

PROKARIOTA



EUKARIOTA

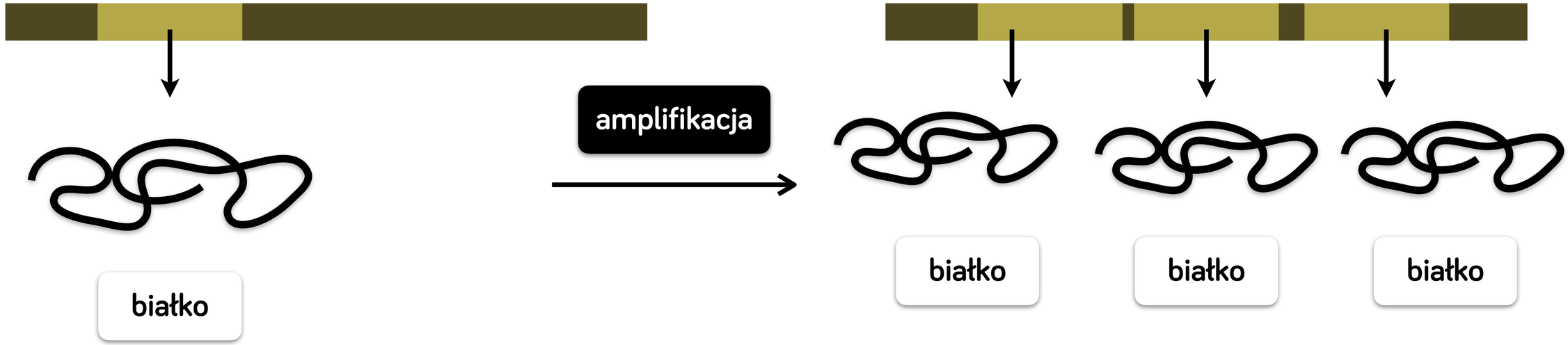




REGULACJA EKSPRESJI GENÓW U EUKARIOTÓW

AMPLIFIKACJA GENU

Niektóre białka są potrzebne poszczególnym typom komórek w większej liczbie kopii niż innym. Przykładem mogą być białka histonowe. Takie zwiększenie liczby kopii danego genu nazywamy **amplifikacją genu**. Im więcej kopii danego genu, tym większa możliwość wyprodukowana białka, którego informacja o budowie jest zapisana w tym genie.



REGULACJA STRUKTURY CHROMATYNY

Stopień kondensacji chromatyny w jądrze komórkowym wpływa na proces transkrypcji: im bardziej jest **zbita** chromatyna, tym **trudniej** czynnikom transkrypcyjnym przyłączyć się do nici DNA i rozpocząć transkrypcję. Dlatego zbita **heterochromatyna** jest **bierna** genetycznie, a luźna **euchromatyna** - **aktywna**.

