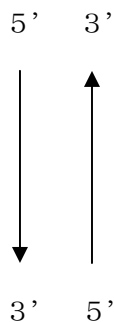


DNA <u>二重らせん</u> (立体構造) 相補的 (二本のポリヌクレオチド鎖) (図 6-6)	⇒	右巻き 太さ 2nm ピッチ 3.4nm
RNA 一本のポリヌクレオチド鎖		

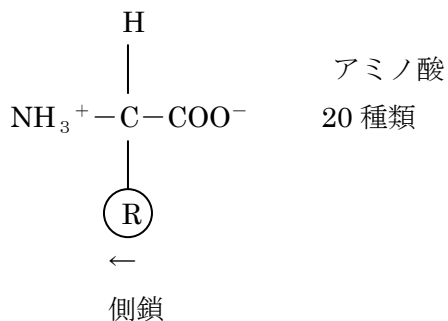
※DNA の二本鎖は反平行



塩基のついている炭素原子から数えて 1'~5'
(図 6-4 図 6-5 参照)

タンパク質

核酸	タンパク質
ヌクレオチド (4種類)	アミノ酸 (20種類)
ポリヌクレオチド	ポリペプチド
ホスホジエステル結合	ペプチド結合



アミノ酸

水溶性（親水性）

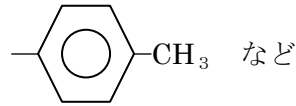
・極性（polar）有 荷電無

—OH { セリン
トレオニンなど
—NH₂ { アスパラギン
グルタミンなど

・荷電有

—CH₂—COO⁻ { アスパラギン酸
グルタミン酸など

不溶性（疎水性）



※ポリペプチドはアミノ酸がペプチド結合で鎖状になったもので、水中では折りたたみの立体構造をとる。アミノ基側を N（アミノ）末端、カルボキシル基側を C（カルボキシル）末端と言い、N 末端から 1, 2, … と数える。

ポリペプチド↑折りたたみ↑立体構造



機能分子（10 万種類）

ポリペプチド鎖↑（機能）タンパク質

特定のタンパク質：{ N } 決まっている
{ 配列 }

※アミノ酸残基（residue）：ポリペプチド鎖の中であって一つのアミノ酸として認識できるもの

A → B

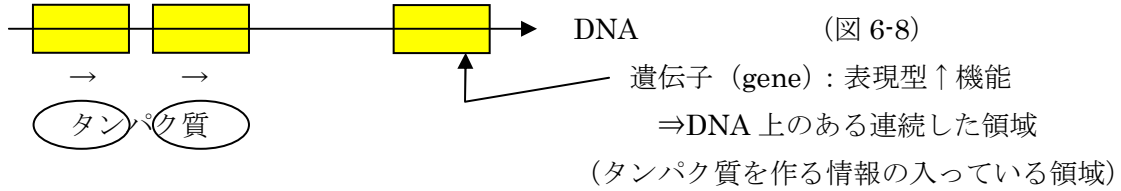


生体触媒（タンパク質）＝酵素

DNA … ヌクレオチド配列< 4文字> (一次元)

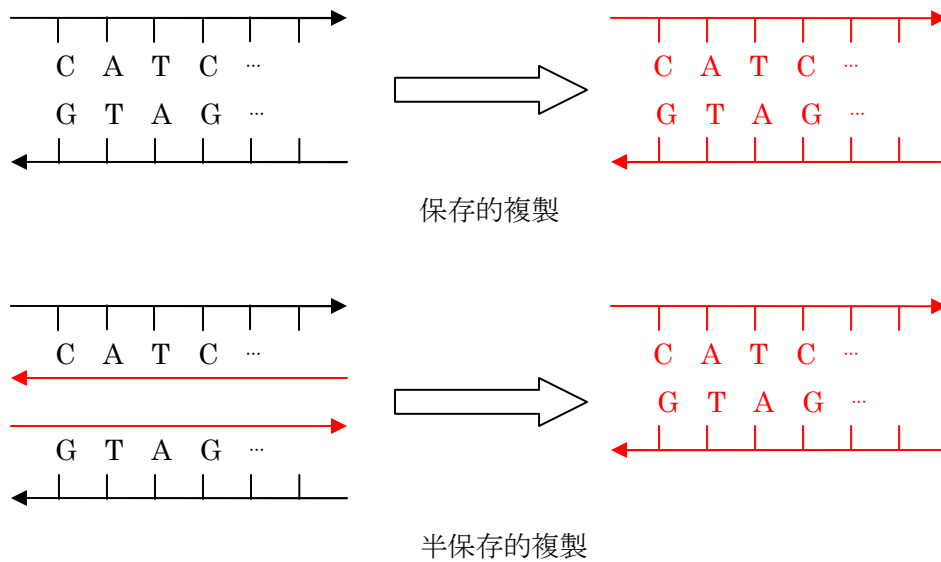
→

タンパク質設計 (タンパク質の一次構造) 一次元文字列



細胞分裂 ↑ DNA コピー

すでに存在する DNA (鋳型鎖) に対して相補的に DNA を複製する。



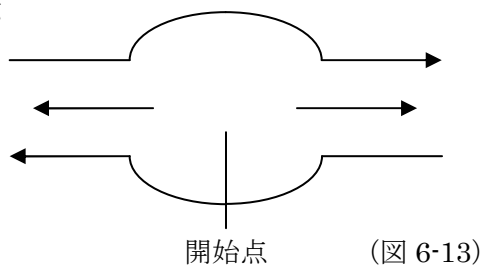
※実際には2本鎖を分けずに配列を読み取ることはできないので、半保存的複製である。

(図 6-11)

Polymer 合成

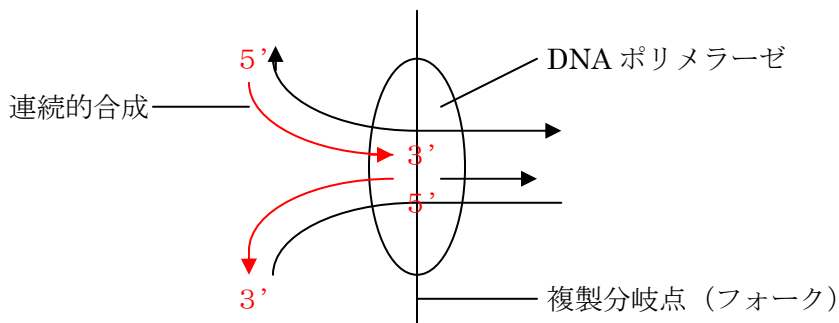
- ① 開始反応
- ② 伸長 (同じ反応) 反応
- ③ 停止反応

複製反応



DNA ポリメラーゼ (酵素) 一分子機械
DNA にヌクレオチドが付加する反応
の触媒
塩基と酵素間の水素結合で分子を認識

(図 6-13)



DNA ポリメラーゼ

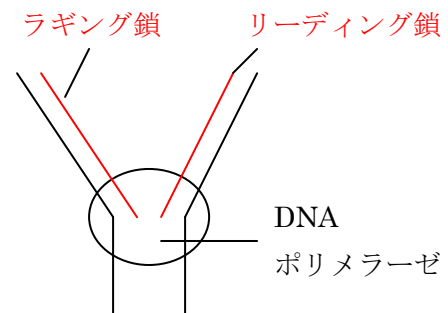
- ① (5' → 3'方向のみ) ホスホジエステル結合の形成
- ② 鋳型依存的合成
- ③ 校正作用 (間違いのゆらぎをとらえて除去し、再結合) (図 6-18)
- ④ プライマー依存性 (数個以上のヌクレオチド (元になるもの) がないと合成できない)
- ⑤ ヌクレアーゼ活性 (間違いの除去)

リーディング鎖では5' → 3'方向に連続的に DNA が合成されるがラギング鎖では不連続になる。



校正作用でヌクレオチドが除去されたときに3リン酸でなくなるためエネルギーが得られず結合できなくなり、DNA 合成がとまってしまうから

※リン酸無水結合を加水分解するとエネルギーが得られる。



不連続合成

連続的に合成できないので右図のように合成する
このときに一時的に合成される断片を岡崎フラグメント (数百 bp) という。

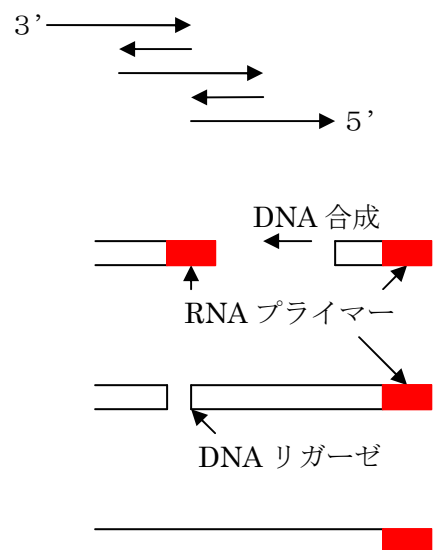
プライマー依存性により何も無いところに合成することはできないので、まず RNA プライマーを作り、そこから DNA プライマーを合成する。

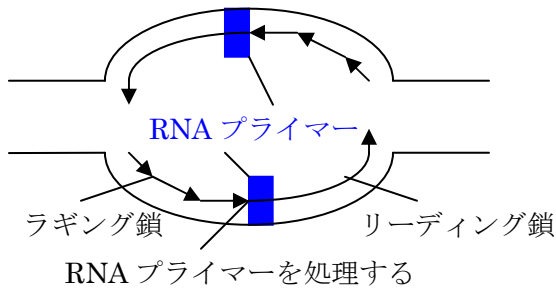
(岡崎フラグメント : RNA と DNA のキメラ断片)

前に作った RNA プライマーまで DNA を合成したら、それを5' → 3'方向のヌクレアーゼ活性で除去する。

(除去しつつ DNA を合成)

DNA リガーゼがニック (切れ目) を埋め DNA 断片をつなぐ。





開始反応

RNA ポリメラーゼでプライマー合成
最初の岡崎フラグメントの段階でリーディング鎖の RNA プライマーを処理する。

修正 (repair) システム

化学反応などで壊れたヌクレオチドを修復

※重要な遺伝子

全塩基数 3×10^9

タンパク質の情報 5×10^4 種類

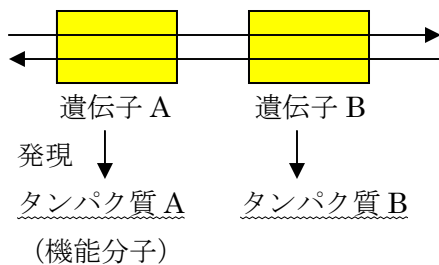
タンパク質一つあたりの平均アミノ酸数 500 個

アミノ酸一つあたりの平均塩基数 3 bp

タンパク質に必要な塩基数 $5 \times 10^4 \times 500 \times 3 = 7.5 \times 10^7 \approx 10^8$

約 3% が重要

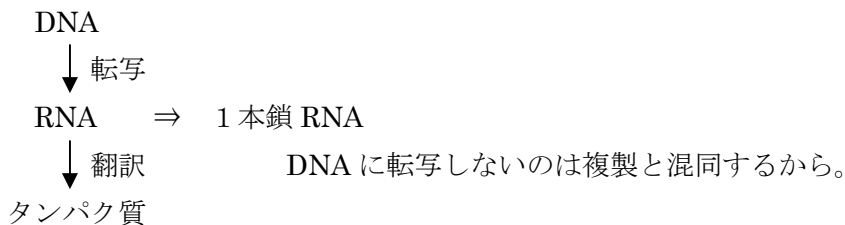
転写



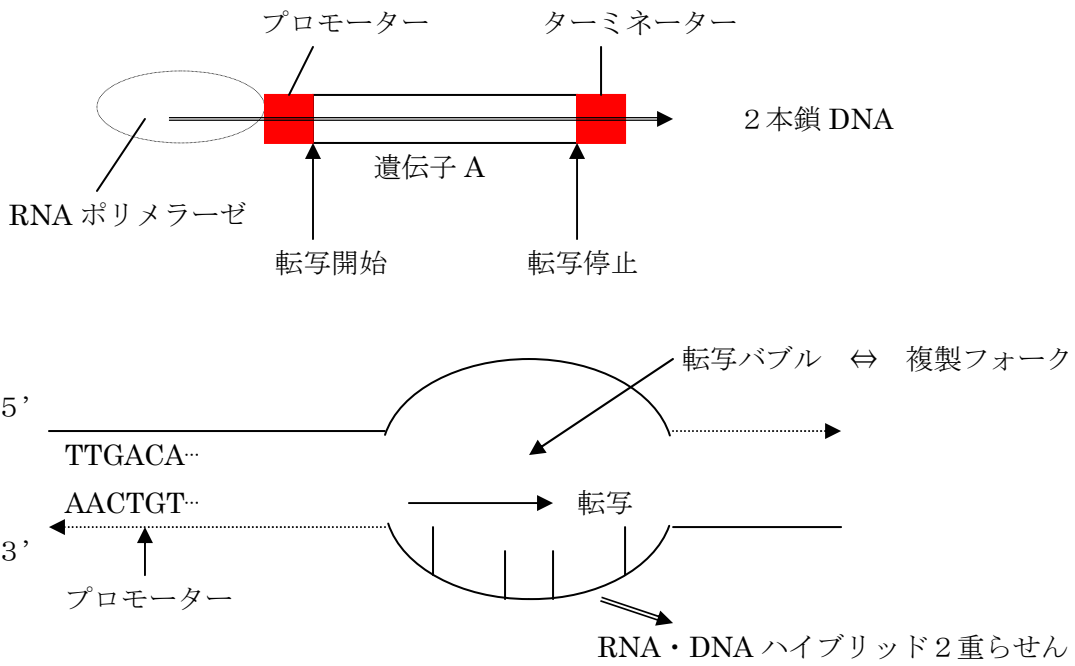
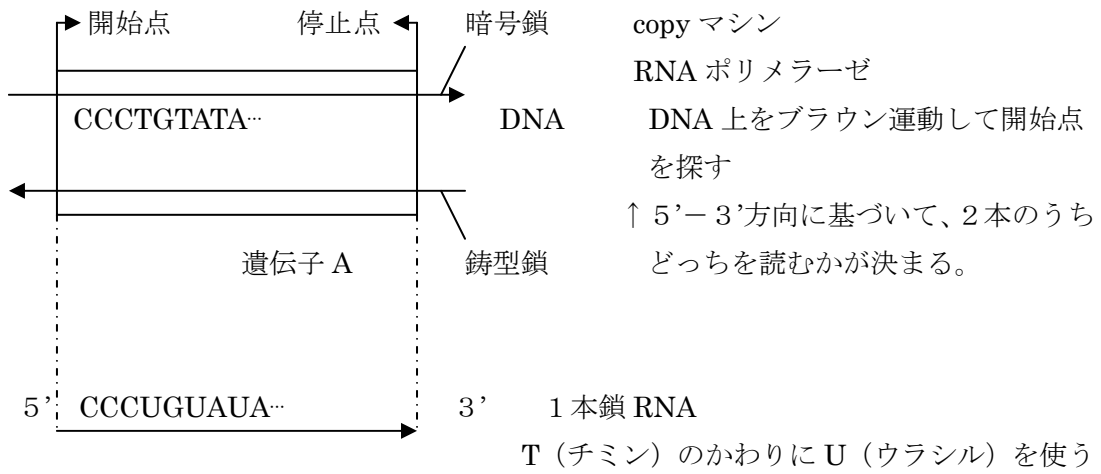
DNA 分子 36000 遺伝子

※タンパク質は DNA の情報からできるが、DNA は 2 本鎖の閉じた構造であるので、その情報を直接読み取ることはできない。(DNA は瞬間的にしか 1 本鎖にならない)

そこで、まず RNA に転写してから翻訳する。



転写方法

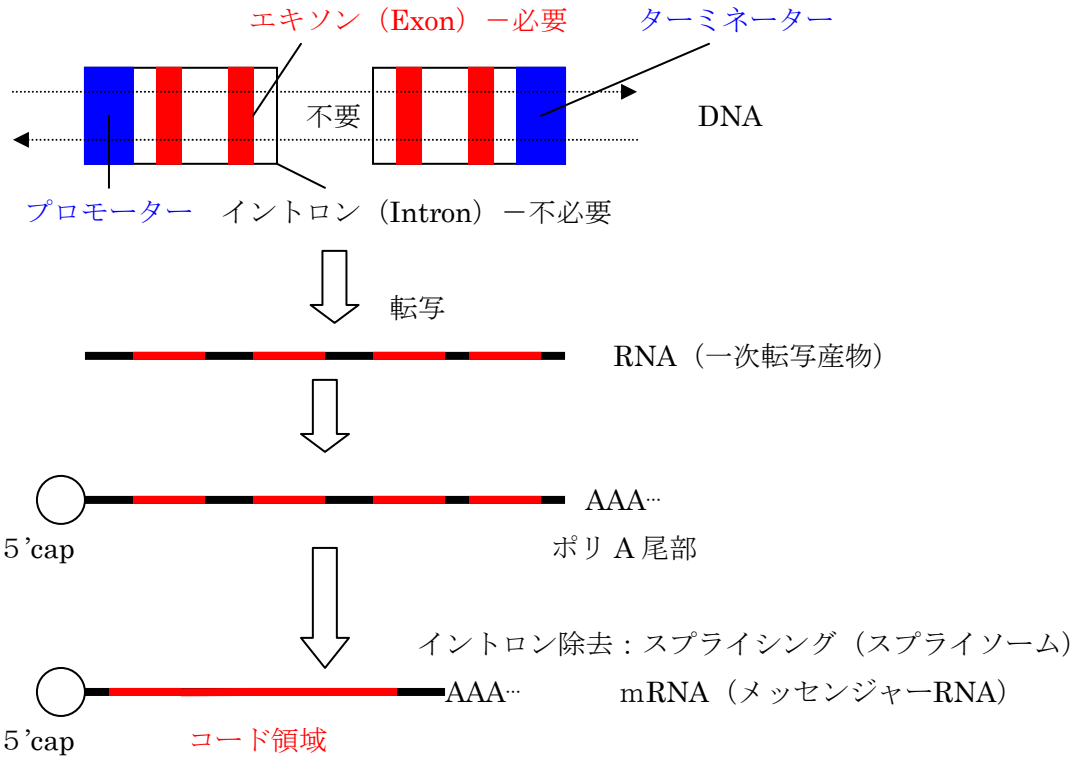


DNA ポリメラーゼ	RNA ポリメラーゼ
① 5'→3'ホスホジエステル結合	//
② 鋳型依存性	//

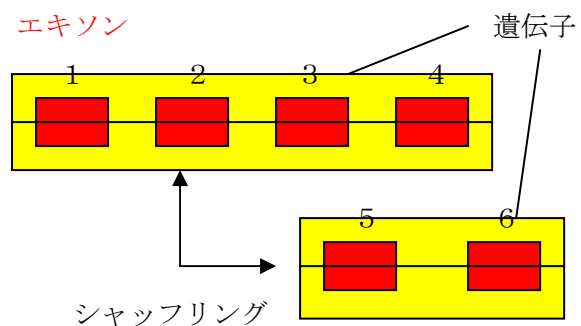
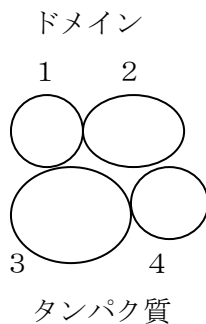
③ プライマー依存性 有	無

転写

- 1) 1本鎖ポリヌクレオチド
- 2) 一度に複数の遺伝子をコピーする



タンパク質の進化



タンパク質の進化

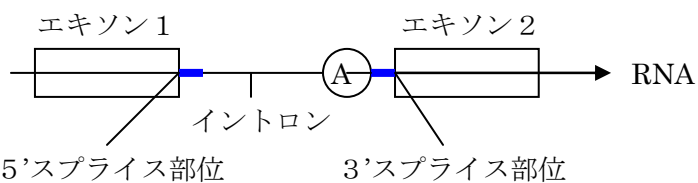
通常一つの遺伝子ごとに転写、翻訳されてタンパク質が合成されるが、まれに遺伝子間でエクソンが混同した状態でタンパク質が合成されるシャッフリングという現象がおこる。この場合の大半は生存に不利なように働くので後世に伝わることはないが、有利に働くようなときには後世に伝わる。これによってタンパク質が進化する。

※人間は 36000 遺伝子を持っており、その塩基数は約 6×10^7 で全塩基数が 3×10^9 であるから、その割合は 2% ほどである。これに対して大腸菌のような原核生物はほぼ 100% が重要である。

選択的スプライシング

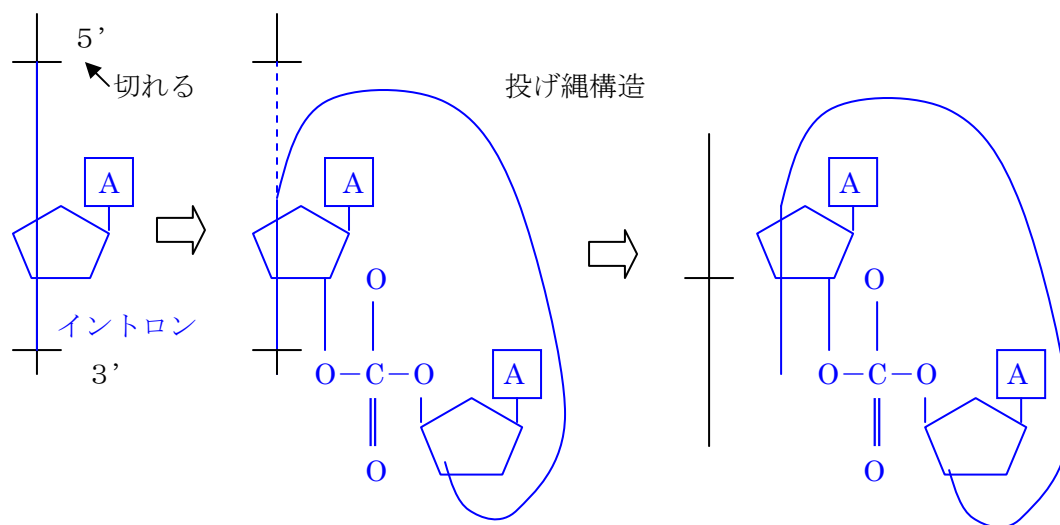
人間の持つ遺伝子は 36000 であるのにタンパク質は約 100000 存在する。これは遺伝子内のエクソンを取捨選択してスプライシングするという選択的スプライシングをすることで 1 遺伝子から複数のタンパク質を作っているからである。

スプライシング



※スプライセオソーム (spliceosome) : RNA とタンパク質の複合体

Ⓐ が決まった場所にある



タンパク質合成過程の行われる場所

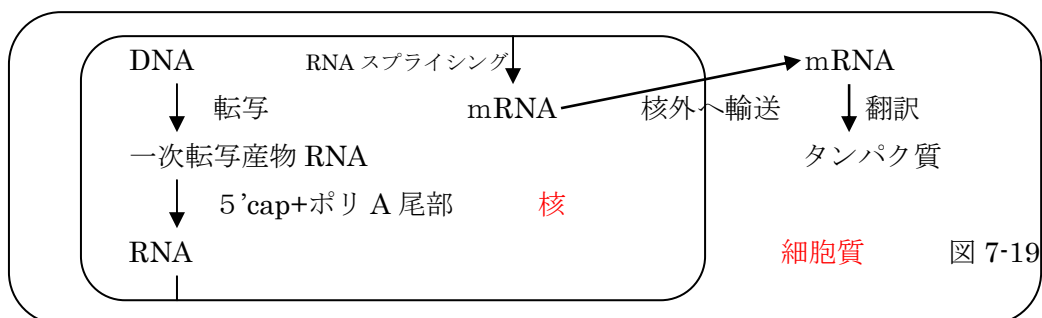


図 7-19

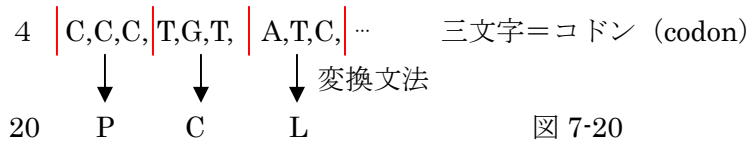
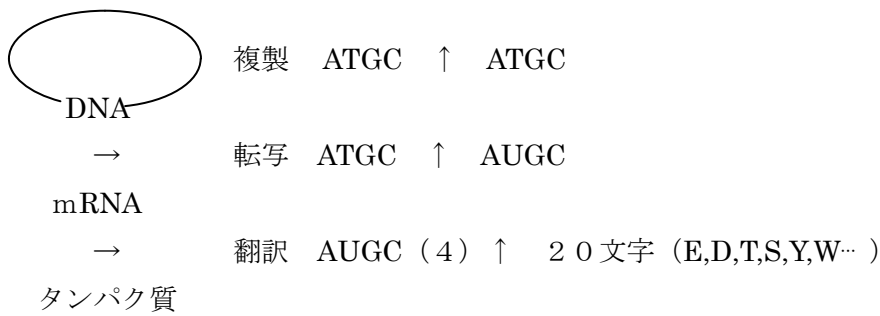
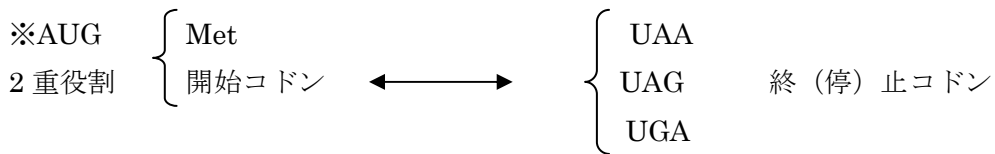
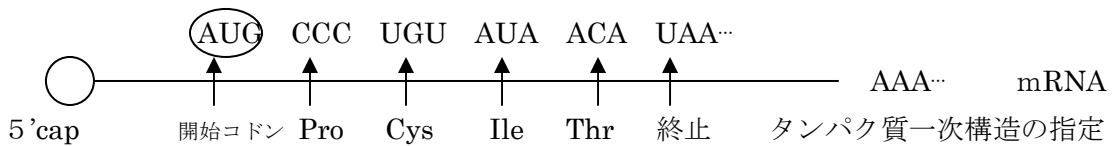


図 7-20

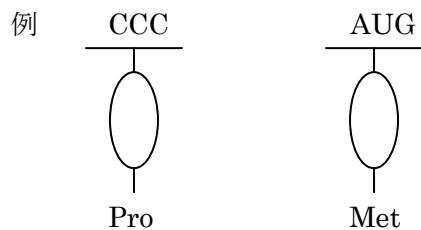
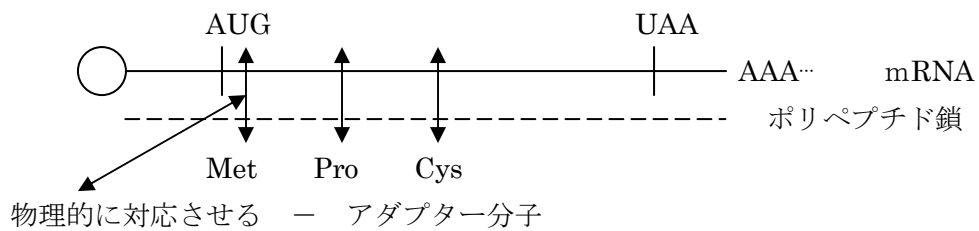


61 コドン → アミノ酸
 3 コドン → 終止



5'cap から見て最初の AUG が開始コドン

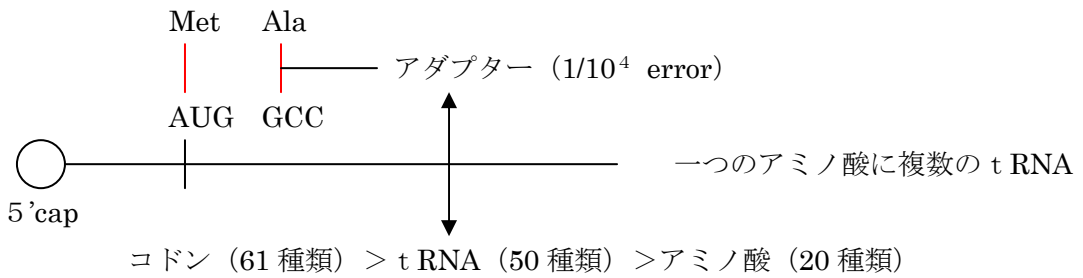
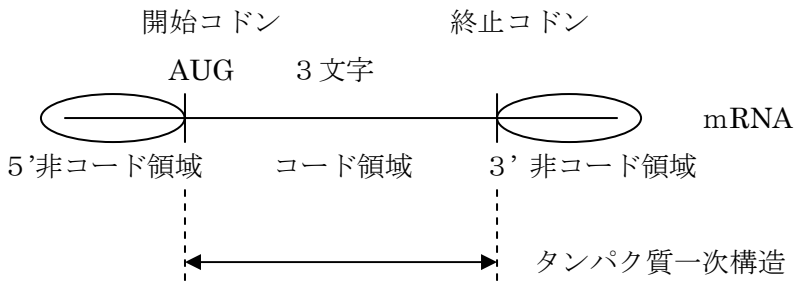
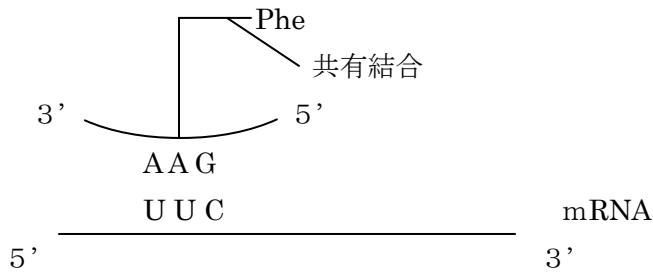
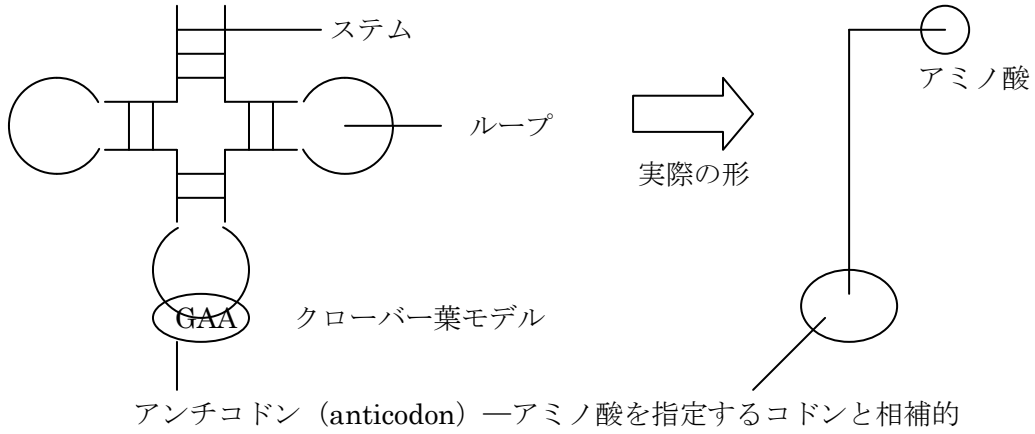
※ただ文字が並んでいるだけでは三種類の読み枠 (reading frame) があるが、開始コドンによって決定されている。



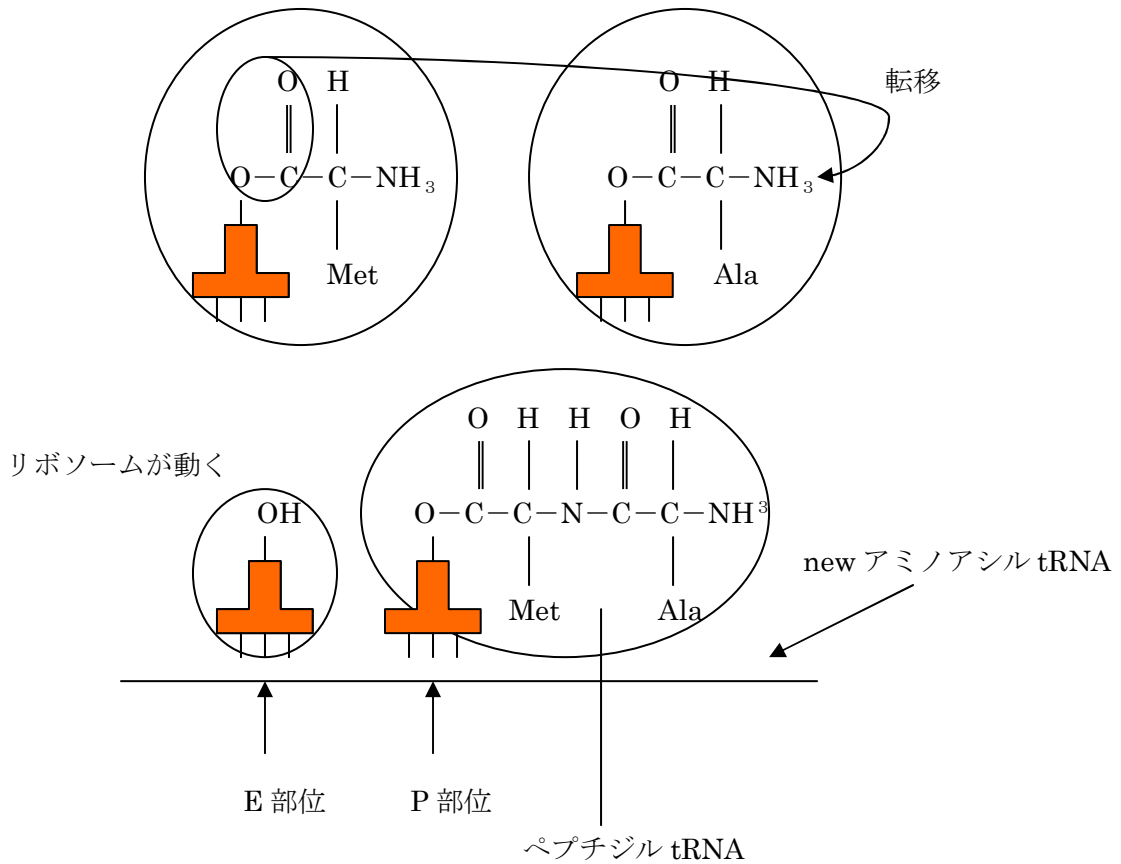
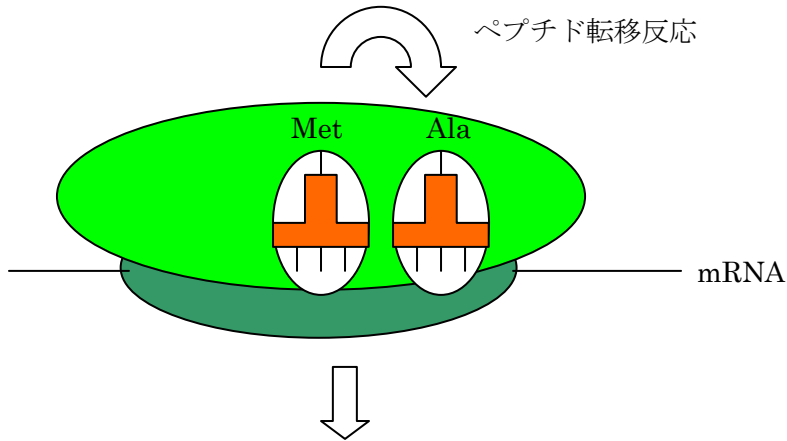
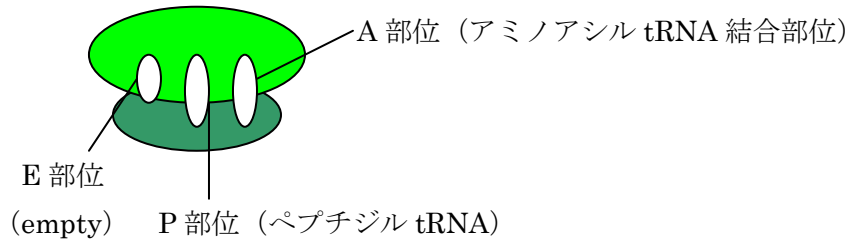
アダプター分子 ↑ tRNA (transfer RNA : 転移 RNA)

短い、1本鎖、分子内二重らせんとなる相補的構造 図 7-22

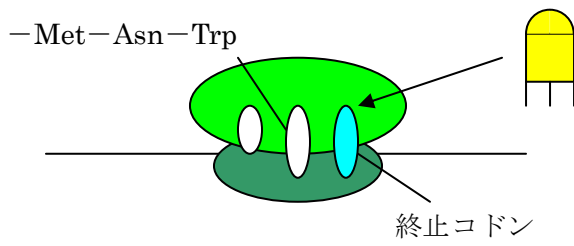
アミノ酸一つに対して一種類存在する



リボソーム (立体構造は図 7-26)



(図 7-27)



終止コドンには形が tRNA に似ているタンパク質が結合し、重合が停止する。
それから加水分解でタンパク質を切り離す。
最後にリボソームが解離。 (図 7-30)