

BAKTERİLERİN GENETİK YAPISI

Kromozom

bakteri hücrelerinde genellikle çift zincirli helikal çembersel (bazı bakterilerde lineer) yapıdaki DNA molekülü

Genom

kromozomal ve plazmitlerde bulunan toplam genetik bilgi

Nükleik asitler

- Ökaryotlar
 - Prokaryot
 - Virus
 - Plasmid,
 - Faj,
 - Transpozon ve
 - IS elementlerinin temel makromolekülleridir.
- Nükleik asitler başlıca iki yapısal özelliktedirler
 - Deoksiribonükleik asit (DNA)
 - Ribonükleik asit (RNA)

Tüm yaşamsal fonksiyonlar ve kalıtsal özellikleri yönetir

DNA

DNA molekülü iki polipeptid iplikçığının birbirine sarmal olarak bağlanması ile oluşan büyük moleküllerdir.

DNA yapısında 3 temel bileşen bulunmaktadır

1. Pürin veya primidin bazı

2. 5 karbonlu şeker (pentoz)

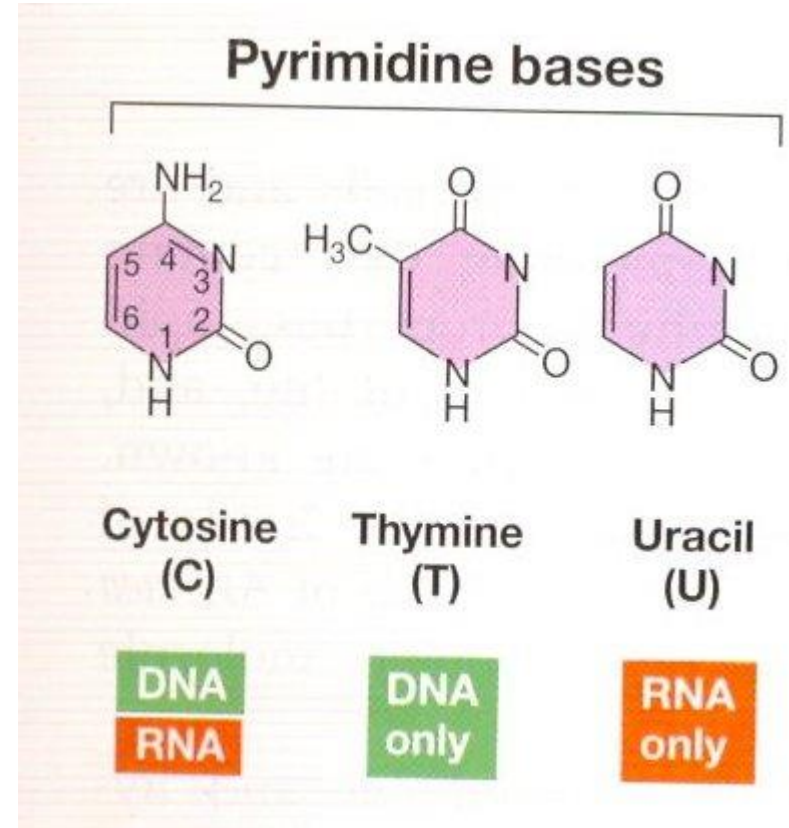
- deoksiriboz (DNA)
- riboz (RNA)

3. Ester bağı oluşturmuş fosfat molekülü: Nükleozidleri (pürin/primidin + pentoz) birbirine bağlar.

Fosfat bağları, pentoz moleküllerine, bir pentozun 5' pozisyonundaki C atomu ile diğer pentozun 3' pozisyonundaki C atomları arasında 5' 3' bağlantı yönünde bağlanır.

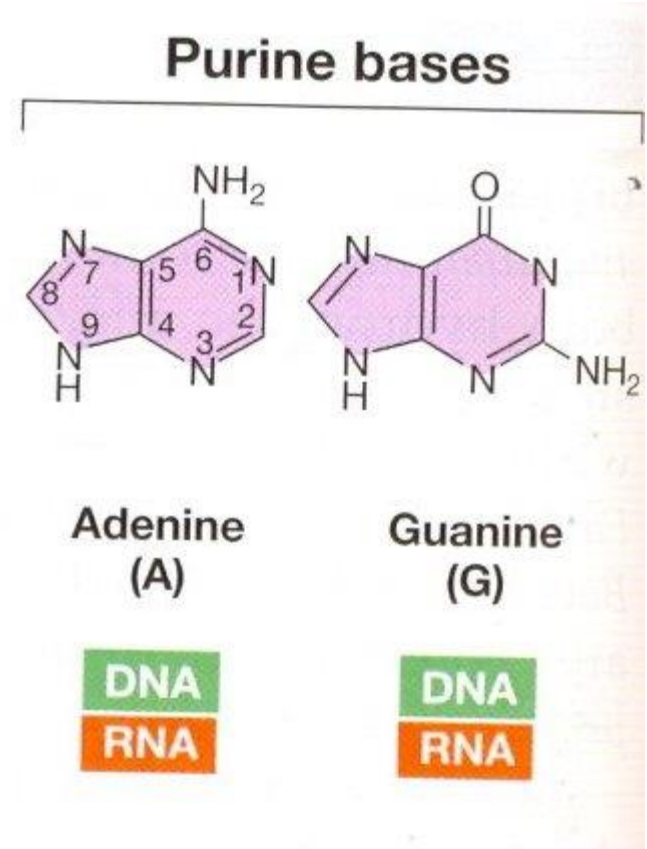
Primidin bazlar

- **Timin (T), Sitozin (S), Urasil (U)**
 - 4 karbon ve 2 nitrojen atomundan oluşan tek halkalı (6 köşeli) bir yapı
 - DNA yapısında timin ve sitozin, RNA yapısında timin yerine urasil



Purin bazlar

- **Adenin (A), Guanin (G)**
 - Pürin bazları, pirimidin deriveleridir. Yapısında 6 atomlu bir pirimidin halkası ve bu halka ile birleşmiş 5 atomlu imidazol halkası

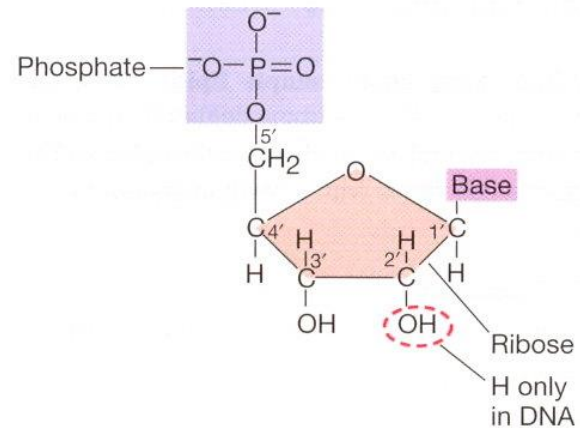


Pentoz Şekeri

5 karbonlu bir pentoz olan D-riboz ($C_5H_{10}O_5$) bulunmaktadır, ancak bu şekerin 2. pozisyonunda bulunan karbon atomuna bağlı oksijen bulunmamaktadır ($C_5H_{10}O_4$)(DNA)

Nukleotid

- Pürin /pirimidin + pentoz = **nükleozid**
- nükleozid + fosforik asit = **nükleotid**



• **Figure 3.8 Nucleotides.** The numbers on the sugar contain a prime (') after them because the ring structure in the nitrogen base is also numbered (1, 2, 3, etc.) (see Figure 3.9).

- Çok sayıda nükleotid birbirlerine bağlanarak polinükleotid

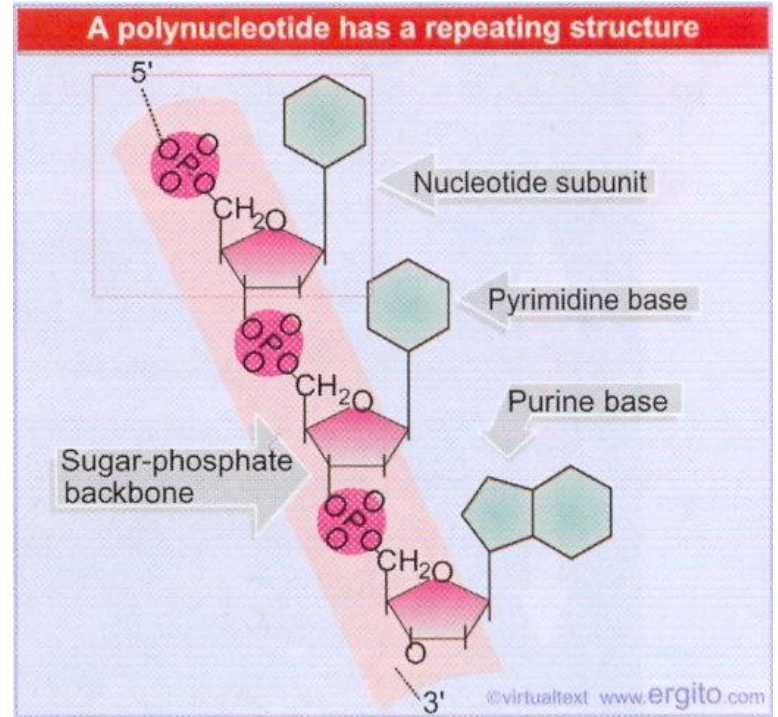


Figure 1.7 A polynucleotide chain consists of a series of 5'-3' sugar-phosphate links that form a backbone from which the bases protrude.

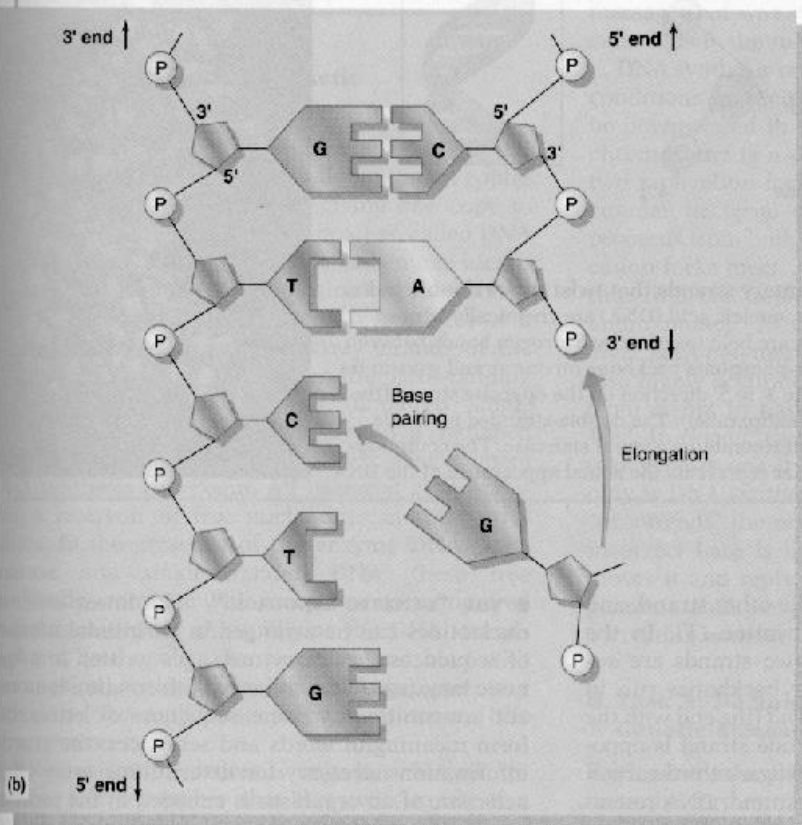
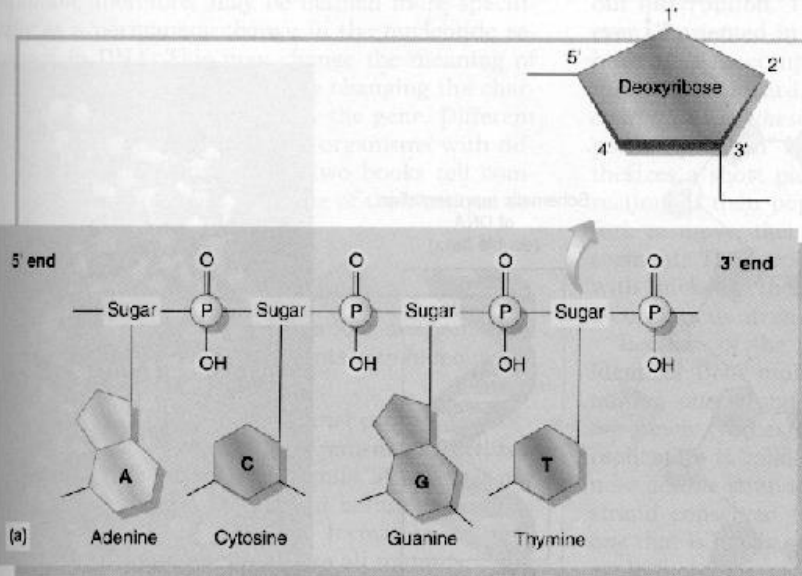


FIGURE 8-4 The nucleotides in DNA. (a) Each nucleotide consists of a deoxyribose sugar linked to a phosphate and to a base. Note that the carbon atoms in the sugar are numbered and that the phosphate adjoining adjacent nucleotides is always bonded to the 5' carbon of one nucleotide and the 3' carbon of the other. A single linear strand of DNA therefore has a 5' end and a 3' end. DNA is synthesized from the triphosphate precursors of these molecules. (b) Complementary nucleotides pair with one another. Adenine (A) specifically pairs with thymine (T); they are held together by two hydrogen bonds. Guanine (G) pairs with cytosine (C); they are held together by three hydrogen bonds. Base-pairing holds two linear DNA strands together.

- **DNA'da bir iplikçikte bulunan primidin bazları (timin, sitozin), diğer iplikçikte bulunan pürin bazları (adenin, guanin) ile karşılıklı olarak hidrojen bağları ile birleşmişlerdir.**
- **Adenin - Timin arasında **2****
- **Sitozin - Guanin arasında **3** hidrojen bağı**

- İki nükleotid iplikçığı, orta eksen etrafında sarmal sirküler ve çift iplikçikli bir yapı gösterir

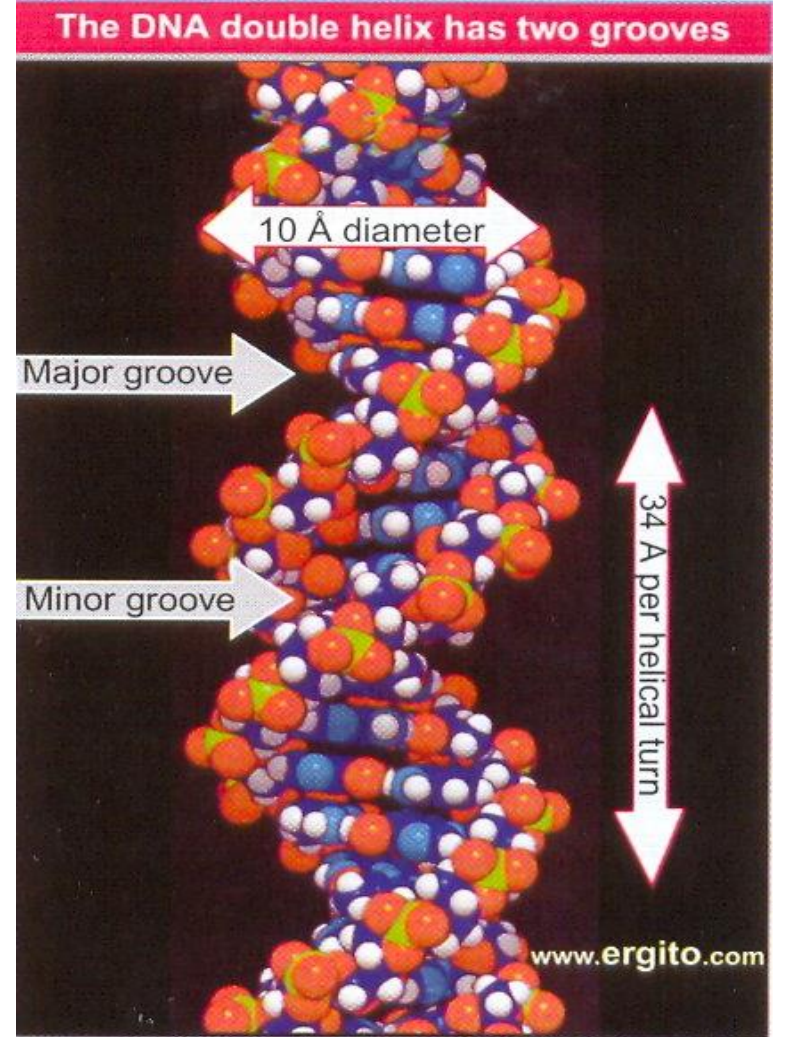


Figure 1.10 The two strands of DNA form a double helix.

DNA supercoiling

- İstirahat halindeki DNA; heliksin döndüğü yöne kıvrımlanırsa pozitif
- İstirahat halindeki DNA; heliksin döndüğü yönün tersine kıvrımlanırsa negatif (Bakteri hücrelerinde)

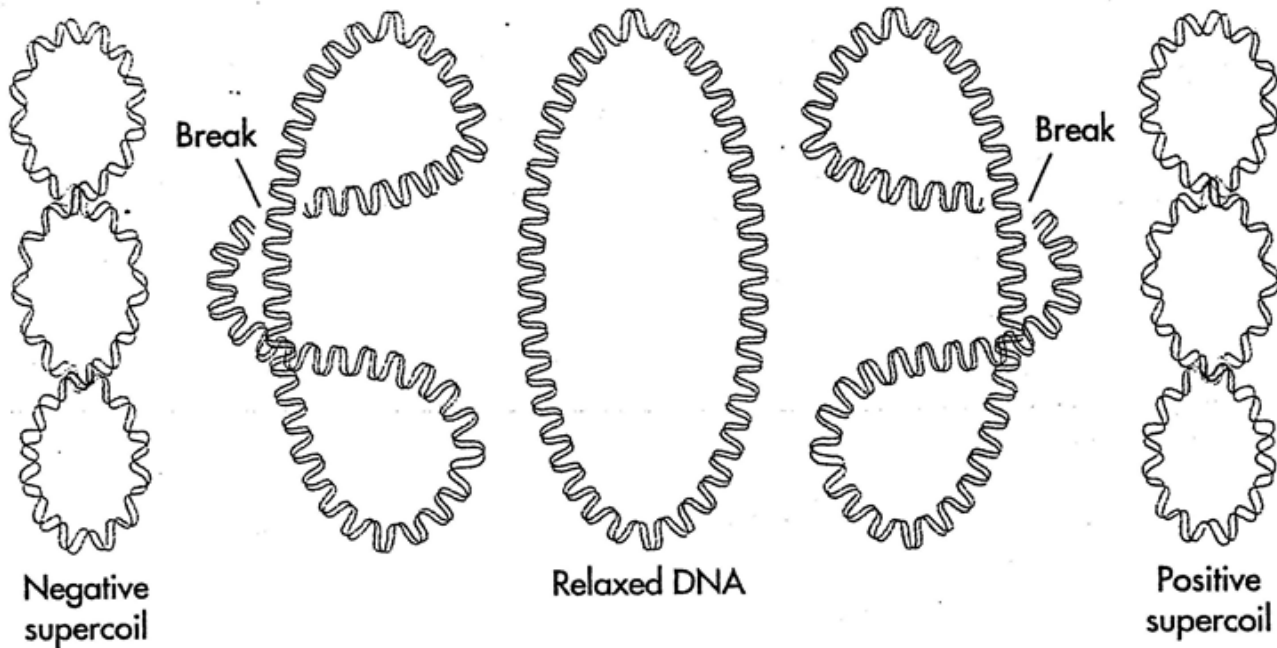


Fig. 6-9 Coiling of DNA. Relaxed DNA has a simple circular form. The DNA can be overwound (positively supercoiled) or underwound (negatively supercoiled). Within cells the DNA is compacted by negative supercoiling.

- **DNA molekülünde yer alan purin ve pirimidin moleküllerinin sayısı ve çeşitli olasılıklar altında diziliş sırası, şekilleri o tür için sabittir ve değişmez.**
- **DNA'nın sarmal ve özellikle çift iplikçikli olması ile genetik bilgiler garanti altına alınır.**

- İplikçiklerde bulunan 4 bazın diziliş sırasında yaşam için gerekli olan şifreler (genetik kodlar) saklı bulunur.

- Bu bazlardan yan yana bulunan 3 tanesi bir aminoasit kodlar (kodon) (Protein ile ilgili kodlama purin ve pirimidinli nukleotidlerin üçlü gruplar halinde dizilişi ile sağlanmaktadır).

- Kodonlar

- **Triplet**tir
- **Değişken**dir; her a.a için bir veya birden fazla triplet bulunur
- Birbirleri ile **çakışmazlar** - bağımsızdırlar; bir triplette bulunan bazlar aynı anda başka bir a.a in kodonu olamaz
- Kodonlar arası **boşluk** yoktur; bakterilerde kodonlar DNA veya RNA üzerinde yan yana aralıksız olarak devam ederler. İki triplet arasında herhangi bir baz veya sekans (**intron (kodlamayan sekans)**) bulunmaz,
- Viruslar ve ökaryotlarda ise intron bulunmaktadır.
- **Evrensel**dir; yani bakteride hangi a.a kodluyorsa ökaryot ve diğer organizmalarda da aynı a.a yı kodlar.

- **Canlıların her bir yaşamsal işlevini yöneten genetik birimlere **gen** adı verilir, uzunlukları yaklaşık **1000-1500** nükleotid çifti**
- **Dört ayrı nükleotidden oluşabilecek değişik üçlü sayısı **64** dür. Bunlardan **61** tanesi aminoasitleri kodlarken, **3** tanesi ise protein sentez basamaklarında sentezi sonlandırmada görev almaktadır.**

- DNA molekülü iki iplikçiğın birbirine sarılması ile oluşan **çift iplikçikli bir sarmaldır**. Bu sarmal kendi üzerine dönüşlerle bir yapı oluşturur (**Süper sarmal**). Bu oluşumun meydana gelmesinde **topoizomeras** adı verilen enzimler rol oynamaktadır.

TOPOİZOMERAZLAR

Bakteriyel

- Tip 1 topoizomerazlar (topoizomeraz I ve III):
 - **Negatif** süpersarmal DNA molekülünün **tek** bir iplikçiginde ve geçici bir süre için kopmalar ve tekrar birleşmeler yapar.
 - Süpersarmal yapıdaki DNA'yı açarak **istirahat** formuna dönüştürür, **enerjiye ihtiyaç göstermez.**
 - Enzim DNA iplikçiklerinden birine bağlanır kopma yapar, ikinci sağlam iplikçigin bu açıklıktan geçmesini sağlar ve ayrılan iki ucu hemen kapatır.
- Tip 2 topoizomerazlar (topoizomeraz IV ve DNA giraz- *E.coli*):
 - ATP'den enerji sağlayarak, **pozitif** süpersarmal DNA'nın her **iki** iplikçiginde kısa bir süre için kopmalar yapar ve molekülü istirahat haline getirir.
 - **Enerjiye ihtiyaç gösterir**
 - **DNA giraz bakteri hücrelerinde negatif süpersarmal oluşumunda rol oynayan tek enzimdir.**

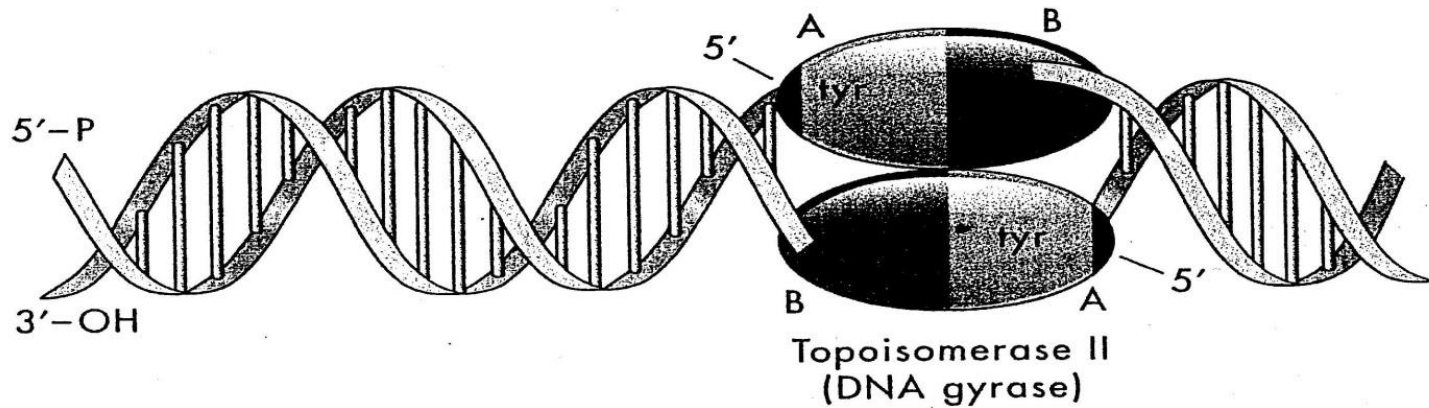
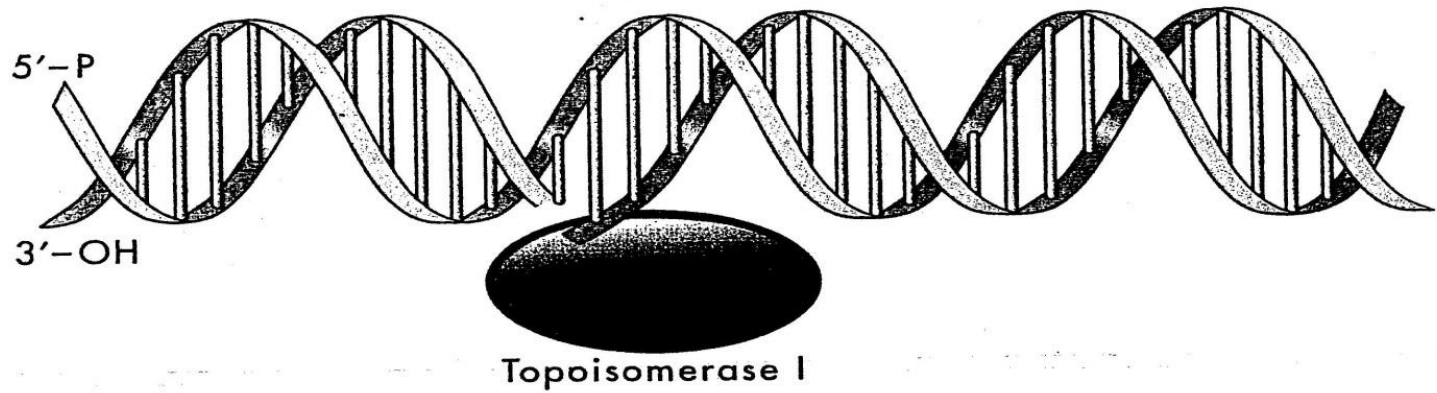
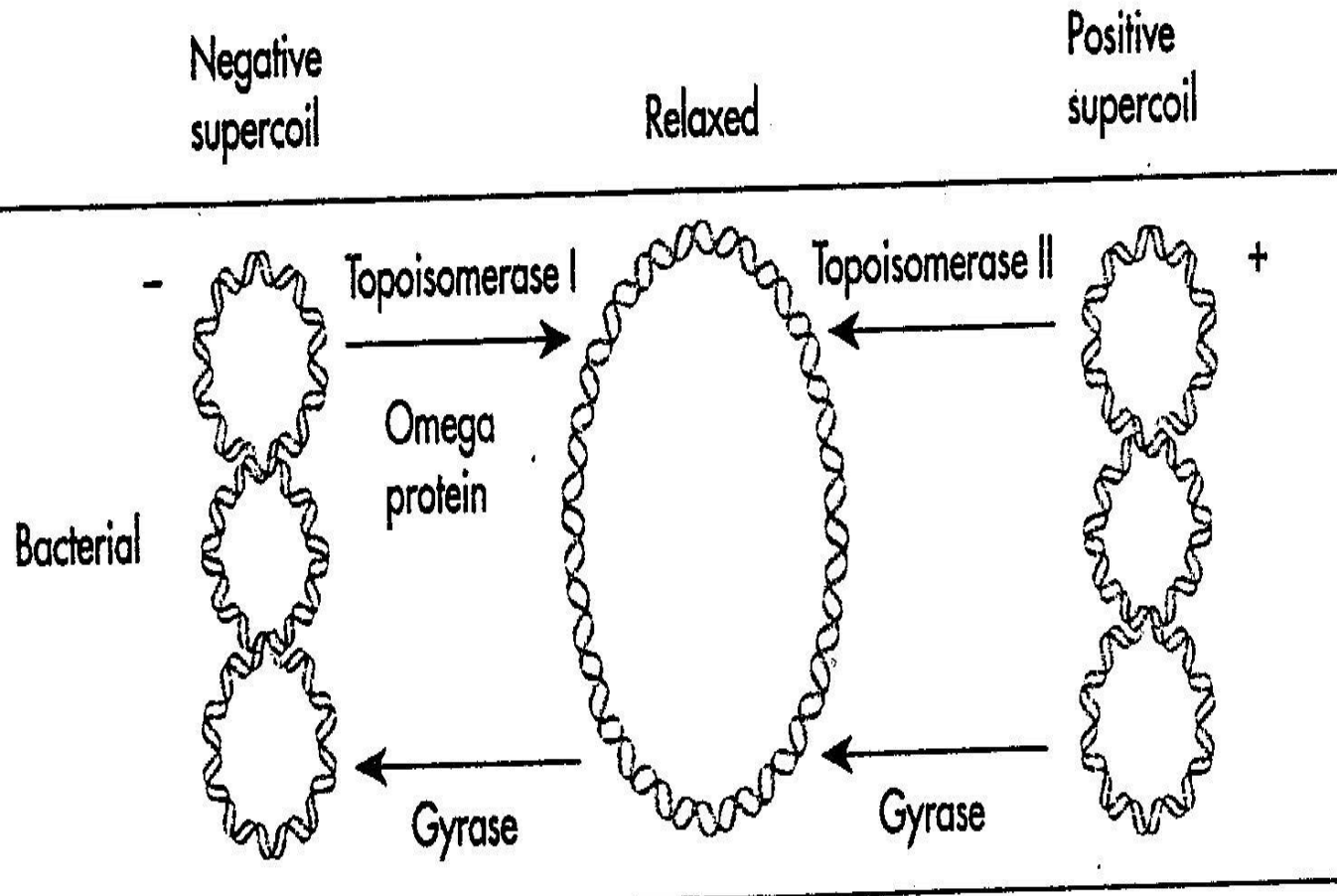


Fig. 6-17 Mechanism of Action of Topoisomerases I and II. Type I DNA topoisomerases break one strand of the double helix, pass it around the other strand, and reseal the nick. No energy is required for this activity. Type II DNA topoisomerases break both strands, pass the strands around another part of the double helix, and covalently link the strands back together. Energy from ATP is required. Topoisomerase I has one subunit only. Topoisomerase II has two subunits designated A and B. Each 5'-P end of the DNA strand binds to a tyrosine (tyr) in the DNA gyrase.



- **Bakterilerde bulunan DNA giraz enzimi daha çok istirahat halinde bulunan DNA molekülünü negatif süpersarmal haline getirmektedir yani süpersarmal oluşumunu katalizleyen fonksiyona sahiptir**

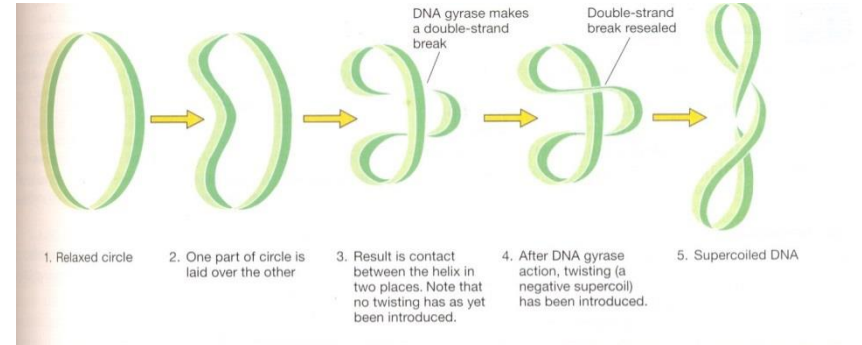


Figure 7.10 DNA gyrase. Introduction of supercoiling into a circular DNA by activity of DNA gyrase (topoisomerase II), which makes double-strand breaks. DNA gyrase introduces a *negative* supercoil into DNA.

KİNOLON GRUBU
ANTİBAKTERİYELLERİN ETKİSİ DNA
GYRASE ENZİM alt ünite A BLOKAJI

NOVOBİOSİN ETKİSİ DNA GYRASE

ENZİM alt ünite B BLOKAJI

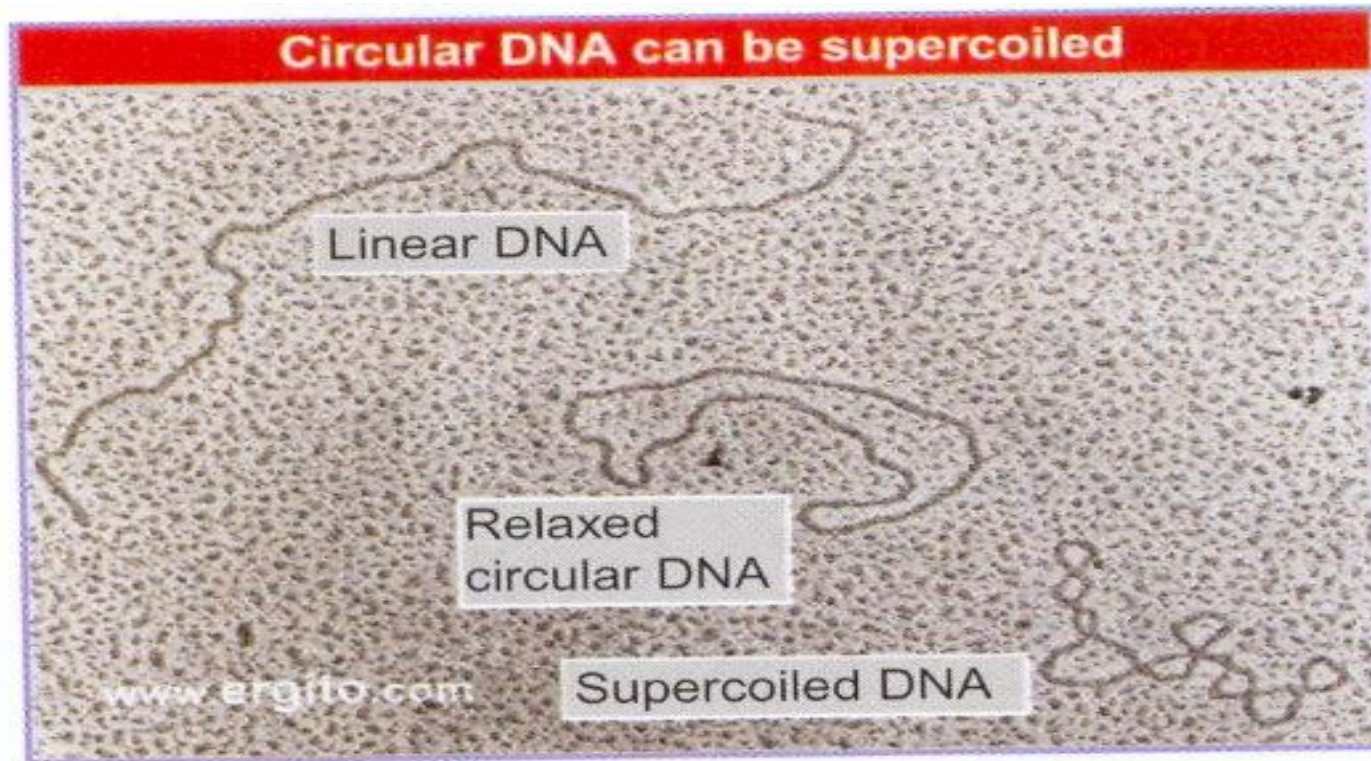


Figure 15.19 Linear DNA is extended, a circular DNA remains extended if it is relaxed (nonsupercoiled), but a supercoiled DNA has a twisted and condensed form.

DNA'nın BÜYÜKLÜĞÜ

25% of bacterial dry mass is concerned with gene expression

Component	Dry Cell Mass (%)	Molecules /cell	Different types	Copies of each type
Wall	10	1	1	1
Membrane	10	2	2	1
DNA	1.5	1	1	1
mRNA	1	1,500	600	2-3
tRNA	3	200,000	60	>3,000
rRNA	16	38,000	2	19,000
Ribosomal proteins	9	10 ⁶	52	19,000
Soluble proteins	46	2,0 x 10 ⁶	1,850	>1,000
Small molecules	3	7.5 x 10 ⁶	800	

©virtualltext www.ergito.com

Sequenced genomes vary from 470-40,000 genes

Species	Genome (Mb)	Genes	Lethal loci
<i>Mycoplasma genitalium</i>	0.58	470	~300
<i>Rickettsia prowazekii</i>	1.11	834	
<i>Haemophilus influenzae</i>	1.83	1,743	
<i>Methanococcus jannaschii</i>	1.66	1,738	
<i>B. subtilis</i>	4.2	4,100	
<i>E. coli</i>	4.6	4,288	1,800
<i>S. cerevisiae</i>	13.5	6,034	1,090
<i>S. pombe</i>	12.5	4,929	
<i>A. thaliana</i>	119	25,498	
<i>O. sativa</i> (rice)	466	~40,000	
<i>D. melanogaster</i>	165	13,601	3,100
<i>C. elegans</i>	97	18,424	
<i>H. sapiens</i>	3,300	<40,000	

©virtualltext www.ergito.com

Figure 3.9 Genome sizes and gene numbers are known from complete sequences for several organisms. Lethal loci are estimated from genetic data.

Genomes have nucleic acids

Genome	Gene Number	Base Pairs
Organisms		11
Plants	<50,000	<10 ⁹
Mammals	30,000	~3 x 10 ⁹
Worms	14,000	~10 ⁸
Flies	12,000	1.6 x 10 ⁷
Fungi	6,000	1.3 x 10 ⁷
Bacteria	2-4,000	<10 ⁸
Mycoplasma	500	<10
dsDNA Viruses		
Vaccinia	<300	187,000
Papova (SV40)	~6	5,226
Phage T4	~200	165,000
ssDNA Viruses		
Parvovirus	5	5,000
Phage φX174	11	5,387
dsRNA Viruses		
Reovirus	22	23,000
ssRNA Viruses		
Coronavirus	7	20,000
Influenza	12	13,500
TMV	4	6,400
Phage MS2	4	3,569
STNV	1	1,300
Viroids		
PSTV RNA	0	359
Scrapie		
Prion	?	?

©virtualltext www.ergito.com

Figure 1.46 The amount of nucleic acid in the genome varies over an enormous range.

Useful genome sizes

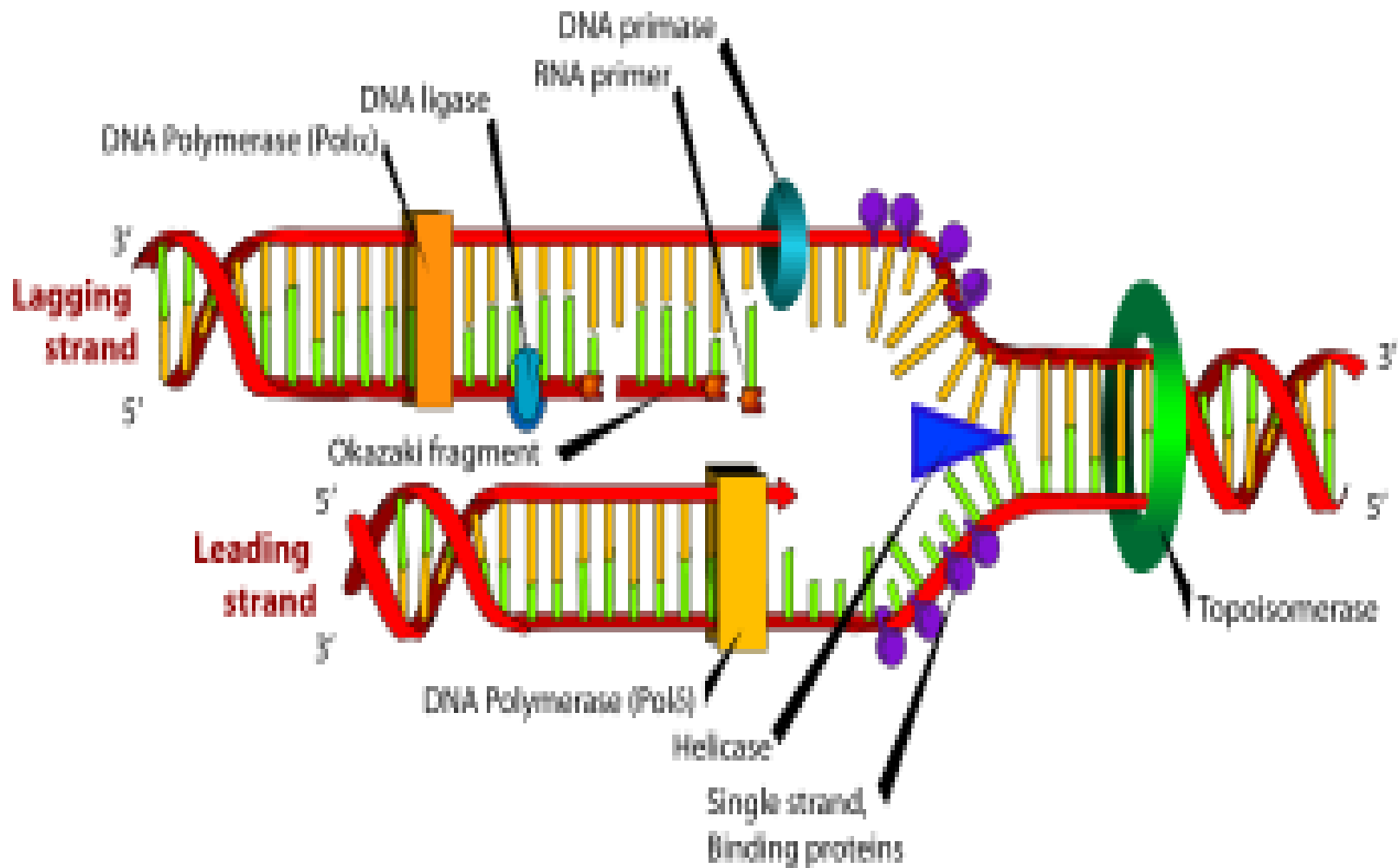
Phylum	Species	Genome (bp)
Algae	<i>Pyrenomas salina</i>	6.6 x 10 ⁵
Mycoplasma	<i>M. pneumoniae</i>	1.0 x 10 ⁶
Bacterium	<i>E. coli</i>	4.2 x 10 ⁶
Yeast	<i>S. cerevisiae</i>	1.3 x 10 ⁷
Slime mold	<i>D. discoideum</i>	5.4 x 10 ⁷
Nematode	<i>C. elegans</i>	8.0 x 10 ⁷
Insect	<i>D. melanogaster</i>	1.4 x 10 ⁸
Bird	<i>G. domesticus</i>	1.2 x 10 ⁹
Amphibian	<i>X. laevis</i>	3.1 x 10 ⁹
Mammal	<i>H. sapiens</i>	3.3 x 10 ⁹

©virtualltext www.ergito.com

Figure 3.7 The genome sizes of some common experimental organisms.

DNA REPLİKASYONU

- **Topoisomerase** ile süpersarmal açılır
- Aynı anda DNA'nın mezozoma tutunduğu noktada **helikase** enzimi (helikaz ve rep proteinleri) ile iki DNA iplikçığı arasında açılma oluşur
- Stabilizasyon proteinleri (**Single strand binding – SSB**) DNA'nın açık kalmasını sağlar
- Replikasyonda rol oynayan ana enzim **DNA polimerase III** (DNA replikaz) enzimidir. (**replizom**: polimeraz 3 ve ilgili protein yapılar), bu enzim 5'—3' yönünde çalışır. Ayrılmış olan iplikçiklerden 3'– 5' yönünü kalıp olarak kullanarak yeni 5' – 3' yönündeki iplikçığı bir bütün olarak sentezler.
- Diğer iplikçik 3' – 5' yönünde sentezlenir. DNA polimerase III 5' – 3' yönünde çalışır bu nedenle bu iplikçik bir bütün halinde sentezlenemez. Devreye **primase** (RNA polimeraz) enzimi girer, yaklaşık 10 nükleotid uzunluğunda bir primer oluşturur eklenen primerler arasında kalan yaklaşık 1000-2000 nükleotidlik segmentlere **Okazaki segmentleri** adı verilmektedir. DNA polimerase III bu pDNA'ları kullanarak iki primer arasındaki bölgeyi sentezler. İşlem sonrasında **DNA polimerase I** devreye girer, primerleri ortamdan kaldırıp boşlukları doldurur
- DNA **ligaz** enzimi ile fosfodiester bağları oluşturulur



Leading and lagging strands are coordinated

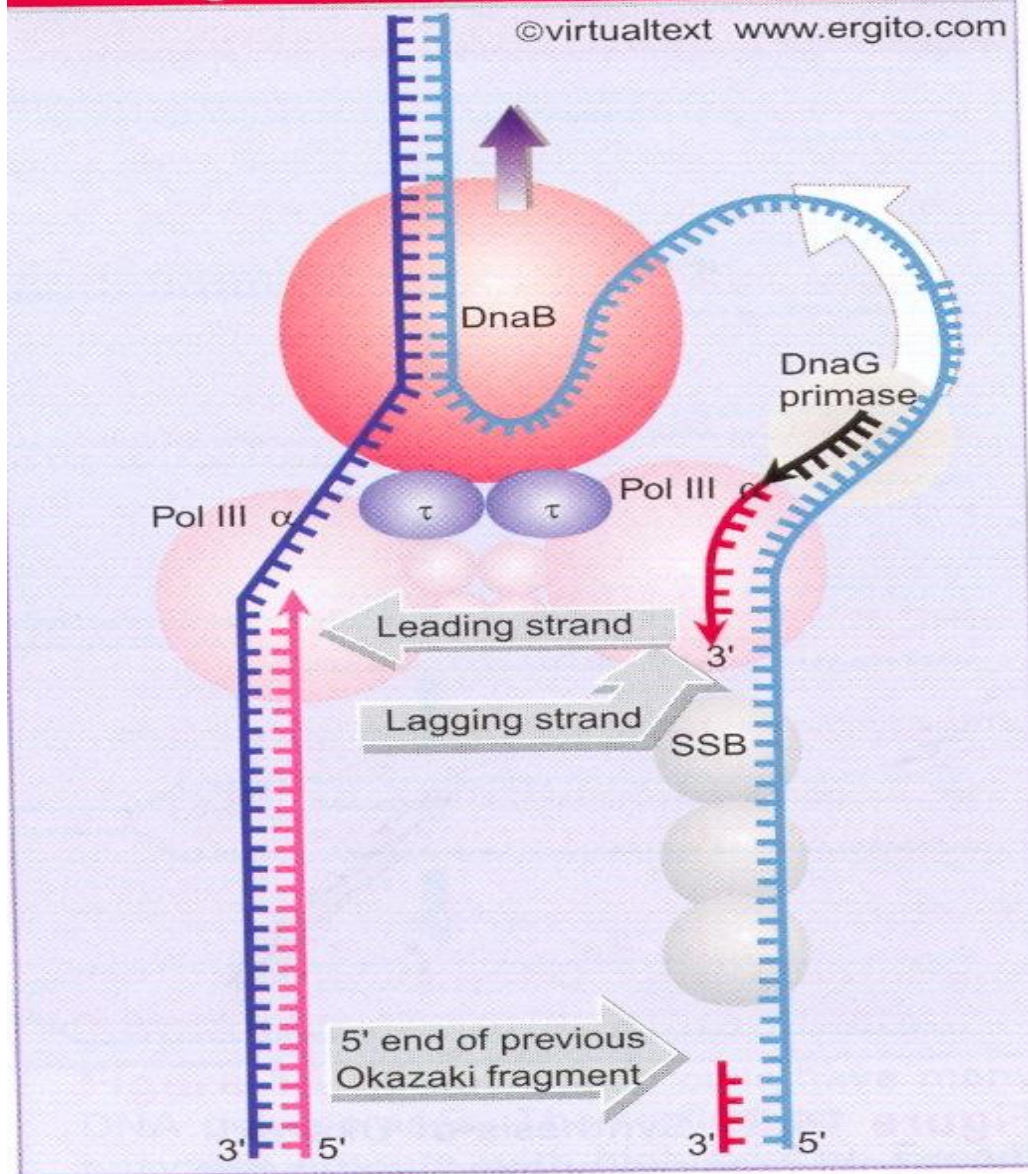


Figure 14.20 Each catalytic core of Pol III synthesizes a daughter strand. DnaB is responsible for forward movement at the replication fork.

DNA polimeraz Özellikler

Property	Polymerase I	Polymerase II	Polymerase III
Initiation of chain synthesis	-	-	-
5'-P → 3'-OH elongation of primer	+	+	+
3'-OH → 5'-P exonuclease activity	+	+	+
5'-P → 3'-OH exonuclease activity	+	-	+
Gap filling	+	-	-
Molecular weight	190,000	120,000	380,000
Molecules/cell	400	75	15

DNA polimeraz yapı

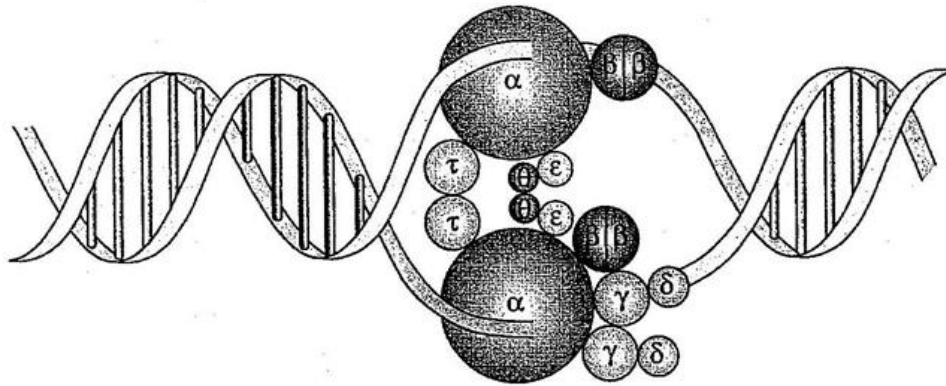


Fig. 6-19 Component Structure of DNA Polymerase III. The DNA polymerase III holoenzyme is a complex of subunits and is responsible for synthesizing the leading and the lagging strands during DNA replication. The α subunits are mainly responsible for the synthesis of new DNA, the ϵ subunits are mainly responsible for $3' \rightarrow 5'$ proofreading, and the θ subunits are responsible for assembly. The τ subunits cause the dimerization of the α - ϵ - θ complex. This complex also binds two γ - δ complexes and four β subunits, that enhance the formation of a primer-temple complex and processivity of the holoenzyme.

Table 7.3**Major enzymes involved in DNA replication in *Bacteria***

Enzyme	Encoding genes	Function
DNA polymerase III	<i>polC; dnaE, Q, N, X; holA-E; mutD</i>	Main polymerizing enzyme
DNA polymerase I	<i>polA</i>	Excises RNA primer and fills in gaps
Helicase	<i>dnaB</i>	Unwinds helix at the replication fork
Primase	<i>dnaG</i>	Primes new strands of DNA
Origin-binding protein	<i>dnaA</i>	Binds to origin of replication site; facilitates melting to open the complex
Single-strand binding protein	<i>ssb</i>	Prevents opened helix from annealing
DNA ligase	<i>ligA, lig B</i>	Seals nicks in DNA

Replikasyon sonrası DNA modifikasyonu

- Bu mekanizma ile çift zincirli DNA'nın belirli bölgelerine işaretler konulur, bu sayede hücre kendi DNA sı ile yabancı hücre arasında ayırım yapabilir
- Bazı adenin ve sitozinlere metilazlar aracılığı ile metil grupları eklenir. (5-metiladenin ve 5-metilsitozin)
- Bu metilasyon sonucu ortaya çıkan patern o cins için spesifiktir, böylece DNA kendi hücre tarafından üretilen restriksiyon endonükleazları tarafından ortadan kaldırılmaz

Pek çok bakteri hücrelerinde kromozomal DNA dışında, sitoplazmada bulunan ve **plazmid adı verilen, dairesel yapıda DNA moleküllerine de rastlanır.**

GEN SUNULMASI (EKSPRESYONU)

Gen sunumu DNA tarafından şifrelenen bilginin mRNA'ya aktarılması demek olan **transkripsiyon** (yazılım) ve oluşan bilginin protein moleküllerine dönüştürüldüğü **translasyon** (çevrim) sürecidir.

- mRNA (ulak, mesaj taşıyıcı RNA)
- tRNA (transfer RNA)
- rRNA (ribozomal RNA)

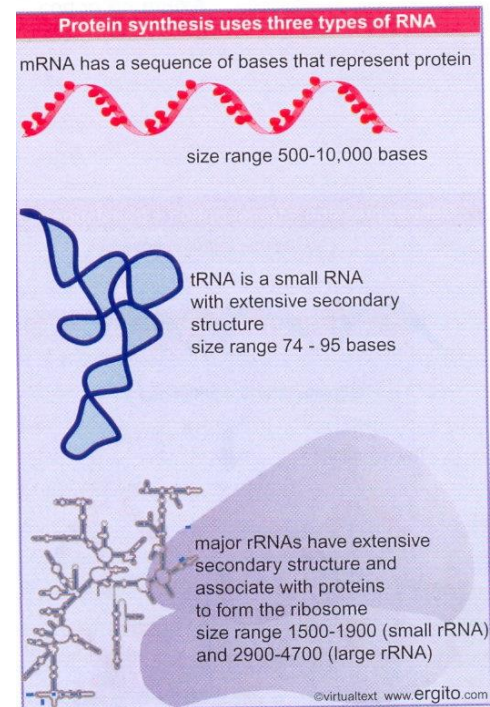


Figure 5.1 The three types of RNA universally required for gene expression are mRNA (carries the coding sequence), tRNA (provides the amino acid corresponding to each codon), and rRNA (a major component of the ribosome that provides the environment for protein synthesis).

25% of bacterial dry mass is concerned with gene expression

Component	Dry Cell Mass (%)	Molecules /cell	Different types	Copies of each type
Wall	10	1	1	1
Membrane	10	2	2	1
DNA	1.5	1	1	1
mRNA	1	1,500	600	2-3
tRNA	3	200,000	60	>3,000
rRNA	16	38,000	2	19,000
Ribosomal proteins	9	10^6	52	19,000
Soluble proteins	46	2.0×10^6	1,850	>1,000
Small molecules	3	7.5×10^6	800	

mRNA (Massenger, ulak, mesaj taşıyıcı RNA)

- Tek iplikçikli, düz ve iki ucu açıktır. Hücre içerisindeki RNaz enzimleri tarafından hızla tahrip edilir ömrü 2-3 dakikadır.
- 5' ucunda translasyonun başlatılması için gerekli sinyali veren ve 30s ribozomal alt üniteye bağlanan AUG kodonu ve bu kodondan sola doğru bulunan nükleotid sıraları (**Shine Dalgarno-SD** sıraları) bulunur

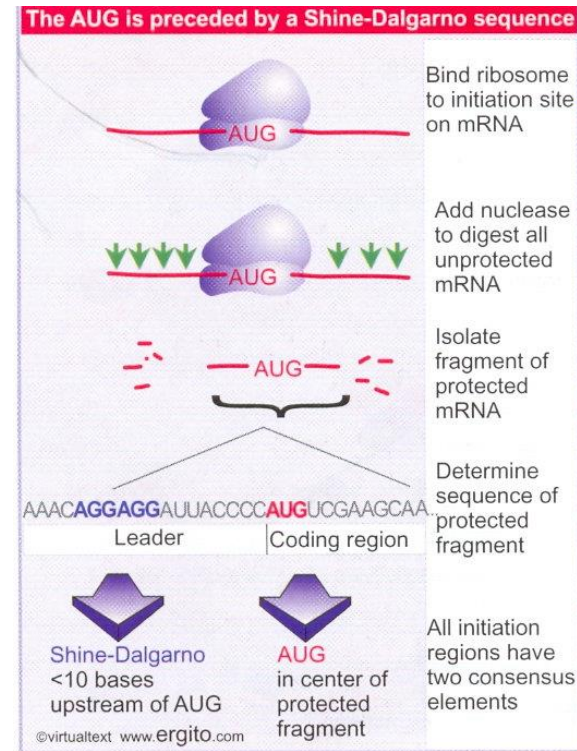


Figure 6.16 Ribosome-binding sites on mRNA can be recovered from initiation complexes. They include the upstream Shine-Dalgarno sequence and the initiation codon.

- Bakteriyel mRNA polisitroniktir
- Birçok proteinle (birbirleriyle ilişkili) ilgili bilgi aynı mRNA üzerinde bulunur
- Bu bilgiler arasında spacer adı verilen ve translasyon işlemine girmeyen bölgeler bulunmaktadır

Protein synthesis uses three types of RNA

mRNA has a sequence of bases that represent protein



size range 500-10,000 bases

Bacterial mRNA is multicistronic

Leader precedes initiation codon

Trailer follows termination codon

Intercistronic distance varies from -1 to +40 bases



mRNA is degraded by exo- and endo- nucleases

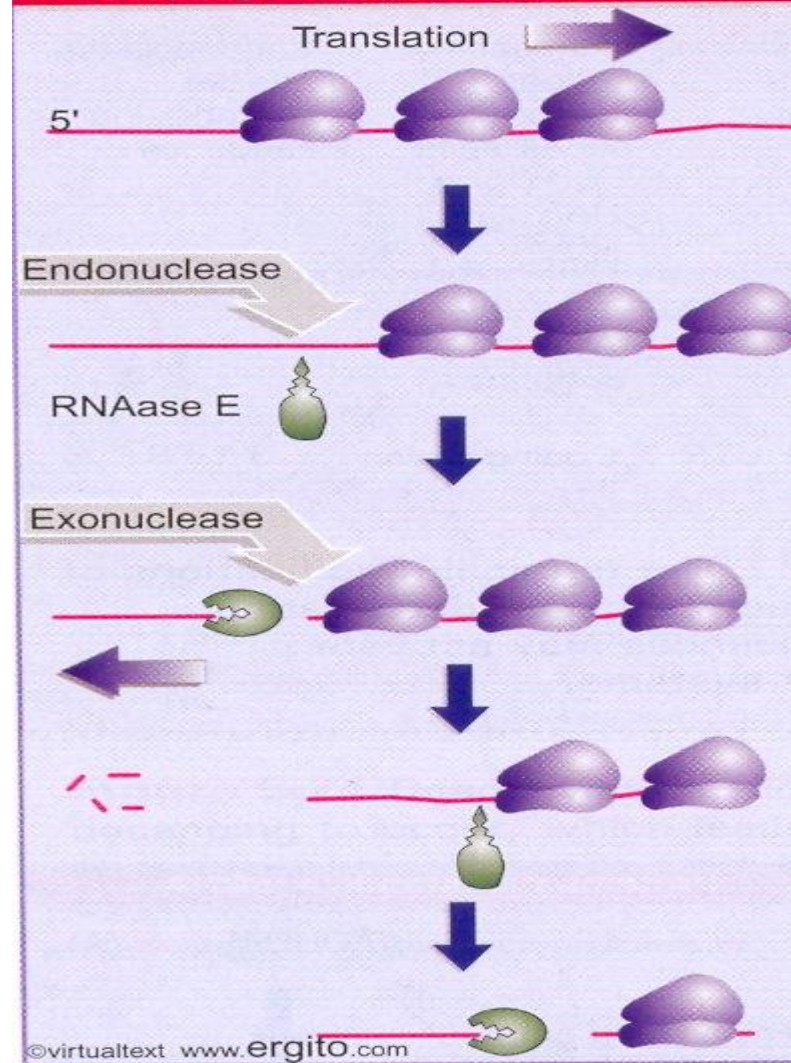


Figure 5.20 Degradation of bacterial mRNA is a two stage process. Endonucleolytic cleavage proceed 5'-3' behind the ribosomes. The released fragments are degraded by exonucleases to move 3'-5'.

- **Transkripsiyon sırasında DNA'nın bir bölümü kalıp olarak kullanılarak mRNA sentezlenmektedir. Oluşan mRNA molekülünün nükleotid dizisi (timin yerine urasil) DNA molekülünün ipliklerinden birisine karşılık gelmektedir. Ör: ATT GGC GTG dizisi RNA polimerase enzimi ile UAA CCG CAC şeklinde bir mesaja dönüştürülür.**
- **Bu işlem RNA polimeraz enziminin DNA üzerindeki promoter bölgesine (**Pribnow** dizileri) bağlanması ile başlar**
- **RNA sentezi 5' – 3' yönünde gerçekleşir.**
- **Sentez DNA üzerinde dur işareti anlamına gelen bir baz üçlüsüne (terminatör) rastlanıncaya kadar devam eder, bu noktada sonlanır ve DNA'dan ayrılır.**

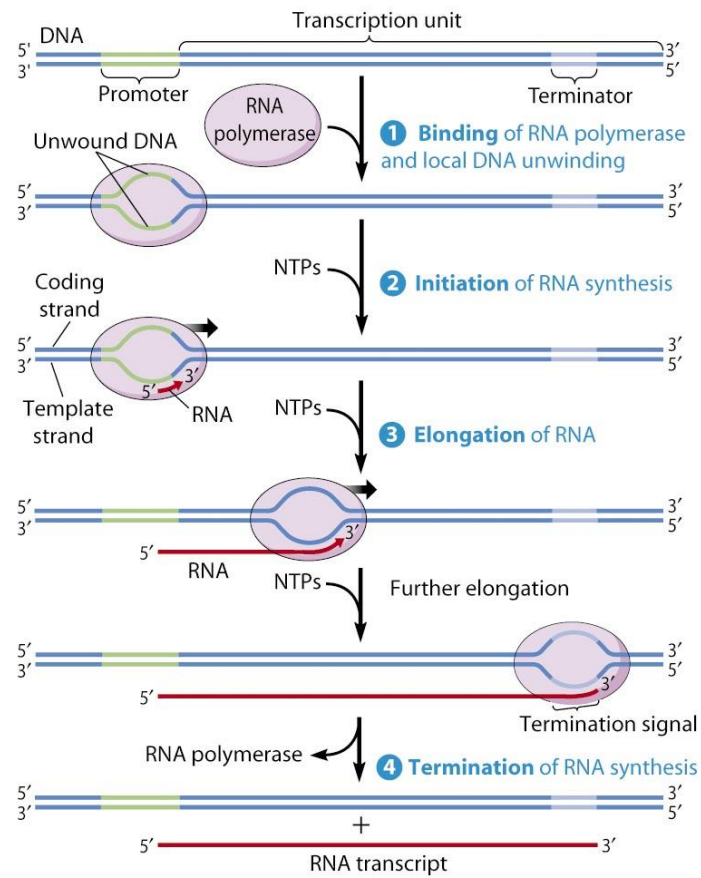
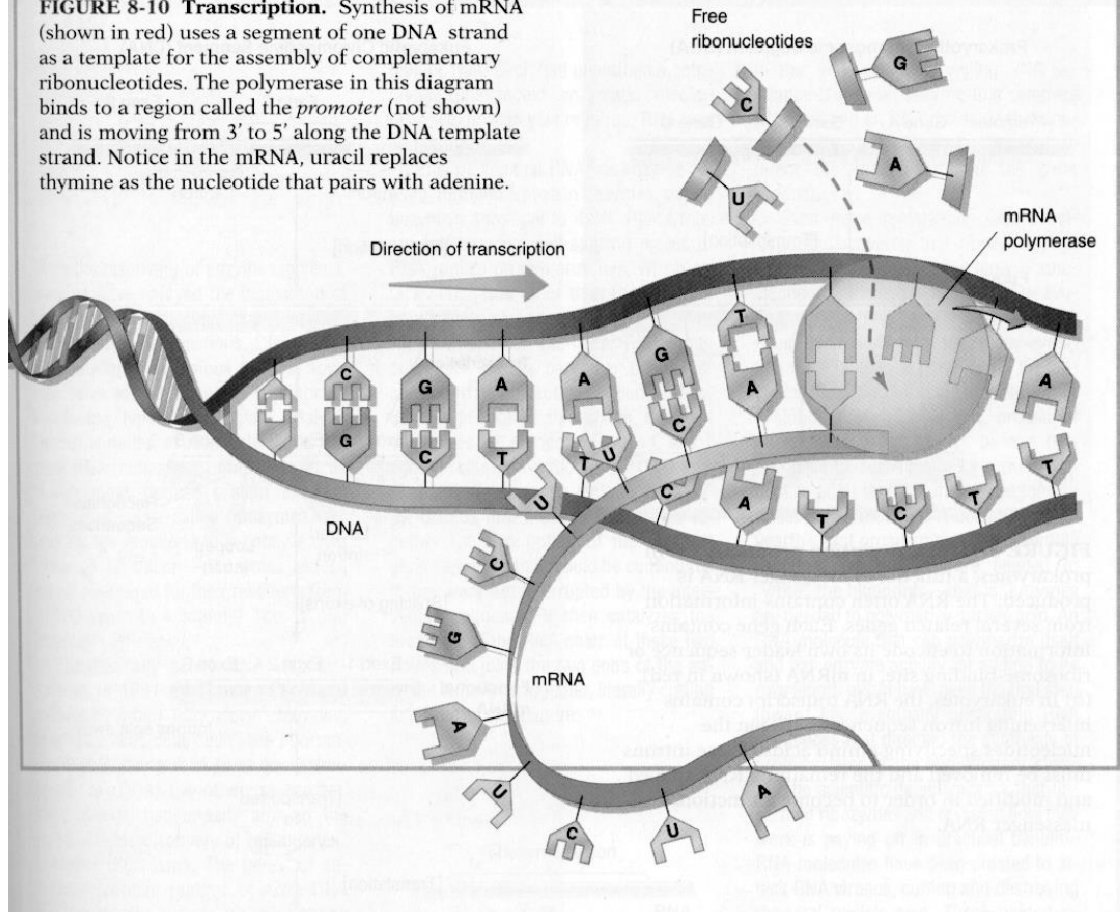


FIGURE 8-10 Transcription. Synthesis of mRNA (shown in red) uses a segment of one DNA strand as a template for the assembly of complementary ribonucleotides. The polymerase in this diagram binds to a region called the *promoter* (not shown) and is moving from 3' to 5' along the DNA template strand. Notice in the mRNA, uracil replaces thymine as the nucleotide that pairs with adenine.



Protein sentez inhibitörleri-1

- Transkripsiyon inhibitörleri
 - Aktinomisin
 - Mitomisin
 - Rifampisin

tRNA (Transfer RNA)

- Her aminoasite özel bir veya daha fazla tRNA vardır. **Aminoaçil sentetaz** tarafından aktive edilen a.a'ler yüksek enerji ile tRNA'ya bağlanırlar. tRNA'nın antikodon kolu ribozom da sırada bulunan kodonu tanıyarak bağlanır ve bu kodona karşılık gelen aminoasiti taşır

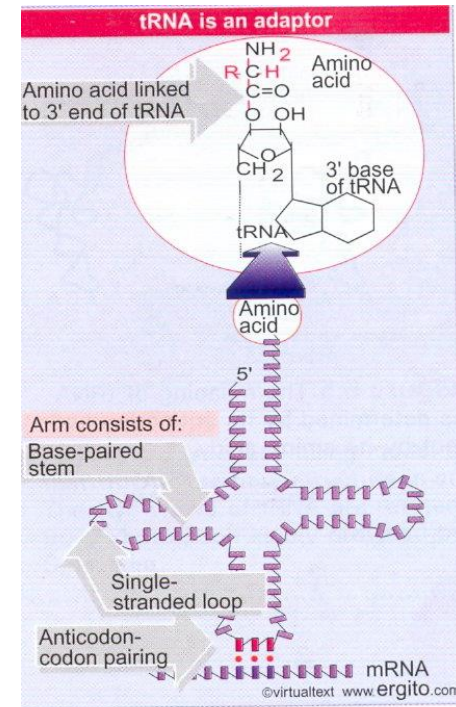
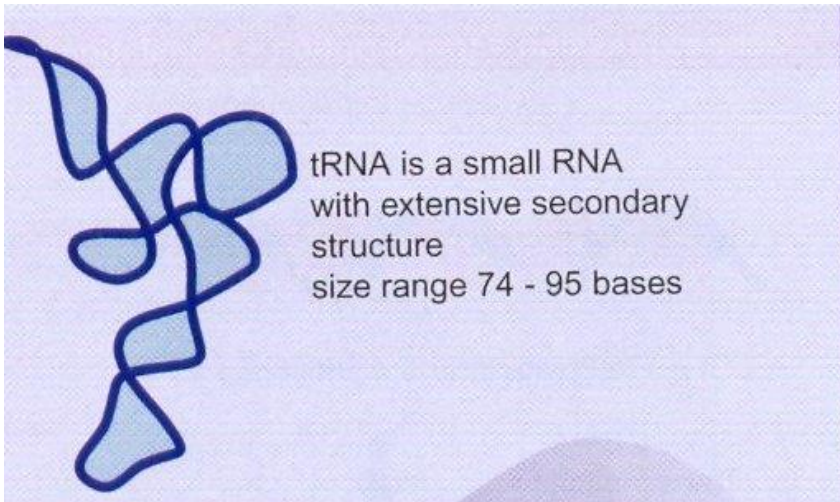
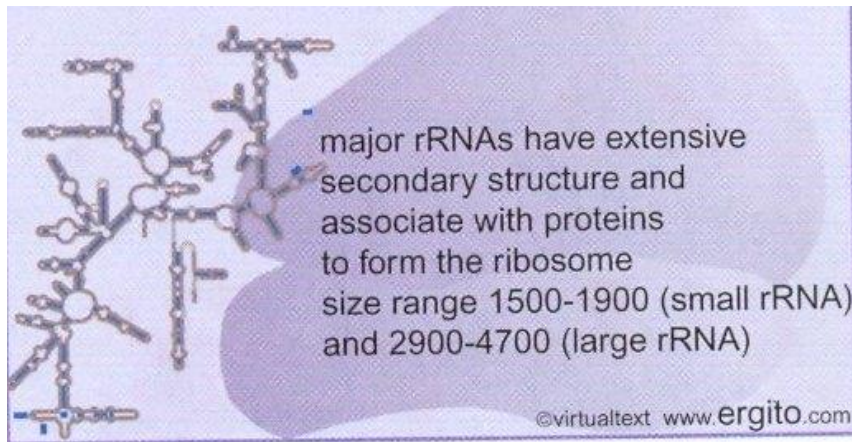






Figure 5.3 A tRNA has the dual properties of an adaptor that recognizes both the amino acid and codon. The 3' adenosine is covalently linked to an amino acid. The anticodon base pairs with the codon on mRNA.

- **Ribozomlar rRNA ve proteinlerden oluşur. rRNA alt üniteleri translasyonun başlangıcında mRNA üzerinde biraraya gelmektedirler.**
- **Ökaryotik hücre ribozomu 40s ve 60s (s= sedimentation coefficient değerleri), prokaryotik hücre ribozomu ise 30s ve 50s alt birimlerinden oluşur.**

rRNA (Ribozomal RNA)



Ribosomes are ribonucleoprotein particles			
Ribosomes		rRNAs	Proteins
Bacterial (70S) mass: 2.5 MDa 66% RNA	 50S	23S = 2904 bases 5S = 120 bases	31
	 30S	16S = 1542 bases	21
Mammalian (80S) mass: 4.2 MDa 60% RNA	 60S	28S = 4718 bases 5.8S = 160 bases 5S = 120 bases	49
	 40S	18S = 1874 bases	33

©virtualtext www.ergito.com

Figure 6.2 Ribosomes are large ribonucleoprotein particles that contain more RNA than protein and dissociate into large and small subunits.

**BU FARKLILIĞIN PROTEİN SENTEZİNİ
İNHİBE EDEN ANTİBİYOTİKLERE KARŞI
DİRENÇ KAZANILMASINDA ÖNEMLİ
ROLÜ OLDUĞU UNUTULMAMALIDIR**

Translasyon

- **mRNA'nın ribozomlara bağlanarak protein sentez işlemini başlatmalarına translasyon (çevrim) adı verilmektedir.**

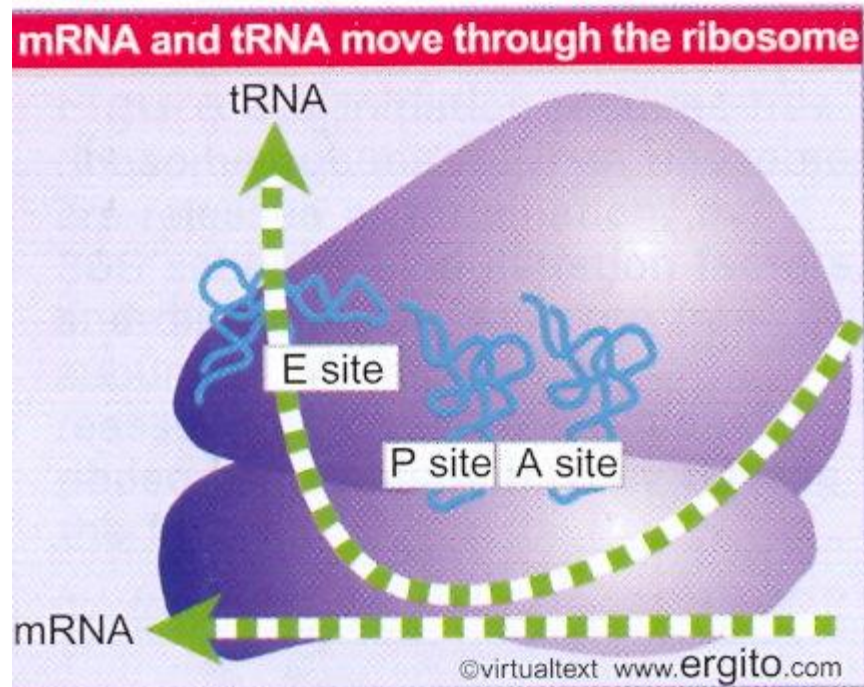
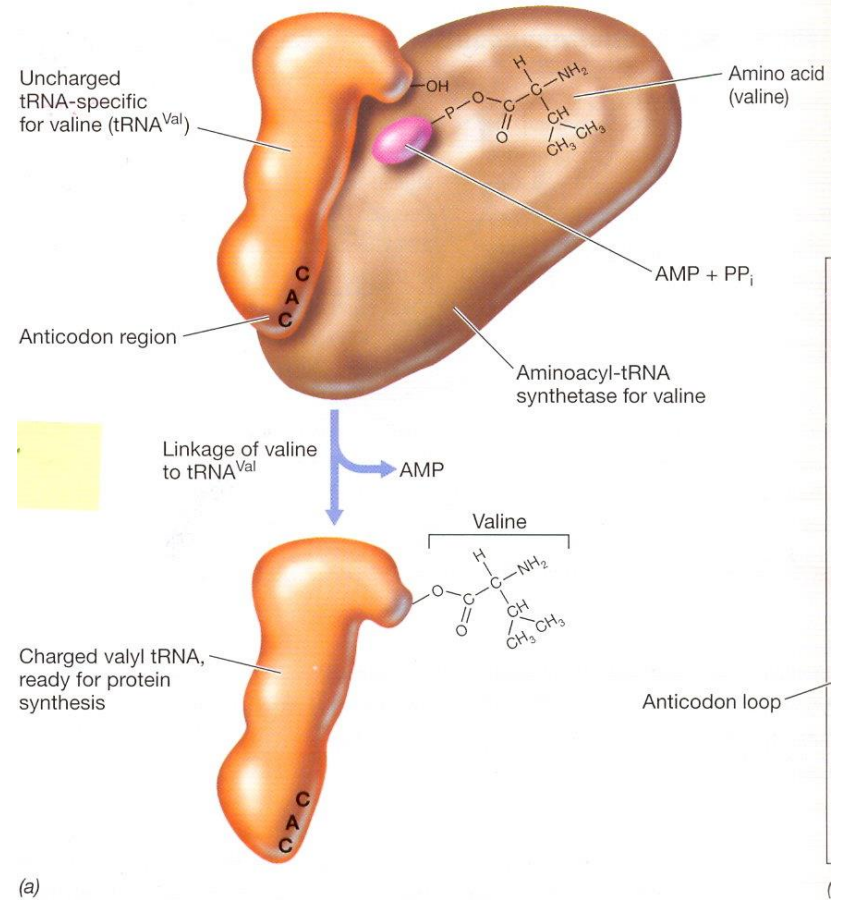


Figure 6.6 tRNA and mRNA move through the ribosome in the same direction.

- **Sitoplazma içinde protein sentezi sırasında kullanılacak 20 a.a herbiri serbest olarak bulunmaktadır. Bunlar ya hücre tarafından sentezlenmekte ya da besi ortamından hücre içine doğrudan alınmaktadır. Protein sentezi başladığında bu a.a ler kendilerine özel tRNA moleküllerince bağlanıp aktive edilirler**



- **mRNA'da oluşan nükleotid dizileri çevrim sırasında üçer üçer işlem görmektedir. Bu üçlü baz dizilerine şifre (kodon) adı verilmektedir.**

- **tRNA molekülü mRNA'daki şifreyi deşifre edebilmek için moleküle özel bir yerinden (antikodon) bağlanır, ilgili a.a molekül üzerinde taşınmaktadır.**

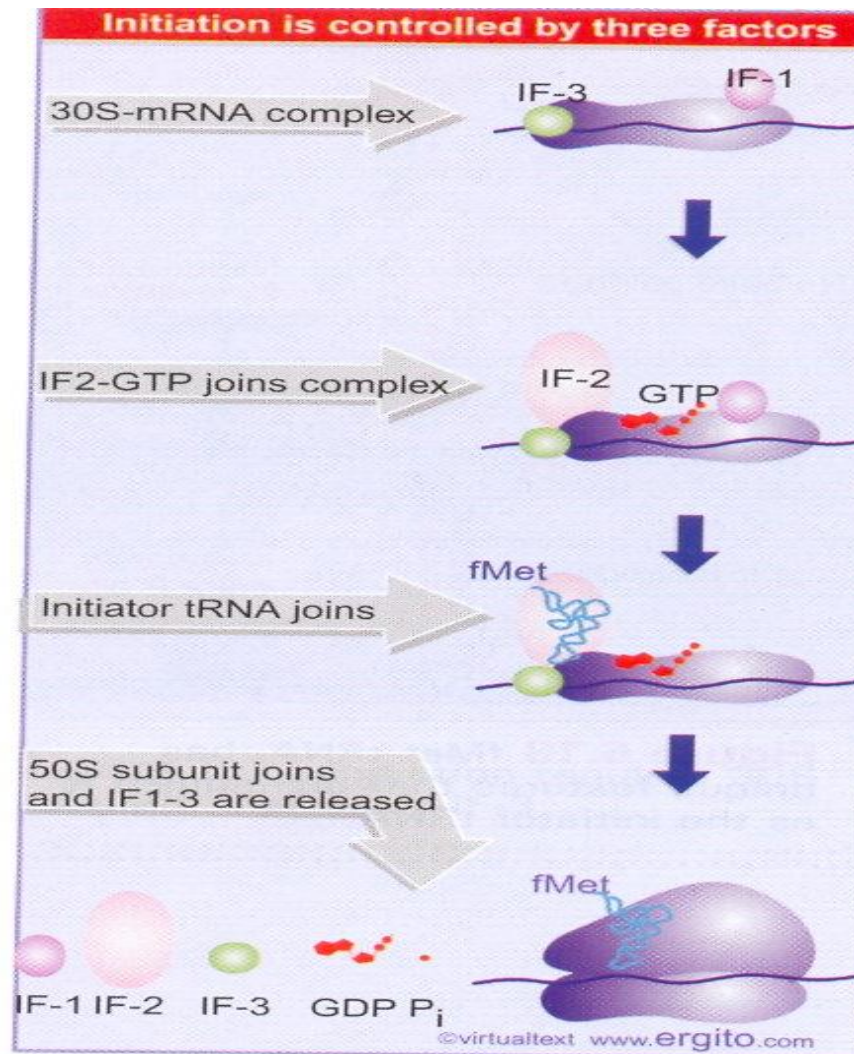
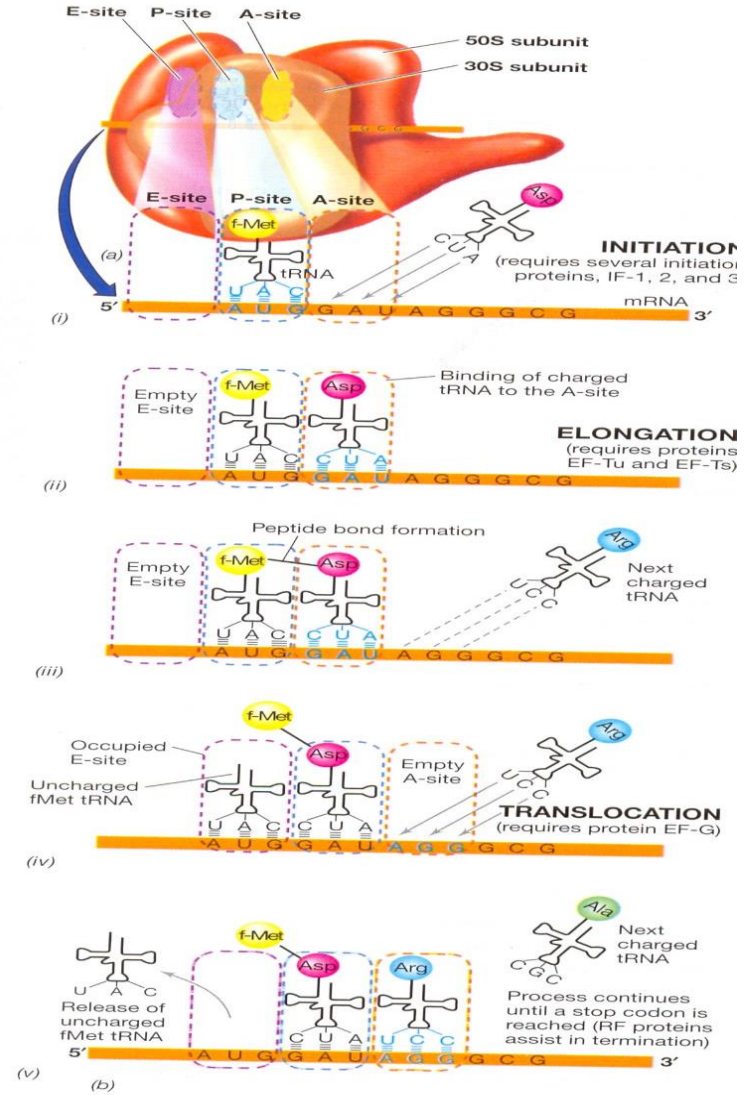


Figure 6.15 IF-2 is needed to bind fMet-tRNA_f to the 30S-mRNA complex. After 50S binding, all IF factors are released and GTP is cleaved.

- Ribozom üzerine ilk a.a taşındığında mRNA ribozom üzerinde ikinci üçlü kalıba doğru yer değiştirmektedir
- İlk oluşan a.a ile ikincisi arasında peptid bağı oluşarak protein zinciri başlarken, bu a.a taşıyan tRNA molekülü ribozomdan ayrılarak sitoplazmaya dönmektedir.
- İşlem mRNA üzerinde bulunan ve protein sentezini durduracak “dur sinyali” bulununcaya kadar devam edecektir.



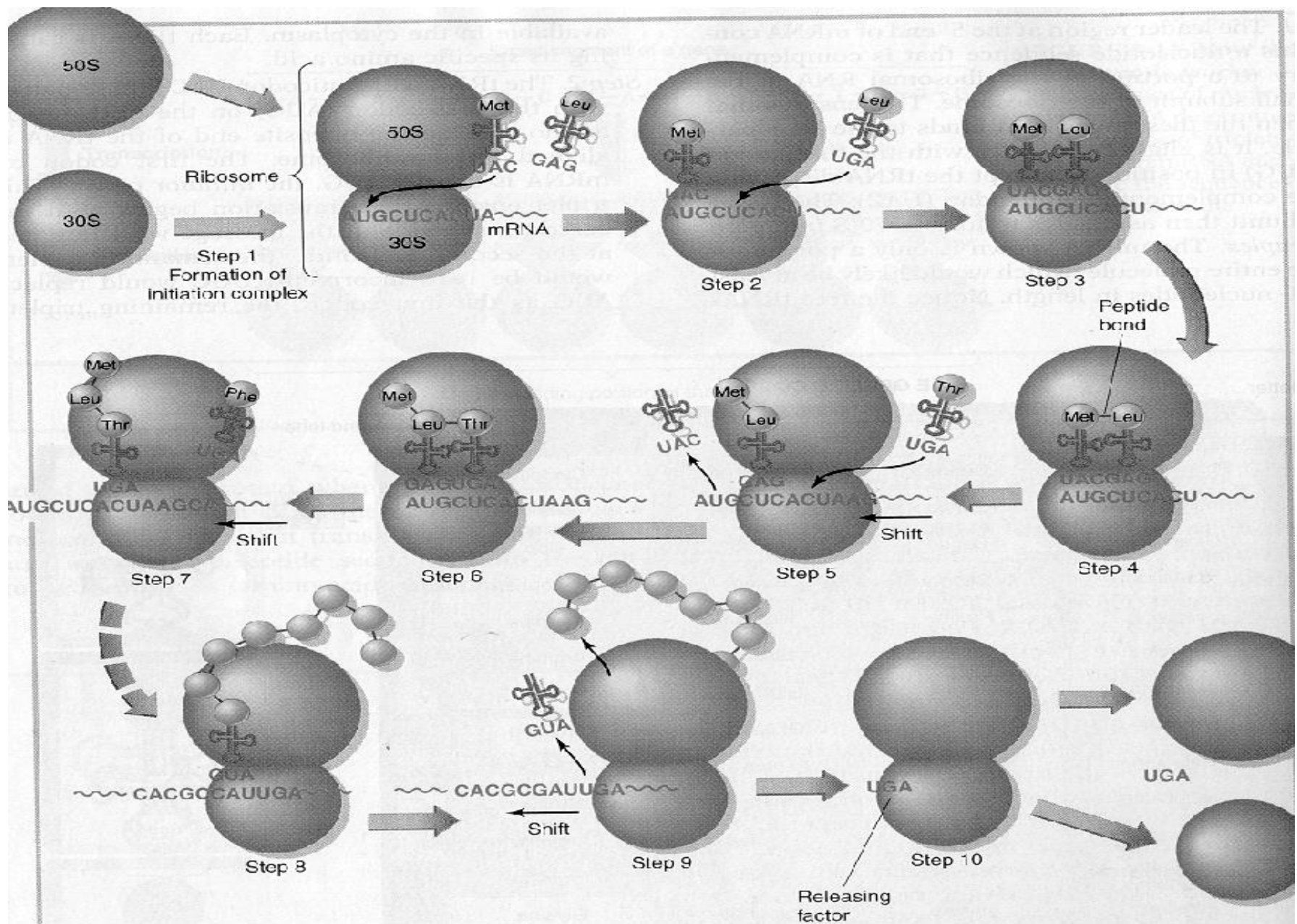


FIGURE 8-15 Protein synthesis. Simplified representation of translation as it occurs in the cytoplasm. (See text for description of steps.)

- m RNA'nın proteine translasyonun 3 faz bulunmaktadir
 - inisiasyon
 - elongasyon
 - terminasyon
- Inisiasyon ve elongasyon fazlarında 30S
- Terminasyon fazında ise 50S ribozomal subuniteler rol oynar

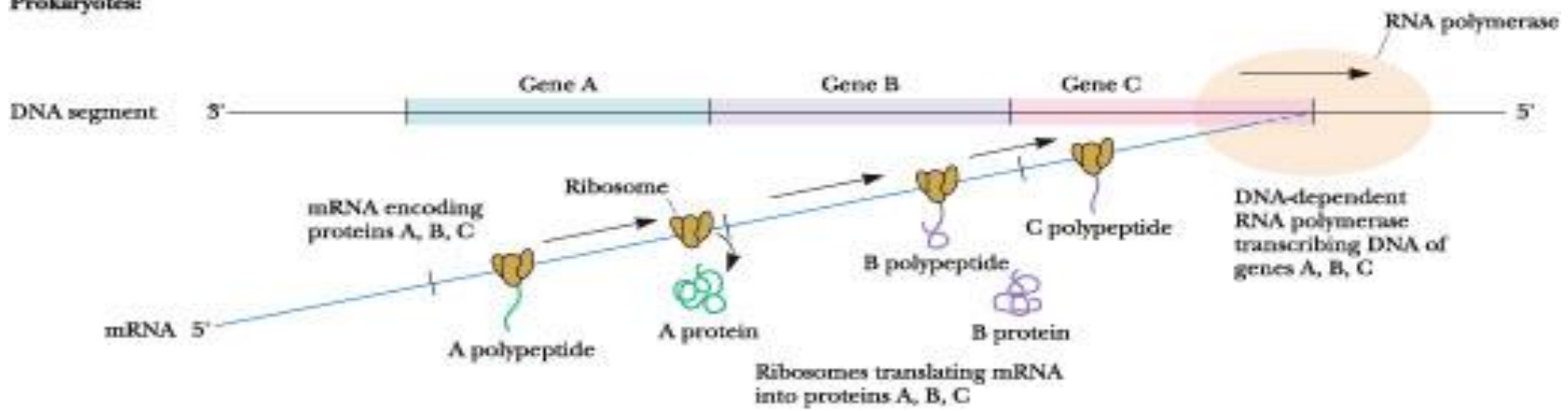
30S ribozomal subüniteyi inhibe edenler

- **A**minoglikozidler (Streptomisin, Neomisin, Gentamisin, Kanamisin, Tobramisin, Amikasin)
- **T**etrasiklinler
- Nitrofurantoin

50S ribozomal subüniteyi inhibe edenler

- **K**loramfenikol
- Eritromisin ve diğer **M**akrolidler
- **L**inkozamidler
- Puromisin
- Fusidik asit

Prokaryotes:



Eukaryotes:

Exons are protein-coding regions that must be joined by removing introns, the noncoding intervening sequences. The process of intron removal and exon joining is called splicing.

