

### ΔΙΑΦΟΡΕΣ ΑΣΚΗΣΕΙΣ ΣΤΟ 2 ΚΕΦΑΛΑΙΟ

1. Η αλληλουχία ενός μορίου mRNA που περιέχει την πληροφορία για τη σύνθεση μιας πολυπεπτιδικής αλυσίδας σε ένα βακτηριακό κύτταρο είναι η εξής:

5'-AAAGGAUGGCGUAUCCCAUG...UGCGCGUGAUUUUAAAA-3'

Να βρείτε την πρωτοταγή δομή της πολυπεπτιδικής αλυσίδας. Δίνεται ο γενετικός κώδικας.

2. Ένα γονίδιο κωδικοποιεί μια πρωτεΐνη που αποτελείται από 50 αμινοξέα. Εξαιτία λάθους που συνέβη κατά την ωρίμανση του πρόδρομου mRNA, δεν απομακρύνθηκε ένα εσώνιο μήκους 7 βάσεων το οποίο παρεμβάλλεται μεταξύ του δεύτερου κωδικονίου UGG και του τρίτου κωδικονίου UUU. Η αλληλουχία του εσωνίου είναι 5'-UGGAUGG-3'. Τι επίπτωση θα έχει αυτό το λάθος στην αλληλουχία των αμινοξέων και στο μέγεθος της πρωτεΐνης; Να αιτιολογήσετε την απάντησή σας. (Δίνεται ο γενετικός κώδικας).

3. Από ένα πρόδρομο mRNA που έχει 4999 φωσφοδιεστερικούς δεσμούς και αμετάφραστες περιοχές 200 νουκλεοτιδίων, συντίθεται μια πολυπεπτιδική αλυσίδα 1000 αμινοξέων. Να βρεθεί:

α. ο αριθμός των νουκλεοτιδίων του ώριμου mRNA

β. ο αριθμός των νουκλεοτιδίων του εσωνίου του

γ. ο αριθμός των νουκλεοτιδίων του γονιδίου

4. Δίδεται η παρακάτω αλληλουχία νουκλεοτιδίων ενός κλώνου DNA γονιδίου προκαρυωτικού οργανισμού:

5' ΑΤΑΤΤCΑΤGCTTΑΤCGGGAGΑΤΤΤΤCСΑCΑTGTAΑΤΑΑΑΑΑΑ 3'

Να βρείτε:

i. Την αλληλουχία των βάσεων του συμπληρωματικού κλώνου.

ii. Ποιος κλώνος είναι η κωδική αλυσίδα του γονιδίου ποια η αλληλουχία των κωδικονίων καθώς και ποιες οι αμετάφραστες περιοχές;

iii. Ποια είναι η αλληλουχία των αμινοξέων στο πεπτίδιο που θα σχηματιστεί κατά την μετάφραση του παραπάνω γονιδίου; Δίνεται ο γενετικός κώδικας.

iv. Στο πεπτίδιο που παράγεται κατά την μετάφραση γίνεται μεταμεταφραστική τροποποίηση και απομακρύνεται η μεθειονίνη. Να γράψετε την αλληλουχία των αμινοξέων του πεπτιδίου που θα προκύψει.

5. Ένα γονίδιο περιλαμβάνει εσώνια που έχουν συνολικό μήκος 279 ζεύγη βάσεων και κωδικοποιεί μια πολυπεπτιδική αλυσίδα που αποτελείται από 141 αμινοξέα. Πόσα νουκλεοτίδια θα έχει το πρόδρομο mRNA που θα προκύψει και πόσα το ώριμο mRNA, χωρίς να υπολογιστούν οι 3' και 5' αμετάφραστες περιοχές;

6. Ένα πρόδρομο mRNA περιέχει δύο εσώνια Α και Β με μήκος 150 και 350 νουκλεοτίδια αντίστοιχα. Τα εσώνια αυτά αντιστοιχούν στο 50% του μήκους του. Επίσης, 100 κωδικονιά του αντιστοιχούν σε αμινοξέα μιας πολυπεπτιδικής αλυσίδας.

α. Από πόσα νουκλεοτίδια αποτελείται το τμήμα του mRNA που κωδικοποιεί τη πολυπεπτιδική αλυσίδα;

β. Από πόσα νουκλεοτίδια αποτελούνται οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές του ώριμου mRNA;

γ. Από τι είδους οργανισμό μπορεί να προέρχεται το παραπάνω μόριο mRNA; Δικαιολογήστε.

δ. Έστω ότι μετά από μετάλλαξη που συνέβη στο γονίδιο που είναι υπεύθυνο για τη παραγωγή του παραπάνω μορίου mRNA είχε ως αποτέλεσμα να μη δεσμεύεται στο ριβόσωμα. Ποια περιοχή του γονιδίου μεταλλάχτηκε κατά τη γνώμη σας;

7. Ένα λειτουργικό τριπεπτίδιο έχει πρωτοταγή δομή: Τρυπτοφάνη-Ιστιδίνη-Λυσίνη. Να βρείτε την αλληλουχία των κωδικονίων στην κωδική αλυσίδα του γονιδίου που το κωδικοποιεί.

8. Ένα ένζυμο, στη λειτουργική του μορφή, έχει 450 αμινοξέα και αποτελείται από 2 διαφορετικές πολυπεπτιδικές αλυσίδες, την Α και τη Β που έχει 250 αμινοξέα. Το γονίδιο που κωδικοποιεί την Α πολυπεπτιδική αλυσίδα έχει 2400 νουκλεοτίδια συνολικά. Κατά τη μετάφραση του αντίστοιχου mRNA υπάρχουν σε αυτό 400 νουκλεοτίδια που δε μεταφράζονται. Να θεωρήσετε ότι μετά τη σύνθεση των πολυπεπτιδικών αλυσιδών δεν αφαιρέθηκαν αμινοξέα από το αμινοτελικό τους άκρο και να βρείτε αν το ένζυμο αυτό προέρχεται από προκαρυωτικό ή από ευκαρυωτικό κύτταρο. Να αιτιολογήσετε την απάντησή σας.

9. Στο παρακάτω σχήμα, αφού το μεταφέρετε στο τετράδιό σας, να σημειώσετε την κατεύθυνση της αντιγραφής και στις δύο αλυσίδες. Να αιτιολογήσετε την απάντησή σας. Κατά την αντιγραφή του μορίου το πριμόσωμα τοποθετεί 20 πρωταρχικά τμήματα. Πόσα είναι τα συνεχή και πόσα τα ασυνεχή τμήματα σε κάθε νέα αλυσίδα;



10. Δίνεται η παρακάτω αλυσίδα DNA γονιδίου προκαρυωτικού κυττάρου, το οποίο είναι υπεύθυνο για τη σύνθεση ενός ολιγοπεπτιδίου:

CGAAATATGCGCGGGAGAAAATGACGCC

A. i) Να βρείτε τη μη κωδική αλυσίδα και να αιτιολογήσετε την απάντησή σας.

ii) Να γράψετε το m-RNA που προκύπτει από τη μεταγραφή του τμήματος αυτού και τα αντίστοιχα αντικωδικόνια.

iii) Πόσοι δεσμοί υδρογόνου αναπτύσσονται ανάμεσα στα κωδικόνια και τα αντικωδικόνια και πόσοι πεπτιδικοί δεσμοί ανάμεσα στα αμινοξέα;

B. Να εξετάσετε τις μεταβολές στη σύνθεση του παραπάνω πεπτιδίου, εάν από το αριστερό άκρο της αλυσίδας που σας δίνεται:

i) το 8ο νουκλεοτίδιο αντικατασταθεί από G

- iii) το 16ο νουκλεοτίδιο που είναι A αντικαθίσταται από T  
iii) το 23ο νουκλεοτίδιο από A

**11.** Δίνεται μικρό τμήμα της μητρικής αλυσίδας καθώς και η νεοσυντιθέμενη θυγατρική αλυσίδα που σχηματίζεται κατά την αντιγραφή του μορίου.

Μητρική αλυσίδα A C G A A C A A G G G T T T C A A

Θυγατρική αλυσίδα U G C U U G U T C C C A A A G T T

Να βρείτε το μήκος του πρωταρχικού τμήματος καθώς και πόσοι δεσμοί υδρογόνου θα διασπασθούν κατά την απομάκρυνσή του, αιτιολογώντας την απάντησή σας.

**12.** Μια αλυσίδα DNA γονιδίου που κωδικοποιεί πεπτίδιο που απομονώθηκε από το βακτήριο E. coli περιέχει την ακόλουθη αλληλουχία:

CCGGTTAAGGCTCATACAGCATGAGCCGAT

A. Να γράψετε τη συμπληρωματική αλυσίδα και να εξηγήσετε ποια είναι η κωδική και ποια η μεταγραφόμενη αλυσίδα.

B. Να γράψετε το mRNA καθώς και το πεπτίδιο που προκύπτει από τη μετάφραση αυτού.

Γ. Ποια θα είναι τα αντικωδικόνια των tRNA, που θα συνδεθούν με τα αντίστοιχα κωδικόνια του mRNA;

Δ. Κατά τη διάρκεια της μετάφρασης, όταν η αμινομάδα της λευκίνης σχηματίζει πεπτιδικό δεσμό, να βρεθούν πόσοι και ποιοι δεσμοί σπάζουν. Όταν το tRNA που μεταφέρει τη λευκίνη αφήνει το ριβόσωμα, ποιο tRNA θα συνδεθεί στη συνέχεια;

**13.** Από βακτηριακό κύτταρο απομονώθηκε το ολιγοπεπτίδιο, H<sub>2</sub>N-σερίνη-λευκίνη-πρόλίνη-ιστιδίνη-μεθειονίνη-COOH και το mRNA που το κωδικοποιεί. Από την ανάλυση του mRNA διαπιστώθηκε ότι τα αντίστοιχα κωδικόνια σε αυτό είναι:

Σερίνη->UCU, Λευκίνη->CUC, Πρόλίνη->CCU, Ιστιδίνη->CAA, Μεθειονίνη->AUG

Με δεδομένα αυτά να βρείτε:

A) Το τμήμα του mRNA που κωδικοποιεί το παραπάνω ολιγοπεπτίδιο (μον. 10), να σημειώσετε τα άκρα 5' και 3' αυτού (μον. 10) και να αιτιολογήσετε την απάντησή σας

B) Το τμήμα του αντίστοιχο γονιδίου

Γ) Να προσδιορίσετε την κωδική και την μη κωδική αλυσίδα αυτού και να αιτιολογήσετε την απάντησή σας

Δ). Να σημειώσετε τα άκρα 5' και 3' στο παραπάνω τμήμα DNA(μον. 10) και να αιτιολογήσετε την απάντησή σας

**14.** Στον πυρήνα κυττάρου εντοπίζουμε γονίδιο που αποτελείται από 1000 ζεύγη βάσεων. Το πρόδρομο mRNA που προκύπτει από την μεταγραφή του γονιδίου περιέχει τέσσερα εσώνια συνολικού μήκους 200 αζωτούχων βάσεων. Το 90% του μήκους του ώριμου mRNA αντιστοιχεί σε αμινοξέα.

i. Ποια τμήματα αντιστοιχούν στο 10% του μήκους του ώριμου mRNA που δεν μεταφράζεται και από πόσες βάσεις συνολικά αποτελούνται; (3 μον.)

ii. Δεδομένου ότι κατά την τροποποίηση της πολυπεπτιδικής αλυσίδας μετά την σύνθεσή της απομακρύνονται εννέα (9) αμινοξέα, ποιος είναι ο αριθμός των

αμινοξέων στο μόριο της λειτουργικής πρωτεΐνης που προκύπτει από το γονίδιο; (3 μον.)

**15.** Ένα πολυριβονουκλεοτίδιο παράγεται από ένα μίγμα που περιέχει U και G σε αναλογία 4:1. Αν υποθέσουμε ότι τα ριβονουκλετίδια σχηματίζονται με τυχαία γραμμική διάταξη, να προβλεφθούν οι σχετικές συχνότητες με τις οποίες αναμένεται να σχηματιστούν οι διάφορες τριάδες.

**16.** Το πεπτίδιο μεθειονίνη – λυσίνη – προλίνη - ασπαρτικό οξύ- σερίνη παράγεται από το γονίδιο:

Κωδική: 5'-ACGGATGAAACCCACCGUUGATAGTTGAAAACA-3'

Μη κωδική: 3'-TGCC TACTTTGGGCGGCAACTATCAACTTTTGT-5'

a. Να γραφτεί το mRNA που προκύπτει, τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές και το εσώνιο.

b. Σε ποια κατηγορία οργανισμών ανήκει το παραπάνω γονίδιο;

c. Με ποιες διαδικασίες καταλήξαμε από το γονίδιο στο πεπτίδιο και σε ποιες περιοχές κυττάρου πραγματοποιούνται αυτές;

(μεθειονίνη->AUG, λυσίνη->AAA, προλίνη->CCC, ασπαρτικό οξύ->GAU, σερίνη->AGU, λήξη->UGA)

**17.** Από ένα πολύσωμα παρήχθησαν συνολικά 10 πρωτεΐνες, 1000 συνολικών αμινοξέων. Ποιο είναι το ελάχιστο μήκος του mRNA που μεταγράφεται από αυτό το πολύσωμα;

**18.** Δίνεται το παρακάτω δίκλωνο τμήμα πυρηνικού DNA που περιέχει πλήρες γονίδιο

(I) GATCTATGCC TGCATTGC TAGCTTCA TTTT GACCGA

(II) CTAGTTACGGACGAAACGATCGAAGTAAAACCTGGCT

καθώς και η αμινοξική αλληλουχία που προκύπτει από την έκφραση του γονιδίου:  
met-pro-ala-ser-phe

Να εντοπίσετε τα 5' και 3' άκρα των δυο αλυσίδων, ποια είναι η κωδική και μη κωδική αλυσίδα και ποιο είναι το mRNA που θα προκύψει.

Δίδονται οι αντιστοιχίες αμινοξέων κωδικονίων: met->AUG, pro->CCU, ala->GCA, ser->UCA, phe->UUU

**19.** Το ώριμο mRNA που προκύπτει από την μεταγραφή γονιδίου ευκαρυωτικού κυττάρου αποτελείται από 852 νουκλεοτίδια και κωδικοποιεί πρωτεΐνη, η οποία στην τελική και λειτουργική της μορφή αποτελείται από 153 αμινοξέα. Αν γνωρίζετε ότι οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές του μορίου αυτού αποτελούνται συνολικά από 30 νουκλεοτίδια, να υπολογίσετε τον αριθμό των αμινοξέων που απομακρύνονται από την πρωτεΐνη κατά τις μετα-μεταφραστικές τροποποιήσεις

**20.** Ένα γονίδιο ευκαρυωτικού κυττάρου έχει μήκος 2500 ζευγών βάσεων. Το πρόδρομο mRNA που προέκυψε από τη μεταγραφή αυτού του γονιδίου περιλαμβάνει 54 νουκλεοτίδια στην 5' αμετάφραστη περιοχή του, 33 νουκλεοτίδια στην 3' αμετάφραστη περιοχή του καθώς και δύο εσώνια μήκους 460 και 1350 νουκλεοτιδίων

αντίστοιχα. Αν η πολυπεπτιδική αλυσίδα (μη λειτουργική πρωτεΐνη) που προέκυψε από τη μετάφραση υφίσταται μια τροποποίηση για να καταστεί βιολογικά ενεργή κατά την οποία της αφαιρούνται 20 αμινοξέα, να βρείτε τον αριθμό των αμινοξέων της τελικής λειτουργικής πρωτεΐνης που παράγεται από το παραπάνω γονίδιο.

**21.** Σας δίνεται η αλληλουχία της κωδικής αλυσίδας του DNA ενός γονιδίου που καθορίζει τη σύνθεση ενός ολιγοπεπτιδίου.

5' CATTCAGACCATGCTAATGGCACACCGACAGGCGTAGTTT 3'

Ποιο θα είναι το αποτέλεσμα στην έκφραση αυτού του γονιδίου αν:

- α. Η 14η βάση από C αλλάζει σε T.
- β. Η 26η βάση από C αλλάζει σε T.
- γ. Η 12η βάση από T αντικατασταθεί με A.
- δ. Μετά την 6η A γίνει προσθήκη T. (Σας δίνεται ο γενετικός κώδικας)

**22.** Δίνεται το γονίδιο:

Κωδική αλ. 5' ACCGATGCTTACCGTTGTGTCATGAAACA 3'

Μη κωδική αλ. 3' TGGCTACGAATGGCAACACAGTACTTTGT 5'

το οποίο κωδικοποιεί το τριπεπτίδιο Λευκίνη-Βαλίνη-Σερίνη

- α. Εντοπίστε, αφού γράψετε το mRNA που προκύπτει, τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές, τα εσώνια και τα εξώνια.
- β. Σε τι είδους οργανισμό ανήκει το γονίδιο αυτό;
- γ. Με ποιες διαδικασίες καταλήξαμε από το γονίδιο στο πεπτίδιο; Σε ποιες περιοχές του κυττάρου γίνονται;
- δ. Ποιο είναι το σταθερότερο: το γονίδιο που δόθηκε ή κάποιο άλλο με τον ίδιο αριθμό νουκλεοτιδίων αλλά με ποσοστιαία σύσταση 35% A-T; (δίνεται ο γενετικός κώδικας).

Λευκίνη (UUA, UUG, CUU, CUA, CUG, CUC), Βαλίνη (GUU, GUA, GUG, GUC), Σερίνη (UCU, UCG, UCA, UCC, AGU, AGC)

**23.** Ένα γονίδιο έχει μήκος 8414 ζεύγη βάσεων και είναι υπεύθυνο για δημιουργία πρωτεΐνης 1686 αμινοξέων. Το πρόδρομο mRNA περιλαμβάνει τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές με μήκος 746 και 499 νουκλεοτίδια αντίστοιχα και ένα εσώνιο μήκους 1212 βάσεων. Να βρείτε αν στο γονίδιο υπάρχει και δεύτερο εσώνιο.

## ΛΥΣΕΙΣ ΤΩΝ ΑΣΚΗΣΕΩΝ

### 1

Είναι γνωστό ότι τα γονίδια στους προκαρυωτικούς οργανισμούς είναι συνεχή. Επομένως το mRNA που παράγεται μετά την μεταγραφή είναι έτοιμο να μεταφραστεί. Η μετάφραση γίνεται από το 5' άκρο του mRNA με κατεύθυνση προς το 3' άκρο του, ξεκινάει από το πρώτο κωδικόνιο έναρξης (5'-AUG-3') που σχηματίζεται στο μόριο και ολοκληρώνεται στο πρώτο κωδικόνιο λήξης που σχηματίζεται (5'-UGA-3' ή 5'-UAG-3' ή 5'-UAA-3'). Ωστόσο στο συγκεκριμένο μόριο mRNA παρατηρούμε ότι δεν μας δίνεται ολόκληρη η αλληλουχία των βάσεων. Εφόσον δεν γνωρίζουμε το συνολικό αριθμό των νουκλεοτιδίων που αποτελούν το πλαίσιο ανάγνωσης, δεν μπορούμε να ξέρουμε την ακριβή ακολουθία των κωδικονίων που υπάρχουν στο τέλος του. Αυτό σημαίνει ότι πρέπει να λάβουμε υπόψη μας τρεις τρόπους ανάγνωσης της αλληλουχίας που ακολουθεί μετά από τα αποσιωπητικά όπως φαίνεται παρακάτω:

1ος τρόπος ανάγνωσης

5'-AAAGG-AUG-GCG-UAU-CCC-AUG-...-UGC-GCG-UGA-UUUAAAA-3'

2ος τρόπος ανάγνωσης

5'-AAAGG-AUG-GCG-UAU-CCC-AUG-...-U-GCG-CGU-GAU-UUA-AAA-3': στην περίπτωση αυτή δεν εντοπίστηκε κωδικόνιο λήξης οπότε απορρίπτεται.

3ος τρόπος ανάγνωσης

5'-AAAGG-AUG-GCG-UAU-CCC-AUG-...-UG-CGC-GUG-AUU-UAA-AA-3'

Η πρωτοταγής δομή μιας πολυπεπτιδικής αλυσίδας είναι η αλληλουχία των αμινοξέων που την αποτελούν. Σύμφωνα με τα παραπάνω υπάρχουν δύο δυνατές περιπτώσεις ανάλογα με το πλαίσιο ανάγνωσης που ισχύει:

1ος τρόπος ανάγνωσης ⇒ Μεθειονίνη-αλανίνη-τυροσίνη-προλίνη-μεθειονίνη-...-κυστεΐνη-αλανίνη

3ος τρόπος ανάγνωσης ⇒ Μεθειονίνη-αλανίνη-τυροσίνη-προλίνη-μεθειονίνη-...-Χ-αργινίνη-βαλίνη-ισολευκίνη

Το Χ παριστάνει το αμινοξύ που κωδικοποιείται από το πρώτο μη ολοκληρωμένο κωδικόνιο μετά τα αποσιωπητικά, το οποίο μπορεί να είναι AUG (μεθειονίνη) ή UUG (λευκίνη) ή CUG (λευκίνη) ή GUG (βαλίνη).

Σημείωση: υποθέτουμε ότι το κωδικόνιο λήξης βρίσκεται οπωσδήποτε στο κομμάτι της αλληλουχίας που ακολουθεί μετά από τα αποσιωπητικά.

### 2,

Το εσώνιο (7 νουκλεοτίδια) δεν είναι πολλαπλάσιο του 3, οπότε η προσθήκη του μεταξύ 2ου και 3ου κωδικονίου (τα οποία κωδικοποιούν, μετά την 1η μεθειονίνη, αντίστοιχα την 2η τρυπτοφάνη και 3η φαινυλαλανίνη) έχει σαν αποτέλεσμα την προσθήκη των αμινοξέων τρυπτοφάνη και μεθειονίνη στην 3-4η θέση της νέας πολυπεπτιδικής αλυσίδας τα οποία κωδικοποιήθηκαν από τα 6 πρώτα νουκλεοτίδια του εσωνίου, αλλά και την προσθήκη στην 5η θέση της αλυσίδας της βαλίνης που κωδικοποιείται από το κωδικόνιο GUU το οποίο προέκυψε από το 7ο νουκλεοτίδιο G του εσωνίου και τα 2 πρώτα νουκλεοτίδια UU του

αρχικού 3ου κωδικονίου, ενώ το 3ο νουκλεοτίδιο U του συγκεκριμένου αρχικού 3ου κωδικονίου αλλάζει τον βηματισμό της ανάγνωσης (όλα τα υπόλοιπα, μετά το αρχικό 3ο, κωδικόνια). Μπορεί να δημιουργείται νέο κωδικόνιο λήξης από το 6ο κιάλας κωδικόνιο του mRNA ή και αργότερα από το αρχικό Κ.Λ., επομένως προκύπτει αγνώστου μήκους πρωτεΐνη (αφού αγνοούμε την παρακάτω αλληλουχία), μικρότερη ή μεγαλύτερη με διαφορετική πρωτοταγή δομή, επομένως διαφορετικής ενεργότητας σε σχέση με την αρχική και προφανώς νέος φαινότυπος. Φυσιολογικό (ώριμο) mRNA : 5' - AUG UGG UUU ... + 47 κωδικόνια + κωδικόνιο λήξης-3' Φυσιολογική πρωτεΐνη: μεθειονίνη-τρυπτοφάνη-φαινυλαλανίνη...+ 47 αμινοξέα Μεταλλαγμένο (πρόδρομο) mRNA: 5' - AUG UGG UGG AUG GUU U ... + 47 κωδικόνια + κωδικόνιο λήξης-3' Μεταλλαγμένη πρωτεΐνη: μεθειονίνη-τρυπτοφάνη-τρυπτοφάνη-μεθειονίνη-βαλίνη...+ X αμινοξέα.

### 3.

(Πρόδρομο και ώριμο mRNA => ευκαρυωτικό κύτταρο => γραμμικό δίκλωνο DNA)

α. Πολυπεπτιδική αλυσίδα=1000 αμινοξέα => 1000 κωδικόνια + 1 κωδικόνιο λήξης=1001 κωδικόνια =>  $1001 \times 3 = 3003$  νουκλεοτίδια (πλαίσιο ανάγνωσης) => ώριμο mRNA = 3003 + 200 νουκλεοτίδια (5' και 3' αμετάφραστες περιοχές)= 3203 νουκλεοτίδια

β. 4999 φωσφοδιεστερικοί δεσμοί στο πρόδρομο => 5000 νουκλεοτίδια => εσώνιο= 5000 - 3203 νουκλεοτίδια= 1797 νουκλεοτίδια

γ. πρόδρομο mRNA = 5000 νουκλεοτίδια => αντίστοιχο DNA =  $2 \times 5000 = 10000$  νουκλεοτίδια

### 4.

i. Οι δύο αλυσίδες του δίκλωνου μορίου DNA είναι αντιπαράλληλες και συμπληρωματικές. Η αλληλουχία των βάσεων του συμπληρωματικού κλώνου είναι:

3' TATAAGTACGAATAGCCCTCTAAAAAGGTGTACATTATTTTTT 5'

ii. Ο όρος κωδικόνιο αναφέρεται τόσο στο mRNA όσο και στην κωδική αλυσίδα του γονιδίου. Η μετάφραση γίνεται από το 5' άκρο του mRNA με κατεύθυνση προς το 3' άκρο του, ξεκινάει από το πρώτο κωδικόνιο (έναρξης, 5'-AUG-3') και ολοκληρώνεται στο κωδικόνιο λήξης (5'-UGA-3' ή 5'-UAG-3' ή 5'-UAA-3'). Αντίστοιχα στην κωδική αλυσίδα του γονιδίου το 5'-ATG-3' είναι το κωδικόνιο έναρξης και 5'-TGA-3' ή 5'-TAG-3' ή 5'-TAA-3' τα κωδικόνια λήξης. Η 5' αμετάφραστη περιοχή βρίσκεται πριν το κωδικόνιο έναρξης ενώ η 3' αμετάφραστη περιοχή βρίσκεται μετά το κωδικόνιο λήξης. Η αλυσίδα που πληρεί αυτά τα δεδομένα και επομένως είναι η κωδική είναι:

5' ATATTC ATG CTT ATC GGG AGA TTT TTC CAC ATG TAA TAAAAA 3'

iii. Με βάση το γενετικό κώδικα η αλληλουχία των αμινοξέων στο πεπτίδιο που θα σχηματιστεί κατά την μετάφραση του παραπάνω γονιδίου είναι:

N' Μεθειονίνη-λευκίνη-ισολευκίνη-γλυκίνη-αργινίνη-φαινυλαλανίνη-φαινυλαλανίνη-ιστιδίνη- μεθειονίνη C'.

iv. Κατά την μεταμεταφραστική τροποποίηση σε πολλές πρωτεΐνες απομακρύνονται ορισμένα αμινοξέα από το αμινικό άκρο τους που είναι το άκρο που βρίσκεται πάντα από

την πλευρά του πρώτου αμινοξέος που μεταφράζεται. Στην προκειμένη περίπτωση θα απομακρυνθεί η μεθειονίνη του αμινικού άκρου και επομένως η αλληλουχία των αμινοξέων του πεπτιδίου που θα προκύψει είναι:

N' Λευκίνη-ισολευκίνη-γλυκίνη-αργινίνη-φαινυλαλανίνη-φαινυλαλανίνη-ιστιδίνη-μεθειονίνη C'.

## 5.

Το πρόδρομο mRNA αποτελείται εκτός από τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές που δεν τις λαμβάνουμε υπόψη και από τα εξώνια και τα εσώνια. Το μήκος των εσωνίων σε αυτό είναι 279 βάσεις αφού το πρόδρομο mRNA είναι μονόκλωνο. Αφού κάθε κωδικόνιο κωδικοποιεί ένα αμινοξύ, υπάρχουν 141 κωδικόνια που κωδικοποιούν τα 141 αμινοξέα της πολυπεπτιδικής αλυσίδας συν το κωδικόνιο λήξης που δεν αντιστοιχεί σε αμινοξύ. Άρα συνολικά τα εξώνια αποτελούνται από 142 κωδικόνια ή  $142 \times 3 = 426$  νουκλεοτίδια αφού κάθε κωδικόνιο είναι μία τριπλέτα αζωτούχων βάσεων. Επομένως το πρόδρομο mRNA έχει μήκος  $279 + 426 = 705$  νουκλεοτίδια (χωρίς τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές που βρίσκονται στα άκρα του). Το ώριμο mRNA προκύπτει από το πρόδρομο mRNA μετά από την αφαίρεση των εσωνίων κατά την διαδικασία της ωρίμανσης. Άρα έχει μήκος 426 νουκλεοτίδια (και εδώ δεν έχουν υπολογιστεί οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές που βρίσκονται στα άκρα του μορίου.)

## 6

α. Από τη θεωρία γνωρίζουμε πως ένα κωδικόνιο- τριπλέτα νουκλεοτιδίων- κωδικοποιεί ένα αμινοξύ. Επομένως,  $100 \text{ κωδικόνια} \times 3 \text{ νουκλεοτίδια/κωδικόνιο} = 300 \text{ νουκλεοτίδια}$  συν τρία νουκλεοτίδια που αντιστοιχούν στο κωδικόνιο λήξης (UAG, UGA ή UAA) το οποίο δε κωδικοποιεί κάποιο αμινοξύ, δηλαδή το τμήμα του mRNA που κωδικοποιεί τη πολυπεπτιδική αλυσίδα αποτελείται από 303 νουκλεοτίδια.

β. Τα εσώνια αποτελούν το 50% του μήκους του, δηλαδή:  $150 + 350 = 500$  νουκλεοτίδια. Επομένως, το μήκος του πρόδρομου mRNA είναι 1000 νουκλεοτίδια. Οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές θα έχουν μήκος:  $1000 \text{ νουκλεοτίδια} - (300 + 3 + 500) = 197$  νουκλεοτίδια. Το mRNA διατηρεί τις περιοχές αυτές και μετά την ωρίμανση.

γ. Εφόσον το μόριο αυτό περιέχει εσώνια, προέρχεται από ασυνεχές ή διακεκομμένο γονίδιο. Αυτό το είδος γονιδίων συναντάμε σε ευκαρυωτικούς οργανισμούς ή σε ιούς που τους προσβάλλουν. Οι περιοχές που μεταφράζονται σε αμινοξέα (εξώνια) διακόπτονται από ενδιάμεσες αλληλουχίες που δε μεταφράζονται σε αμινοξέα (εσώνια).

δ. Κατά την έναρξη της μετάφρασης το mRNA προσδένεται μέσω μιας αλληλουχίας που υπάρχει στη 5' αμετάφραστη περιοχή του, με το ριβοσωμικό RNA της μικρής υπομονάδας του ριβοσώματος σύμφωνα με τον κανόνα της συμπληρωματικότητας των βάσεων. Εφόσον το συγκεκριμένο mRNA δε μπορεί να προσδεθεί σωστά, η μετάλλαξη εντοπίζεται στη 5' αμετάφραστη περιοχή του.



7.

Κατά μετάφραση το πρώτο αμινοξύ που εισάγεται είναι η μεθειονίνη, η οποία κωδικοποιείται από το κωδικόνιο έναρξης (5' AUG3' / 5' ATG3'). Συμπεραίνουμε ότι η μεθειονίνη έχει αφαιρεθεί από το συγκεκριμένο πεπτίδιο πράγμα που συμβαίνει συνήθως στις πρωτεΐνες μετά τη μετάφραση. Επίσης παρατηρούμε στο γενετικό κώδικα ότι τα αμινοξέα ιστιδίνη και λυσίνη κωδικοποιούνται από δύο συνώνυμα κωδικόνια το καθένα, ενώ το κωδικόνιο έναρξης μπορεί να είναι ένα εκ των 5' TAA3', 5' TAG3' ή 5' TGA3'. Σύμφωνα με τα παραπάνω υπάρχουν περισσότεροι από ένας πιθανοί συνδυασμοί αλληλουχιών κωδικονίων στην κωδική αλυσίδα του γονιδίου που κωδικοποιεί το συγκεκριμένο τριπεπίδιο:

- 5' ATG TGG CAT AAA TAA3', • 5' ATG TGG CAT AAA TAG3'
- 5' ATG TGG CAT AAA TGA3', • 5' ATG TGG CAT AAG TAA3'
- 5' ATG TGG CAT AAG TAG3', • 5' ATG TGG CAT AAG TGA3'
- 5' ATG TGG CAC AAA TAA3', • 5' ATG TGG CAC AAA TAG3'
- 5' ATG TGG CAC AAA TGA3', • 5' ATG TGG CAC AAG TAA3'
- 5' ATG TGG CAC AAG TAG3', • 5' ATG TGG CAC AAG TGA3'

8.

Η Α πολυπεπτιδική αλυσίδα έχει  $450 - 250 = 200$  αμινοξέα. Επειδή κάθε αμινοξύ κωδικοποιείται από μια τριάδα νουκλεοτιδίων στο mRNA, στο αντίστοιχο mRNA υπάρχουν  $200 \times 3 = 600$  νουκλεοτίδια που κωδικοποιούν αυτά τα αμινοξέα. Στα προκαρυωτικά κύτταρα το mRNA που μεταφράζεται είναι ίδιο με αυτό που προκύπτει με μεταγραφή. Σε αυτό θα υπάρχουν 400 νουκλεοτίδια στις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές και το κωδικόνιο λήξης -που δε μεταφράζονται σε αμινοξέα- και άλλα 600 νουκλεοτίδια που μεταφράζονται σε αμινοξέα. Δηλαδή 1000 νουκλεοτίδια συνολικά. Στο αντίστοιχο γονίδιο, επειδή είναι δίκλωνο, θα έπρεπε να υπάρχουν  $1000 \times 2 = 2000$  νουκλεοτίδια και όχι 2400 νουκλεοτίδια. Άρα δεν μπορεί να προέρχεται από προκαρυωτικό κύτταρο αλλά από ευκαρυωτικό. Τα περισσότερα γονίδια των ευκαρυωτικών οργανισμών έχουν εσώνια ενώ των προκαρυωτικών όχι. Το mRNA που μεταγράφεται ονομάζεται πρόδρομο mRNA και έχει 1200 νουκλεοτίδια (όσα τα μισά νουκλεοτίδια του γονιδίου). Όμως το mRNA που μεταφράζεται (ώριμο) έχει τόσα νουκλεοτίδια όσα υπολογίσαμε προηγουμένως, δηλαδή 1000. Αυτή η διαφορά τους κατά 200 νουκλεοτίδια οφείλεται στα εσώνια που αφαιρέθηκαν από το πρόδρομο mRNA.

9.

Οι DNA πολυμεράσες ... ασυνεχής στην άλλη» (Σχολικό Βιβλίο σελ. 30)

Πάνω αλυσίδα : Συνεχής | Ασυνεχής (όπου | η θέση έναρξης της αντιγραφής)

Κάτω αλυσίδα : Ασυνεχής | Συνεχής

1 συνεχές και 9 ασυνεχή πρωταρχικά τμήματα για κάθε νέα αλυσίδα

**10.**

A.i) Το κωδικόνιο έναρξης της μετάφρασης στο mRNA 5' AUG 3' . Το αντίστοιχο κωδικόνιο στη μη κωδική αλυσίδα θα είναι 3' TAC 5' , αφού οι αλυσίδες είναι αντιπαράλληλες. Τα κωδικόνια λήξης του mRNA είναι 5 UAG 3 , ή 5 UGA 3 , ή 5 UAA 3 , τα αντίστοιχα στη μεταγραφόμενη αλυσίδα του DNA θα είναι τα 3 ATC 5 , ή 3 ACT 5 , ή 3 ATT 5 . Τέλος οι βάσεις ανάμεσα στο κωδικόνιο έναρξης και το κωδικόνιο λήξης θα πρέπει να είναι ανά τριάδες.

Σύμφωνα με τα παραπάνω έχουμε: 5 CGAAATATGCGCGGGAGAAAATGACGCC 3 κωδική  
3 GCTT TATACGCGCCT CTT T TACTGCGGG 5 μη κωδική

ii) mRNA : 5 CGAAAUAUGCGCGGGAGAAAUAUGACGCC 3

tRNA : 3 UAC 5 , 3 GCG 5 , 3 CCC 5 , 3 UCU 5 , 3 UUU 5

Το κωδικόνιο λήξης δεν κωδικοποιεί κανένα αμινοξύ (δεν έχει αντίστοιχο αντικωδικόνιο)

iii) Ανάμεσα σε A και U υπάρχουν δύο δεσμοί υδρογόνου και ανάμεσα σε C και G τρεις δεσμοί υδρογόνου. Επομένως θα έχουμε  $7 \times 2 + 8 \times 3 = 38$  δεσμούς υδρογόνου, όπου 7 τα ζεύγη A U και όπου 8 τα ζεύγη G C Από τη μετάφραση του παραπάνω τμήματος θα σχηματιστούν 5 αμινοξέα, ανάμεσα στα οποία θα αναπτυχθούν 4 πεπτιδικοί δεσμοί.

B. i) Μετάλλαξη στο κωδικόνιο έναρξης της μετάφρασης → δε θα γίνει φυσιολογική έναρξη και κατ επέκταση και σύνθεση της πρωτεΐνης

ii) Πρόωρος τερματισμός στη σύνθεση της πρωτεΐνης → μετατροπή κωδικονίου αμινοξέος σε κωδικόνιο λήξης

iii) Καμία μεταβολή. Το νέο κωδικόνιο είναι και πάλι κωδικόνιο λήξης.

**11.**

Οι DNA πολυμεράσες, που είναι τα κύρια ένζυμα που συμμετέχουν στην αντιγραφή του DNA, δεν έχουν την ικανότητα να αρχίσουν τη διαδικασία αυτή. Για το λόγο αυτό, το πριμόσωμα, ένα σύμπλοκο ενζύμων, συνθέτει στις θέσεις έναρξης της αντιγραφής μικρά τμήματα RNA, συμπληρωματικά προς τις μητρικές αλυσίδες, τα οποία ονομάζονται πρωταρχικά τμήματα. Επομένως, εφόσον τα πρωταρχικά τμήματα είναι RNA τμήματα, στη συγκεκριμένη περίπτωση το πρωταρχικό τμήμα αποτελείται από 7 βάσεις ή από 7 ριβονουκλεοτίδια. Αυτό γιατί μετά το 7ο ριβονουκλεοτίδιο, ακολουθεί δεοξυριβονουκλεοτίδιο, εφόσον φέρει ως αζωτούχο βάση τη T. Ανάμεσα στην A και την U αναπτύσσονται 2 δεσμοί υδρογόνου και ανάμεσα στην C και την G 3 δεσμοί υδρογόνου. Επομένως έχουμε:  $\Delta.H = (2 \times 4) + (3 \times 3) = 17$

**12**

A.

5'- C C G G T T A A G G C T C A T A C A G C A T G A G C C G A T -3'

3'- G G C C A A T T C C G A G T A T G T C G T A C T C G G C T A -5'

Σελ. 32-33 "Κατά την έναρξη της μεταγραφής ενός γονιδίου ... προσανατολισμό 5'→3'" Το πρώτο κωδικόνιο του mRNA είναι το AUG (κωδικόνιο έναρξης που κωδικοποιεί τη μεθειονίνη). Επομένως πριν από αυτό υπάρχει η 5' αμετάφραστη περιοχή, ενώ στη συνέχεια με βήματα τριπλέτας (συνεχής μη επικαλυπτόμενος γενετικός κώδικας) συναντάμε το κωδικόνιο λήξης (UAA ή UGA ή UAG) και ακολουθεί η 3' αμετάφραστη περιοχή. Ο όρος κωδικόνιο δεν αναφέρεται μόνο στο mRNA από το οποίο παράχθηκε. Η

αλληλουχία των βάσεων είναι η ίδια μόνο που στη θέση της ουρακίλης έχουμε θυμίνη. Λόγω συμπληρωματικότητας και αντιπαράλληλίας, η μη κωδική αλυσίδα έχει την εξής σειρά αλληλουχιών: αλληλουχία αζωτούχων βάσεων που με τη μεταγραφή δίνει την 5' αμετάφραστη περιοχή, το κωδικόνιο έναρξης (TAC), τις υπόλοιπες τριπλέτες εξονίων και το κωδικόνιο λήξης (ATT, ATG, AGT) και τέλος την 3' αμετάφραστη περιοχή. Η μη κωδική αλυσίδα του γονιδίου αρχίζει να μεταγράφεται από το 3' άκρο προς το 5' άκρο, αφού προκύπτει mRNA με προσανατολισμό 5'→3'.

B. mRNA: 3'-GGCCAAU UCC GAG UAU GUC GUACTCGGCUA-5' η πολυπεπτιδική αλυσίδα που δημιουργείται είναι η εξής: NH<sub>2</sub>- met-leu-tyr-glu-pro-COOH

Με βάση το γενετικό κώδικα, σε κάθε κωδικόνιο του mRNA αντιστοιχεί και ένα αμινοξύ. Εξίραση αποτελεί το κωδικόνιο λήξης. Η πολυπεπτιδική αλυσίδα που δημιουργείται έχει ως πρώτο αμινοξύ την μεθειονίνη, με ελεύθερη την αμινομάδα (-H<sub>2</sub>N), ενώ το τελευταίο αμινοξύ έχει ελεύθερη την καρβοξυλική ομάδα (-COOH).

Γ. Τα αντικωδικόνια είναι συμπληρωματικά και αντιπαράλληλα με τα κωδικόνια. Στο αντικωδικόνιο λήξης δεν αντιστοιχεί αντικωδικόνιο, αφού αυτό δεν κωδικοποιεί αμινοξύ. Επειδή κάθε αντικωδικόνιο ανήκει και σε διαφορετικό tRNA, τα αντικωδικόνια δεν ενώνονται μεταξύ τους, οπότε τα καθένα ξεχωριστά έχει μπροστά ελεύθερο το 3' άκρο ενώ στο τέλος το 5' άκρο. Έτσι έχουμε: 3'-UAC-5', 3'-GAC-5', 3'-AUA-5', 3'-CUC-5', 3'-GGA-5'.

### 13

Γνωρίζουμε τα εξής:

- 1) Ο γενετικός κώδικας είναι κώδικας τριπλέτας, συνεχής και μη επικαλυπτόμενος.
- 2) Το βακτηριακό κύτταρο είναι προκαρυωτικό, άρα δεν γίνεται ωρίμανση του mRNA.
- 3) Κατά την έναρξη της μετάφρασης η μικρή ριβοσωμική υπομονάδα συνδέεται με μια αλληλουχία που υπάρχει στην 5' αμετάφραστη περιοχή του mRNA, δίπλα στην οποία βρίσκεται το κωδικόνιο έναρξης AUG που αντιστοιχεί στο αμινοξύ μεθειονίνη. Δηλαδή το πρώτο αμινοξύ κάθε νεοσυντιθέμενης πολυπεπτιδικής αλυσίδας είναι η μεθειονίνη η οποία έχει ελεύθερο το αμινικό της άκρο. Επομένως το τελευταίο αμινοξύ θα έχει ελεύθερο το καρβοξυλικό άκρο. Κατά την επιμήκυνση της πολυπεπτιδικής αλυσίδας το ριβόσωμα κινείται πάνω στο mRNA με κατεύθυνση 5' - 3' «διαβάζοντας» όλα τα διαδοχικά κωδικόνια που συναντά. Η επιμήκυνση τελειώνει όταν το ριβόσωμα συναντήσει ένα από τα κωδικόνια λήξης. Δηλαδή στο mRNA το κωδικόνιο έναρξης βρίσκεται κοντά στο άκρο 5' και το κωδικόνιο λήξης κοντά στο άκρο 3'.
- 4) Όλες οι πρωτεΐνες (πολυπεπτιδικές αλυσίδες) ενός οργανισμού δεν έχουν ως πρώτο αμινοξύ την μεθειονίνη. Αυτό συμβαίνει γιατί μετά τη σύνθεσή τους απομακρύνονται ορισμένα αμινοξέα από το αμινικό άκρο. Από τα παραπάνω συμπεραίνουμε ότι από το δοσμένο ολιγοπεπτίδιο έχουν απομακρυνθεί ορισμένα αμινοξέα από το αμινικό του άκρο και γ' αυτό ξεκινά με το αμινοξύ σερίνη. Επομένως το αντίστοιχο τμήμα mRNA θα έχει στο άκρο του 5' το κωδικόνιο της σερίνης και στο άκρο 3' το κωδικόνιο της μεθειονίνης, δηλαδή:  
Ολιγοπεπτίδιο H<sub>2</sub>N- σερίνη-λευκίνη-προλίνη-ιστιδίνη- μεθειονίνη- COOH  
mRNA 5' ... U C U C U C C C U C A A U G ... 3'

Κατά τη μεταγραφή το mRNA συντίθεται με χημικό καλούπι την μη κωδική αλυσίδα του DNA σύμφωνα με τον κανόνα της συμπληρωματικότητας και είναι αντιπαράλληλο προς αυτή. Δηλαδή απέναντι από το άκρο 5' mRNA βρίσκεται το άκρο 3' της μη κωδικής του DNA και αντίστροφα. Επειδή η κωδική αλυσίδα είναι και αυτή συμπληρωματική και αντιπαράλληλη με την μη κωδική συμπεραίνουμε ότι το mRNA και η κωδική αλυσίδα έχουν την ίδια αλληλουχία βάσεων στην κατεύθυνση 5' - 3' με τη διαφορά ότι στη θέση της θυμίνης του DNA, υπάρχει η βάση ουρακίλη στο mRNA. Επίσης τα κωδικόνια υπάρχουν στο mRNA και στην κωδική του DNA, για παράδειγμα στο κωδικόνιο έναρξης 5'..AUG..3' του mRNA αντιστοιχεί το κωδικόνιο έναρξης της κωδικής 5'..ATG..3'. Επομένως:

mRNA 5' ... UCU CUC CCU CAA AUG ...3'

Κωδική 5' ... TCT CTC CCT CAA ATG...3'

Μη κωδική 3' .... AGA GAG GGA GTT TAG...5'

#### 14

Το πρόδρομο mRNA έχει μήκος 1000 βάσεις (τις μισές από όσες έχει το γονίδιο), επομένως το ώριμο mRNA θα έχει μήκος  $1000 - 200 = 800$  βάσεις.

Το 90% των βάσεων αυτών (δηλαδή οι 720 βάσεις) κωδικοποιούν αμινοξέα, συγκεκριμένα κωδικοποιούν  $720:3=240$  αμινοξέα. Δεδομένου ότι κατά την τροποποίηση της πολυπεπτιδικής αλυσίδας μετά την σύνθεσή της απομακρύνονται 9 αμινοξέα, η λειτουργική πρωτεΐνη αποτελείται από  $241 - 9 = 231$  αμινοξέα.

Το 10% των βάσεων του ώριμου mRNA (δηλαδή 80 βάσεις) αντιστοιχούν στις 3' και 5' αμετάφραστες περιοχές, αλλά και στο κωδικόνιο λήξης.

#### 15

Θα έχουμε 23 τριάδες φτιάχνουμε όλες τις τριάδες και στην συνέχεια κάθε τριάδα πολλαπλασιάζουμε για κάθε U της τριάδες με  $4/5$  και για κάθε G με  $1/5$ .

#### 16

a. mRNA: 3'-AUG-AAA-CCC-GAU-AGU-UGA-5'

Met-Lys-Pro-Asp-Ser-λήξη

b. 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές: 5'-ACGG- ... - AAACA-5'

c. το εσώνιο 5'-ACCGUU-3'

d. Ανήκει σε ευκαρυωτικό οργανισμό (λόγω εσωνίων).

#### 17

Το σύμπλεγμα των ριβοσωμάτων με το mRNA ονομάζεται πολύσωμα (Σχολικό Βιβλίο σελ. 38). Αφού παρήχθησαν συνολικά 10 πρωτεΐνες η καθεμία θα έχει μήκος 100 αμινοξέων και αφού προέρχονται από τη μεταγραφή του ίδιου mRNA είναι φυσικά όλες ίδιες μεταξύ τους. Κατά συνέπεια το ώριμο mRNA θα έχει συνολικά  $100 \times 3 + 3 = 303$  ριβονουκλεοτίδια.

Πολλαπλασιάσαμε με 3 επειδή γνωρίζουμε ότι ο γενετικός κώδικας είναι τριαδικός δηλαδή

τρία νουκλεοτίδια κωδικοποιούν ένα αμινοξύ και η προσθήκη των τριών νουκλεοτιδίων (βάσεων) αντιστοιχεί στο κωδικόνιο λήξης.

### 18

Εφόσον η εκφώνηση αναφέρει ότι το DNA είναι πυρηνικό, σημαίνει ότι προέρχεται από ευκαρυωτικό οργανισμό άρα ενδέχεται να είναι ασυνεχές. Παρατηρώντας και τις δυο αλυσίδες που μας δίδονται και προς τις δυο κατευθύνσεις εντοπίζουμε την τριπλέτα ATG στην αλυσίδα Ι. Γνωρίζουμε ότι το mRNA είναι κινητό αντίγραφο της κωδικής αλυσίδας με μόνη διαφορά ότι αντί της ουρακίλης έχουμε θυμίνη. Άρα το ATG πιθανώς αντιστοιχεί στο AUG, κωδικόνιο έναρξης στο mRNA:

(I) GATCTATGCCTGCATTGCTAGCTTCATTTGACCGA

Για να επιβεβαιώσουμε ότι όντως αυτό είναι το κωδικόνιο έναρξης θα πρέπει να ελέγξουμε αν και τα υπόλοιπα κωδικόνια αντιστοιχούν στα αμινοξέα της πρωτεΐνης. Διαβάζουμε τα νουκλεοτίδια μετά το ATG ανά τρία χωρίς να παραλείψουμε κανένα και χωρίς να συμπεριλάβουμε κάποιο σε δυο κωδικόνια εφόσον ο γενετικός κώδικας είναι κωδικός τριπλέτας, συνεχής και μη επικαλυπτόμενος. Διαπιστώνουμε ότι το ATG ακολουθούν τα κωδικόνια CCT και GCA που αντιστοιχούν στα αμινοξέα pro και ala αντίστοιχα. Αντιθέτως παρατηρούμε ότι ανάμεσα στα νουκλεοτίδια T και C του κωδικονίου TCA που αντιστοιχεί στο αμινοξύ σερίνη παρεμβάλλεται αλληλουχία που αντιστοιχεί σε εσώνιο, και δεν μεταφράζεται. Συνεχίζοντας εντοπίζουμε το κωδικόνιο TTT που αντιστοιχεί στην phe και το κωδικόνιο λήξης TGA:

(I) GATCT-ATG-CCT-GCA-T-TGCTAGCTT-CA-TTT-TGA-CCGA

Εφόσον το mRNA είναι κινητό αντίγραφο της κωδικής αλυσίδας με μόνη διαφορά ότι αντί της ουρακίλης έχουμε θυμίνη, η αλυσίδα (I) αποτελεί την κωδική με άκρα

(I) 5'-GATCT-ATG-CCT-GCA-T-TGCTAGCTT-CA-TTT-TGA-CCGA-3'

Η απέναντι αλυσίδα, που είναι συμπληρωματική και αντιπαράλληλη, αποτελεί την μη κωδική.

Το πρόδρομο mRNA που θα προκύψει μαζί με τις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές είναι:

5'-GAUCUAUGCCUGCAUUGCUAGCUUCAUUUUGACCGA-3'

ενώ το ώριμο mRNA είναι:

5'-GAUCUAUGCCUGCAUUCAUUUUGACCGA-3'

### 19

$852-30=822 \Rightarrow 822/3=274$  κωδικόνια  $\Rightarrow 274-1=273$  αμινοξέα  $\Rightarrow 273-153=120$  αμινοξέα απομακρύνθηκαν

### 20

Το πρόδρομο mRNA που προκύπτει από τη μεταγραφή είναι συμπληρωματικό της μιας (μεταγραφόμενης) αλυσίδας του δίκλωνου μορίου DNA. Επομένως θα αποτελείται από 2500 νουκλεοτίδια.

Ο αριθμός των νουκλεοτιδίων του mRNA που κωδικοποιεί αμινοξέα μπορεί να υπολογιστεί αν από το πρόδρομο mRNA αφαιρεθούν οι περιοχές που δεν μεταφράζονται δηλαδή τα

νουκλεοτίδια που αντιστοιχούν στα δύο εσώνια, στις 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές και στο κωδικόνιο λήξης:  $2500 - (460 + 1350 + 54 + 33 + 3) = 600$  νουκλεοτίδια  
Γνωρίζουμε ότι ο γενετικός κώδικας είναι κώδικας τριπλέτας, συνεχής και μη επικαλυπτόμενος. Επομένως τα 600 νουκλεοτίδια αντιστοιχούν σε  $600 : 3 = 200$  κωδικόνια ή 200 αμινοξέα στην παραγόμενη μη λειτουργική πολυπεπτιδική αλυσίδα. Από την αλυσίδα αυτή αφαιρέθηκαν 20 αμινοξέα, οπότε η λειτουργική πρωτεΐνη αποτελείται από:  $200 - 20 = 180$  αμινοξέα.

## 21

- Προκύπτει συνώνυμο κωδικόνιο (Λευκίνη)
- Προκύπτει κωδικόνιο λήξης πιο νωρίς, με αποτέλεσμα να δημιουργηθεί μικρότερη πρωτεΐνη.
- Αλλάζει το κωδικόνιο έναρξης σε Λυσίνη και η μετάφραση θα ξεκινήσει όταν το ριβόσωμα συναντήσει το επόμενο κωδικόνιο έναρξης.
- Δημιουργείται κωδικόνιο έναρξης πιο νωρίς άρα θα σχηματιστεί μεγαλύτερη πρωτεΐνη.

## 22

Η μεταγραφή έχει προσανατολισμό 5' → 3'. Δηλαδή, το κωδικόνιο έναρξης του mRNA θα είναι κοντά στο 5' άκρο του ενώ το κωδικόνιο λήξης κοντά στο 3' άκρο του. Επομένως, το ίδιο θα ισχύει και για την κωδική αλυσίδα του γονιδίου, ενώ στη μη κωδική θα υπάρχει στο 3' άκρο της τριπλέτα TAC (συμπληρωματική του κωδικονίου έναρξης AUG του mRNA) και στο 5' άκρο της μία τριπλέτα συμπληρωματική ενός από τα τρία κωδικόνια λήξης του mRNA (UAG, UGA και UAA).

- Αν η φορά μεταγραφής είναι από αριστερά προς τα δεξιά, η κάτω αλυσίδα με προσανατολισμό 3' → 5' είναι η μη κωδική και μεταγράφεται στο ακόλουθο mRNA:  
5' ACCGAUGCUUACCGUUGUGUCAUGAAACA 3'

Το mRNA αυτό πρέπει να μεταφράζεται στο τριπεπτίδιο Λευκίνη-Βαλίνη-Σερίνη για να είναι σωστή η υπόθεσή μας ως προς τη φορά μεταγραφής. Από το γενετικό κώδικα βρίσκουμε την αντιστοίχιση των 3 αμινοξέων του πεπτιδίου (το οποίο τη στιγμή της σύνθεσής του είχε πρώτο αμινοξύ τη μεθειονίνη που κωδικοποιείται από το κωδικόνιο έναρξης AUG) με τις τριπλέτες του mRNA που τις κωδικοποιούν.

Παρατηρούμε ότι στο παραπάνω mRNA υπάρχει το εσώνιο ACCGUU που όταν αφαιρείται, κατά τη διαδικασία της ωρίμανσης, από τα ριβονουκλεοπρωτεϊνικά σωματίδια, προκύπτει το ώριμο mRNA: 5' ACCGAUGCUUGUGUCAUGA AACA 3' που δίνει το εν λόγω πεπτίδιο. Άρα το εσώνιο είναι 5' ACCGUU 3', ενώ τα εξώνια είναι 2: 5' AUGCUU 3' και 5' GUGUCAUGA 3'. Οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές του mRNA είναι ACCG και AACA αντίστοιχα. Πρέπει να σημειωθεί ότι αν η φορά μεταγραφής είναι από δεξιά προς τα αριστερά επίσης παράγεται mRNA με την πάνω αλυσίδα να λειτουργεί ως μη κωδική. Το mRNA στην περίπτωση αυτή είναι το 5' UGUUUCAUGACACAACGGUAAGCAUCGGU 3' το οποίο είναι προφανές ότι δεν κωδικοποιεί το πεπτίδιο. Άρα απορρίπτεται.

- Αφού εντοπίστηκε εσώνιο στο mRNA, (άρα και στο γονίδιο), το γονίδιο αυτό ανήκει σε

ευκαρυωτικό οργανισμό ή σε ιό ευκαρυωτικού κυττάρου.

γ. Αρχικά, το γονίδιο μεταγράφεται, δηλαδή συντίθεται πρόδρομο mRNA, με προσανατολισμό 5' → 3', συμπληρωματικό της μη κωδικής αλυσίδας του γονιδίου. Η διαδικασία αυτή καταλύεται από την RNA πολυμεράση και πραγματοποιείται στον πυρήνα του ευκαρυωτικού κυττάρου. Στον πυρήνα, επίσης, γίνεται και η ωρίμανση του πρόδρομου mRNA με τη δράση των ριβονουκλεοπρωτεϊνικών σωματιδίων (αποτελούνται από snRNA και πρωτεΐνες), τα οποία αφαιρούν το εσώνιο και συρράπτουν μεταξύ τους τα 2 εξώνια. Έτσι προκύπτει το ώριμο mRNA, το οποίο βγαίνει από τον πυρήνα και πηγαίνει στα ριβοσώματα, όπου και μεταφράζεται στο τριπεπτίδιο.

δ. Το γονίδιο που δόθηκε έχει 29 ζεύγη βάσεων. Από αυτά τα 13 ζεύγη βάσεων είναι ζεύγη G-C και αποτελούν το 44,8% του γονιδίου. Το δεύτερο γονίδιο δίνεται ότι έχει 65% G-C. Επομένως, το 2ο τμήμα DNA είναι πιο σταθερό αφού έχει μεγαλύτερο ποσοστό G-C (αζωτούχων βάσεων που σχηματίζουν τριπλό δεσμό υδρογόνου) από το 1ο, ενώ έχουν το ίδιο μήκος.

### 23

Το γονίδιο είναι υπεύθυνο για 1686 αμινοξέα που δημιουργούνται από τα αντίστοιχα κωδικόνια. Επειδή είναι κώδικας τριπλέτας ο γενετικός κώδικας τα 1686 κωδικόνια είναι  $1686 \times 3 = 5058$  βάσεις στο mRNA. Αν σε αυτές προστεθούν 3 βάσεις από το κωδικόνιο λήξης που δεν αντιστοιχούν σε αμινοξύ, οι 5' και 3' αμετάφραστες περιοχές και το εσώνιο, προκύπτει πρόδρομο mRNA μήκους 7518 βάσεων. Επειδή από το γονίδιο μέσω μεταγραφής προκύπτει mRNA 8414 βάσεων, αντιλαμβανόμαστε ότι υπάρχει και άλλο εσώνιο που αποτελείται από 896 βάσεις στο mRNA.