

A nukleinsavak vegyi szerkezete

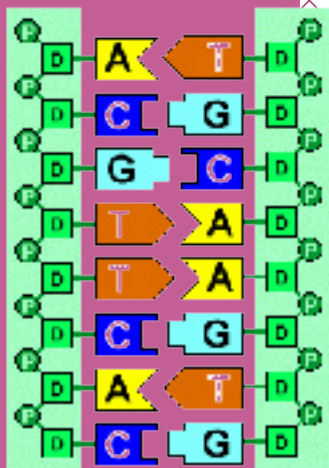


6. ábra. Watson és Crick DNS modellje

WATSON, CRICK és WILKINS

központi dogma
kodon
genetikai kód

Négy féle bázis:
A, G, C és T



Nukleinsavak:

DNS - dezoxiribonukleinsav
RNS - ribonukleinsav

Nukleotid:

bázis + pentóz + foszfátcsoport

1953 májusában és áprilisában kiadott publikációkban az angol fizikus, FRANCIS CRICK és az amerikai biológus JAMES WATSON bebizonyította, hogy a DNS kettős hélixet alkot. A molekulák központjában bázisok állnak. Crick és Watson DNS modellje (6. ábra), ami 1953-ban épült, jelenleg a Londoni Nemzeti Tudományos Múzeumban tekinthető meg. Crick és Watson híres cikkében a Nature-ben 1953-ban azt mondták, hogy a munkájukat Wilkins és Franklin munkája ösztönözte. Egy hangsúlyos bemutatón 1957-ben Crick lefektette a **„központi dogmát”**, ami megjósolta a kapcsolatot a DNS, az RNS és a fehérjék között, és megformálta a „szekvencia-elméletet”. A replikációt, a kettős hélix szerkezet egy kritikus bizonyítékát 1958-ban fedezték fel, a Meselson-Stahl kísérlet formájában. Crick és munkatársai kimutatták, hogy a **genetikai kód** egymást nem átfedő, **kodonnak** nevezett bázishármasokból áll. Har Gobind Khorana és mások nem sokkal ezután megfejtették a DNS-kódot. Ezek a felfedezések voltak a molekuláris biológia kezdetei.

Watson, Crick, és Wilkins 1962-ben orvosi Nobel-díjjal jutalmazták a DNS szerkezetének felfedezéséért. Franklin addigra meghalt rákban 37 éves korában. A Nobel-díjat nem osztják posztumusz, ha még élt volna, a döntés a megosztott Nobel-díjról nehéz lett volna, mivel maximum hárman oszthatják.

A nukleinsavak vegyi szerkezete

A nukleinsavak olyan óriásmolekulájú szerkezetek melyek alapját bázisok alkotják (7. ábra). Négy féle bázis létezik:



7. ábra. A DNS szerkezete

adenin (A)
guanin (G)
citozin (C)
timin (T)

A bázisok közötti kötések tartják össze a két hélixet. Az A mindig a T-nel kapcsolódik, a C mindig G-nal. WATSON és CRICK kettős hélix világosan megmagyarázta, hogy a genetikai információ hogyan másolódik egyik sejtől vagy egyik nemzedéktől a másikba. Az egymást kiegészítő fonalak kicsavarodnak és az új szál felépítéséhez szükséges építőelemek mindkét szálhoz odaszállítódnak.

A bázisok sorrendje a DNS-ben meghatározza a fehérjék felépítésében résztvevő aminosavakat, éppúgy, mint ahogyan a morzejelek pontjai és vonalai az ábécé betűit jelzik. Egy adott gén - a DNS szegmense (részlete) - meghatározza egy adott fehérje (vagy fehérje-részlet) megfelelő szerkezetét.

A nukleinsavak két félék:

DNS – dezoxiribónukleinsav

RNS – ribónukleinsav.

A DNS és az RNS ismétlődő **nukleotid** egységekből álló nagy méretű molekulák (polimerek). Minden nukleotid három egymáshoz kapcsolódó elemből áll:

- egy nitrogén tartalmú szerves **bázisból** (adenin, timin, citozin, guanin),
- egy **pentóz**, cukorból (dezoxiribóz vagy ribóz) és
- egy **foszfátcsoportból** (P).

- A **nitrogénbázisok** két csoportra oszthatók:

a. pirimidinnitrogén bázisok – 6 atomos heterociklikus gyűrűt alkotnak. Ide tartoznak a DNS-ben citozin és timin, míg az RNS-ben citozin és uracil.

b. purinnitrogén bázisok - 9 atomos hetrociklusos gyűrűt tartalmaznak. A purinok közé tartozó bázisok az adenin és guanin a DNS-nek és az RNS-nek egyaránt.

Az uracil és timin közötti egyetlen különbség az, hogy az 5. szénatomon a timinben egy metilcsoport helyezkedik el. A bázisokat gyakran csak kezdőbetűikkel jelöljük, így:

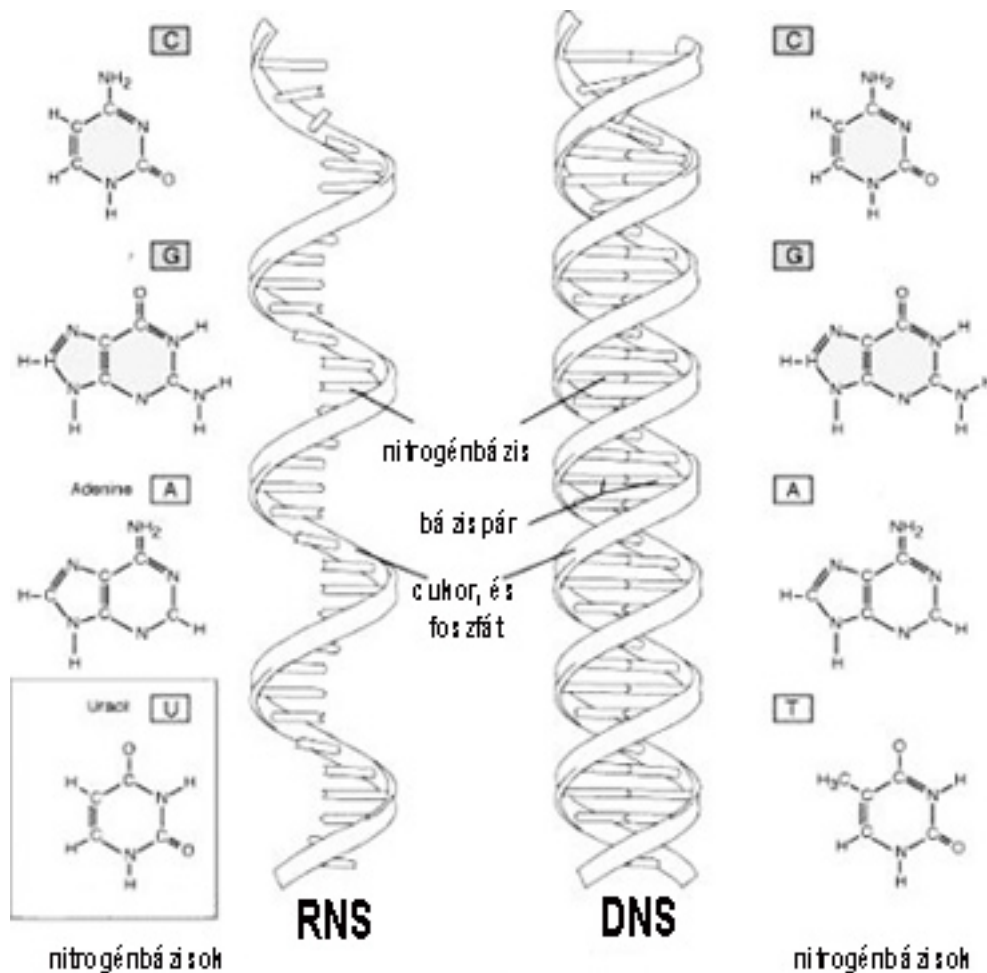
- DNS-ben A, G, C és T van, míg
- RNS-ben A, G, C és U fordul elő.

A kettős DNS molekula kialakításában a bázisok kapcsolódnak egymással hirogénhíd kötések (hidrogén kötés) által. Mindig egy purin bázis egy pirimidinnel kapcsolódik és csak négy féle kapcsolódás lehetséges:

* kettős hidrogén kötés: A = T, T = A között a DNS-ben

A = U, U = A között az RNS-ben

* hármas hidrogénkötés: C ≡ G, G ≡ C között mind a DNS, mind az RNS-ben.



8. ábra. A nitrogénbázisok kapcsolódása

• A **pentóznak** két típusát találjuk meg a nukleinsavakban: a DNS-ben a **dezoxiribóz** (9. ábra), míg az RNS-ben a **ribóz** (10. ábra.) fordul elő. A különbség közöttük az, hogy a dezoxiribóz 2. szénatomján -OH csoport helyett csak -H van. A bázisok a pentóz 1. szénatomjához kapcsolódnak glikozid kötéssel. (A pirimidinek az 1., a purinok a 9. nitrogénatomjukkal kapcsolódnak a pentózhoz.) Hogy megkülönböztethessük a bázisok és a pentózok atomszámait, az utóbbiakat vesszővel (pl: 5', 3') jelöljük.

A bázisok és a pentózok által alkotott vegyületeket **nukleozidoknak** nevezzük, melyek egy foszfát csoporttal kiegészülve alkotják a nukleotidokat.

Nitrogénbázisok:

- * purin - A és G
- * pirimidin - C, T és U

A DNS-be:

A, G, C és T

Az RNS-be:

A, G, C és U

A hidrogénhidak:

* kettős

DNS: A = T, T = A

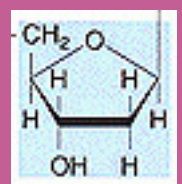
RNS: A = U, T = U

* hármas

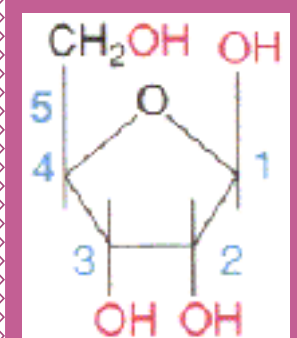
DNS: C ≡ G, G ≡ C

RNS: C ≡ G, G ≡ C

nukleozid



9. ábra. A dezoxiribóz



10. ábra. A ribóz