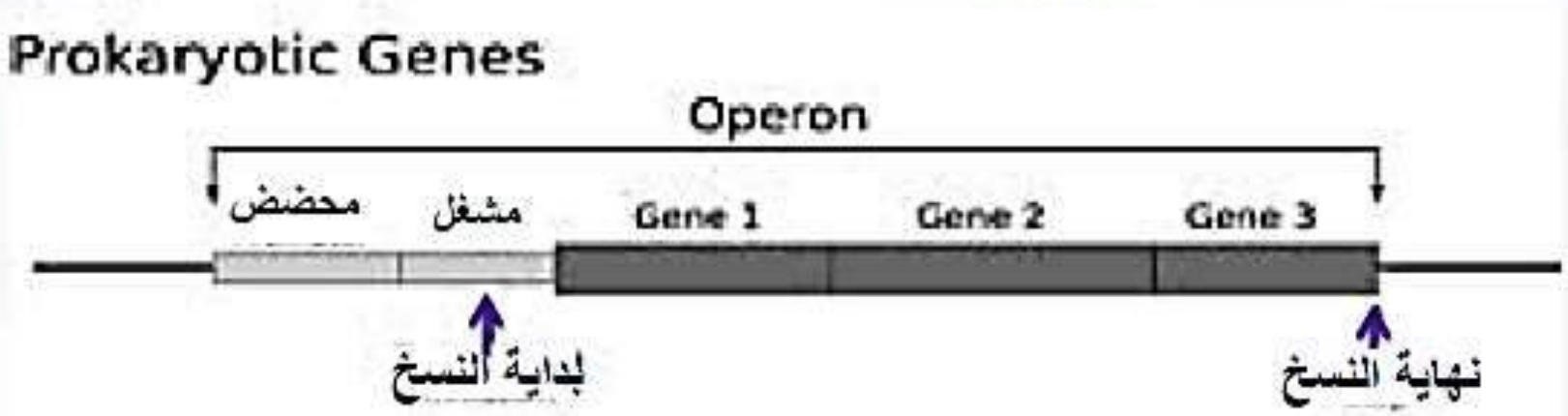
ثالثاً: تركيب المورثة في بدائية النواة Prokaryote Gene Structure:

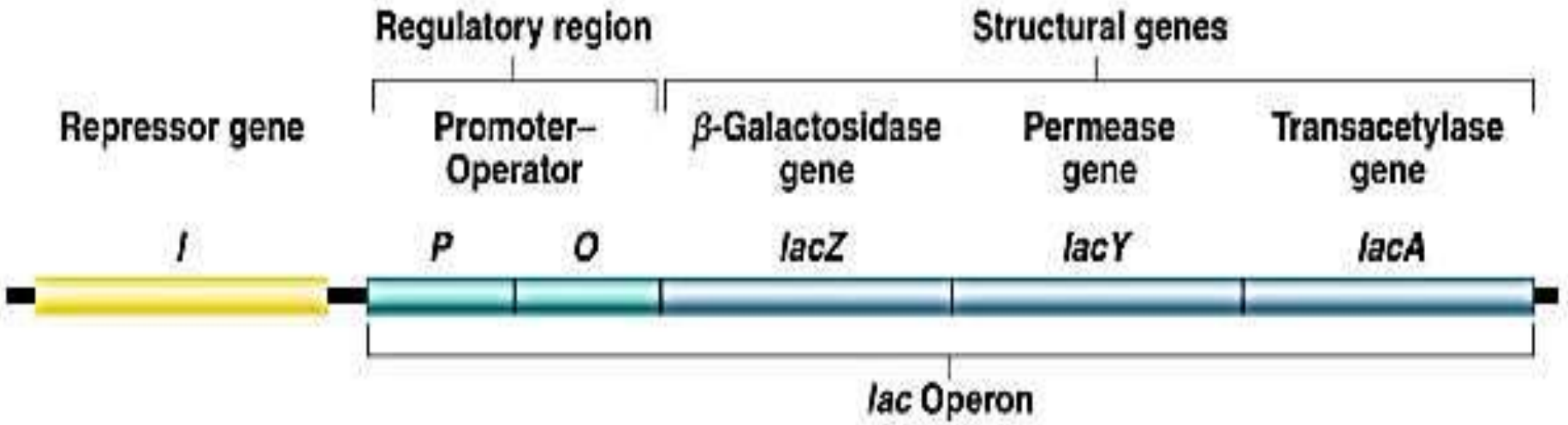
- من الجدير بالذكر أن تركيب الكرموسوم والجين في بدائية النواة يكون أسهل مما في حقيقية النواة كما سنوضحه لاحقاً. تحتوي بدائية النواة على **كروموسوم حلقي واحد** circular. ويكون تركيب الجين مشابهاً لما في حقيقية النواة مع بعض الاستثناءات ومنها:
  - ✓ لا يحتوي على الإنترون Intron
  - ✓ منطقة **المحفز** تحتوي على تسلسل يسمى Pribnow box ذو تسلسل مميز TATAAT يرتبط عنده معقد RNA polymerase

بنية المورثة في طلائعيات النوى

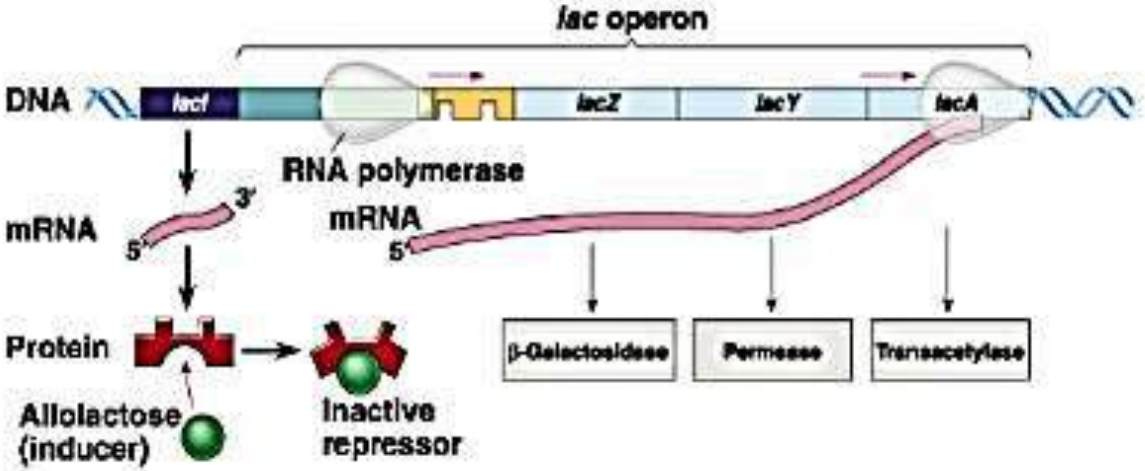
- تكون المورثات مجتمعة على شكل أوبيرونات operons . يتألف الأوبيرون من مجموعة من المورثات التي تكون مسؤولة عن الترميز للأنزيمات اللازمة لتأمين خط استقلابي معين ، أو لمجموعة من البروتينات المترافقة
- كما يشمل الأوبيرون على محضض promoter ، مشغل operator ومنظم regulator.
- يقوم المنظم بالترميز إلى البروتين الكابح repressor protein الذي يرتبط إلى المشغّل، ويمنع عمل المحضض بالتالي يتم ايقاف عملية النسخ = التحكم بعملية التعبير المورثي)



الأوبيرون الخاص باستقلاب اللاكتوز lac operon

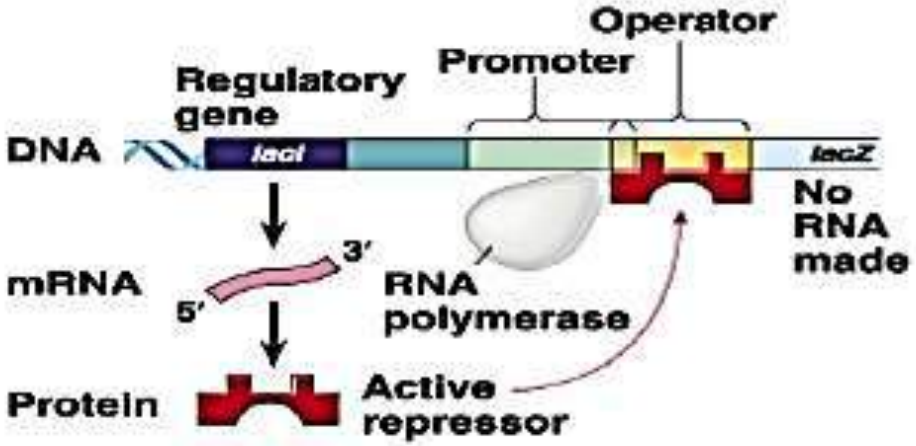


يتألف من 3 مورثات : **lacZ** ترمز إلى أنزيم بيتا غلاكتوزيداز. **lacY** ترمز إلى أنزيم غلاكتوزيداز بيريماز. **lacA** أنزيم غلاكتوزيداز ترانس أسيتيلاز . يسبق تلك المورثات منطقة تحكم تشمل المشغّل O(مكان ارتباط البروتين الكابح) ، المحضض P (مكان ارتباط أنزيم الـ RNA بوليميراز)



(b) Lactose present, repressor inactive, operon on

عند توفر اللاكتوز يتم تشغيل عمل الأوبرون



(a) Lactose absent, repressor active, operon off

في حال غياب اللاكتوز يتم كبح عمل

الأوبرون من خلال ارتباط البروتين

الكابح إلى المشغّل، ويمنع عمل

المحضض أي يتم إيقاف عملية النسخ

يعد أوبرون اللاكتوز مثالاً عن مقدرة الجراثيم تنظيم عملية الاستقلاب حسب الظروف البيئية المحيطة

عملية الاستنساخ وما بعد الاستنساخ

Transcription and Post transcription Processes

تعد عملية الـ Transcription على إنها العملية الثانية الأساسية ضمن الـ **central Dogma** والتي تضمن نقل المعلومات الوراثية من الدنا الى الحامض النووي الرايبوزي المراسل mRNA لتترجم فيما بعد الى البروتين

عملية الاستنساخ (Transcription) : تعرف على إنها عملية تصنيع الحامض النووي الرايبوزي المراسل mRNA باستخدام الدنا DNA كقالب بوجود انزيم بلمرة الرنا RNA polymerase.

تتضمن هذه العملية الخطوات التالية:

1. البدء Initiation
2. الإطالة Elongation
3. الإنهاء Termination

الاستنساخ في حقيقية Eukaryote
وبدائية النواة Prokaryote:

وتتضمن الأحداث التالية:

1. **ارتباط انزيم RNA pol.** (هنالك ثلاثة انواع) بتسلسل مميز يقع ضمن منطقة المحفز Promoter وتسمى هذه المنطقة بـ **TATA box** وتكون ذات تسلسل من 6 نيوكليوتيدة 5'-TATAAA-3'. في بدائية النواة تسمى المنطقة التي يرتبط بها RNA pol. بـ **Pribnow box** ذات تسلسل مكون من 6 نيوكليوتيده 5'-TATAAT-3'

❑ **هنالك ثلاثة انواع من انزيم البلمره في حقيقية النواة وهي:**

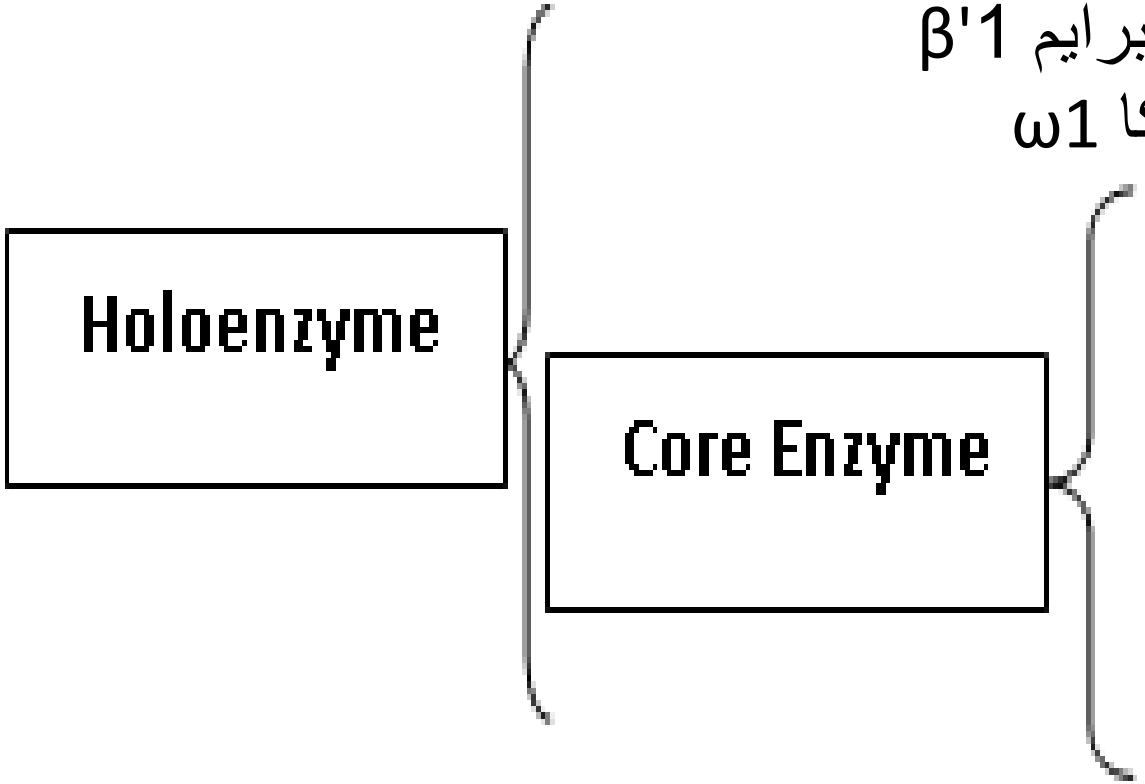
RNA Polymerase I ويستخدم لتصنيع الرنا الرايبوسومي rRNA

RNA Polymerase II ويستخدم لتصنيع الرنا المراسل mRNA

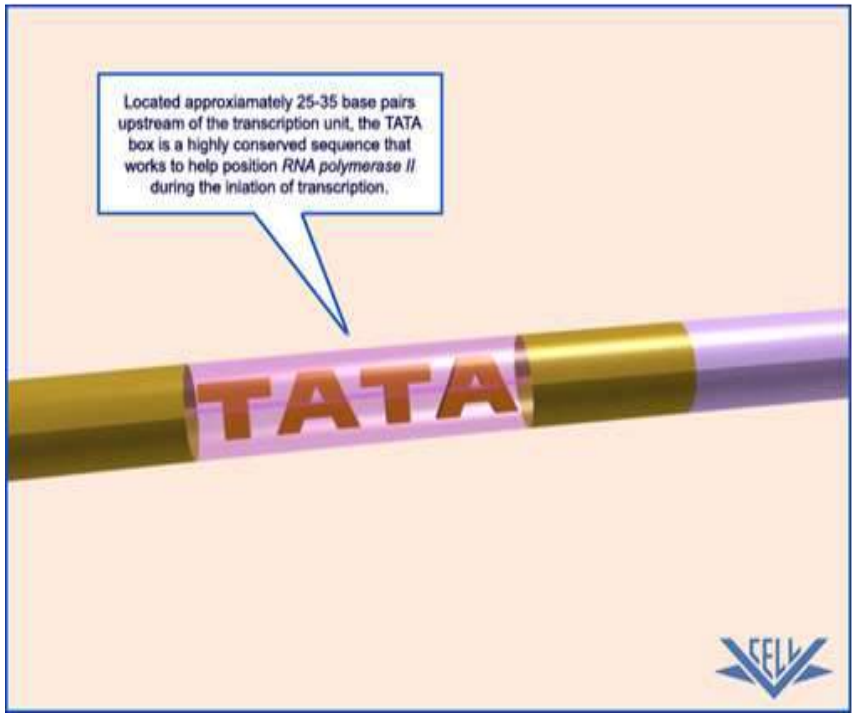
RNA Polymerase III ويستخدم لتصنيع الرنا الناقل tRNA

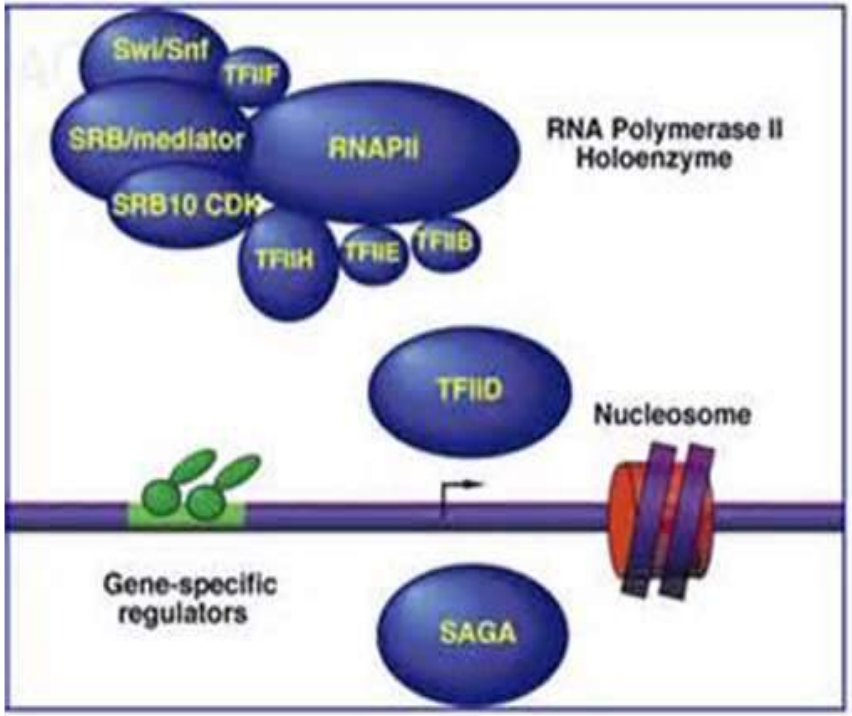
اما في بدائية النواة فهنالك نوع واحد مكون من عدة وحدات وهي:

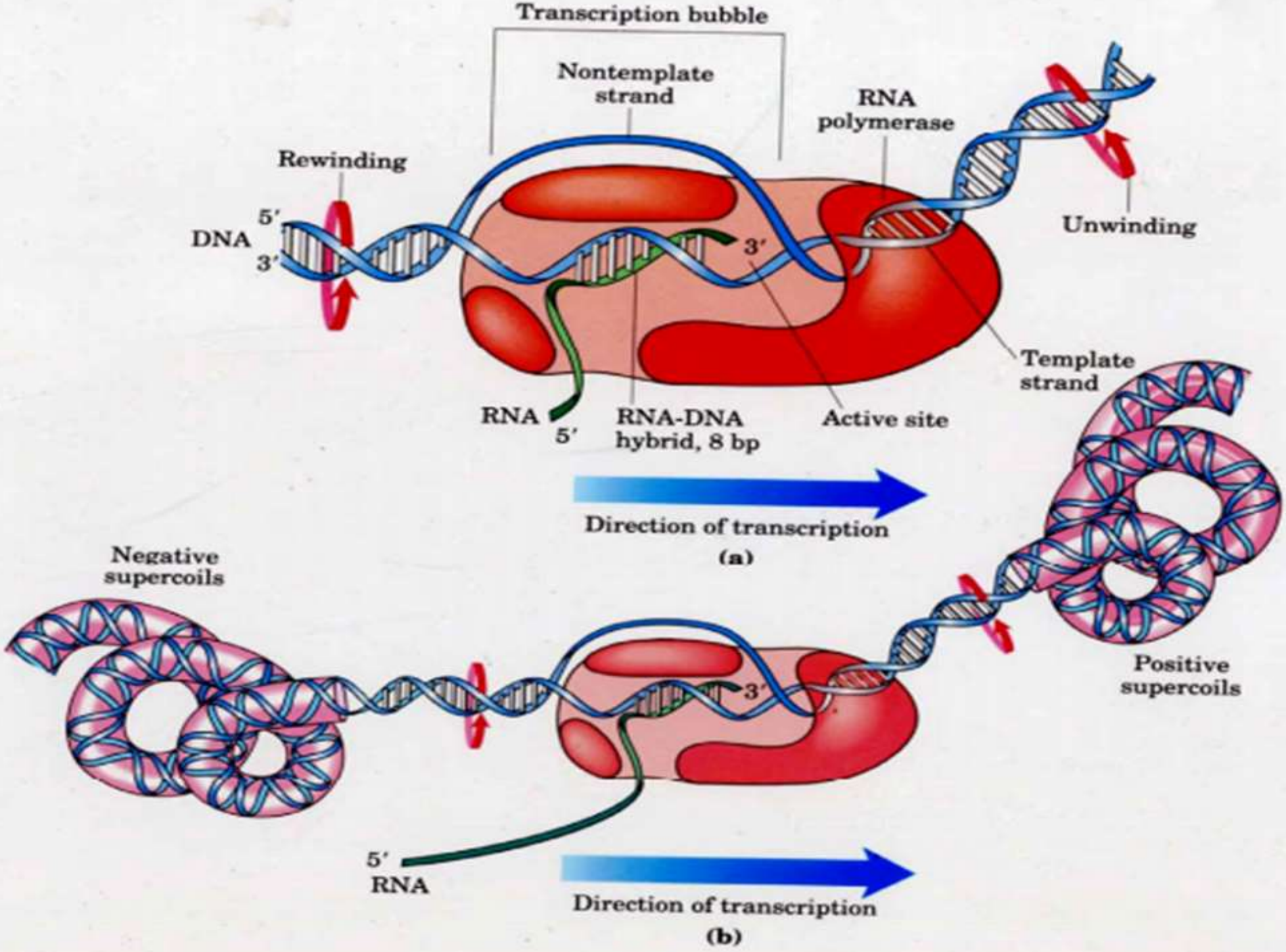
- وحدة واحدة من سكما Sigma factor
- وحدتين من الفا 2 α
- وحدة واحدة من بيتا 1 β
- وحدة واحدة من بيتا برايم 1β'
- وحدة واحد من اوميكا 1ω



ان وظيفة عامل سكما هو فقط لبدء عملية الاستنساخ ثم بعد ذلك ترتبط بقية الوحدات لتشكل انزيم البلمره المتكامل Holoenzyme وتبدأ عملية الاستنساخ ثم ينفصل عامل سكما ويبقى ما يسمى ب Core enzyme

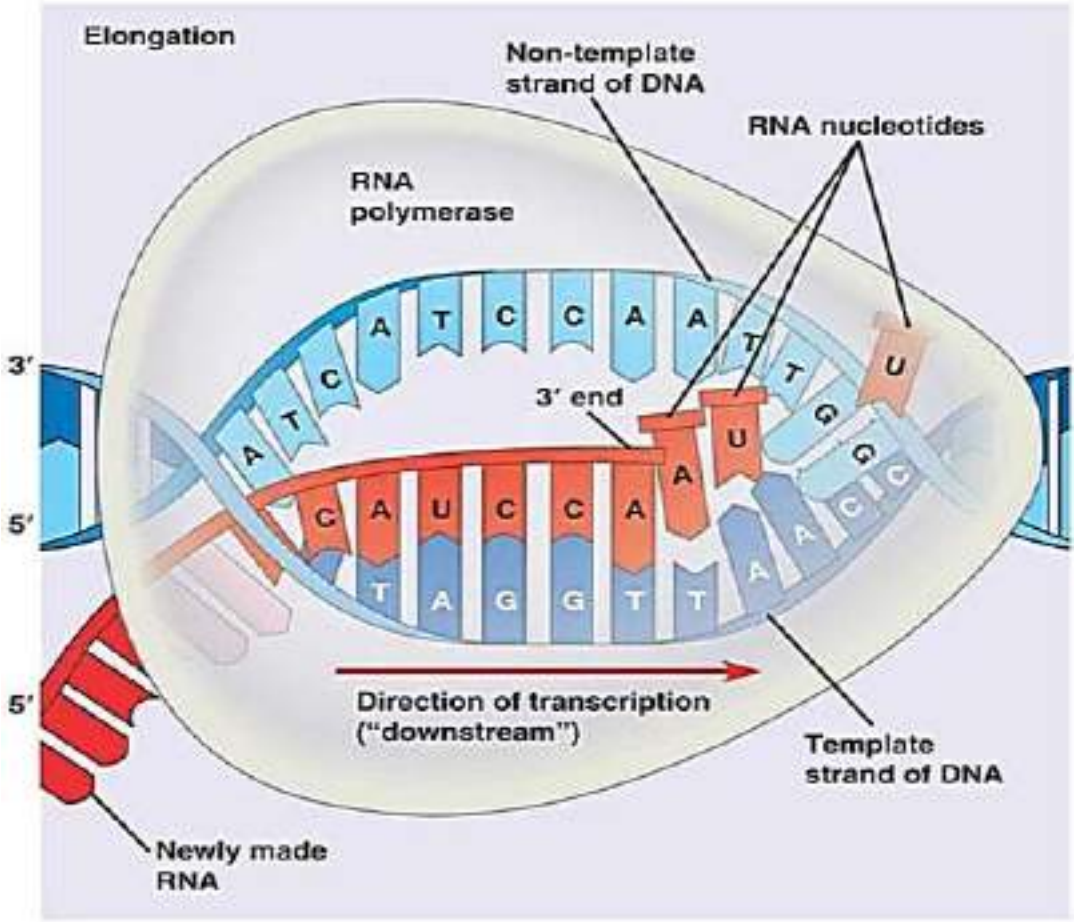




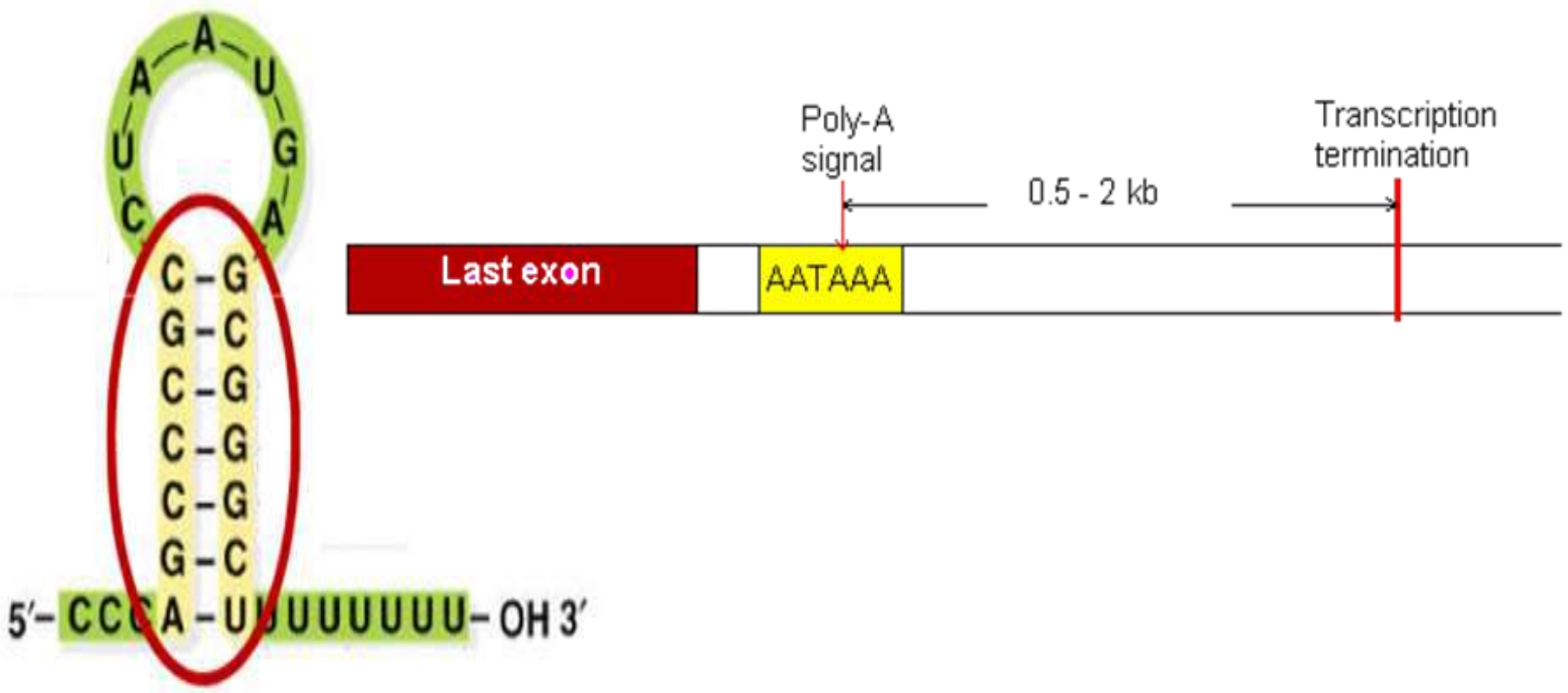

Transcription bubble
Nontemplate strand
RNA polymerase
Rewinding
DNA
5′
3′
3′
Unwinding
Template strand
RNA
5′
RNA-DNA hybrid, 8 bp
Active site
Direction of transcription
(a)
Negative supercoils
Positive supercoils
3′
5′
RNA
Direction of transcription
(b)

يستخدم شريط الدنا ذو الاتجاه 3'→5' لإنتاج شريط mRNA ذو الاتجاه 5'→3'

2.الإطالة Elongation : وتتم بإضافة نيوكليوتيدات رايبوزية الى السلسلة المتنامية

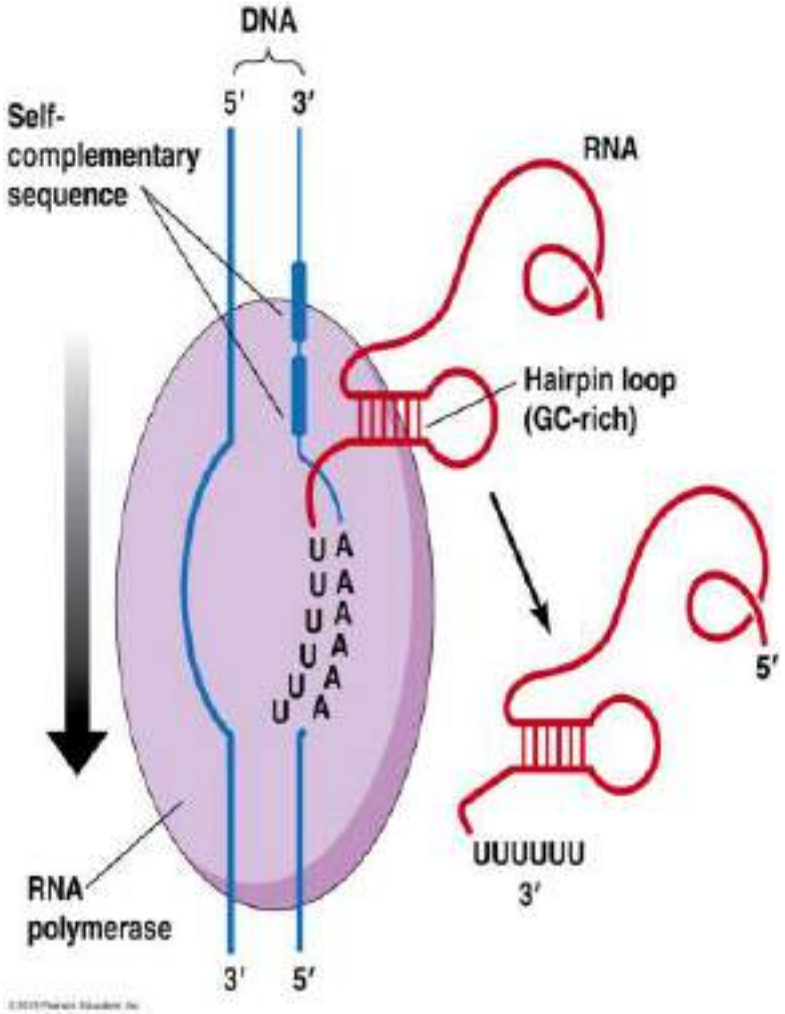


3- الإنـهاء Termination : في حقيقية النواة يكون اما معتمد على بعض عوامل الانـهاء التي تميز النـهايه ذات المتعدد poly-Aاو غير معتمد ويتم بتكوين hairpin .

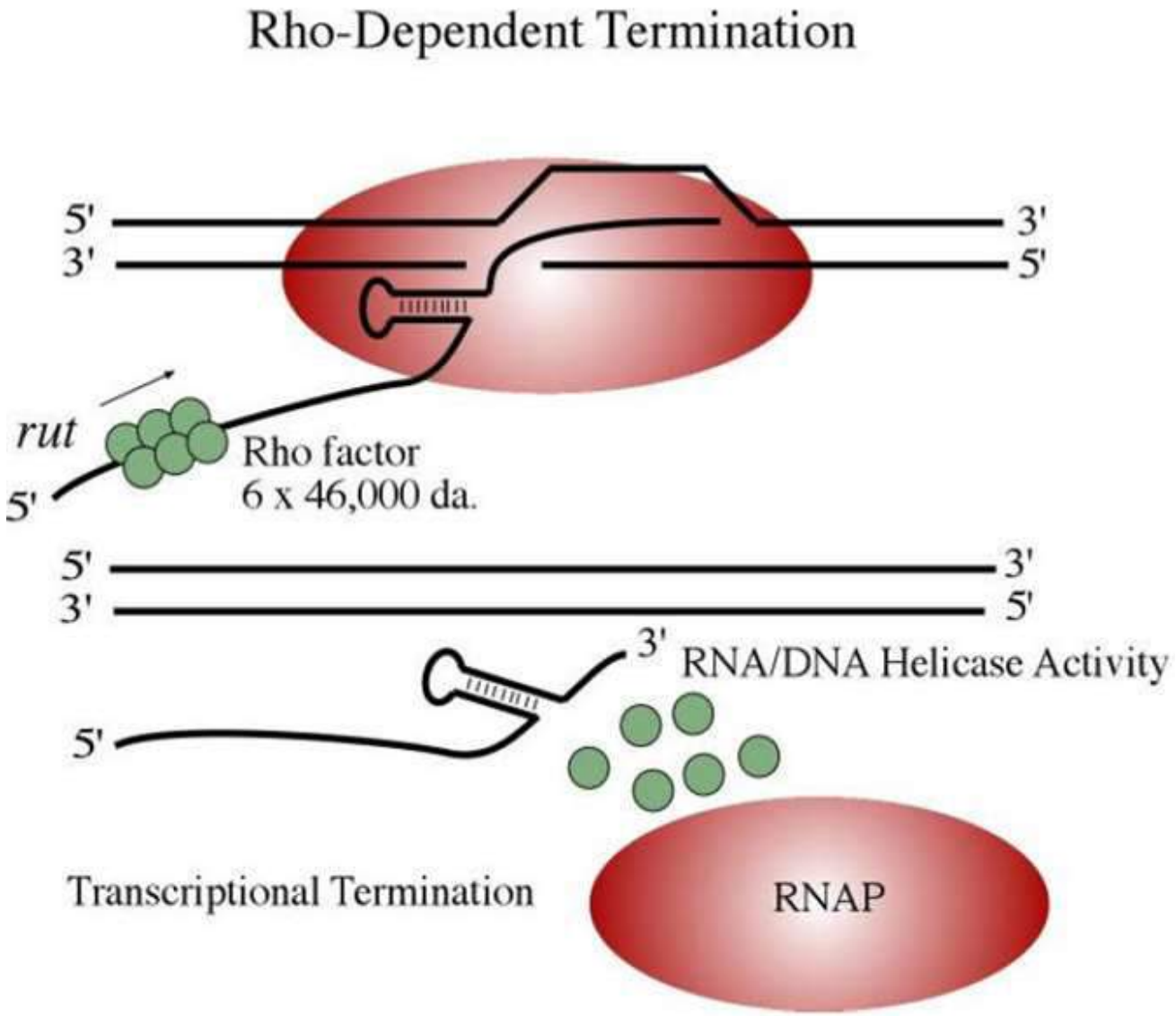


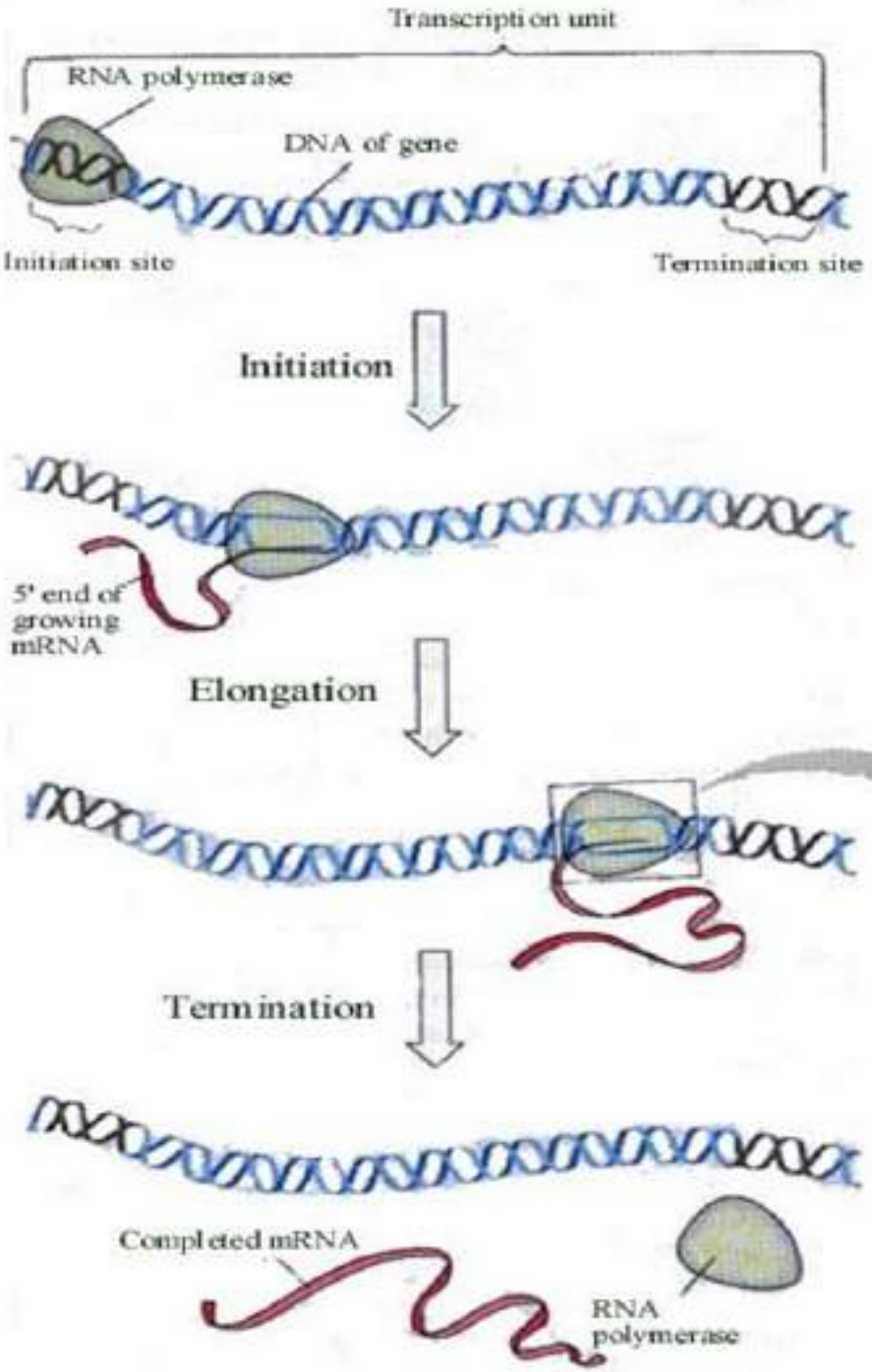
هنالك نوعين من عملية الانهاء في بدائية النواة وهي:

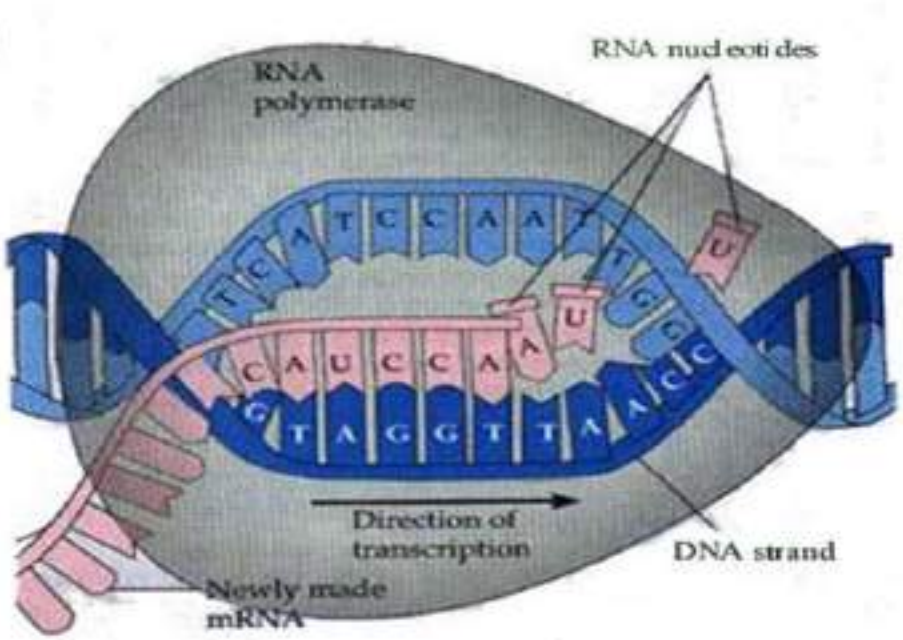
1- **Rho independent**: وتتم بتكوين G-C hairpin التي تعمل على انفصال شريط الرنا الجديد عن شريط الدنا القالب.



2- **Rho dependent:** وتتم بمساعدة بروتين الإنهاء المسمى Rho

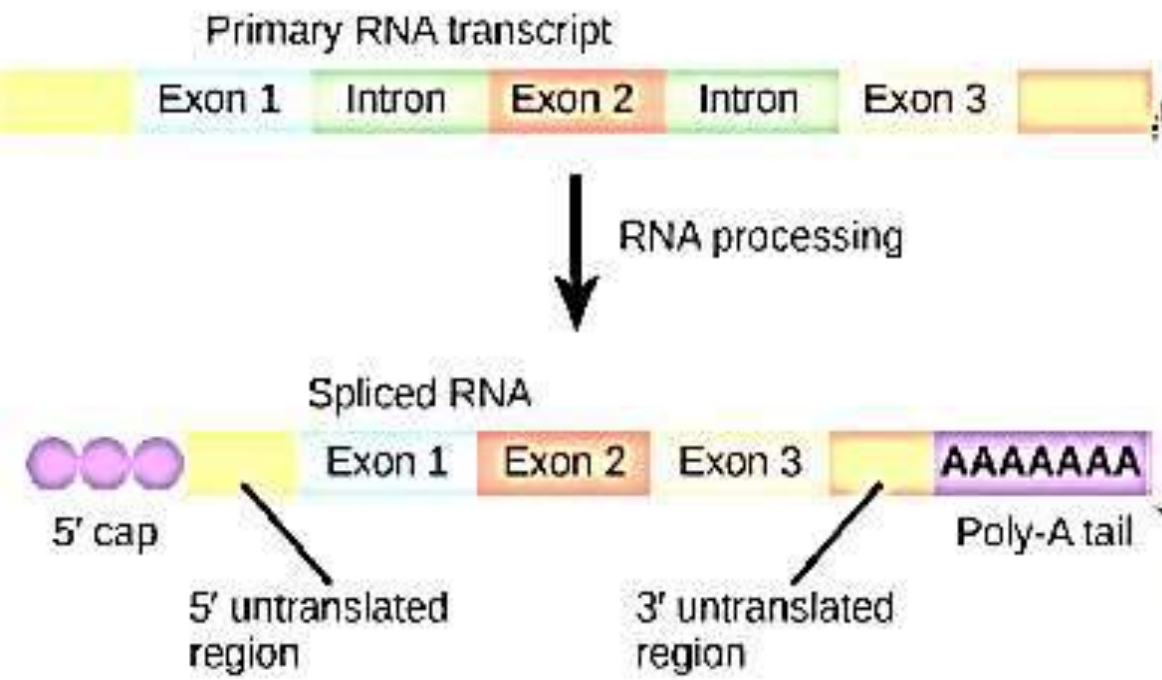



Transcription unit
RNA polymerase
DNA of gene
Initiation site
Termination site
Initiation
5' end of growing mRNA
Elongation
Termination
Completed mRNA
RNA polymerase


RNA nucleotides
RNA polymerase
Direction of transcription
DNA strand
Newly made mRNA

تضفير SPLICING الـ mRNA عند حقيقيات النوى

يخضع الـ mRNA في حقيقيات النوى إلى عمليات معالجة ضمن النواة وقبل مغادرته إلى السيتوبلاسما حيث:

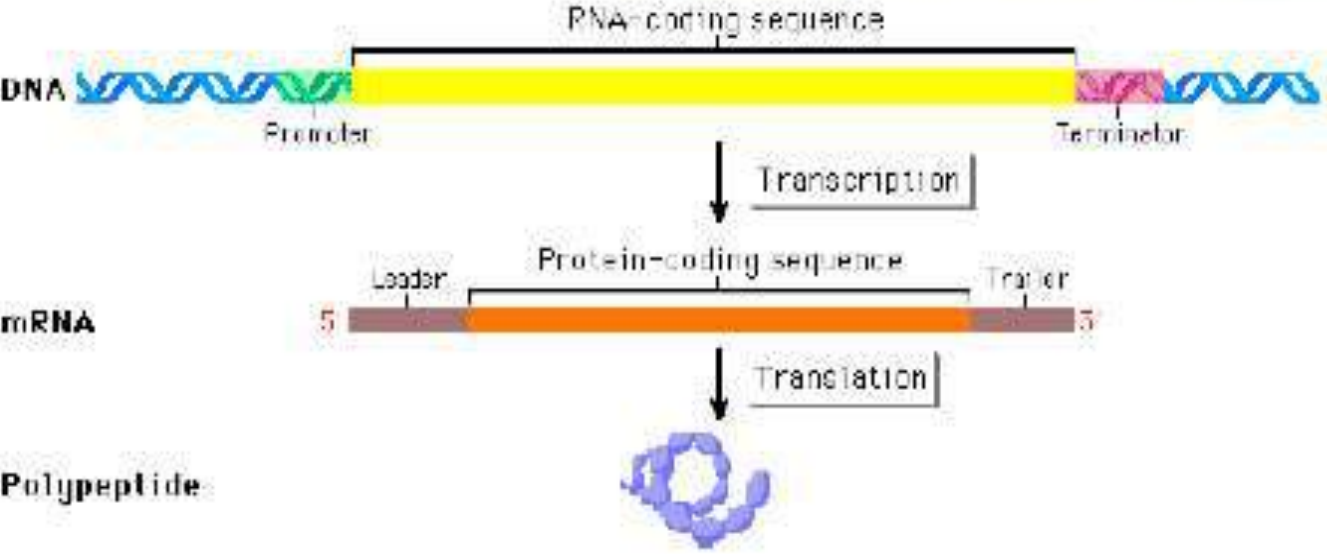


1- يضاف نكليوتيد الغوانين G المعدل إلى النهاية 5′ والتي تعرف باسم القبعة CAP تساعد هذه القبعة في تثبيت الجزيء و تمنعه من الانحلال كما تساعد في تحديد مكان بداية الترجمة

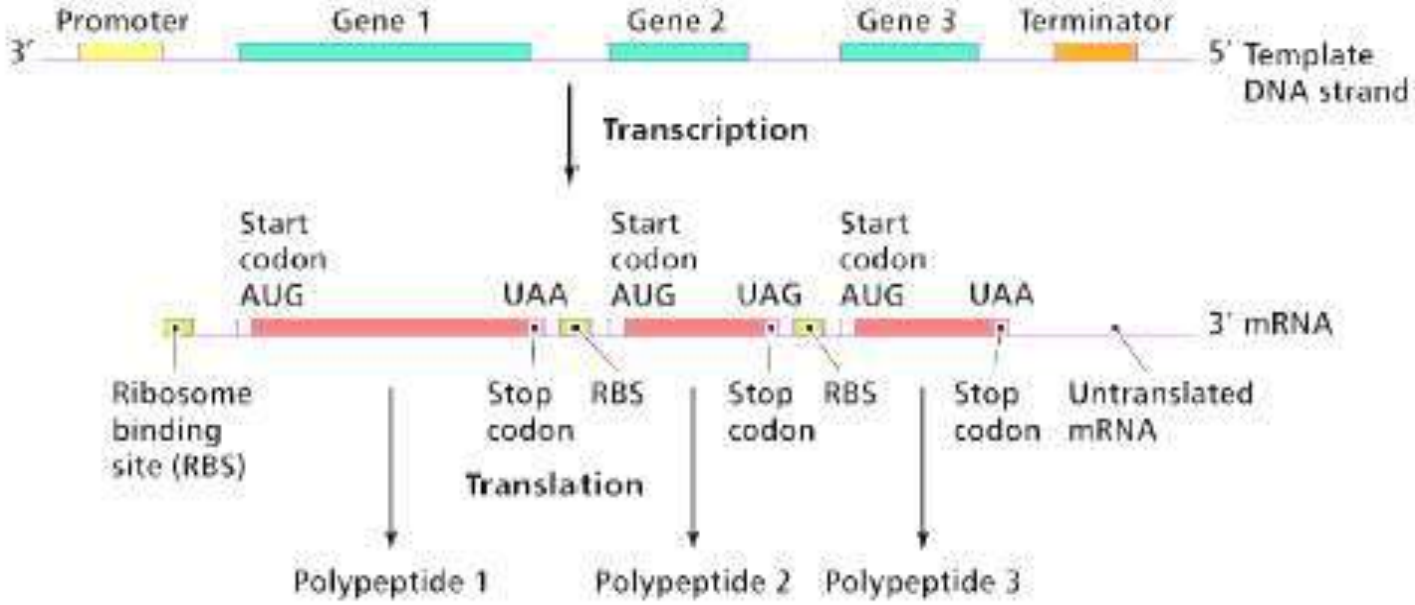
2- تتم إضافة ذيل متعدد نكليوتيدات الأدنيل بطول 200-100 نكليوتيد إلى النهاية 3′ الذي يقوم على تثبيت الجزيء ويحول من تفككه أثناء عبوره من الثقوب النووية إلى السيتوبلاسما

3- يتم قطع واستبعاد الانترونات (تسلسلات غير مرمزة) ومن ثم وصل الإكزونات (تسلسلات مرمزة) بعضها مع بعض

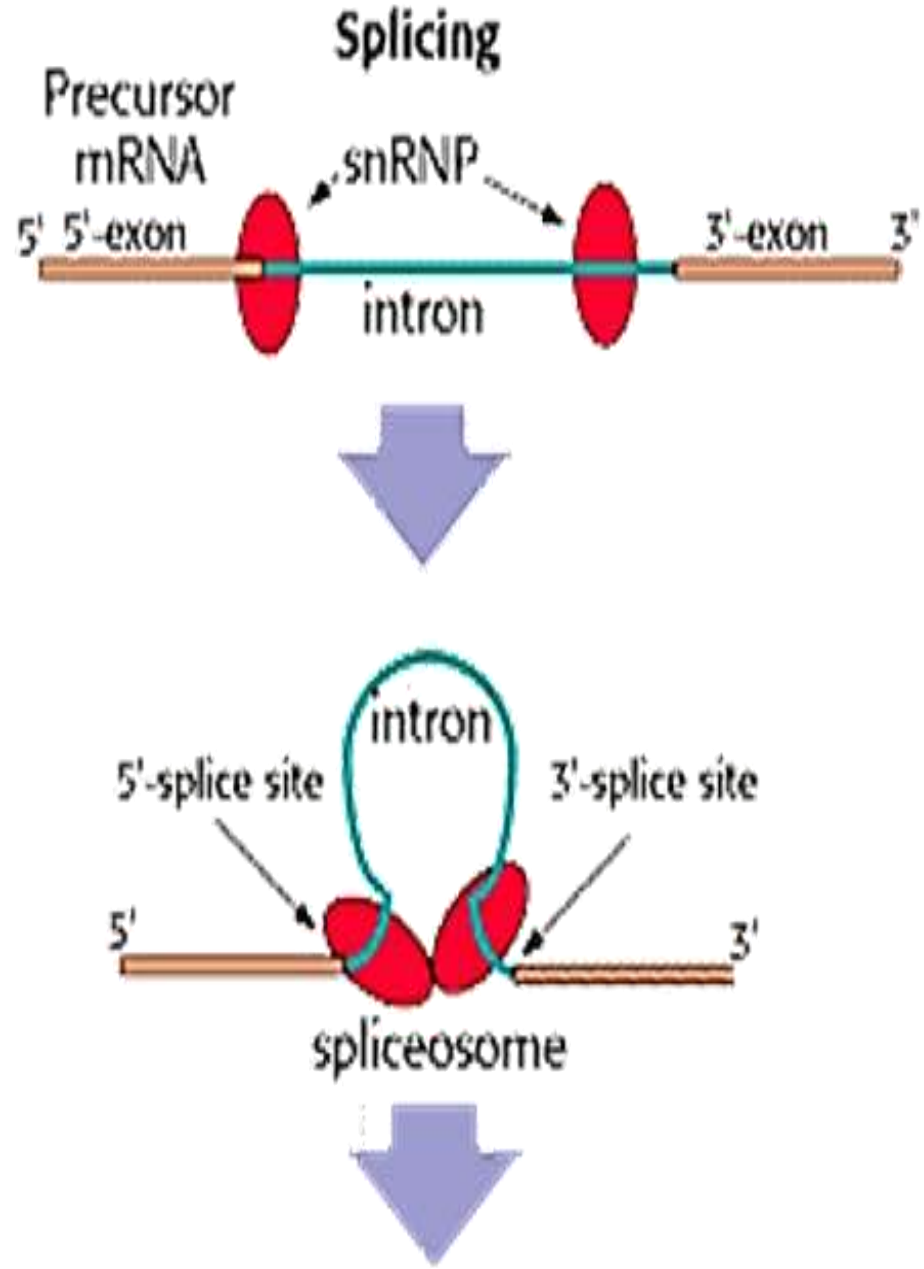
mRNA عند طلائعيات النوى

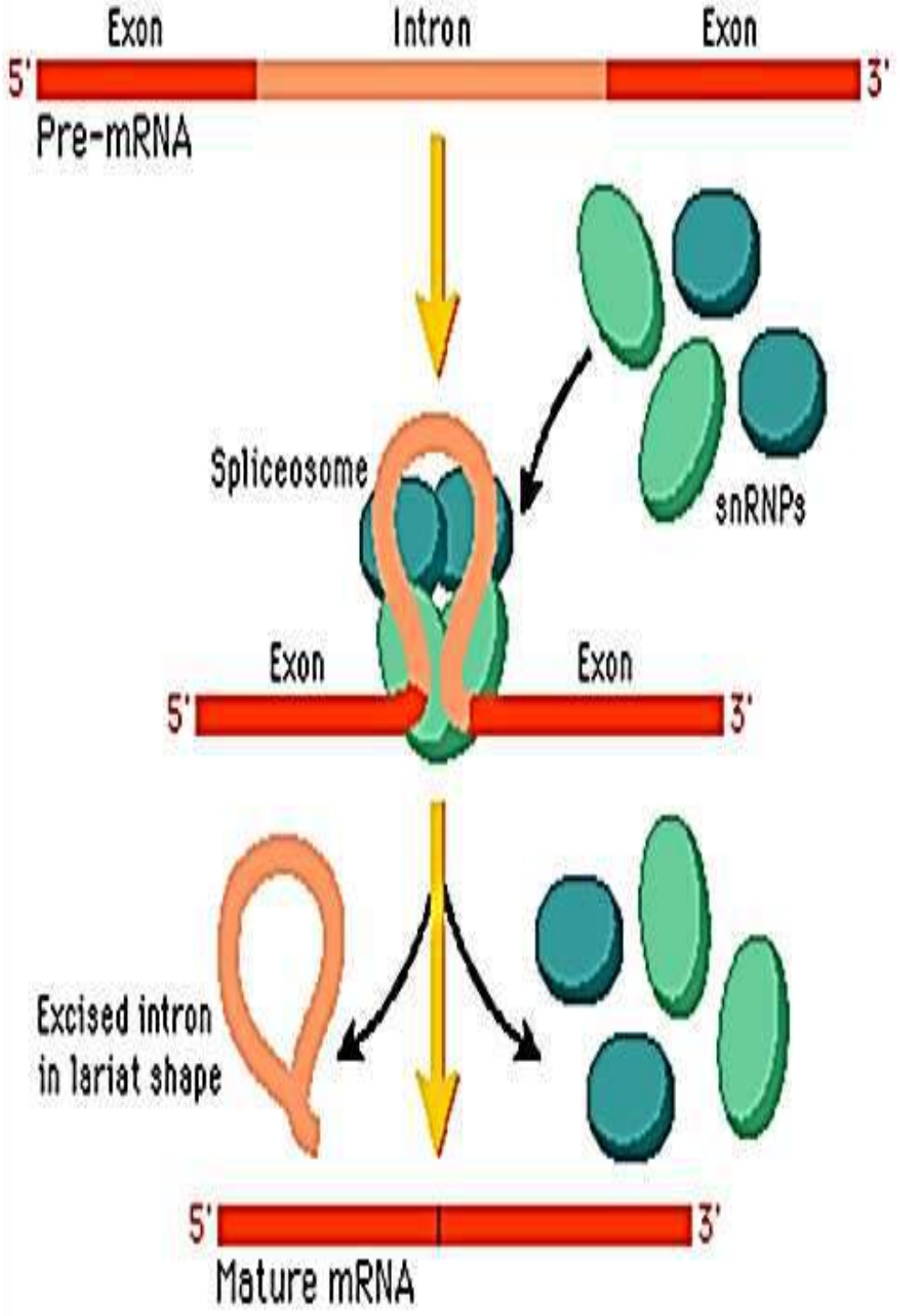


لا تحدث عملية تعديل على بنية الرسيل



يمكن أن يحمل الرسيل رسالة للترميز لأكثر من بروتين في آن معا


Splicing
Precursor mRNA
snRNP
5' 5'-exon
3'-exon 3'
intron
intron
5'-splice site
3'-splice site
5'
3'
spliceosome


Exon
Intron
Exon
5'
3'
Pre-mRNA
Spliceosome
snRNPs
Exon
Exon
5'
3'
Excised intron in lariat shape
5'
3'
Mature mRNA

الشفرة الوراثية وعملية صنع البروتين

Genetic Code and Translation

- كمقدمة لفهم عملية صنع البروتين Protein synthesis أو ماتسمى بالـTranslation يجب التطرق الى ماهية الشفرة الوراثية Genetic code والتي تعرف على أنها تسلسل لثلاث نيوكليوتيدات تشفر إلى حامض أميني واحد معين ويعد حدوث الطفرات في الشفرة الوراثية هو السبب الأهم في حدوث بعض الأمراض الوراثية.

- **تمتاز الشفرة الوراثية بمايلي:**

✓ **التخصص Specificity** : وتعني ان الشفرة الوراثية التي تشفر لحامض اميني معين لايمكن ان تشفر لحامض أخر فعلى سبيل المثال الشفرة الوراثية UUU تشفر للحامض الاميني فنيل الأنين لكنها لايمكن ان شفر لأي حامض أخر .

✓ **العمومية Universality** : وتعني ان الشفرة الوراثية تكون متشابه عند كل الأحياء حقيقية وبدائية النواة مع بعض الاستثناءات أي ان الشفرة الوراثية UUU تشفر للحامض الاميني فنيل الأنين في الإنسان والحيوان والبكتريا والنبات.

❖ **أمثلة على الاستثناءات:**

- ❑ **في الحالة الطبيعية الشفرة AUA تشفر للحامض الاميني ايزوليوسين لكن وجد أنها في المايتوكوندريا وجد أنها تشفر للحامض الاميني المثيونين.**
- ❑ **في الحالة الطبيعية الشفرة UGA لاتشفر لأي حامض الاميني (Stop codon) لكن وجد أنها في المايتوكوندريا وجد أنها تشفر للحامض الاميني التربتوفان.**
- ❑ **في الحالة الطبيعية الشفرة AGA & AGG تشفر للحامض الاميني الارجنين لكن وجد أنها في المايتوكوندريا وجد أنها لا تشفر لاي حامض الاميني (Stop codon).**

✓ **الوفرة او الترهل Redundancy :** وتعني أن الحامض الأميني ممكن أن تشفر له أكثر من شفرة وراثية واحدة وكما موضح في الشكل أدناه :

	U	C	A	G
U	UUU, UUC — Phe UUA, UUG — Leu	UCU, UCC, UCA, UCG — Ser	UAU, UAC — Tyr UAA, UAG — Stop	UGU, UGC — Cys UGA — Stop UGG — Trp
C	CUU, CUC, CUA, CUG — Leu	CCU, CCC, CCA, CCG — Pro	CAU, CAC — His CAA, CAG — Gln	CGU, CGC, CGA, CGG — Arg
A	AUU, AUC, AUA — Ile AUG — Met	ACU, ACC, ACA, ACG — Thr	AAU, AAC — Asn AAA, AAG — Lys	AGU, AGC — Ser AGA, AGG — Arg
G	GUU, GUC, GUA, GUG — Val	GCU, GCC, GCA, GCG — Ala	GAU, GAC — Asp GAA, GAG — Glu	GGU, GGC, GGA, GGG — Gly

✓ صفة أو ظاهرة التذبذب wobble phenomenon :

وهي الصفة التي تتصف بها القاعدة الثالثة في الشفرة (third base of codon) المحمولة على mRNA والتي تقابل القاعدة الأولى في ضد الشفرة (first base of anticodon) المحمولة على tRNA وتسمى هذه القاعدة بـ wobble base حيث تتصف بعدم التخصص حيث وجد أن ممكن أن يحدث ارتباط غير طبيعي non traditional base pairing في القاعدة الثالثة من الشفرة والأولى من ضد الشفرة وكما مبين في الجدول أدناه:

Base pairing	m RNA (Third base)	t RNA (first base)
Traditional	G	C
Traditional	U	A
Traditional	A	U
Nontraditional	G	U
Traditional	C	G
Nontraditional	U	G
Nontraditional	U	I
Nontraditional	C	I
Nontraditional	A	I

تركيب الرايبوسوم في حقيقية وبدائية النواة:

بصورة عامة تتكون الرايبوسوم من وحدتين هم الصغيرة Small subunit و الكبيرة Large subunit وهذه الوحدات تتكون من بروتينات أحماض نووي رايبوسومية rRNA وتختلف في حقيقة النواة عما في بدائية النواة وكما موضح بالشكل أدناه:

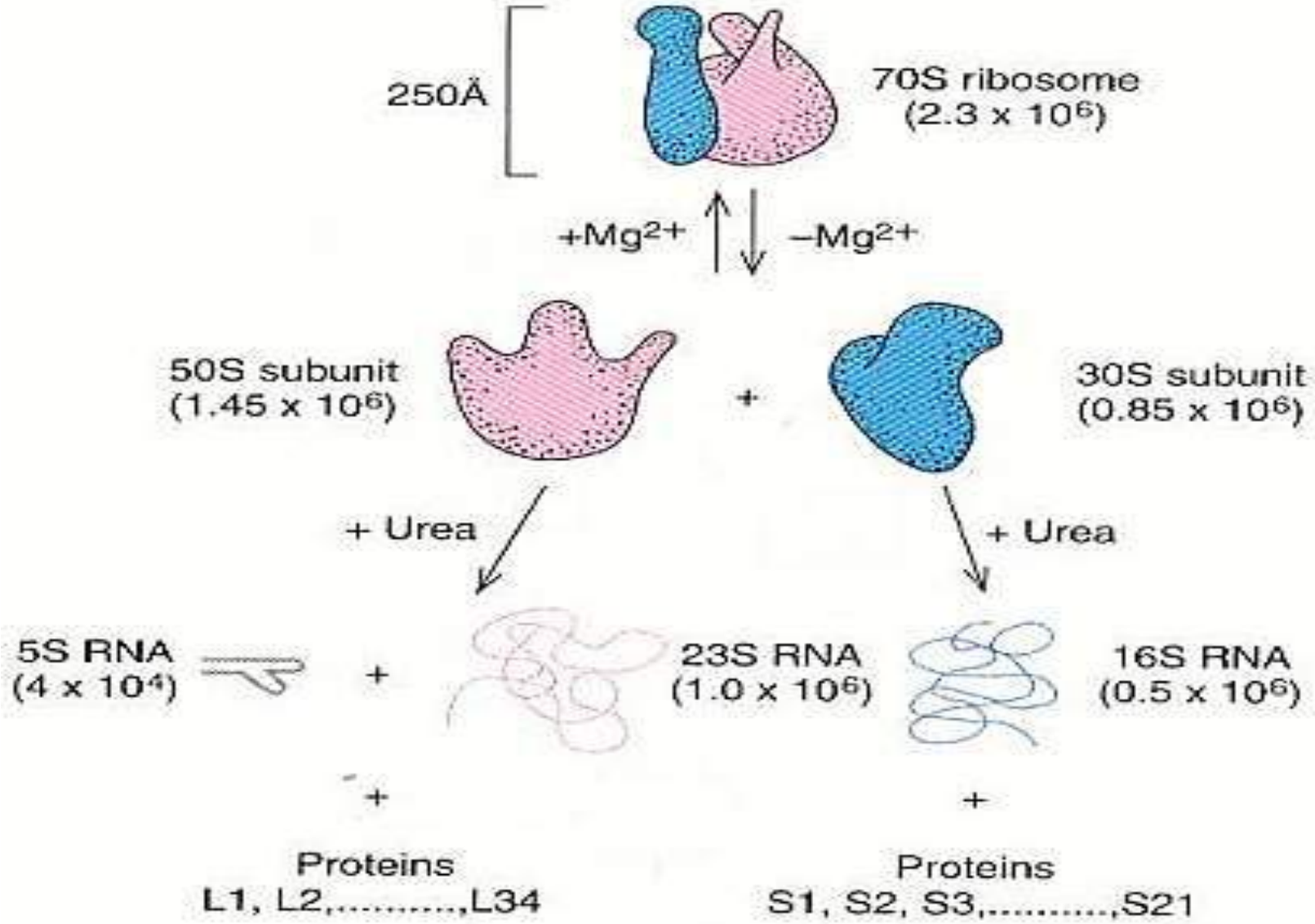
rRNA- الريبوزومي RIBOSOMAL:

يشكل الـ RNA الريبوزومي نحو 80 % من مجموعة الـ RNA في الخلية، ونميز من خلال الوزن الجزيئي وجود ثلاثة أنماط من RNA الريبوزومي عند طليعيات النوى هي: خفيفة 5S ومتوسطة 16S وثقيلة 23S

(تمثل S ثابت التسديم ويدل على الموقع الذي يتوضع فيها الجزيء بعد إجراء ما فوق التثفيل Ultracenrifigation وهو على علاقة مع الوزن الجزيئي والكثافة)، يتألف كل من هذه الأنماط من سلسلة وحيدة تنثني في بعض مناطقها، وترتبط هذه الجزيئات مع بعض البروتينات لتعطي الوحدات الأولية المشكلة الريبوزوم RIBOSOME.

يعطي ارتباط الأنماط 5S و 23S مع نحو ثلاثين جزيئاً بروتينياً ما ندعوه بالوحدة الكبرى، وهي ذات ثابت تسديم 50S، أما ارتباط الـ RNA 16S مع نحو عشرين جزيئاً بروتينياً فيعطي ما يعرف بالوحدة الصغرى. يؤدي ارتباط الوحدتين الصغرى والكبرى لبعضهما أثناء عملية الترجمة (بناء البروتين) إلى ما يعرف بالجسيم الريبي ذي ثابت التسديم 70S.

أما لدى حقيقيات النوى فإن ارتباط أنماط الـ RNA ذات الأنماط 5S. 7S. 28S مع حوالي 34 جزيئاً بروتينياً فيؤدي إلى الوحدة الكبرى 60S، أما ارتباط نمط الـ RNAt 18S مع نحو 24 جزيئاً بروتينياً فيعطي ما ندعوه بالوحدة الصغرى 40S، يعطي ارتباط هاتين الوحدتين الجسيم الريبي ذا ثابت التسديم 80S



بنية الريبوزوم لدى طليعيات النوى :عند *E. coli*

- تعد أنماط الـ rRNA المختلفة نسخة متممة عن مورثات RNA الريبوزومي التي تتوضع في النوية أو ما ندعوه بالمنظم النووي، يحتوي هذا المنظم على عدد كبير من النسخ الخاصة بكل نمط من مورثات الـ rRNA. تخضع هذه الجزيئات -بشكل مماثل لباقي أنماط الـ RNA- إلى معالجة قبل عبورها إلى السيتوبلازم، حيث تتم إزالة الأجزاء غير الهامة الإنترونات والإبقاء على الأجزاء الهامة (الإكسونات).

تقوم البروتينات الريبية التي تدخل في تركيب الوحدة الريبية الصغرى والكبرى بعمل أنزيمي، بالإضافة إلى أنها تدخل في إعطاء البنية ومن مكونات البروتينات الريبية **أنزيم الببتيديل ترانسفيراز** الذي يعمل على تركيب الرابطة الببتيدية أثناء عملية تركيب البروتين، والذي يعد أحد بروتينات الوحدة الريبية الكبرى، وكذلك **بروتين الريبوفورين** الذي يعمل على تثبيت الوحدة الريبية الكبرى على الشبكة الاندوبلاسمية، والذي يتيح لها الحركة كونه أحد البروتينات المتكاملة مستفيداً من لدونة غشاء الشبكة الإندوبلاسمية .

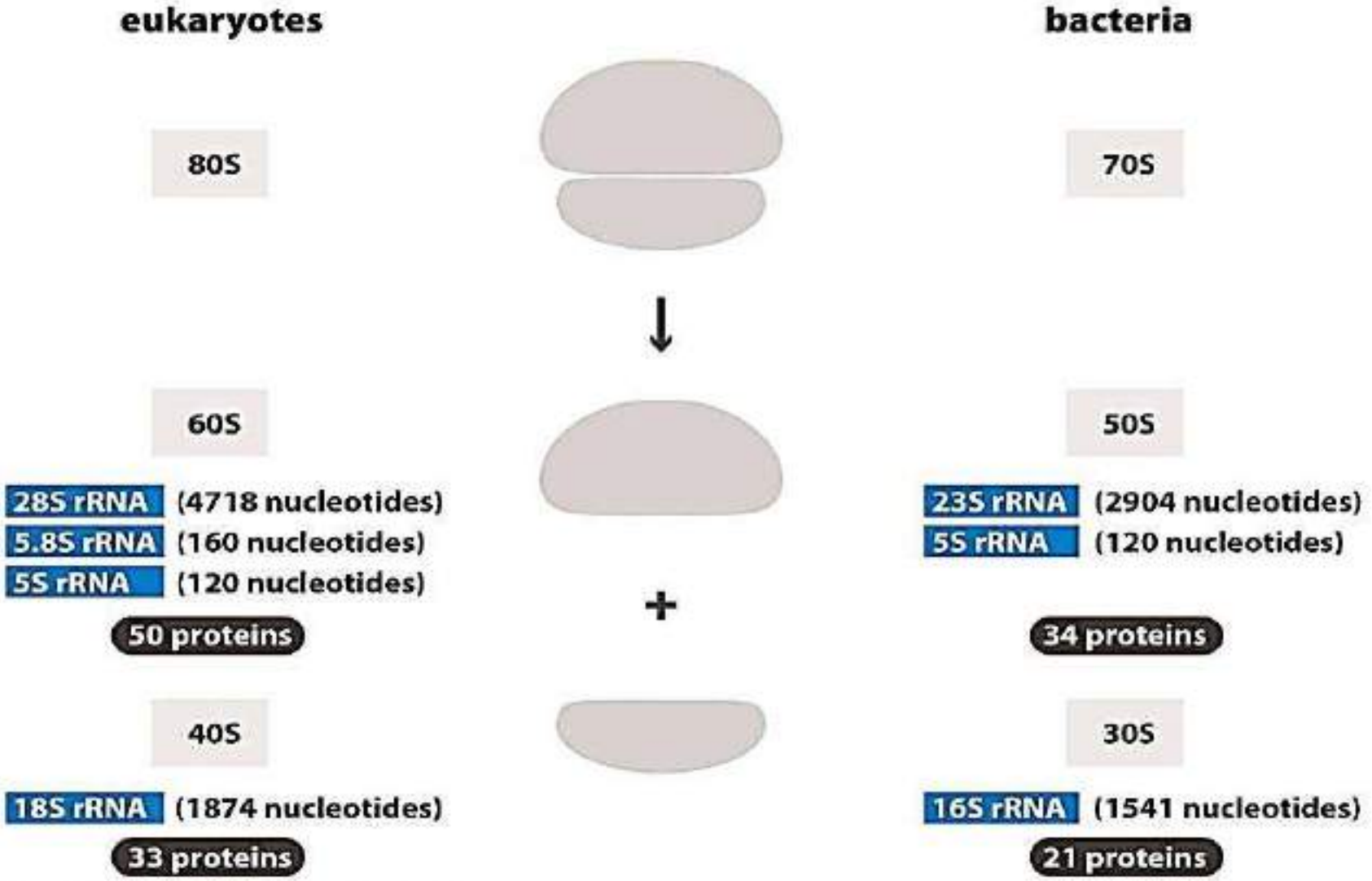


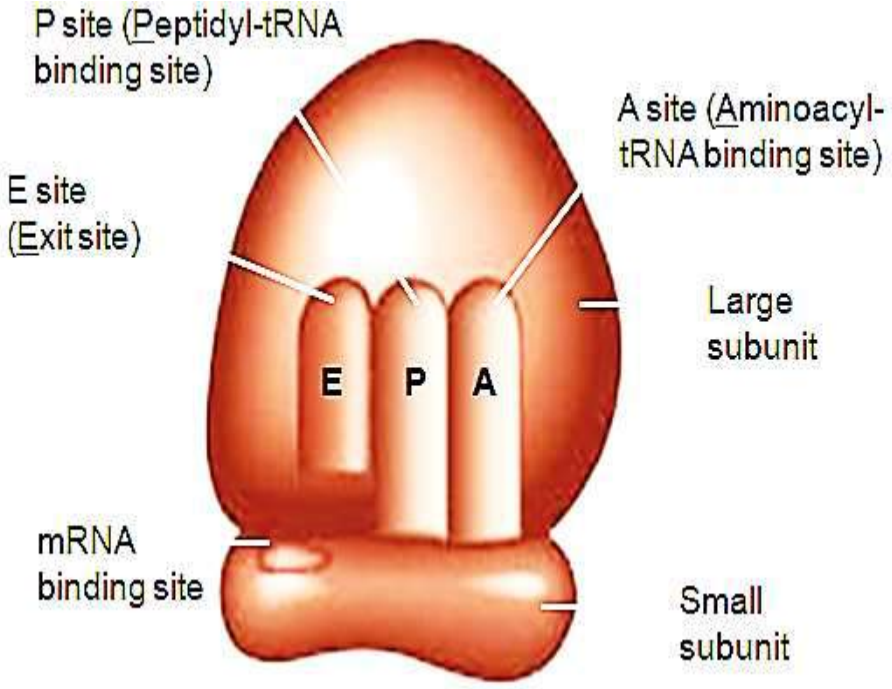
Figure 6.4 Introduction to Genetics (© Garland Science 2012)

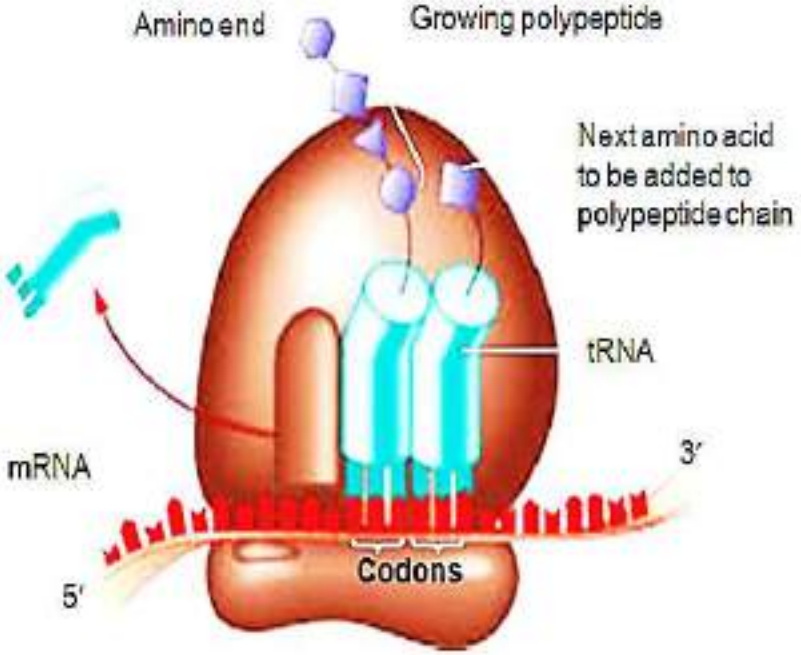
➢ **تحتوي الرايبوسومة المتكاملة على ثلاث جيوب أو مواقع تسمى بـ:**

(E site) Exit site موقع الخروج الذي عن طريقه يخرج الـtRNA الفارغ.

(P site) Peptidyl-tRNA Binding site الموقع الذي يتموضع به tRNA المحمل بالحامض الأميني المرتبط بسلسلة الاحماض الامينية التي سبقته.وكما مبين أدناه

(A site) Aminoacyl-tRNA Binding site الموقع الذي يتموضع به tRNA المحمل بالحامض الأميني الجديد المنفرد. وكما مبين أدناه

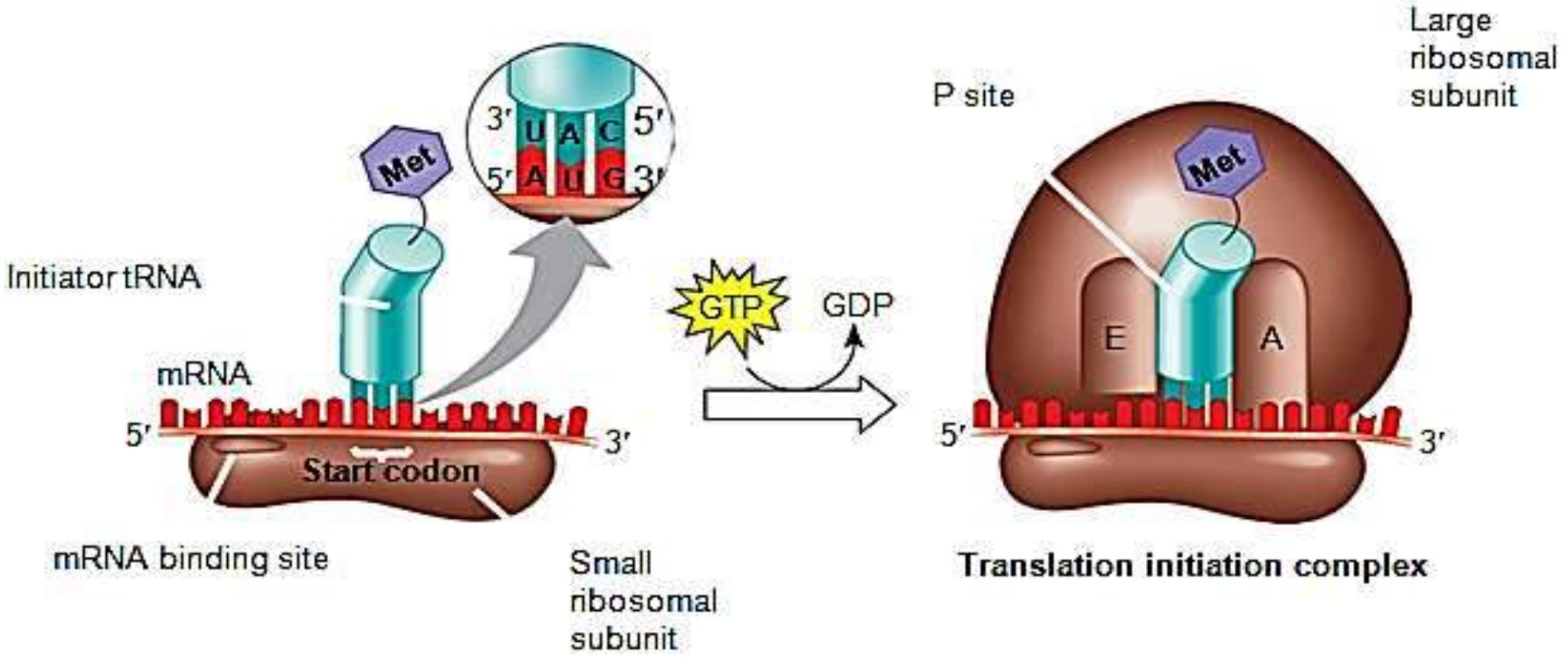

P site (Peptidyl-tRNA binding site)
A site (Aminoacyl-tRNA binding site)
E site (Exit site)
Large subunit
E
P
A
mRNA binding site
Small subunit


Amino end
Growing polypeptide
Next amino acid to be added to polypeptide chain
tRNA
mRNA
3′
5′
Codons

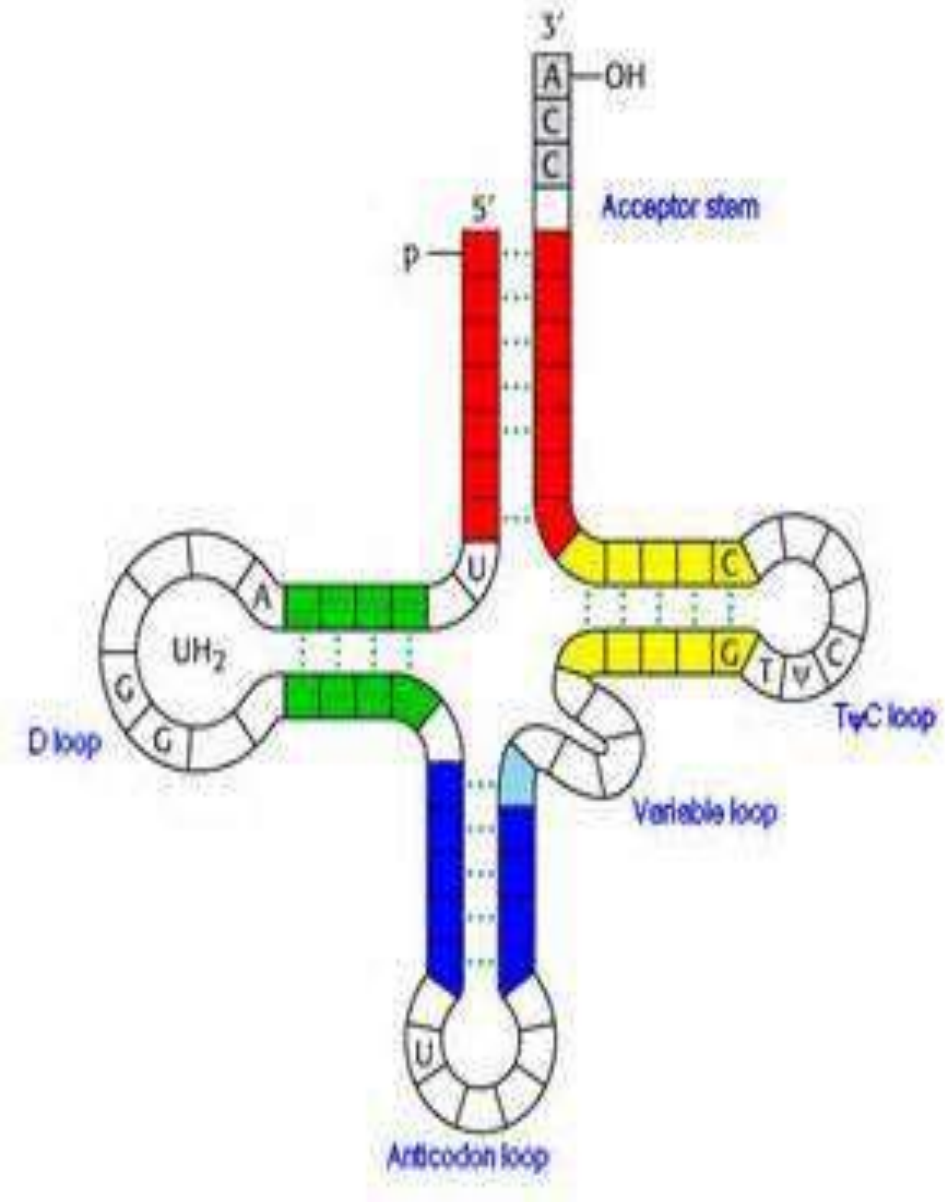
عملية صنع البروتين Protein Synthesis
: (Translation)

- تحدث هذه العملية في منطقة السايتوبلازم في كل من حقيقية وبدائية النواة وتكتمل على ثلاث مراحل وكمايلي:

✓ **مرحلة البدء Initiation:** وتتضمن ارتباط الوحدة الرايبوسومية الصغيرة مع mRNAثم مع tRNA البدء (initiator tRNA) الذي يميز شفرة البدء الموجودة على الـ mRNA (AUG) حيث يحمل ضد الشفرة UAC حيث يحمل initiator tRNA الحامض الأميني **المثيونين** في حقيقية النواة (والفورميل مثيونين في بدائية النواة). حيث يتموضع Met-tRNA في الموقع P وليس A (كما يحدث في الأحماض اللاحقة). بعد ذلك ترتبط الوحدة الكبيرة لتكوين معقد البدء ومن الجدير بالذكر أنه هنالك بروتينات تساعد حدوث هذه العملية وتسمى مجتمعة بـ Initiation Factors (IF) وكما موضح بالشكل أدناه:


3′ U A C 5′
5′ A U G 3′
Met
Initiator tRNA
mRNA
5′
3′
Start codon
mRNA binding site
GTP
GDP
Small ribosomal subunit
P site
Large ribosomal subunit
Met
E
A
5′
3′
Translation initiation complex

كيف يتم تحميل الحامض الأميني على الـ tRNA ؟

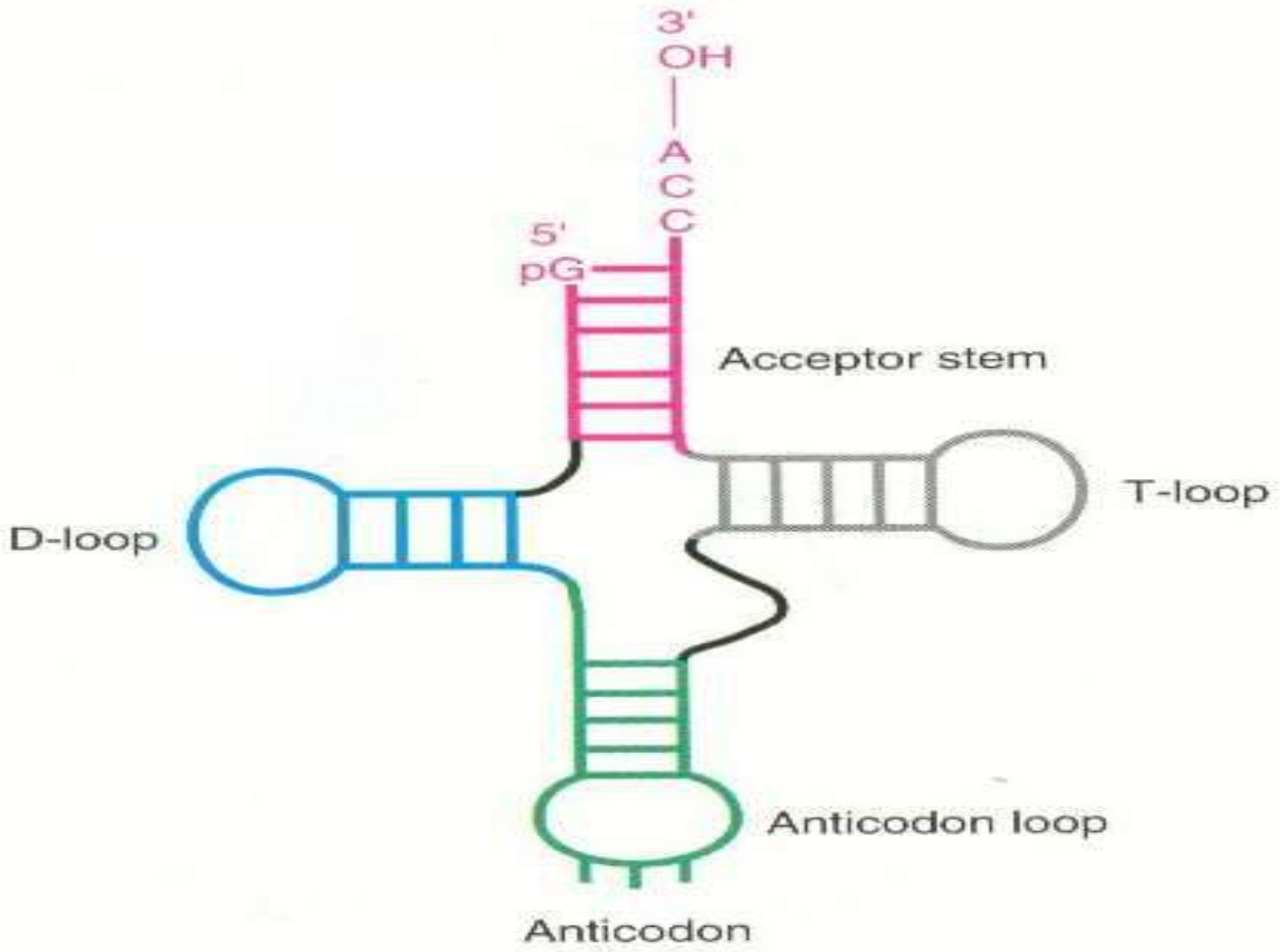


لابد في البدء من معرفة تركيب الـ tRNA , أنه حامض نووي رايبوزي **مزدوج الشريط** (وهو الحامض النووي الرايبوزي الوحيد الذي يكون مزدوج الشريط في حقيقية النواة) حيث يتكون من عدة التواءات Loops وكما مبين في الشكل:

الـ t RNA الناقل Transfer:

أطلق على هذا الجزيء هذه التسمية نظراً إلى الوظيفة التي يقوم بها، وهي ربط الأحماض الأمينية المنشطة ونقلها إلى RNA الرسول، حيث تتم عملية تركيب البروتين على الجسيمات الريبية. يمثل الـ RNA الناقل نحو 15 % من الـ RNA في الخلية، ويتألف كل جزيء من نحو 75 نيكلوتيداً، يتم نسخها الـ RNA الناقل بدءاً من المورثات الخاصة. والـ RNA المنسوخ أكبر من RNA الناضج. يحتوى الـ RNA الناقل الأولي على سلاسل إضافية رأسية وأخرى ذيلية وثالثة تقع في مركز الجزيء والتي تعد انترونات لا فائدة من وجودها، تتم خلال مراحل نضوجه عملية إزالة لهذه السلاسل، وإضافة إلى عدد من النيكلوتيدات غير العادية.

ونتيجة للتقابلات الثانوية بين الأسس الآزوتية التي تتشكل بينها روابط هيدروجينية (C- Gو U– A)بين أجزاء من هذا الجزيء من ناحية ولوجود النيكلوتيدات غير العادية والمعدلة التي تعيق تشكل هذه التقابلات من ناحية أخرى. يأخذ هذا الجزيء شكل ورقة البرسيم (النفل)، ويتألف هذا الجزيء من عُرى متعددة ومن ذراع حامل للحمض الأميني، كما يوضح الشكلان التاليان



البنية الثانوية لجزيء الـ RNAt الناقل لحمض الفينيل يبين الأجزاء المختلفة له .

وهكذا يمكننا أن نميز في الحمض الناقل الأجزاء التالية:

1- الذراع الحامل للحمض الأميني وهو ناتج من اللقاء بين النهاية الرأسية بالنهاية الذيلية، والمنتهي بزمرة OH لحمض الأدينيل، وبتتالٍ في النهاية الذيلية بالثلاثية (A-C-C) **غير المزدوجة** توجد هذه الثلاثية لدى كل أنماط الـ RNA الناقلة، وتقوم بحمل الحمض الأميني المنشط.

2- العروة الأولى (D) تعرف بعروة اليوراسيل ثنائي الهيدروجين وتعود أهمية هذه العروة إلى أنها تقوم بالتعرف على أنزيم تنشيط الأحماض الأمينية (Aminoacyl-RNA synthetase) أمينو آسيل RAN سينتيتاز والضروري لتعرف الحمض الناقل على الحمض الأميني الموافق وارتباطه به بوجود الجزيئات الغنية بالطاقة الـATP.

3– العروة الثانية عروة الأنتيكودون (Anticodon) يتمثل الأنتيكودون بالثلاثية المتوضعة في النهاية المنثنية لهذه العروة، يتمكن الـ t RNA من خلال الأنتيكودون من قراءة الكودون Codon على مستوى mRNA

4– العروة الثالثة و تدعى بالعروة الإضافية و تتراوح عدد النيكوتيدات فيها من 3-18، وهي متغيرة من نمط RNA ناقل إلى آخر.

5– العروة الرابعة (T) وتعرف بعروة اليوريدين الكاذب، وتعود أهمية هذه العروة إلى أنها تقوم بربط معقد t RNA الحامل للحمض الأميني المنشط على سطح الريبوزوم.

وقد استطاع العلماء التعرف على تتالي النيكلويتدات لكل الأحماض النووية الناقلة ومن ثم تم اصطناع أغلبها مخبرياً، وتجب الإشارة إلى أنه يمكن أن يكون للحمض الأميني أكثر من حمض ناقل واحد وأنه يوجد أكثر من أربعين نمطاً من هذا الحمض، **ويمكننا أخيراً أن نلخص الوظائف الأساسية لجزيء الـ t RNA بالتالي:**

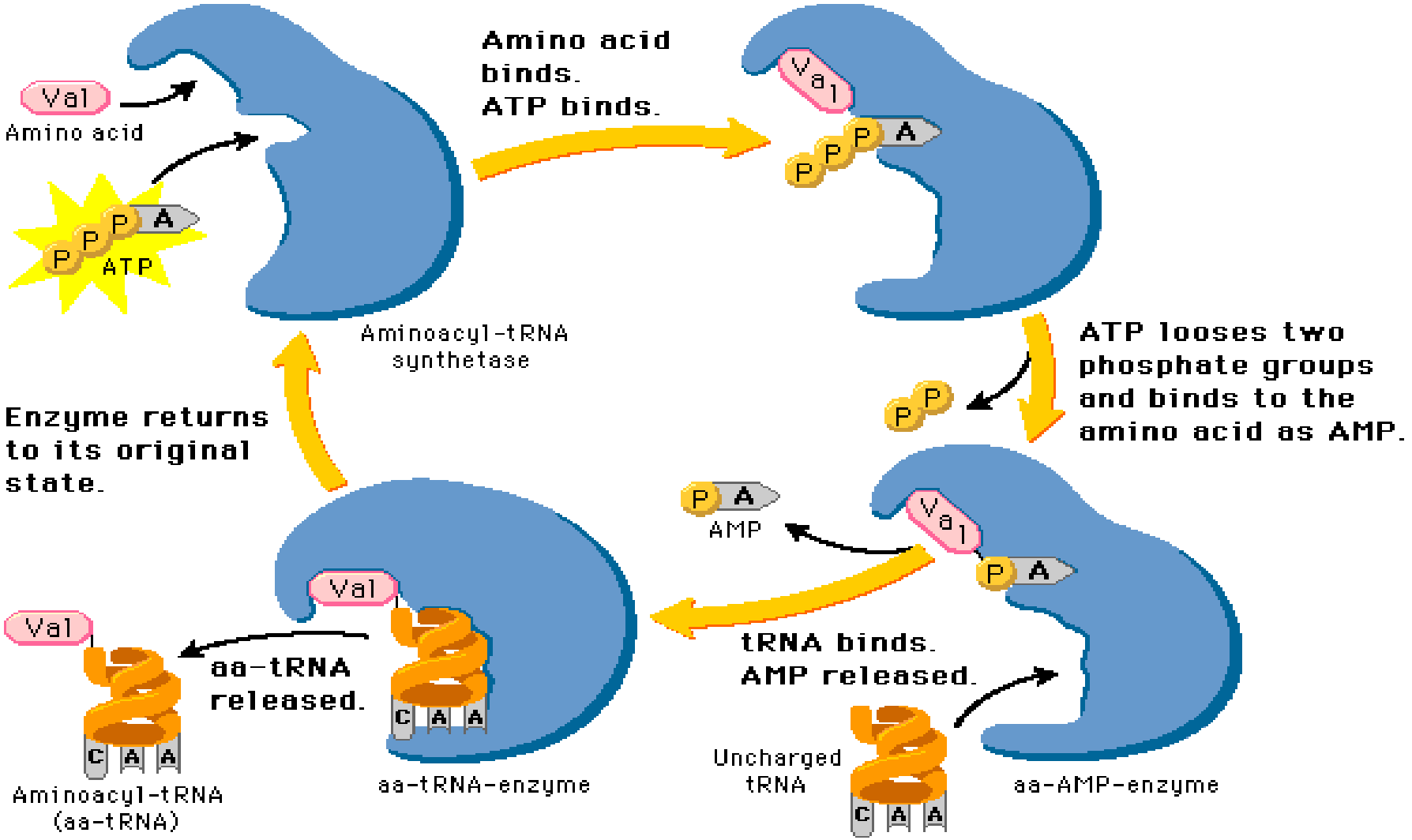
1 – يقوم بربط الحمض الأميني النوعي المنشط بواسطة الذراع الخاص بذلك.

2 - يقوم بقراءة الكودون بالتقابل مع الأنتيكودون الخاص به.

3 – يتعرف على المكان المخصص على سطح الريبوزوم ويرتبط عليها عندما تتم عملية بناء البروتين.

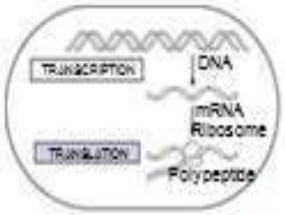
وقد تبين أن لكل حمض أميني أكثر من نمط من الـ RNA الناقل والتي يتم نسخها بدءاً من مورثاتها الموزعة على الكروموسومات.

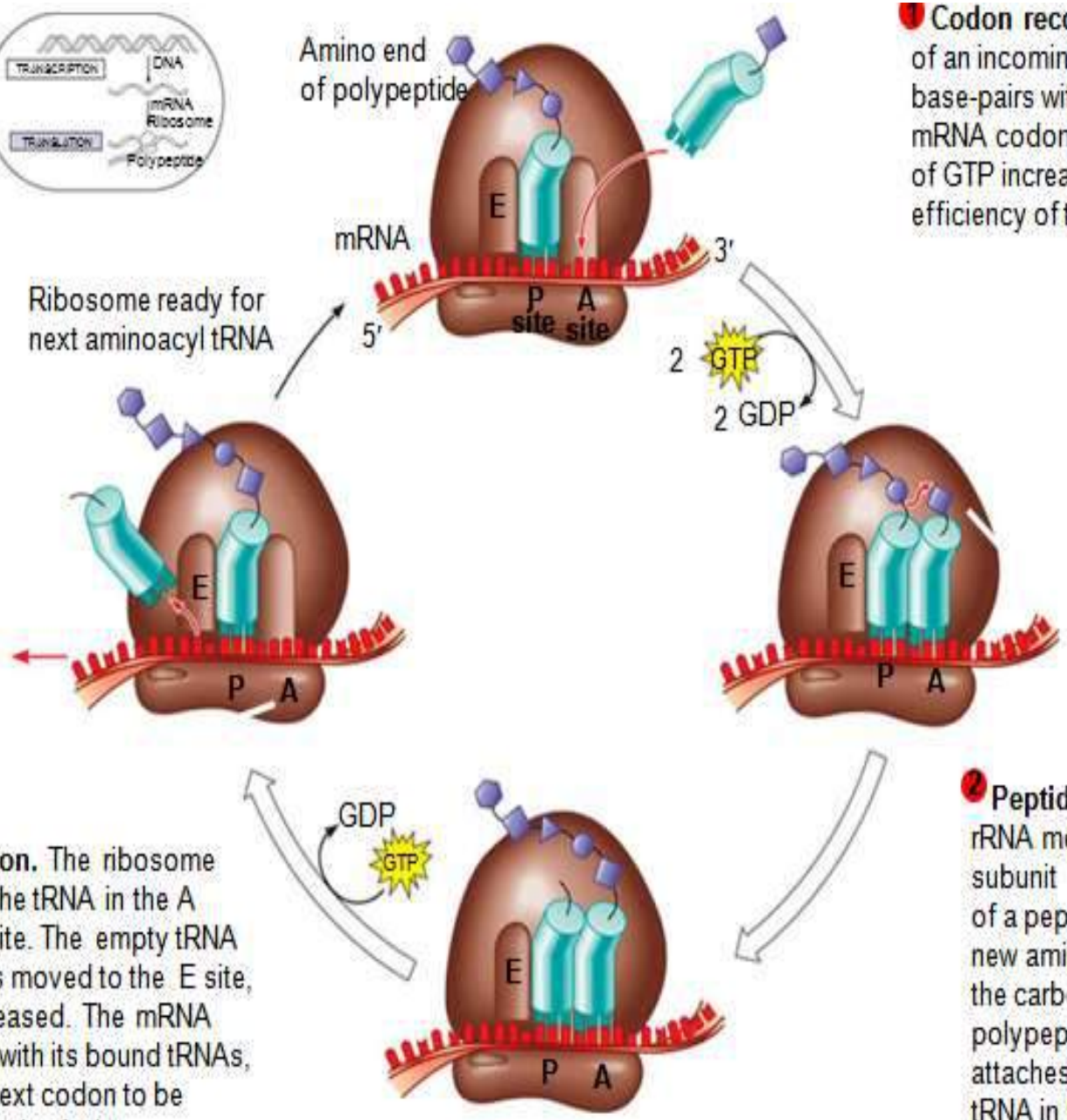
يتم تحميل الـ tRNA بالحامض الاميني بواسطة الأنزيم aminoacyl-tRNA synthetase وكما مبين بالشكل أدناه:



✓ مرحلة الإطالة Elongation :

بعد تموضع الـtRNA الثاني في الموقع A سوف تبدأ عملية ربط الحامض الاميني السابق (الأول) بالحامض الاميني اللاحق (الثاني) من خلال تكوين أصره ببتيديه بينهما وبالتالي يكون الـ tRNA الثاني محمل بالحامض الاميني الأول والثاني وتتحرك الرايبوسوم خطوه واحده حيث ينتقل الـ tRNA الفارغ الى **الموقع E** ثم يخرج ليعاد تحميله وينتقل الـ tRNA المحمل بالسلسلة إلى **الموقع P** ويصبح الموقع **A فارغ** ومهيأ لاستقبال tRNA جديد محمل بحامض أميني جديد وتسمى هذه الحركة بـ Translocation. تحتاج هذه العملية إلى طاقة وإلى وجود بعض البروتينات التي تسمى بعوامل الاطالة Elongation factor (EF) وتستمر هذه العملية إلى أن تصل إلى شفرة الإيقاف (stop codon). وكما موضح بالشكل أدناه:





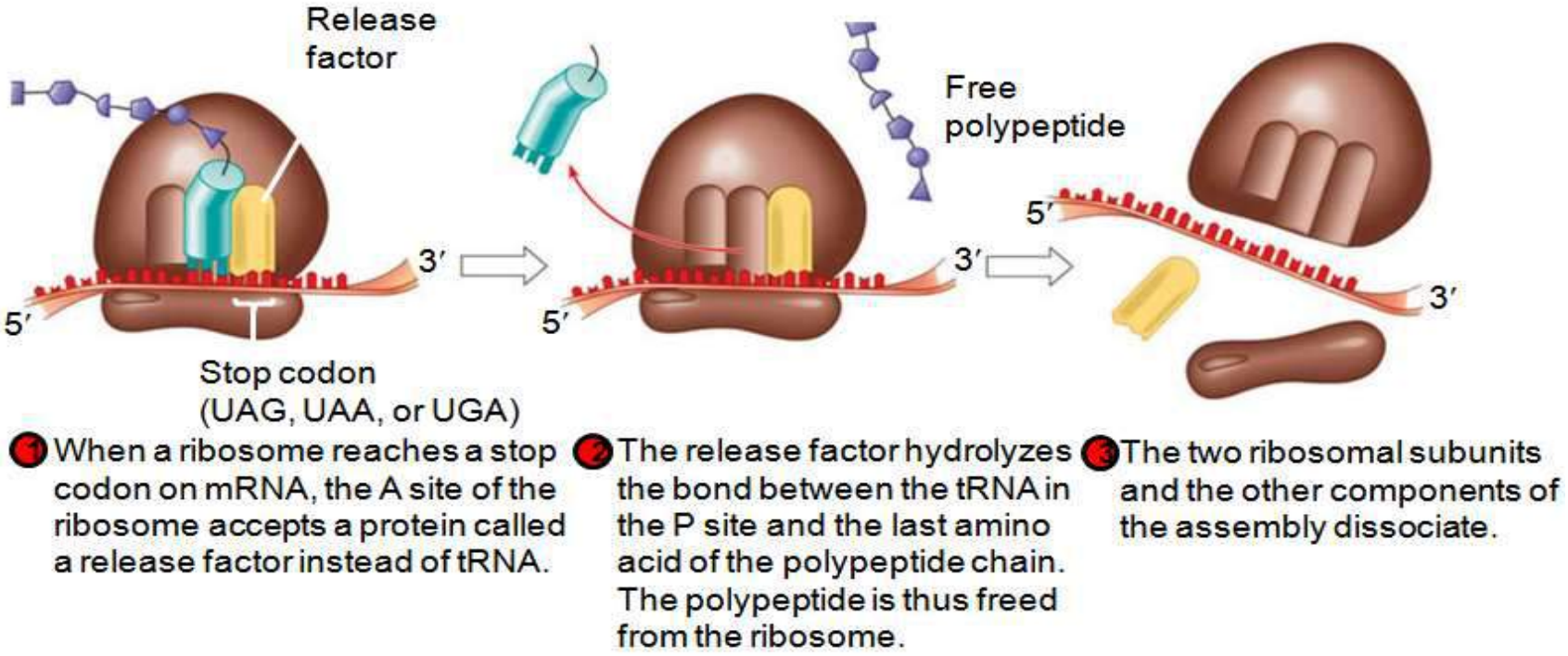
1 Codon recognition. The anticodon of an incoming aminoacyl tRNA base-pairs with the complementary mRNA codon in the A site. Hydrolysis of GTP increases the accuracy and efficiency of this step.

2 Peptide bond formation. An rRNA molecule of the large subunit catalyzes the formation of a peptide bond between the new amino acid in the A site and the carboxyl end of the growing polypeptide in the P site. This step attaches the polypeptide to the tRNA in the A site.

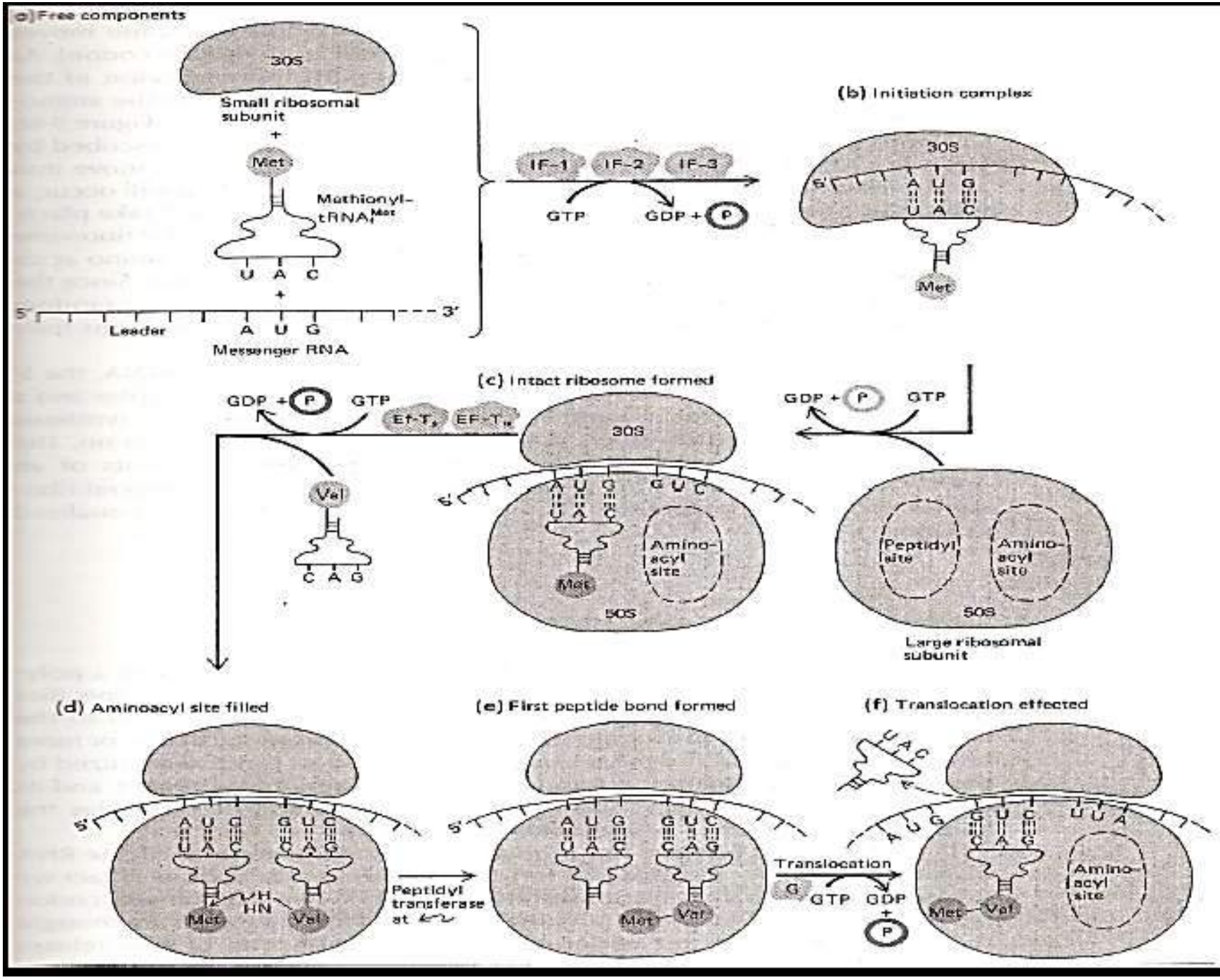
3 Translocation. The ribosome translocates the tRNA in the A site to the P site. The empty tRNA in the P site is moved to the E site, where it is released. The mRNA moves along with its bound tRNAs, bringing the next codon to be translated into the A site.

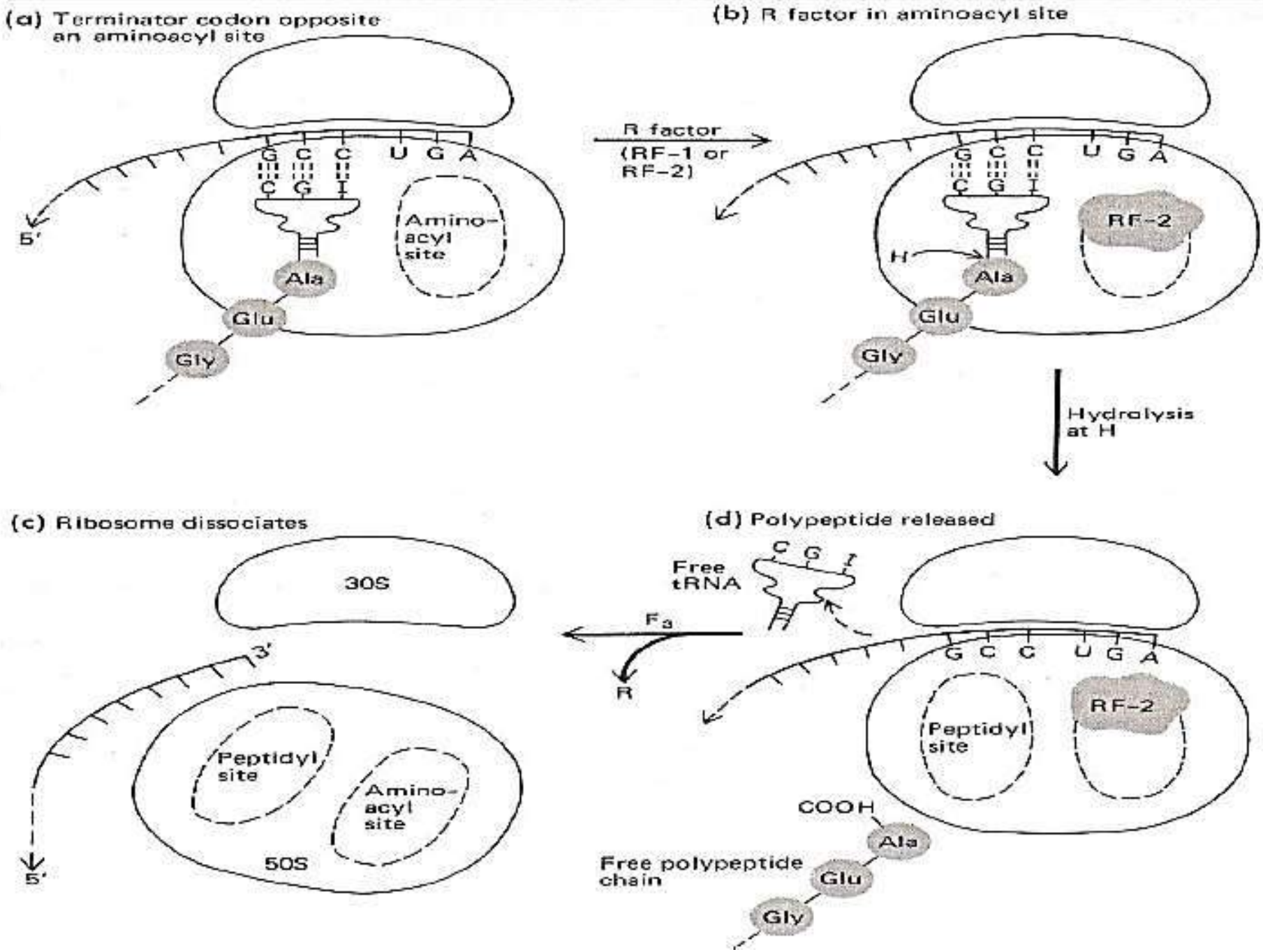
✓ مرحلة الإنهاء Termination :

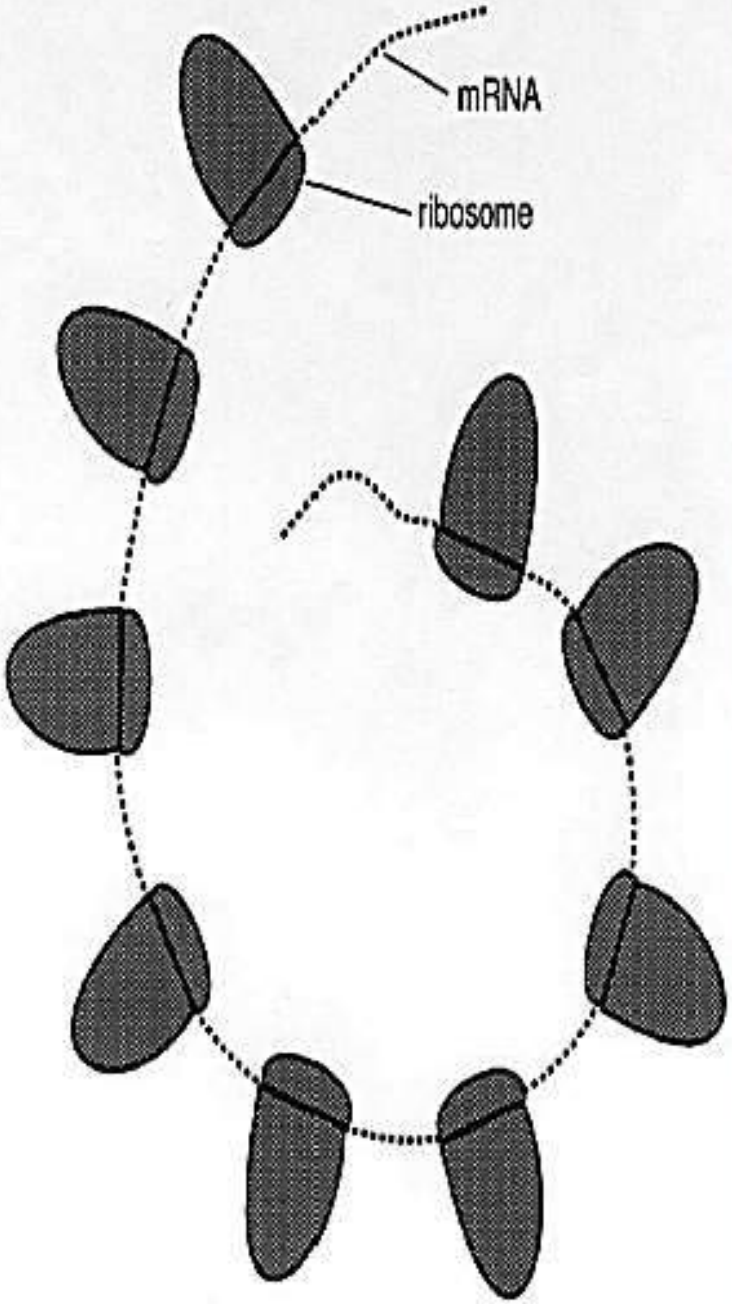
تبدأ هذه المرحلة عندما تصادف الرايبوسوم أي من شفرات الإنهاء stop codon حيث يستقبل **الموقع A** بعض عوامل الإنهاء Releasing Factors (RF) والذي بدوه يعمل على تحرير سلسلة متعدد الببتيد وفك ارتباط وحدات الرايبوسوم وتحرير الـ mRNA وكما موضح في المخطط أدناه :

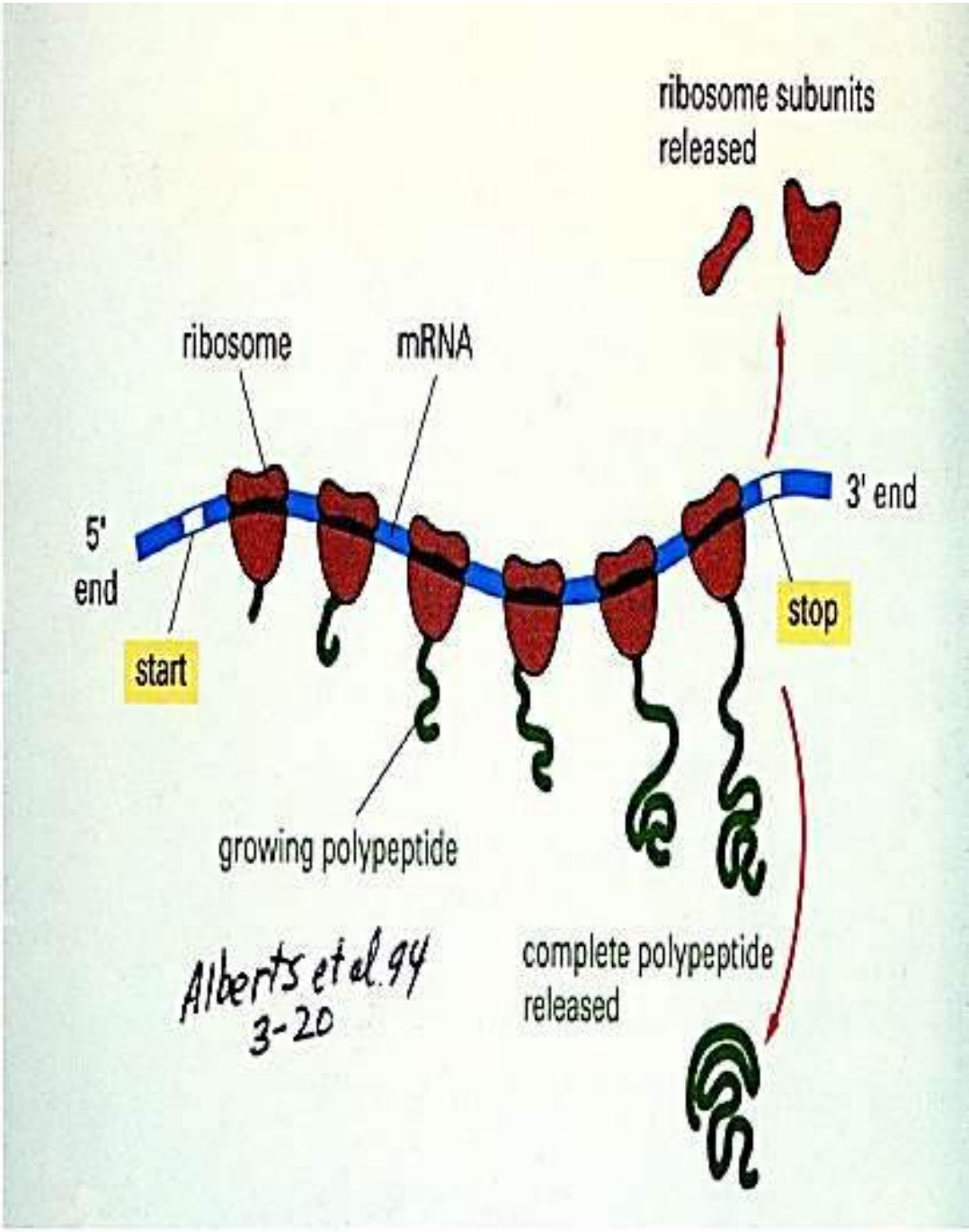


Polyribosome : هو مجموعة من الرايبوسومات الموزعة على طول mRNA


(a) Free components
30S
Small ribosomal subunit
Met
Methionyl-tRNA$_i^{Met}$
U A C
5'
3'
Leader
A U G
Messenger RNA
(b) Initiation complex
IF-1
IF-2
IF-3
GTP
GDP + P
30S
5'
Met
(c) Intact ribosome formed
GDP + P
GTP
EF-T$_s$
EF-T$_u$
Val
C A G
30S
5'
Met
Amino-acyl site
50S
GDP + P
GTP
Peptidyl site
Amino-acyl site
50S
Large ribosomal subunit
(d) Aminoacyl site filled
5'
Met
Val
Peptidyl transferase
(e) First peptide bond formed
5'
Met
Val
(f) Translocation effected
Translocation
G
GTP
GDP + P
Met
Val
Amino-acyl site


(a) Terminator codon opposite an aminoacyl site
5'
G C C U G A
C G I
Amino-acyl site
Ala
Glu
Gly
(b) R factor in aminoacyl site
R factor (RF-1 or RF-2)
G C C U G A
C G I
RF-2
H
Ala
Glu
Gly
Hydrolysis at H
(c) Ribosome dissociates
30S
3'
Peptidyl site
Amino-acyl site
50S
5'
(d) Polypeptide released
Free tRNA
C G I
Fa
R
G C C U G A
Peptidyl site
RF-2
COOH
Ala
Free polypeptide chain
Glu
Gly


mRNA
ribosome


ribosome subunits released
ribosome
mRNA
3' end
5' end
stop
start
growing polypeptide
Alberts et al. 94
3-20
complete polypeptide released