

10. GENETIKAI KÓD ÉS TRANSZ-LÁCIÓ. FEHÉRJEBONTÁS.

A riboszómák szerkezete. A genetikai kód természete. A tRNS szerkezete és funkciója. A transláció jellemzői és lépései. A fehérjék bontása.

A fejezetet Szabad János egyetemi tanár állította össze, módosította Lippai Mónika.

BEVEZETÉS

Bár az élőlények öröklődő jellegzetességeinek alapja a DNS-ben kódolt genetikai információ, a fehérjék azok a molekulák, amelyek ellátják a legtöbb biológiai funkciót: enzimek, szerkezeti elemek, jeltovábbítók, stb. A fehérjék szintézisének a transzkripció folyamán létrejövő mRNS az irányítója. Mi a fehérjeszintézis mechanizmusa? Hogyan határozzák meg az mRNS-ek nukleotidjai, hogy mely aminosavak, és milyen sorrendben épüljenek be a képződő fehérjékbe? Melyek a genetikai kód jellemzői?

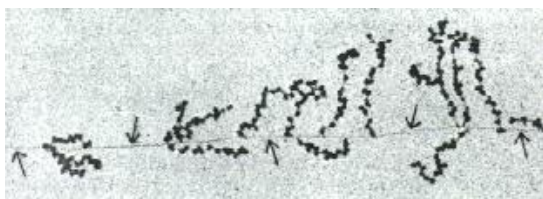
A sejtek normális működéséhez hozzátartozik nemcsak a fehérjék szintézise, hanem a nem megfelelő szerkezetű, működésképtelen vagy már szükségtelen funkciójú fehérjék lebontása is. Hogyan lehet a sok közül csak bizonyos, kiválasztott fehérjéket lebontani? Lehetséges-e – például tápanyaghiány esetében – a sejt saját fehérjeinek és akár sejtalkotóinak degradálása, átmeneti energianyerés céljából?

A 10. fejezet a fenti kérdésekre ad választ.

Transzláció: az a folyamat, amely során az mRNS-ben kódolt genetikai információ alapján fehérje képződik.

Amint azt elektronmikroszkópos felvételek mutatják, a baktériumsejtekben a transzkripció során képződő mRNS-ek már akkor kapcsolatba kerülnek a riboszómákkal, amikor az mRNS-ek szintézise még folyamatban van (10.1. ábra). Ez azért lehetséges, mert az mRNS szintéziséhez hasonlóan az mRNS translációjának iránya is $5' \rightarrow 3'$.

Egy mRNS-re egymás után több riboszóma is kapcsolódhat. Ugyanazon mRNS translációját egyidőben végző riboszómák együttesét *poliszómának* nevezik.



10.1. ábra. Prokariótákban a riboszómák (a kis, gyöngyszerű képletek) már akkor elkezdik az mRNS translációját, amikor annak szintézise még folyamatban van. A nyilak a DNS-t jelölik.

Eukariótákban az érett mRNS-ek a sejtmagból a citoplazmába exportálódnak, ahol a citoplazmában található riboszómákkal kapcsolatot teremtve kezdődhet el a transláció. Ezután azok a

riboszómák, amelyeken membránfehérjék, illetve az ER-ben, a Golgi készülékben vagy a lizoszómákban funkcionáló, valamint a sejten kívülre kerülő fehérjék szintézise indult el, a durva felszíni endoplazmatikus retikulum külső felszínéhez kapcsolódnak, és ott folytatják a translációt (erről a 2. félévben lesz részletesen szó).

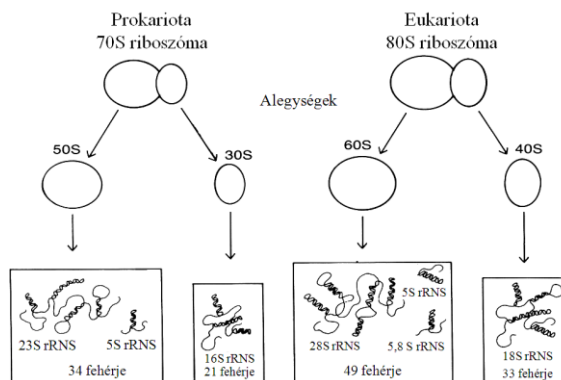
A citoplazmában képződő fehérjék egy része a citoplazmában marad és pl. a sejtvázat alkotja, mások a sejtmagba importálódnak; ismét mások a mitokondriumokba vagy a peroxiszómákba jutnak.

A riboszómák

A riboszómák riboszomális RNS (rRNS) molekulákból és riboszomális fehérjékből állnak. Egy nagy és egy kis alegység alkotja őket. Prokariótákban a kis alegység egy 16S (eukariótákban 18S) rRNS-t valamint 21 (eukariótákban 33) különféle fehérjemolekulát tartalmaz. A nagy alegység egy-egy 5S és egy 23S rRNS-t (eukariótákban egy-egy 5S, 5,8S és 28S) valamint 31 (eukariótákban 49) különféle fehérjét tartalmaz (10.2. ábra). A riboszóma-alegységek és a bennük található rRNS-ek méretét Svedbergben (S) mért ülepedési sebességükkel jellemzik. A 23S rRNS például kb. 3000, míg a 28S rRNS kb. 5000 nukleotidból áll.

Emberben az rRNS-eket kódoló gének a 13., 14., 15., 21. és a 22. kromoszómák szatellit részében, valamint az X-kromoszómán vannak, tandem elrendezésben. Ezekről az ún. riboszomális génekről (mind a pro-, mind az eukariótákban) első lépésben prekursor (elő-) rRNS íródik át (10.3. ábra). A prekursor rRNS-ek érése során képződnek a különféle rRNS-ek, amelyek aztán „helyben”, a sejtmagvacská(k)ban kapcsolódnak a citoszolból érkezett riboszomális fehérjékkel, és együtt kialakítják az egyes alegységeket.

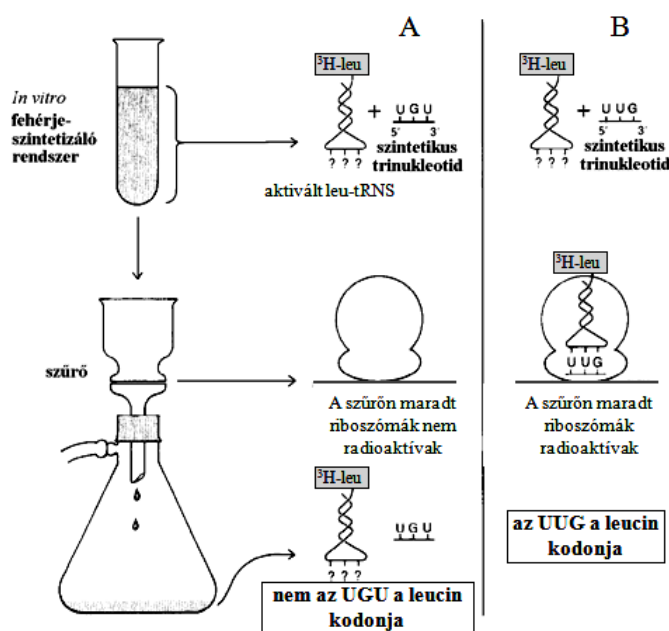
A riboszóma alegységei a sejtmagban inaktívak. Aktivitásukat aztán nyerik el, hogy a sejtmagpórus-komplexeken keresztül a citoplazmába exportálódnak, ahol néhány további riboszomális fehérjével egészülnek ki.



10.2. ábra. A riboszóma alegységeit rRNS(-ek) és riboszomális fehérjék alkotják.

A riboszóma-alegységek a transláció során kapcsolódnak az mRNS-el (10.4. és 10.9. ábra). Az újonnan képződő fehérje a nagy alegység belsejében levő csövön bújik keresztül, majd jut ki a citoszolba.

radioaktív ^3H -mal jelölték, így ezután a leucint hordozó ^3H -leu-tRNS is jelet bocsájtott ki. A rendszerhez különböző, például UGU szintetikus trinukleotidokat adtak (10.6. ábra). (Bár kis hatékonysággal és speciális körülmények között, de a riboszóma képes megkötni az ilyen rövid RNS-t és a hozzá kapcsolódni képes tRNS-t is.) Ha az UGU nem a leucin kodonja, nem alakulhatnak ki olyan komplexek, amelyeket az UGU szintetikus trinukleotid, a riboszóma két alegysége és a ^3H -leu-tRNS alkotnak együttesen. Vagyis a szabadon maradt ^3H -leu-tRNS-eket egy kislyukú szűrőn át lehet szűrni, el lehet választani a nagyméretű riboszómáktól. Ha viszont a rendszerbe olyan mesterséges trinukleotidot tettek, amely a leucin egyik lehetséges kodonja (a 10.6. ábrán UUG-t), kialakulhattak olyan komplexek, amelyek az UUG tripletból, a riboszóma két alegységéből és a ^3H -leu-tRNS-ből álltak. A komplexbe került ^3H -leu-tRNS nem választható el a riboszómáktól, és a szűrőn marad. A ^3H -leu-tRNS szűrőhöz kötődése azt jelzi, hogy az UUG a leucin (egyik) kodonja. Ez a módszer volt alkalmas a genetikai kód megfejtésére.



10.6. ábra. A genetikai kód jelentésének megfejtésére kidolgozott módszer.

A genetikai kódszótár és jellemzői

Az mRNS kodonjainak jelentését a 10.1. táblázat összegzi. A kódszótár tanulmányozása alapján a következő fontosabb megállapításokat tehetjük.

1. Egy aminosavat több kodon is kódolhat. Szakszerű kifejezéssel: a genetikai kód degenerált. Ugyanakkor egy kodon csak egyfajta aminosavat kódol.
2. A transláció elkezdődését (START) az AUG iniciációs kodon jelzi. Az AUG kodon egyben a metionin kodonja is. A fehérjék szintézise tehát metioninnal kezdődik (a metionin aztán legtöbbször lehasítódik a kész fehérjék N-terminális végéről).

3. A 64 mRNS kodon közül az UAG, az UAA és az UGA kodonok jelentése STOP, és transláció befejeződését jelzik. A STOP kodonokat terminációs vagy értelmetlen (nonsense) kodonoknak is nevezik.

4. A genetikai kód „löttyögős”: gyakori, hogy a kodonok három betűje közül csak az első kettő fontos, a harmadik lényegtelen. Például a valin aminosav négy kodonja a következő: GUU, GUC, GUA és GUG (10.1. táblázat). A négy kodon első két (GU) betűje azonos, a harmadik pedig bármelyik lehet a négy közül.

10.1. táblázat. A genetikai kódszótár: az mRNS kodonok és jelentésük. Az aminosavak három, illetve egybetűs jelei.

Első nukleotid	Második nukleotid				Harmadik nukleotid
	U	C	A	G	
U	Phe F	Ser S	Tyr Y	Cys C	U
	Phe F	Ser S	Tyr Y	Cys C	C
	Leu L	Ser S	STOP	STOP	A
	Leu L	Ser S	STOP	Trp W	G
C	Leu L	Pro P	His H	Arg R	U
	Leu L	Pro P	His H	Arg R	C
	Leu L	Pro P	Gln Q	Arg R	A
	Leu L	Pro P	Gln Q	Arg R	G
A	Ile I	Thr T	Asn N	Ser S	U
	Ile I	Thr T	Asn N	Ser S	C
	Ile I	Thr T	Lys K	Arg R	A
	Met ¹ M	Thr T	Lys K	Arg R	G
G	Val V	Ala A	Asp D	Gly G	U
	Val V	Ala A	Asp D	Gly G	C
	Val V	Ala A	Glu E	Gly G	A
	Val V	Ala A	Glu E	Gly G	G

Met¹ = iniciációs kodon; STOP = a transláció terminációja. A színek: **erősen hidrofób**, **gyengén hidrofób**, **erősen hidrophil**, **gyengén hidrophil**.

Vajon mi határozza meg, hogy melyik aminosav épül be a képződő fehérjébe? Az, hogy milyen aminosavat hordoz a tRNS, vagy magának a hordozó tRNS-nek a szekvenciája? Egy kísérletben G. von Ehrenstein, B. Weisblum és S. Benzer ^{14}C -el jelzett aktivált cisztein-tRNS ciszteinjét katalizátor és H_2 jelenlétében alaninná alakította. Ezután *in vitro* fehérje-szintetizáló rendszerben azt vizsgálták, hogy vajon az alanint hordozó cisztein-tRNS az α -hemoglobin cisztein vagy alanin helyeire épült be. Azt tapasztalták, hogy az α -hemoglobinban cisztein helyett alaninok voltak, vagyis nem a tRNS-hez kapcsolódó aminosav határozza meg, hogy melyik aminosav épül be a fehérjébe, hanem a tRNS egy speciális részlete. Ez az *antikodon*.

Az aminosavak aktiválása

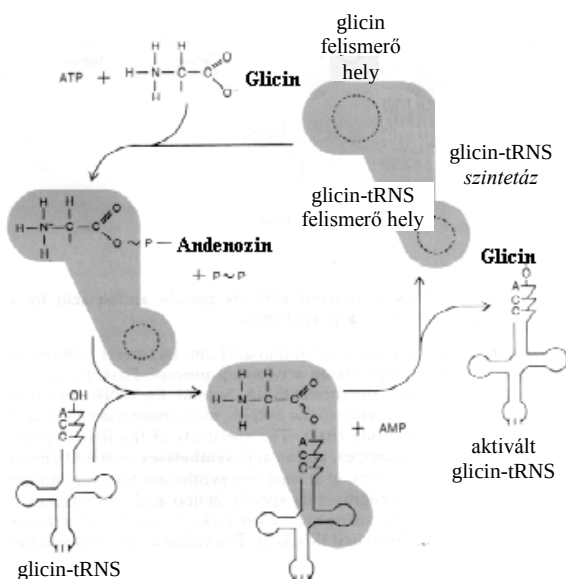
A riboszómák a fehérje szintéziséhez *aktivált* (a tRNS-sel nagy energiájú kötéssel kapcsolódó) aminosavakat használnak. Az aminosavak a megfelelő tRNS-hez az úgynevezett aminosav-

aktiválás során kötődnek - ezt szokás a tRNS feltöltésének is nevezni (10.7. ábra). Az aminosav-aktiválás fontosabb lépései:

Az első lépésben az aminosav-specifikus *amino-acil-tRNS-szintetáz* enzim az általa felismert aminosavhoz AMP-t köt kovalensen, így a nagy energiájú foszfát-kötés révén energiával tölti fel azt (az AMP ATP-ből származik).

A következő lépésben az enzim az AMP-kapcsolt aminosavat köti a megfelelő tRNS 3' végéhez (a kötés az aminosav -COOH és a tRNS 3' végén lévő ribóz 3', vagy néha a 2' -OH csoportja között jön létre).

Az aktivált aminosav-tRNS komplex végül leválik az amino-acil-szintetáz enzimről, hogy részt vegyen a fehérjeszintézisben.



10.7. ábra. Az aminosav-aktiválás lépései.

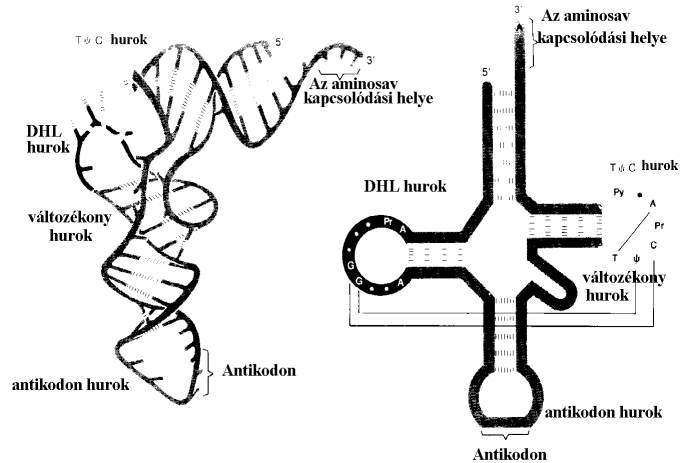
A tRNS-ek

A tRNS-ek olyan kis, kb. 70-80 nukleotidból álló adapter funkciójú RNS-ek, amelyek aktivált aminosavakat szállítanak a fehérjeszintézishez. Szerkezetük 1965 óta ismert (10.8. ábra). A tRNS-ek képződését az ún. tRNS-gének kódolják. Az rRNS-génekhez hasonlóan a tRNS-gének is tandem elrendeződésűek, és róluk is egy prekursor (elő-) tRNS íródik át, amelyről több lépéses érési folyamat során készülnek el a funkcionális tRNS-ek.

A tRNS-ek 3' végén mindig 5'CCA 3' nukleotidok találhatók, amelyek (az eukarióta mRNS poli-A farkához hasonlóan) nincsenek kódolva a DNS-ben, egy enzim kapcsolja őket a 3' végre. A tRNS-ek némelyik specifikus bázisa kémiai módosul. A tRNS-ek egyes komplementer részei párosodnak, és kettősszalú részeket képeznek. Azok az egyszálú tRNS szakaszok, amelyeknek nincs komplementere, hurkokat alkotnak (10.8. ábra).

A tRNS-ben kialakult három huroknak kitüntetett szerepe van. (1) Az *antikodon hurok*ban található a tRNS *antikodon*, amely az mRNS megfelelő

kodonjával párosodik a fehérjeszintézis során (természetesen az antiparalel illeszkedési elv szerint). (2) A *DHU (dihidroxi-uridin) hurok* az amino-acil-szintetáz enzimmel teremt kapcsolatot az aminosav-aktiválás során. (3) A *TΨC hurok* kapcsolódik a riboszómához. (Az aminosavak a tRNS-ek 3' végéhez kötődnek, lásd fentebb).



10.8. ábra. A tRNS szerkezete.

A genetikai kód degeneráltsága miatt nem meglepő, hogy az élőlényekben 61 helyett csak kb. 30-50-féle tRNS van, a különféle fajokban változó számban.

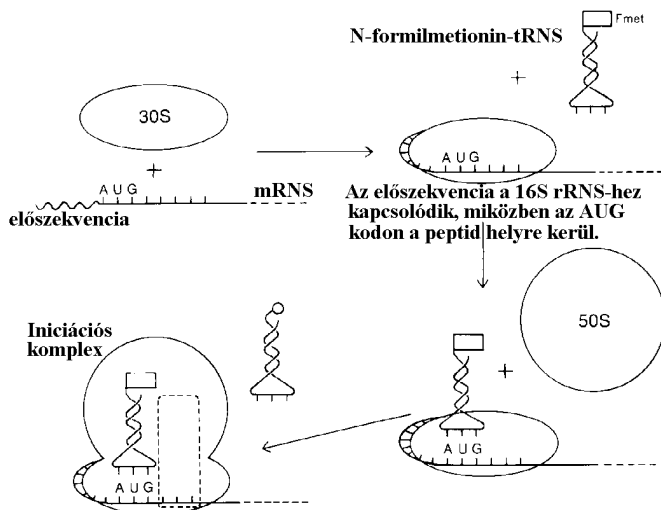
A fehérjeszintézis lépései

1. Iniciáció

A prokariótákban az mRNS előszekvenciájának egy konzervált szakasza párosodik a kisebb alegység 16S rRNS-ével. A kétféle RNS párosodása során az AUG (START, metionin) kodon a riboszóma ún. peptid (P) helyére illeszkedik (10.9. ábra). Az iniciációban szerepet játszó speciális *formil-metionin-tRNS* antikodonja antiparalel módon illeszkedik az mRNS kodonjához.

Eukariótákban a "sapkának"-nak és a poli-A faroknak is alapvető szerepe van az mRNS 5' vége és a kisebb riboszóma alegység kapcsolódásában, amelyet *segédfehérjék, iniciációs faktorok* közvetítenek. A kapcsolódás után egy *iniciátor metionin-tRNS* köt a kis alegységre, és más iniciációs faktorok segítségével a komplex mozogni kezd 3' irányban az mRNS-en. Ahol az első AUG-kodonnal találkozik az iniciátor-tRNS CAU antikodonja, a kis alegység megáll, a komplex stabilizálódik és képessé válik a nagy alegységgel való asszociálódásra. (Az első metionint szállító tRNS szerkezetében különbözik a „közönséges” metionin-tRNS-től, bár ugyanaz az metionin-tRNS szintetáz tölti fel.)

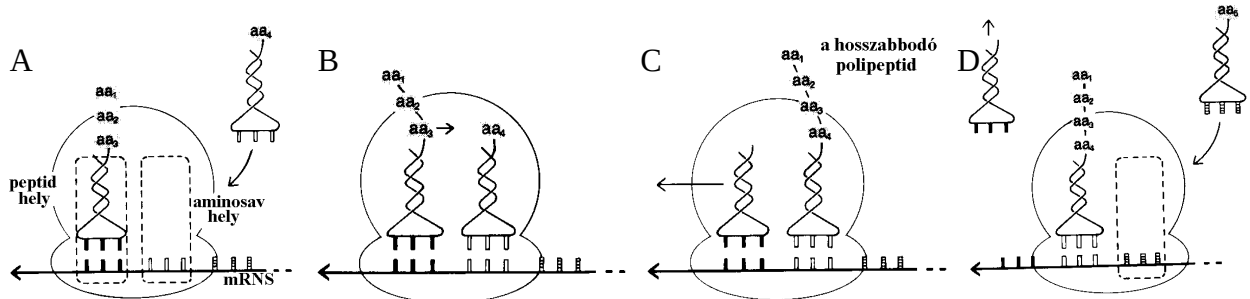
A következő lépésben az mRNS + Met-tRNS + kis alegység komplexhez csatlakozik a nagy riboszóma alegység is, és kialakul az *iniciációs komplex*.



10.9. ábra. A fehérjeszintézis elkezdődése prokariótákban.

2. Elongáció

A fehérjeszintézis elongációs szakaszában az aminosavak egymás után épülnek be a fehérjeláncba peptidkötések képződése közben. A riboszóma + mRNS komplexben három hely van: (1) Az aminosav (A) helyre az a tRNS illeszkedik, amely a következő beépülő aminosavat hordozza. (2) a peptid (P) hely, ahova az előzőleg érkezett tRNS kapcsolódik, végén a növekvő polipeptiddel. (3) Az exit (E) hely, ahová a távozó, „üres” tRNS köt átmenetileg.



10.10. ábra. A fehérjeszintézis lépései. Ezen és a 10.11 ábrán az E (exit) hely nem szerepel. (aa = aminosav)

Az elongáció lépései a következők (10.10. ábra).

- A szabad A helyre az mRNS következő kodonjának megfelelő antikodonnal rendelkező tRNS köt be. Az érkező tRNS-ek beilleszkedéséhez elongációs faktorokra és GTP-re van szükség (10.10 A ábra).
- A nagy riboszóma alegységben található, peptidil-transzferáz aktivitású nagyobbik (23S ill. 28S) rRNS peptidkötést alakít ki a szomszédos tRNS-eken lévő aminosavak között, melynek során a polipeptid a P helyen lévő tRNS-ről az A helyen levőre kerül (10.10 B ábra).
- Az A helyen levő, most már aminosav helyett

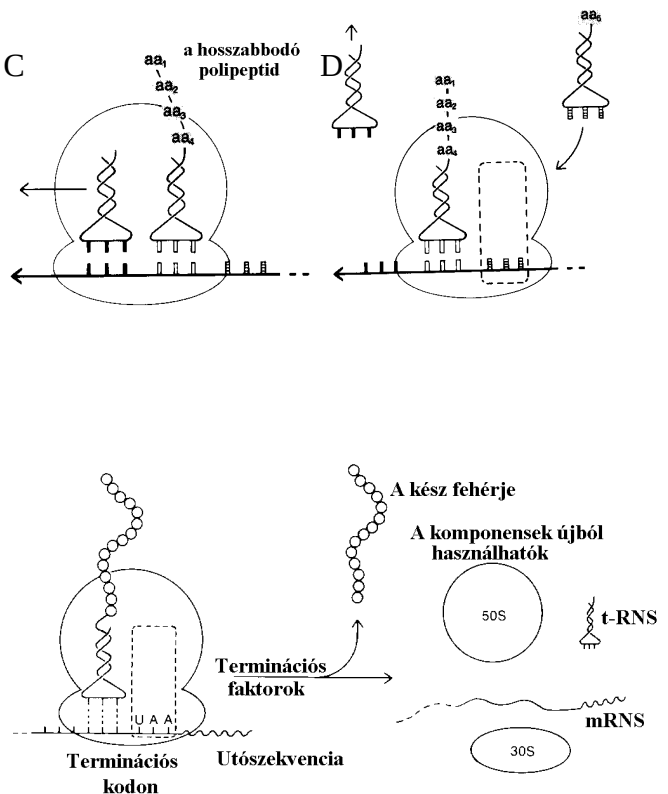
polipeptidet hordozó tRNS akkor jut a P helyre, amikor a riboszóma nagy, majd kis alegysége is egy lépéssel (három nukleotiddal) elmozdul az mRNS mentén 3' irányba (10.10. C és D ábra) - az „üres” tRNS pedig elmozdul a P helyről az E helyre. A folyamat az mRNS első STOP kodonjának eléréséig ismétlődik, néha sok ezerszer. A fehérjeszintézis sebessége ~2 aminosav/másodperc.

Tehát azt, hogy egy fehérjében milyen aminosavak követik egymást (azaz, hogy milyen a fehérje elsődleges szerkezete), az mRNS kodonok sorrendje, lényegében pedig az határozza meg, hogy a DNS-ben mi a bázispárok sorrendje.

3. A transláció terminációja

A fehérjeszintézis akkor fejeződik be, amikor a riboszóma A helyére valamelyik STOP mRNS kodon kerül. Minthogy nincsenek a STOP kodonoknak megfelelő antikodonnal rendelkező tRNS-ek, megáll az elongáció. A transláció terminációjához ugyanakkor speciális fehérje, ún. terminációs faktor is szükséges, amely bekötődik az A helyre, de nem járul hozzá újabb peptidkötéshez. Ehelyett vízmolekula épül be, a P helyen maradt tRNS-hez kapcsolódó fehérje szintézise így befejeződik, leválik a tRNS-ről, majd a riboszómáról is (10.11. ábra). A riboszóma alegységei és az utolsó tRNS is szétválnak. A kész fehérje lehet azonnal funkcióképes, de sokszor csak bizonyos módosító lépések után nyeri el funkcióját.

A genetikai kód (egy-két különleges kivételtől eltekintve), és a fehérjeszintézis mechanizmusa is univerzális, jelezve, hogy a transláció evolúciósan nagyon ősi, erősen konzervált folyamat.



10.11. ábra. A transláció befejeződése.

A fehérjék lebomlása

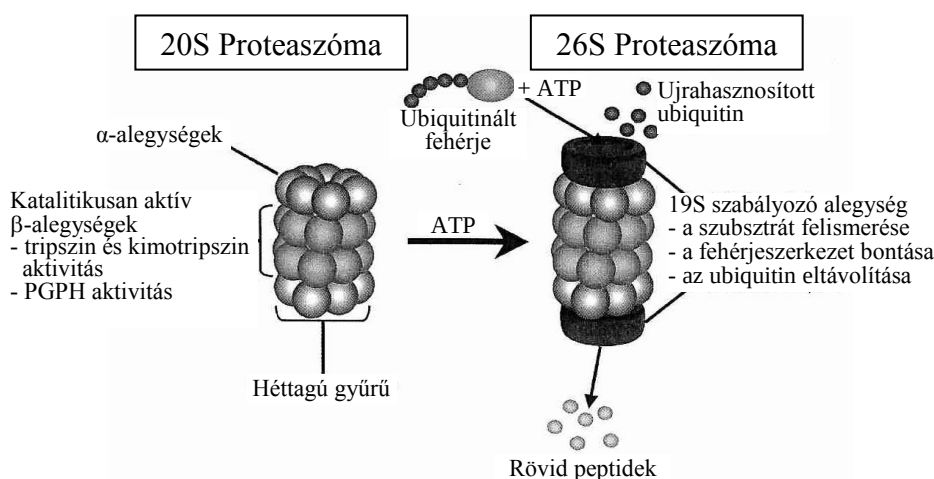
A fehérjék folyamatosan képződnek, és bomlanak le. Lebomlásuk két fő utat követ: vagy (1) ubiquitinálódás után az úgynevezett *proteaszómákban* bomlanak le (10.12. ábra), vagy (2) az *autofágia* valamelyik fajtájával (10.13. ábra).

Az ubiquitin-proteaszóma útvonal

Az ubiquitin olyan, mindössze 76 aminosavból álló, evolúciósan erősen konzervált kis fehérje, amely minden eukarióta sejtben megtalálható (az ember és az élesztő ubiquitinjeiben az aminosavak sorrendje 96%-ban azonos!). Más fehérjékhez lizin oldalláncukon keresztül képes kapcsolódni, ezáltal megjelölve azokat. Ha az első ubiquitinhez további ubiquitinek kapcsolódnak (szintén lizinen keresztül), akkor a fehérje poliubiquitinálódik, ez a jel a proteaszómahoz „irányítja”, hogy aztán ott lebomoljon, majd alkotói újrahasznosuljanak.

(Jegyezzük meg, hogy ha a fehérjékre egyetlen [monoubiquitiniláció] vagy több ubiquitin, de egyesével, több lizinre [multiubiquitiniláció] pakolódik, az is jelként szolgál. Nem a proteaszóma felé irányít, de más módokon meghatározza a megjelölt fehérje sorsát – erre a második félév során látunk példákat.)

A fehérjék ubiquitinizációjának folyamata a következő fontosabb lépésekből áll. Az ubiquitin - egy ún. *ubiquitin-aktiváló enzim* - aktiválódik: képessé válik arra, hogy *ubiquitin-konjugáló* és *ubiquitin-ligáz* enzim közvetítésével a célfehérjékhez kapcsolódjon. Ha már legalább négy ubiquitinből áll a fehérjéhez kapcsolódó lánc, azt felismeri a 26S proteaszóma, a citoplazmában található (de újabban a sejtmagban is kimutatott), fehérjelebontó sejtorganelum (10.12. ábra).



10.12. ábra. A proteaszóma szerkezete.

A proteaszómák nagyméretű (~2000 kDa), hordószerű szerkezetek. Három részből tevődnek össze: egy 20S méretű katalitikus és két 19S szabályozó alkomplexből. A 20S proteaszómát 4, egyenként hét fehérjéből álló gyűrű alkotja, amelyek

a zárható belső üreget határolják. A két külső gyűrű tagjait α -alegységeknek, a két belső gyűrű tagjait β -alegységeknek nevezik. A külső gyűrűk biztosítják a kamra zárhatóságát, valamint lehetővé teszik a 19S szabályozó alkomplexek kötődését. A belső gyűrűk által határolt térben zajlik a fehérjék degradációja. A β -alegységek egyes tagjai különböző proteolitikus enzimek: tripszin-, kimotripszin- vagy peptidil-glutamil-peptid hidrolizáló (PGPH) aktivitással bírnak.

A 19S alkomplex felelős a poliubiquitinilált lebontandó fehérjék felismeréséért, kitekeréséért (unfolding), az ubiquitin eltávolításáért. A megfelelő szubsztát kötődése és kibontása után biztosítja az addig zárt 20S alkomplex kinyílását és a fehérje bejuttatását a kamra belsejébe. Mindehhez ATP-ben tárolt energiát használ fel.

A fehérjék 4-25 aminosavból álló kis peptidekre bontása tehát a 20S alkomplex belsejében, zárt környezetben történik. A peptidek aztán tovább bomlanak a citoszolban, hogy a belőlük képződő aminosavak ismét fehérjékbe épülhessenek. (10.12. ábra).

Az ubiquitin-proteaszóma lebontó út célja nemcsak a sérült fehérjék eltávolítása. Olyan folyamatoknak is elengedhetetlen része, mint a génexpresszió vagy a sejtciklus szabályozása, vagy az oxidatív stressz elleni védekezés.

Az autofágia

Az autofágia (görög eredetű szó: „önévés”) a sejt saját anyagának lebontását lizoszómák közreműködésével végzi. A proteaszómákkal szemben általában nem válogat a fehérjék között, és nagyobb sejtalkotók, citoplazmarészletek degradációját is biztosítja. Fenntartja az egyensúlyt a szintézis és a lebontás között, miközben biztosítja a sejt anyagainak újrahasznosítását. A sejtekben alapszinten mindig működik – feladata a citoplazma folyamatos „takarítása”. Ugyanis más mód nincsen például a sérült, „megöregedett” mitokondriumok eltávolítására. Nem véletlen, hogy az alapszintű autofágia nem megfelelő működése többek között az idő előtti öregedéshez is hozzájárul.

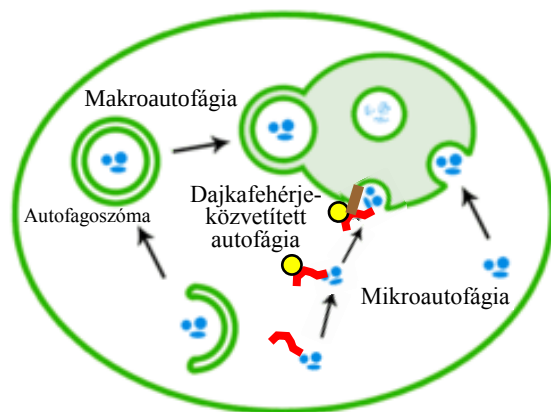
Az autofágia aktivitása egyes helyzetekben fokozódhat, ami pontos szabályozás alatt áll. A sejtek növekedésében, az egyedfejlődésben, a programozott sejthalálban is szerepet játszik. Tápanyag-ellátottság szűkében az autofágia képes biztosítani a sejt anyagainak mozgósítását, újraelosztását. Ezen kívül a neurodegeneráció, a daganatképződés és sejten belüli fertőzések elleni védelem fontos eszköze is.

Bár az autofágiának különféle típusai vannak, közös bennük, hogy végül a lizoszómákba kerül a lebontandó anyag. A legismertebb és legáltalánosabb mechanizmus a *makroautofágia*, amely során a citoplazma egy részlete körül kettős

membrán képződik, elkülönítve azt a citoplazma többi részétől. Az így kialakult ún. autofagoszóma végül egyesül a lizoszómával: külső membránja fuzionál vele, tartalma (és a belső membrán), lebomlik (10.13. ábra).

Az ún. *mikroautofágia* során a lizoszómák membránja közvetlenül fűződik be és veszi fel a citoplazma kis részeit.

A *dajkafehérje-közvetített (chaperon-mediált) autofágia* során azok a fehérjék bontódnak el, amelyek szekvenciájukban hordoznak egy olyan öt aminosavból álló szignált, amelyet egy 70 kDa-os dajkafehérje ismer fel. (A dajkafehérjét, más néven chaperonokat azért hívják így, mert segítik a fehérjék térszerkezetének kialakítását a szintézis után, illetve a szerkezetet károsító körülmények, leggyakrabban hősokk esetében. Legnagyobb csoportjuk is erről kapta nevét: hősokkfehérjék, Hsp). A fehérje/dajkafehérje komplex a lizoszóma membránjához jutva ott egy receptorral kapcsolódik. A lebontandó fehérje elveszti szerkezetét, a receptor által képzett csatornán keresztül átjut a membránon, és a lizoszóma belsejében lebomlik.



10.13. ábra. Az autofágia típusai.

BEFEJEZÉS

A sejtekben jelenlevő néhány DNS-molekula funkciója a transzkripció és a transzláció révén olyan fehérjék tömeges képződését eredményezi, amelyek ellátják a rájuk jellemző funkciókat, lehetővé téve az élőlények életét, alkalmazkodását a gyakran változó környezeti feltételekhez. A fehérjék természetét az őket alkotó aminosavak sorrendje, és végeredményben az határozza meg, hogy milyen sorrendben követik egymást a bázispárok a DNS-ben.

A fehérje molekulák nem örökéletűek: jól ismert mechanizmusok bontják le őket, hogy alkotóik hasznosuljanak.