

A BIOLÓGIA ALAPJAI

Az 1.- 3. előadás vázlata

(dr. Pécs Miklós előadásait szorgalmasan jegyzetelte és gépre vitte Péter Éva környezetmérnök hallgató, 2001 őszén. Köszönet érte.)

A sejtek felépítése és működése

Mi az élet? Mi az élő állapot?

Életerő elmélet (*Vis vitalis*): Ez az elmélet kb. kétszáz évvel ezelőtt alakult ki. Szerves anyagot szerves anyagból csak élőlények képesek előállítani – cáfolat: Wöhler 1828 karbamid előállítása.

Az életfolyamatok vagy életjelenségek az élő anyagra jellemző megnyilvánulások.

Az önfenntartó életjelenségek közé szoktuk sorolni az *anyagcserét*, a *mozgást*, a növekedést. Az önszabályozó életjelenségek közé az *ingerlékenységet*, végül az önreprodukáló életjelenségek alatt a szaporodást és az öröklődést értjük.

Az életjelenségek alapján azonban azt megállapítani, hogy egy anyag élő-e avagy nem, nem is olyan egyszerű dolog. Pontosabban, hogy egy rendszer él-e vagy sem, viszonylag könnyen eldönthetjük. Ha azonban egyértelműen meg szeretnénk határozni azt, hogy milyen kritériumok jellemzők csakis és kizárólag az élő szervezetekre, kiderül, hogy lehetetlenre vállalkoztunk. Ugyanis minden életjelenségre találunk példát az élettelen rendszerek köréből is.

Így például egy kristály is képes növekedni, egy nagy higanycsepp két utódcseppre tud szétesni, egy tenyerünkre helyezett fényképezőgépbe való film felhajlik a hőmérséklet emelkedés hatására ("reagál rá"), egy pohár víz is megfelel az anyagcsere kikötésének, hiszen képes anyagot leadni a környezetébe - párologni - és onnan anyagot felvenni - oldani például különböző gázokat stb.

Mivel a hagyományos "életjelenség" fogalomkörébe tartozók nem egyértelműen elégségesek az élő anyag meghatározásához, ezért helyesebb életkritériumokról beszélni. Élőnek az a rendszer tekinthető, amely valamennyi életkritériumnak egyszerre megfelel.

Ezek: rendelkeznie kell életprogrammal, amely a felépítésre és a működésre vonatkozó információkat tárolja rendelkeznie kell anyagcserével, rendelkeznie kell önszaporító képességgel, mindezeket a folyamatokat pedig működési egységgé kell szerveznie a szabályozási rendszernek.

Az élő szervezetek rendezettsége nagyfokú, entrópiája kicsi, ennek fenntartása állandó munkavégzést – energia-bevitelt igényel.

A sejtek keletkezése:

Az első élőlények közvetlen elődeiről csupán elképzelések vannak. Az úgynevezett prebiológiai evolúció utolsó fázisaként, az élő struktúrákat közvetlenül megelőző szerkezeteket 1932-ben de Jong holland kutató nevezte el koacervátumoknak. Kísérletében fehérje és gumiarábikum-oldatot kevert össze, amelyek spontán módon mikroszkopikus méretű cseppekké formálódtak. Oparin szovjet biokémikus úgy ismételte meg de Jong kísérletét, hogy a létrejövő koacervátumokhoz foszforiláz enzimet adott, amely beépült a konzervátumba.

Az élő anyag keletkezésének egyik elméletét Gánti Tibor kemotonelmélete nyújtja. A kemotonok három egymással kapcsolatban álló kémiai reakciósorozatból állnak. Az egyik egy autokatalitikus körfolyamat, ez felel meg az anyagcserének. Ez a környezetéből felvett anyagok beépítésével megsokszorozza saját összetevőit, amelyeket a másik két rendszer hasznosít. A második egy információtároló rendszer, ez nukleinsavakból áll, ennek összetétele és lánchossza szabályozza a kemoton működését, végül a harmadik rendszer a kemoton kívülől beborító hártya.

I. Sejtek fajtái:

1. Prokarióták:

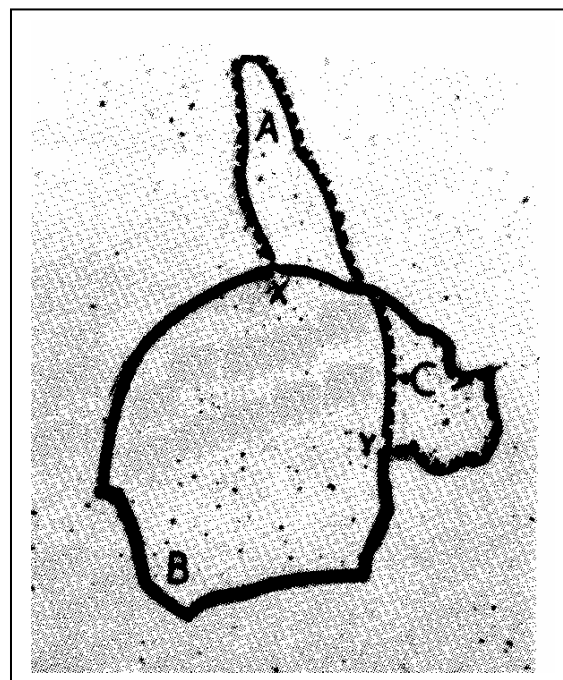
a) Jellemzői:

- A prokarióták az élővilág legősibb képviselői.
- Sejtjeik felépítése egyszerű, az eukariótákkal szemben nincs valódi sejtmagjuk. Ennek megfelelően sejtmagvacskájuk sincs.
- Belső, összefüggő membránrendszereik is hiányoznak, ezért sejtszervecskéik sincsenek
- Ma élő képviselőiket két törzsbe soroljuk, a Baktériumok és a Kékmoszatok törzsébe.

	Prokarióták	Eukarióták
Organizmusok	morénák (baktériumok és cianobaktériumok)	protiszták, gombák, növények, állatok
Sejtszerveződés	főleg egysejtű	főleg soksejtű, a sejtek differenciálódnak
Sejtméret	kicsi, 0,2–10 µm	nagy, 10–100 µm
Anyagcsere	anaerob vagy aerob	aerob
Fotoszintézis		
Sejtfalak	jellegzetes szénhidrátokból és peptidekből	cellulózból vagy kitinből, de állatokban nincsenek
Belső membránok	nincsenek	vannak
Organellumok	membránnal határolt organellumok nincsenek	mitokondriumok és kloroplasztiszok
Kompartmentalizáció	nem jellemző	jellemző
Genetikai organizáció	egy vagy több azonos információ tartalmú, csupasz DNS-gyűrű, szabadon a citoplazmában	két vagy több, eltérő információ-tartalmú, kromoszómába organizálódott, hisztonokkal társult DNS, maghártyával körülvéve
Mozgásképeség	mozgásképtelenek, ill. flagellinból álló csillókkal vagy ostorokkal mozgó	rendszerint mozgásképes, tubulinból álló csillókkal vagy ostorokkal
Citoplazmaáramlás (ciklózis)	nincs	van
Szaporodás	kettéhasadással	mitózissal vagy meiózissal

b) DNS elhelyezkedése, funkciói:

- A DNS nem tömörödik testecskévé, a plazmában kinyújtott állapotban van, egy ponton a membránhoz tapad.
- Enzimek segítségével azonnal átírható DNS-re, mRNS-re vagy más RNS-ekre (tRNS, rRNS) (1. ábra, E.coli gyűrűs DNS, duplikálódás közben)



2. Eukarióták

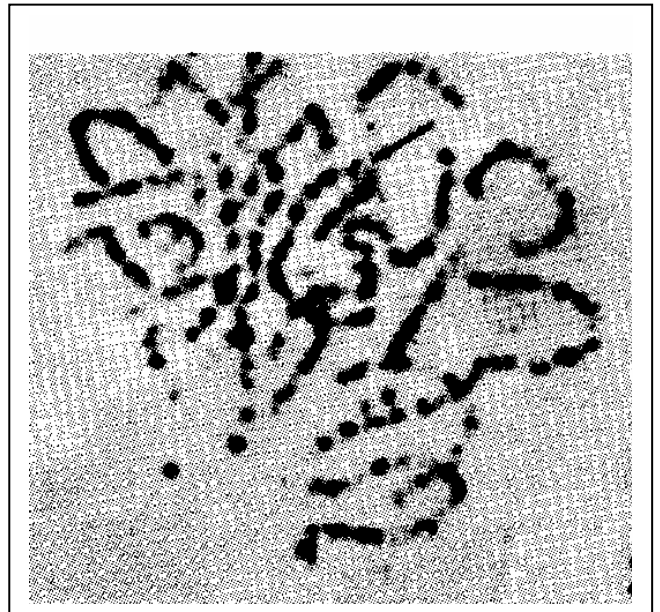
a) Jellemzői:

- Később alakultak ki, mint a prokarióták.
- Az eukarióta sejtek már méretükben is különböznek a prokariótáktól: nagyságrendekkel nagyobbak náluk. (Így élhetnek velük belső szimbiózisban prokarióták.)
- Az eukarióta sejtek, illetve az eukarióta sejtekből felépülő szervezetek abban különböznek a prokariótáktól, hogy citoplazmájukban sejtmembránnal határolt sejtmag, a sejtmagban sejtmagvacska továbbá sejtmembránból felépülő sejt szervecskék vannak.
- További lényeges különbség a prokariótákhoz képest, hogy nagy belső felülettel rendelkező belső membránrendszereik vannak, amelyek sejtalkotókat, sejt szervecskéket eredményeznek az eukarióta sejtben. Mindez egyrészt rendkívül nagy belső felületek, kialakulását eredményezte, másrészt a citoplazma belsejét sok kis, egymástól elhatárolt belső térre különítette.
- Mivel az életfolyamatok nagy része membránokon zajlik, a nagyobb és egymástól elkülönült belső felületeken egyszerre és

egymástól függetlenül nagyon sok és nagyon sokféle biokémiai reakció le tud zajlani. Ezek az előnyök az eukarióta sejtek evolúciójának felgyorsulását is eredményezték.

b) DNS tárolása:

- Mivel van valódi sejtmag, amelyet maghártya határol el, itt található a DNS készlet becsomagolt állapotban, kromoszómákba tömörítve! (2. ábra)



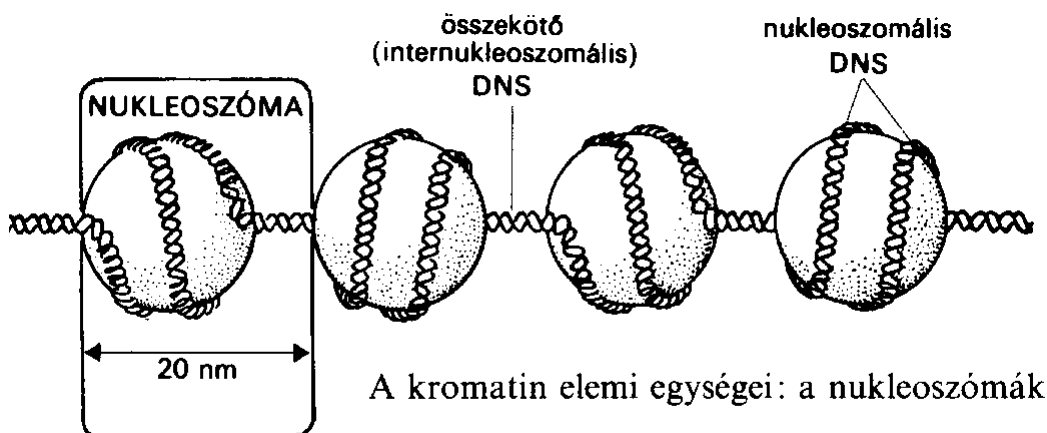
II. SEJTALKOTÓK

Az élőlények két alaptípusának összehasonlítása után térjünk át a sejtek szerkezetének vizsgálatára. Mivel eddig a DNS-sel foglalkoztunk, folytassuk ezzel, tekintsük át először annak finomszerkezetét és működését.

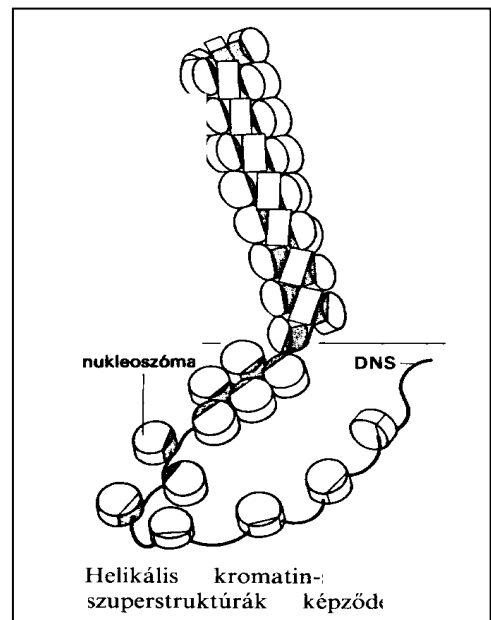
1. DNS

1. Szerkezet

A DNS lánc fehérjékre tekeredik (3. ábra).



A fehérjék hisztonok (bázikus fehérjék), gömb vagy korong alakúak. A következő szinten a nukleoszómák által alkotott „gyöngysorok” párhuzamos kötegekbe rendeződnek (4. ábra).



A DNS többszörösen tömörített szerkezetét a méretekkel együtt mutatja az 5. ábra.

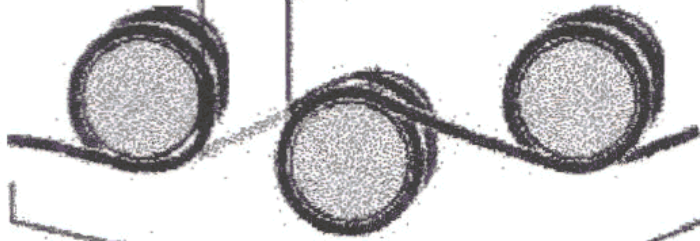
A biológia alapjai. 1., 2., 3. előadás. Oktatási segédanyag.

A DNS kettős spirálja



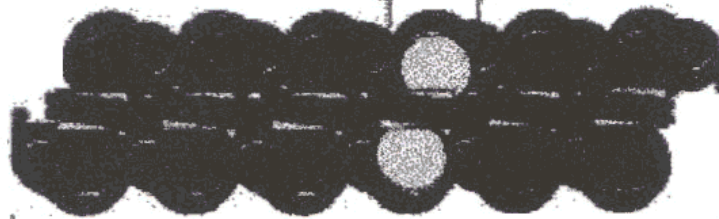
2 nm

"Gyöngysor" kromatin



11 nm

Párhuzamos nukleoszóma láncok



30 nm

"Kigombolyított" kromoszóma részlet



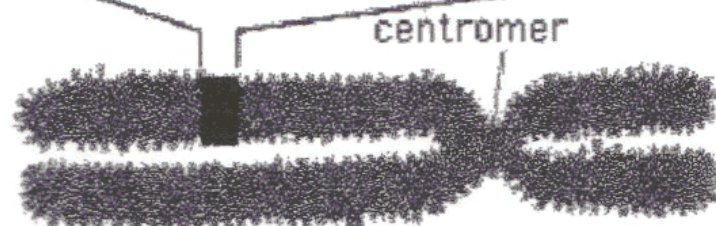
300 nm

Tömör szerkezetű kromoszóma részlete



700 nm

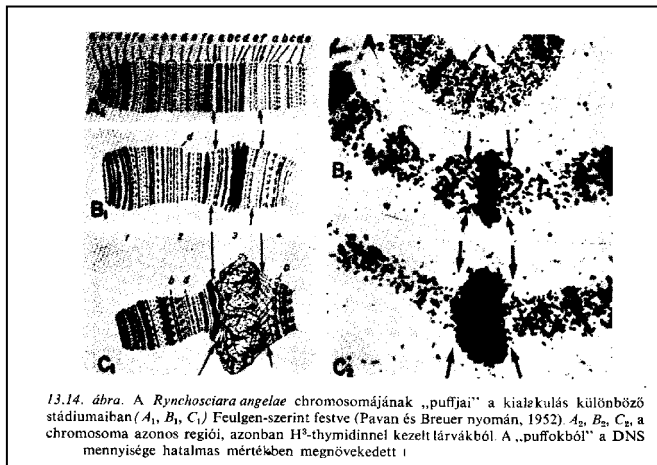
Teljes diploid kromoszóma



1400 nm

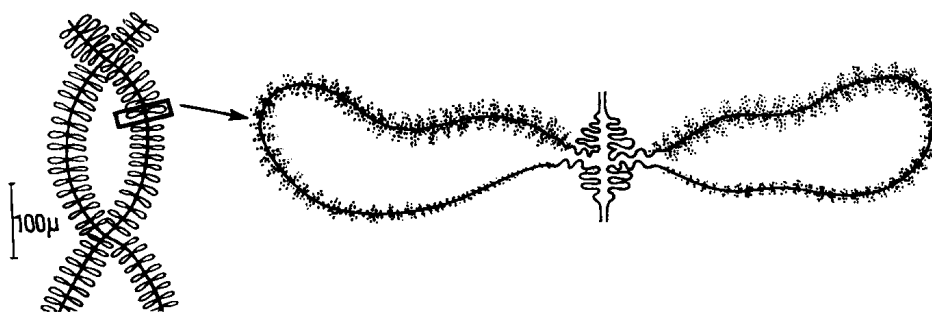
A kromozómában a DNS 50.000-szer rövidebb, mint teljesen kiegyenesítve

A kiíráshoz a DNS-t le kell gombolyítani, a tömör szerkezet átmenetileg felbomlik. Ezért az aktív kromoszómákon gyakran vannak duzzadások, puffadások. Ezek az ún. *Puffing*-ok. Itt az átíró enzimek könnyen hozzáférnek a DNS-hez. (6. ábra)



13.14. ábra. A *Rynchosciara angelae* chromoszómájának „puffjai” a kialakulás különböző stádiumában (A_1, B_1, C_1) Feulgen-szerint festve (Pavan és Breuer nyomán, 1952). A_2, B_2, C_2 a chromoszoma azonos régiói, azonban H^3 -thymidinnel kezelt lárvákból. A „puffokból” a DNS mennyisége hatalmas mértékben megnövekedett.

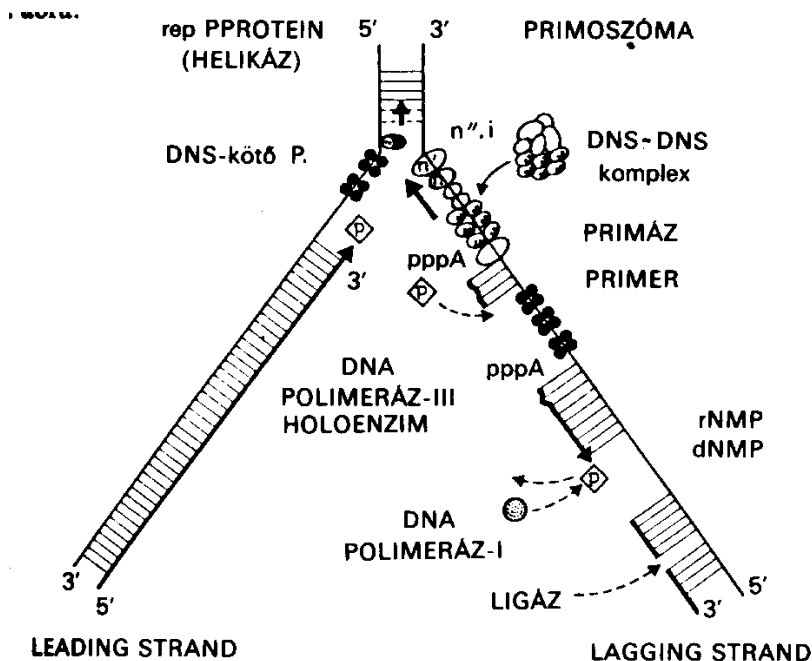
A kiírás során keletkeznek ún. *lámpakefe* kromoszómák: Olyan DNS fonalak, amelyek hurkokat alkotnak, és nincs szabad végük (6. ábra)



Triturus-petesejt lámpakefe-chromoszómainak vázlata. Baloldalt: kis nagyítással. Jobboldalt: nagyobb nagyítással; jól láthatók a hurkokat alkotó oldalnyúlványok, valamint a chromonémák spiralizációja

2. Funkciók

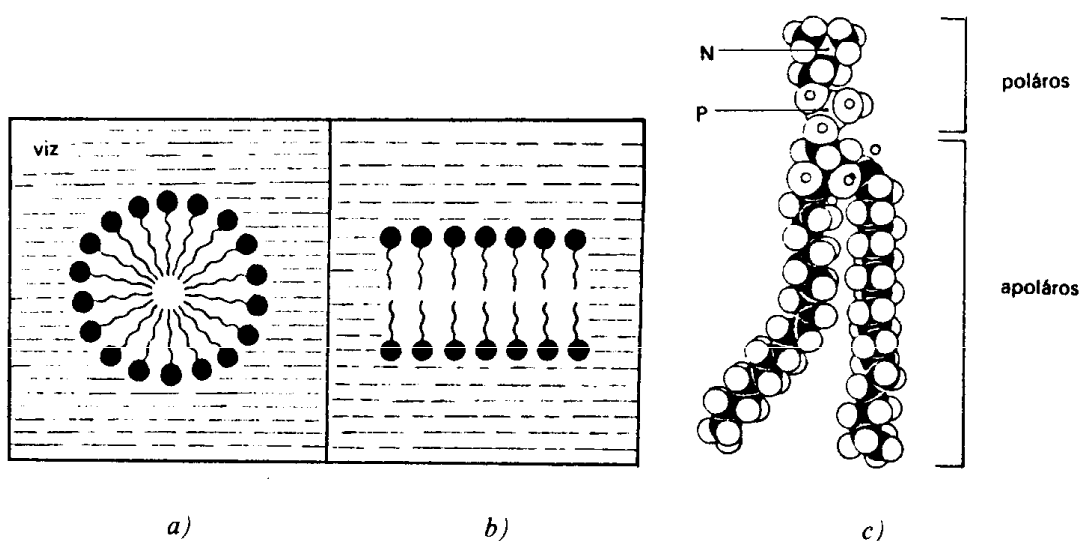
- DNS-ről DNS-re átíráskor komplementer DNS szál keletkezik. Először a DNS kettős hélixét szét kell csavarni. Ezután mindegyikhez komplementer szál szintetizálódik. A két szál ellentétes irányú. Mivel a szintézis csak egy irányban tud lejátszódni ($3' \rightarrow 5'$), ezért a két szál eltérő módon szintetizálódik. /Az egyik szál végén elindulnak az enzimek és folyamatosan végzik a másolást. A másik szálon visszafelé kell haladniuk, ezért az szakaszonként másolódik, a darabokat egy külön lépésben össze kell kapcsolni. Végeredményként az eredeti és a komplementer szál összerakódik, összecsavarodik.



- Az un. *repair* (*reparáló, javító, újrapárosító*) *enzimrendszer feladata* az elromlott, meghibásodott DNS megjavítása. Ilyen hibák létrejöhetnek spontán mutációval, amelynek okai lehetnek, pl. háttérsugárzás, kémiai vegyületek, és előídezhethető másolási hiba is. Ezek a DNS hibák csökkenthetik a faj életképességét, megmaradási esélyét. Hibajavításnál egy enzimkomplex végigellenőrzi a DNS-t, és ha hibát talál, azt kijavítja. Egy enzimkomplex csak egy bizonyos hibát ismer fel és tud kijavítani. Minél fejlettebb a faj, a szervezet, annál többféle repair enzimrendszere van. Már a prokariótáknál is megjelenik. A hibák előfordulása gyakoribbá válik a hőmérséklet emelkedésével, mivel a kémiai reakciók sebessége exponenciálisan arányos az abszolút hőmérséklettel (Arrhénus). A trópusokon bár több a hibalehetőség, de a reparáló rendszer is hatékonyabban működik, így a mutációs ráta azonos.
- DNS → mRNS átírás: fehérjeszintézishez. A mRNS a kodogén szárlól íródik át, ez hordozza az aminosavsorrendet. A néma szárlól nem lehet értelmes mRNS-t másolni, az csak a DNS replikációhoz kell.
-
- DNS → RNS átírás: a további RNSek (riboszóma RNS, transzfer RNS) bázissorrendje is a genetikai állományban tárolódik, szintézisük direkt átírással történik.

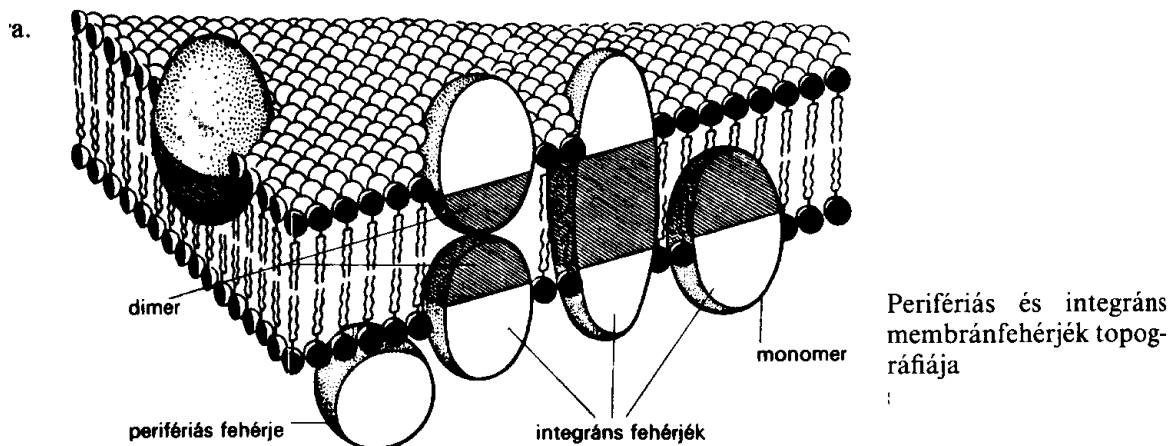
2. Biológiai membránok:

- Mind az eukariótákra, mind a prokariótákra jellemző sejtalkotó.
- Kettős foszfolipid réteget tartalmaznak. A molekulák két részből állnak: az apoláris hidrofób és a poláris hidrophil rétegből. Az apoláris rész néz befelé, míg a poláris a vizes fázis felé, azaz kifelé (8. ábra).



A kettős jellemű poláros lipidek vizes oldatban rendeződnek: poláros részük a vizes oldószer felé tekint, míg az apoláros részek egymás közelében igyekeznek elhelyezkedni; az így kialakuló kolloid méretű részecskék alkothatnak gömbszerű micellát (a) vagy lipid-kettősréteget (b); amfipátikus poláros lipid szerkezete (c)

- Membránfehérjék fajtái:
Integráns membránfehérjék- A membrán kettős rétegébe beépülnek különféle fehérjék. A membránba merülő molekuláris felületén apoláros oldalláncú aminosavak helyezkednek el. A fehérjék apoláros oldalláncai és a membrán apoláros részei között létrejött van der Waals kötések rögzítik a fehérjét és stabilizálódik a fehérjék térszerkezete is. Nehezen választhatók le, mert a membránba beépültek. Leválasztásukhoz komoly energia szükséges, illetve szét kell roncsolni a membránt, a lipid-környezet nélkül gyakran denaturálódnak.
Perifériális membránfehérjék-, amelyek könnyen leválaszthatóak (pl. puffer-oldattal leoldhatók), mert a felületen tapadnak meg (9. ábra).



- A membrán külső és belső oldala nem keverhető össze, mert a membrán szerkezeti és funkcionálisan *irányított*.
- *Folyékony mozaik membrán modell*: A membránokat sokféle lipidmolekula alkotja, amelyek félfolyékony állapotúak és deformálhatók. Olvadáspontjuk nem éles, 20-50 °C. Bennük a molekulák oldalirányban kis erővel elmozdíthatók, merőleges kiemelésükhöz ugyanakkor nagy energiára lenne szükség.

A biológiai membránok vagy hárták, sejthárták, felépítéséről és szerkezetéről alkotott elképzelések sokat változtak az utóbbi évtizedekben. Ma általánosan elfogadott a Singer-Nicolson féle fluid, azaz folyékony membránmodell. Eszerint a membránt kémiai lipidek és fehérjék építik fel. A lipidek közül elsősorban a foszfatidok jelentősek, amelyek kettős rétegben a membrán alapját képezik és molekulái szüntelen vízszintes mozgásban vannak. A kettős réteg mindkét oldalán kifelé fordulva helyezkednek el a molekulák erősen poláris, hidrofíli végei, míg a szénhidrogénláncok a kettős réteg belseje felé fordulnak, és mintegy "egymásba oldódva" hidrofób réteget képeznek (8. ábra). A membránt felépítő fehérjék a lipidekkel szoros kapcsolatban állnak. A perifériális membránfehérjék kívül vagy belül a membrán lipid kettősrétegének poláris végeihez kapcsolódnak. Az integráns fehérjék viszont a kettős lipidréteg apoláris láncjaihoz is kapcsolódva erősen kötődnek a membránhoz (9. ábra), abba teljesen belemerülve, beleágyazva találhatóak, oldalirányban azonban szabadon mozoghatnak.

- *A membránok funkciói:*

Gátfunkció: nem engedi át szabadon az anyagokat, zárt teret biztosít: kompartment

Szelektív transzport:

a. Passzív transzport:	b. Aktív transzport
Energiát nem igényel	Energia befektetéssel történik (ATP)
Az anyagok a koncentrációkülönbség hatására mozognak a nagy koncentrációjú helytől a kicsi felé	A kis koncentrációjú helytől a nagy koncentrációjú hely felé is mehet.
Pl: egyszerű diffúzió	Pl. K^+ ionra \Rightarrow 10000 szerez koncentrációkülönbség is lehet a sejten belül és kívül

Hordozós transzport: az anyag egy hordozó molekulához kötve lép át a membránon, a túloldalon leválik. Lehet aktív és passzív is. Jellemzője, hogy a véges számú hordozó miatt telíthető, van egy maximális sebesség.

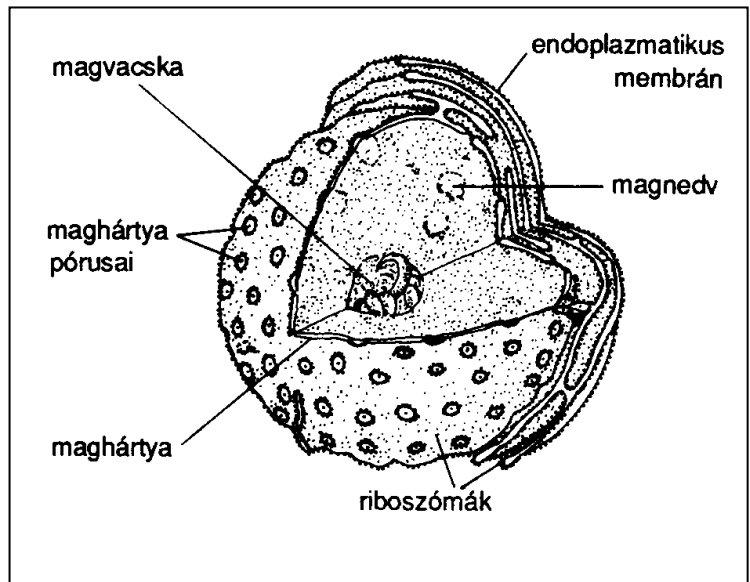
A biológiai membránok előfordulása:

- Külső sejthártya
- Sejtmaghártya
- Egyéb sejtszervecskék membránja: Mitokondrium
Endoplazmatikus retikulum
Golgi készülék
Kloroplasztisz
Sejtzárványok /fagoszóma, lizoszóma, szekréciós granulum/
Speciális funkciójú képződmények /pl. retina, idegrost /

Sejtmaghártya:

Ezen pórusok, kapuk vannak, amelyeken egyirányú transzporttal kilépnek a plazmába a mRNS-ek.

A sejtmagvacska a többi RNS szintézisét végzi. /tRNS, rRNS/



Endoplazmatikus retikulum:

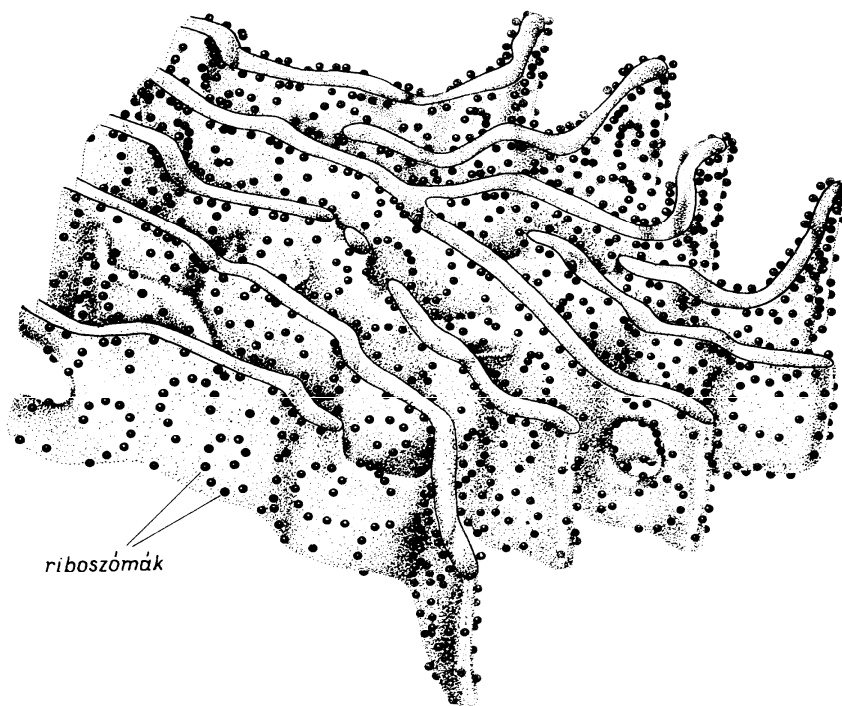
A citoplazmában levő „hálózat” (keresztmetszeti képe kétdimenziós hálózatot mutat). Ez valójában egy (összegyűrt) zsák, aminek külső és belső tere van. A sejt jelentős részét elzárja a citoplazmától. (16. ábra)
Óriási felületet, ezen szemcsék találhatóak (durvaszemcsés endoplazmatikus retikulum, DER).



Plasma-sejt elektronmikroszkópos felvétele (részlet)

Felismerhető a nagy területen szétágazó endoplasmás reticulum a rátapadt riboszómákkal. A kép bal oldalán a sejtmag, mellette (fent) a Golgi-apparátus, amelyet néhány mitokondrium vesz körül

ENDOPLAZMATIKUS RETIKULUM



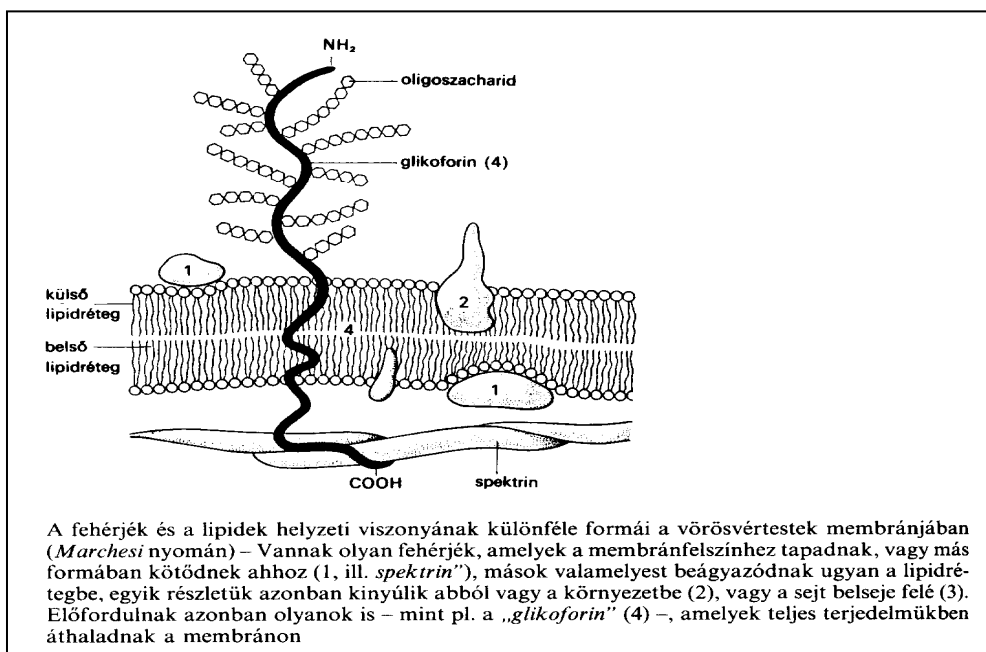
Szemcsék:

Riboszómák: Felületükön megy végbe a fehérjeszintézis. Ribonukleinsavak és fehérjék építik fel (ld. később).

Lizoszómák: Olyan enzimrendszert tartalmaznak, amelyekben fontos hidrolitikus reakciók játszódnak le, de a citoplazmába kerülve a sejt anyagát is lebontanák (ketrec, reaktor).

Peroxiszómák: szabadgyökös reakciókat hajtanak végre.

A membránok hordozzák pl. a vörös vörsejteknel a vércsoport- és immuntulajdonságokat, ezek kis molekula-láncocskák (17. ábra)

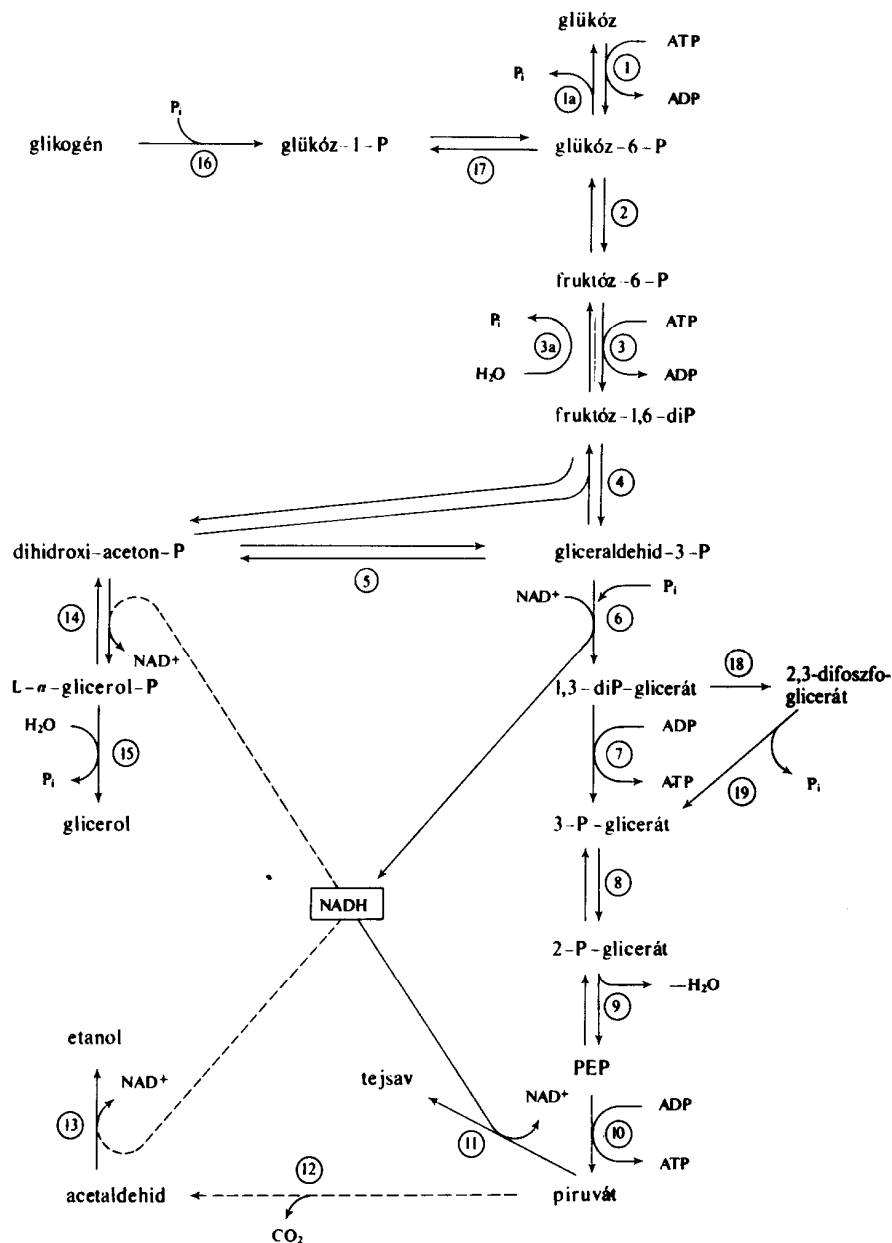


3. Citoplazma: = sejtfoladék

- Prokariótáknál és eukariótáknál is megtalálható.
- Gél jellegű: rugalmas szerkezetű, de áramlásra is képes.
- (Gélek: Vannak olyan makromolekulák, amelyek oldatban kis koncentrációban is térhálós szerkezetet tudnak létrehozni, ami folyadékot jól megfogja. Kváziszilárd, kissé rugalmas, könnyen deformálható (kocsonya, puding, gyümölcszselé).)
- A citoplazmában vannak olyan fehérje-fonalak, csövek, - filamentumok, tubulusok - amelyek kialakítják a térhálós szerkezetet, és ennek segítségével rögzítik a folyadékot.

Biokémiai funkciói:

- **Glikolízis:** Energiát termelő folyamat, ami aerob és anaerob közegben is lejátszódik (18. ábra).



14.1 ábra. A glükóz anaerob lebontásának lépései. Részletesebb magyarázat a 14.1 táblázatban és a szövegben

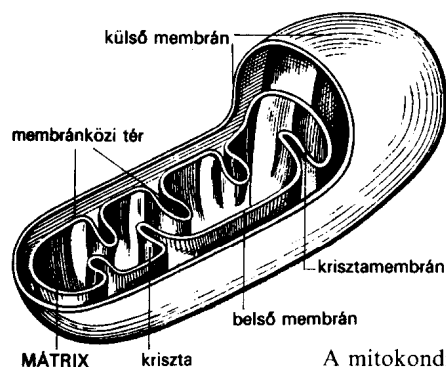
14.1 táblázat A glikolízis reakciói

Reakció száma	Reakció	ΔG^0 , kJ	Enzim	Effektorok
1	$\text{glükóz} + \text{ATP} \xrightarrow{\text{Mg}^{2+}} \text{glükóz-6-P} + \text{ADP} + \text{H}^+$	-16,8	hexokináz glükokináz	G-6-P
1a	$\text{glükóz-6-P} + \text{H}_2\text{O} \xrightarrow{\text{Mg}^{2+}} \text{glükóz} + \text{P}_i$	-13,9	glükóz-6-foszfát foszfataáz	
2	$\text{glükóz-6-P} \rightarrow \text{fruktóz-6-P}$	+ 1,7	glükóz-6-foszfát izomeráz	glükóz
3	$\text{fruktóz-6-P} + \text{ATP} \rightarrow \text{fruktóz-1,6-diP} + \text{ADP} + \text{H}^+$	-14,3	fruktóz-foszfát-kináz	ATP, citrát AMP, ADP, F-2,6-diP
3a	$\text{fruktóz-1,6-diP} + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{fruktóz-6-P} + \text{P}_i$	-16,8	fruktóz-1,6-difoszfát foszfataáz	F-2,6-diP
4	$\text{fruktóz-1,6-diP} \rightarrow \text{dihidroxiaceton-P} + \text{gliceraldehyd-3-P}$	+24,0	aldoláz	
5	$\text{dihidroxiaceton-P} \rightarrow \text{gliceraldehyd-3-P}$	+ 7,7	trioz-foszfát izomeráz	NADH,
6	$\text{gliceraldehyd-3-P} + \text{P}_i + \text{NAD}^+ \rightarrow \text{1,3-diP-glicerát} + \text{NADH} + \text{H}^+$	+ 6,3	gliceraldehyd-3-foszfát dehidrogenáz	1,3-difosfoglicerát,
7	$\text{1,3-diP-glicerát} + \text{ADP} \rightarrow \text{3-P-glicerát} + \text{ATP}$	-19,0	foszfo-glicerát kináz	ATP
8	$\text{3-P-glicerát} \xrightarrow{\text{2,3-diPG}} \text{2-P-glicerát}$	+ 4,5	foszfo-glicerát mutáz	
9	$\text{2-P-glicerát} \rightarrow \text{foszfo-enolpiruvát} + \text{H}_2\text{O}$	+ 1,8	enoláz (foszfo-enolpiruvát hidratáz)	P_i
10	$\text{foszfo-enolpiruvát} + \text{ADP} + \text{H}^+ \xrightarrow{\text{Mg}^{2+}, \text{K}^+} \text{piruvát} + \text{ATP}$	-32,0	piruvát kináz	F-1,6-diP, PEP, F-2,6-diP ATP, AMP, citrát, zsírsava alanin, AcCoA
11	$\text{piruvát} + \text{NADH} + \text{H}^+ \rightarrow \text{laktát} + \text{NAD}^+$	-25,2	laktát dehidrogenáz	
12	$\text{piruvát} + \text{H}^+ \xrightarrow{\text{Mg}^{2+}, \text{TTP}} \text{acetaldehyd} + \text{CO}_2$		piruvát dekarboxiláz	
13	$\text{acetaldehyd} + \text{NADH} + \text{H}^+ \rightarrow \text{etanol} + \text{NAD}^+$		alkohol dehidrogenáz	
14	$\text{dihidroxiaceton-P} + \text{NADH} + \text{H}^+ \rightarrow \text{L-}\alpha\text{-glicerol-P} + \text{NAD}^+$		α -glicerol-foszfát dehidrogenáz	
15	$\text{L-}\alpha\text{-glicerol-P} + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{glicerol} + \text{P}_i$		foszfataáz	
16	$(\text{glükóz})_n + \text{P}_i \rightarrow (\text{glükóz})_{n-1} + \text{glükóz-1-P}$	+ 3,1	(α -1,4-glükán)-foszforiláz	AMP, G-6-P
17	$\text{glükóz-1-P} \xrightarrow{\text{G-1,6-diP}, \text{Mg}^{2+}} \text{glükóz-6-P}$		glükóz-foszfát mutáz	
18	$\text{1,3-diP-glicerát} \rightarrow \text{2,3-diP-glicerát}$		difosfoglicerát mutáz	1,3-diP-glicerát
19	$\text{2,3-diP-glicerát} \rightarrow \text{3-P-glicerát}$		difoszfo-glicerát foszfataáz	

4. Mitokondrium:

- Jól észlelhető, hosszúkás szemcsék a sejtben (19. ábra).
- Csak az eukariótákban található meg.

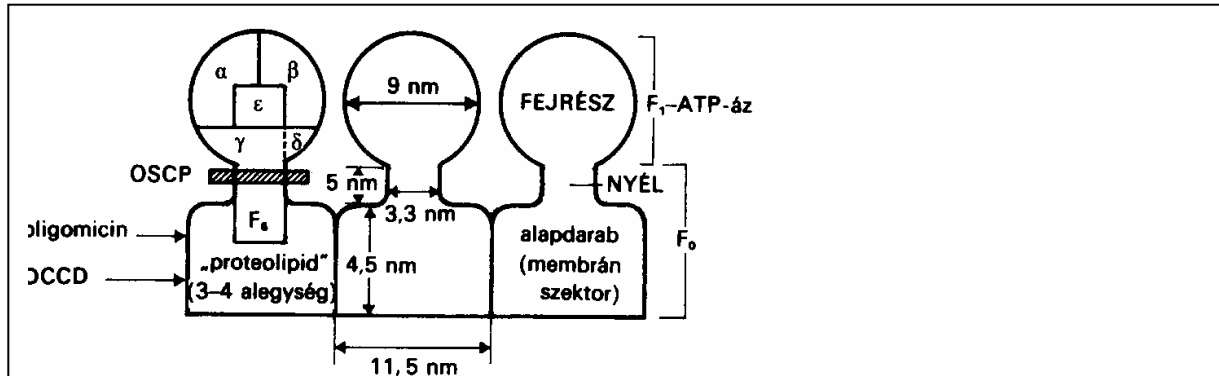
Méretük a különböző sejttypusokban más és más, átlagos átmérőjük 0,5-1 μm , a hosszuk pedig 5 és 10 μm közé esik. Sejtenkénti *számuk* szintén igen változatos: néhánytól ezerig, de akár tíz- sőt százezerig is terjedhet – az illető sejt nagyságától és fajtájától függően.



A mitokondrium térbeli szerkezete

A mitokondriumok térbeli szerkezete Az organellumot egy feszes *külső membrán* borítja, az alatta levő *belső membrán* azonban jóval lazább, és különféle alakú betüremkedéseket – *krisztákat* – bocsát a mitokondrium belsejét kitöltő *citoszolszerű* állományba, a *mátrixba* (5.33. kép). A két membrán közötti rést a *membránközi tér* tölti ki.

- Két hártából áll:
- külső membrán: normál lipid kettősréteg
 - belső membrán: 80%- a fehérje, kevés lipid . Morfológiailag kis „mozaik” egységekből áll, amelyek formája pecsétnyomóra emlékeztet (20. ábra).



Az F_1F_0 -ATP-áz („elemi részecske”) szupramolekuláris szerkezete (Ernster nyomán). Az F_1F_0 -ATP-áz két, egymástól elválasztható részből áll, amelyeknek a funkciója is eltérő. Az egyik a katalizátorképességű F_1 -ATP-áz, amely az elektronmikroszkópban látható „elemi részecskének” felel meg és a „fejrészt” alkotja, a másik pedig a tulajdonképpeni protontranszlokátor (F_0), amely a foszforilációt gátló oligomicin nevű antibiotikum és a DCCD (diciklohexilcarbodiimid) nevű vegyület megkötésére szolgáló helyet tartalmazó „alopdarabra” és „nyélre” osztható fel. Az alopdarab („membránszektor”) 3 vagy 4, erősen hidrofób fehérje alegységből (proteolipidekből) épül fel. Az F_1 - ATP-áz tagyjából a rajzon látható módon öt, szorosan egymáshoz tapadt alegységből (alfa, béta, gamma, delta, epsilon) áll, amelyek molekulatömege együttesen 160 500 dalton.

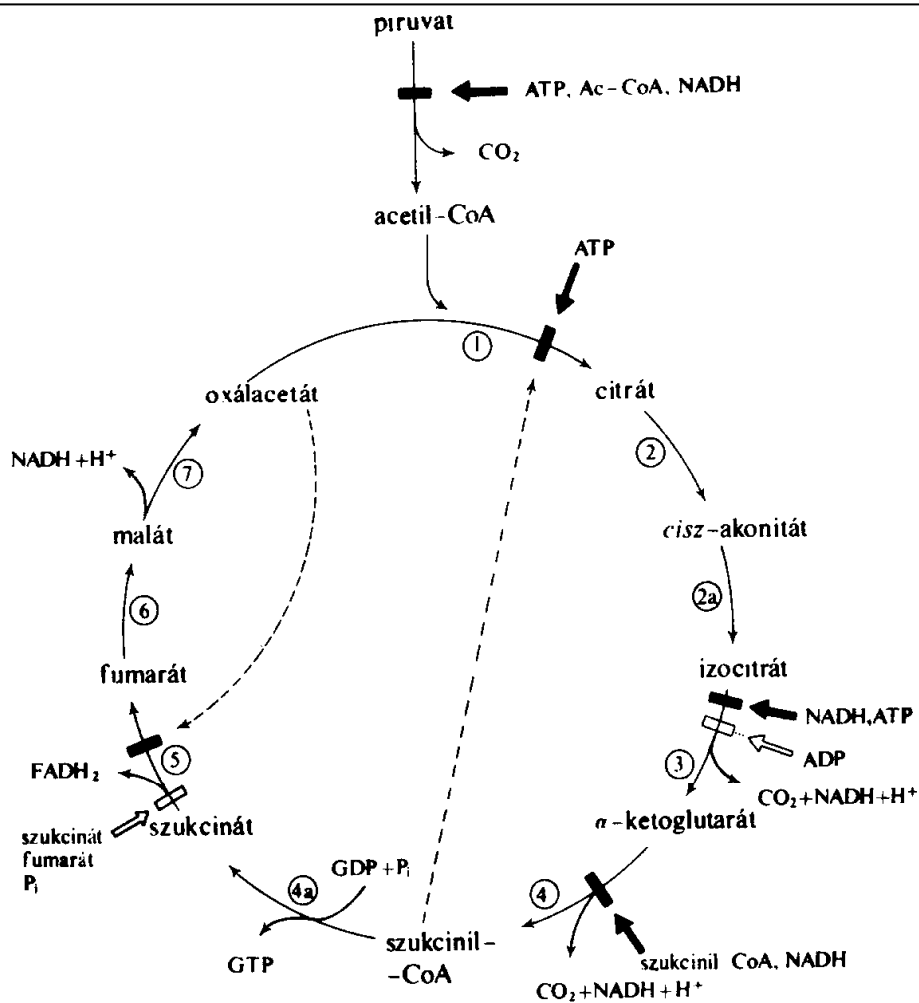
- A mátrixban van a citrátkör enzimrendszere /citromsav ciklus/, a zsírsav-oxidáció is itt játszódik le.
- A mitokondrium a sejt energiatermelője. Itt lesz a tápanyagból energia.

Citrátkör:

A glikolízis során egy glükózból 2 db acetilkoenzimA keletkezett. Az az enzim, amelyik FADH - t termel, beépül a belső membrán pecsétnyomó fejébe. A többi enzim a mátrixban van. A FAD enzimje azért épül a fejbe, hogy a megfelelő helyre juttassa az enzimeket. (2. lépcsőfok) (21. ábra). /22. ábra/

13.2 táblázat A citrátkör

Reakció	Enzim	Kofaktor	ΔG° , kJ
1.a. $\text{piruvát} + \text{NAD}^+ + \text{CoA} \rightarrow \text{AcCoA} + \text{NADH} + \text{H}^+ + \text{CO}_2$	piruvát dehidrogenáz komplex	tiamin-pirofoszfát, liponsav, FAD, NAD^+ , CoA	- 33,6
1. $\text{Ac-CoA} + \text{oxálcetát} + \text{H}_2\text{O} \rightarrow \text{citrát} + \text{CoA} + \text{H}^+$	citrát szintetáz	CoA	- 31,5
2. $\text{citrát} \rightleftharpoons \text{cisz-akonitát} + \text{H}_2\text{O}$	akonitáz	Fe^{2+}	+ 8,4
2.a. $\text{cisz-akonitát} + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons \text{izocitrát}$	akonitáz	Fe^{2+}	- 1,7
3. $\text{izocitrát} + \text{NAD}^+ \rightleftharpoons \alpha\text{-ketoglutarát} + \text{CO}_2 + \text{NADH} + \text{H}^+$	izocitrát dehidrogenáz	NAD^+	- 8,4
4. $\alpha\text{-ketoglutarát} + \text{NAD}^+ + \text{CoA} \rightleftharpoons \text{szukcinil-CoA} + \text{CO}_2 + \text{NADH} + \text{H}^+$	α -KG dehidrogenáz komplex	NAD^+ , CoA, TPP, FAD, liponsav	- 30,2
4.a. $\text{szukcinil-CoA} + \text{P}_i + \text{GDP} \rightleftharpoons \text{szukcinát} + \text{GTP} + \text{CoA}$	szukcinil-CoA szintetáz	CoA	- 3,4
5. $\text{szukcinát} + \text{FAD} - \text{E} \rightleftharpoons \text{fumarát} + \text{FADH}_2 - \text{E}$	szukcinát dehidrogenáz	FAD	0
6. $\text{fumarát} + \text{H}_2\text{O} \rightleftharpoons \text{malát}$	fumaráz	—	- 3,8
7. $\text{L-malát} + \text{NAD}^+ \rightleftharpoons \text{oxálcetát} + \text{NADH} + \text{H}^+$	malát dehidrogenáz	NAD^+	+ 29,8



13.6 ábra. A trikarbonsav ciklus lépései és a folyamatok sebességét szabályozó anyagok. A bekarikázott számok a 13.2 táblázatban feltüntetett folyamatoknak (enzimeknek) felelnek meg (l. még a szöveg további részében). Az üres nyilak mellé írt vegyületek a pozitív, a fekete nyilak mellé írt vegyületek a negatív effektorokat jelölik; a szaggatott nyilak a cikluson belüli feedback szabályozást jelentik

GTP: guanozin trifoszfát = ATP- vel egyenértékű

FAD: flavin-adenin dinukleotid

ATP: adenosin trifoszfát

A szervezet az aminosavakat az alfa-keto-glutársavból állítja elő: transzaminálással

Terminális oxidációs rendszer:

Terminális oxidáció, Végoxidáció, Biológiai oxidáció, Légzési lánc:

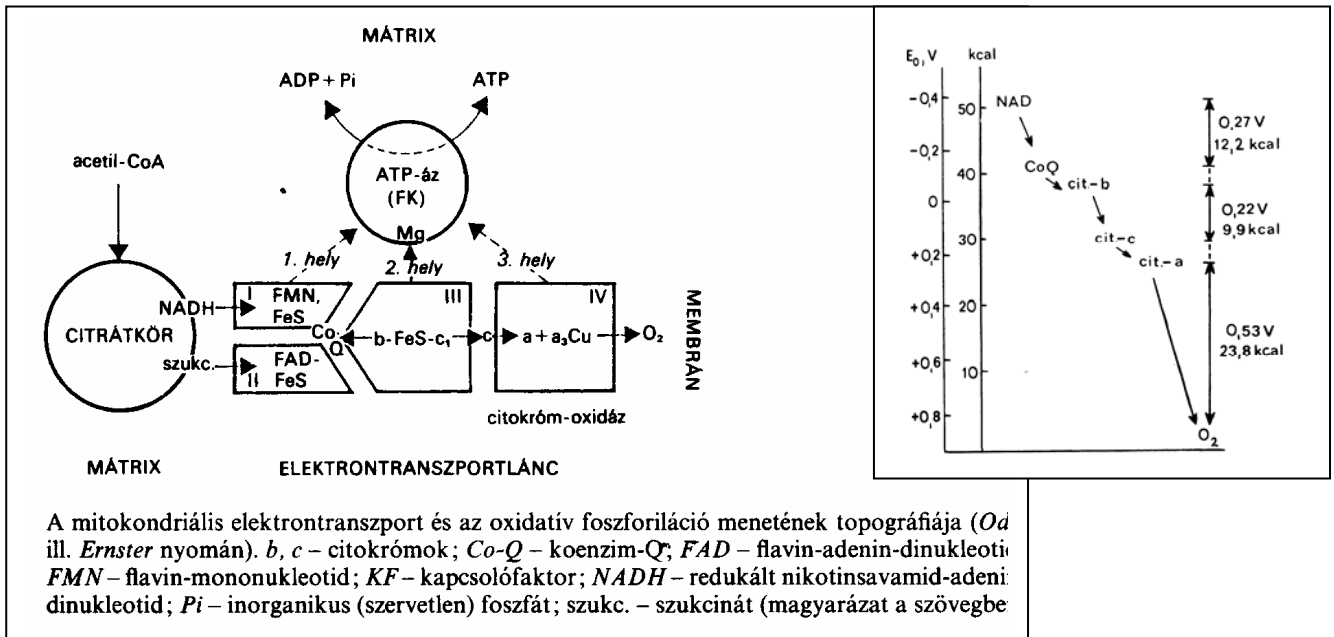
Ezek olyan biokémiai folyamatok, ahol a koenzimekhez kötött H- ből energia és víz lesz.

A lebontó folyamatok során 38 ATP keletkezik:

GLIKOLÍZIS: 2 ATP
 4 NADH+H⁺ → 12 ATP } 14 ATP

CITRÁTKÖR: 1 GTP
 3 NADH+H⁺ → 9 ATP
 1 FADH+H⁺ → 2 ATP } 12 ATP, de ebből 2 db van

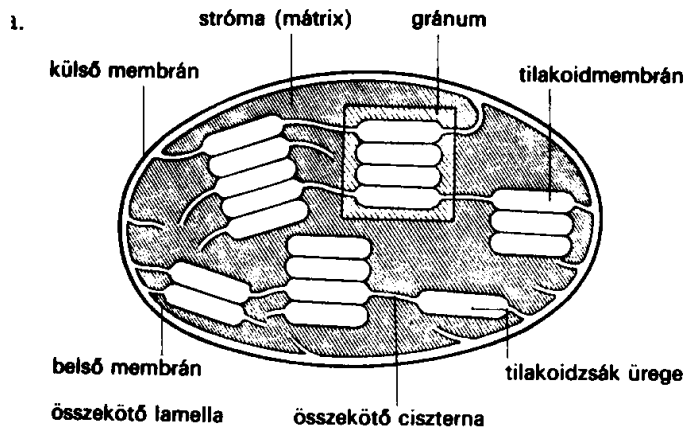
ÖSSZESEN: 38 ATP



Hidrogén- víz rendszer redoxpotenciáljának vizsgálata
/23. ábra/

5. Kloroplasztisz = Zöld szintest:

- Csak az eukariótákban található meg.
- Tilakoid membrán: folyadékkal teli zacskó, membránmódosulat. Lapos korong alakú. /24. ábra/
- Funkciói:*
- Kétféle reakció játszódik itt le:
- *Fényreakció:* tylakoid membránban
- *Sötétreakció:* a köztük levő térben játszódik le.

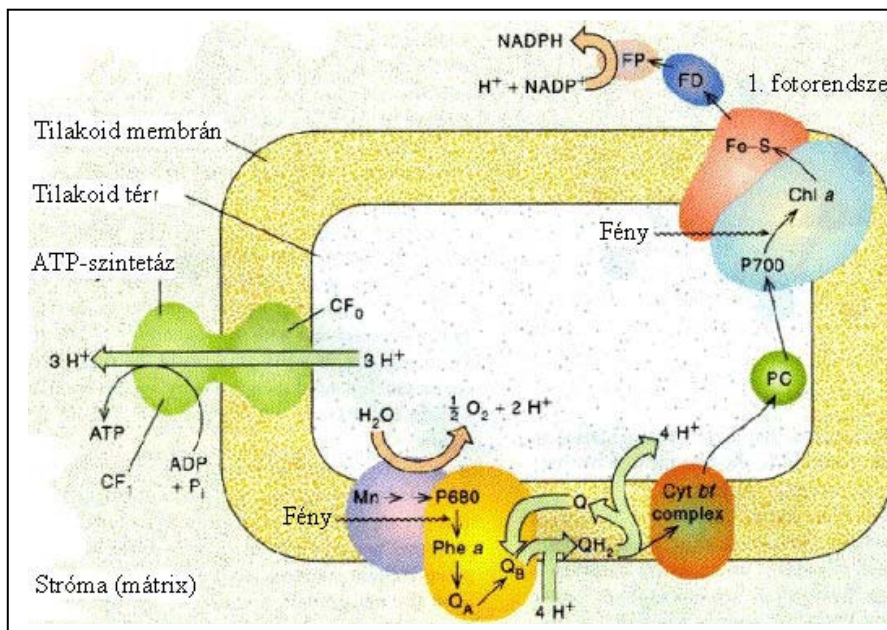
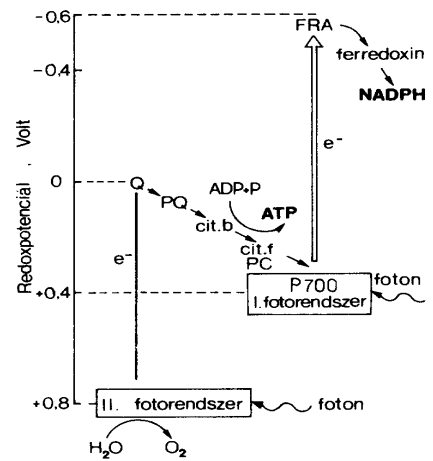


Kloroplasztisz finomszerkezete hossz-
metszetben (a besatírozott négyzetben
levő tilakoidok tesznek ki egy gránu-
mot) (Edwards és Hassall könyvéből)

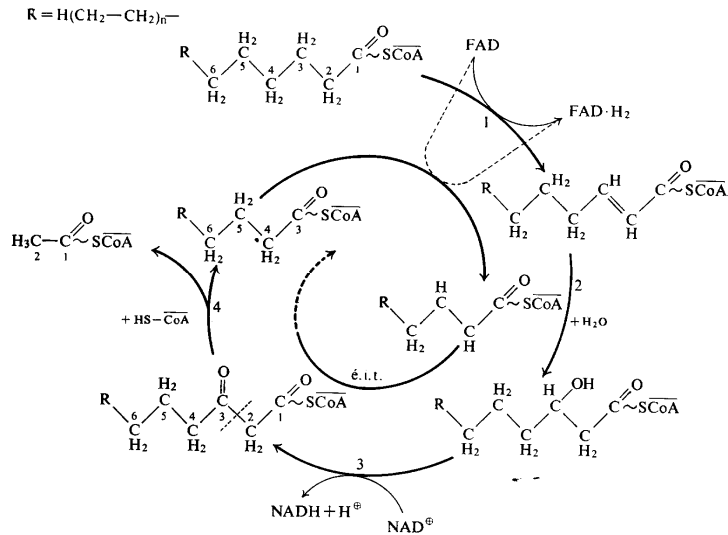
- A fényenergiát kémiai energiává alakítja át, amit arra használ, hogy szervetlen anyagból szerveset készít. A zöld szintest a fény energiájával nagy energia tartalmú vegyületeket képez. A klorofill-A a kékes, a klorofill-B és a karotinoid pedig a vörös fényt nyeli el. A levelek sokféle hullámhosszú fényt nyelnek el, majd a szintesek egymás közt továbbítják azt. A szintesek az elnyelt energiát átadják egymásnak. Végül mind a klorofill-A-nál köt ki. Ősszel a klorofill előbb bomlik le mint a karotinoid, ezért lesz a levél sárga és barna.

Fényreakció: (25. ábra)

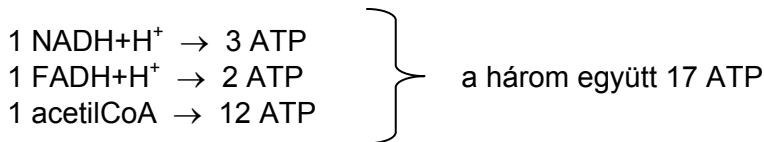
Az első foton gerjeszti az elektronokat egy bizonyos szintig, majd egy másik foton energiájával gerjeszt egy másik redox-rendszert a megfelelő szintig. E folyamat során jönnek létre az ATP-k, a redukált NAD-ok és a vízbontással az oxigén.



Sötétreakció: Calvin- ciklus: /26.ábra/



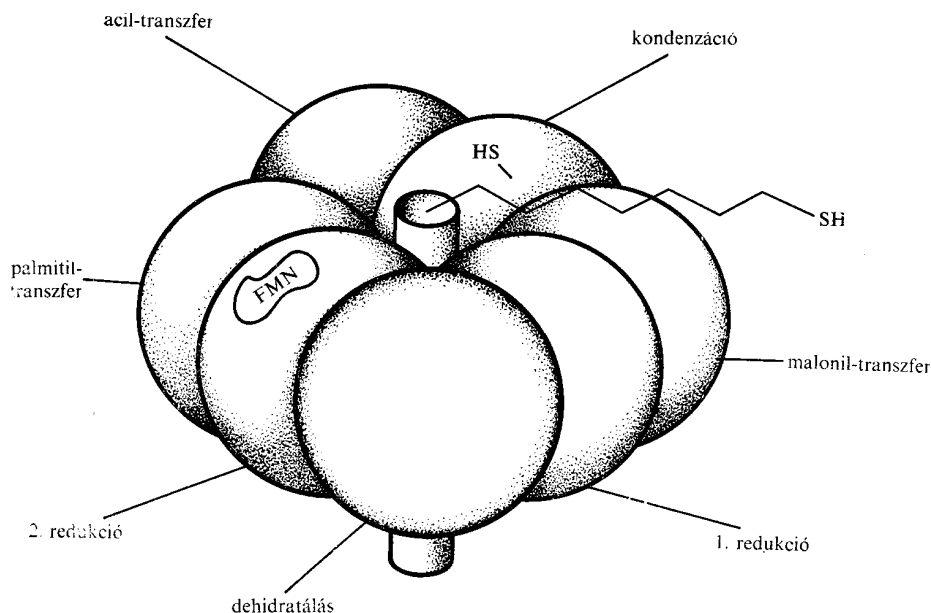
Ez egy körfolyamat, ami addig tart, míg el nem fogy a szénlánc. Egy enzimszisztéma segítségével a szénlánc C2 egységekből acetil-koenzimA keletkezik (28. ábra).



Egy 6C- atomos glükóz- molekulából 38 ATP lesz.
Zsíroknál egy hat szénatomos darabból 3*17 = 51 ATP keletkezik.

Zsírsv bioszintézis:

A szénlánc két szénatommal hosszabb lesz. Az enzimeknek fix helyük van, úgy helyezkednek el, mint az órászámlapon a számok. A „mutató” egy szénlánc a végén SH csoporttal, ez továbbítja a félkész zsírsv molekulát (30. ábra)



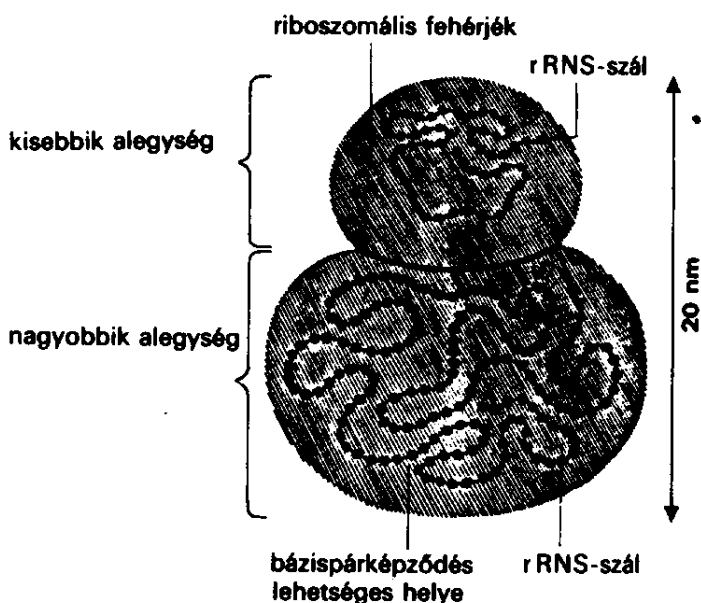
48. ábra. A zsírsvszintézisben szereplő multienzimkomplex vázlatos rajza

Fehérjék bioszintézise:

A fehérjeszintézis energiát igénylő folyamat. Az energiát a tápanyagból nyerjük
A genetikai információt a DNS hordozza. Az információ a fehérje aminosav-sorrendje. A DNS bázissorrendje meghatározza a fehérjék aminosav-sorrendjét.
A mRNS információt tárol és szállít

A riboszóma felszínén történik a fehérjeszintézis. A riboszóma-RNS bázissorrendje is a DNS-ben van tárolva. Két alegysége van, amit Mg^{++} -ion kapcsol össze. Ez a két alegység szét is válhat egymástól. Az alegységek prokariótákban 30 és 50 Swedbergesek (31. ábra)

A riboszómák két alegységből állnak, 50 S + 30 S, együtt: 70 S (S = Schwedberg-féle szám: ülepedési sebesség, függ a makromolekula méretétől, alakjától, sűrűségétől, de nem lineárisan, ezért



A fehérjéket már a peptidektől való elhatároláskor is mint nagy molekulású anyagokat jellemeztük. A proteinmolekulák nagyságáról először *Th. Svedberg* (1925—1930) szedimentációs vizsgálataiból, az általa kifejlesztett ultracentrifuga segítségével szereztünk végérvényes bizonyítékokat.

A szedimentációs vizsgálatok során a fehérjeoldatokat a földi nehézségi gyorsulás több százezerszeresének megfelelő nehézségi erőterbe helyezük; ezt a nehézségi erőteret gyorsforgású centrifugákkal (percenként 60 000 fordulat) állítjuk elő.* A proteinmolekulák, amelyek nehezebbek a víznél, a centrifugális erő hatására lassan a mérőküvetta aljának irányába süllyednek. A szedimentáció sebességét optikai módszerekkel — amelyeket a centrifuga forgása nem befolyásol — lemérhetjük. Ebből a „szedimentációs konstans” (a vizsgált fehérjére jellemző anyagi állandó) meghatározható.

A kapott szedimentációs állandóból (S) a molekulasúlyt az alábbi képlettel számíthatjuk ki:

$$M = \frac{R \cdot T \cdot S}{D(1\varrho_{\text{old.}}/\varrho_{\text{feh.}})} \quad \begin{array}{l} R = \text{gázállandó} \\ T = \text{abszolút hőmérséklet} \end{array}$$

A számításhoz ismernünk kell még a D diffúzióállandót (ezt többnyire ugyanabban az oldatban határozzuk meg), továbbá az oldott fehérje sűrűségét ($\varrho_{\text{fehérje}}$) és az oldószer sűrűségét ($\varrho_{\text{oldószer}}$). Nagyobb szedimentációs állandó nagyobb molekulasúlyt jelent. A hidratáció következtében a mért értékek többnyire mintegy 5%-kal nagyobbak annál, amelyet az aminosavszekvencia alapján kiszámíthatunk; ez utóbbi természetesen a pontosabb érték.

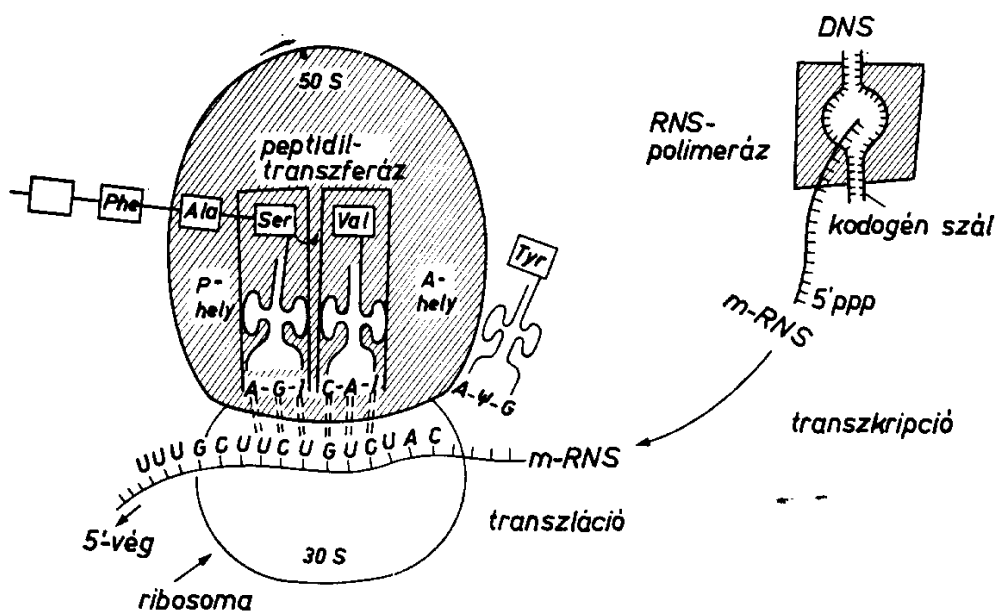
nem adódik össze)

Az eukarióta riboszómák kb. 10%-kal nehezebbek, és kémiai felépítésük is némileg más, mint a prokariótáké.

m RNS működése:

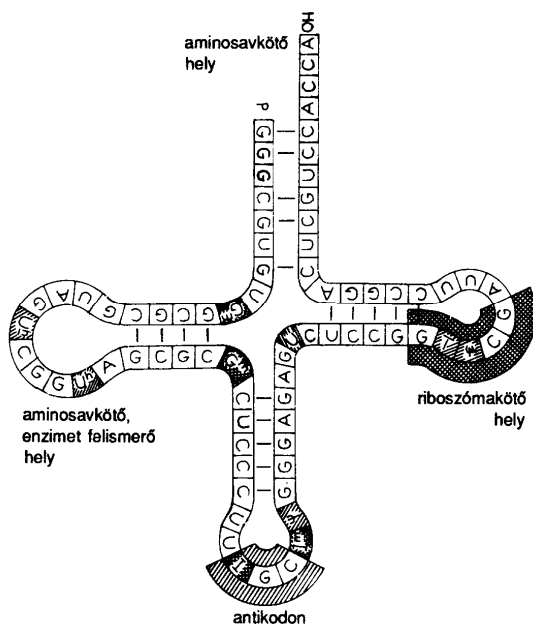
A mRNS áthatol a sejtmaghártya pólusain és eljut a riboszómáig.

A riboszómának két kötőhelye van. Az egyik a peptidil- (P), a másik az amino-acil (A) kötőhely. Ezekben komplex típusú, szelektív kötések jönnek létre (32. ábra).



A fehérjebioszintézis vázlatja

tRNS: (33. ábra)



A tRNS szerkezete

Háromhurkú, a közepsőn három kifelé álló bázisa van.

E három bázis három komplementer megfelelő mRNS bázishoz kell, hogy kapcsolódjon: CODON-ANTICODON kapcsolat alakul ki.

A tRNS + aminosav- komplex létrehozásához ATP kell. Jó pozícióba kell kerülnie az aktivált aminosavnak, hogy létrejöjjön a peptid kötés (35. ábra)

A mRNS arrébb megy hárombázisnyit, akkor a tRNS is átugrik a másik (P = peptidil) kötési helyre. Közben a tRNS tartja össze a mRNS- t és az aminosavláncot, amíg létre nem jön a fehérje.

20 féle tRNS- nek kell lennie a 20 féle alfa aminosav aktiválására.

Négy féle bázis van:

- ha 1 bázisból állna a kód: 4 féle bázis – 4 féle aminosav kódolásához elég.
- Ha 2 bázisból állna a kód: $4 \times 4 = 16$ bázispár - 16 féle aminosav.
- Ha 3 bázisból áll a kód: $4 \times 4 \times 4 = 64$ féle triplett – 64 variáns

Elég a 20 aminosavhoz, sőt sok is. Ezért vannak azonos jelentésű kódok is (redundáns a kód). Az azonos aminosavat kódoló 2-4-6 triplett általában csak az utolsó bázisban különbözik.

Vannak START és STOP kódonok.

START kód: AUG bázishármas (metionin vagy formil-metionin)

STOP kód: UAA, UAG, UGA, itt nincs hozzá tRNS

Tehát a 61 féle CODON szerint 61 féle tRNS van

A fehérje egyik végén van az amino-, a másik végén a karboxil-csoport.

Sokszor egy génsorozat van egy hosszú mRNS- en, melyeknek van eleje és vége. A riboszóma elindul az elején és végigmegy az egészen. Minden STOP- nál előfordulhat, hogy elengedi a mRNS- t és leválik. Minden génsorozat AUG bázishármasal kezdődik, és STOP kóddal végződik.

Polarizáció: (35.ábra)

A leválási valószínűség miatt az egyes fehérjékből egyre kevesebb keletkezik.

A kópiaszám csökken: → pl. A-ból 100

B- ből 80

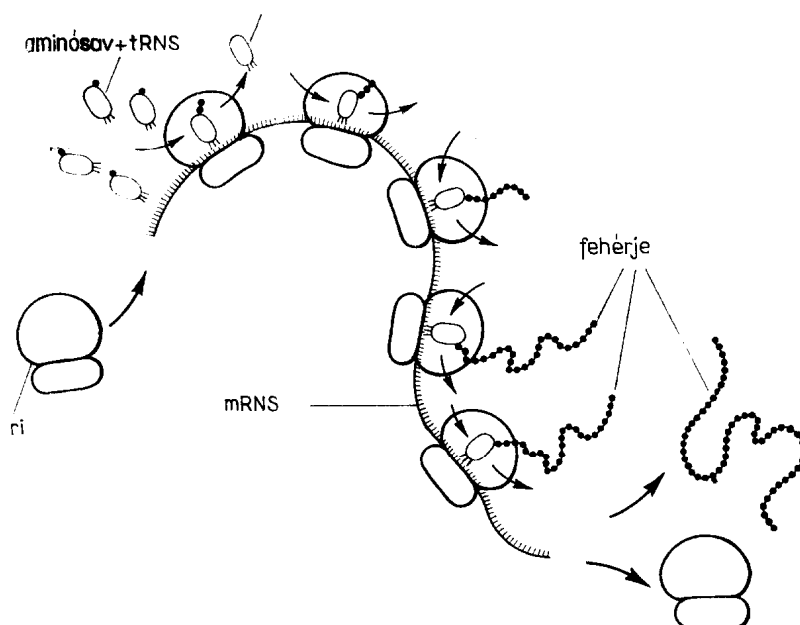
C- ből 65

D- ből 35 db keletkezik.

Ez a géncsoport polaritása.

Egy mRNS- en több riboszóma is előfordulhat. /36.ábra/

A riboszómákat az mRNS köti össze. Ez egy poliriboszóma = poliszóma. A riboszómák



A fehérjeszintézis mechanizmusának feltételezhető magyarázata. Az öt egységből álló polyribosomát egy messenger-RNS (mRNS) molekula tartja össze úgy, hogy a codonok egyik oldalán a ribosomákhoz tapadnak. Az aminosav + transzfer-RNS-t (AA + tRNS) olyan gömbökkel ábráztuk, amelyek egyik végén egy trinucleotid, a másikon pedig egy aminosav (fekete pont) foglal helyet. Az AA-tRNS komplexus a ribosoma (ri) felszínén kapcsolatba lép a megfelelő codonnal. Amikor az egyik oldalán belép egy másik AA-tRNS komplexus, végbemegy a polymerisatio és egy tRNS szabaddá válik. A polypeptid mindaddig növekszik, amíg el nem éri az mRNS végét, amikor is a kész fehérjemolekula leválik. A ribosomákról feltételezzük, hogy az mRNS egyik végéhez kapcsolódnak, majd a másik végén leválnak róla

vándorolnak a mRNS- en. A mRNS élettartama véges, van lebomlási sebessége. Az élettartam hossza meghatározza, hogy hány kópia, másolat keletkezhet róla. /állati és emberi sejtekben ez 1- 2 nap, az *E. coli* baktériumnál sokkal rövidebb lehet.

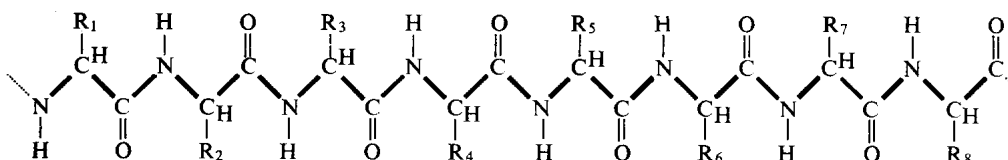
Generációs idő: egy sejt két osztódása között eltelt átlagos idő.

Entrópia: rendezetlenség mértéke. A szervezet rendezett, kicsi az entrópia.

III. FEHÉRJÉK FELÉPÍTÉSE:

1. Elsődleges szerkezet: az aminosav sorrend határozza meg.

A fehérjék kémiai felépítése elvben viszonylag egyszerű: peptidkötésekkel számos aminosav kondenzációja révén jönnek létre. A peptidlánc egy részletét az alábbi szerkezeti képlettel adhatjuk meg:



A szerkezettel kapcsolatban elsősorban az a kérdés, hogy milyen az egymást követő aminosavak sorrendje, szekvenciája, vagyis a fenti képletben az R_1 – R_x betűjelek milyen gyököket jelentenek.

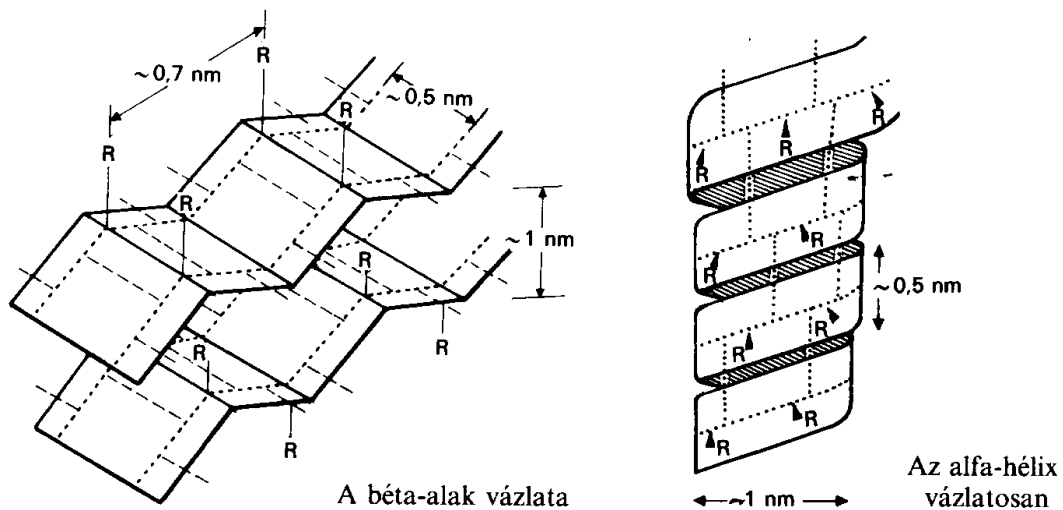
A szekvencia megállapításával azonban a proteinkémia feladata még nem ért véget. Könnyű belátni, hogy olyan hosszú atomlánc, amely több száz aminosavnak molekulává való kapcsolódásakor keletkezik, a térben igen különböző módon alakulhat ki — például mint nyújtott lánc, mint rendezetlen gombolyag vagy mint rendezett spirális. A láncoknak a térben való elrendeződését *lánckonformációnak* nevezzük.

A lánckonformáció új fogalom⁹, és magába foglalja a korábban használatos szekunder struktúra és terciér struktúra kifejezéseket, amelyekkel ezeket a szerkezeti ismeretőjegyeket a szekvenciától (a primer struktúrától) megkülönböztettük.

A *szekunder struktúra* elnevezés magának a peptidláncnak a térbeli elrendeződését jelöli (tekintet nélkül a fenti vázlatban az R-maradékokra), míg a *tercier szerkezet* minden atomnak (tehát az oldalláncokénak is) a térben való helyzetére vonatkozik. Végül a *kvaterner struktúra* több peptidlánc meghatározott molekulává történt aggregációját jelöli.

A szekunder struktúra fogalmát szerencsétlenül választották meg; a fenti meghatározás, amelyben csak nehezen tudtak megegyezni, eléggé önkényesen határolja el a terciér struktúrától. Minden esetre a szekunder struktúrához tartoznak a fehérjék elrendeződésének módjai (a redőzött lemezstruktúra és az α -hélix), amelyekről a későbbiekben lesz szó. Mi általában lánckonformációról fogunk beszélni, amely mind a szekunder, mind a terciér szerkezetet magában foglalja és amelyet más nagy molekulájú természetes anyagra is alkalmazni lehet. A lánckonformáció, vagyis a molekula térbeli felépítése kémiai analízissel nem vizsgálható, hanem csupán fizikai vagy fizikai-kémiai eljárásokkal tisztázható.

2. Másodlagos szerkezet: a peptidlánc hogyan helyezkedik el. /37. Ábra/

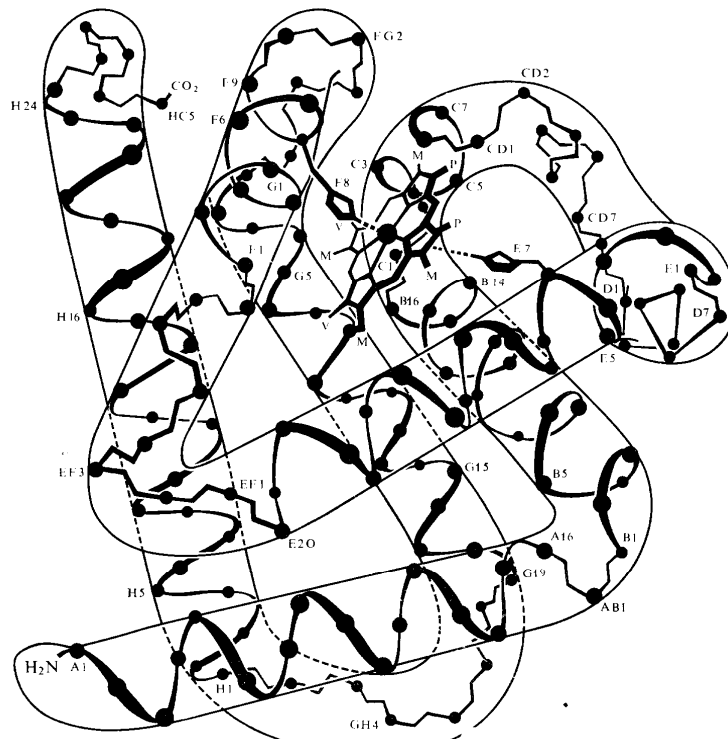


Spirális szerkezet: α -hélix
 Hajtogatott szerkezet: β -wrap, β -redőzet

Egy fehérjemolekulán belül is előfordul, hogy egyik vége spirál, másik hajtogatott.

3. Harmadlagos szerkezet: a fehérje 3 dimenziós, térbeli elrendezése (40. ábra)

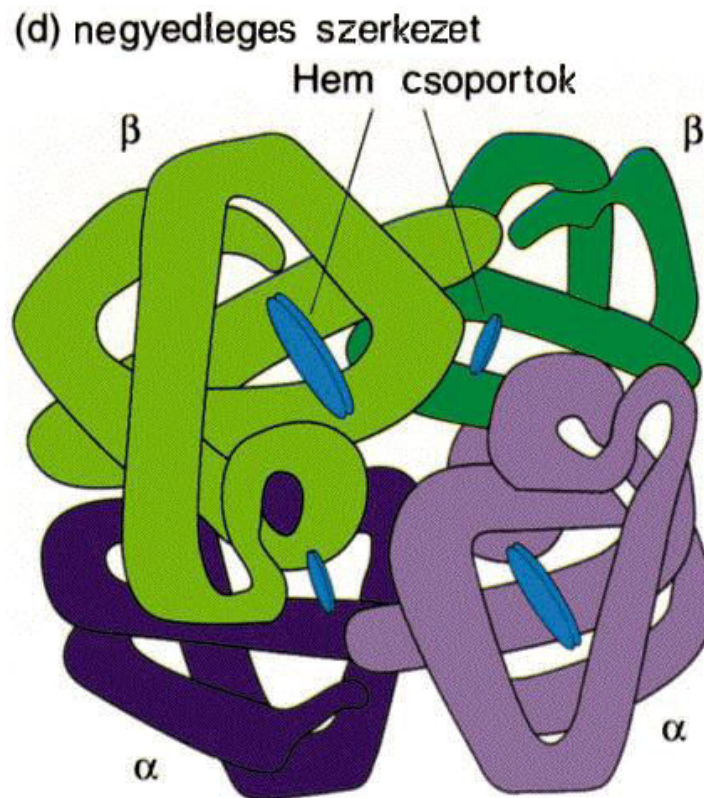
A fehérjét lehet mozgatni, hajtogatni, de alakváltozás után megváltozik a biokémiai funkciója.



12. ábra. A mioglobin térszerkezete

Az egymást követő hélix-szakaszokat A–H betűk jelölik; pl. B5 jelenti a B szakasz ötödik aminosavját (vö. a könyvhöz mellékelt összehajtogatott táblázattal). Alul balra az N-terminális aminos csoport (NH_2), felül balra a C-terminális karboxilcsoport (CO_2) látható

4. Negyedleges szerkezet: megmutatja, hogy egy összetett fehérje alapegységei hogyan kapcsolódnak össze és milyen komplexet alkotnak.



A vörös vérszövetekben található hemoglobin például négy alegységből áll, két alfa és két béta lánc alkotja ($\alpha_2\beta_2$). Mindegyikhez egy-egy hem csoport tartozik. Így egy hemoglobin komplex négy molekula oxigént képes megkötni és szállítani.