**Пластический обмен (анаболизм) –**∑ реакций синтеза сложных органических соединений из простых, сопровождающиеся затратами энергии и обеспечивающие рост клеток и обновление их химического состава.

Организмы по способу образования собственных органических соединений:

***Гетеротрофы*** используют готовые органические соединения (*паразиты,*

*сапротрофы, миксотрофы)*

***Автотрофы*** способны синтезировать органические вещества из неорганических:

*Фотосинтетики* используют солнечную энергию

*Хемосинтетики* используют энергию химических процессов

**Основные процессы пластического обмена**

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| **Процесс** | **Исходные продукты** | **Где происходит** | **Конечные продукты** |
| Биосинтез белков | Аминокислоты | На рибосомах | Белки и пептиды |
| Биосинтез углеводов | У автотрофов: СО2 и Н2О, у гетеротрофов: С3Н4О3, некоторые аминокислоты | На фотосинтезирующих мембранах, пластидах, гладкой ЭПС | Моносахариды, олигосахариды и полисахариды |
| Биосинтез липидов | Высшие жирные кислоты и спирты | На гладкой ЭПС | Простые и сложные липиды |
| Биосинтез нуклеиновых кислот | Нуклеотиды | В нуклеоиде, в ядре | РНК, ДНК |
| Фотосинтез | СО2 и Н2О | В хлоропластах, на фотомембранах | Глюкоза |
| Хемосинтез | СО2 и Н2О, неорганические соединения | Внутренние изгибы мембран | Органические соединения |

**Генетический код** – универсальная система сохранения наследственной информации в молекулах нуклеиновых кислот в виде последовательности нуклеотидов.

Расшифрован Г.Хораном, Р. Голли, М. Ниренбергом.

***Основные свойства генетического кода:***

* *Триплетность* – каждая аминокислота кодируется последовательностью из трех нуклеотидов – триплетом.
* *Однозначность, или специфичность* – каждый триплет кодирует только определенную аминокислоту.
* *Вырожденность* – одну аминокислоту могут кодировать несколько разных триплетов, что повышает надежность генетического кода (случайное изменение одного триплета не должно сопровождаться изменением структуры белка).
* *Универсальность* - генетический код един для всех организмов на Земле.
* *Разделенность* – между генами существуют участки, которые не несут генетической информации (спейсеры), а лишь отделяют одни гены от других.
* *Неперекрываемость* – генетическая информация считывается только так: первые три нуклеотида кодируют одну аминокислоту, следующие три – вторую и т.д.
* *Отделимость* – в начале гена располагается триплет ТАЦ (в РНК – АУГ), в конце гена – один из трех стоп-кодонов – АТТ, АТЦ, АЦТ (в РНК – УАА, УАГ, УГА). Стоп-кодоны сигнализируют об окончании трансляции полипептидной цепи.
* *Колинеарность* – последовательность триплетов нуклеотидов точно соответствует последовательности аминокислотных остатков в полипептиде.
* *Однонаправленность* – считывание информации при транскрипции начинается с определенной точки, которую определяет стартовый кодон, и осуществляется в одном направлении цепи ДНК (от **3*i*** - к 5 *i* концу) в пределах одного гена.

**Биосинтез белка -** ∑ процессов, которые обеспечивают образование молекул белка из

аминокислот на основе информации, которая содержится в генах ДНК.

***Транскрипция –*** передача информации о структуре белка с молекулы ДНК на РНК (иРНК,

тРНК, рРНК). Происходит в ядре во время интерфазы, в направлении 5 *i* -3*i .* Катализируется ферментом ДНК-зависимой РНК-полимеразой, которая двигается по матричной цепи ДНК в направлении 3*i* - 5 *i*

*Инициация –* расплетается ДНК, РНК-полимераза связывается с промотором, что

является сигналом для начала транскрипции. Образуется первая

фосфодиэфирная связь между двумя первыми нуклеотидами.

*Элонгация –* удлиняется цепь иРНК за счет последовательного присоединения

рибонуклеотидов на основании принципа комплиментарности

*Терминация –* завершение считывания генетической информации с ДНК на РНК при

достижении гена-терминатора. *Образуется незрелая иРНК (пре-иРНК)*

***Процессинг и сплайсинг -*** созревание пре-иРНК: «отрезаются» интроны

(неинформативные участки) и сшиваются экзоны (информативные

участки). Пре-иРНК превращается в зрелую иРНК, которая

транспортируется из ядра в цитоплазму, где и происходит трансляция.

***Активация аминокислот*** - ∑ процессов, которые происходят в цитоплазме и

обеспечивают прикрепление аминокислот к тРНК и АТФ.

Образование активированных аминокислот: свободные аминокислоты

взаимодействуют с АТФ под контролем ферментов синтетаз

Образование аминоацил-тРНК: присоединение аминокислоты к «своей» тРНК

**Трансляция -** ∑ процессов, которые происходят на рибосомах и обеспечивают

образование первичной структуры белка. Осуществляется в направлении

5 *i* -3*i. . .*Информация, которая содержится в РНК расшифровывается и

используется для синтеза белка.

*Инициация*

Связывание тРНК с метионином и образование формилметионТРНК

Распознавание стартового кодона (АУГ)

Присоединение большой субъединицы рибосомы к маленькой и образование

инициативного комплекса(триплета иРНК, рибосомы и определенной тРНК)

*Элонгация*

Распознавание кодона с помощью антикодона соответствующей аминоацил-

тРНК

Образование *функционального центра рибосомы* (участок рибосомы с

сайтами для двух триплетов, где происходит распознавание антикодонами

тРНК кодонов иРНК и дальнейшее освобождение от аминокислот) и

присоединение аминокислоты, принесенной тРНК к концу полипептидной

цепи, который наращивается.

Продвижение рибосомы на один триплет вдоль матрицы, что сопровождается

освобождением молекулы тРНК

Присоединение к освободившейся тРНК следующей аминокислоты.

Присоединение следующей аминоацил-тРНК к сайту мРНК, образование

пептидной связи между аминокислотой предыдущей и пришедшей

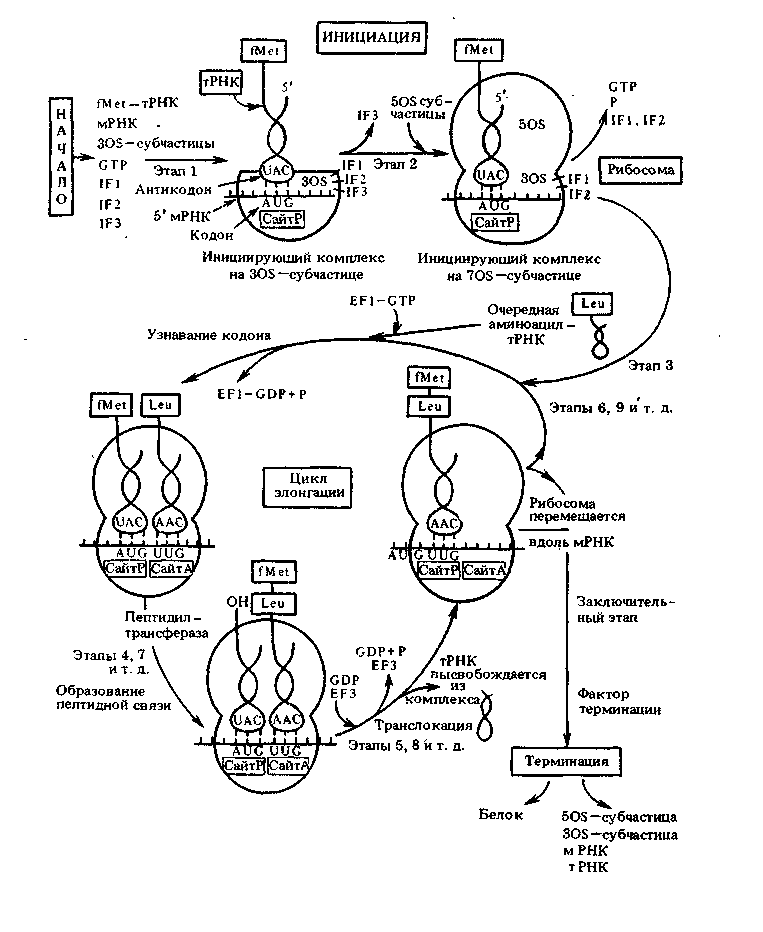
Продвижение рибосомы вдоль молекулы мРНК до стоп-кодона

*Терминация –* завершение синтеза белковой молекулы, о чем сигнализирует стоп-

кодон (УАА, УАГ, УГА) и отсоединение белка от рибосомы, которая может

диссоциировать на большую и малые субчастицы.

***Посттрансляционная модификация -*** ∑ процессов, которые обеспечивают химическое изменение молекул белка. Расширяет функциональный состав белка за счет образования вторичной, третичной и четвертичной структуры полипептида. Происходит на гранулярной ЭПС, КГ и в цитоплазме.



***Посттрансляционная модификация белка***

ацетилирование – присоединение к синтезированому белку ацетатной группы,

гликозилирование – присоединение сахаров,

фосфорилирование – присоединение фосфатной группы,

изменение химической природы аминокислоты (аргинин → цитрулин),

разрезание полипептида с помощью протеаз посередине или отщепление фрагментов с

N-конца, образование S-S мостиков (инсулин видоизменяется за счет образования

дисульфидного мостика, вырезается определенный участок в середине полипептида и

проинсулин → инсулин).