

DNS - RNS: minden sejt alapvető komponensei  
 genetikai információ tárolása, átadása

- egységei: (deoxi)ribonukleotidok → nukleozidok foszforsavval képzett észterei → pirimidin (T; C; U)

nukleozid: ③ N-tartalvú heterociklusos bázis  
 ③ pentóz → purin (G; A)

ribóz 1. és 2. sz. foszfát-észter kötéssel kapcsolódnak ( $3'-OH$ ;  $5'-OH$ )

↳ cukor-foszfát gerinc: 10A2

- polimerizáció: bázissortrend ~ elsődleges szerkezet

- cukor + bázis között: glikozidos kötés → körülötte a rotáció gátolt

→ gyűrűk 1. másához viszonyítva: syn } konformáció  
anti

másodlagos szerkezet → 1. a cukor konformációs állapota + a bázis  
 a cukorhoz viszonyított helyzete

- hajtó's helix\*

- u.a. A-T, G-C

- lánccok közötti távolság: purin-pirimidin

- \* 2 önálló DNS lánc → jobb keztes helix  
 → antiparalel orientáció

foszfát-észter gerinc: kívül → foszfát: csúcs ⊖

bázisok: belül, tengelyre

(A=T, G=C)

- kötések ③ H-híd (E: AT/GC aránytól függ)

stacking { ③ egy- vagy két bázisok c-fái között: Van der Waals } E: bázissortrendtől függ

③ elektrosztatikus k.

③ szimmetrikus bázisok között: dipól-dipól k.

A-T: taszító - kevésbé stabil

G-C: vonzó

- felismeri a glikozidos kötések 1. másához viszonyított elhelyezkedése  
 miatt: 2 ujját (kis és nagy ujj)

↳ bázisok erősebb szimmetrikus orientáció

↳ hidrofób csoportok erre: kül. k. (pl.: osz.)

- minőség helikális, de kül. konformáció, szimmetria → A B Z } DNS

↳ függ: ionkörnyezet, bázisszekvencia

A és B-DNS:

- jobbkezes spirál

- Watson-Crick-modell

- melleslegiart. csökkenése → A forma felé (2 DNS is A)

B-DNS

- C2'-endo a pentóz konformációja → betöltés a foszfát-gerinc  
 geometriáját  
bázisok távolságát  
bázisok szög (bázis, belső tengelye)

- a helix tengelye a bázisok síkjára

- a 2 ujj elkülönül

#### A - DNS

- C3'-endo konformáció
- tegye a nagy árokba fut
- árok: kevésbé kifejezettek

#### Z - DNS

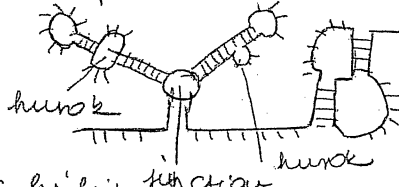
- cukor-foszfát: akk-cakko lekötése
- átmenő kisebb
- minőségasság nagyobb
- nagy árok szinte teljesen eltűnik
- C3'-endo v. C2'-endo konf.
- $\downarrow$   
syn

$\downarrow$   
anti

- ha 1 láncon belül B és Z: 3-4 bázis párosítatlan  $\Rightarrow$  biztosítja az átmenetet

#### DNS másodlagos szerkezete

- 1 szálú, lineáris polimer
- visszahajlás: bázispárosodás  
antiparalel kettős hélix funkció
- kettős szakaszok között az 1 szálú polimer hurok képez



#### DNS harmadlagos szerkezete

Gondolatkísérlet: n bázispár / szabályos B szerk  $\rightarrow$   $n/10,5$  menet

1. felől 1 ik végén elkezdjük lerakni a szálakat

2. meghatározzuk az 1 menet jutó bázisok számát

- ha végi szabadok: kompenzálhat  
megszűnés

- kompenzálás: hengeres test v. saját tengelye körül felcsavarodás

$\downarrow$   
**szuperhelix**

- negatív szuperhelix: kevesebb menetszám  $\rightarrow$  laxitja
- pozitív - " - több menet  $\rightarrow$  zárta, ellenálló

- ha az a szuperhelix szerkezete különbözik  $\rightarrow$  topológiai izomer
- energetikailag a relaxált áll. a kedvező  $\rightarrow$  szuperhelix  $\in$  + tárol