

## II. 유전학(2)

## ★작사 - DNA복제 하

- ① DNA복제: 두가닥을 모두 주형으로 사용 → 각각의 새로운 이중나선  
RNA 합성: 한가닥만 주형으로 사용 → 1가닥 RNA
- ② 새로 합성하는 RNA: 무형인 DNA로부터 분리,  
결합 2가닥의 DNA → 다시 이중나선으로 꼬임.
- + bubble의 이동 (전사)
- + 복제: 양방향  
전사: 단방향

## ② 전사

## ③ 종결

- 전사 종결 → 합성된 RNA 사슬 방출, DNA이키 분리.  
→ 핵소체는 다른 메커니즘으로 가 도착한 전사 진행.

## ★종결 신호

### ① 먹안복사결 (p와 비의정 종결)

3' → 5' 방향

### 먹안복사결의 전사

- 3'-말단 근처에 **종가-리(CS) stem-loop** 형성
- 1~8개의 UUUUUU 연속으로 인상
- 주형 DNA이 **A:U** 관련 형성
- 전사 종결!

### ② p와 (p와 의정 종결)

- 종가-리 구조 존재 but m개의 UUUUU X
- DNA: RNA 혼성체 분리
- time, p와가 RNA polymerase에 영향
- DNA-RNA 혼성체로 래지
- 전사 종결!

## 3. 전사체계의 전사

전사. 전사체계의 차이? < DNA의 염기서열  
전사 위치 < 전사: 핵 → 세포질

### 3.1. 전사체계의 RNA polymerase

polymerase I	28S, 18S, 5.8S rRNA	← (바탕서체)
polymerase II	mRNA, (snRNA, snoRNA, siRNA), miRNA	← (리본서체)
polymerase III	5srRNA, tRNA, snRNA, ncRNA	← (리본서체)

### 3.2. 전사체계의 전사과정

mRNA → polymerase II

#### 3.2.1. 염기서열 on promoter

① TATA BOX -95 ~ -30 지점에 존재하는 5'-TATAAA-3'

② CAAT BOX -70 ~ -20 지점에 존재하는 5'-GCGCAATCT-3'

### 3.2.2. 일반적인 전사개시

#### 3.2.2.1 전사개시 개략

# 전사 시작

- TATA BOX를 포함하는 **핵심 프로모터** core promoter
- 일반 전사인과 TFID 결합
- ① 도착한 전사인과 -핵심 프로모터 근처에 결합  
→ RNA 중합효소 II 결합 촉진
- ② 도착한 전사인과 -개시부 Initiator, Inr에 결합  
→ 이중나선 열리기까지 풀림

#### 3.2.2.2. 위장제를 위한 특별한

### Enhancer

특정 전사인과

배개와 단백질 → promoter에 결합하는 RNA 중합효소와 결합

(promoter enhancer) → 전사 조절부위 형성  
RNA 중합효소 결합 효소조절 → 발현 조절.

Q. DNA중합, 어떻게 각 분자가 다르게 나타나는가?

A. enhancer: "너야야야" 신호  
→ RNA 중합효소 가지 결합 (배개와 단백질)

★한 생물체의 모든 세포들이 동일한 유전자 구성을 하고 있으나  
특정 세포에서 특정 유전자만이 발현 ★

Q. enhancer가 개략이 더 복잡한 이유?

A. 전사체 양도, 유전자도  
enhancer + 조절 인자 + 전사인자 + ... → 복잡

개시인과 (개시부): DNA를 열기

↳ enhancer

↳ RNA 중합효소 착구 (+ 개시부 단백질 help)

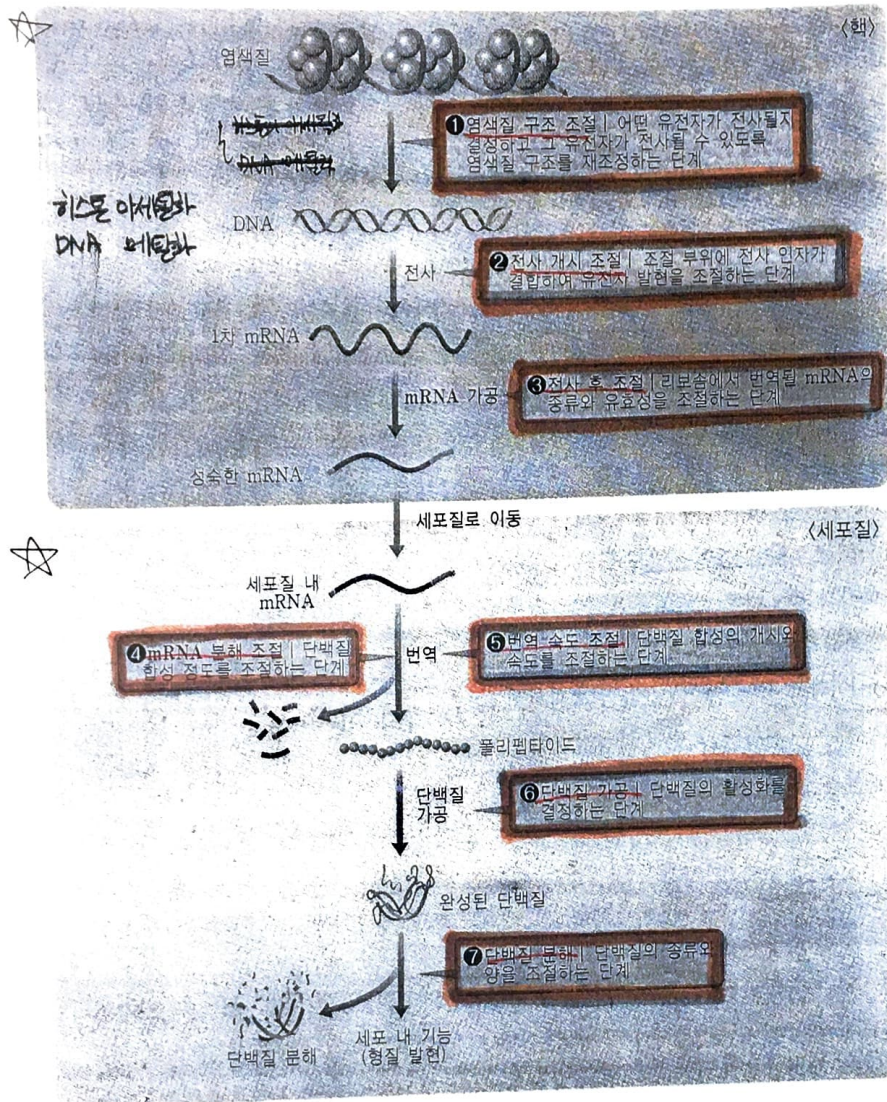
↳ 개시부 단백질 결합

1가닥으로 DNA 풀기 끝 (完)

다른 전사: enhancer (종결) & insulator (억제)



유전자 발현은 크게 전사 조절(염색질 구조 조절, 전사 개시 조절), 전사 후 조절, 번역 조절(mRNA 분해, 번역 속도 조절, 번역 후 조절(단백질 가공, 단백질 분해) 등의 여러 단계에서 조절될 수 있으며, 이 중 전사 조절이 특히 중요한 역할을 한다.



진핵생물의 유전자 발현      진핵생물의 유전자 발현은 다양한 단계에서 조절될 수 있다.

### ① 염색질 구조 조절

히스톤의 아세틸화 (염색질 탈축)  
DNA의 메틸화 & 히스톤

### ② 전사 개시 조절

· 전사 인자 < 전사 촉진인자  
전사 억제인자  
+ 단백질 + RNA 중합효소 & 조절 요소  
→ 전사 개시 복원제  
→ 유전자의 선택적 발현

### ③ 전사 후 조절

· RNA 스플라이싱: intron 제거, exon 연결  
→ 다양한 단백질

### ④ mRNA 분해 조절

### ⑤ 번역 속도 조절

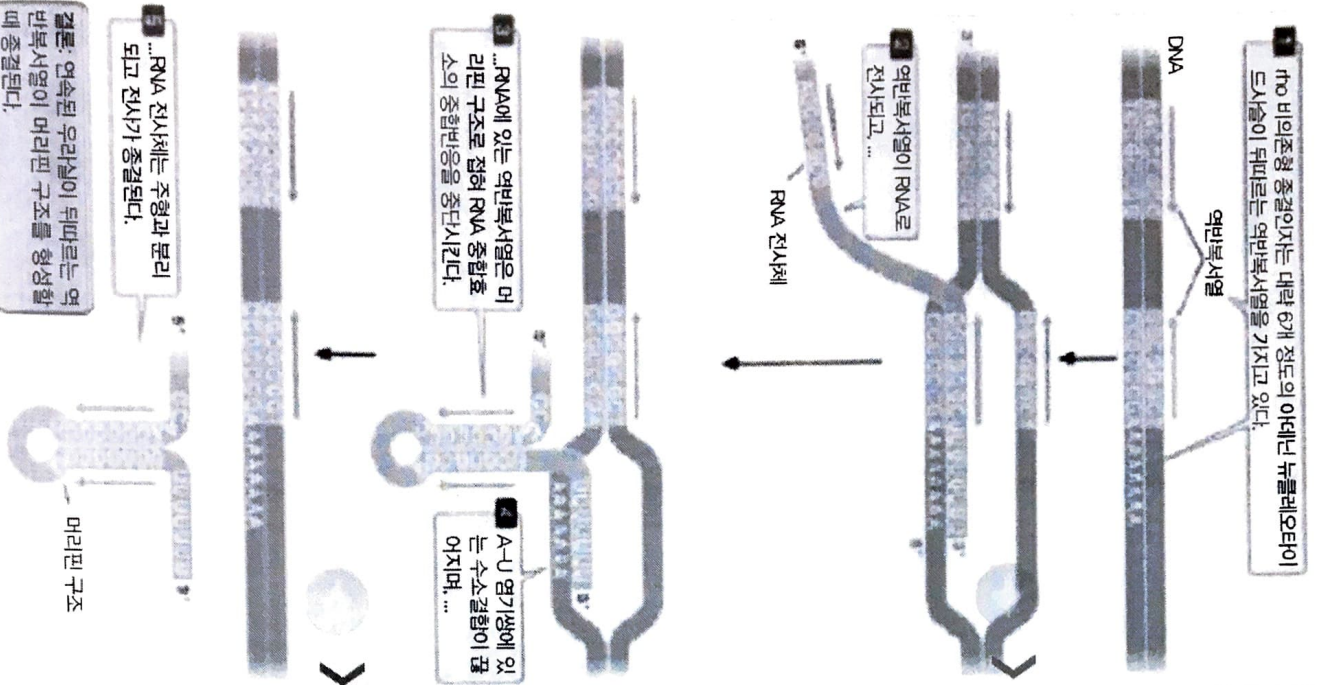
### ⑥ 단백질 조절

단백질 가공  
단백질 분해

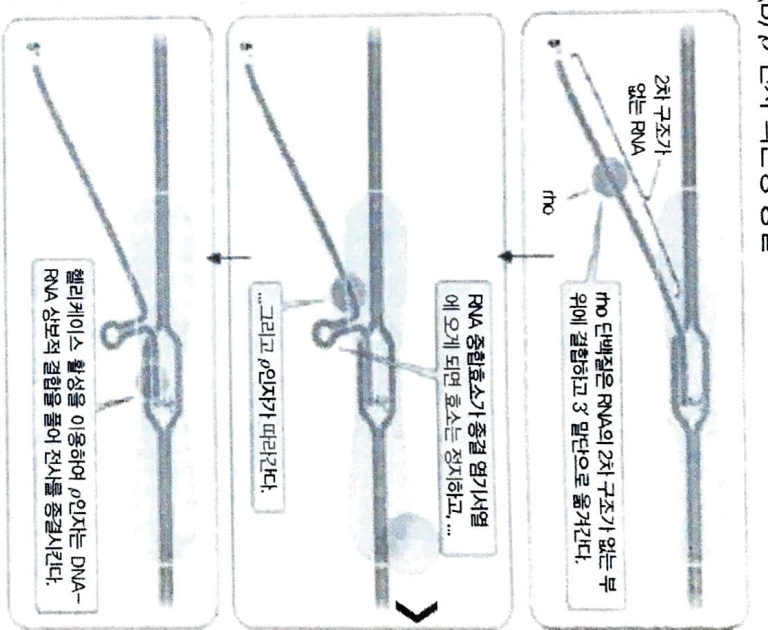




## (A) $\rho$ 인자 비의존성 종결



## (B) $\rho$ 인자 의존성 종결

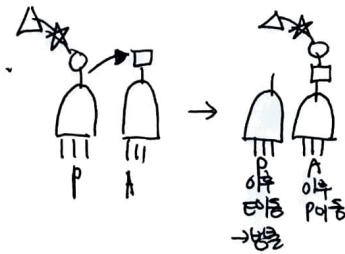


〈그림 III - 65〉 원핵 세포의 전사 종결 방법

ribosome

원핵생물 < 大 60S 23S, 16S, 5S rRNA  
 80S 小 40S 16S rRNA

진핵생물 < 大 50S 23S, 16S rRNA  
 80S 小 30S 16S rRNA



5' - cap  
 3' - poly-A tail

성숙 mRNA가 핵 밖으로 빠져나가는 것을 돕고.  
 mRNA가 안정하게 유지/보존.  
 ribosome이 mRNA 5' 말단을 부착시킬 수 있다.

### 3.3. 전사 후 RNA 변형과정

- RNA 변형의 필요성: 전사(원) → 번역(시도리)  
↳ 해를 통해 시도로리 나가기 전, 양자전사산들의 여러가지 변형.

#### ① 5'-5자7자 (5'-G capping)

- 5' 말단에 Guanine 결합 (after RNA polymerase)
- mRNA 1,2번째 말에 -C/G 결합
- 5'-5자7자
  - (1) mRNA의 핵내에서 변형
  - (2) mRNA의 5'-2번째 말에 전결 → 번역 장상사작.

#### ② poly-A 꼬리

- 전사 종결된 mRNA - 종결 후 말(上), → 후가 그시점 후변을 종결사작,
- 아데닐산 결합효소 (poly A polymerase)의 nucleotide 추가
- poly-A 꼬리.
- ↳ mRNA 안정성 유지!

#### ③ RNA splicing

- 스플라이싱: snRNP가 다른 단백질과 exon-intron 경계면에서 결합된 복합체로 구성
- ① 공통 서열 (consensus sequence) 정확히 인식-결단
- ② exon 말단 연결 → 성숙 mRNA 생성.
- 5'-5자7자  
poly A 꼬리  
RNA splicing  
↓  
원시 mRNA → 핵을 빠져나감.  
(전사 후 변형과정)

### 4. 유전자의 코드와 단백질 합성.

#### 4.1. 유전 코드 (전주)

전주 코드

Q. 주어진 mRNA는 어떻게 polypeptide를 합성해가?

A. ATG-C 말기 → 유전 코드  
→ triplet code: 43

→ 64 아미노산 규정  
→ 3 종결 codon

#### 4.2. mRNA 번역에 의한 단백질 합성

##### #번역 (translation)

##### 4.2.1. 단백질 합성 기구.

#### ① tRNA & 아미노산 tRNA 합성효소

- tRNA: 아미노산과 결합
- mRNA 대량코돈에 맞게 전결 → 아미노산 부위 결합
- tRNA 합성 후 5'-CCA → 3' 세 nucleotide 결합.
- 아미노산 tRNA 합성효소 (aminoacyl tRNA synthetase) 가 유전 코드 특정 아미노산 결합.
- codon ↔ anticodon.



tRNA는 31~40개의 코돈 (CUT 61개!!!)

↳ tRNA anticodon이 코돈과 코돈과 상호작용(원)

why? tRNA anticodon-mRNA codon 사이 비정확한 결합 가능

Wobble Hypothesis: 3번째 말(코돈) 1번째 anticodon 간 비정확한 결합 가능

↳ 앞 2개 말(원)이 아닌 종결 아미노산 결합 → 효율적인 tRNA 합성.

#### ② ribosome

- 원시 코돈의 단백질 합성 장소.
- 원형 < 大 50S - 합성계수 S.  
          小 30S - 관자각 단백질에 막막
- 전결 < 大 60S - 단백질 합성 (코돈)  
          小 40S - α, β 단백질 (ribosome) 코돈 ↓.
- ↓  
원 / 코돈 / 원

번역: tRNA 결합부위



mRNA

#### 4.2.2. 단백질 합성 단계.

① 개시

- 개시 인자 단백질 도움 (大 小)
- P에 개시 tRNA 결합 (← 개시 코돈 결합됨.)
- mRNA가 사이에 들기와 결합
- ↳ 5'-G capping이 사이에 의해서 인식
- ↓ 코돈과 mRNA 따라 다음, 개시 코돈에 위치함.
- ↓ AUG의

② 연장

- 대량에 결합
- 2 tRNA → in P, A site
- 펩타이드 전결효소 (peptidyl transferase) 의의한 peptide 결합 (by GTP 가수분해)
- (비정확성과의 소)
- ribosome | codon 위치를 mRNA 3' 말단 이동
- P site tRNA → E site → 방출
- A site " → A site
- 아미노산과 결합한 tRNA가 들기와 peptide bond 형성 → peptide 결합 연장.

③ 종결

- (1) ribosome meets termination codon (UGA, UAA, UAG)
- codon과 결합한 tRNA X
- empty A-site, 방출 인자 (release factor)
- ribosome으로부터 분리 → 종결 → 가수분해
- 개시: 大 / 小 (대량) 분리, 유전, mRNA) 분리
- poly(peptide) [코돈] → 방출 가능 → [코돈] → 방출 가능 → [코돈] → 방출 가능

\* 특징: 하나의 mRNA에 다량의 ribosome 결합해 동시 번역 수행할 때의 mRNA, ribosome 결합  
→ 많은 양의 같은 단백질 동시 합성.







5.2.3. 단백질들의 세포내 분포 조절  
 단백질의 구조화 / 분포 조절

· 단백질 remodeling 복합체: DNA 복제까지 작용함  
 ↓  
 nucleosome 리모델링  
 ↓  
 발현 유도

② 세포 내 분포 조절

< 조절 시점 → 발현량 증가  
 전사 활성화 >

③ 선택적 위치와 종류

· 전사 인자들에 의해 위치와 수를 증가시키는 과정.

RNAi  
 단백질 분해  
 mRNA 분해 ↑ } 단백질 ↑

④ 대체 splicing

# 다양성 ↑

⑤ proteasome → 해독과 분해 조절.

- 역학 골반이나 손상된 단백질: 유전자 발현에 ubiquitin 결합  
 → 이후 proteasome에 결합  
 → 단백질 변형  
 → 단백질 조각, proteasome, ubiquitin.

- in proteasome

cyclin 특이적 분해 → 세포 주기 조절  
 전사 인자 전사 후 분해, 활성이 제한됨

→ 세포 내 환경 유지.

< 단백질의 안정성 >

· 구조적 안정 → 단백질 구조/기능 유지 } 세포 내 환경 변화  
 · 분해/분해 → 수명 제한 } 효소 작용.

분해된 단백질에 유비퀴틴화된 단백질 → 유비퀴틴-표적 단백질 복합체

→ 프로테아좀에 결합

→ { 유비퀴틴 } 단백질  
 프로테아좀  
 단백질 조각 (peptide)

proteasome {  
 actin: 세포 주기 조절에 관여. → 세포 주기 조절.  
 전사 인자: 항상 발현되지만 전사 후 분해되어 제한됨.

→ 단백질 분해 단백질 분해.

→ 조절 인자.



해리 & 리안의 삶

간헐적 우울증  
간헐적 불안

행복을 느끼면

1/2

행복을 느끼면

대체 splicing ←

대체 splicing (protein)