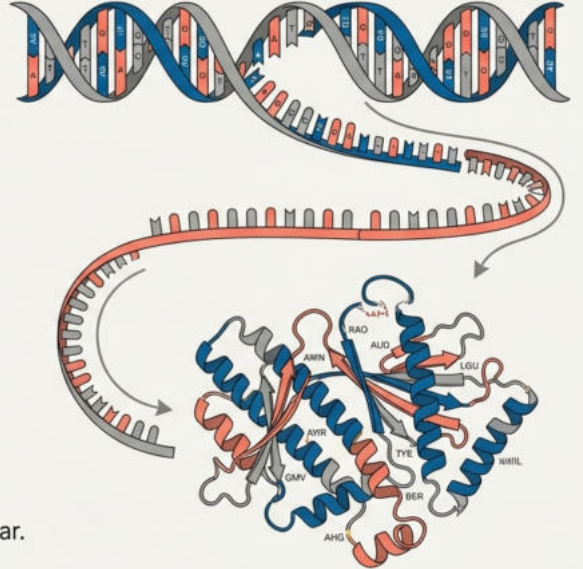


# Genetik Şifre ve Protein Sentezi

- Santral Dogma
- Transkripsiyon
- Translasyon

## Ders İçeriği:

Genetik bilginin akışı ve ifade edilmesi.  
DNA'dan proteine giden süreçte moleküler mekanizmalar.  
TYT/AYT müfredatına uygun kapsamlı konu anlatımı.



# Genetik Şifrenin Mantığı: Neden Üçlü Kod?



1'li Şifreleme:  $4^1 = 4$  Amino Asit.  
(Yetersiz - Doğada 20 çeşit var)



2'li Şifreleme:  $4^2 = 16$  Amino Asit.  
(Yetersiz)



3'lü Şifreleme (Triplet):  $4^3 = 64$  Şifre.

Sonuç: 64 kombinasyon, 20 çeşit amino asidi şifrelemek için fazlasıyla yeterlidir.



## ⚠ DİKKAT:

Genetik şifre **en az 3** nükleotitten oluşmak zorundadır. Bu matematiksel zorunluluk, canlılığın temel prensibidir.

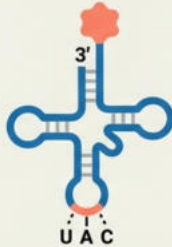
# Temel Kavramlar: Genetik Kod, Kodon ve Antikodon



**Genetik Kod:** DNA molekülü üzerindeki anlamlı üçlü nükleotit dizileridir. (Örn: TAS)



**Kodon:** DNA'daki şifreye uygun olarak sentezlenen mRNA üzerindeki üçlü dizilerdir. (Örn: AUG)



**Antikodon:** tRNA üzerinde bulunan ve mRNA'daki kodona karşılık gelen üçlü dizilerdir. (Örn: UAC)

## ⚠ DİKKAT:

Kodon ve **antikodon** arasındaki hidrojen bağı eşleşmesi (A=U, G=C), protein sentezinin doğruluğunu sağlar.

# Genetik Şifrenin Evrensel Özellikleri



## Evrensellik

Genetik şifre (istisnalar hariç) tüm canlılarda ortaktır. (Örn: UCU kodonu bakteride de insanda da 'Serin' amino asidini şifreler).



## Dejenere (Yozlaşmış) Özellik

Bir amino asit birden fazla kodon tarafından şifrelenebilir. (61 kodon, 20 amino asit için vardır).



## Özgüllük

Her kodon sadece tek bir amino asidi şifreler. (Bir kodonun birden fazla anlamı olamaz).



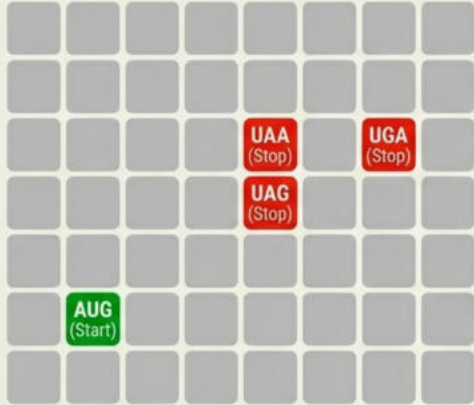
## Kesintisizlik ve Örtüşmezlik

Kodonlar arasında boşluk yoktur (Virgülsüz), mRNA dizisi kesintisiz okunur ve kodonlar üst üste binmez.

## ! MUTASYON SİGORTASI:

Bir amino asidin birden fazla kodonla şifrelenebilmesi, canlıyı olası mutasyonlara karşı koruyan bir mekanizmadır.

# Kritik Kodonlar: Başlatıcı ve Durdurucu Sinyaller



**Genel:** Toplam 64 çeşit kodon bulunur.  
Bunların 61'i amino asit şifreler.

## Başlatma (Start) Kodonu:

- **AUG**
- Metiyonin amino asidini şifreler.
- Tüm protein sentezleri bu kodonla başlar.

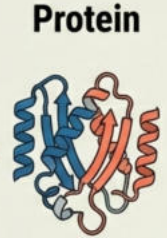
## Durdurucu (Stop) Kodonlar:

- **UAA, UAG, UGA**
- Amino asit şifrelemez.
- Stop kodonlarına karşılık gelen tRNA molekülü bulunmaz.

### ! HESAPLAMA UYARISI:

Protein sentezi sırasında oluşan amino asit sayısı, stop kodonu hariç tutularak hesaplanır.  
(Kodon Sayısı - 1 = Amino Asit Sayısı).

# Santral Dogma ve Genetik Bilgi Akışı



**1. Transkripsiyon:**  
DNA'daki genetik bilginin mRNA'ya aktarılması.

**2. Translasyon:**  
mRNA'daki şifrenin ribozomda amino asit dizisine dönüştürülmesi.

- Genetik bilgi akışı tek yönlüdür.
- Replikasyon (DNA eşlenmesi) sadece hücre bölüneceği zaman gerçekleşir, protein sentezi için şart değildir.

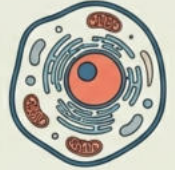
# Hücre Tipine Göre Sentez Yerleri

## Prokaryot Hücreler



- Çekirdek zarı yoktur.
- **Transkripsiyon:** Sitoplazmada.
- **Translasyon:** Sitoplazmada (Ribozomda).

## Ökaryot Hücreler



- **Transkripsiyon:**
  - Çekirdek
  - Mitokondri matriksi
  - Kloroplast stroması
- **Translasyon:**
  - Sitoplazma (Serbest Ribozom)
  - ER üzerindeki ribozom
  - Mitokondri ve Kloroplast ribozomları

### ⚠ DİKKAT:

Ökaryotlarda sentezlenen mRNA, çekirdek porlarından geçerek sitoplazmaya çıkmak zorundadır. Prokaryotlarda böyle bir engel yoktur.

# Protein Sentezinde Görev Alan Temel Yapılar



## DNA:

Genetik bilginin kaynağı ve kalıbı.



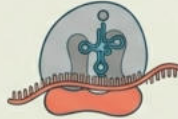
## mRNA (Mesajcı RNA):

Bilgiyi çekirdekten ribozoma taşır.



## tRNA (Taşıyıcı RNA):

Uygun amino asitleri ribozoma getirir.



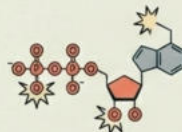
## Ribozom:

Protein sentezinin (Translasyon) gerçekleştiği organel. (rRNA + Protein yapılıdır).



## Enzimler:

RNA Polimeraz ve aminoaçil-tRNA sentetaz vb.



## ATP:

Süreç boyunca harcanan enerji kaynağı.

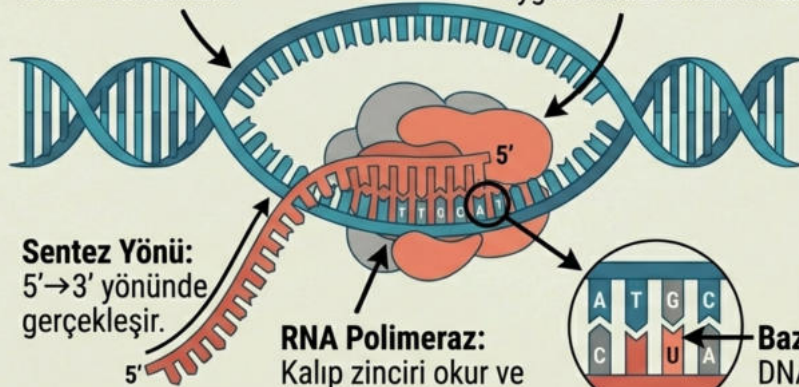
## ! HİPOTEZ:

"Bir Gen → Bir Polipeptit" hipotezi geçerlidir. Her polipeptit zinciri, DNA üzerindeki özgül bir gen bölgesi tarafından şifrelenir.

# 1. Evre: Transkripsiyon (Yazılma) Mekanizması

**Kalıp Zincir:** mRNA sentezine kalıplık eden DNA zinciri.

**RNA Polimeraz:** Kalıp zinciri okur ve uygun nükleotitleri dizer.



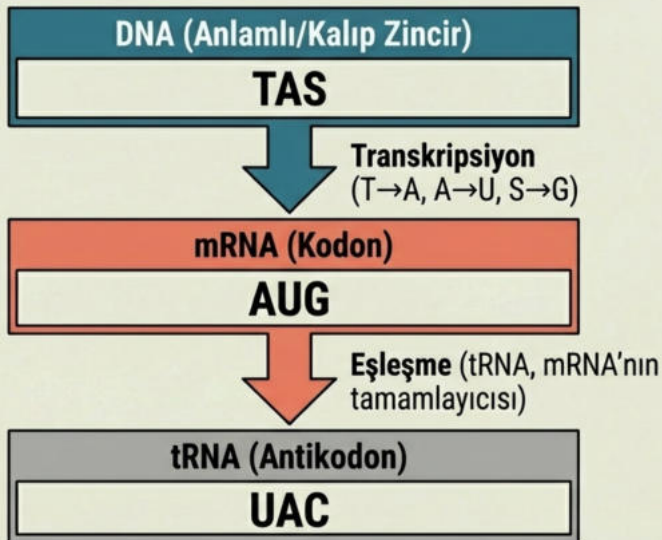
**Sentez Yönü:** 5'→3' yönünde gerçekleşir.

**RNA Polimeraz:** Kalıp zinciri okur ve nükleotitleri dizer.

**Baz Eşleşmesi:** DNA'daki A'nın karşısına mRNA'da **U** (Urasil) gelir

- DNA üzerindeki ilgili gen bölgesi geçici olarak açılır.
- Sentezlenen mRNA, DNA'dan ayrılır ve sitoplazmaya geçer.

# Uygulama: Kod - Kodon - Antikodon Çevirisi

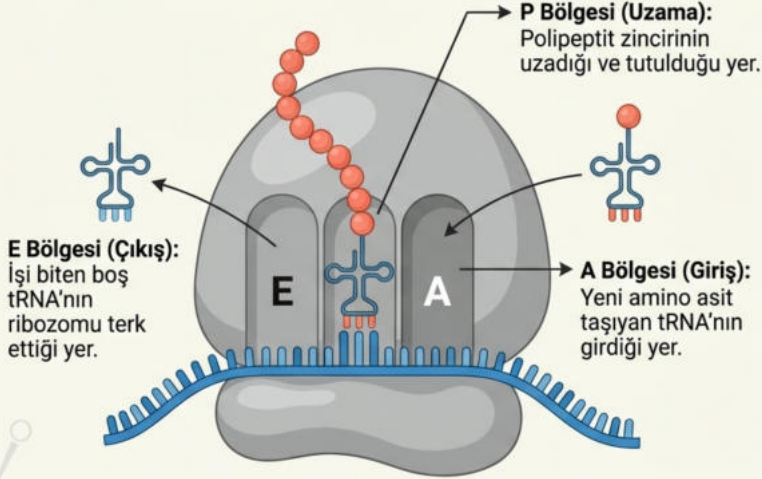


## ! HİPOTEZ:

### PRATİK BİLGİ:

tRNA antikodonu, Timin (T) yerine Urasil (U) içermesi dışında, DNA'nın kalıp olmayan (tamamlayıcı) zinciri ile aynı dizilime sahiptir.

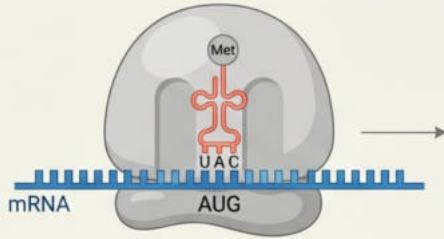
# Ribozomun Yapısı ve Fonksiyonel Bölgeleri



- Ribozom, büyük ve küçük olmak üzere iki alt birimden oluşur.
- Sentez dışında bu birimler ayrıdır.
- **rRNA**, peptit bağlarının kurulmasında enzim (ribozim) gibi davranır.

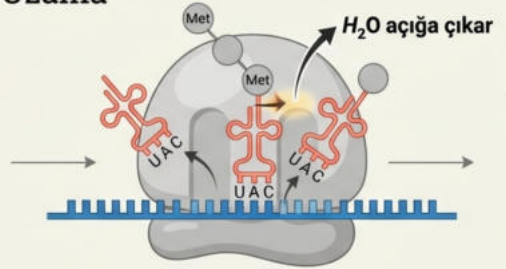
## 2. Evre: Translasyon (Başlama ve Uzama)

### Başlama



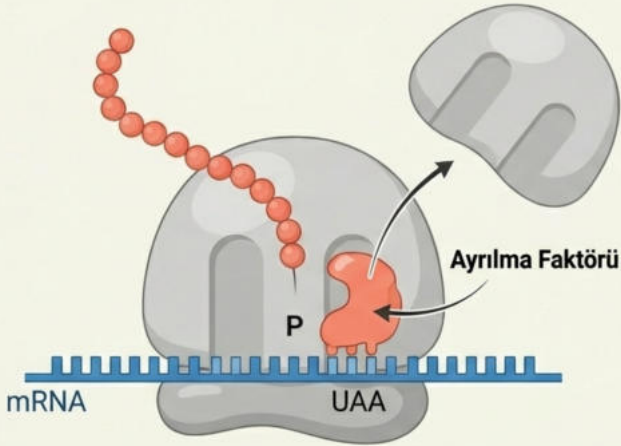
1. mRNA küçük alt birime bağlanır.
2. Başlatıcı tRNA (Met-AUG) P bölgesine yerleşir.
3. Büyük alt birim komplekse katılır.

### Uzama



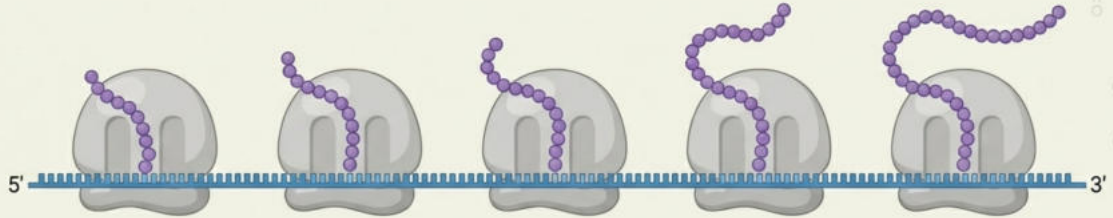
1. Sıradaki tRNA A bölgesine gelir.
2. Amino asitler arasında **Peptit Bağı** kurulur (**H<sub>2</sub>O** açığa çıkar).
3. Ribozom kayar, A bölgesi boşalır.
  - Süreç boyunca ATP ve GTP harcanır.

## 2. Evre: Translasyon (Sonlanma)



- Ribozom, **UAA, UAG veya UGA (Stop Kodonları)** noktasına gelir.
- **Kritik:** Durdurucu kodonlara uygun bir tRNA yoktur.
- **Ayrılma Faktörü (Release Factor)** bağlanır.
- Polipeptit zinciri serbest kalır.
- Ribozom alt birimleri birbirinden ayrılır.

# Verimlilik Mekanizması: Poliribozom (Polizom)



- **Tanım:** Bir mRNA molekülü üzerine birden fazla ribozomun bağlanmasıyla oluşan yapıdır.
- **Amaç:**
  - Aynı proteinden, kısa sürede çok sayıda üretmek.
  - Zaman ve enerji tasarrufu sağlamak.
- **Sonuç:**
  - Üretilen tüm proteinlerin amino **asit dizilişi** ve yapısı **birbirinin tamamen aynıdır** (Çünkü kalıp mRNA aynıdır).

# Sayısal Bağıntılar ve Önemli Uyarılar

## Formüller

- **Peptit Bağı Sayısı** = Su ( $H_2O$ ) Sayısı =  $(n - 1)$   
( $n$ : Amino asit sayısı)
- **Amino Asit Sayısı** = Kodon Sayısı - 1  
(Stop kodonu çıkarılır)

## Madde Dengesi

### Tüketilenler:

- **Amino asit, ATP, Enzim** (enerji kullanımı).

### Tüketilmeyenler (Tekrar Kullanılanlar):

- **mRNA, tRNA, Ribozom, Enzimler.**

## SINAV TAKTİĞİ:

Soru kökünde "**Nükleotit sayısı**" mı yoksa "**Kodon sayısı**" mı verildiğine çok dikkat et. (1 Kodon = 3 Nükleotit).

**Unutma:** Transkripsiyonda da Translasyonda da **ATP harcanır.**