

קורס חומצות גרעין, תשע"ד

דר' שירלי דאובה

מיפוי תכנים של הרצאה 9

המיפוי נעשה על ידי מירב דינור בהנחיית פרופ' רון בלונדר

תוכן	זמן
בניגוד לדנ"א שבתא שהוא דו גדיל, רנ"א תמיד חד גדיל. לכן ניתן היה לחשוב שאין לו מבנה. המבנה בדו גדיל מוכתב לפי האינטראקציות בין הגדילים. ניתן לראות שאם לוקחים מולקולה חד גדילית הכי פשוטה, גם לה יש מבנה. יש אינטראקציות בין הבסיסים כדי להוריד את האנרגיה. האינטראקציות בין הבסיסים (בין אלקטרוני ה π) מספיקה כדי לייצב	0:11-1:34
גם חד גדיל שאין לו הטרוגניות ברצף, יש לו מבנה מסויים. מולקולת tRNA - תהליך תרגום. tRNA מולקולה עם רצף שלא מקודד. רב מולקולות הרנ"א שנמצאות בתא הן לא מקודדות. אבל יש להן תפקיד חשוב (בניגוד ל mRNA שמקודד ועובר תרגום) tRNA – מחזיקה את המפתח של הקוד הגנטי. מקשרת בין הקוד הגנטי לבין החלבון. אורך המולקולה הוא בסביבות 80 נוקלאוטידים. יש להם מבנה מורכב, יש איזורים שיכולים להפוך לדו גדיל והם עושים זאת.	1:51-2:06 2:08-4:13
המבנים שיוצר הרנ"א הם המבנים היציבים ביותר מבחינת אנרגיה. (דוג' ברורה על הלוח)	4:21-4:58
הריבזומים בעזרת tRNA עושים את הצימוד בין רנ"א לחומצות אמינו. על ה tRNA יש חומצת אמינו שקשורה קוולנטית, והוא מתווך ל mRNA. החומצות אמינו מתחברות ליצור חלבון. איזורים קומפלמנטריים ירצו ליצור דו גדיל כי זה מוריד את האנרגיה החופשית.	5:05-5:58
יצירת האיזורים הדו גדיליים גורמת ליצירת "לופים"	6:05-6:20
בכל מולקולת רנ"א- כל mRNA מסוננת ע"י רנ"א פולימראז בגנים. מכיון שהוא חד גדיל הטרוגני, הנטייה תהיה ליצור מבנה שניוני של דו גדיל ע"מ להוריד את האנרגיה. מתקבלות צורות אופייניות שמוכתבות ע"י הרצף. (דוג' על הלוח)	6:45-8:16
אנחנו בעולם תלת מימדי, נשארו איזורים לא מזווגים, גם הם עושים אינטראקציות. ובאמת גם מבנה עלה התלתן של tRNA מתקפל על עצמו, מרוויחים אינטראקציות נוספות.	8:28-9:41
ניתן לראות בדט=וג' נוספת איזה בסיסים יוצרים קשרי מימן עם בסיסים אחרים ורחוקים מהם. במרחב הם מתקפלים זה על זה.	9:46-10:244
מולקולה של רנ"א מאופיינת ע"י אינטראקציות קצרות טווח, ע"י איזורים דו גדיליים	10:36-10:48
ב אהליקס האינטראקציות הן קצרות טווח. חומצות אמינו שהן אחת ליד השניה עושות אינטראקציה.	11:13-11:23
אינטראקציות רחוקות טווח, בין בסיסים שברצף הראשוני הם חוקים אבל במבנה השניוני והשלישוני קרובים.	11:32-11:42
דוג'- איזור דו גדילי שנוצר משני קצוות של המולקולה, הנטייה	11:51-12:21

תוכן	זמן
ליצור קשרי ׀ וקשרי ׀ מימן דוחפת את המולקולה להתקפל בצורה כזאת.	
מבנה שניוני- ניתן לתאור בדו מימד.	12:31-12:39
קשרי מימן וגם אינטראקציות ׀ . קשרי מימן תורמים ליציבות אבל בעיקר לספציפיות. היציבות היא בין קשרי ה ׀ בין הבסיסים.	12:44-13:19
כל mRNA יש לומבנה יחודי שנקבע ע"י הרצף שלו.	13:55-14:04
הריבוזום פורם את הרנ"א	14:10-14:13
אם נוצר מבנה מאוד מסובך בקצה ה mRNA שלריבוזום קשה לפרום, אז הוא לא יוכל לתרגם את החלבון.	14:21-14:38
בגלל שזה חד גדיל יש הרבה דרגות חופש ואפשרויות לאינטראקציות נוספות שבדנ"א אין. לדוג' קשרי מימן לא רק בין הבסיסים. (דוג' על הלוח) אינטראקציה נוספת- אינטראקציה של בסיס ממקום רוק בשרשרת. אינטראקציה- מולקולה שראית כמו בסיס (מערכת של קשרי כפולים מצומדים) נכנסת בין 2 מערכות של קשרים מצומדים. יש המשכיות של קשרי ׀	15:54-17:26
כמו בדנ"א יונים חיוביים משחקים תפקיד גדול, מוצאים יונים ו ערכיים שהם חלק מהמבנה. בדוג'- רואים 4 יוני מגנזיום שמייצבים את המולקולה.	17:47-18:30
האתגר בחלבונים לנסות ולנבא את המבנה המרחבי מהרצף הראשוני בלבד.	19:05-19:21
ברנ"א היה נראה שיהיה קל לחזות את המבנה כי האלמנטים שמרכיבים יותר מוגדרים, 4 בסיסים בלבד, החוקיות יותר פשוטה. היום ברנ"א קל לחזות את המבנה המרחבי מהרצף הראשוני.	20:35-21:23
יש לאורך המולקולה השפעה- ככל שהמולקולה ארוכה יותר החישוב מסובך יותר	21:49-22:16
אפשר לשים מספרים על חוזק הקשרים . מיפוי חוזק הקשרים יחסית למיקומם במולקולה (דוג' על הלוח) ניתן לקבל תוצאה שקרובה לערך נסיוני של הערך האנטלפי.	22:35-23:51
איך יודעים מה לחשב? למה המולקולה תתקפל? צורות גרפיות	23:53-24:04
כתיבת רצף הרנ"א ב 2 צלעות הריבוע. מחפשים נק' שסביבה יש רצף זיווגים ואז יש סיכוי שיווצר דו גדיל.	24:15-25:11
המחשב מחשב את האופציות	25:53-26:05
M FOLD תוכן הפשוטה שעושה אנליזה.	26:09-26:35
הפלט של התוכנה הוא מבנים ע"פ סדר היציבות. לכל מבנה שיוצא מחשבים את ΔG	26:54-27:17
השאלה האם זה מה שקורה?	27:28-27:29
בעיה 1- 2 מבנים שקרובים ביציבות, אבל הם נראים שונים מאוד.	27:41-28:13
בעיה נוספת- יש קושי לחזות אינטראקציות במרחב.	28:30-28:37
יכול להיות ש"מ בין מבנים אבל סה"כ ΔG נמוך כך שהמבנה יציב. שני המבנים יציבים אבל יכול להיות אנרגית האקטיבציה למעבר בניהם היא גדולה.	28:44-29:27
מכיון שהסינתזה היא תהליך דינמי, אז הקינטיקה תשפיע על	29:35-30:43

תוכן	זמן
הקיפול. היום יש גרסה של M FOLD שמנסה לקחת בחשבון לא רק את קיפול המולקולה כמו שהיא. אלא מה יקרה תוך כדי סינתזה המולקולה. זה פולימר שהולך וגדל, שמשתנה. הקינטיקה יכולה להשפיע על הקיפול.	
התוכנה מנסה לחזות אינטראקציות במרחב	30:47-31:01
הרבה פעמים מוצאים ברנ"א זיווגים שהם לא C G A T	31:11-31:25
יכול להיות C U זה יותר נדיר אבל קורה. הכל כדי שיהיו stem ארוכים	31:31-31:40
מה עושים עם רנ"א יותר ארוך? דוג' לרנ"א ארוך- רנ"א ריבוזומלי. ריבוזום זה הקומפלקס הגדול שאחראי על סינתזת החלבונים. ריבוזום מורכב גם מרנ"א גדול וגם מחלבון.	33:06-34:00
הריבוזום מורכב מ2 תת יחידות, כל אחת מורכבת מחלבונים ומרנ"א	34:06-34:15
(ציור על הלוח) הריבוזום מורכב מ2 תת יחידות אחת מתחילה את התרגום והשניה מצטרפת. כל תת יחידה מכילה מולקולת רנ"א גדולה מאד ומקופלת.	35:17-35:48
על מולקולת הרנ"א "יושבים" הרבה חלבונים	35:52-36:03
בתת יחידה אחת יש רנ"א אחד, ובתת יחידה השניה ישנם 2 רנ"א. מחקר חדש- האם באמת הריבוזום הראשוני היה רק רנ"א?	36:43-37:34
קשה לדמיין שיש תוכנה שתחזה את כל האינטראקציות שמביאות למבנה שניוני ושלישוני ברנ"א כ"כ גדול.	37:47-38:01
כשאינן כח מחשב לחזות משתמשים בשיטות פילוגנטיות.	38:35-38:44
כשיש מבנים מאוד ארוכים צריכים שיטות אחרות, שיטות ניסיוניות למשל.	39:22-39:40
מולקולת רנ"א לפעמים היא גדולה ובעלת מורכבות מבנית כמו חלבונים.	42:36-42:48
הריבוזום צריך לפרום את המבנה. בחיידקים התהליך קורה ביחד. התרגום נעשה תוך כדי ייצור. הרנ"א לא מספיק להתקפל.	37:43-40:44
שיטה 1- מוכרת מעולם הדנ"א. בדנ"א ע"י חיתוך ניתן ללמוד על המבנה. Foot printing גם ברנ"א זו שיטה אפשרית, והיא גם תראה דברים נוספים שרנ"א עושה.	45:02-45:38
Foot printing פותח את עולם חיתוך הרנ"א. בניגוד לדנ"א, רנ"א מכיל בעצמו קבוצה שיכולה לחתוך אותו. יש הידרוכסיל ב'2', בתנאים נכונים ובסביבה נכונה, '2' יכול לשמש כנוקלאופיל, תוקף את הפוספט ומתקבלת פתיחה של הקשר בשתי אפשרויות.	45:59-47:04
מנגנון בסיסי לחיתוך רנ"א.	47:10-47:14
מולקולת רנ"א תהיה לא יציבה ב pH גבוה.	47:18-47:37
כל חיתוך גם ע"י גורמים חיצוניים, בסיסים או אינזימים, המנגנון הוא אותו דבר. רנאזות- נוקלאזות שספציפיות לרנ"א. דרך קטליזת החיתוך דומה. הם גורמים ל'2' להיות נוקלאופיל טוב יותר (דוג' ספציפית על הלוח)	47:41-49:21

תוכן	זמן
יש רנאזות שונות שמזהות את הרצף של הרנ"א וחותרות במקומות שונים. 2 דברים חשובים לחיתוך: קטליזה של חומצה בסיס.	
כשיש בסיס כימי, אז החיתוך הוא אקראי, כשיש אינזים זה ספציפי. כשיש בסיס לא כל המקומות יחתכו בצורה אחידה.	49:24-49:54
לרנ"א יש מבנה המיקום של המגיבים קובע את ההסתברות לתגובה לחיתוך.	49:58-50:33
חוקר בריר- הבין שהחיתוך העצמי של רנ"א מלמד על המבנה. המרחק בין OH ל ק וגם הזווית בניהם ישפיע על התדירות שבה קשר מסוים יחתך וכך ניתן יהיה ללמוד על מבנה הרנ"א	50:44-51:59
צורה נוספת להמחשה- ככל שהזווית יותר קרובה ל 180 הקב' על אותה קו, יש הסתברות גבוהה. באזורים דו גדילים יהיו ערכי חיתוך גבוהים או נמוכים?	52:08-52:41
נמוכים כיון ששם השרשרת מקופלת ומקובעת בתוך המבנה .	52:50-53:28
לפעמים יש מולקולות רנ"א שנקשרות אליהן מולקולות קטנות. דוג' של מולקולות רנ"א עם ובלי מולקולות קטנות, ניתוח של הרצה בג'ל. ניתן לראות שללא המולקולות הקטנות ישנם מספר קוי חיתוך ובהוספת המולקולות נראה שחלק מהחיתוכים נעלם. הסיבה היא שהמולקולות הקטנות שנקשרות מונעות מהשרשרת לנוע ולהיות בקונפורמציה שמאפשרת חיתוך. הרנ"א חותך את עצמו, החיתוך הוא לא מאוד יעיל, אבל הפסים שמתקבלים הם במקומות לא מבניים וכך ניתן למפות את הרנ"א, איזור שעבר חיתוך הוא כנראה חד גדילי.	53:36-55:23
רנ"א היא מולקולה לא יציבה, עובדים יותר על רנ"א אבל זה קשה. מכיון שיש המון וירסים שהם רנ"א, יש להו על הגוף המון רנאזות שהם חלבונים.	55:51-56:30
רנאזות חלבונים שהם אינזימים שחותכים רנ"א הם יציבים. בסטריליזציה דנאזות מתפרקות ורנאזות עמידות	56:35-57:11
בנוסף לחיתוך העצמי אפשר להשתמש ברנאזות ללמוד על הרנ"א.	57:32-57:42
לראנזות יש ספציפיות. לפעמים זה לבסיס מסוים ולפעמים זה לאיזור מסוים וכך אפשר למפות	57:52-58:18
יש שיטות ישירות של x-ray ו nmz אבל השיטות האלו יחודיות. שיטות כמו foot printing הן יותר נגישות, מכיון שיש קידוד ברנ"א C G A U ישנן עוד שיטות להשלמת המבנים	58:21-59:00
לכל היצורים בטבע יש בתאים ריבוזומים. כל ריבוזומים מורכב מרנ"א השוואת הרצף של רנ"א בריבוזום. מהרבה יצורים ניתן להסיק מסקנות לגבי מבנה חשיבותו. מחפשים שינויים – לדוג' ביצור מסוים היה זוג A U שהפך ל U A זה אומר שזהו איזור דו גדילי.	59:07-1:00:30
דוג'- יצור שיש לו ברצף C-G שחוזים שהוא באיזור דו גדילי, ביצור אחר באותו המקום הפך ל G ו A הפך ל U	1:00:38-1:01:01
זה תומך בהשערה שהאיזור הוא דו גדיל	1:01:29-1:01:32
במדע אוספים הרבה פיסות אינפורמציה. ככל שיש יותר חיזוקים חיוביים, ההשערה כנראה נכונה. אין דרך לדעת את האמת. חוקרים ע"פ האבולוציה, אם איזור מסוים נשמר לאורך הדורות	1:01:39-1:02:15

תוכן	זמן
הוא כנראה דו גדילי.	
במבחנה רנ"א חותך את עצמו. האם זה קורה גם בטבע? והאם זה משמש לאיזשהו תפקיד? נבל על חיתוך רנ"א- חוקר חקר תהליך ה splicing	1:03:06-1:03:39
mRNA Splicing עובר חיתוך. האינטרונים יוצאים והאקסונים עוברים איחוי. חקרו את המנגנון של התהליך הזה. חפשו את החלבון / האינזים שעושה את ה splicing ואז התגלה שאין צורך להוסיף בשביל החיתוך כלום. כעבור זמן, החוקרים השתכנעו שרנ"א הוא הזרז של החיתוך של עצמו. רנ"א הוא כמו אינזים, הוא מזרז תגובות כימיות בתא.	1:03:43-1:05:50
תגובה ראשונה שנמצאה- הסיבה לחיתוך היא המבנה המורכב שיש לרנ"א, כמו לחלבונים. גם אינזים עובד בגלל התאמה מבנית לסובסטרט, וגם רנ"א מתקפל בצורה כזאת שהבסיסים יוכלו להתחבר. מבנה האינטרון הוא מורכב, המבנה המרחבי מביא את שני הבסיסים שאמורים לעבור חיתוך למקום קרוב. כך שהחיתוך ספציפי.	1:05:51-1:06:50
2 קב' שבאינטרו הפתוח הן רחוקות, אבל כיון שהאינטרו מתקפל במרחב הן יתקרבו זו לזו.	1:07:22-1:07:32
בטבע נוצר אחד המבנים. אנחנו בתור המתבוננים מהצד רוצים לדעת איזה מבנה יוצר מתוך כל האפשרויות. זה תלוי כמובן בתנאים בתא. ונוצר רק מבנה אחד, שמתאים לתפקיד שהוא אמור לבצע.	1:08:07-1:08:42
ב mRNA זו פחות בעיה, המבנה לא משחק שום תפקיד. אנחנו לא יודעים מה הסיבה ל splicing ניתן לנחש	1:08:46-1:08:53 1:09:18-1:09:40
יש גינם 8 אינטרונים שלפעמים עוברים חיתוך ולפעמים לא. יש גנים עם 7 אינטרונים, יש הרבה אפשרויות לאיחוי. ז"א מגן אחד אפשר לקבל 7 חלבונים שונים.	1:09:50-1:10:17
אם רנ"א יכול לשמש כאינזים לשבירת קשר פוספואסתרילי וליצירה? למה הוא לא אינזים אמיתי?	1:10:56-1:11:20
אינזים לא משתתף בתגובה אלא משתמר וממשיך. בניגוד לכך האינטרון שהשתחרר אחרי החיתוך כבר לא יכול לעשות חיתוך נוסף. ז"א שמהבחינה הזאת רנ"א הוא לא כמו אינזים.	1:11:22-1:11:52
לרנ"א יש פעילות קטליטית קוראים ריבוזיים	1:11:52-1:12:07
הריבוזום הוא ריבוזיים כי הרנ"א של הריבוזום, האתר הפעיל בריבוזום, הוא רנ"א. החלק של הרנ"א בריבוזום הוא הזרז האמיתי	1:12:20-1:12:54
פרופ' עדה יונת חוקרת האם יכול להיות ריבוזום פרימיטיבי, שהיה מורכב רק מרנ"א.	1:13:14-1:13:38
ניתן לראות חומצת אמינו שמחוברת ל tRNA ועוד קצה שרשרת שמיוצב ע"י הרנ"א, וזה מזרז את יצירת הקשר הפפטידי.	1:13:41-1:14:09
פעולת אינזים, מבנה מרחבי שמייצב את הקב' במרחב.	1:14:16-1:14:24
יש תנועה בריבוזום כדי ששתי חומצות האמינו יסתדרו.	1:14:52-1:15:17
לא לכל רנ"א יש פעילות קטליטית. יש התאמה בין המבנה לתפקיד. רנ"א שמיועד לפעילות זו יש לו מבנה מתאים. לדוג'-	1:1115:22-1:15:52

תוכן	זמן
mRNA לא אמור לזרז אלא רק לשמש כקוד.	
כמעט כל שבוע מגלים רנ"א שהוא לא קוד אלא יש לו תפקיד מסוים. דוג' - רנ"א קטן כחלק מרנ"א גדול. רנ"א הראשון שהונדס, יש לו תכונות של אינזים שחותך את עצמו. האם אפשר להנדס אותו לחתוך מולקולה אחרת?	1:15:59-1:17:40
הסבר על הניסוי- היה ניסיון לסנתז מולקולת רנ"א ללא "לופ" מה שיאפשר למולקולה להחתך ואח"כ להתקפל חזרה באותה הצורה.	1:18:12-1:19:21
במקום להסתכל על המולקולה האחת ניתן לדמיין אותה ב 2 חלקים. מייצרים סינטטית את 2 החלקים. אם הרצף יוכל להתקפל למבנה שיוכל לחתוך, אז נוצר לנו אינזים! התפתחה יכולת ליצור אינזימים סינטטים מתוכננים.	1:20:09-1:21:21
אנחנו צריכים למצוא את הסובסטרט שמתאים להם	1:21:28-1:21:30
חזרה על המעגל הקטליטי- 2 אוליגו שונים, שמרו על יכולת הקיפול המדויקת. מסתבר שהאינפורמציה נמצאת ברצף. התוצר משתחרר.	1:21:47-1:22:37
הרצפים קצרים Tm נמוך, ולכן הם משתחררים. ה Tm של 10 זוגות בסיסים הוא נמוך מאוד, לכן התוצר משתחרר. יגיע מהתמיסה גדיל אורך, יתחבר ויתפרק.	1:22:41-1:23:36
כל אינזים חדש שחוקרים צריכים לבדוק האם הרצף הוא החיוני או משהו אחר.	1:25:13-1:25:27
לפעמים הרצף חשוב ולפעמים לא, הדוג' הקודמת היא מקרה פרטי.	1:26:03-1:26:08
K_{cat} / K_m יעילות של אינזימים	1:26:30-1:26:33
K_{cat} מהירות שבה אחרי שהאינזים נקשר לסובסטרט מתקבל תוצר. K_m מדמה קבוע קישור. ככל ש K_{cat} גבוה יותר ו K_m נמוך יותר מתקבל אינזים יותר יעיל. ניתן לראות (בשקף) האנזימים של רנ"א לא כ"כ יעילים. אולי לכן התפתחו חלבונים כאנזימים.	1:26:40-1:27:35
שימוש בביוטכנולוגיה-יש יתרון בכך שרנ"א יכולים להיות אינזימים. בשביל למצוא אינזימים מחלבונים צריך לחשוב על רצף מתאים, לייצר אותם, לנסות ואם לא ליצור רצף אחר. חומצות גרעין נותנות לנו את הכוח לברור רצפים שיש להם יכולת לעשות פעילות קטליטית בלי לחשוב מראש מה יהיה הרצף.	1:27:53-1:29:01
הסבר- ניתן לקחת אוסף של רצפים במבחנה, דנ"א, רנ"א שהם לא זהים. חלק מהרצף זהה ואיזור מסוים לא. היום אפילו ידועים ידועים אינזימים מדנ"א, אומנם לדנ"א אין הידרוכסיל ב 2', אבל אינזים הוא לא רק חותך. החוזק של חומצות הגרעין כאנזימים נובע מיכולת הקיפול, והמבנים המרחביים... הקטליזה יכולה לבוא בצורות אחרות.	1:29:01-1:30:40
מולקולה גדולה שיודעת לקשור, תמצא תהליך כימי לזרז. כיצד זה נעשה בפועל? אם יש במבחנה 10^8 מולקולות, מניחים שיש לפחות אחת שיכולה להתקפל וליצור את האינזים הרצוי. אם זה היה חלבון לא היינו יכולים למצוא מי זו המולקולה, בגלל שזו חומצת גרעין זה אפשרי.	1:30:40-1:31:07
מחפשים רצף שקושר / חותך רצף אחר. את הפעילות שמחפשים	1:31:07-1:32:01

תוכן	זמן
שמים בקולונה. מעבירים את הרצפים בקולונה ושוטפים. מה הביעה בחלבון? גם אם אחד נקשר לא ניתן לעשות לו pcr ולהגיע אליו.	
לדנ"א ולרנ"א אפשר לעשות pcr, ניתן להפוך את המולקולה מ 1 להרבה, וכך ניתן לזהות אותה ולקבוע לה רצף.	1:32:10-1:32:31
דוג' - מולקולה שמחפשים עבורה גדיל דנ"א שיודע לחתוך אותה. שמים את המולקולה על קולונה, מחברים את המולקולה לרצף רנדומלי של דנ"א	1:32:40-1:33:40
ברוב המקרים, לא קורה כלום. אבל בחלק מהמקרים היה רצף שהתקפל וחתך את המולקולה, וזה ניתן מהקולונה. אספו את התוצר, הכמות מאוד קטנה. הרצף המרכזי לא ידוע, אבל הקצוות ידועים, עושים pcr	1:33:51-1:35:37
משחזרים את הספריה מחדש.	1:35:45-1:36:06
לוקחים פרימר, ומאריכים את הגדיל עם רצפים שיצאו מהקולונה	1:36:24-1:36:36
חזרה	1:37:00-1:37:38
חזרה	1:37:58-1:38:31
המטרה - בגלל שמתחילים מספריה, מקבלים 20 מולקולות שונות, וכל פעם עושים העשרה לאחת המולקולות האלו.	1:38:36-1:39:03
עושים כמה פעמים כדי להגיע למולקולה אחת כך גילו שיש דנ"א שמתפקדים כאנזימים, עם המון פעילויות קטליטיות, ולא רק חיתוך.	1:40:06-1:40:48
לא טבעי שנמצא אינזימים שהם דנ"א בטבע. כדי שחומצת גרעין תהיה אינזים חייב להיות מבנה מרחבי. המבנה המרחבי נוצר רק מחד גדיל, ודנ"א בטבע הוא דו גדילי.	1:40:52-1:41:57
דנ"א אינזימים נוצרים רק במעבדה, רנ"א אינזימים יש גם בטבע. מבחינה לוגית, יכול להיות רצף דו גדילי שיש לו פעילות אינזימטית, אבל לא מצאו כזה.	1:42:39-1:42:59
הדנ"א ארוז עם חלבונים, והוא משוכפל ומשועתק. כנראה הוא לא מיועד לזירוז תגובות. רנ"א אינזימים יש המון, וגם מגלים עוד תגובות שהוא מזרז. וזה מחזק את הטענה שהעולם התחיל מרנ"א, ואח"כ התפתח דנ"א ואח"כ התפתחו החלבונים.	1:43:04-1:43:34