

# **TRANSLACE - SYNTÉZA BÍLKOVIN**

Translace - překlad genetické informace z jazyka nukleotidů do jazyka aminokyselin podle pravidel genetického kódu.

Genetický kód - způsob zápisu genetické informace

## **Kód Morseovy abecedy:**

**a** • -      **b** - • • •      **c** - • - •

## **Kód genetické abecedy:**

**nukleotid(y) → aminokyselina**

# Problém:

4 typy nukleotidů → 20 typů aminokyselin

## Možnosti:

4 jednotlivé nukleotidy → 4 aminokyseliny

kombinace 2 nukleotidů ( $4^2$  kombinací)

→ 16 aminokyselin

kombinace 3 nukleotidů ( $4^3$  kombinací)

→ 64 aminokyselin

*F. Crick:* adice nebo delece  
nukleotidů mění sled  
aminokyselin v bílkovině

# SYNTETICKÁ RNA:

*S. Ochoa, M. V. Nirenberg, H. G. Khorana*

- bezbuněčný systém z bakterií:

informační poly-U RNA je translatována  
jako peptid složený pouze  
z fenylalaninů:

UUUUUUUUUUUUUUUUUU → phe-phe-phe-

UAUAUAUAUAUAUAUA → tyr-ile-tyr-ile-tyr

AUGGGCUCCAUCGGUGCAGCAAGCAUGGAAUUUUUGUUUUGAUGUAUUCAAGGAGCUCAAAGUCCAC

(a)



Alanine (Ala): GCU, GCC, GCA, GCG	Leucine (Leu): CUU, CUC, CUA, CUG, UUA, UUG
Arginine (Arg): CGU, CGC, CGA, CGG, AGA, AGG	Lysine (Lys): AAA, AAG
Asparagine (Asn): AAU, AAC	Methionine (Met): AUG
Aspartate (Asp): GAU, GAC	Phenylalanine (Phe): UUU, UUC
Cysteine (Cys): UGU, UGC	Proline (Pro): CCU, CCC, CCA, CCG
Glutamate (Glu): GAA, GAG	Serine (Ser): AGU, AGC, UCU, UCC, UCA, UCG
Glutamine (Gln): GAA, CAG	Threonine (Thr): ACU, ACC, ACA, ACG
Glycine (Gly): GGU, GGC, GGA, GGG	Tryptophan (Trp): UGG
Histidine (His): CAU, CAC	Tyrosine (Tyr): UAU, UAC
Isoleucine (Ile): AUU, AUC, AUA	Valine (Val): GUU, GUC, GUA, GUG
Stop codons: UAA, UAG, UGA	



(b)

CC - AUC - GGU - GCA - GCA - AGC - AUG - GAA - UUU - UGU - UUU - GAU - GUA - UUC - AAG - GAG - CUC - AAA  
er - Ile - Gly - Ala - Ala - Ser - Met - Glu - Phe - Cys - Phe - Asp - Val - Phe - Lys - Glu - Leu - Lys

(c)

		Second Position							
		U	C	A	G				
First Position (5' end)	U	UUU } Phe UUC } UUA } Leu UUG }	UCU } UCC } Ser UCA } UCG }	UAU } Tyr UAC } ● UAA } Stop ● UAG }	UGU } Cys UGC } ● UGA } Stop UGG } Trp	U	C	A	G
	C	CUU } CUC } Leu CUA } CUG }	CCU } CCC } Pro CCA } CCG }	CAU } His CAC } CAA } Gln CAG }	CGU } CGC } Arg CGA } CGG }	U	C	A	G
	A	AUU } AUC } Ile AUA } ● AUG } Met	ACU } ACC } Thr ACA } ACG }	AAU } Asn AAC } AAA } Lys AAG }	AGU } Ser AGC } AGA } Arg AGG }	U	C	A	G
	G	GUU } GUC } Val GUA } GUG }	GCU } GCC } Ala GCA } GCG }	GAU } Asp GAC } GAA } Glu GAG }	GGU } GGC } Gly GGA } GGG }	U	C	A	G
● = Chain-terminating codon ● = Initiation codon									

**Figure 18-1** The genetic code. The location of the nucleotide in first, second, and third position defines the amino acid encrypted by the code.



**Ribosomy** - zajišťují prostorovou souhru i časovou dynamiku všech funkčních složek.

Dále nutné:

GTP, enzymy

pomocné faktory: iniciační  
elongační  
terminační

Genetický kód je třípísmenný

AUG - startovací kodon,  
kóduje methionin (N-formyl-  
methionin)

UAA, UAG a UGA - *terminační*  
*kodony* nebo *stopkodony* - ukončují  
translaci

## **Vlastnosti genetického kódu:**

methionin (AUG) a tryptofan (UGG)

mají 1 kodon

ostatní aminokyseliny mají dva až šest kodonů

3. báze tripletu má největší variabilitu:

ACX threonin,

GGX glycin,

GCX alanin aj.

# Genetický kód je univerzální

Výjimky:

v kvasinkových mitochondriích je čten triplet CUX jako threonin místo leucinu,  
v buňkách paramecií se čtou stopkodony UAA a UAG jako glutamin.

## Genetický kód je nepřekryvný

-

# PROTEOSYNTETICKÝ APARÁT:

mRNA

tRNA

ribosomy

**mRNA** - nese informaci pro  
primární strukturu polypeptidového  
řetězce

**tRNA** - zařazuje molekuly  
aminokyselin do pořadí podle sledu  
tripletů v mRNA

# Ribosomy

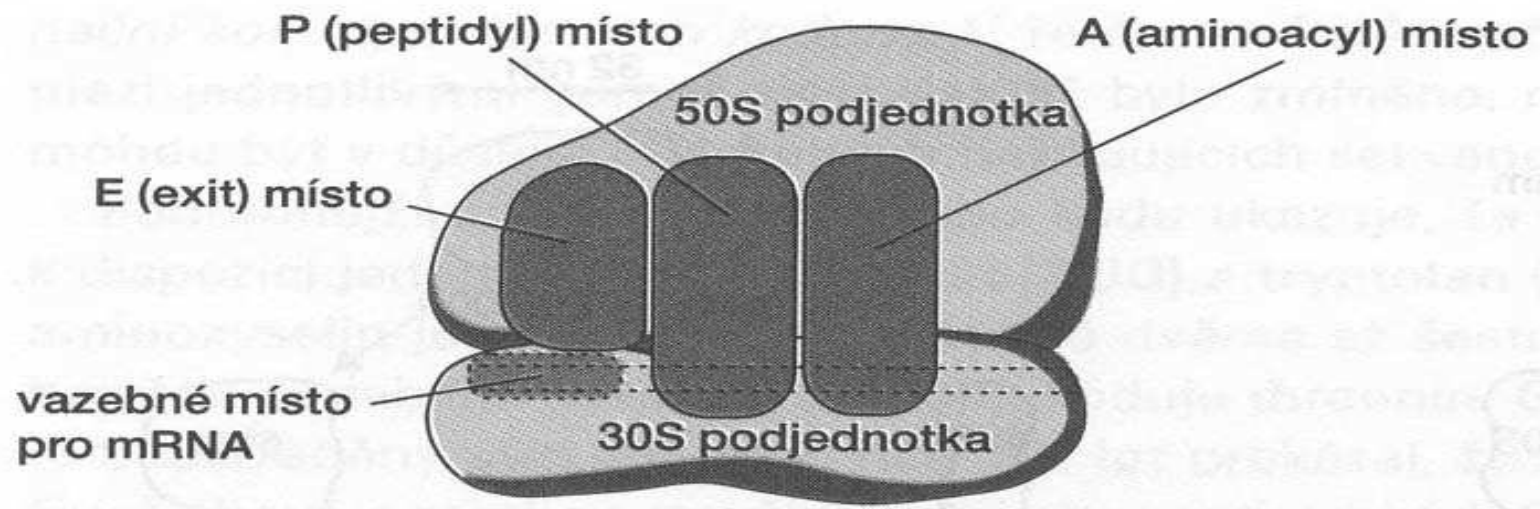
2 podjednotky: 50S a 30S (prokaryontní)  
60S a 40S (eukaryontní)

**Specifická místa na povrchu:**

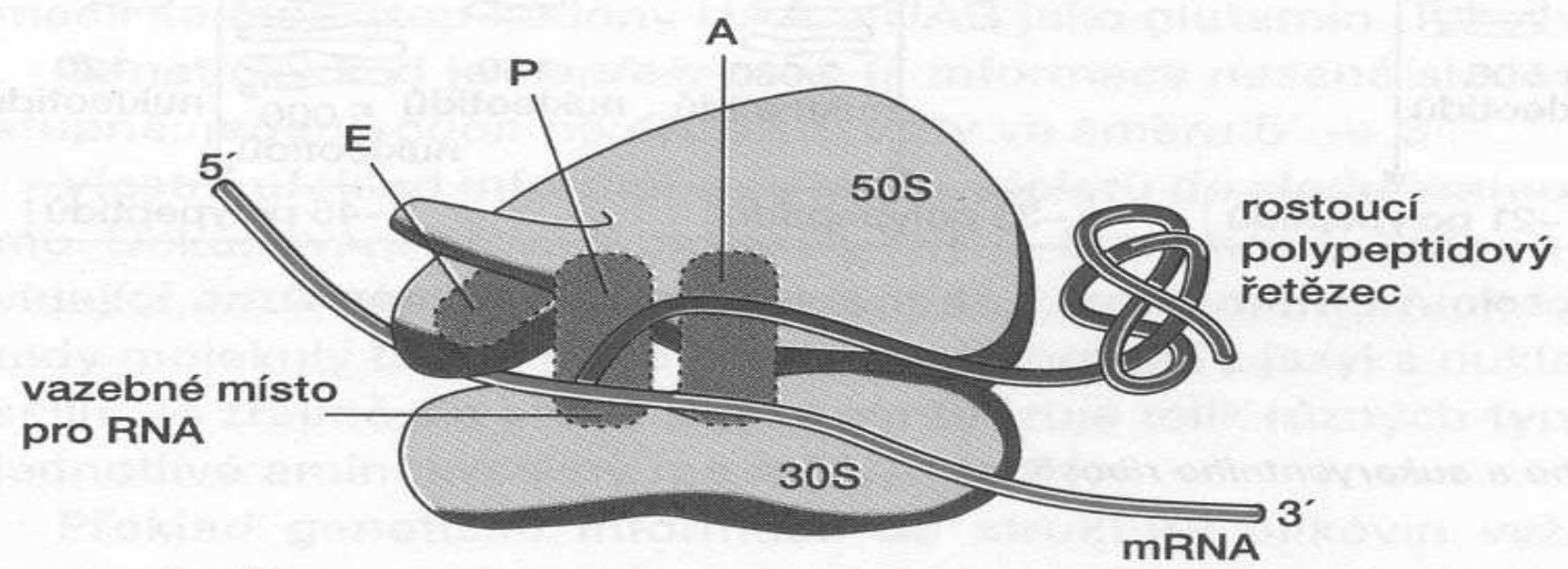
*místo A* (aminoacyl) pro vazbu tRNA +amk

*místo P* (peptidyl) pro peptidyl-tRNA

*místo E* (exit), kde tRNA opouští ribosom



a



b



## **Funkce ribosomů:**

umožňují přesnou prostorovou orientaci mRNA a aminoacyl-tRNA (jejich kodonu a antikodonu) a dvou aktivovaných aminokyselin tak, že je plynule čtena genetická informace a překládána do polypeptidu.

# tRNA

(70 - 90 nukleotidů, 26.000 daltonů)

*rameno aminokyselinové*

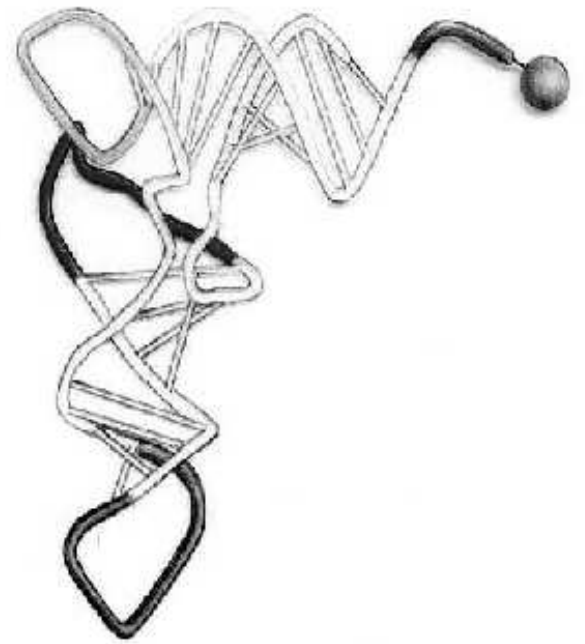
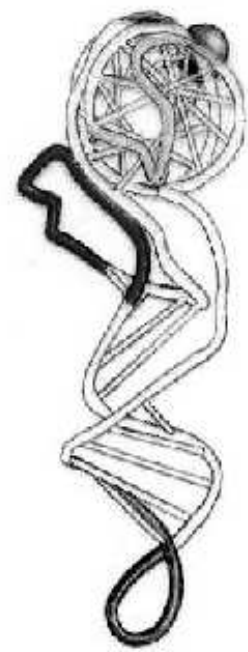
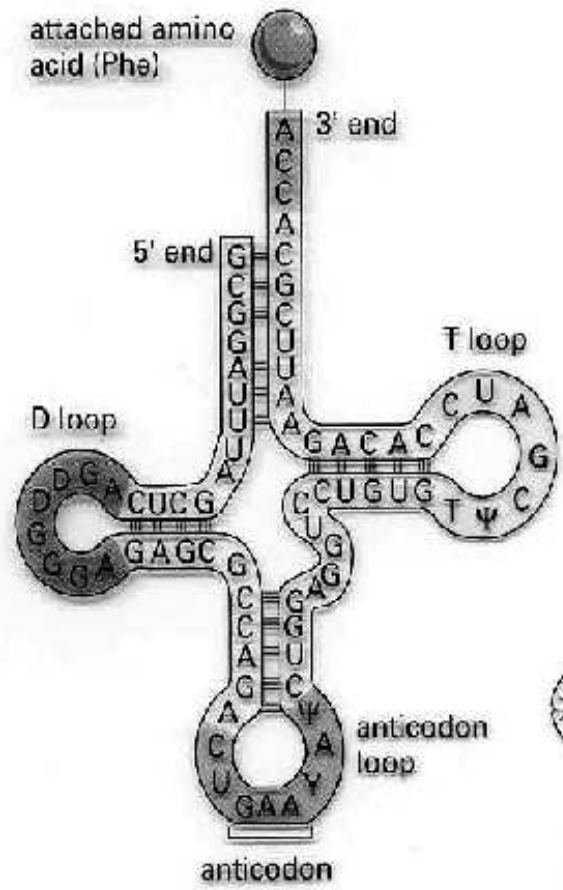
*rameno antikodonové*

Každá z tRNA je uzpůsobena pro nesení  
pouze jedné z 20 aminokyselin:

$tRNA^{\text{Lys}}$ ,  $tRNA^{\text{his}}$ .

Specifitu vazby zajišťuje enzym

*aminoacyl-tRNA syntetáza*



(A)

(B)

(C)

5' GCGGAUUUAGCUCAGDDGGGAGAGCGCCAGACUGAAYAYCUGGAGGUCCUGUGTY'CGAUCCACAGAAUUCGCACCA 3'

(D)

anticodon

# mRNA

5'konec *vedoucí (leader) sekvence*  
3'konec *koncová sekvence (trailer)*

# **Eukaryontní mRNA**

nese zpravidla transkript jednoho  
genu

# **Prokaryontní mRNA**

nese transkripty více genů

# Operon

skupina genů, které jsou  
přepisovány do jedné molekuly  
RNA ( transkripční jednotka)

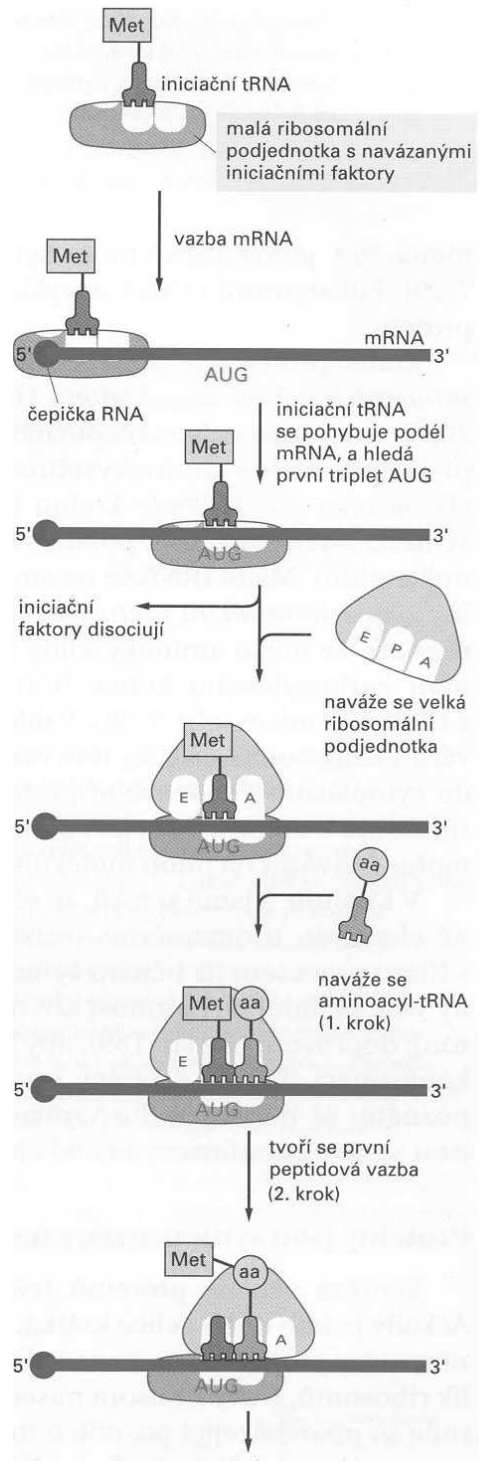
# Průběh translace:

*translační komplex:*

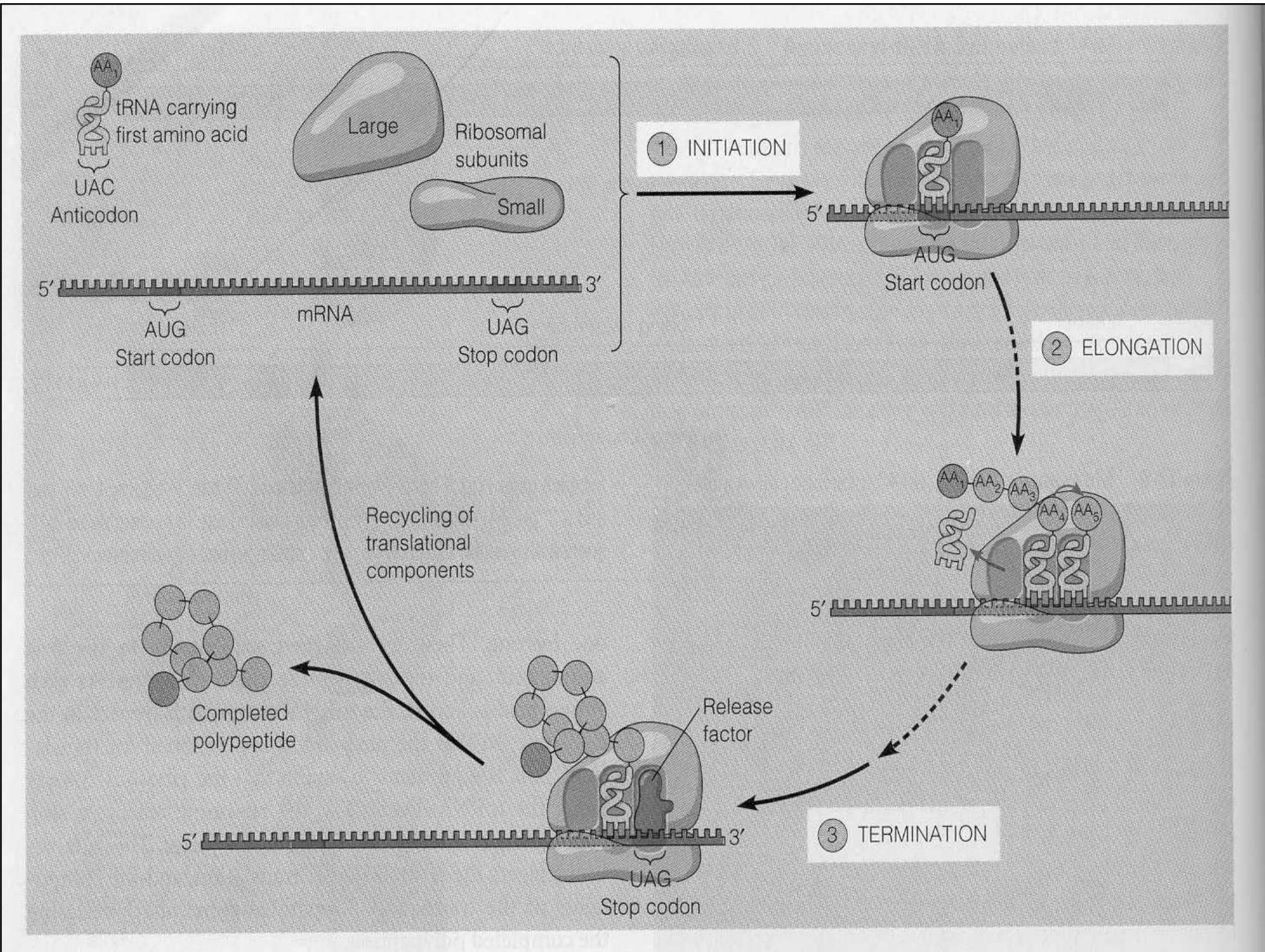
mRNA

ribosomální podjednotky

tRNA pro první aminokyselinu







# INICIACE

- *Iniciační faktory IF1 - IF3*
- *N-formylmethionin-tRNA<sup>f-met</sup>*
- *mRNA v takové orientaci, že se antikodon tRNA<sup>f-met</sup> připojí ke startovacímu kodonu mRNA*

**Iniciace v eukaryontních buňkách**

# Elongace

- příkládání dalších aminoacyl-tRNA
- *elongační faktory* EF-Tu a EF-Ts
- energie ze dvou molekul GTP
- peptidyltransferázová aktivita  
23S rRNA (ribozym)

# Terminace

jeden ze tří stop kodonů  
(UAG, UAA nebo UGA)

interagují s *terminačními faktory*

# Posttranslační modifikace proteinů

*modifikace kotranslační.*

- deformylace,
- odštěpení aminokyselin
- chemické modifikace:

(metylace, fosforylace, hydroxylace)

# Modifikace kotranslační:

- tvorba disulfidových můstků
- připojení cukerných zbytků za vzniku glykoproteinů
- odstranění signálních sekvencí

## **Další postranslační úpravy:**

- vyštěpení peptidů
- přidání prostetických skupin

Každý biologicky aktivní protein je vlastně produktem nejméně dvou genů:

strukturálního  
modifikačního



# Molekulární chaperony

*asistovaná autoagregace*

(ribulozo-bifosfát karboxyláza- oxygenáza),  
tvořena z 16 podjednotek)

*Hsp proteiny* (heat shock proteins) o mol.  
hmotnosti 60 resp. 70 kD