

Nukleové kyseliny

© Biochemický ústav LF MU (E.T.) 2013

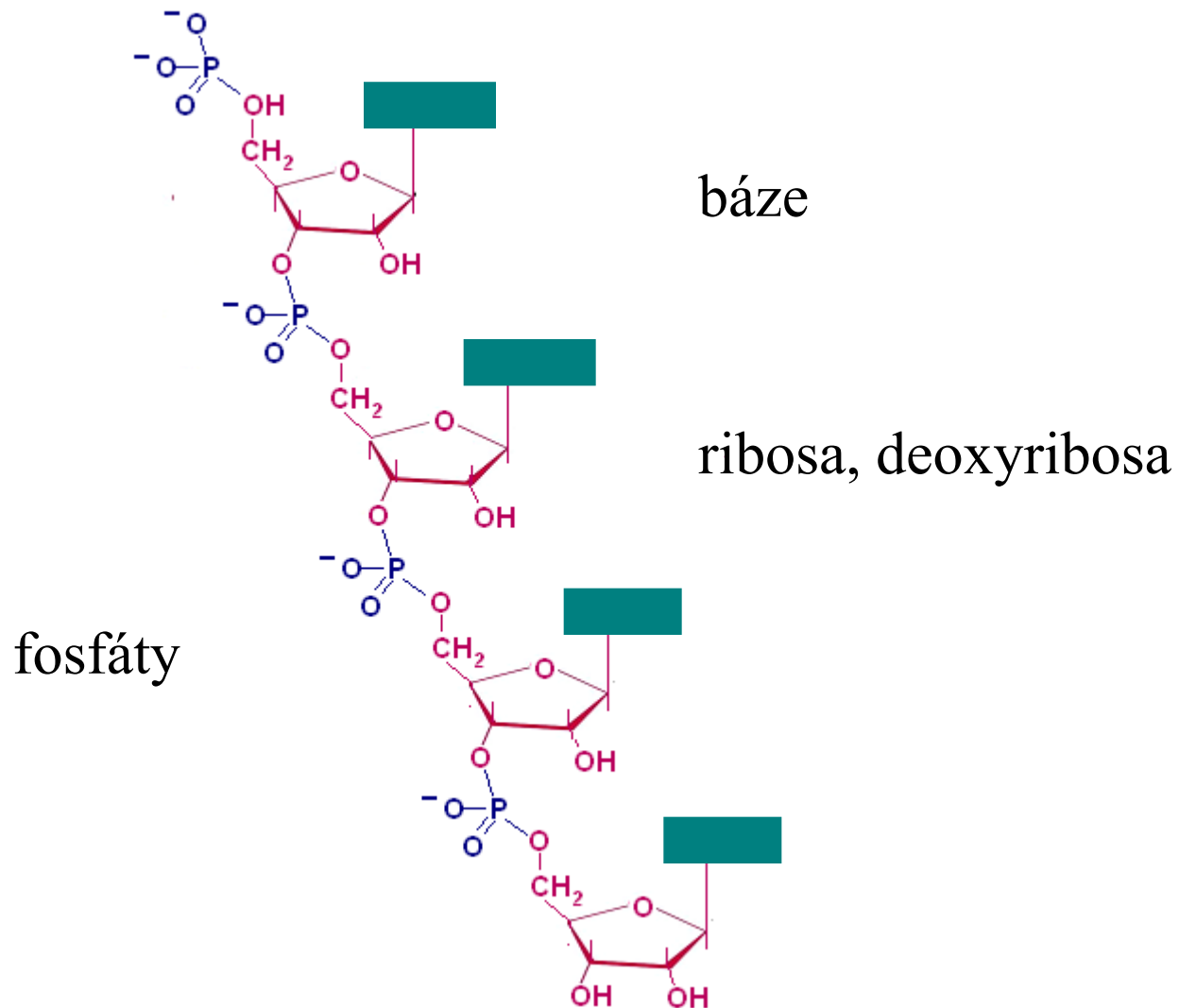
Nukleové kyseliny

- Polymery s molekulovou hmotností 10^8 g/mol
- Polynukleotidy

Typy nukleových kyselin

	DNA	RNA
Pentosa:	deoxyribosa	ribosa
Báze:	A,G,C,T	A,G,C,U

Základní komponenty polynukleotidů



Struktura polynukleotidů

- kovalentní páteř:
pentosa...kys.fosforečná

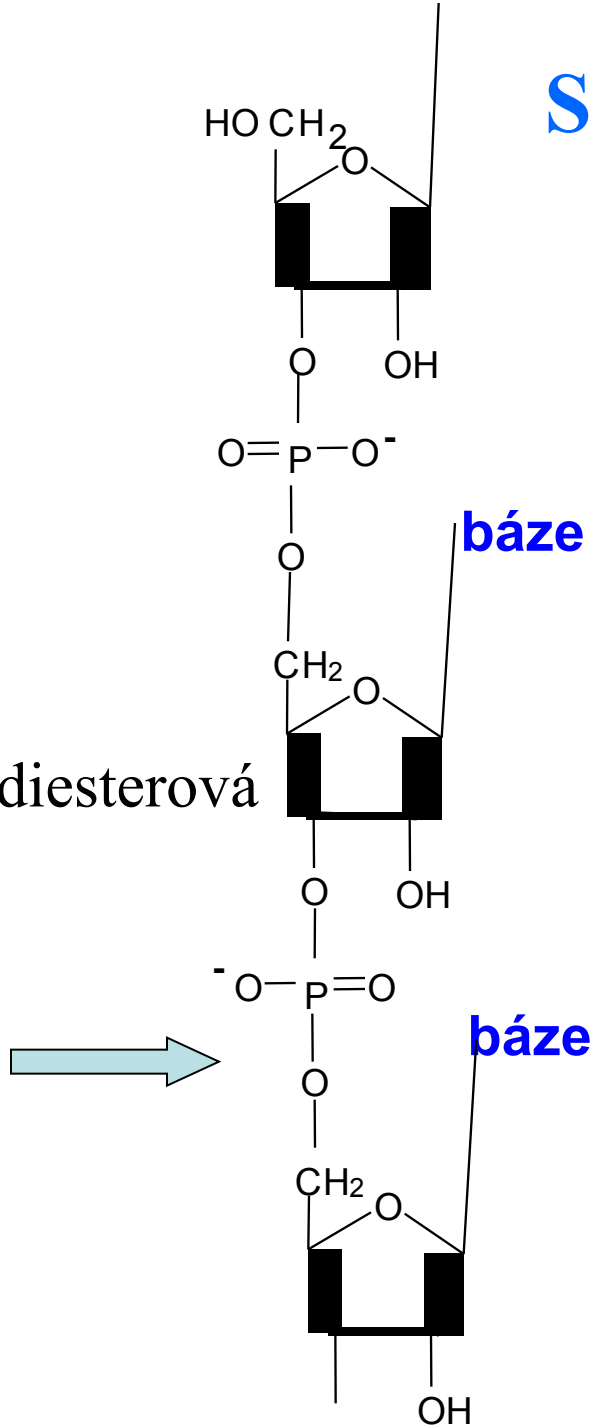
- postranní řetězce:

báze připojené na
pentosové zbytky N –
glykosidovou vazbou

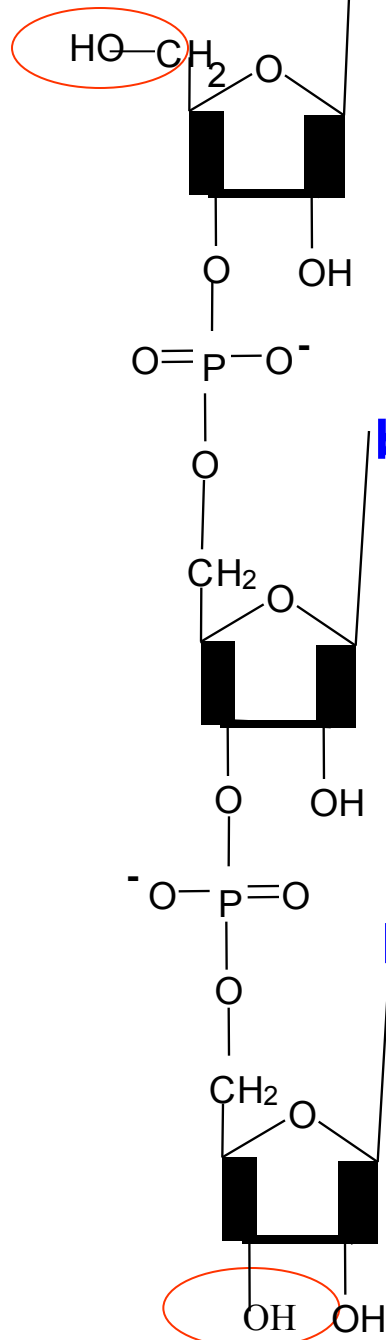
Oligonukleotidy ≤ 50 nukleotidů

Polynukleotidy > 50 nukleotidů

3',5'-fosfodiesterová
vazba



5' -konec

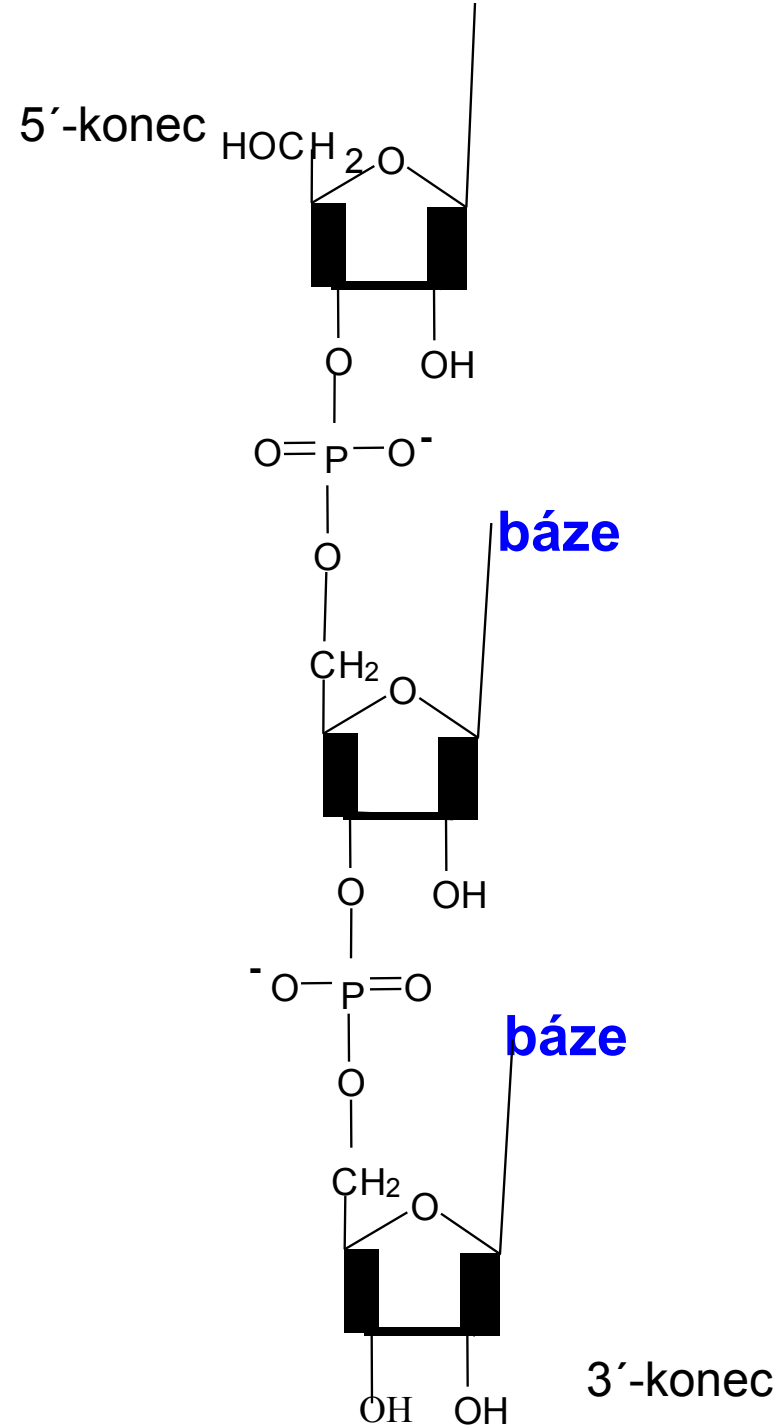


Polarita řetězce

báze

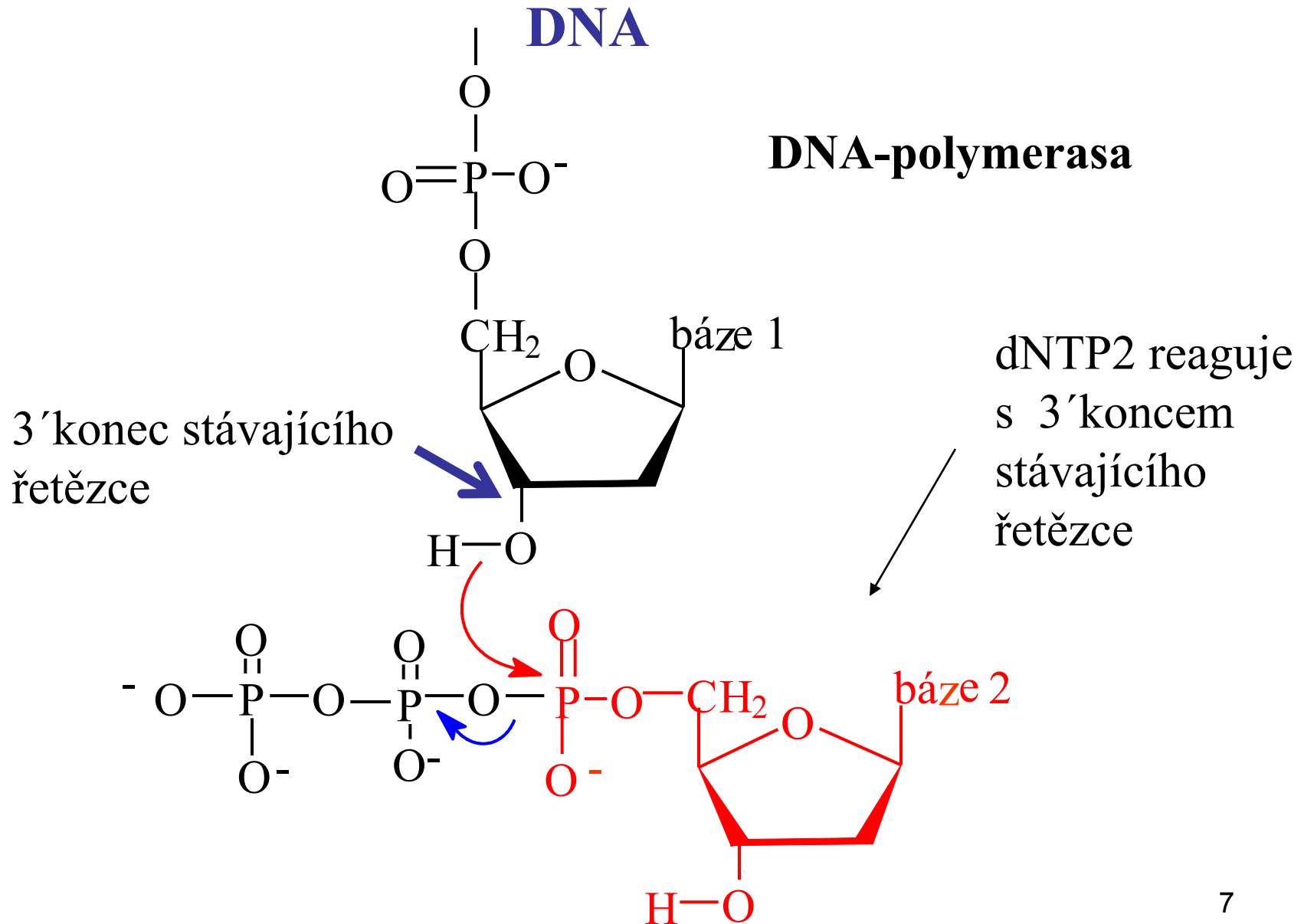
báze

3' -konec

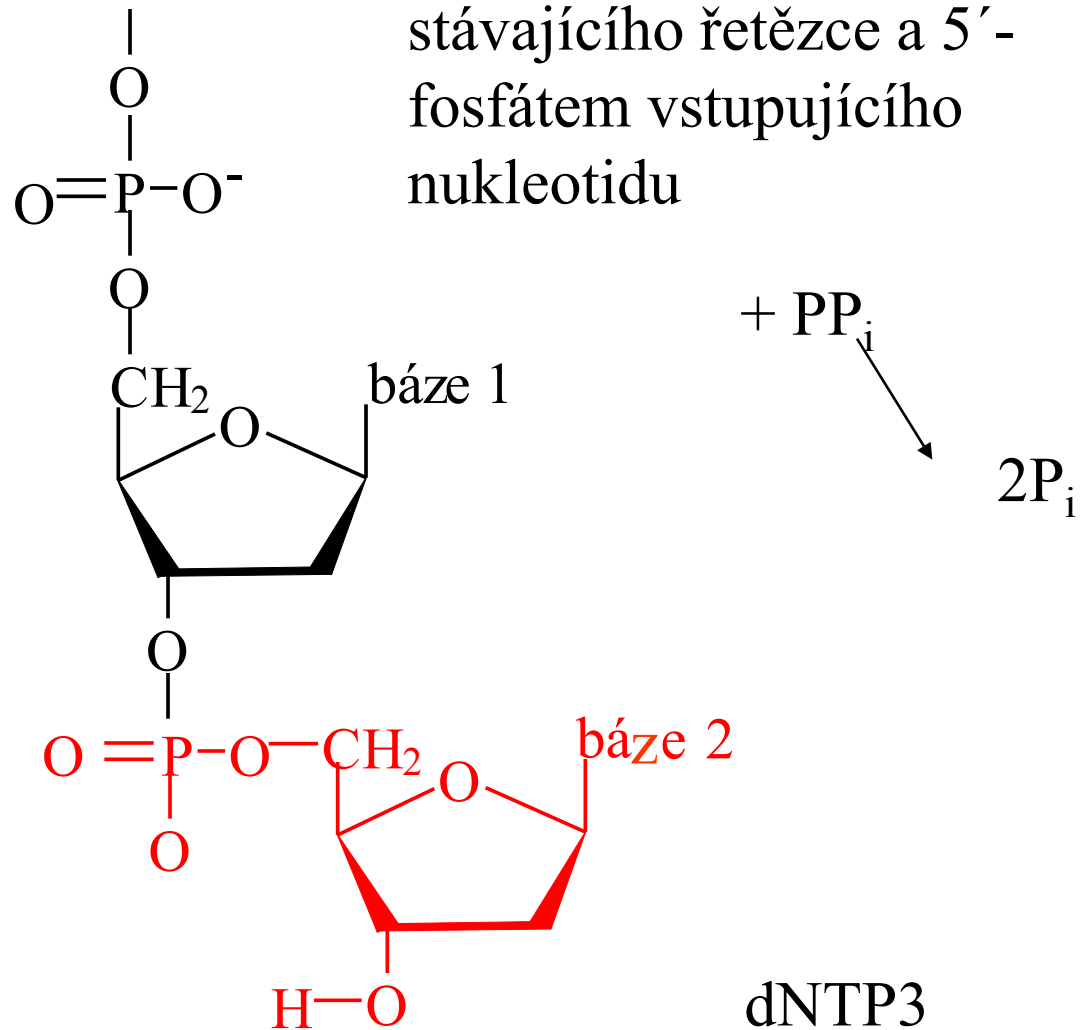


- **Primární struktura:**
pořadí nukleotidových zbytků ve směru 5' → 3'
(v tomto směru probíhá vždy syntéza)

Připojení deoxynukleotidu dNMP při elongaci řetězce

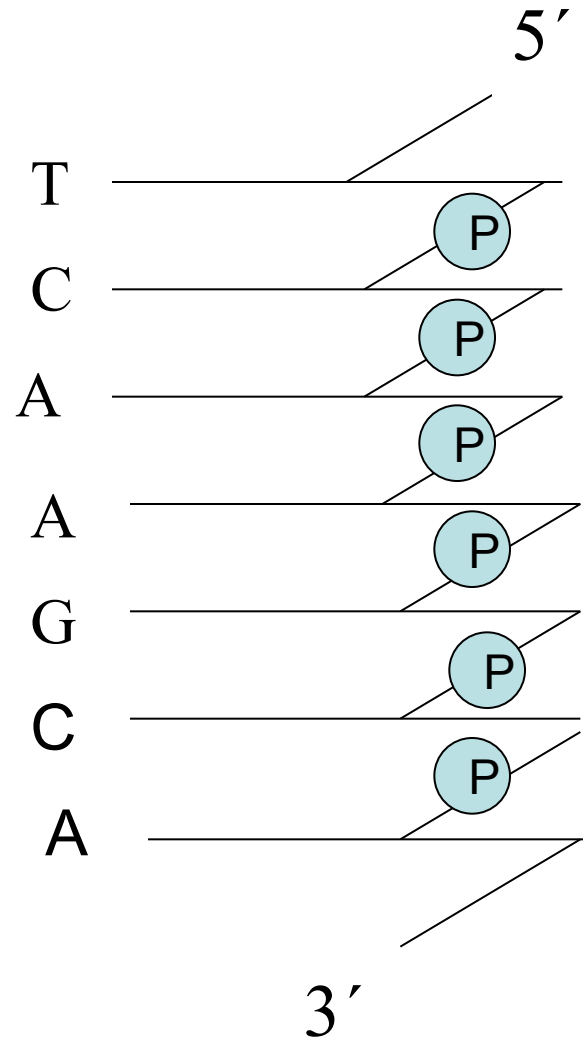


Vzniká fosfodiesterová vazba mezi 3'-OH skupinou stávajícího řetězce a 5'-fosfátem vstupujícího nukleotidu



prodlužování
řetězce

Primární struktura (symbolický zápis)



Zkrácený zápis: 5'-TCAAGCA-3' nebo
TCAAGCA

DNA

- DNA poprvé izolována 1869 (švýcarský lékař Friedrich Miescher, v hnisu izolovaném z lékařských bandáží)
- DNA je nositelem genetické informace
- trojice bází (triplet) v DNA kóduje jednu aminokyselinu
- úsek DNA nesoucí informaci o syntéze jednoho polypeptidového řetězce - **strukturní gen**
- u eukaryontů převážná část DNA v jádře, (mitochondrie $\approx 1\%$), DNA organizována v chromatinu (chromosomech).
- Jeden chromosom obsahuje 1 molekulu DNA

Velikost molekul

- Molekuly DNA - největší kovalentní molekuly v organismu.
- Nejdelší chromozom 1 u člověka - 15 cm ($3 \cdot 10^8$ bází)
- Velikost se udává počtem párů bází (bp)

Organismus

Počet párů bází (bp)

Borrelia burgdorferi (bakterie)

946 000

Escherichia coli (bakterie)

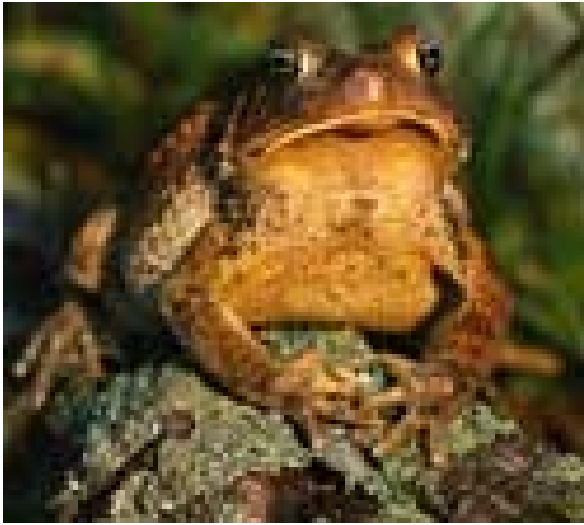
4 639 221

Saccharomyces cerevisiae (kvasinka)

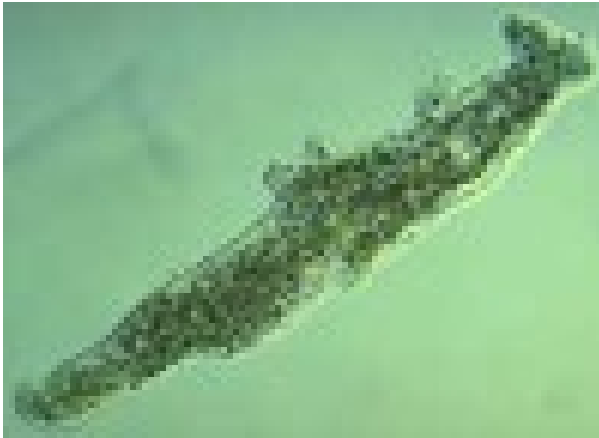
12 070 521

Člověk

3 000 000 000



Bufo bufo 6 900 000 000 bp



Amoeba proteus 290 000 000 000 bp

Velikost DNA však nekoresponduje s počtem genů

Druh	Velikost genomu (bp)	Počet genů
<i>Homo sapiens</i>	3 000 000 000	~20 000
<i>Drosophila melanogaster</i>	120 000 000	13 600
<i>Sacharomyces cerevisiae</i>	12 000 000	6 275
<i>Escherichia coli</i>	4 600 000	4 800
<i>Arabidopsis thaliana</i>	125 000 000	27 000



Arabidopsis thaliana (Huseníček rolní) –
modelový organismus v molekulární genetice

Struktura DNA

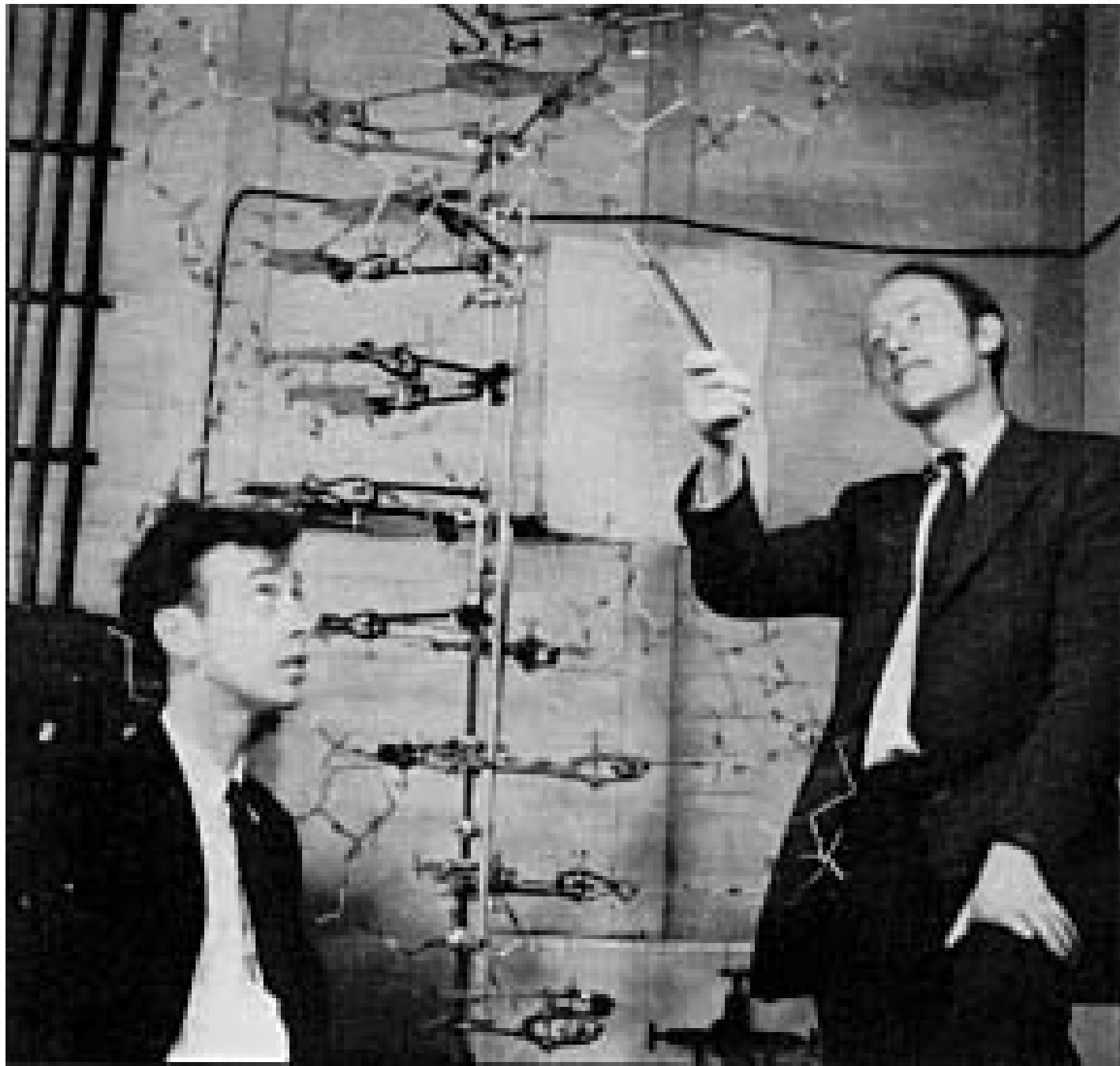
2 April 1953

Molecular Structure of Nucleic Acids

J. D. WATSON, F. H. C. CRICK

NATURE, VOL. 171, page 737, 1953

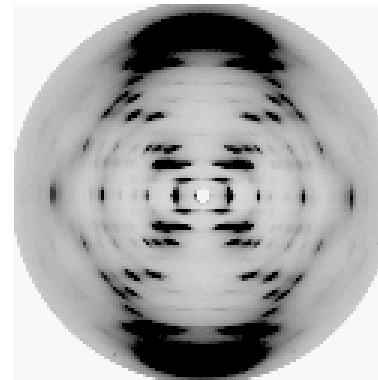
Cavendish
Laboratory in
Cambridge



James
Watson

Francis
Crick

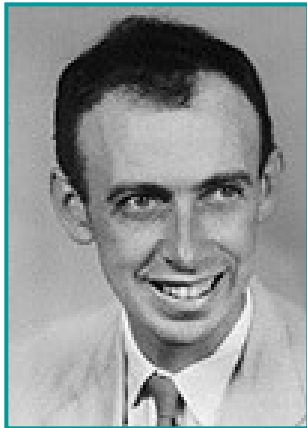
Rosalinda E. Franklin 1920–1958



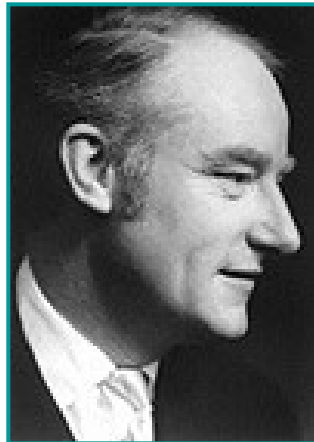
Struktura DNA byla určena pomocí metody rentgenové difrakce. Většina dat byla naměřena Rosalindou Franklinovou. Watson a Crick je interpretovali a zkombinovali s ostatními známými fakty.

1962 Nobel Prize for Medicine

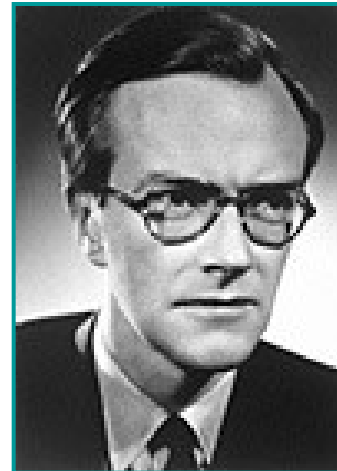
“... for their discoveries concerning the molecular structure of nucleic acids and its significance for information transfer in living material . . .”



J.D. Watson
(1928)

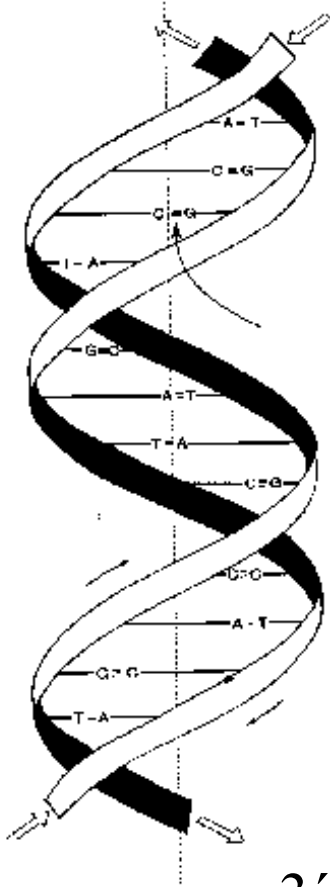


F.H.C. Crick
(1916-2004)



M.H.F. Wilkins
1916-2004)

osa symetrie



Sekundární struktura DNA

- nejčastěji dvouvláknová, pravotočivá šroubovice
- řetězce uspořádány kolem společné osy
- vlákna mají opačnou polaritu
- vlákna jsou komplementární
- A=T, G = C (Chargaffovo pravidlo)
- poměr dAMP+dTMP / dGMP+dCMP charakteristický pro každou DNA

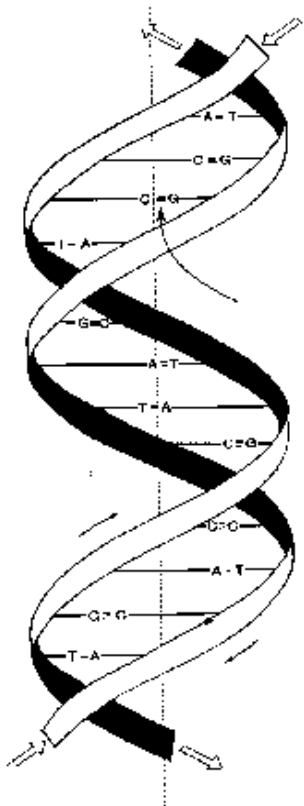
5'-konec 3'-konec

Chargaffovo pravidlo

Ve vzorku dsDNA je 10% G. Jaké je procento T?



Fosfátové zbytky, ribosa



tvoří vnější část šroubovice („páteř“)

- hydrofilní charakter
- fosfátové zbytky mají při fyziologickém pH záporný náboj - vážou kationty z roztoku nebo kladně nabitě postranní řetězce proteinů

Báze

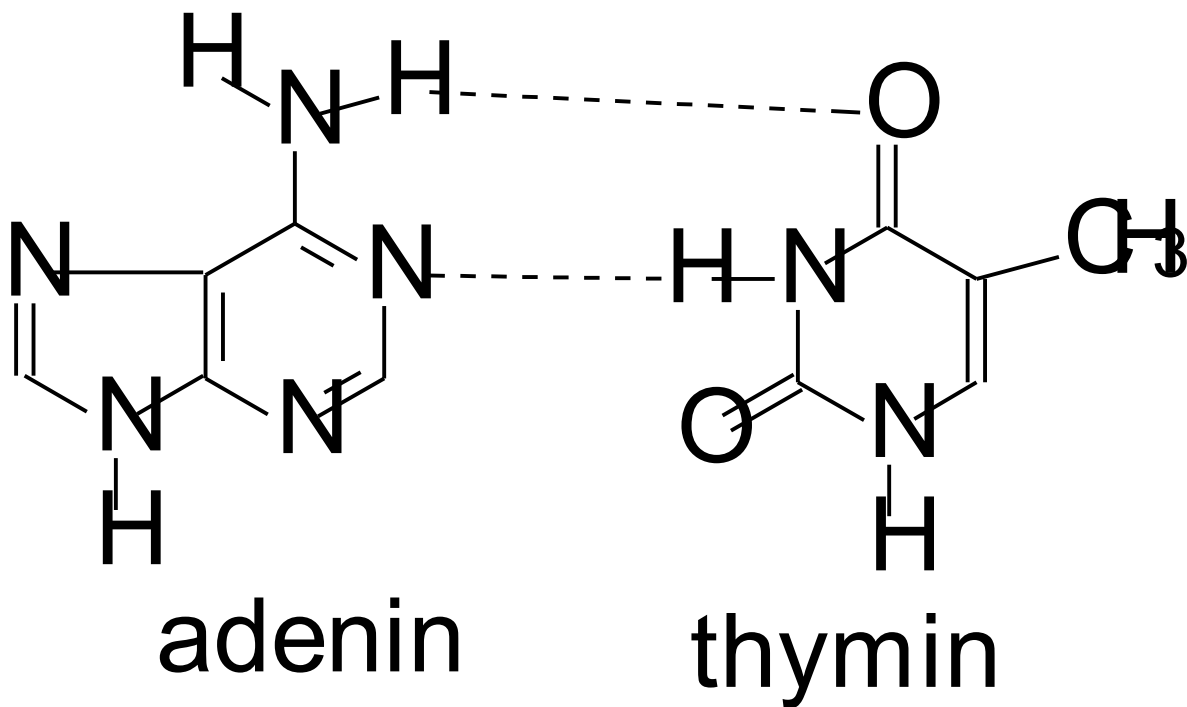
leží uvnitř dvoušroubovice

- jsou navzájem rovnoběžné (stohování bází)
- komplementární báze se vážou vodíkovými můstky

Párování bází - princip komplementarity

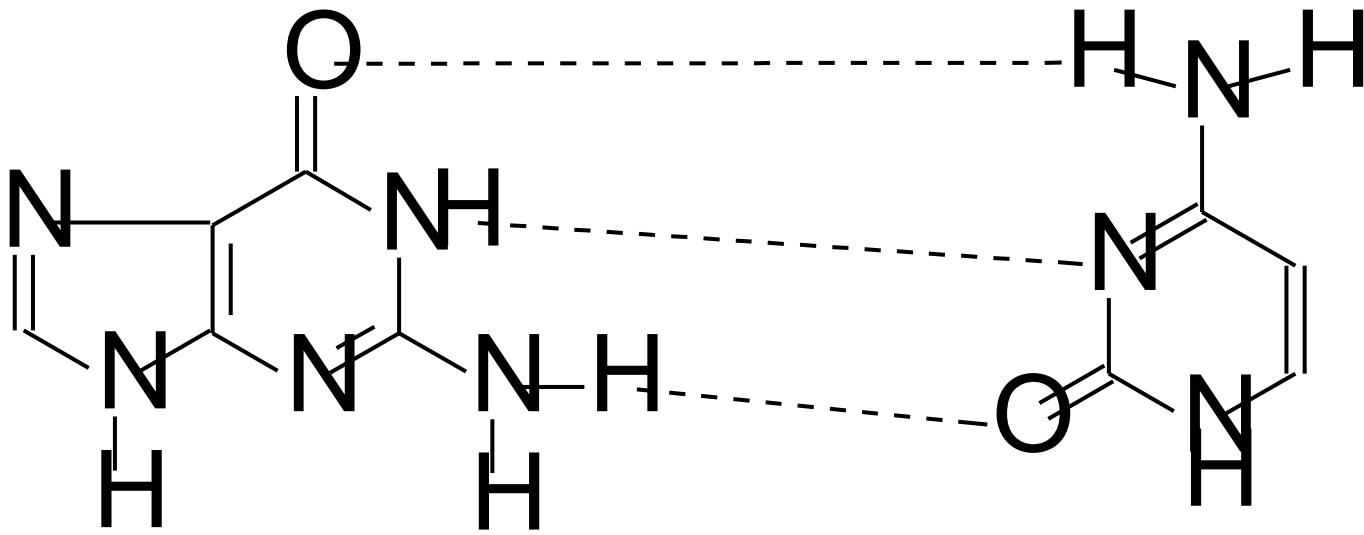
A=T

2 vodíkové můstky



3 vodíkové můstky

G \equiv **C**



guanin

cytosin

pro párování jsou významné laktamové formy bází

Párování bází je neenzymová, spontánní reakce

Umožňuje párům bází zaujmout energeticky nejvýhodnější konformaci v rámci dvojšroubovice

Vazba $G \equiv C$ je silnější než vazba $A=T$

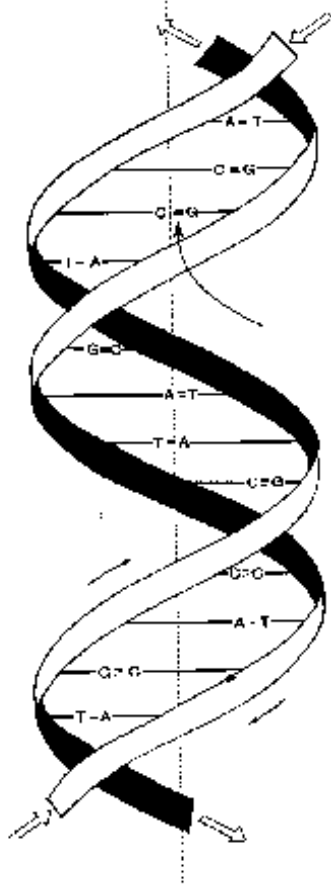
Další možnosti párování:

Hoogsteenovské párování

Wobble párování - umožňuje úsporné rozeznávání kodonů pomocí tRNA molekul. Při wobble párování může například guanin vytvářet vazbu s uracilem

Triplexové a kvadruplexové struktury

Další nevazebné interakce ve dvoušroubovici



Přitažlivé:

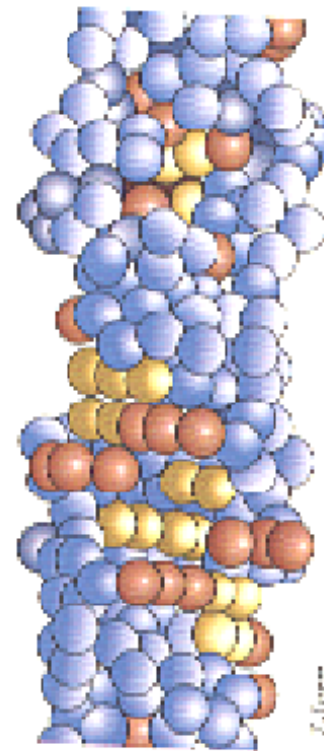
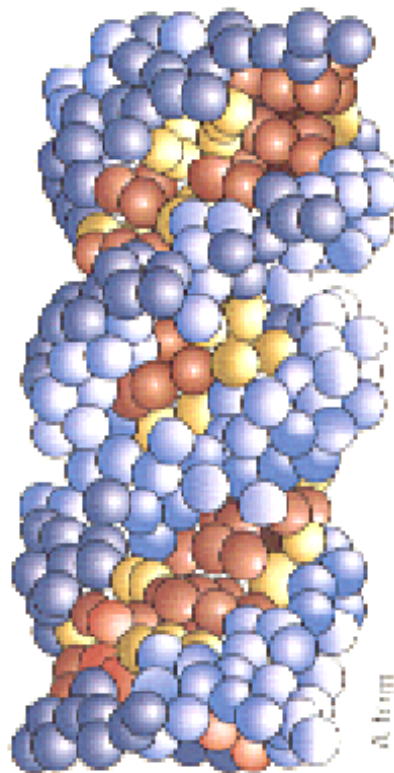
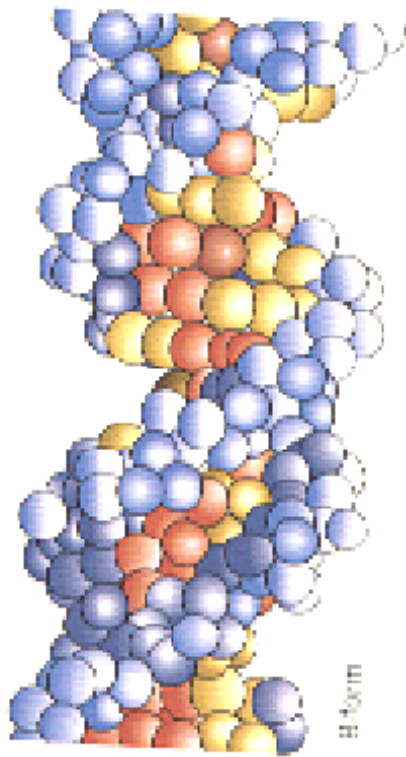
- vodíkové můstky mezi bázemi
- π - π interakce mezi bázemi
- hydrofobní interakce mezi bázemi

Odpudivé

- repulse mezi fosfáty

Konformační formy DNA

liší se hustotou závitů, mírou hydratace, směrem otáčení šroubovice



B-forma

A-forma

Z-forma

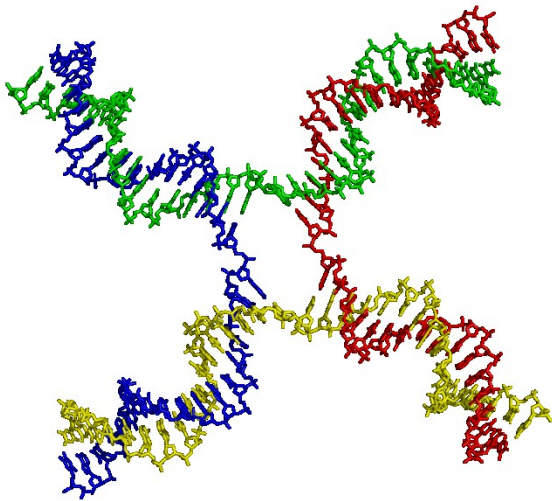
Konformace = prostorové uspořádání biomakromolekuly do struktury, která je za daných podmínek nejvýhodnější

Konformace DNA závisí na

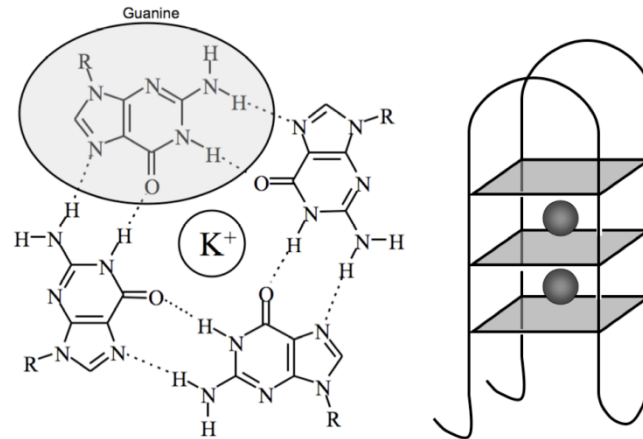
- nukleotidové sekvenci
- obsahu vody v prostředí
- iontové síle prostředí

Jiná uspořádání řetězců DNA

Hollidayův spoj



G-kvadruplex



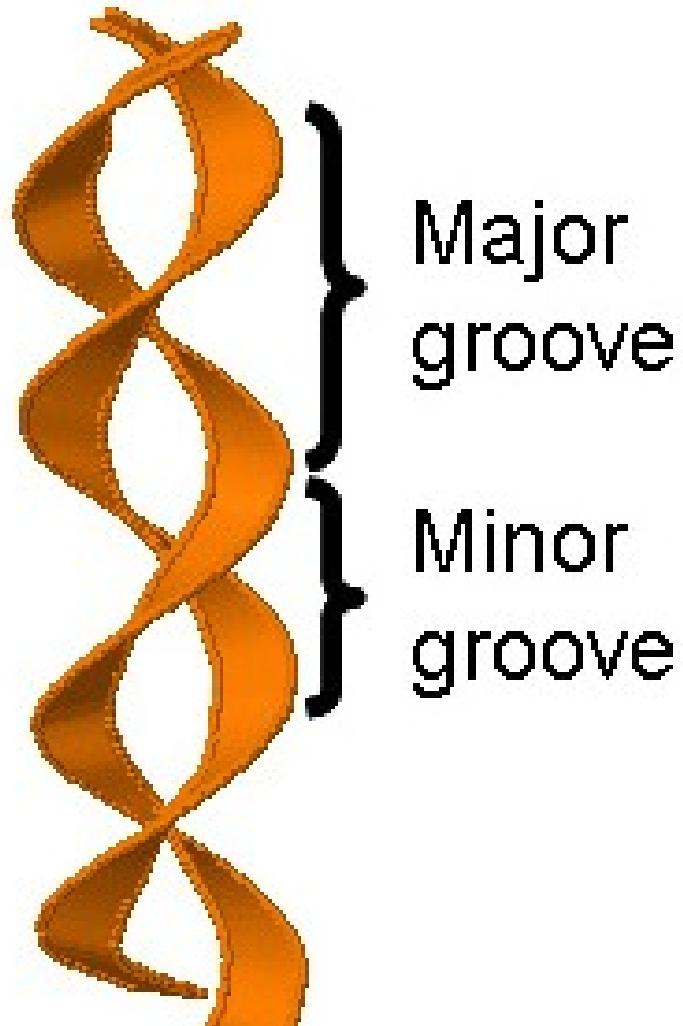
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23653208>

<http://www.bss.phy.cam.ac.uk/~jlh29/>

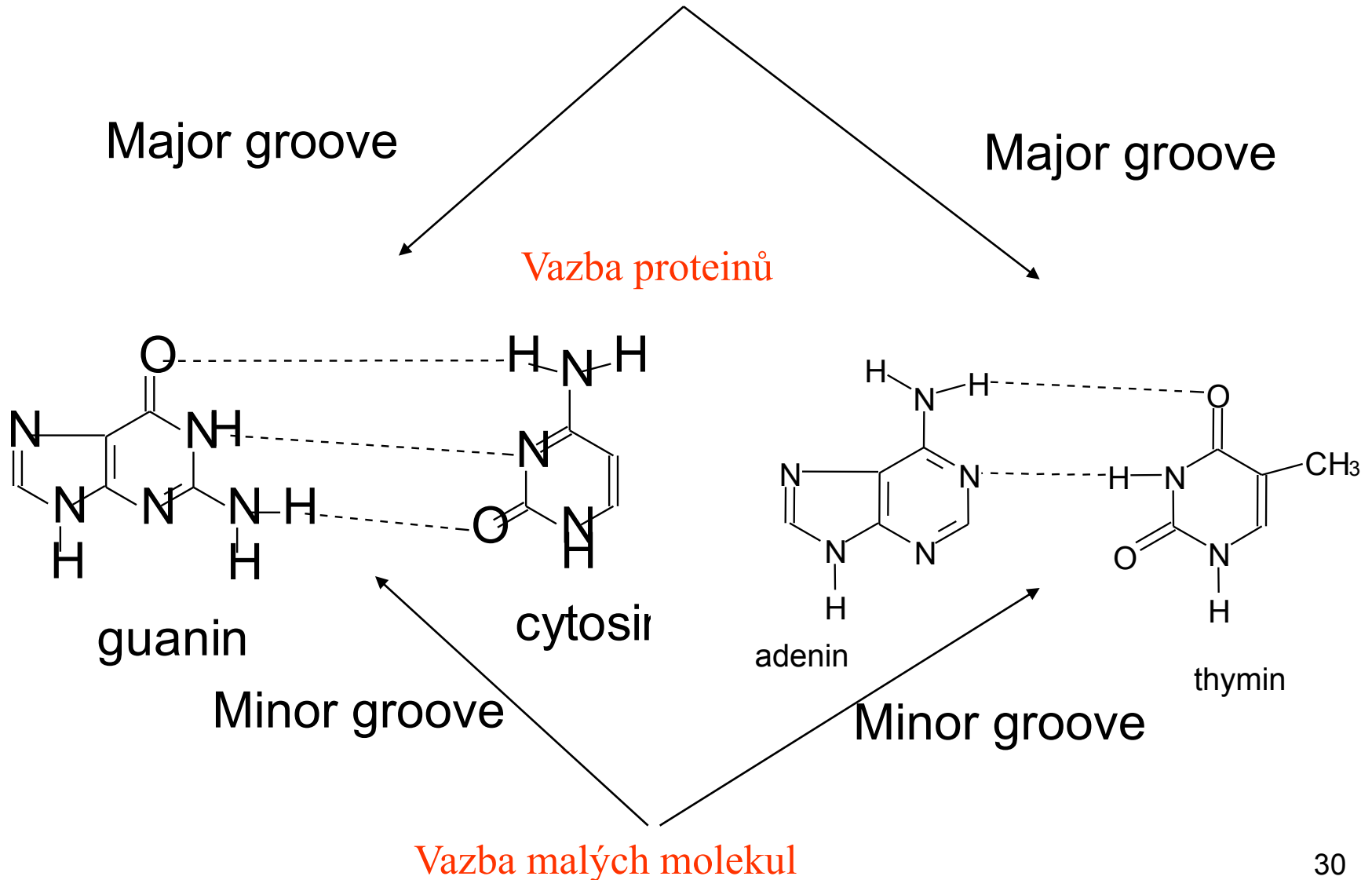
B-forma (nejběžnější, Watson, Crick)

- v buňkách a v roztoku za běžných podmínek
- pravotočivá šroubovice, 10 bází na 360°.
- „páteř“: **deoxyribosa-fosfát**
- **báze** směřují dovnitř, kolmo na osu šroubovice,
- spojení vodíkovými vazbami
- na povrchu dvě rýhy - žlábků nestejně velikosti
(major, minor groove)

Žlábký (groove) ve struktuře B-DNA



Žlábký – místo vazby regulačních molekul



A-forma

- částečnou dehydratací B
- pravotočivá šroubovice, 11 bází na otočku, roviny bází vychýleny o 20°
- vyskytuje se u hybridních DNA-RNA struktur, nebo zdvojených RNA struktur

Z-forma

- **levotočivá šroubovice**

- 12 zbytků na závit,

- „páteř“ zik-zak

- jediný hluboký žlábek

- vznik při vyšší iontové síle nebo methyloci bází

(kontrola a regulace genové exprese methylocí)

- vyskytuje se vždy pouze v určitém úseku DNA

- tvorba Z-formy z B formy vede k rozvíjení

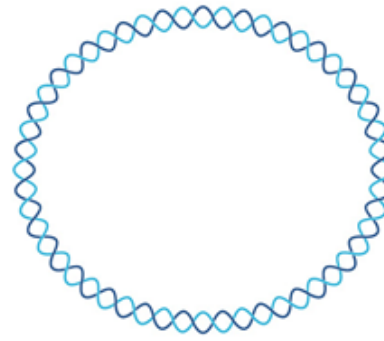
dvojitého helixu (má patrně roli při kontrole transkripce)

Minor Groove

Major Groove



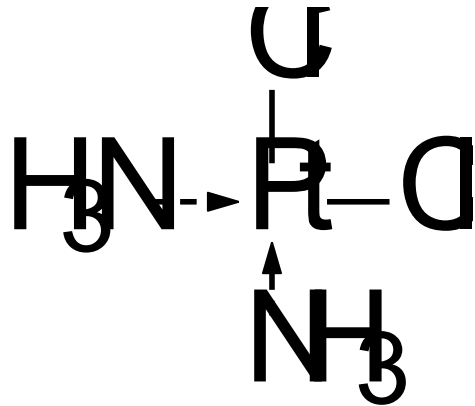
Kružnicová DNA



- viry, plasmidy, prokaryontní chromosomy, chromosomy mitochondrií
- dvoušroubovice a opačná polarita řetězců jsou zachovány, nejsou volné 3' - a 5' - OH skupiny
- často superstáčení
- může být i jednovláknová



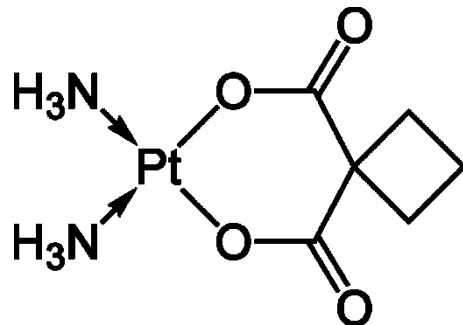
Protinádorové léky mohou měnit tvar DNA



Cis-platina

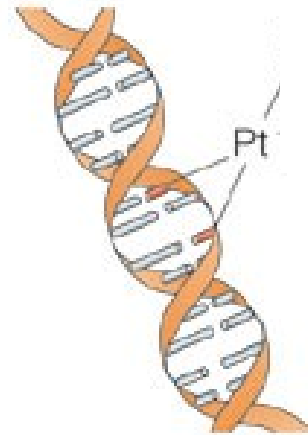
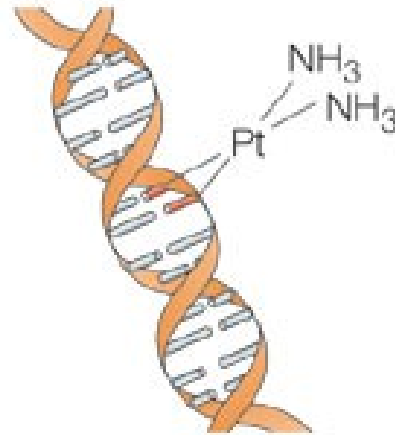
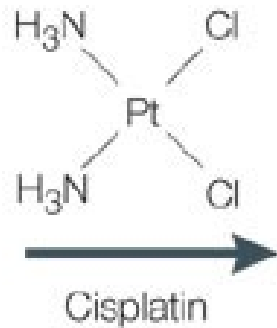
(cis-diammin-dichloroplatina (II))

Atomy chloru jsou nahrazeny dusíky bází, lék se váže na DNA, mění její prostorovou strukturu. Dochází k lomení řetězce, je zabráněno replikaci, nastává apoptóza.

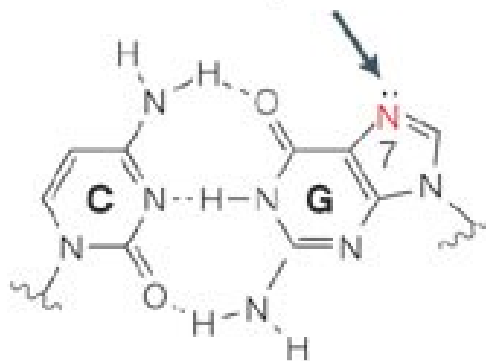


Nověji též karboplatina

Působení cis-platiny



Guanine N⁷ position

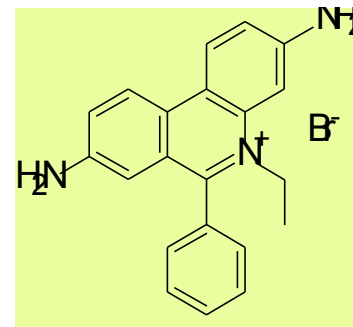
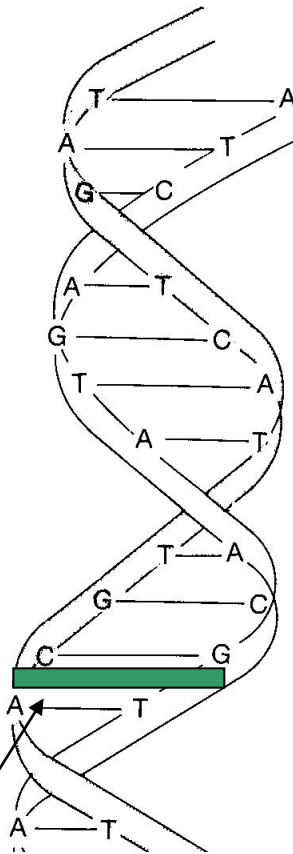
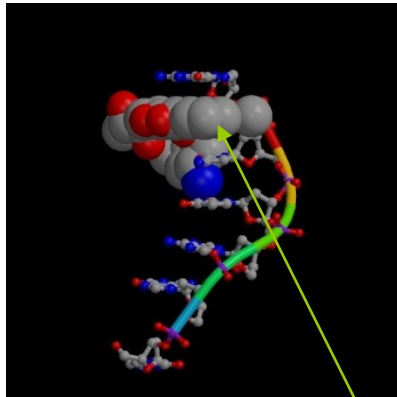


Replication inhibition
Transcription inhibition
Cell-cycle arrest
DNA repair
Cell death

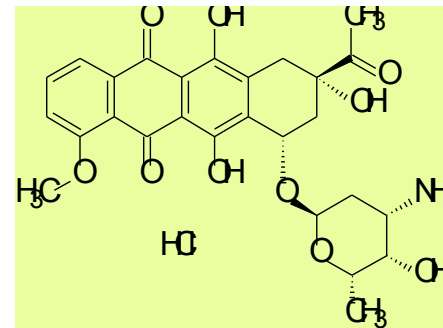
Interkalace

- vmezeření mezi báze DNA

Interkalující molekuly mají planární charakter



Ethidium bromid



Daunorubicin

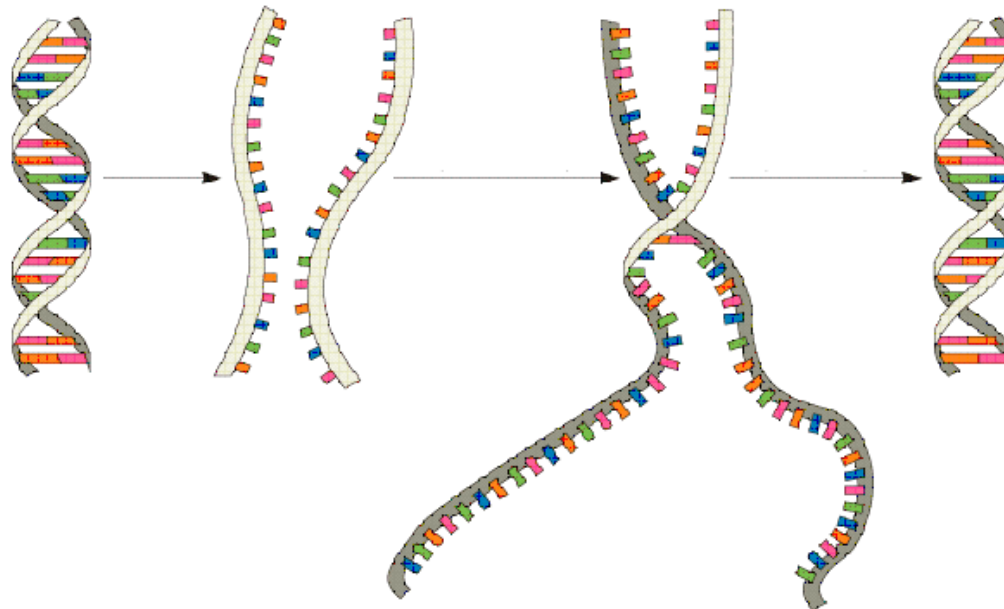
Interkalace cytostatika do dvojité šroubovice DNA.

Struktura DNA je tím narušena a dochází k poruchám při transkripci a replikaci (např. doxorubicin, daunorubicin – protinádorové léky)

Těž barvení DNA (ethidium bromid).

Denaturace a renaturace DNA

- Dvouvláknová DNA je nativní formou DNA
- Přeměna na jednovláknovou formu - **denaturace**
- Denaturace probíhá jen in vitro
- Dochází k přerušení vodíkových můstků mezi bázemi
- Zpětná přeměna jednovláknové DNA do dvoušroubovice - **renaturace**



Vlivy vyvolávající denaturaci (tání) = vlivy vyvolávající přerušování H-vazeb

- vysoká teplota
- nízká koncentrace solí (větší odpuzování fosfátových zbytků)
- změna pH
- dvouvláknová DNA s vyšším obsahem G≡C má vyšší odolnost vůči denaturaci

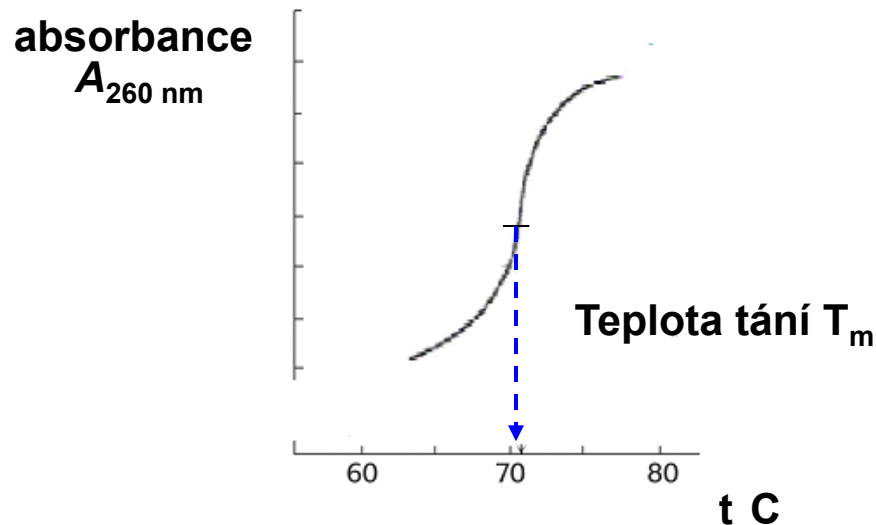
Teplota tání T_m – teplota při níž 50 % DNA je odděleno

Sledování denaturace DNA

- konjugované dvojné vazby v bázích DNA vyvolávají absorpenci roztoku při 260 nm
- absorpance jednovláknové DNA je vyšší než dvouvláknové (hyperchromní posun)



- denaturace DNA může být sledována na základě měření absorpance při 260 nm



Renaturace

- při pomalém odstranění příčin denaturace dojde k obnovení vodíkových můstků mezi bázemi, obnoví se struktura dvoušroubovice (anelace)

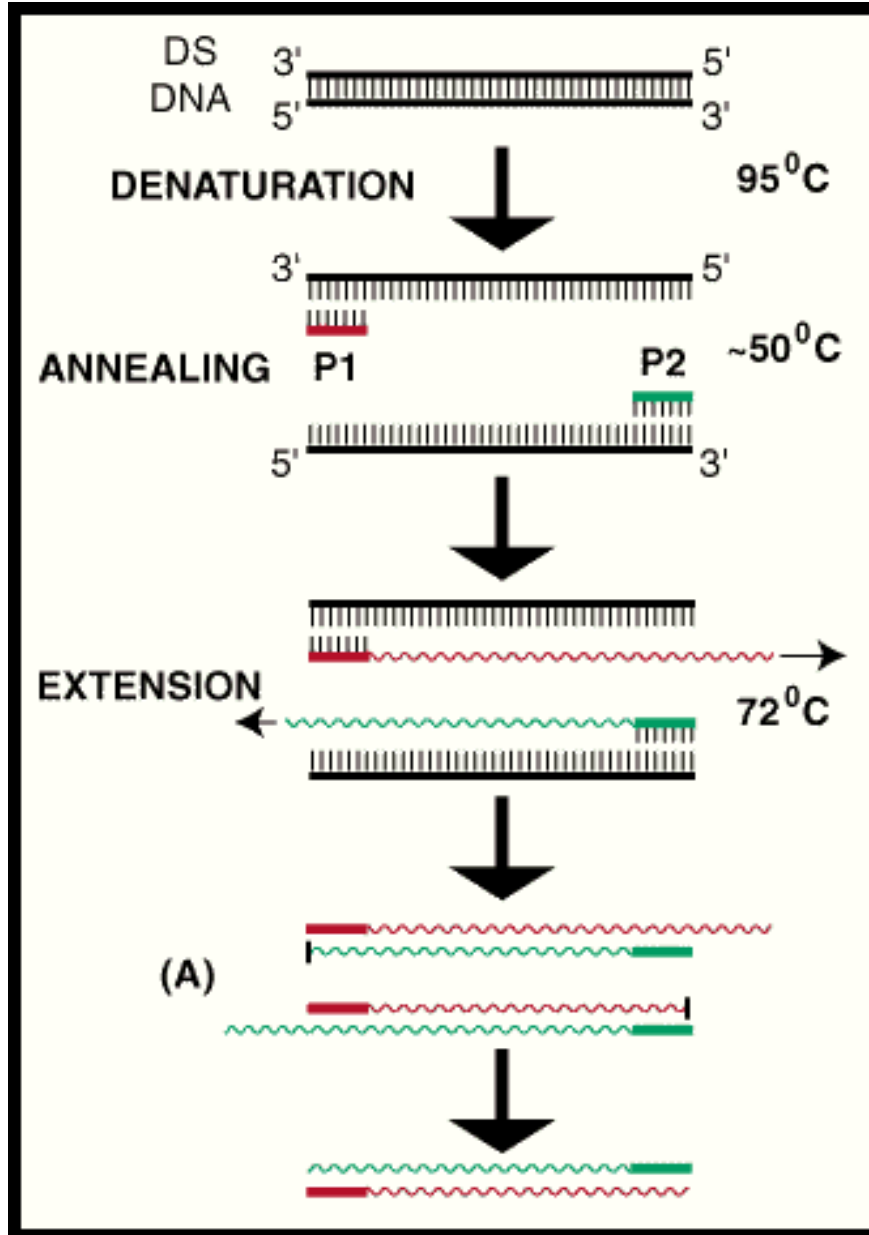
Hybridizace – spojení částečně nebo úplně komplementárních řetězců z různých molekul DNA nebo RNA

In vitro metody hybridizace DNA - diagnostika genetických chorob

PCR metody (polymerase chain reaction)

- selektivní amplifikace malých úseků DNA
- využívají oligonukleotidové primery a speciální tepelně odolnou DNA polymerázu (Taq polymeráza), která byla izolována z termofilní bakterie *Thermus aquaticus*
- opakování tří dějů - denaturace, hybridizace (anelace), polymerace
- probíhá v termocyklerech (viz praktická cvičení z Biologie)

Schéma PCR



DNA je matricí pro

transkripci (přepis)

replikaci

syntéza RNA

syntéza dceřinné molekuly

DNA

matricí je templátový
řetězec

matricí jsou obě vlákna

Velikost DNA x velikost buňky

Eukaryotická buňka = 20 μm průměr

jádro = 5 – 10 μm

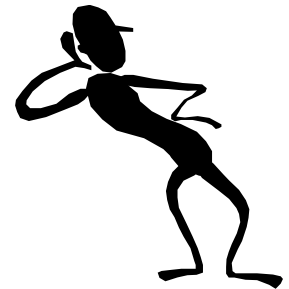
Lidská haploidní b. = 23 chromosomů = 3×10^9 párů bází

1.3×10^8 párů bází/ chromosom

1 pár bází v B formě - 0.34 nm \rightarrow 1 chromosom = 5 cm

23 chromosomů = 115 cm

Diploidní b. = 46 chromosomů = 2 m délka !!!



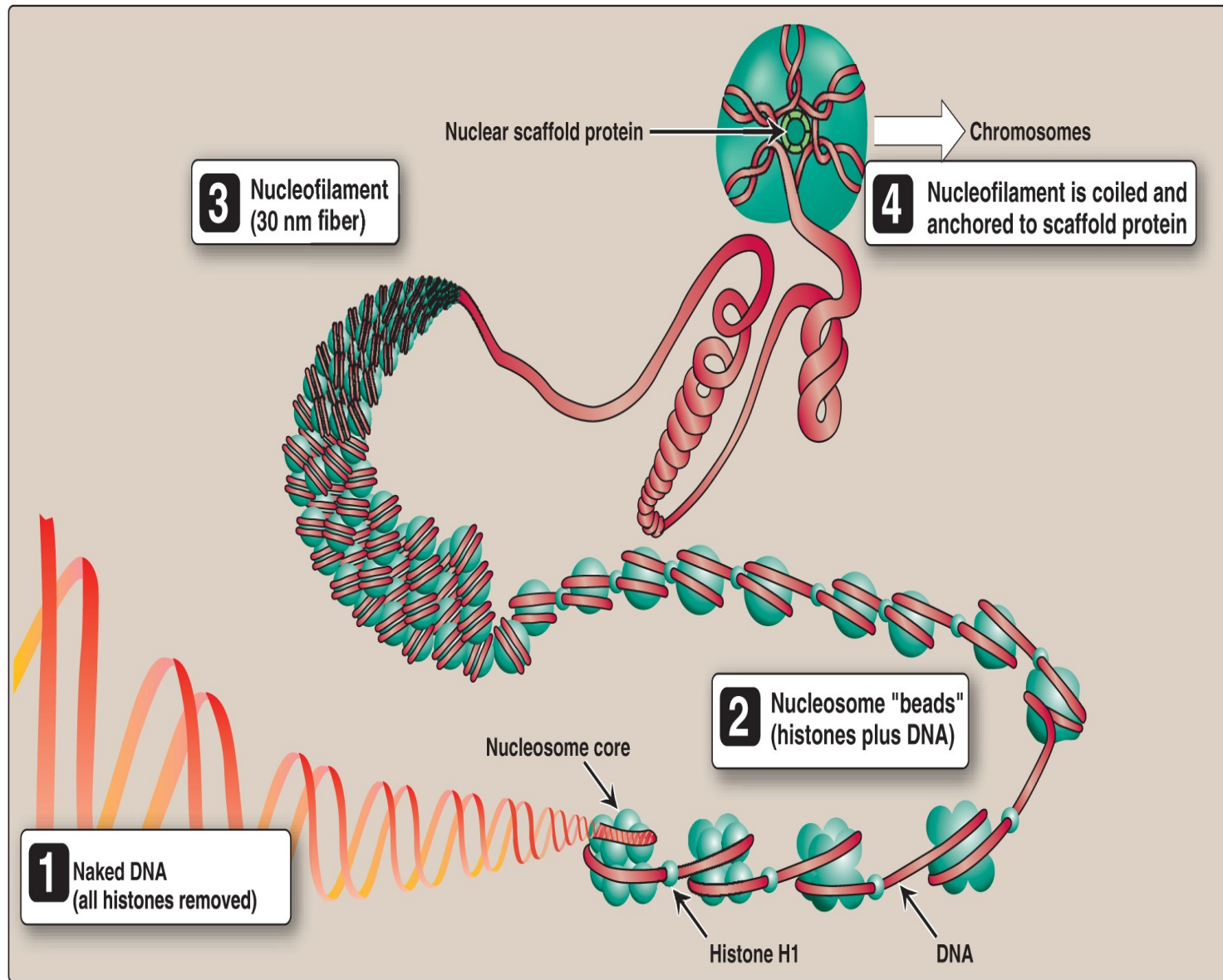
??? Jak se DNA může směstnat do jádra ?

Vyšší struktury DNA

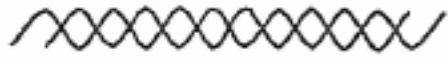
Eukaryontní buňka:

- chromatin - komplex DNA (40 %) a proteinů (60 %)
- základní jednotkou chromatinu je nukleosom

Úrovně struktury eukaryontní DNA



Nukleosomy



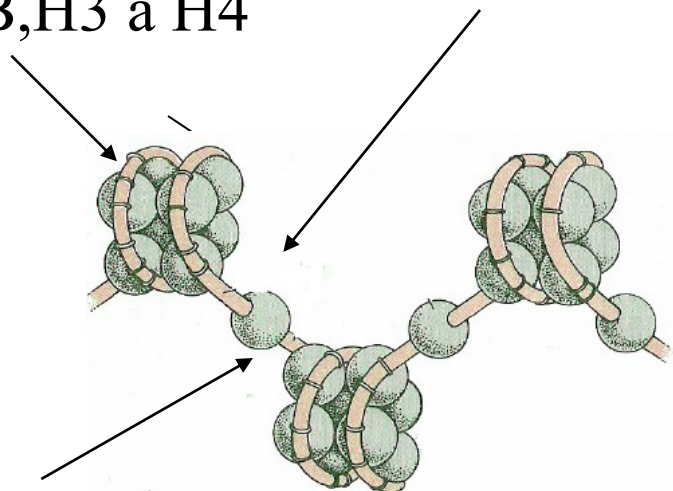
Stočení dvou závitů dihelixu DNA (≈ 140 bází) kolem oktameru histonu
zkrácení molekuly DNA na $1/3$

oktamer histonů

H2A, H2B, H3 a H4

spojovací úsek DNA (≈ 60 bází -
„volná DNA“ - linker DNA)

histon H1



Histony:

bazické bílkoviny, vysoce konzervovaná struktura

≈ 100 AK, 25% Lys a Arg

Kladně nabitě skupiny Lys a Arg reagují se záporně nabitými fosfáty

Typy: H1, H2A, H2B, H3 a H4

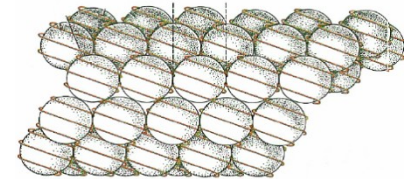
Úrovně kondenzace DNA

Viz též přednáška 3 Biologie 1

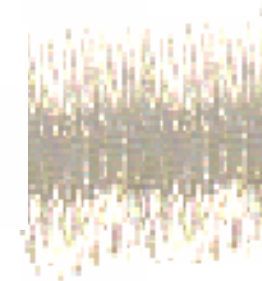
- dvoušroubovice DNA obtočená kolem nukleosomu - „koráلكová“ forma – vlákno 10 nm



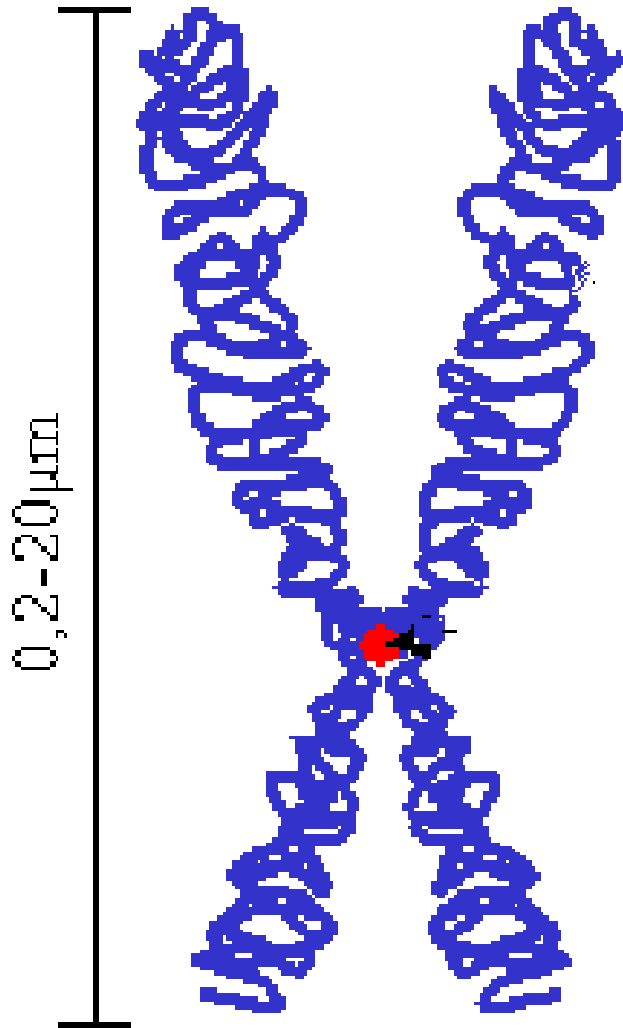
- z kondenzovaných nukleosomů - vlákno 30 nm



- kondenzace vláken do smyček (tyčinky 250 nm)



- Smyčky (20 000-80 000 párů bází) jsou v jádře zakotveny k podpůrné matrix (nebazické proteiny) 800 nm



Kondenzace chromozomů v metafázi

Viz též přednáška 3 Biologie 1

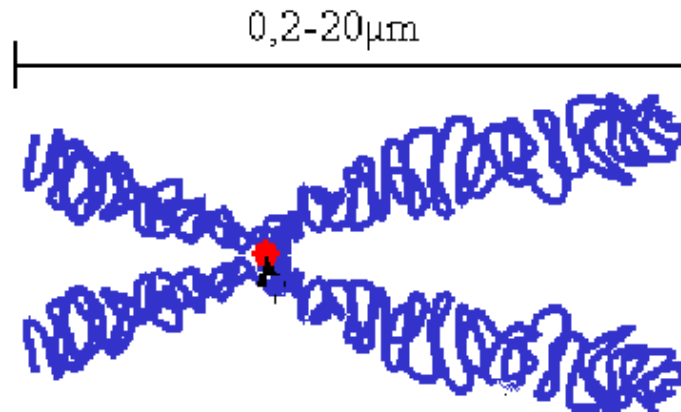
Míra kondenzace DNA

Metafáze – maximální kondenzace chromozomů, funkčně inertní DNA

Interfáze – funkční, méně kondenzovaná forma DNA

euchromatin - transkripčně aktivní, rozvolněn

heterochromatin - zůstává kondenzován



Struktura chromatinu je regulována kovalentními modifikacemi histonů a DNA

- Acetylace lysinových řetězců v histonech – destabilizuje strukturu chromatinu a podporuje transkripci
- Methylace některých lysinových řetězců v histonech - podporuje kondenzaci chromatinu

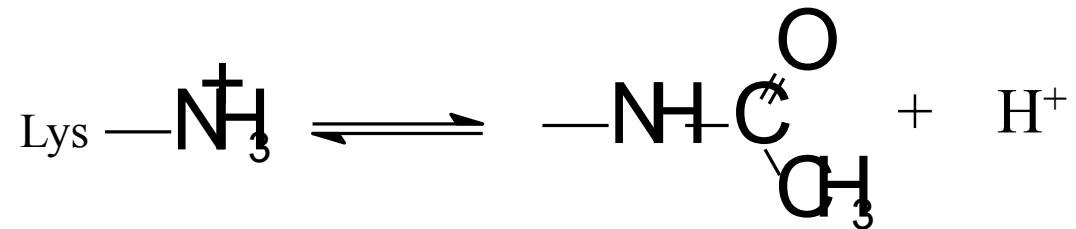


následkem je změna prostorové struktury, rozvolnění zkomprimovaných korálků, což zpřístupní geny na částečně rozpleteném úseku.

- Methylace argininových a některých lysinových řetězců – destabilizuje strukturu chromatinu
- Fosforylace serinových řetězců v histonech - ? Je charakteristická pro mitosu a meiosu
- Methylace cytosinu v DNA podporuje kondenzaci

Příklad: modifikace histonů acetylací a deacetylací

Histon-acetyltransferasa katalyzuje acetylaci lysinu
Tím je eliminován kladný náboj na dusíku a zeslabena interakce mezi histonem a negativně nabitou DNA (fosfáty)



Histondeacetylasa obnovuje pozitivní náboj na histonu a zesiluje interakci mezi DNA a histonem

Eukaryontní jaderná DNA

DNA kódující proteiny (~3 %)

Negenová DNA

introny

regulační sekvence

DNA kódující t- a r-RNA, histony

opakující se (repetitivní) DNA

*pseudogeny

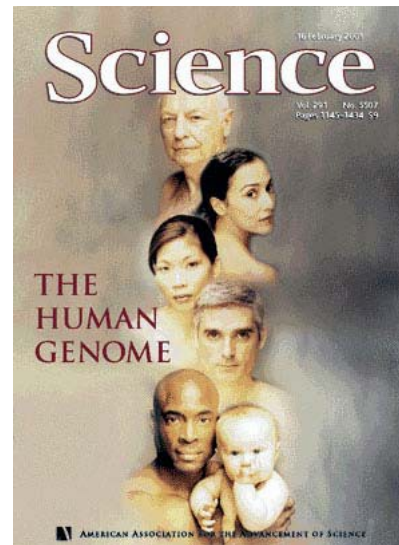
Lidský genom

Lidský jaderný genom (projekt HUGO = Human Genome Organization, zahájení 1990)

První sdělení 2001, zpřesnění 2004, 2006



**Celera Genomics
(Venter), 2001**



**Mezinárodní
Konsorcium, 2001**

Lidský genom

$\approx 3 \cdot 10^9$ párů bází (23 chromosomů)

průměrný gen – 30 tisíc nukleotidů

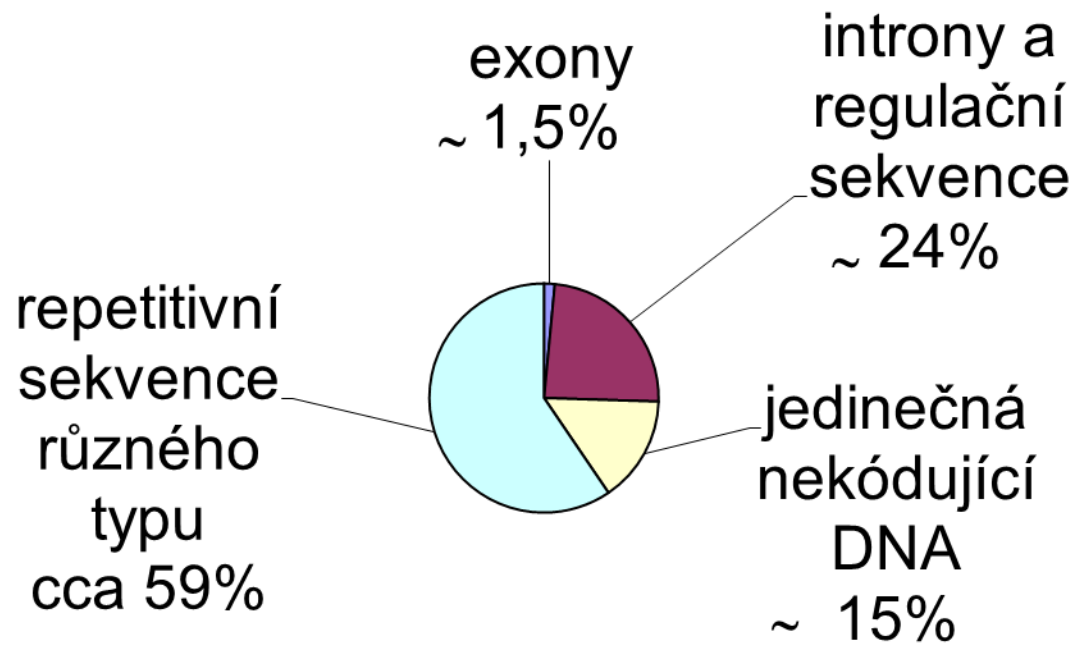
$\approx 20\,000$ genů

Rozmístění genů v genomu není rovnoměrné

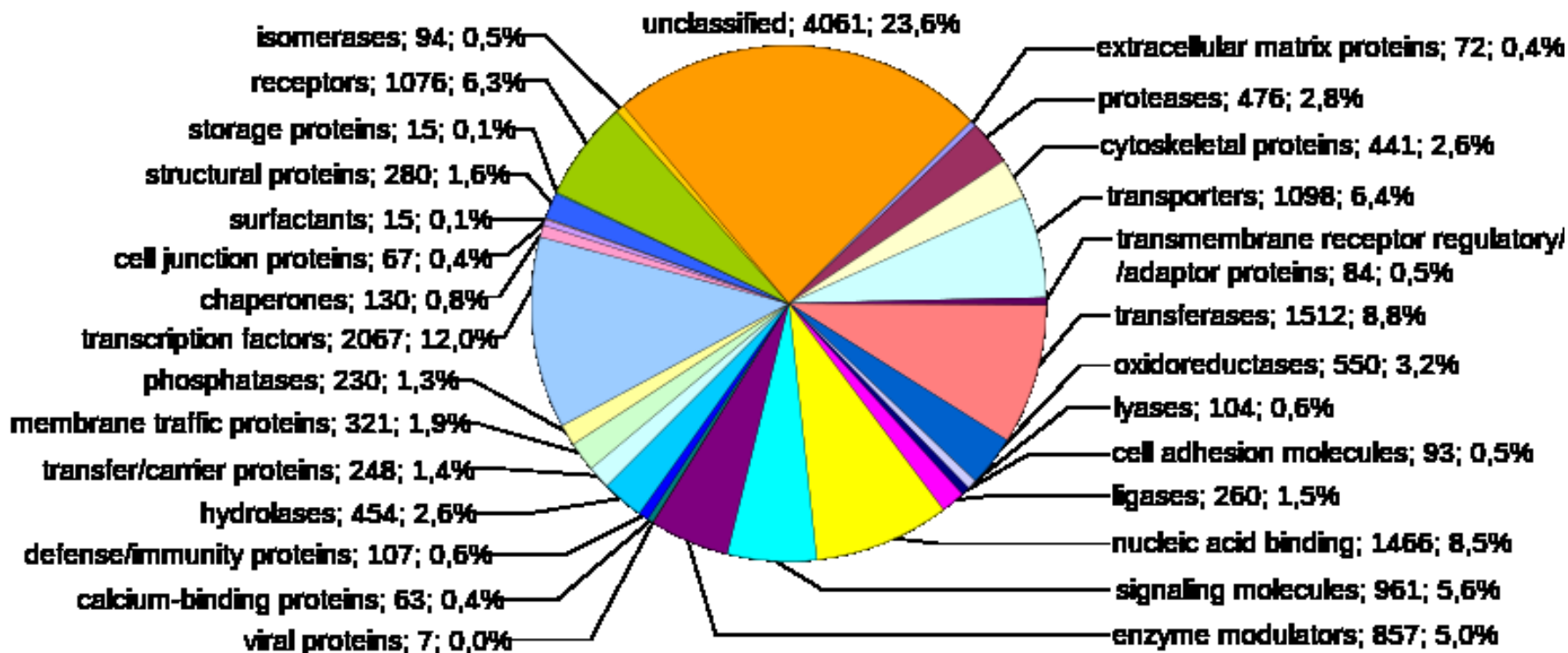
(chromosom 1 ~ 3000 genů, chromosom Y ~ 230 genů)

> 97 % lidské DNA je negenová DNA

Organizace lidského genomu



Lidský genom dle funkce proteinů



Introny a exony v lidské DNA

Exony – úseky DNA kódující protein – pouze 1,5%

Introny – nekódující úseky DNA mezi exony, které jsou přepsány do mRNA a po té vystřiženy (junk DNA)

Lidský genom - v průměru 8,8 exonů a 7,8 intronů na 1 gen (variabilní pro různé geny, 1-178 exonů)

Průměrná délka exonu 145 bp, introny podstatně delší

Nejdelší známý gen (dystrofin) obsahuje 2,4 milióny nukleotidů kóduje protein obsahující 3.685 aminokyselin.

Gen pro titin má nejdelší kódující sekvenci (80 780 bp), největší počet exonů (64) a nejdelší jednotlivý exon (17 106 bp)

Pseudogeny

Pseudogeny - inaktivní kopie kódujících genů, vytvořených genovou duplikací, které se staly inaktivními v důsledku naakumulovaných mutací

V lidském genomu je velké množství pseudogenů, na některých chromozomech je jejich počet téměř stejný jako funkčních genů

Tandemově zmnožené geny

Vícečetné kopie genů – zejména pro rRNA (~200 kopií), tRNA, histonové geny (20 kopií)

Jednotlivé kopie následují jedna za druhou na určitém místě v genomu

Význam repetitivního uspořádání: větší produktivita transkripce

Repetitivní DNA

Opakující se sekvence 2 – několik tisíc párů bází

Hlavně u eukaryontů

V závislosti na druhu 3-80% DNA

Tandemová repetitivní DNA:

makrosatelitní DNA,

minisatelity (10-60 nukleotidů)

mikrosatelity (<10 nukleotidů),

telomerické repetice

Rozptýlená repetitivní DNA (mobilní elementy v genomu):

SINES (short interspersed nuclear elements),

LINES (long interspersed nuclear elements) – zejména

Alu sekvence;

DNA u prokaryontů

DNA je v cytoplazmě.

Jediný chromozom, nejsou histony

Dvouvláknová DNA je kruhová

Dochází k superstáčení DNA

– interakce s HU a H-NS proteiny, polyaminy (spermin, spermidin, putrescin, kadaverin), RNA a proteiny →
nukleoid

Plasmidy – malé cirkulární chromosomy v bakteriích, kódují určitou vlastnost (není pro danou buňku zcela nezbytná) – např. rezistenci na antibiotika. Jsou replikovány separátně od chromozomální DNA.



Mitochondriální DNA (mtDNA)

- Malá cirkulární dvouřetězcová DNA.
- Cca 1% celkové DNA
- 16569 bp (člověk)
- Typicky 1000-10000 kopií v jedné buňce (2-10 v jedné mitochondrii)
- Koduje část mitochondriálních proteinů a RNA (ribosomální a transferová RNA, 13 proteinů dýchacího řetězce)
- Kromě regulační oblasti D-loop žádné nekódující sekvence
- Genetický kód se mírně liší

UGA – Trp

AGA, AGG – stop kodony

Ribonukleové kyseliny

Ribosomální

Transferové

Mediátorové

Malé RNA

Složení RNA

- cukerná složka : ribosa
- báze: A,G,C,U

není obsažen thymin

častý výskyt modifikovaných bází

poměr mezi purinovými a pyrimidinovými bázemi je rozmanitý

Příklady modifikovaných nukleosidů

1-methyladenosin

2-methyladenosin

7-methylguanosen

inosin

1-methylinosin

N⁶-(Δ^2 isopentenyl)adenosin

5-methylcytidin

3-methyluridin

2'-O-methyluridin

2'-O-methylcytidin

4-thiouridin

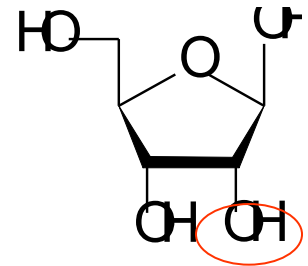
pseudouridin

5,6-dihydrouridin

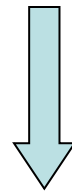
Primární struktura RNA

- sekvence nukleotidů je komplementární k templátovému řetězci DNA, ze kterého byla přepsána
- sekvence nukleotidů je po záměně U za T shodná se sekvencí kodujícího řetězce DNA

Stabilita DNA X RNA



Přítomnost OH v pozici 2' ribosy zvyšuje reaktivitu molekuly



DNA chemicky je stabilnější než RNA (např. zředěný NaOH rozkládá RNA, DNA zůstává stabilní)

význam pro uchování genetické informace v DNA

Sekundární struktura RNA

- molekuly jsou kratší
- přítomnost –OH na 3' –C brání tvorbě stabilních double-helixů
- zpravidla jednovláknové
poměr A/U \neq G/C
- výskyt dihelikálních struktur (stopky a smyčky)
- párování: A-U, C-G (U-G)- neperfektní párování

Terciární struktura RNA

- prostorové uspořádání molekul RNA
- vzájemná interakce mezi různými částmi molekuly – vodíkové vazby, van der Waalsovy síly
- interakce s proteiny

Syntéza RNA

- vznik transkripce DNA
- vznikají primární transkripty – prekursorové RNA
- úprava primárních transkriptů sestřihem a dalšími modifikacemi

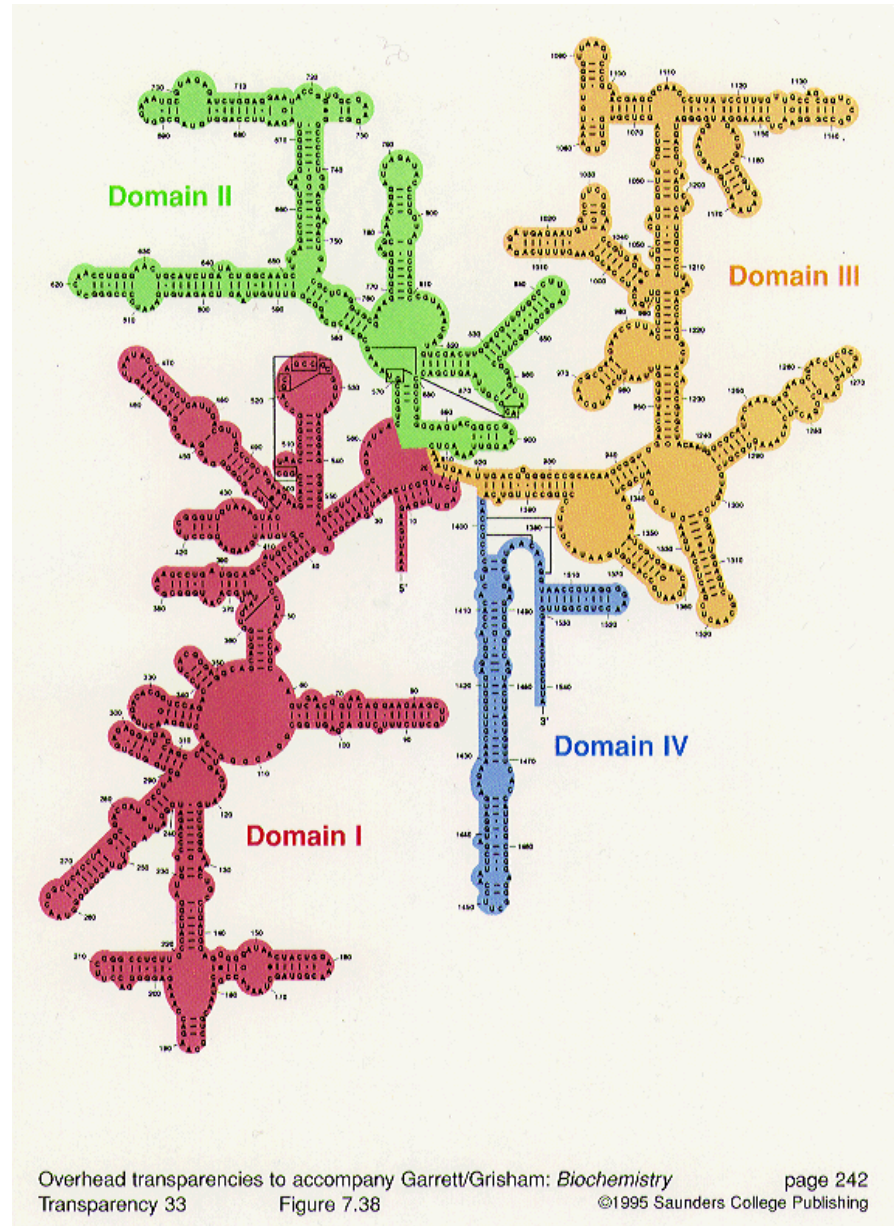
Ribosomová RNA

- součást ribosomů (komplexy proteinů a RNA)
- 2/3 hmotnosti tvoří RNA
- až 80 % celkové RNA
- 100-5000 nukleotidů, až 50 % helikální struktury
- typy ribosomů u eukaryontů a prokaryontů jsou rozdílné
(k charakterizaci odlišností se používá hodnota
sedimentačního koeficientu v jednotkách S)

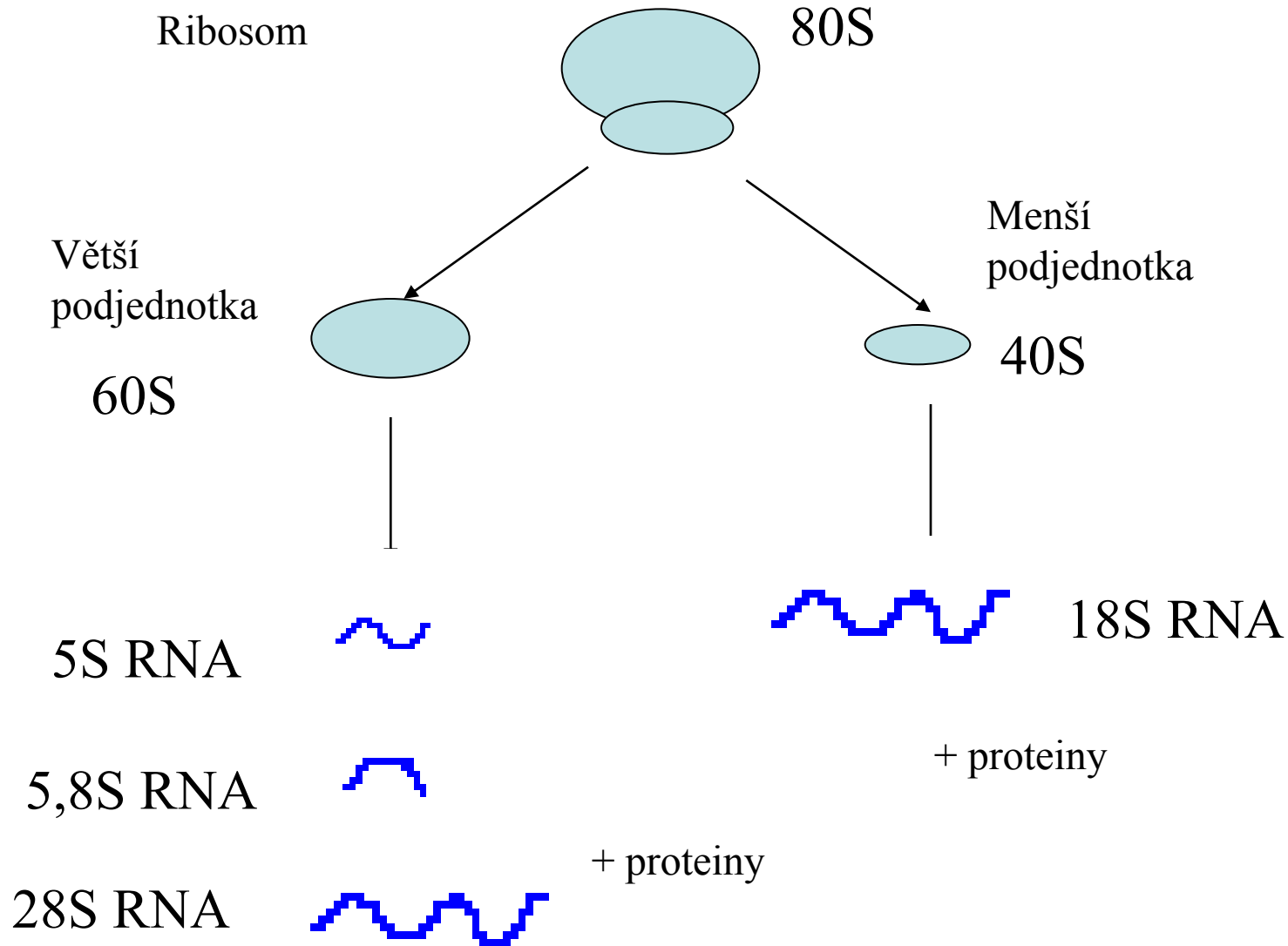
Sedimentační koeficient s – míra rychlosti sedimentace makromolekul v centrifugačním poli s intenzitou $10^{-5}N$. Hodnota závisí na tvaru a velikosti molekuly (viz též biofyzika)

S – Svedbergova jednotka = $10^{-13} s$

16 S RNA



Cytoplazmatická rRNA u eukaryontů



Transferové RNA

- cytoplazma, ribosomy (mitochondrie)
- 10-15 % celkové RNA
- ≈ 80 nukleotidů (7-15 % minoritní báze),
- vznik z prekurzorových molekul, úpravy nukleasami
- sedimentační konstanta $\approx 4S$
- transportují aminokyseliny na ribosomy
- každá buňka má nejméně 20 různých tRNA

Sekundární a terciární struktura tRNA

- tvorba smyček a ramének

raménka jsou tvořena na základě spárování komplementárních sekvencí

- spárována je asi polovina nukleotidů
- projekce sekundární struktury připomíná jetelový trojlístek
- terciární struktura prostorově tvar L
vodíkové můstky, interakce aromatických jader

Sekundární struktura RNA

3'-konec (není spárován),
 akceptorová stopka
 připojení AK esterovou vazbou k 3'-OH
 ribosy

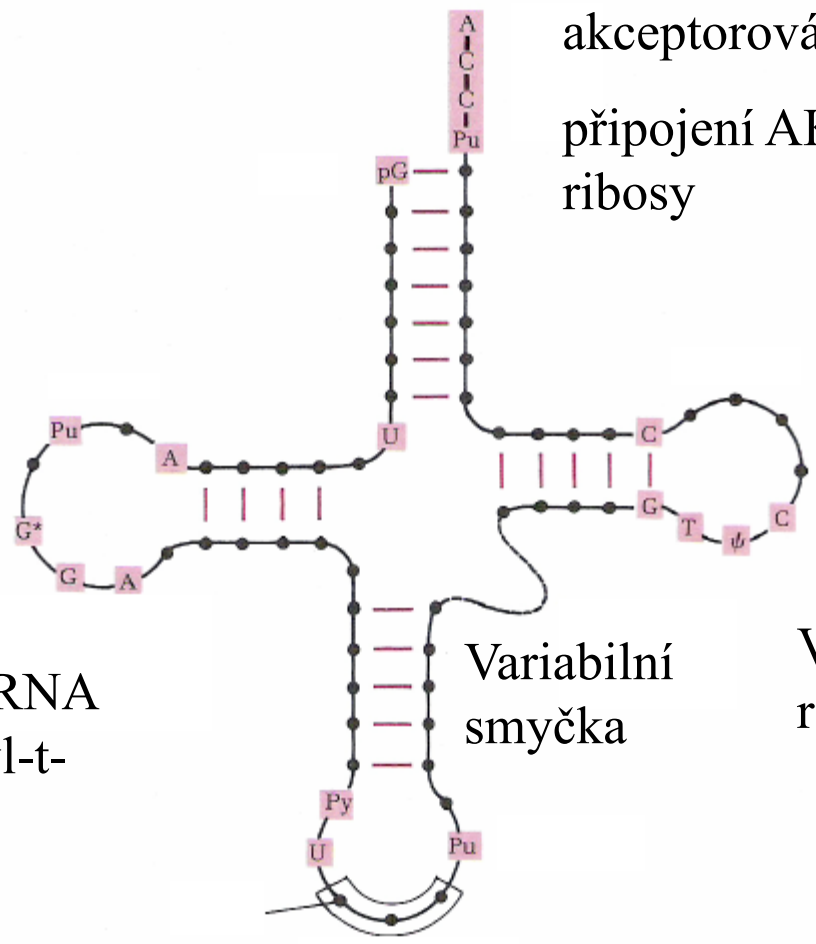
D-smyčka
 (dihydrouracil)

T-smyčka
 (TΨC)

Rozpoznání druhu t-RNA
 při syntéze aminoacyl-t-
 RNA

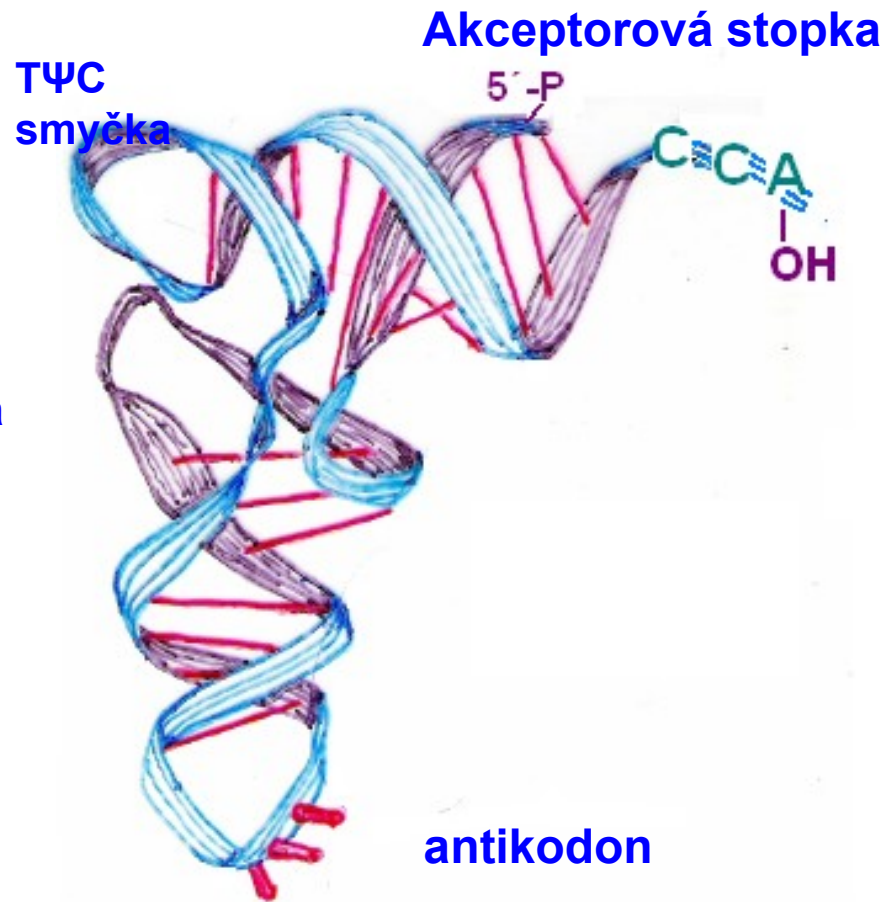
Variabilní
 smyčka

Vazba na povrch
 ribosomu

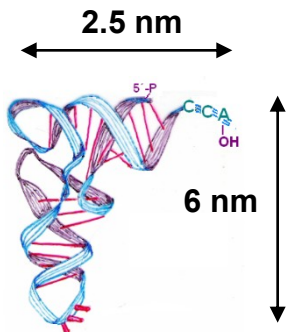


antikodon

Prostorové uspořádání tRNA

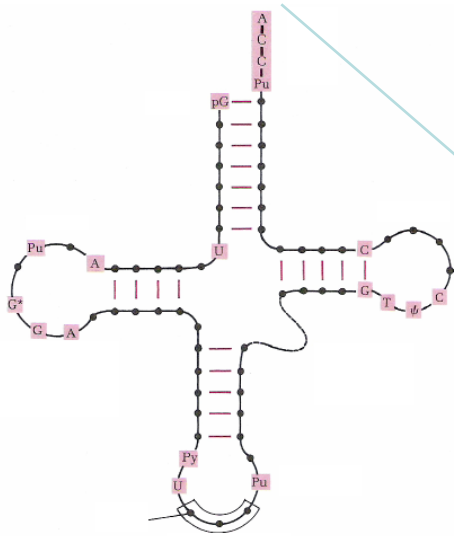
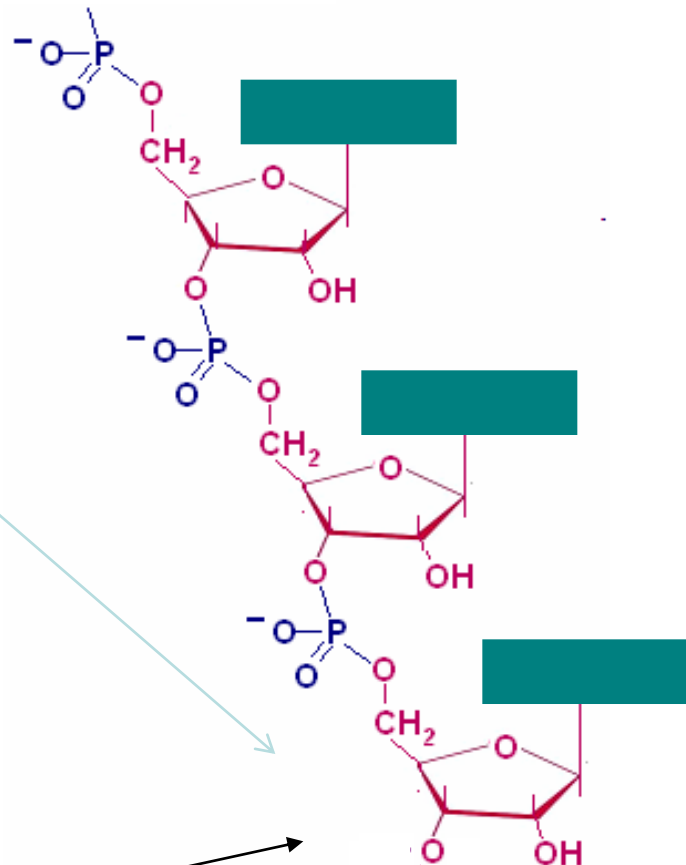


Párování bází mezi
T- and D-smyčkou



Vazba AK na 3'-konec transferové RNA

tRNA (akceptorová stopka)



Esterová vazba mezi -
COOH aminokyseliny a 3'-
OH ribosy

3'-OH
konec

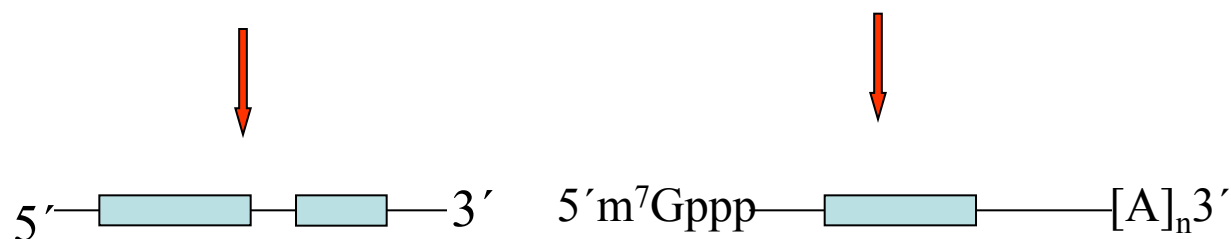
Mediátorová RNA (informační, messengerová)

- 5-10 % RNA
- výsledek transkripce genů – proměnlivá velikost
- každá aminokyselina je kódována tripletem bází - kodón
- speciální kodóny: AUG (počáteční)
UAA, UAG, UGA (terminační)

Rozdíly mezi mRNA eukaryontů a prokaryontů

Prokaryontní x eukaryontní mRNA

Typ RNA	prokaryontní	eukaryontní
Vznik	přepisem DNA	přepisem DNA
Místo vzniku	cytoplasma	jádro
Primární transkript	konečný transkript	hn RNA
Charakter transkriptu	polycistronická	přepis jediného genu
Úpravy	nejsou	čapka, poly A, sestřih



Kódující oblast mRNA

Úpravy eukaryontní mRNA

- prekursorem mRNA je hnRNA (heterogenní jaderná RNA) ($M_r > 10^7$). Obsahuje transkripty intronů i exonů.
- transkripty intronů jsou v jádře vyštěpeny- sestřih (excision), vyštěpené úseky spojeny (splicing),

$$M_r \approx 10^6$$

Malé RNA

- Malé jaderné RNA (snRNA - small) – působí při zpracování mRNA a regulaci genů (U1,U2,U4,U5,U6 ad.)
- MikroRNA (miRNA) a malá interferující RNA (siRNA) – působí při regulaci genové exprese (tlumí aktivitu genu)

Ribozymy – RNA s katalytickou funkcí

Ribozymy

- molekuly RNA s katalytickou aktivitou
- obecně analogy bílkovinných enzymů
- aktivní v několika základních reakcích metabolismu RNA a syntézy bílkovin
- nejvíce studovány: peptidyltransferasa (katalyzuje tvorbu peptidové vazby v ribosomech) a ribozymy zapojené do štěpení RNA

Nobelova cena za chemii v roce 1989 Sidneymu Altmanovi a Thomasi Czechovi

Thomas R. Cech - Biographical

Grandfather Josef, a shoemaker, immigrated to the U.S. from Bohemia in 1913. My other grandparents, also of Czech origin, were first-generation Americans. My father was and is a physician, my mother the homemaker. I was born in Chicago on December 8, 1947.

The safe streets and good schools of Iowa City, Iowa provided the backdrop for the childhood years of my sister Barbara, my brother Richard and myself. My father, who loved physics as much as medicine, interjected a scientific approach and point of view into most every family discussion. I discovered science for myself in fourth grade, collecting rocks and minerals and worrying about how they were formed. By the time I was in junior high school, I would knock on Geology professors' doors at the University of Iowa, asking to see models of crystal structures and to discuss meteorites and fossils.

