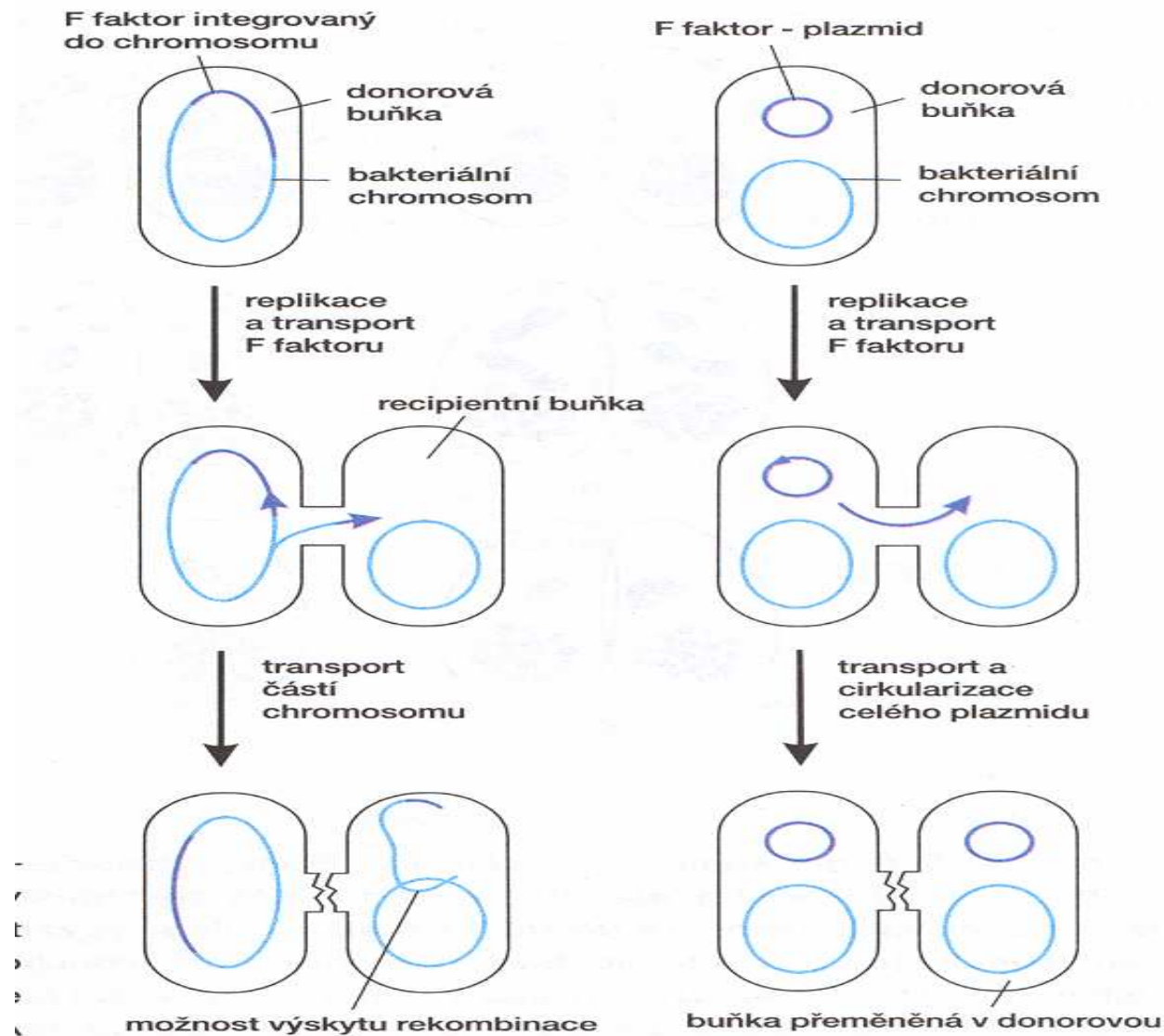


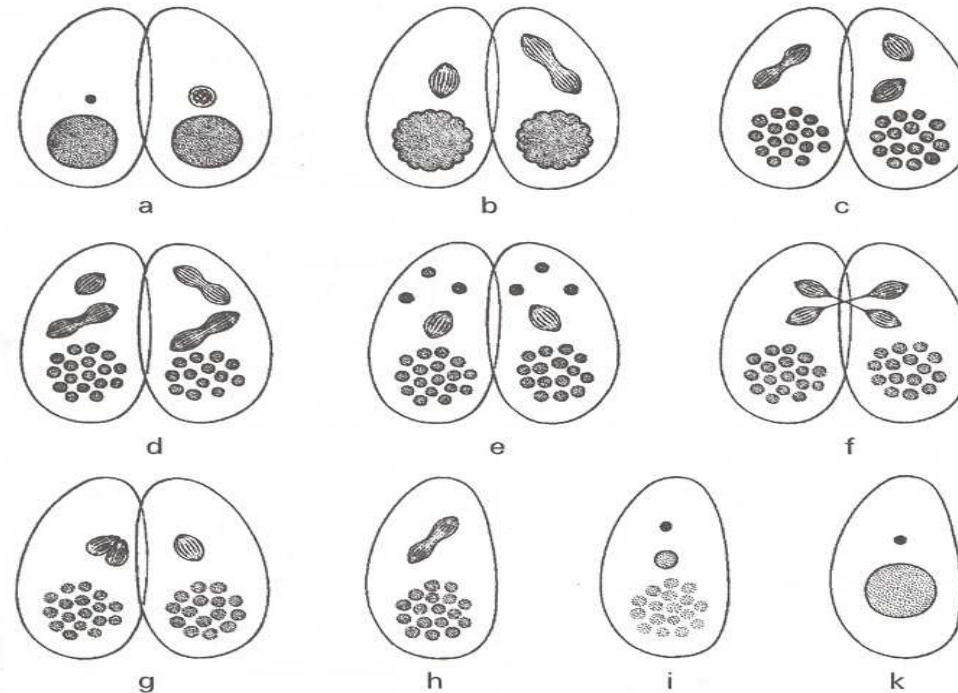
Rozmnožování a sexuální proces

- Nepohlavní rozmnožování - vegetativní, regenerativní reparace, polyembryonie
- Parasexuální procesy u bakterií
- Sexuální procesy u jednobuněčných eukaryont
- Pohlavní rozmnožování

Konjugace bakterií



Konjugace nálevníků



Obr. 254. Schéma konjugace nálevníků. Buňky *Paramecium caudatum* opačných mating typů se spojí v oblasti poblíž orálního aparátu. Každá z buněk obsahuje 1 makronukleus a 1 mikronukleus (a), mikronukleus prodělává 1. meiotické dělení (b), makronukleus se začíná rozpadat (c), mikronukleus se dělí 2. meiotickým dělením (d), 3 ze 4 haploidních mikronukleů zanikají (e), zbývající mikronukleus se dělí postmeiotickým dělením ve stacionární (zůstávající v buňce) a migrační (přecházející do partnerské buňky) (f), po výměně migračních mikronukleů dochází k jejich splnutí se stacionárním za vzniku synkaryonu (g), synkaryon se dělí (h), vzniká z něj nový mikronukleus a makronukleus za definitivní rezorpce zbytků starého makronukleu (i) a výsledkem je opět 1 makronukleus a 1 mikronukleus u každého exkonjuganta (k).

Meioza

- Uplatňuje se jen při gametogenezi.
- Buňky se 2x rozdělí, ale replikace DNA proběhne jen jednou.
- Jedná se o dvě po sobě následující dělení:

1. dělení – heterotypické

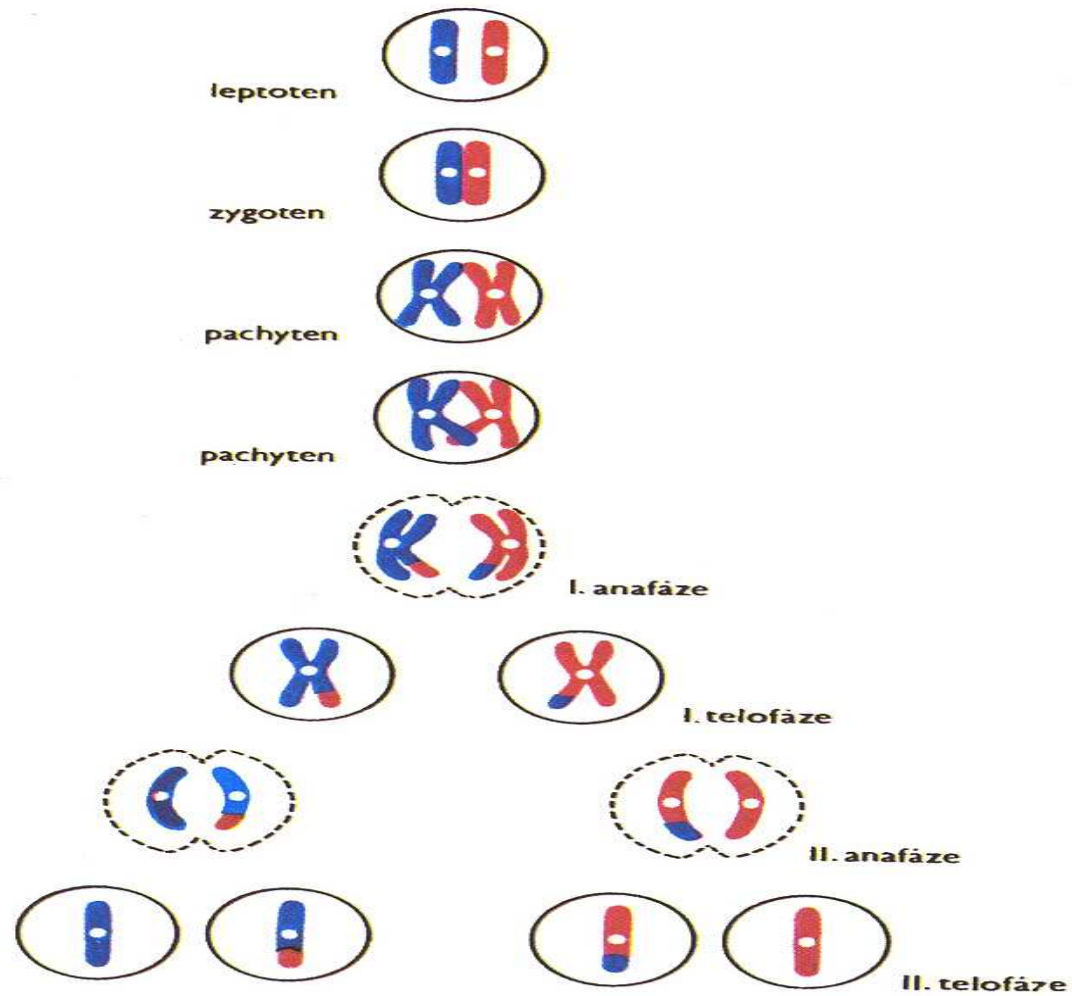
Profáze: Leptoten, Zygoten, Pachyten, Diploten, Diakineze

Anafáze: nedochází k podélnému rozdělení chromozómů v místě centromery, ale chromozómy jdou k pólům dělicího vřeténka celé. Z každého páru odchází jeden homologický chromozóm k jednomu pólu a druhý k druhému. Redukce $2n \rightarrow n$.

2. Dělení – homeotypické

Shodné s mitózou, na počátku je haploidní sada dvouchromatidových chromozómů, v anafázi se rozdělí na jednochromatidové.

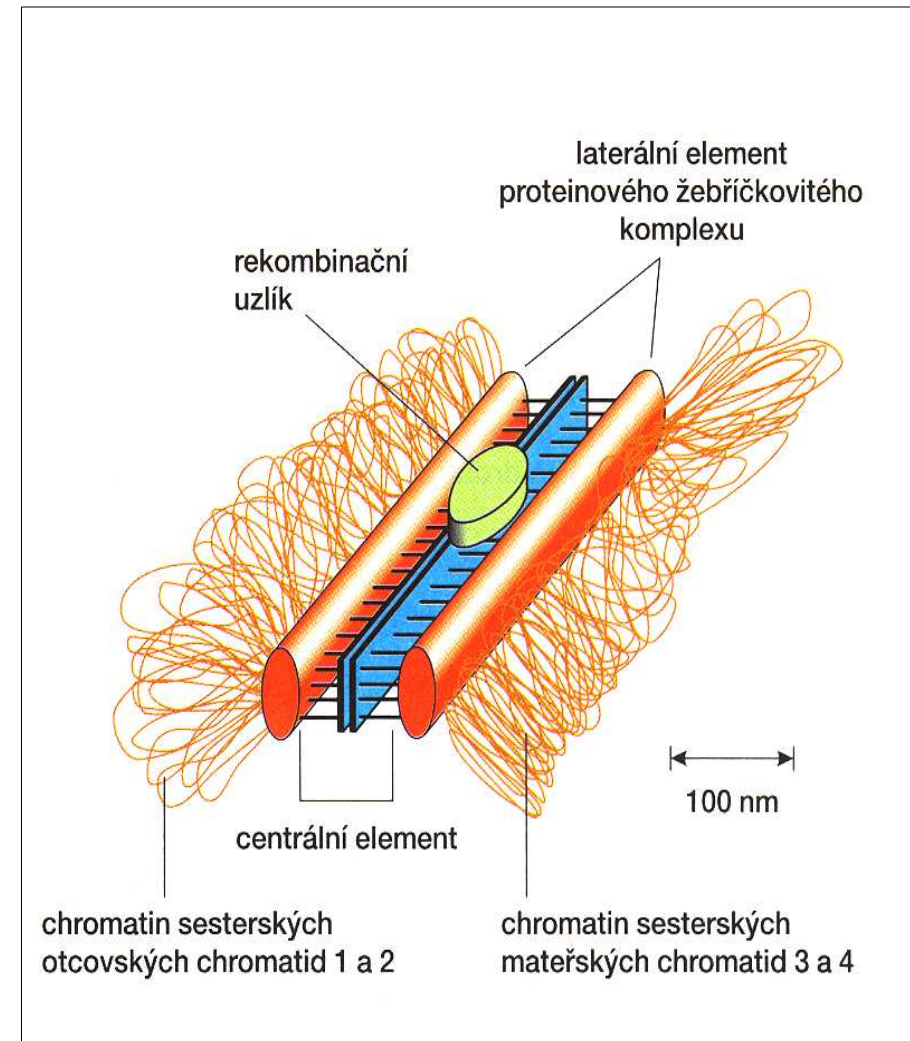
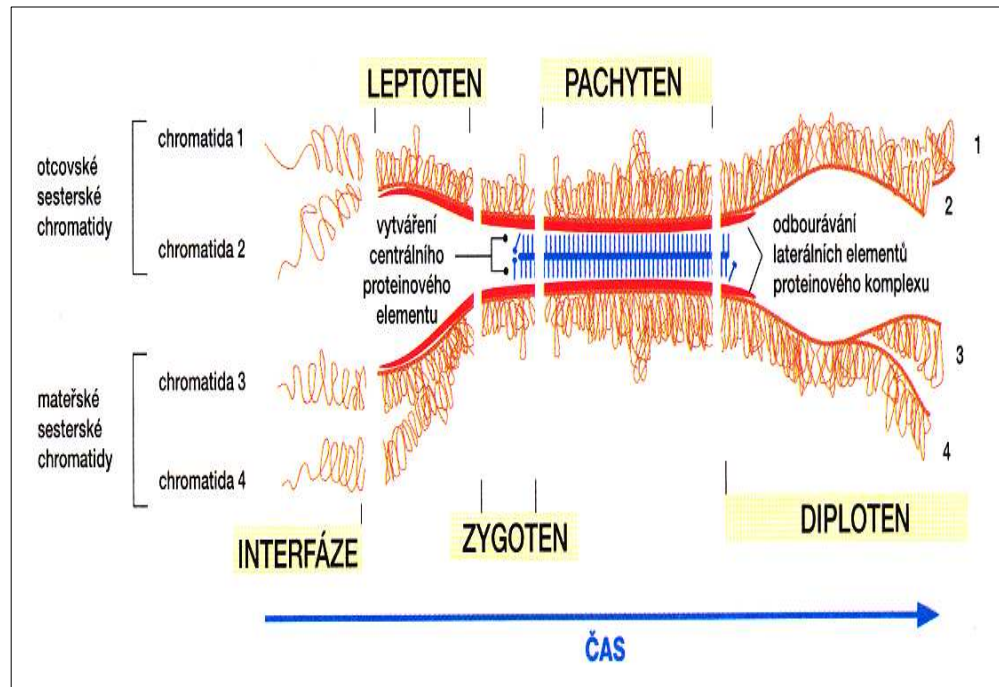
Schématický průběh meiozy:



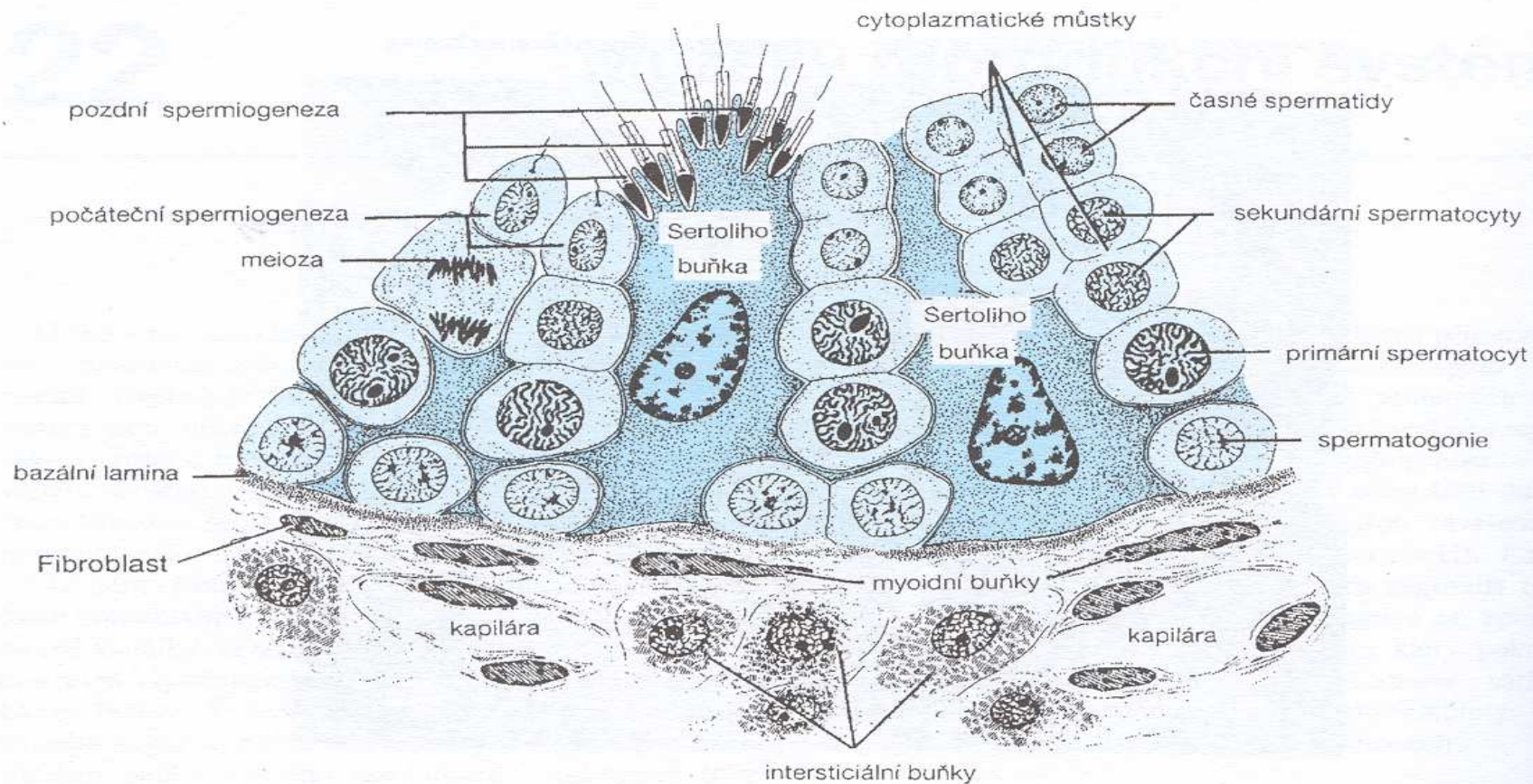
Crossing over = překřížení chromozómů = rekombinace

Kdy: v pachytenu

Kde: v místech rekombinačních uzlíků synaptonemálních komplexů



Spermatogeneze



Obr. 22-3. Schéma stavby části semenotvorného kanálku a intersticiální tkáně. Ve vazivové tkáni nejsou zobrazeny lymfatické cévy.

Exprese genetické informace

- Centrální dogma molekulární biologie (F. Crick) – tok genetické informace:

DNA → RNA → protein

1. **stupeň:** transkripce, vznik „transkriptů“ a posttranskripční úprava
2. **stupeň:** translace a posttranslační modifikace

Genetická informace

- Uložena v molekulách DNA, uchovávána po celý život buňky a předávána do dceřiných buněk při mitóze.
- Prostřednictvím proteinů zajišťuje tvorbu všech typů molekul až na úroveň celého organismu.

Historie objevů:

1865 – Mendel: gen – dědičný element

1911 – Morgan: lokalizace genů do lokusů

1910 – 1941: přesun na molekulární úroveň

1953- Watson, Crick: molekulární struktura DNA

1964 – Nirenberg, Khorana: genetický kód

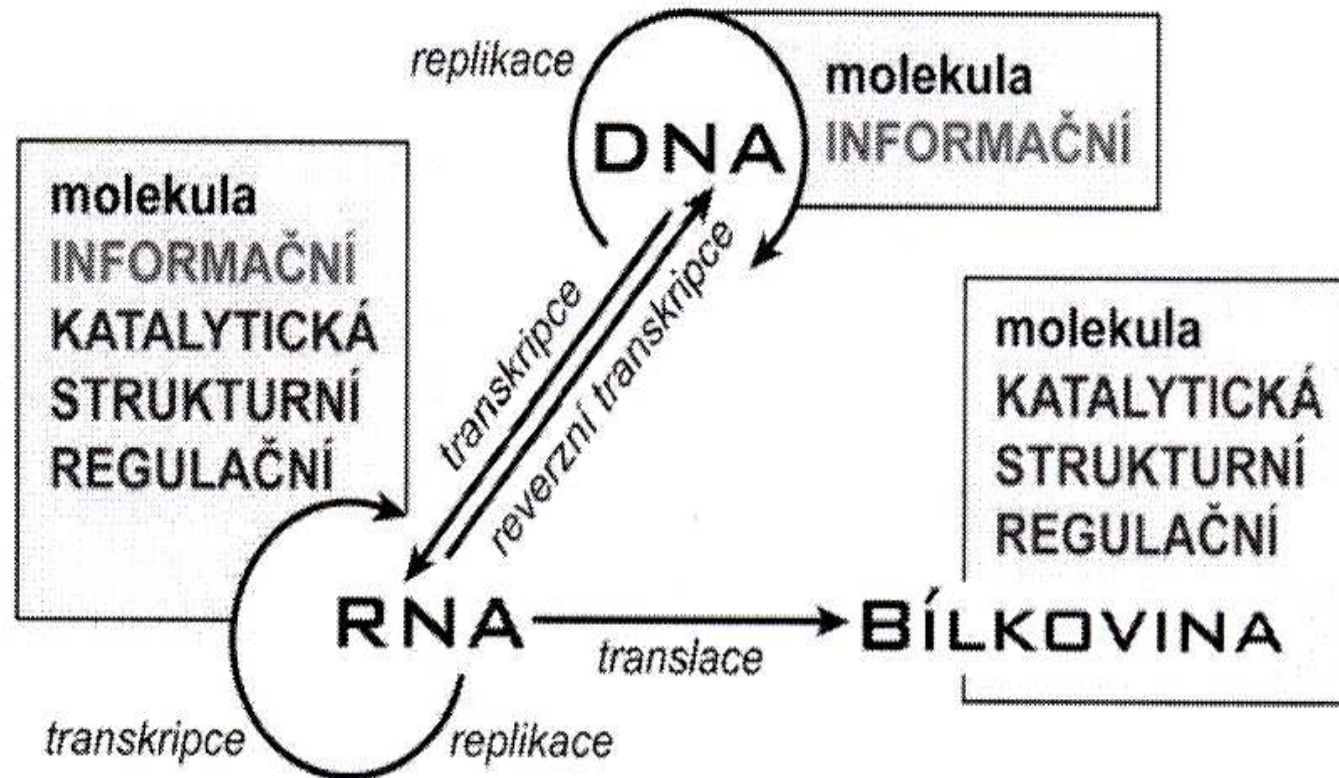
Gen – sekvence nukleotidů, která umožňuje realizaci příslušné biologické funkce

Geny: **strukturní - m RNA, geny pro r, t RNA , geny regulační**

Kodón: jednotka genetického kódu, sekvence tří po sobě jdoucích bází v DNA resp. v RNA (triplet). Jeden triplet kóduje zabudování jedné určité aminokyseliny do polypeptidového řetězce.

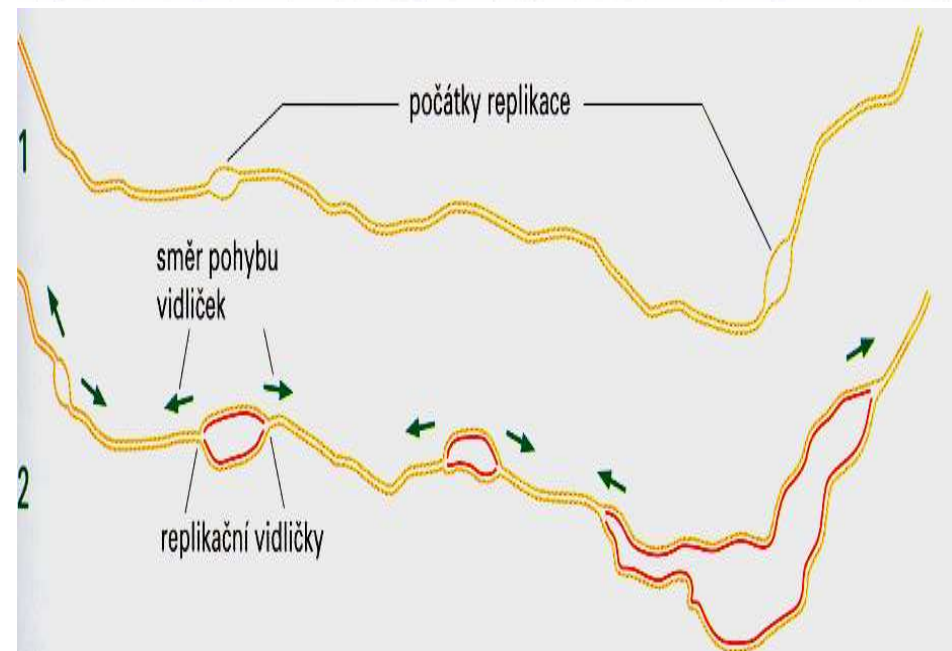
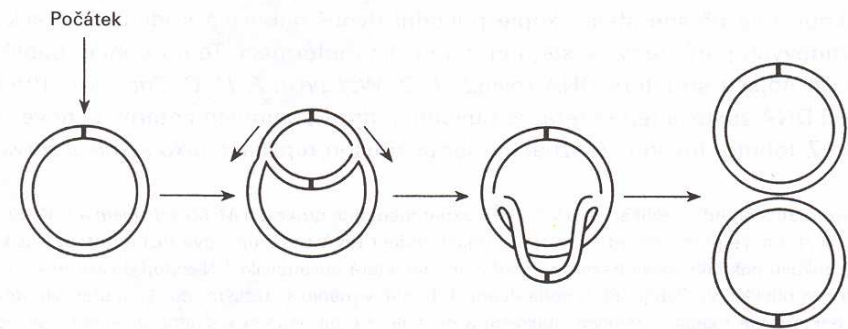
Přenos genetické informace

„ústřední dogma molekulární biologie“



Replikace DNA – zdvojování genetické paměti

- Semikonzervativní způsob replikace – jeden řetězec je původní a druhý, komplementární se nově syntetizuje.
- Objeveno a publikováno – Watson a Crick – 1953
- Replikační počátek – vazba iniciačního proteinu, potom se váží další složky replikačního aparátu. Probíhá na obě strany od replikačního počátku - replikační vidlice.
- Prokaryotické b. – jeden replikační počátek
- Eukaryotické b. – mnoho replikačních počátků



Nukleové kyseliny:

Monomer – nukleotid:

Organická dusíkatá zásada + pentóza + kyselina fosforečná

Nukleozid: zásada (base) + pentóza

Base: puriny – adenin, guanin

pyrimidiny – cytosin, thymin, uracil

DNA – deoxyribonukleová:

Pravotočivá dvojšroubovice, base kolmo k ose, mezi puriny a pyrimidiny se nacházejí vodíkové můstky. Řetězce navzájem komplementární – vyhovují pravidlům o párování basí:

A – T

C - G

RNA – ribonukleová: jednovláknová, párování basí jen kličkách, u virů se vyskytuje i dvouvláknová RNA.

Párování basí: A – U Místo thyminu je uracil
C – G

Podle funkce: ribosomální – r RNA

informační – m RNA

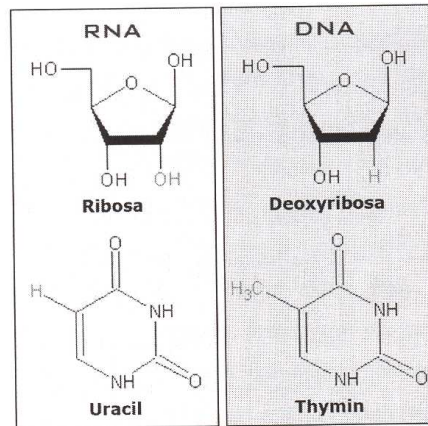
transferová – t RNA

tzv. malé molekuly RNA - regulační funkce

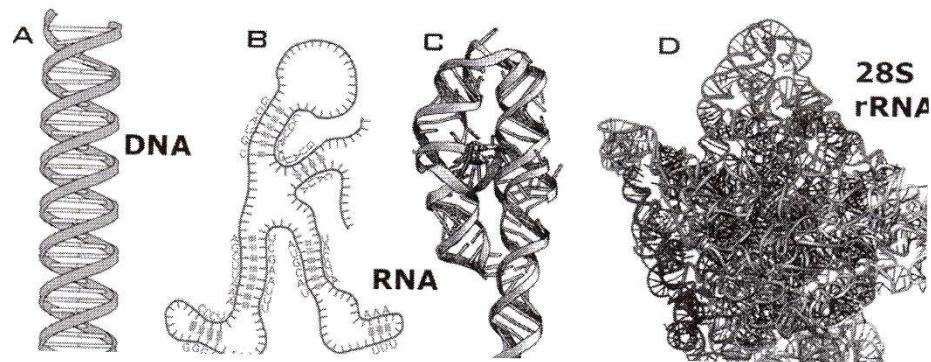
virová RNA

Označení S – Svedbergovy jednotky 70S má RNA o počtu 6 000 basí.

Srovnání molekuly DNA a RNA



V kostře molekuly složené z cukerné složky a fosfátů je v RNA ribosa na místě deoxyribosy a na místě thyminu je uracil



- A – stabilní dvoušroubovice DNA
- B – střídání 1 a 2 vláknových úseků v RNA
- C – sekundární struktura RNA
- D – komplexní trojrozměrná struktura RNA

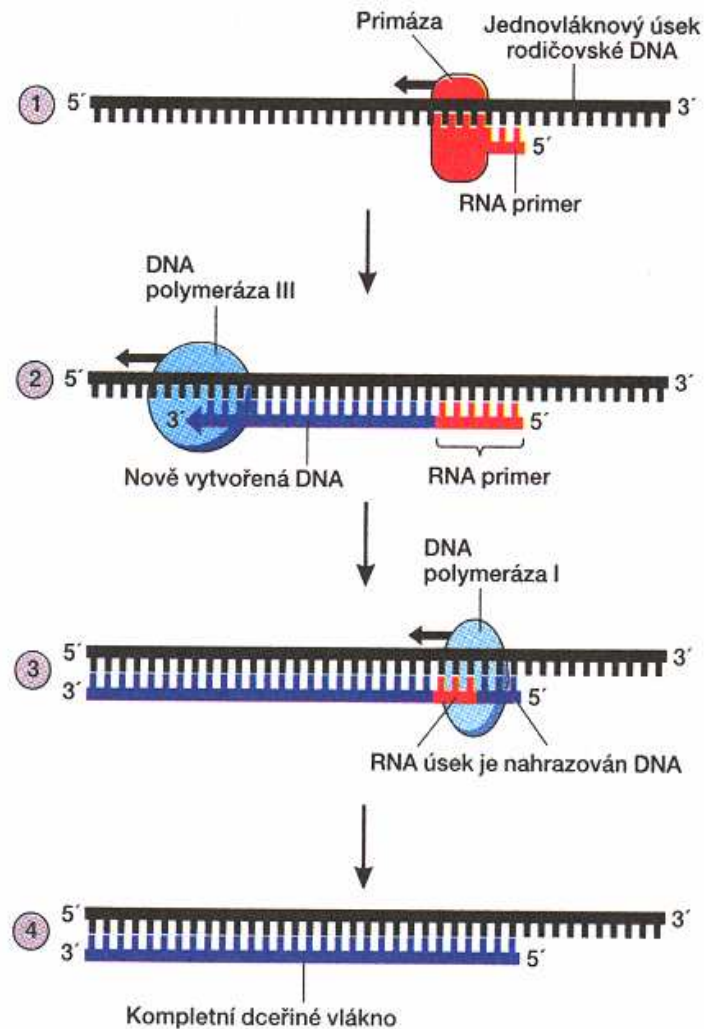
Průběh replikace:

- **Stavební jednotky:** deoxyribonukleozidtrifosfáty
- **Hlavní katalyzující enzymy:** DNA polymerázy – katalyzují vznik fosfodiesterové vazby mezi deoxyribonukleozidtrifosfátem a vznikajícím řetězcem ve směru 5'–3'.

Tab. 8. Přehled proteinů účastnících se na replikaci DNA.

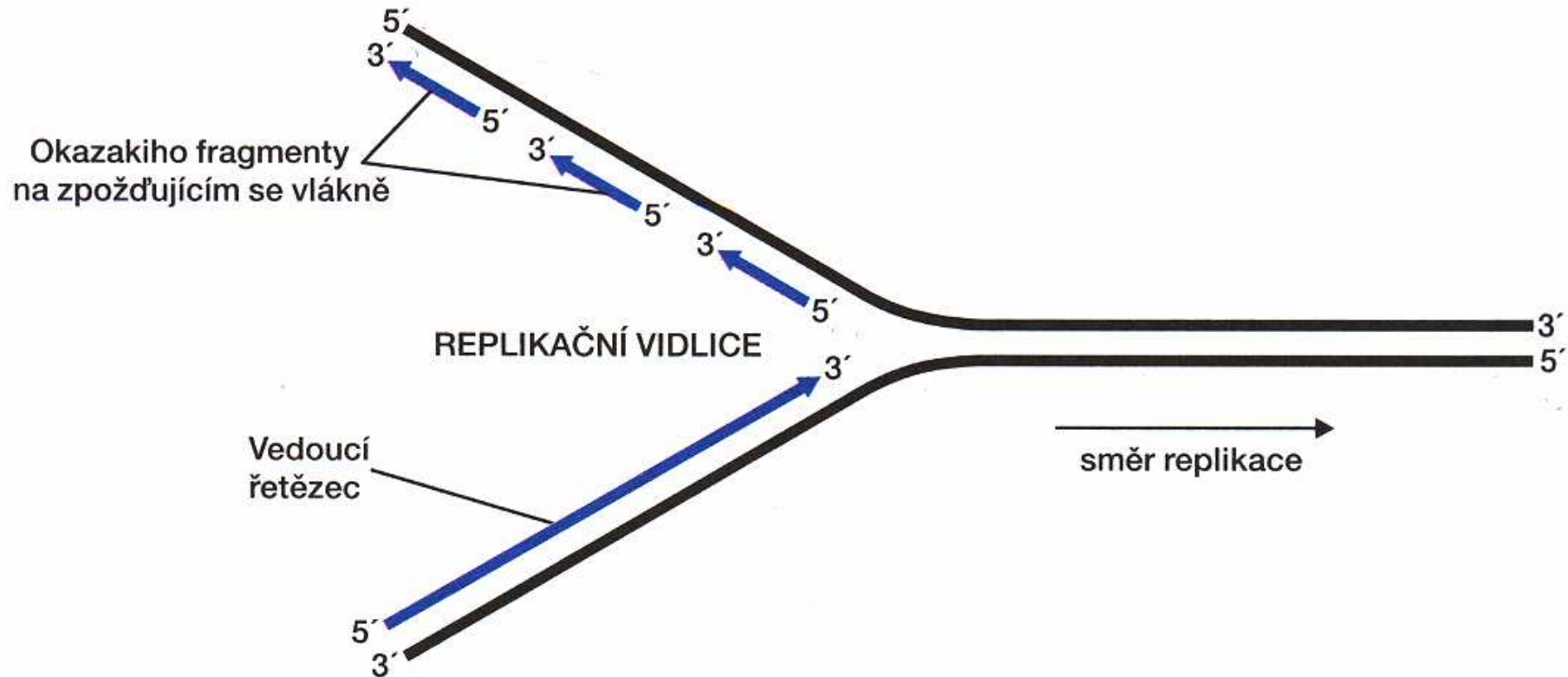
Protein	Původ	Funkce
DNA polymeráza I	pro	syntéza DNA, korektury řetězce, excizní reparace
DNA polymeráza III	pro	syntéza DNA, korektury řetězce
DNA polymeráza α	eu	syntéza DNA, korektury řetězce
DNA polymeráza δ	eu	syntéza DNA, korektury řetězce
Primáza	oba	syntéza RNA oligonukleotidů – primerů pro DNA syntézu
Helikáza	oba	rozvíjí dvoušroubovici DNA
Ligáza	oba	váže kovalentně Okazakiho fragmenty a jiné části DNA při excizní reparaci
Iničiační protein	oba	váže se k počátku replikace a iniciuje rozvinování dvoušroubovice
Telomeráza	eu	podle RNA primeru syntetizuje DNA v telomerových sekvencích

RNA primery v replikaci DNA



Obr. 93. Úloha RNA primeru v DNA replikaci. DNA replikace je zahájena připojením krátké sekvence RNA na DNA řetězec. Tato sekvence, tzv. RNA primer, je syntetizována enzymem primázou. Je-li RNA primer přítomen, DNA polymeráza spustí replikaci řetězce DNA. RNA primer je pak odstraněn exonukleázou a jednovláknový úsek DNA je do-syntetizován DNA nukleotidy.

Okazakiho fragmenty:



Obr. 92. *Směry replikace DNA v replikační vidlici.* Vzhledem k tomu, že DNA polymeráza syntetizuje nový řetězec DNA pouze ve směru 5' → 3', probíhá replikace na vedoucím řetězci kontinuálně, na druhém (opozdávajícím se) řetězci diskontinuálně, v krátkých úsecích a rovněž ve směru 5' → 3'. Tyto úseky o délce 1 000–2 000 nukleotidů u bakterií a 100–200 nukleotidů u eukaryont se nazývají Okazakiho fragmenty.

Transkripce:

- Matrice: jedno vlákno DNA (nekódující, matriční, templátové)
- Stavební jednotky: ribonulkeozidtrifosfáty
- Hlavní katalyzující enzym: RNA polymeráza
- Kofaktor: Mg^{2+} , Mn^{2+}
- Párování bazí: v RNA je místo thyminu uracil, C-G, A-U.
- Prokaryotické b.: transkripce i translace na stejném místě ve stejném čase
- Eukaryotické b.: transkripce v jádře, translace v cytoplazmě, časově také odděleno.

Transkripce v prokaryotické buňce:

Transkripční jednotka – úsek molekuly DNA (promotor – váže se RNA polymeráza, strukturální geny, terminátor). Specifita dána sigma faktorem – součást RNA polymerázy.

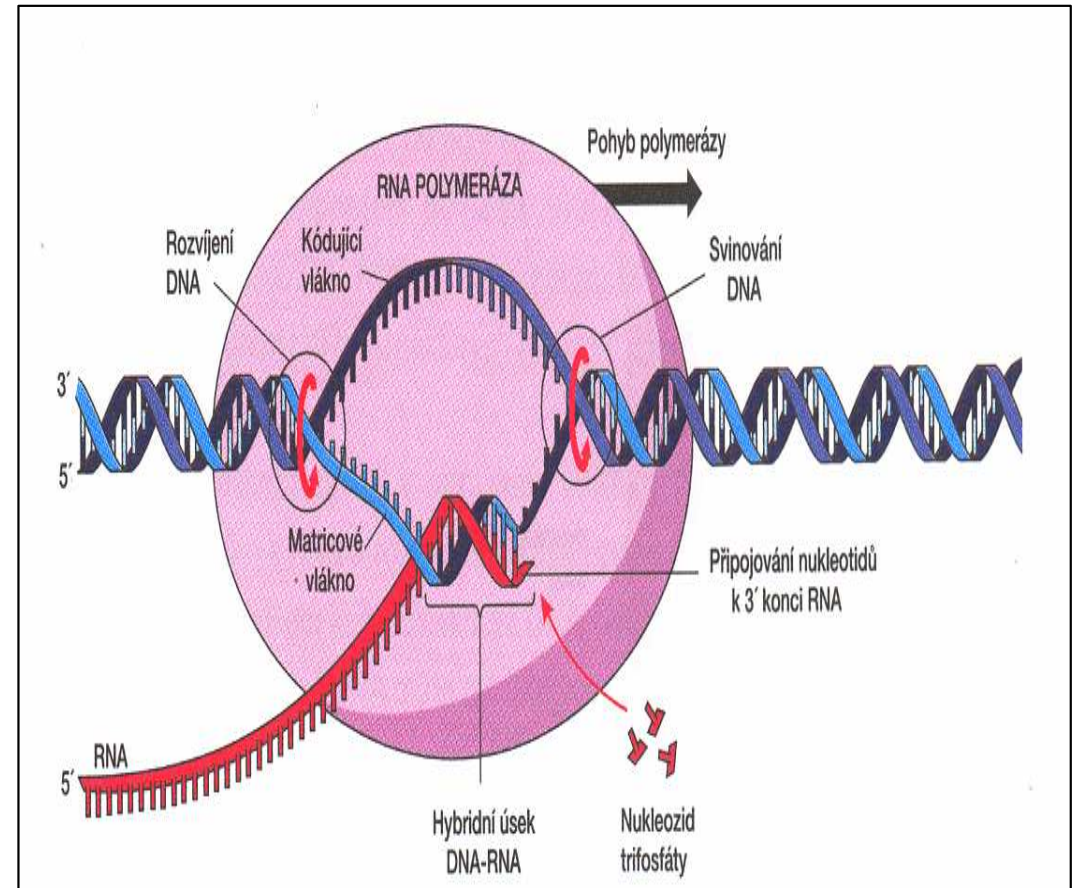
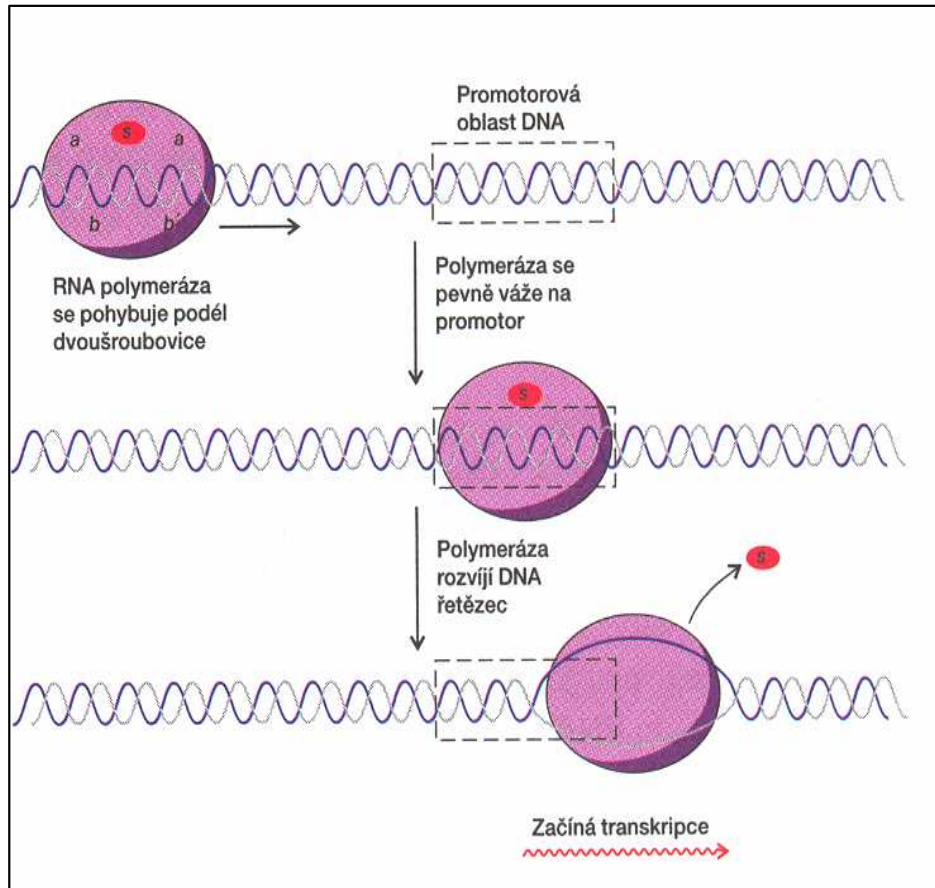
Tři fáze:

Iniciace

Elongace

Terminace

Začátek a průběh transkripce:



Obr. 63. Průběh transkripce. Pohyb RNA polymerázy po dvoušroubovici DNA a vznik RNA. Molekula RNA polymerázy se váže na DNA v rozsahu asi 30 bp. V délce 18 bp je dvoušroubovice rozvinuta a matricové vlákno vytváří v krátkém úseku „hybridní“ sekvenci DNA-RNA.

Reverzní transkripce: objeveno 1970 u RNA virů, enzym – reverzní transkriptáza katalyzuje syntézu DNA komplementárního k RNA a také druhého vlákna DNA.

Posttranskripční modifikace RNA

odstranění částí primárního transkriptu a přidání nebo modifikaci nukleotidů !týká se všech typů RNA!

m RNA: u prokaryot celá použita pro translaci
u eukaryot složitá úprava:

exony – kodující sekvence

introny – nekódující, odstraněny sestřihem, možná rekombinace exonů

z jednoho primárního transkriptu může vzniknout více forem m RNA.

Translace, syntéza bílkovin

Proteosyntetický aparát: mRNA, tRNA, ribosomy

Materiál: volné aminokyseliny

Ribosomy: RNA a proteiny 1:1

1 vazebné místo pro mRNA

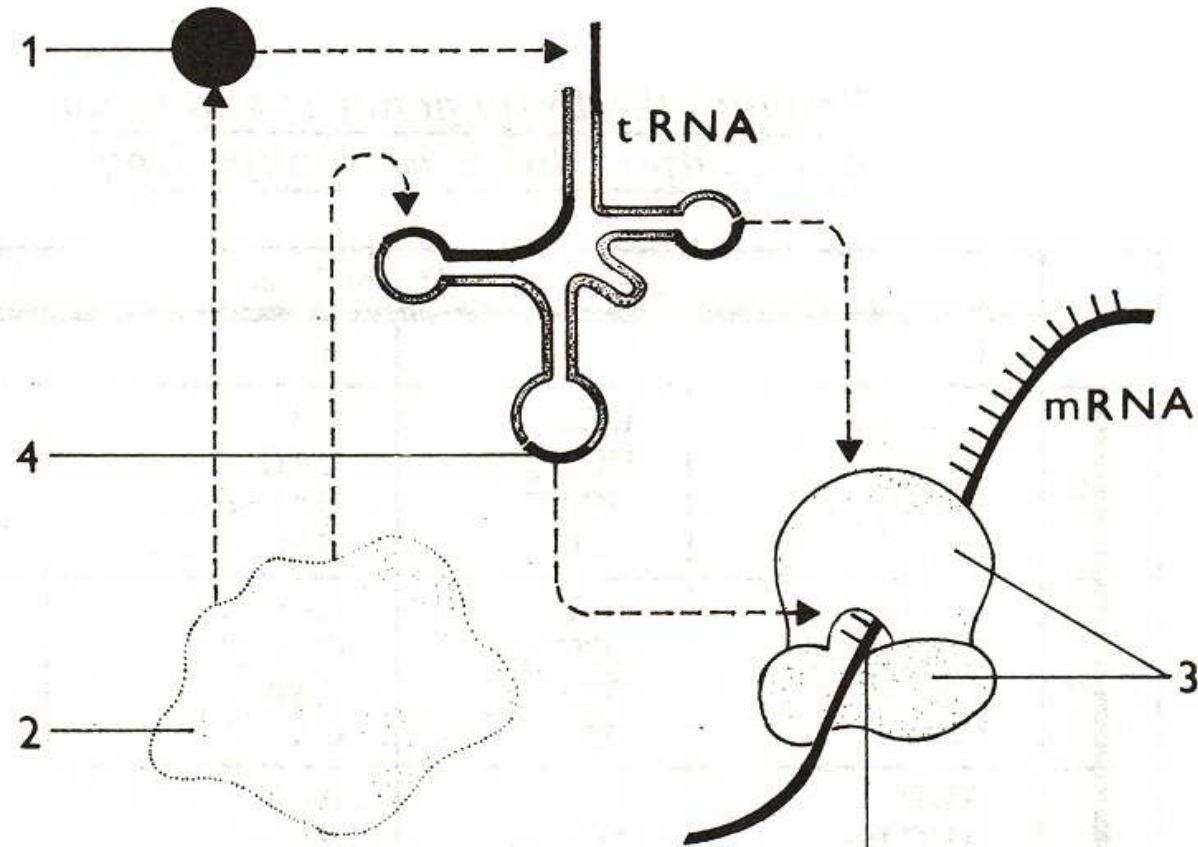
3 vazebná místa pro t RNA:

- aminoacylové-vazba t RNA nesoucí aminokyselinu
- peptidylové – vazba peptidyl t RNA
- exit – tRNA opouští ribosom

tRNA: cca 80 nukleotidů, **vazebné místo pro aminokyseliny**
(pomocí amino acyl transferázy)

antikodónové místo

Schéma t RNA



36/ Stavba molekuly tRNA a funkční význam jejích smyček: 1 aminokyselina, 2 aminoacyl-tRNA-syntetáza, 3 ribozóm, 4 antikodón, 5 kodón

Průběh translace:

- Aktivace aminokyselin (spojení s ATP)
- Iniclace: tvoří se translační komplex: t RNA , obě jednotky ribosomu, m RNA
- Elongace proteinového řetězce
- Translokace
- Terminace

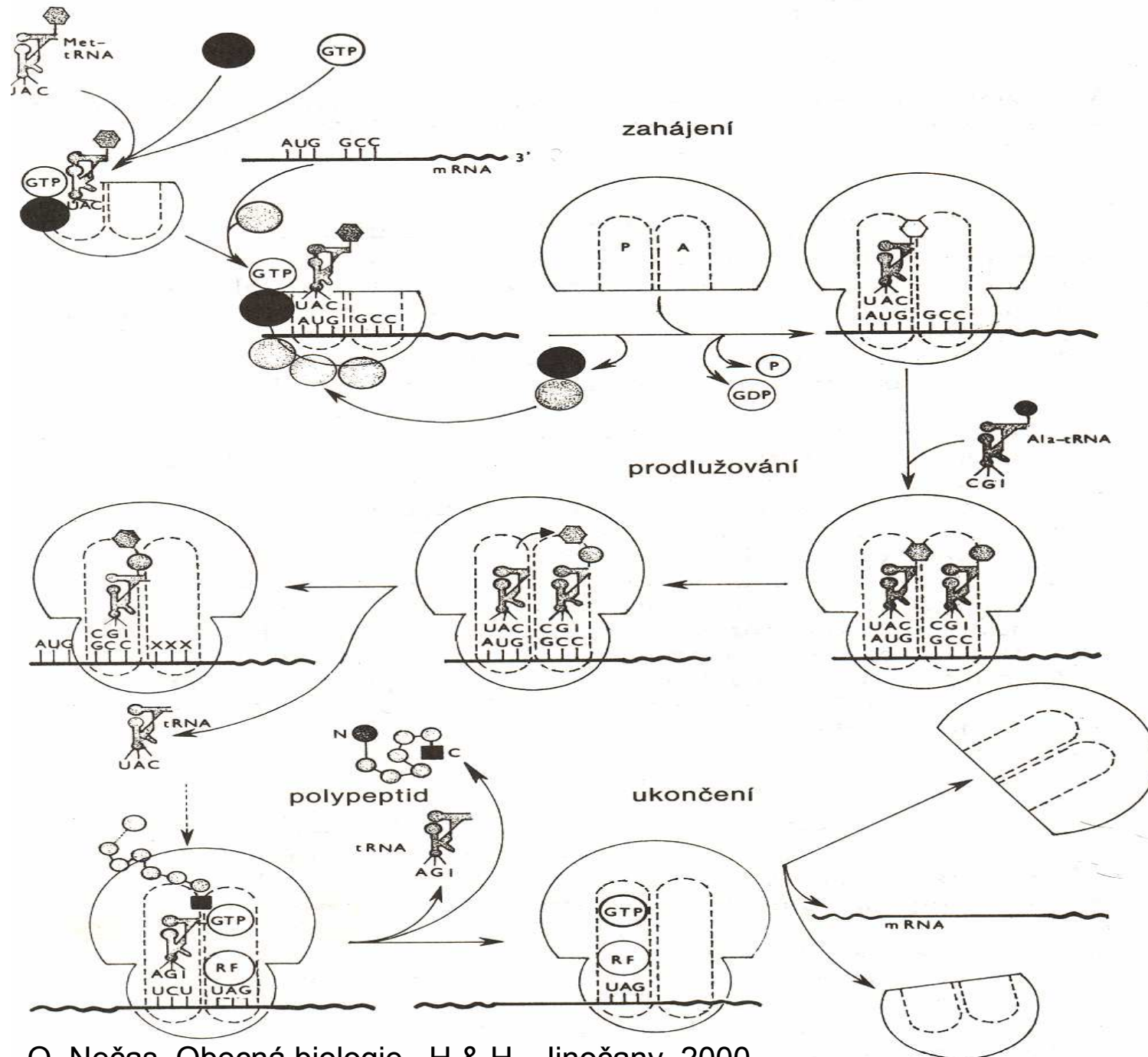
Úprava vzniklého polypeptidového řetězce:

!Vzniklý řetězec není biologicky funkční!

Během translace: odštěpení methioninu, fosforylace, methylace, tvorba disulfidických vazeb, glykosylace

Po translaci: vyštěpení částí řetězců s prekurzorovou funkcí, přidání prostetických skupin

Průběh proteosyntézy



Průběh proteosyntézy

