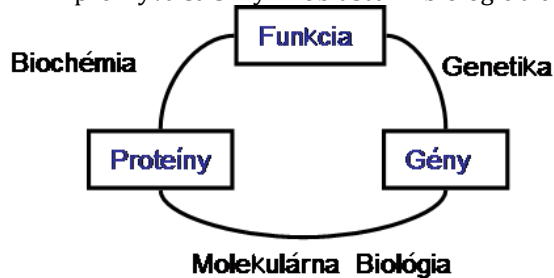
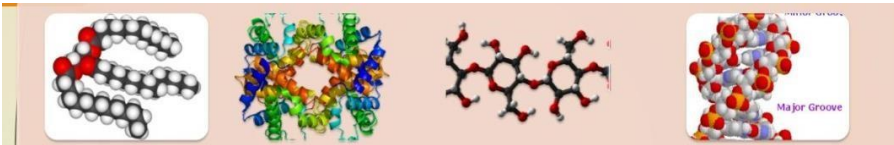
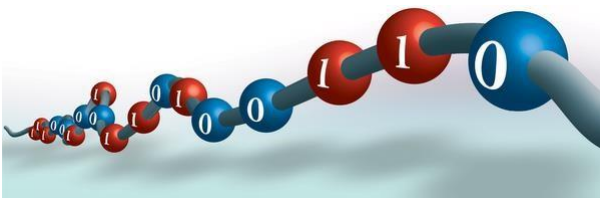


Molekulárna biológia

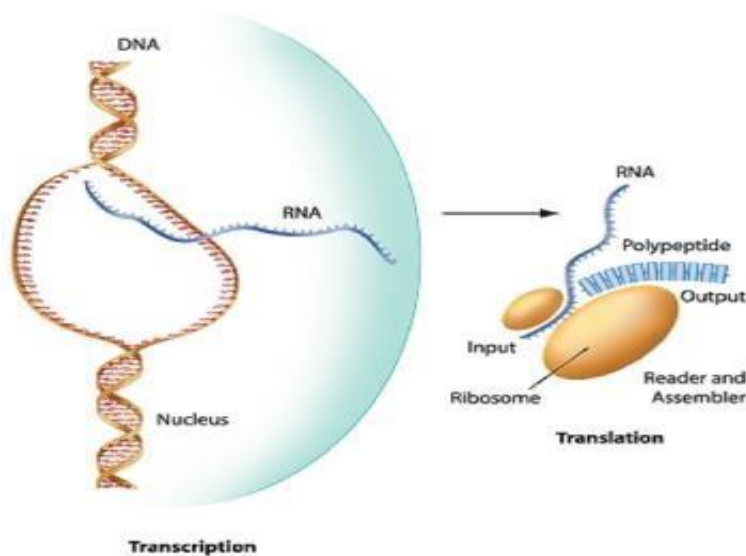
- štúdium biológie na úrovni molekúl.
- Úlohou je :
- štúdium **zmien** v molekulárnej stavbe zložiek organizmu a ich **účinky** na životné procesy.
- porozumenie **vzťahov** medzi rôznymi bunkovými systémami,
- skúma aj zákonitosti **genetickej regulácie** a **genetický kód**.
- prekrýva sa s inými oblasťami biológie a chémie, konkrétne najmä s genetikou a biochémiou.



Informačné makromolekuly



- **Bielkoviny** informácie o štruktúrach, vlastnostiach a funkciách iných molekúl alebo o Nnadmolekulových komplexoch
- **Nukleové KYS.**
- Ostatné makromolekuly plnia úlohu energetickú a stavebnú



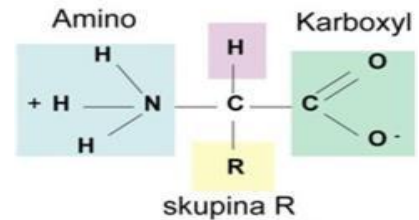
Genetická a epigenetická pamäť

Sekvencia monomérov určuje :

- poradie nukleotidov alebo AMK v NK resp. proteínoch (genetická pamäť)
- trojrozmernú konformáciu IM
- Tvorba nadmolekulových komplexov a bunkových organel je základom epigenetickej pamäti

Bielkoviny

- Lineárne polyméry tvorené z AMK spojených peptidovými väzbami
- Rôzny počet monomérov
- Molekulová hmotnosť 13 000- niekoľko miliónov Da
- 22 AMK (20+2 Selenocysteín a Pyrrolyzín)
- Bielkovín cca 10¹²



AMK

- Monomérne stavebné zložky proteínov
- 22 L- α aminokyselín
- Zloženie: 1/viac aminoskupín a 1/viac karboxylových skupín- u α aminokyselín obe na rovnakom atóme C
- Druh, poradie a priestorové vzťahy určujú trojrozmernú štruktúru a biologické vlastnosti jednoduchých proteínov

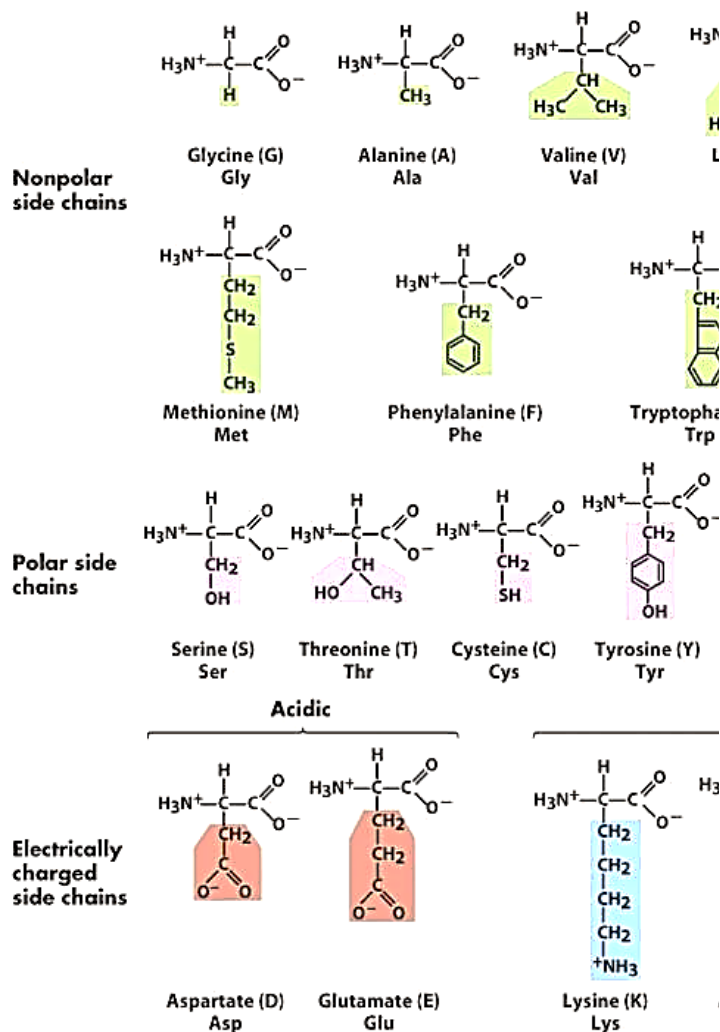


Figure 3-5 Biological Science, 2/e

Štruktúra bielkovín

- Primárna
- Sekundárna
- Terciálna
- Kwartérna

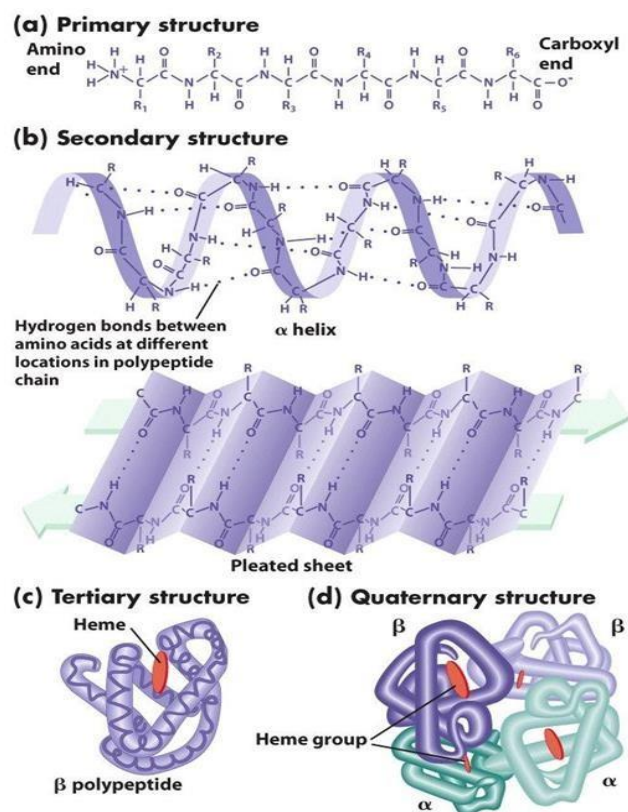
Primárna štruktúra

- Obsah a spojenie AMK v určitom **poradí** peptidovými väzbami, **počet** peptidových reťazcov v bielkovine a **umiestnenie disulfidových väzieb** medzi reťazcami
- Ovplyvňuje biologickú aktivitu bielkoviny (dedičné metabolické poruchy)
- **Stupeň zhody** sekvencie AMK v bielkovine závisí od jej úlohy v organizme.
- V kľúčových bielkovinách je sekvencia AMK zhodná aj medzi vzdialenými druhmi.

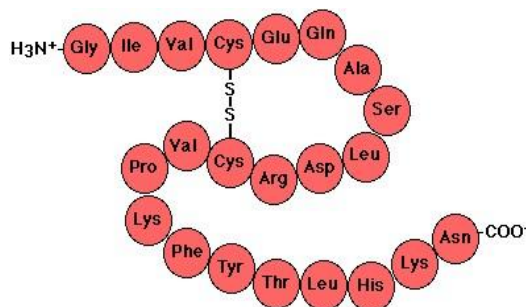
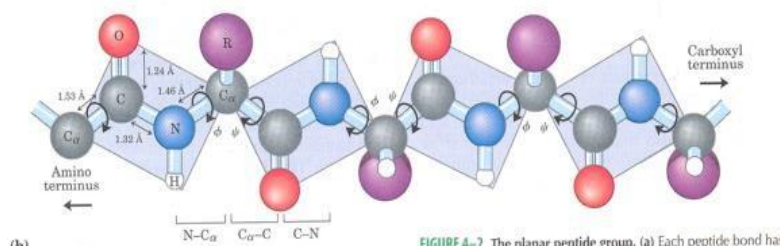
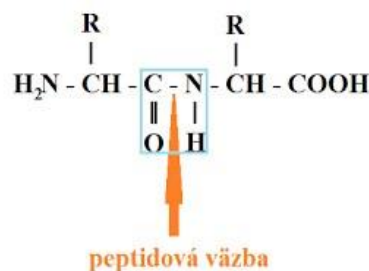
Peptidová väzba

- Medzi α -aminoskupinou jednej AMK a α -karboxylovou skupinou druhej AMK = **amidová väzba**

©



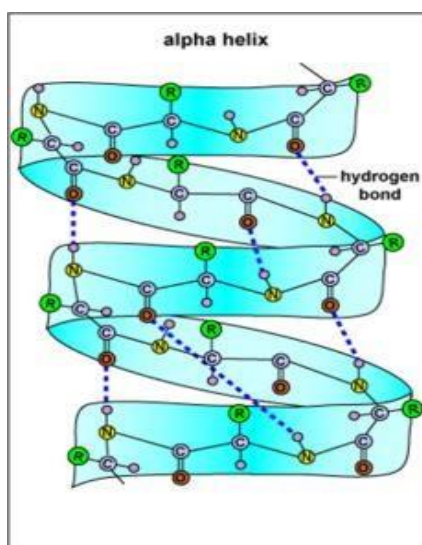
- Aby došlo k syntéze PV, musí byť najprv **aktivovaná karboxylová skupina (ATP)**
- **Vlastnosti PV:**
- **Kovalentná,**
- **Relatívne silná,**
- **Čiastočný charakter dvojitej väzby,**
- nie je voľne otáčavá,
- Stabilná voči oxidačným a redukčným činidlám,
- Ľahko sa hydrolyzuje,
- Vzdialenosť medzi N a C je kratšia,
- Atómy peptidovej väzby –CONH ležia v jednej rovine, kyslík karboxylu a vodík aminoskupiny sú v polohe trans.



- **Peptid** vzniká zlúčením karboxylu a aminoskupiny aminokyselín za uvoľnenia vody
- **Peptidový reťazec**- na 1 konci voľná/acetylovaná aminoskupina; na 2. konci voľná /amidovaná karboxylová skupina
- Začiatok reťazca -N terminálna AMK, koniec- Cterminálna AMK
- Bielkoviny: **1 alebo viac reťazcov** spojených **kovalentnými väzbami** pomocou postranných reťazcov (**disulfidové, fosfodiesterové väzby**)
- V molekule bielkoviny okrem kovalentných väzieb pôsobia aj iné **slabšie väzby a interakcie (napr. vodíková)**
- Slabé nekovalentné väzby majú význam pri **vytváraní a stabilizácii konformácie bielkovín**

Sekundárna štruktúra

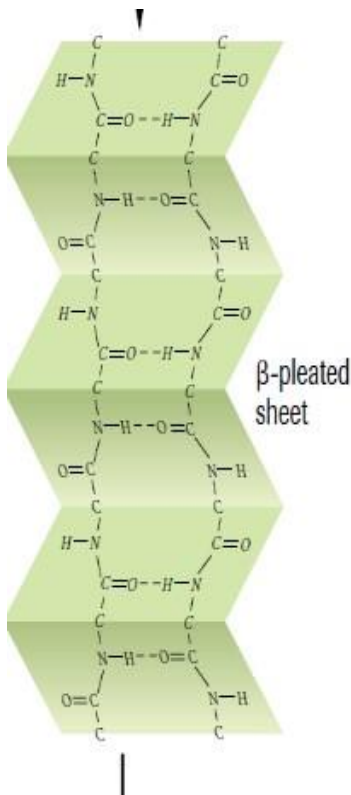
- Peptidové reťazce môžu byť rôzne poprehýbané- **priestorové usporiadanie polypeptidového reťazca**
- interakcie blízkych častí peptidového reťazca- zásadná úloha- **vodíkové mostíky** (vodíkový kation elektrostaticky priťahuje záporný ión alebo časticu) • **Intramolekulárne a intermolekulárne VM**
- **Vznik VM podmieňuje:**
 - Druh postranných radikálov,
 - Vzájomný vzťah postranných skupín, - Vzťah skupín k rozpúšťadlu.
- **Druh sekundárnej štruktúry určuje primárna štruktúra a orientácia VM**



Typy sekundárnej štruktúry bielkovín

1. **α helix**- pevný špirálovite stočený reťazec
 - **vnútromolekulové** vodíkové mostíky, vytvárajú závit špirály (1 závit 3,6 AMK zvyškov)
 - Špirály sú **pravotočivé**
 - Postranné reťazce AMK zvyškov vyčnievajú po obvode tohto útvaru smerom von (energeticky výhodné)

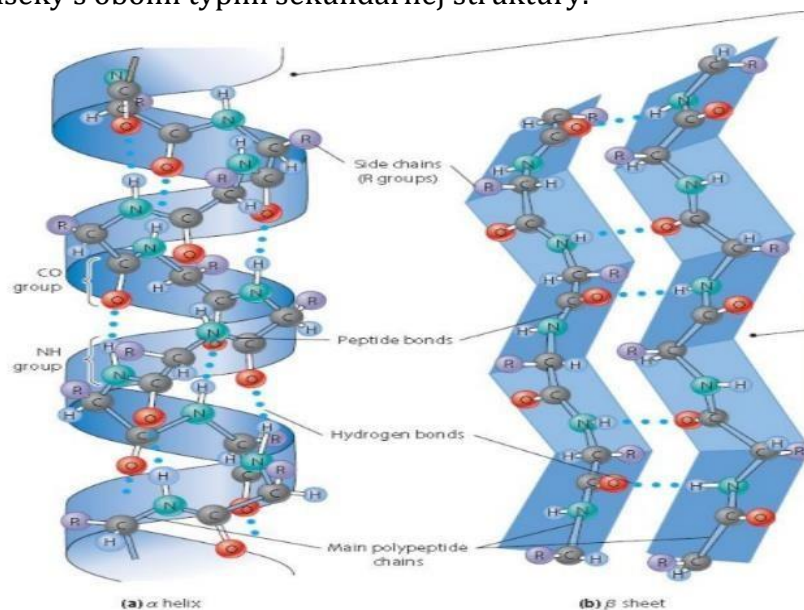
- Nemusí byť pravidelná špirála- **prolín, hydroxyprolín, disulfidové väzby**



2. β štruktúra- štruktúra skladaného listu

Stabilná (fibroín, hodváb)/**nestabilná** (β keratín)

- **Intermolekulárne** vodíkové mostíky
- Riat'azce umiestnené **paralelne/antiparalelne**
- Peptidové reťazce majú cikcakový vzhl'ad
- V rovine sú usporiadané peptidové väzby aj vodíkové mostíky- radikály vyčnievajú na obidve strany
- V niektorých prípadoch sa v tej istej molekule vyskytujú súčasne úseky s oboma typmi sekundárnej štruktúry.



3. Kolagénová štruktúra

U bielkovín so zastúpením prolínu a s pravidelne sa opakujúcim glycínom

-špirála s väčším stúpaním závitov

-3 špirály usporiadané paralelne a spojené medzimolekulovými vodíkovými mostíkmi

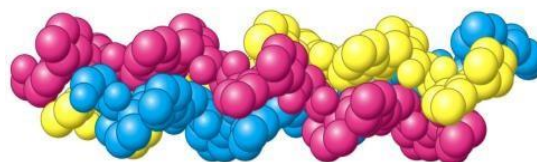
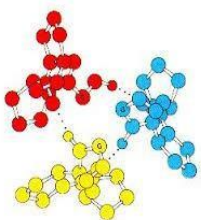


Figure 2.42a
Biochemistry, Seventh Edition
© 2012 W. H. Freeman and Company

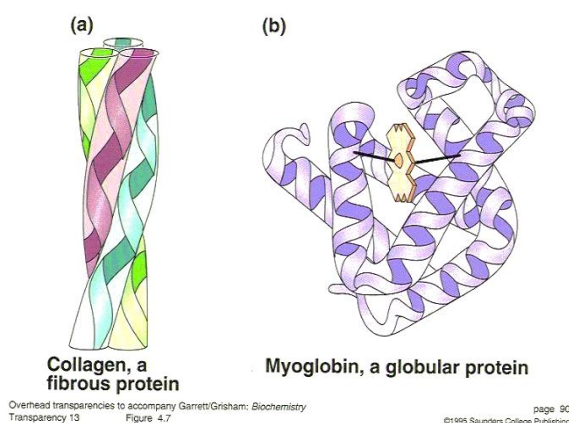
Terciárna štruktúra

- Ohyb α helixu v miestach s nižšou rigiditou (prolín, glycín)
- Celkové **3D usporiadanie** sekundárnych štruktúr do relatívne pevného útvaru s nepravidelným zvlneným povrchom

- vzniká kombináciou sekundárnych štruktúr
- Je stabilizovaná predovšetkým interakciami medzi postrannými reťazcami aminokyselinových zvyškov (**nepolárne, iónové interakcie, vodíkové mostíky, disulfidové väzby**)

Typy terciárnej štruktúry

- Globulárne bielkoviny
- Fibrilárne bielkoviny



Kvartérna štruktúra

- **Definitívne usporiadanie bielkovinových podjednotiek (štruktúrne/funkčné) v priestore**
- Umožňujú **slabé nekovalentné sily a hydrofóbne interakcie**
- Hemoglobín, inzulín

Bielkoviny môžu interagovať len s látkami so zodpovedajúcim povrchom, peptidové reťazce sa spájajú nielen medzi sebou, ale aj s inými látkami

Nadmolekulové komplexy

Vznik:

- Naviazaním ohybu/slučky jednej podjednotky na povrch druhej podjednotky
- Vzájomné ovíjanie dvoch/viacerých α helixov (každý je súčasťou inej podjednotky)
- Spojením komplementárnych povrchov dvoch podjednotiek

Mechanizmus vzniku- **samozostavovanie (selfassembly)**- spontánne zoskupovanie proteínových podjednotiek a ich vzájomné spájanie nekovalentnými interakciami

-molekuly, ktoré sa stanú súčasťou komplexu (napr. RNA pri tvorbe ribozómov)

-molekuly, ktoré nie sú súčasťou komplexu- **chaperóny** (viažu a stabilizujú nezbalené, alebo čiastočne zbalené bielkoviny)

Denaturácia

- **Hlboká konformačná zmena**, súvisí so zmenou priestorového usporiadania pôvodnej molekuly v dôsledku porušenia vodíkových väzieb

- zmena entropie, zníženie rozpustnosti, zmena optickej otáčavosti, zmena viskozity roztokov, hyperchrómny efekt, strata biologických vlastností a stability
- **Primárna štruktúra sa zachováva**
- Za určitých okolností je proces vratný- **renaturácia**
- Stabilita voči denaturácii závisí od primárnej štruktúry bielkovín
- Bielkoviny môžeme uchovávať v natívnom stave ak sú **lyofylizované**

Faktory denaturácie

• Fyzikálne

- Teplota > 40-50°C (agregácia bielkoviny),
- Ultrazvuk,
- UV žiarenie

• Chemické

-kyseliny, zásady, organické rozpúšťadlá (etanol, chloroform), iné činidlá (močovina, guanidín, dichlór, kys. trichlóroctová)

Vlastnosti bielkovín

- Správajú sa ako **koloidy**, **neprechádzajú** cez póry jemných dialyzačných membrán
- **Molekulová hmotnosť** (chromatograficky, elektroforeticky, sedimentačnou analýzou a hmotnostnou spektrometriou)
- **Rozpustnosť** – závislá od stupňa hydratácie
(fibrilárne-nerozpustné; globulárne- rozpustné)
- Vyzrážanie z roztokov

Elektrochemické vlastnosti- počet ionizovateľných skupín radikálov rôznych AMK zvyškov.

Bielkoviny sa správajú ako **amfolyty** (kyslé prostredie- vlastnosti slabých zásad a naopak)

- Izoelektrický bod je pre bielkoviny charakteristický (bázické >7; kyslé <7)
- Rôzny elektrický náboj ovplyvňuje pohyblivosť v elektrickom poli

- **Hydrodynamické vlastnosti**- správanie makromolekúl pri pohybe v kvapaline

-vnútorná viskozita- závisí od tvaru a veľkosti častíc

Optické vlastnosti

- absorbanca svetla (neabsorbujú viditeľné svetlo; absorbujú UV v pásme 275-280nm)
- **Hyperchrómny** (pri porušení špirálového usporiadania vyššia absorbanca) a **hypochrómny** efekt
- optická otáčavosť- čím menší stupeň usporiadania, tým zápornejšie hodnoty optickej otáčavosti

Biologické vlastnosti

- rozmanité, prejavujú sa v ich funkciách: stavebná (lipoproteíny), katalytická (enzýmy), regulačná (kalmodulín, peptidové hormóny) ochranná

(keratín, kolagén), obranná (antigény) pohybová (aktín, myozín, dyneín), transportná (hemoglobín, cytochrómy), rezervná (albumín krvného séra)

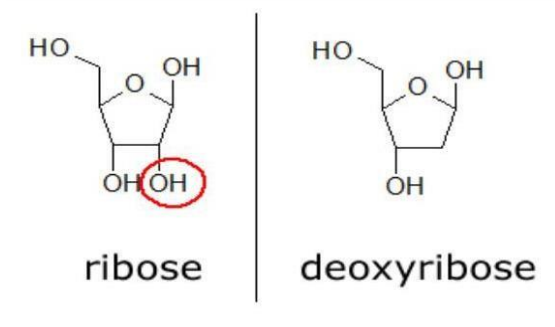
- Väčšinu biologických funkcií vykonávajú molekuly bielkovín obsahujúce aj nebielkovinovú zložku

Nukleové kyseliny

- **polymérne reťazce pozostávajúce z monomérov**- nukleotidov.
- rôzny typ polymérnosti **Výskyt:**
- Jadro
- Cytoplazma
- Niektoré bunkové štruktúry (chloroplasty, plazmidy, mitochondrie) **Typy:**
- DNA
- RNA
- Na povrchu je NK záporne nabitá a má charakter kyseliny

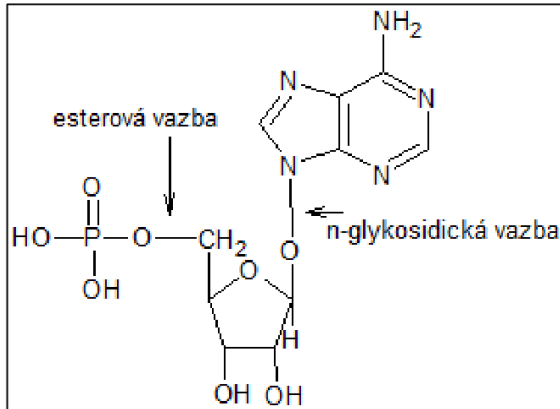
Nukleotid :

- **dusíkatá báza**
- **pentózový cukor**
- zvyšok kyseliny fosforečnej - Dusíkaté bázy:
- **purínové** (adenín, guanín)
- **pyrimídinové** - cytozín, tymín (DNA), uracil (RNA) Pentózový cukor:
- ribóza (RNA)
- deoxyribóza (DNA)

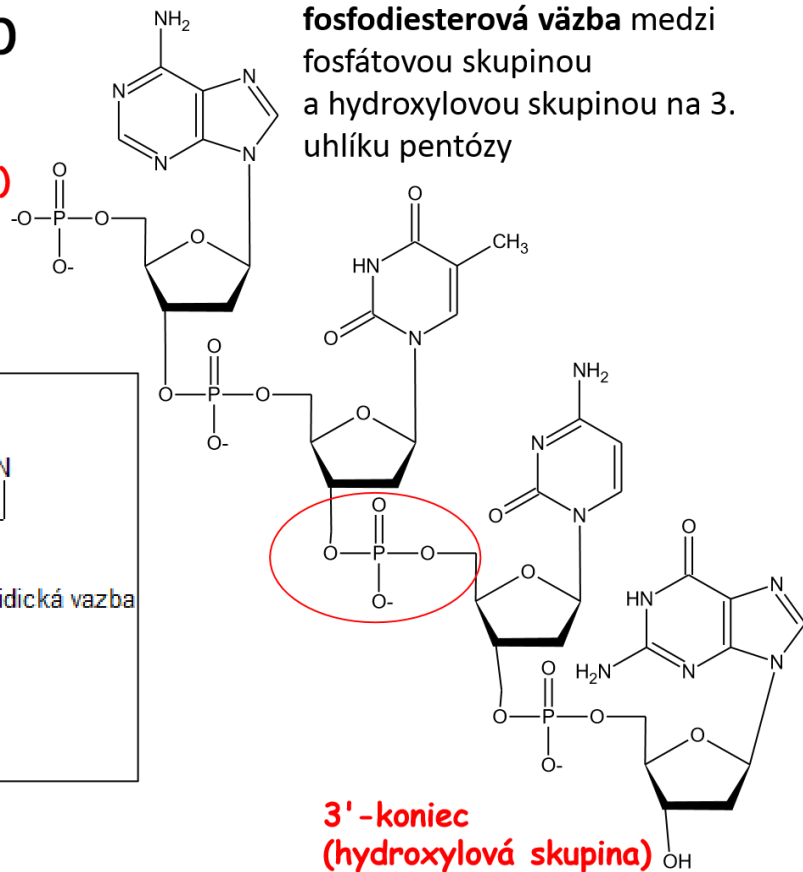


Typy väzieb

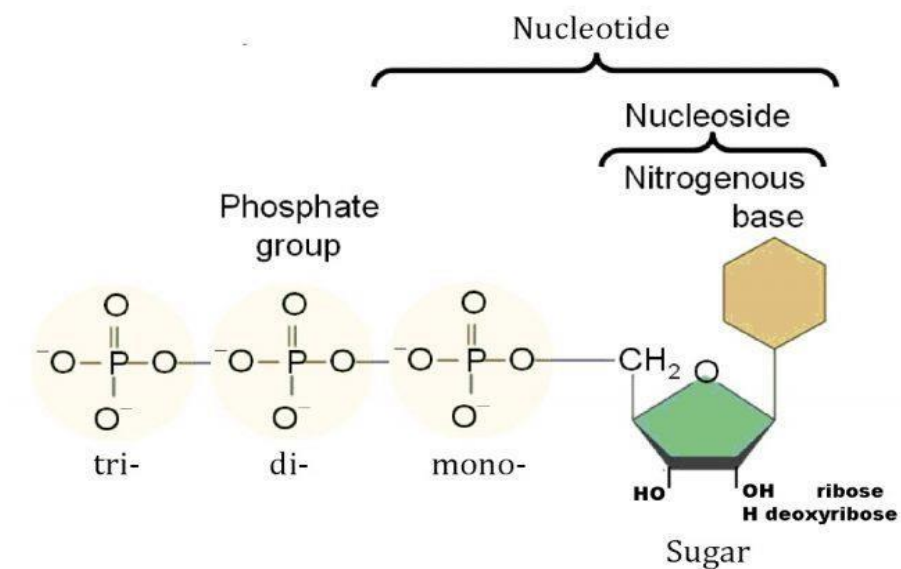
5'-koniec
(fosfátová skupina)



Polynukleotidový reťazec-
fosfodiesterová väzba medzi
fosfátovou skupinou
a hydroxylovou skupinou na 3.
uhlíku pentózy

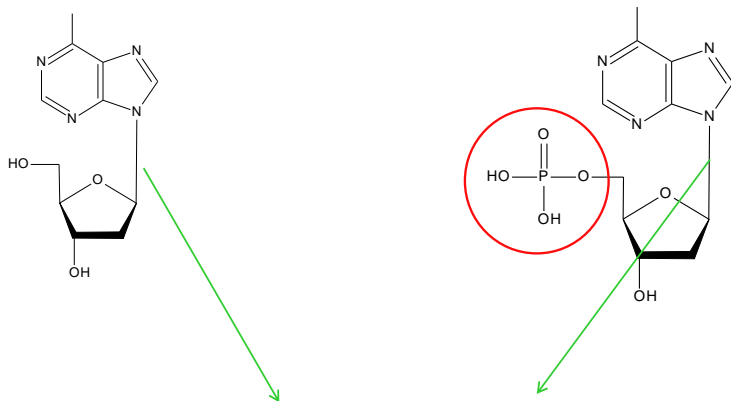


- **Nukleozid** -adenozín, guanozín, tymidín, cytidín, uridín-báza naviazaná na pentózu
- **Nukleotidy**- fosfátové estery nukleozidov



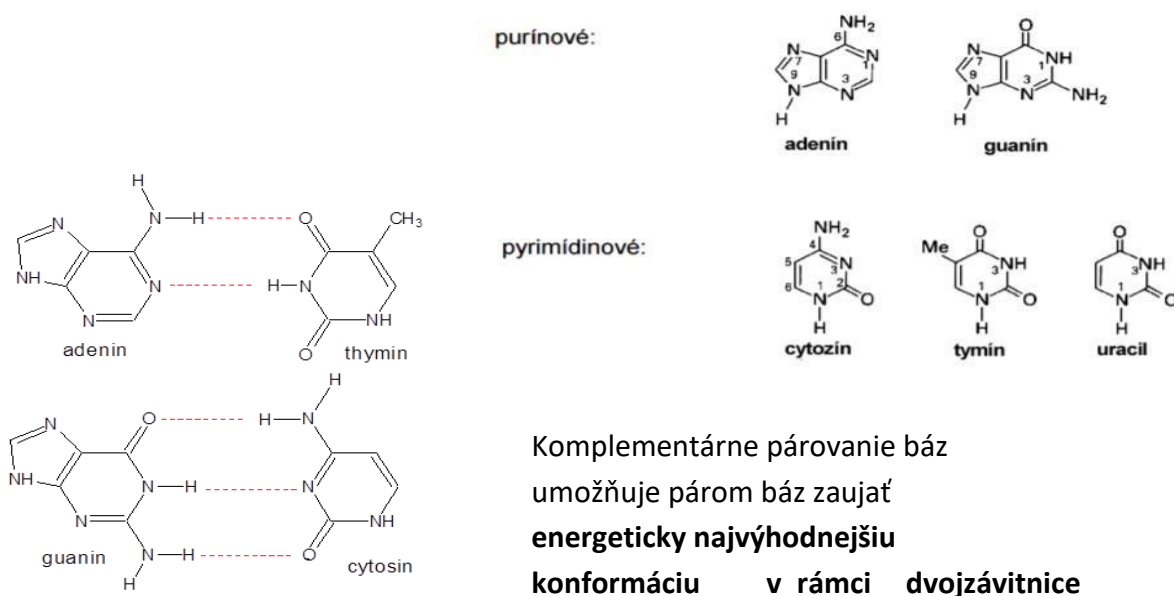
Nukleozid

Nukleotid



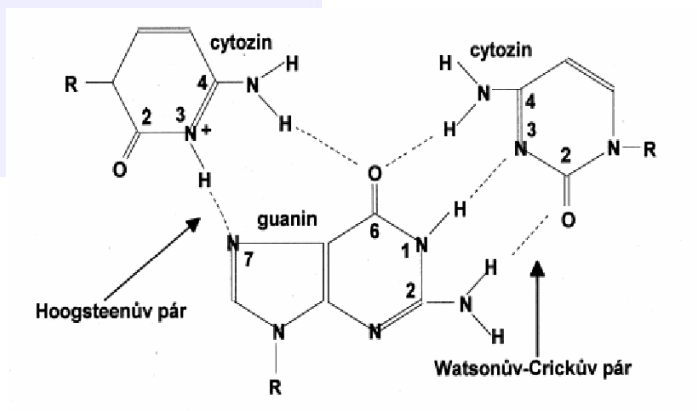
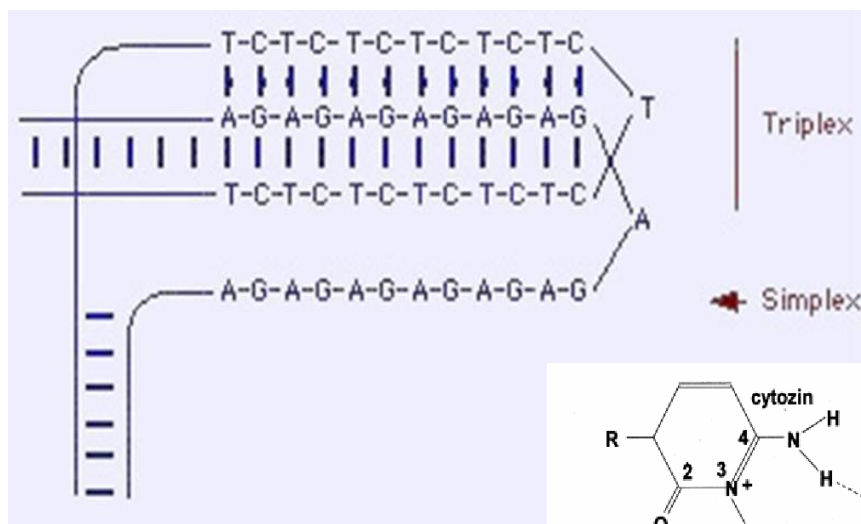
* N- glykozidová väzba

- Komplementarita báz (**Watson-Crickove párovanie**)



Chargaffovo pravidlo

- molárny obsah A=T a obsah G=C
- Súčet purínových báz sa rovná súčtu pyrimidínových báz
- **$(A+T)/(C+G)=1$ (ChP)**
- zastúpenie purínových a pyrimidínových báz (faktor špecifickosti) kolíše v rozmedzí 0,4 – 2,7
- Iný typ párovania- **Hoogsteenovo párovanie**- vznikajú triády umožňujúce vznik trojšpirálových molekúl DNA a 1 lineárny reťazec



DNA

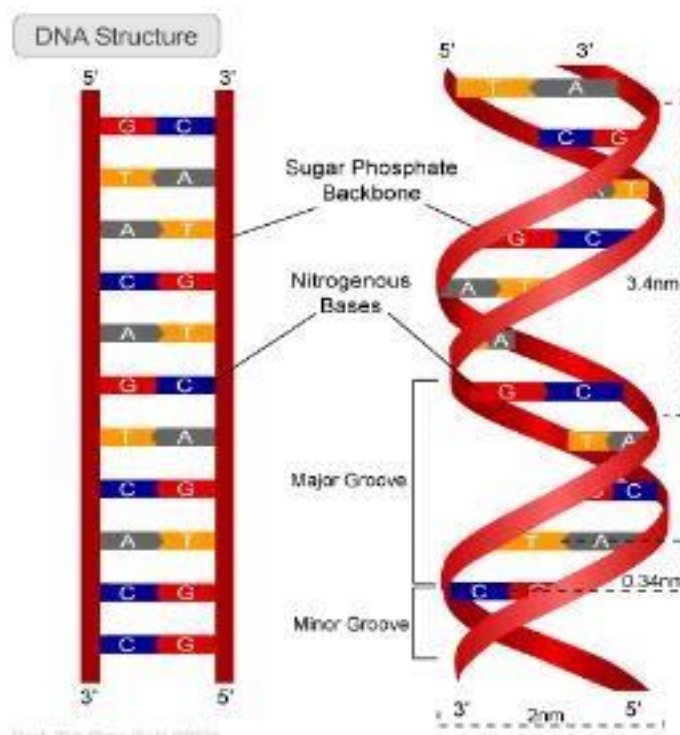
- *Deoxyribonukleová kyselina, dezoxyribonukleová kyselina, skr. DNK alebo DNA*
- **Chemický podklad dedičnosti**
- prírodný polymér zložený **deoxyribonukleotidov**.
- Nukleotidové zloženie- **druhovo špecifické**
- Taxonomický znak

Štruktúra DNA

- Primárna
- Sekundárna
- Terciárna

Primárna štruktúra

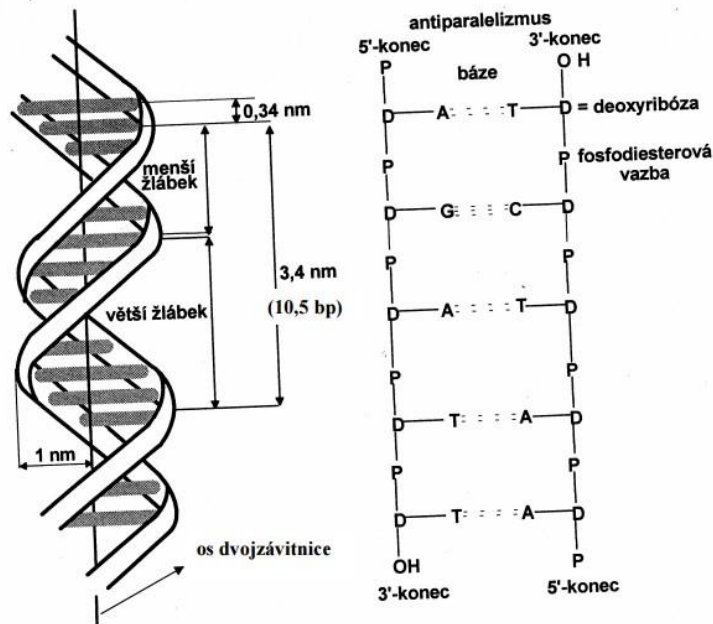
- Poradie nukleotidov v reťazci Podľa počtu monomérov:
- **Oligonukleotidy** (rádovo desiatky nukleotidov) • **Polynukleotidy** (viac ako 100 nukleotidov)



- Informačný obsah DNA (genetický kód) je daný poradím monomérov (nukleotidy)
- GI je uložená v 1 reťazci- **templát**
- 2. reťazec sa označuje ako **kódujúci** (je obdobný transkriptu RNA, ktorý kóduje proteín)

Sekundárna štruktúra

- **Dvojreťazcová špirála**- 2 polynukleotidové reťazce orientované **antiparalelne** 5'—3'; 3'—5' spojené **vodíkovými mostíkmi**
- **Duplex plektonemického typu** (reťazce sa otáčajú okolo spoločnej osi).
- Medzi závitmi špirály -**väčší žliabok**
- medzi polynukleotidovými reťazcami v oblasti spájania párov báz- **menší žliabok**

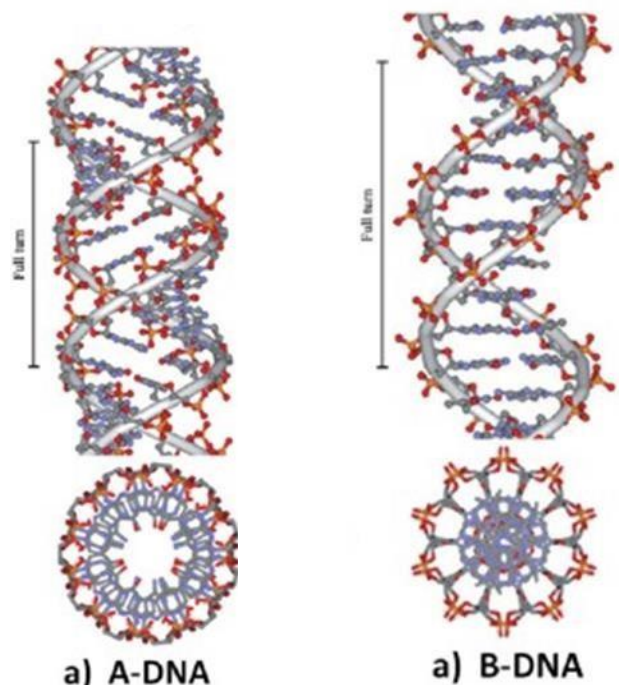


Význam dvojzávitnice

- **matrica** na ktorej replikáciou vznikajú dve identické kópie obsahujúce genetickú informáciu
- **prenos a uchovanie genetickej informácie (GI)** do dcérskych buniek
- **ochrana GI** pred poškodením
- **oprava** poškodeného reťazca na základe poradia báz komplementárneho reťazca
- **Konfigurácie DNA**
- Sekundárna štruktúra je stabilizovaná **vodíkovými mostíkmi** (medzi bázami); **hydrofilnými interakciami** (povrchové skupiny a voda) a **hydrofóbnymi interakciami** báz
- **6 foriem konfigurácie (A-E; Z)**
- Niektoré úseky preferujú určitý typ konfigurácie- CG/GC úseky Z-konfig.; AA/TT Bkonfig.
- **Jeden typ** konfigurácie sa môže meniť na iný

Konfigurácia A

- V DNA-RNA hybridoch a RNA duplexoch



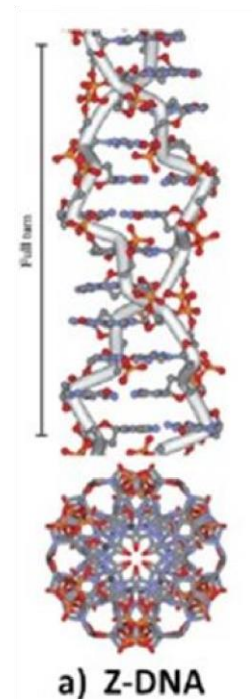
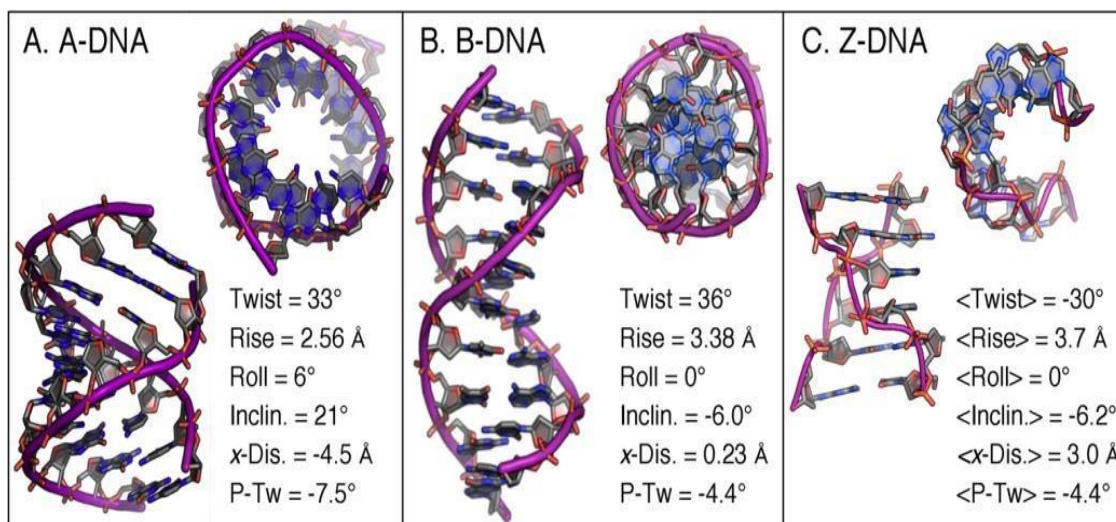
- Bázy zvierajú 70° uhol s osou molekuly
- **pravotočivá**
- 1 závit = 11-12 bp

Konfigurácia B

- **najčastejšia**, stabilná vo vodnom prostredí
- **Kolmé postavenie párov báz na os duplexu**
- **Pravotočivá**, priemer 2nm, výška závitú 3,46nm
- 1 závit = 10 párov báz

• Konfigurácia Z

- **ľavotočivá**, tenká a dlhšia
- 1 závit = 3-4 páry báz
- **DNA je v tejto konfigurácii silne imunogénna**

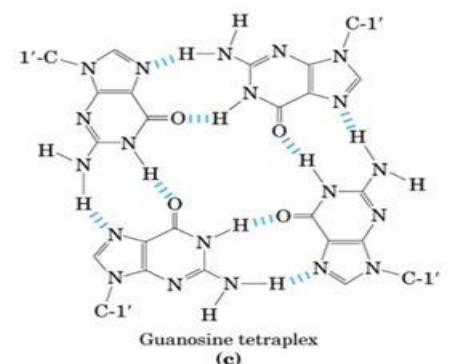


H- forma

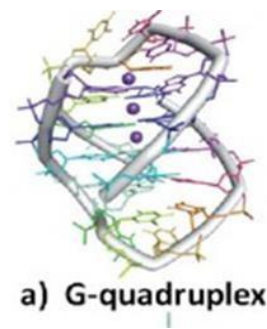
Oblasti DNA, ktoré majú na dlhšom úseku jedného reťazca iba purínové bázy (GA) a na druhom reťazci pyrimidínové bázy (CT) sú hyperzientitívne na pôsobenie jednovláknovej endonukleázy a označujú sa termínom **Hforma**. V týchto úsekoch môže vzniknúť 3- špirála.

G-kvartet

- zriedkavý typ sekundárnej štruktúry v dôsledku Hoogst. párovaniu báz
- vyskytujú sa v **GC-bohatých oblastiach RNA**, v DNA (v promotorových oblastiach niektorých génov, na koncoch telomér) a v **niektorých oblastiach génov pre ťažké reťazce imunoglobulínov**



- je **rovinný systém 4 guaninových báz**, navzájom pootočených o 90° a pospájaných **vodíkovými mostíkmi**.
- Niekoľko G- kvartetov nad sebou **vytvára G-kvadruplex**

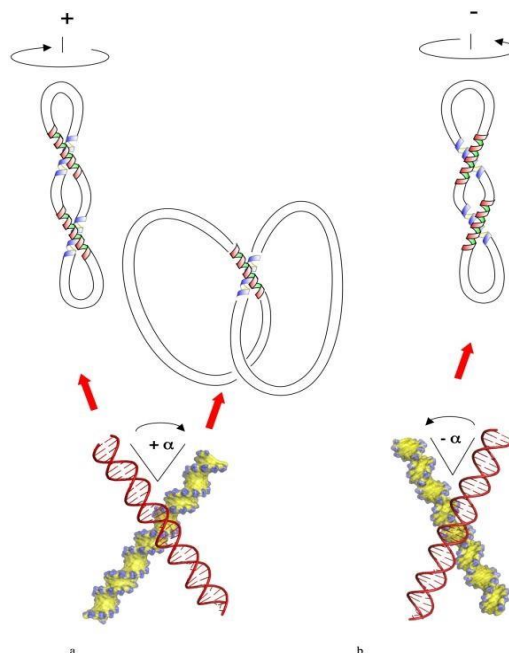
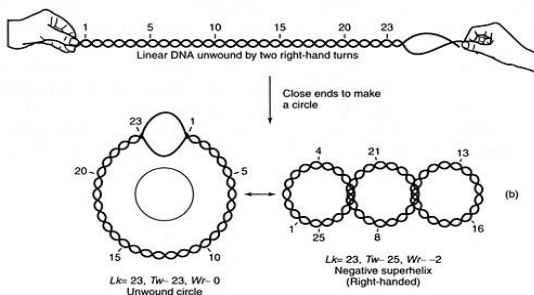


Terciárna štruktúra

- DNA najčastejšie lineárna
- Duplex **nie je monotónny** (nepravidelnosti, vysunutie, nerovnaká veľkosť uhlov medzi pármí báz)
- Podmieňuje ju ohyb, kružnicové útvary, krížové štruktúry
- Najznámejšia forma- **superhelix**- zvinutie DNA v priestore
- Rôzny stupeň špiralizácie- topologické izoméry
- Rozvíjanie- **helikázy**, regulácia stupňa špiralizácie **topoizomerázy**

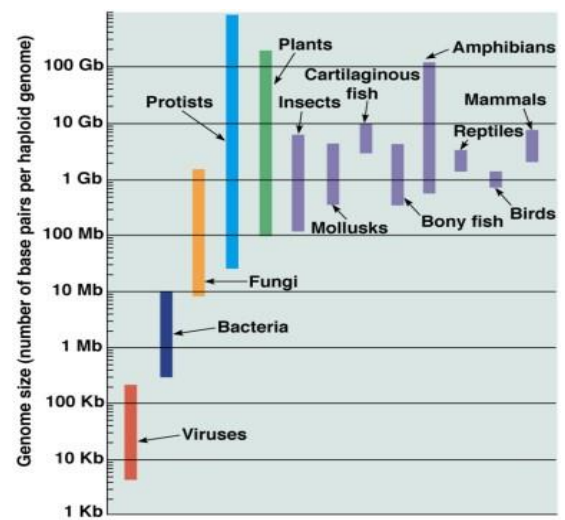
Dvojzávitnica DNA sa môže vyskytovať ako:

1. **lineárna molekula** – dvojreťazcová DNA s voľnými koncami 5' a 3'.
2. **kruhová molekula** – spojená dvojreťazcová DNA bez voľných koncov (relaxovaná / superhelikálna).



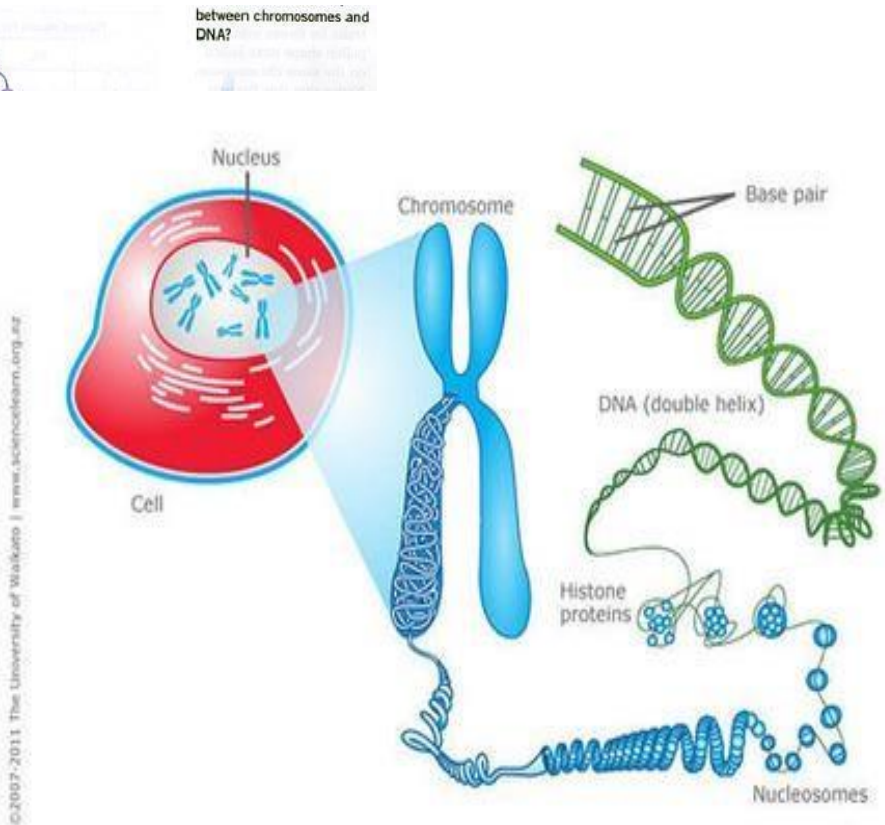
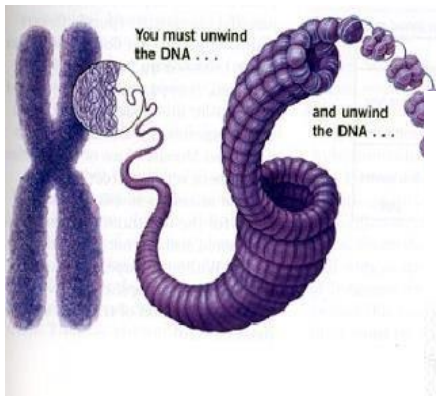
Dĺžka a obsah DNA

- Dĺžka lineárnej DNA závisí od **molekulej hmotnosti** ($1\mu\text{m} = 2.10^6\text{Da}$)
- Molekuly DNA sú dlhé a rozpadajú sa na fragmenty s M_r 5-10. 10^6Da
- Obsah DNA (v bunke/nebunkovom organizme) je **relatívne stály**



- Obsah DNA sa zvyšuje so zložitosťou organizmu neplatí pre všetky prípady

•



Druhy DNA

- Jadrová
- Mimojadrová
- Organizácia ľudského genómu (súbor všetkých génov jedinca)- **nukleárny a mitochondriálny** genóm
- Súčasť **chromatínu**
- **DNA celého nukleárneho genómu je obsiahnutá v chromozómoch**
- Informačné a neinformačné sekvencie
- Kódujúce a nekódujúce sekvencie (prevažná časť; význam pri organizácii štruktúry chromozómov a pri regulačnej aktivite génov)- neprekladané okrajové časti 5' a 3' a intróny
- Singulárne a repetitívne sekvencie (rodiny)

Typy sekvencií ľudskej DNA

- **Jednokópiové** – (60%) sú to **gény a pseudogény, okrajové sekvencie** génu a medzigénové oblasti- medzerníky (**spacery**).
- **Repetitívne** – (40%)

Rozlične dlhé segmenty, v ktorých sa **opakujú rôznom počte identické alebo aspoň homologické**, prevažne nekódujúce jednotky. Môžu byť **disperzne** rozložené po celom genóme alebo sú **tandémovo** usporiadané

- *Mierne repetitívne* – 30% (napr. na Y chromozóme)
- *Vysoko repetitívne* – 10%

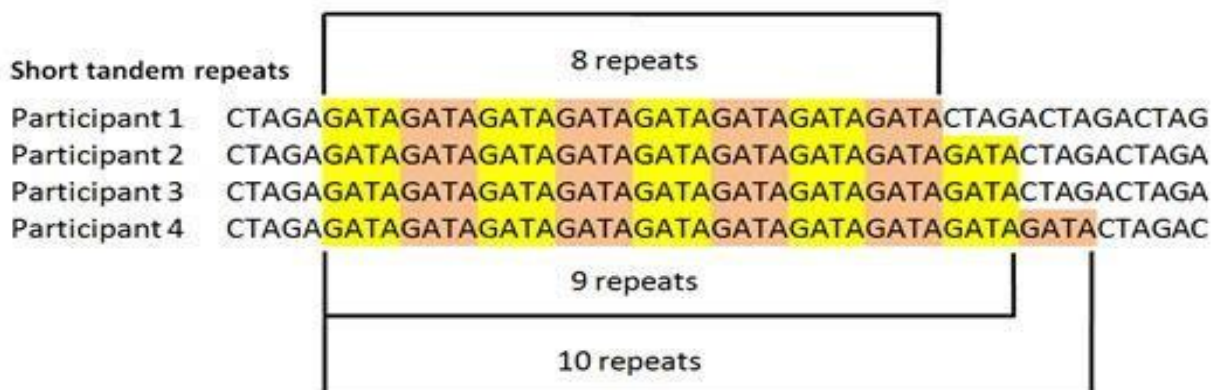
Repetitívne sekvencie

Netranskribujúce:

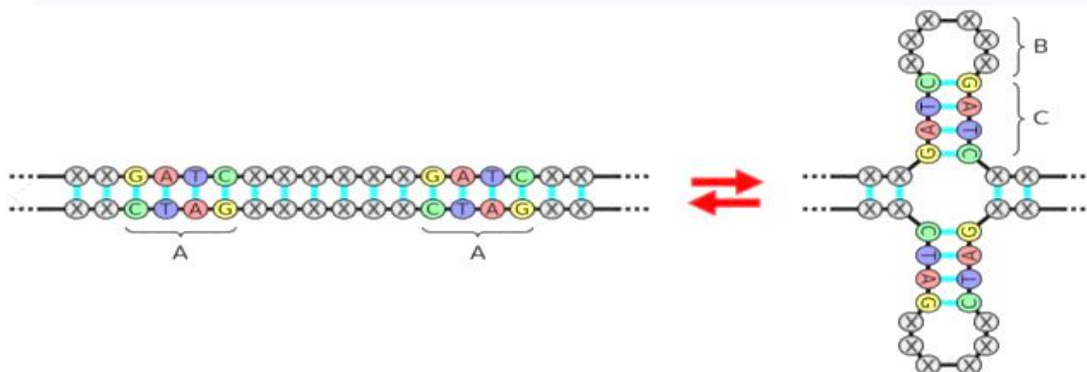
- *Tandémovo (rovnaké, podobné)
- *rady rôznych opakujúcich sa sekvencií
- *rady opakujúcich sa sekvencií (50-2 000bp) medzi ktorými sú jedinečné sekvencie (200-4000bp)
- *palindrómy (rozpoznáv. miesta)- rovnako sa číta z

5'konca aj z 3'konca **Transkribujúce:**

- *gény v tandémoch (gény rRNA, tRNA a históny)



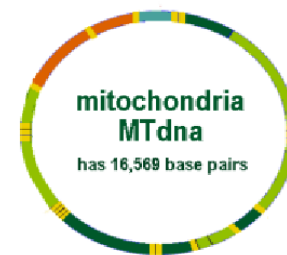
PALINDRÓM: 5'- G A A T T C -3'
3'- C T T A A G -5'



- **vysoko repetitívne , nekódujúce sekvencie DNA s tandémovým** usporiadaním delíme na:
- **Satelitná DNA** (100kb- niekoľko Mb, dĺžka opakujúceho motívu 5-171 bp)
- **Minisatelitná DNA** (0,1-20kb, dĺžka opakovania 6-24 bp)
- **Mikrosatelitná DNA** (do 150bp, opakovania 14 bp)- používajú sa ako polymorfné markery

(STR polymorfizmy)

Mitochondriálna DNA

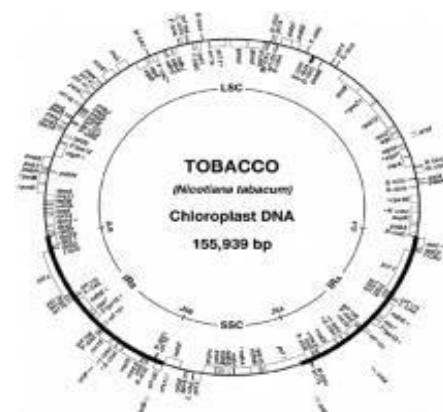


- **1% DNA, 1mt=2-6 molekúl DNA**
- Veľkosť mt DNA je rozdielna (6 kb *Plasmodium*, 2500 kb vyššie rastliny)
- **Dvojreťazcová** (ťažký a ľahký reťazec), **kovalentne uzavretá kružnica** (výnimka riasa *Chlamydomonas reinhardtii* a nálevník *Paramecium aurelia*- lineárna)
- Vlákna sa líšia zložením- **H reťazec** (ťažké vlákno) je bohaté na G a **L reťazec** (ľahké vlákno) je bohaté na C
- **60-70% je superšpiralizovaná, zvyšok relaxovaný**
- replikácia prebieha nezávisle od bb cyklu
- mt majú vlastné ribozómy
- Mt genóm tvorí **mt chromozóm (chromozóm M)**
- Ľudský mt genóm má **37 génov**; 13 génov je štruktúrnych, 2 kódujú rRNA a 22 tRNA
- Genetický kód je **podobný nukleárnemu genet. kódu**.
- Mitochondriálna dedičnosť

Porovnanie ľudského nukleárneho a mitochondriálneho genómu

	Nukleárny genóm	Mitochondriálny genóm
rozsah	3000Mb	16,6 kb
DNA	lineárna	kruhová
DNA v bunkách	23 molekúl v pohlavných 46 molekúl v somatických	Niekoľko 1000
Pridružené proteíny	Histónové a nehistónové	Bez proteínov
Repetitívne sekvencie	Veľký podiel	Veľmi málo
Intróny	Prítomné	chýbajú
Kódujúca DNA	5%	93%

Chloroplastová DNA



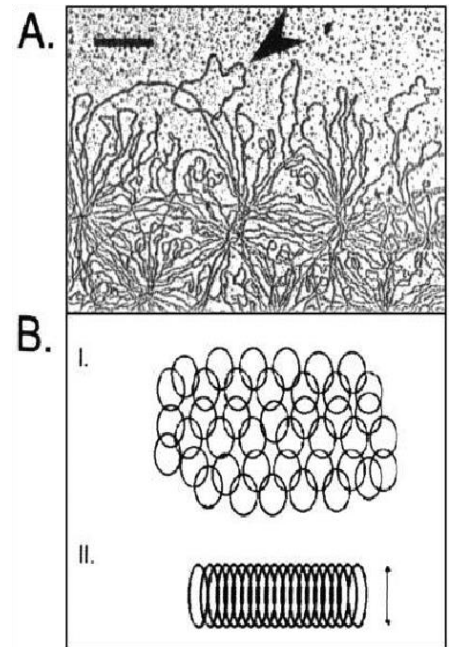
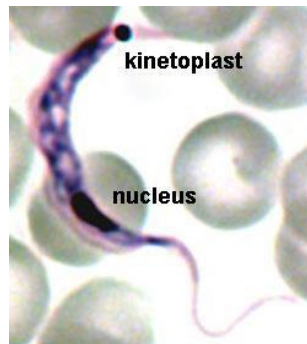
- **1%; 1ch= niekoľko 10 molekúl DNA**
- U vyšších rastlín 120-160 kb, u rias 85-292 kb
- Počet molekúl cpDNA v bunke závisí od počtu chloroplastov a množstva DNA v každom z nich
- **cirkulárna, vyšší obsah C+G párov**
- **Syntéza v plastidoch**
- **Plastogény** (gény plastidov, mimojadrové gény)
Gény pre rRNA, tRNA, niektoré ribozómové proteíny, polypeptidové komponenty fotosystémov

Kružnicová extrachromozomová DNA eDNA

- V bb. rastlín aj živočíchov- v jadre aj v cytoplazme
- Vzniká pri procese **excízie chromozomálnej DNA a transpozície mobilných génových elementov**
- **Heterogénna**
- Obsahuje repetitívne sekvencie

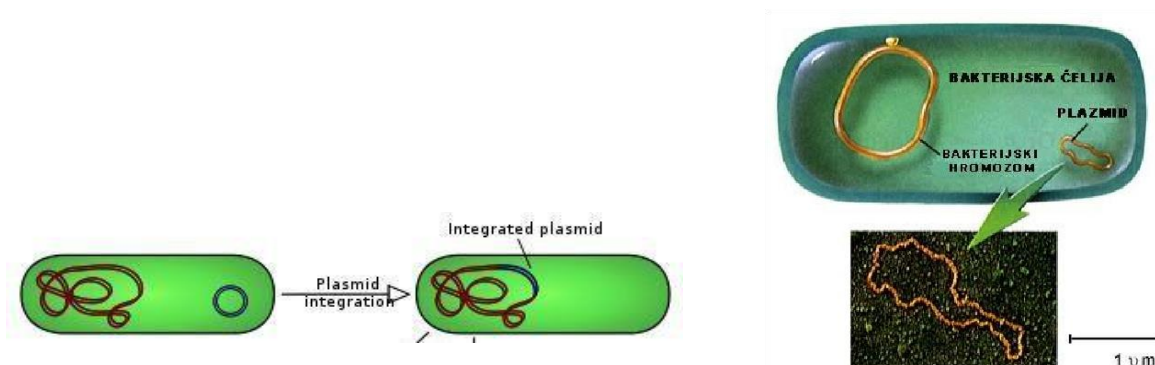
Kinetoplastová DNA

- **Kinetoplast** je úsek mitochondrie prvokov zo skupiny trypanozóm neďaleko bazálneho telieska bičíka
- 1000-ky cirkulárnych (malé aj veľké) DNA pospájaných do agregátov



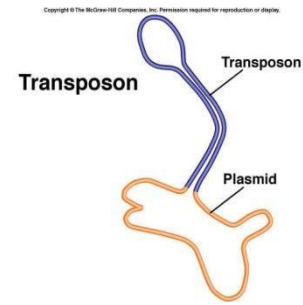
Plazmidová DNA

- Mimochromozómové **2-ret'azcové kružnicové** molekuly v **cytoplazme** predovšetkým bakteriálnych buniek.
- Veľkosť 1 kb- 200kb
- Replikujú sa autonómne
- Nesú gény zvýhodňujúce mikroorganizmy v prostredí (napr. rezistencia voči ATB, vysokým teplotám,...)
- **Epizóm**- genetický element, schopný autonómnej replikácie ale aj kovalentného začlenenia sa do chromozómu hostiteľskej baktérie.



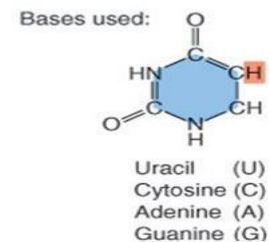
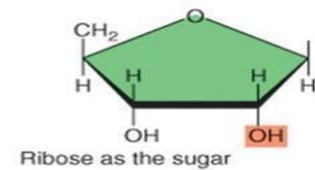
Promiskuitná (zmiešaná DNA)

Môžu predstavovať **transpozóny** (majú schopnosť meniť svoju pozíciu v genóme) integrované do genómu jadra, mitochondrií a plastidov



RNA

- Ribonukleová kyselina
- Polymér purínových a pyrimidínových **ribonukleotidov** spojených 3',5' fosfodiesterovou väzbou
- **Zloženie:**
 - Cukor- ribóza
 - Bázy- purínové a pyrimidínové (U miesto T)
 - Zvyšok kys. fosforečnej



Rozdiely a zhody s DNA

- **Zloženie:** ribóza; uracil
- **1-reťazcové** usporiadanie
- **G ≠ C**
- RNA obsah **prevyšuje DNA obsah**
- RNA labilná v alkalickom prostredí
- Všetky typy RNA vznikajú transkripciou;
- miRNA, rRNA, snRNA, tRNA sú konečnými produktmi svojich génov a nepodliehajú translácii
- Sekvencia RNA je **komplementárna k templátovému** reťazcu génu, z ktorého bola transkripciou prepísaná

Sekvencia RNA je **zhodná so sekvenciou kódujúceho reťazca** DNA (po zámene U za T)

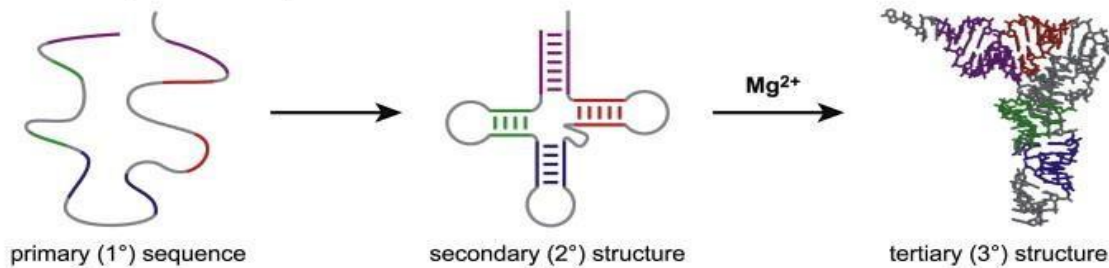
Typy RNA

- Niekoľko typov s rôznymi funkciami
- 5 najdôležitejších- **mRNA, miRNA, rRNA, snRNA, tRNA**
- 3 základné typy: **tRNA, rRNA a mRNA**
- **RNA vírusy**- jednoreťazcová/ dvojreťazcová RNA s genetickou funkciou
- **Prokaryonty** (cytoplazma) **a eukaryonty**-jadro, mt, cytosól, ribozómy, chromozómy
- Funkcie: **proteosyntéza** (expesia GI), **ribozýmy** s enzymatickou aktivitou

Štruktúra RNA

- **Primárna**- poradie ribonukleotidov pospájaných **fosfodiesterovými** väzbami do reťazca
- **Sekundárna**-RNA je jednoreťazcová, ale na niektorých miestach môžu vznikať **vlásenky**-k stabilita priestorového usporiadania molekuly a umožňujú interakcie s inými nukleovými kyselinami a bielkovinami.
- **Terciárna**- interakciou elementov sekundárnej štruktúry navzájom a s jednoreťazcovými oblasťami – **pseudoslučky a kladivé štruktúry**

A Transfer RNA (yeast tRNA^{Phe})



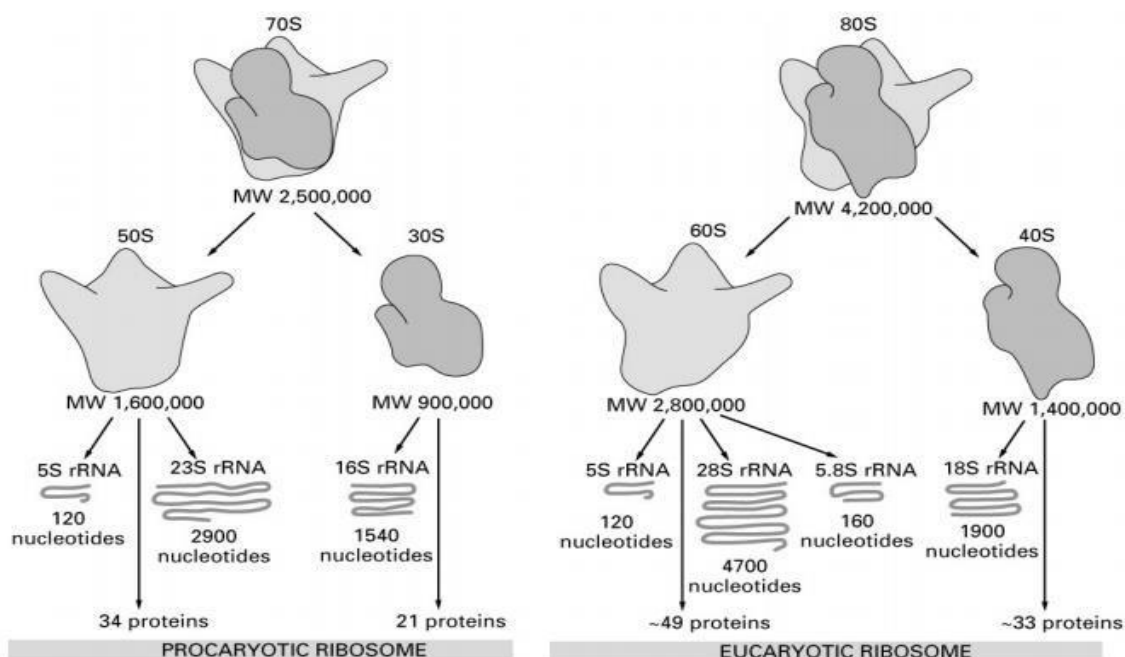
rRNA

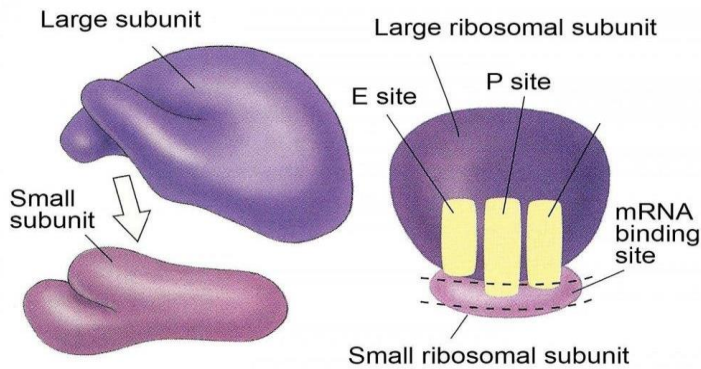
- 90% celkového obsahu RNA
- Súčasť ribozómov prokaryontov aj eukaryontov (štruktúrna funkcia)
- Syntéza: v **jadierku**
- Vyšší obsah **metylderivátov báz**
- **3 formy** na základe sedimentačného koeficientu s rôznymi funkciami
- **Sekundárna štruktúra- Vlásoky**

Ribozómy

- **Cytoplazmatické nukleoproteíny**
- Miesto syntézy proteínov riadenej podľa templátu mRNA
- Ribozómy cicavcov majú **2 podjednotky** väčšia (60S) a menšia (40S)
- **Väčšia**- obsahuje 1 molekulu 5S rRNA, 1 molekulu 5,8S rRNA a jednu 28S rRNA a viac ako 50 špecifických polypeptidov
- **Menšia**- 1 molekula 18S rRNA a 30 polypeptidov
- Všetky rRNA okrem 5S rRNA vznikajú v jadierku z **prekurzorovej molekuly 45S rRNA**
- *S- svedberova jednotka sedimentácie

Prokaryotní a eukaryotní ribosomy



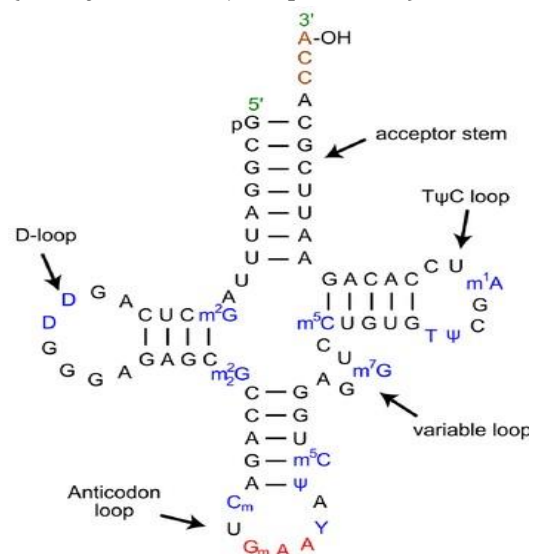


tRNA

- 10% celkového obsahu RNA
- Syntéza: na **matrici DNA** ako prekursorová molekula; **zrelá** molekula vzniká úpravou prekursora **v jadre**
- **V cytoplazme** sa nachádza vo forme **komplexu s AMK**
- Funkcia: adapterová molekula pre preklad informácie z RNA do špecifickej sekvencie AMK
- jednoreťazcová (primárna štruktúra); sekundárna štruktúra- vlásenky= **d'atelinový alebo javorový list**
Prokaryonty- 60 foriem tRNA, **eukaryonty**- >100 foriem (formy sú navzájom podobné)

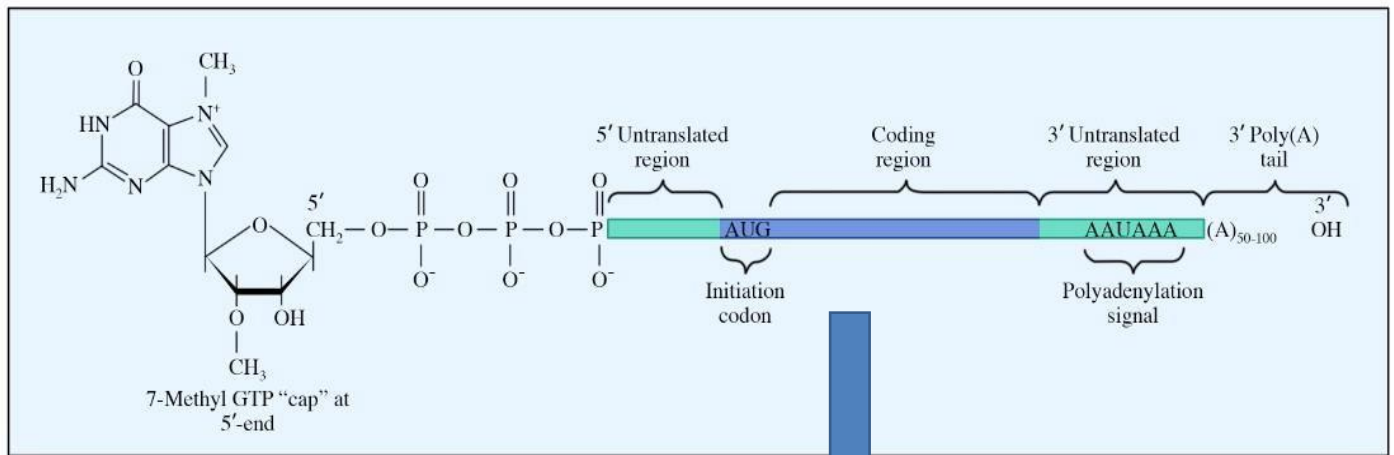
Sekundárna štruktúra tRNA

- udržiavaná párovaním báz v ramenách
- **4 hlavné ramená a 1 variabilné**:
- **akceptorové**- obsahuje spárovaný úsek končiaci sekvenciou **CCA**
- (miesto pre väzbu AMK)
- **Antikodónové rameno**- rozpoznáva kodón (triplet) na templáte mRNA
- **D- rameno**- obsahuje dihydrouridín
- **TΨC rameno**- sekvencia T, pseudouridín, C
- **Variabilné rameno** (rôzne dlhé v závislosti od typu)



mRNA

- 1% celkového množstva RNA
- Jednoreťazcová, vytvára len dočasné vlásenky
- Funkcia: **matrica pre syntézu proteínov**
- Heterogénna, veľa foriem
- **kratšie reťazce v porovnaní s DNA** (informácie z DNA sa odovzdávajú po častiach)
- **monocystrónová** (kódujúce sekvencie len pre 1 polypeptid) u eukaryontov a **polycystrónová** u prokaryontov
 Okrem kódujúcich sekvencií sa tu nachádzajú aj nekódujúce- v mRNA je trojnásobne vyšší počet nukleotidov ako počet aminokyselinových zvyškov v kódovanom proteíne



Iné druhy RNA

- **mikro RNA** (miRNA; 10-22 nukleotidov)- blokujú expresiu komplementárnych alebo čiastočne komplementárnych mRNA.
- **Malé jadrové RNA** (snRNA; snurps, 90-300 nukleotidov)- nepodielajú sa na syntéze proteínov, ale môžu sa uplatňovať na úpravách RNA (zložky spliceozómov- jadrové štruktúry, ktoré vystrihujú intróny jadrových génov) a v bunkovej architektúre
- **Heterogénne jadrové RNA** (hnRNA)- v jadre ešte pred presunom do cytoplazmy; $M_r > 10^7$; ich úpravami (processing) vzniká zrelá mRNA
- **Malé stabilné RNA** (90-300 nukleotidov)- v eukaryotických bunkách v jadre aj cytoplazme, malé, stabilné a konzervatívne
- **Ribozýmy**- katalyticky aktívne molekula RNA, ktorá funguje ako enzým