

Funkce DNA: exprese genu



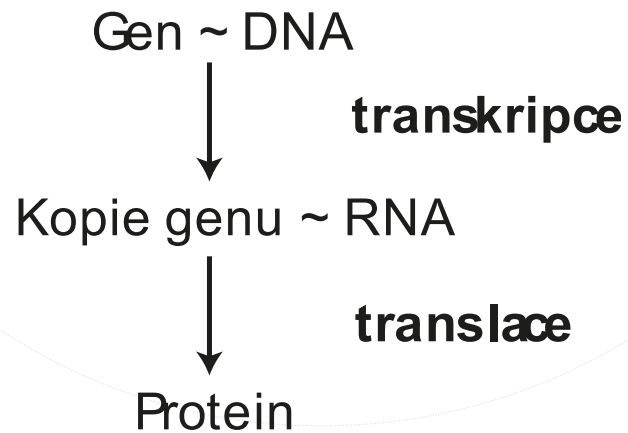
Modul no. 1: Genetika zvířat

Aleš Knoll

Mendelova univerzita v Brně, Agronomická fakulta

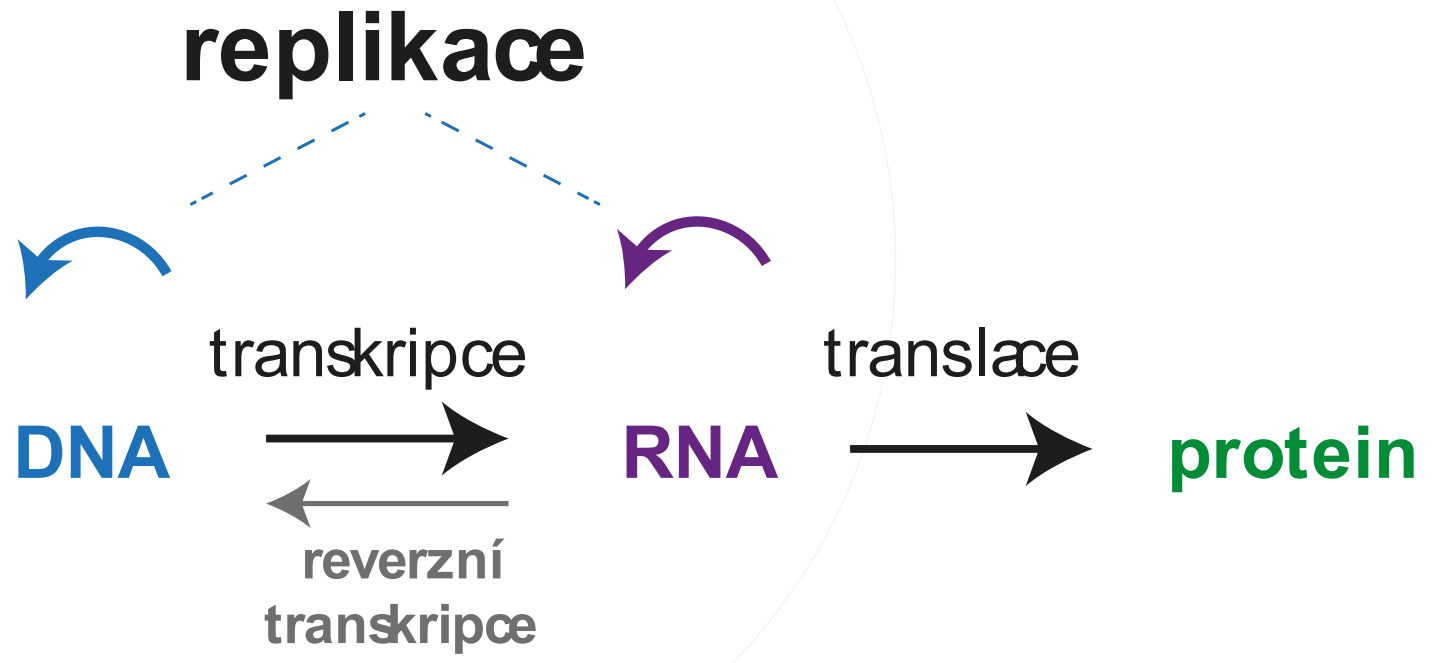
Gen a jeho exprese

- Geny obsahují biologickou informaci, ale samy o sobě nejsou schopny tuto informaci do buňky uvolnit. Její využití vyžaduje koordinovanou činnost enzymů a dalších druhů bílkovin, které se podílejí na řadě událostí tvořících genovou expresi.
- Na genovou expresi se obvykle pohlíží jako na dvoufázový proces.
- Všechny tyto procesy jsou založeny na strukturálních vlastnostech nukleových kyselin - a to na komplementaritě bází a antiparalelismus v dvoušroubovicových strukturách NK.



Funkce DNA – Dogma molekulární biologie

- Tok genetické informace v buňce ~ ústřední dogma molekulární biologie



- Přenos GI mezi nukleovými kyselinami a z NK na protein je možný, z proteinu na NK nikoliv

ISAGREED



Expresa genetické informace

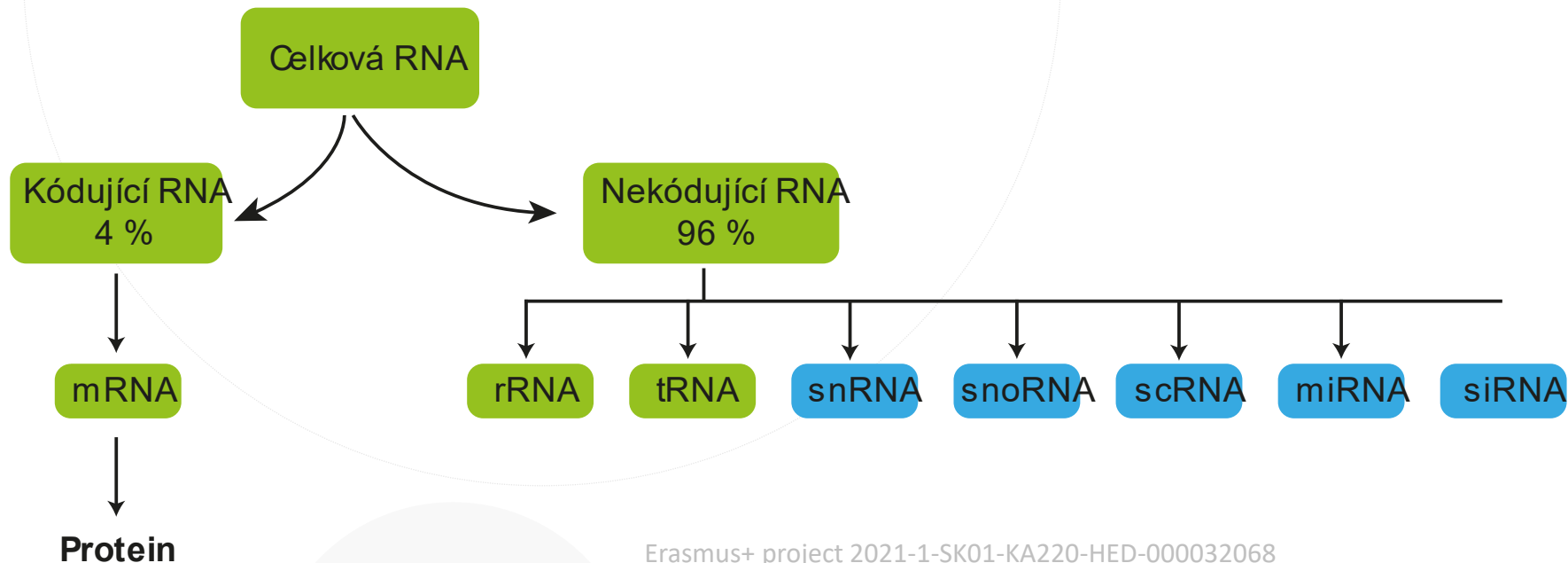
- Genová exprese je proces, při kterém se informace z genu využívá k syntéze funkčního genového produktu, tj. proteinu nebo RNA se specifickou funkcí, nebo nekódující RNA.
- Expresa genetické informace je proces zahrnující dva kroky:
 - **transkripce**
 - **translace.**
- Při těchto procesech vznikají proteiny – základ správného fenotypu



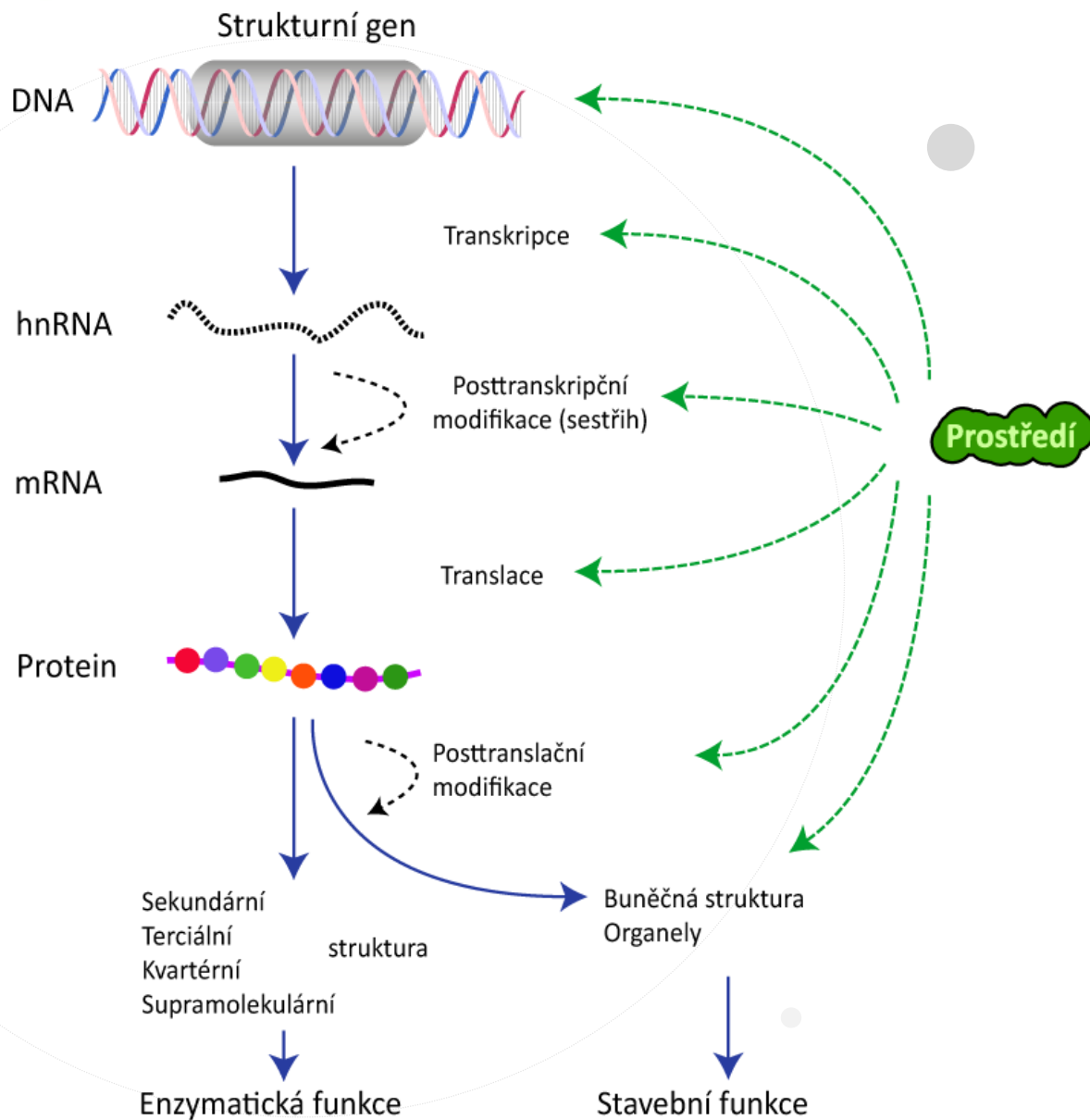
RNA molekuly

- Důležité jsou také molekuly RNA, které nejsou přeloženy do bílkovin.
- mediátorová RNA (mRNA) tvoří cca 4%
- zbytek tvoří nekódující RNA s vlastní funkcí:

malé jaderné RNA (snRNA), malé jadérkové RNA (snoRNA), malé cytoplazmatické RNA (scRNA), mikroRNA (miRNA) a malé interferující RNA (siRNA).



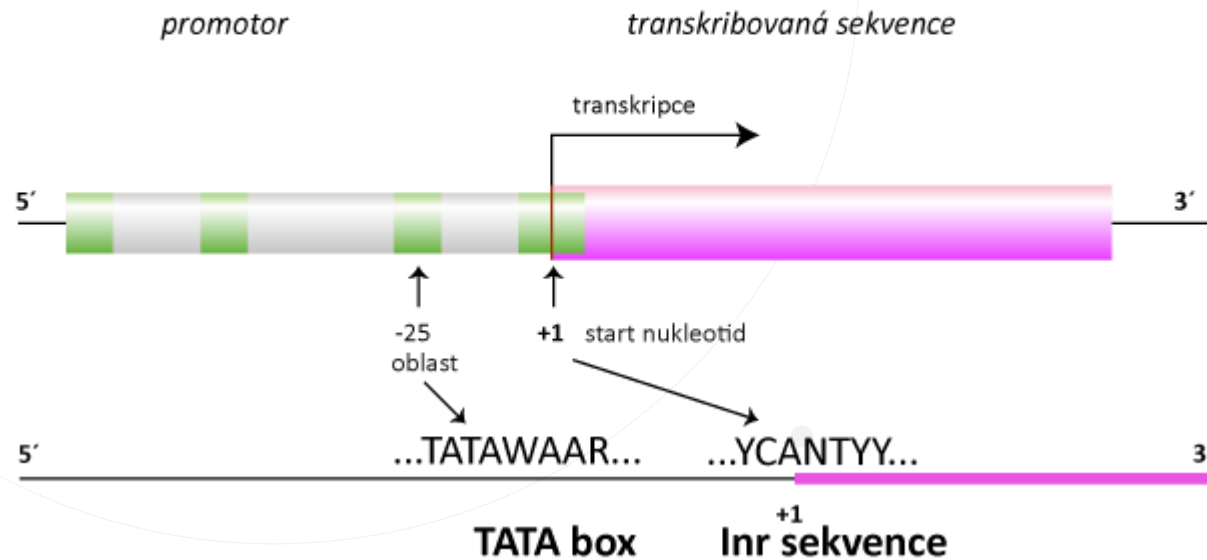
Genová exprese



Promotor

- Promotor je sekvence DNA, která iniciuje transkripci určitého genu vazbou na RNA polymerázy a další složky transkripčního aparátu.
- U eukaryot jsou tři typy RNA polymerát (I – II), každá s typickými promotory.
- Jádro promotoru RNA polymerázy II u eukaryot se skládá ze dvou hlavních segmentů.
 - **TATA box**, oblasti -25 s konsenzuální sekvencí 5'-TATAWAAR-3'.
 - **sekvence iniciátoru (Inr)**, který se nachází v okolí nukleotidu $+1$ (u savců).

Sekvence v DNA iniciující transkripci -
RNA polymeráza II core promotor obsahuje dva hlavní segmenty

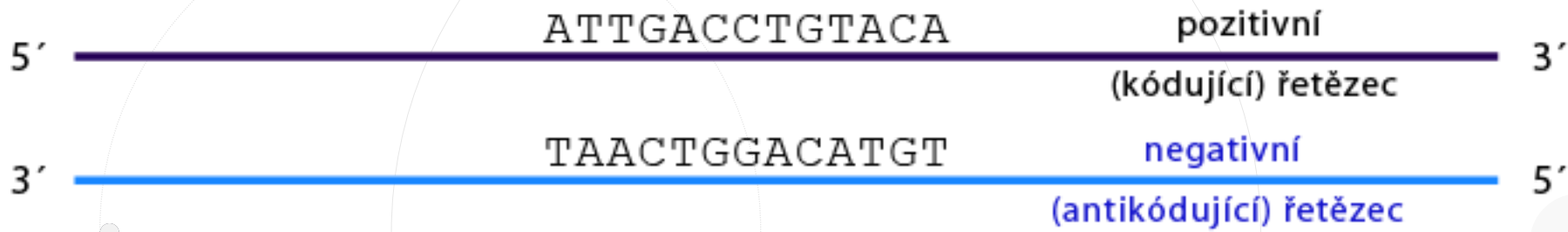


W ~ A/T
R ~ A/G
Y ~ C/T
N ~ A/G/C/T

Transkripce

- výsledkem transkripce je syntéza molekuly RNA na základě komplementarity s DNA
- RNA je stejně jako DNA polynukleotid, chemicky se liší pouze tím, že v RNA je cukr ribóza, nikoli 2'-deoxyribóza, a že báze thymin je nahrazena bází uracil (U), která se stejně jako thymin páruje s adeninem.
- Při transkripci genu slouží jedno vlákno dvojité šroubovice DNA jako templát pro syntézu molekuly RNA





transkripce



primární transkript (hnRNA, mRNA, tRNA, rRNA)



Co-funded by the European Union

Zpracování po syntéze RNA – enzymatické úpravy

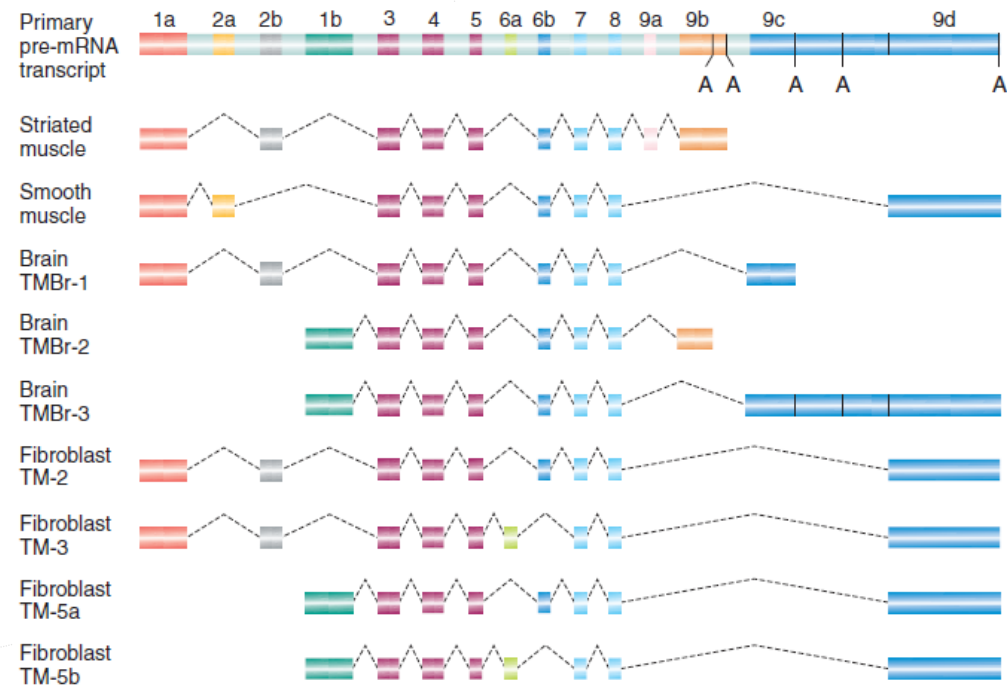
- Přidávání čepičky (capping)
- **RNA sestřih** (splicing), odstranění intronů
- Štěpení a polyadenylace

Pre-mRNA transkript genu alfa-tropomyosinu potkana je **alternativně sestřižen** v různých typech buněk.

Světle zelené rámečky představují introny; ostatní barvy představují exony. Polyadenylační signály jsou označeny písmenem A.

Čárkovaně se označují oblasti, které byly odstraněny sestřihem.

Complex patterns of eukaryotic mRNA splicing



Translace

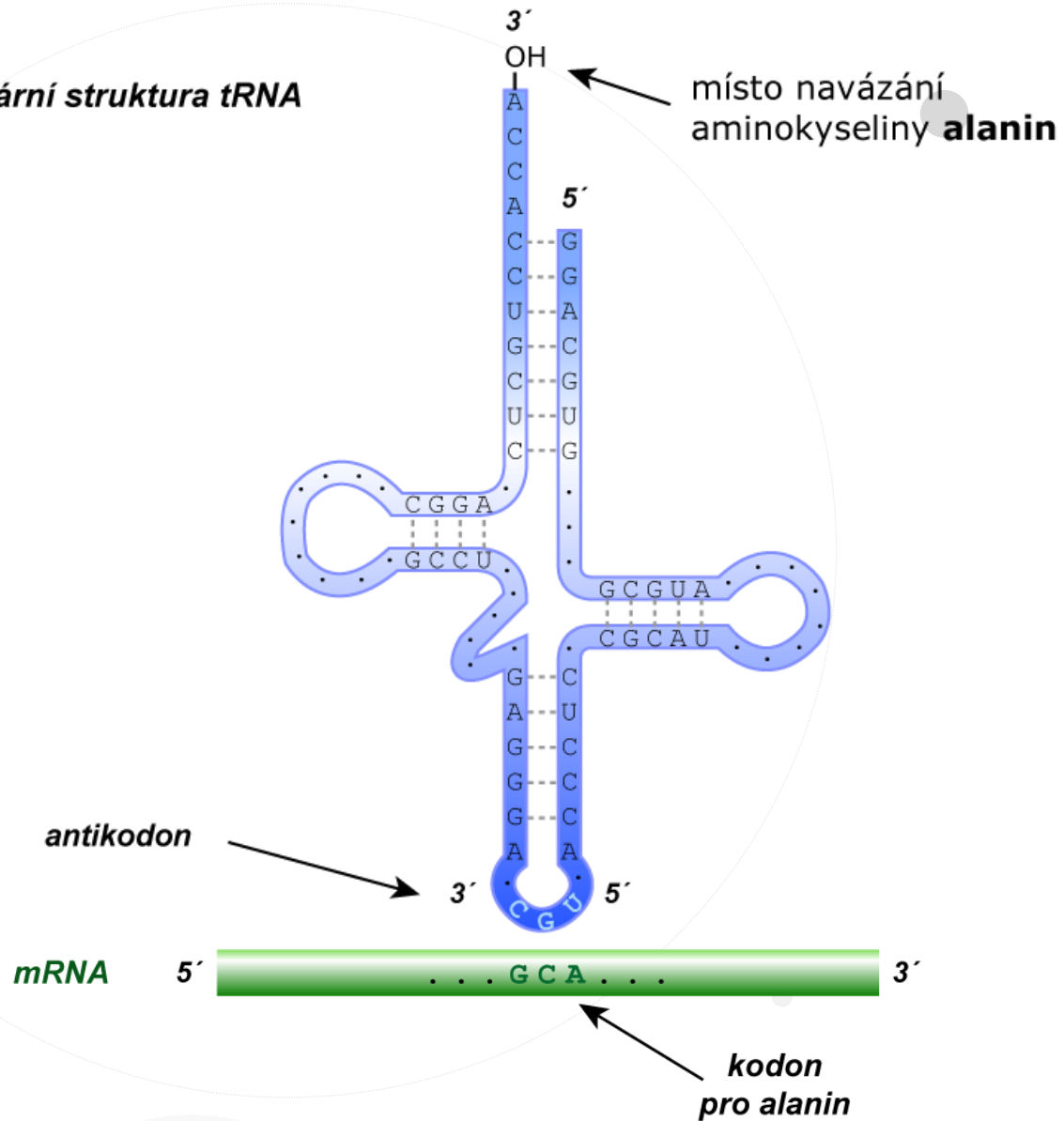
- U strukturních genů podléhá mRNA druhé fázi genové exprese – translaci
- Překlad genetické informace (sekvence nukleotidů kódujících aminokyseliny peptidu) do primární struktury polypeptidu (sekvence aminokyselin)
- V bílkovině se monomery nazývají aminokyseliny a existuje jich 20 různých, z nichž každá má své specifické chemické vlastnosti.
- **Princip:** prostřednictvím komplementarity bází mezi kodonem mRNA (kopie genu) a antikodonem tRNA (nosič aminokyselin).
- Využívá genetický kód – systém pravidel kódování aminokyselin
- Translace probíhá na ribozomech v cytoplazmě



Primární struktura tRNA

5' GGACGUG... ..UCCACCA 3'

Sekundární struktura tRNA



Párování kodonu a antikodonu

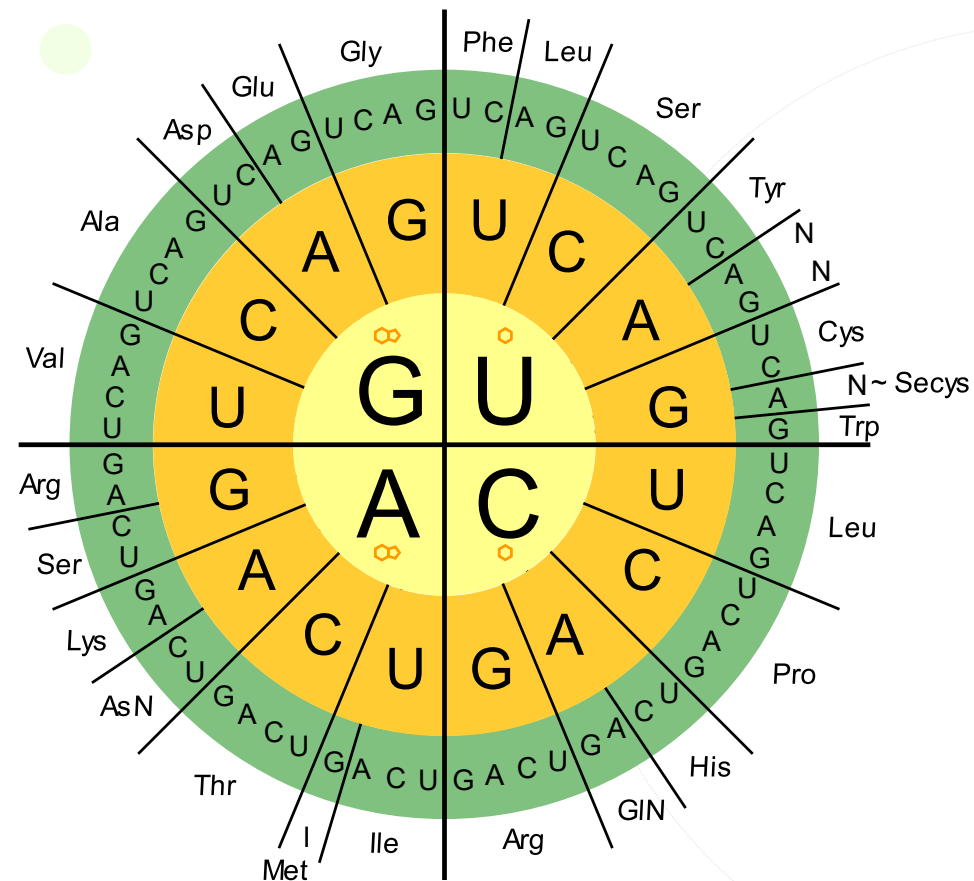
Genetický kód

2. báze

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

1. báze
(5'konec)

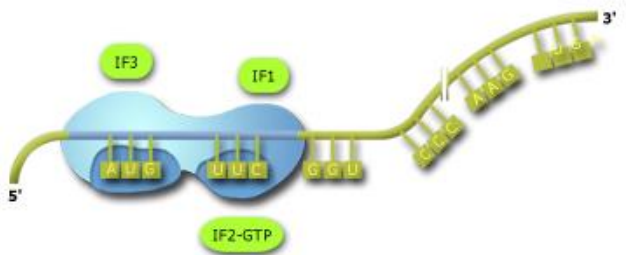
3. báze
(3'konec)



I - Iniciační kodon; * - Sec - Selenocystein ; Stop - Terminální (stop) kodon

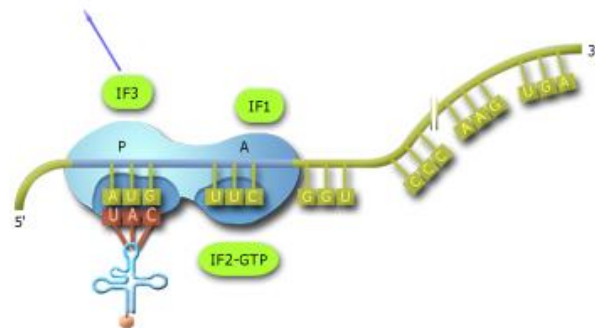
Sekvence aminokyselin je určena sekvencí nukleotidů v mRNA. Každý triplet sousedících ribonukleotidů určuje jednu aminokyselinu proteinu, přičemž identita aminokyseliny odpovídající každému tripletu je dána genetickým kódem.

TRANSLACE



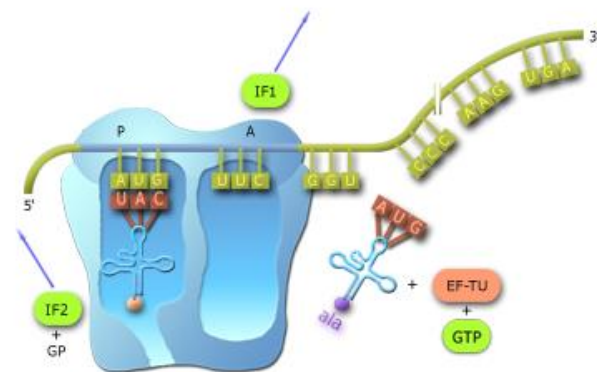
1. mRNA se váže na malou podjednotku spolu s iniciačními faktory (IF1, 2 a 3)

© TGU 2005



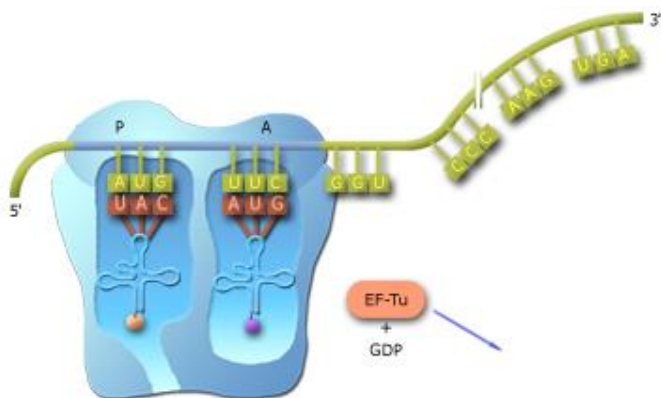
2. iniciační tRNA^{Met} se váže na sekvenci kodonu mRNA svým antikodonem v místě P; IF3 je uvolněn

© TGU 2005



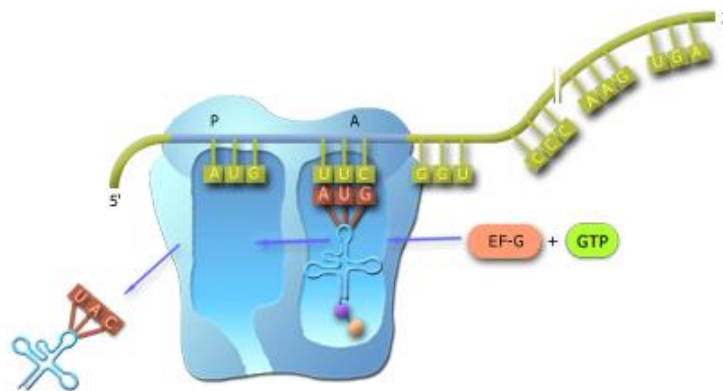
3. Velká podjednotka se váže na komplex; IF1 a 2 se uvolňují; EF-Tu se váže na tRNA a usnadní tak vstup do místa A

© TGU 201



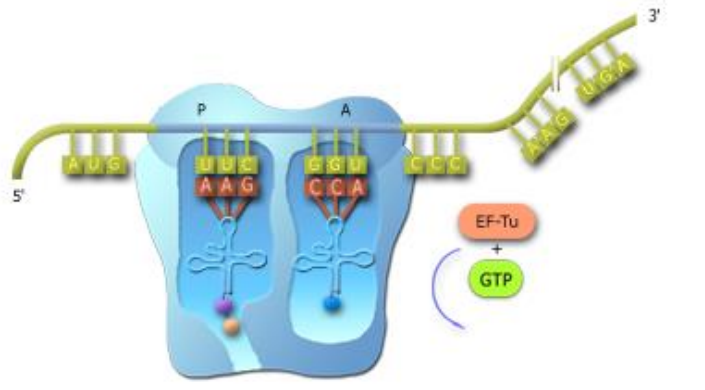
4. Druhá aktivovaná tRNA s aminokyselinou vstoupila do místa A, za pomoci EF-Tu

© TGU 200



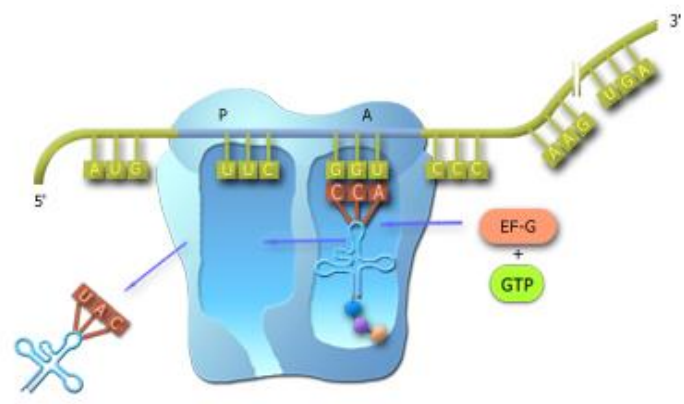
5. Neaktivní tRNA bez aminokyseliny vypadá z ribozomu, je vytvořen dipeptid

© TGU 2005



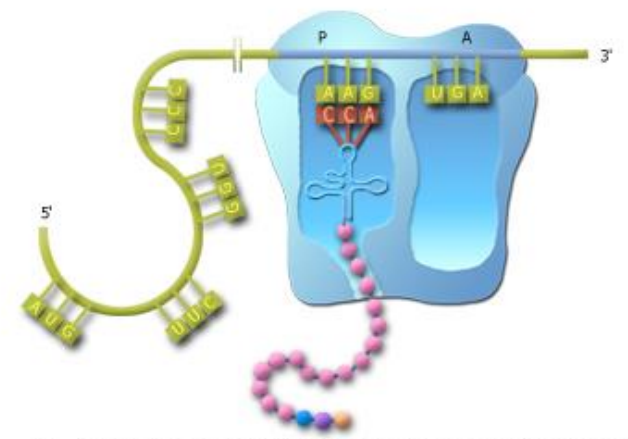
7. Třetí aktivovaná tRNA s aminokyselinou vstoupila do místa A

© TGU

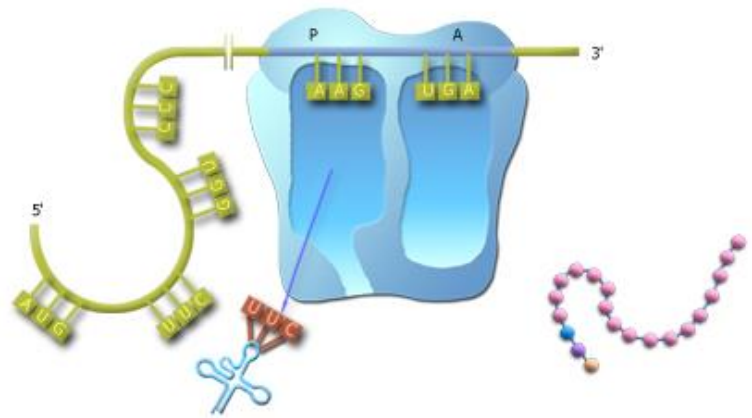


8. Je syntetizován tripeptid

© TGU 2005

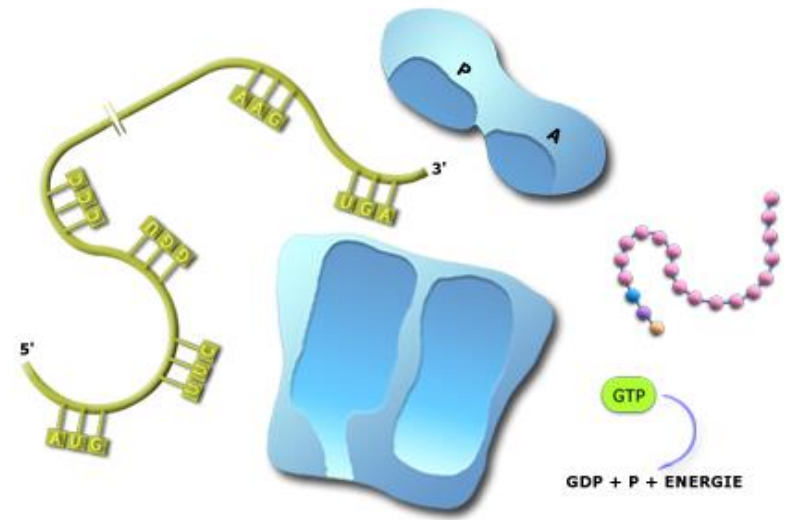


9. Po mnoha opakování je syntetizován polypeptid



10. Uvolnění tRNA a polypeptidu

© 1



11. Na GTP závislý terminační faktory jsou aktivovány a jednotlivé složky se oddělují

© TGU 2005



Partners:



Siedlce University
of Natural Sciences
and Humanities



Czech University
of Life Sciences Prague



Děkuji za vaši pozornost!

This presentation has been supported by the Erasmus+ KA2 Cooperation Partnerships grant no. 2021-1-SK01-KA220-HED-000032068 "Innovation of the structure and content of study programs in the field of animal genetic and food resources management with the use of digitalisation - Inovácia obsahu a štruktúry študijných programov v oblasti manažmentu živočíšnych genetických a potravinových zdrojov s využitím digitalizácie". The European Commission support for the production of this presentation does not constitute an endorsement of the contents which reflects the views only of the authors, and the Commission cannot be held responsible for any use which may be made of the information contained therein.



Aleš Knoll



knoll@mendelu.cz

