

= **biologická věda** **zajímající se variabilitou (proměnlivostí) živých org. a také dědičností**
(=hereditou)

- sleduje rozdílnost a společné znaky rodičů a jejich potomků
- zakladatelem genetiky Johann Gregor **Mendel** (1822-1884) – Němec, žil na Moravě, sledoval tvar a velikost semen, určil zákony, jak se dědí určité znaky

NUKLEOVÉ KYSELINY

- patří mezi biomakromolekulární látky = **BIOMAKROMOLEKULA** (velice velká molekula nacházející se v živých org.)
- 2 typy:
 - 1. DNA – deoxyribonukleová kys.**
 - 2. RNA – ribonukleová kys.**
acid = kys., mezinárodní název
- výskyt:*
 - ne v úplně všech buňkách těla (**v červených krvinkách není nukleová kys.**)
 - **DNA** – lokalizování v buň. organelách – **JÁDRO** (99% koncentrace dědičné informace), **MITOCHONDRIE, CHLOROPLASTY** (pouze u rostlin)
 - **RNA** – pohyblivá, nalezneme ji v jádře, cytoplazmě, součást ribozómu
- **uchovávají gen. informaci** = DNA (jak máme vypadat a jak se budeme chovat) + **přenos gen.**
informace = RNA → obsahují informace pro průběh všech životních procesů
- **dáno gen.** – barva očí, vlasů, kůže, stavba těla, hmotnost, krevní skupina, náchylnost k chorobám → téměř vše, prostředí se uplatňuje také

stavba:

1) primární – stavba řetězce:

stavební jednotka – NUKLEOTID (deoxyribonukleotid v DNA, ribonukleotid v RNA)

NUKLEOSID – pentóza + dus. báze

NUKLEOTID – pentóza + dus. báze + 5uhlíkatý fosfát

cukr v DNA 2- deoxy – D – ribósa (na 2. uhlíku chybí jeden kyslík), v RNA – D – ribósa

dusíkatá báze = derivát heterocyklických sloučenin (má v cyklu zabudován nejméně 1 heteroatom –P, S O N... - místo atomu C), dusíkatá báze – (v cyklu je alespoň 1 atom N, sloučenina má zásadité vlastnosti) purinu a pyrimidinu

báze odvozené **od purinu** – ADENIN, GUANIN

odvozené **od pyrimidinu** – CYTOSIN, THYMIN, URACIL

DNA – A, T, C, G

RNA – A, U, C, G

FOSFÁT = $H_2PO_4^-$ = zbytek kyseliny trihydrogenfosforečné – váže se na 6' uhlík cukru

esterovou vazbou

cukr (na straně báze – pomocí **glykosidické v.**) – fosfát – cukr – fosfát

molekula DNA je mnohem větší než mol. RNA

v 1 živ. b. je asi 1 metr DNA, tedy asi 3×10^9 nukleotidu

spojováním NUKLEOTIDŮ = polynukleotidový řetězec

FOSFODIESTEROVÉ V. vznikají mezi fosfátem na 5'C jednoho cukru a –OH skupinou na 3'C

cukru následujícího provázené odštěpením vody – každý řetězec má tedy 2 konce: 3' (-OH skupina na 3'C), 5' (fosfátová skupina na 5'C)

na prvním uhlíku je glykosidickou v. navázán dus. báze

2) sekundární – uspořádání řetězce v prostoruDNA

- Mezi řetězci jsou vodíkové můstky- mezi bázemi
- Můstek je slaboučký, ale je jich velké množství- drží dobře u sebe
- Vodíkové můstky se vytváří jen mezi komplementárními bázemi
- *Adenin stojí naproti thyminu- 2 vodíkové můstky*
- *Cytosin a guanin- 3 vodíkové můstky*
- Vlákna jsou antiparalelní= tam kde je 5konec- druhý řetězec má 3konec

RNA

- Tvoří ho jen jedno vlákno
- Báze koukají do prostoru
- Může mít různý tvar
- Když se potkají dva komplementární řetězy tak se spojí- můžou se párovat
- Místo thyminu se tu vyskytuje uracil- páruje se s adeninem
- RNA je kratší (desítky až stovky nukleotidů)
- 3 druhy: mRNA- mediátorová, tRNA- transferová, rRNA- ribozomální

REPLIKACE:

DNA*→transkripce→*RNA*→translace→*protein

DNA replikace

- Schopnost kopírování
- Vytváření identické molekuly
- Dochází k ní před buněčným dělením
- Každá dceřiná buňka má stejnou genetickou informaci

Jak probíhá:

- Je potřeba nějaký vzor (vlákno DNA- původní dvoušroubovice)= **matrice, templát**
- Je potřeba materiál - **volné nukleotidy**
- „dělníci“- postaví z nukleotidů dvoušroubovici (jsou to **enzymy: DNA polymeráza**)
- Je třeba dodávat energii (**ATP** – štěpí se makroergické v.), protože je to **anabolický proces**
- Nejdřív se dvoušroubovice musí rozplést - přijde enzym, rozbije vodíkové můstky- rozplete se
- Každé z těch vláken bude základem nové dvoušroubovice
- Přijde další enzym a vytvoří nové komplementární vlákno k tomu jednomu původnímu
- U bakterií probíhá replikace 1000 nukleotidů/s
- U eukaryotní buňky replikace trvá 3 minuty

GEN= úsek na 1 vláknu DNA, který **kóduje 1 bílkovinu** (jak má vypadat bílkovina)

PROTEOSYNTÉZA

= výroba bílkovin

2 fáze:

- 1) **přepis** informace z DNA do mRNA = **transkripce** – kódovaný přepis kuchařky na recepty (1 recept = 1 gen)
 - připomíná replikaci – 1 gen se přepisuje do mRNA, která je ke genu komplementární – přepisuje se jen kus vlákna - místo thyminu tam bude uracil

- vzor (**matrice**) = vlákno DNA + materiál na výrobu (**volné nukleotidy**) + „dělníci“ = enzymy (**RNA-polymerázy**) + energie (**ATP**)

jak probíhá:

- RNA-polymeráza musí najít na genu startovací sekvenci (**promótor** – obsahuje specifické báze v určitém pořadí – střídá se tam hlavně T + A = **tatabox**, C + A + A + T + T = **cat box**) – vyskytuje se přibližně desítky bází před tím vlastním genem, který se má přepsat → za ním je zahájena transkripce
- jakmile je rozpoznán promótor, polymeráza dále čte gen a vytváří k němu dvojici
- **primární transkript** = přesný přepis genu
- po ukončení transkripce je **primární transkript ještě dále upravován**
- 2 typy úseků na DNA – **exony** (části genů, které skutečně bílkovinu kódují) a **introny** (úseky, které se označují jako hluchá místa – je možné, že mají nějakou nějakou fci, ale nekódují vyráběnou bílkovinu) → při přepisu se přepisují exony i introny
- jakmile vznikne primární transkript – přijdou nějaké enzymy, které „vystříhají“ introny (= **sestřih, splicing**) a exony mezi sebou „slepí“ → vznikne **sekundární transkript**, který obsahuje pouze informaci bez hluchých míst – výsledná mRNA
- dále sekundární transkript putuje na ribozomy, kde dále probíhá tvorba bílkoviny

2) **překlad** informace z mRNA do pořadí AMK v bílkovině = **translace**

- probíhá na ribozomu, podle návodu v přepsané mRNA se vyrábí bílkovina
- **ribozomy** + matrice (vlákno **mRNA**) + materiál na výrobu (**AMK**) + „dělníci“ (enzymy v ribozomu) + další „pomocníci“ (**tRNA**) + energie (**ATP**)
- tRNA (transferová, přenašečová) – **jednovláknová**, některé úseky jsou komplementární a tak se stáčí do tvaru „trojlístku“ – tvar udržován pomocí vod. můstků, velmi důležitá část – 3 báze uprostřed lístku = „**antikodon**“, dále je důležitý na 3-konci 1 AMK (jedna z těch 20, které je potřeba zabudovat do bílkoviny) – záleží to na pořadí antikodonu, každému antikodonu odpovídá jedna konkrétní AMK

jak probíhá:

- ribozom tvoří 2 podjednotky
- mRNA projíždí ribozomem a je zde čtena – čte se informace po trojicích bází (nukleotidů) = **TRIPLETY = kodon – 3 báze znamenají 1 AMK** do bílkovinného řetězce
- na začátku mRNA, která projíždí ribozomem, je **triplet A, U, G** (zahajuje translaci → **iniciační triplet**)
- jakmile enzymy najdou iniciační triplet, nasedá svým antikodonem tRNA a přináší tím první AMK - **metionin** = komplementární (antikodon a kodon) → zahájení proteosyntézy
- poté se další trojice bází – na tyto triplety přijde další tRNA + další AMK – podle písmen přijede tRNA s odpovídající AMK - AMK se začnou spojovat → vznik bílkovinného řetězce → prodlužováním vznikajícího řetězce = **elongace**
- na mRNA existují trojice písmen = **trojkodony** – jež zastavují tvorbu bílkovin – **UAA, UAG, UGA** → pro tyto triplety neexistují komplementární tRNA
- 1 mRNA projíždí zároveň velkým množstvím ribozomu → efektivní (z 1 mRNA → vznik mnoha stejných bílkovin)
- vzniklá bílkovina není konečná → **úprava na ER nebo v GK** (např. kus řetězce se odštěpí)

gen. kód:

1. **degenerovaný** = 1 AMK může být kódována více různými triplety, např. **leucin** může tvořit 6 různých tripletů
2. **univerzální** = gen. kód je platný pro všechny organismy