

Replikace = tvorba replik (kopií) molekul nukleových kyselin zajišťující přenos genetické informace z DNA do DNA nebo RNA do RNA

(z mateřské molekuly se vytvářejí dvě identické dceřiné molekuly)

Předpoklady a požadavky pro replikaci nukleové kyseliny

1. Templátový řetězec (matrice)
2. Primer
3. Polymeráza + replikační proteiny
4. dNTP

· Replikon - molekula NK obsahující ori

Charakteristické rysy replikace

- a. probíhá semikonzervativním způsobem
- b. probíhá semidiskontinuálně

Tři možné způsoby replikace DNA

Semikonzervativní

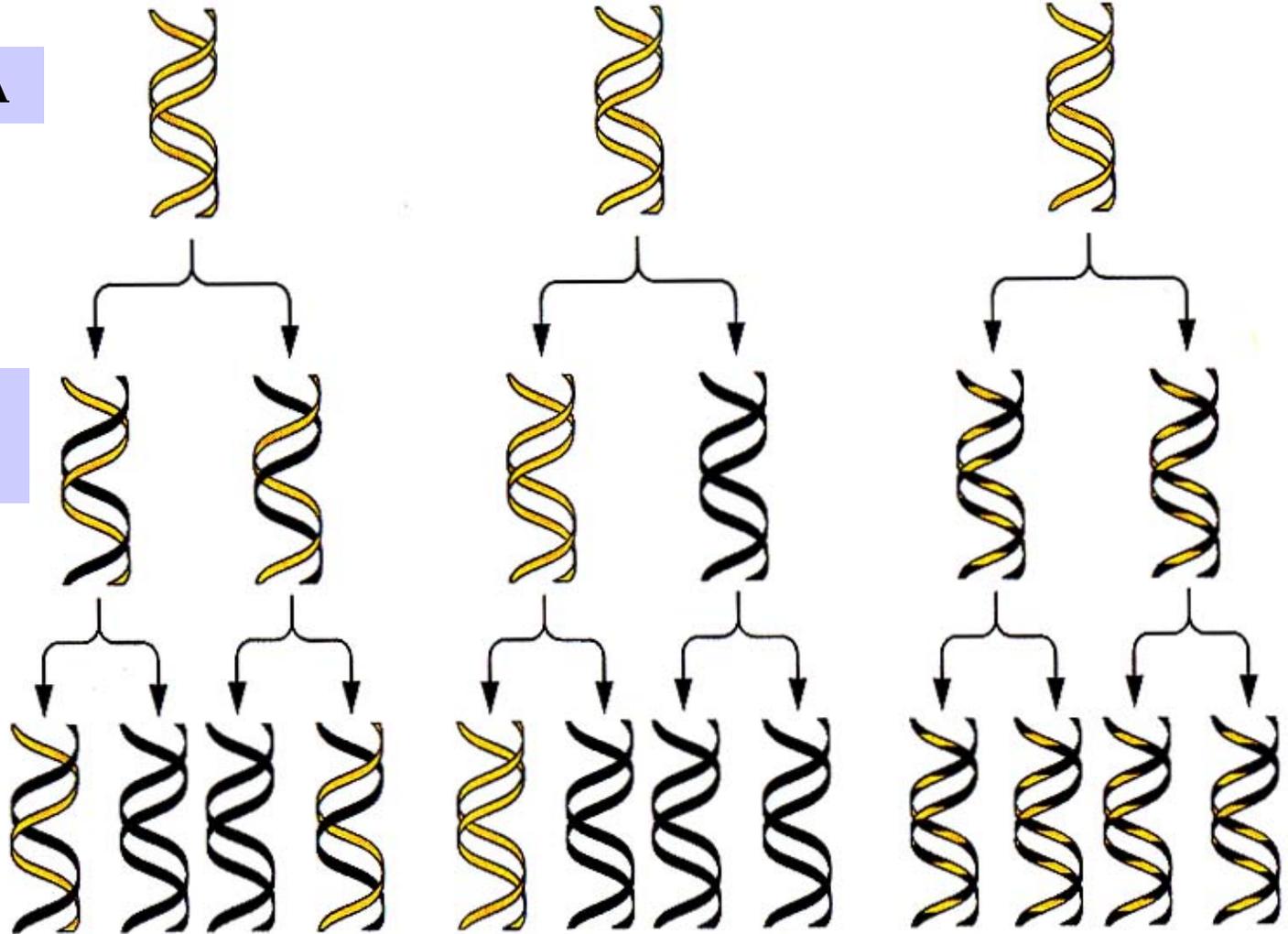
Konzervativní

Disperzní

Rodičovská DNA

DNA po první replikaci

DNA po druhé generaci

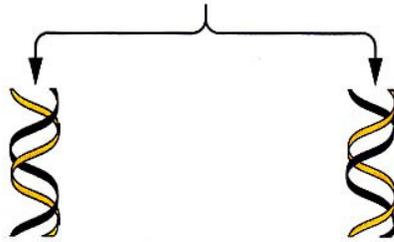


Experimentální důkaz semikonzervativní replikace DNA

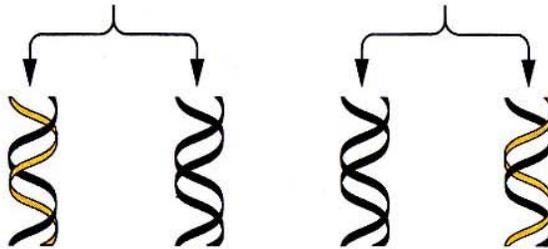
1 *E. coli* cells are grown on ^{15}N for several generations.



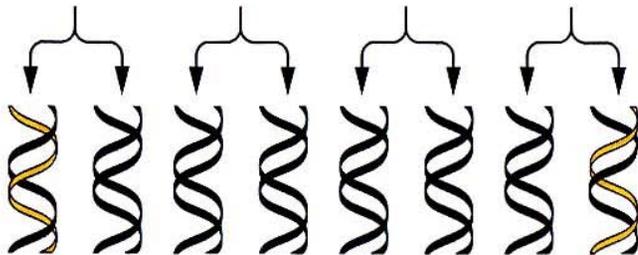
3 Cells are then transferred to medium containing ^{14}N for one generation.



5 For two generations.



7 For three generations.

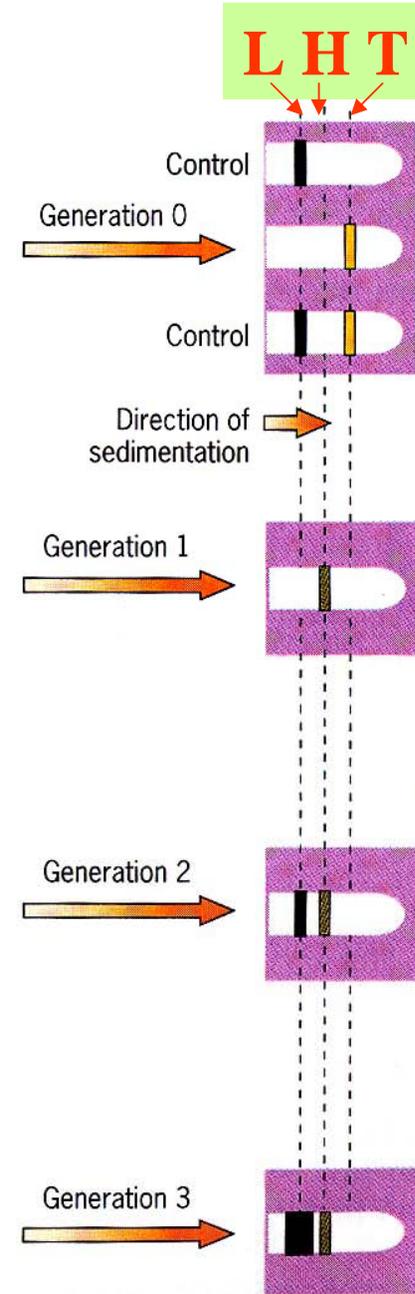


2 DNA is extracted and analyzed by CsCl density gradient centrifugation.

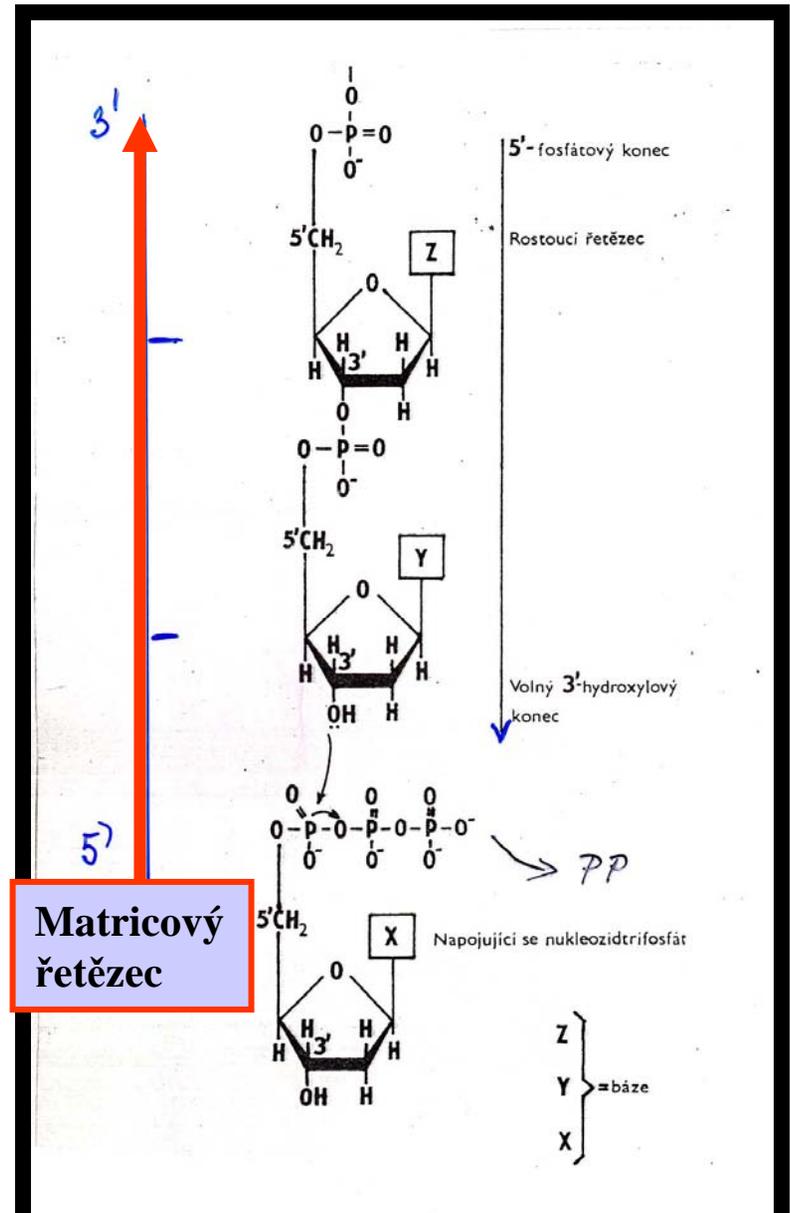
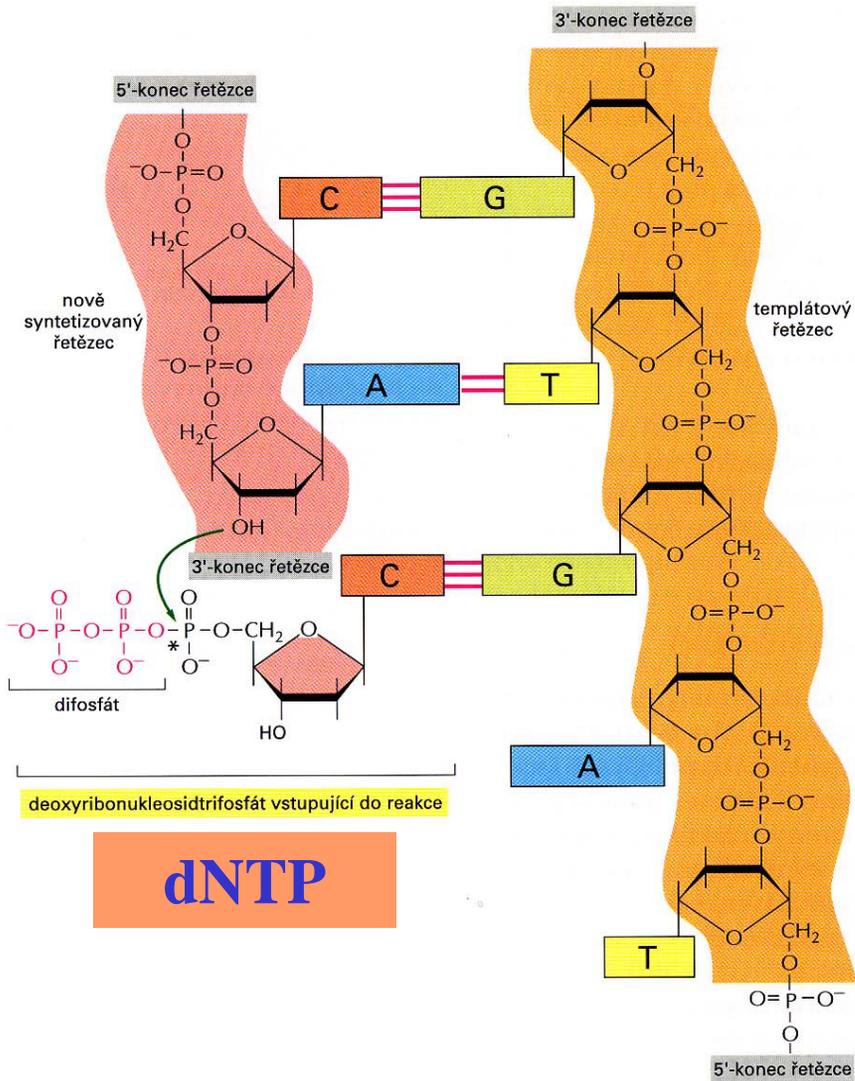
4 DNA is extracted and analyzed.

6 DNA is extracted and analyzed.

8 DNA is extracted and analyzed.



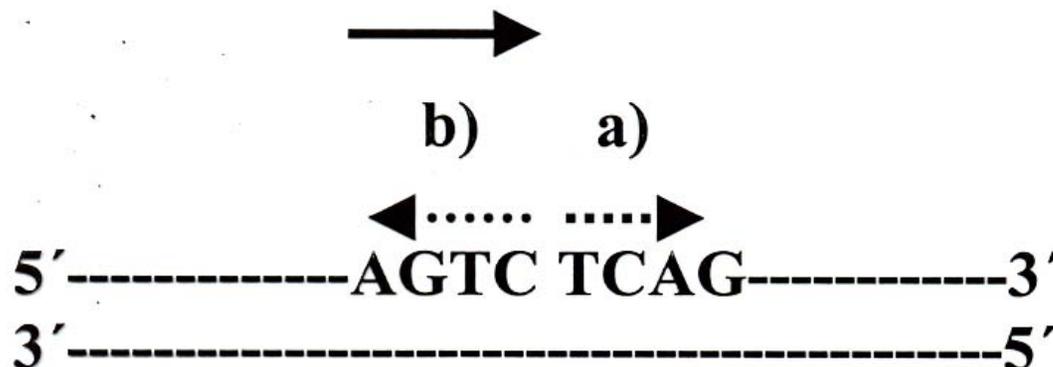
Syntéza DNA při procesu replikace



Charakteristika DNA-polymeráz

DNA-řízené(dependentní)-DNA-polymeázy

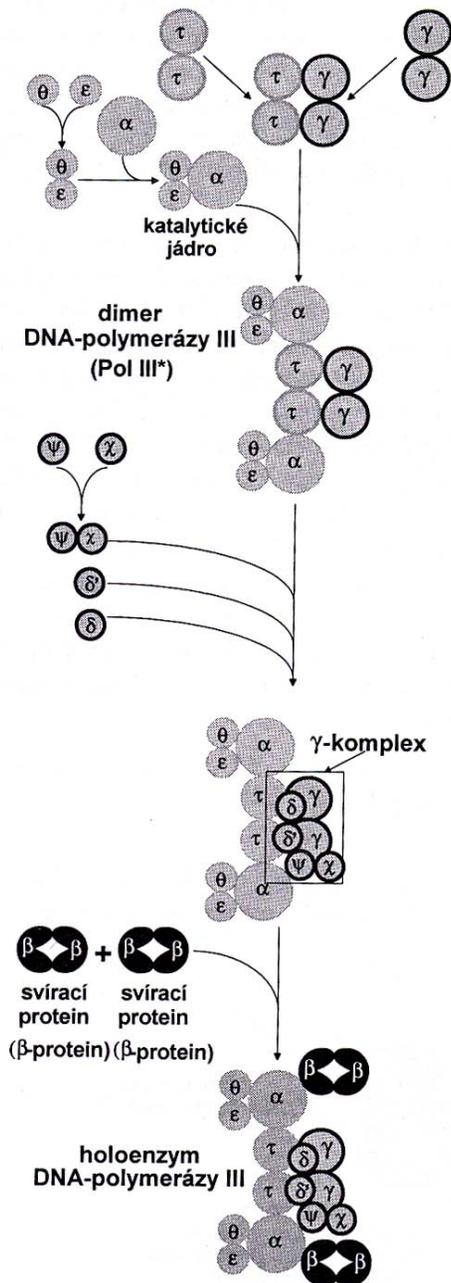
- 1) Polymerizace nukleotidů ve směru 5' - 3'
- 2) Odštěpování nukleotidů
 - a) 5' - 3' exonukleázová aktivita
 - b) 3' - 5' exonukleázová aktivita



Enzymy kooperující při replikaci a jejich funkce

- 1. DNA-polymerázy a DNA-primáza:
katalyzují polymerizaci NTP**
- 2. DNA-helikázy a SSB - proteiny:
otevření DNA-helixu a stabilizace jednořetězců**
- 3. DNA-ligázy a enzym degradující RNA-primer:
katalýza spojení DNA-opožďujícího se řetězce**
- 4. DNA-topoizomeráza:
odstranění helikálního vinutí**
- 5. Iniciátorové proteiny:
vazbou na ori katalyzují vytvoření replikační vidlice**

POČÁTEK REPLIKACE = ori
specifická sekvence na DNA (dnaA box)



Obr. 128
Sestavování holoenzymu
DNA-polymerázy III

α-monomer, který katalyzuje polymeraci. Monomer α se vyznačuje již slabou polymerační aktivitou o rychlosti polymerace 8 nukleotidů/s. Nemá však exonukleázovou aktivitu;

ε-monomer vyznačující se **3'-5'** exonukleázovou aktivitou;

θ-monomer, který stimuluje účinek ε-exonukleáz;

γ-monomer váže ATP;

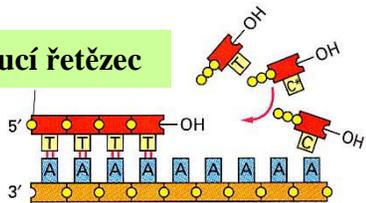
δ-monomer se váže na β;

δ'-monomer stimuluje účinek monomeru β;

χ-monomer, na který se vážou proteiny SSB;

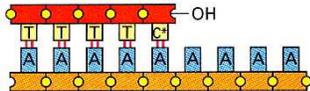
ψ-monomer tvoří most mezi χ a γ.

Rostoucí řetězec

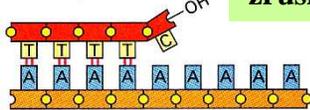


templátový řetězec

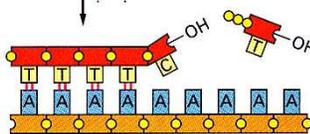
Začlenění chybné báze C*



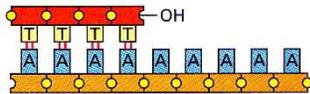
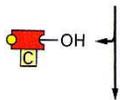
Změna C* na C zruší párování s A



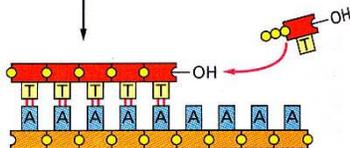
Nespárovaný 3'-OH konec neumožňuje připojení dalšího nukleotidu



C je odštěpen 3'-5' aktivitou DNA-polymerázy



Je připojen správný nukleotid



Korektorská aktivita DNA-polymeázy

(„proofreading“)

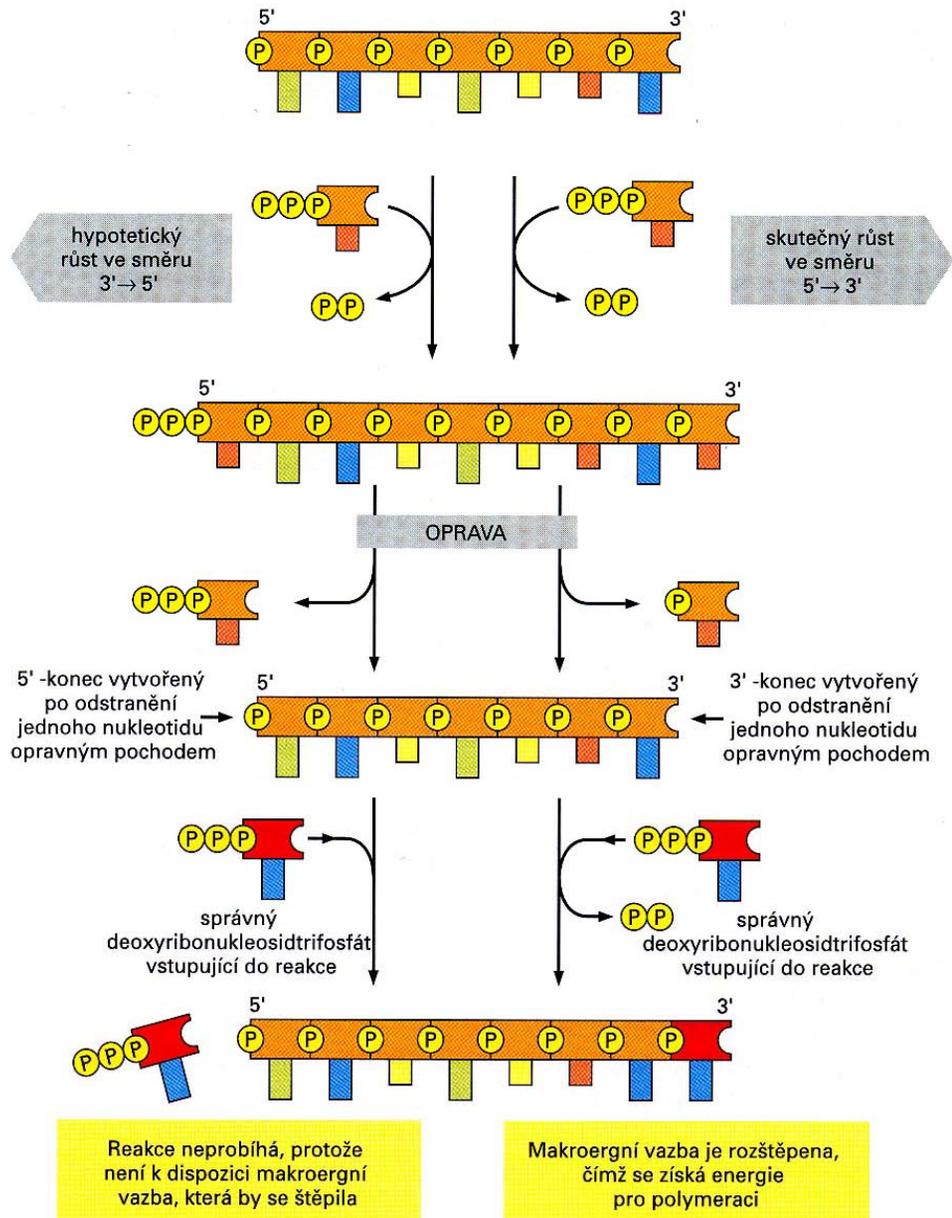
3'--- 5' exonukleázová aktivita DNA-polymerázy

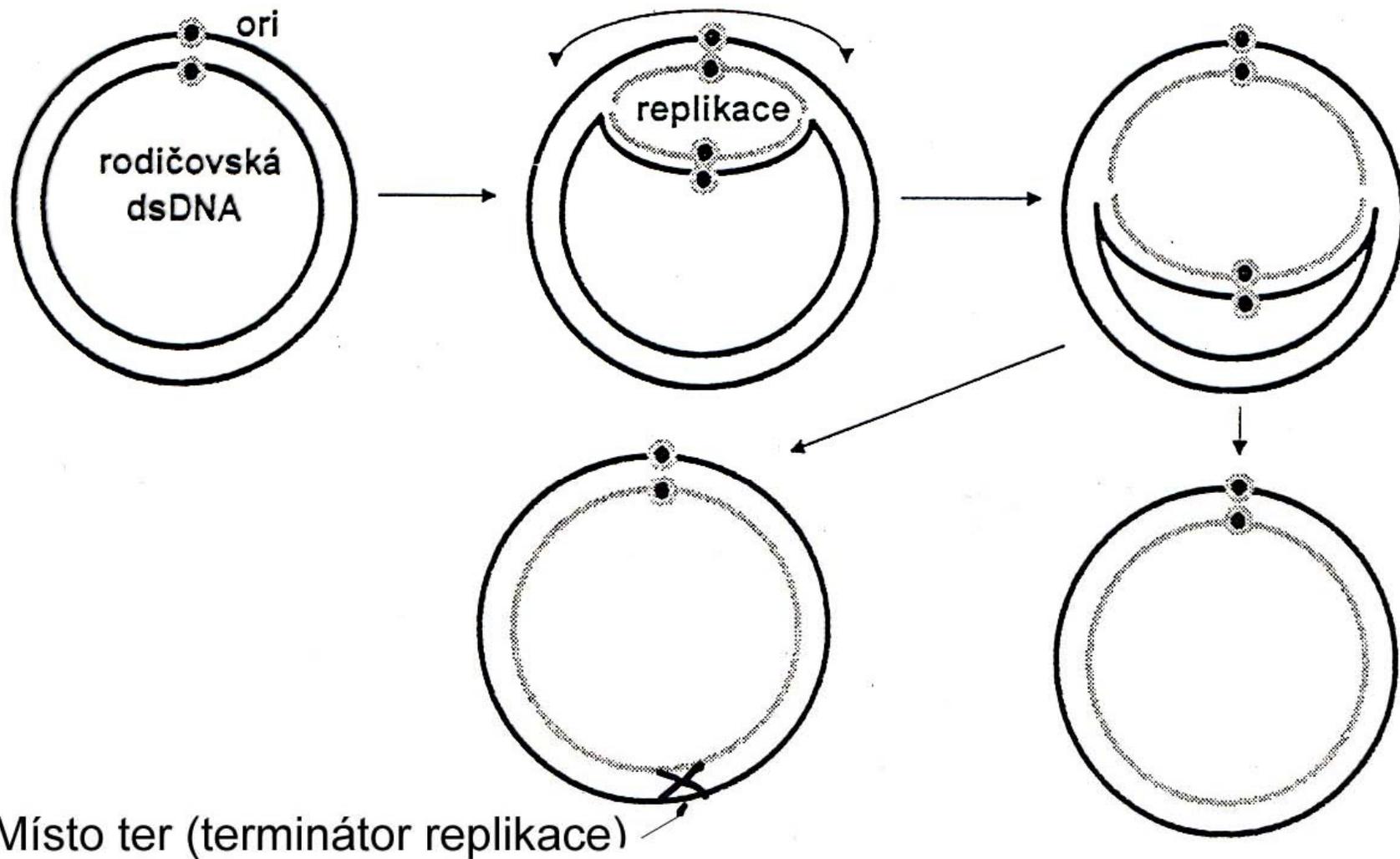
počet chybně zařazených nukleotidů = $1/10^5$

opravy chyb

výsledný počet chybných bází = $1/10^9$

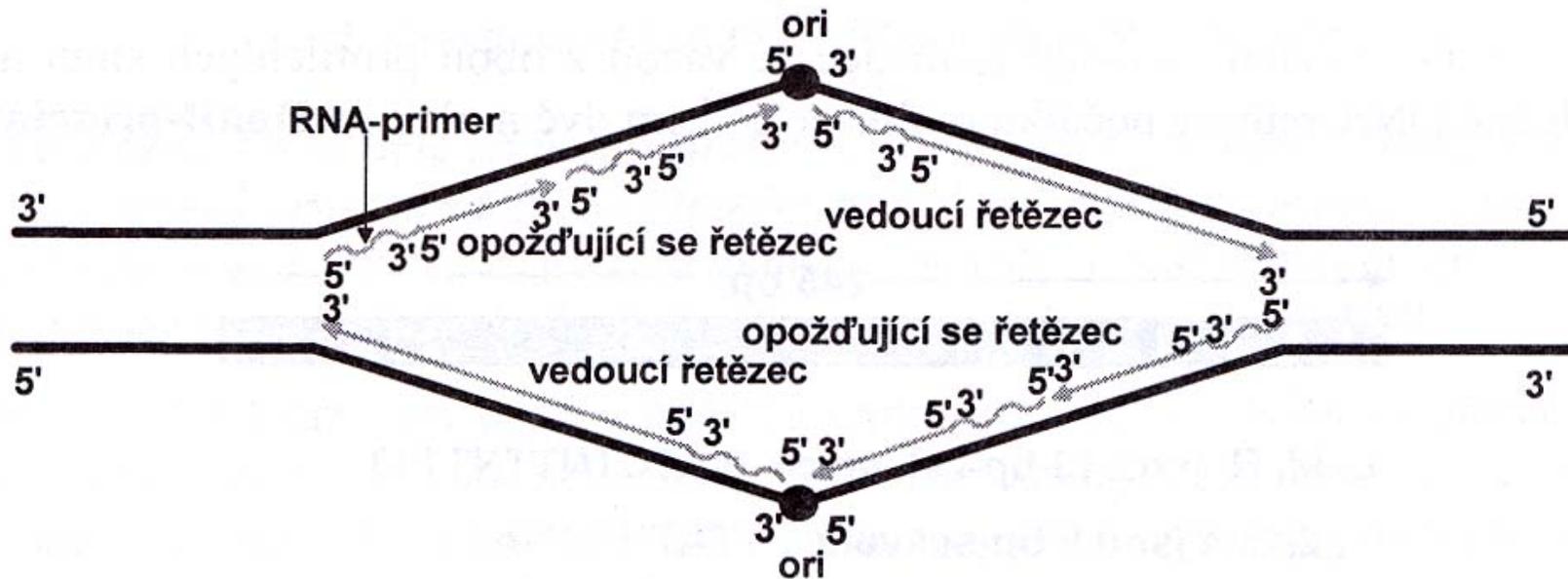
Vysvětlení, proč se DNA-řetězec prodlužuje ve směru 5'-3'





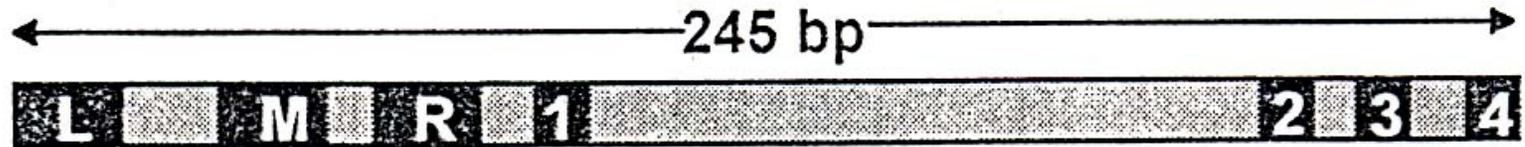
Dvousměrná replikace kružnicové chromozomové dsDNA prokaryot

Asymetrie replikační vidlice



**Syntéza vedoucího a opožďujícího se řetězce
při replikaci bakteriálního chromozomu**

Struktura počátku replikace (oriC) u *E. coli*

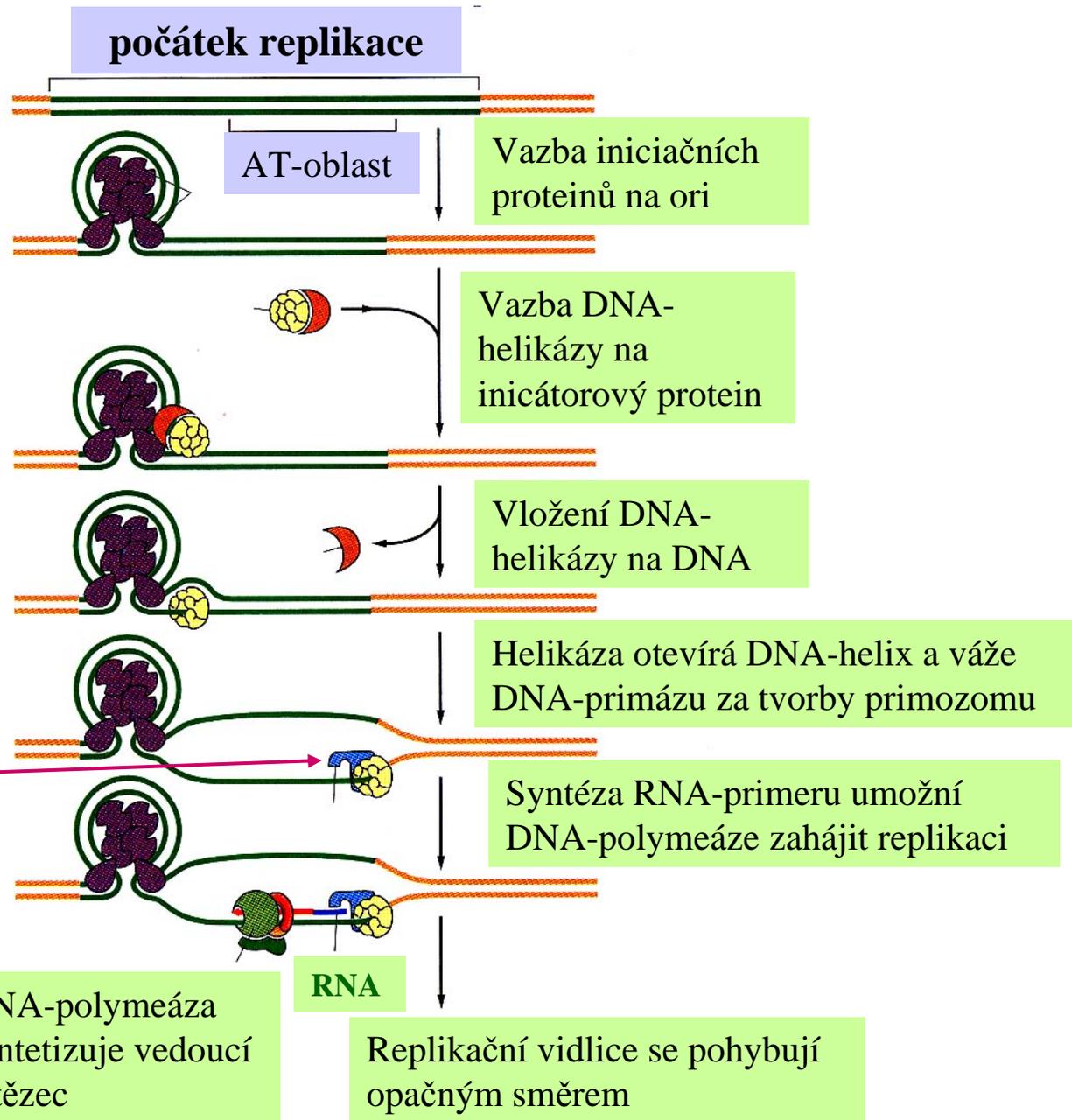


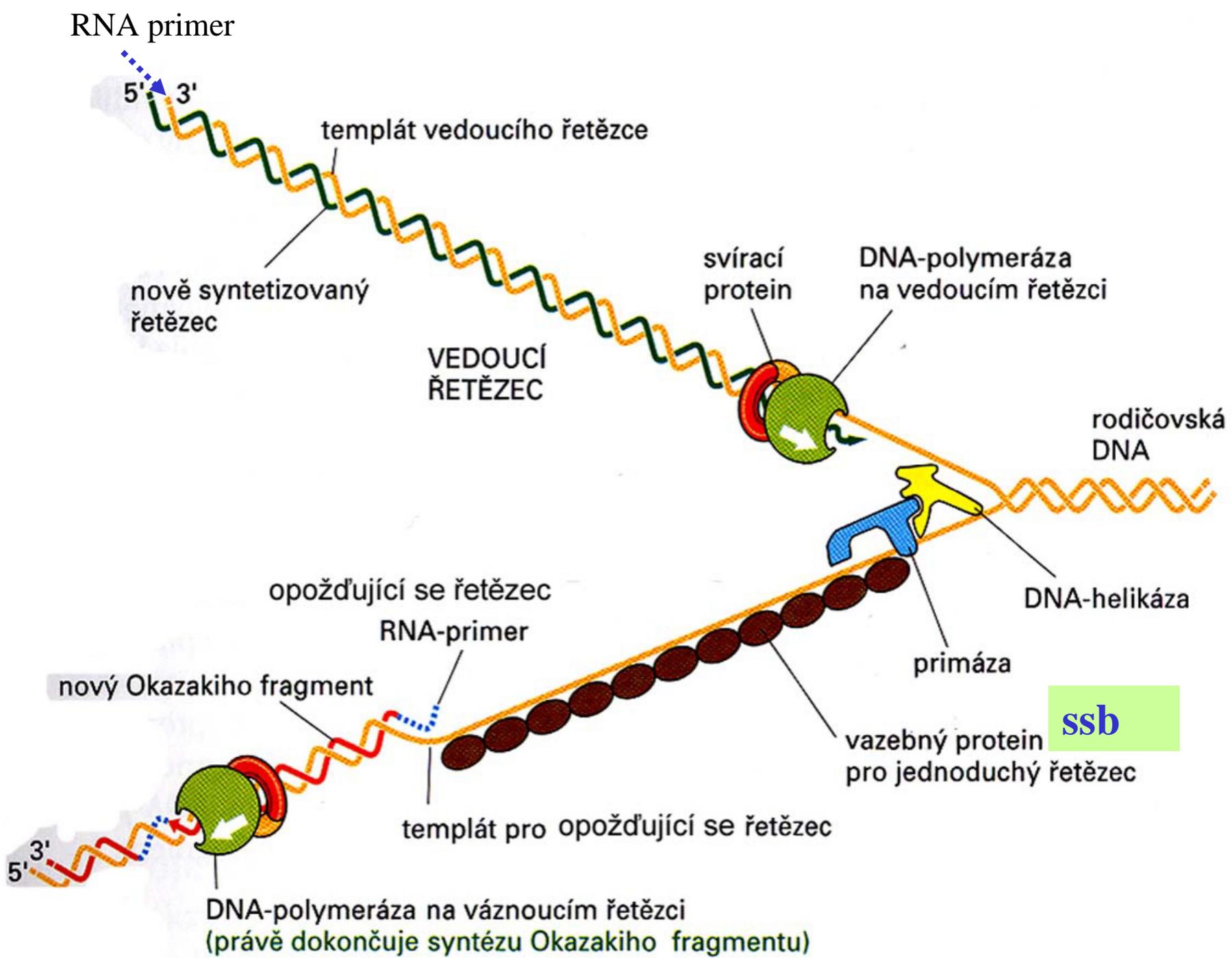
L, M, R jsou 13 bp-sekvence GATCTNTTNTTTT

1, 2, 3, 4 jsou 9 pb-sekvence TTATNCANA

 = neopakující se sekvence

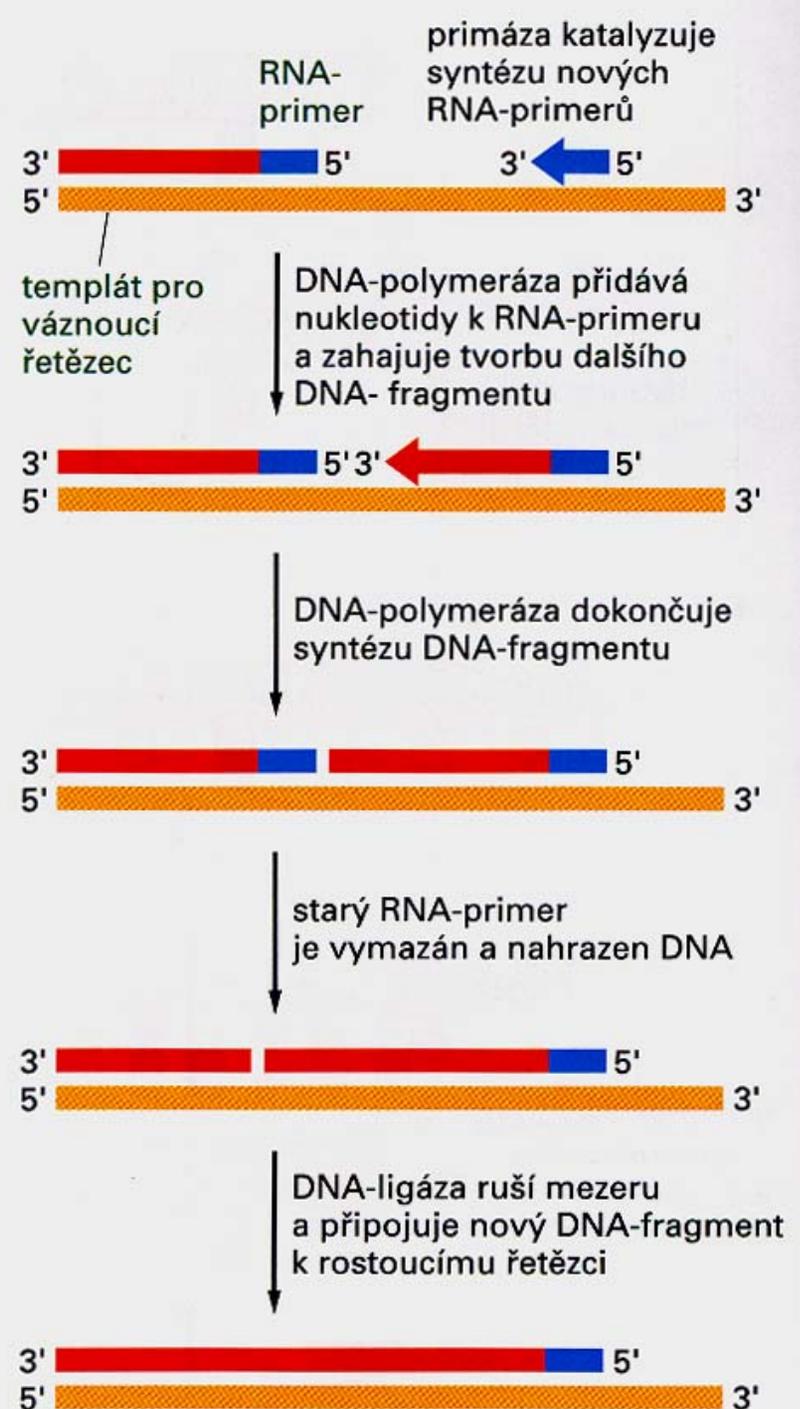
Iničiační fáze replikace - zúčastněné proteiny



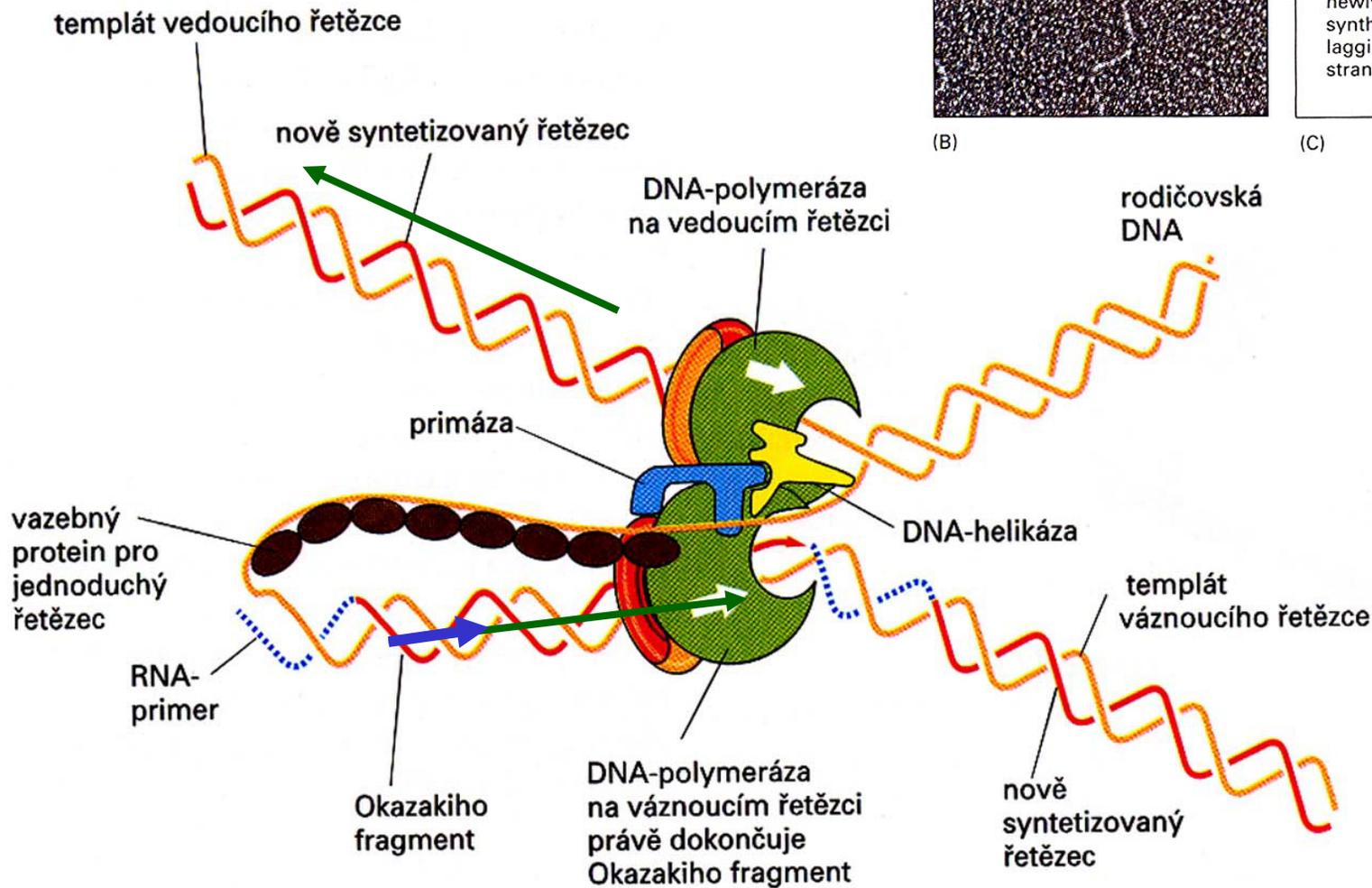


Syntéza Okazakiho fragmentů a proces jejich spojování postupným působením enzymů:

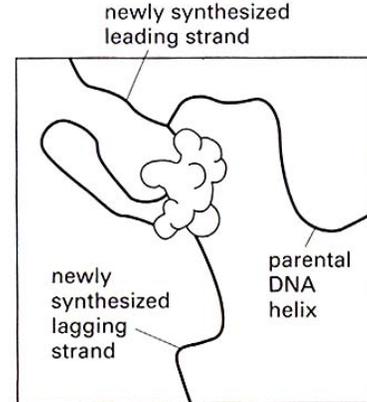
1. DNA-polymerázy
2. Nukleázy
3. Ligázy



Pohyb replikační vidlice

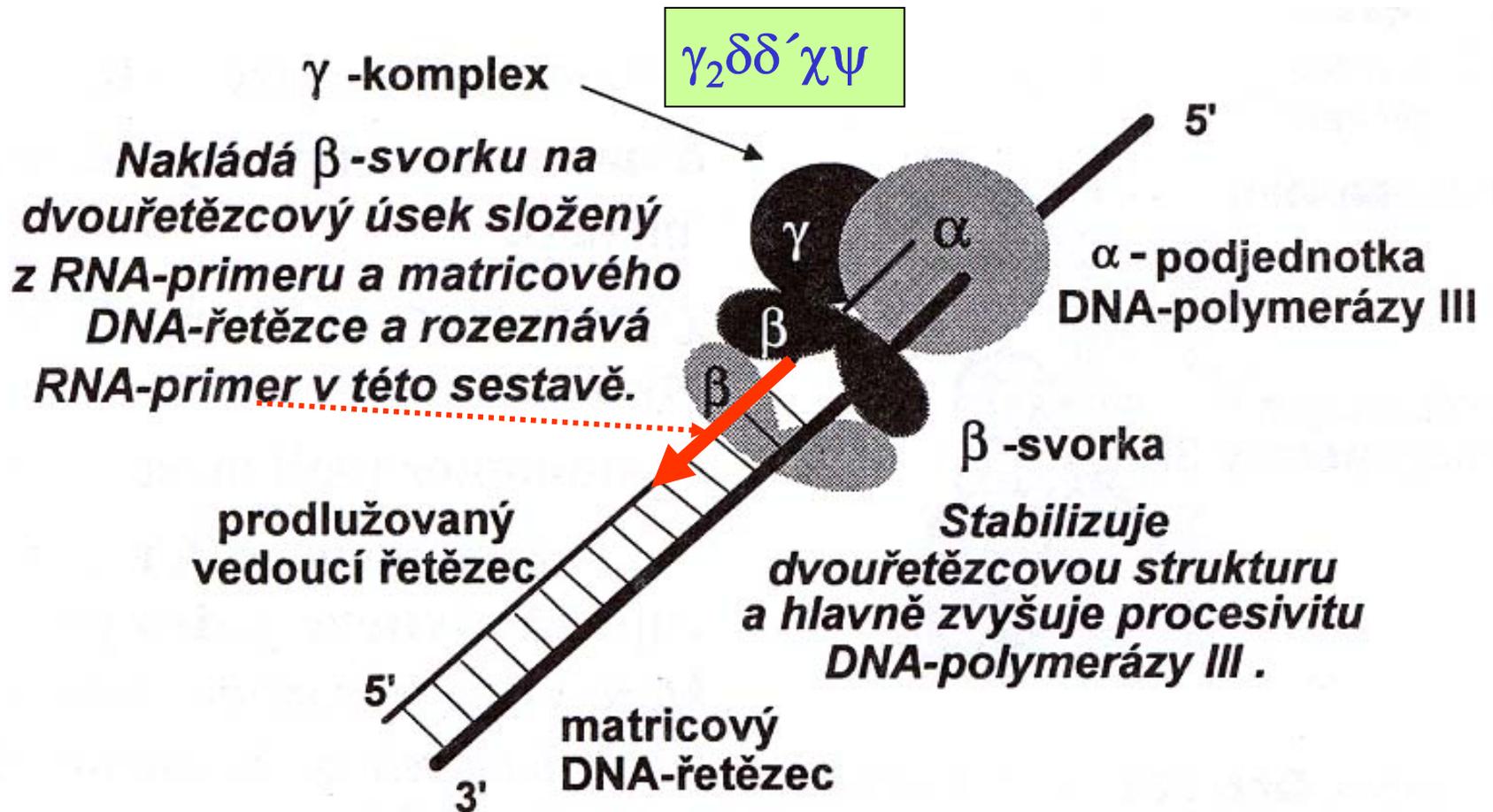


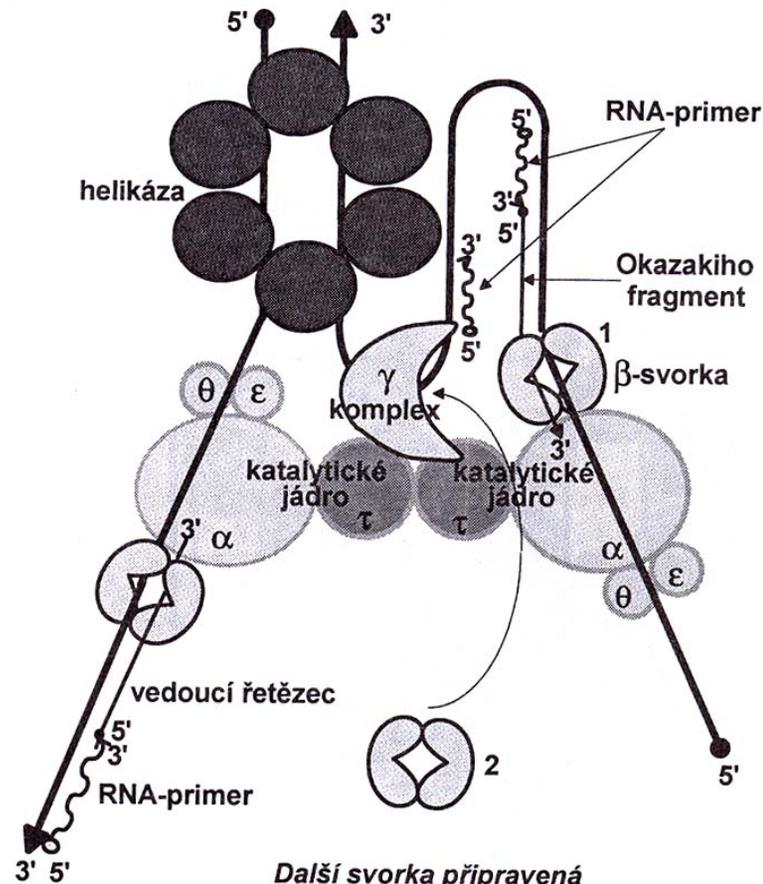
(B)



(C)

Úloha podjednotek gama a beta při replikaci

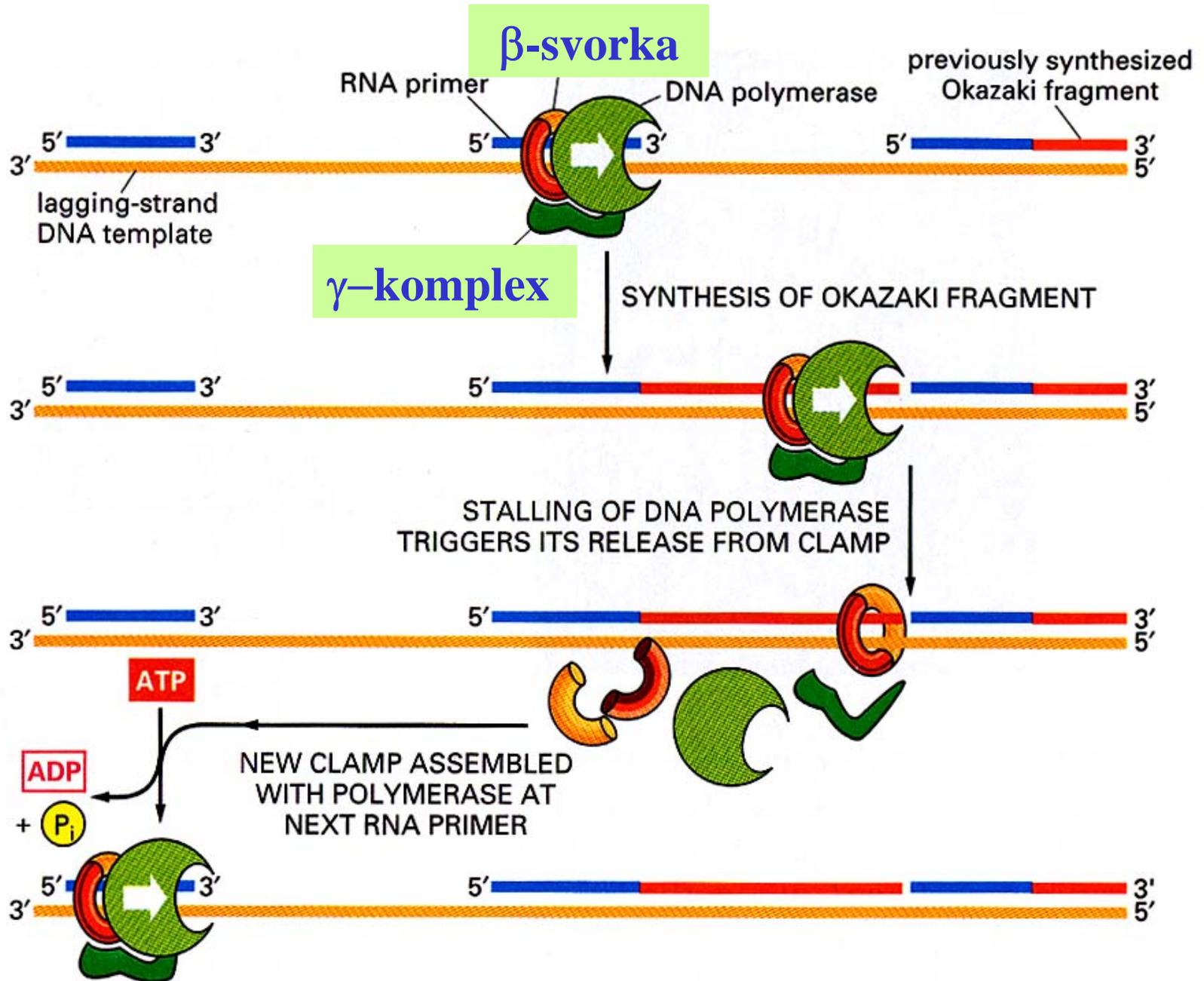


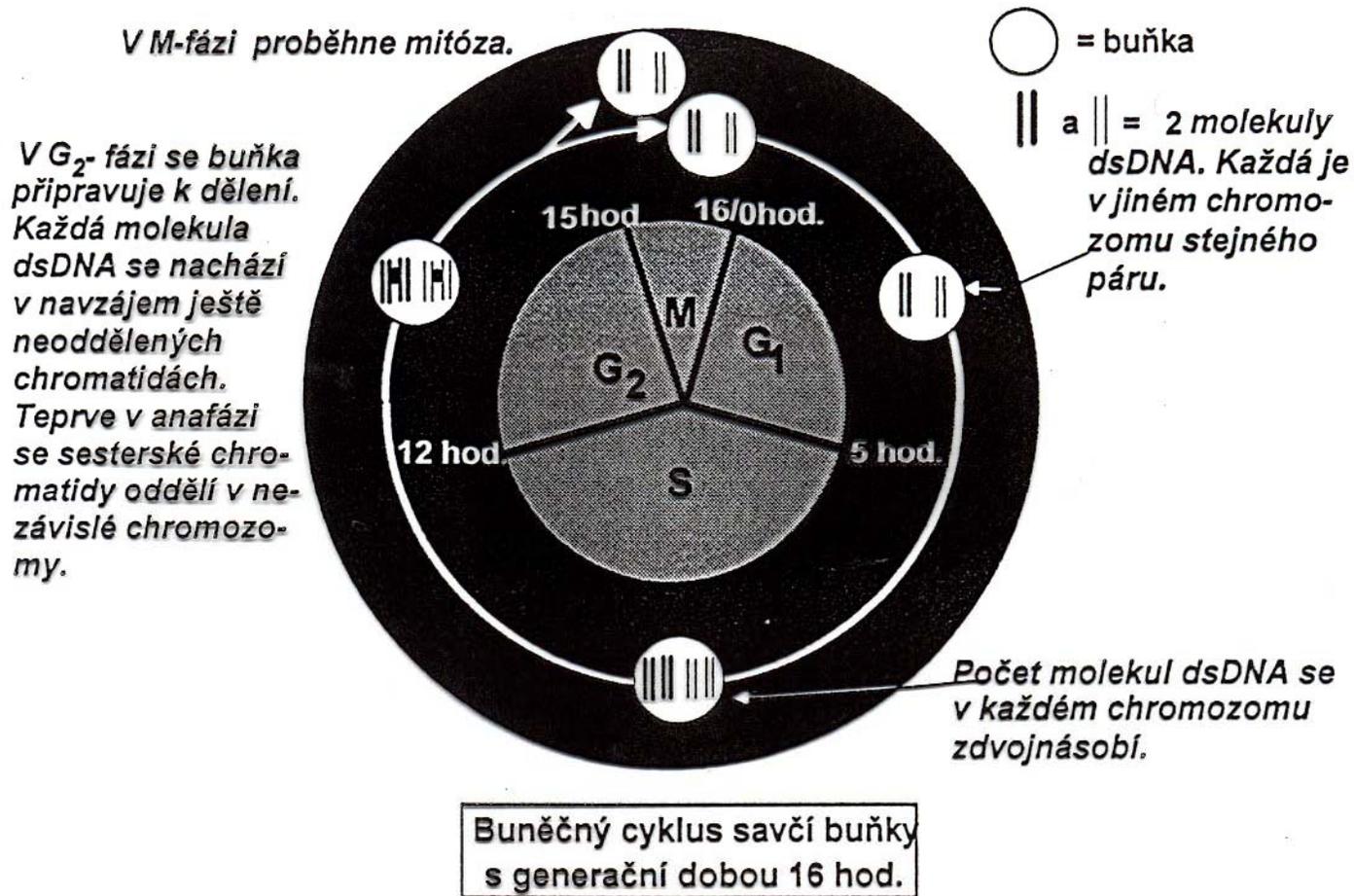


Další svorka připravená k naložení na volný RNA-primer γ -komplexem.

Struktura holoenzymu je umístěna na začátku replikační vidlice tak, že na každém matricovém řetězci je jedno katalytické jádro. γ -komplex je vzhledem k oběma katalytickým jádrům položen asymetricky tak, aby směřoval k opožďujícímu se řetězci a mohl na něj opakovaně nakládat β -svorky k zahájení procesivního prodlužování Okazakiho fragmentů. Tento obrázek znázorňuje situaci, v níž se prodlužuje Okazakiho fragment a γ -komplex je připraven naložit další β -svorku na volný RNA-primer.

Nakládání DNA polymerázy na opožďující se řetězec

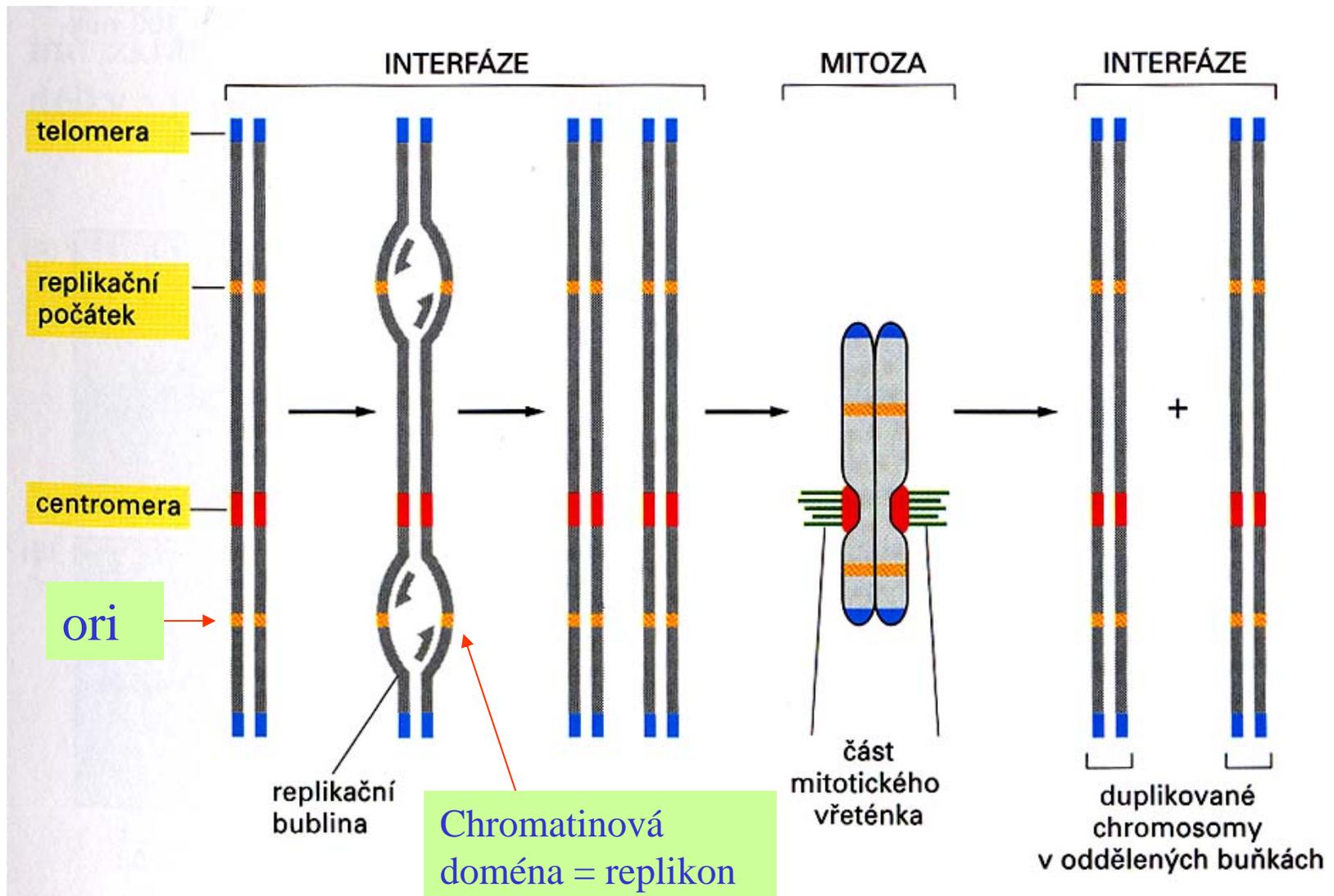




Obr. 190

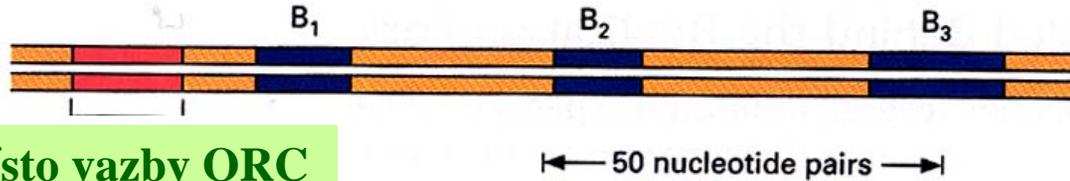
Zjednodušené schéma buněčného cyklu zdůrazňující počet molekul dsDNA v chromozomech v jeho různých fázích

Struktura chromozomu během dělení buňky



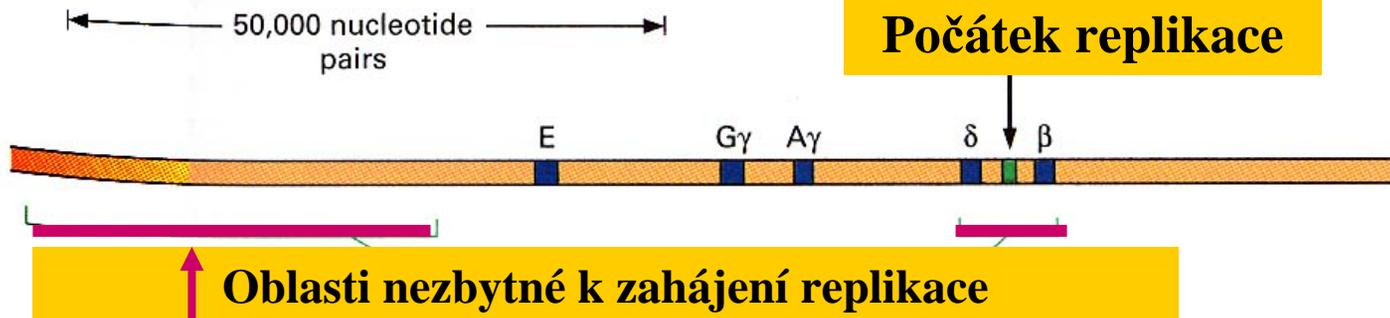
Struktura počátku replikace u kvasinek

B₁, B₂, B₃ = vazebná místa pro další proteiny
(odlišné pro různé počátky)



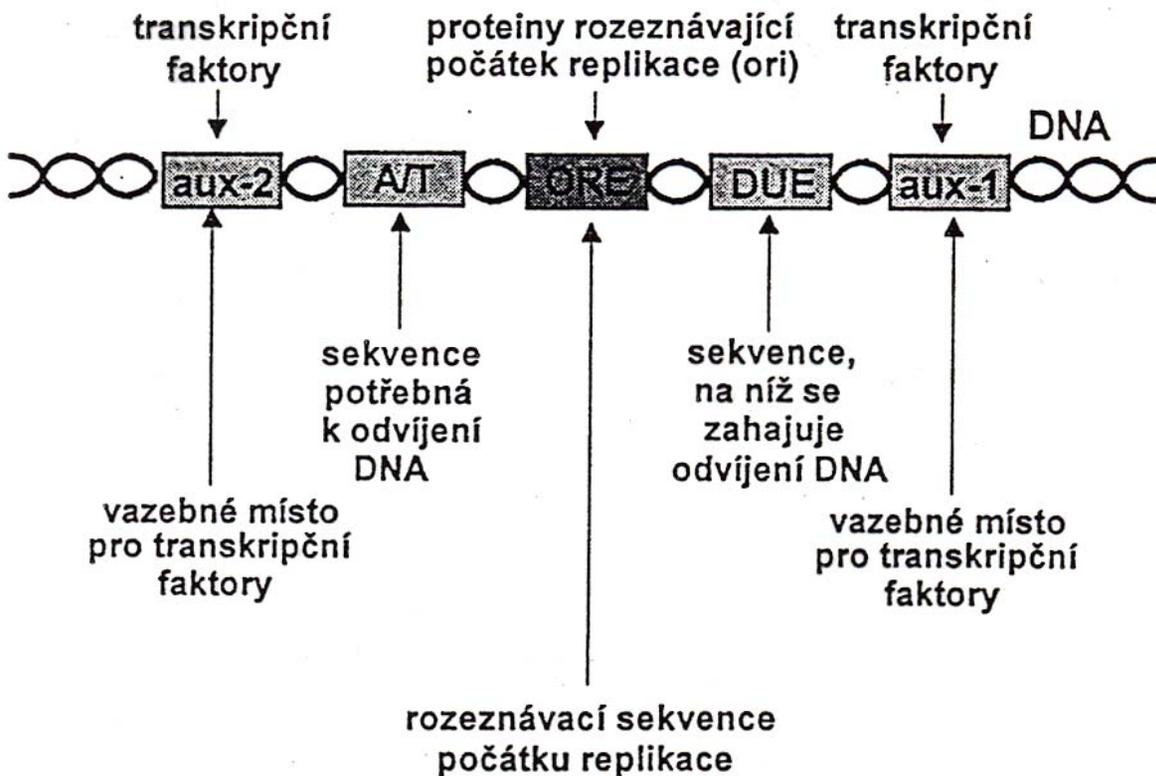
ORC = origin recognition complex,
komplex složený z mnoha podjednotek,
vázající se na všechny počátky replikace

Struktura počátku replikaci u člověka



Sekvence ovlivňující strukturu chromatinu v oblasti počátku replikace

Struktura počátku replikace u kvasinek



1. Vazba iníciačních proteinů na sekvenci ore (helikáza, polymeráza atp)

2. Vazba transkripčních faktorů a jejich interakce s proteiny v místě ORE

3. Iniciacce replikace, rozmotání DNA v místě DUE

Různé transkripční faktory aktivují různé počátky replikace

Počet počátků replikace u různých organismů

Organismus	Počet replikonů	Velikost replikonů	Rychlost pohybu vidlice
<i>(E. coli)</i>	1	4200 kb	50,000 bp/min
<i>(S. cerevisiae)</i>	500	40 kb	3,600 bp/min
<i>(D. melanogaster)</i>	3500	40 kb	2,600 bp/min
<i>(X. laevis)</i>	15000	200 kb	500 bp/min
<i>(M. musculus)</i>	25000	150 kb	2,200 bp/min
<i>(V. faba)</i>	35000	300 kb	

Rozdíly v rychlosti syntézy

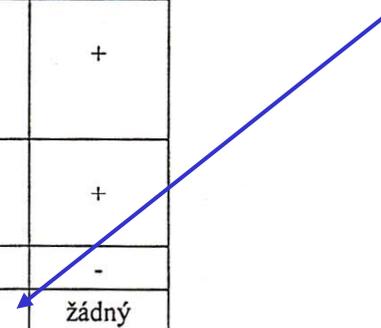
Složky bakteriálního a eukaryotického replizomu

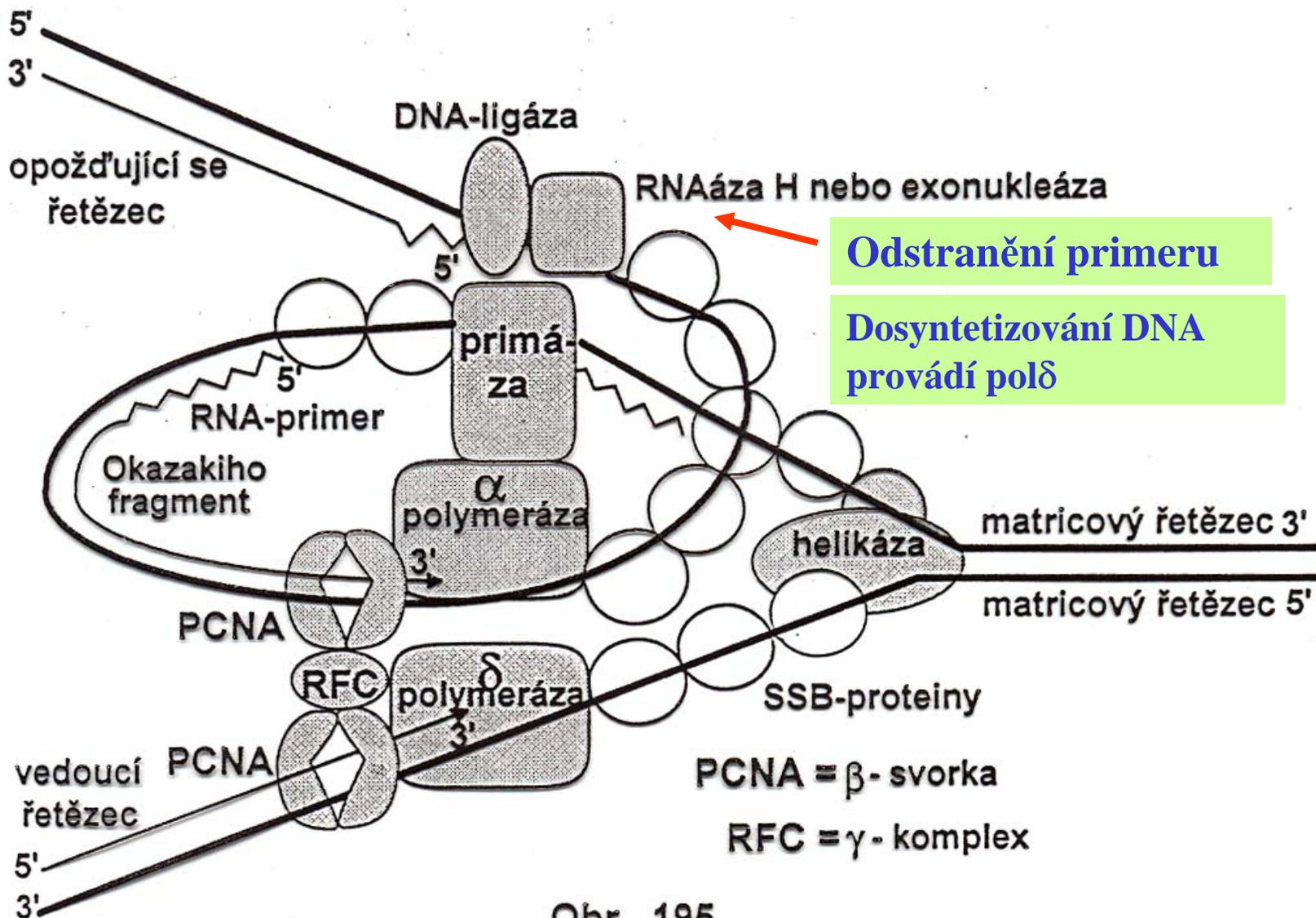
Složka replizomu	U bakterií	U eukaryot
Replikativní polymeráza	Holoenzym polIII*	pol α /primáza v komplexu s pol δ
Faktor zvyšující procesivitu replikativní polymerázy	β -svorka	PCNA
Faktor nakládající β-svorku (PCNA)	γ -komplex	RFC
Primáza	jen DNA-primáza (DnaG-protein)	komplex pol α /primáza
Helikáza	DnaB-protein, n'-protein	?
Odstranění primeru	DNA-polymeráza I	exonukleáza MF1
Oprava opožd'ujícího se řetězce	DNA-polymeráza I a DNA-ligáza	Komplex pol δ /pol ϵ ? a DNA-ligáza
DNA-topoizomeráza	II (gyráza)	II
Proteiny vázající se na jednořetězcové úseky DNA	SSB-proteiny	replikační protein A (RP-A) nebo lidský SSB (HSSB)

Přehled vlastností a funkcí eukaryotických DNA-polymeráz

Označení u savců	α	β	γ	δ	ϵ
Označení u kvasinek	pol1	pol4	polM	pol3	pol2
Umístění	v jádře	v jádře	v mitochondriích	v jádře	v jádře
Počet podjednotek	4	1	2	2	>1
Polymerázová aktivita 5'-3'	+	+	+	+	+
Exonukleázová aktivita 3'-5'	-	-	+	+	+
Primáza	+	-	-	-	-
Sdružené faktory	žádný	žádný	žádný	PCNA	žádný
Procesivita	mírná	nízká	vysoká	vysoká ve sdružení s PCNA	vysoká
Funkce	začátek syntézy Okazakiho fragmentů primery	oprava poškozené DNA	katalýza replikace v mitochondriích	syntéza prodlužujícího se řetězce a dokončení syntézy Okazakiho fragmentů	neznámá

Proliferační buněčný antigen - β -svorka

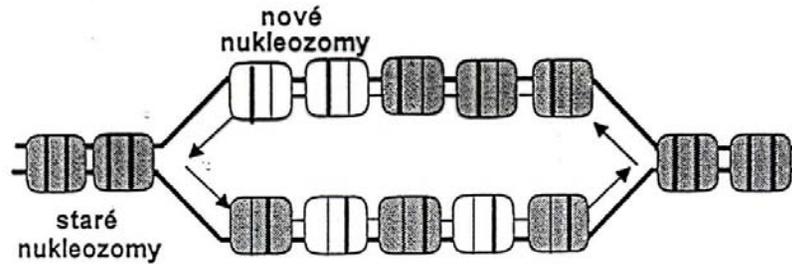




Obr. 195

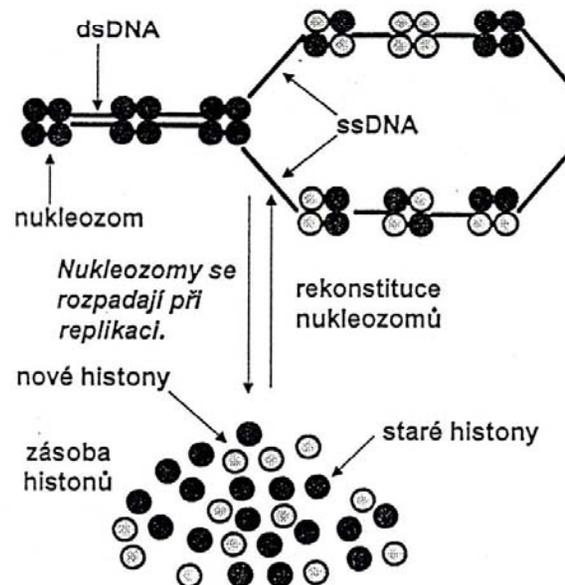
Globální pohled na elongaci vedoucího a opožd'ujícího se řetězce v replikační vidlici eukaryotické chromozomové dsDNA

Staré a nové nukleozomy se na maticových a podle nich syntetizovaných komplementárních řetězcích rozdělují náhodně.



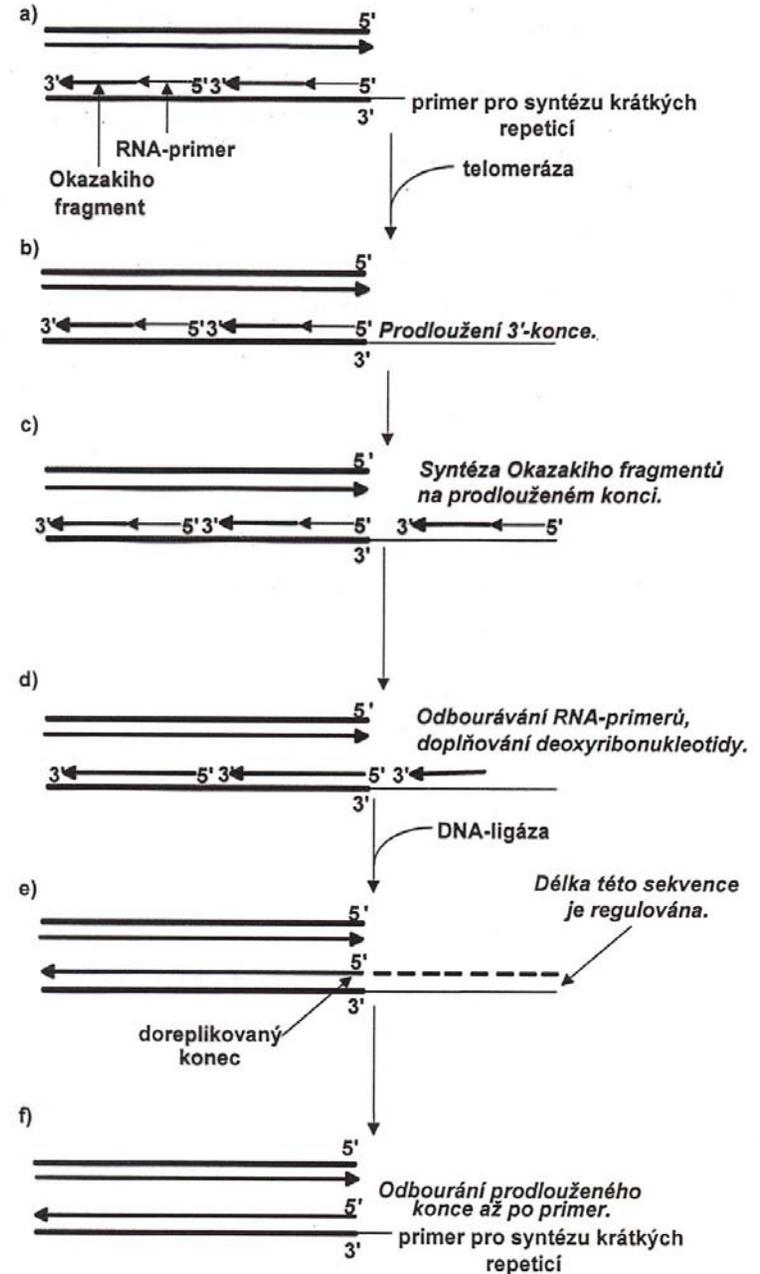
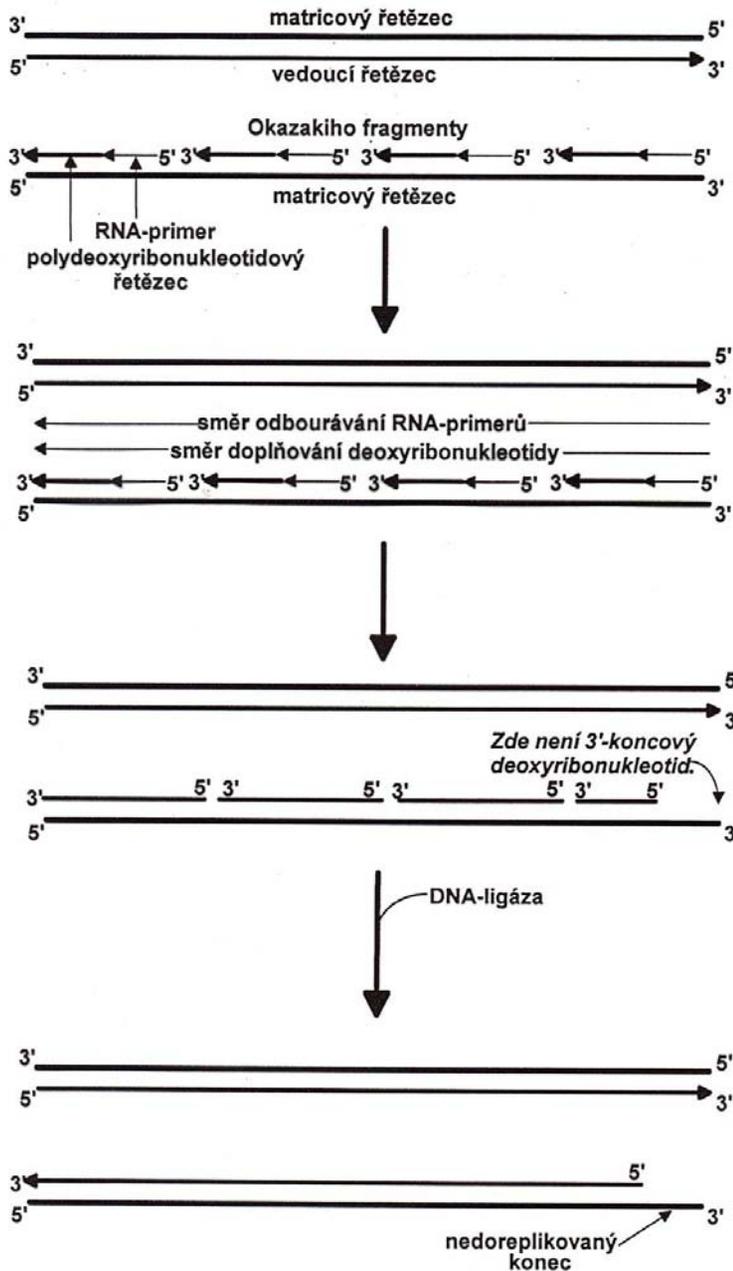
Obr. 191

Schéma replikační vidlice eukaryotické jaderné DNA



Na obrázku je pro jednoduchost schematického vyjádření nukleozom znázorněn jako tetramer histonů. Ve skutečnosti však jde o oktamer.

Problém doreplikování 3' konců lineárních chromozomů



Sekvence telomer různých organismů

TTGGGG neboli T_2G_4 u *Tetrahymena thermophila* a *Glaucoma chattoni*.

TTTTGGGG neboli T_4G_4 u *Euplotes aediculatus* a *Oxytricha nova*.

TTTAGGG neboli $T_3A_1G_3$ u *Arabidopsis thaliana*.

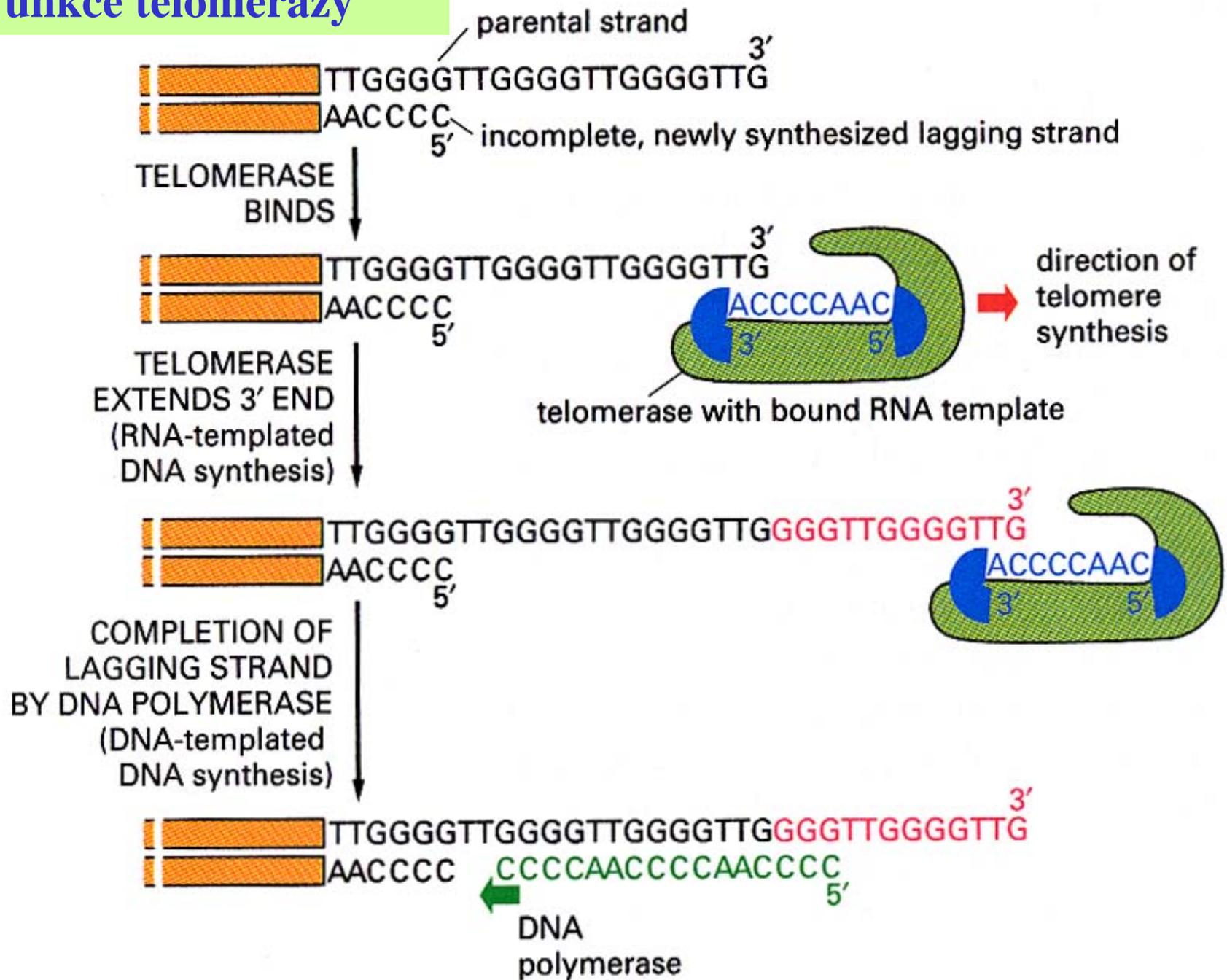
TGGG neboli TG_3 u *Saccharomyces cerevisiae*.

TTAGGG neboli $T_2A_1G_3$ u člověka, myši a *Trypanosoma brucei*.



5'GGGTTA 3' - 10 000 bp

Funkce telomerázy

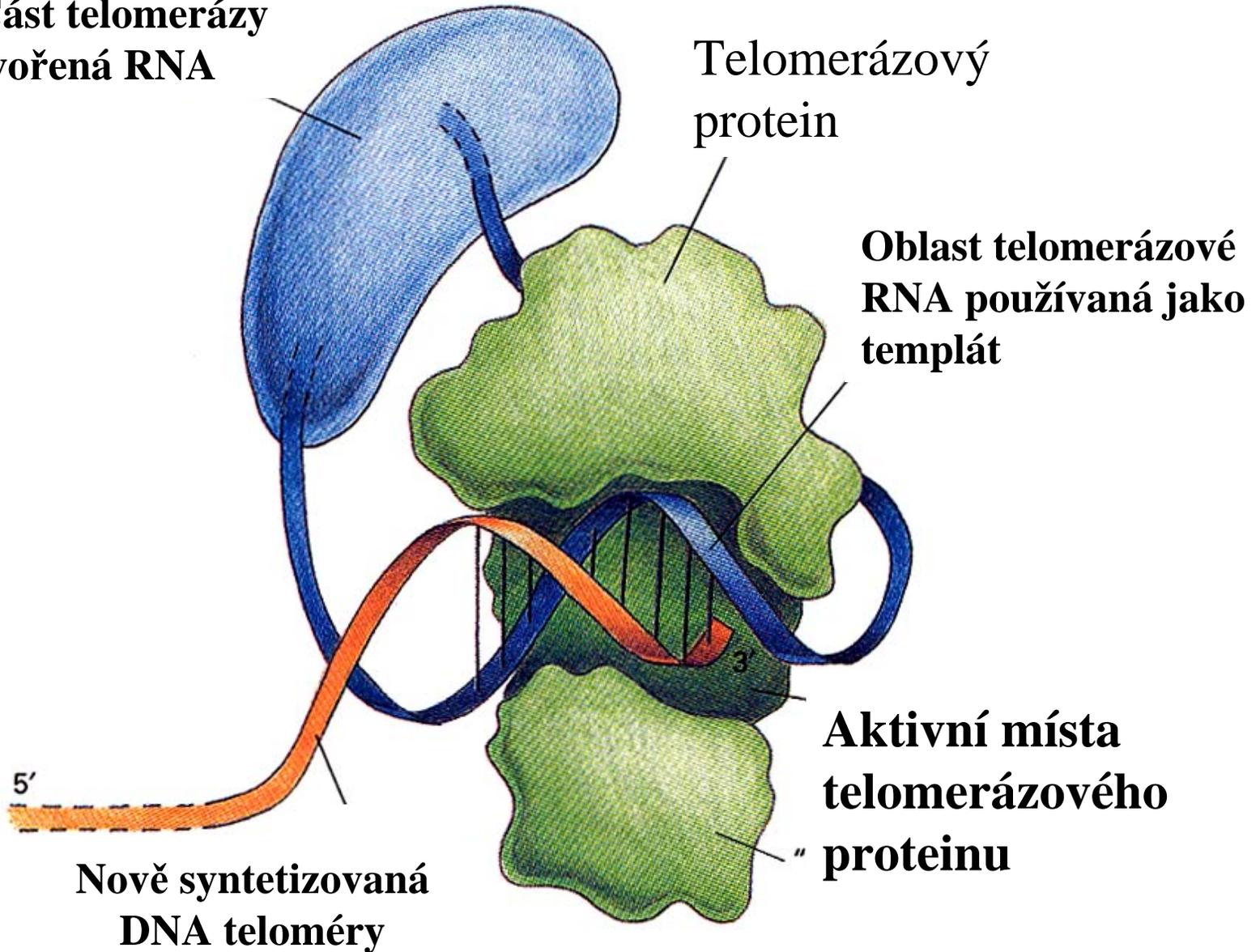


Struktura telomerázy

Část telomerázy
tvořená RNA

Telomerázový
protein

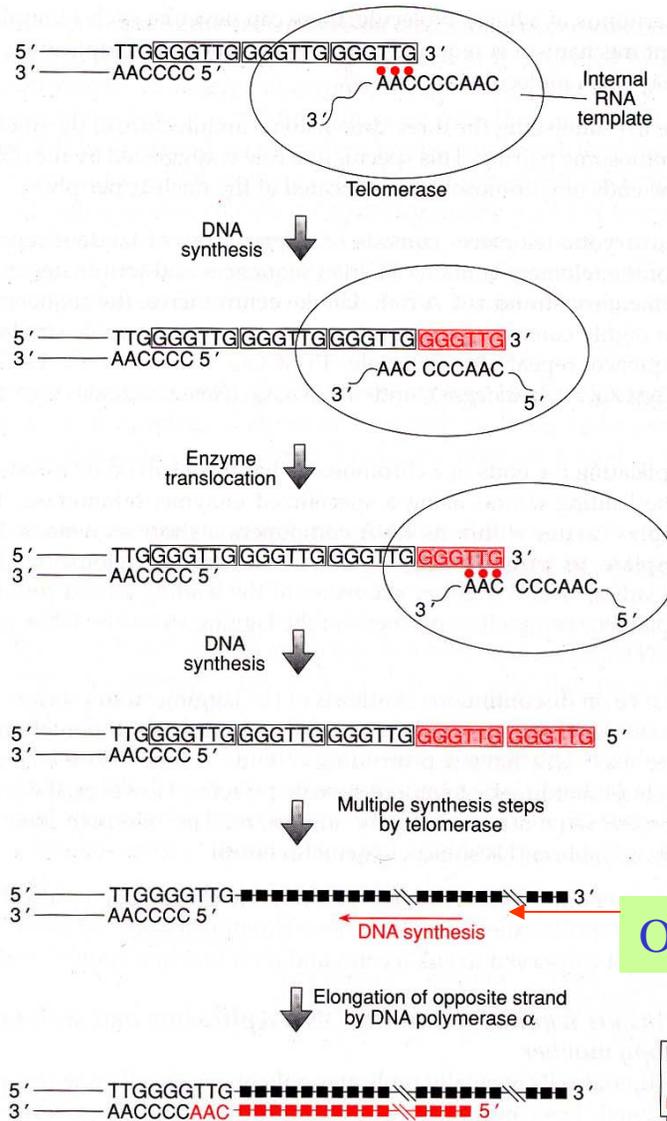
Oblast telomerázové
RNA používaná jako
templát



Nově syntetizovaná
DNA teloméry

Aktivní místa
telomerázového
proteinu

Prodlužování konců telomer telomerázou



Okazakiho fragmenty

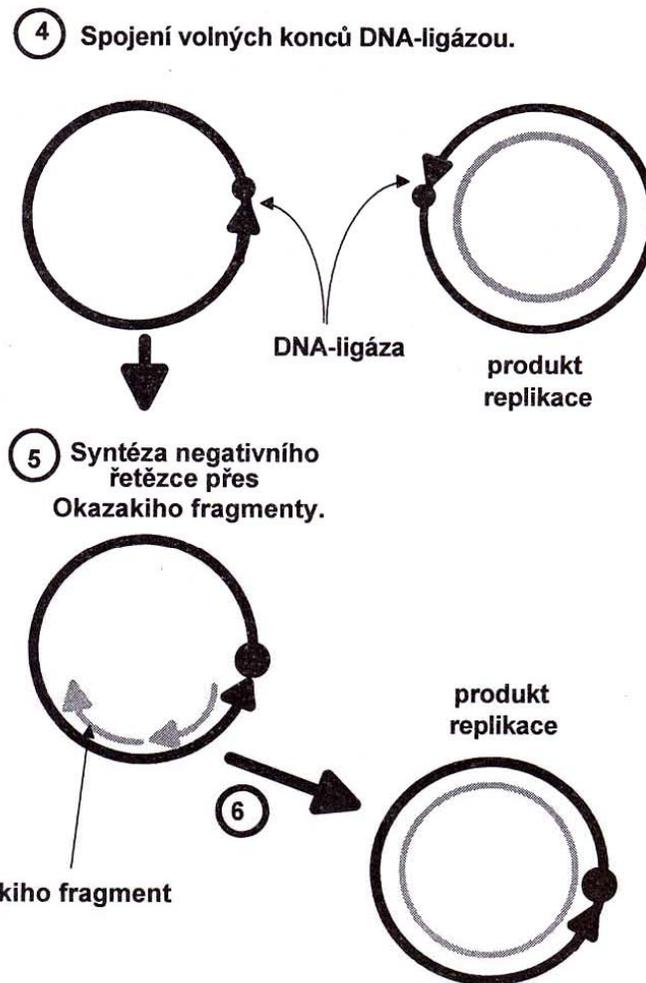
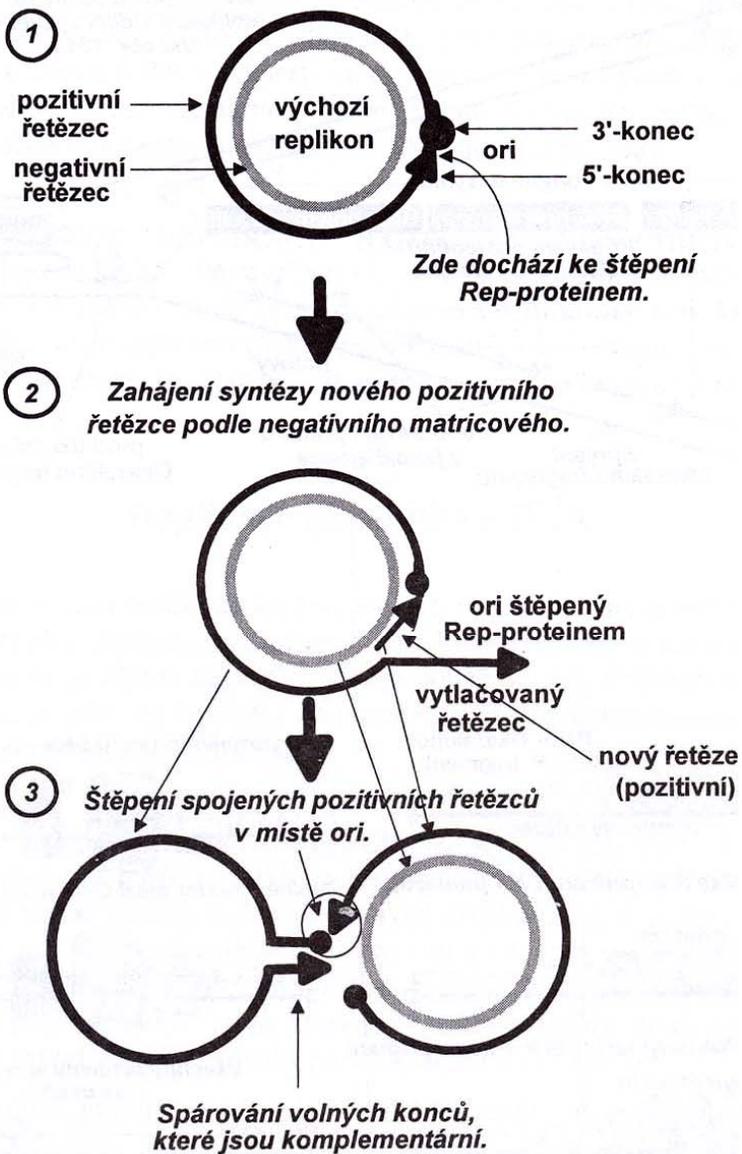
Telomerová opakování ~ mechanismus pro kontrolu buněčného dělení

- při narození mají v somatických buňkách telomery úplnou délku
- při každém dělení buňky ztrácí telomera 50-100 nt
- po mnoha děleních mají buňky defektní chromozomy a dochází k zástavě dělení buněk = **replicative cell senescence**

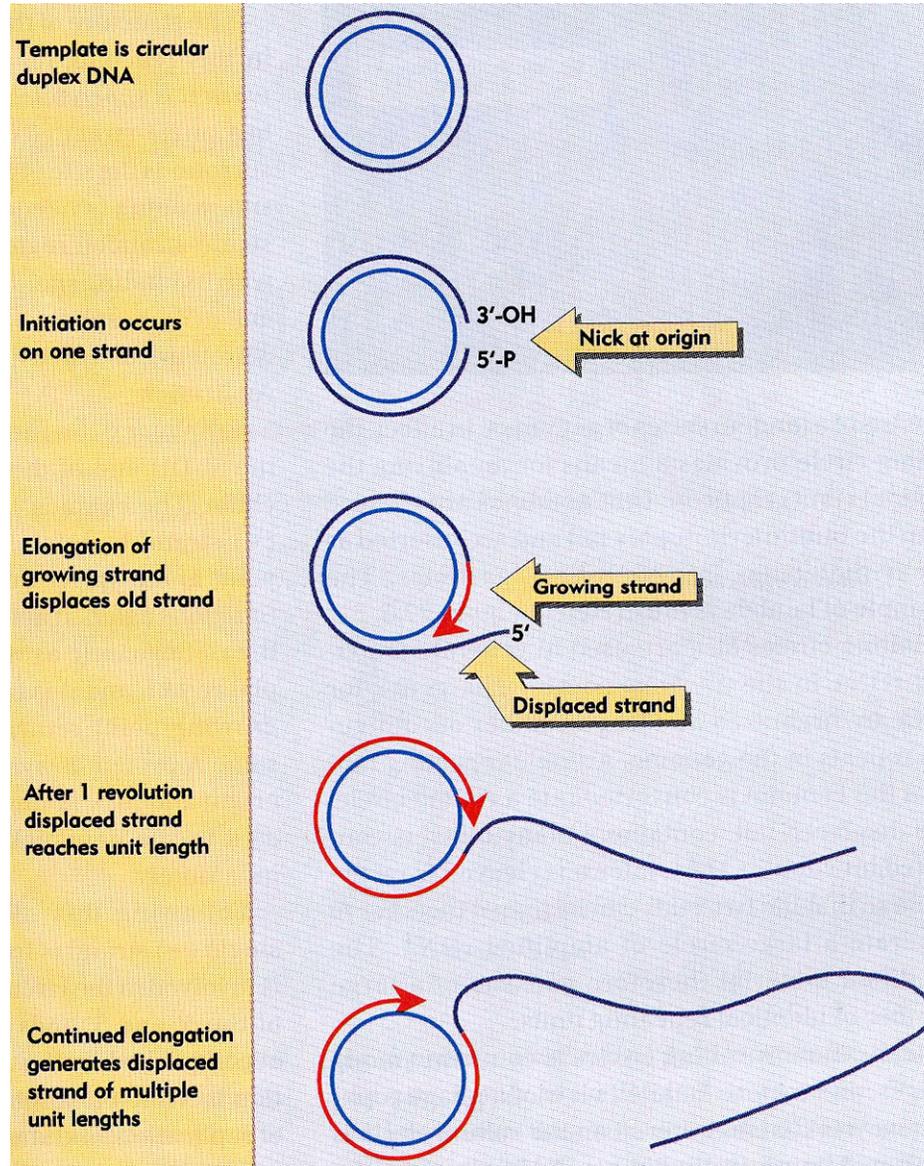
Mechanismus zajišťuje, že nedochází k nekontrolovatelnému dělení buněk („measuring stick“)

- *lidské fibroblasty ve tkáňové kultuře - po 60 děleních buněk dochází k zástavě tvorby telomerázy*
- *po vložení genu s aktivní telomerázou se délka telomer udržuje a buňky nestárnou*

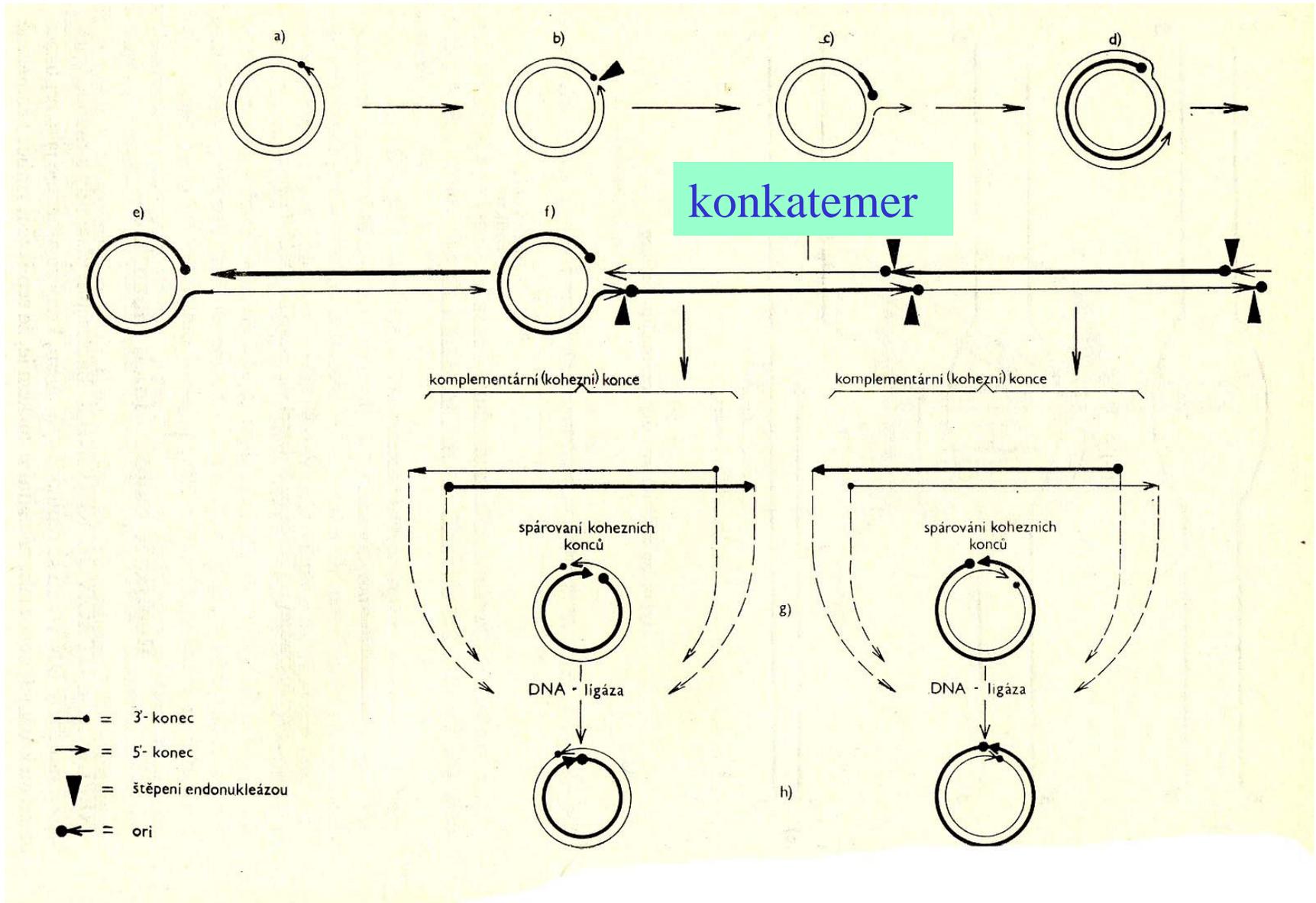
Replikace plazmidů otáčející se kružnicí



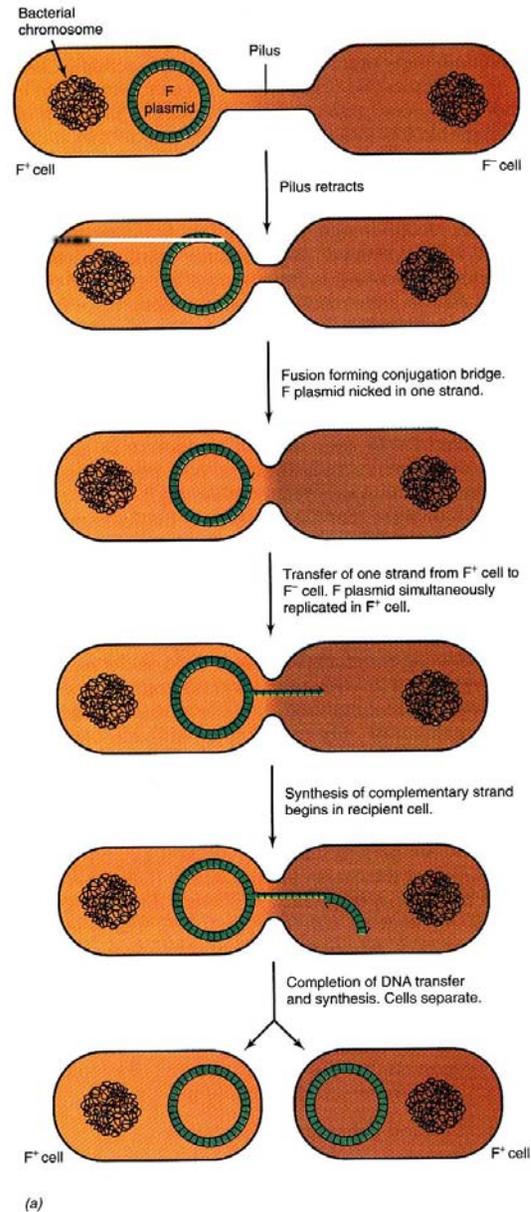
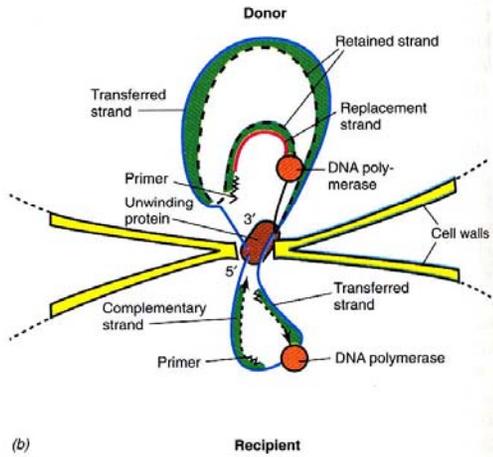
Replikace DNA mechanismem otáčející se kružnicí



Replikace bakteriofágů (lambda) otáčející se kružnicí

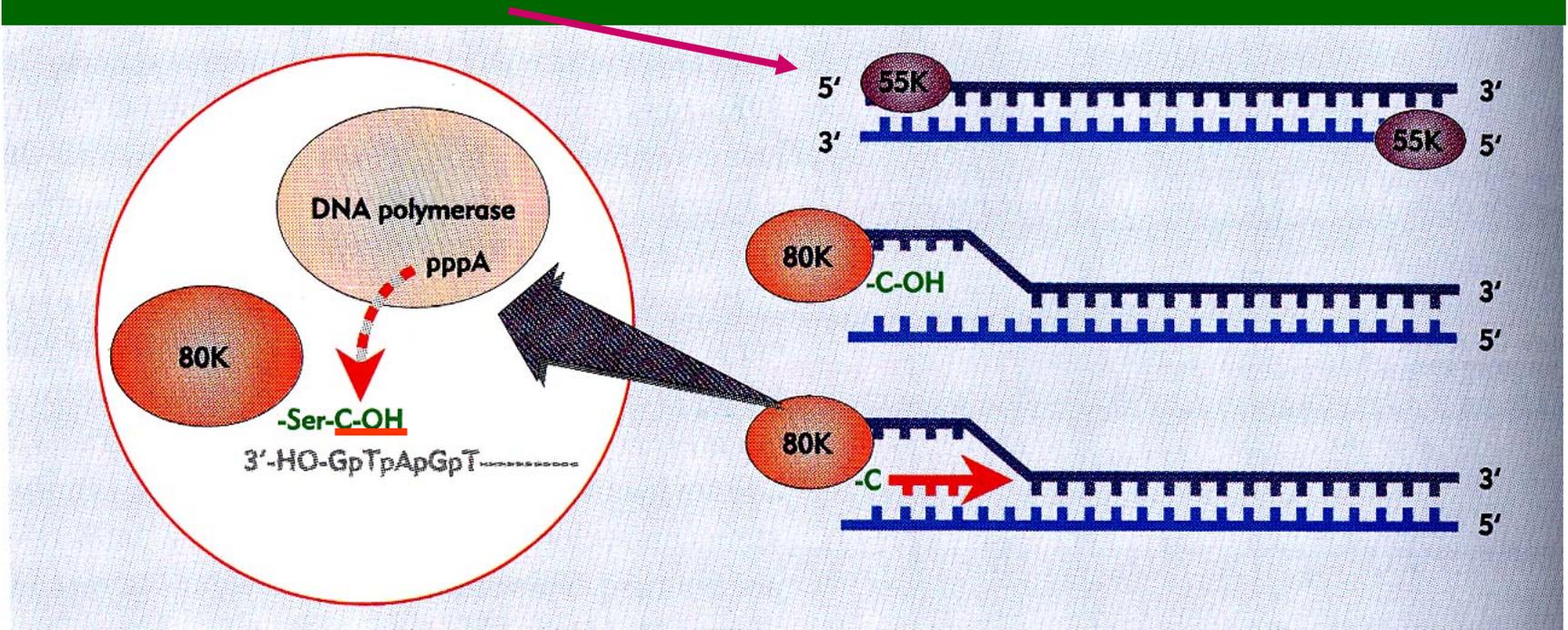


Replikace konjugativních plazmidů



Replikace genomu adenoviru

Specifický protein pro iniciaci replikace



Ostatní viry: vlastní polymerázy nebo polymerázy hostitele;
proteiny pro iniciaci replikace; retroviry: RT