

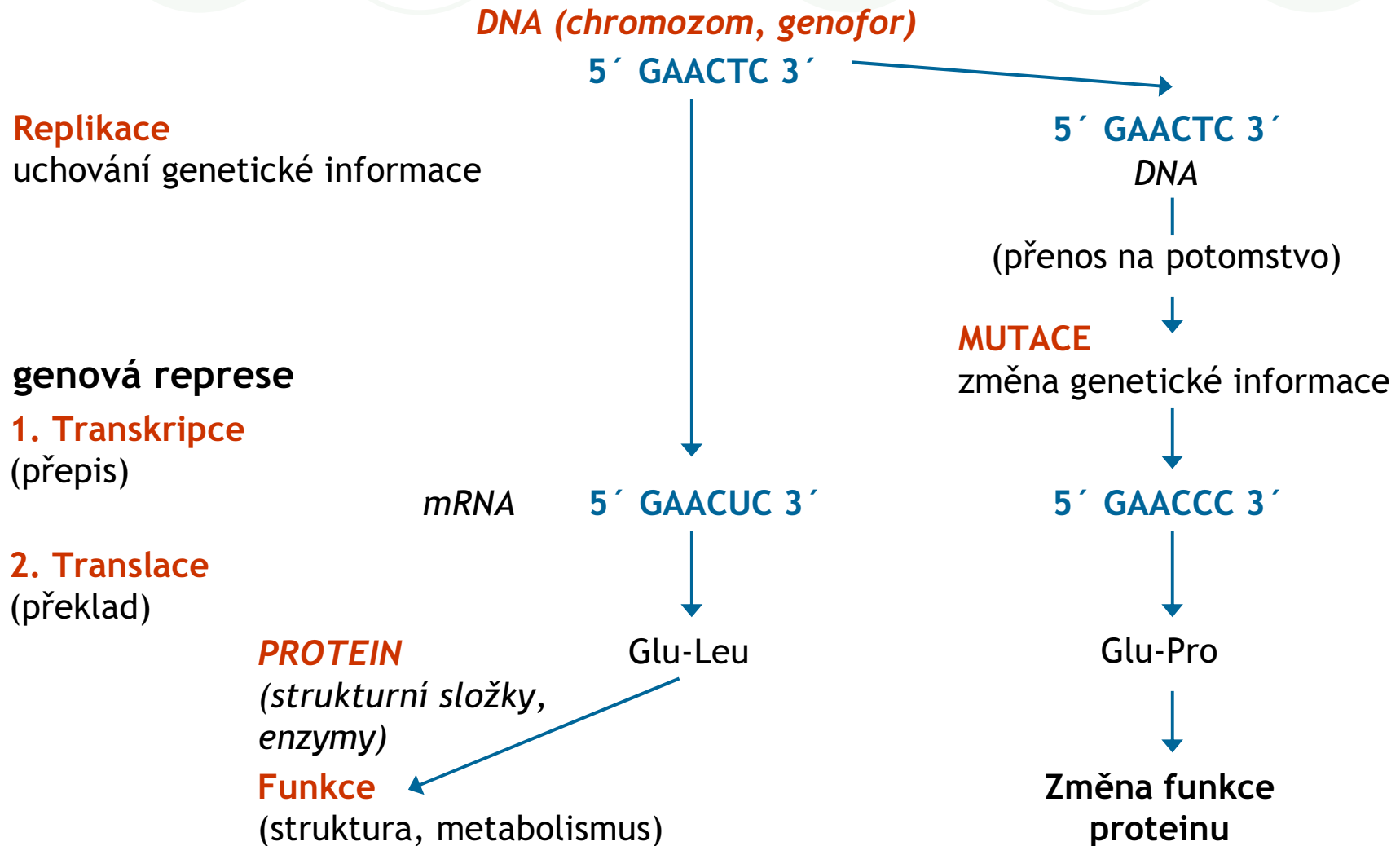
Základní pojmy molekulární genetiky

- genetická informace, gen, genetický kód
- **Struktura a informační obsah genomů**
 - prokaryotický genom
 - eukaryotický genom (jaderný, mitochondriový, chloroplastový)
 - virový genom

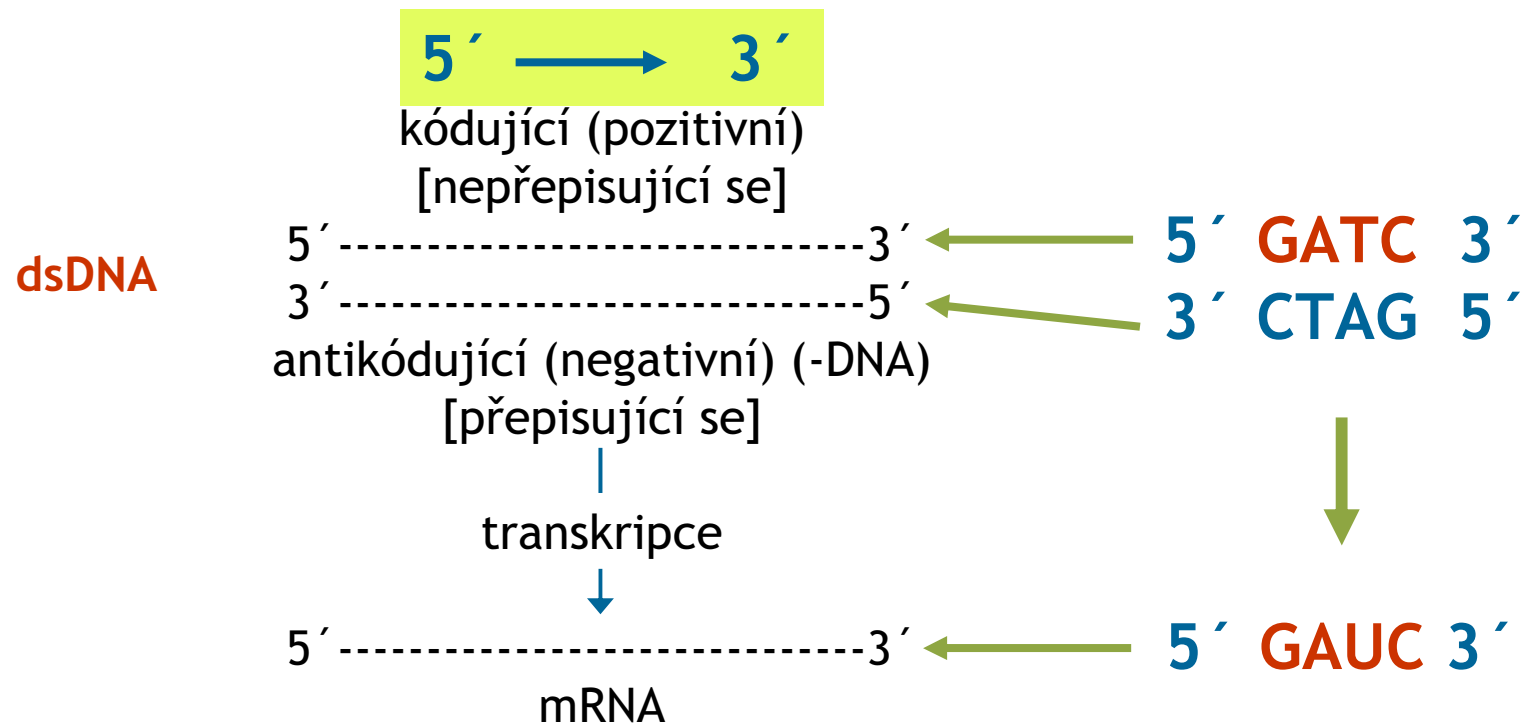
Základní pojmy molekulární genetiky

- **Gen** = Informační a funkční jednotka obsahující genetickou informaci o primární struktuře funkční molekuly translačního produktu (proteinu) nebo funkční molekuly produktů transkripce RNA (tRNA, rRNA, snRNA a **dalších RNA**) nepodléhajících translaci
- **Genetická informace** = informace primárně obsažená v nukleotidové sekvenci DNA (genomové RNA)
- **Genetický kód** = systém pravidel, podle kterých jednotlivé kodony určují na ribozomu zařazení standardních aminokyselin do polypeptidu
- **Genom** = všechny molekuly DNA nebo RNA (u RNA virů) živé soustavy, které se vyznačují replikací a dědí se na potomstvo
- **Genotyp** = genetická konstituce organismu reprezentovaná souborem alel (tj. konkrétních variant genů) a sekvencí jeho genomu
- **Fenotyp** = soubor znaků a vlastností, kterými se v daném prostředí projevuje daný organismus

Způsoby přenosu genetické informace



Značení řetězců nukleových kyselin podle jejich funkce



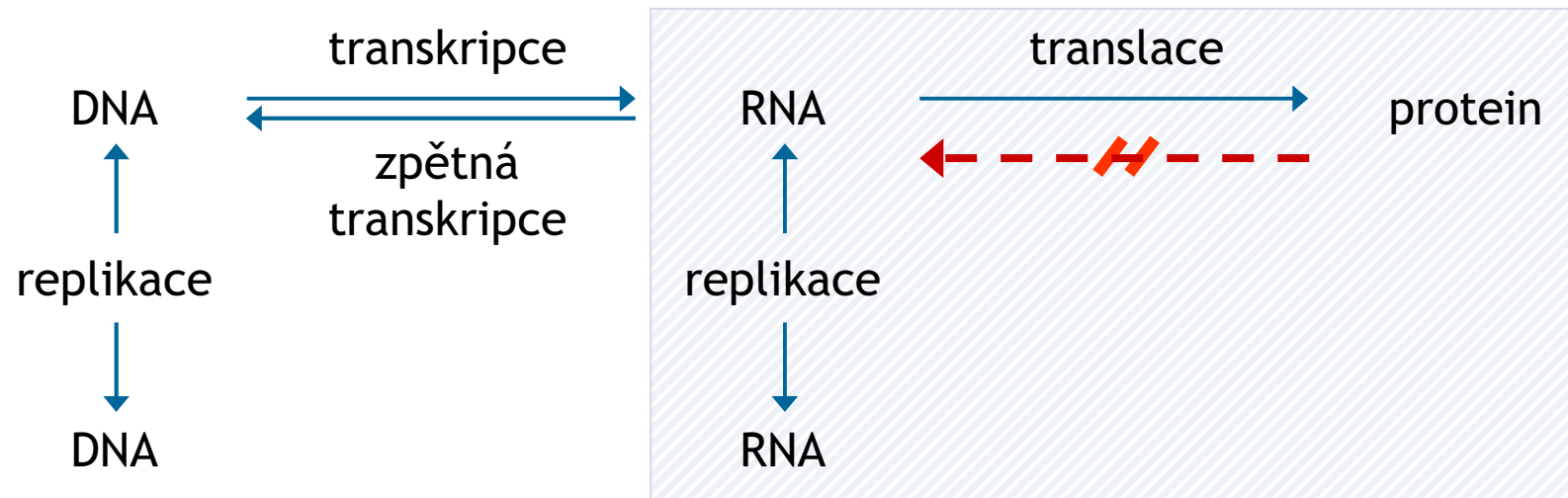
RNA v genomu virů

- pozitivní (+) = překládá se do virových proteinů (plní funkci mRNA)
- negativní (-) = nepřekládá se, slouží k replikaci (regulační funkce)

Ústřední dogma molekulární biologie

přenos genetické informace je možný z NK do NK nebo z NK do proteinu, ale není možný z proteinu do proteinu nebo z proteinu do NK

F.H.C. Crick - 1958



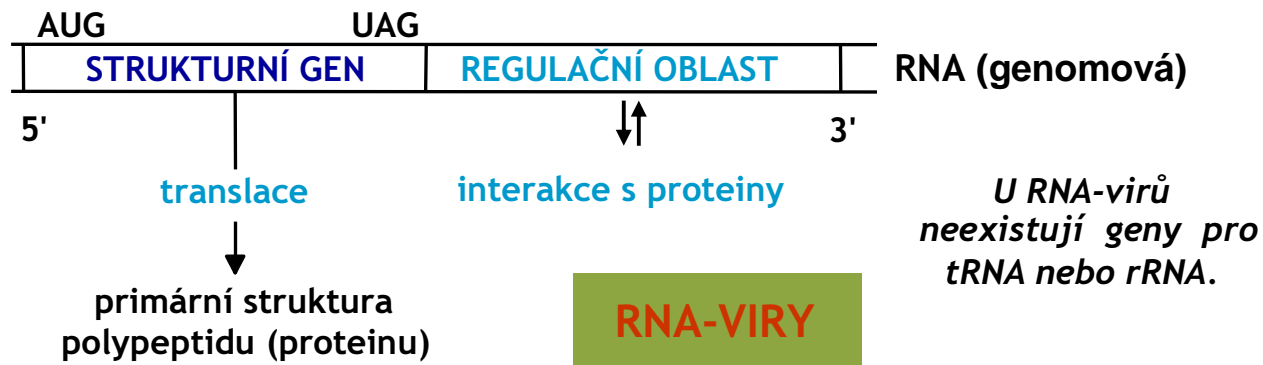
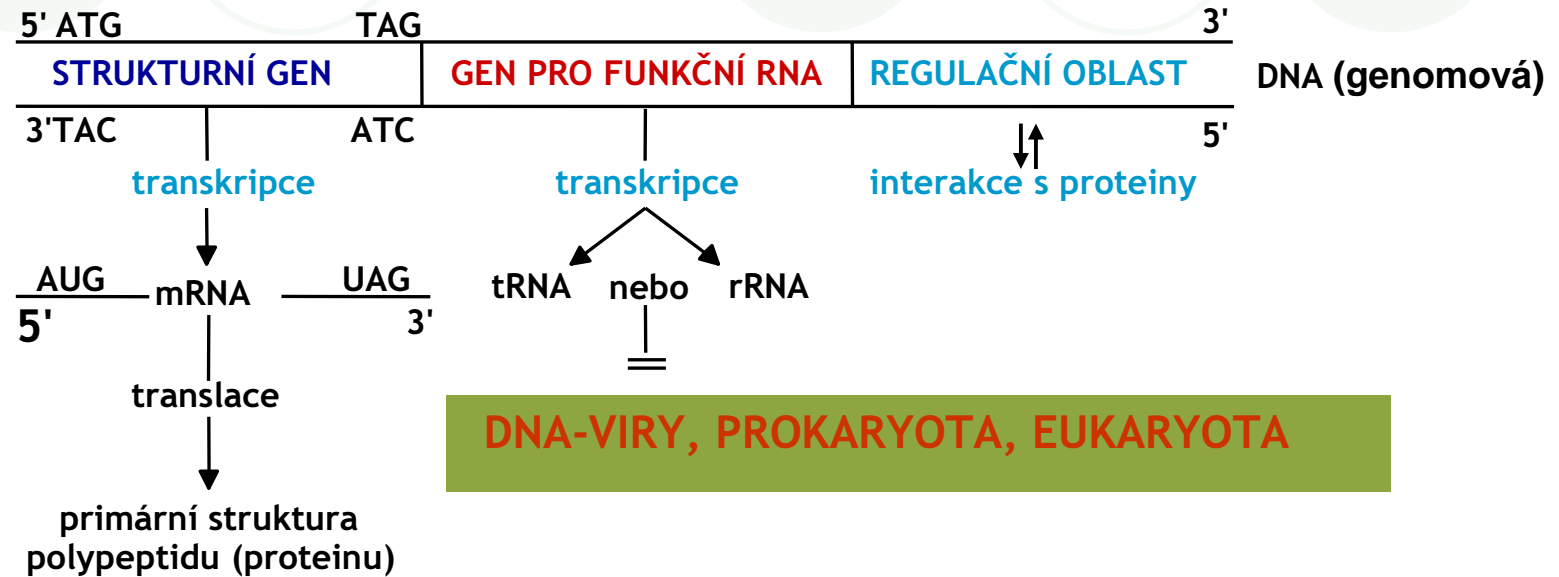
Způsoby vyjádření genetické informace

- informace o primární struktuře proteinů
- informace o primární struktuře RNA (u DNA sekvencí) nebo DNA (u RNA sekvencí)
- informace, určující navázání proteinů na sekvence NK (regulační funkce)

Konkrétní formy genů

- **Geny strukturní** = přepisují se do molekul mRNA, které se překládají kódují polypeptid (translační produkt)
 - **strukturní gen jednoduchý**, neobsahující introny
 - **strukturní gen složený**, tvořený exony a introny
- **Geny pro funkční typy RNA** = přepisují se do molekul RNA, které se nepřekládají (tRNA, rRNA, snRNA a dalších funkčních tvůrů)

Vztah mezi geny a jejich produkty



Rozdíl mezi jednoduchým složeným strukturním genem

Rozdíl mezi jednoduchým a složeným strukturním genem spočívá v tom, že složený gen je sestaven z intronů a exonů a jeho primární transkript podléhá sestřihu, kdežto jednoduchý gen neobsahuje ani introny ani exony a jeho primární transkript nepodléhá sestřihu.

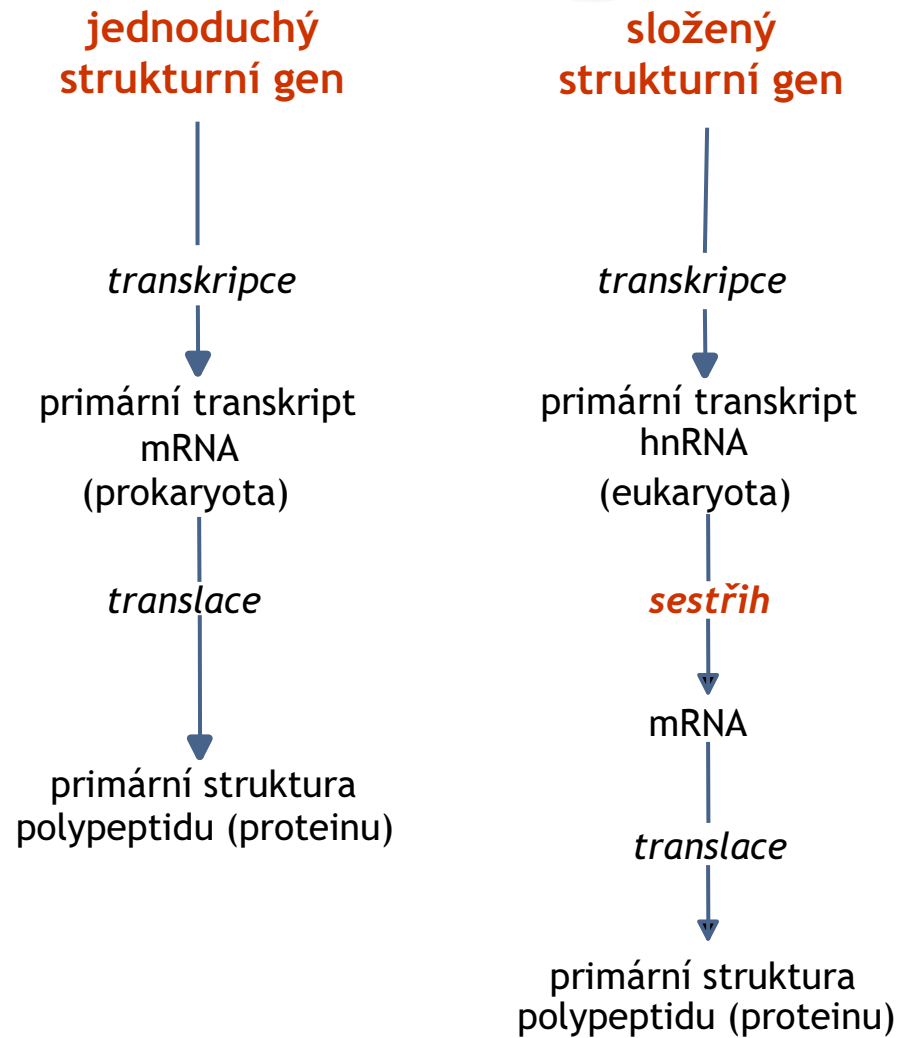
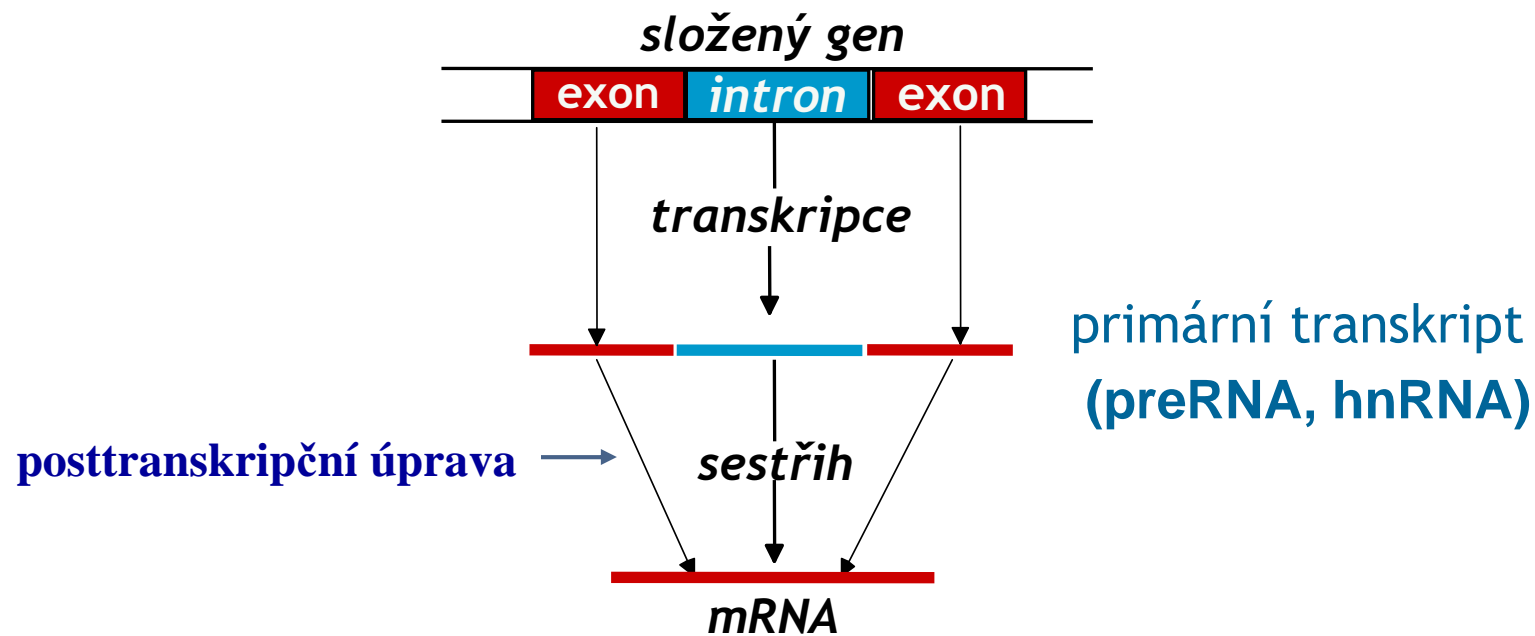
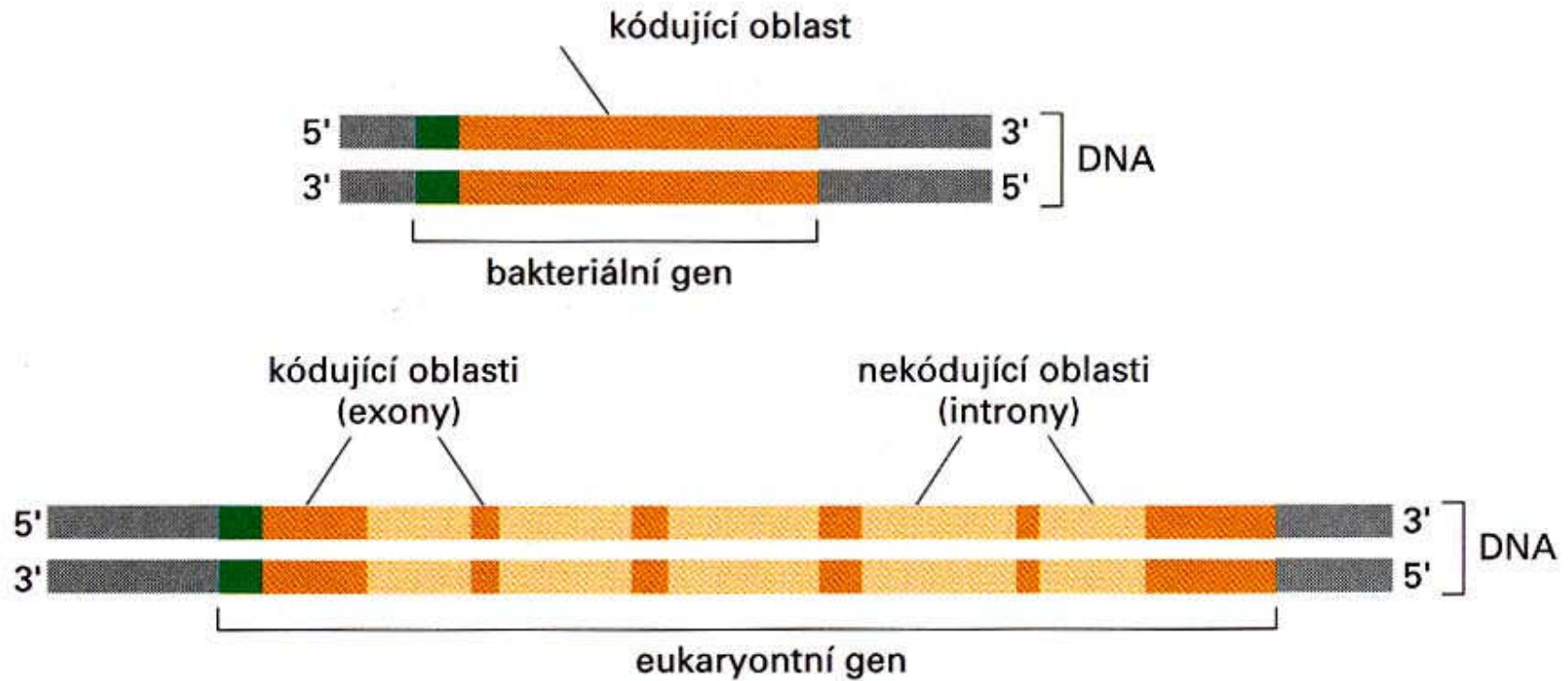


Schéma posttranskripční úpravy sestřihem

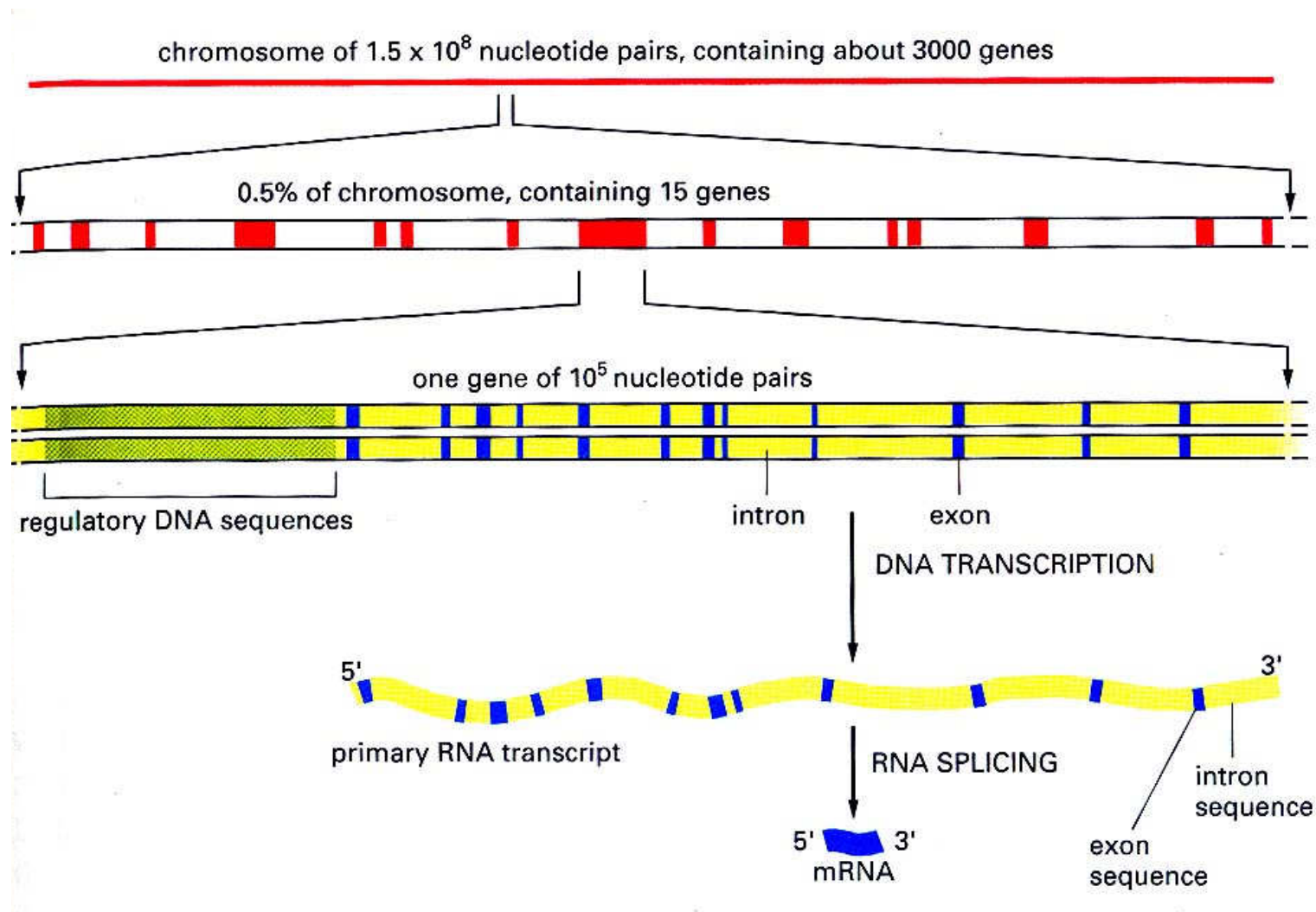


Při sestřihu se z primárního transkriptu vyštěpí
přepis intronu a spojí se přepisy exonů

Srovnání bakteriálního a eukaryontního strukturního genu



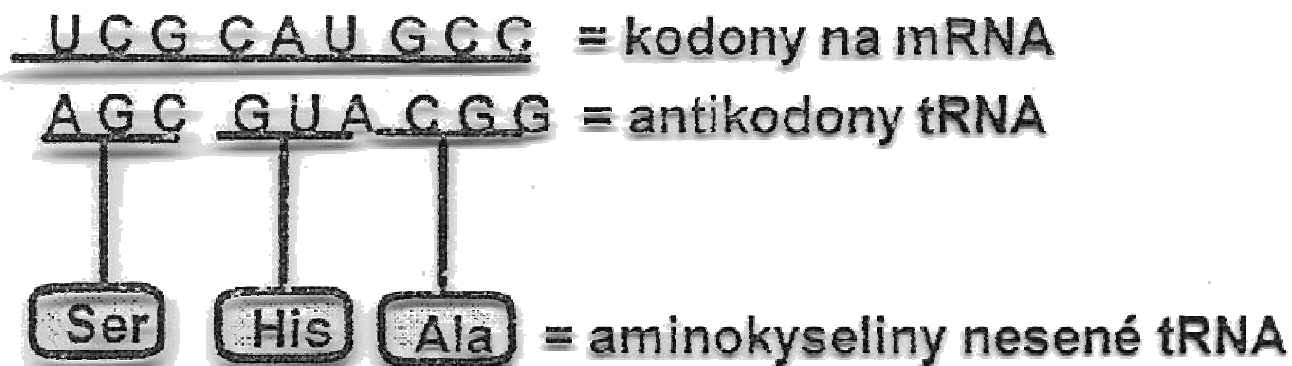
Organizace genů na chromozomu obratlovců



Velikost vybraných genů člověka (v kbp), velikost mRNA a počty intronů

	Gene Size	mRNA Size	Number of Introns
β-Globin	1.5	0.6	2
Insulin	1.7	0.4	2
Protein kinase C	11	1.4	7
Albumin	25	2.1	14
Catalase	34	1.6	12
LDL receptor	45	5.5	17
Factor VIII	186	9	25
Thyroglobulin	300	8.7	36
Dystrophin*	more than 2000	17	more than 50

Překlad genetické informace



Transferová RNA rozeznává svým antikodonem na mRNA kodon pro aminokyselinu, kterou nese. Jinými slovy čte genetickou informaci na mRNA a překládá ji do pořadí aminokyselin v polypeptidovém řetězci.

Obr. 106

Čtení genetického kódu a překlad genetické informace do aminokyselinové sekvence polypeptidu

Standardní genetický kód (na úrovni RNA)

History of the names of the stop codons First, the amber codon was named following experiments in the Benzer's lab at Caltech. In searching for a mutation that would allow a type of phage mutant to grow, Seymour Benzer said that whoever identified the mutation would get to name it after themselves (in some versions of the story, it would be named after the discoverer's mother). The graduate student who isolated the mutation was a young man named Harris Bernstein, whose name "Bernstein" in German means "amber". Thus, the UAG codon, known as a nonsense codon (later known as a stop codon), was named the amber codon. Later, the other two stop codons were called "ochre" (UAA) and "opal" (UGA) (sometimes called, "umber") to maintain the color metaphor. What happened to the graduate student? He became a famous molecular biologist.

Kodony					
1.	2.				3.
U	U	C	A	G	
	Phe	Ser	Tyr	Cys	U
	Phe	Ser	Tyr	Cys	C
	Leu	Ser	N	N (SC)	A
C	Leu	Pro	His	Arg	U
	Leu	Pro	His	Arg	C
	Leu	Pro	Gln	Arg	A
	Leu	Pro	Gln	Arg	G
A	Ile	Thr	Asn	Ser	U
	Ile	Thr	Asn	Ser	C
	Ile	Thr	Lys	Arg	A
	Met (I)	Thr	Lys	Arg	G
G	Val	Ala	Asp	Gly	U
	Val	Ala	Asp	Gly	C
	Val	Ala	Glu	Gly	A
	Val	Ala	Glu	Gly	G

N = nesmyslný kodon, I = iniciační kodon.
 1.2.3 = pořadí nukleotidů v kodonu.
 Kodonové rodiny jsou vyznačeny modře, sady červeně.

Základní vlastnosti genetického kódu

- je tripletový (třípísmenný)
- obsahuje 64 kodonů
- je **degenerovaný** - jedna aminokyselina může být kódována více kodony
- 61 kodonů má smysl (kódují aminokyseliny)
- většina kodonů je **synonymních** (tj. odlišné kodony kódují stejnou aminokyselinu)
- synonymní kodony jsou zařazeny do kodonových rodin a dvoukodonových sad

Charakteristika standardního genetického kódu

8 kodonových rodin	tj.	32 kodonů
8 dvoukodonových sad UC	tj.	16 kodonů
5 dvoukodonových sad AG	tj.	10 kodonů
1 iniciační a bifunkční kodon AUG	tj.	1 kodon
3 terminační kodony	tj.	3 kodony
1 kodon Ile AUA	tj.	1 kodon
1 kodon Trp UGG	tj.	1 kodon

celkem

64 kodonů

Genetický kód

64 kodonů (tripletů), 61 se smyslem, 3 beze smyslu (2 bifunkční)

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

Stop kodony (terminační kodony, kodony beze smyslu):

UAA = ochre, UAG = amber (bifunkční), UGA = opal (bifunkční)

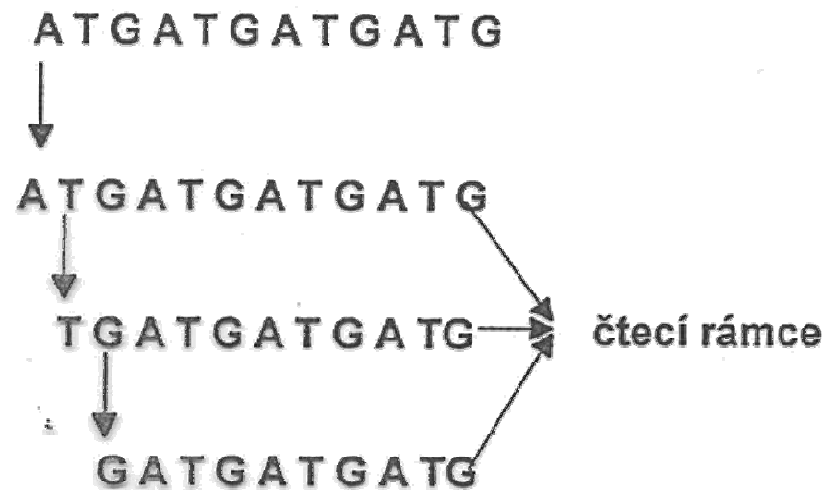
AUG = kodon pro Met a iniciační kodon (bifunkční)

UGA – selenocystein (21 standardní aminokyselina)

UAG – pyrrolyzin (22 standardní aminokyselina)

Čtení kodonů

Čtení kodonů (tripletů) závisí na tom, u kterého nukleotidu stanovíme počátek čtení.



ORF = open reading frame = otevřený čtecí rámec

dsDNA

5' ATCGTCTTGAAGTGCGTGTTAG 3'
3' TAGCAGAACTTCACGCACAATC 5'

Struktura genomů

- **Prokaryotický genom**
 - chromozom (nukleoid)
 - plazmidy
- **Eukaryotický genom**
 - soubor chromozomů
 - mitochondrie
 - chloroplasty (u rostlin)
 - plazmidy
- + proviry, transpozony

- **nDNA** = jaderná, ds lineární
- **mtDNA** = mitochondriová, ds kružnicová nebo lineární
- **ctDNA** = chloroplastová, ds kružnicová

- **virový genom** = DNA (ds, ss) nebo RNA (ds, ss)

Živé soustavy

Tři domény organizmů (16S RNA a 18S RNA)

- Bakterie (Bacteria)
- Archea (Archea)
- Eukarya (Eukarya)

viry

- buněčné

- jednobuněčné
- mnohobuněčné

- nebuněčné

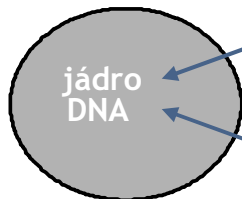
- viry
- viroidy

DNA
nebo
RNA

Všechny způsoby přenosu genetické informace.
Mají všechny složky translačního systému.
(aa-tRNA-syntetázy, tRNA, ribozomy)

Jsou v translaci závislé na hostitelských buňkách.
Viry = živé soustavy schopné reprodukce v závislosti
na translačním systému hostitelských buněk.

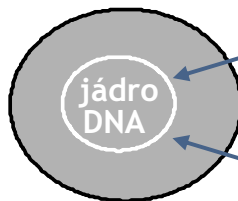
prokaryotický typ buňky



jádro bez jaderné membrány
nedělí se mitoticky

DNA kružnicová (většinou)
nebo lineární

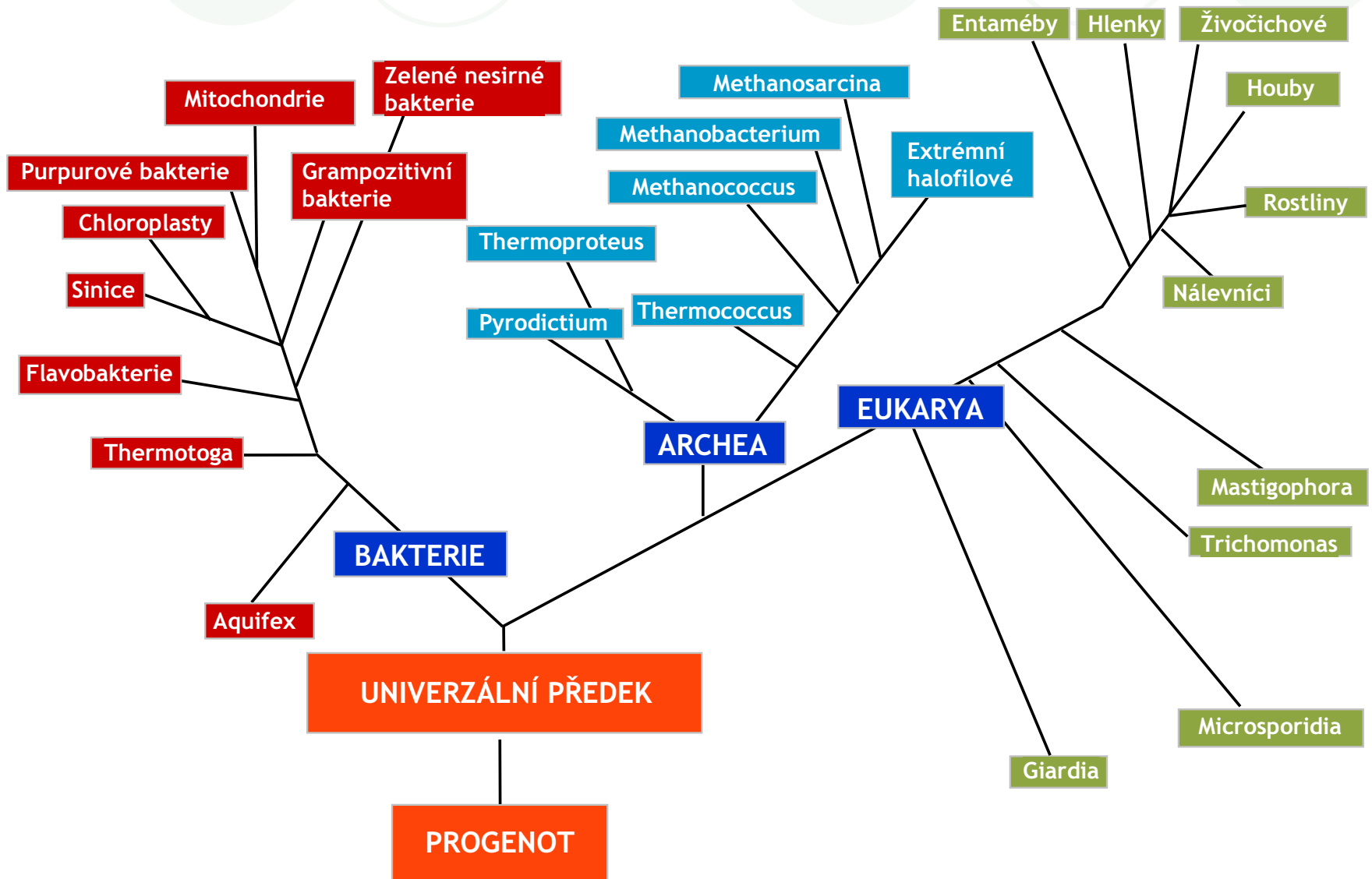
eukaryotický typ buňky



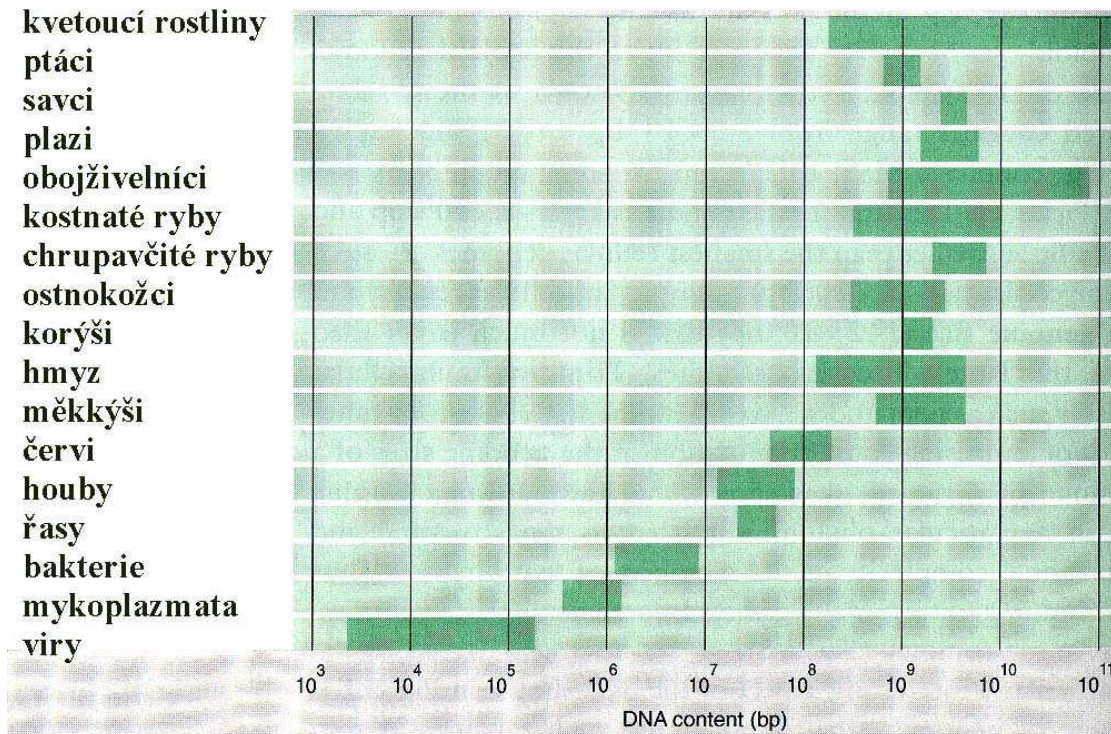
jádro obaleno jadernou membránou
dělí se mitoticky

chromozomy = chromatin (proteiny + DNA)

Univerzální fylogenetický strom



Velikost genomu jednotlivých skupin organismů



Velikost genomu se udává v počtech párů bází:

bp = pár bází

nt = nukleotid

kbp = 1000 bp

Mbp = 1000 kbp

Gbp = 1000 Mbp

1 bp = 660 D

1 mm DNA = 3 Mbp

Paradox hodnoty C - velikost genomu neodpovídá vývojovému postavení (celkové komplexitě) organismů

Počet genů a velikost genu- mu u zástupců jednotlivých skupin organis- mů

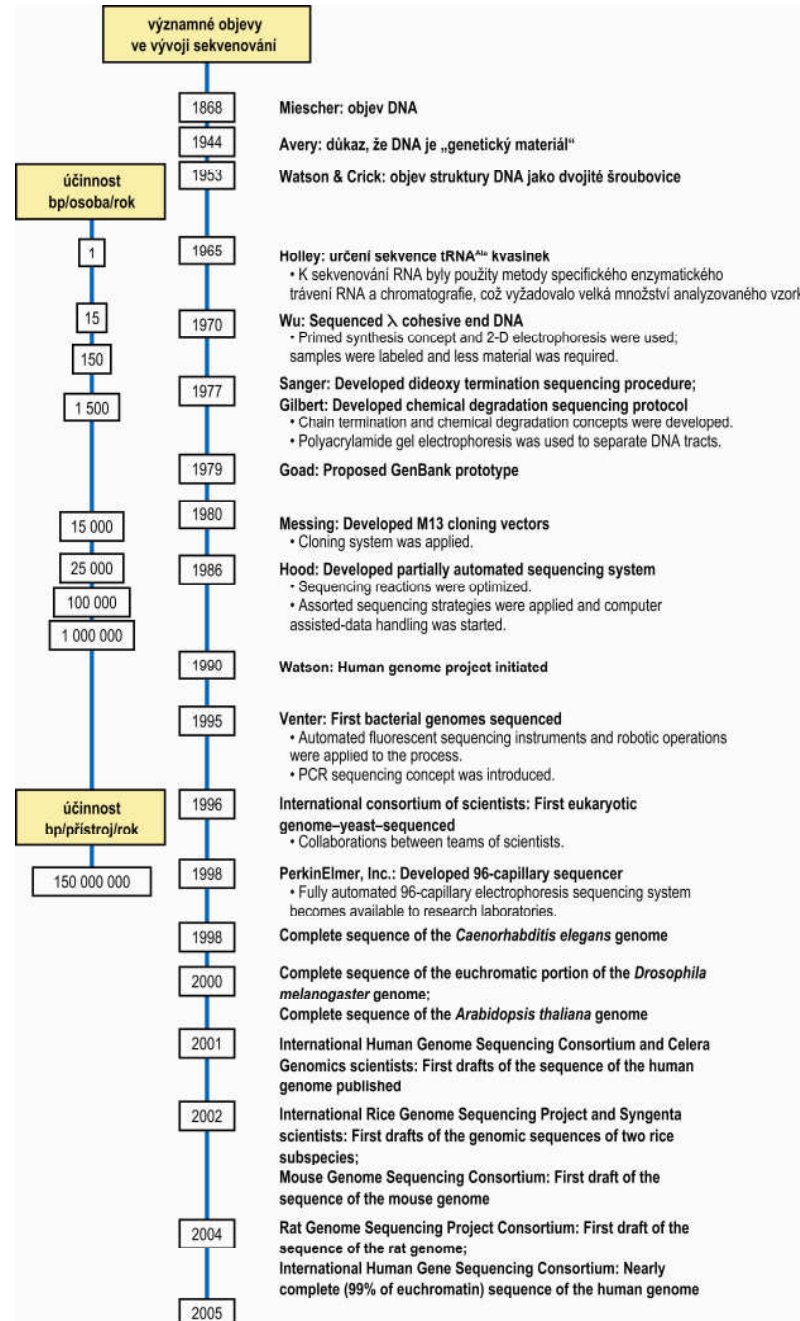
TABLE 4.01

Genome Sizes

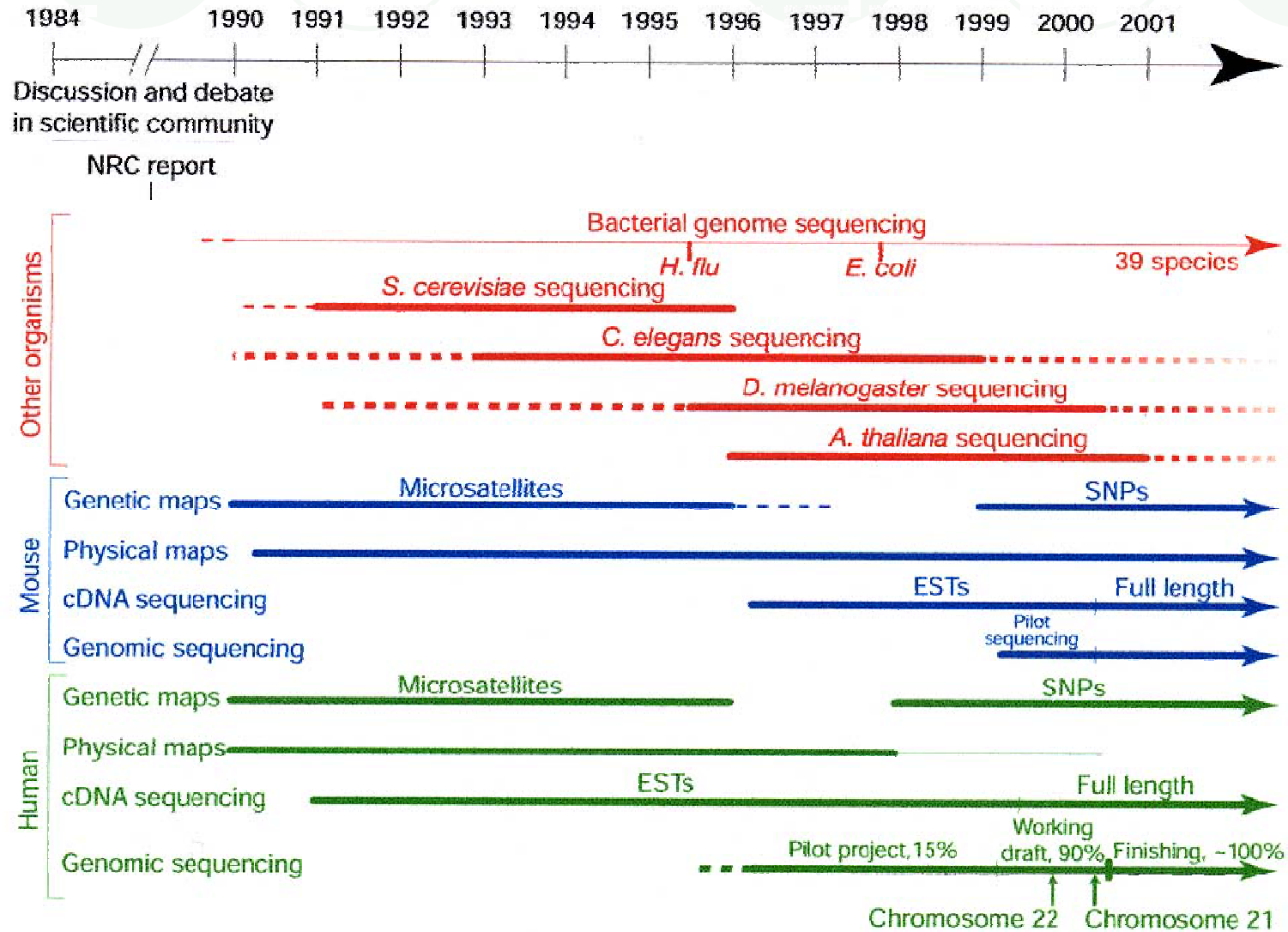
Organism	Number of Genes	Amount of DNA (bp)	Number of Chromosomes
<u>Viruses</u>			
Bacteriophage MS2	4	3,600	1 (ssRNA)*
Tobacco Mosaic Virus	4	6,400	1 (ssRNA)*
ΦX174 bacteriophage	11	5,387	1 (ssDNA)
Influenza	12	13,500	8 (ssRNA)
T4 bacteriophage	200	165,000	1
Poxvirus	300	187,000	1
Bacteriophage G	680	498,000	1
<u>Prokaryotes</u>			
Mitochondrion (human)	37	16,569	1
Mitochondrion (<i>Arabidopsis</i>)	57	366,923	1
Chloroplast (<i>Arabidopsis</i>)	128	154,478	1
<i>Nanoarchaeum equitans</i>	550	490,000	1
<i>Mycoplasma genitalium</i>	480	580,000	1
<i>Methanococcus</i>	1,500	1.7 Mbp	1
<i>Escherichia coli</i>	4,000	4.6 Mbp	1
<i>Myxococcus</i>	9,000	9.5 Mbp	1
<u>Eukaryotes (haploid genome)</u>			
<i>Encephalitozoon</i>	2,000	2.5 Mbp	11
<i>Saccharomyces</i>	5,700	12.5 Mbp	16
<i>Caenorhabditis</i>	19,000	100 Mbp	6
<i>Drosophila</i>	12,000	140 Mbp	5
<i>Homo sapiens</i>	25,000	3,300 Mbp	23
<i>Arabidopsis</i>	25,000	115 Mbp	5
<i>Oryza sativa</i> (Rice)	45,000	430 Mbp	12

*ssRNA = single stranded RNA; ssDNA = single stranded DNA; all other genomes consist of double stranded DNA.

Účinnost sekvenování DNA a historie analýzy DNA

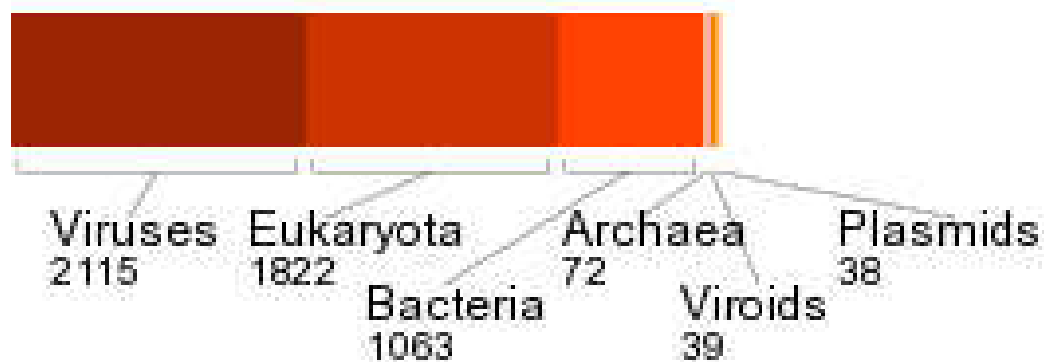


Časový průběh sekvencování genomů

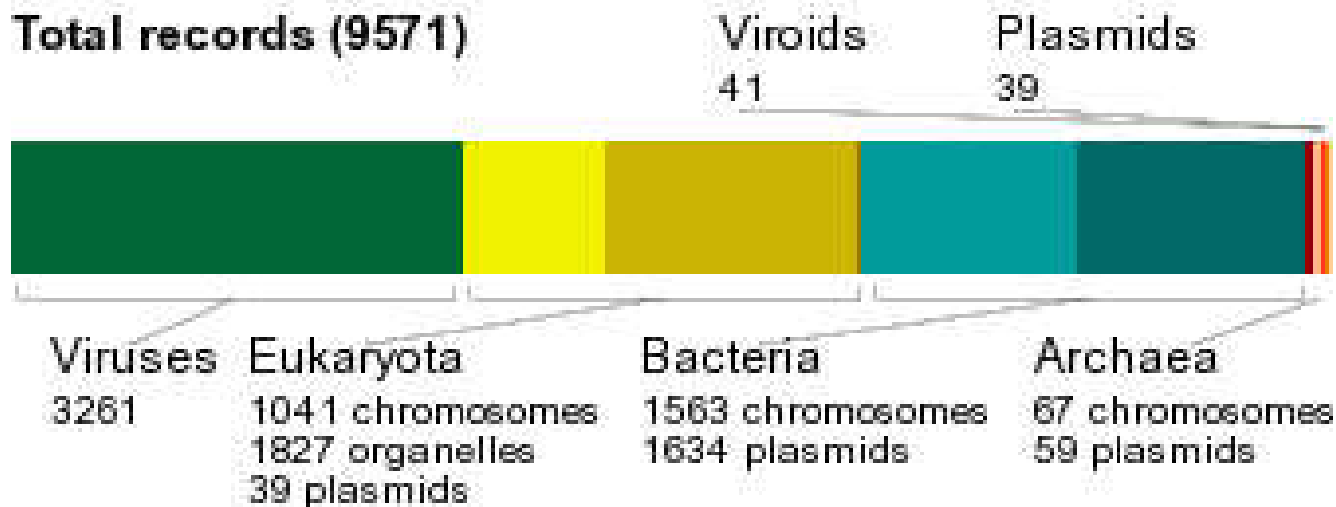


Přehled kompletně sekvenovaných genomů (2008)

Total species (5149)



Total records (9571)

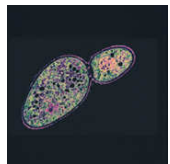


Projekty sekvenování genomů modelových organismů



Escherichia coli (4.6 Mb) - bakterie, prokaryotický organismus

- známá struktura genomu, regulace a funkce genů
- dobře prostudovány biochemické dráhy



Saccharomyces cerevisiae (14 Mb) - kvasinka, jednobuněčný eukaryotický organismus

- známá struktura genomu, regulací a funkce genů
- probíhá mitóza a meióza
- velký počet dobře definovaných mutant
- vysoká frekvence homologní rekombinace - snadné záměny alel



Caenorhabditis elegans (100 Mb) - jednoduchý mnohobuněčný organismus (hlístice, červ)

- obsahuje 959 buněk, jejichž vývojové linie jsou známy
- detailně prostudovaný nervový systém (302 neuronů a jejich spojení)
- modelový organismus vývojové biologie (procesy diferenciací)

Projekty sekvencování genomů modelových organismů



Drosophila melanogaster (165 Mb) - zástupce hmyzu

- objekt klasické genetiky
- dobře prostudována struktura genů, jejich regulace a funkce
- řada dobře definovaných mutantů.



Fugu rubripes (400 Mb) - ryba

- model genomu obratlovců
- nízká proporce repetitivních sekvencí
- vysoká proporce exonů
- relativně krátké geny ve srovnání s lidskými homologními geny (vhodný pro identifikaci lidských kódujících genů)

Projekty sekvencování genomů modelových organismů



Arabidopsis thaliana (100 Mb) - kvetoucí rostlina

- neobvykle malý genom
- nízký počet chromozomů
- nízká proporce repetitivních sekvencí
- vysoký počet semen (10 000) během krátké generační doby



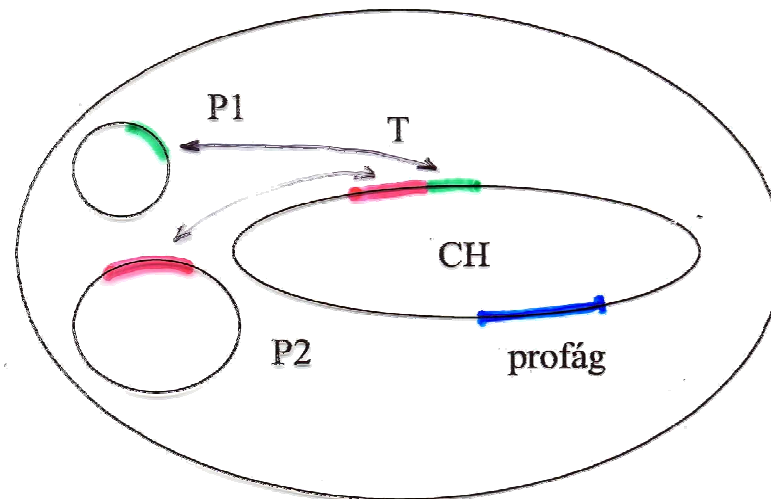
Mus musculus - myš, savec (3000 Mb)

- geneticky nejlépe prostudovaný savec
- vhodný experimentální model pro studium mutací a genetická křížení
- vazba genů podobná jako u člověka
- možnost přípravy transgenních myší s genetickými modifikacemi
- model studia genové exprese a funkce genů.

Prokaryotický genom

- Složky

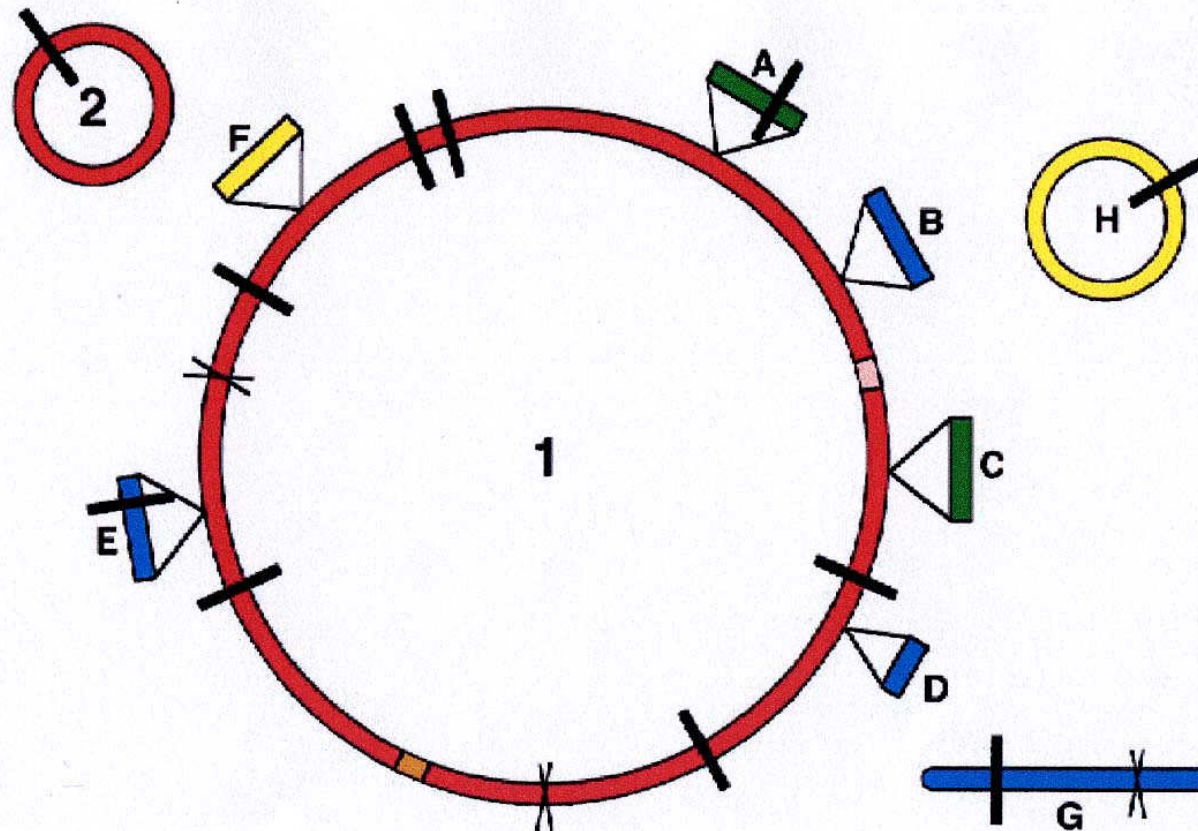
- Bakteriální chromozom (nukleoid)
- Plazmidy
- Mobilní elementy (inzerční sekvence, transpozony)
- Profágy



STRUKTURA PROKARYOTICKÝCH GENOMŮ

Mozaikový charakter

Vysoká
dynamika
a plasticita



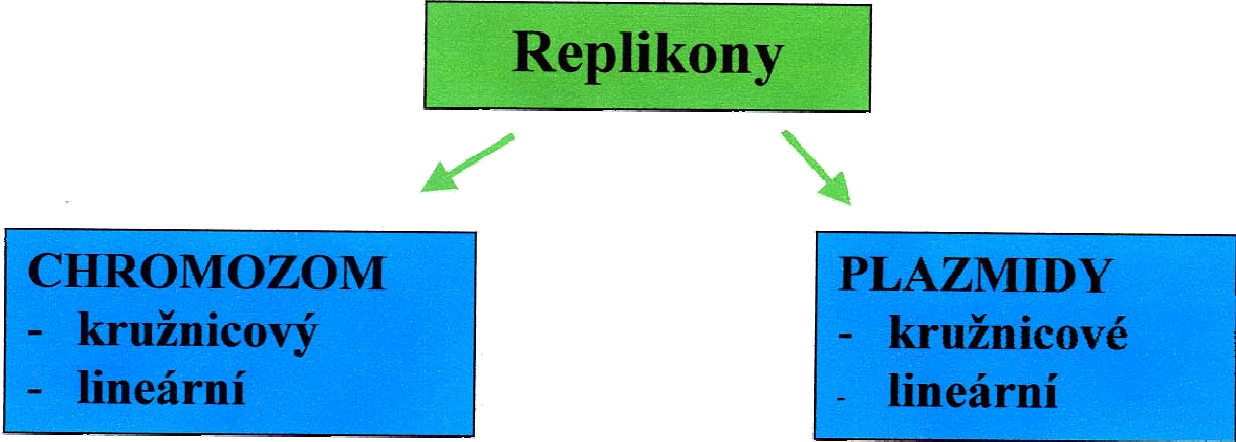
Endochromozomy (1,2)

Přídavné genetické elementy (A-H)

- Plazmidy (H, F)
- Profágy a defektní profágy (B, D, E, G)
- Genomické ostrovy (A, C)
- IS-elementy, transpozony, integrony (I)

Variabilní složka
genomu – adaptace
na prostředí

TOPOLOGIE PROKARYOTICKÉHO GENOMU

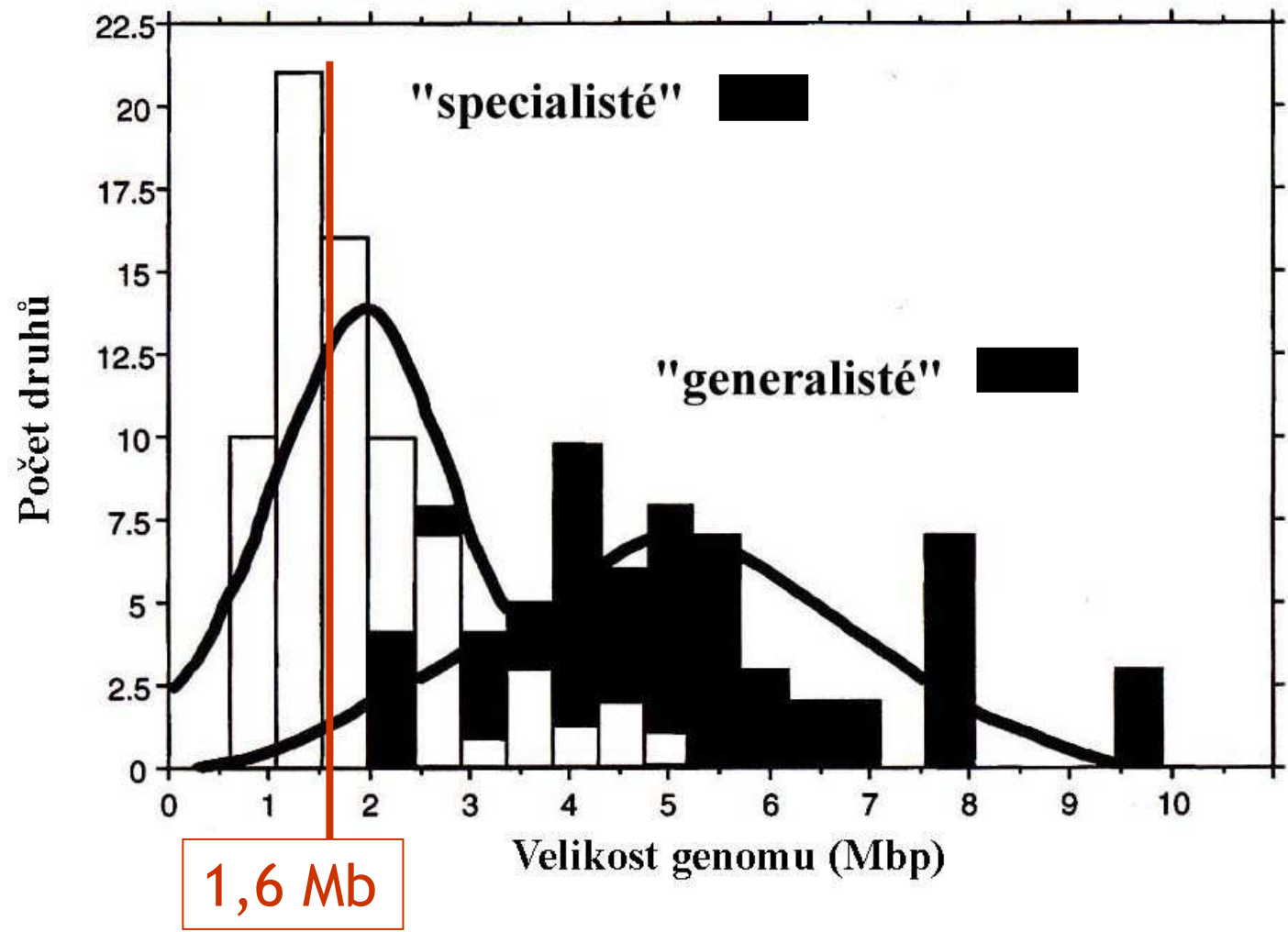


DRUH	CHROMOZOMY		PLAZMIDY	
	KRUŽNICOVÉ	LINEÁRNÍ	KRUŽNICOVÉ	LINEÁRNÍ
<i>Escherichia coli</i>	1 (4,6 Mb)		několik	
<i>Bacillus cereus</i>	1 (5 Mb) 1 (2,4 Mb)		0 několik (2,6 Mb)	
<i>Vibrio cholerae</i>	2 (2,9+1,1 Mb)			
<i>Borrelia burgdorferi</i>		1 (0,9Mb)	9 (kb)	12 (kb)
<i>Agrobacterium tumefaciens</i>	1 (2,8 Mb)	1 (2,1 Mb)	2 (0,75 Mb)	
<i>Streptomyces lividans</i>	1 (8 Mb)			1 (50 kb)

Prokaryota s lineárním chromozomem

- **Streptomyces** (ambofaciens, lividans) 10 Mb
- **Borrelia burgdorferi** (B. hermsii) 0.95 Mb
 - + lineární plazmidy
- **Coxiella burnetii** 2,1 Mb
- **Paracoccus denitrificans** - tři molekuly DNA
 - 2; 1,1; 0,64 Mb, dvě jsou lineární
- **Agrobacterium tumefaciens**

Velikost genomu prokaryot



Genetická organizace prokaryotického genomu

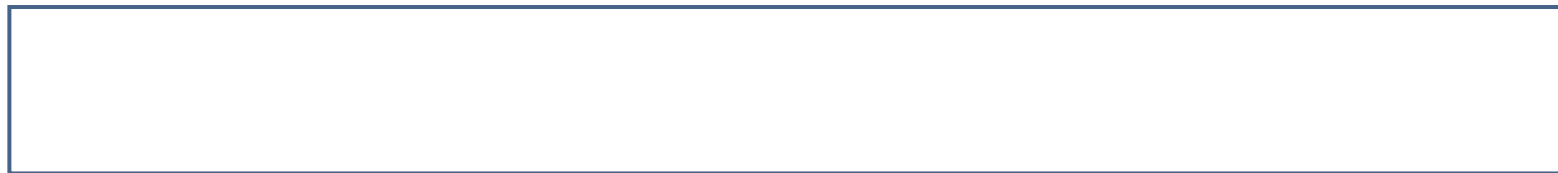
- velmi kompaktní genom s malými mezerami mezi geny
- většina genomu je obsazena strukturními geny
- malá část (10 %) je tvořena nekódující DNA
- operonové uspořádání genů (většinou funkčně příbuzné)
- pořadí genů není u prokaryot konzervováno

Velikost a genový obsah vybraných prokaryotických genomů

druh	velikost genomu v párech nukleotidů	předpovězený počet genů
Archaea		
<i>Archaeoglobus fulgidus</i>	2 178 400	2 486
<i>Methanosarcina acetivorans</i>	5 751 492	4 721
<i>Nanoarchaeum equitans</i>	490 885	582
<i>Pyrococcus furiosus</i>	1 908 256	2 228
<i>Sulfolobus solfataricus</i>	2 992 245	3 033
<i>Thermoplasma volcanium</i>	1 584 804	1 548
Eubacteria		
<i>Bacillus subtilis</i>	4 214 630	4 225
<i>Bordetella parapertussis</i>	4 773 551	4 467
<i>Bradyrhizobium japonicum</i>	9 105 828	8 373
<i>Buchnera aphidicola</i>	615 980	550
<i>Chlamydia pneumoniae</i> kmen AR39	1 229 853	1 167
<i>Escherichia coli</i> kmen K12 MG1655	4 639 675	4 467
<i>Escherichia coli</i> kmen O157 EDL933	5 528 970	5 463
<i>Haemophilus influenzae</i> Rd KW20	1 830 138	1 789
<i>Legionella pneumophila</i> kmen Paris	3 503 610	3 136
<i>Mycobacterium tuberculosis</i> kmen CDC	4 403 837	4 293
<i>Mycobacterium genitalium</i>	580 076	525
<i>Neisseria meningitidis</i> Z2491	2 184 406	2 208
<i>Pseudomonas syringae</i> kmen DC3000	6 397 126	5 660
<i>Rickettsia typhi</i>	1 111 496	919
<i>Salmonella typhimurium</i>	4 857 432	4 622
<i>Staphylococcus aureus</i> kmen MW2	2 820 462	2 712
<i>Streptomyces coelicolor</i>	8 667 507	7 912
<i>Ureaplasma parum</i> ATCC 700970	751 719	653
<i>Yersinia pestis</i> kmen KIM	4 600 755	4 240

Údaje jsou převzaty z webové stránky NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genomes/>), květen 2008.

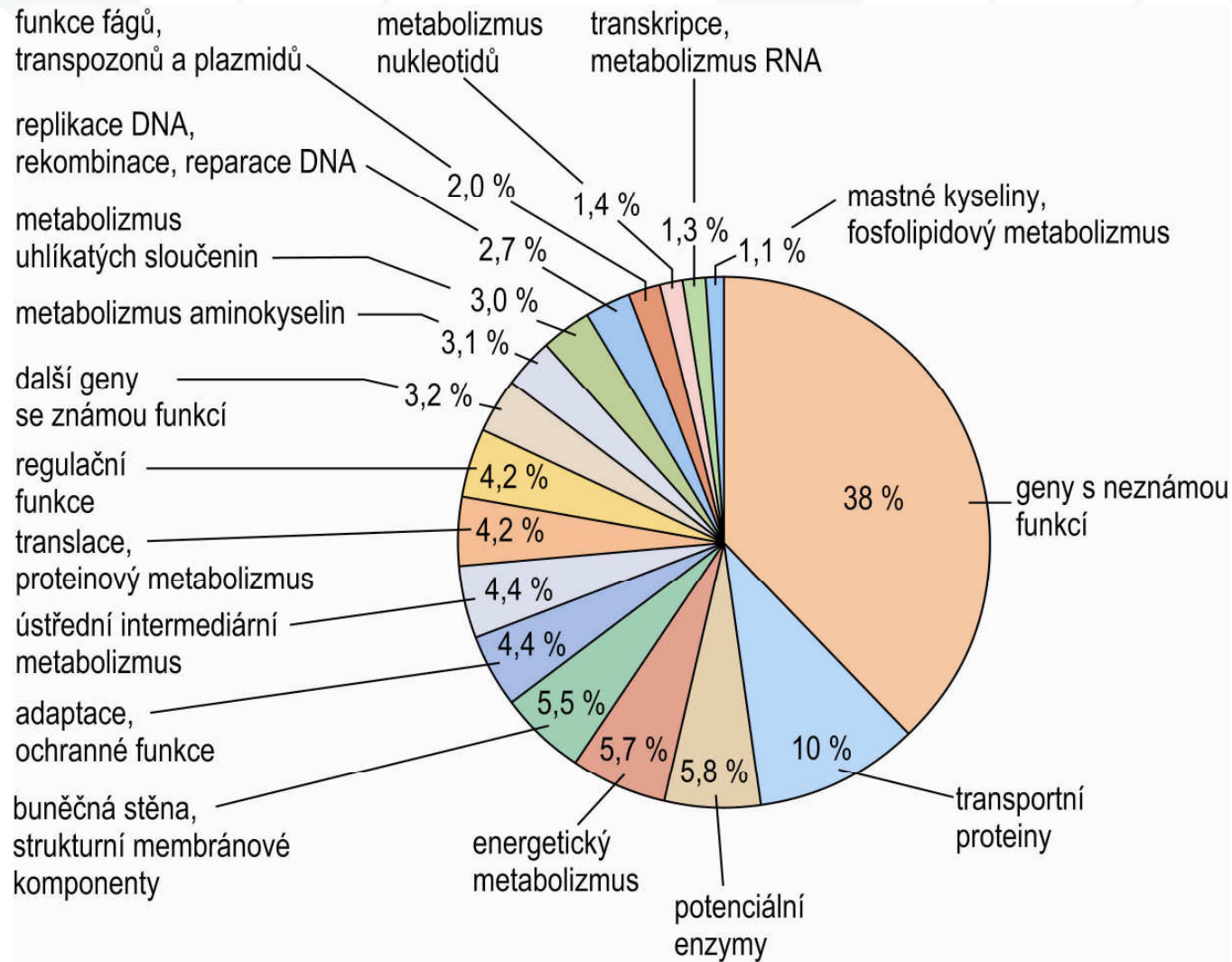
Počet genů u prokaryot je proporcionalní velikosti jejich genomu - **paradox hodnoty C u nich neplatí**



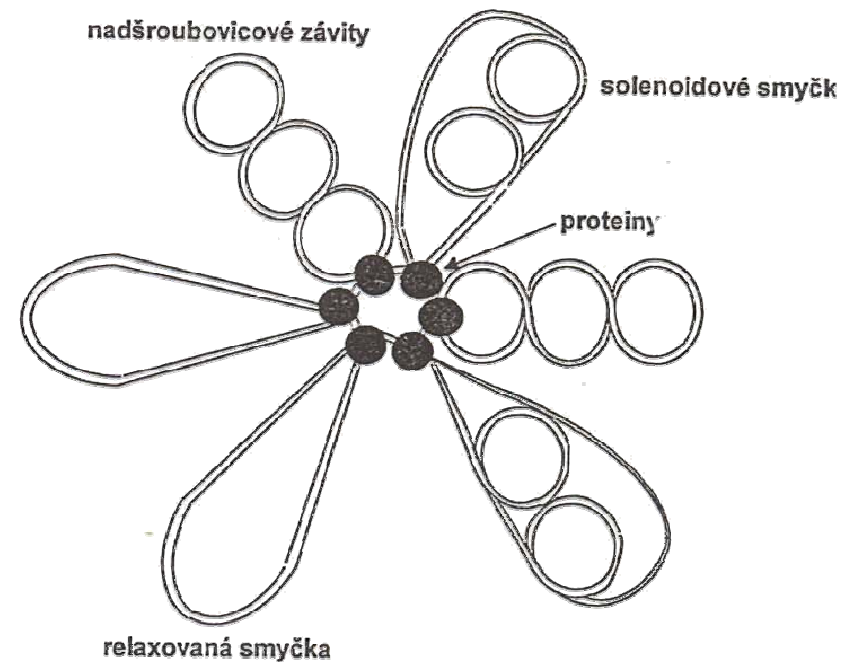
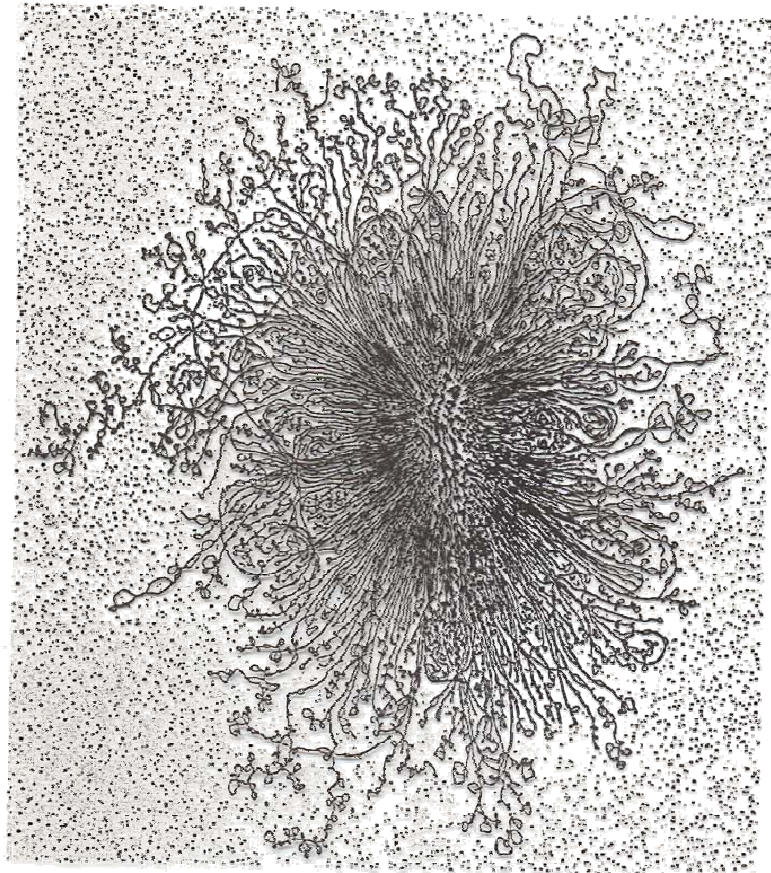
Organismus	Velikost genomu (Mbp)	Počet ORF
<i>T. pallidum</i>	1.14	1 040
<i>B. burgdorferi</i>	1.44	1 751
<i>H. pylori</i>	1.66	1 657
<i>A. fulgidus</i>	2.18	2 437
<i>B. subtilis</i>	4.20	4 100
<i>M. tuberculosis</i>	4.41	3 924
<i>E. coli</i>	4.60	4 288

1 gen ~ 1 kbp

Klasifikace 4288 genů E. coli podle jejich funkce



Struktura chromozomu *E. coli*



HLP, HU-proteiny, enzymy a faktory účastníci se replikace a transkripce

Charakteristika plazmidů

dsDNA - kružnicová nebo lineární, velikost: 1-1000 kb

Základní typy plazmidů:

- kryptické - funkce neznámá
- epizomální - reverzibilní intergace do chromozomu hostitele
- konjugativní - schopné přenosu konjugací
- mobilizovatelné - přenositelné za přítomnosti konjugativního plazmidu

Příklady plazmidů:

- F-plazmidy (fertilní faktor, konjugativní)
 - zodpovědné za konjugaci
- R-plazmidy (R-faktory)
 - zodpovědné za rezistenci k antibiotikům
- kolicinogenní (Col-plazmidy)
 - tvorba proteinů s antibiotickým charakterem (*Enterobacteriaceae*, aj.)
- Ti-plazmidy (tumory indukující)
 - tvorba nádorů u dvouděložných rostlin (*Agrobacterium tumefaciens*)
- plazmidy odbourávající organické sloučeniny (*Pseudomonas*)
- plazmidy podílející se na fixaci vzdušného dusíku (*Rhizobium*).
- Plazmidy používané jako vektory pro přenos DNA (pBR322, pUC)

Eukaryotický typ buněk

- Jádro je ohraničeno od cytoplazmy membránou
- Dělení buněk probíhá mitózou nebo meiózou
- Genetický materiál tvoří chromatin
- Buněčná stěna je odlišná od prokaryotické nebo chybí
- Buňka obsahuje organely: mitochondrie, chloroplasty, cytoplazmatické retikulum, Golgiho aparát, lysozomy

**Přenosy genetické informace u eukaryot probíhají
principiálně stejně jako u prokaryot**

Složky eukaryotického genomu

- **jaderný genom** - lineární chromozomy v různém počtu
- **mitochondriový genom** - kružnicové nebo lineární genofory
- **chloroplastový genom** (rostliny) - kružnicové genofory
- **plazmidy** (velmi vzácně) - kružnicové genofory

Chromatin = genetický materiál eukaryotické buňky
30 % NK (DNA + RNA) + 70 % proteinů

Základní formy organizace chromatinu

chromatinová síť vláken
v interfázi

jednotlivé chromozomy
při mitóze

chromatin

euchromatin (transkripčně aktivní)

(méně kondenzovaný, slabě barvitelný bazickými barvivy)

heteroterochromatin (transkripčně inaktivní)

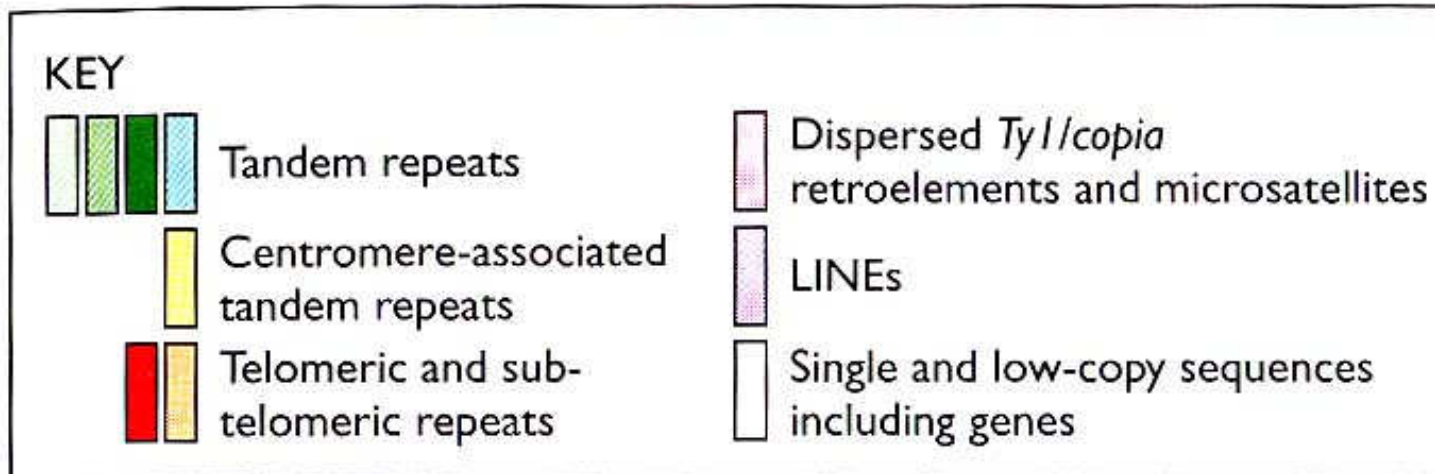
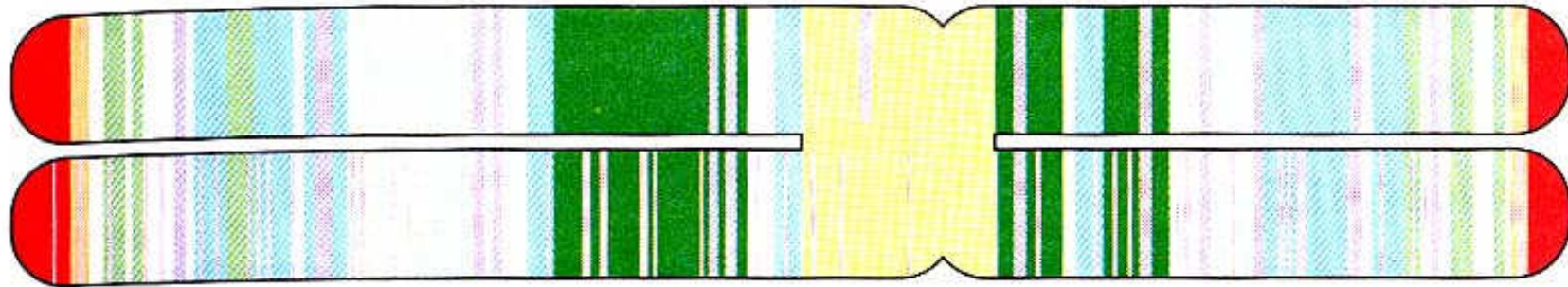
konstitutivní

centroméra + teloméra

fakultativní

dočasně netranskribované geny,
změny během ontogenetického
vývoje

Struktura mitotických chromozomů



Funkční složky eukaryotických chromozomů

- **centromera** - zajišťuje segregaci chromozomů do dceřinných buněk při mitóze (meióze)
- **telomera** - koncová oblast - její struktura zajišťuje dokončení replikace lineárního chromozomu
 - Typické telomerové repetice:
 - TTGGGG - Tetrahymena
 - TTAGGG - člověk
- **počátky replikace (ori)**

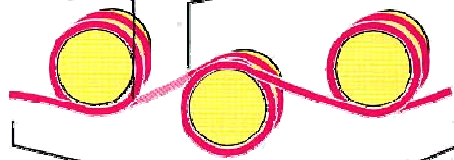
Úrovně kondenzace chromatinu

krátký úsek dvojšroubovice DNA



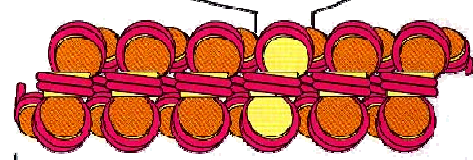
2 nm

„korálková“ forma chromatinu



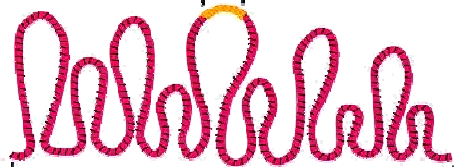
11 nm

30-nm chromatinové vlákno s poskládanými nukleosomy



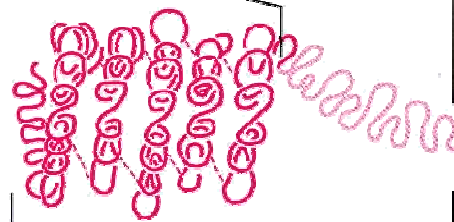
30 nm

úsek chromosomu v rozvinuté formě



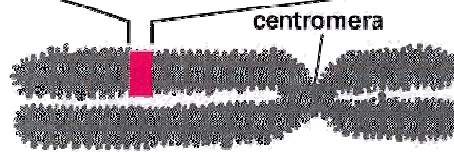
300 nm

kondenzovaný úsek chromosomu

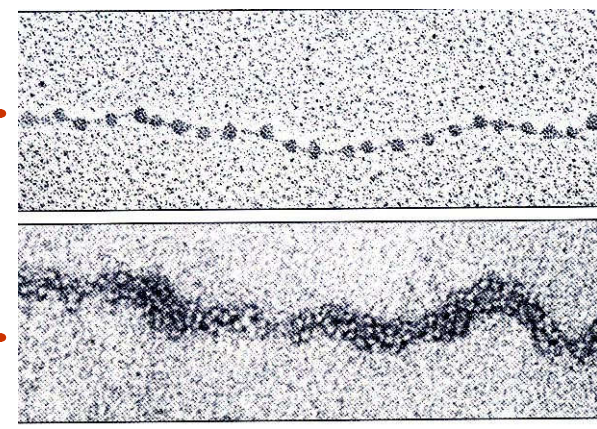


700 nm

úplný mitotický chromosom



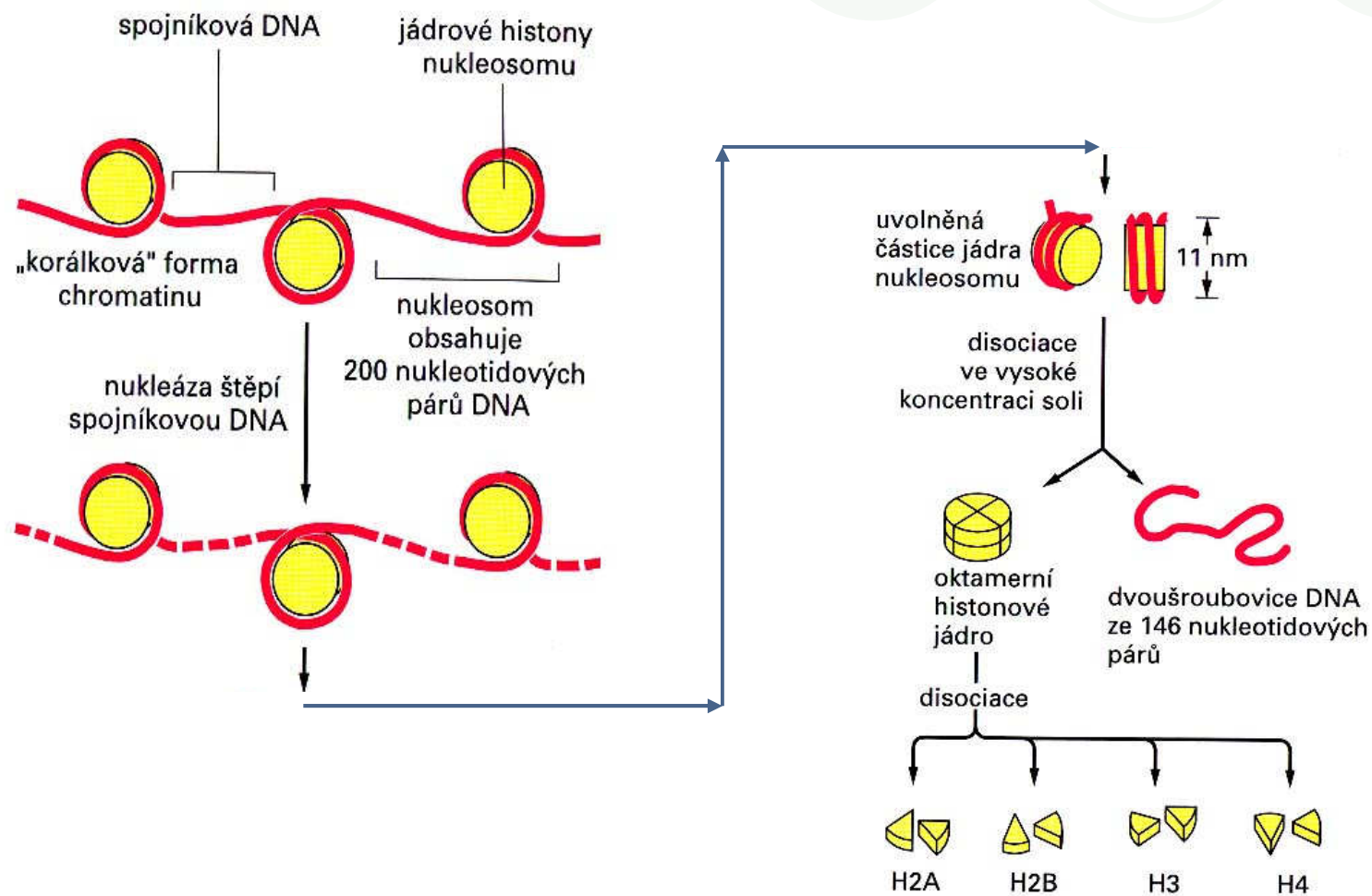
1400 nm

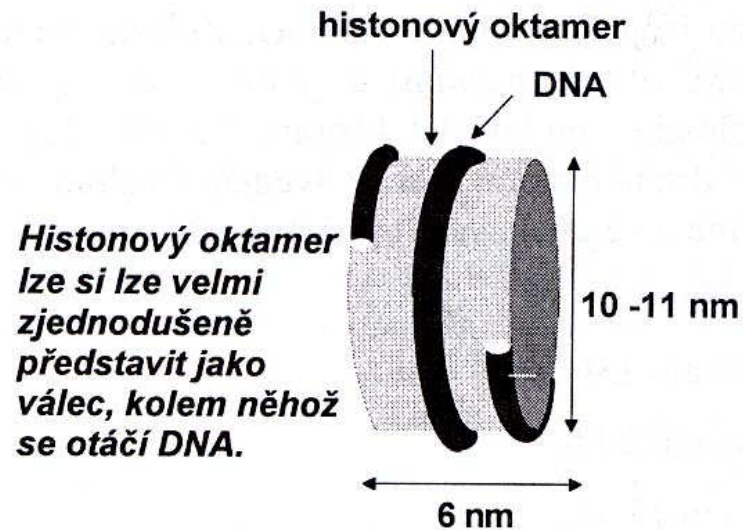


Výsledek:

Každá molekula DNA je zabalena do mitotického chromozomu tak, že je 50 000krát kratší než v rozvinuté formě

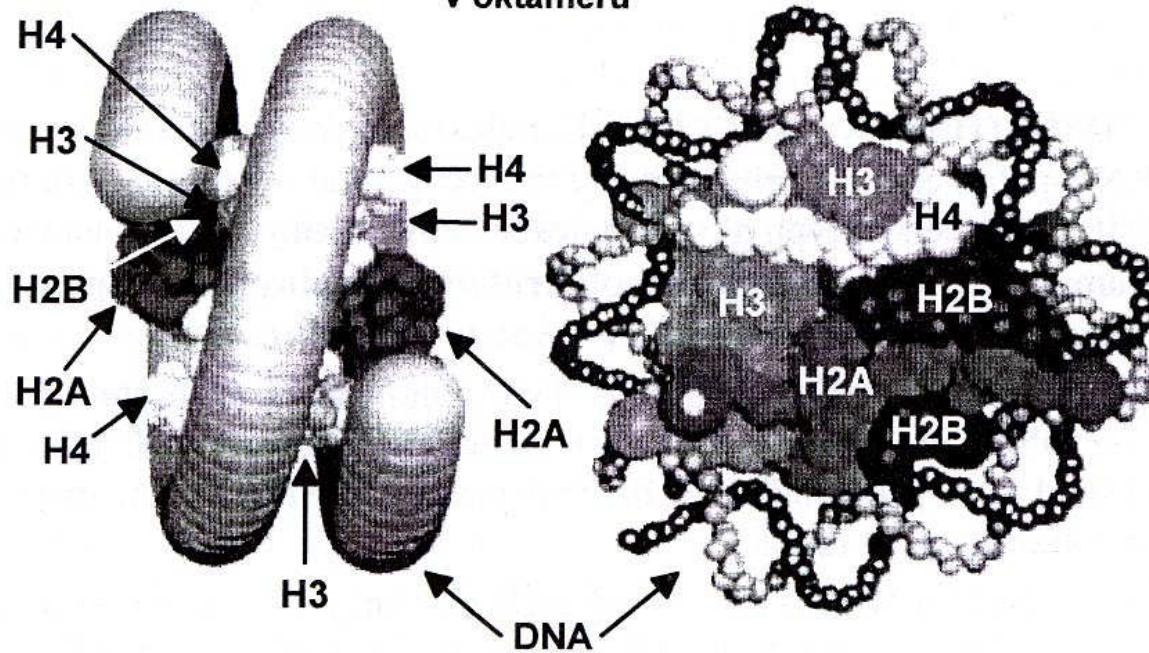
Nukleozómová struktura DNA



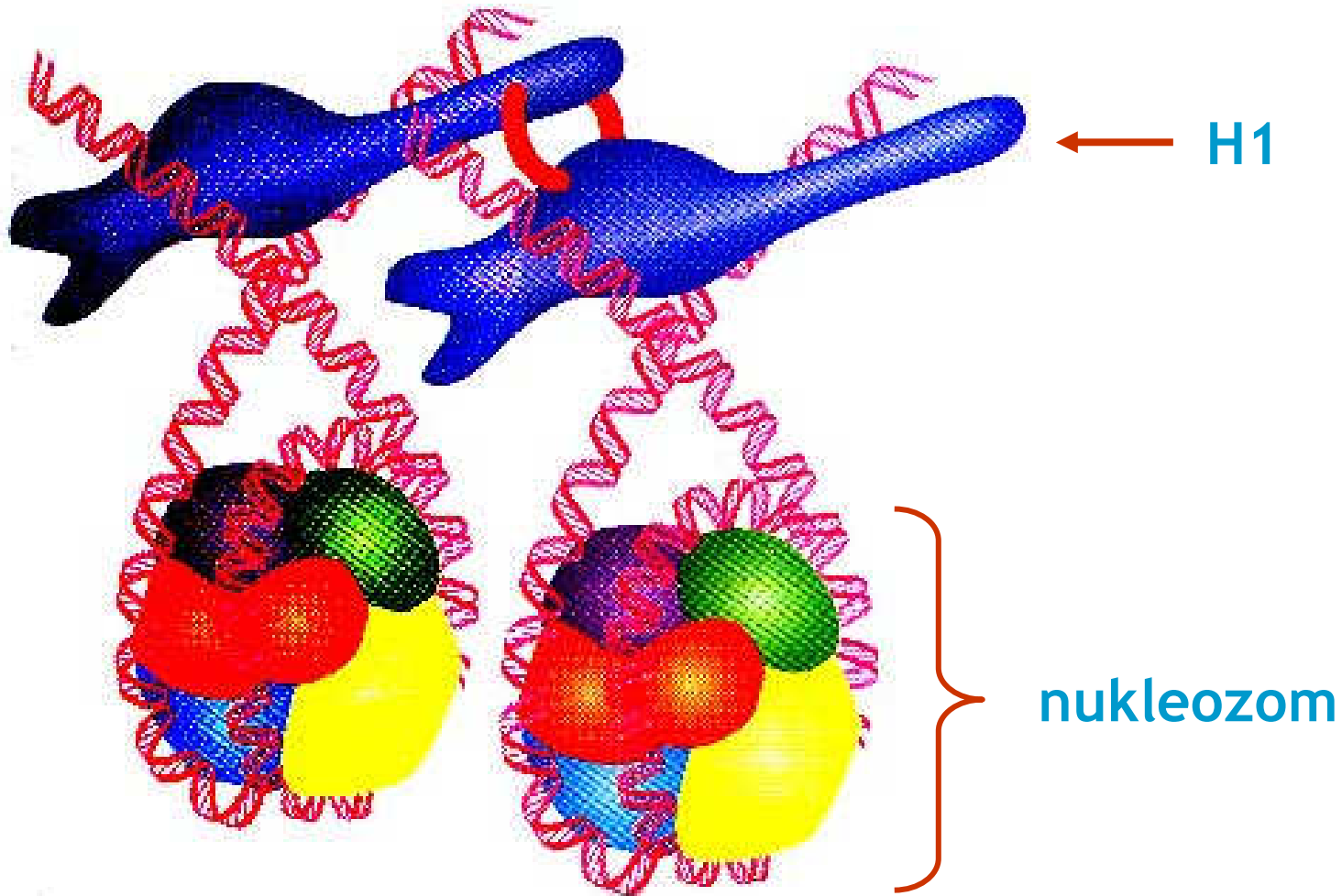


reálnější pohled na umístění histonů v oktameru

molekulární model

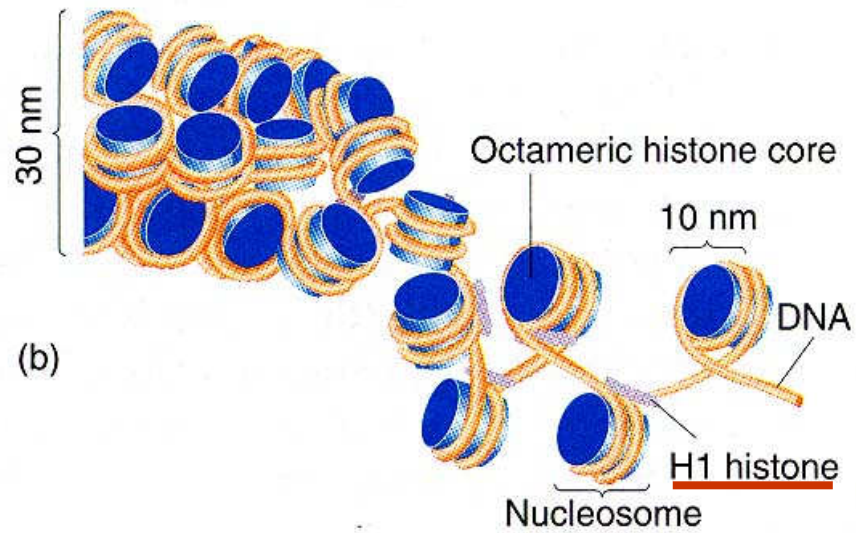


Funkce histonu H1 při spojování nukleozomů

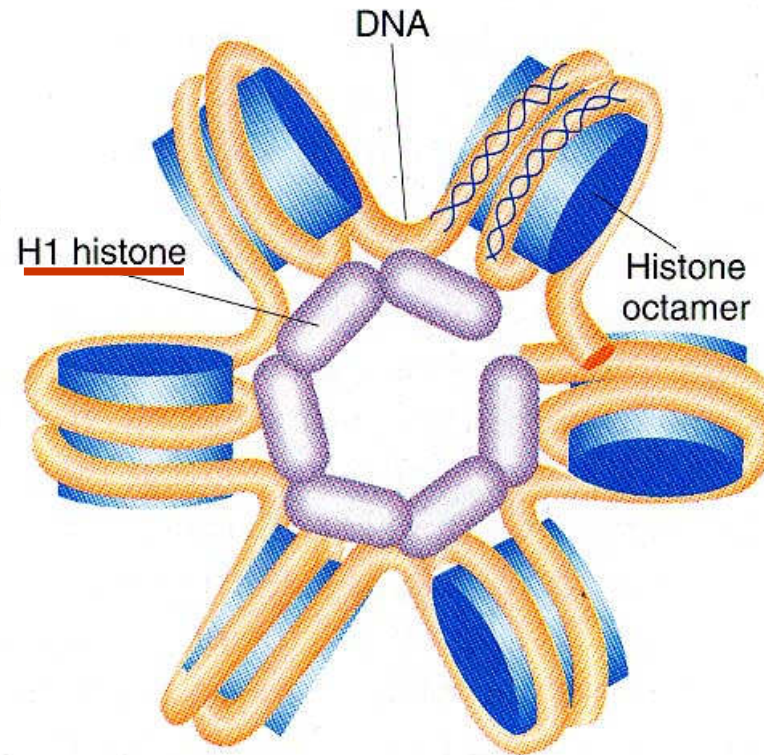


Molekulární struktura eukaryotického chromozomu

30 nm vlákno - solenoidová struktura



Závit solenoidu tvořený 6 nukleozomy



Proteiny chromatinu

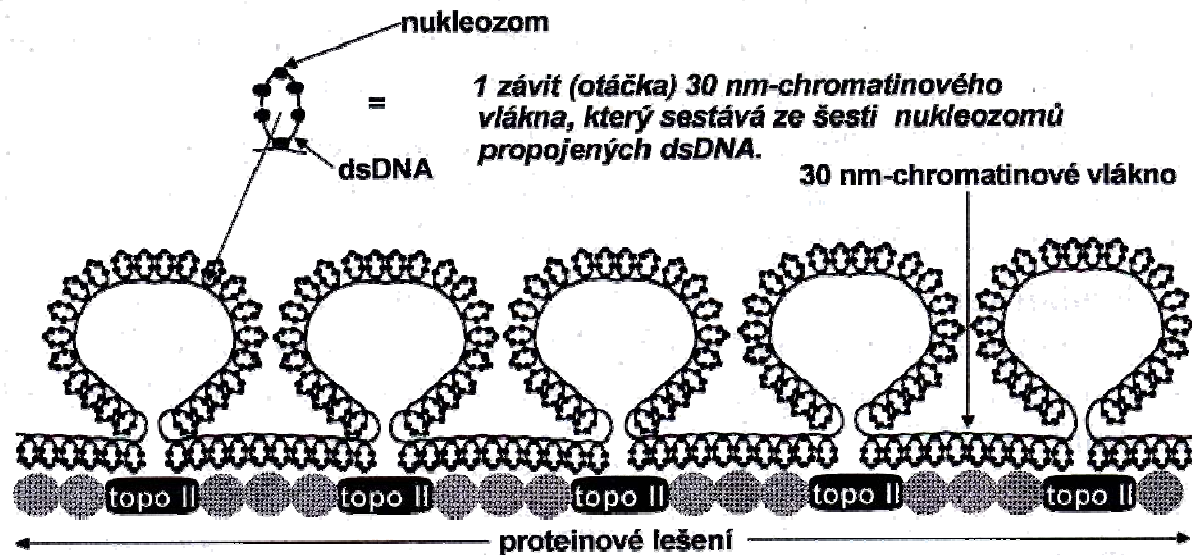
A. Histony

- Bázické proteiny obsahující vysokou proporcii argininu a lyzinu (20-30%). U některých organismů jsou ve spermiích přítomny protaminy, které jsou bohaté na arginin.
- Histony jsou velmi konzervativní (zejména H3 a H4). U bakterií se vyskytují toliko HLP, u archeí se nacházejí histony, které jsou jen částečně homologní s H3 a H4.

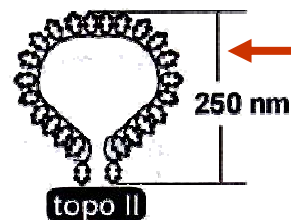
B. Proteiny nehistonové povahy

- proteiny s enzymovými funkcemi, zajišťující replikaci a transkripci (polymerázy, ligázy aj) a enzymy modifikující histony při remodelaci chromatinu (acetyltransferázy, metylázy aj)
- HMG-proteiny, navozující změny chromatinu během transkripce

Struktura 30 nm chromatinového vlákna



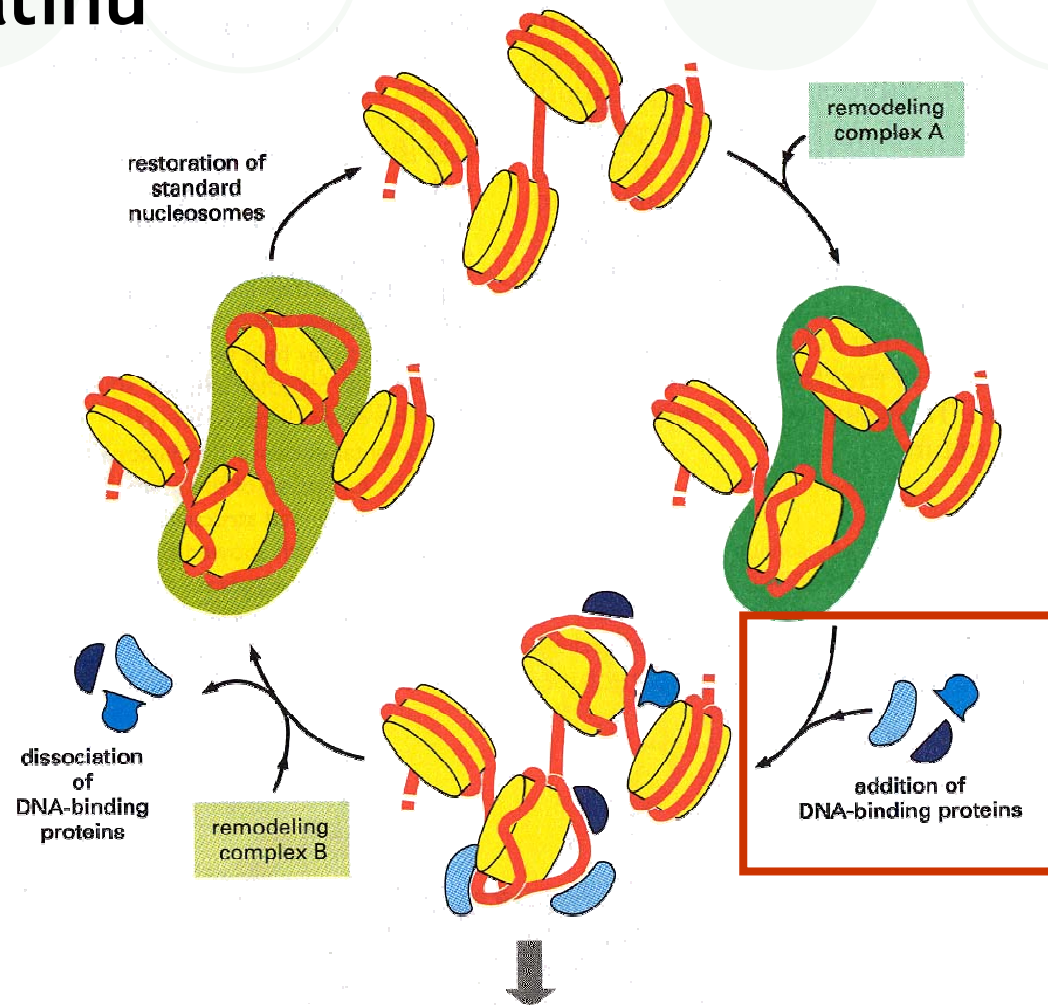
chromatinová doména
(chromatinová smyčka)



replikace
transkripce

Tento obrázek je idealizujícím schématem.
Chromatinové domény nejsou stejně velké.
Jejich délka je 60 - 150 kb.

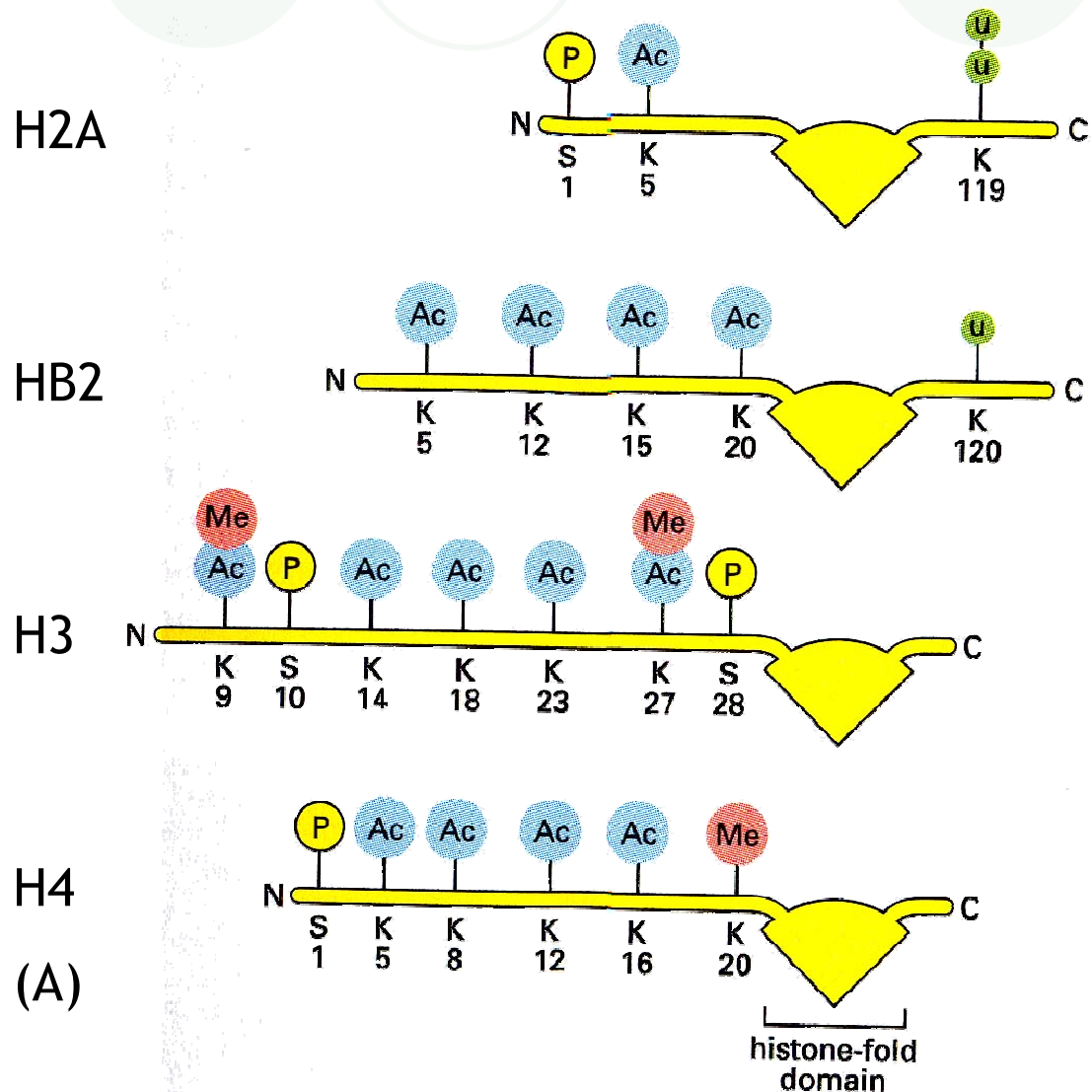
Modely přetváření nukleozomové struktury chromatinu



Chromatin remodelující komplexy - dočasné změny struktury chromatinu

Genová exprese, replikace DNA a další procesy vyžadující přístupnost DNA uložené v nukleozomech

Kovalentní modifikace histonů



Ac = acetyl (lyzin)

Me = metyl (lyzin)

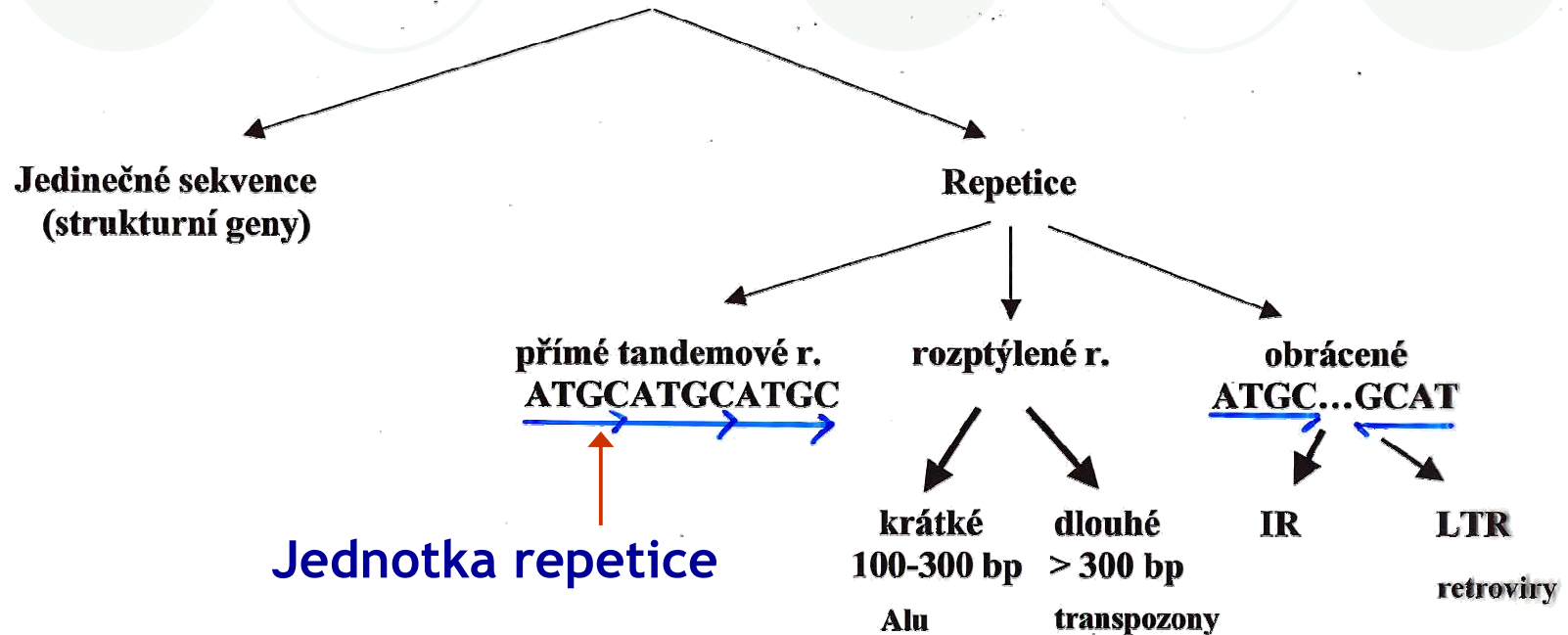
P = fosfát (serin)

u = ubiquitin

„Histonový kód“

- změna struktury chromatinu (de/kondenzace)
- exprese genů
- umlčení genů

Sekvence eukaryotického genomu



IR (inverted repeat) $\begin{matrix} \text{ATGC} & \text{-----} & \text{GCAT} \\ \text{TACG} & \text{-----} & \text{CGTA} \end{matrix}$ **Obrácená (koncová) repeticce**

LTR (Long Terminal Repeat): $\begin{matrix} \text{GTATG} & \text{-----} & \text{CATAC} & \text{-----} & \text{GTATG} & \text{-----} & \text{CATAC} \\ \text{CATAC} & \text{-----} & \text{GTATG} & \text{-----} & \text{CATAC} & \text{-----} & \text{GTATG} \end{matrix}$ **LTR**

Dlouhá koncová repeticce

Typy genů na eukaryotické jaderné DNA

- Jedinečné geny (1 kopie, většina strukturních genů)
- Tandemové repetice (geny pro rRNA, geny pro histony)
- Genové rodiny (skupiny příbuzných genů - geny pro globin, aktin aj.)
- Pseudogeny (inaktivní kopie genů)
- Rozptýlené genové repetice (kopie genů nebo genových rodin rozptýlené po genomu - geny pro tRNA, snRNA aj.)
- Orfany (orphans) = URF = ORF s neznámou funkcí, bez homologie ke známým genům
- *Orfony (ojediněle se vyskytující kopie genů)*
- *Mezerníky - sekvence oddělující geny nebo skupiny genů*
 - a) *přepisované*
 - b) *nepřepisované*

Projekt analýzy lidského genomu Human Genome Project (HGP)

- 1985 - první úvahy
- 1987 - první finanční zdroje
- 1990 - oficiální zahájení **Dept. Energy, NIH, HUGO**

Cíle dílčích etap:

1. Konstrukce genetické mapy s vysokým rozlišením
2. Konstrukce fyzikálních map různého typu
3. Úplná sekvence genomu **stanovena v roce 2003**
 - identifikovat a lokalizovat geny v genomu člověka
 - stanovit rozdíly v genetické výbavě jedinců
 - jak rozdíly v genetické výbavě predisponují jedince k chorobám

Součást projektu:

- Rozvoj metodologie analýzy genomu (mapování genů, sestavování sekvencí)
- Bioinformatika (sběr a zpracování dat)
- Analýza genomu modelových organismů

Projekt diverzity lidského genomu (Human Genome Diversity Project)

- **Studium genetických variací v etnických skupinách**
 1. Původ člověka, migrace prehistorických populací, sociální struktura populací.
 2. Adaptace a choroby. Náchyllost populací k chorobám (hypertenze, thalasemie, srpkovitá anemie aj).
 3. Forezní antropologie. Variabilita DNA markerů, spolehlivost DNA-fingerprintů, identifikace jedinců.

Matt Ridley: Genom – Životopis lidského druhu v třidvaceti kapitolách. Portál, Praha 2001.

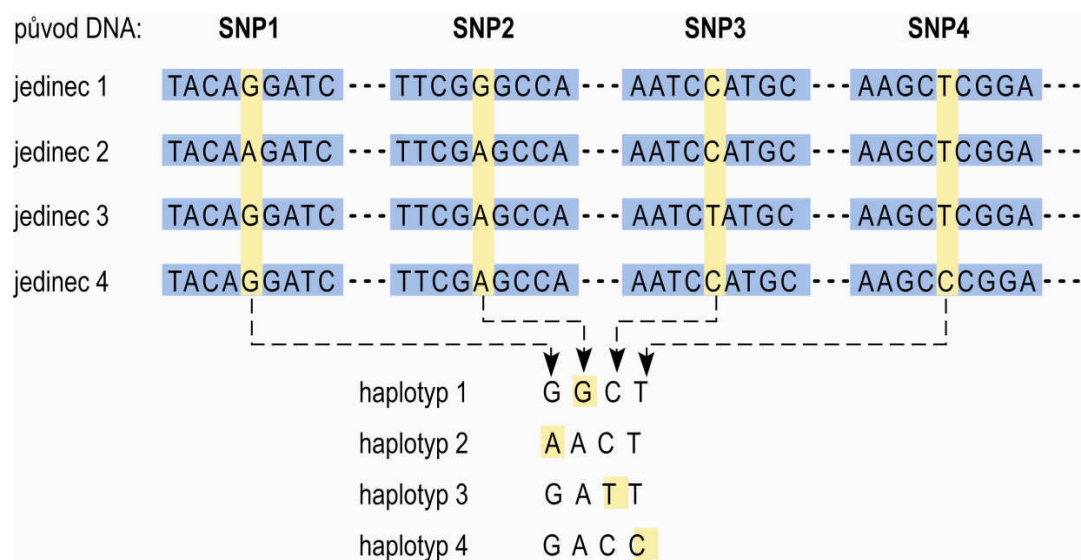
Lidský mezinárodní projekt HapMap

Cíl projektu: identifikovat a mapovat SNP v různých populacích, zjistit jejich asociaci s geny zodpovědnými za choroby a tím stanovit rizika vzniku chorob (270 národů ze čtyř větví lidstva - Američanů, původem evropských bělochů, Číňanů, Japonců a Yoruby ze západní Afriky)

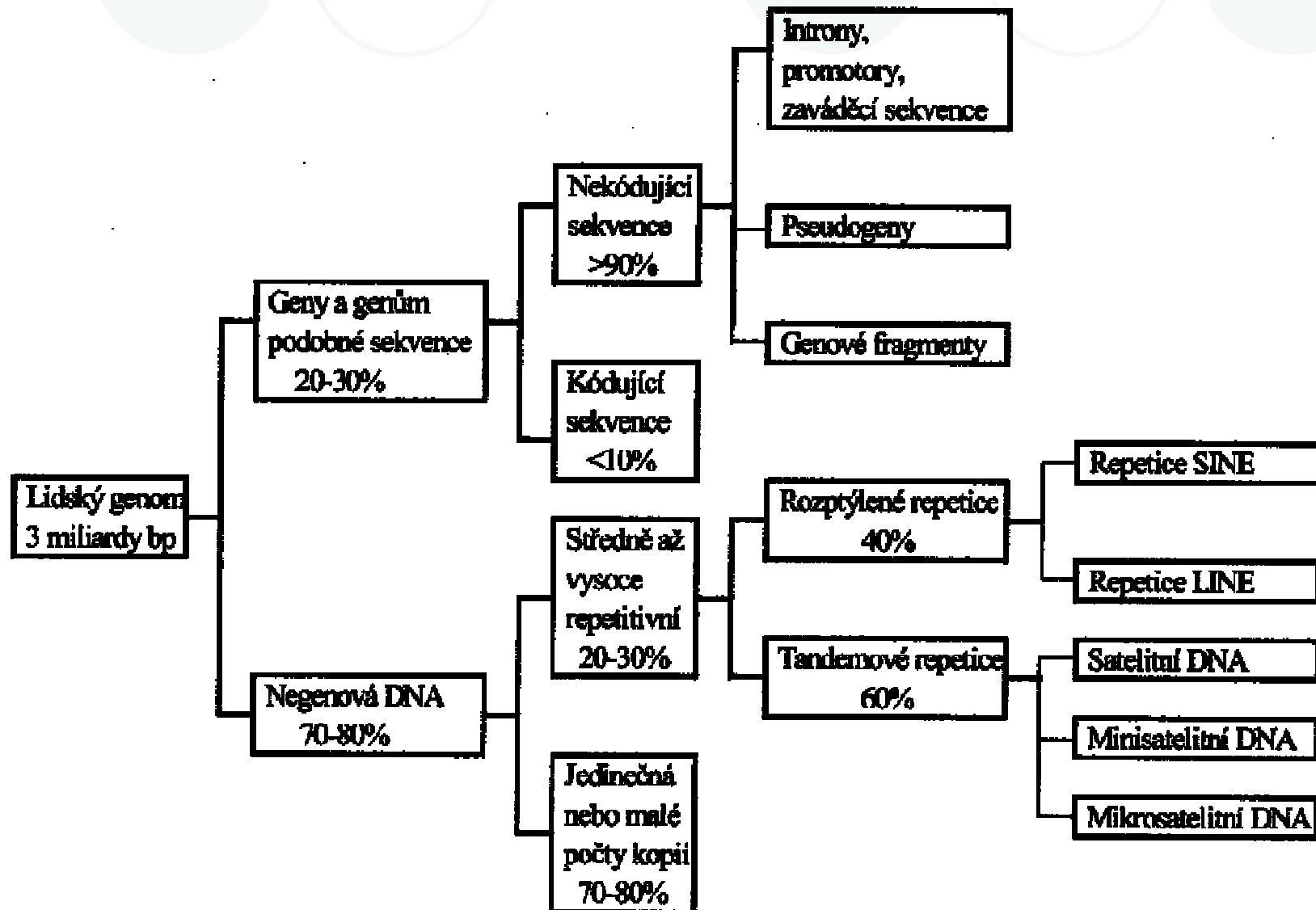
Drobné změny v lidském genomu: jednonukleotidové polymorfismy = SNP („snips“, single-nucleotide polymorphisms)

Záměny nukleotidů v četnosti 1 : 2 000

Haplotyp: skupina vázaných SNP v určité oblasti chromozomu využívaných jako markery (jsou vázány k určitým genům – asociace s geny zodpovědnými např. za choroby)



Typy DNA-sekvencí v lidském genomu



Statistické údaje o lidském genomu

Celková velikost genomu	3289 Mb
Chromozomy	
- největší	279 Mb
- nejmenší	45 Mb
X	163 Mb
Y	51 Mb
Frakce CpG	41 %
Počet ostrovů CpG	28 890
Část genomu kódující proteiny	1,50 %
Část genomu, která je transkribována	33 %
Počet dosud identifikovaných genů	26 500
Celkový počet předpovězených genů	22 287 (2008)
Střední hustota genů	9-14 genů/Mb
Průměrná velikost genu	27 kb
Největší gen	2,4 Mb (DMD)
Průměrná velikost transkriptu	1340 bp

Genom organel: chloroplastů a mitochondrií

Table 14-2 The Size of Organelle Genomes*

Type of DNA	Size (thousands of nucleotide pairs)
Chloroplast DNA	
Higher plants	120–200
<i>Chlamydomonas</i> (green alga)	180
Mitochondrial DNA	
Animals (including flatworms, insects, and mammals)	16–19
Higher plants	150–2500
Fungi	
<i>Schizosaccharomyces pombe</i> (fission yeast)	17
<i>Aspergillus nidulans</i>	32
<i>Neurospora crassa</i>	60
<i>Saccharomyces cerevisiae</i> (budding yeast)	78
<i>Chlamydomonas</i> (green alga)	16 (linear molecule)
Protozoa	
<i>Trypanosoma brucei</i>	22
<i>Paramecium</i>	40 (linear molecule)

*These genomes are circular DNA molecules unless indicated otherwise.

Počet kopií DNA v organelách: mtDNA: 5-50, ctDNA = 20-80

► **Tab. 16.2**

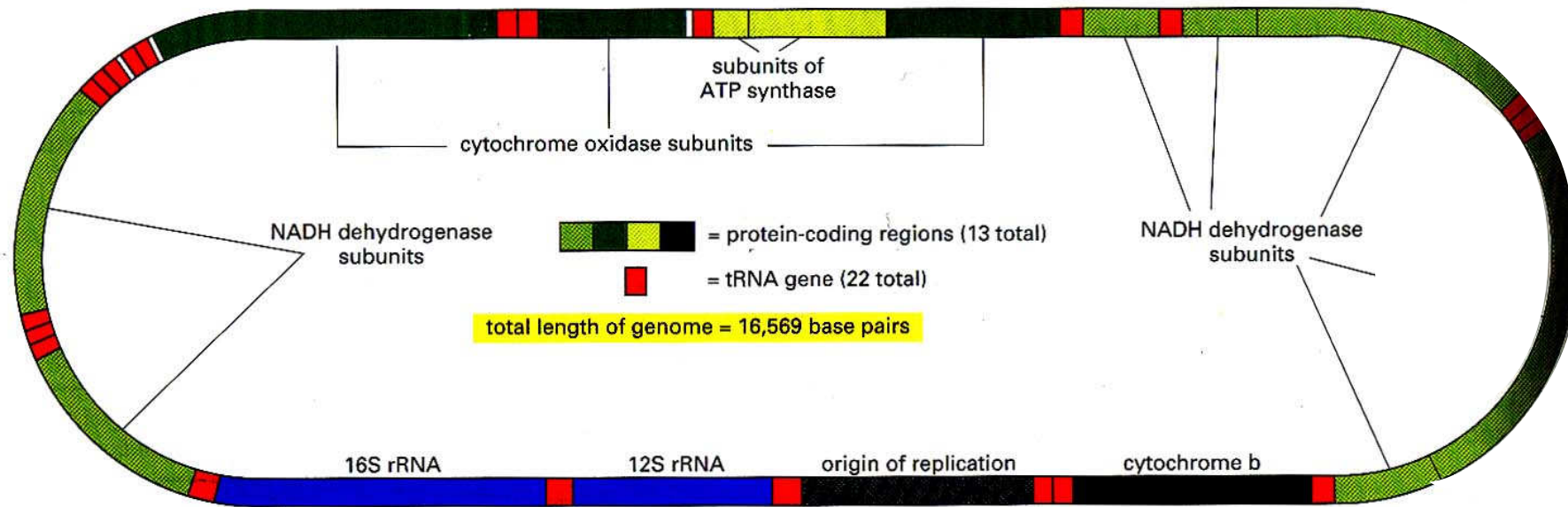
Velikost a genový obsah vybraných mitochondriálních a chloroplastových genomů

druh	triviální označení	velikost genomu v párech nukleotidů	předpovězený počet genů
mitochondriální genomy			
<i>Apis mellifera</i>	včela	16 343	13
<i>Arabidopsis thaliana</i>	huseníček	366 924	57
<i>Caenorhabditis elegans</i>	háďátko	13 794	12
<i>Candida glabrata</i>	kvasinka (infekční)	20 063	37
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	zelená řasa	15 758	25
<i>Drosophila melanogaster</i>	octomilka	19 517	37
<i>Danio rerio</i>	dánio pruhované	16 596	37
<i>Homo sapiens</i>	člověk	16 571	37
<i>Mus musculus</i>	myš	16 299	37
<i>Oryza sativa</i>	rýže	491 515	96
<i>Plasmodium falciparum</i>	prvok, původce malárie	5 967	3
<i>Rattus norvegicus</i>	potkan	16 313	37
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	pekařská kvasinka	85 779	43
<i>Zea mays</i> subsp. <i>mays</i>	kukuřice	569 630	218
chloroplastové genomy			
<i>Arabidopsis thaliana</i>	huseníček	154 478	129
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	zelená řasa	203 828	109
<i>Marchantia polymorpha</i>	játrovka	121 024	134
<i>Oryza sativa</i>	rýže	134 525	159
<i>Zea mays</i> subsp. <i>mays</i>	kukuřice	140 384	158

Údaje jsou převzaty z webové stránky NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/Genomes/>) k 15. květnu 2008.

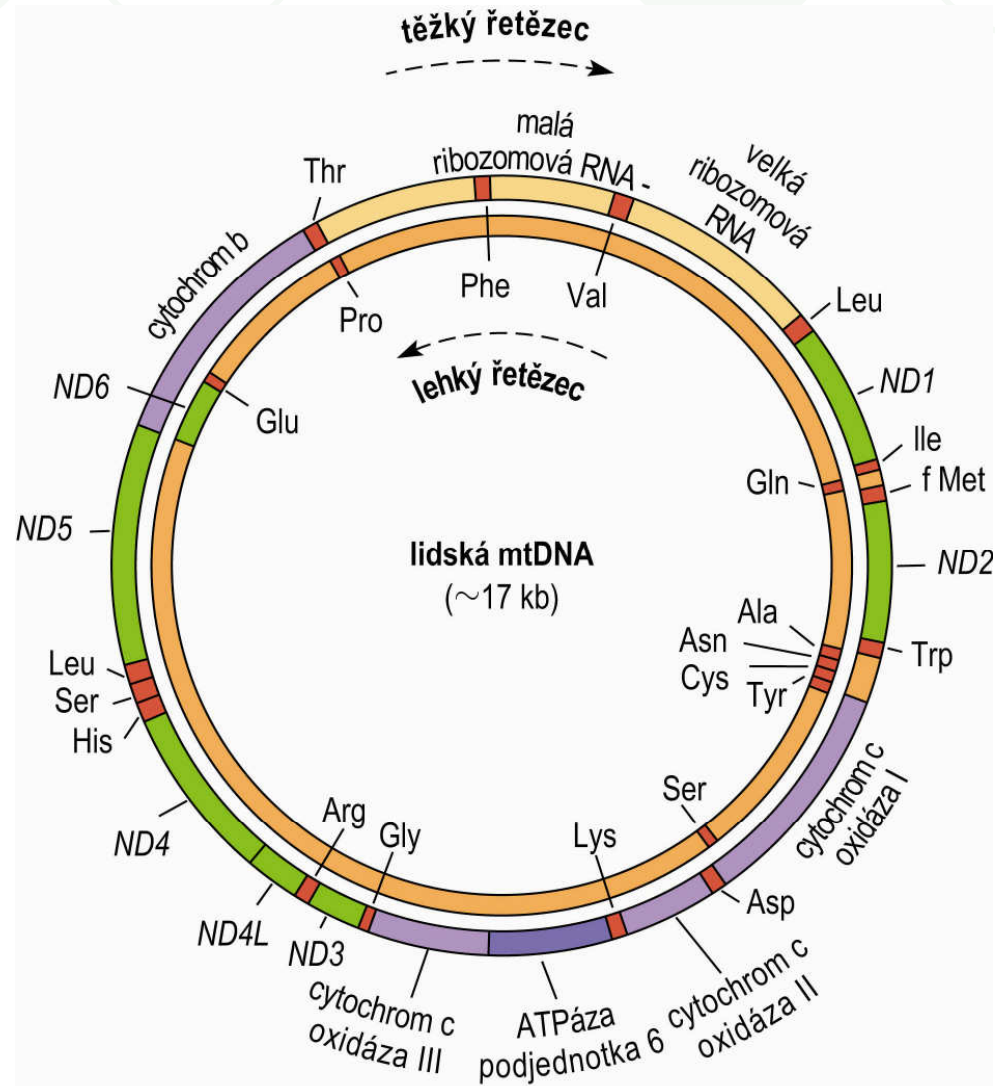
Struktura genomu mitochondrií člověka

16 569 pb, 37 genů



Funkce mitochondrií: tvorba ATP oxidací cukrů a mastných kyselin
mtDNA kóduje: rRNA (12S a 16S), 22 tRNA, cytochrom c-oxidázy, cytochrom b, ATP-syntetázu

Mapa lidského mitochondriálního genomu



Mitochondriová DNA různých skupin organismů

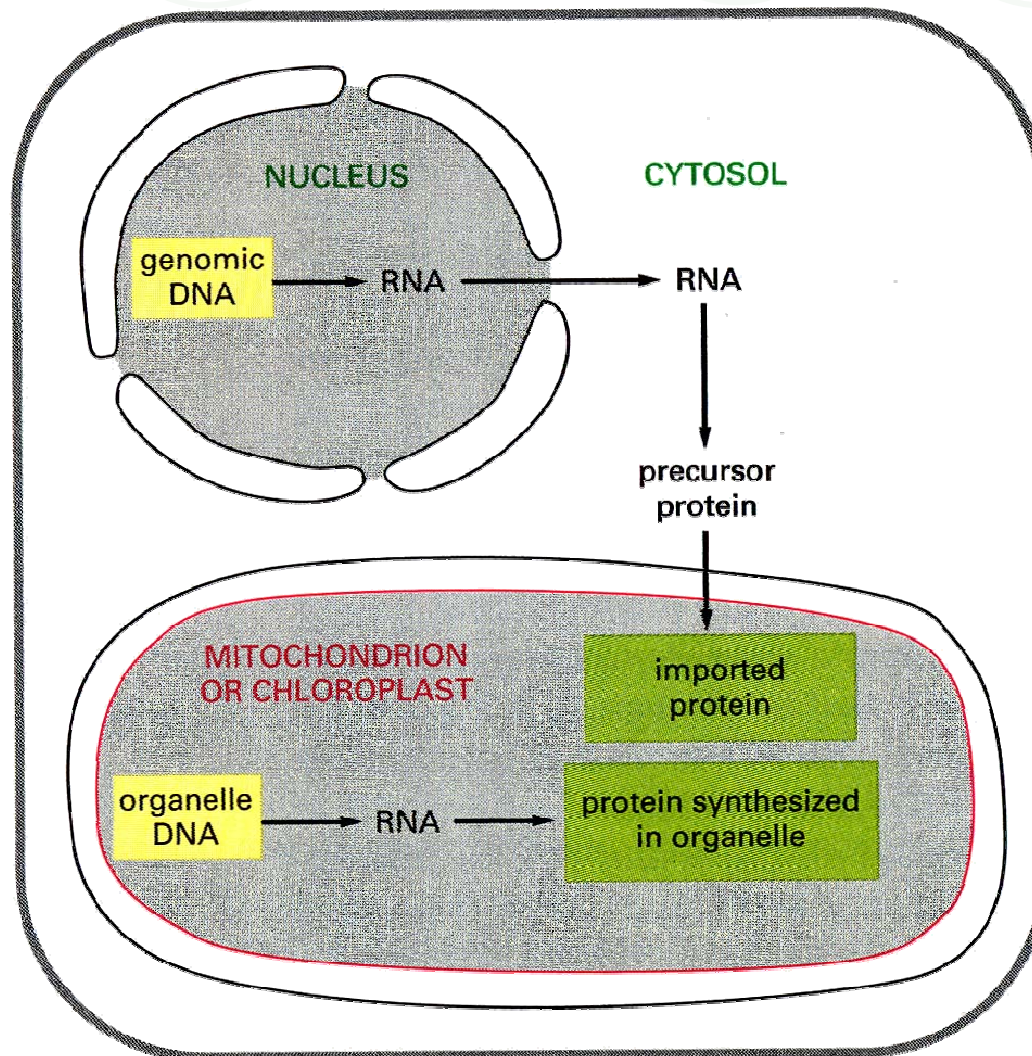
Organizmy	Velikost v bp	Struktura	Charakteristika
Buňky více-buněčných živočichů	1,6 až 2,0 x 10 ⁴	kružnicová	každý živočišný druh má svůj vlastní typ mtDNA
Buňky vyšších rostlin	2,5 x 10 ⁵ až 2,0 x 10 ⁶	kružnicová nebo lineární	pozoruhodná variabilita ve velikosti, struktuře a genetické organizaci nejen mezi druhy, ale také u stejného organismu, a tedy i ve stejné buňce
Prvoci	3,0 x 10 ⁴ až 6,0 x 10 ⁴	kružnicová nebo lineární	rozdíly mezi druhy
Kvasinky	2,0 x 10 ⁴ až 1,0 x 10 ⁵	kružnicová	jednotná uvnitř stejného druhu, ale rozdíly mezi druhy

- ◆ Velmi charakteristické pro mtDNA vyšších rostlin jsou úseky, které se podobají DNA chloroplastů.

Specifické rysy mitochondriového genomu

1. Geny jsou uspořádány velmi hustě, téměř celá sekvence je tvořena strukturálními geny nebo se přepisuje do rRNA a tRNA
 2. K translaci je využíváno jen 22 tRNA, které jsou schopny díky kolísavému párování bazí přečíst všechny kodony
 3. Genetický kód používaný v mitochondriích (některých organismů) se liší od standardního genetického kódu. 4 ze 64 kodonů mají jiný smysl (zřejmě v důsledku malého počtu proteinů kódovaných v mitochondriích byly tyto změny během evoluce tolerovány)
- pro zajištění fungování mitochondrií je vyžadováno 90 genů lokalizovaných v jaderném genomu
 - mitochondriové geny se dědí nemendelisticky (cytoplazmatická dědičnost)
 - podléhá rychleji mutacím (10-100x častěji než jaderný genom)

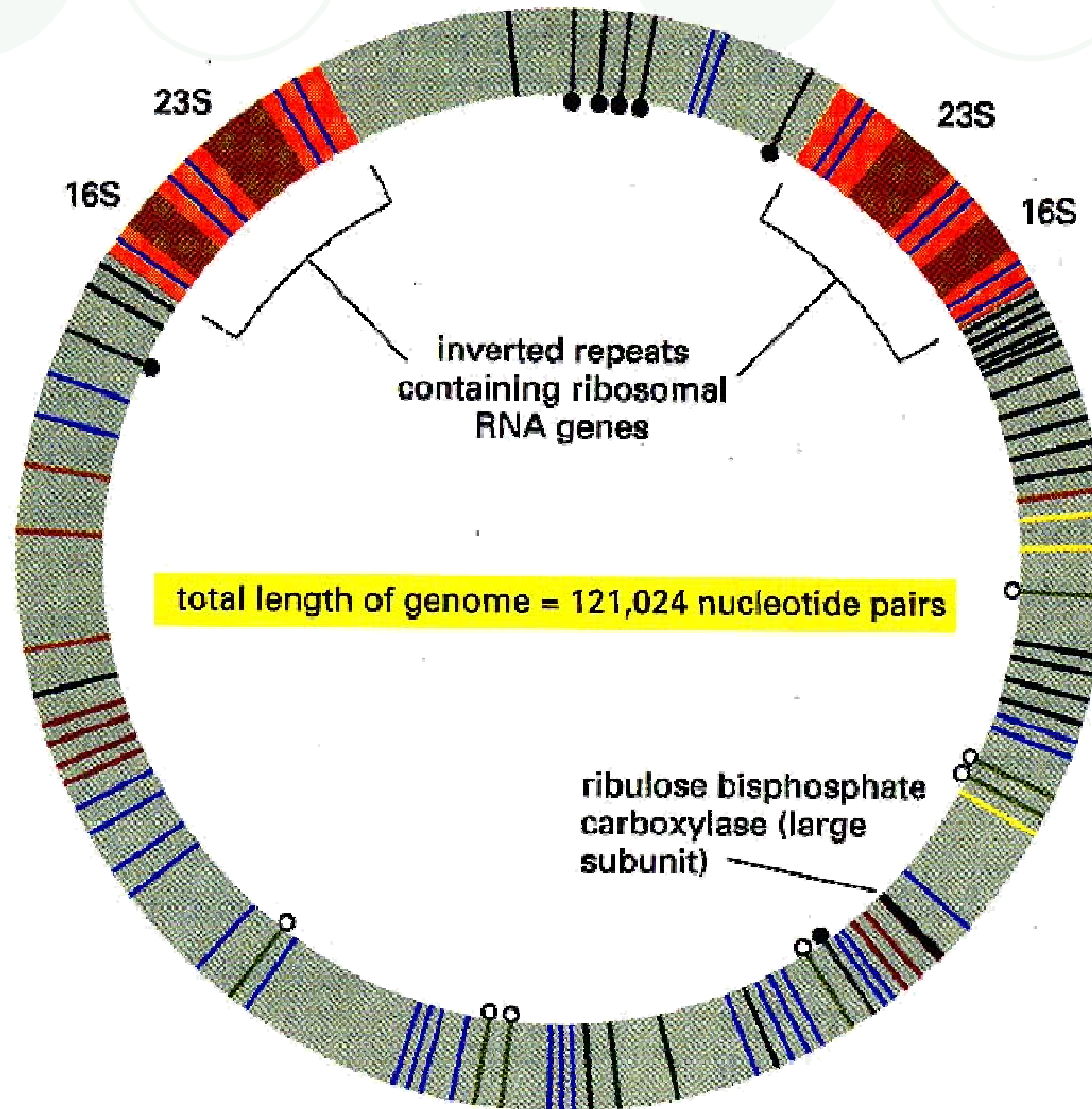
Většina proteinů v organelách je kódovaná jaderným genomem



Kooperace jaderných genů s geny na mtDNA lidského genomu

Funkční produkt	Podjednotky (protomery) funkčního produktu	
	určené geny lokalizovanými na mtDNA	určené geny lokalizovanými v jádře buňky
NADH-dehydrogenáza	7 podjednotek	>41 podjednotek
Sukcinát CoQ-oxidoreduktáza	0 podjednotek	4 podjednotky
Komplex cytochromu b-c1	1 podjednotka	10 podjednotek
Cytochrom c-oxidáza	3 podjednotky	10 podjednotek
H ⁺ -transportující ATP-syntáza	2 podjednotky	14 podjednotek
rRNA mitochondrií	2	0
tRNA mitochondrií	22	0
mRNA mitochondrií	13	0
DNA- a RNA-polymerázy	0	všechny
Ribozomové proteiny	0	~70

Genom chloroplastu



Geny chloroplastů *Nicotiana tabacum*

Funkce	Počet genů
Transkripce	
RNA-polymeráza	4
Translace	
rRNA	4
tRNA	30
Ribozomové proteiny	21
Fotosyntéza	
Fixace CO ₂	1
Fotosystém I	5
Fotosystém II	14
Cytochromový komplex b/f	5
H ⁺ transportující ATP-syntáza	6
Jiné funkce	
NAD(P)H-dehydrogenázový komplex	11
Clp-proteáza	1
Acetyl-KoA-karboxyláza (EC 6.4.1.2)	1
Membrána plastidu	1
Maturázy (str. 394)	1
Otevřené čtecí rámce kódující více než 29 aminokyseliny	30

Geny chloroplastů jsou podobné genům cyanobakterií

Původ mitochondrií a chloroplastů (endosymbiotická teorie)

- **MITOCHONDRIE**

- chemoorganotrofní prokaryotické buňky s aerobní respirací (protomitochondrie)



améboidní anaerobní předchůdci eukaryotických buněk

- **CHLOROPLASTY**

- fotolitotrofní prokaryotické buňky (fotosyntetizující protochloroplasty)

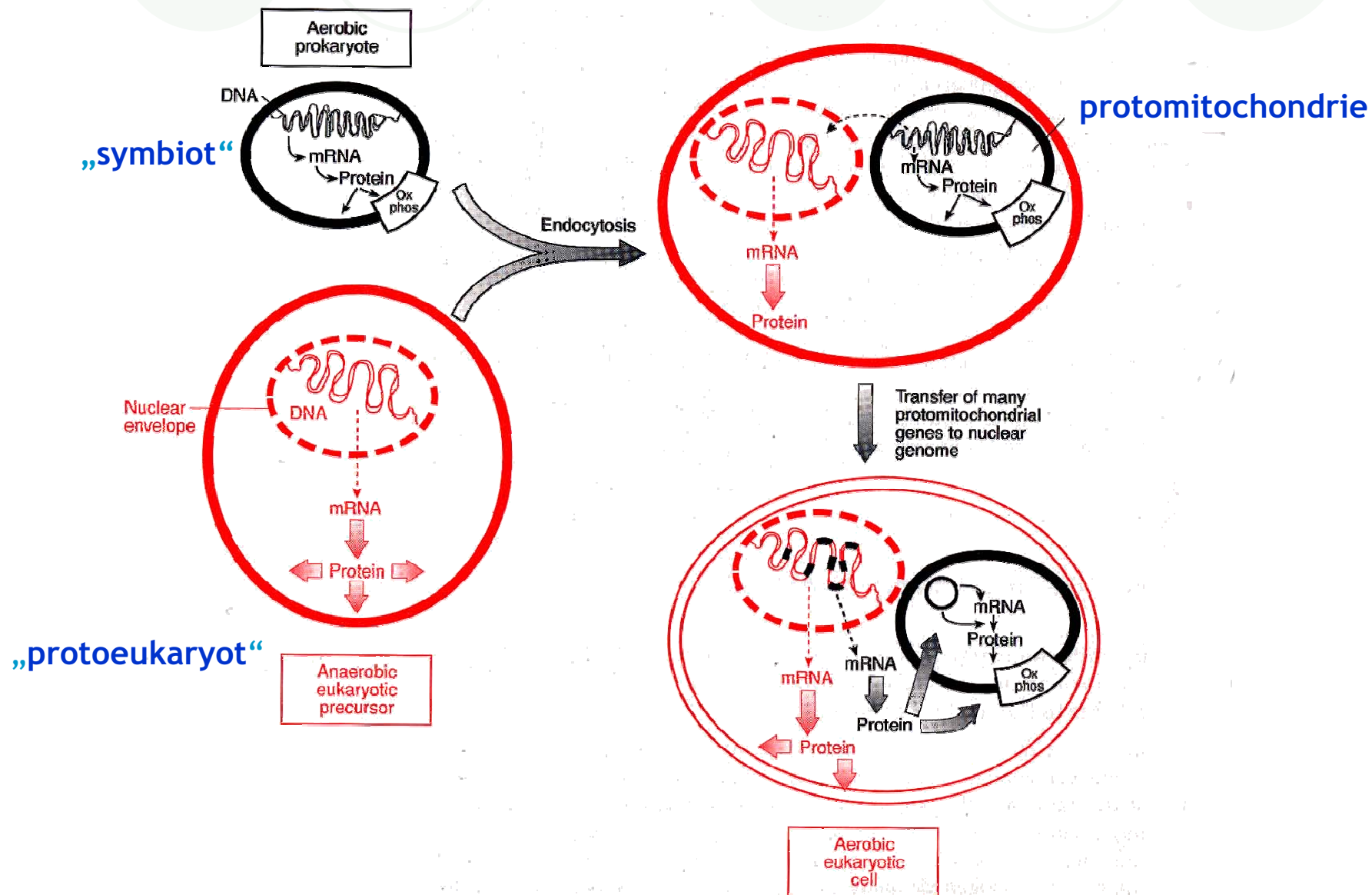


améboidní předchůdci eukaryotických buněk

- **Nepřímé důkazy:**

- přehrádečné dělení mitochondrií
- konformace DNA (kružnicová forma)
- translační aparát podobný prokaryotům
 - podobnost sedimentačních koeficientů ribozomů
 - podobnost sekvencí mt-rRNA s rRNA bakterie *E. coli*

Původ mitochondrií

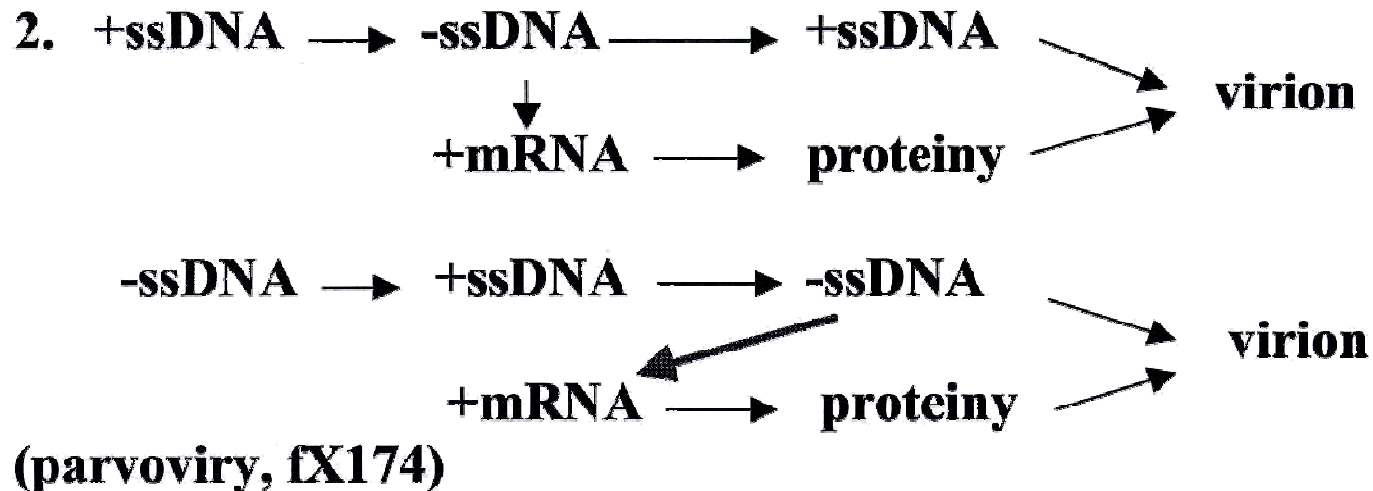
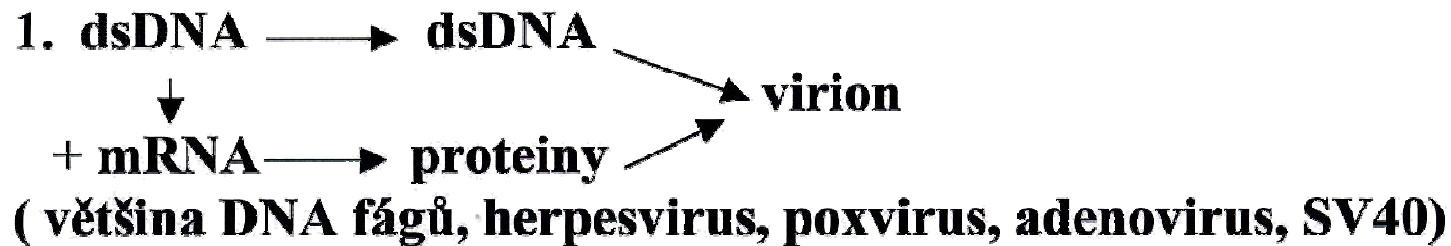


Genom virů

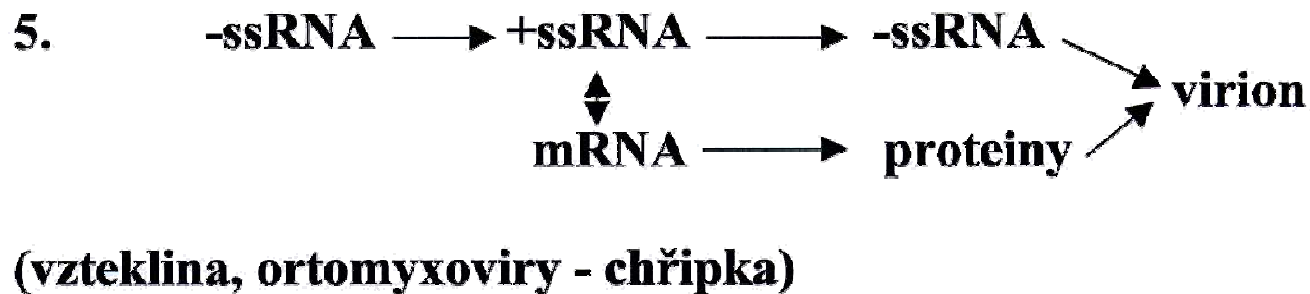
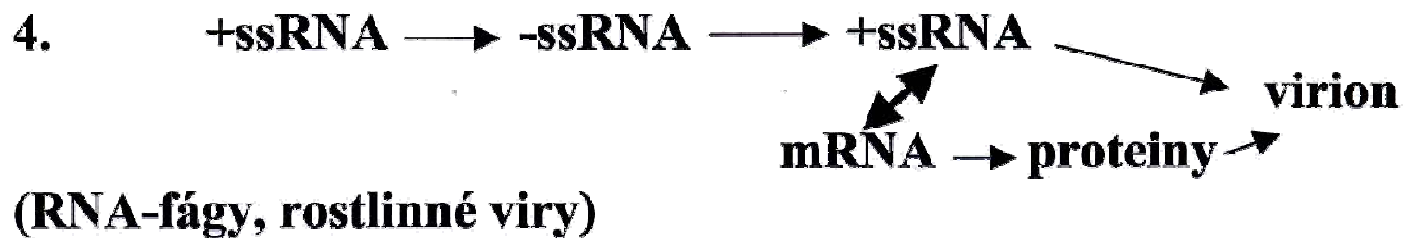
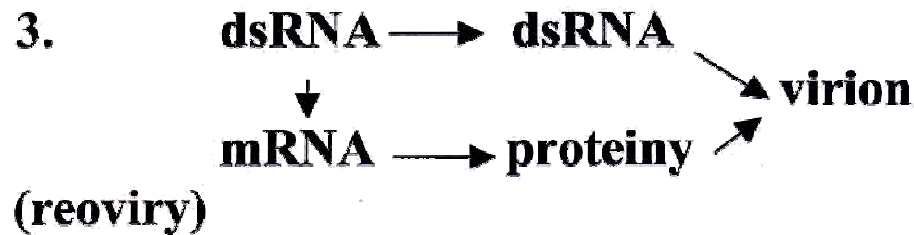
- Viry
 - Prokaryotické (bakteriofágy)
 - DNA
 - RNA
 - Eukaryotické
 - živočišné DNA/RNA
 - rostlinné DNA/RNA
 - houbové DNA/RNA
- Typy genomové NK
 - ssDNA - lineární nebo kružnicová
 - dsDNA - lineární nebo kružnicová
 - ssRNA - lineární
 - dsRNA - lineární

Segmentovaný genom

Rozdělení virů podle typu genomu



Rozdělení virů podle typu genomu



Retroviry (HIV)

