

Jméno:

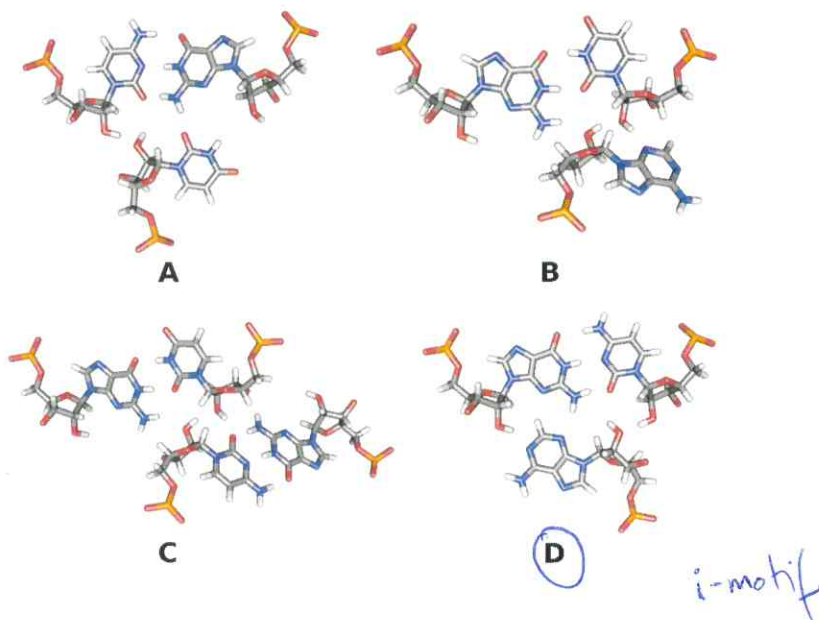
1. Jaké fyzikálně chemické faktory určují 3D tvar nukleových kyselin? (vyberte jednu nejlepší variantu)

A: nekovalentní interakce uvnitř molekuly
 B: nekovalentní interakce uvnitř molekuly a okolní prostředí (solvent)
☒ C: souhra délek kovalentních vazeb a dihedrálního potenciálu
 D: silné vodíkové vazby

2. vdW přitažlivá energie pro interakci atom-atom v Lennard-Jonesově potenciálu je velmi slabá ($\sim -0,1 \text{ kcal.mol}^{-1}$). Interakční energie stackingu bází mezi dvěma páry bází v B-DNA je řádově -10 až $-15 \text{ kcal.mol}^{-1}$. Proč se obě čísla tak liší?

A: díky energii kovalentních a vodíkových vazeb mezi atomy
 B: interakční energii v B-DNA výrazně zvyšuje příspěvek okolních párů bází
☒ C: vdW interakce se sčítají přes všechny atomy páru bází
 D: kvůli elektrostatické interakci

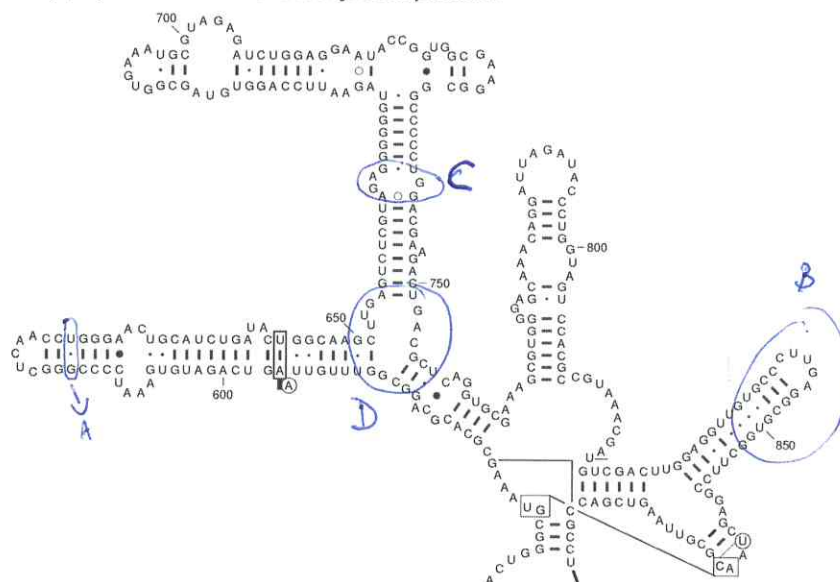
3. Která z těchto interakcí (A-D) je nejčastější terciární interakcí pro formování složitých struktur RNA a jak se jmenuje?



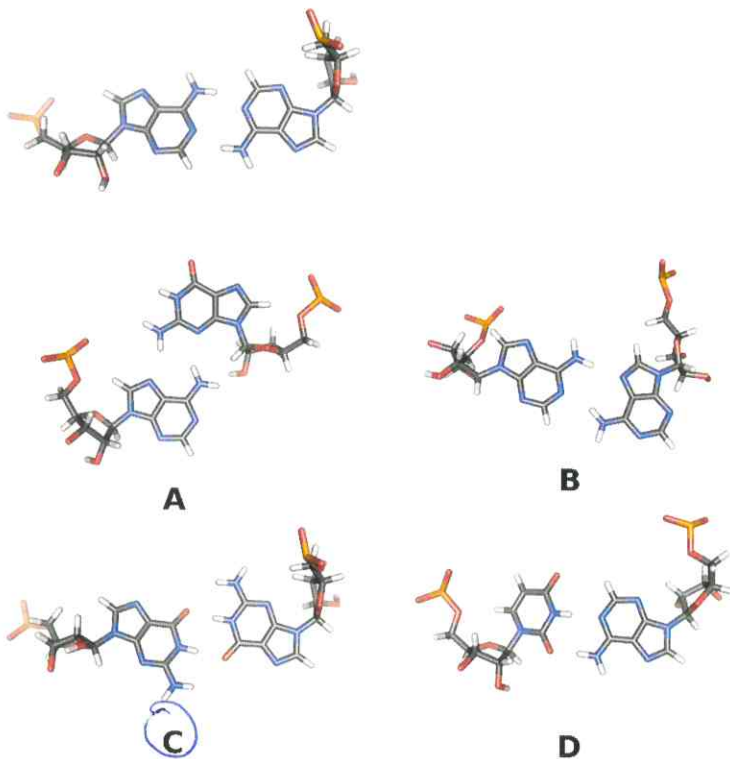
4. DNA i RNA dokáží uchovávat genetickou informaci. Proč na dlouhodobé uchování genetické informace používá buňka DNA a ne RNA? (stačí vypsát i jednou větou)

Protože RNA je schopná štěpit sama sebe (kvůli 2'OH).

5. Na schématu sekundární struktury části 16S rRNA vyznačte: kanonický duplex (A), hairpin loop (B), internal loop (C) a junction (=multiloop, D). Ke každému stačí jeden příklad.



6. Pár bází na horním obrázku je z konzervované bakteriální 16S rRNA (*T. thermophilus*). Který z páru bází může být realizován na téže místě v jiných ribozomech? (vyberte z A-D) Proč? (stručně vysvětlete)



Protože konformace tohoto páru bází je přibližně rovná

Co umožňuje sbalení polyaniontu, jakým je RNA, do tak kompaktní struktury, jako je ribozom? (vyberte **dva** hlavní faktory)

- A: stínění záporných nábojů molekulami vody a bázemi RNA
- B: přítomnost kationtů
- ☒ C: přítomnost hydrofobních kapes
- ☒ D: přítomnost bazických residuů ribosomálních proteinů

8. Rozpoznání správné tRNA na ribozomu probíhá ve dvou následných krocích - iniciální vazba tRNA na kodón (s chybovostí 1%) a akomodace správné tRNA do místa A (s chybovostí opět 1%). Jaká je výsledná chybovost při výběru správné tRNA? Jaká je základní termodynamická podmínka k dosažení této chybovosti?

výsledná chybovost - $10^{-4} \rightarrow 0,01\%$
mezi těmito 2 kroky musí být nevratný krok

9. Při dodání jedné aminokyseliny do rostoucího peptidového řetězce při procesu elongace na ribozomu se:

- A: nespálí žádná energie
- B: spálí právě 1 ATP na jednu aminokyselinu
- C: spálí nejméně 1 ATP na jednu aminokyselinu
- D: spálí nejméně 2 ATP na jednu aminokyselinu
- E: spálí právě 1 GTP na jednu aminokyselinu
- F: spálí nejméně 1 GTP na jednu aminokyselinu
- ☒ G: spálí nejméně 2 GTP na jednu aminokyselinu

10. Hlavním zdrojem energie a směrovosti pohybu ribozomu je:

- A: Brownův tepelný pohyb
- B: navázání tRNA na ribozom
- C: transpeptidace
- ☒ D: posun kodónu mRNA na malé podjednotce
- E: odchod tRNA z ribozomu

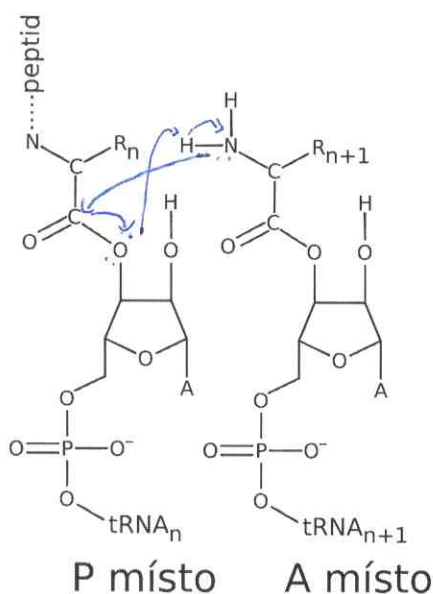
11. Která z následujících dvojic kodón / antikodón má tuto vlastnost: relativně dobře se naváže v dekodovacím centru, ale současně vede k inkorporaci špatné aminokyseliny.

- | | | |
|-------------------------------------|------|-----------|
| A: | mRNA | 5'-ACU-3' |
| | tRNA | 3'-UGA-5' |
| B: | mRNA | 5'-AAG-3' |
| | tRNA | 3'-GCU-5' |
| C: | mRNA | 5'-CGU-3' |
| | tRNA | 3'-GCG-5' |
| D: | mRNA | 5'-CCG-3' |
| | tRNA | 3'-CGG-5' |
| ☒ E: | mRNA | 5'-CUA-3' |
| | tRNA | 3'-GGU-5' |

12. Aminokyselina asparagin je kódována dvěma různými kodóny. Jedním z nich je 5'-AAU-3', jaký je druhý?

- A: 5'-AAG-3'
- B: 5'-AGU-3'
- ☒ C: 5'-AAC-3'
- D: 5'-AAA-3'

13. Na schématu traspeptidace na ribozomu vyznačte reakční mechanismus (přesuny elektronové hustoty) při tvorbě nové peptidické vazby.



14. Počet protein-kódujících genů v lidském genomu je ~20 000. Velikost lidského proteomu je ale zhruba 5x větší. Proč?

- A: RNA interference
B: tvorba proteinových komplexů
C: degenerace genetického kódu
D: alternativní splicing
E: inzertované plazmidy a retroelementy

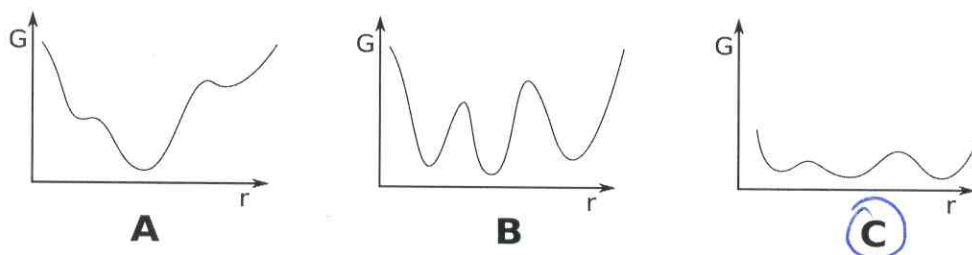
15. Jakým způsobem může být nejlépe zajištěna specifita vůči nukleotidové sekvenci RNA při vazbě RNA-protein?

- ☒ D: stacking bází se specifickými aromatickými aminokyselinami

16. Velké množství eukaryotických proteinů obsahuje několik jednoduchých RNA-vazebných regionů, schopných navázat 3-5 nukleotidů. K čemu taková multiplicita v evoluci vznikla?

- ☒ B: k modulárnímu ladění afinity a selektivity při výběru konkrétní RNA z poolu RNA

17. Obrázek níže znázorňuje grafy volné energie tří různých molekul **A-C**. Která z nich bude v rovnováze populovat více různých konformací, mezi kterými bude moci rychle přecházet?



18. 4násobné zvýšení koncentrace KCl zvětší K_{off} vazby RNA polymerázy na DNA *in vitro* 500x, zatímco K_{on} není změnou koncentrace soli ovlivněno. Jak se změní afinita?

sníží

19. RNA molekula váže ligand **A** při 25 °C s $\Delta G = -8,3 \text{ kcal.mol}^{-1}$ a ligand **B** s $-10,5 \text{ kcal.mol}^{-1}$. Kterého z ligandů bude více ve volné (nenavázané) formě, pokud jejich ekvivalentní molární množství přidáte do roztoků s RNA? Jaký je vztah mezi ΔG a koncentracemi volné RNA, volného ligandu a RNA-ligand komplexu?

Ve volné formě - více ligandu A

~~18. 4násobné~~

20. Jaký je dominantní protonační stav guaninu na atomu N1 ($pK_a \sim 9,4$) při fyziologickém pH ($\sim 7,4$) a jaké bude procento bází s opačným protonačním stavem? Je změna protonačních stavů bází nukleových kyselin častější než tautomerizace?

Dominantní protonační stav - N1 bude protonován

Ano, změna protonačních stavů je častější