

## DUM č. 12 v sadě

### 37. Bi-2 Cytologie, molekulární biologie a genetika

Autor: Martin Krejčí

Datum: 30.06.2014

Ročník: 6AF, 6BF

Anotace DUMu: Historie odhalení genetického kódu, princip kódování proteinogenních aminokyselin, vlastnosti genetického kódu

Materiály jsou určeny pro bezplatné používání pro potřeby výuky a vzdělávání na všech typech škol a školských zařízení. Jakékoliv další využití podléhá autorskému zákonu.



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

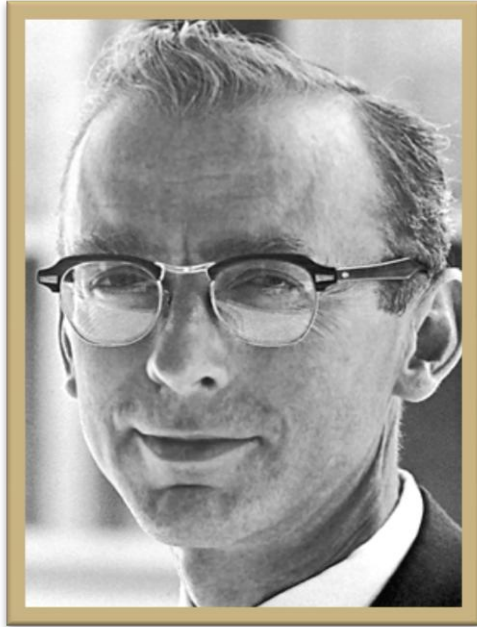
# GENETICKÝ KÓD

- Čtení genetického kódu
- Vlastnosti genetického kódu

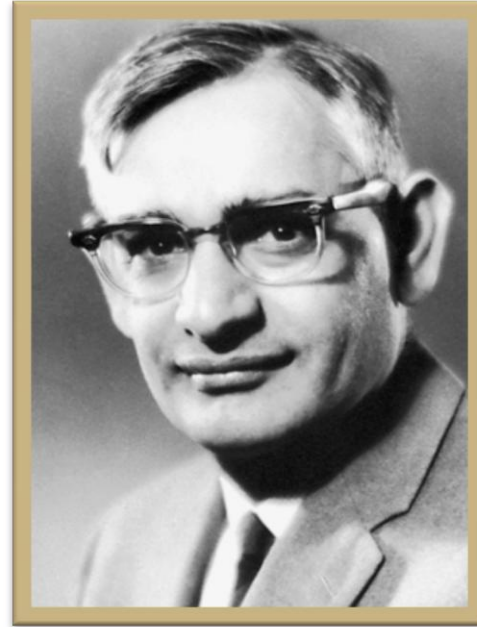
# ROZLUŠTĚNÍ GENETICKÉHO KÓDU



[http://en.wikipedia.org/wiki/Marshall\\_W.\\_Nirenberg#mediaviewer/File:Marshall\\_Nirenberg\\_2003.jpg](http://en.wikipedia.org/wiki/Marshall_W._Nirenberg#mediaviewer/File:Marshall_Nirenberg_2003.jpg)



[http://en.wikipedia.org/wiki/Robert\\_W.\\_Holley#mediaviewer/File:Robert\\_W.\\_Holley\\_nobel.jpg](http://en.wikipedia.org/wiki/Robert_W._Holley#mediaviewer/File:Robert_W._Holley_nobel.jpg)



[http://en.wikipedia.org/wiki/Har\\_Gobind\\_Khorana#mediaviewer/File:Har\\_Gobind\\_Khorana\\_nobel.jpg](http://en.wikipedia.org/wiki/Har_Gobind_Khorana#mediaviewer/File:Har_Gobind_Khorana_nobel.jpg)

**Har Gobind Khorana**  
(9.1.1922 - 9.11.2011)

**Robert William Holley**  
(28.1.1922 - 11.2.1993)

**Marshall Warren Nirenberg**  
(10.4.1927 - 15.1.2010)<sup>[</sup>

**1968** Nobelova cena za fyziologii a medicínu za výzkum, který vysvětlil, jak **sekvence nukleotidů v nukleových kyselinách, nositelkách buněčné genetické informace, řídí syntézu proteinů.**

# GENETICKÝ KÓD

- ◉ Každá aminokyselina v procesu translace je kódována **trojicí (tripletem) nukleotidů**.
- ◉ Kódováním rozumíme:
  - určování primární struktury (sekvence aminokyselin) polypeptidového řetězce jako odraz sekvence deoxyribonukleotidů v dsDNA respektive ribonukleotidů v mRNA.
- ◉ Základní jednotkou genetického kódu je **KODON**. Jedná se o trojici nukleotidů odpovídající jedné konkrétní aminokyselině, případně signalizující začátek respektive konec proteosyntézy na ribozomech).

# ČTENÍ GENETICKÉHO KÓDU

- ◉ **Kodony** jdou v mRNA za sebou, bez mezer a bez překrývání v tzv. **čtecím rámci (*reading frame*)**.
- ◉ K čtení daného rámce dochází ve směru  $5' \rightarrow 3'$  mRNA.
- ◉ Rozeznávání kodonů mRNA se děje přechodnou vazbou antikodonu (komplementárního kodonu) tRNA.
- ◉ Každá tRNA nese pouze přesně určenou aminokyselinu.
- ◉ Pro každý sekvent mRNA existují **3** možné **způsoby** rozpoznávání kodonů v nukleotidové sekvenci. (Každá z možností je dána polohou nukleotidu, na kterém začíná čtení genetického kódu. Posunutí čtecího rámce o jeden nukleotid vpřed či vzad zcela mění smysl rozpoznávaných trojnukleotidových kodonů).

# ČTENÍ GENETICKÉHO KÓDU

krátký úsek genomové DNA:

3' ... ATCTAAAATGGGTGCC...5'

↓  
transkripce

mRNA:

5' ...UAGAUUUUACCCACGG... 3'

↓  
translace

protein

1. mRNA: ...UAG|AUU|UUA|CCC|ACG|G...

protein: .. stop - Ile - Leu - Pro - Thr ...

2. mRNA: ...U|AGA|UUU|UAC|CCA|CGG...

protein: ..... Arg - Phe - Tyr - Pro - Arg...

3. mRNA: ...UA|GAU|UUU|ACC|CAC|GG...

protein: ..... Asp - Phe - Thr - His -

Čtení kodonů závisí na tom, od kterého nukleotidu započteme čtení.

# ČTENÍ GENETICKÉHO KÓDU

○ Rozlišujeme dva typy čtecích rámců:

1. **Otevřený čtecí rámeček (ORF - open reading frame)** je dostatečně dlouhý úsek nukleové kyseliny vymezený iniciačním a terminačním kodonem, který kóduje souvislý a dostatečně dlouhý polypeptidový řetězec
2. **Uzavřený čtecí rámeček** je přerušován více terminačními kodony vždy v těsné blízkosti za kodonem iniciačním a nemůže tedy kódovat dlouhé a souvislé polypeptidové řetězce (nejde o geny).



# GENETICKÝ KÓD

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



# VLASTNOSTI GENETICKÉHO KÓDU

1. Genetický kód je **tripleťový** (třínukleotidový). Každá aminokyselina je kódována trojicí (deoxy)ribonukleotidů v dsDNA(mRNA) tzv. **KODONEM (tripletem)**.
2. Celkem sestává ze **64 kodonů**.
3. Je **DEGENEROVANÝ**, což znamená, že v některých případech je jedna aminokyselina kódována více různými kodony.
4. Kódujících kodonů některou z proteinogenních aminokyselin je pouze **61**. Schopnost kodonu kódovat se označuje jako **smysl kodonu**.
5. Některé kodony jsou **synonymní**. Jedná se o odlišné kodony určující stejnou aminokyselinu

# VLASTNOSTI GENETICKÉHO KÓDU

6. Kodony se stejným smyslem se rozdělují do **8-mi kodonových rodin** (4 synonymní kodony lišící se 3. nukleotidem) a **5 dvoukodonových sad** (dva synonymní kodony končící třetím nukleotidem jednoho na A a druhého na G nebo jeden na U a druhý na C).
7. Je **nepřekrývající se**. Záleží, na kterém nukleotidu začne překlad. Posun **čtecího rámce** vede ke změně smyslu informace sekvence aminokyselin v proteinu.
8. Některé kodony jsou **nesmyslné**, nekódují žádnou aminokyselinu a mají funkci terminace translace na ribozomu:  
**UAA (ochre), UAG (amber).**

# VLASTNOSTI GENETICKÉHO KÓDU

6. Kodon **UGA** (*opal*) je **bifunkční**: má funkci **terminace translace** a také kóduje aminokyselinu **selenocystein**, který má svou vlastní tRNA. Ve většině případů má kódující funkci.
7. Kodon **AUG** je **bifunkční**: kóduje **methionin** nebo signalizuje **začátek translace (iniciační kodon)**.
8. Většina kodonů je **UNIVERZÁLNÍCH**, takže mají stejný smysl u všech živých soustav (standardní genetický kód). **Standardním genetickým kódem** nazýváme kód, který je používán v plném znění většinou organismů.
9. Genetický kód podléhá evoluci.