

Eukaryotické chromosomy

V buněčných jádrech eukaryot je určitý počet chromosomů, z nichž každý obsahuje jedinou molekulu DNA. DNA v lidském chromosomu obsahuje průměrně 10^8 až $3 \cdot 10^8$ párů bází, je 2 nm široká a řádově centimetry dlouhá. Extrémní tvar molekuly vyžaduje řadu mechanismů k tomu, aby nebyla poškozena a aby určité úseky byly v daném čase přístupny biochemickým interakcím. DNA je zákonitě svinuta a chráněna.

Je známá primární struktura DNA (sekvence nukleotidů) a sekundární struktura DNA (dvoušroubovice). O stupeň vyšší strukturou je **nukleosomový řetězec**. V pravidelných intervalech se v něm dvoušroubovice DNA ovine dvěma otáčkami, tj. úsekem asi 140 párů bází, kolem proteinového jádra, tvořeného oktamerem histonů.

Histony

 *Podrobnější informace naleznete na stránce Histony.*

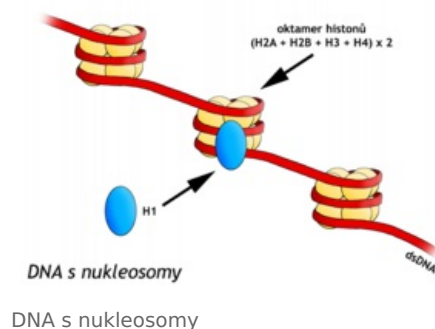
Histony jsou bazické proteiny, neboť obsahují hodně argininu a lysinu. Elektroforézou lze rozlišit 5 typů těchto bílkovin – viz tabulka:

Přehled typů histonů			
Histon	Poměr Lys/Arg	Počet aminokyselin	Molekulová hmotnost
H1	20,0	215	21 000
H2A	1,2	129	14 500
H2B	2,5	125	13 800
H3	0,72	135	15 300
H4	0,79	102	11 300

Zmíněný histonový oktamer obsahuje po dvou molekulách H2A, H2B, H3 a H4 a spolu s navinutou DNA tvoří **nukleosom** o průměru 10 nm. Na elektronoptickém snímku DNA s nukleosomy (polynukleosom) připomíná „korálky na niti“. Jde o **10 nm silné chromatinové vlákno**.

Primární struktura histonů je v evoluci velice konzervativně zachovávána. H4 z klíčku bobu se od analogického histonu z hovězího thymu liší dokonce jen dvěma konzervativními záměnami aminokyselin: Ile za Val v pozici 60 a Arg za Lys v pozici 77. Z toho vyplývá, že histony mají spíše strukturní význam než nějakou specifickou regulační úlohu v expresi genetické informace.

Histony H1 se k nukleosomům připojují zevně, nejsou součástí oktameru. Na každý nukleosom připadá jedna molekula H1. Zřejmě má význam v dalším svinování nukleosomového řetězce do závitů vyššího řádu, **solenoidu**. Jedna otáčka obsahuje 8–10 nukleosomů. Solenoid je vlastně chromatinové vlákno o průměru 30 nm. Největší lidský chromosom obsahuje asi 4000 solenoidů.



V interfázi se aktivnější část chromosomu nachází v některé z popsaných spiralizací (tzv. **euchromatin**). **Heterochromatin** a chromosomy v metafázi obsahují struktury vyššího řádu než solenoid.

Odkazy

Související články

- Struktura nukleových kyselin
- Základní složky nukleových kyselin
- Primární struktura nukleových kyselin
- Štěpení nukleové kyseliny hydrolýzou
- Metody sekvencování
- Sekundární struktura DNA
- Denaturace nukleových kyselin, molekulární hybridizace
- Sekundární struktura RNA
- Topologie DNA
- Interakce DNA s proteiny
- Bakteriální chromozom
- DNA mitochondrií
- Chromozomy

Další kapitoly z knihy ŠTÍPEK, S.: Stručná biochemie uchování a exprese genetické informace:

Struktura nukleových kyselin: Základní složky nukleových kyselin • Primární struktura nukleových kyselin •

Řetězec nukleové kyseliny lze štěpit neenzymovou nebo enzymovou hydrolýzou • Metody sekvencování •
Sekundární a vyšší struktura nukleových kyselin: Sekundární struktura DNA • Denaturace a reasociace řetězců nukleových kyselin, molekulární hybridizace • Sekundární struktura RNA • Topologie DNA; • Interakce DNA s proteiny, struktura chromosomu • Bakteriální chromosom • Eukaryotické chromosomy • DNA mitochondrií
Biosyntéza nukleových kyselin: Replikace DNA • Transkripce
Biosyntéza polypeptidového řetězce - translace: Transferové RNA (tRNA) • Aktivace aminokyselin, syntéza aminoacyl-tRNA • Funkce ribozómů v translaci • Translace u prokaryotů • Struktura ribozómů • Iniciace translace • Elongace peptidů • Terminace translace • Inhibitory bakteriální translace • Translace u eukaryotů • Struktura ribozómů • Iniciace eukaryotické translace • Elongace eukaryotické translace • Terminace eukaryotické translace • Inhibitory eukaryotické translace

Genetický kód

Biosyntéza nukleových kyselin a proteosyntéza v mitochondriích: Replikace mitochondriální DNA • Mitochondriální transkripce • Mitochondriální translace

Řízení genové exprese a proteosyntézy: Řízení genové exprese a proteosyntézy u prokaryot • Regulace na úrovni transkripce • Regulace sigma-faktory • Jacobův-Monodův operonový model • Regulační význam cAMP u bakterií • Variace operonového řízení genů • Tryptofanový a arabinosový operon • Řízení terminace transkripce • Regulace bakteriální proteosyntézy na úrovni translace • Řízení genové exprese a proteosyntézy u eukaryot • Regulace na úrovni uspořádání genů • Regulace na úrovni transkripce • Regulace posttranskripčních úprav pre-mRNA • Regulace na úrovni translace • Řízení rychlosti degradace mRNA • Regulace funkce proteinu kotranslačními a posttranslačními úpravami

Posttranslační úpravy a targeting proteinů: Signální sekvence polypeptidu, volné a vázané ribozómy • Posttranslační glykosylace proteinů • Targeting nezávislý na glykosylaci proteinů • Targeting mitochondriálních proteinů • Targeting jaderných proteinů • Rozhodovací mechanismus k destrukci nefunkčních proteinů • Receptorem zprostředkovaná endocytóza

Biochemie virů: Reprodukce DNA virů • Reprodukce RNA virů • Interferony

Biochemie genového inženýrství: Štěpení DNA na definovaném místě řetězce • Účinné dělení fragmentů DNA elektroforézou • Identifikace restričních fragmentů • Syntéza umělé DNA • Pomnožení a exprese izolovaného nebo umělého genu v hostitelské buňce

Zdroje

- ŠTÍPEK, Stanislav. *Stručná biochemie : Uchování a exprese genetické informace*. 1. vydání. Medprint, 1998. 92 s. s. 21-23. ISBN 80-902036-2-0.