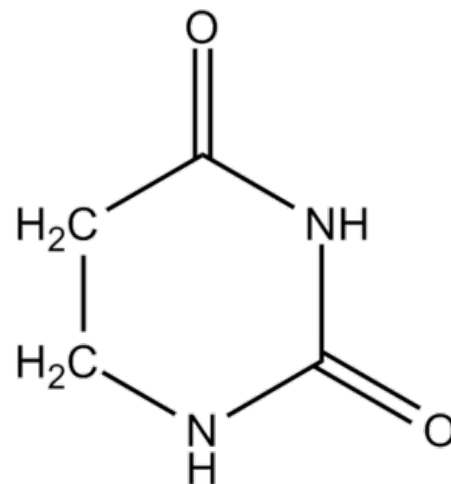


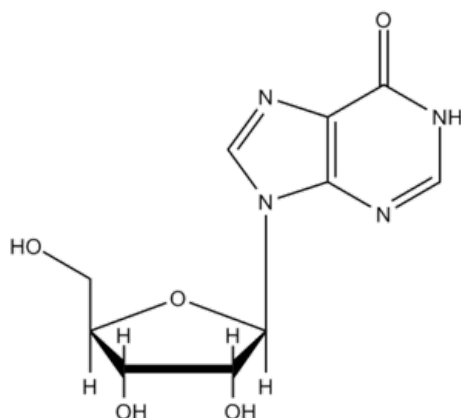
# tRNA

Všechny **transferové RNA** (tRNA) mají velmi mnoho **společných strukturních rysů**. Jsou tvořeny jedním nukleotidovým řetězcem o délce **kolem 80 nukleotidů**. 5'-konec bývá fosforylován, na 3'-konci je posttranskripčně připojena sekvence **-CCA**. V tRNA bývá několik **neobvyklých nukleotidů**. Obsahují zřídka se vyskytující (**minoritní bazi**), jako je dihydrouracil, metylované baze, hypoxantin (v inosinu) a také nukleotidy s atypickou vazbou (pseudouridin). Vznikají posttranskripčními úpravami tRNA. Jejich význam spočívá v tvorbě poznávacích míst pro proteiny, pomáhají vytvořit správnou konformaci molekuly a zvyšují možnosti interakcí s kodony mRNA.

Na základě možných párování bazí lze odvodit konformaci „jetelového lístku“ tRNA se 4–5 rameny, tj. s **akceptorovým ramenem** se sekvencí -CCA, na jehož 2' nebo 3'-koncovou -OH se estericky váže aminokyselina, **dihydrouracilovým ramenem** (DHU klíčka), **pseudouridylovým ramenem** (T $\phi$ C klíčka) a **antikodonovým ramenem** s tripletem (**antikodonem**) párujícím se s příslušným kodonem na mRNA. V tomto úseku bývá obvykle sekvence PyPy-XYZ-modif.Pu (XYZ je antikodon). Některé tRNA mají ještě další, variabilní nebo vedlejší rameno.



Dihydrouracil (DHU)



Inosin

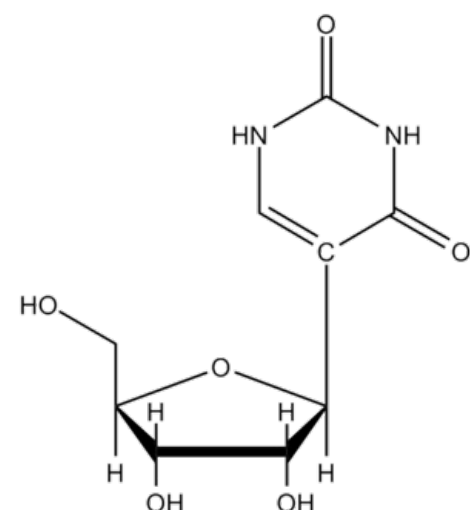
Prostorově tRNA zaujímá tvar písmene L; každý ze dvou segmentů této konformace je vlastně jedna otáčka dvojité šroubovice (10 pb), jeden je tvořen antikodonovým a DHU-ramenem, druhý T $\phi$ C- a akceptorovým ramenem.

## Syntéza aminoacyl-tRNA

Tvorba peptidové vazby je endergonní reakce.

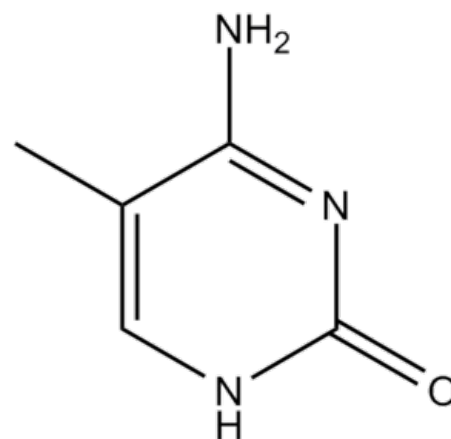
Aminokyselina je nejdříve aktivována tím, že se naváže na 3'-konec (na 2'-OH nebo 3'-OH posledního adenosinu) příslušné tRNA. Vzniklý ester, tj.

**aminoacyl-tRNA** (aa-tRNA) pak obsahuje dostatek energie k navázání aminokyseliny na rostoucí peptidový řetězec. Kromě této aktivační funkce má aa-tRNA ještě význam adaptorový. Antikodon specifické tRNA se párováním bazí váže na odpovídající kodon mRNA, takže určuje správné zařazení přenášené aminokyseliny do sledu aminokyselin peptidového řetězce. Z toho vyplývá, že enzym, který katalyzuje syntézu

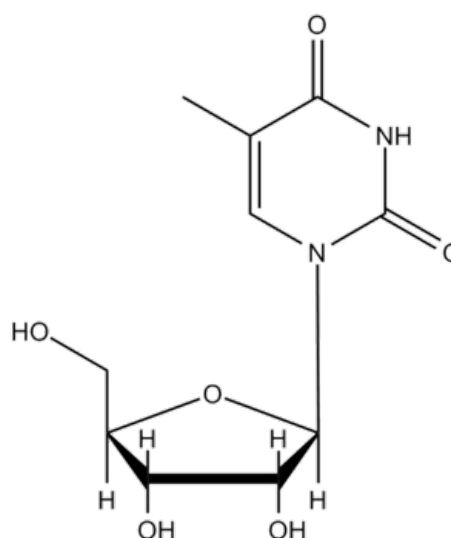


Pseudouridin

aa-tRNA, zvaný **aminoacyl-tRNA-syntetáza**, musí být přísně substrátově specifický, neboť při chybné kombinaci aminokyseliny a tRNA se do peptidu zařadí chybná aminokyselina. Enzym má vazebné místo pro aminokyselinu, pro odpovídající tRNA a pro ATP. Je zajímavé, že s danou aminokyselinou může jedna syntetáza spojit tRNA s různými antikodony, odpovídajícími antikodonům pro danou aminokyselinu v rámci degenerace genetického kódu (**isoakceptorové tRNA**). Je to umožněno tím, že enzym rozezná správnou tRNA nikoli podle sekvence nukleotidů, nýbrž podle konformace těch částí tRNA, na které se váže, tj. povrch antikodonového, DHU a akceptorového ramena.



5'-methylcytosin

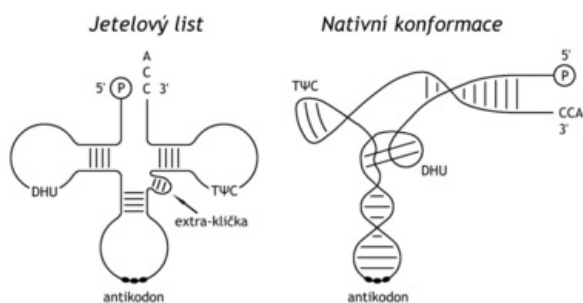


Ribosylthymin

Reakce aa-tRNA-syntetázy probíhá ve **dvou krocích**. Nejdříve vznikne smíšený anhydrid aminokyseliny a AMP (**aminoacyladenylát**). Ve druhé fázi reakce je takto **aktivovaná aminokyselina přenesena z AMP na 3'-OH** nebo u některých na 2'-OH **koncového adenosinu tRNA**. Obě tyto reakce jsou vratné. Směr k syntéze termodynamicky zajistí hydrolýza pyrofosfátu enzymem pyrofosfatázou.

Pokud aa-tRNA-syntetáza naváže na AMP nesprávnou aminokyselinu, je schopna svou chybu opravit. Kromě syntetázové aktivity má totiž ještě aktivitu hydrolázovou, kterou aa-adenylát štěpí a aminokyselinu uvolní, místo aby ji přenesla na neodpovídající tRNA.

### Struktura tRNA



Struktura tRNA

## Odkazy

### Související články

- Translace
- Transkripce
- RNA

*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 ribozomy • 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

## Zdroje

- ŠTÍPEK, Stanislav. *Stručná biochemie : Uchování a exprese genetické informace*. 1. vydání. Medprint, 1998. 92 s. s. 43–45. ISBN 80-902036-2-0.