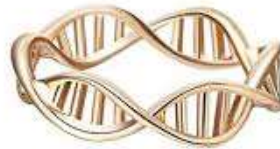


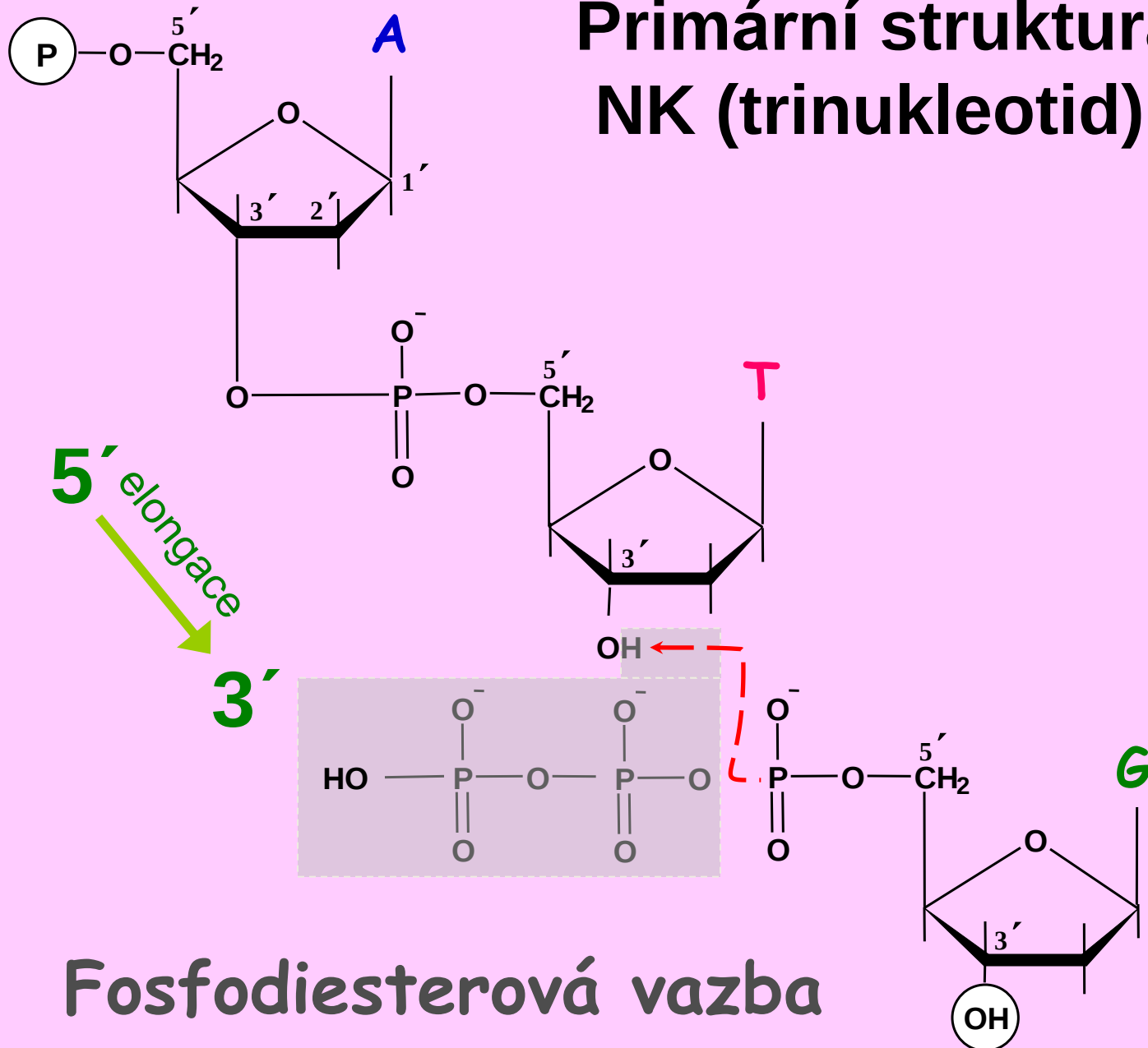
Nukleové kyseliny a proteiny

Replikace Transkripce Translace

Martin Beránek



Primární struktura NK (trinukleotid)

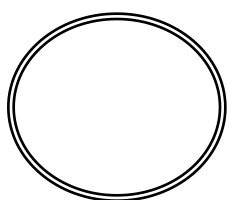


Vyšší struktura nukleových kyselin(DNA)

- **Primární struktura NK** = pořadí a počet nukleotidů v jednom řetězci NK
- **Sekundární struktura NK** = spojení poly-nukleotidových řetězců pomocí Watson-Crickova párování bází (příp. obráceným W-C nebo Hoogsteenovým párováním, formováním triád a tetrad); W-C vazby tvoří **dvoušroubovici** v konformaci A, B nebo Z; **trojšroubovici**
- Ze sekundární struktury vyplývá **tvar NK**: lineární jednořetězce, dvouřetězce, kružnice jedno- a dvouřetězce
- **Terciální struktura ds NK** = vyšší typ vinutí NK, vzniká nadšroubovice (superhelix)

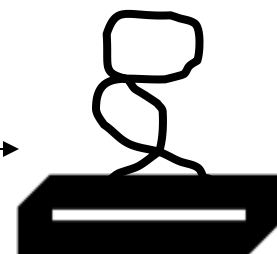
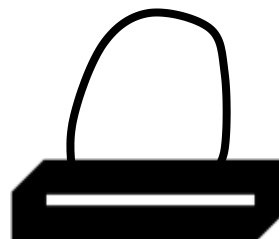


Relaxovaná molekula



Superhelix u kružnicové NK

Relaxovaná molekula



Protein

Superhelix u lineární NK

DNA KONDENZACE

Sekundární struktura

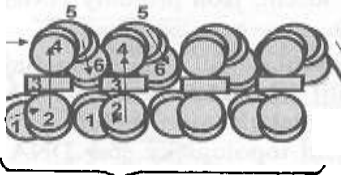
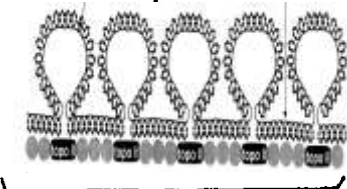
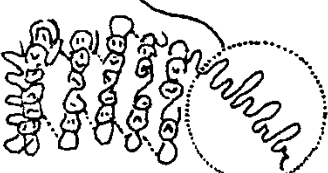
Nukleosomy

Chromatinová vlákna

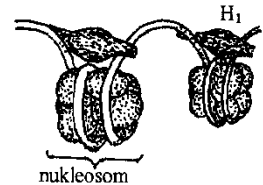
Chromosomové smyčky

Interfázní chromosom

Metafázní chromosom

	2 nm
	11 nm
	30 nm
	300 nm
	700 nm
	1400 nm

dsDNA



H1-hist jádro

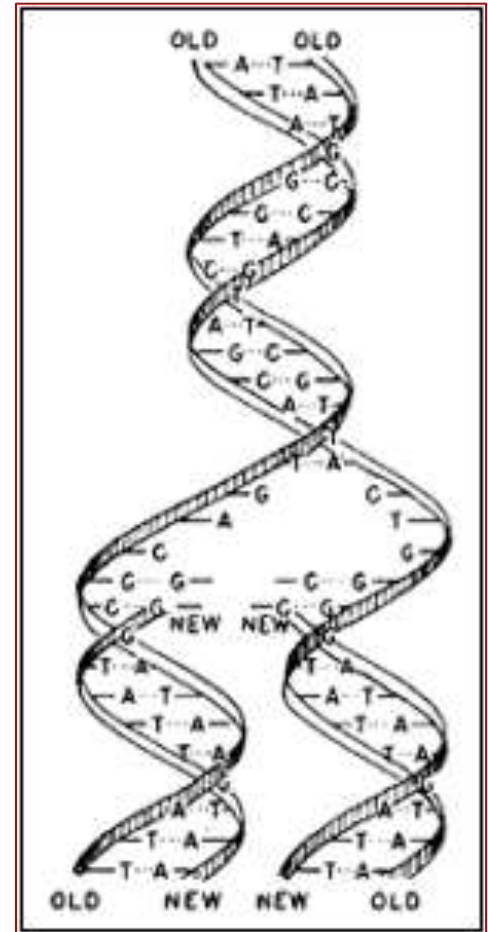
20-80 kb
2600/chr
Proteinové lešení



Fosforylace H1

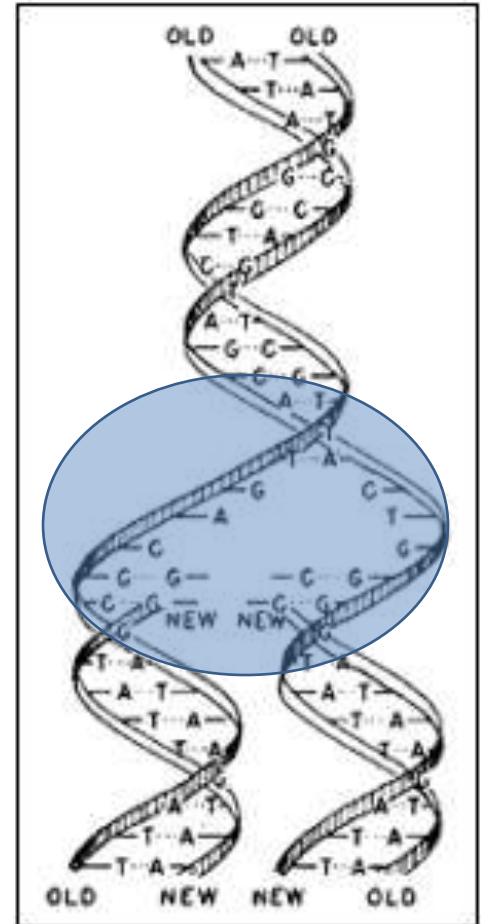
Nukleové kyseliny

- Nukleotidy **dATP, dGTP, dTTP, dCTP** jsou stavebními kameny pro tvorbu **polynukleotidového vlákna DNA**
- Tato vlákna nevznikají bez předlohy (templátu)
- **Replikace** (reduplikace) je proces, kterým se nukleové kyseliny zdvojují v buněčném jádře
- Myšlenkově replikaci popsali J. Watson a F. Crick v roce 1953 při objevu dvoušroubovice DNA



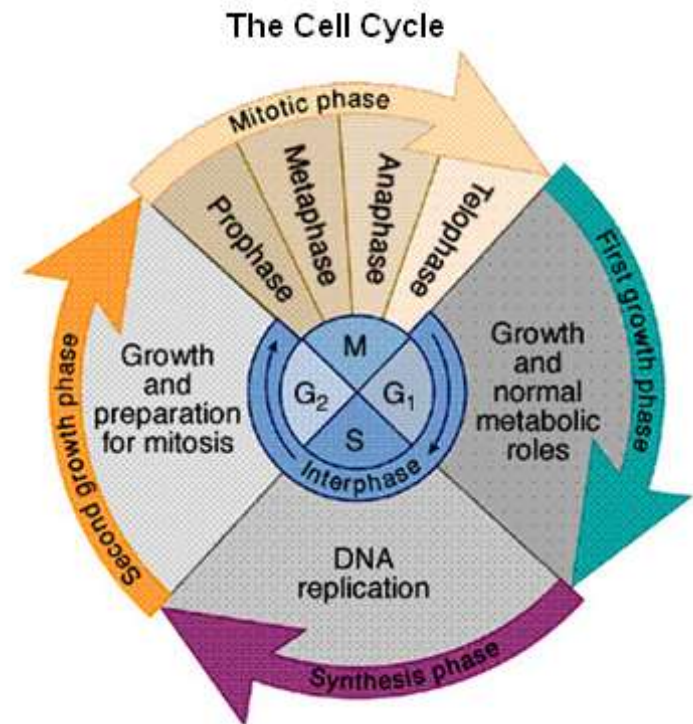
Replikace DNA

- Replikace má **semikonzervativní** charakter vzniku, na základě komplementarity z jedné molekuly DNA vznikají molekuly dvě dceřiné
- Každé vlákno dává vznik vláknu novému, jsou vzájemně **komplementární a antiparalelní**
- Zdvojení zajišťuje dostatek DNA molekul pro následné buněčné dělení
=> **genetická informace je zachována a předána** do další generace buněk
- Pro replikaci je nutná tzv. **replikační vidlice**



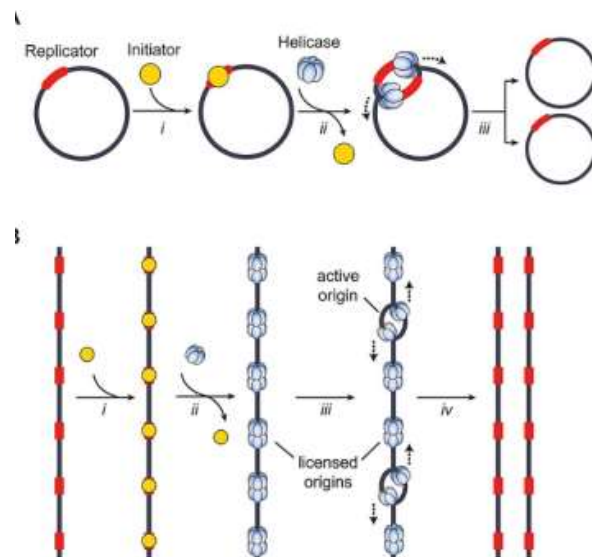
Timing replikačního procesu

- Replikace je prováděna v **S fázi buněčného cyklu**, je následována G2 fází mitosy
- Při iniciaci replikace po přechodu G1/S aktivní desítky efektorových molekul
- Průběh přechodu G1/S je striktně dán **expresí protoonkoproteinů a proteinů onko-supresorových genů** v rámci **mitogenních kaskád**
- Tyto kaskády orientují **fosforylační signály** z cytoplasmatické membrány a cytoplasmu do buněčného jádra
- Zde exprimované a aktivované proteiny plní **funkci transkripčních faktorů**



Počátek replikace ori

- **Ori = origin of replication nebo ori C** (u bakterií) je místem začátku obousměrné replikace DNA
- Délka **150** nukleotidů
- Místa bohatá na nukleotidy s A a T pro snadné rozplétání DNA řetězců
- Bakterie a viry mají jeden počátek)
- **Eukaryontní buňky mnoho ori** protože mají až 500x delší genom než bakterie
- U **eukaryont** jde o **desítky tisíc** míst ori, jež nemají univerzální sekvenční charakter (mají **hexanukleotidový** charakter)



Počátek replikace ori

- **REPLIKÁTOR** = místa DNA k tvorbě komplexů, smysl **iniciátorového komplexu** je **zajistit nasednutí replikačních helikáz** v G a M fázích v inaktivní formě; pětina je pak použita pro replikaci
- **INICIÁTOR** = iniciační faktory (proteiny) začínající iniciaci replikace DNA na iniciátorovém komplexu
- Prvotním iniciátorem je **protein DnaA**, jenž se váže na **trinukleotidové AT bohaté repetice (DnaA boxy)**
- DnaA stabilizuje iniciační bubliny, denaturují DNA, **umožňují vstup replikační helikázy DnaB**, jež se připojí na každé vlákno přes protein **DnaC**

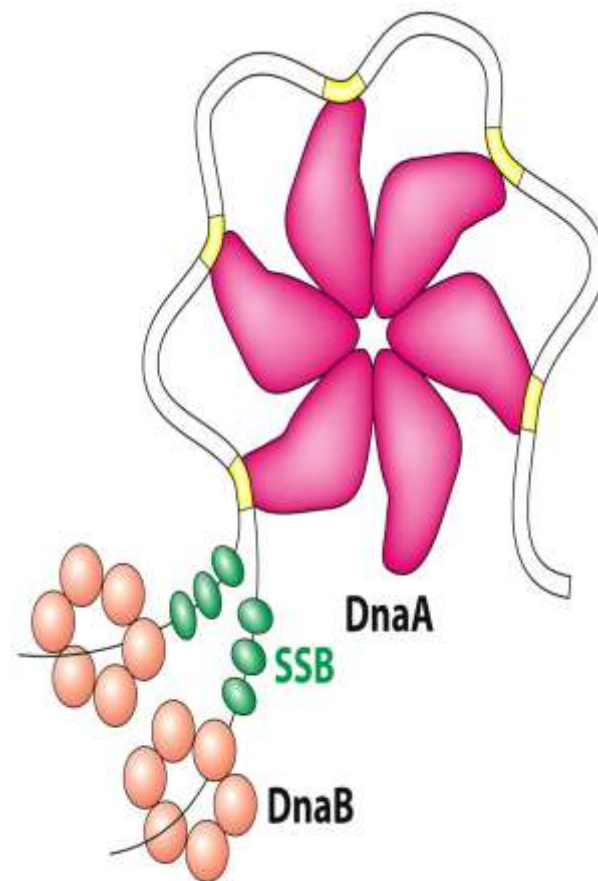
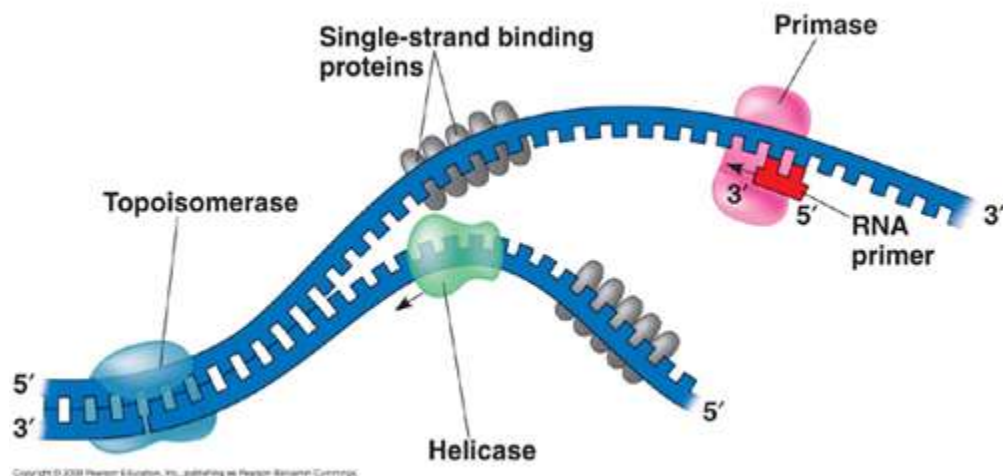


Figure 28.26
Biochemistry, Seventh Edition
© 2012 W. H. Freeman and Company

Iniciační fáze replikace

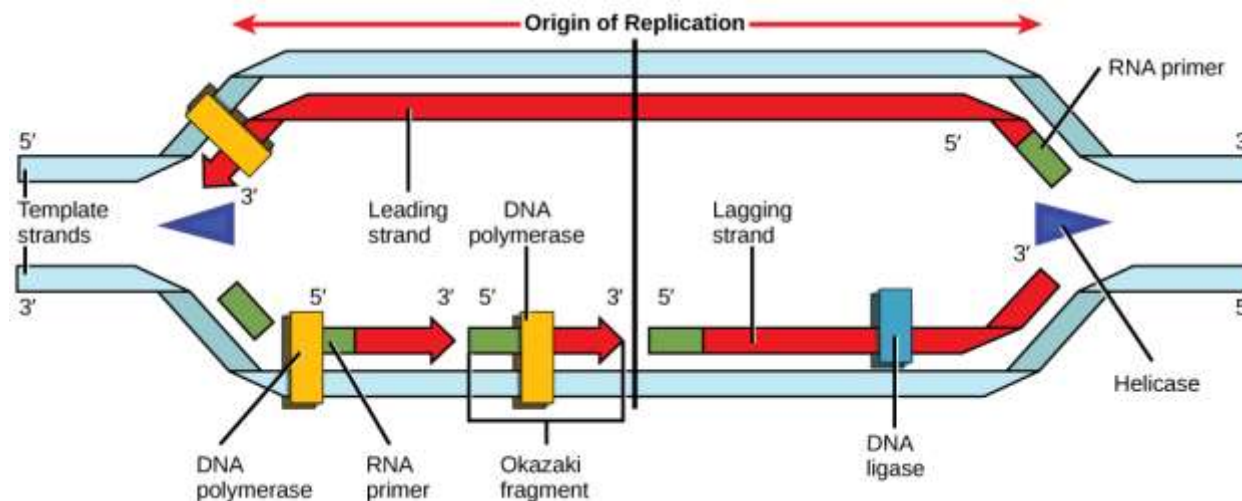
- na jednořetězcové DNA se váží **proteiny SSB**, brání opětovné asociaci
- Primázy se při replikaci vážou na helikázy (**primosom**)
- **enzym primáza** = DNA dependentní RNA polymeráza
- Vzniká **RNA primer** (u eukaryont délka 8-12 nukleotidů), rychlost polymerace při vzniku primeru **1 nukleotid/s**
- Počet primerů na zpožd. vlákně odpovídá počtu Okazakiho fragmentů



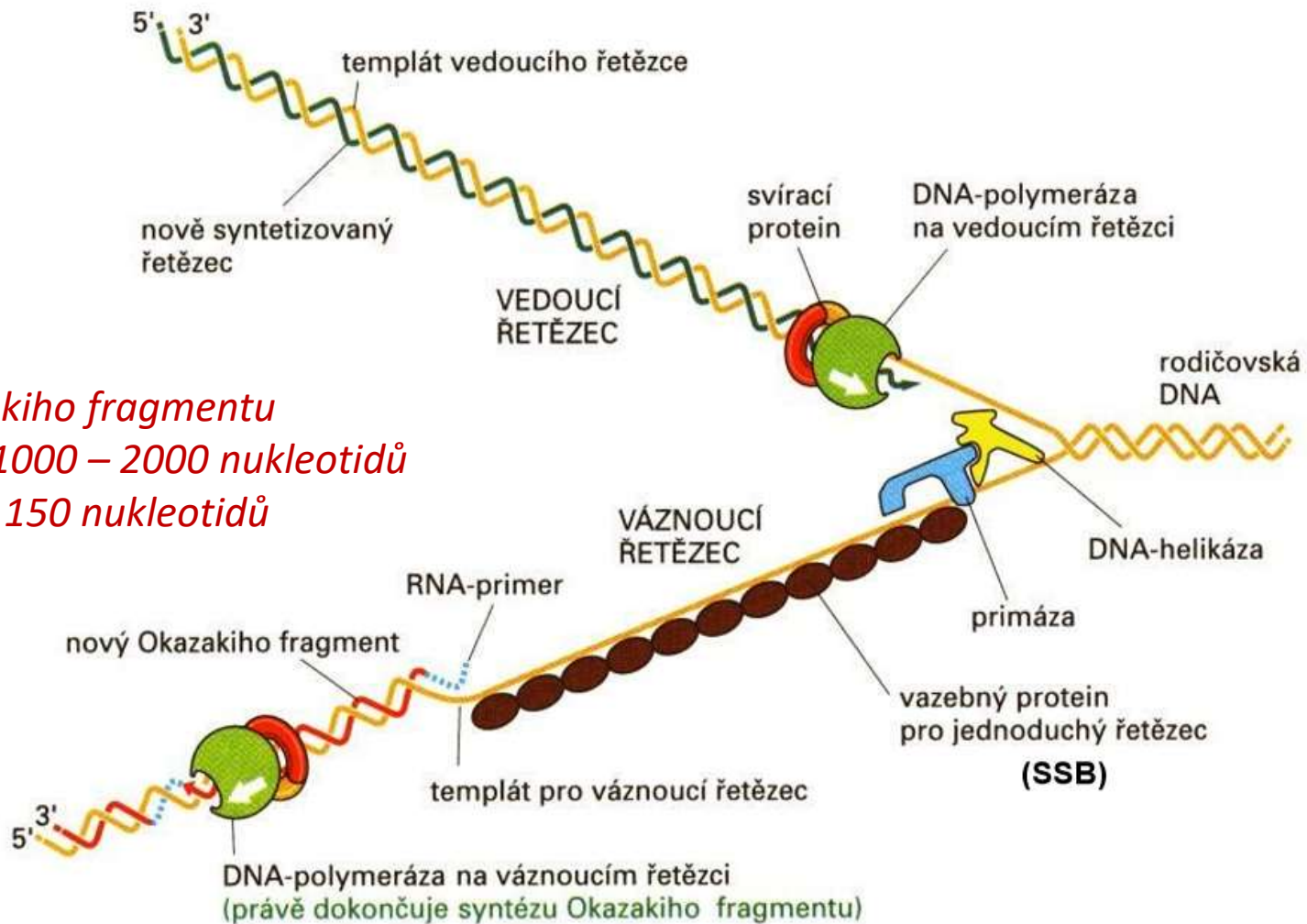
Elongační fáze replikace

Základem replikace jsou **enzymy**

- *DNA helikázy* dále rozvolňují dvojvlákno
- *DNA topoisomerázy* zbavují DNA nadšroubovnicového vinutí
- *Primázy* funkční při elongaci zpožd. vlákna
- ***DNA polymerázy*** tvoří polynukleotidová vlákna (I-III, α - ϵ)
- DNA ligázy spojují vzájemně Okazakiho fragmenty



Elongační fáze replikace

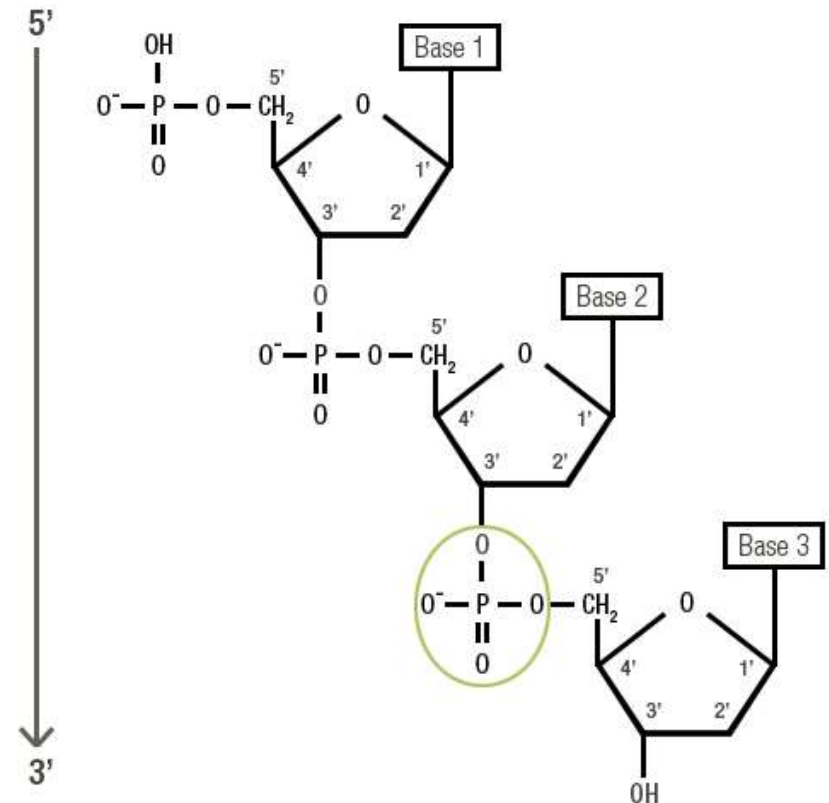


*Délka Okazakiho fragmentu
prokaryota 1000 – 2000 nukleotidů
eukaryota – 150 nukleotidů*

Elongační fáze replikace

Vlastnosti DNA polymeráz

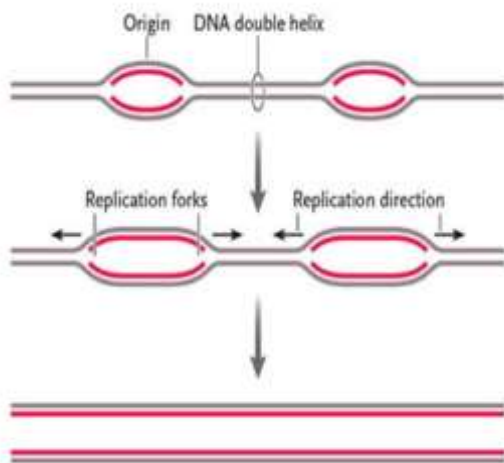
- **Polymerační** - katalyzují vznik fosfodiesterové vazby ve směru 5' - 3' !!!
- **3' - 5' exonukleázová** – zpětné vyštěpení a náhrada chybné báze
- **5' - 3' exonukleázová** – „dopředné“ vyštěpení a náhrada chybné báze
- **Rychlost** polymerace (prokaryontní pol 1 kb/s, eukaryontní 50 nk/s)
- **Chybovost** (1 : 10⁷, po opravě 1 : 10⁹nk)



Terminační fáze replikace

- 1) Replikační vidlice dosáhne začátku následující vidlice (ubiquitinace MCM-7)
- 2) Replikační vidlice dosáhne konce DNA (! zkracování telomer na opoždějícím se řetězci)
- 3) Replikaci lze zastavit specifickým proteinem (v *E. coli* Tus-*TER* komplex, zástava helicázy)

Ukončení replikace musí předcházet oprava replikačních chyb
a tvorba histonů pro vytvoření nukleosomových vláken



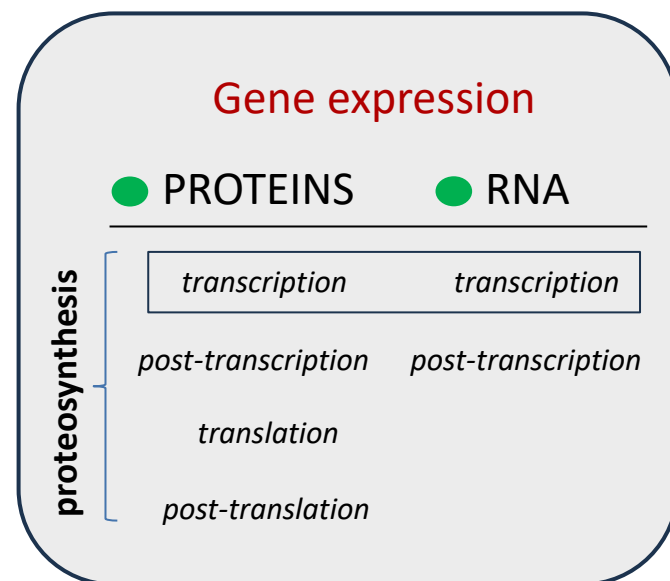
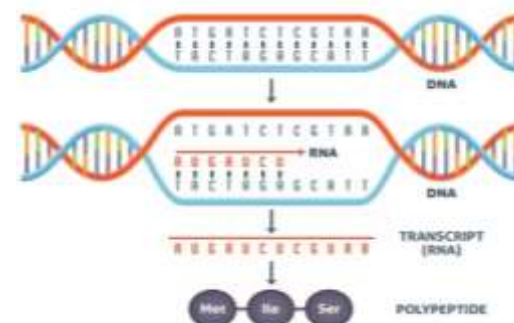
GT TAGGGTTAGGGTTAG³
CAATCCCAATCC⁵

Odstraněný primer



Genová exprese v buňkách

- F. Crick (1958) definoval **centrální dogma** molekulární biologie (později doplněné o proces reverzní transkripce u retrovirů)
- **Replikace** slouží k uchování a přenosu genetické informace do dceřiných buněk
- **Genová exprese = realizace genetické informace** v buňkách
- **Finální RNA** (rRNA, tRNA) realizuje genová exprese cestou **transkripce** a **post-transkripčních změn**
- **Proteiny a peptidy** cestou **proteosyntézy**
- Proteosyntéza zahrnuje transkripci, post-transkripční změny, translaci a post-translační změny

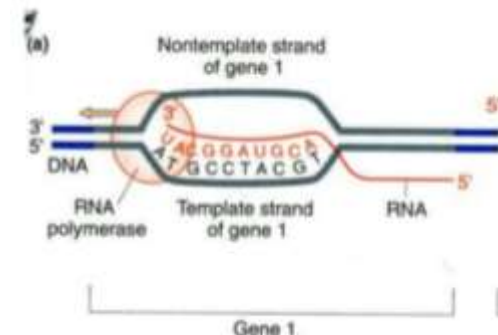
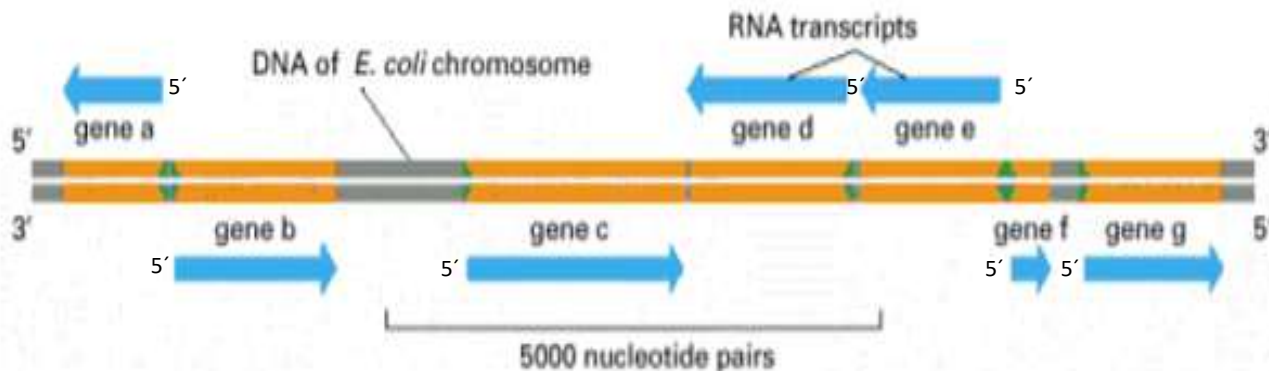


Transkripce nukleových kyselin

- Transkripční jednotka (TU) zodpovědná za proces transkripce
- Každá TU složena z **promotoru**, kódující sekvence, terminátoru, enhancerů, silencerů, vzdálených kontrolních elementů

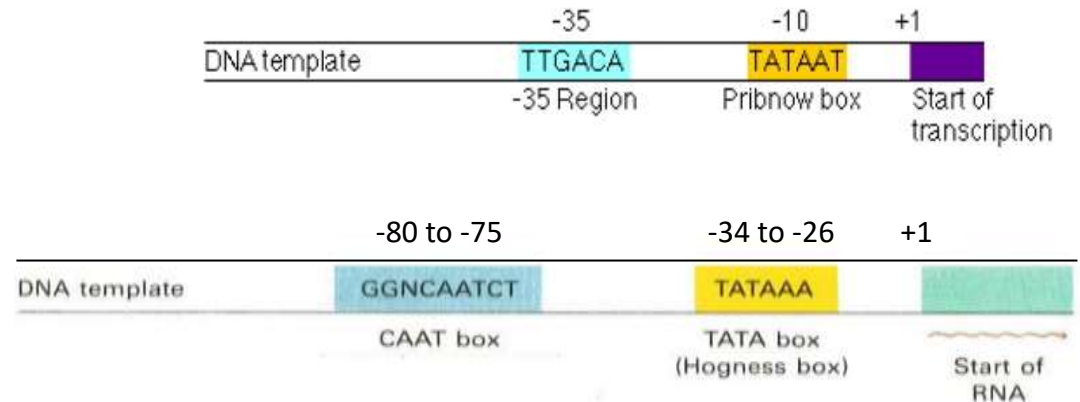


- **TU** podle kódovaného genu dělíme na:
 - strukturní geny pro proteiny (součástí jsou transkribované mRNA)
 - geny pro jiné RNA molekuly (rRNA, tRNA, miRNA, atd.)
- Geny jsou lokalizovány do obou komplementárních řetězců DNA
- Transkripce je katalyzována enzymem – **DNA dependentní RNA polymeráza**
- Pro RNA transkripci je templátem vlákno **nekódující, antisense, neboli negativní**



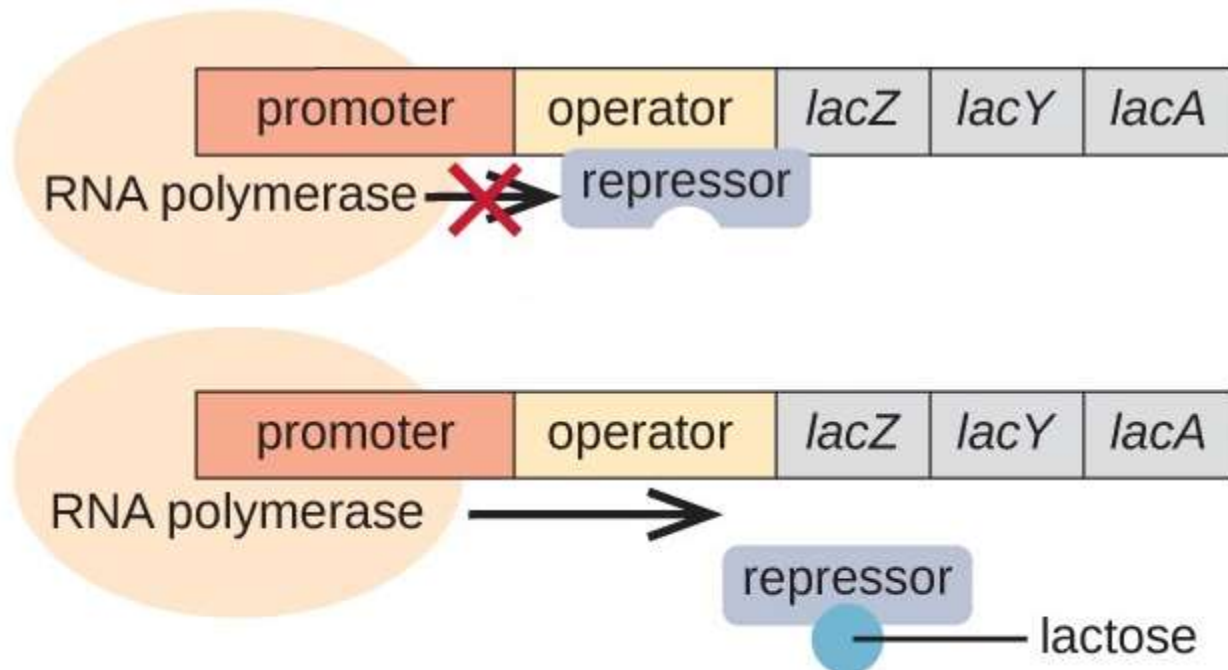
Role promotorů při genové expresi

- **Promotory** jsou součástí TU **vázajících RNA polymerasy**
- Promotory jsou v genech lokalizované před prvním nukleotidem kódující sekvence (ten se značí *+1 nukleotid*)
- Nukleotidy jsou v promotorech číslovány minusovými číslicemi
- **Prokaryotní promotor** obsahují sekvence:
 - 5'- T T G A C A T -3' (v blízkosti nukleotidu -35)
 - 5'- T A T A A T -3' - Pribnow box (kolem nukleotidu -10)
- **Eukaryotní promotor** obsahují sekvence:
 - -34 to -26 TATA box, specifický region pro vazbu transkripčního faktoru TFIID
 - -75 to -80 CAAT box



Regulace **prokaryotní** transkripce

- 1) **Afinita k promotorům**: různé TU jsou podobné (částečně homologní), ale ne stejné a s rozdílnou afinitou k vazbě RNA polymerasy
- 2) **Lac operon**: regulační protein zvaný **represor** se váže k **operátoru** a inhibuje transkripci; molekula laktosy se váže k represoru, uvolní se operátor a RNA polymeráza zahajuje polymeraci
- 3) **Kombinace obou**: pokud je operátor **částí** promotoru



Regulace **eukaryotní** transkripce

- Existují 3 RNA polymerasy se svými vlastními specifickými promotors

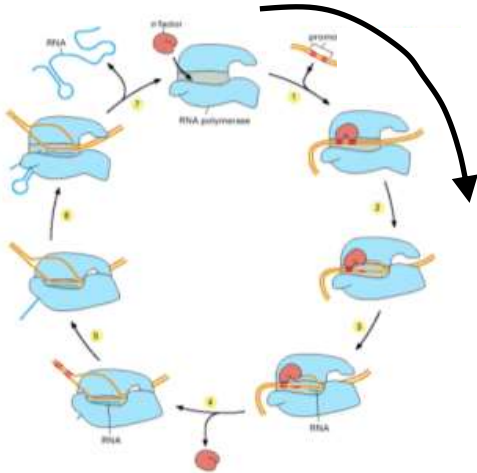
RNA molecule	Enzyme	Location of transcription
rRNA	RNA polymerase I	nucleolus
mRNA, small RNA	RNA polymerase II	karyoplasma
tRNA, 5SrRNA	RNA polymerase III	karyoplasma

- Transkripční faktory** se vážou k regulačním oblastem promotorů a zahajují transkripci
- Všeobecné TF** – mají význam u house-keeping genů (= neindukovatelné provozní geny běžných biochemických kaskád k udržení života buňky)
- Speciální TF** – se objevují v buňkách v tkáních v definovaných momentech života buňky; jsou **indukovatelné** a zvyšují účinnost transkripce jiných genů
- RNA polymerasa II je asociována s těmito indukovatelnými procesy

Regulace exprese genů u eukaryot

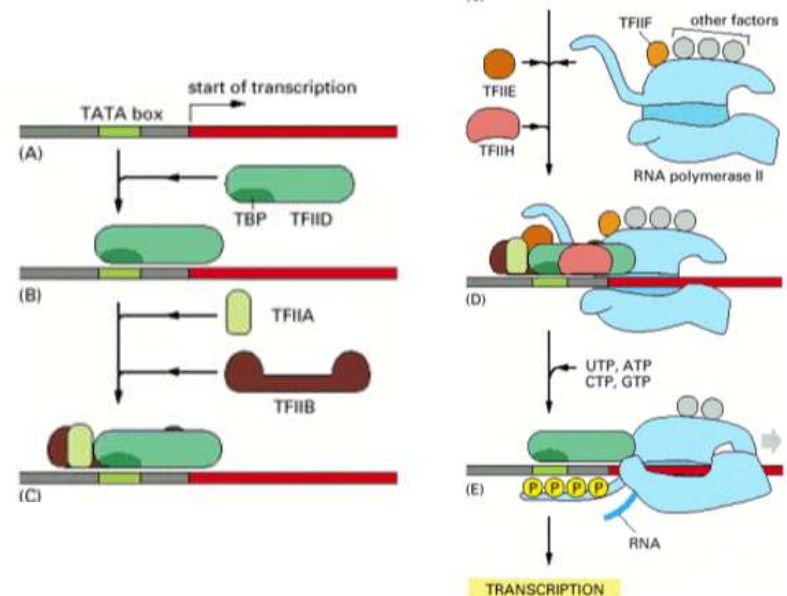
- 1) indukce transkripce **receptorů s navázanými hormony** (steroidní, T4 hormon aj.)
- 2) metylace cytosinu v DNA a **chemické změny** histonů mění kondenzaci DNA a ovlivňují tak expresi genů
- 3) **enhancery a silencery** na velkou vzdálenost
- 4) transkripční faktory **tepelného šoku**
- 5) aktivita **exo- a endonukleáz**
- 6) **amplifikace genů** podobné struktury jako odpověď na vnější prostředí

Iniciace transkripce



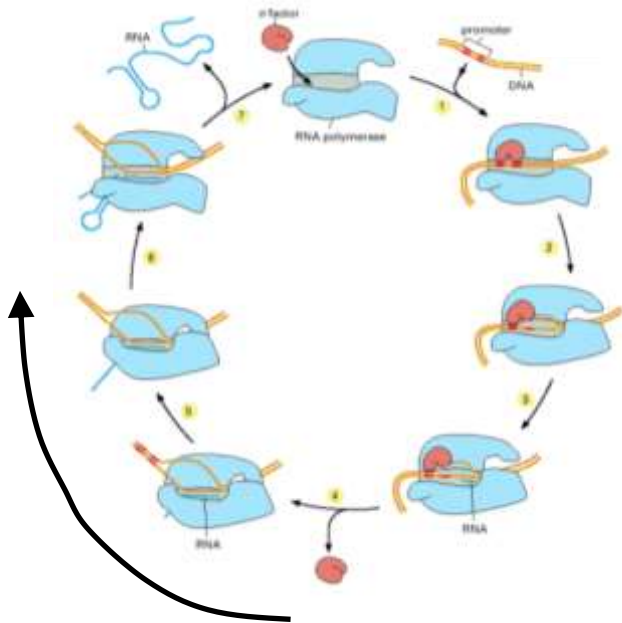
- **Prokaryotní RNA polymeráza** váže **sigma-faktor** do míst -35 a -10 promotoru
- DNA denaturace v **Pribnowově boxu**
- Formuje se první fosfodiesterová vazba v RNA
- Po 10 nukleotidech se sigma-faktor nahrazen **NusA-proteinem**

- **Eukaryotní RNA polymerasa** a všeobecné TF (hlavně TFIID) se váží k **promotorovému TATA boxu**, pak TFIIA, TFIIB, TFIIF, TFIIE a TFIIH hledají své vazebné domény => vzniká **pre-iniciační komplex**
- Po lokální denaturaci DNA se **RNA polymerase** posunuje svým aktivním místem do kódující sekvence genu
- **enhancery, silencers a insulátory** vzdálené svými místy stovky kilobází se vážou k promotorům a stimulují nebo inhibují transkripci

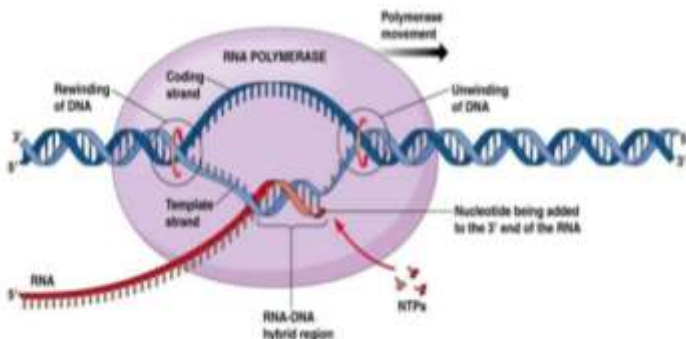


Elongace transkripce

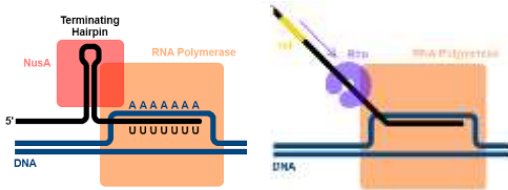
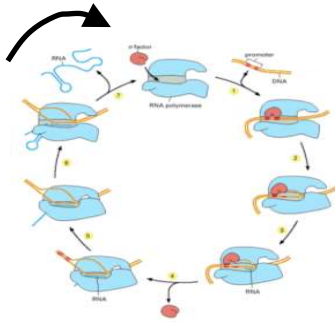
- S **Nus-A proteinem** **prokaryotní** RNA polymerasa se posunuje po řetězci **negativního řetězce DNA (= templátové vlákno pro transkripci)** a RNA se prodlužuje rychlostí **40-60 nk/s**
- Délka denaturovaného úseku DNA je 18 nk



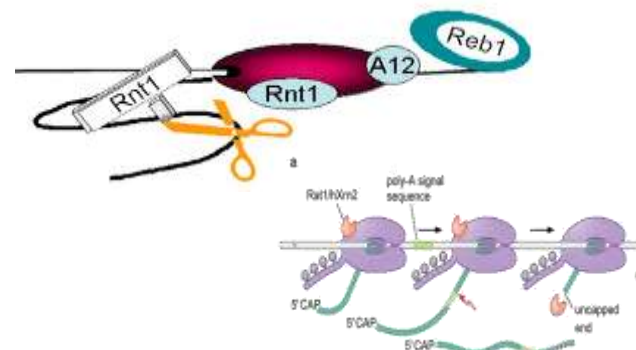
- Po iniciační fázi se do komplexu **eukaryotní** RNA polymerasy váží **elongační faktory**
- Elongační faktory (ELL, TFIIS, DSIF, NELF, TEFb) **zvyšují/snižují rychlost** transkripce, **kontroluje přesnost** syntézy, **fosforylují TF pro gen RNA polymerasy a jiných genů**, včetně post-transkripčních změn RNA



Terminace transkripce



- Proces zahrnuje **zastavení RNA polymerasy**, **uvolní se řetězec RNA a RNA polymerasa**
- Prokaryotní terminace je dána přítomností **vlásenky** v blízkosti před **polyU** regionem
- Vazba **rho terminačního faktoru** k transkriptu zvyšuje **helikasovou aktivitu** DNA-RNA



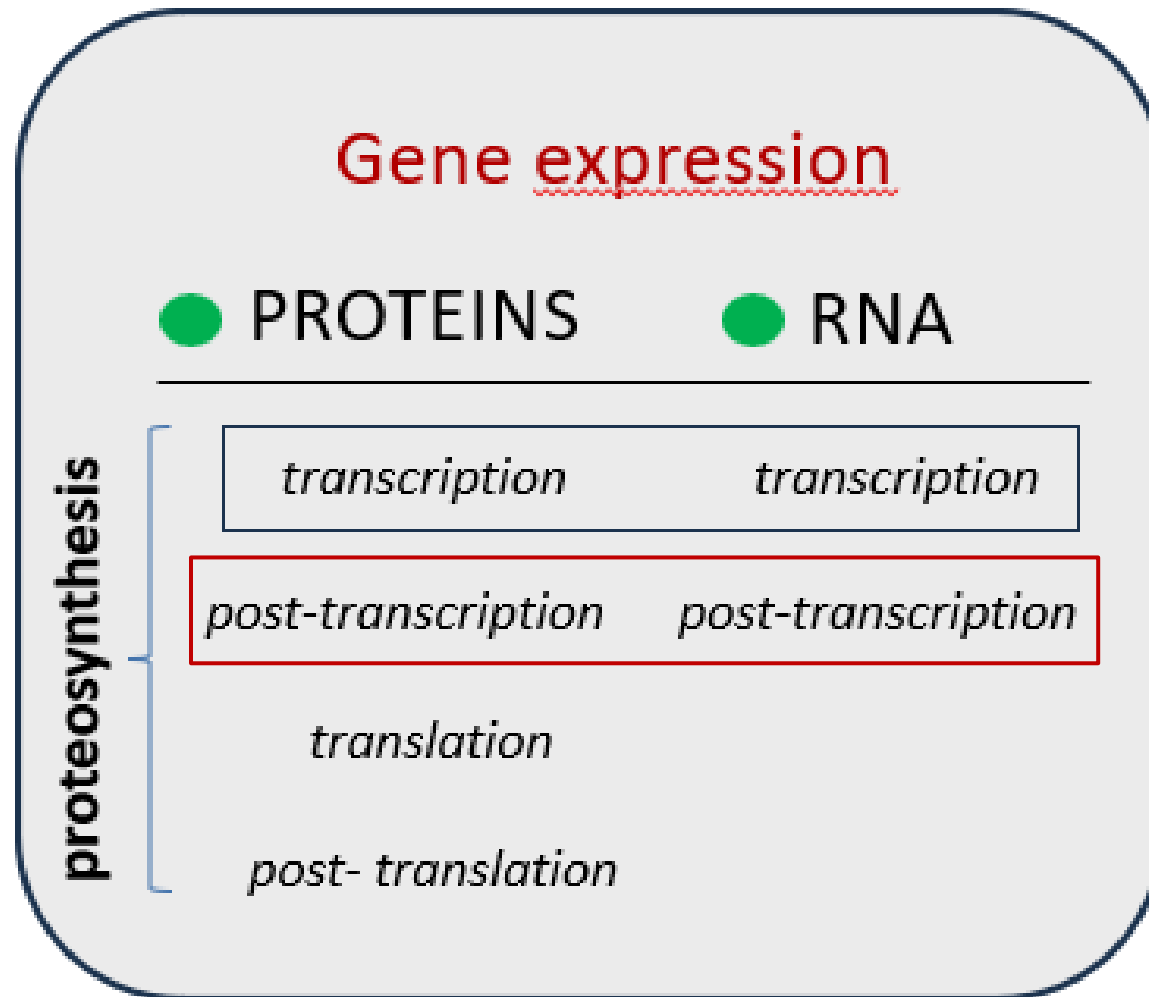
- **Eukaryotní RNA pol I** je zastavena stéricky specifickým terminačním faktorem Rnt1
- **Eukaryotní RNA pol II**: CPSF a CSTF komplexy rozpoznávají polyA signál transkriptu odštěpí RNA od polyA
- **Eukaryotní RNA pol III**: homopolymery d(T) zastavují RNA polymerasu, vytvoří v RNA vlásenku a uvolní polymerasu z komplexu

Vlastnosti eukaryontní mRNA

- Prvotní forma mRNA transkriptu eukaryont je **heterogenní nukleární RNA** (hnRNA, pre-mRNA); většinou zahrnuje jeden strukturní gen složený z exonů a intronů, a s polyadenylačním signálem AAUAAA na 3'-konci



Genová exprese v buňkách

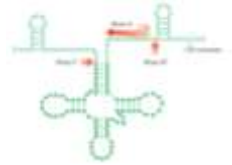


Post-transkripční modifikace RNA

RNA typ

Modifikace

Důvod modifikace



Prokaryotní pre-tRNA pre-rRNA
Prokaryotní pre-tRNA pre-rRNA

Splicing pomocí RNA nukleas
Chemická modifikace bází
(inosin, pseudouridin...)

Separace individuálních molekul RNA
Individuální tvary RNA a funkce

Eukar primární mRNA transkript

čepička na 5'-konci
(= 7-methyl-guanosin)

Vazba proteinů k čepičce při translaci

Eukar primární mRNA transkript

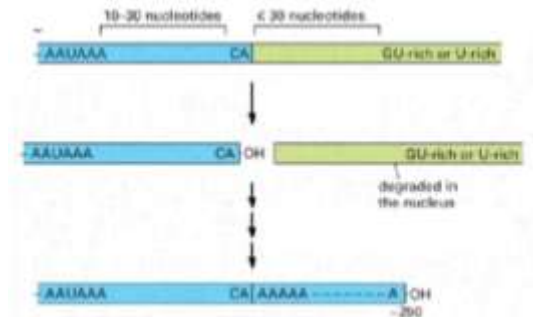
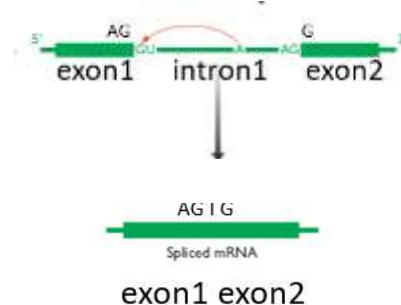
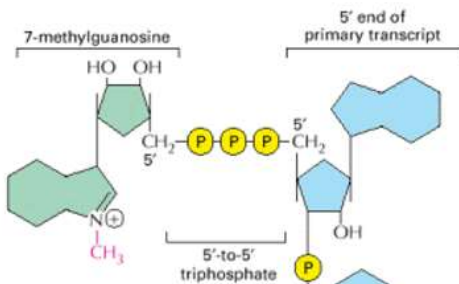
Splicing ve spliceosomech

Funkční spojení kódující sekvence genu

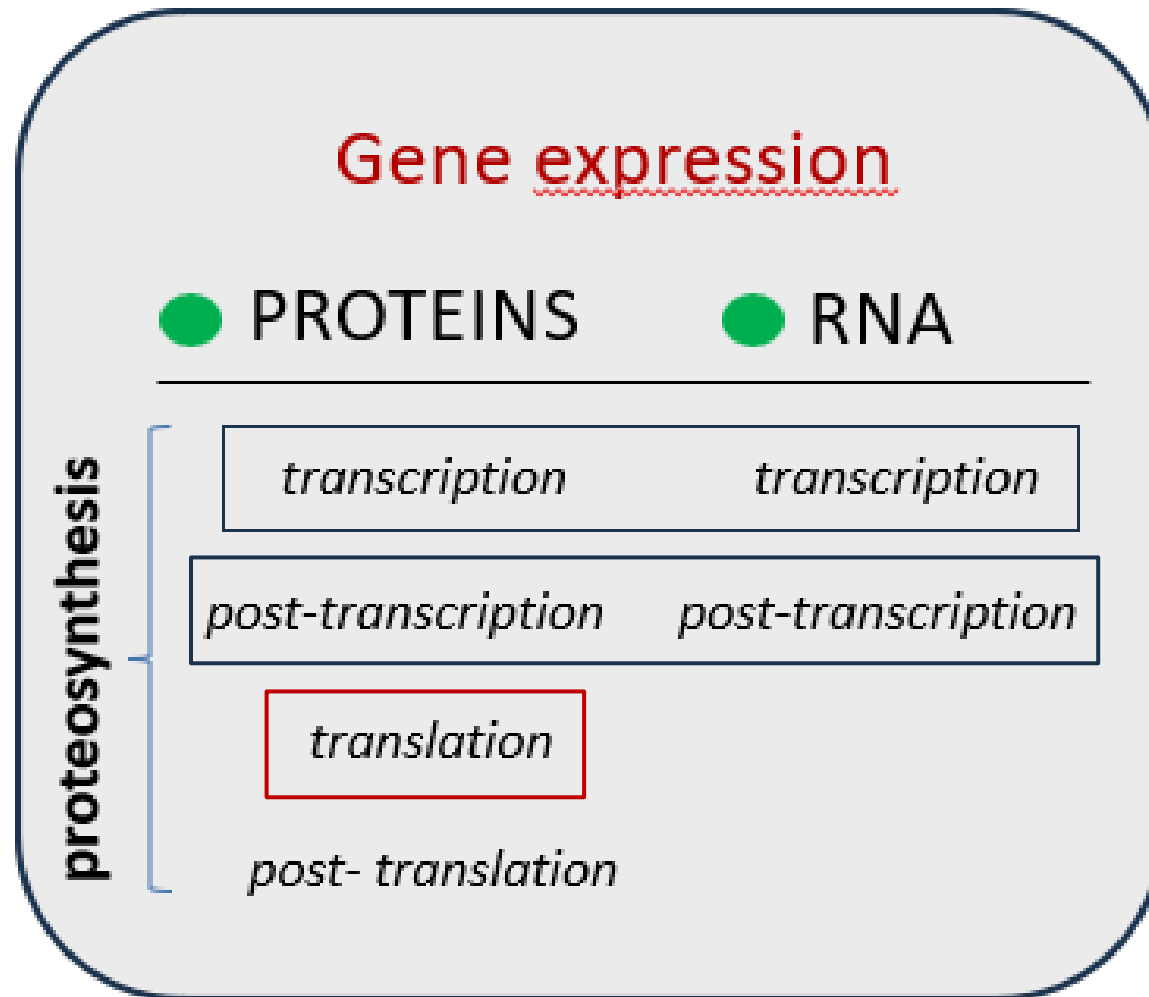
Eukar primární mRNA transkript

Polyadenylace 3'-konce
by poly(A) polymerase (50-200 A)

Stabilizace 3'-konce mRNA, přenos
z jádra do cytoplasmy

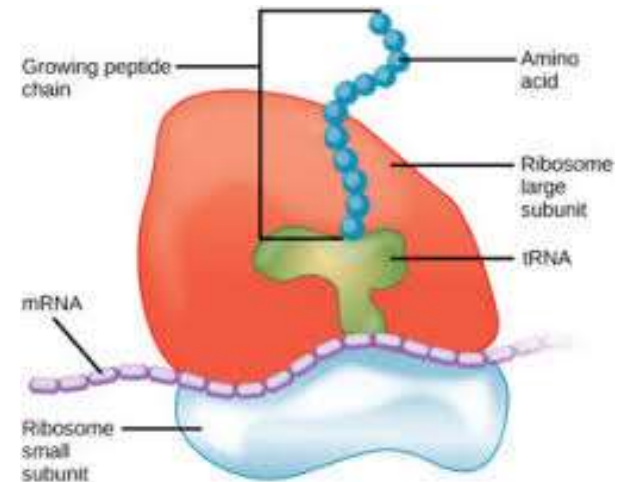


Genová exprese v buňkách



Translace NK

- **Translace** charakterizuje expresi strukturních genů na proteinové úrovni
- Proces zahrnuje tyto proteosyntetické části:
- **Ribosomální proteiny**
- **rRNA**
- **mRNA**
- **tRNA vázaná s AK**
- **Translační faktory**



Translace je prováděna v **ribosomových podjednotkách**;
70S (30S + 50S) u prokaryot;
80S (40S + 60S) in eukaryot

Funkce menší podjednotky: Vazba RNA molekul

Funkce větší podjednotky: formování peptidylové vazby

Kde v buňkách probíhá exprese genů?

Transkripce – jádro, mitochondrie

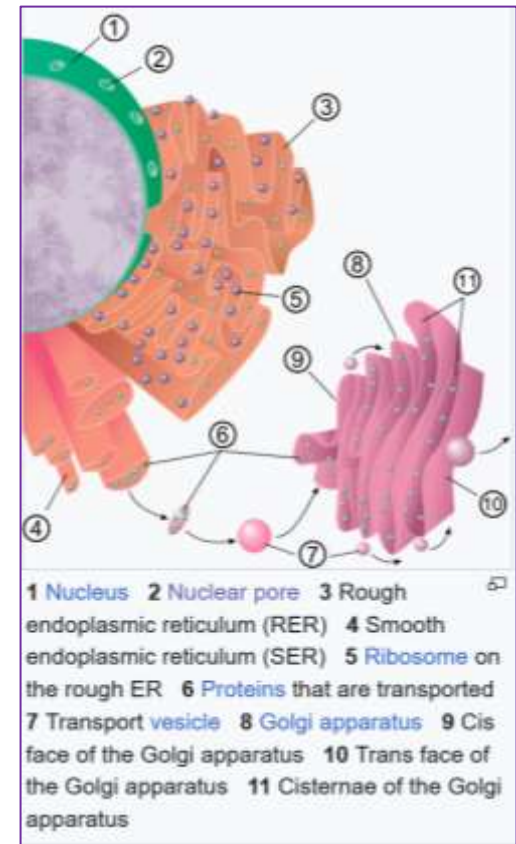
Post-transkripční modifikace – jádro, mitochondrie

Translace – ribosomy

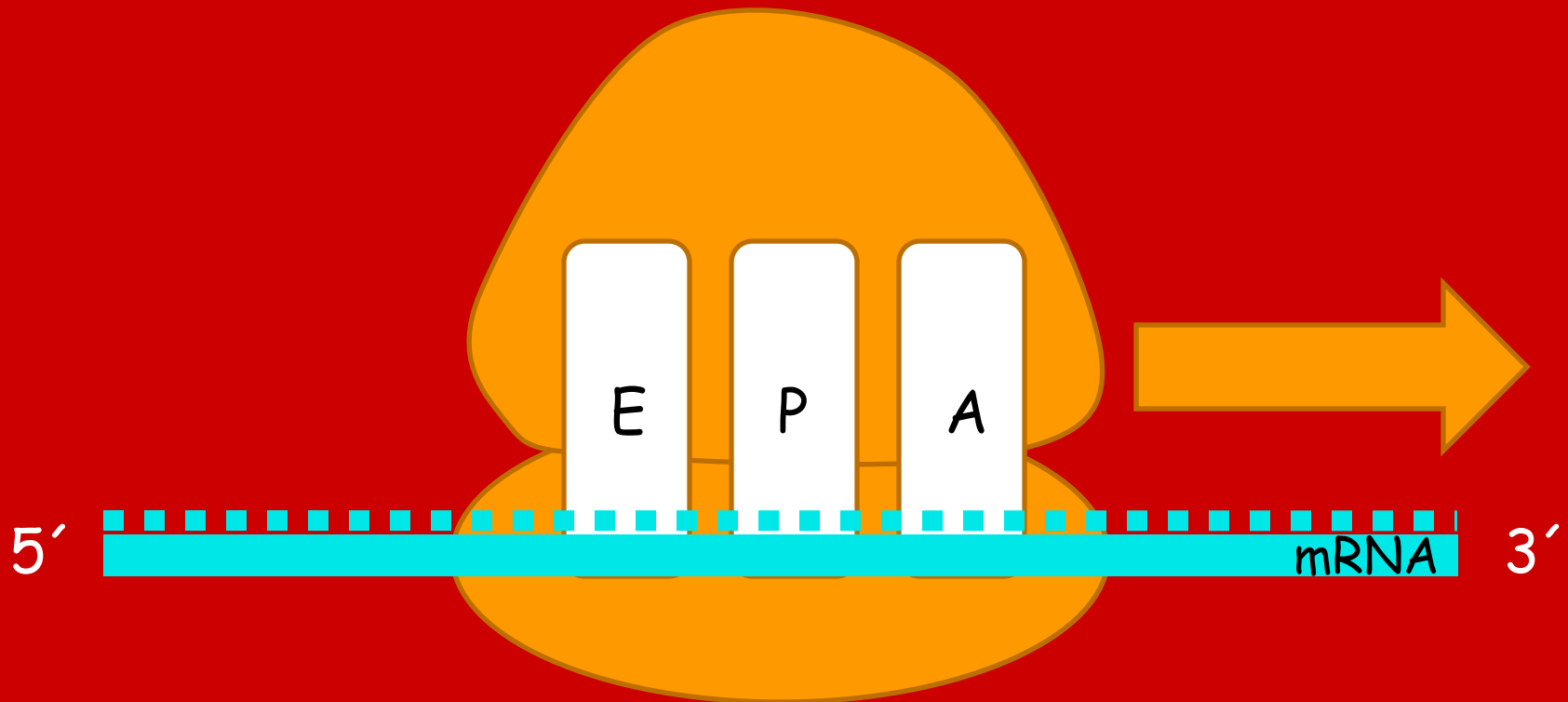
Ribosomy **lokalizované volně v cytoplasmě** tvoří proteiny buňku

Ribosomy na povrchu **hrubého ER** tvoří proteiny sekretované vně buňky, včetně vedoucí sekvence na začátku (5–30 AK)

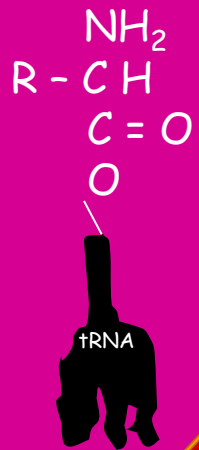
Proteiny sekreční jsou sbalovány a glykosylovány v cisternách Golgiho aparátu pro přenos přes cytoplasmatickou membránu



Struktura ribosomu

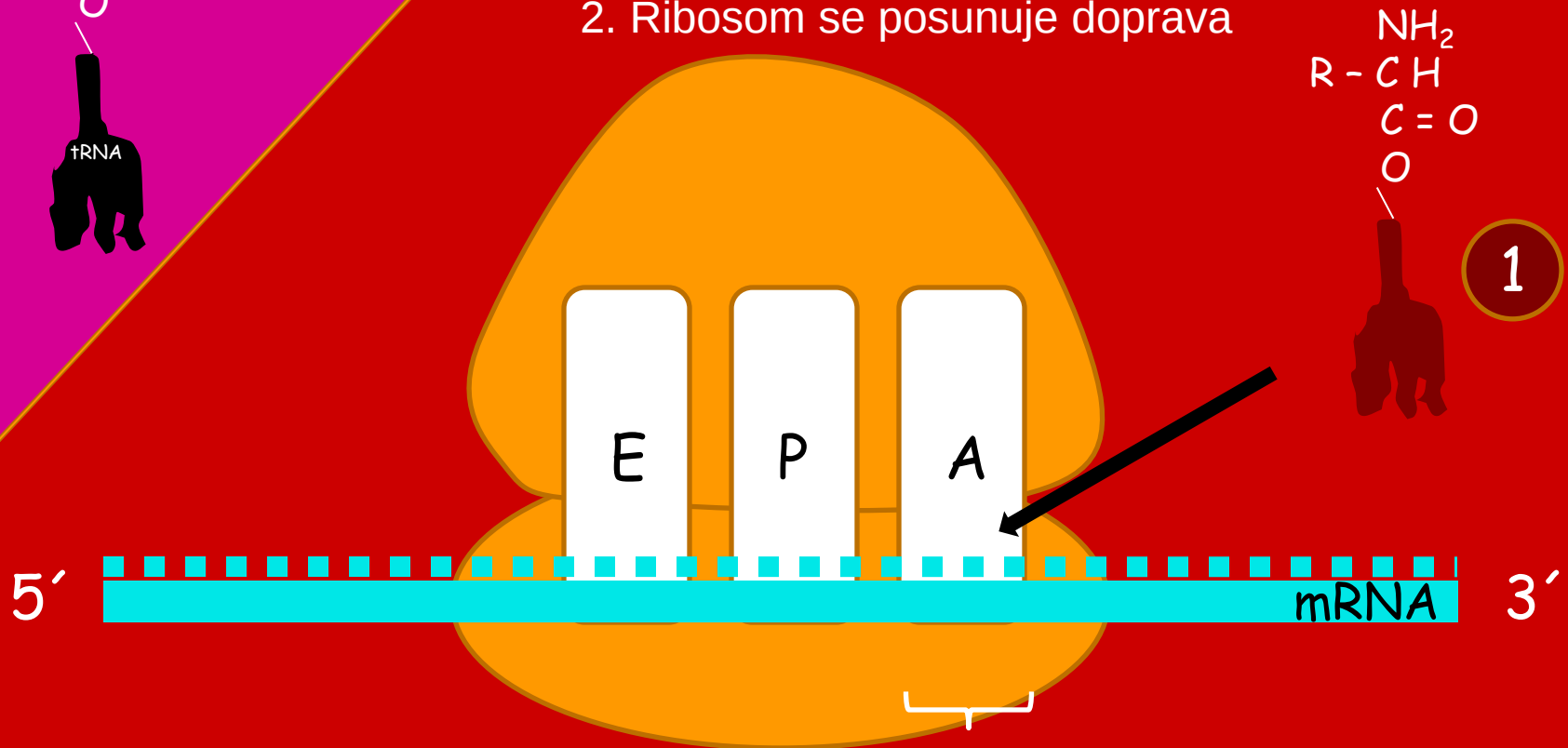


AK ~ tRNA

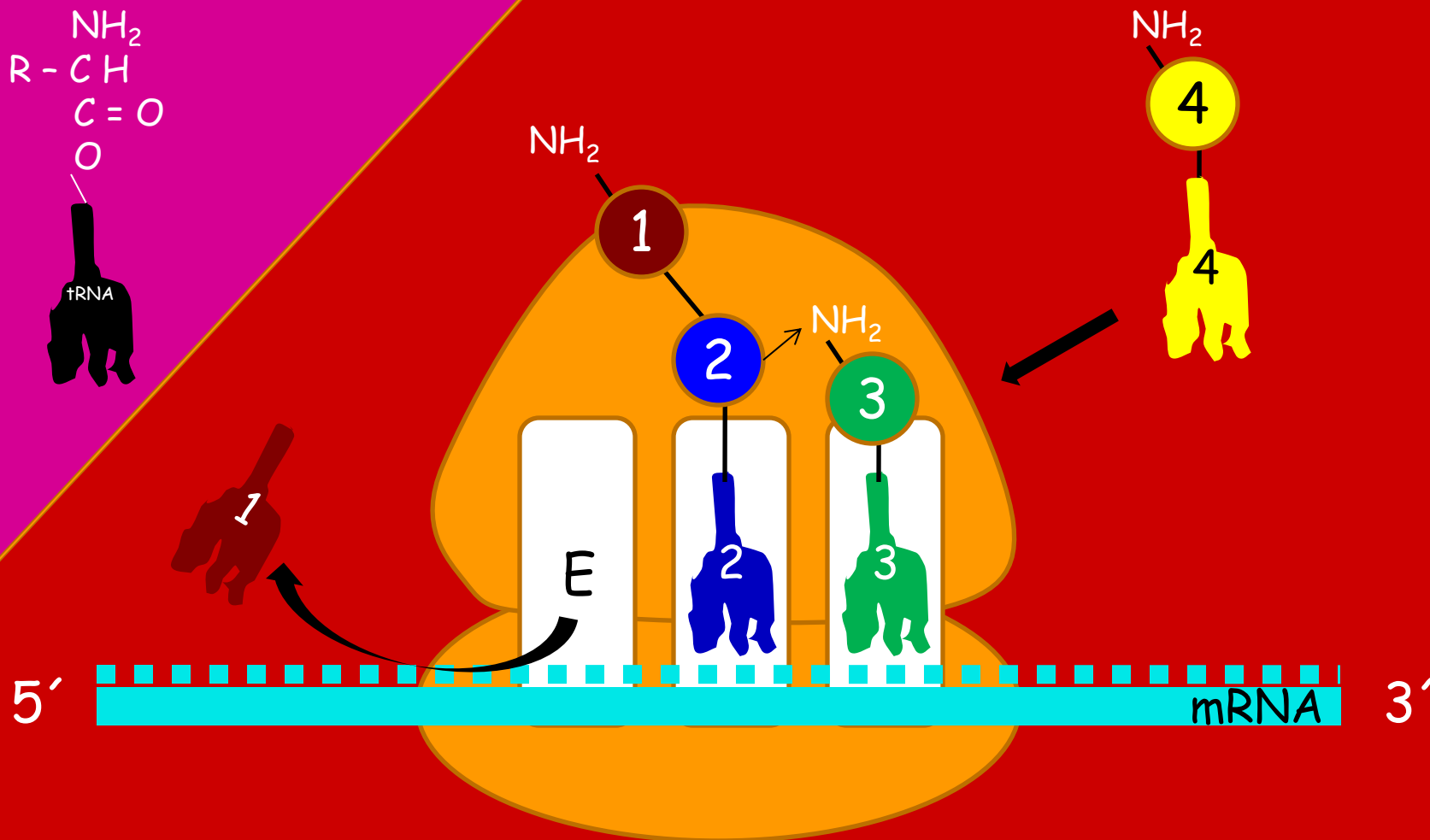


Fáze translace:

1. První AK najde komplementaritou první kodon v mRNA v **místě A**
2. Ribosom se posunuje doprava

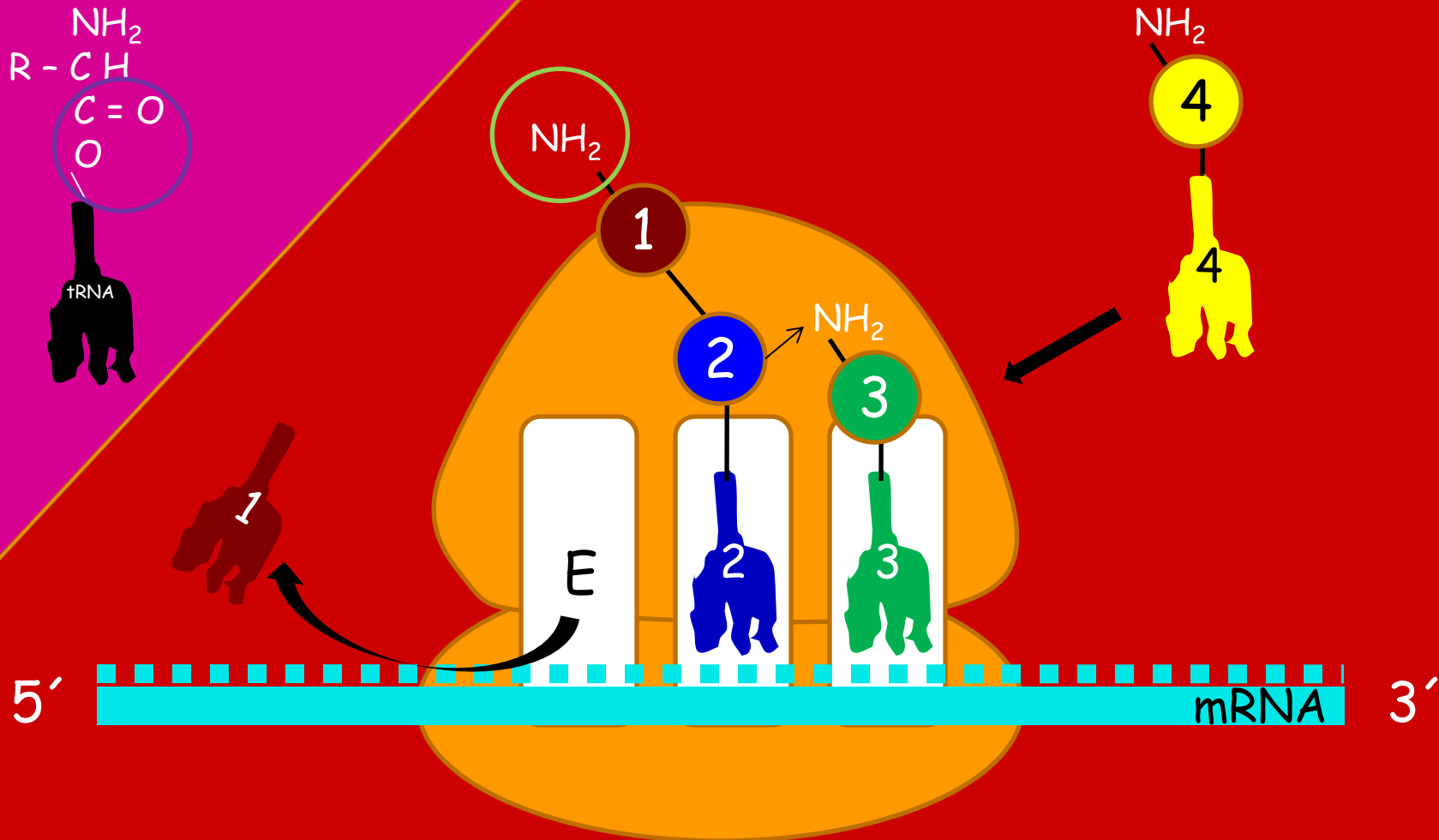
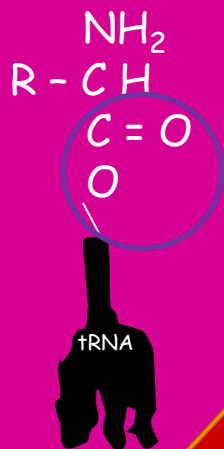


První triplet nukleotidů
= první kodon
= kodon pro první AK



Fáze translace:

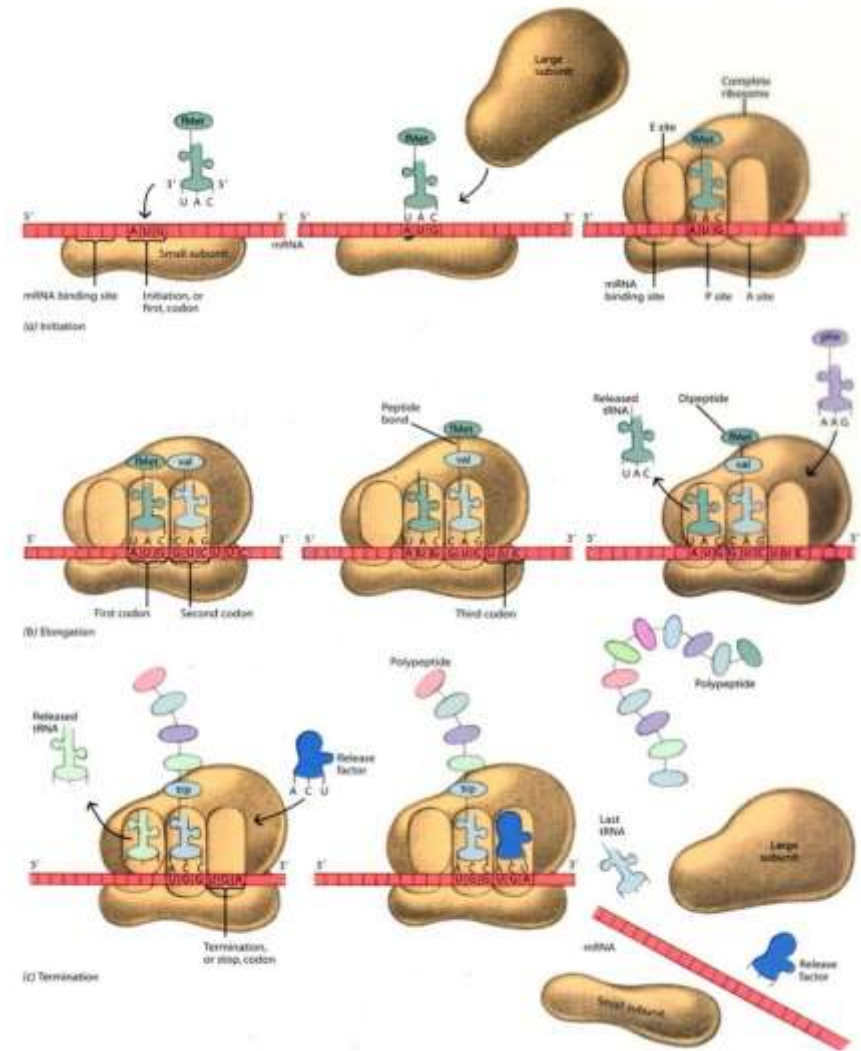
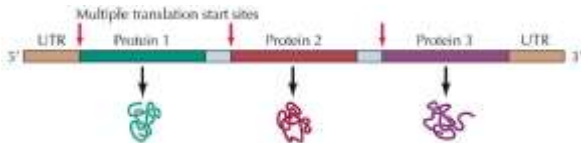
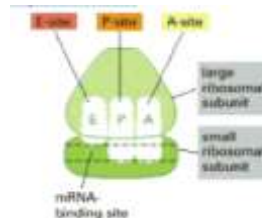
3. První AK se včlení do **místa P** a druhá AK do **místa A**
4. První peptidylová vazba vzniká mezi AK1 a AK2)
5. Ribosom se posunuje doprava
6. Druhá AK přechází do **místa P**, třetí AK do **místa A**
7. Volná první tRNA je uvolněna z ribosomu v **místě E**



N — C proteinové čtení v databázích a člancích je dány procesem proteosyntézy

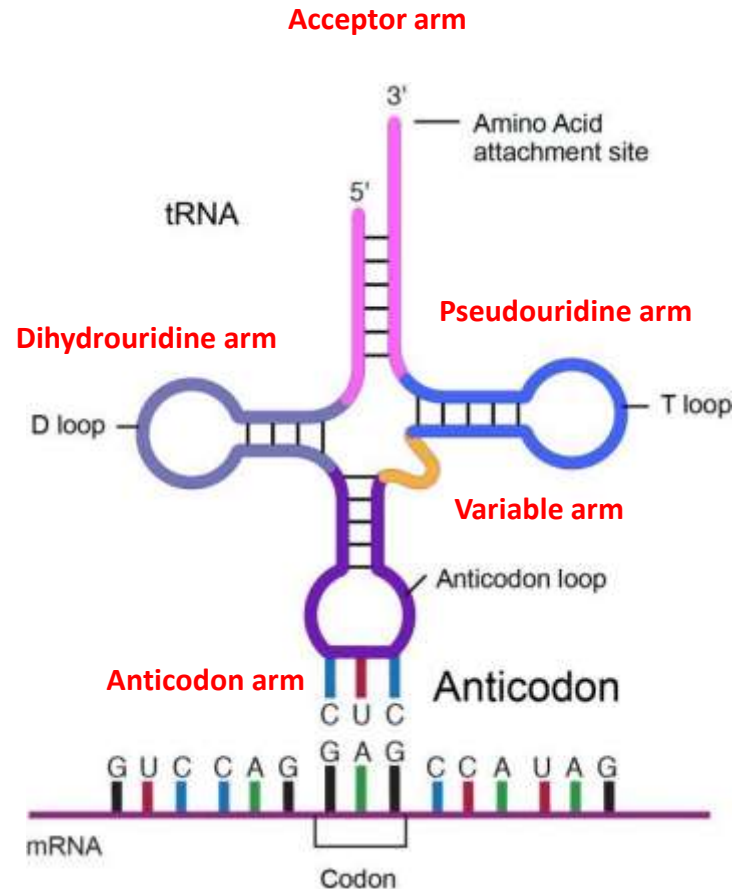
Průběh translace u prokaryont

- V průběhu **iniciují** tvorbu ribosomu, **podporují** translaci a **ukončují** výstavbu peptidu/proteinu **proteinové faktory** ve vzájemné kooperaci:
- IF1, IF2, IF3, EF-Tu, EF-Ts, EF-G, RF1, RF2, RF3
- **Klíčové kroky:**
- Vazba IF na malou podjednotku
- Připojení tRNA a mRNA (Shine-Dalgarnova sekvence, komplementární k 16S rRNA)
- Nasednutí 50S podjednotky
- Aminoacylové místo (A)
- Peptidylové místo (P)
- Výstupní místo (E)



Struktura a funkce tRNA

- **Primární struktura** je tvořena jednořetězcem o délce okolo 80 nukleotidů
- Polynukleotidové vlákno obsahuje potranskripčně modifikované nukleotidy (pseudouridin, inosin, dihydrouridin, aj.)
- **Sekundární struktura** tvoří tvar „jetelového listu“
- Základem sekundární struktury je intramolekulové párování bází (G-C, A-U)
- **Funkcí tRNA** je přinést do tvořícího se peptidového vlákna příslušnou AK podle odpovídajícího tripletu v mRNA
- **Akceptorové rameno** (koncová část CAA-3') pro vazbu AK
- **Variabilní rameno** pro stabilitu tRNA a rozpoznání syntetázami podle tvaru
- **Pseudouridinové rameno** pro vazbu na ribosom
- **Dihydrouridinové rameno** pro vazbu s aminoacyl-tRNA syntetázou (20 druhů enzymů)
- **Antikodonové rameno** pro vazbu s mRNA (specificky dle pravidel degenerovaného genetického kódu)



Jak tRNA pozná správnou AK ?

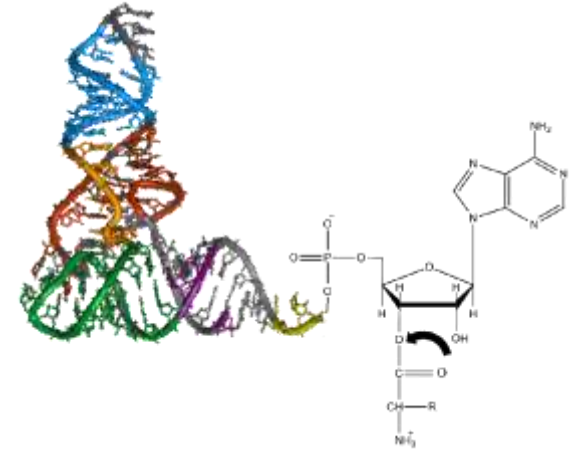
Vazba AK ke správné tRNA zprostředkuje **aminoacyl-tRNA synthetasa** daného typu

Tyto enzymy jsou **zodpovědné za připojení správné AK ke správné tRNA**

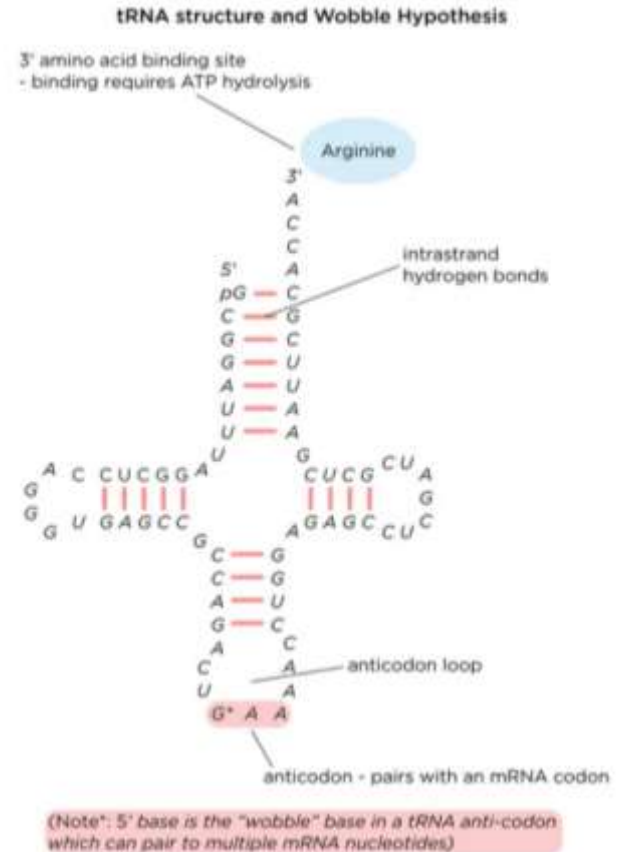
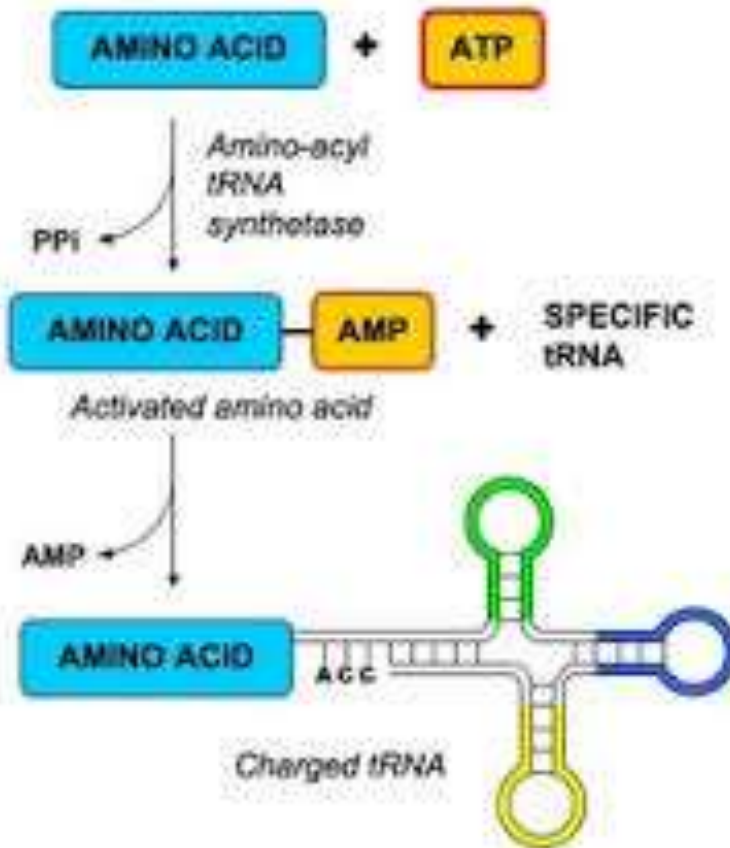
U člověka známo **21 různých typů AK-tRNA** na základě práce **21 aminoacyl-tRNA synthetas**, enzymů je tolik kolik AK je v genetickém kódu

AK jsou **vázány k OH skupině adenosinu přes –COOH skupinu**.

Aminoacyl-tRNA synthetasy **rozpoznávají správnou tRNA** podle konfigurace (**tvar tRNA molekul založený na raménkách tRNA a tvaru AK**), nejen podle struktury antikodonu.



Jak je AK vázána ke správné tRNA ?

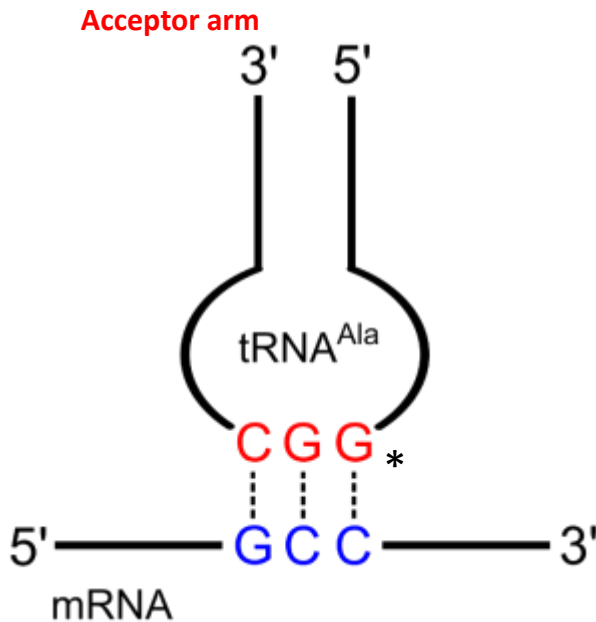


Jakto, že máme 64 kombinací a jen 21 základních AK ?

Úplný soubor vztahů mezi kodony a antikodony určují vztahy mezi kodony a AK (nebo stop kodony) se nazývá **genetický kód**

Wobble pairing: Atypical base pairing between the third position in a codon and anticodon that allows tRNAs to recognize more than one codon.

Degenerate code: Multiple codons in the genetic sequence can encode a single amino acid.



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

Termín degenerovaný genetický kód

Degenerovaný kód znamená, že **více kodonů může kódovat tutéž AK při proteosyntéze (až šesti)**

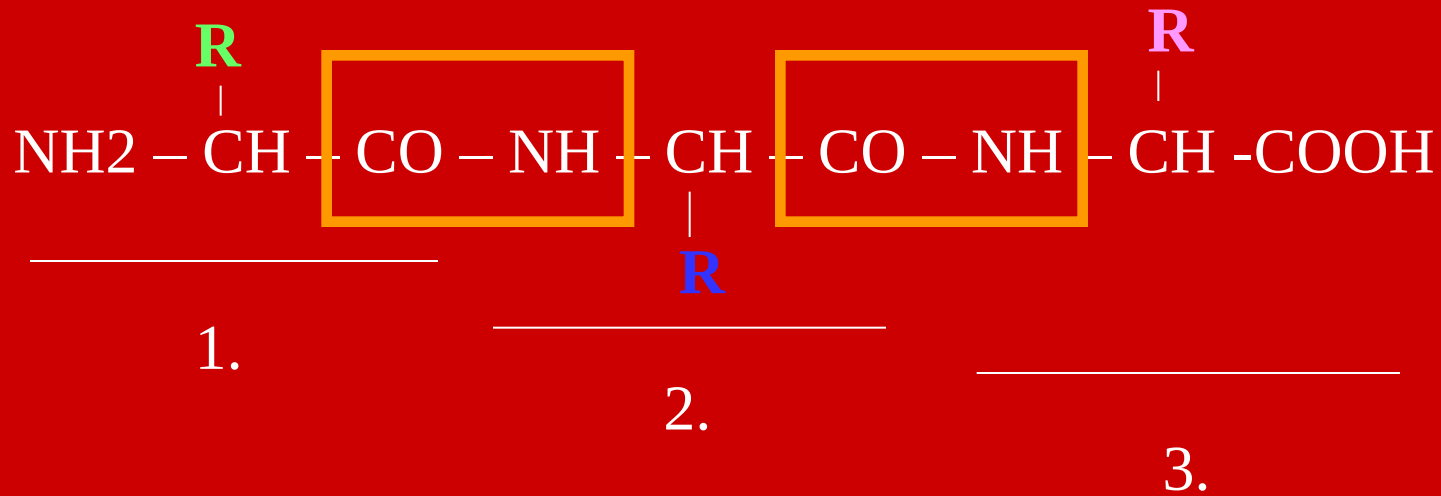
Ale neplatí to obráceně, **žádný kodon nemůže kódovat více než jednu AK**

Degenerovanost poskytuje **ochranu proti možným mutacím v sekvenci DNA** (změna v jednom a v některých případech ve dvou nukleotidech nevede k záměně AK v řetězci)

Degenerovaný kód hraje roli v **evoluci nových proteinů a genových rodin**

Primární struktura peptidů a proteinů

tripeptid

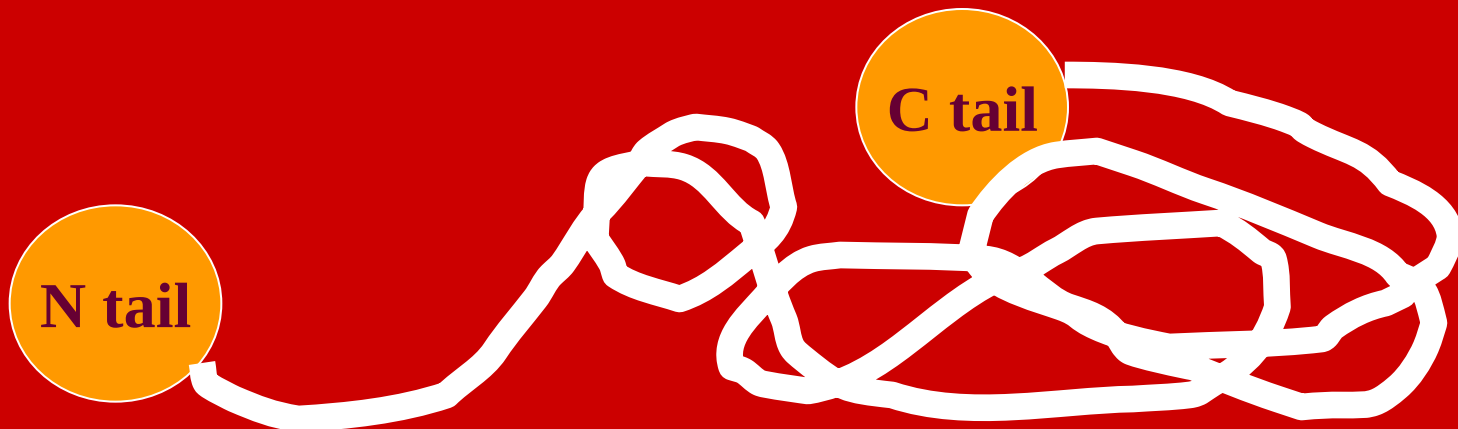
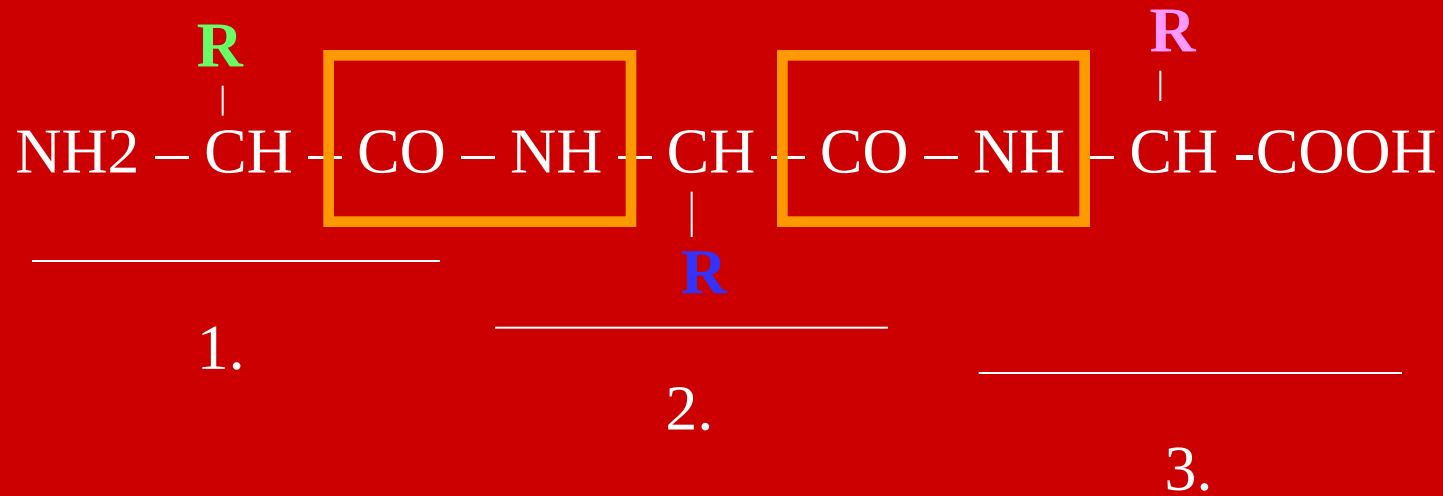


Peptidy a proteiny

- Peptidy: < 100 AK
- Proteiny (polypeptidy): > 100 AK

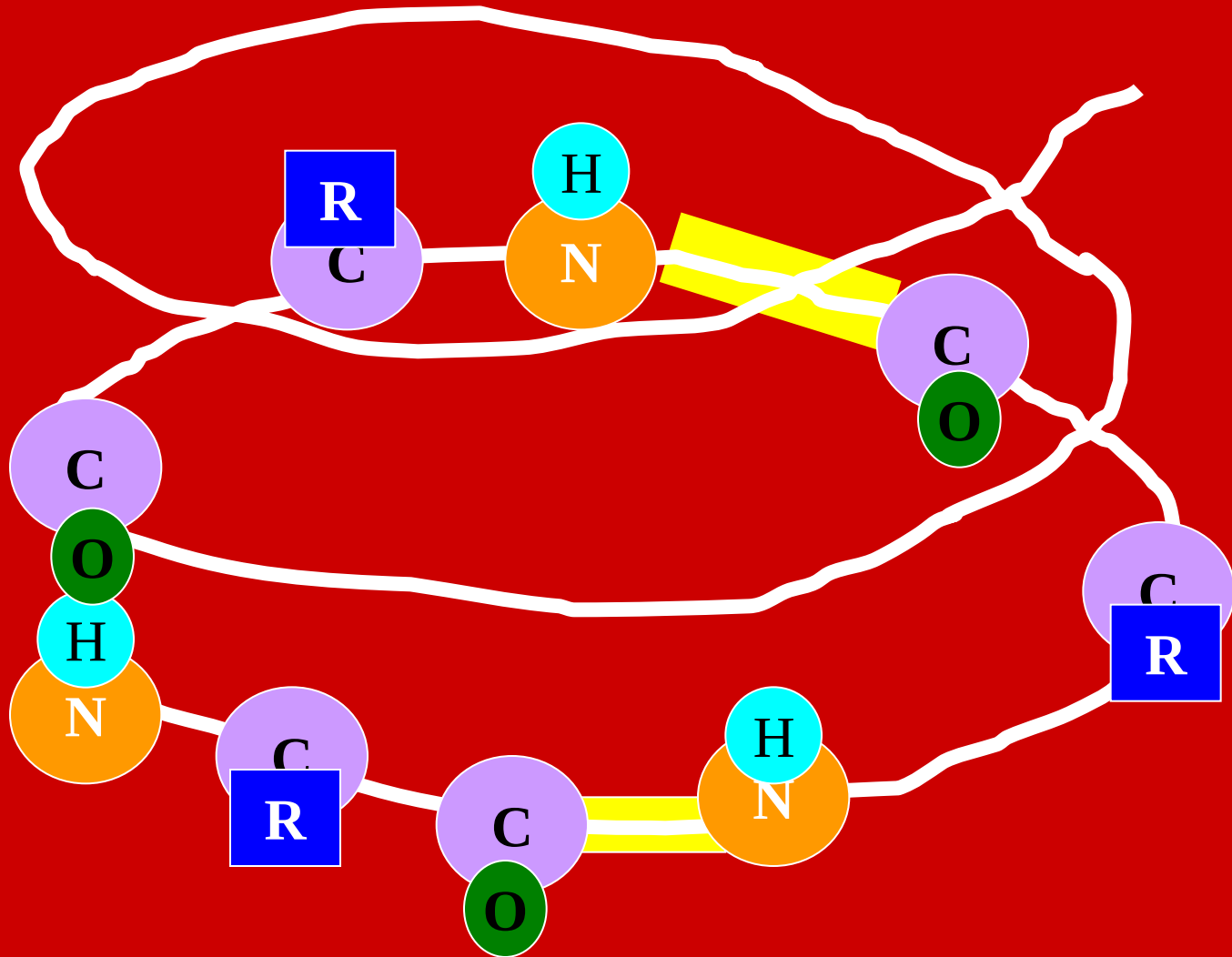
Primární struktura peptidů a proteinů

tripeptid

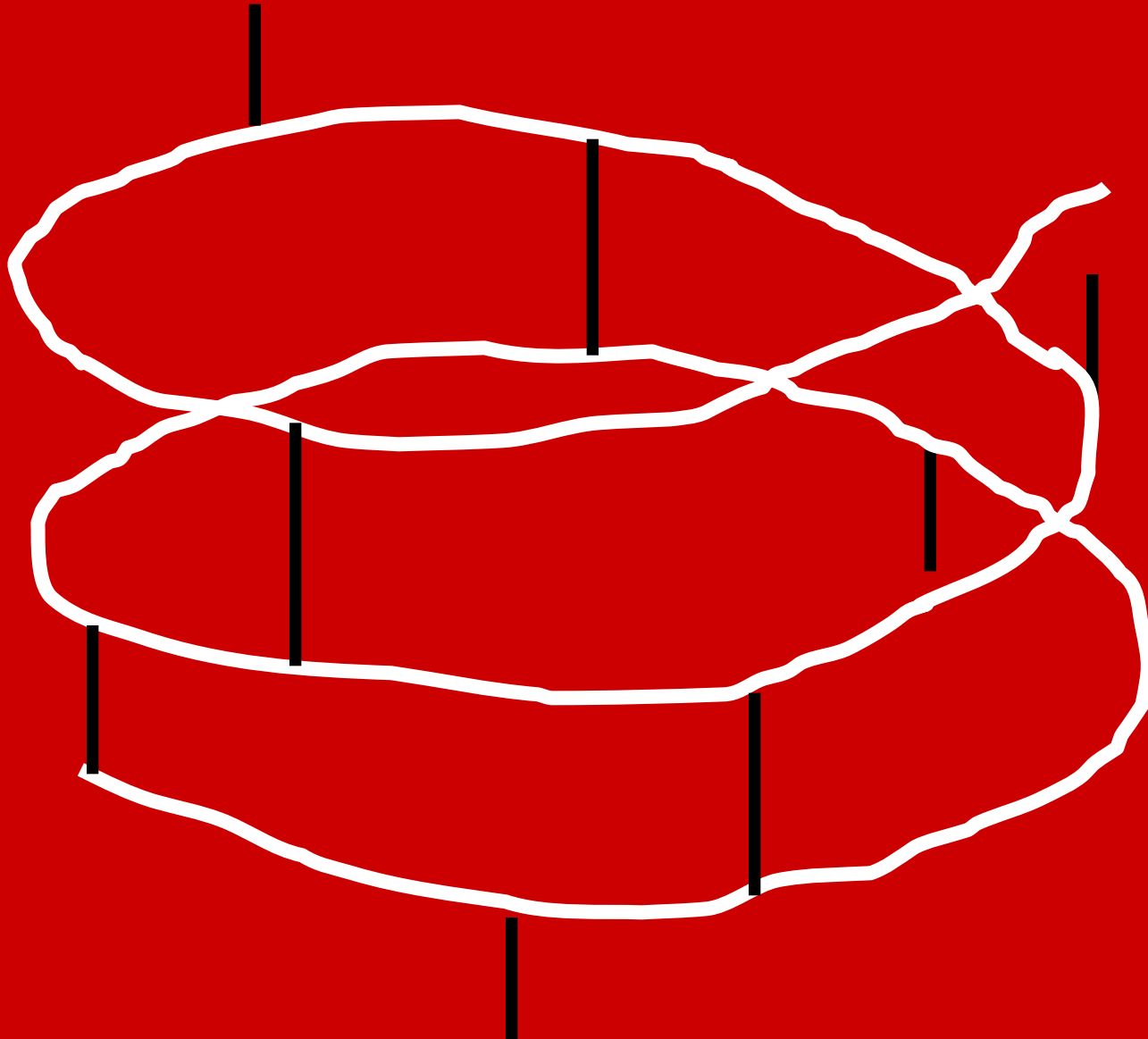


α helix – sekundární struktura proteinů

3 AA = tripeptid

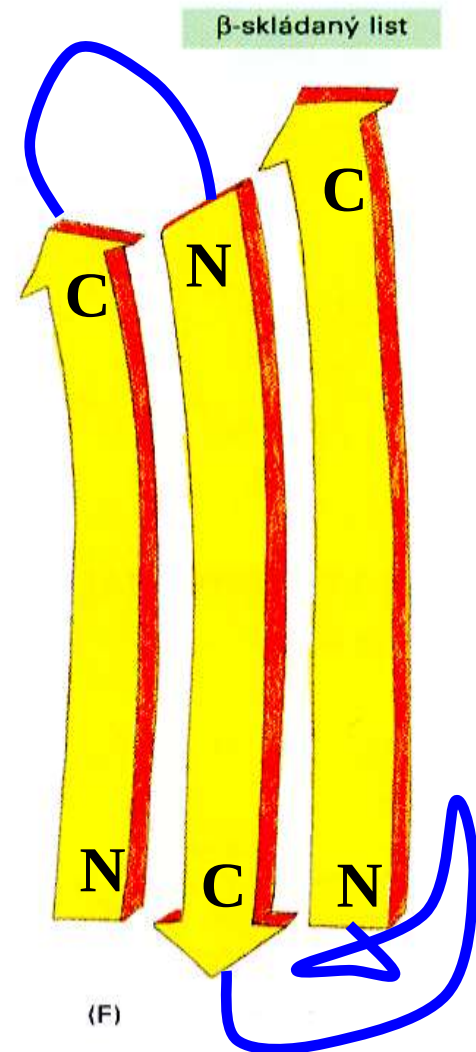
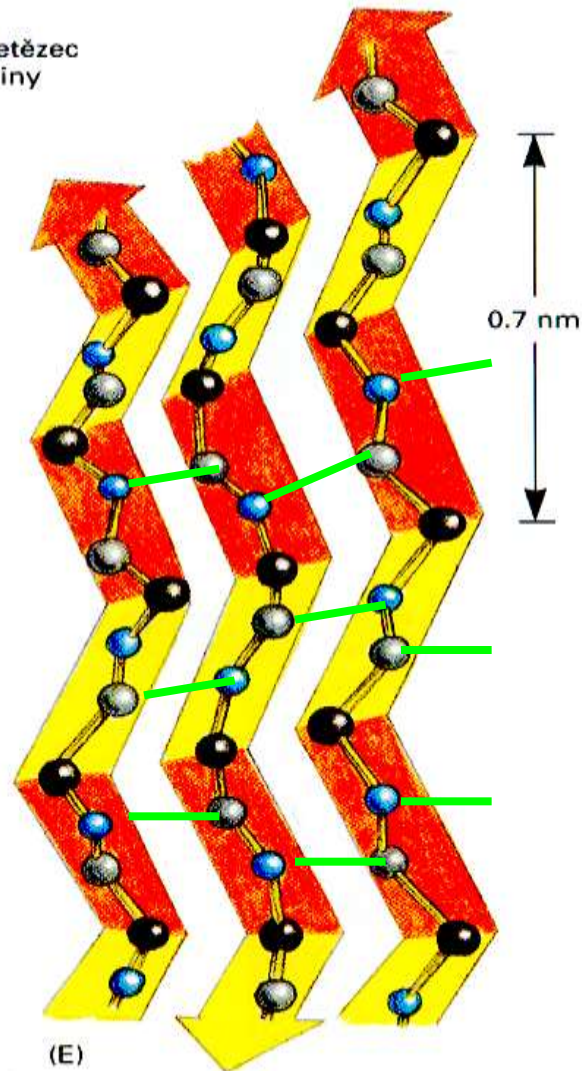
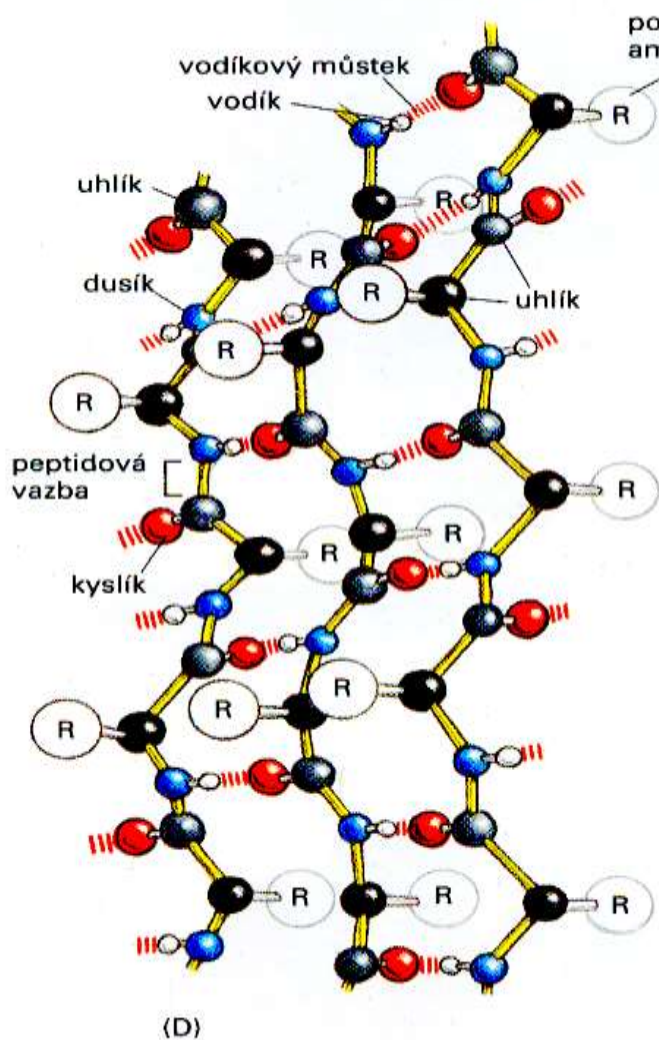


L-aminokyseliny jsou pravotočivé šroubovice s počtem 3,6 AK na jednu otáčku a výškou závitů 0.54 nm



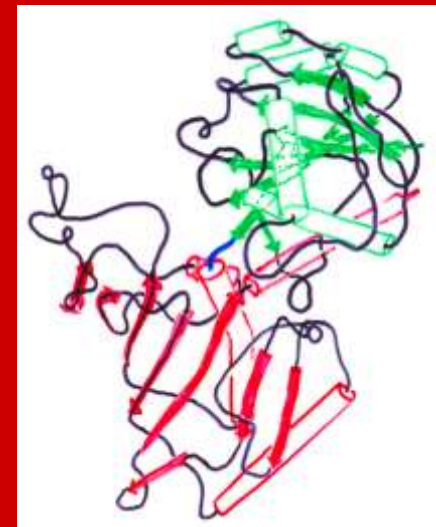
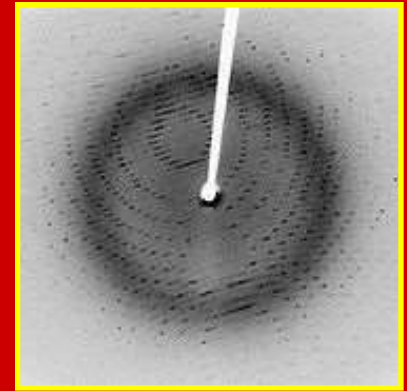
β sheet – sekundární struktura proteinů

● carbon ● nitrogen ● oxygen ● hydrogen



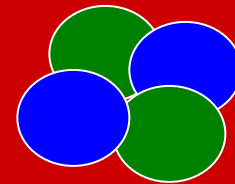
Terciální struktura proteinů

- Různé interakce intra- či intermolekulární poskytují **proteinům tvar**
- RTG difrakce či NMR spektroskopie
- Používáme 3D molekulární modely k predikci
- 25 % proteinové struktury tvoří alfa helix, 25 % beta list, 50 % spojníky bez sekundární struktury
- Myoglobin (má jen alfa helix)
- Konkavalin (má jen beta list)
- **Povrch** - nabitý či nenabitý polární AK
- **Jádro** - nepolární zbytky (Val, Leu, Ile, Phe)
- Zhruba každých 100 AK tvoří proteinovou doménu s různými vazebnými místy



Kvarterní struktura proteinů

- Některé proteiny jsou složeny z více polypeptidových řetězců
= oligomerní proteiny
- Výhoda těchto proteinů: účinnější opravy po poškození proteinu k zachování funkce
- 3D konformace aktivních míst enzymů
- Dospělý hemoglobin $\alpha_2\beta_2$
- Fetální hemoglobin $\alpha_2\gamma_2$



Kolik AK máme v přírodě

- Více než 900 AK
- U člověka v proteinech a peptidech jen 21 z nich (22. AK je pyrrolysin v Archae bakterii)
- Těchto 21/22 AK se zahrnuje do termínu **proteinogenní neboli kódované AK**
- **Selenocystein** přítomen v lidském těle vzácně v některých enzymech (glutathionperoxidasa, glycinreduktasa, formiatdehydrogenasa)
- **Selenocystein a pyrrolysin nemají svůj vlastní kodon**, jsou vřazovány na základě stop kodonu UGA a UAG jsou-li v blízkosti specifické sekvence nazývané SECIS a PYLIS
- Esenciální AK – naše tělo potřebuje tyto AK získat z přírody:
Pvt. Tim Hall
(phenylalanine, valine, threonine, tryptofan, isoleucine, histidine, arginine, leucine, lysine).



Pvt. = private – hodnost vojína v US Army

Nekódované AK

- Ne-proteinogenní AK (NPAAAs) **nejsou přirozeně kódovány lidským genetickým kódem** a prokazatelné v polypeptidovém řetězci
- Avšak tytéž AK mohou být kódované v jiných organismech, např. **baktériích, nižších houbách, rostlinách apod** a zastoupeny v jejich proteinech

Příklady:

Betain = N-substituované AK u rostlin

L-karnitin = lidská AK v lipidovém metabolismu

gama-aminomáselná kyselina /GABA/ = působí v CNS

Homocystein = lidská AK v biochemické cestě methioninu

L-ornithin, L-citrullin = AK v cyklu močoviny (ornithinový cyklus)

Kreatin-fosfát = lidská AK ve svalech

Trijódthyronin, thyroxin = AK obsahující jód

Místo závěru...

Post-translační modifikace proteinů jsou součástí semináře k tématu NK a proteinů