

Otázka: Molekulární genetik a biologie

Předmět: Biologie, Genetika

Přidal(a): Tomáš Pfohl

Odvětví genetiky zkoumající strukturu a funkci genů na molekulární úrovni

Zakladatel klasické genetiky - Johan Gregor Mendel

Centrální dogma molekulární genetiky = schéma popisující přenos genetické informace

- Nositelem genetické informace jsou nukleové kyseliny (DNA, RNA)
- Výsledkem přenosu GI jsou proteiny = podstata všech živých organismů (stavební + řídicí fce)
 - DNA v jádře buňky je nejprve přepsána do řetězce RNA, který je následně na ribozomech přeložen do řetězce aminokyselin = proteinu
- DNA a RNA se mohou replikovat pro účely rozmnožování
- Přenos GI probíhá pouze ve směru DNA → RNA → protein
 - Změny, ke kterým v organismu dojde vlivem vnějšího prostředí, se do GI nepřenáší = Weismannovská bariéra (nelze bílkovina → DNA)
 - Výjimka - retroviry schopné reverzní transkripce (RNA → DNA) = virus HIV

Nukleové kyseliny

Jako zdroj informace v podobě DNA/RNA

- Eukaryota - jádro a semiautonómny organely (mitochondrie + plastidy)
- Prokaryota - nukleoid a plazmidy

Základní stavební jednotkou řetězce je nukleotid = monosacharid (pentoza) + dusíkatá báze + fosfát

DNA = deoxyribonukleová kyselina

- Složení nukleotidu: fosfát + deoxyribóza + báze
 - 4 možné báze - pyrimidinové (thymin, cytosin) purinové (adenin, guanin)
- Primární struktura - pořadí nukleotidů
- Sekundární struktura - prostorové uspořádání - dvoušroubovice = dvě vlákna DNA se obtáčejí kolem jedné osy a interagují spolu
 - Interakce probíhá mezi bázemi pomocí vodíkových můstků (formují a drží řetězce DNA při sobě)
 - Komplementarita bází - struktura bází umožňuje pouze párování dvojic **adenin - thymin** (2 H můstky) **cytosin - guanin** (3 H můstky)
- Dva řetězce DNA jsou vzájemně nesymetrické (jedná se o totožné řetězce, které jsou vůči sobě přetočené) = řetězce jsou **antiparalelní**
 - Řetězec - 5' konec - volný fosfát
 - Řetězec - 3' konec - volný hydroxyl
 - Veškeré biosyntézy probíhají ve směru **5' → 3' konec** (RNA/DNA polymerázy jsou schopné přidávat nukleotidy pouze na volný hydroxyl)
- Objevitelé dvoušroubovice - James Watson a Francis Crick

RNA = ribonukleová kyselina

- Složení nukleotidu: fosfát + ribóza + báze
 - 4 možné báze – pyrimidinové (**uracil**, cytosin) purinové (adenin, guanin)
- Komplementarita bází: **Adenin - Uracil** (2 H můstky)
Cytosin - Guanin (3 H můstky)
- RNA tvořena jedním vláknem, může být různě prostorově smotané (náhodné spojení bází vodíkovými můstky)
- Druhy RNA
 - tRNA (transferová) – v procesu translace přenáší aminokyseliny na ribozom, vzniká řetězec aminokyselin = budoucí protein
 - mRNA (mediátorová) – v procesu transkripce vzniká přepisem z DNA, nese informaci pro vznik proteinu (pořadí nukleotidů je vzorem pro pořadí aminokyselin)
 - rRNA (ribosomální) – tvoří ribozom, na kterém probíhá translace

Proteiny

Funkce

- Stavební (kolagen, elastin, keratin)
- Transportní a skladovací (hemoglobin, membránové přenašeče)
- Zajišťující pohyb (aktin, myosin)
- Katalytické, řídicí a regulační (enzymy, hormony)
- Ochranné a obranné (imunoglobulin, fibrin, fibrinogen)

Základní stavební jednotka = aminokyselina

Protein – řetězec aminokyselin

Protein (bílkovina) - relativní molekulová hmotnost je větší než 10 000 (cca. 100 AMK)

Peptid - Mr je menší než 10 000 (méně jak 100 AMK)

Struktura aminokyselin

- Primární = pořadí aminokyselin (AMK)
- Sekundární = vzájemné prostorové uspořádání jednotlivých úseků řetězce
- α -helix - pravotočivá šroubovice
- β -skládaný list - rovnoběžné uspořádání řetězců AMK + propojení vodíkovými můstky
- Terciální = prostorové uspořádání celého řetězce
- Globulární struktura - zabalení řetězce do klubka
- Fibrilární - tvar vlákna
- Kvartérní - je závislá na prostředí, ve kterém se protein/peptid nachází

Vzájemná interakce více proteinů - tvorba složitějších struktur (hemoglobin)

Genetický kód

Soubor pravidel, který umožňuje převedení genetické informace z pořadí nukleotidů DNA resp. RNA do řetězce aminokyselin

RNA - 4 možné nukleotidy (4 různé báze)

Bílkovina - 20 možných AMK

- Jednu AMK kóduje trojice nukleotidů = tripletový kodon
- Celkem 64 možných tripletů ($V_3(4) = 4^3 = 64$), avšak pouze 20 AMK
 - Degenerovaný kód = jednu AMK může kódovat více tripletů (celkem 61)

kódujících tripletů)

- AUG – startovací kodon (iniciační triplet) – vždy nese AMK methionin
- 3 stop kodony (UAA, UAG, UGA) – nekódují žádnou AMK, ukončují proces translace

Čtení sekvence nukleotidů je nepřekrývané – postupné čtení nukleotidů za sebou

Genetický kód je univerzální – většina živočichů používá stejný kód (→ předpoklad, že se život vyvinul z jednoho předka)

Gen

Část sekvence DNA nesoucí informaci

3 typy

- Strukturní – kódují strukturní bílkoviny
- Geny pro RNA – nejsou určeny k translaci = tRNA, rRNA
- Regulační geny – úsek DNA, na který usedá regulační protein (viz. dále)

Genová exprese = Proces převedení genetické informace na reálně existující buněčnou strukturu nebo funkci (bílkovina x RNA X regulační protein)

Replikace

= Zdvojení DNA

S fáze (syntetická) buněčného cyklu

Probíhá v jádře buňky a semiautonomních organelách

Vzor/matrice/templát	Jedno z vláken DNA
Materiál na výrobu	Volné nukleotidy (A, T, C, G), do jádra pronikají jadernými póry
Enzymy	DNA polymerázy
Energie	ATP

Průběh

- Rozpletení dvoušroubovice
- místo **ORI** (ORIGO) - zde začíná na řetězci vlastní replikace
- v místě ORI dochází k oddálení řetězců - vzniká **replikační vidlice** (rozevření dvoušroubovice - zpřístupnění vláken)
- replikační vidlice v obou směrech = replikační oko
- současně může vznikat více míst ORI
- Ke každému řetězci původní DNA je dle pravidla komplementarity dusíkatých bází (A ↔ T, C ↔ G) syntetizováno nové vlákno

→ replikace je semikonzervativní = v nově vzniklé DNA je jeden řetězec nový, druhý původní

Enzymy účastnící se replikace

- DNA polymeráza I - umožňuje nahrazení RNA primerů (viz. dále)
- DNA polymeráza II - oprava DNA v případě, kdy replikační vidlice narazí na poškozený úsek
- DNA polymeráza III - navazuje nukleotidy na nově vznikající řetězec
- Helikáza - narušuje vodíkové vazby mezi bázemi → rozpojení dvoušroubovice
- Topoizomeráza - odstraňuje vznikající pnutí v dvoušroubovici způsobené otíráním replikační vidlice (hromadění závitů)

- Ligáza – spojuje Okazakiho fragmenty (viz. dále)

Problém replikace- všechny buněčné biosyntézy včetně replikace probíhají pouze ve směru **5' konec → 3' konec** (3' konec poskytuje volný hydroxyl pro napojení nukleotidu).

Dvoušroubovice DNA je však tvořena dvěma antiparalelními vlákny

- Na prvním vlákně (3' → 5') probíhá replikace snadno, neboť vznikající řetězec (musí být antiparalelní, tedy 5' → 3') poskytuje volný 3' konec. Tento řetězec je **vedoucí**. Syntéza probíhá blízko replikační vidlice.
- Na druhém vlákně (5' → 3') ovšem vzniká řetězec 3' → 5', který poskytuje nepoužitelný 5' konec a syntéza tohoto řetězce je složitější a delší. Vznikající řetězec je **opožděný**. Syntéza probíhá na opačném konci od replikační vidlice. Opožděný řetězec dohání řetězec vedoucí.

Průběh syntézy opožděného řetězce

- Vytvoření **RNA primeru** = krátkého oligonukleotidu, který poskytuje volný 3' konec
- Na volný 3' konec se klasicky připojí krátký úsek odpovídající DNA

RNA primer + úsek DNA = **Okazakiho fragment**

- Blíže k replikační vidlici se vytvoří nový RNA primer a celý proces se opakuje
- Nakonec DNA polymeráza I nahradí nukleotidy primeru správnými nukleotidy DNA, ligáza jednotlivé úseky DNA spojí v konečný zreplikovaný řetězec

Replikace je semidiskontinuální – vedoucí řetězec je tvořen kontinuálně (spojitě), zatímco opožděný diskontinuálně (postupná tvorba úseků, které se ve finále spojí).

Prokaryota

- Jedna kruhová dvoušroubovice DNA

- 1 místo ORI
- Tvoří replikační oko (2 vidlice proti sobě)

Eukaryota

- Delší DNA, více místo ORI → tvoří **bublínkový model**
- Histony si ponechává vedoucí řetězec
- Problém nedoreplikovaných konců
- Při replikaci nelze nahradit poslední primer řetězce → při každém replikování se zkracují koncové části chromozomu = telomery (je zde k tomu určená sekvence nukleotidů, která nese geny)
- Vypotřebením sekvence telomery → buňka se přestává dělit, neboť by zkracovala DNA v místě, kde se již nachází geny → stárnutí
- Telomeráza - reverzní transkriptáza schopná obnovit ubývající nukleotidy telomery
- Nachází se pouze v neustále se dělících buňkách - pohlavní buňky, pokožka
- Rakovina - aktivace telomerázy v normálních buňkách → neomezené dělení

Transkripce = Přepis

1. fáze proteosyntézy (výroby proteinu z GI) = přepis genetické informace z DNA do RNA

Místo: Eukaryota - jádro

Prokaryota - cytoplazma

<i>Vzor/matrice/templát</i>	Jedno z vláken DNA
<i>Materiál na výrobu</i>	Volné nukleotidy (A, U, C, G), do jádra pronikají jadernými póry

Enzymy	RNA polymerázy
Energie	ATP

Přepisuje se pouze jeden řetězec dvoušroubovice (GI je pouze v jednom řetězci, liší se od GI na odpovídajícím úseku druhého řetězce) → nutno zvolit správný řetězec + najít začátek genu

- Začátek genu určuje **promotor** - nachází se na řetězci, který není matricí (5' → 3')
- TATA box - sekvence 7 nukleotidů (TATAAAA) - značí začátek transkripce
- RNA polymeráza rozpozná promotor a zahájí transkripci na druhém řetězci

Průběh

- Oddálení řetězců DNA - vznik **transkripční bubliny** v oblasti promotoru
- RNA polymeráza zahájí transkripci na řetězci 3' → 5' (vznikající vlákno je vždy antiparalelní a musí mít volný 3' konec, tj. 5' → 3')
- Podle pravidla komplementarity bází (A → U, C ↔ G, T → A) jsou na volný 3' konec vznikajícího řetězce postupně přidávány nukleotidy

Krátkodobě vzniká dvoušroubovice RNA + DNA

Po matrice se se pohybuje více RNA polymeráz - tvoří „vánoční stromeček“

Produkt transkripce:

- **pre-mRNA** (prekurzorová) = primární transkript - před translací musí být upravena
- Eukaryota - vznik pre-mRNA → nutná úprava
- Prokaryota - vzniká RNA, může být bezprostředně použita pro translaci
- **tRNA** (transferová) - méně jak 100 nukleotidů
- pomocí H vazeb se formuje do terciální struktury - trojlístku

- nese antikodon = triplet nukleotidů, který podle komplementarity odpovídá kodonu (tripletu) na mRNA
- Na základě svého specifického antikodonu nese tRNA určitou aminokyselinu
- **rRNA** (ribosomální)
- tvoří ribozomy, na kterých probíhá translace
- kódovány na 5 chromozomových párech – jednotlivé úseky se k sobě přikládají a tvoří jadérko – viditelnou organelu (v určité fázi buněčného cyklu)

Posttranskripční úpravy (probíhají v jádře)

- Sestřih – pre-mRNA obsahuje úseky kódující gen (= exony) a nekódující úseky (= introny)
- Vystříhání nepotřebných intronů – zůstanou v jádře jako stavební materiál
- Zbylé exony se pospojují a vytvoří funkční RNA
- Různé varianty sestřihu dávají různé RNA → různé bílkoviny
- Aparát sestřihu: s_n RNA + 6 proteinů
- Úprava konců RNA
- 5' konec se označí methylguanosilovou čepičkou
- 3' konec se upraví polyadenilací

Návod na transkripci a translaci

- Zvolíme si vhodný řetězec DNA (3' → 5'), aby vznikající vlákno bylo 5' → 3'
- Podle komplementarity bází provedeme transkripci
- Na vzniklém vlákně RNA nalezneme iniciační triplet AUG
- Od tohoto tripletu pokračujeme dál v původním směru transkripce, pro každý následující triplet nukleotidů (kodon) určíme podle tabulky odpovídající AMK
- Nemůžeme-li nalézt AUG, zkontrolujeme správnost směru transkripce
- Pokud se stále nedaří, zreplikujeme původní řetězec DNA (bylo-li zadáno pouze 1

vlákno)

Translace = překlad

2. fáze proteosyntézy = převod informace z pořadí nukleotidů mRNA (resp. jejich tripletů) do sekvence aminokyseliny = proteinu

mRNA vzniklá transkripcí opouští jádro a na ribozomech je použita k translaci

Místo: Eukaryota - ribozomy drsného endoplazmatického retikula (semiautonomní organely mají vlastní prokaryotní ribosomy)

Prokaryota - volné ribozomy v cytoplasmě

<i>Místo (zprostředkovatel)</i>	Ribozom
<i>Vzor/matrice/templát</i>	mRNA
<i>Materiál na výrobu</i>	Aminokyseliny vázané na tRNA
<i>Překladač</i>	tRNA
<i>Energie</i>	GTP

Proteosyntetický aparát: mRNA, tRNA, ribozomy, GTP, bílkovinné faktory, aminokyseliny

Transferová RNA

- 20 druhů (20 možných aminokyselin)

- Terciální struktura jetelového trojlístku
- Na řetězci mRNA je vyhledán kodon komplementární s antikodonem tRNA → nasednutí tRNA na kodon → uvolnění dané aminokyseliny pro tvorbu řetězce

Ribosom

- Velká a malá podjednotka, tvořen rRNA
- Prokaryota: 30s a 50s → dohromady 70s (Svedberg – jednotka sedimentačního koeficientu = čas, za který dojde k sedimentaci látky po její centrifugaci)
- Eukaryota: 40s a 60s → dohromady 80s
- Podjednotky ribosomu jsou normálně rozpojené, po zahájení translace dojde ke spojení
- 2 vazebná místa (někdy uváděna 3):
- A místo = aminoacylové – vazba tRNA nesoucí novou přichozí aminokyselinu
- P místo = peptydylové – vazba tRNA nesoucí vznikající polypeptid

Průběh

• **INICIACE**

- Aktivace aminokyseliny – navázání AMK na tRNA s příslušným kodonem → vzniká aminoacyl-tRNA. Proces zajišťuje enzym aminoacyl – tRNA syntetáza
- Menší podjednotka ribosomu se naváže na mRNA
- Iniciační tRNA (= antikodon pro AUG, nesoucí methionin) postupuje společně s malou podjednotkou po řetězci mRNA, dokud nenarazí na kodon AUG → počátek translace

• **ELONGACE**

- Po nalezení AUG připojení velké podjednotky ribosomu
- tRNA se naváže na P místo – nese methionin
- tRNA s antikodonem pro další triplet mRNA usedne na A místo (přináší novou AMK)
- Mezi methioninem a přichozí AMK vznikne peptidická vazba → tvorba řetězce
- Následně se uvolní první tRNA a odchází pryč
- V pořadí druhá tRNA přesedá na P místo (poskytla aminokyselinu, nyní drží vznikající řetězec AMK)
- Na A místo přichází nová tRNA s další aminokyselinou

- Ribozom se postupně posouvá po mRNA (malá podjednotka vždy o tři nukleotidy, velká podjednotka ji opožďeně následuje)
- Opakování procesu → prodlužování řetězce AMK

TERMINACE

- Nalezení stop kodonu → navázání terminačního faktoru
- Ukončení translace, rozpojení ribosomů a uvolnění mRNA
- Vzniklý polypeptid později podléhá dalším úpravám

Polyribosom – po jedné mRNA jde více ribosomů

Prokaryota

- Translace začíná před ukončením transkripce
- Antibiotika inhibují proteosyntézu prokaryot (streptomycin, chloramfenikol)
- Brání bakteriím v rozmnožování a růstu, avšak poškozují semiautonomní organely tělních buněk (mají prokaryotický původ)

Eukaryota - translace probíhá až po posttranskripčních úpravách

Posttranslační úpravy

- Eukaryota - uvnitř endoplazmatického retikula
- Uvedení bílkoviny do funkce - vytvoření kvartérní struktury
- Úprava řetězce - štěpení (inzulín), spojení, glykosylace (připojení sacharidu - peptidoglykan)

Translační úpravy

- Během translace
- Fosforylace či tvorba disulfidické vazby
- Formování sekundární a terciální struktury bílkovin

Genetika na úrovni buňky

Prokaryota

- Nukleoid – kruhová DNA v centrální části buňky, nemá obal → není jádro
- Všechny geny jsou v jedné formě – pouze jeden prokaryotický „chromozom“ (absence druhého homologního chromozomu → buňka je „haploidní“)
- 2000 – 4000 genů, nejlépe prozkoumaným organismem je bakterie E. coli
- Související geny (např. enzymy jedné metabolické dráhy) jsou řazeny za sebou =

OPERON

+ jsou přepisovány do jedné mRNA

- Při replikaci jedno místo ORI, tvoří replikační oko
- Transkripce – vzniklý primární transkript je jako mRNA rovnou použit pro translaci
- Translace – menší ribozomy + iniciační triplet kóduje formylmethionin

Řízení proteosyntézy

- Probíhá na úrovni transkripce i translace
- Řízení pomocí indukce (spuštění genové exprese) a represe (potlačení)
- Součástí operonu je **operační gen** – zajišťuje přepis genů v operonu

- Zablokování operačního genu (pomocí represoru) = zablokování přepisu DNA
 - Před operonem se nachází úsek nukleotidů - **regulační gen**
- Přepisem a překladem tohoto genu vzniká bílkovina **represor**, která může zablokovat operační gen/za určitých podmínek odblokovat

- Represor má dvě možnosti vazby
 - Jako **INDUKTOR** = vazba na substrát
- Represor se váže na substrát → zanechává operační gen volný, tudíž probíhá proteosyntéza operonu
 - Jako **KOREPRESOR** = vazba na operační gen
- Zablokování operačního genu → znemožnění proteosyntézy
 - Názorný příklad: geny operonu kódují enzymy, které se podílí na odbourání nějaké látky (substrátu). Pokud je substrátu přebytek, represor se naváže přednostně na substrát → operační gen je volný a probíhá tak syntéza enzymů. Jakmile enzymy substrát odbourají, represor se naváže na operační gen, čímž zastaví další syntézu enzymů (nejsou již dále potřeba)

Plazmidy

- Malé kružnicové DNA v cytoplasmě
- Replikace nezávisle na nukleoidu
- Geny, bez kterých se buňka obejde

- Obsahují nadstandardní GI - rezistence vůči antibiotikům či míra patogenity
 - Lehce se začleňují do nukleoidu + bakterie jsou schopné je začlenit do genomu jiných organismů (rostlin) → využití v genovém inženýrství
 - Genom = soubor všech genů buňky = u prokaryot nukleoid a plazmidy

Eukaryota

- Genom je jaderný (DNA v jádře) a mimojaderný (semiautonomní organely)
- Jaderná DNA
- Většinu času v podobě **chromatinu** = nekondenzovaná a nespiralizovaná vlákna DNA, namotaná na bazické bílkoviny = **histony**
- Během dělení dochází ke kondenzaci a spiralizaci chromatinu do poutlicovitých útvarů = **chromozomů** (jsou viditelné pod mikroskopem)
- Během dělení vznikají replikací chromozomu 2 sesterské chromatidy
- **Centromera** = nezreplikovaná část chromozomu
- Spojuje obě chromatidy
- Místo připojení dělicího vřeténka (pomocí mikrotubulů)
- Dělí chromozom na 2 ramena: p rameno a q rameno

Buněčný cyklus

- G1 fáze
- Po dělení buňky
- Růst, syntéza bílkovin
- S fáze (syntetická)
- Replikace DNA
- G2 fáze
- Odpočinek, příprava na dělení
- M fáze (mitotická)
- Proběhne mitóza

Chromozomy

- Tělní buňky
- 2 sady chromozomů (každá sada od jednoho z rodičů) → buňky jsou **diploidní**

- Chromozomy ze dvou sad patřící k sobě = **homologické** (tvoří pár)
- Homologické chromozomy nesou stejné genové lokusy = **LOKUSY**
- Geny v těchto lokusech se však vyskytují v různých formách (variantách) = **ALELY**
- Pohlavní buňky
- Pouze jedna sada chromozomů (otec nebo matka) → buňky jsou **haploidní**

Chromozomy člověka

- Celkem 23 homologických párů chromozomů
- 22 párů **autozomů**
- 1 pár **gonozomů** = pohlavních chromozomů

Muž - heterologní pár chromozomů (každý jiný) → XY

Žena - homologní pár chromozomů → XX

- Karyotyp = soubor všech chromozomů

Genetické odlišnosti eukaryot

- Replikace
- Začíná z více míst ORI - tvoří bublinkový model (→ rychlejší replikace)
- Histony si ponechává vedoucí řetězec
- Geny se nepřekrývají
- Replikon - úsek DNA, která se replikuje z jednoho začátku (→ DNA se replikuje po úsecích = replikonech)
- Transkripce
- Pre-mRNA je upravena na mRNA
- 1 mRNA = 1 gen
- Nepotřebné úseky (introny) se vystříhají → zůstává sekvence exonů

Dělení buňky

Amitóza - nesprávné dělení buňky mimo mitotickou fázi

- Přímé dělení buňky bez vytváření chromozomů a dělicího vřeténka
- Degenerující a nádorové buňky

Mitóza - dělení mateřské buňky, jehož cílem je zajistit rovnoměrné předání nezredukované genetické informace dceřiným buňkám

- Složitý proces dělení jádra
- 1 diploidní rodič → 2 diploidní potomci
- **Fáze:**
 - Profáze
 - Spiralizace a kondenzace chromatinu (2 chromatidy)
 - Rozpad jaderné membrány
 - Rozdělení **centrozomu** - obě části putují k opačným pólům buňky, kde vytváří ještě nevyvinutá **dělicí vřeténka**
 - Metafáze
 - Srovnání chromozomů do ekvatoriální roviny
 - Dělicí vřeténka jsou již plně vyvinuta
 - Vlákna dělicího vřeténka se upínají na **centromery** chromozomů
 - Anafáze
 - Zkracování vláken dělicího vřeténka → oddělení sesterských chromatid
 - Přitahování chromatid k pólům buňky
 - Telofáze
 - Chromozomy u buněčných pólů, despiralizace na chromatin
 - Vytvoření jaderné membrány kolem chromozomů
 - Zaškrcení buňky → vznik dvou dceřiných buněk (**cytokineze**)

Meióza = redukční dělení

- Snížení počtu chromozomů v buňce
- 1 diploidní buňka → 4 haploidní buňky
- Tvorba pohlavních buněk
- 2 etapy (2 po sobě jdoucí dělení)

Heterotypické dělení

- Snížení počtu chromozomů na polovinu (rozdělení homologických chromozomů)
- 1 diploidní buňka → 2 haploidní
- **Fáze:**
 - Profáze
 - Homologické chromozomy se k sobě přikládají, spojí se do jednoho útvaru = bivalentu (4 chromatidy)
 - Chromatidy se vzájemně obtáčejí a překřížují - dochází k výměně odpovídajících genových okrsků = **Crossing - over**
 - Rozpad jaderné membrány, rozchod centrozomů k opačným pólům buňky

- Metafáze
 - Srovnání chromozomů do ekvatoriální roviny
 - Dělicí vřeténka z centrozomů
 - Vlákna dělicího vřeténka se upínají na centromery chromozomů
 - Anafáze
 - Zkracování vláken dělicího vřeténka → homologické chromozomy putují k opačným pólům buňky (nedochází k rozdělení chromatid jednoho chromozomu, ale k rozdělení celého páru dvou homologických chromozomů - každý chromozom putuje do jedné z dceřiných buněk → jsou haploidní)
 - Telofáze
 - Vytvoření jaderné membrány kolem chromozomů
 - Cytokineze

- Telofáze nemusí nastat – okamžité pokračování meiózy (homeotypické dělení)

Homeotypické dělení

- Stejný průběh jako mitóza, v buňkách je však pouze poloviční sada chromozomů
- Haploidní buňky z heterotypického dělení obsahují jeden chromozom (o dvou chromatidách) z homologního páru → v homeotypickém dělení dochází k rozdělení sesterských chromatid tohoto chromozomu
- 2 haploidní buňky → 4 haploidní buňky (jednochromatidové chromozomy)

Buněčný cyklus

- sled dějů od jedné mitózy ke druhé (G1, S, G2, M)
- pokud je buňka v extrémně produktivní fázi, střídá se pouze S a M fázi
- **Interfáze** – G1, S, G2 – období, ve kterém se buňka nedělí (mezi mitózami)
- kontrolní uzel – na začátku G1 fáze
- vyhodnocení, jestli je vhodné pokračovat v cyklu a podniknout mitózu, či pozastavit buněčný cyklus a přečkat určité období v klidovém stádiu = **cystě**
- vstup do jednotlivých fází řízen cykliny
- dependentní kinázy = enzymy aktivované cykliny

→řídí, která fáze nastane