

10

Genetischer Code und Proteinbiosynthese

10.1 Eine Dreiergruppe der DNA-Basen A, T, G, C verschlüsselt eine Aminosäure

Die Umsetzung der genetischen Information nennt man **Genexpression**. Dabei wird die Sequenz der DNA-Nucleotide in die entsprechende Aminosäuresequenz eines Proteins umgesetzt. Das erfolgt in den Schritten **Transkription** und **Translation**. Bei der Transkription entsteht eine mRNA-Abschrift an der DNA-Sequenz. Bei der Translation wird an den Ribosomen des Cytoplasmas die mRNA-Sequenz in die Aminosäuresequenz übersetzt. Bei Eukaryoten wird bei der Transkription zunächst eine prä-mRNA erstellt, die noch zugeschnitten wird, bevor die Translation erfolgt. Eine solche Modifizierung der prä-mRNA zur mRNA wird **RNA-Prozessierung** genannt. Die Codierung der Aminosäuresequenz erfolgt über RNA-Triplets, das heißt jeweils drei Basen codieren eine der 20 Aminosäuren. Ein solches Triplet wird als **Codon** bezeichnet. Es gibt ein Startcodon und drei Stoppcodons. Der **genetische Code** ist universell und redundant. Die Übersetzungsvorschrift wird durch eine Codesonne dargestellt.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 60 „Der Tripletbindingstest knackt den DNA-Code für Aminosäuren“

10.2 Bei der Transkription wird ein DNA-Abschnitt in RNA umgeschrieben

Bei der Transkription bindet die **RNA-Polymerase** an eine **Promotorregion** des Gens und öffnet dort die Doppelhelix. Von dort aus werden entlang dem codogenen Strang der DNA nun komplementäre RNA-Nucleotide angelagert, jeweils an das 3'-Ende der so wachsenden mRNA-Nucleotidkette. Statt Thymin wird Uracil eingebaut. So entsteht eine Kopie des komplementären DNA-Strangs. Diese Sequenz ist auch in Gendatenbanken aufgelistet, da aus ihr direkt die Aminosäuresequenz ermittelt werden kann. An der **Terminatorregion** des Gens wird die einzelsträngige mRNA frei. Auch ribosomale RNA und Transfer-RNA werden so synthetisiert.

10.3 Bei der Translation wird die Basensequenz in die Aminosäuresequenz übersetzt

Die **Translation** erfolgt an den Ribosomen im Cytoplasma. Die Ribosomenuntereinheiten lagern sich an die mRNA, sie bilden sozusagen die Decodiermaschine. Als Übersetzer arbeitet die **Transfer-RNA**. Diese tRNA-Moleküle haben eine Erkennungsstelle, ein **Anticodon**, komplementär zum mRNA-Codon und eine Bindungsstelle für die entsprechende Aminosäure. Spezifische Enzyme beladen die tRNA-Moleküle mit den jeweiligen Aminosäuren.

So beginnt die Translation: Im Ribosom wird am Startcodon der mRNA eine tRNA mit der Aminosäure Methionin (Met) angelagert. Direkt daneben bindet eine zum folgenden mRNA-Codon passende tRNA mit ihrem Anticodon. Am Ribosom werden die beiden Aminosäuren nun durch Peptidbindung verbunden. Die Start-tRNA wird freigesetzt, denn nun rückt die mRNA ein Codon vor. Nun steht die mit Peptid aus zwei Aminosäuren beladene tRNA anstelle der Start-tRNA, sodass daneben wieder eine andere tRNA mit passendem Anticodon gebunden werden kann. Auf diese wird nun das Dipeptid übertragen, die mRNA rückt weiter, die tRNA wird freigesetzt und eine weitere bindet usw. Wird das Stopp-Codon erreicht, wird keine tRNA gebunden. Dann zerfällt das Ribosom in die Untereinheiten und die mRNA und das Polypeptid werden frei. Diese Proteinbiosynthese kann auch an einem mRNA-Strang mit vielen Ribosomen gleichzeitig ablaufen. Diese Struktur nennt man ein **Polysom**.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 61 „Die mRNA wird in eine Aminosäurekette übersetzt“

10.4 Eukaryotische mRNA wird noch im Kern zerschnitten und neu zusammengesetzt

Bei Eukaryoten entsteht bei der Transkription prä-mRNA, die vor der Translation noch verändert wird (**Prozessierung**). Die prä-mRNA enthält Abschnitte ohne Information für das zu erstellende Polypeptid, die **Introns**, und Abschnitte für die Genexpression, also die Proteinbiosynthese, die **Exons**. Durch das Spleißen werden die Introns herausgeschnitten und die Exons zur mRNA zusammengesetzt. Beim alternativen Spleißen werden die Exons auf unterschiedliche Weise kombiniert, sodass mRNA-Moleküle für unterschiedliche Proteine entstehen. So kann ein Gen für mehrere Proteine codieren. Erst die reife mRNA gelangt durch die Kernporen in das Cytoplasma, wo an den Ribosomen die Translation erfolgt.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 62 „Bei Prokaryoten werden Proteine anders hergestellt“

10

Genetischer Code und Proteinbiosynthese

10.5 Durch Genregulation hat jede Zelle eine typische Proteinausstattung

In einer Zelle werden nicht alle Gene abgelesen. Die unterschiedliche Genexpression führt zu unterschiedlichen Zelltypen und einer unterschiedlichen Zellaktivität. Die **Genregulation** sorgt auch dafür, dass der Zellstoffwechsel an die jeweiligen Bedingungen angepasst wird. So können im abbauenden Stoffwechsel Substrate die Genexpression für die Synthese abbauender Enzyme fördern. Im aufbauenden Stoffwechsel können Produkte die Genexpression hemmen. Für Bakterien fasst das **Operonmodell** Beobachtungen zur Genregulation zusammen: Ein **Operon** ist eine Funktionseinheit aus Promotor, Operator und Strukturgenen. Der Promotor ist die Bindungsstelle für die RNA-Polymerase, die diese Strukturgene ablesen kann. Der Operator ist die Region des Gens, die durch einen Repressor so blockiert werden kann, dass die RNA-Polymerase nicht ablesen kann. Bei der **Substratinduktion** inaktiviert das Substrat den Repressor, sodass die Strukturgene abgelesen und die abbauenden Enzyme gebildet werden können. Bei der **Endproduktrepression** aktiviert das Endprodukt den Repressor und die Proteinbiosynthese der aufbauenden Enzyme kommt zum Erliegen.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 63 „Bakterien regulieren ihre Proteinausstattung selbst“

10.6 Viren nutzen den Proteinsyntheseapparat ihrer Wirtszelle

Viren binden an spezifische Rezeptoren ihrer Wirtszelle. Außerhalb von Zellen sind sie von einer Proteinhülle, dem **Capsid**, umgeben. Sie können sich nur reproduzieren und vermehren, wenn Enzyme und Ribosomen der Wirtszelle die Replikation des Virus-Erbmaterials sowie Transkription und die komplette Proteinbiosynthese übernehmen. Repliziertes Erbmaterial und Virusproteine können sich durch Selbstorganisation zu neuen Viren zusammensetzen und die Wirtszelle durch Exocytose oder Zerstörung (Lyse) der Zelle verlassen. Virus-DNA kann auch in die DNA der Wirtszelle integriert werden und dort über viele Generationen mit repliziert werden (lysogener Zyklus). Viren sind keine Lebewesen und können RNA statt DNA enthalten. Der HI-Virus ist ein solcher Virus, ein Retrovirus mit RNA-Genom.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 64 „Die „Neue Grippe“ nutzt den Menschen als Wirt“

10.7 Eukaryotische DNA enthält zu einem großen Teil nicht codierende Sequenzen

Eukaryotische DNA enthält zu einem großen Teil nicht für Proteine codierende Sequenzen. Dazu zählen neben den Introns auch die **Centromere** und die **Telomere**. Viele Aufgaben dieser DNA-Regionen sind noch unerforscht. Telomer-DNA besteht beim Menschen aus DNA-Einzelsträngen mit Wiederholungssequenzen. Telomere dienen dem Schutz der Chromosomenenden und verhindern z. B. ein Verkleben. Außerdem vermindern die Telomere die Folgen einer Verkürzung des Folgestrangs, die bei einer normalen Replikation immer erfolgt. Denn der endständige Primer am Folgestrang kann nicht durch DNA ersetzt werden, weil die DNA-Polymerase immer ein 3'-Ende braucht. Daher gelten die Telomere auch als Lebensuhren der Zelle, sie werden bei jeder Replikation kürzer. Nur die langlebigen Stammzellen können Telomere nachsynthetisieren.

10.8 Ein Gen ist ein DNA-Abschnitt, der für eine RNA codiert

Versuche, Merkmale einem ganz bestimmten Ort auf der DNA, also einem **Gen**, zuzuordnen, sind oft nicht langfristig erfolgreich. Je genauer die Struktur und Funktion der DNA erforscht wird, umso klarer wird, dass man einem DNA-Abschnitt nicht immer eindeutig ein bestimmtes Protein, viel weniger noch ein phänotypisches Merkmal zuordnen kann. Allerdings lässt sich einem Gen, also einem DNA-Abschnitt, der der Genexpression unterliegt, ein RNA-Molekül zuordnen. Bei der Genexpression, also der Umsetzung der Information eines Gens, spielen Regulationsfaktoren unterschiedlicher Art eine wesentliche Rolle.

10

Genetischer Code und Proteinbiosynthese

10.9

Der Erbinformationsfluss läuft nicht immer in Richtung DNA → RNA → Protein

Der Informationsfluss in Zellen erfolgt in der Regel von der DNA über RNA zu Proteinen. Allerdings gibt es viele Ausnahmen, wie z. B. die Retroviren, deren RNA erst in DNA umgeschrieben werden muss, ehe der „normale“ Informationsfluss erfolgt. Mit den Prionen wurde auch ein Informationsfluss von Proteinen auf Proteine nachgewiesen. **Prionen** sind Proteine, die sich in ein abnormes, infektiöses Prionprotein umfalten können und diese Form dann normalen Prionproteinen aufzwingen können. Dieser abnorme Zustand kann sich in einem Gewebe dann ähnlich wie beim Dominoeffekt ausbreiten, was Krankheiten wie „Rinderwahnsinn“ (BSE) verursachen kann. Auch RNA-Moleküle können die DNA so beeinflussen, dass über Generationen eine veränderte Information abgelesen wird. Das Forschungsgebiet der **Epigenetik** beschäftigt sich mit dem Informationsfluss auch zwischen Generationen, der nicht über die DNA-Replikation läuft. Die Epigenetik wird noch viele neue Befunde liefern.

Markl Biologie Arbeitsbuch → S. 65 „Die Fellfarbe wird nicht nur von der Erbsubstanz bestimmt“