

Transkription - „Abschrift der DNA“

Umschreiben der genetischen Information eines Gens auf die Boten-RNS (messenger-RNA).

Unterschiede zur DNA:

- kurzer **Einzelstrang**
- **Ribose** anstelle von **Desoxiribose**
- **Uracil** anstelle von Thymin (Paarung mit A)

Prinzip ähnlich Replikation:

Promotor (Stelle auf der DNS) gibt Startstelle und Richtung vor

- Entwindung der DNA
- Anlagerung der komplementären Nucleotide und Verknüpfung durch die RNA-Polymerase

Das genetische System bei Eukaryonten

Bei Eukaryonten (Pflanzen, Tiere) sind die Gene nicht aus einer durchgehend codierten Nucleotidsequenz.

Vielmehr wechseln sich die „wichtigen“ Sequenzen (Exons) von „sinnlosen“ Introns unterbrochen.

zunächst Bildung einer Prä-RNA, diese wird noch im Zellkern verändert.

Diesen Vorgang nenn man **Processing**:

- **Spleißen:** Bestimmte Enzyme (Spleißenzyme) schneiden die „sinnlosen“ Introns heraus
- am 5'Ende cap (Guanin-Kappe)
- am 3'Ende Poly-A- Schwanz

Die verlängerten Ende dienen vermutlich dazu, die RNA vor unerwünschtem enzymatischen Abbau zu schützen und somit haltbarer zu machen.

Der genetische Code

Da in der DNA nur vier Typen von Nucleotiden vorkommen, während die Proteine aus 20 verschiedenen Aminosäuren zusammengesetzt sind, konnte der genetische Code nicht so aussehen, dass jeweils ein Nucleotid eine Aminosäure festlegt. Auch Kombinationen aus zwei Nucleotiden können höchstens 16 ($4^2 = 16$) Aminosäuren codieren. Der Code musste also aus Einheiten von jeweils mindestens drei Nucleotiden bestehen (dann $4^3=64$ Möglichkeiten).

Ein Triplet von Nucleotiden (Codogen) codiert eine Aminosäure.

Der genetische Code ist

- **universell**: er gilt für alle bekannten Organismen
 - **kommafrei** (keine „Leerstellen“)
- „**degeneriert**“ bzw. **redundant**: Es gibt mehr Triplets als Aminosäuren
=> man kann nicht von einer As auf ein Triplet rückschließen

Translation: Zusammenbau eines Proteins

Die t-RNA

- es gibt ca. 50 verschiedene
- Kleeblattstruktur
- Amino-Acyl-t-Synthetasen binden Aminosäuren an die Aminosäure-Akzeptor-Region

Enzym mit 2 Anbindungsstellen: eine für As, eine für passende t-RNA

	DNS	m-RNS	t-RNS	Aminosäure
Name des Tripletts	Codogen	Codon	Anticodon	
Beispiel	CGA	GCU	CGA	Arginin

Vorgang der Translation

S. 84

1. Untereinheiten der Ribosomen lagern sich am Startcodon der m-RNA an. T-RNA besitzt 2 Anbindungsstellen!
2. t-RNA mit AS (am START immer MET) bindet komplementär ans Startcodon, (der **P-Stelle** des Ribosoms)
3. An der **A-Stelle** bindet 2. beladene r-RNA an
4. Verknüpfung der beiden As (Energieverbrauch) => Dipeptid
5. Ribosom wird um ein Basentriplett auf der m-RNA weitergeschoben (2. T-RNA jetzt an P-Stelle) Erste t-RNA wird frei.
6. Neue t-RNA bindet an A-Stelle..
7. STOPP-Codon (Terminationscodon) => Ribosom zerfällt in UE
8. Protein wird frei und nimmt seine Raumstruktur ein

m-RNA kann an mehrere Ribosomen binden