

Polymerase an die TATA-Box des Promotors. Die Elongation ist die Synthese der hnRNA. Die Termination ist das Beenden der Transkription durch Auffinden der Terminationsstelle. Prozessing ist die Veränderung der hnRNA zu einer translationsfähigen mRNA durch Anheften einer Cap-Struktur aus Methylguanosa-Resten an das 5'-Ende und eines Poly-AMP-Schwanzes an das 3'-Ende sowie das Herausschneiden der Introns durch zwei Umesterungsreaktionen und das Zusammenfügen der Exons (= Spleißen).

Was ist der codierende Strang?

Der komplementäre Strang zum Matrizenstrang, der nicht abgelesen wird.

Was sind Enhancer und Silencer?

Enhancer sind wichtig für die Regulation der Genaktivität auf der Ebene der Transkription. Meist weit entfernt vom Genabschnitt, verstärken sie die Transkription. Silencer sind das Gegenteil der Enhancer und hemmen die Transkription. Die Transkriptionsfaktoren wirken sowohl über Enhancer als auch über Silencer.

Was versteht man unter einer TATA-Box und wie kann ihre Funktion erklärt werden?

Eine TATA-Box ist ein Abschnitt in einem Promotor und enthält als Basen vor allem Thymin und Adenin. An die TATA-Box lagert sich die Helicase an und öffnet den DNA-Doppelstrang, damit sich dort die RNA-Polymerase anlagern kann.

TATÜ TATA DIE NÄCHSTE PAUSE
IST SCHON DA!



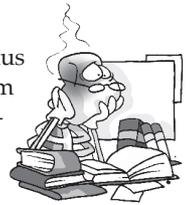
1.9 Translation

Die Translation ist der zweite Schritt der Proteinbiosynthese. Sie findet an Ribosomen statt und beinhaltet die Übersetzung der Information, die in der Basensequenz der mRNA verschlüsselt ist, in die Aminosäuresequenz einer Proteinkette.

Übrigens...

- Export- und Membranproteine werden an den Ribosomen synthetisiert, die an das raue endoplasmatische Retikulum binden.
- Zytoplasmatische Proteine werden an den freien Ribosomen des Zytoplasmas synthetisiert, die sich oft zu Polysomen zusammenlagern.

Auch die Translation ist ein überaus komplexer Vorgang, der aber bisher im Physikum nur in einigen Punkten vertiefend gefragt wurde. Daher ist auch hier die Konzentration auf diese physikumsrelevanten Aspekte sinnvoll.



1.9.1 genetischer Code

Zum Verständnis der Translation sollte man sich zuvor mit dem genetischen Code beschäftigt haben (s. Abb. 33, S. 32).

Die Reihenfolge der Aminosäuren – die zusammengesetzt ein Protein ergeben – wird im Erbgut gespeichert. Um eine Aminosäure zu codieren, werden je drei Basen benötigt = das **Basentriplett**, das auch als **Codon** bezeichnet wird.

MERKE:

Unter dem genetischen Code versteht man die Verschlüsselung der proteinogenen Aminosäuren durch vier verschiedene Basen der Nucleinsäuren in einem Basentriplett.

Beispiel:

Frage: Angenommen ein Gen enthalte 3 Exons mit jeweils 300, 600 und 900 Basen und die mittlere Molekülmasse einer Aminosäure würde 110 betragen. Welche Molekülmasse besitzt das Protein?

Lösungsweg: Zunächst sollte man wissen, dass 3 Basen für eine Aminosäure kodieren. In diesem Beispiel sind das $100 + 200 + 300 = 600$ Aminosäuren. Zusammen bringen diese eine Molekülmasse von $600 \times 110 = 66000$ auf die Waage.

Antwort: Das Protein hat die Molekülmasse 66000.

Im ersten Teil dieses Skripts wurde die Synthese der Basen der Nucleinsäuren besprochen und festgestellt, dass uns zwei Purinbasen und zwei Pyrimidinbasen für die Codierung zur Verfügung stehen. Somit ergeben sich rein rechnerisch: $4^3 = 64$ **Codierungsmöglichkeiten für Aminosäuren.**