

Reifung der mRNA

Die entstandene hnRNA wird sofort posttranskriptional verändert – übrigens ein sehr beliebtes Prüfungsthema im Examen. Dabei wird zunächst an das 5'-Ende ein methyliertes GTP gehängt. Diesen Vorgang nennt man Capping. Er dient der Stabilisierung und dem Schutz der RNA. Das **Capping** geschieht übrigens noch während der laufenden Transkription, da das 5'-Ende ja zuerst synthetisiert wird. An das 3'-Ende wird eine **Poly-A-Sequenz** (= Adenin, Adenin...) gehängt. Sie dient ebenfalls dem Schutz vor enzymatischem Abbau.

Aus der so modifizierten RNA werden jetzt noch die Introns (= nichtcodierende Abschnitte) herausgeschnitten und die übrig bleibenden Exons aneinandergesetzt. Diesen Vorgang nennt man **spleißen**. Er erfolgt durch Spleißosomen. Das sind kleine Partikel, die aus Proteinen und snRNA (= small nuclear RNA) bestehen. Die reife mRNA ist also kürzer als das Primärtranskript, da die Introns entfernt wurden.

MERKE:

Capping [5´], Poly-Adenylierung [3´] und spleißen bezeichnet man als Processing.

Folgende Abbildung zeigt den gern geprüften Zusammenhang zwischen der DNA und einer fertigen mRNA.

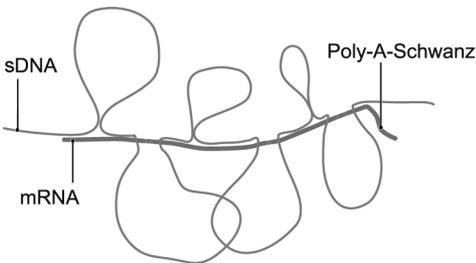


Abb. 37: DNA/mRNA

Hier wurde eine fertige mRNA in vitro (= im Reagenzglas) mit einzelsträngiger DNA (= sDNA) des entsprechenden Gens zusammengebracht. In der Folge entstanden dort Basenpaarungen (= Hybridisierungen), wo sich die Basensequenzen zueinander komplementär verhalten.

Die Stellen des Gens, die den Exons entsprechen, lagern sich bei einem solchen Experiment an die entsprechenden Stellen der mRNA an. Die anderen, schleifenförmigen Abschnitte entsprechen den Introns, die sich nicht mit der mRNA paaren können, da diese Abschnitte hier ja fehlen. Auf Abbildung 38 befinden sich also sechs Introns (= Schleifen) und sieben Exons (= gepaarte Abschnitte).

2.1.7 Translation

Im Zuge der Translation wird die in der Basensequenz der mRNA gespeicherte Information in ein Protein übersetzt. Diese Übersetzung geschieht an Ribosomen, deren zwei Untereinheiten sich an einem Strang mRNA zusammenlagern, (s. Abb. 38, S. 40).

Zum Ablauf: Zunächst wird eine aktivierte Aminosäure auf ihre passende tRNA übertragen. Die tRNA besitzt auf der gegenüberliegenden Seite ein **Anticodon**, das zu einem **Codon** auf der mRNA komplementär ist. Nur wenn Codon und Anticodon zusammenpassen, kann die tRNA am Ribosom binden, und die spezifische Aminosäure, die sich an ihrem anderen Ende befindet, wird in die Polypeptidkette eingebaut. Ist dies geschehen, rückt das Ribosom drei Basen weiter und die nächste tRNA kann binden.

Bei Erreichen eines Stoppcodons hört die Translation auf = das Ribosom dissoziiert von der mRNA ab und die primäre Polypeptidkette ist fertig.

2.1.8 Posttranslationale Modifikation

Nach der Synthese einer primären Aminosäurekette wird diese noch vielfältig verändert, um ihren spezifischen Funktionen als fertiges Protein gerecht zu werden.

Folgende Mechanismen werden vorwiegend genutzt:

- **limitierte Proteolyse** (z.B. Abspaltung der Signalsequenz, s. 1.6.3, S. 17),
- **N-Glykosylierung** und **O-Glykosylierung** (= Zuckermodifikation an einem Stickstoffatom [N] oder Sauerstoffatom [O]),