

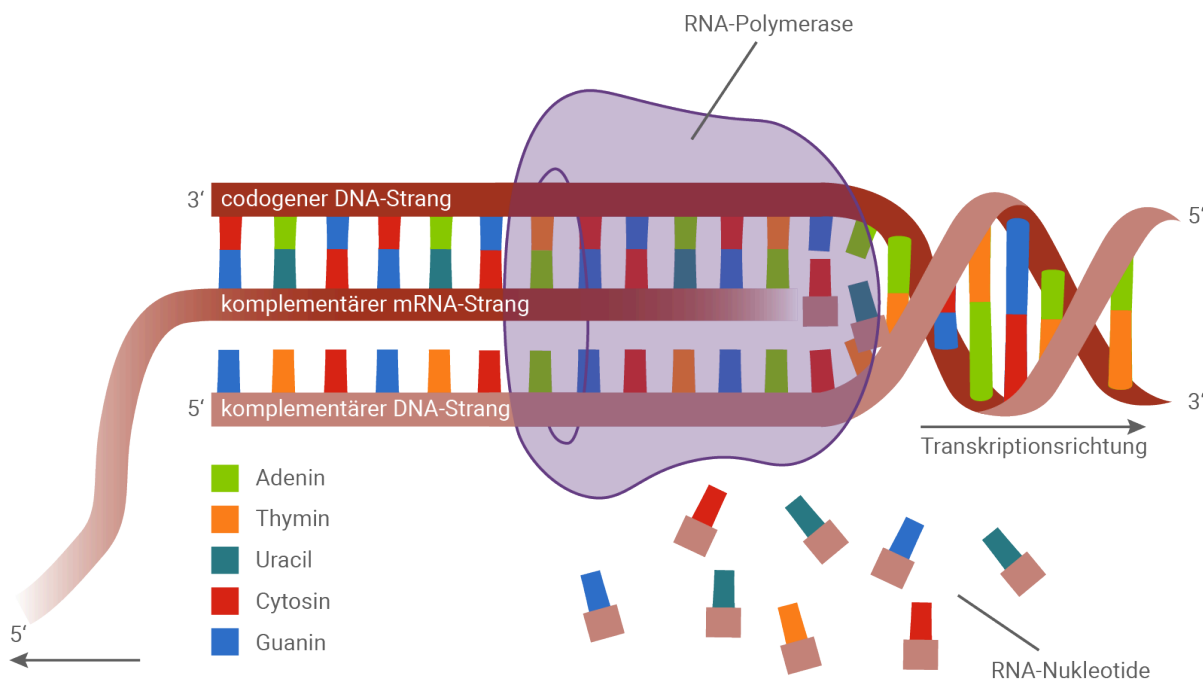
# Transkription und Translation

## Die Transkription

Wird ein **Protein** in der Zelle benötigt, wird von dem entsprechenden Abschnitt des DNA-Moleküls zunächst eine Kopie erzeugt. Die genetische Information wird damit beweglich und kann aus dem Zellkern durch die **Kernporen** hinaus transportiert werden. Sie kann so zu den **Ribosomen**, den Orten der **Proteinbiosynthese**, transportiert werden. Das Transportmolekül für die genetische Information ist eine **Ribonukleinsäure (RNA)**. Da sie die genetische Botschaft (engl. message) überträgt, nennt man sie **messenger-RNA** oder kurz **mRNA**.

Der Beginn der **Transkription** erfolgt an einer **spezifischen Startsequenz** auf der DNA, die vor dem **Gen** liegt, welches abgeschrieben werden soll. An dieser Stelle bindet die **RNA-Polymerase** und bewegt sich schrittweise entlang der DNA. Während dieses Vorgangs entwindet sie die DNA und öffnet den Doppelstrang auf einem begrenzten Abschnitt, wodurch die **Nukleotide beider Stränge freigelegt** werden.

Einer der beiden Stränge fungiert als Vorlage, an der sich die komplementären Basen der RNA anlagern. Dieser Strang wird als **Matrizenstrang**, **codogener Strang** oder **codierender Strang** bezeichnet. Die RNA-Nukleotide werden durch die RNA-Polymerase in Richtung 5'-3' zu einem einzelnen Strang verbunden. Dieser Prozess ermöglicht die Synthese einer RNA-Kopie der genetischen Information und bildet somit die Grundlage für die nachfolgende **Proteinbiosynthese**.



**Abb. 1:** Ablauf der Transkription

Die Transkription wird beendet, sobald die **RNA- Polymerase** auf eine spezifische Abfolge von Basen stößt, die als **Stoppssequenz** bezeichnet wird. An diesem Punkt löst sich das Enzym von der DNA und gibt gleichzeitig die **synthetisierte mRNA** frei. Der DNA-Doppelstrang schließt sich wieder. Die freigesetzte mRNA wird daraufhin durch die **Kernporen** transportiert und verlässt den Zellkern.

Nach der Freisetzung aus dem Zellkern durchläuft die mRNA eine Prozessierung, die ihre Struktur und Funktion weiter verfeinert:

- **Capping:**  
Am 5'-Ende der mRNA wird ein Methylguanosin-Cap hinzugefügt. Dieser 5'-Cap dient dem Schutz vor Abbau und erleichtert den Transport aus dem Zellkern.
- **Polyadenylierung:**  
Am 3'-Ende der mRNA wird ein Poly-A-Schwanz aus Adenin-Nukleotiden angehängt. Dies fördert die Stabilität der mRNA und erleichtert deren Erkennung und Translation.

- **RNA-Editing:**

In einigen Fällen kann die mRNA durch RNA-Editing zusätzlich modifiziert werden, indem Nukleotide verändert oder hinzugefügt werden, um die genetische Information anzupassen.

- **RNA-Spleißen:**

Introns, nicht-kodierende Abschnitte der mRNA, werden entfernt, und die verbleibenden Exons werden verbunden. Dieser Vorgang, bekannt als Spleißen, erzeugt eine reife mRNA, die nur die kodierenden Abschnitte enthält.

Nach diesen Prozessen ist die reife und prozessierte mRNA bereit für den Transport zu den Ribosomen im Cytoplasma.

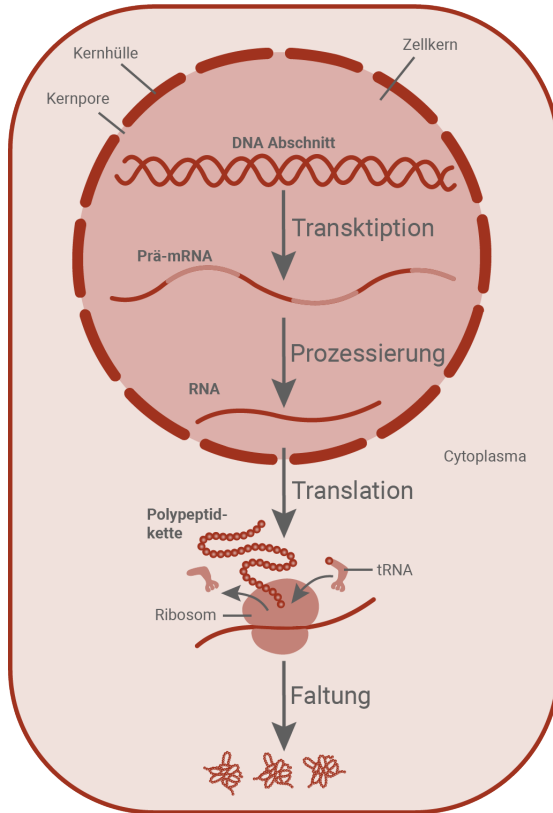


Abb. 2: Überblick über den Prozess der Genexpression

## Die Translation

Bei der **Translation** erfolgt die Umwandlung der Basensequenz der **mRNA** in eine **Aminosäuresequenz**. Der genetische Code gibt die Anweisungen dafür, wie die Abfolge der Basen in Aminosäuren übersetzt wird. Eine spezielle Nukleinsäure, die sogenannte **transfer-RNA (tRNA)**, agiert als Verbindungsglied zwischen der Basen- und Aminosäuresequenz. Die tRNA transportiert Aminosäuren aus dem Vorrat im **Cytoplasma** zu den **Ribosomen**, wo passende Aminosäuren dann zur Bildung des **Polypeptids** verknüpft werden.

Die tRNA weist eine spezielle räumliche Struktur auf, die für ihre Funktion in der Translation entscheidend ist. Jede t-RNA trägt ein spezifisches Basentriplett (das sogenannte Anticodon), das komplementär zu einem Codon der mRNA ist. Über diese Stelle interagieren t-RNA und mRNA. Eine t-RNA wird von speziellen Enzymen mit einer Aminosäure beladen. Es wird immer die Aminosäure gebunden, für die das Codon kodiert.

### Initiation:

Die Translation findet an den Ribosomen statt. Diese bestehen aus zwei Untereinheiten und bewegen sich entlang der mRNA, um die Basenfolge abzulesen. Ein Ribosom verfügt über **drei Bindungsstellen** für tRNA-Moleküle.

### Elongation:

An der **P-Stelle** bindet die tRNA, die die wachsende Peptidkette trägt. An der **A-Stelle** bindet die tRNA, an der die nächste Aminosäure in der Kette befestigt ist. An der **E-Stelle** verlässt die tRNA das Ribosom.

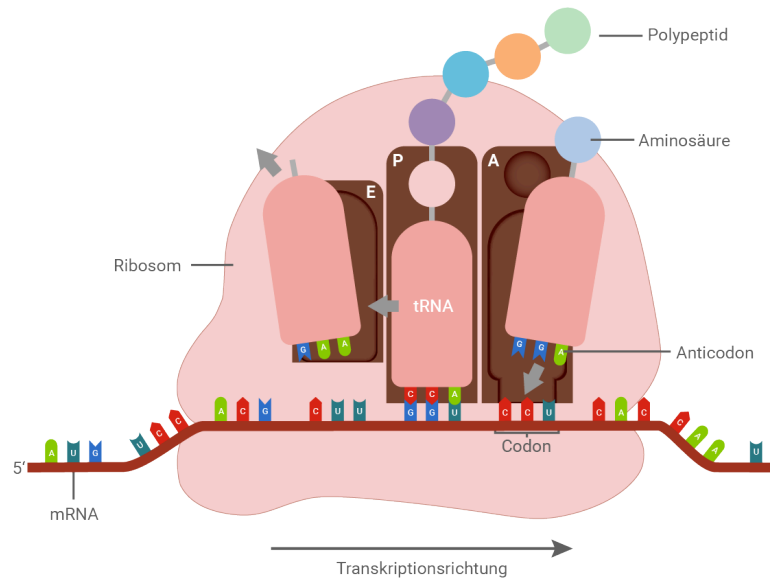


Abb. 3: Ablauf der Translation an den Ribosomen

An der P-Stelle bindet stets ein tRNA-Molekül, das die wachsende Peptidkette trägt. An der A-Stelle dockt eine weitere tRNA an, die die nächste Aminosäure trägt. Das Ribosom fungiert als **Katalysator** für die **Bildung einer Peptidbindung** zwischen der **Peptidkette** und der neuen Aminosäure. Dabei erfolgt die Übertragung der Kette auf die tRNA an der A-Stelle. Infolgedessen verschieben sich die tRNA-Moleküle in den Positionen: Die nun freie tRNA verlässt das Ribosom an der E-Stelle, das tRNA-Molekül mit der Kette rückt auf die P-Stelle vor, und die A-Stelle wird frei für ein neues tRNA-Molekül mit einer frischen Aminosäure. Auf diese Weise wird das **Peptid** präzise um eine Aminosäure verlängert, entsprechend der in der Basenfolge festgelegten Reihenfolge.

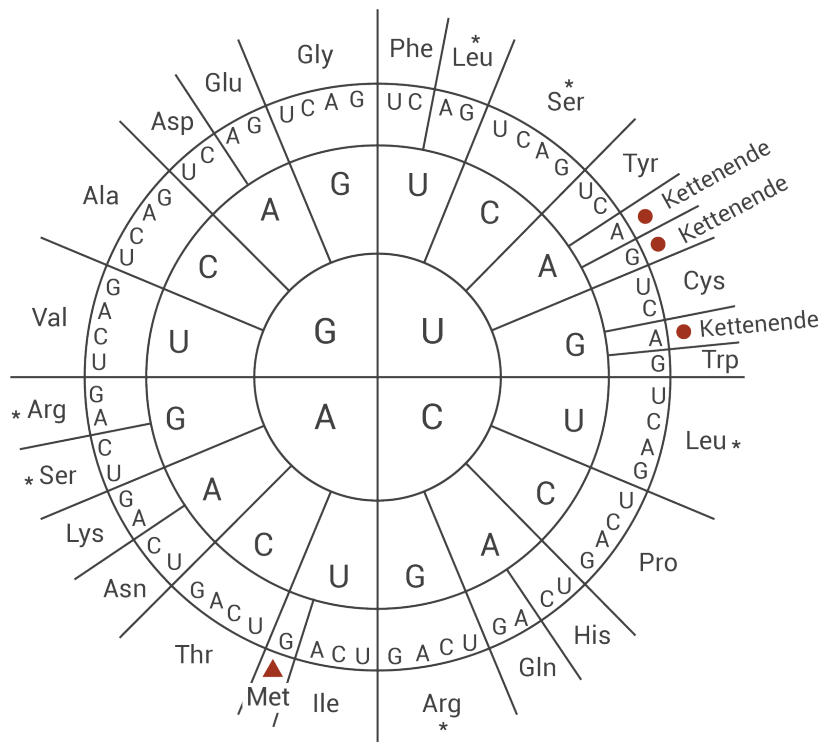
Termination:

Sobald das Ribosom eine **Stoppssequenz** erreicht, trennt sich die Peptidkette von der tRNA, und das Ribosom zerfällt wieder in seine beiden Untereinheiten. Die freigesetzte Polypeptidkette im Cytoplasma faltet sich dann zu einem fertigen Protein.

## Verwendung der Code-Sonne

Die mRNA stellt die komplementäre Basensequenz zum codogenen Strang der DNA dar. Allgemein betrachtet kann man die mRNA als einen „Boten“ der DNA verstehen. Durch die Basentriplets der mRNA können Aminosäuresequenzen direkt abgelesen werden. Die Code-Sonne fungiert als eine Art Übersetzungshilfe, die es ermöglicht, die entsprechende Aminosäure zu einem Basentriplett zu identifizieren oder Aminosäuresequenzen den Basentriplets der mRNA zuzuordnen.

1. Zu Beginn richtest du deine Aufmerksamkeit auf den innersten Kreis der Code-Sonne, der in vier Abschnitte untergliedert ist. In diesem Schritt liegt deine Aufgabe darin, die Base zu erkennen, mit der das Basentriplett seinen Anfang nimmt.
2. Als nächstes analysierst du, welche Base sich an zweiter Stelle des Basentriplets befindet.
3. Jetzt gilt es zu ermitteln, welche Base sich am Ende des Basentriplets befindet. Du wechselst vom zweiten Ring der Code-Sonne zum dritten Ring und suchst das Feld mit der entsprechenden Base.
4. Im äußersten Ring sind jetzt sämtliche Aminosäuren aufgeführt, die durch die Codierung der mRNA entstehen können. Einige von ihnen treten sogar mehrmals auf und sind mit einem Sternchen gekennzeichnet.



\* zweimal auftretende Aminosäuren

● Stopp-Codons

▲ Start-Codon

Abb. 4: Code-Sonne



©SchulLV

www.SchulLV.de