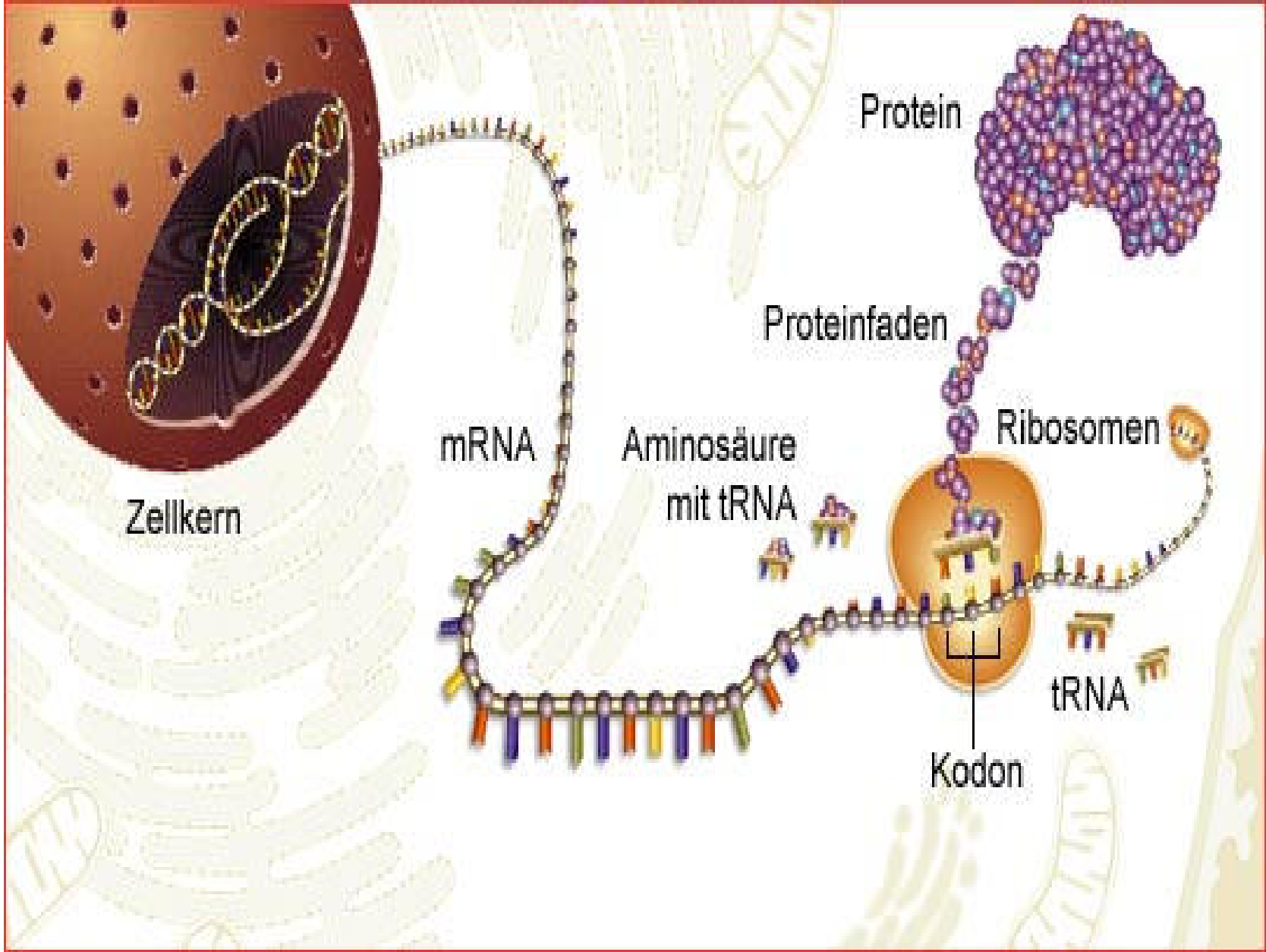


Proteinbiosynthese



Es ist die Zeit gekommen, zu verstehen, wie es zur Proteinbiosynthese kommt?!

Alle Proteine, sind über die DNA codiert...

Wobei jeweils eine AS von 3 Basen codiert wird..

GENETISCHER CODE

Für welche AS ist es denn wichtig diesen Code festzulegen?!

Natürlich für die proteinogenen...

da es insgesamt 2 Basenpaare gibt,
muß es ja auch 4 Basen geben.

Und da eine AS von 3 Basen (Triplett) codiert wird,
gibt es die Möglichkeit:

$$4^3 = 64$$

Also die Möglichkeit für 64 AS zu codieren.

Da wir nur 20 proteinogene AS haben,
bleiben ne Menge Codes übrig!

Somit gibt es pro AS, mehrere Codes.

WICHTIG:

WHOBLE-HYPOTHESE

WHOBBLE-HYPOTHESE:

3 Basen codieren für eine AS.
Jetzt wissen wir ja, daß es mehrere Codes
pro AS gibt.

*Diese Hypothese besagt jetzt, daß die ersten 2
Basen, spezifisch für diese AS, immer gleich sind.
Nur die 3. ist Die sich ändernde.*

STOPP: UAG
UAA

Methionin: AUG
(START)

ALANIN: GCU
GCC

Soll ein Protein synthetisiert werden, so muß man wissen daß sie ribosomal synthetisiert werden!
Das bedeutet, daß dieses Protein im Zytoplasma angefangen werden muß und nicht im KERN!!

Deshalb muß der Code auch nach draußen geschafft werden!!

...nur wie Funktioniert datt??

Via mRNA!

Synthese der mRNA=Transkription.

Die **Transkription** ist also die Umschreibung der DNA auf einen Einzelstrang, der mRNA.

Dies geschieht prinzipiell wie die Replikation, mit dem Unterschied,

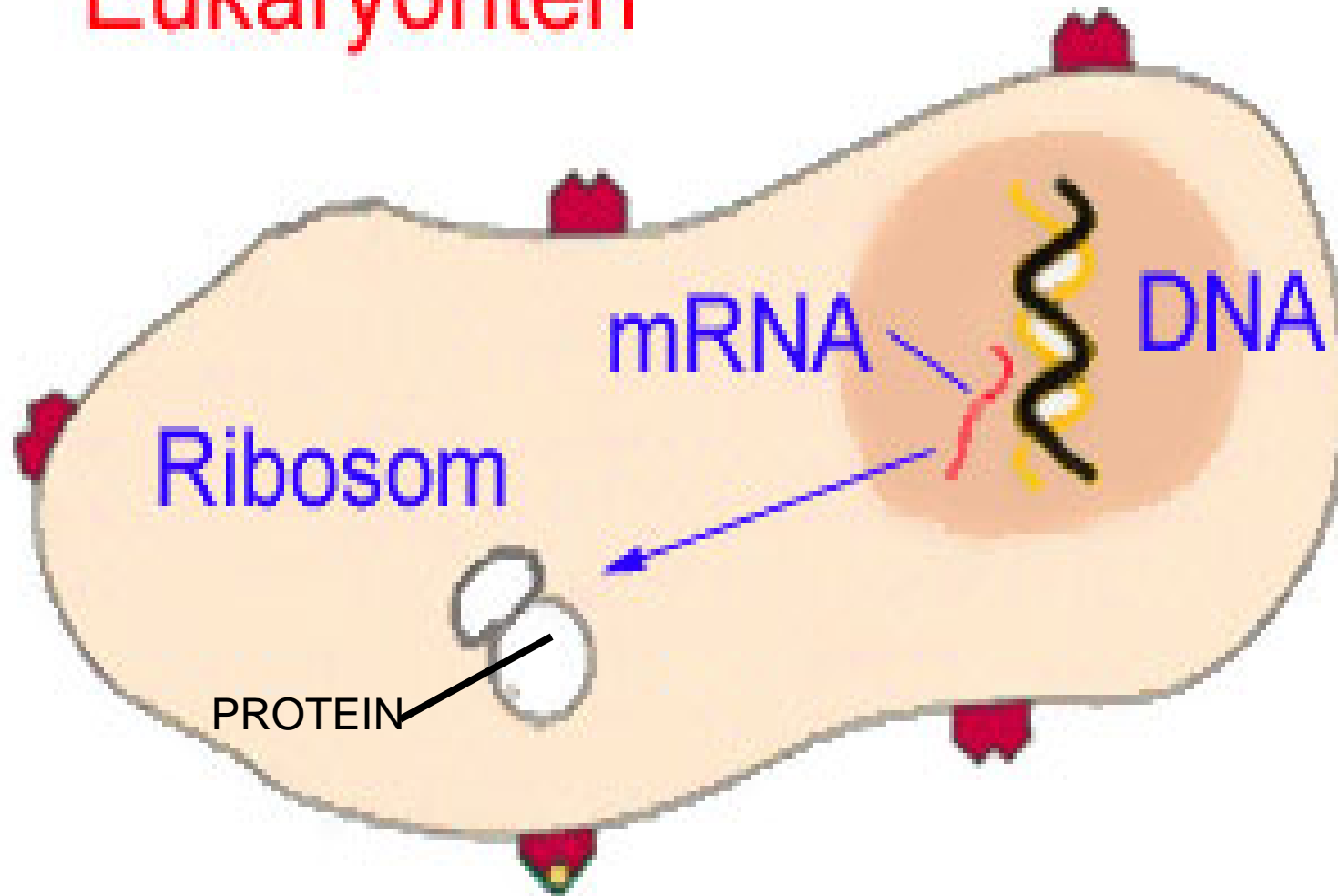
das anstelle der Base Thymin,

das *URACIL* eingebaut wird.

Die Transkription wird in 4 Phasen unterteilt:

1. INITIATION (Start)
2. ELONGATION (Kettenverlängerung)
3. TERMINATION (Stopp)
4. PROCESSING (Spleißen)

Eukaryonten



1. INITIATION (Start):

Diese beginnt an bestimmten Punkten der DNA,
mit dem Code: **AUG**

Dieser Code wird dadurch verstärkt, daß in
unmittelbarer Nähe die sogenannten
Promotoren liegen.

Diese **Promotoren (Erkennungsregionen)**
bestehen aus **AT-reichen Basensequenzen**,
der sogenannten **TATA-BOX**. Außerdem ist damit
auch die Richtung der Synthese festgelegt.

Im Bezug zu den Promotoren (allerdings nicht
zwingenderweise räumlich)
liegen die **Enhancer** .

Die **Enhancer** verstärken die **Promotoren**.
Und somit wird die gesamte Transkriptionsrate
verstärkt.

1. INITIATION:

Fängt auf der **DNA** an

Start bei **AUG**

Unterstützt durch **Promotoren** und **Enhancer**

2. ELONGATION:

d.h.: die mRNA wird jetzt gebildet.

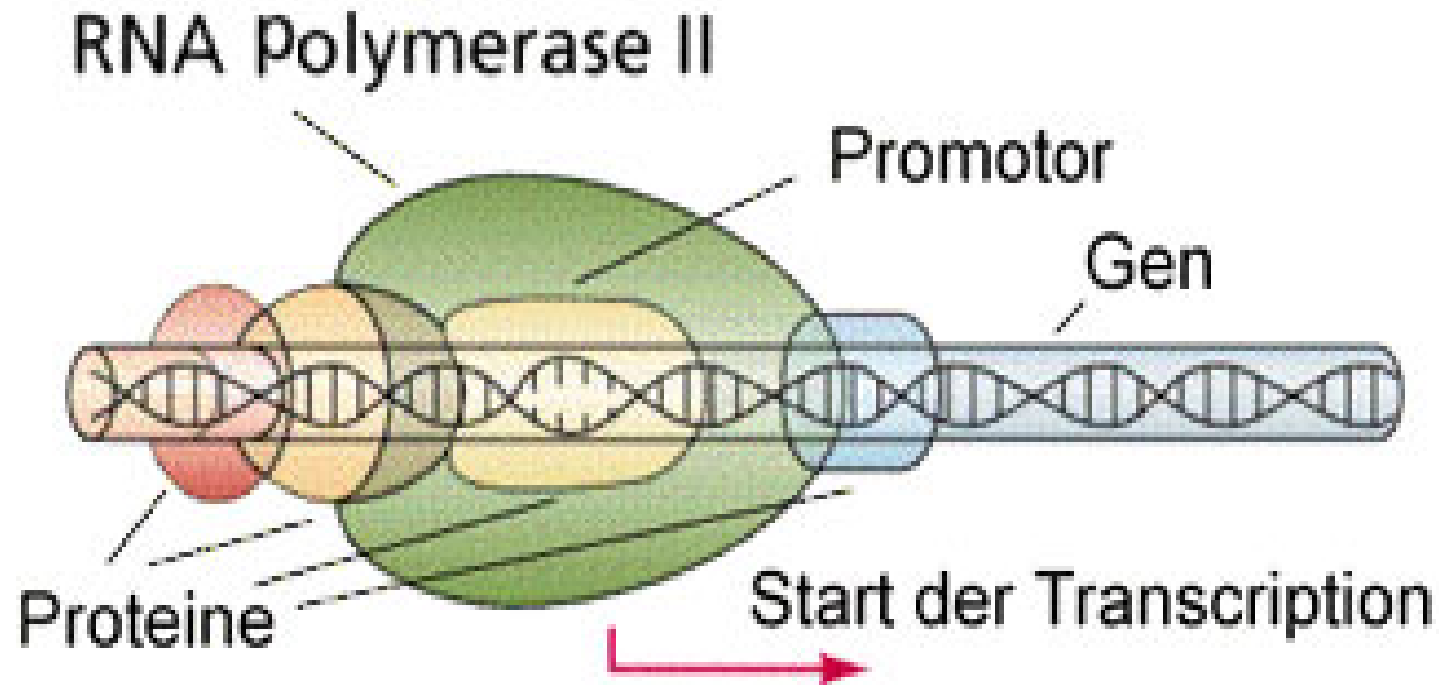
An einem DNA-abhängigen Multienzymkomplex.

Die RNA-POLYMERASE II.

Nach Entspiralisierung des Doppelstrangs,

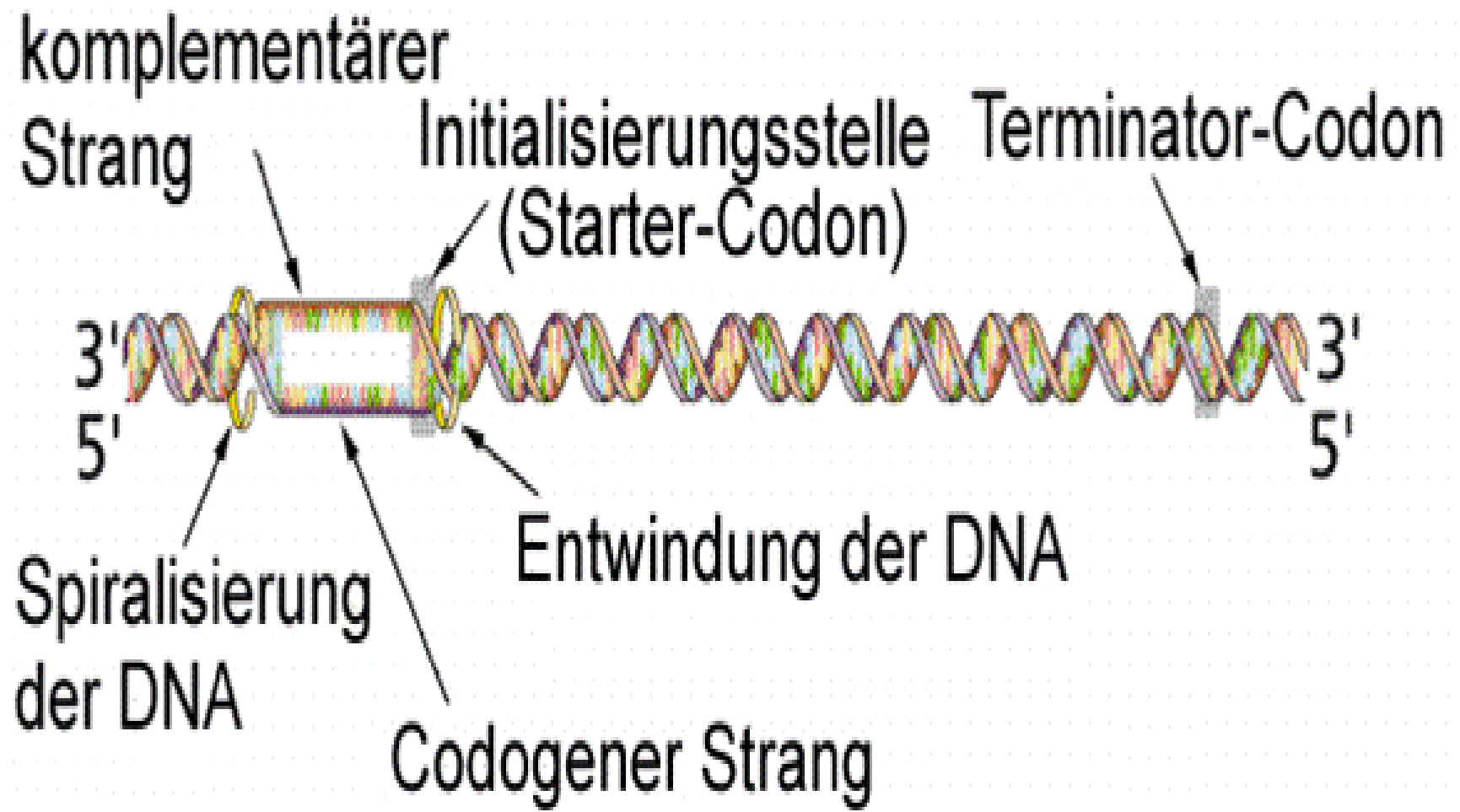
kommt es auch hier zur Synthese

von **5´-in 3´-Richtung**.

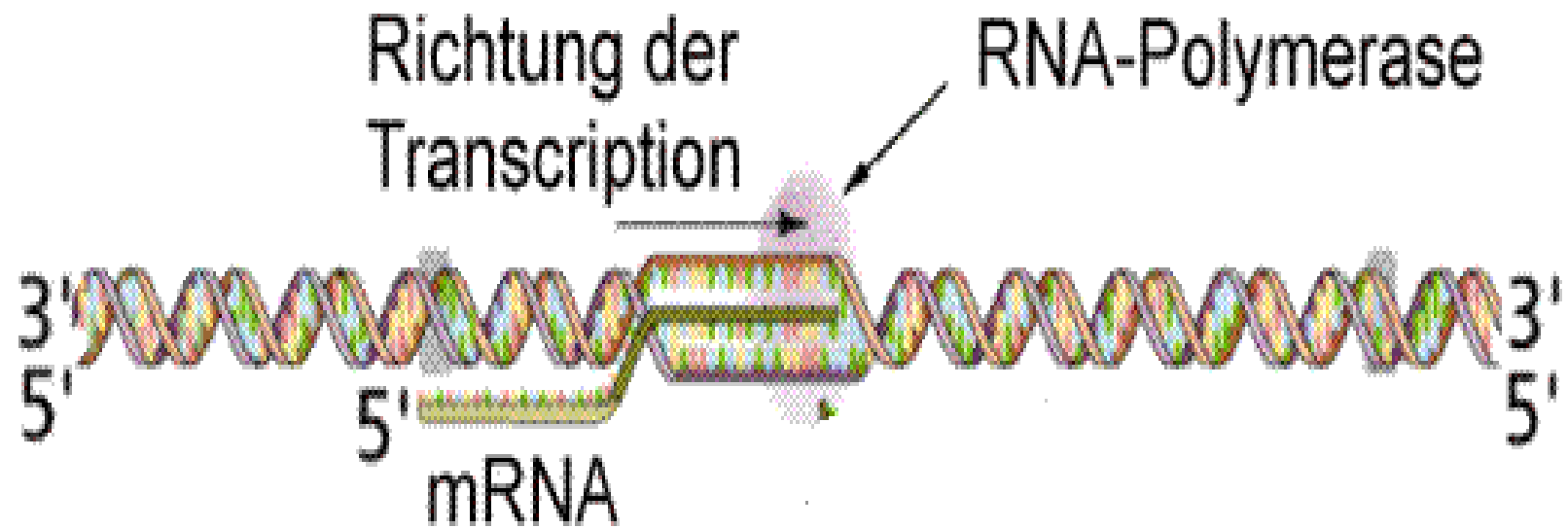


Das Abschreiben des Gens wird durch das Enzym RNA-Polymerase II (und mehrere andere Proteine) bewerkstelligt, das als Substrat DNA und die Triphosphate ATP, UTP, CTP und GTP benötigt. Daraus wird **komplementär** zu einem DNA-Strang eine fortlaufende RNA-Kette (= mRNA) unter Abspaltung der jeweiligen beiden Phosphatreste der Triphosphate gemacht .

Transcription



Transcription



RNA-Polymerasen:

das sind Enzyme, die die Synthese von Ribonucleinsäure-Molekülen (RNA) an der DNA katalysieren.

Bei Eukaryoten unterscheidet man **3** Formen der **RNA-Polymerasen**:

1. die RNA-Polymerase I:

die die Bildung von rRNA als prä-rRNA (45S wird prozessiert zu 18S; 5.8S; 28S) und manche snRNAs (small nuclear RNA) im Nucleolus katalysiert,

2. RNA-Polymerase II:

die die Bildung der meisten mRNA katalysiert

3. RNA-Polymerase III:

die die Bildung von tRNA, 7SL-RNA und 5S rRNA katalysiert.

Diese RNA-Polymerasen sind DNA-abhängig.

3. Termination:

Gott sei dank ist dieser Mechanismus noch nicht geklärt...

Stop ist dann, wenn ein bestimmtes Signal erreicht ist...

4. Processing:

Das ist seeehhr **WICHTIG!!**

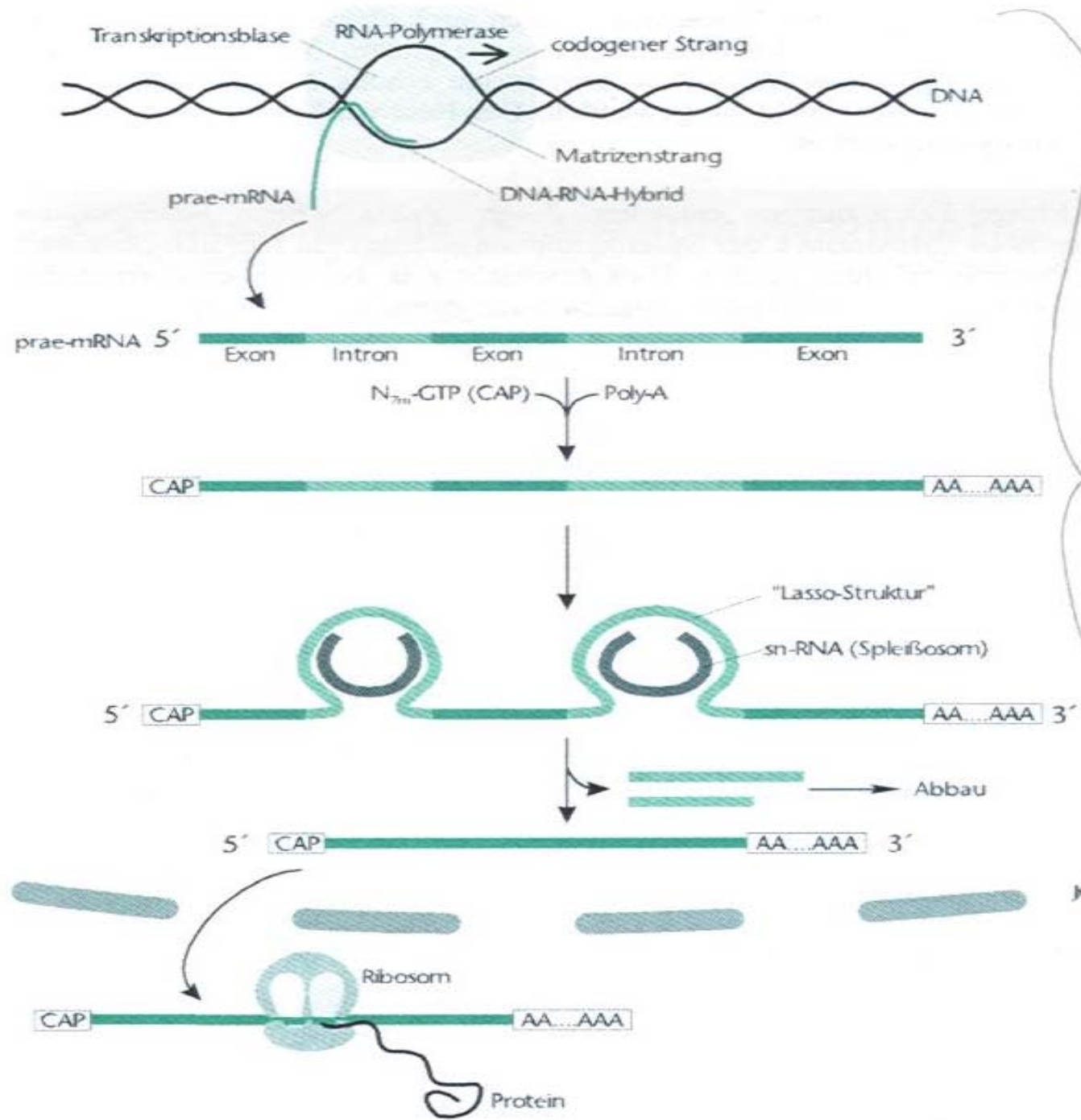
Die RNA-Polymerase bildet die

prä-mRNA = hnRNA

Damit die Proteinsynthese funktioniert, brauchen wir aber mRNA!!

Also kommt es jetzt noch zum **Processing**, also der

Nachbearbeitung der prä-mRNA.



Zellkern

Kern

Kernmembran

Zytosol

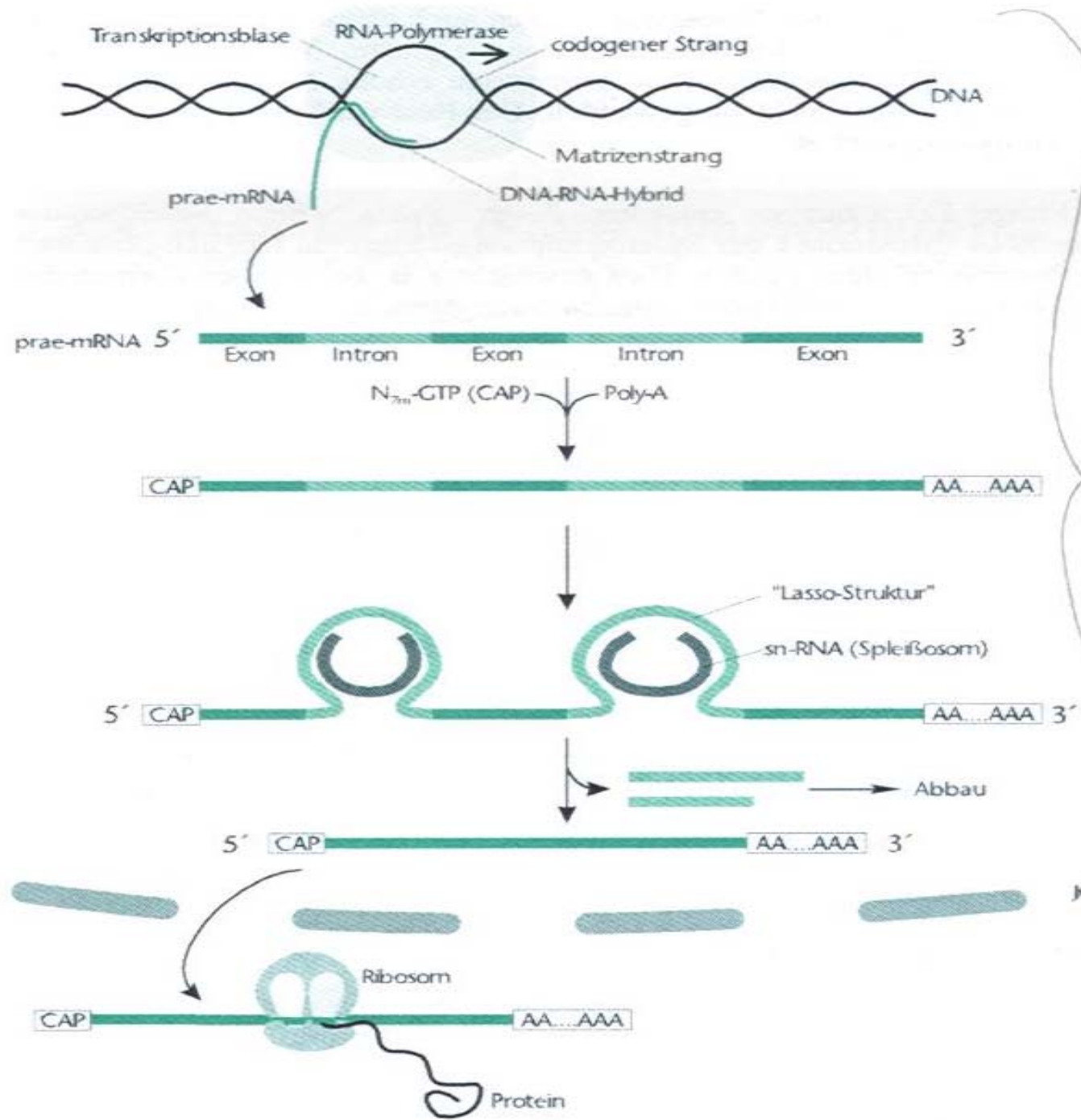
Zytosol

Das Processing beginnt mit dem Anhängen einer
CAP-Struktur an das 5´-Ende der prä-mRNA.
CAP-Struktur=N7-methyliertes GTP

Das Processing beginnt mit dem Anhängen einer CAP-Struktur an das 5´-Ende der prä-mRNA.
CAP-Struktur=N7-methyliertes GTP

diese CAP-Struktur hat viele wichtige Funktionen:

- **Stabilität**
- **Schutz der mRNA**
vor Phosphatasen und Nukleasen
- **Transport durch die Kernpore**
- **Anheftung ans Ribosom**



Zellkern

Kern

Kernmembran

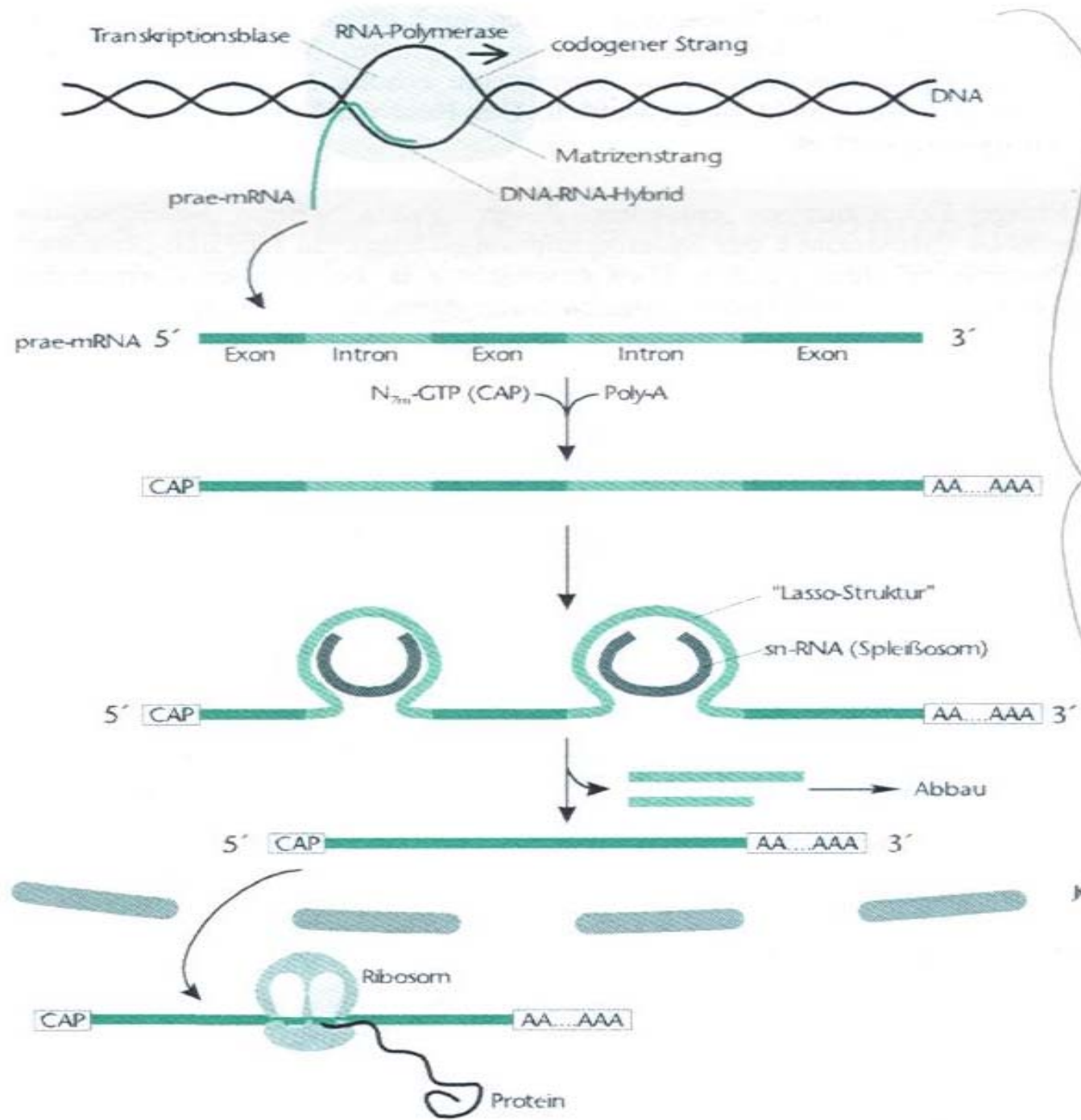
Zytosol

Zytosol

Als Nächstes erhält die mRNA,
am 3'-OH-Ende eine

Poly-A-Sequenz (Polyadenylatrest)

der eine Länge von ca. 100-200 Nukleotide hat.



Zellkern

Kern

Kernmembran

Zytosol

Zytosol

Jetzt könnte die Proteinbiosynthese starten...