

1. Überblick

Jedes Codon der mRNA besteht aus drei aneinander gehängten Nucleotiden. Die Basensequenz des Codons codiert dabei für jeweils eine Aminosäure. Die Zuordnung *Codon* ↔ *Aminosäure* kann der Codesonne entnommen werden. Die Verknüpfung der einzelnen Aminosäuren zu einem Protein findet an den Ribosomen statt. Die Aminosäuren werden dorthin von **transfer-RNA-Molekülen (tRNA)** angeliefert. Es muss gewährleistet sein, dass die zum gerade abgelesene Codon passende Aminosäure an den entstehenden Proteinstrang angeknüpft wird. Sowohl die tRNA als auch die Ribosomen sind weitestgehend aus RNA aufgebaut. Beide entstehen deshalb auch durch Transkription der entsprechenden Gene der DNA.

2. Aufbau, Form und Beladung der tRNA

Bei der tRNA handelt es sich um kleine hakenförmige Partikel aus RNA, die durch intramolekulare komplementäre Basenpaarung (G=C und A=U) zu einer schleifenreichen Tertiärstruktur gewunden sind. Drückt man das hakenförmigen t-RNA-Moleküle in Gedanken platt, so resultiert ein kleeblattförmiger Bau (vgl. Abb. 2.1). Die tRNA-Moleküle können an einem Ende eine Aminosäure angeknüpft bekommen (vgl. Abb. 2.2). Am Zielort wird sie dann abgespalten und an den entstehenden Proteinstrang gehängt. Die verschiedenen tRNA-Molekülsorten unterscheiden sich unter anderem im **Anticodon**. Das ist die zu einem Codon der mRNA komplementäre Dreiersequenz an Nucleotiden (vgl. Abb. 2.3).

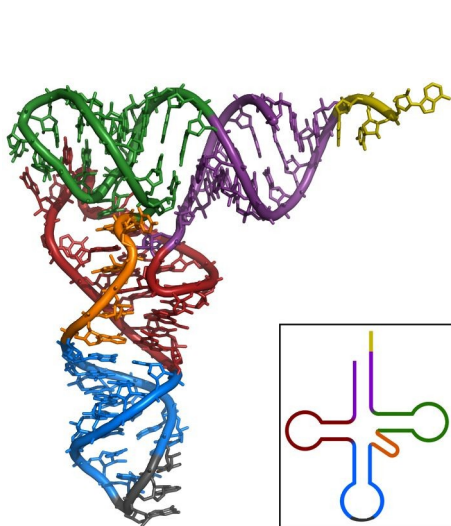


Abb. 2.1: Räumliche Hakenform und Kleeblattstruktur der tRNA.

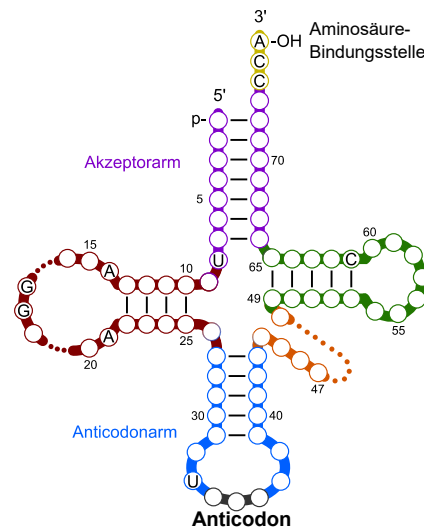


Abb. 2.2: An der Ribose am 3'-Ende kann die Aminosäure binden.

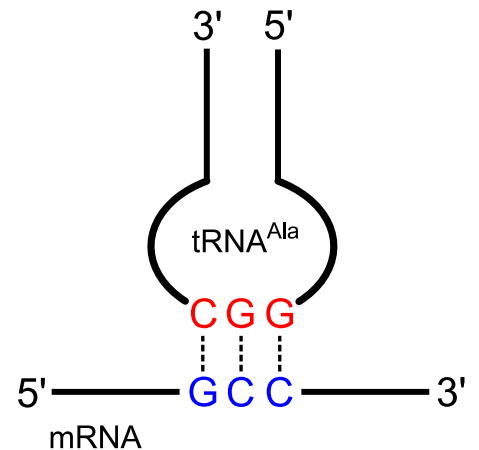


Abb. 2.3: Komplementäre Basenpaarung zwischen Anticodon und Codon.

Quelle aller drei Abb: commons.wikimedia.org. Autor: Yikrazuul

1. Schätzen Sie die Anzahl der verschiedenen tRNA-Molekülsorten, die es minimal/maximal geben muss! Begründen Sie!

Es muss gewährleistet sein, dass die tRNA-Moleküle mit einem bestimmten Anticodon mit den passenden Aminosäuren beladen werden. Hierfür sind hochspezifische Enzyme verantwortlich, die **Aminoacyl-tRNA-Synthetasen**.

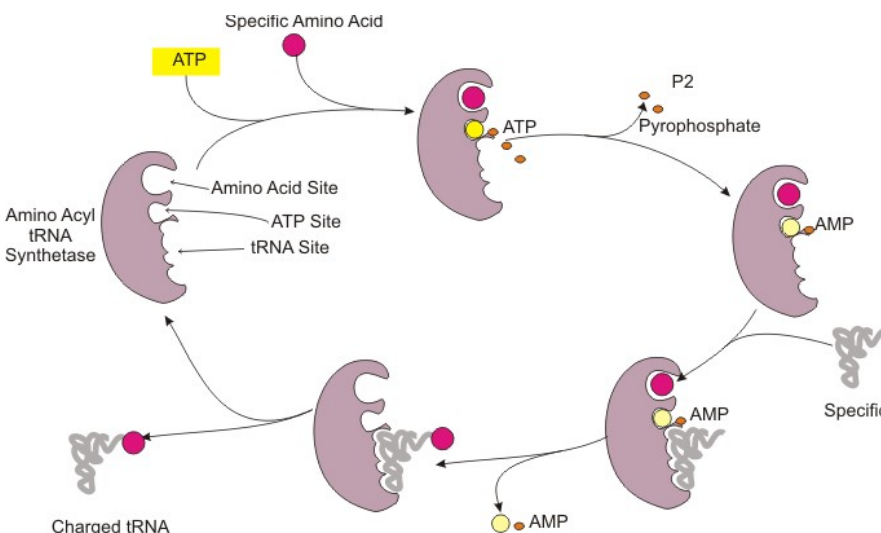


Abb. 2.4: Beladung eines tRNA-Molekül durch die Aminoacyl-tRNA-Synthetase.

Die Enzyme besitzen jeweils zwei Bindungsstellen, in die nach dem **Schlüssel-Schloss-Prinzip** nur die passende Aminosäuren und nur die dazugehörigen tRNA-Moleküle anlagern können. Die Verknüpfung erfordert Energie. So muss bei diesem Vorgang ein ATP-Molekül gespalten werden. Quelle: common.wikimedia.org. Autor: Boumphreyfr

3. Ablauf der Translation

Start (Initiation): Die kleine Ribosomenuntereinheit (30 S) kann auf der mRNA eine spezielle Bindungsstelle erkennen. Diese *nicht-codierende Sequenz* liegt etwa ca. zehn Nukleotide vor dem eigentlichen Startcodon. Die Untereinheit gleitet den Strang bis zum Startcodon (AUG) entlang. Dort wird das erste beladene tRNA-Molekül (tRNA^{Met}) durch Basenpaarung gebunden. Dies führt dazu, dass sich nun auch die große Ribosomenuntereinheit (50 S) dort anlagern kann. So entsteht das vollständige funktionsfähige Ribosom (70 S). Es besitzt insgesamt **drei Bindungsstellen**, die mit **E, P und A** bezeichnet werden (vgl. Abb. 3.3). Das erste tRNA-Molekül (tRNA^{Met}) befindet sich anfänglich an der mittleren P-Stelle des Ribosoms gebunden.

Elongation (Verlängerung): Die Elongation beginnt mit der Bindung einer neuen beladenen tRNA (tRNA^{AS2}) an der A-Stelle. Das Ribosom überträgt die Aminosäure der P-Stelle durch Peptidbindung an die Aminosäure des tRNA-Moleküls der A-Stelle. Die erste tRNA-Molekül (tRNA^{Met}) wird dabei entladen. An der A-Stelle ist ein Dipeptid entstanden: *Met-AS2*

Das Ribosom wandert auf dem mRNA-Strang in 3'-Richtung um ein Basentriplett weiter. Dadurch kommt das t-RNA-Molekül mit dem Dipeptid in die P-Position. Das erste entladene t-RNA-Molekül befindet sich nun in E-Position und kann von hier aus abdissoziieren. Es wird im Cytoplasma neu beladen. An die freigewordene A-Stelle kann nun das nächste beladene tRNA-Molekül (tRNA^{AS3}) binden.

Jetzt wird durch das Ribosom das Dipeptid von der P-Stelle auf die Aminosäure an der A-Stelle übertragen. An der A-Stelle liegt jetzt das Tripeptid vor: *Met-AS2-AS3*. Nach erneuter Ribosomenwanderung wird an der E-Stelle auch das zweite tRNA-Molekül entlassen. Das Tripeptid kommt an der P-Stelle zu liegen, die A-Stelle wird wieder frei, damit sich das nächste beladene t-RNA-Molekül anlagern kann.

Termination: Diese Vorgänge wiederholen sich so lange, bis ein terminierendes Codon an der A-Stelle erreicht ist. Das sind die Stopp-Triplets UAG, UAA oder UGA. Da es in der Zelle keine passende tRNA für diese Codons gibt, hält die Translation an. Nun fallen das Protein und die mRNA vom Ribosom ab, das wieder in seine beiden Untereinheiten zerfällt.

Das Protein entsteht bei der Translation mit dem N-terminalen Ende zuerst. Die mRNA wird durch viele Ribosomen hintereinander abgelesen. Es entstehen also viele identische Proteine.

Cooler Videos zur Translation. Bitte anschauen!



(8 min)

https://youtu.be/3wFfj6D0_nQ



(11 min)

<https://youtu.be/kO7rYHW1134>

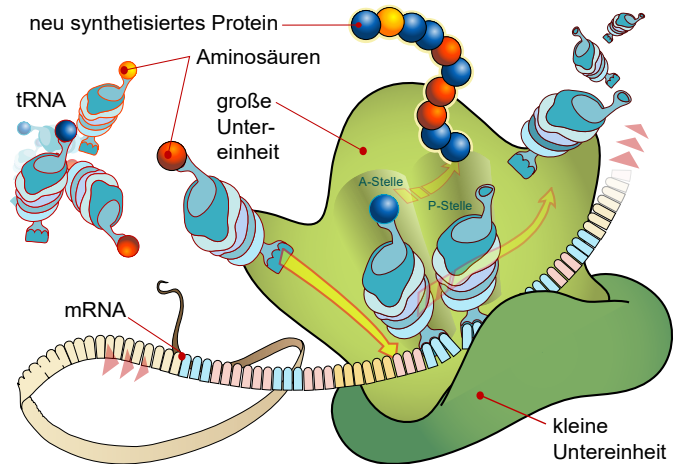


Abb. 3.1: Vorgänge bei der Translation. Quelle: commons.wikimedia. Autoren: LadyofHats und Matt

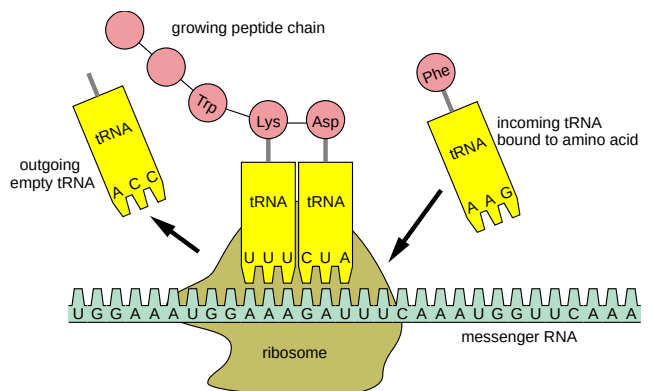


Abb. 3.2: Vereinfachte Darstellung der Vorgänge. Quelle: commons.wikimedia. Autoren: Boumphreyfr und Glrx

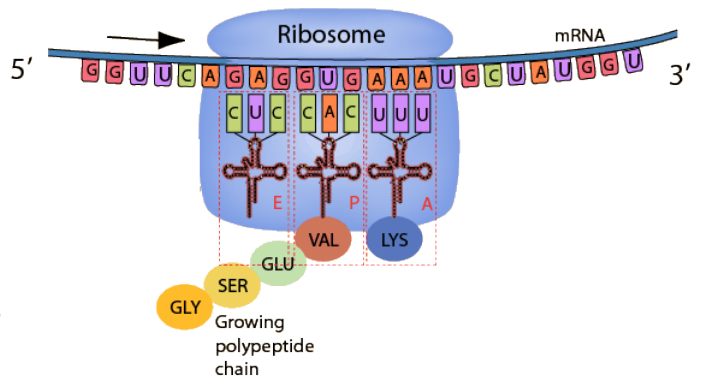


Abb. 3.3: Elongation Quelle: biology.stackexchange.com. CC SA

2. Die Sequenz eines nicht-codogenen DNA-Abschnitts lautet: 3'...GCC AGT AGT GAT TTT CAG GGC GTA CGA CTC... 5'. Übersetzen Sie mit Zwischenübersetzungen (auch Anticodons) Schritt für Schritt die Peptidsequenz an, jeweils mit 3'- und 5'-Endmarkierungen und Angabe des N-Terminus und C-Terminus.