

Thema 3

Thema vom 01.03.18 – 24.05.18

Inhalt

Proteinsynthese.....	2
Transkription.....	2
Translation.....	3
Der Genetische Code und Genmutation.....	4
Entschlüsselung des genetischen Codes mit der Codesonne.....	4
Punkt- und Lesemutation.....	4
Genregulation bei Prokaryoten.....	5
Substratinduktion.....	5
Operon—Modell.....	5
Endproduktrepression.....	5
Aufbau eines Proteins.....	6
Wirkungsweise von Enzymen.....	6
Enzymregulation.....	7
Kompetitive Hemmung.....	7
Allosterische Hemmung.....	7
Allosterische Aktivierung.....	7

Proteinsynthese

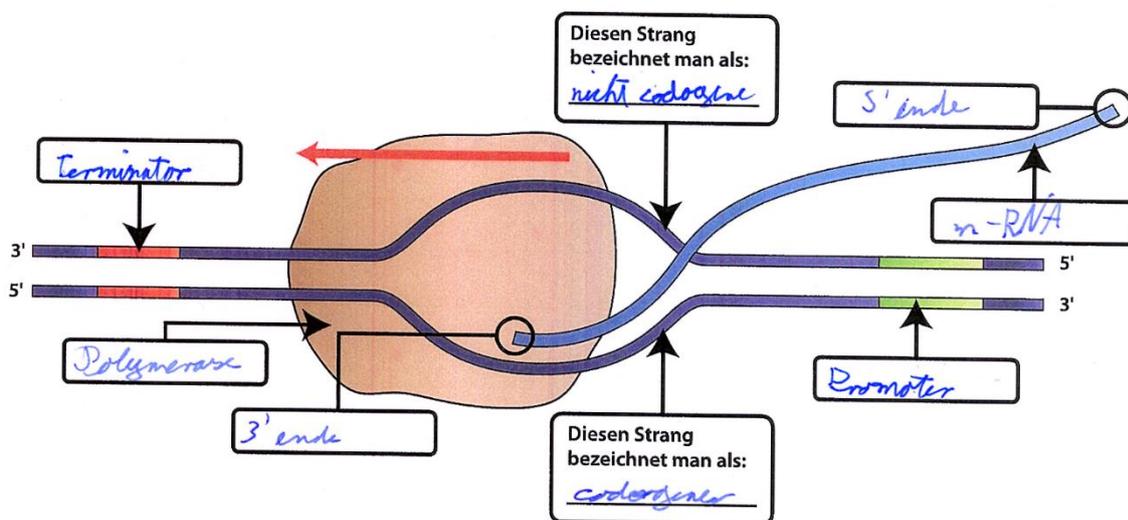
Die Basenabfolge in der DNA stellt die Anleitung für Proteine da, die Proteine bilden dann teile der genetischen Merkmale aus.

- DNA aus genfreien Bereichen und zahlreichen Genen
- Gen: Abschnitte der DNA, Vorlage für ein RNA-Molekül
- RNA-Moleküle
 - überbringen „Botschaft“, deswegen messenger-RNA
 - Basensequenz ist gleich zur DNA
 - Einsträngig
 - kann Zellkern durch Kernporen verlassen
 - statt Thymin: Uracil
 - statt Desoxyribose: Ribose (hat ein O-Atom mehr)

Transkription

- erster Schritt der Proteinsynthese
- Bildung der m-RNA-Moleküle
- Promotoren: DNA-Basensequenzen, die den Startpunkt markieren
- DNA in Bereich entwunden und blasenartig geöffnet
- RNA-Polymerase
 - bindet sich in der Promoter-Region an den DNA-Doppelstrang
 - Bewegt sich auf der DNA entlang
 - Baut angelagerte RNA-Nucleotide zusammen
 - in 5'- 3'-Richtung bauen
- Codogener-Strang: Vorlage für Synthese der m-RNA, 3'- 5'- Richtung
- m-RNA-Molekül löst sich kontinuierlich von der DNA ab
- Terminator: Stopp-Sequenz beendet Transkription

Die RNA-Polymerase löst sich von der DNA und der gebildete m-RNA-Strang wird freigesetzt.

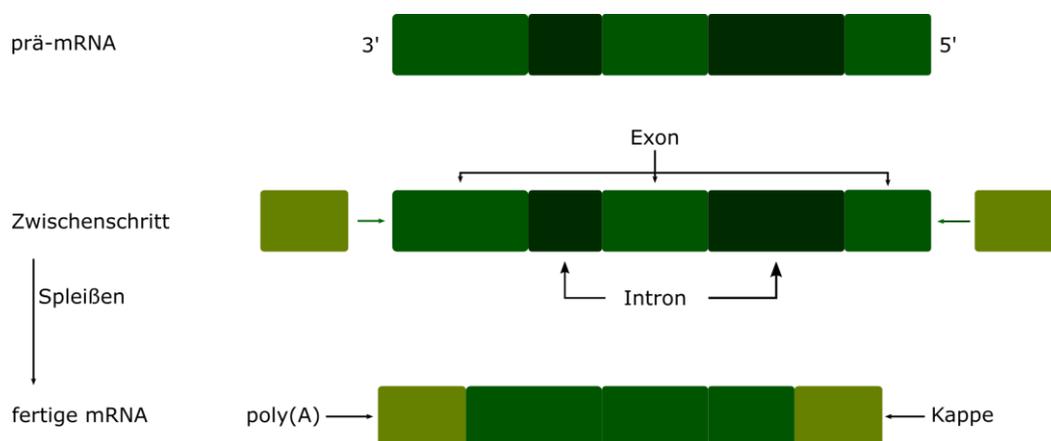


Initiation	RNA-Polymerase bindet sich an DNA, Entwindung, ablesen des codogenen Strangs
Elongation	Komplementäre Kopie
Termination	Polymerase löst sich, Strang wird freigesetzt

Translation

- Basensequenz der m-RNA in die Aminosäuresequenz des Proteins übersetzt
- im Zellplasma an den Ribosomen
- transfer-RNA (kurz t—RNA) transportiert Aminosäuren aus dem Zellplasma zu den Ribosomen
 - Anticodon (Triplet aus drei ungepaarten Basen) ist zu Codon auf der m-RNA komplementär
 - Aminosäurebindungsstelle: an der eine bestimmte Aminosäure an die t-RNA bindet
 - t-RNA-Moleküle mit einem bestimmten Anticodon tragen jeweils die gleiche Aminosäure.
- Ribosome aus Protein und ribosomalen-RNA (kurz r-RNA)
 - besteht aus großer Untereinheit
 - besteht aus kleinere Untereinheit, die bindet die m-RNA
 - drei Bindestellen für die t-RNA (E, P, A)
 - P-Stelle befindet sich die t-RNA, von der aus die Aminosäurenkette wächst
 - A-Stelle wird die nächste Aminosäure angelagert
 - E-Stelle verlässt eine entladene t-RNA das Ribosom
 - Die Aminosäuren an den Stellen P und A kommen sich nah und werden miteinander verknüpft
 - Ribosom bewegt sich wie ein Zipper auf dem Reisverschluss, auf der m-RNA weiter in 3'-Richtung
 - t-RNA von P-Stelle gelangt an die E-Stelle
 - ist nicht mehr mit einer Aminosäure beladen und verlässt das Ribosom
 - t-RNA mit den verknüpften Aminosäuren, von der A-Stelle gelangt an die P-Stelle
 - A-Stelle ist frei und wird mit der nächsten komplementären t-RNA belegt
 - angelieferte Aminosäure wird mit der wachsenden Aminosäurenkette verknüpft
- Vorgänge wiederholen sich
- Ribosom auf der m-RNA entlanggleitet und diese translatiert
- An einem Stopp-Codon zerfällt das Ribosom in seine Untereinheiten, wobei die Aminosäurekette freigesetzt wird
- Proteinbiosynthese ist beendet

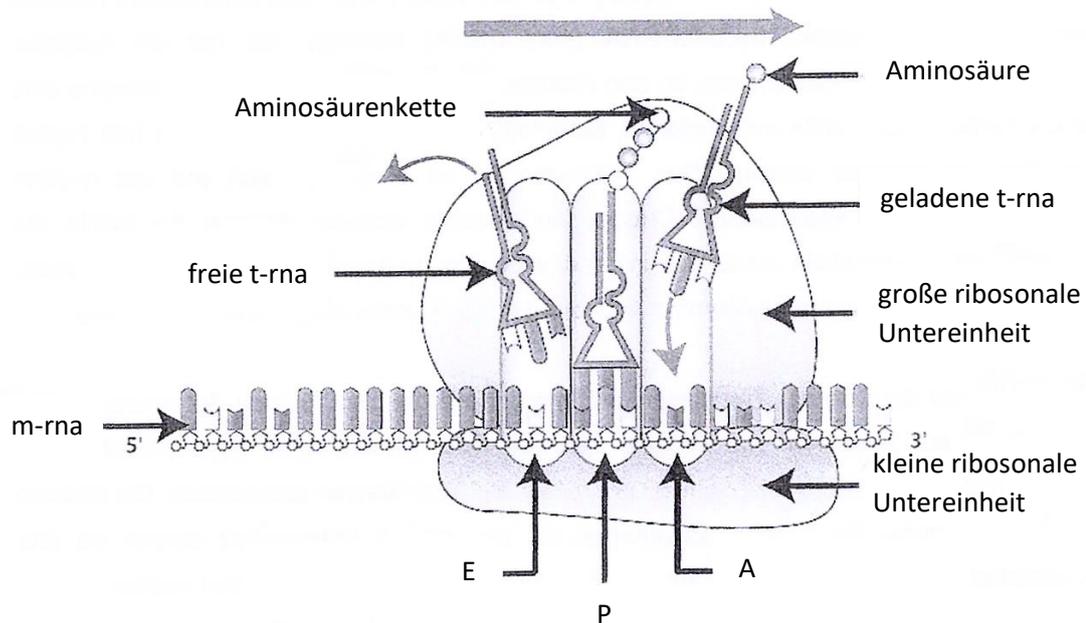
Ergebnis der Transkription: m-RNA bringt Information aus dem Zellkern ins Zellplasma. Dort wird sie mit Hilfe von Ribosomen translatiert.



Kappe und Endstück schützen Exons vor Zersetzung durch Enzyme – sie verlängern die Lebensdauer

Exons: codierende Passagen

Introns: nicht codierende Passagen

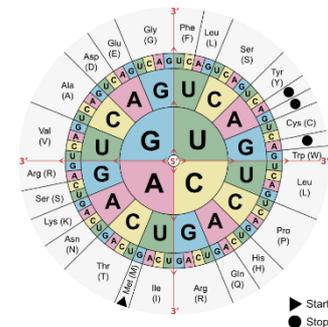


Zusammenfassung: Ein Protein wird in der Proteinsynthese hergestellt, indem in der Transkription durch das Ablesen von der DNA m-RNA erstellt wird und den Zellkern verlässt, damit in der Translation, mithilfe des Ribosoms durch das anfügen von Aminosäuren-molekülen von t-RNA zu einer Kette.

Der Genetische Code und Genmutation

Eigenschaften des genetischen Codes:

- Triplet-Code: drei Basen codieren eine Aminosäure
- Eindeutig: ein jedes Codon steht für eine Aminosäure
- Degeneriert: die meisten Aminosäuren haben mehrere Triplets die sie codieren
- „Kommalos“: Codons folgen lückenlos aufeinander
- Nicht überlappend: eine Base ist immer nur ein Bestandteil eines Codons
- Universell: alle Lebewesen nutzen denselben genetischen Code



Entschlüsselung des genetischen Codes mit der Codesonne

Die Codesonne wird von innen nach außen gelesen und gibt die Basentriplets in 5'→3'-Richtung an. Von den 64 Codons der Codesonne verschlüsseln 61 Codons die 20 Aminosäuren. Das Codon AUG hat dabei eine Doppelfunktion: Es steht für die Aminosäure Met und dient gleichzeitig als Start-Codon. Die Drei Codons UAA, UAG und UGA codieren keine Aminosäure, sondern dienen als Stopp-Codon.

Punkt- und Lesemutation

Punktmutation:

- eine Base wird vertauscht
- eine Base ist betroffen
- ergibt gleiche Aminosäure
- andere Aminosäure macht entweder eine

Lesemutation:

- eine Base kommt hinzu oder fällt weg
- alle nachfolgenden Basen sind betroffen

- ganzes Protein kaputt
- Tot des Lebewesen wahrscheinlich

Stumm: gleiche Aminosäure
 Missense: andere Aminosäure
 Nonsense: Stopp

Genregulation bei Prokaryoten

Um das Verschenden von Energie zu verhindern wird die Transkription beeinflusst (Genregulation) (Folge gute Anpassung an Umgebung).

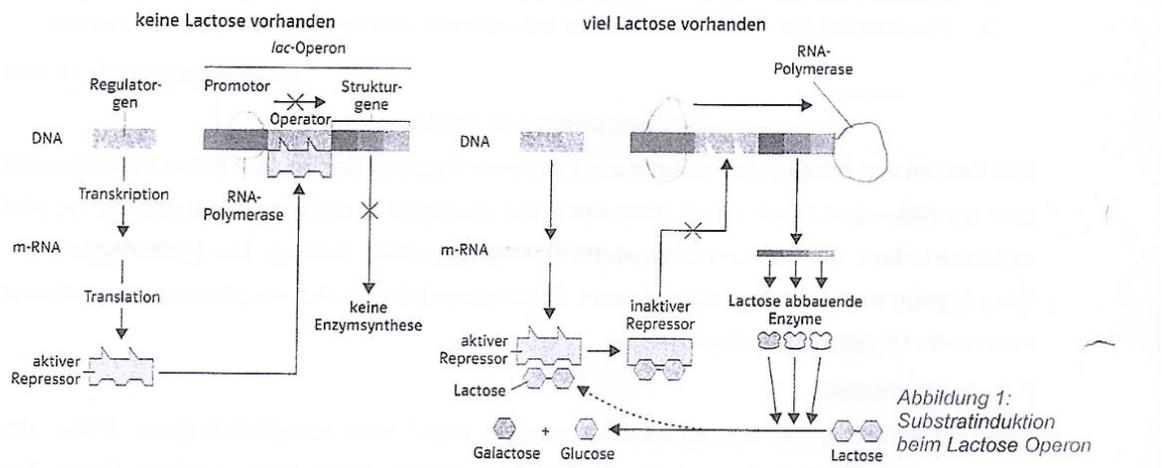
Substratinduktion

ständig benötigt konstitutive Gene
 regulierte Gene

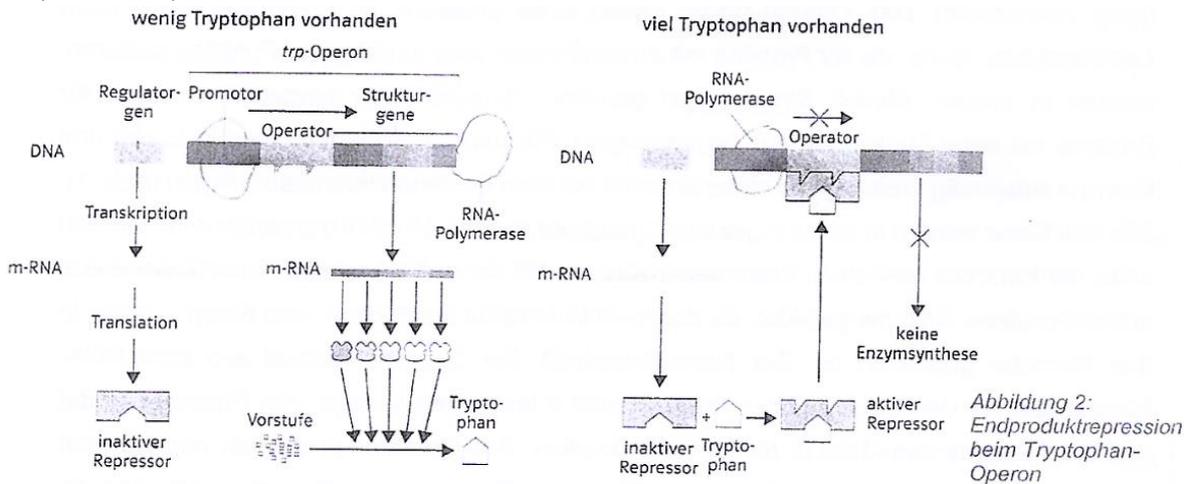
Substratinduktion: Substrat führt die Bildung der nötigen Enzyme herbei

Operon—Modell

Das Operon-Modell erklärt die Substratinduktion. Bsp: lac-Operon



Endproduktrepression



Quelle: Natura Einführungsphase Biologie für Gymnasien (2018) Ernst Klett Verlag GmbH, Stuttgart

Lac-Operon: Stoff Abbau: nichts vorhanden -> Repressor aktiv -> keine Enzyme

Trp-Operon: Stoff Aufbau: nichts vorhanden -> Repressor inaktiv -> Enzyme

Natura Einführungsphase Biologie für Gymnasien (2018) Ernst Klett Verlag GmbH, Stuttgart

Aufbau eines Proteins

- bestehen aus Aminosäuren Ketten
- 50 bis 600 Aminosäuren
- weniger als 50 Aminosäuremolekülen nennt man Peptide
- räumliche Aufbau vier Ebene
- Primärstruktur: Reihenfolge der Aminosäuren in der Polypeptidkette auf der DNA genetisch festgelegt. Diese Reihenfolge ist für den räumlichen Aufbau, die sogenannte Raumstruktur eines Enzyms entscheidend
- Sekundärstruktur Faltblattstrukturen oder Helixstrukturen Ursache sind Wasserstoffbrückenbindungen
- Tertiärstruktur (stabile Disulfidbrücken) ist charakteristisch
- Quartärstruktur ist der Komplex aus mehreren Polypeptidketten, die jede eine Untereinheit sind

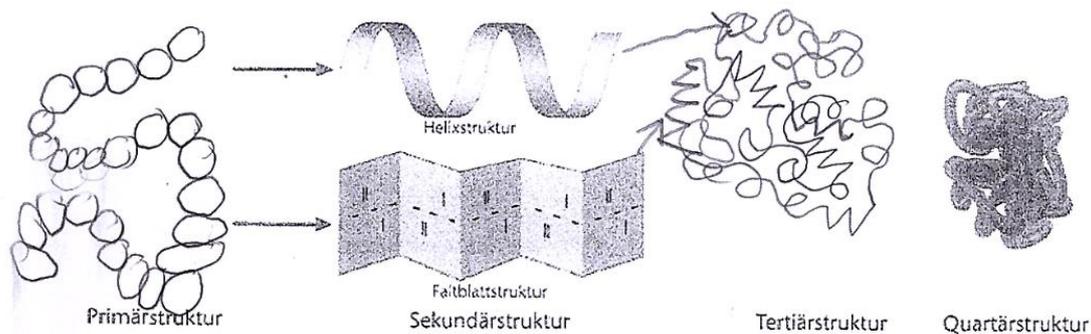


Abbildung 1 Bau und Struktur eines Enzyms

Wirkungsweise von Enzymen

- Enzyme sind fast allen Stoffwechselreaktion beteiligt

Ein Substrat dockt an das aktive Zentrum des Enzyms an und geht einen Enzym-Substrat-Komplex ein.

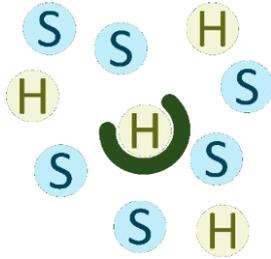
- setzt die Aktivierungsenergie herab
- aktives Zentrum
- Schlüssel-Schloss-Prinzips
- unverbraucht

Bei der Stoffwechselreaktion entsteht/en immer das gleiche/die gleichen Produkt/e

Enzyme sind substratspezifisch (ein Enzym für einen Stoff) und wirkungsspezifisch (aus einem Stoff nur ein Ergebnis)

Enzymregulation

Kompetitive Hemmung



Mehr Substrat als Hemmstoff -> höhere Wahrscheinlichkeit, dass ein Substrat im Enzym landet

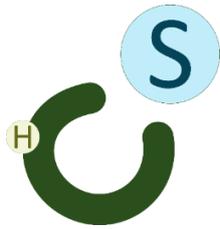
Mehr Hemmstoff als Substrat -> höhere Wahrscheinlichkeit, dass ein Hemmstoff das Enzym blockiert

Funktion: Der Hemmstoff bindet ans aktive Zentrum und verhindert, dass sich ein Substrat anbindet. Erst nach dem entweichen besteht für ein Substrat die



Möglichkeit zu binden.

Allosterische Hemmung



Wenn kein Hemmstoff ans allosterische Zentrum gebunden ist, setzt das Enzym Substrat um.

Kein Substrat wird umgesetzt, wenn ein Hemmstoff ans allosterische Zentrum gebunden ist.

Funktion: Der Hemmstoff verändert die Struktur des Enzyms, sodass kein Substrat anbinden kann.



Allosterische Aktivierung



Aktivator aktiviert Enzyms indem es an das allosterische Zentrum andockt.

Ist kein Aktivator da, so kann das Enzym kein Substrat aufnehmen.

Funktion: Aktivator verändert Struktur des Enzyms

