

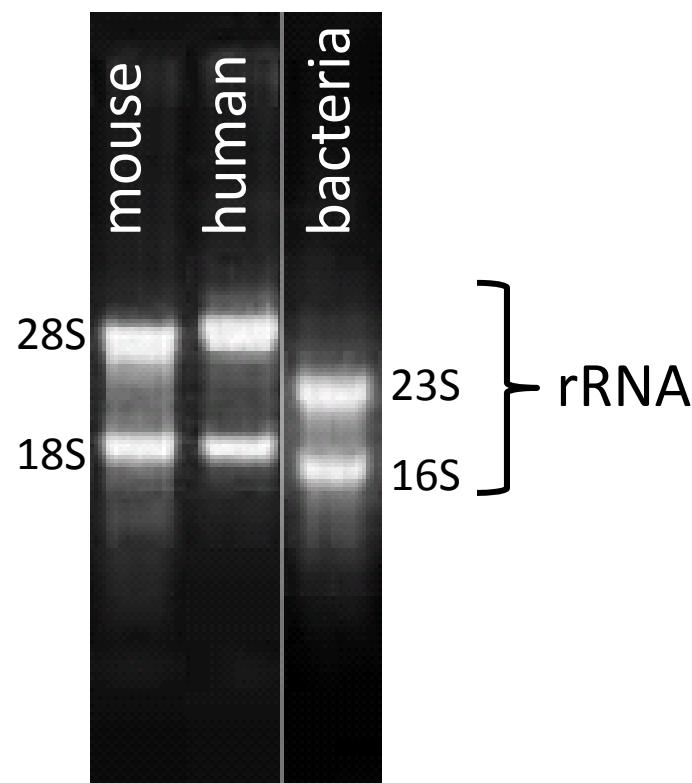
# 8. Translation

## Konzepte:

- Translation benötigt tRNAs und Ribosomen
- Genetischer Code
- Initiation – Elongation - Termination

## 1. Welche Typen von RNAs gibt es und welches sind ihre Funktionen?

Type	Relative amount (%)	Sedimentation coefficient (S)	Mass (kd)	Number of nucleotides
Ribosomal RNA (rRNA)	80	23	$1.2 \times 10^3$	3700
		16	$0.55 \times 10^3$	1700
		5	$3.6 \times 10^1$	120
Transfer RNA (tRNA)	15	4	$2.5 \times 10^1$	75
Messenger RNA (mRNA)	5		Heterogeneous	



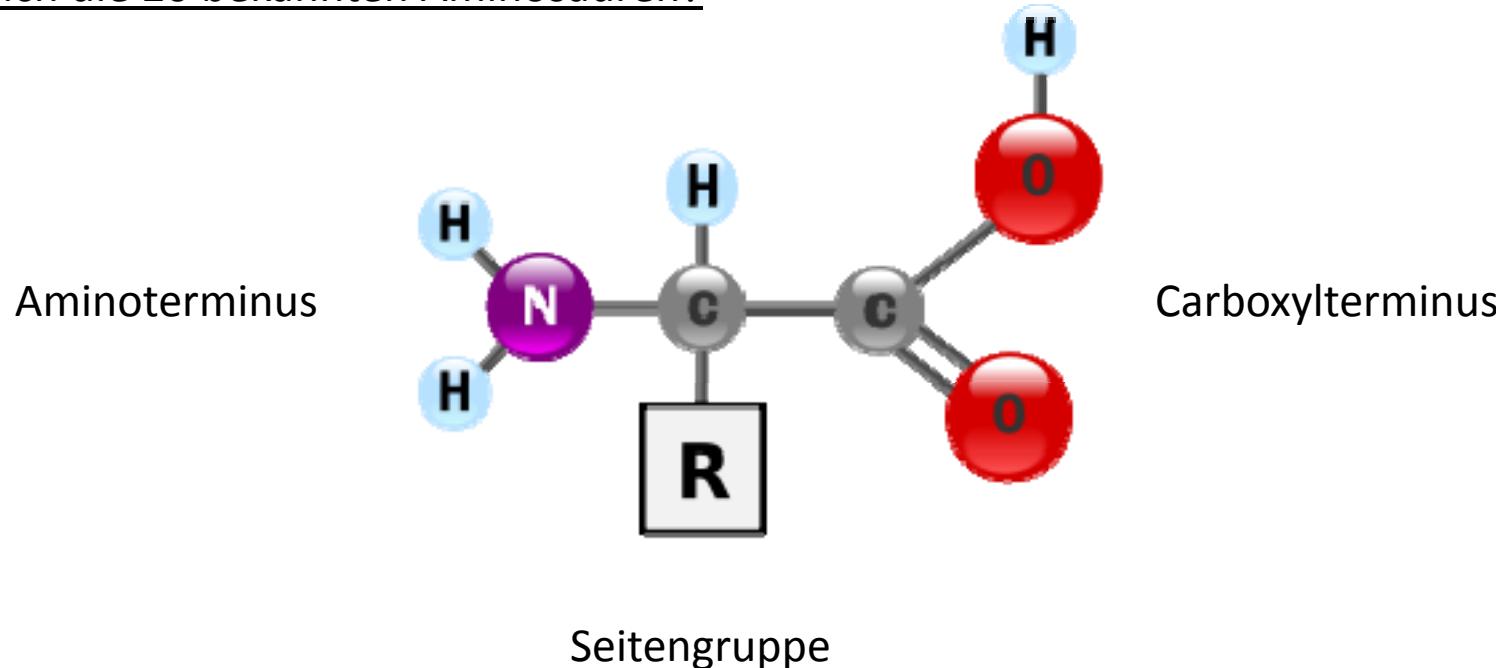
Informational RNAs:

- mRNA  $\longrightarrow$  Transkription

Functional RNAs:

- tRNA  $\longrightarrow$  AS zu mRNA
- rRNA  $\longrightarrow$  Ribosomen
- snRNA  $\longrightarrow$  Splicing
- miRNA  $\longrightarrow$  Gene silencing

2. Zeichnen Sie die allgemeine Strukturformel für eine Aminosäure. Worin unterscheiden sich die 20 bekannten Aminosäuren?



Seitengruppe:

- Polarität der Seitengruppe bestimmt über den hydrophilen oder –phoben Charakter der AS  
→ wichtig für Proteinstruktur und Protein-Protein Interaktionen
- Verteilung hydrophiler und –phober AS bestimmt die Tertiärstruktur des Proteins  
→ lösliche Proteine reich an polaren AS an der Oberfläche (z.B. Serin, Threonin)  
→ integrale Membranproteine weisen einen äußeren Ring von hydrophoben AS auf → Verankerung im Lipid Bilayer  
→ In der Membran verankerte Proteine haben ein hydrophobes Ende, was sie dort fixiert
- Proteine, die negativ geladene Moleküle binden weisen positiv geladene Ketten auf (z.B. aus Lysin und Arginin)

3. Beschreiben Sie vier Typen von Punktmutationen und ihre Auswirkungen auf das Genprodukt.

Frameshift Mutation:

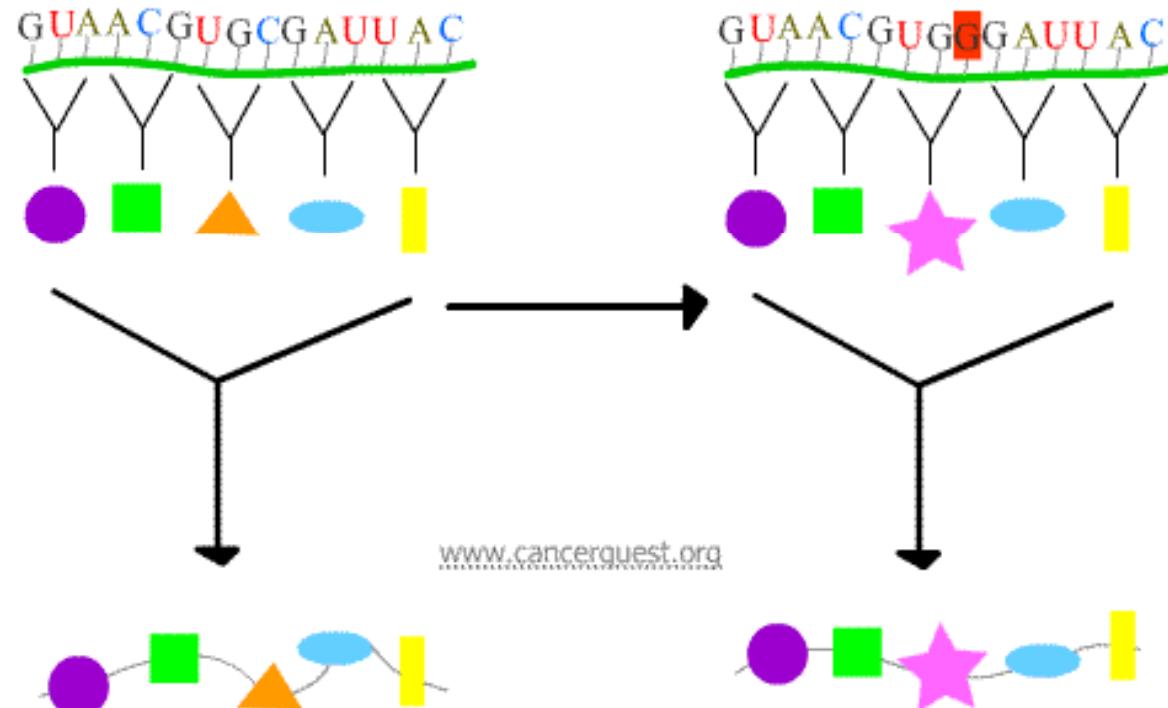
ICH MAG NUR EIN EIS

Delete R: ICH MAG NUE INE IS

Insertion oder Deletion einer Base ändert den Reading Frame, indem sich alles um eine Base verschiebt

→ Änderung der AS im Protein nach dem Frameshift

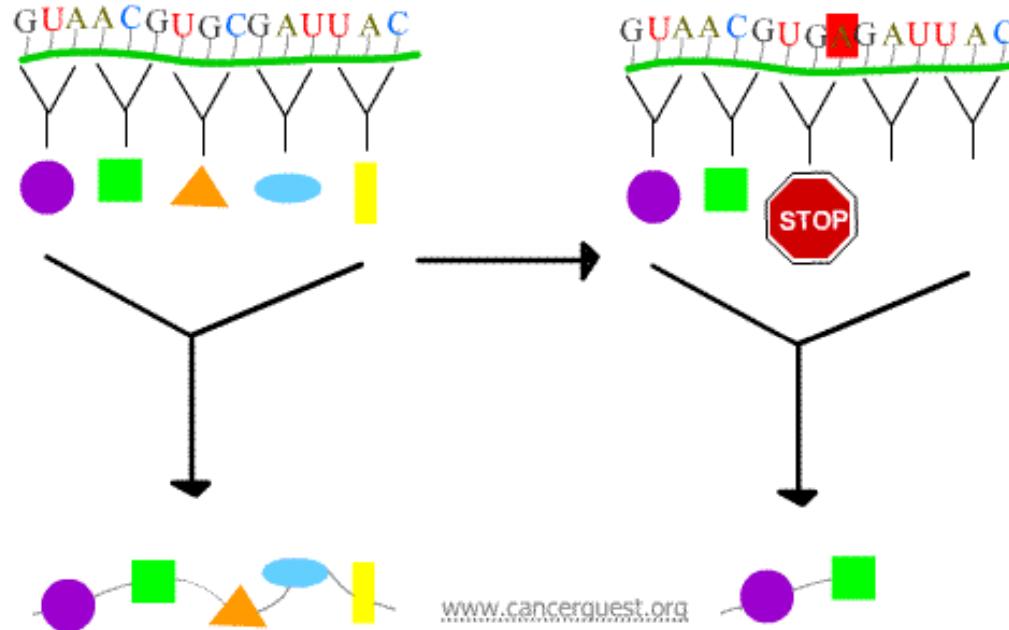
Missense Mutation:



3. Beschreiben Sie vier Typen von Punktmutationen und ihre Auswirkungen auf das Genprodukt.

Nonsense Mutation:

Austausch einer einzigen Base ändert die AS des entsprechenden Codons in ein STOP Codon.



Stille Mutation:

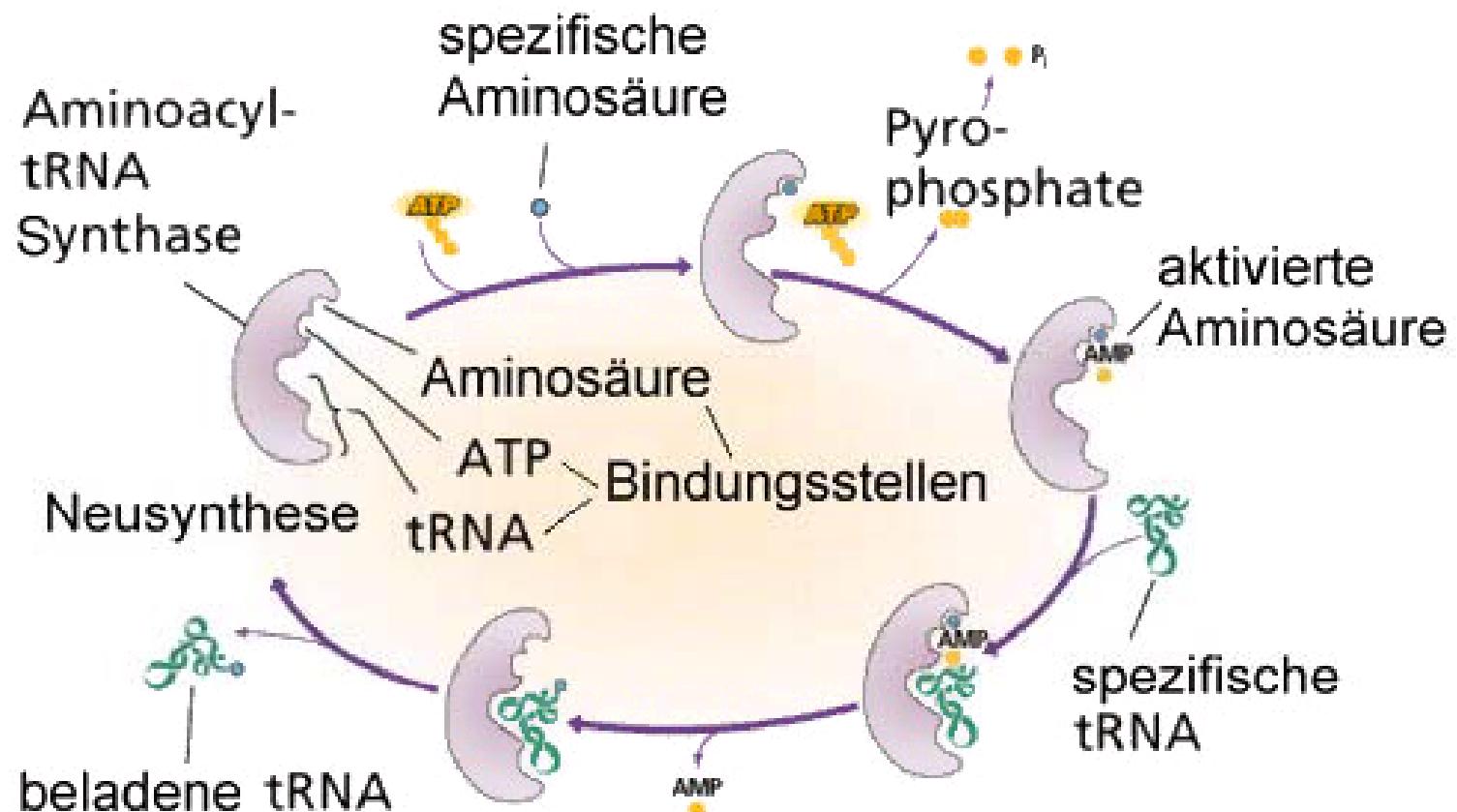
Austausch einer einzigen Base ändert die AS des entsprechenden Codons nicht.

ACC  
ACA } Beides kodiert für Threonin

4. Durch welche Enzyme werden Aminosäuren mit tRNAs verknüpft?

- (a) Proteinsynthetasen
- (b) RNA-Polymerasen
- (c) Aminoacyl-tRNA-Synthetasen**
- (d) Triplet-Synthetasen
- (e) DNA-Polymerasen

## Beladen der t-RNAs



5. Ein Gen kodiert ein Polypeptid von 30 Aminosäuren bestehend aus einer alternierenden Abfolge von Phenylalanin und Tyrosin. Welches ist die korrespondierende Nukleotidsequenz?

(a) im kodierenden Strang, vorausgesetzt daß Phe = UUU und Tyr = UAU in der mRNA

**TTT TAT TTT TAT ...**

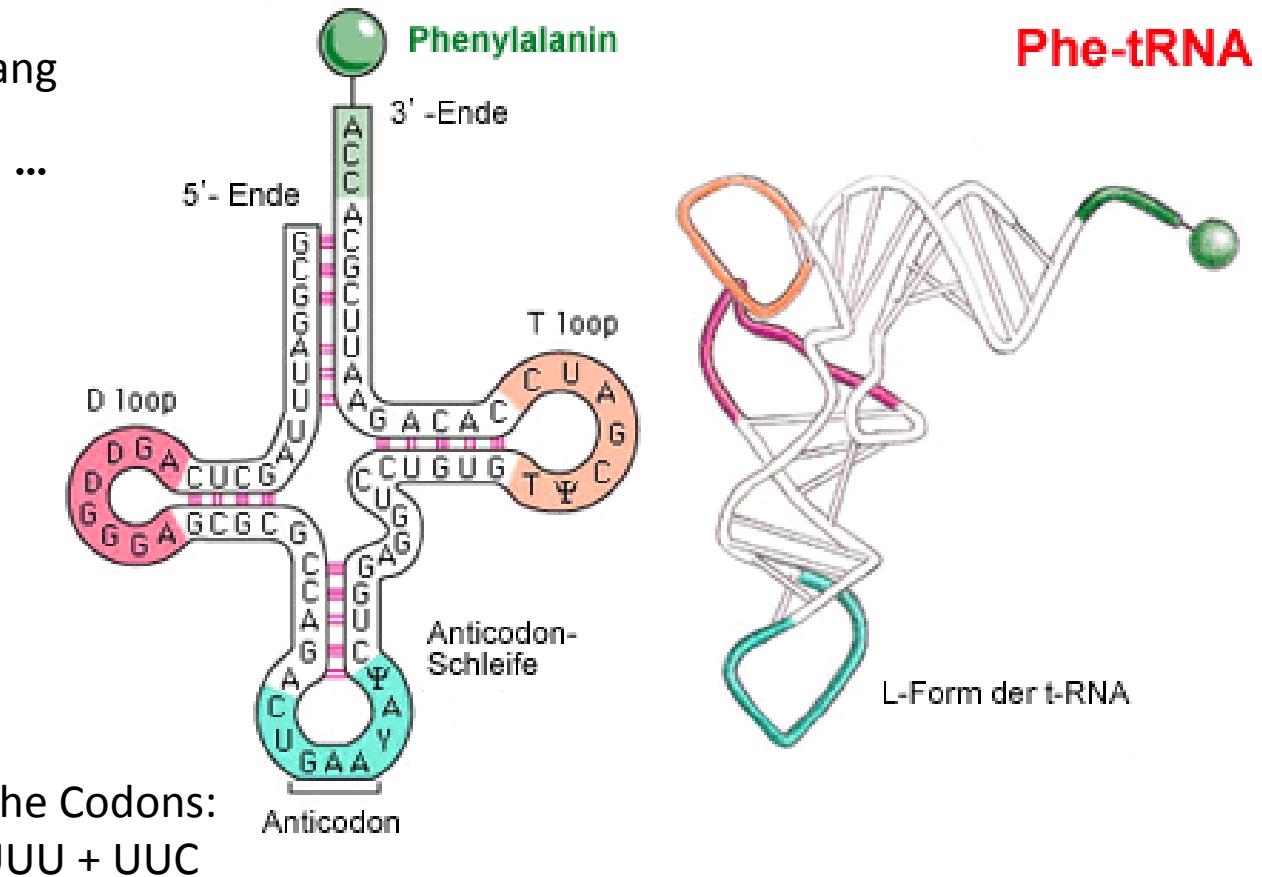
(b) im nicht-kodierenden Strang

**AAA ATA AAA ATA ...**

(c) in der tRNA

**AAA** für Phe

**AUA** für Tyr



Kodierender Strang/non-template = mRNA bis auf U/T

Nicht kodierender Strang/template = komplementär zur mRNA und U/T

6. 5'-CAU-3' ist ein mRNA-Codon für die Aminosäure Histidin an Position 58 der Alpha-Kette menschlichen Hämoglobins.

(a) Welches ist das korrespondierende Antikodon in der tRNA?

CAU

**GUA**

(b) Welches ist das korrespondierende Tripplett im kodierenden DNA-Strang?

CAU

**CAT** → kodierend = non-template

(c) Welches ist das korrespondierende Tripplett im Template-DNA-Strang?

CAU

**GTA** → Template = non-coding

Kodierender Strang/non-template = mRNA bis auf U/T

Nicht kodierender Strang/template = komplementär zur mRNA und U/T

7. Beschreiben Sie die drei Phasen der Translation und welche zellulären Komponenten daran beteiligt sind.

**Initiation** (Initiationsfaktoren IF1, IF2 + IF3 + Initiator – tRNA= fMet - tRNA)

**Elongation** (Elongationsfaktoren EF-Tu, EF-Ts + EF-G)  
10-20 Polymerisationen pro Sekunde

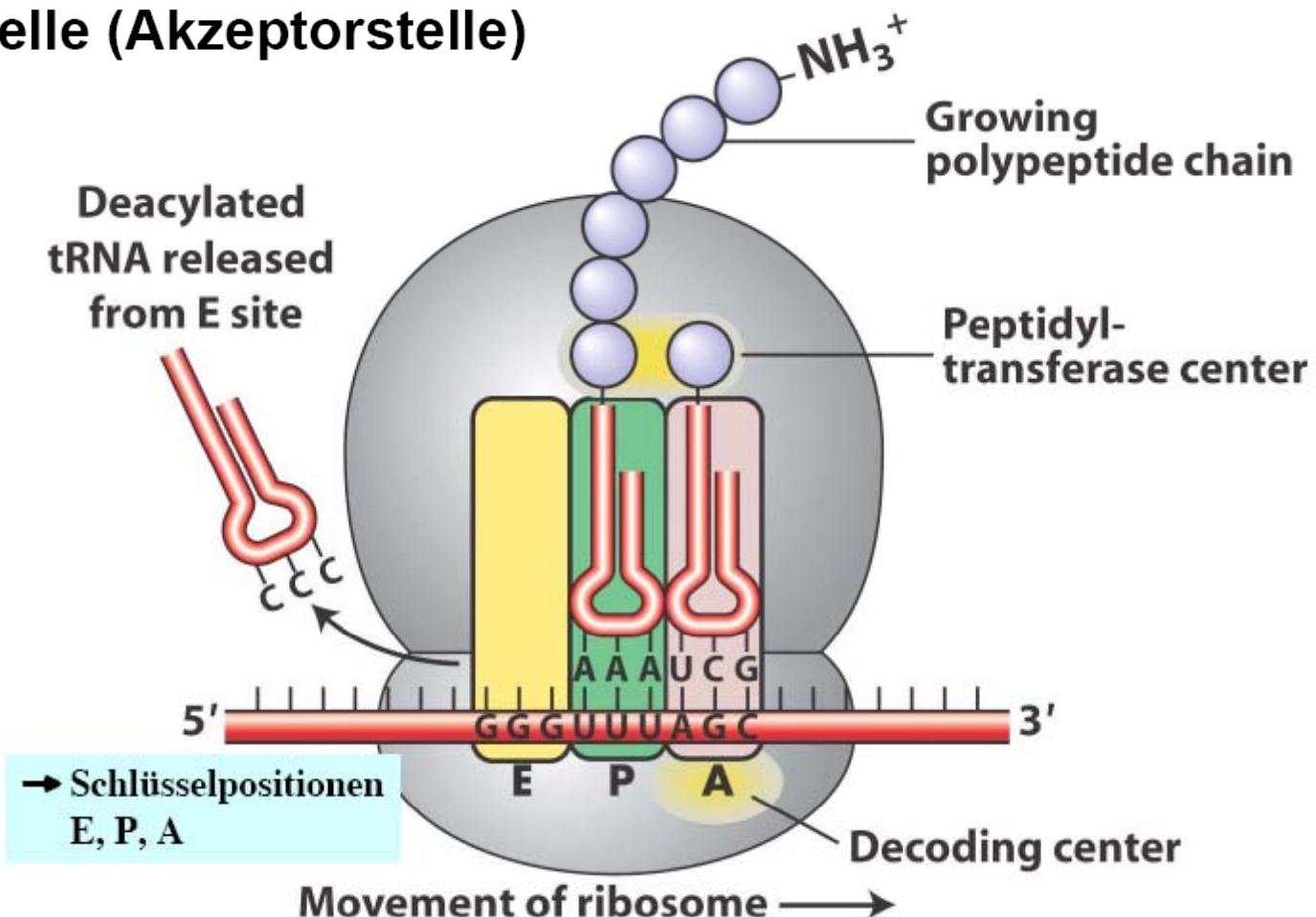
**Termination** (Release - Faktoren, RF1, RF2, RF3; RRF)

### 3 wichtige Stellen im Ribosom:

E = **Exit-Stelle** (für unbeladene tRNA)

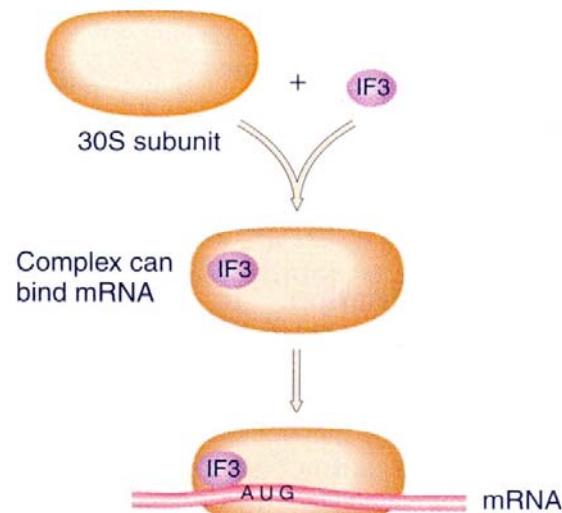
P = **Peptidyl-Stelle (Donorstelle)**

A = **Aminoacyl-Stelle (Akzeptorstelle)**

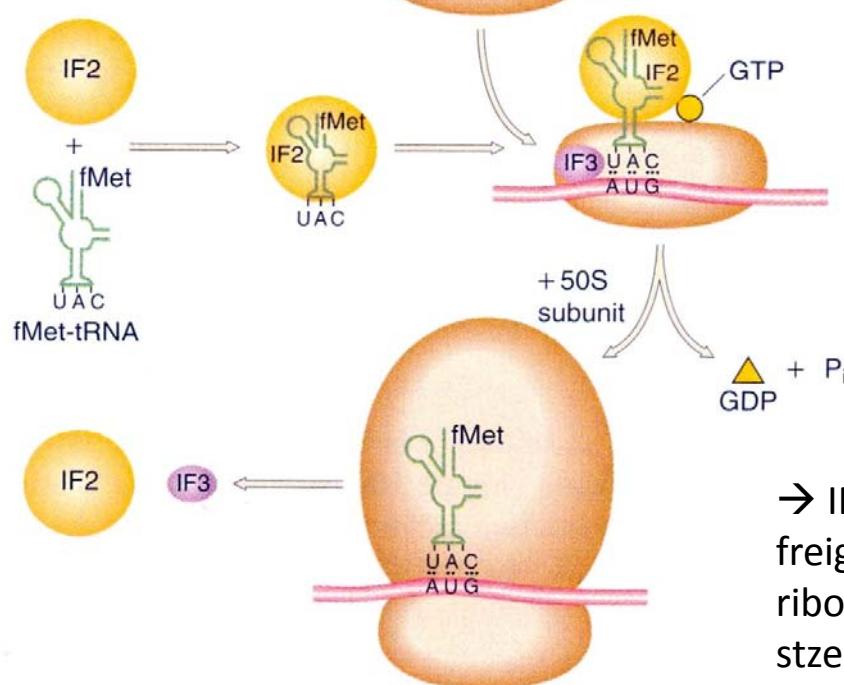


## Initiation:

1. IF3 stimuliert Bindung der mRNA an die 30S Untereinheit



2. IF2 bindet an GTP und die Initiator-fMet-tRNA



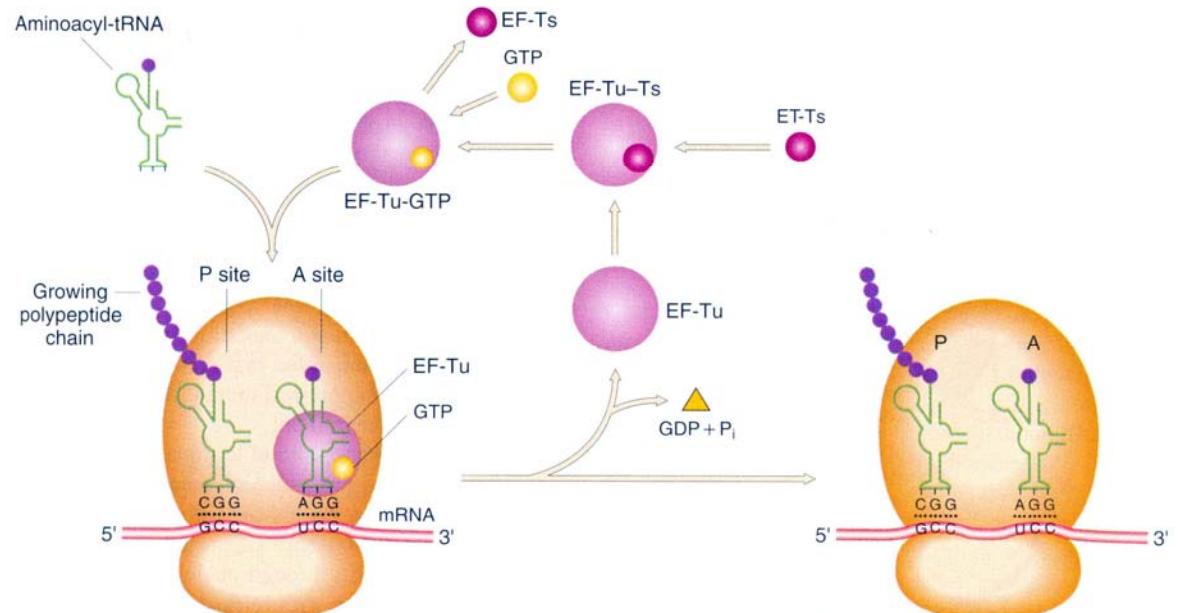
3. IF2-GTP Bdg. wird gespalten

→ fMet-tRNA bindet an die P site

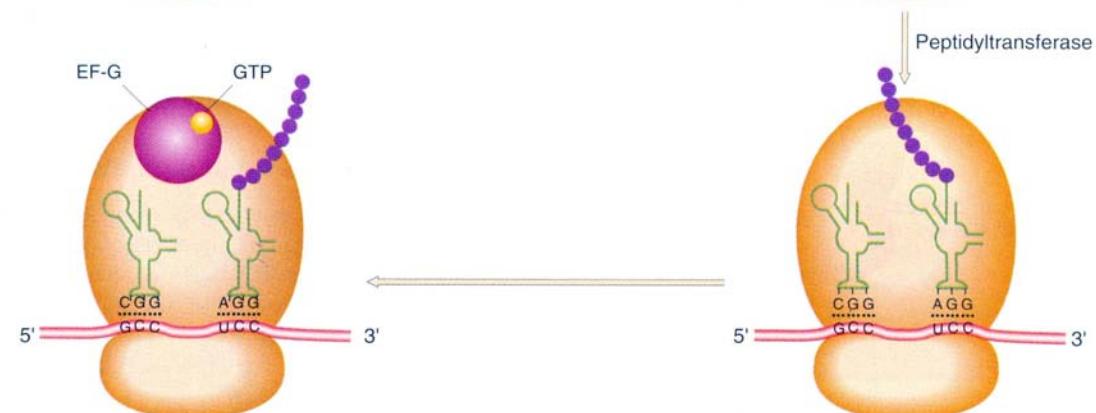
→ IF2 und IF3 werden freigesetzt und die ribosomalen Untereinheiten stoßen sich zum kompletten Ribosom zusammen

## Elongation:

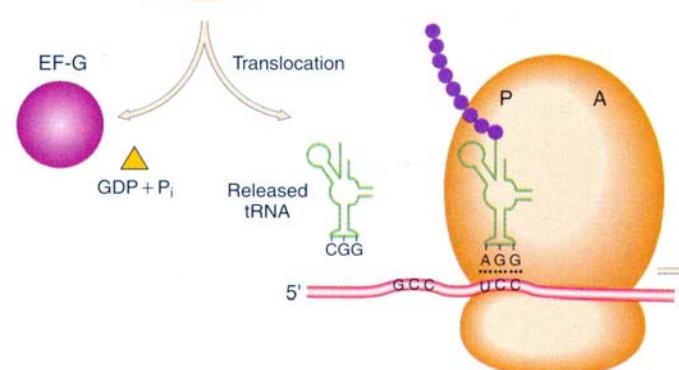
1. EF-Tu bindet erst GTP, dann die tRNA → Hydrolyse von GTP zu GDP ermöglicht Bindung der aminoacyl-tRNA an die A site → Ablösung von EF-Tu



2. Translokation I:  
Polypeptidkette an der Peptidyl-tRNA wird auf die Aminoacyl-tRNA transferiert → durch Peptidyltransferase



3. Translokation II:  
Das Ribosom geht ein Codon weiter in 5'-3' → katalysiert durch EF-G und GTP-Spaltung zu GDP



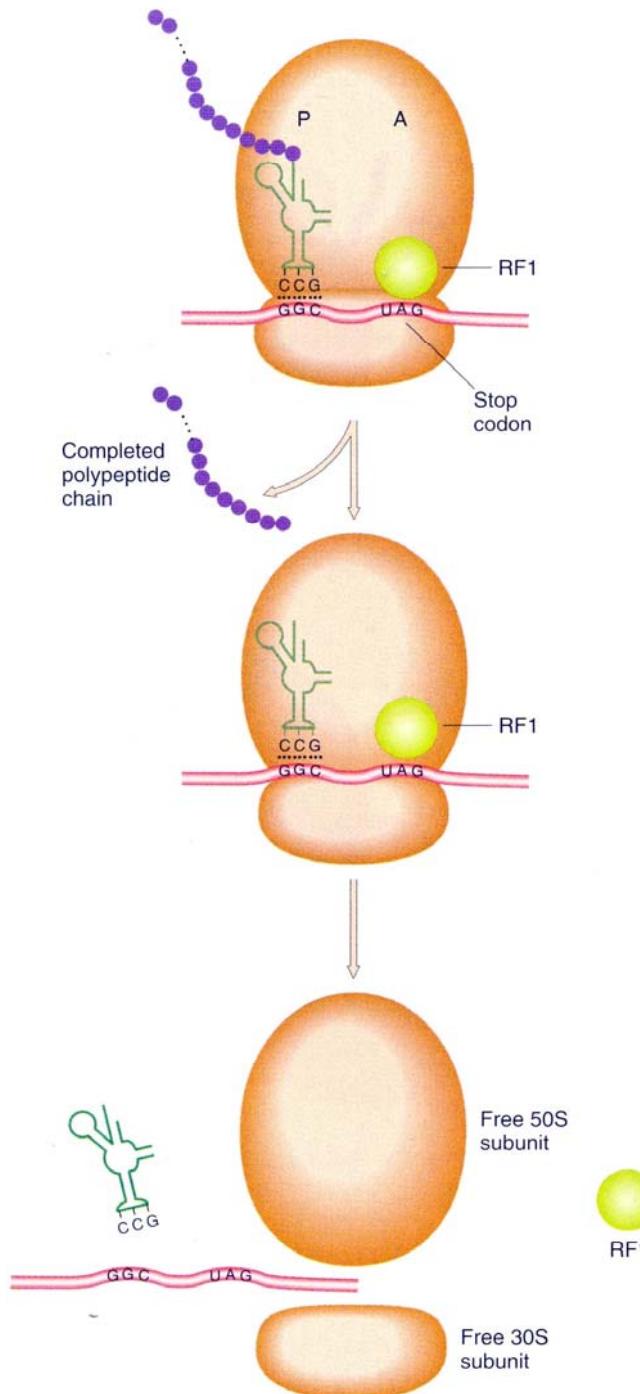
→ Freisetzung  
ungeladener tRNA von  
der P site und Transfer  
der neuen Peptidyl-  
tRNA von der A zur P  
site

## Termination:

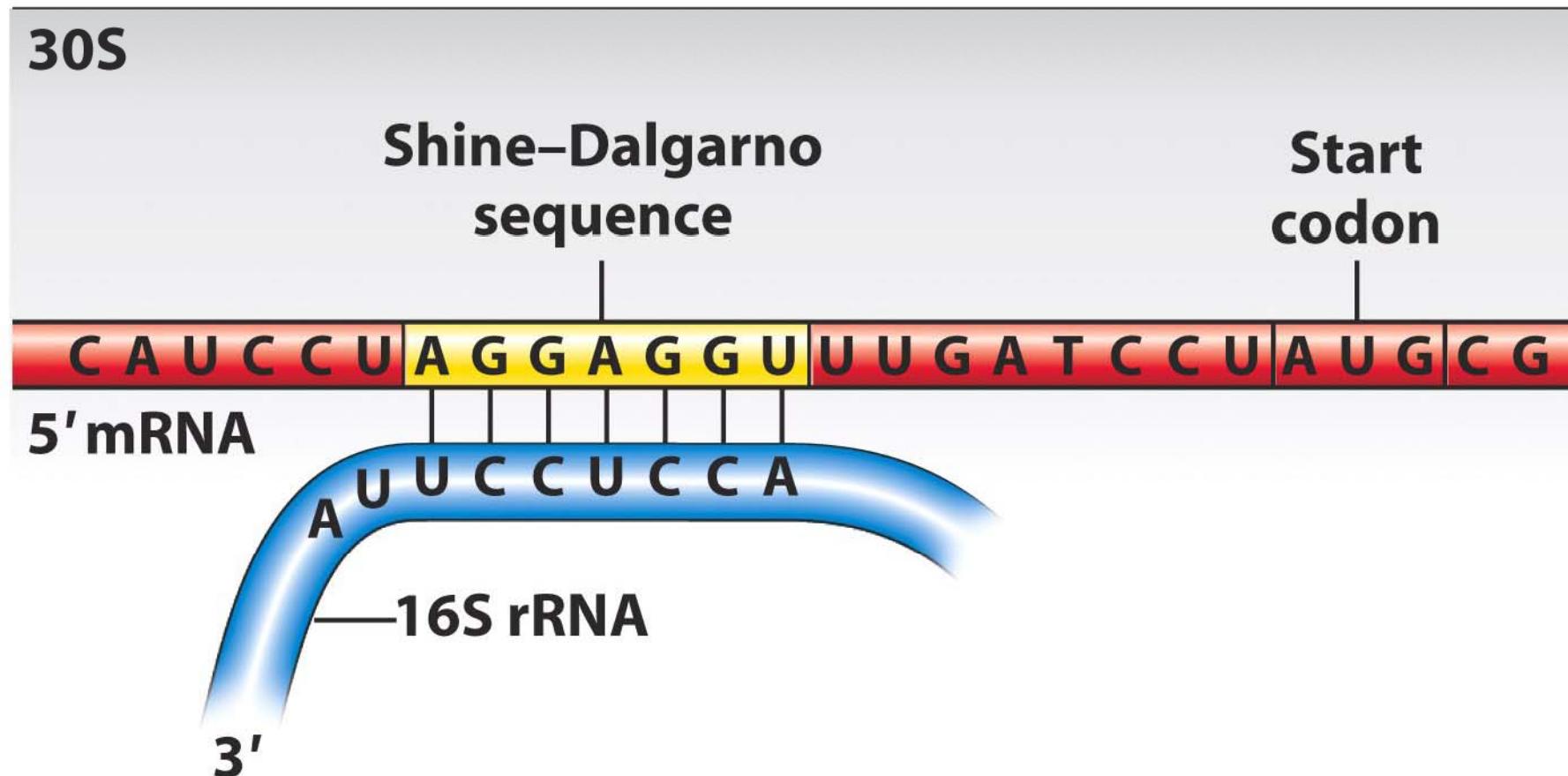
1. RF1 (UAA, UAG) und RF2 (UAA, UGA) erkennen STOP Codons → Bindung an A site, wenn Peptidyl-tRNA in P Position

2. Dadurch Ablösung des Polypeptids und Dissoziation der Ribosomen in die beiden Untereinheiten

tRNAs erkennen STOP Codons nicht!



8. In Prokaryoten sind Shine-Dalgarno-Sequenzen spezielle Sequenzen, die mit den 3'-Enden der rRNA paaren. Was ist die Funktion dieser Sequenzen?



- komplementär zum 3'-Ende der 16S rRNA → dient zur Bindung eines Ribosoms
- positioniert das Initiationscodon in der P site
- 3-12 bp vor einem Initiationskodon lokalisiert

9. Das folgende DNA-Fragment enthält das Translationsinitiationskodon eines Gens:

CGGAACATCGC

GCCTTGTAGCG

Der Template-Strang ist:

- (a) Der obere Strang, 5' → 3'
- (b) Der obere Strang, 3' → 5'
- (c) Der untere Strang, 5' → 3'
- (d) Der untere Strang, 3' → 5'
- (e) Es gibt verschiedene Möglichkeiten.

5' - CGGAACATCGC - 3'

3' - GCCTT**GTA**GCG - 5'

Template = 5' - CAT - 3'

mRNA START = 3' - **GUA** - 5'

Kodierender Strang/non-template = mRNA bis auf U/T

Nicht kodierender Strang/template = komplementär zur mRNA und U/T