Zusammenfassung der identifizierten RNA abhängigen Proteinen

Namen der RNA abhängigen Protein:

“1” “HNRPL\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000104824-HNRNPL>)

Genzusammenfassung:

Heterogene Kern-RNAs (hnRNAs), die mRNA-Vorläufer und reife mRNAs umfassen, sind mit spezifischen Proteinen assoziiertheterogene Ribonukleoprotein (hnRNP)-Komplexe zu bilden. Das heterogene nukleäre Ribonukleoprotein L gehört zu den Proteinen, die stabil mit hnRNP-Komplexen assoziiert sind, und spielt zusammen mit anderen hnRNP-Proteinen wahrscheinlich eine Hauptrolle bei der Bildung, Verpackung, Verarbeitung und Funktion von mRNA. Heterogenes nukleäres Ribonukleoprotein L ist im Nukleoplasma als Teil des HNRP-Komplexes vorhanden. HNRP-Proteine ​​wurden auch außerhalb des Nukleoplasmas identifiziert. Der Austausch von hnRNP gegen mRNA-bindende Proteine ​​begleitet den Transport von mRNA vom Zellkern zum Zytoplasma. Da gezeigt wurde, dass HNRP-Proteine ​​zwischen dem Kern und dem Zytoplasma pendeln, ist es möglich, dass sie auch zytoplasmatische Funktionen haben. Für dieses Gen wurden zwei Transkriptvarianten gefunden, die verschiedene Isoformen kodieren.

Protein-Funktion (Uniport):

Spleißfaktor, der an exonische oder intronische Stellen bindet und entweder als Aktivator oder Repressor des Exon-Einschlusses wirkt. Zeigt eine Bindungspräferenz für CA-reiche Elemente. Bestandteil der heterogenen nuklearen Ribonukleoprotein (hnRNP)-Komplexe und assoziiert mit den meisten entstehenden Transkripten. Assoziiert zusammen mit APEX1 mit dem negativen Calcium-responsiven Element (nCaRE) B2 des APEX2-Promotors

"2" "IF2B1\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000159217-IGF2BP1>)

Genzusammenfassung:

Dieses Gen kodiert für ein Mitglied der mRNA-bindenden Proteinfamilie des insulinähnlichen Wachstumsfaktors 2. Das von diesem Gen codierte Protein enthält vier K-Homologiedomänen und zwei RNA-Erkennungsmotive. Es funktioniert, indem es an die mRNAs bestimmter Gene bindet, einschließlich des insulinähnlichen Wachstumsfaktors 2, beta-Aktin und beta-Transducin-Wiederholungsproteine, und deren Translation reguliert. Für dieses Gen wurden zwei Transkriptvarianten gefunden, die verschiedene Isoformen kodieren.

"3" "RBM10\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000182872-RBM10>)

Genzusammenfassung:

Dieses Gen codiert ein Kernprotein, das zu einer Familie von Proteinen gehört, die ein RNA-Bindungsmotiv enthalten. Das codierte Protein assoziiert mit hnRNP-Proteinen und kann an der Regulierung alternativen Spleißens beteiligt sein. Defekte in diesem Gen sind die Ursache für die X-chromosomal-rezessive Erkrankung, das TARP-Syndrom. Alternative Splicing-Ergebnisse in mehreren Transkriptvarianten.

"4" "SFPQ\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000116560-SFPQ>)

"5" "ELAV1\_HUMAN"

"6" "FUS\_HUMAN"

"7" "G3BP2\_HUMAN"

"8" "HNRPQ\_HUMAN"

"9" "HNRPR\_HUMAN"

"10" "IF2B2\_HUMAN"

"11" "PABP1\_HUMAN"

"12" "RALY\_HUMAN"

"13" "SRSF1\_HUMAN"

"14" "SRSF9\_HUMAN"

"15" "U2AF2\_HUMAN"

"16" "CIRBP\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000099622-CIRBP>)

Proteinfunktion:

Kälteinduzierbares mRNA-Bindungsprotein, das eine schützende Rolle bei der genotoxischen Stressreaktion spielt, indem es Transkripte von Genen stabilisiert, die am Zellüberleben beteiligt sind. Wirkt als Translationsaktivator. Scheint eine wesentliche Rolle bei der kälteinduzierten Unterdrückung der Zellproliferation zu spielen. Bindet spezifisch an die 3'-untranslatierten Regionen (3'-UTRs) der auf Stress ansprechenden Transkripte RPA2 und TXN. Wirkt als translationaler Repressor (durch Ähnlichkeit). Fördert den Aufbau von Stressgranulaten (SGs), wenn es überexprimiert wird.

"17" "LA\_HUMAN"

"18" "LARP1\_HUMAN"

"19" "NUCL\_HUMAN"

"20" "RBM14\_HUMAN"

"21" "RBM28\_HUMAN"

"22" "SRSF5\_HUMAN"

"23" "DDX27\_HUMAN"

"24" "DDX5\_HUMAN"

"25" "DHX15\_HUMAN"

"26" "EIF3G\_HUMAN"

"27" "IF4H\_HUMAN"

"28" "ILF3\_HUMAN"

"29" "KRR1\_HUMAN"

"30" "LARP7\_HUMAN"

"31" "RBMX\_HUMAN"

"32" "RU17\_HUMAN"

"33" "SRS10\_HUMAN"

"34" "U2AF1\_HUMAN"

"35" "DDX10\_HUMAN"

"36" "DDX21\_HUMAN"

"37" "FXR2\_HUMAN"

"38" "NOG1\_HUMAN"

"39" "PWP2\_HUMAN"

"40" "RENT1\_HUMAN"

"41" "RS3\_HUMAN"

"42" "SAFB2\_HUMAN"

"43" "DDX3X\_HUMAN"

"44" "DDX52\_HUMAN"

"45" "FBRL\_HUMAN"

"46" "HNRPU\_HUMAN"

"47" "MBB1A\_HUMAN"

"48" "MYEF2\_HUMAN"

"49" "NSUN2\_HUMAN"

"50" "RL1D1\_HUMAN"

"51" "RL6\_HUMAN"

"52" "RRP12\_HUMAN"

"53" "RRP1B\_HUMAN"

"54" "RS2\_HUMAN"

"55" "SLIRP\_HUMAN"

"56" "SRS11\_HUMAN"

"57" "SRSF4\_HUMAN"

"58" "ZCCHV\_HUMAN"

"59" "DHX36\_HUMAN"

"60" "HNRL2\_HUMAN"

"61" "IF4G2\_HUMAN"

"62" "NAT10\_HUMAN"

"63" "RL13\_HUMAN"

"64" "RL29\_HUMAN"

"65" "RL7A\_HUMAN"

"66" "RS14\_HUMAN"

"67" "RS16\_HUMAN"

"68" "RS3A\_HUMAN"

"69" "RS5\_HUMAN"

"70" "RT05\_HUMAN"

"71" "RT31\_HUMAN"

"72" "SART3\_HUMAN"

"73" "SRRM1\_HUMAN"

"74" "UTP20\_HUMAN"

"75" "XRCC6\_HUMAN"

"76" "ZC3H4\_HUMAN"

"77" "ZCHC8\_HUMAN"

"78" "DIM1\_HUMAN"

"79" "EXOSX\_HUMAN"

"80" "MRT4\_HUMAN"

"81" "PPIG\_HUMAN"

"82" "PRDX1\_HUMAN"

"83" "RL21\_HUMAN"

"84" "RL23A\_HUMAN"

"85" "RL27\_HUMAN"

"86" "RL4\_HUMAN"

"87" "RM11\_HUMAN"

"88" "RS15\_HUMAN"

"89" "SF3B2\_HUMAN"

"90" "SMD3\_HUMAN"

"91" "WDR75\_HUMAN"

"92" "XRCC5\_HUMAN"

"93" "Z3H7B\_HUMAN"

"94" "ZCRB1\_HUMAN"

"95" "ABCF1\_HUMAN"

"96" "FA98A\_HUMAN"

"97" "FLNA\_HUMAN"

"98" "GRWD1\_HUMAN"

"99" "MTREX\_HUMAN"

"100" "NOP14\_HUMAN"

"101" "PAPD1\_HUMAN"

(<https://www.phosphosite.org/proteinAction.action?id=1175667&showAllSites=true>)

PAPD1- Polymerase, die den 3'-Poly(A)-Schwanz von mitochondrialen Transkripten erzeugt. Kann alle vier Nukleotide verwenden, hat aber eine höhere Aktivität mit ATP und UTP (in vitro). Spielt eine Rolle beim replikationsabhängigen Histon-mRNA-Abbau. Kann an der terminalen Uridylierung reifer Histon-mRNAs beteiligt sein, bevor deren Abbau eingeleitet wird. Könnte für die Bildung einiger UAA-Stoppcodons verantwortlich sein, die nicht in mtDNA kodiert sind. Gehört zur Familie der DNA-Polymerasen vom Typ B. Allgegenwärtig, mit stärkerer Expression in Geweben mit hohem Energiebedarf: Herz, Gehirn und Skelettmuskel. Es wurde über 2 alternativ gespleißte humane Isoformen berichtet. Hinweis: Diese Beschreibung kann Informationen von UniProtKB enthalten.

"102" "PRPF3\_HUMAN"

"103" "REXO4\_HUMAN"

"104" "RL23\_HUMAN"

"105" "RL24\_HUMAN"

"106" "RL28\_HUMAN"

"107" "RS11\_HUMAN"

"108" "RS9\_HUMAN"

"109" "SREK1\_HUMAN"

"110" "SRP72\_HUMAN"

"111" "STAU1\_HUMAN"

"112" "TM10C\_HUMAN"

"113" "DYHC1\_HUMAN"

"114" "EF1G\_HUMAN"

"115" "F120C\_HUMAN"

"116" "FLNB\_HUMAN"

"117" "GRP75\_HUMAN"

"118" "IF2B\_HUMAN"

"119" "LS14B\_HUMAN"

"120" "MEPCE\_HUMAN"

"121" "PHF5A\_HUMAN"

"122" "PR40A\_HUMAN"

"123" "RL11\_HUMAN"

"124" "RS18\_HUMAN"

"125" "RS23\_HUMAN"

"126" "RS4X\_HUMAN"

"127" "SPF45\_HUMAN"

"128" "TOP1\_HUMAN"

"129" "AHNK\_HUMAN"

"130" "ASCC3\_HUMAN"

"131" "CC137\_HUMAN"

"132" "CH60\_HUMAN"

"133" "DDX55\_HUMAN"

"134" "E2AK2\_HUMAN"

"135" "ERF1\_HUMAN"

"136" "GCN1\_HUMAN"

"137" "KTN1\_HUMAN"

"138" "LC7L3\_HUMAN"

"139" "NOL7\_HUMAN"

"140" "PDIA1\_HUMAN"

"141" "PPIA\_HUMAN"

"142" "PRKRA\_HUMAN"

"143" "PYM1\_HUMAN"

"144" "RO60\_HUMAN"

"145" "RT09\_HUMAN"

"146" "TERA\_HUMAN"

"147" "TRUA\_HUMAN"

"148" "UBA1\_HUMAN"

"149" "ZC3H1\_HUMAN"

"150" "AR6P4\_HUMAN"

"151" "CCD86\_HUMAN"

"152" "CLH1\_HUMAN"

"153" "ENPL\_HUMAN"

"154" "FAS\_HUMAN"

"155" "HSPB1\_HUMAN"

"156" "NCBP1\_HUMAN"

"157" "RL34\_HUMAN"

"158" "RPP30\_HUMAN"

"159" "RRBP1\_HUMAN"

"160" "RRP15\_HUMAN"

"161" "RT15\_HUMAN"

"162" "RT21\_HUMAN"

"163" "RT26\_HUMAN"

"164" "SRPK1\_HUMAN"

"165" "SYAC\_HUMAN"

"166" "SYFA\_HUMAN"

"167" "SYK\_HUMAN"

"168" "TLN1\_HUMAN"

"169" "TOP2A\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000131747-TOP2A>)

Proteinfunktion:

Dekatenierendes Schlüsselenzym, das die DNA-Topologie verändert, indem es an zwei doppelsträngige DNA-Moleküle bindet, einen doppelsträngigen Bruch in einem der Stränge erzeugt, den intakten Strang durch den gebrochenen Strang leitet und den gebrochenen Strang religiert. Kann eine Rolle bei der Regulierung der Periodenlänge der ARNTL/BMAL1-Transkriptionsoszillation spielen (durch Ähnlichkeit).

Genzusammenfassung:

Dieses Gen codiert eine DNA-Topoisomerase, ein Enzym, das die topologischen Zustände der DNA während der Transkription steuert und verändertan. Dieses nukleäre Enzym ist an Prozessen wie der Chromosomenkondensation, der Chromatidentrennung und dem Abbau von Torsionsspannungen beteiligt, die während der DNA-Transkription und -Replikation auftreten. Es katalysiert das vorübergehende Aufbrechen und Wiederverbinden von zwei Duplex-DNA-Strängen, was es den Strängen ermöglicht, einander zu passieren, wodurch die Topologie der DNA verändert wird. Zwei Formen dieses Enzyms existieren als wahrscheinliche Produkte eines Genduplikationsereignisses. Das Gen, das diese Form kodiert, Alpha, ist auf Chromosom 17 lokalisiert und das Beta-Gen ist auf Chromosom 3 lokalisiert. Das Gen, das dieses Enzym kodiert, fungiert als Ziel für mehrere Antikrebsmittel, und eine Vielzahl von Mutationen in diesem Gen wurden mit der Entwicklung in Verbindung gebracht der Arzneimittelresistenz. Eine verringerte Aktivität dieses Enzyms kann auch bei der Ataxie-Teleangiektasie eine Rolle spielen.

"170" "DDX20\_HUMAN"

"171" "G3P\_HUMAN"

"172" "HUWE1\_HUMAN"

"173" "IF5A1\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000132507-EIF5A>)

Proteinfunktion:

mRNA-bindendes Protein, das an der Translationselongation beteiligt ist. Hat eine wichtige Funktion auf der Ebene des mRNA-Umsatzes, wahrscheinlichstromabwärts der Entkappung wirkt. Beteiligt an Aktindynamik und Zellzyklusprogression, mRNA-Zerfall und wahrscheinlich an einem Signalweg, der an der Stressreaktion und Aufrechterhaltung der Zellwandintegrität beteiligt ist. Funktioniert mit Syntenin SDCBP als Regulator von p53/TP53 und p53/TP53-abhängiger Apoptose. Reguliert auch TNF-alpha-vermittelte Apoptose. Vermittelt Wirkungen von Polyaminen auf die Verlängerung und das Überleben neuronaler Prozesse. Kann eine wichtige Rolle bei der Entwicklung und Funktion des Gehirns sowie bei der Differenzierung von Skelettmuskelstammzellen spielen. Wird auch als zellulärer Cofaktor des Rex-Proteins des humanen T-Zell-Leukämievirus Typ I (HTLV-1) und des Rev-Proteins des humanen Immunschwächevirus Typ 1 (HIV-1) beschrieben, das für den mRNA-Export retroviraler Transkripte essentiell ist.

"174" "MRM1\_HUMAN"

"175" "NP1L1\_HUMAN"

"176" "PLRG1\_HUMAN"

"177" "POPD1\_HUMAN"

"178" "PRP19\_HUMAN"

"179" "PRP4\_HUMAN"

"180" "PUM3\_HUMAN"

"181" "RL37\_HUMAN"

"182" "RL38\_HUMAN"

"183" "RLA2\_HUMAN"

"184" "RNH1\_HUMAN"

"185" "RT14\_HUMAN"

"186" "SDA1\_HUMAN"

"187" "SPTN1\_HUMAN"

"188" "SUMO1\_HUMAN"

"189" "SYSC\_HUMAN"

"190" "TAGL2\_HUMAN"

"191" "ATPB\_HUMAN"

"192" "COF1\_HUMAN"

"193" "CTCF\_HUMAN"

"194" "CWC15\_HUMAN"

"195" "DRG1\_HUMAN"

"196" "GEMI4\_HUMAN"

"197" "H10\_HUMAN"

"198" "H15\_HUMAN"

"199" "KNOP1\_HUMAN"

"200" "LONM\_HUMAN"

"201" "NMT1\_HUMAN"

"202" "PARK7\_HUMAN"

"203" "RL22L\_HUMAN"

"204" "RM32\_HUMAN"

"205" "RM40\_HUMAN"

"206" "SERA\_HUMAN"

"207" "SMCA5\_HUMAN"

"208" "UBIM\_HUMAN"

"209" "CAND1\_HUMAN"

"210" "EIF3M\_HUMAN"

"211" "FND3A\_HUMAN"

"212" "ICLN\_HUMAN"

"213" "IQGA1\_HUMAN"

"214" "PGK1\_HUMAN"

"215" "RECQ1\_HUMAN"

"216" "RL36A\_HUMAN"

"217" "RT12\_HUMAN"

"218" "RT18B\_HUMAN"

"219" "RT33\_HUMAN"

"220" "RTCA\_HUMAN"

"221" "S61A1\_HUMAN"

"222" "SMU1\_HUMAN"

"223" "TACO1\_HUMAN"

"224" "TBB5\_HUMAN"

"225" "TEP1\_HUMAN"

"226" "THIM\_HUMAN"

"227" "TRMB\_HUMAN"

"228" "AN32B\_HUMAN"

"229" "ANXA1\_HUMAN"

"230" "APTX\_HUMAN"

"231" "ARGL1\_HUMAN"

"232" "BRD4\_HUMAN"

"233" "CG050\_HUMAN"

"234" "CND1\_HUMAN"

"235" "CYC\_HUMAN"

"236" "EXOS5\_HUMAN"

"237" "FUMH\_HUMAN"

"238" "GOGB1\_HUMAN"

"239" "GTF2I\_HUMAN"

"240" "H1X\_HUMAN"

"241" "HDAC1\_HUMAN"

"242" "HP1B3\_HUMAN"

"243" "KHNYN\_HUMAN"

"244" "MPCP\_HUMAN"

"245" "NU188\_HUMAN"

"246" "PSA7\_HUMAN"

"247" "PTN1\_HUMAN"

"248" "RT22\_HUMAN"

"249" "SNR27\_HUMAN"

"250" "TF3C1\_HUMAN"

"251" "TM214\_HUMAN"

"252" "TPD54\_HUMAN"

"253" "TRM61\_HUMAN"

"254" "TSYL1\_HUMAN"

"255" "ACLY\_HUMAN"

"256" "AGRIN\_HUMAN"

"257" "AP1B1\_HUMAN"

"258" "APC1\_HUMAN"

"259" "ARC1B\_HUMAN"

"260" "CATC\_HUMAN"

"261" "CAZA1\_HUMAN"

"262" "CCNL1\_HUMAN"

"263" "CD44\_HUMAN"

"264" "DBNL\_HUMAN"

"265" "DNJC1\_HUMAN"

"266" "DYL1\_HUMAN"

"267" "ESYT1\_HUMAN"

"268" "FACE1\_HUMAN"

"269" "FMT\_HUMAN"

"270" "HACD3\_HUMAN"

"271" "HDGR2\_HUMAN"

"272" "JIP4\_HUMAN"

"273" "MAGD2\_HUMAN"

"274" "MARK2\_HUMAN"

"275" "METK2\_HUMAN"

"276" "NU214\_HUMAN"

"277" "PCNA\_HUMAN"

"278" "PFKAP\_HUMAN"

"279" "PNPH\_HUMAN"

"280" "PSMD1\_HUMAN"

"281" "PTH2\_HUMAN"

"282" "PUR4\_HUMAN"

"283" "PUR8\_HUMAN"

"284" "ROCK2\_HUMAN"

"285" "SAC1\_HUMAN"

Proteinfunktion:

Genzusammenfassung:

"286" "SPF27\_HUMAN"

"287" "TBCA\_HUMAN"

"288" "TMED9\_HUMAN"

"289" "VDAC1\_HUMAN"

"290" "ABCB7\_HUMAN"

"291" "ABCD3\_HUMAN"

"292" "ACOT9\_HUMAN"

"293" "ADT3\_HUMAN"

"294" "AHNK2\_HUMAN"

"295" "ANM3\_HUMAN"

"296" "AP2M1\_HUMAN"

"297" "ARP3\_HUMAN"

"298" "ASPH\_HUMAN"

"299" "AT1B1\_HUMAN"

"300" "CAAP1\_HUMAN"

"301" "CETN2\_HUMAN"

"302" "CLPX\_HUMAN"

"303" "CPLX2\_HUMAN"

"304" "CPPED\_HUMAN"

"305" "CPSM\_HUMAN"

"306" "CSN5\_HUMAN"

"307" "DHCR7\_HUMAN"

"308" "DIC\_HUMAN"

"309" "EP400\_HUMAN"

"310" "F177A\_HUMAN"

"311" "G6PI\_HUMAN"

"312" "GLGB\_HUMAN"

"313" "IGSF3\_HUMAN"

"314" "IKIP\_HUMAN"

"315" "ITA2\_HUMAN"

"316" "ITA6\_HUMAN"

"317" "IWS1\_HUMAN"

"318" "LAMC1\_HUMAN"

"319" "LASP1\_HUMAN"

"320" "LGUL\_HUMAN"

"321" "LRBA\_HUMAN"

"322" "MBD2\_HUMAN"

"323" "MD2L1\_HUMAN"

"324" "MK01\_HUMAN"

"325" "MP2K1\_HUMAN"

"326" "NDUB4\_HUMAN"

"327" "NPS3A\_HUMAN"

"328" "NRDC\_HUMAN"

"329" "OAT\_HUMAN"

"330" "ODPA\_HUMAN"

"331" "OXA1L\_HUMAN"

"332" "P4HA1\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000122884-P4HA1>)

Genzusammenfassung:

Dieses Gen kodiert für eine Komponente der Prolyl-4-hydroxylase, einem Schlüsselenzym bei der Kollagensynthese, das aus zwei identischen Alpha- Untereinheiten und zwei Beta-Untereinheiten besteht. Das codierte Protein ist eine von mehreren verschiedenen Arten von Alpha-Untereinheiten und stellt den Hauptteil der katalytischen Stelle des aktiven Enzyms bereit. In Kollagen und verwandten Proteinen katalysiert Prolyl-4-hydroxylase die Bildung von 4-Hydroxyprolin, das für die richtige dreidimensionale Faltung neu synthetisierter Prokollagenketten wesentlich ist. Alternativ wurden gespleißte Transkriptvarianten beschrieben, die verschiedene Isoformen kodieren.

"333" "PDCD5\_HUMAN"

"334" "PGAM1\_HUMAN"

"335" "PIGS\_HUMAN"

"336" "PLIN3\_HUMAN"

"337" "PRAF3\_HUMAN"

"338" "PRPS2\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000101911-PRPS2>)

Proteinfunktion:

katalysiert die Synthese von Phosphoribosylpyrophosphat (PRPP), das für die Nukleotidsynthese essentiell ist.

Genzusammenfassung:

Dieses Gen kodiert für eine Phosphoribosylpyrophosphat-Synthetase, die eine zentrale Rolle bei der Synthese von Purinen und Pyrimidinen spielt. Das codierte Protein katalysiert die Synthese von 5-Phosphoribosyl-1-pyrophosphat aus ATP und D-Ribose-5-phosphat. Alternatives Spleißen führt zu mehreren Transkriptvarianten.

"339" "QCR8\_HUMAN"

(<https://www.proteinatlas.org/ENSG00000156467-UQCRB>)

Proteinfunktion:

Bestandteil der Ubiquinol-Cytochrom-c-Oxidoreduktase, eines Transmembrankomplexes mit mehreren Untereinheiten, der Teil des Mitochos istndriale Elektronentransportkette, die die oxidative Phosphorylierung antreibt. Die Atmungskette enthält 3 Komplexe mit mehreren Untereinheiten, Succinat-Dehydrogenase (Komplex II, CII), Ubiquinol-Cytochrom-C-Oxidoreduktase (Cytochrom-B-C1-Komplex, Komplex III, CIII) und Cytochrom-C-Oxidase (Komplex IV, CIV), die zusammenwirken, um abgeleitete Elektronen zu übertragen von NADH und Succinat zu molekularem Sauerstoff, wodurch ein elektrochemischer Gradient über der inneren Membran entsteht, der den Transmembrantransport und die ATP-Synthase antreibt. Der Cytochrom b-c1-Komplex katalysiert den Elektronentransfer von Ubiquinol zu Cytochrom c und verbindet diese Redoxreaktion mit der Translokation von Protonen durch die mitochondriale Innenmembran, wobei Protonen als Wasserstoffatome auf dem Chinol durch die Membran transportiert werden. In dem als Q-Zyklus bezeichneten Prozess werden 2 Protonen aus der Matrix verbraucht.

Genzusammenfassung:

Dieses Gen kodiert für eine Untereinheit des Ubiquinol-Cytochrom-c-Oxidoreduktase-Komplexes, der aus einer mitochondrienkodierten und 10 kernkodierten Untereinheiten besteht. Das von diesem Gen codierte Protein bindet Ubichinon und ist an der Übertragung von Elektronen beteiligt, wenn Ubichinon gebunden wird. Dieses Protein spielt eine wichtige Rolle bei der Hypoxie-induzierten Angiogenese durch mitochondriale reaktive Sauerstoffspezies-vermittelte Signalübertragung. Mutationen in diesem Gen sind mit einem mitochondrialen Komplex-III-Mangel verbunden. Für dieses Gen wurden alternativ gespleißte Transkriptvarianten gefunden. Verwandte Pseudogene wurden auf den Chromosomen 1, 5 und X identifiziert.

"340" "RAB5C\_HUMAN"

"341" "RBP10\_HUMAN"

"342" "RCN1\_HUMAN"

"343" "SDC1\_HUMAN"

"344" "STMN1\_HUMAN"

"345" "TBB3\_HUMAN"

"346" "TBC9B\_HUMAN"

"347" "TMM43\_HUMAN"

"348" "TYY1\_HUMAN"

"349" "VPS35\_HUMAN"

"350" "XPP3\_HUMAN"

| Proteinnamen | Expressionsort | Molekulare Funktion (Uniport) | Krankheit (Krebs) | Vollständiger Name |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| HNRPL\_HUMAN | Knochenmark-mRNA-Spleißen &Zellzyklus (hauptsächlich) | Ribonukleoprotein, RNA-Bindung | Prognosemarker bei Nierenkrebs (ungünstig), Leberkrebs (ungünstig),  Bauchspeicheldrüsenkrebs (ungünstig) | Heterogeneous nuclear ribonucleoprotein L |
|  |  |  |  |  |
| IF2B1\_HUMAN | Plazenta-Schwangerschaft (hauptsächlich) | RNA-Bindung  mRNA-Transport, Translationsregulation, Transport (biologisches Verfahren) | Das Genprodukt ist nicht prognostisch | Insulinähnlicher Wachstumsfaktor 2 mRNA-bindendes Protein 1 |
|  |  |  |  |  |
| RBM10\_HUMAN | Befindet sich in Kernsprenklen | RNA-Bindung  mRNA-Verarbeitung, mRNA-Spleißen (biologisches Verfahren)  Krebsbezogenes Gen  Metallbindung, Zink | Prognosemarker bei Bauchspeicheldrüsenkrebs (günstig) & Gebärmutterhalskrebs (günstig) | RNA-Bindungsmotivprotein 10 |
|  |  |  |  |  |
| SFPQ\_HUMAN | Knochmark-mRNA-Spleißen &Zellzyklus (haupsächlich) | Aktivator, DANN-Bindung, Repressor, RNA-Bindung  Biologischer Rhythmen, DANN-Schäden, DANN-Rekombination, DNA-Reperatur, Immunität, angeborene Immunität, mRNA-Verarbeitung/-Spleißen, Transkriptionregulation  (biologisches Verafahren)  Krebsbezogene Gene | Prognosemarker bei Leberzellen (ungünstig) und Brustkrebs (günstig) | Spleißfaktor Prolin und Glutamin reich |
|  |  |  |  |  |
| P4HA1\_HUMAN | Unspezifisch-Mitochondrien & Proteasom (hauptsächlich)  Atmungsepithelzellen-Schleimhautabwehr  Befindet sich im endoplasmatischen Retikulum, Vesikel, Mitochondrien (Einzelzellvariabilität, CCD-Protein) | Dioxygenase, Oxidoreduktase  Eisen, metallbindend, Vitamin C | Prognosemarker bei Nierenkrebs (ungünstig), Kopf-Hals-Krebs (ungünstig), Gebärmutterhalskrebs (ungünstig), Bauchspeichelkrebs (ungünstig) , Lungenkrebs (ungünstig), & Brustkrebs (ungünstig) | Prolyl-4-hydroxylase-Untereinheit alpha 1 |
|  |  |  |  |  |
| PRPS2\_HUMAN | Nebenschilddrüse-Membranproteine (hauptsächlich)  Unspezifisch-Transkription (hauptsächlich)  Befindet sich in Kernsprenkeln Vesikeln (Einzelzellevariabilität) | Kinase, Transferase  Nukleotidbiosynthese (biologisches Verfahren)  ATP-Bindung, Magnesium, Metallbindung, Nukleotidbindung | Prognosemarker bei Gebärmutterhalskrebs (günstig) | Phosphoribosylpyrophosphat-Synthetase 2 |
|  |  |  |  |  |
| QCR8\_HUMAN | Herz-Muskelkontraktion (hauptsächlich) | Elektronentransporter, Atmungskette, Transport (biologisches Verfahren) | Prognosemarker bei Nierenkrebs (günstig)  Primäre mitochondriale Erkrankung (Krebsbeteiligung) | Ubiquinol-Cytochrom-c-Reduktase-bindendes Protein |
|  |  |  |  |  |
| PAPD1\_HUMAN | Intrazelluläre membranbegrenzte Organellen, Mitochondrium | ATP-Bindung, identische Proteinbindung, Magnesiumionenbindung, Polynukleotid  Katabolischer Prozess der Histon-mRNA, mRNA-Polyadenylierung (biologische Verfahren) | Lungenkrebs |  |
|  |  |  |  |  |
| CIRBP\_HUMAN | Unspezifisch  Befindet sich im Nukleoplasma | Aktivator, Repressor, RNA-Bindung  Stress-Reaktion (biologisches Verfahren) | Prognosemarker bei Nierenkrebs (günstig), Lungenkrebs (günstig), Bauchspeicheldrüsenkrebs (günstig) & Gebärmutterhalskrebs (günstig) | Kälteinduzierbares RNA-bindendes Protein |
|  |  |  |  |  |
| TOP2A\_HUMAN | Unspezifische-Regulation des Zellzyklus  Befindet sich in Nucleoplasma, Nucleoli | DANN-Bindung, Isomerase, Topoisomerase  Biologischer Rhythmen (biologisches verfahren)  Krebsbezogene Gene, von der FDA zugelassen Arzneimittelziele  ATP-Bindung, Magnesium, Metallbindung, Nukleotidbindung | Prognosemarker bei Nierenkrebs (ungünstig) ,  Leberkrebs (ungünstig), Bauchspeichelkrebs (ungünstig), & Lungenkrebs (ungünstig) | DNA-Topoisomerase II alpha |
| IF5A1\_HUMAN | Unspezifisch-Mitochondrien & Proteasom (hauptsächlich)  Befindet sich in Nukleoplasma, Plasmamembran, Cytosol | Elongationsfaktor, RNA-Bindung  mRNA Transport, Proteinsynthese, Translokation, Transport  Krebsbezogogene Gen | Prognosemarker bei Nierenkrebs (ungünstig) und Lungenkrebs (ungünstig) | Eukaryotischer Translationsinitiationsfaktor 5A |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |
|  |  |  |  |  |