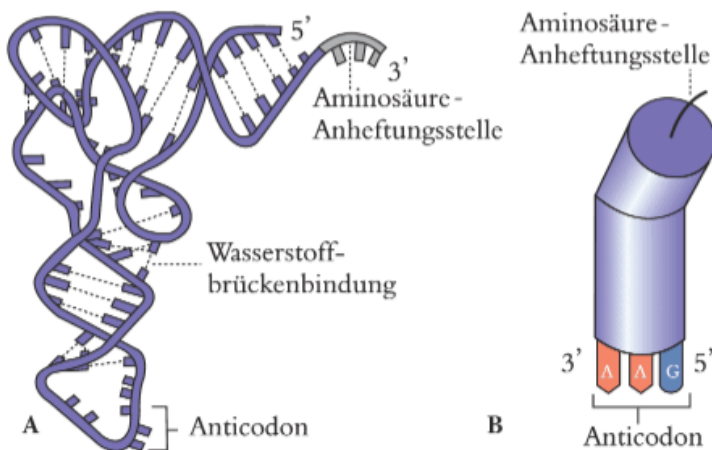


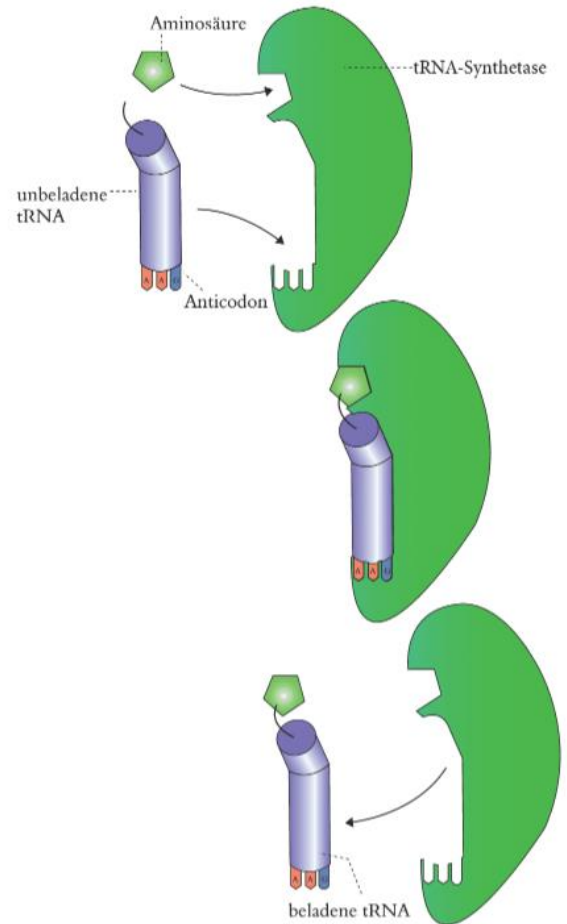
# Translation

Im zweiten Schritt vom Gen zum Merkmal, der **Translation**, entsteht das charakteristische Proteinmuster, mit dem eine Zelle ausgestattet ist, um ihre Funktion erfüllen zu können. Die Übersetzung der mRNA-Nukleotidsequenz in die Aminosäuresequenz eines Polypeptids erfolgt nach den Regeln des genetischen Codes. Sie findet an den Ribosomen statt.



70.1 Struktur der tRNA. A Tertiärstruktur; B Schema

Versuche in zellfreien Systemen zeigten, dass für die Translation die Anwesenheit von tRNA-Molekülen erforderlich ist. Diese bestehen nur aus etwa 80 Nukleotiden. Durch Basenpaarungen entstehen Schleifen, die dem Molekül in der Sekundärstruktur ein kleeblattartiges Aussehen geben. Weitere Windungen und Faltungen lassen eine dreidimensionale Tertiärstruktur von L-förmiger Gestalt entstehen (Abb. 70.1). Die tRNA ist für den Transport der Aminosäuren zu den Ribosomen zuständig. Zwei Molekülabschnitte sind für diese Funktion besonders wichtig: Zum einen die **Aminosäure-Anheftungsstelle** am 3'-Ende. Sie hat bei allen tRNA-Molekülen die Basenfolge CCA.



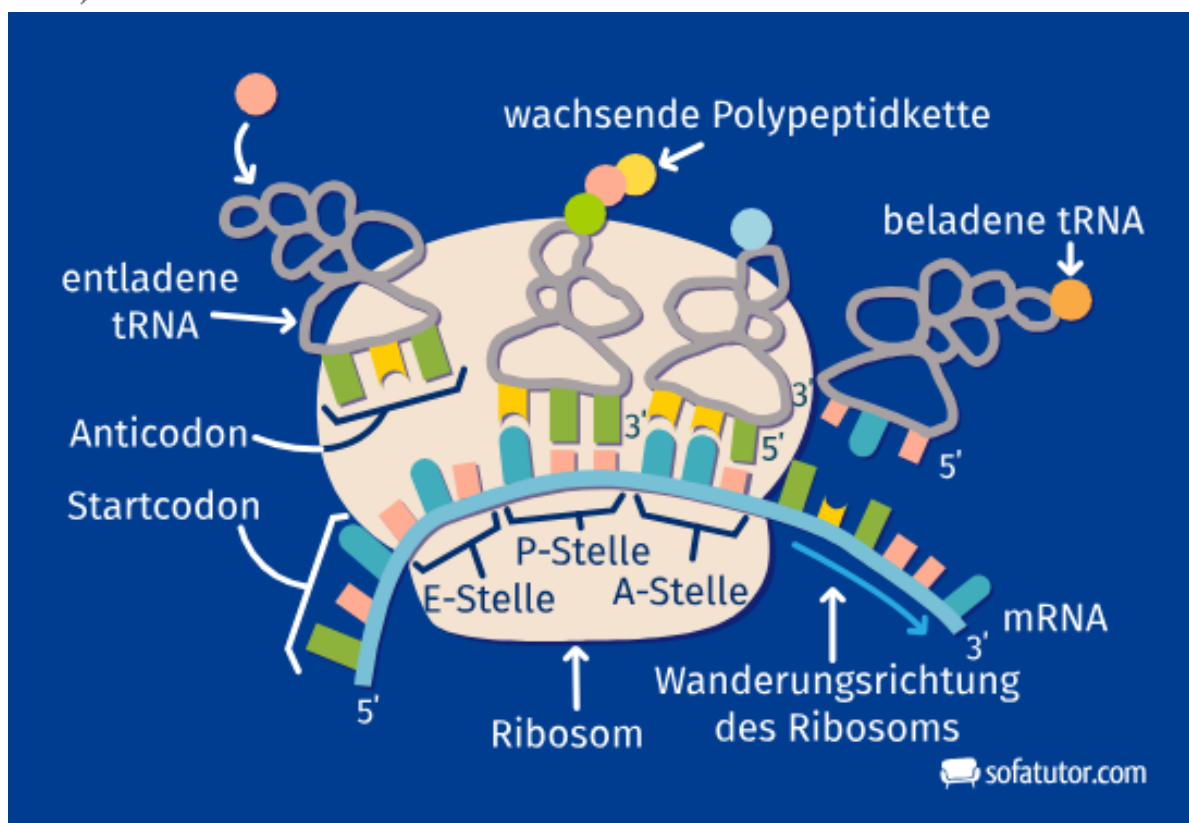
70.2 Beladung der tRNA mit der passenden Aminosäure

Zum anderen besitzt jede tRNA ein spezifisches Basentriplett, das **Anticodon**. Mit diesem bindet die tRNA an ein komplementäres Codon der mRNA. Da immer in 5'→3'-Richtung gelesen wird, ist die erste Base eines Codons mit der dritten Base des Anticodons gepaart und dieses ist damit antiparallel. Die Beladung der tRNA mit der zum Anticodon gehörenden Aminosäure wird enzymatisch, entsprechend den 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren, durch 20 verschiedene **tRNA-Synthetasen** geleistet (Abb. 70.2). Das aktive Zentrum dieser Enzyme weist zwei spezifische Bindungsstellen auf. In eine passt die Aminosäure, die an ihrem Rest erkannt wird. An die andere lagert sich die tRNA mit ihrem spezifischen Anticodon an. Diese Enzyme sind damit die eigentlichen „Dolmetscher“ der Nukleinsäuresprache in die Proteinsprache.

Pro- und eukaryotische Ribosomen bestehen aus einer großen und einer kleinen Untereinheit. Sie sind zu etwa zwei Dritteln aus Proteinen und zu einem Drittel aus ribosomaler RNA (rRNA) aufgebaut. Neben einer Bindungsstelle für die mRNA hat jedes Ribosom drei Bindungsstellen für tRNAs: Am Ribosomeneingang, der **A-Stelle**, bindet die komplementäre tRNA, welche die neu anzuknüpfende Aminosäure anliefert. Die **P-Stelle** bindet die tRNA mit der wachsenden Polypeptidkette. Die entladenen tRNAs verlassen das Ribosom über die **E-Stelle**.

Die Translation lässt sich in drei Schritte gliedern:

**1. Start der Translation.** Eine mRNA bindet mit einer bestimmten Sequenz, ihrer Ribosomenerkennungsstelle, an eine kleine Untereinheit. Die kleine Untereinheit wandert dann in Richtung 3'-Ende der mRNA, bis sie auf ein Startcodon trifft. Sobald eine mit Methionin beladene tRNA (Anticodon UAC) mit dem Startcodon AUG eine Basenpaarung eingeht, lagert sich die große Untereinheit an. Dabei entstehen die drei tRNA-Bindungsstellen, das Ribosom ist funktionsbereit (Abb. 71.1).



**2. Kettenverlängerung.** Sind die E- und P-Bindungsstellen mit beladenen tRNAs besetzt, stehen deren Aminosäuren in unmittelbarem Kontakt zueinander. Es erfolgt die Bildung der Peptidbindung, katalysiert durch die Peptidyltransferase in der P-Stelle.

Das Ribosom wandert dann auf der mRNA drei Nukleotide weiter. Dadurch gelangt die mit einem Tripeptid verknüpfte tRNA von der A- zur P-Stelle. Zugleich wird die entladene Start-tRNA aus der P-Stelle in die E-Stelle verlagert. Sie verlässt dort das Ribosom und kann nun neu beladen werden. Die A-Stelle wird frei. Sie steht für diejenige tRNA zur Verfügung, welche das dort jetzt vorliegende Codon erkennt und die nächste Aminosäure anliefert. Die geschilderten Vorgänge wiederholen sich. Das Ribosom bewegt sich auf der mRNA in 3'-Richtung weiter und übersetzt dabei Codon für Codon in eine Aminosäuresequenz.

**3. Kettenabbruch.** Sobald ein Stoppcodon (UAA, UAG oder UGA) an die A-Stelle gelangt, kommt es zum Abbruch der Translation. Es gibt keine tRNA mit passendem Anticodon. Das Ribosom zerfällt deshalb in seine beiden Untereinheiten und gibt das fertige Polypeptid frei.

Nach der Translation werden Polypeptide bei Eukaryoten häufig noch verändert. Erst dann können sie ihre räumliche Struktur einnehmen und spezielle Aufgaben in der Zelle erfüllen. Dieser Vorgang wird **post-translationale Modifikation** genannt. Beispiele sind die Abspaltung von Aminosäuren oder die Anheftung von Zuckern oder Phosphatgruppen an bestimmte Aminosäuren.]