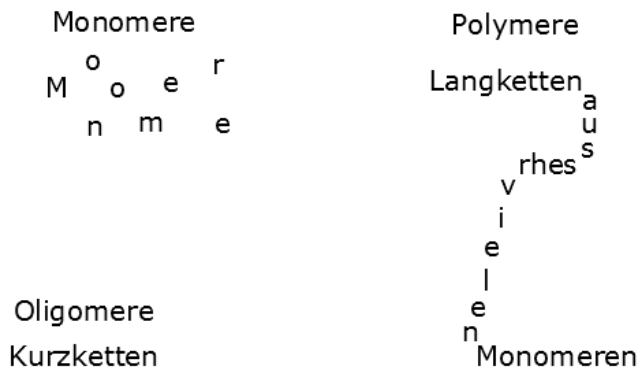
Lerntext: "Vom Gen zum Protein"

Roland Heynkes, 27.11.2013

Die roten Blutkörperchen in unserem Blut besitzen keinen Bauplan mehr und können deshalb keine Eiweiße mehr herstellen. Eiweiße sind lange Ketten (Polymere, poly = viele), in denen Aminosäuren genannte Monomere (mono = 1) wie die Perlen einer Perlenkette aneinander gereiht sind.

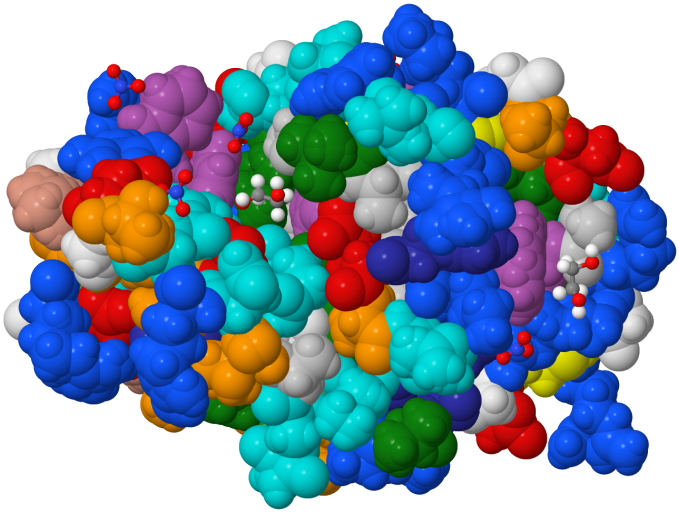


Monomer nennt man einen Baustein, eine Untereinheit oder eine Perle, die eine lange Kette bildet.

Oligomer nennt man eine kurze Kette aus mehreren Monomeren.

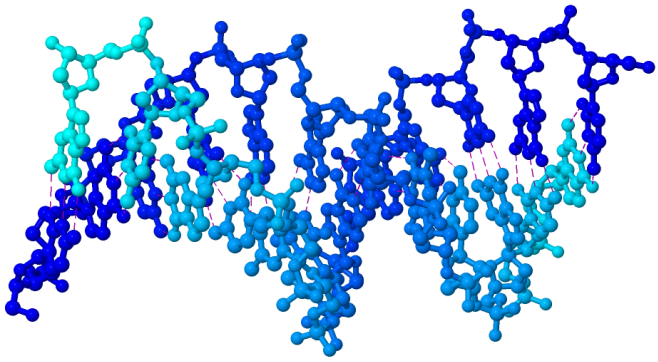
Polymer nennt man eine lange Kette aus vielen Monomeren. Beispiele sind Ketten aus vielen Perlen, Proteine aus vielen Aminosäuren oder Nukleinsäuren (DNA oder RNA) aus vielen Nukleotiden.

Anders als eine Halskette sind die Aminosäureketten (Eiweiße) allerdings meistens eng zusammen geknäuelt. Dabei hängen die Form und die Funktion eines Eiweißes von der Reihenfolge der Aminosäuren in der Kette ab. Denn die Reihenfolge der Aminosäure bestimmt, wie sich die Kette (das Protein) zusammenfaltet.



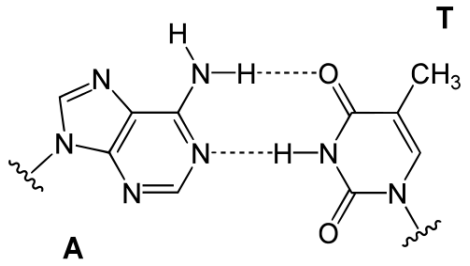
Links sieht man das kleine Enzym Lysozym aus Hühnereiweiß. Das von mir mit dem Java-Programm JMol und den hochauflösenden Daten 2VB1 der Protein Data Bank (http://www.rcsb.org/pdb/explore/explore.do?structureId=2VB1) erzeugte Bild zeigt, wie sich die Kette von 129 (zur bes-seren Unter-scheidung) unter-schiedlich gefärbten Aminosäuren relativ dicht zusammen ballt.

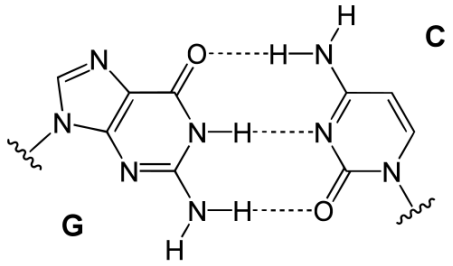
Um ein Protein synthetisieren zu können, braucht eine Zelle eine Bauanleitung. Solch eine Bauanleitung nennt man Gen. Die Summe aller Gene nennt man Genom oder Bauplan der Zelle bzw. des Lebewesens. Im Gegensatz zum Bauplan eines Hauses oder Flugzeugs besteht allerdings der Bauplan einer Zelle nicht aus Papier, sondern aus DNA. Genau wie die Eiweiße ist auch die DNA ein Polymer, denn DNA besteht aus einer langen Kette von Monomeren, die man Nukleotide nennt.



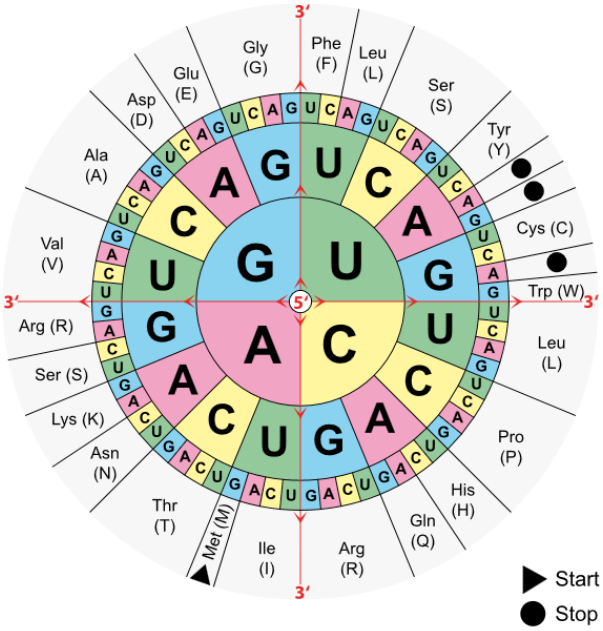
Rechts oben erkennt man die ringförmigen Desoxyribose-Moleküle und dazwischen je ein Phosphat-Molekül. Sich abwechselnd bilden sie das Rückrat der DNA. Im rechten Winkel dazu stehen die Basen. Gestrichelt sieht man die Wasserstoffbrückenbindungen zwischen den Basen. Sie verbinden die beiden DNA-Stränge der Doppelhelix.

Die Nukleotide entsprechen den Buchstaben unserer Schriftsprache. DNA enthält 4 verschiedene Sorten von Nukleotiden (Desoxyadenosinmonophosphat, Desoxycytidinmonophosphat, Desoxyguanosinmonophosphat und Desoxythymidinmonophosphat). Die Information eines Gens steckt in der Reihenfolge der Nukleotide, so wie sich die Bedeutung eines Wortes aus der Reihenfolge seiner Buchstaben ergibt. Weil der Zucker Desoxyribose und die Phosphat-Gruppe bei allen DNA-Nukleotiden gleich sind und nur das Rückrat der DNA bilden, steckt die Information genauer gesagt in der Reihenfolge der Basen Adenin, Cytosin, Guanin und Thymin. Diese Namen kann man sich schon leichter merken und zudem mit A, C, G und T abkürzen. Jeweils A und T sowie C und G bilden die unten dargestellten, durch Wasserstoffbrückenbindungen verbundenen Basen-Paare.





Die Reihenfolge der Aminosäuren eines Proteins wird beschrieben (codiert) durch die Reihenfolge der Nukleotide in der DNA. Allerdings gibt es für die 20 verschiedenen Aminosäuren keine 20 verschiedenen Nukleotide, sondern nur vier. Mit nur vier unterschiedlichen Basen ließen sich nur vier Aminosäuren codieren. Bildet man Kombinationen aus je zwei aufeinander folgenden Basen, dann sind $4^2 = 16$ Kombinationen möglich (AA, AC, AG, AT, CA, CC, CG, CT, GA, GC, GG, GT, TA, TC, TG und TT). Auch das reicht noch nicht. Um 20 Aminosäuren codieren zu können, müssen Kombinationen von jeweils 3 nebeneinander liegenden Nukleotiden als eine Art Wort gewertet werden. Diese Worte aus jeweils 3 Buchstaben nennt man Basentripletts oder kurz Tripletts (Tri = 3) und davon sind $4 \times 4 \times 4 = 4^3 = 64$ verschiedene möglich. Daraus folgt, dass die meisten Aminosäuren durch mehrere Tripletts codiert werden. Außerdem gibt es die Tripletts, die Stopp bedeuten. Die sogenannte Codon-Sonne zeigt die Bedeutung aller Tripletts.



Unten in der Codon-Sonne sieht man, wie die Aminosäure Methionin (Met, M) durch das Triplett AUG codiert wird.

Man nennt diese codierenden Tripletts auch Codons und deshalb die ganze Abbildung Codon-Sonne.

Die Codons UAA, UAG und UGA heißen Stopp-Codons, weil sie zum Abbruch der Protein-Synthese führen.

Das Codon AUG für Methionin ist gleichzeitig auch das Start-Codon, an dem die Protein-Synthese beginnt. Damit legt es auch das Leseraster fest. Denn bei einer Verschiebung um 1 oder 2 Basen bekäme man völlig andere Tripletts.

Die Bauanleitung eines Gens wird im Zellkern von DNA in RNA transkribiert (Transkription). Die sogenannte Boten-RNA (mRNA) transportiert die Bauanleitung aus dem Zellkern ins Cytoplasma. Dort wird sie von Ribosomen gepackt und vom Start-Codon bis zu einem Stopp-Codon abgelesen. Am Ribosom wird mit Hilfe sogenannter tRNAs jedes Triplett in eine Aminosäure übersetzt und es entsteht eine Aminosäure-Kette, also ein Protein. Diese Übersetzung nennt man einfach Translation. Jede mRNA wird von mehreren Ribosomen abgelesen und anschließend abgebaut.