

Bio: fachl. Frage zur Translation

Beitrag von „ExtracellularTrap“ vom 24. November 2014 14:59

Dein Gedankengang ist vollkommen richtig. Was mit Poly-(N)-Sequenzen funktioniert hat, funktioniert mit anders zusammen gesetzten repetitiven Sequenzen nicht mehr so gut, da die Einsprungpunkte tatsächlich random sind. Somit ist der Unterschied zwischen UUG, UGU und GUU nicht klar herauszustellen.

In den 60ern war es möglich RNAs zu synthetisieren, die exakt 3 Basen lang waren. Man konnte so z.B. aus mehreren Triplets ein Copolymer synthetisieren und das Raster aus dem Kontext der anderen Triplets schließen.

Was aber letztendlich der ausschlaggebende Faktor gewesen zu sein scheint, war der Triplet Assay. Offensichtlich kann auch ein RNA-Molekül, welches gerade mal 3 Basen lang ist, also genau ein Triplet, die Bindung seiner korrespondierenden tRNA-stimulieren. Das kann dann nicht verrutschen. Wenn man dann einen Assay mit 20 Wells macht und in jedem Well eine andere tRNA radioaktiv labelt und am Ende die ungebundenen tRNAs auswäscht, dann ist man mit dem entschlüsseln schnell durch.

Quelle: <http://books.google.de/books?id=Lr-A...epage&q&f=false>

Bei Prokaryonten beginnt die Translation schon während der Transkription und diese mRNAs beginnen natürlich auch in der Regel mit AUG. Bei Eukaryonten erhält die mRNA erst noch ein 5'-Cap, sodass die Initiation der Translation geordnet zugeht. Ich denke aber, wenn die Konzentration anderer Nukleinsäuresequenzen ausreichend steigt, nehmen auch unspezifische Bindungen zu.