

## Bio: fachl. Frage zur Translation

### Beitrag von „mollekopp“ vom 24. November 2014 12:14

Hallo,

ich weiß nicht, wahrscheinlich steh ich grad auf dem Schlauch, aber vielleicht kann mir ja jemand runterhelfen? Also: ich sitze gerade an der Stundenvorbereitung zur Proteinbiosynthese. Da gibt es ja diese schönen Versuche von Nierenberg et al. zur Entschlüsselung des genetischen Codes. Es werden im zellfreien Medium verschiedene mRNAs zu Ribosomen etc gegeben und geschaut, welche Proteine synthetisiert werden. Diese RNAs haben aber doch kein Startcodon... Wird das dann nicht gebraucht? Bei einer mRNA mit einer sich wiederholenden dreier-Basenfolge sollen ja drei verschiedene Proteine entstehen, die jeweils aus einer Aminosäure bestehen. Weil die Translation an unterschiedlichen Stellen beginnt. heißt das, dass, wenn kein Startcodon da ist, einfach irgendwo begonnen wird? Und warum passiert das dann in der Zelle nicht?

Ich wäre dankbar für Hilfe...

LG, Mollekopp

---

### 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.

---

### **Beitrag von „mollekopp“ vom 24. November 2014 21:35**

Vielen Dank für Deine ausführliche Antwort. Soweit kannte ich das schon auch. Ich finde es aber ein schönes anschauliches Beispiel für die Schüler, um auf den Triplet-Code zu kommen. Gerade diese verschiedenen Polypeptide, die bei der Dreier-Wiederholung entstehen. Aber in der Zelle "darf" das ja eigentlich so nicht passieren. Erreicht man das in vitro dann einfach durch die hohe Konzentration? Eigentlich stellt sich ja für alle Sequenzen die Frage, warum sie translatiert werden ohne Startcodon...