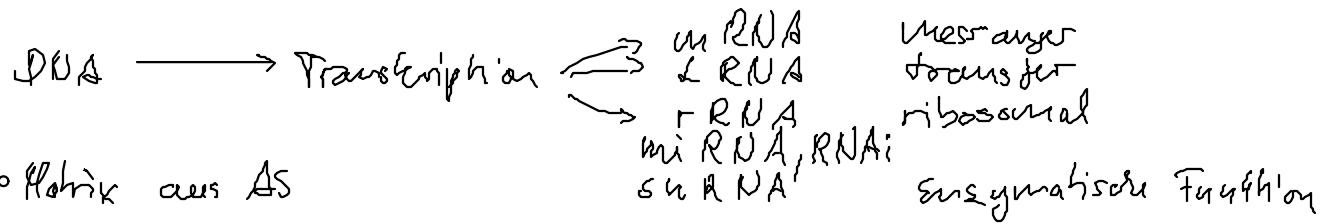


Transkription (DNA → RNA) im Zellkern



Translation im Zytosplasma

RNA Polymerase

- Auftrag der Polymerase bei +1 (bestimmtes Segment)
Erkennen = Initiation ↳ "TATTA" Box
- 3 Nuk. Basen ⇒ wie Sein das man Auftrag:
- Entfernung von verschiedenen Sequenzen
- σ -Untereinheit ist verantwortlich für Richtigen Start
 α -Untereinheiten ⇒ Regulation vom Ablesen der Gene
- ⇒ Bakterium kann eigene σ -Untereinheit mitbringen



- Pyrophosphatase ⇒ Energiegefälle ⇒ Reaktion kann stattfinden
- Stoppen der Polymerase
Konformationsänderung ⇒ Haarnadelschleife (bei Prokaryoten)
definiertes Ende

Transkriptionsinhibitoren

- Unterbrechung am Start (stehende „Anhänger“, OH)
- Kollagenklatroyal z. enthält auch Inhibitor

Geschwindigkeit der Transkription:

20 Nukleotide pro Sekunde

Replikationsbaugrad

Transkriptionsfaktoren

TF II : DABE

Eukaryoten

- Glykotransferase, 5'-Ende
- Termination = undefined
Signal am 3'-Ende, Polyadenyl
- Introns, Exons ein Gen als "Verpackung"
Spleißen (einzelne Teile wieder zusammenfügen)
 - ⇒ weiter Möglichkeit der Regulation
 - ⇒ aus 1 Gen verschiedene Proteine
- Introns werden herausgeschnitten
 - Signalen zum Spleißen direkt im Intron
 - ungenau & ungefähres Schneiden

RNAs können katalytische Funktion haben

Selbstspleißend ohne zelleigene Enzyme

- Fehler kein Spleißen
 - ⇒ z.B. Thalassämie

RNA Editing

Ribosome

- 2 Untereinheiten, Matrix der mRNA

Adapters = RNA mit Anticodon und Aminosäure

- Aminacyltransferase
- Anticodon
- passende As

Translation

- Triplet Code :

Leseraster

I paart an U, C oder A

- Wobble Hypothese

Prokaryot \Leftrightarrow Eukaryot

polycistronische RNA \Leftrightarrow monocistronische RNA