

Molekulare Physiologie 6

Ribonukleinsäure – RNA – Abschrift der DNA

Barbara C. Biedermann **Die Transkription – Abschrift von DNA in RNA**
Die Mehrheit der Gene einer Zelle kodieren die Aminosäuresequenz eines Proteins. Es sind

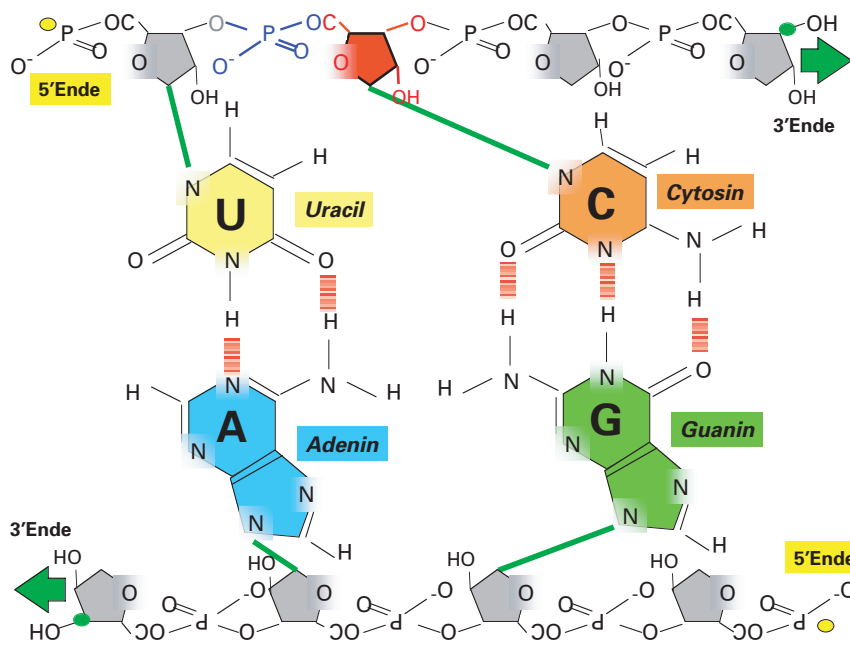


Abbildung 1.
DNA – RNA – die zwei kleinen Unterschiede ...

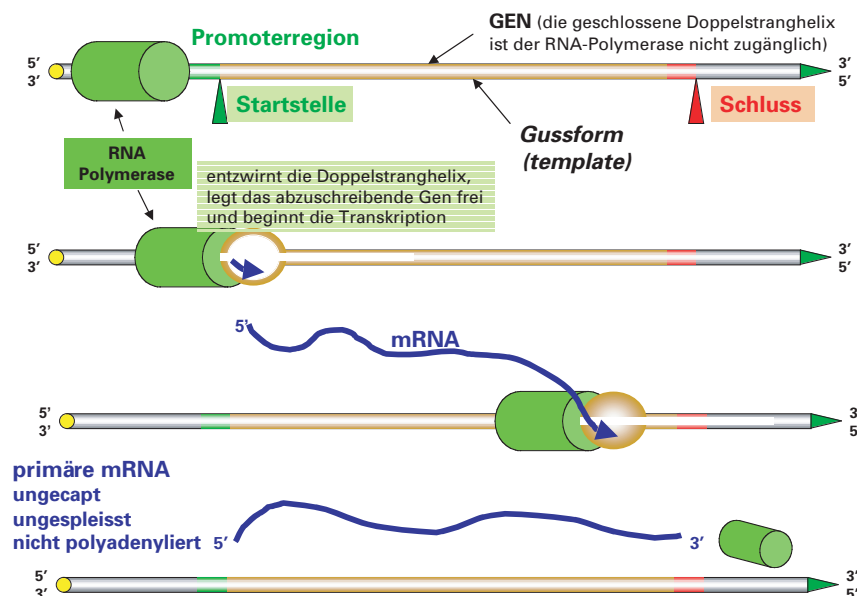
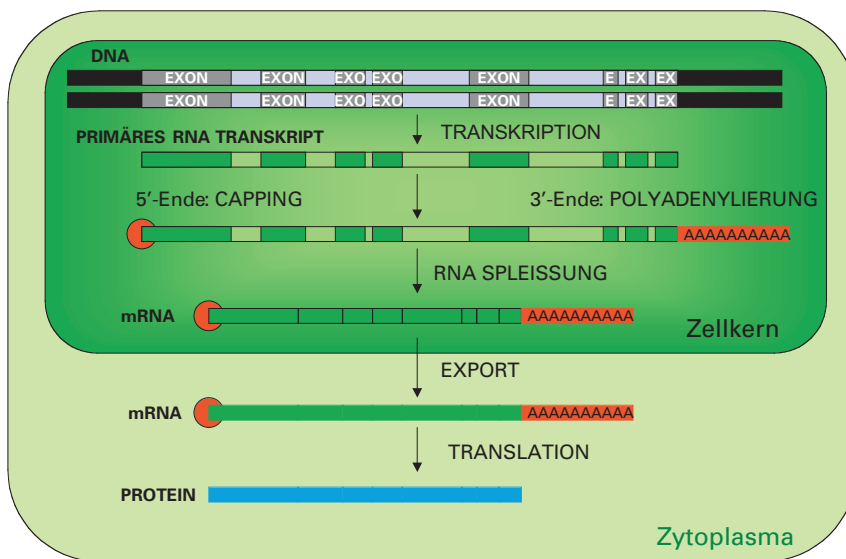


Abbildung 2.
Transkription – Rohabschrift von DNA in RNA. Die RNA-Polymerase sucht die genomische DNA nach zugänglichen Promoterregionen ab. Bestimmte DNA-Sequenzen (z.B. die TATA-Box; TATA bezeichnet die Abfolge von Thyminid und Adenosin) kennzeichnen die Promoterregion. An der Startstelle des Gens beginnt die Transkription, d.h. die Synthese der primären mRNA, wieder in 5'- zu 3'-Richtung entlang des komplementären DNA-Strangs.

nämlich in erster Linie Proteine, die den genetischen Bauplan einer Zelle realisieren. Die Proteinsynthese findet jedoch nicht direkt an der DNA statt. Gene, die in einer Zelle zur Proteinsynthese «freigegeben» werden, werden zunächst in Boten-Ribonukleinsäure – mRNA (für englisch: *messenger ribonucleic acid*) abgeschrieben. Diese Zwischenstufe stellt eine wichtige Regulationsebene für die Genaktivierung und die Proteinsynthese dar. Die mRNA weist 2 wesentliche strukturelle Besonderheiten auf, die sie von der DNA unterscheidet (Abb. 1 [6]): 1) hat RNA als Zuckermolekül die Ribose (und nicht die Desoxyribose wie die DNA) in ihrem Phosphat-Zucker-Skelett, und 2) wird von der RNA-Polymerase anstelle von Thymin (T) Uracil (U) als Base verwendet. Die Abschrift von DNA in RNA, die *Transkription*, erfolgt wieder nach dem Gesetz der Komplementarität durch RNA-Polymerasen. Auch mRNA wird von der 5'- in die 3'-Richtung synthetisiert (Abb. 2 [6]). RNA-Polymerasen haben keine Rechtschreibfunktion. Sie können – im Gegensatz zur DNA-Polymerase – ohne Primer arbeiten. Die Fehlerrate der RNA-Polymerasen beträgt $1:10^4$ Nukleotide. Der Begriff *Transkription* ist bewusst gewählt, weil die mRNA-Synthese als *Abschrift* der DNA, d.h. in der gleichen Sprache erfolgt. Dies im Gegensatz zur *Translation*, der Proteinsynthese, bei der Basen- in Aminosäuresequenzen «übersetzt» werden und damit ein Wechsel in eine andere Sprache erfolgt. Im Gegensatz zu prokaryoten Zellen, d.h. Bakterien, wird in eukaryoten, kernhaltigen Zellen (u.a. auch in menschlichen Zellen) die Primärabschrift der DNA noch im Kern weiter verarbeitet (Abb. 3 [6]). Um mRNA zu stabilisieren wird das 5'-Ende mit einem Methylguanin versehen («Capping») und das 3'-Ende um mehrere hundert Adenosine verlängert («Polyadenylierung»). Capping und Polyadenylierung repräsentieren Qualitätslabels, die die Translationsmaschinerie im Zellzytoplasma vor der Übersetzung überprüft. Zudem wird im

Korrespondenz:
PD Dr. med. Barbara C. Biedermann
Medizinische Universitätsklinik
Kantonsspital
CH-4101 Bruderholz
barbara.biedermann@unibas.ch

**Abbildung 3.**

Die wesentlichen Schritte der Genexpression. Ein menschliches Gen besteht aus kodierenden (Exons) und nicht kodierenden Abschnitten (Introns). Bei der Transkription wird das gesamte Gen, d.h. Exon und Intronabschnitte, in RNA, abgeschrieben; es entsteht das primäre RNA-Transkript. Dieses primäre RNA-Transkript reift im Kern – und nur reife mRNA verlässt den Kern, um im Zytoplasma von den Ribosomen in Protein übersetzt zu werden. Capping, Polyadenylierung und Spleissung (d.h. das Herausschneiden nicht kodierender Intronabschnitte) sind die Reifungsschritte der RNA im Kern.

Kern die primäre mRNA gespleisst, d.h. die nicht kodierenden DNA-Abschnitte (Introns) werden im Gegensatz zu den kodierenden (Exons) herausgeschnitten. Die reife mRNA verlässt den Zellkern «gecappt», gespleisst und polyadenyliert.