


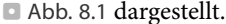
# 8 Grundlagen der Genaktivität

*Uwe Sonnewald*

- 8.1 Genstruktur – 210
- 8.2 Ablauf der Transkription – 210
- 8.3 Kontrolle der Transkription – 216
-  Weiterführende Literatur – 216

Das vorangegangene Kapitel hat gezeigt, dass die weitaus meisten, und darunter praktisch alle entwicklungsrelevanten Gene einer Pflanzenzelle im Zellkern lokalisiert sind. Auch sämtliche die Genaktivität des Plastoms und des Chondroms steuernden Proteine sind kerncodiert, ebenso alle Proteine, die an der Regulation der Proteinbiosynthese dieser Organellen beteiligt sind. Die folgende Besprechung der Genstruktur und der Kontrolle der Genaktivität beschränkt sich daher auf nucleäre Gene, insbesondere auf solche, die Proteine codieren. Wo erforderlich, werden die Verhältnisse bei plastidären Genen kurz erläutert.


## 8.1 Genstruktur


Ein **Gen** ist ein Abschnitt des Genoms, der in eine RNA transkribiert wird. Dabei kann es sich um eine proteincodierende RNA handeln, die dann Messenger-RNA (mRNA) genannt wird, oder aber um eine nichtcodierende RNA (rRNA, tRNA und andere RNA-Spezies, s. ▶ Abschn. 5.3). Der Bereich eines proteincodierenden Gens, der in ein Protein translatiert wird, heißt **offenes Leseraster** (auch offener Leserahmen; engl. *open reading frame*, ORF). Der prinzipielle Aufbau eines Gens ist bei den Eukaryoten gleich; die typische Struktur, von der es in Einzelheiten gleichwohl Abweichungen geben kann, ist in  Abb. 8.1 dargestellt.

Bei den meisten eukaryotischen Genen wird das offene Leseraster durch nichtcodierende DNA-Sequenzen, die **Introns** (engl. *intervening regions*), unterbrochen. Die proteincodierenden Sequenzabschnitte nennt man **Exons** (engl. *expressed regions*), die Gene werden als **Mosaikgene** bezeichnet. Die Transkription (s. ▶ Abschn. 8.2) beginnt an einem Transkriptionsstartpunkt (die erste transkribierte Base wird mit +1 nummeriert) oft mehrere Hundert Basen vor dem Beginn des offenen Leserasters, sie endet – bisweilen ebenfalls weit – hinter dem Ende des offenen Leserasters und schließt die Exon- und Intronregionen ein. Die entstehende mRNA wird als **Primärtranskript** bezeichnet und sowohl einer cotranskriptionellen (d. h. während des Transkriptionsvorgangs stattfindenden) als auch einer posttranskriptionellen **Prozessierung** unterworfen. Die Region in 5'-Richtung vor dem Translationsstart wird 5'-nichttranslatierte Region (engl. *leader*) der mRNA, der 3'-Abschnitt nach dem Translationsstopp wird 3'-nichttranslatierte Region (engl. *trailer*) der mRNA genannt. Beide haben verschiedene, teilweise regulatorische Funktionen.

Ein vereinfachter Sprachgebrauch bezeichnet alle Sequenzabschnitte in 5'-Richtung von einer betrachteten Stelle einer Nucleinsäuresequenz – z. B. dem Transkriptionsstart eines Gens – als stromaufwärts gelegen (engl. *upstream*) alle in 3'-Richtung von dieser Stelle als stromabwärts gelegen (engl. *downstream*).


Die gebildete mRNA eines eukaryotischen Gens ist **monocistronisch**, da sie nur ein einziges Protein codiert. Der die Transkription eines Gens kontrollierende DNA-Abschnitt wird als Promotor bezeichnet. Promotoren liegen unmittelbar vor dem Transkriptionsstart stromaufwärts und umfassen ca. 150–200 Basenpaare. Sie können jedoch in die transkribierte Region des Gens hineinreichen und Introns und unter Umständen sogar DNA-Abschnitte stromabwärts des offenen Leserasters einbezie-

hen. Aus diesen Gründen wird oft der transkribierte Abschnitt eines DNA-Moleküls zusammen mit seinem **Promotor** als Gen bezeichnet ( Abb. 8.1). Schließlich finden sich für viele Gene DNA-Abschnitte, die oft weit vom eigentlichen Gen entfernt liegen, jedoch dessen Transkription fördern oder hemmen. Diese DNA-Abschnitte werden **Enhancer** (engl. *to enhance*, verstärken) oder **Silencer** (engl. *to silence*, stilllegen) genannt. Während Promotoren jeweils nur einem Gen zugeordnet sind, wirken Enhancer oder Silencer in der Regel auf mehrere Gene und – im Gegensatz zu regulatorischen Elementen eines Promotors – positions- und orientierungsunabhängig.

Im Unterschied zum Kerngenom werden zahlreiche Gene der ptDNA, ähnlich wie bei Bakterien, jeweils in Gruppen zu mehreren Genen von einem gemeinsamen Promotor kontrolliert und zu polycistronischen mRNAs transkribiert ( Abb. 7.7). Die polycistronische mRNA kann auf unterschiedliche Weise prozessiert werden. Dabei kommen in einigen Plastidengenomen Introns vor – eine Seltenheit bei Bakterien, jedoch bei Archaeen zu finden.

## 8.2 Ablauf der Transkription

Die Umsetzung der genetischen Information in Struktur und Funktion der lebenden Zelle bedingt einen Informationsfluss DNA → mRNA → Protein. Dabei wird zunächst der DNA-Code in den colinearen mRNA-Code umgeschrieben (**Transkription**), dieser RNA-Code wird dann in einen ebenfalls colinearen Aminosäurecode eines Polypeptids übersetzt (**Translation**, s. ▶ Abschn. 9.2). Soweit bekannt ist, enthält die Primärsequenz eines Polypeptids sämtliche Informationen zur Bildung des funktionsfähigen Proteins (Ausbildung der Sekundär-, Tertiär- und unter Umständen Quartärstrukturen, s. ▶ Abschn. 4.2), obwohl nicht selten die Ausbildung der nativen Konformation die Tätigkeit anderer Proteine (der Faltungshelfer, Chaperone und Chaperonine genannt, s. ▶ Abschn. 9.2 und 9.4) erfordert.

Der Gesamtprozess der Realisierung der genetischen Information (vom Gen zum Protein) ist vielstufig ( Abb. 8.2) und kann hier nur in seinen wesentlichen Aspekten dargestellt werden, wobei der Schwerpunkt der Darstellung bei den wichtigsten Kontrollpunkten liegen soll.

Die Intensität der **Genexpression (Genaktivität)** wird durch die Häufigkeit bestimmt, mit der eine erfolgreiche mRNA-Synthese am Transkriptionsstartpunkt des Gens initiiert wird. Die Synthesegeschwindigkeit der mRNA wird bestimmt durch die Prozessivität der DNA-abhängigen RNA-Polymerase, sie ist praktisch konstant. Proteincodierende Gene werden von der DNA-abhängigen RNA-Polymerase II transkribiert. Die RNA-Polymerase I transkribiert die Gene für die großen rRNAs (28S-, 18S- und 5,8S-rRNA) und die RNA-Polymerase III transkribiert die Gene für die kleine 5S-rRNA, für die tRNAs und weitere kleine RNAs. Im Folgenden werden nur die von Polymerase II transkribierten Gene weiter betrachtet.

Von den drei Phasen der Transkription

- Transkriptionsinitiation
- mRNA-Elongation
- Transkriptionstermination

unterliegt vor allem die erste Phase einer Regulation. Die zugrunde liegenden molekularen Prozesse wurden besonders