Die Translation — vom mRNA-Code zum Protein

Die Translation ist der zweite Schritt der Proteinbiosynthese und folgt auf die Transkription. Dabei wird die genetische Information, die in der mRNA gespeichert ist, in eine Kette von Aminosäuren übersetzt, die später ein Protein bildet. Dieser Prozess findet an den Ribosomen statt, den "Proteinfabriken" der Zelle, die sich im Zellplasma befinden.

Die Translation beginnt mit dem **Start-Codon AUG** auf der **mRNA**, das für die Aminosäure Methionin codiert. Das Ribosom liest die mRNA ab, indem es entlang der Basentripletts (Codons) wandert, wobei jedes Codon eine bestimmte Aminosäure codiert. Die **tRNA** (Transfer-RNA) spielt dabei eine entscheidende Rolle: Sie bringt die passenden Aminosäuren zum Ribosom. Jede tRNA hat ein Anticodon, das komplementär zu einem Codon der mRNA ist, und sorgt so dafür, dass die richtige Aminosäure an der richtigen Stelle eingebaut wird. Am anderen Ende der tRNA ist die jeweilige Aminosäure gebunden.

Wenn das Ribosom ein Codon abliest, dockt die passende tRNA mit ihrer Aminosäure an. Die Aminosäuren werden vom Ribosom zu einer wachsenden Polypeptidkette verbunden. Dieser Prozess wiederholt sich, bis das Ribosom auf ein Stopp-Codon (UAA, UAG oder UGA) trifft. Die Translation endet, und die fertige Aminosäurenkette faltet sich zu einem funktionalen Protein mit einer spezifischen dreidimensionalen Struktur.

Mutationen können die Translation und die gebildeten Proteine beeinflussen. Punktmutationen, bei denen eine einzelne Base verändert wird, können bewirken, dass eine andere Aminosäure eingebaut oder ein Stopp-Codon erzeugt wird, was die Translation vorzeitig beendet. Frameshift-Mutationen, die durch das Einfügen oder Entfernen von Basen entstehen, verschieben das Leseraster und verändern die gesamte Aminosäuresequenz.

Die Translation ist lebensnotwendig, da Proteine viele wichtige Aufgaben übernehmen: Sie bauen Gewebe auf, transportieren Moleküle oder beschleunigen chemische Reaktionen als Enzyme.

<pre>1</pre>	Formuliere eine mRNA-Sequenz mit 6-9 Aminosäuren-Codons für deine Sitznachbar:in. Achte dabei, dass du ein Start- und ein Stopp-Codon benötigst. Ermittelt nun gegenseitig aus der mRNA-Sequenz eurer Partner:in die Ami-
	nosäuresequenz.
	Eine Mutation hat sich in eine mRNA-Sequenz eingeschlichen. Die ursprüngliche mRNA war: AUG UUC GGU AAA CCG GGA UUA CCA UGA Die Mutation hat das zweite Codon UUC in UGC geändert.
	a) Übersetze die neue mRNA-Sequenz in die Aminosäuresequenz.
	 b) Vergleiche die neue Aminosäurekette mit der ursprünglichen Kette, welche Änderungen vorgenommen wurde und beurteile, um welchen Mutationstyp es sich dabei handelt. c) Stelle eine Hypothese auf, welche Folgen die Veränderung in der Aminosäuresequenz hat und wie könnten diese die Funktion des Proteins beeinflussen.

