

# Initiation der Translation – Vergleich von Pro- und Eukaryoten

---

Lehrprobe

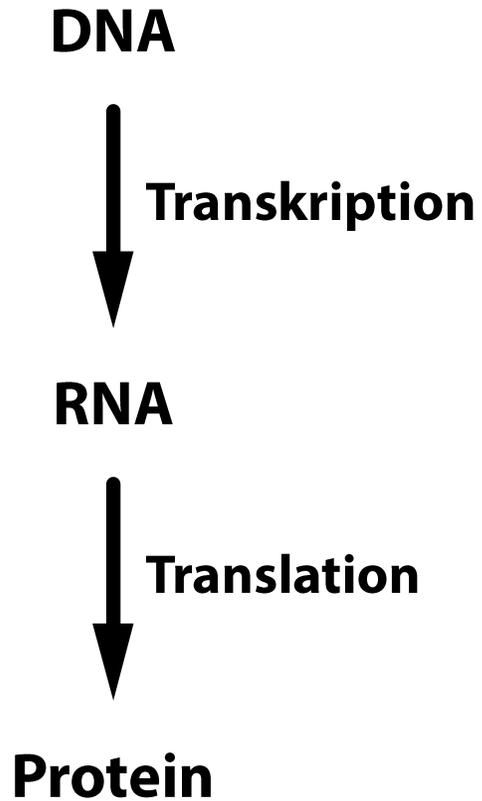
PD Dr. habil. Jan Medenbach

Regensburg Center for Biochemistry

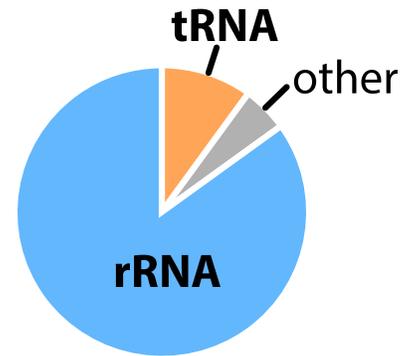
Universität Regensburg



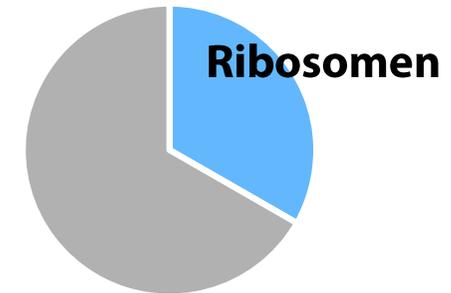
# Die Bedeutung der Translation



**Translation - der energieaufwändigste Prozess in der Zelle**



Zelluläre RNA



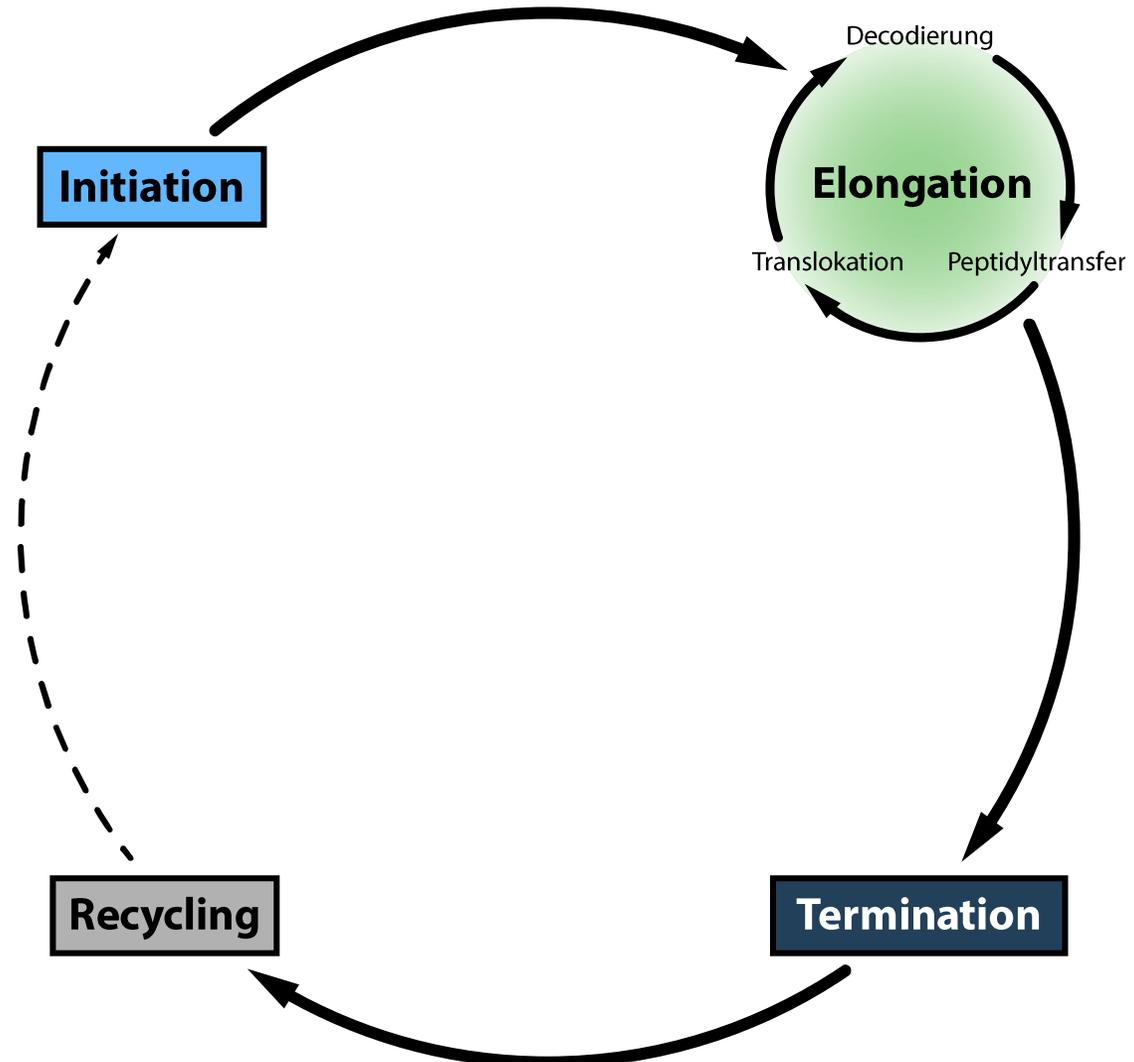
Trockenmasse

# Der Translationszyklus

Auf das Icon klicken, um den Film anzusehen



# Die vier Phasen der Translation

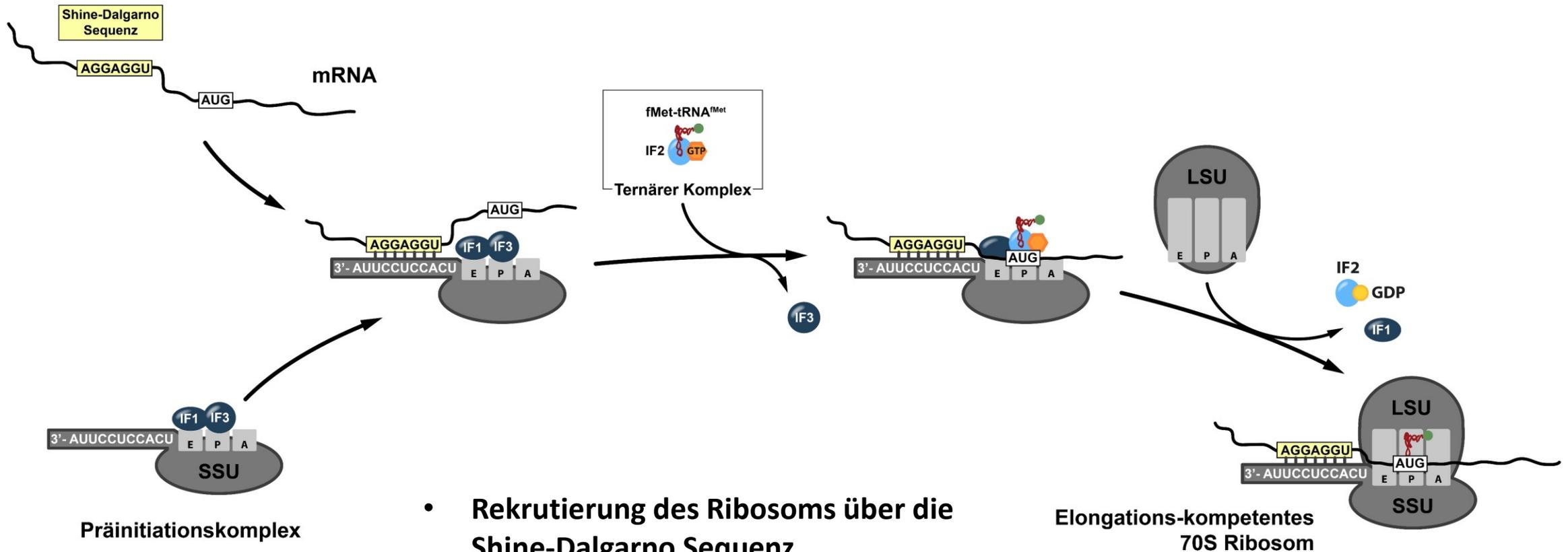


---

# Translationsinitiation in Prokaryoten

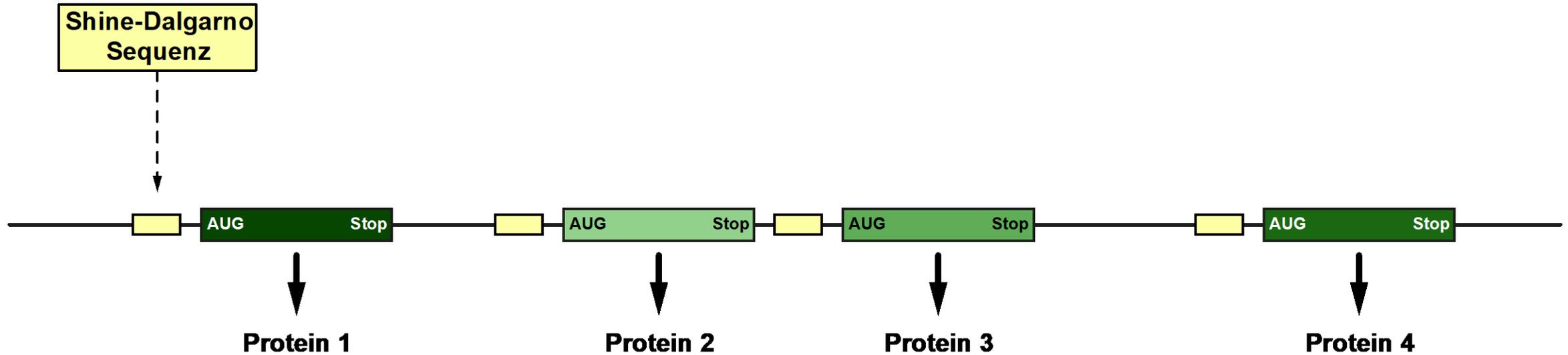
---

# Initiation der Translation in Prokaryoten



- Rekrutierung des Ribosoms über die Shine-Dalgarno Sequenz
- Formyl-Methionin als erste Aminosäure

# Polycistronische mRNAs in Prokaryoten



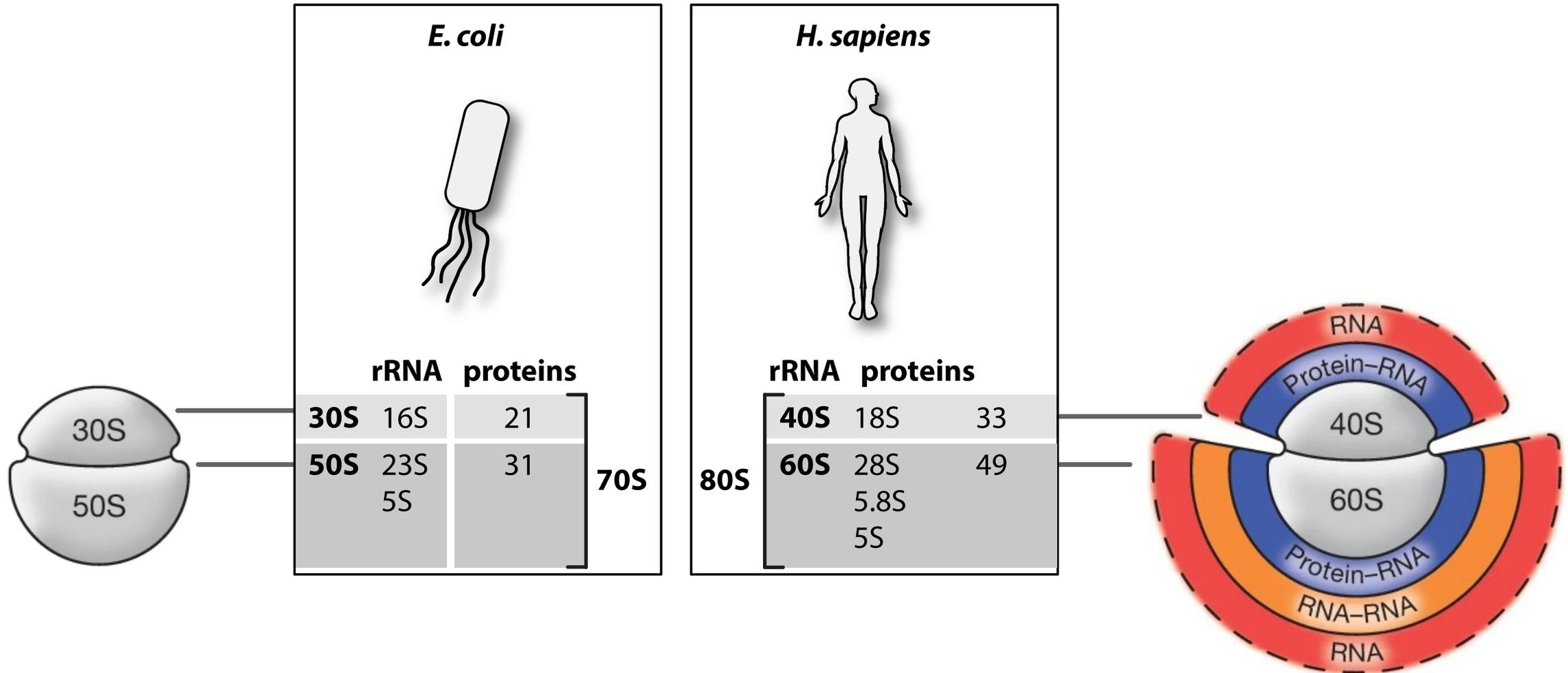
Mehrere (häufig funktionell verwandte) Proteine werden von einer mRNA codiert

---

# Initiation der Translation in Eukaryoten

---

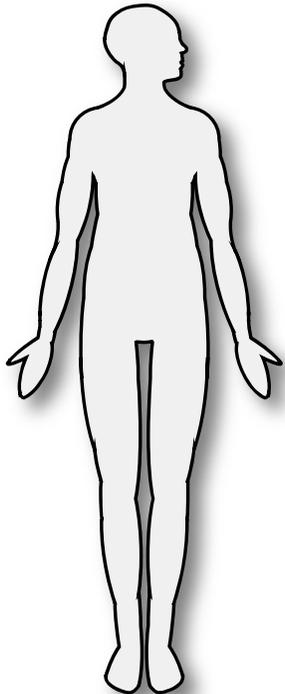
# Die Translationsmaschinerie ist universell konserviert – ihre Komplexität nimmt evolutiv zu



# Translations-Initiationsfaktoren in Pro- und Eukaryoten

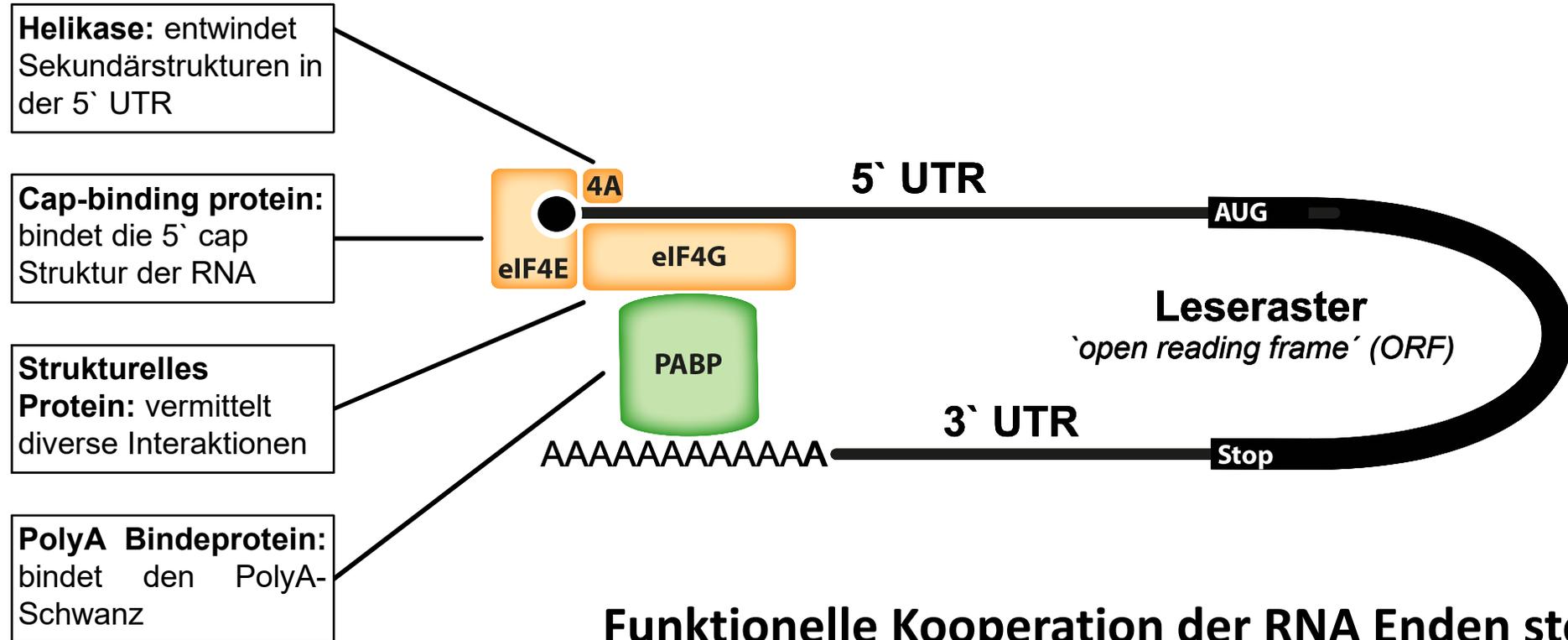


Faktor	Funktion
IF1	stimuliert IF2 & IF3, verhindert Assoziat on der ribosomalen Untereinheiten
IF2	bindet fMet-tRNA <sup>fMet</sup> , kleine GTPase
IF3	verhindert Bindung von nicht-Initiator tRNAs



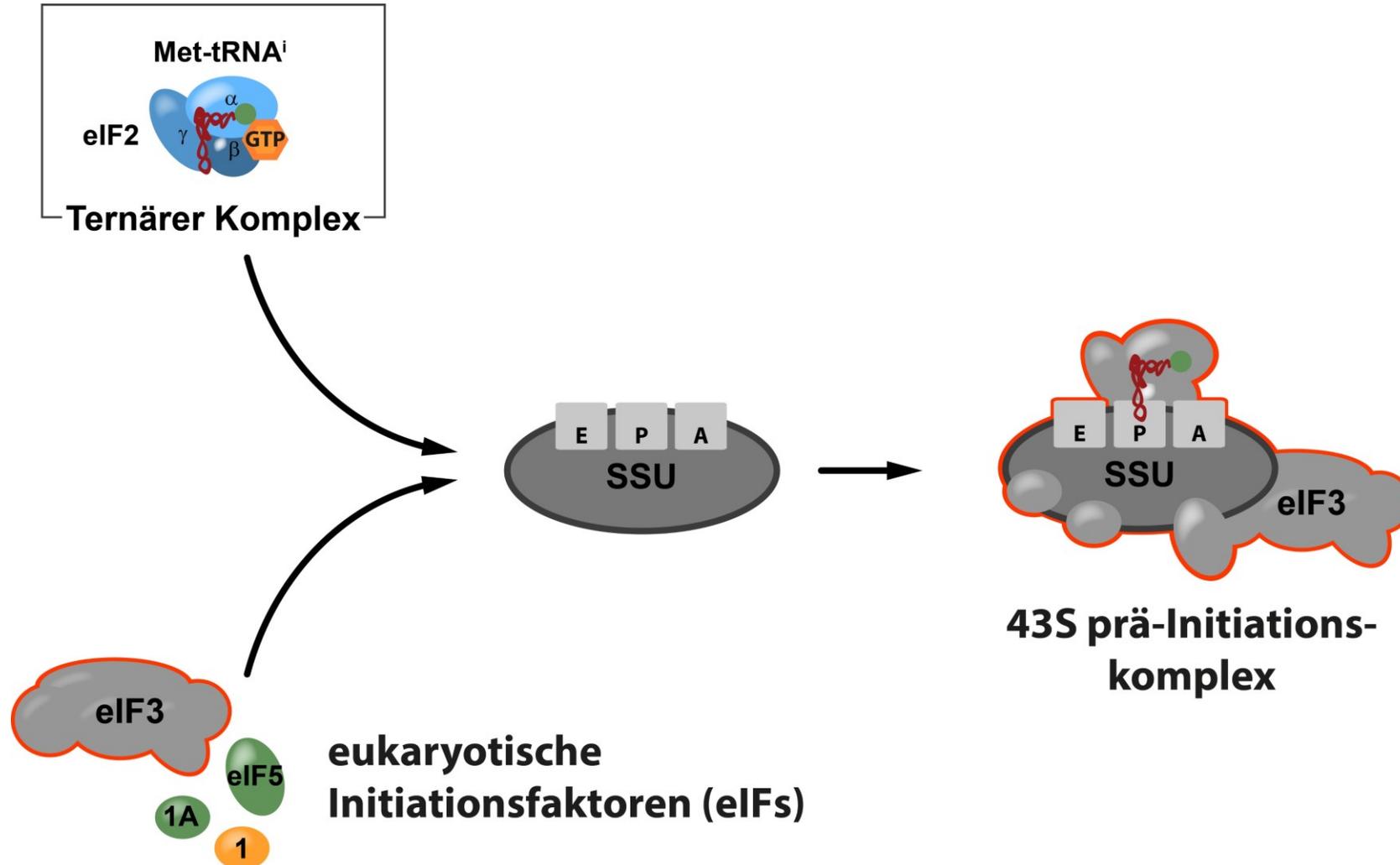
Faktor	Untereinheiten	Funktion
<b>eIF1</b>	1	AUG-Erkennung
<b>eIF1A</b>	1	stabilisiert initiator-tRNA an der kleinen Untereinheit, fördert scanning
<b>eIF2</b>	3	bindet Initiator-tRNA, kleine GTPase
<b>eIF2B</b>	5	GEF von eIF2
<b>eIF3</b>	13	vielfältige Funktionen
<b>eIF4F</b>	3	Cap Bindekomplex
<i>eIF4G</i>		strukturelle Untereinheit
<i>eIF4E</i>		Cap Bindeprotein
<i>eIF4A</i>		RNA-Helikase
<b>eIF4B</b>	2 (Homodimer)	stimuliert eIF4A
<b>eIF5</b>	1	AUG-Erkennung
<b>eIF5B</b>	1	Rekrutierung der 60S Untereinheit

# Eukaryotische mRNA: das 'closed loop' Modell

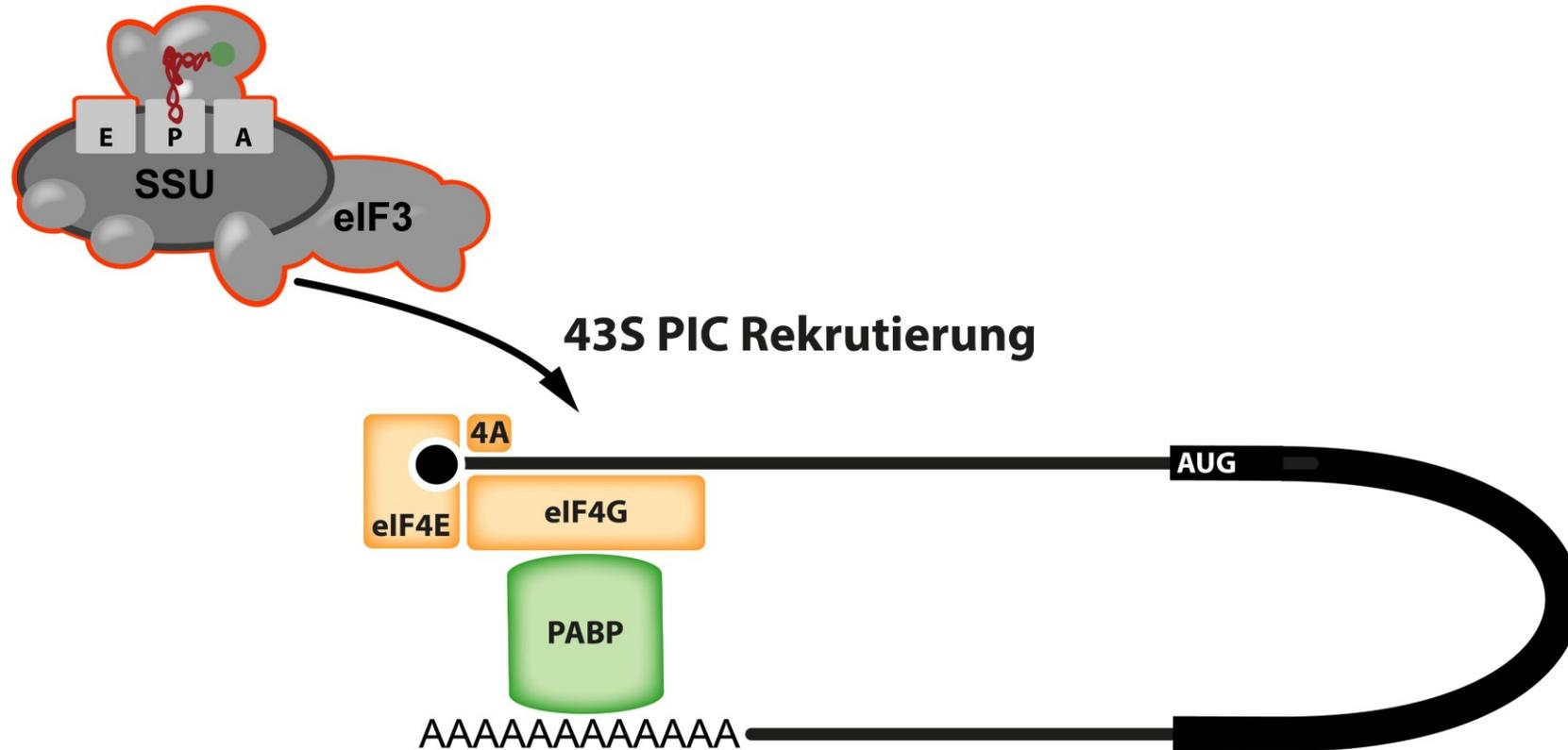


**Funktionelle Kooperation der RNA Enden stellt sicher, dass nur intakte RNAs translatiert werden**

# Initiation in Eukaryoten: Bildung eines prä-Initiationskomplexes



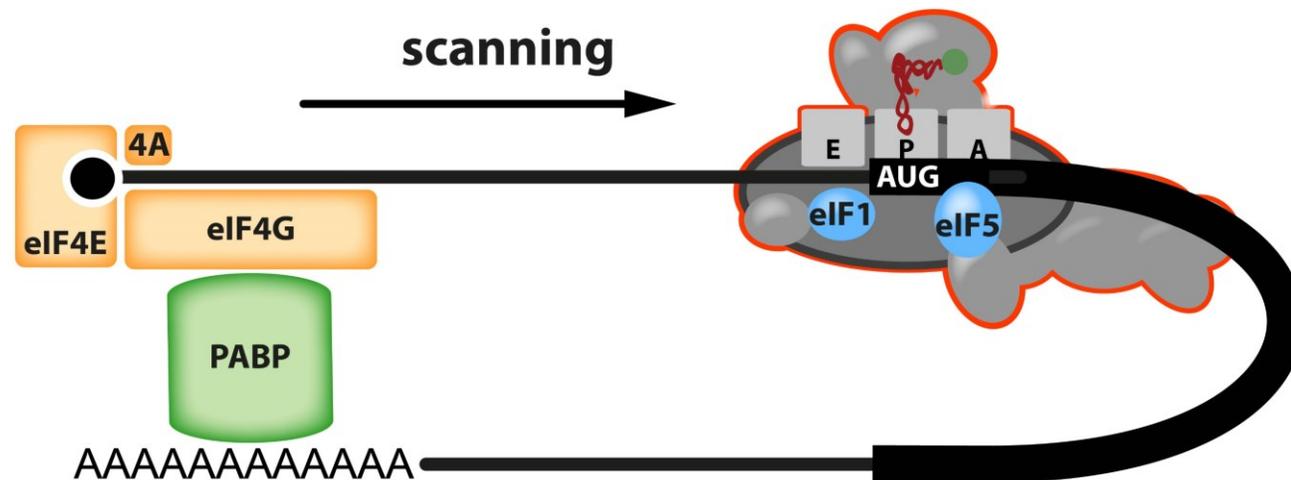
# Initiation in Eukaryoten: diskrete Schritte kontrolliert durch Initiationsfaktoren



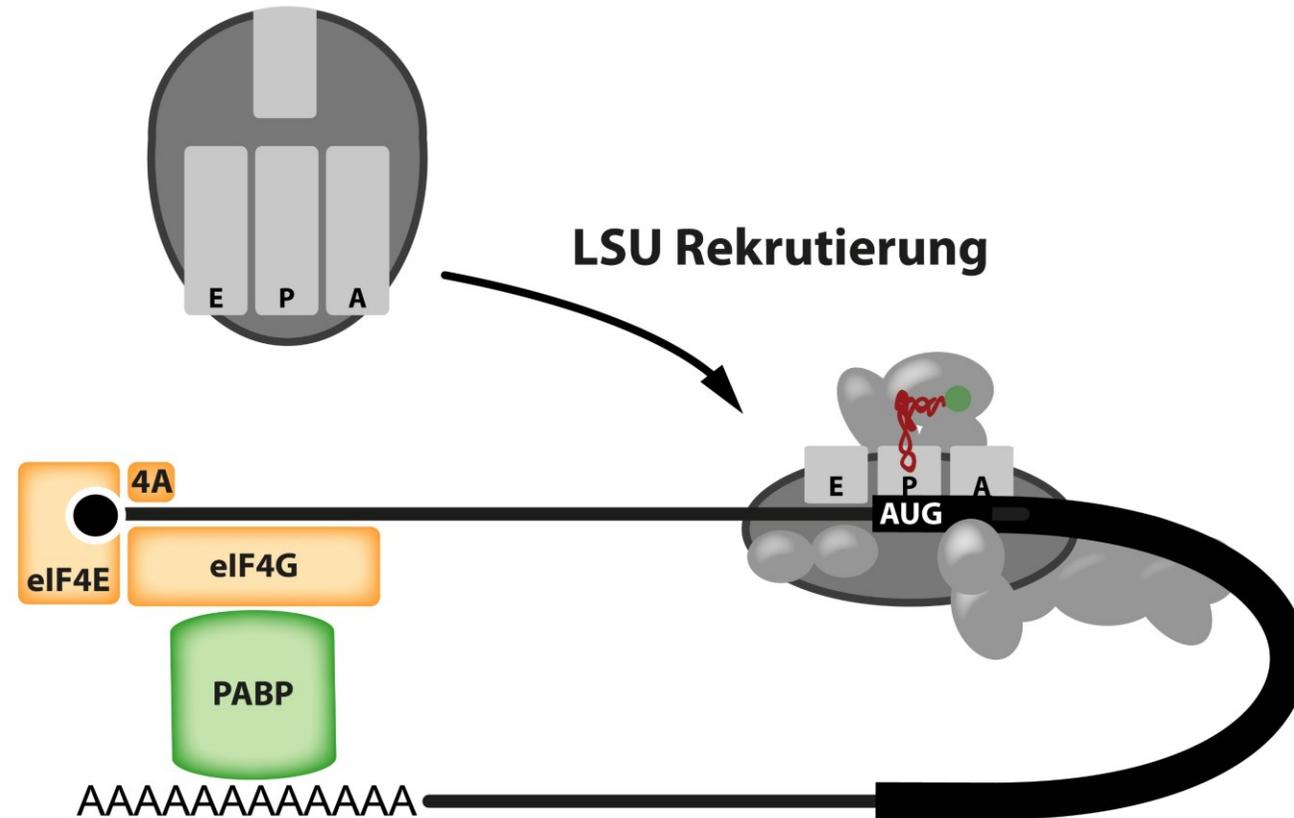
# Initiation in Eukaryoten: diskrete Schritte kontrolliert durch Initiationsfaktoren

## Identifikation des Start-Codons:

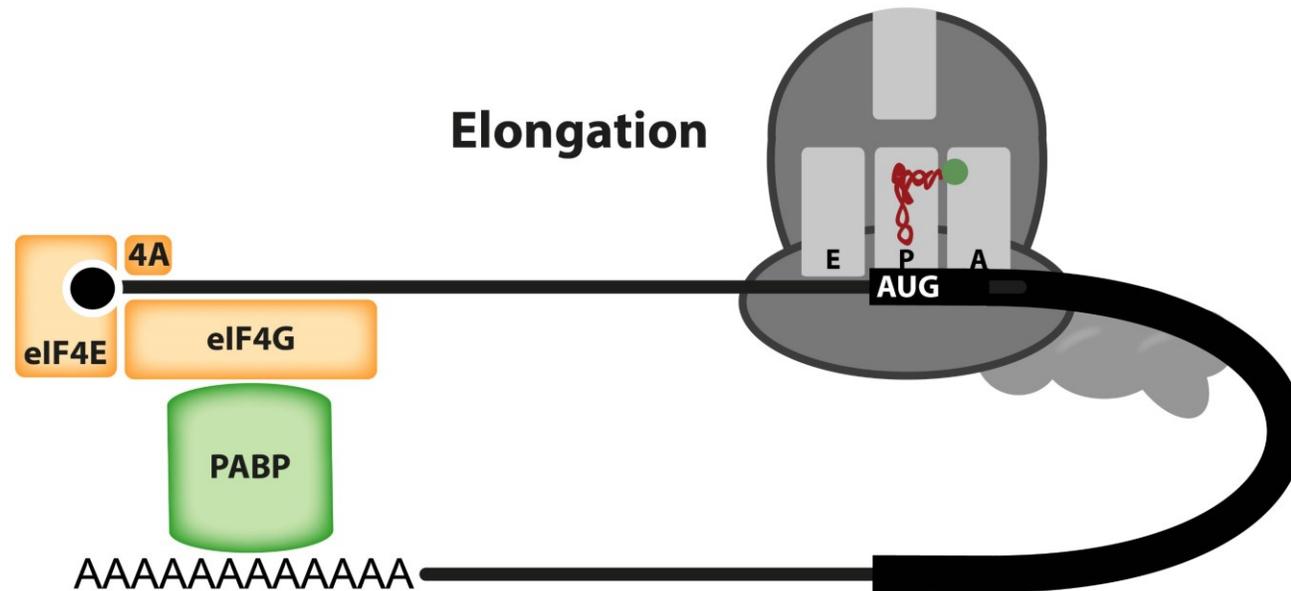
- Komplementarität mit Met-tRNA<sup>i</sup>
- eIF1 und eIF5 sondieren Kontext (Kozak Sequenz)



# Initiation in Eukaryoten: diskrete Schritte kontrolliert durch Initiationsfaktoren



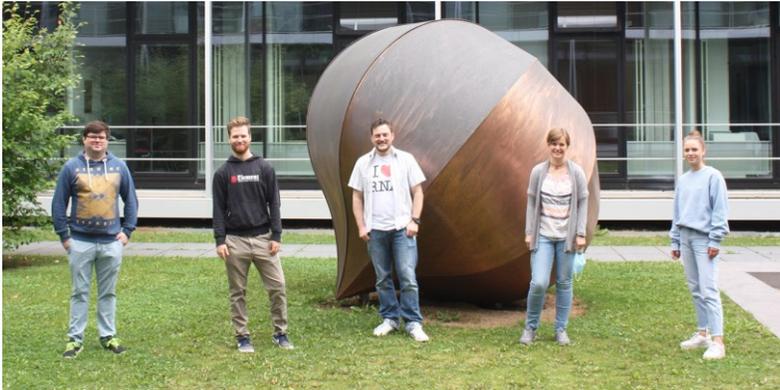
# Initiation in Eukaryoten: diskrete Schritte kontrolliert durch Initiationsfaktoren



# Zusammenfassung



Komplexität der Initiation		
Initiationsfaktoren	3	>10 (24-30 Proteine)
Initiator Aminosäure	formyl-Met	Met
Rekrutierung des Ribosoms	Interaktion zwischen Shine-Dalgarno Sequenz und der 16S rRNA	Interaktion zwischen 43S PIC und eIF4G (mRNP)
Struktur der RNA	üblicherweise polycistronisch	in der Regel monocistronisch



[www.medenbachlab.de](http://www.medenbachlab.de)

 [@medenbachlab](https://twitter.com/medenbachlab)

[Jan.Medenbach@ur.de](mailto:Jan.Medenbach@ur.de)

