

Kapitel 14

Das eukaryotische Genom

- Bei Eukaryoten enthalten zwar die Genome mehr DNA als bei den Prokaryoten, aber es besteht bei den Eukaryoten offensichtlich kein Zusammenhang zwischen der Genomgröße und der Komplexität eines Organismus.
- Zwischen prokaryotischen und eukaryotischen Genomen und Expressionsmechanismen gibt es zahlreiche Unterschiede.
Siehe Tabelle 14.1
- Im Gegensatz zu prokaryotischer DNA befindet sich die eukaryotische DNA in einem Zellkern, sodass Transkription und Translation räumlich getrennt sind.
[Siehe Abbildung 14.1](#) und [Aktivität 14.1](#)
- Das Genom der einzelligen Bäckerhefe enthält Gene für dasselbe Stoffwechselsystem wie bei den Prokaryoten und zusätzliche Gene für den gezielten Proteintransport in der Zelle.
Siehe Tabelle 14.2
- Das Genom des vielzelligen Fadenwurms *Caenorhabditis elegans* enthält Gene für interzelluläre Wechselwirkungen.
Siehe Tabelle 14.3
- Das Genom der Taufliege *Drosophila melanogaster* umfasst weniger Gene als das Genom des Fadenwurms. Viele Gene der Taufliege sind homolog zu Genen, die im Genom des Fadenwurms und bei Säugern vorkommen.
- Das Genom des Kugelfischs *Fugu rubripes* ist das kompakteste bekannte Genom bei Wirbeltieren.
- Das kompakte Genom der Blütenpflanze *Arabidopsis thaliana* ist das Modellsystem für Pflanzengenome.
Siehe Tabelle 14.4
- Das Genom der Reispflanze ähnelt dem von *Arabidopsis*, und ihr Genom enthält das Potenzial, die zunehmende menschliche Bevölkerung zu ernähren.
Siehe Tabelle 14.5

Repetitive Sequenzen im eukaryotischen Genom

- Hochgradig repetitive DNA besteht aus bis zu einer Million Kopien von kurzen Sequenzen. Sie wird nicht transkribiert.
- Einige mittelrepetitive DNA-Sequenzen, wie etwa diejenigen, die rRNAs codieren, werden transkribiert.
[Siehe Abbildung 14.2](#)
- Manche mittelrepetitive DNA-Sequenzen sind Transposons, die sich im Genom bewegen können.
[Siehe Abbildung 14.3](#)

Die Struktur von Protein codierenden Genen

- Ein eukaryotisches Protein codierendes Gen wird normalerweise von Promotor- und Terminatorsequenzen flankiert und enthält nichtcodierende interne Sequenzen, die man als Introns bezeichnet.
[Siehe Abbildung 14.4](#)

- Die Nucleinsäurehybridisierung ist eine wichtige Methode für die Analyse von eukaryotischen Genen.
[Siehe Abbildung 14.5](#) und [Abbildung 14.6](#)
- Einige eukaryotische Gene bilden Familien von verwandten Genen, die ähnliche Sequenzen aufweisen und ähnliche Proteine codieren. Diese verwandten Proteine können zu verschiedenen Zeiten in unterschiedlichen Geweben produziert werden. Einige Sequenzen von Genfamilien sind Pseudogene, die funktionslose mRNAs oder Proteine codieren.
[Siehe Abbildung 14.7](#)
- Die differenzielle Expression von verschiedenen Genen im β -Globincluster der Globinfamilie ermöglicht wichtige physiologische Veränderungen während der menschlichen Entwicklung.
[Siehe Abbildung 14.8](#)

RNA-Prozessierung

- Die transkribierte Prä-mRNA wird durch das Anfügen einer Cap-Gruppe am 5'-Ende und eines Poly(A)-Schwanzes am 3'-Ende modifiziert.
[Siehe Abbildung 14.9](#)
- Die Introns werden durch das Spleißosom, einen Komplex aus snRNPs und Proteinen, aus der Prä-mRNA entfernt.
[Siehe Abbildung 14.10](#) und [Tutorium 14.1](#)

Regulierung der Genexpression bei der Transkription

- Die eukaryotische Genexpression kann transkriptional, posttranskriptional, translational und posttranslational reguliert werden.
[Siehe Abbildung 14.11](#) und [Aktivität 14.2](#)
- Der wichtigste Mechanismus für die Regulierung der eukaryotischen Genexpression ist die selektive Transkription durch die Bindung von spezifischen Proteinen an regulatorische DNA-Sequenzen.
- Verschiedene Transkriptionsfaktoren müssen aneinander binden, um den Transkriptionskomplex zu bilden, bevor sich dann die RNA-Polymerase anheften kann. Ob die RNA-Polymerase mit der Transkription beginnt, hängt auch von der Bindung von Regulator-, Aktivator- und Repressorproteinen ab (Aktivatoren binden an Enhancer und verstärken die Transkription, Repressoren binden an Silencer und hemmen die Transkription).
[Siehe Abbildung 14.12](#), [Abbildung 14.13](#) und [Tutorium 14.2](#)
- Die gleichzeitige Regulierung von weit verstreuten Genen ist aufgrund von gemeinsamen Sequenzen in ihren Promotoren möglich, an die dieselben regulatorischen Proteine binden.
[Siehe Abbildung 14.14](#)
- Die DNA-Bindungsdomäne der meisten DNA bindenden Proteine enthalten eines von vier Strukturmotiven: Helix-Turn-Helix, Zinkfinger, Leucizipper oder Helix-Loop-Helix.
[Siehe Abbildung 14.15](#)
- Die Umstrukturierung des Chromatins ermöglicht es dem Transkriptionskomplex, an die DNA zu binden und sich durch die Nucleosomen zu bewegen.
[Siehe Abbildung 14.16](#)
- Heterochromatin ist eine kondensierte Form der DNA, die nicht transkribiert werden kann. Es kommt beispielsweise im inaktiven X-Chromosom von weiblichen Säugern vor.
Siehe Abbildung 14.17

- Für die Hemmung der Transkription am inaktiven X-Chromosom ist die *Xist*-RNA erforderlich.
[Siehe Abbildung 14.18](#)
- Die Bewegung eines Gens an einen neuen Ort auf einem Chromosom kann seine Transkriptionsfähigkeit verändern wie beim Wechsel zwischen den Paarungstypen bei der Bäckerhefe.
- Einige Gene werden in manchen Zellen selektiv amplifiziert. Die zusätzlichen Kopien dieser Gene führen zu einer erhöhten Transkriptionsrate für das Genprodukt.
Siehe Abbildung 14.19

Posttranskriptionale Regulierung

- Alternatives Spleißen der Prä-mRNA kann dazu dienen, verschiedene Proteine zu erzeugen. Die Transkripte von über der Hälfte aller Gene im menschlichen Genom werden alternativ gespleißt. Dadurch erhöht sich die Anzahl von Proteinen, die ein einzelnes Gen codieren kann.
[Siehe Abbildung 14.20](#)
- Die Stabilität von mRNA im Cytosol kann reguliert werden.
- Die gereifte mRNA kann durch Hinzufügen von neuen Nucleotiden oder durch Veränderung der vorhandenen Nucleotide editiert werden.
[Siehe Abbildung 14.21](#)

Translationale und posttranslationale Regulierung

- Bestimmte Repressoren können die Translation der mRNA hemmen.
- Proteasomen bauen Proteine ab, die durch Anheften von Ubiquitin für einen Abbau markiert wurden.
[Siehe Abbildung 14.22](#)