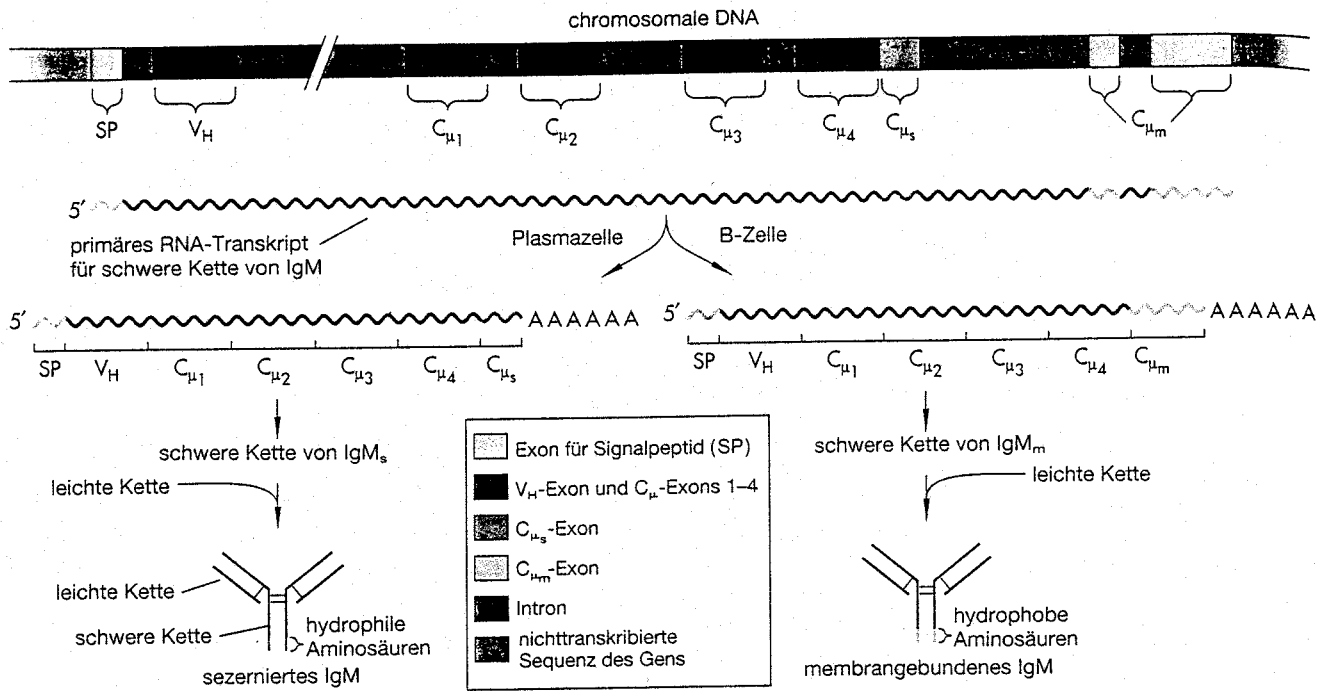


Tabelle 15.1: Größen prokaryotischer und eukaryotischer Genome

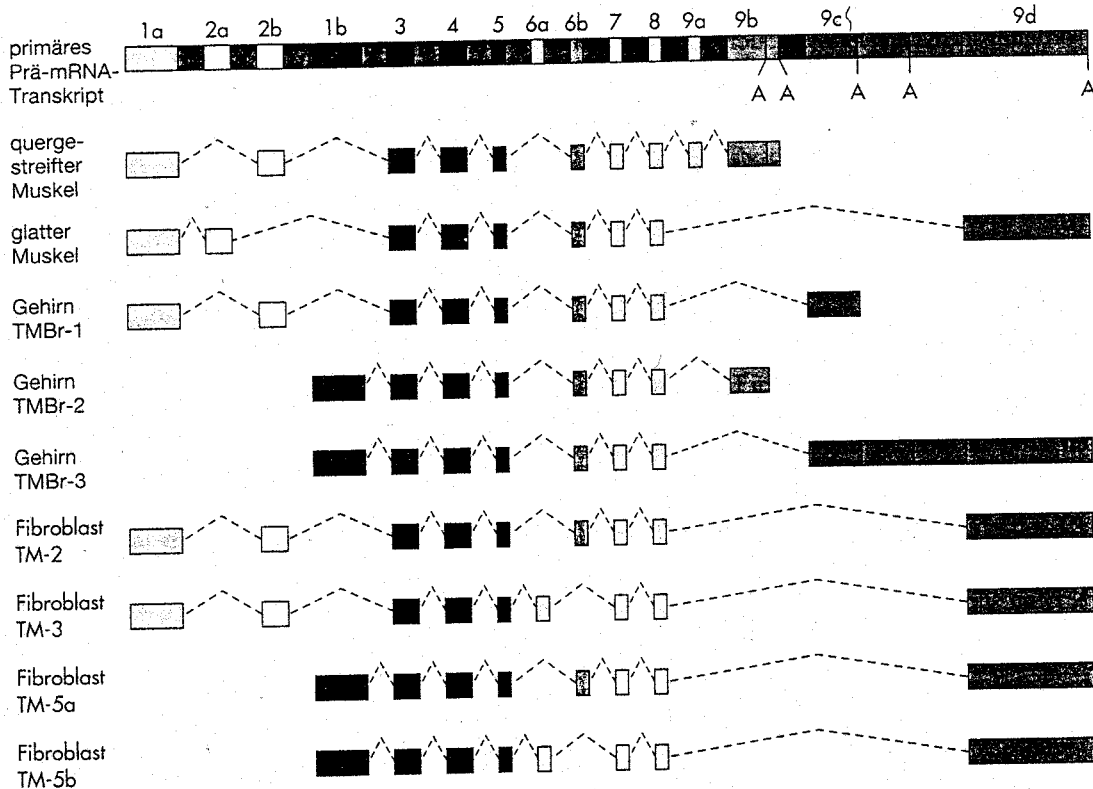
Organismus	Genomgröße (kb)	Chromosomen- zahl	durchschnittliche DNA- Menge pro Chromosom (kb)
Prokaryoten			
<i>E. coli</i>	4000	1	4000
Eukaryoten			
<i>S. cerevisiae</i>	20000	16	1250
Taufliege	165000	4	41250
Mensch	3000000	23	130000
Mais	15000000	10	1500000
Salamander	90000000	12	7500000

Für Eukaryoten beziehen sich die Daten auf den haploiden Satz. Die Angaben für die Genomgrößen sind ungefähre Werte. Bemerkenswert ist, daß nicht jedes Chromosom in einem Organismus die gleiche Menge an DNA enthält; der DNA-Gehalt menschlicher Chromosomen reicht von 50000 kb (Chromosom 21) bis 250000 kb (Chromosom 1).



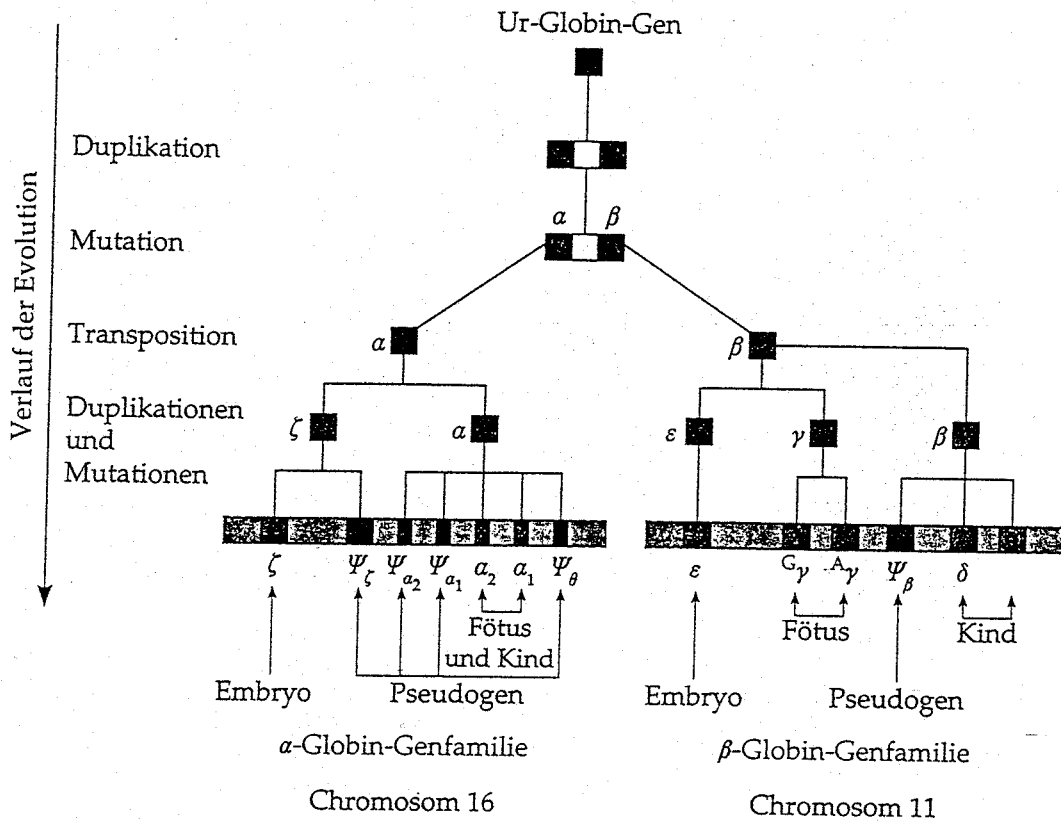
8.7 Alternatives Spleißen erzeugt sezernierte und membrangebundene Formen des IgM aus einem einzigen Gen. Dargestellt ist das  $\mu$ -Gen, das die schwere Kette eines IgM-Moleküls codiert. Wie wir in Kapitel 16 noch sehen werden, setzen sich die schweren und leichten Ketten eines Antikörpers aus einer Reihe struktureller Domänen zusammen. Der Aufbau eines Immunglobulins spiegelt diese Domänenstruktur des Proteins wider. Bei dem hier gezeigten Gen einer schweren Kette sind zum Beispiel die codierenden Sequenzen für das Signalpeptid (SP) in dem ersten Exon enthalten. Es handelt sich dabei um Aminosäuren am Aminoende, welche die Antikörpersekretion bewirken. Die Sequenzen für die variablen

( $V_H$ ) und die konstanten ( $C_{\mu}$ ) Domänen liegen ebenfalls in eigenen Exons. In B- und Plasmazellen wird dieselbe Prä-mRNA produziert. Jeder Zelltyp verarbeitet das primäre Transkript jedoch auf andere Art. Bei einer Plasmazelle (die Immunglobuline ins Blut sezerniert) wird die reife mRNA so gespleißt, daß sie das  $C_{\mu s}$ -Exon enthält, das hydrophile Aminosäuren codiert. Bei einer B-Zelle (die Immunglobuline auf ihrer Oberfläche trägt) wird die Prä-mRNA dagegen so gespleißt, daß ihre reife Form zwei  $C_{\mu m}$ -Exons enthält, die hydrophobe Aminosäuren codieren. Auf diese Weise kann das Immunglobulin in der Lipiddoppelschicht der Plasmamembran verankert werden.

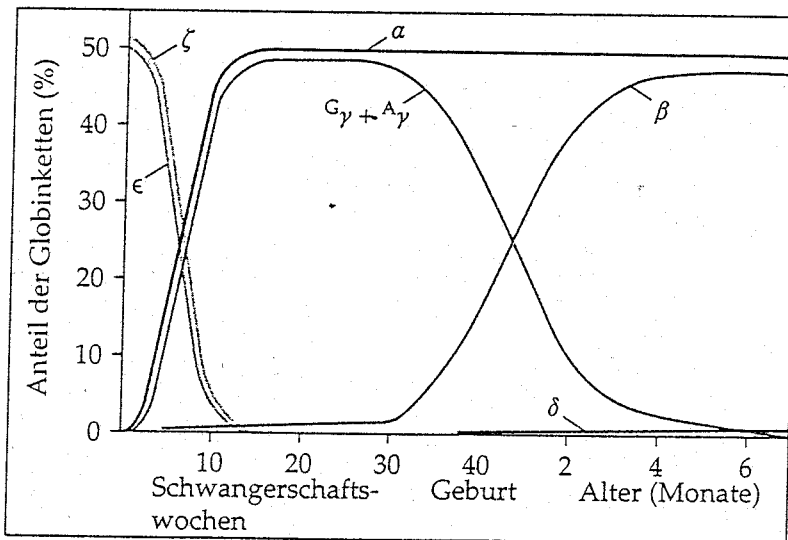


8.8 Komplizierte Spleißmuster bei eukaryotischer mRNA. Das Prä-mRNA-Transkript des  $\alpha$ -Tropomyosins wird in verschiedenen Zellen unterschiedlich gespleißt. Die roten Blöcke stellen Introns dar, die anderen Farben markieren Exons. Polyadenylierungssi-

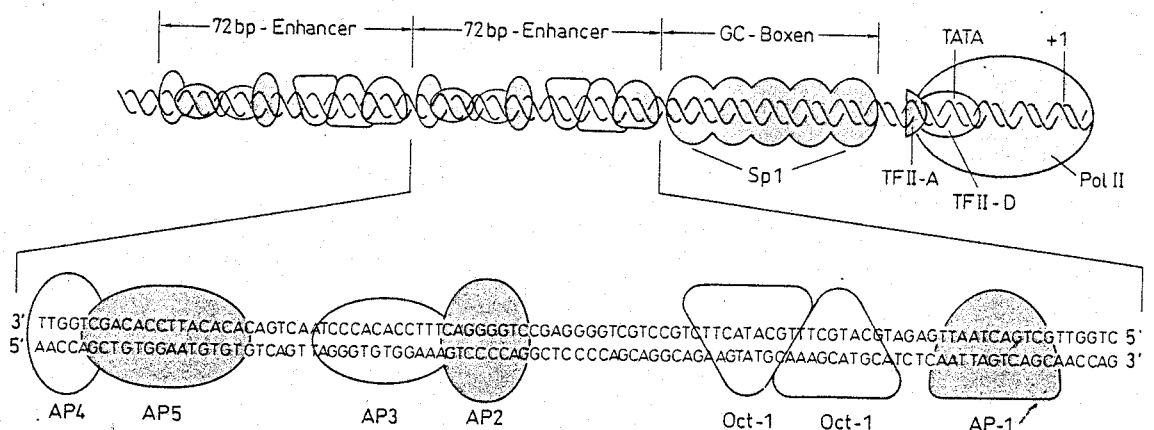
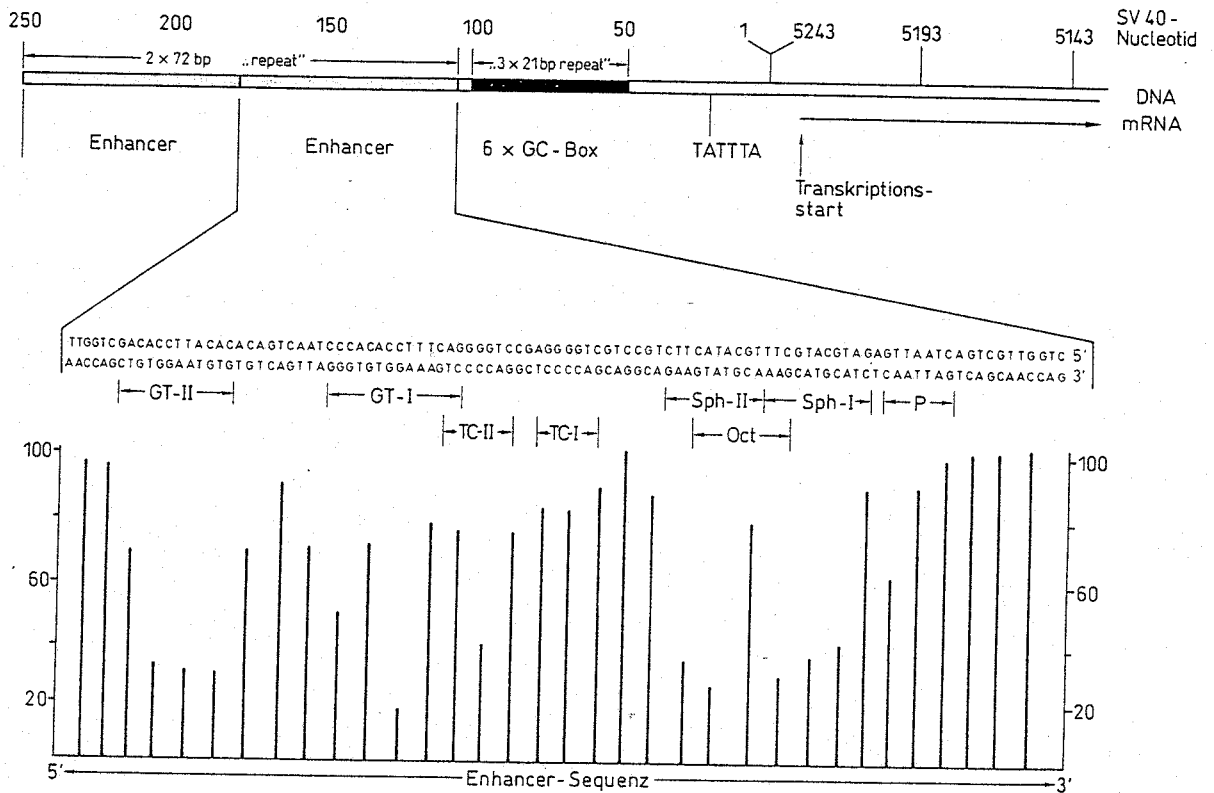
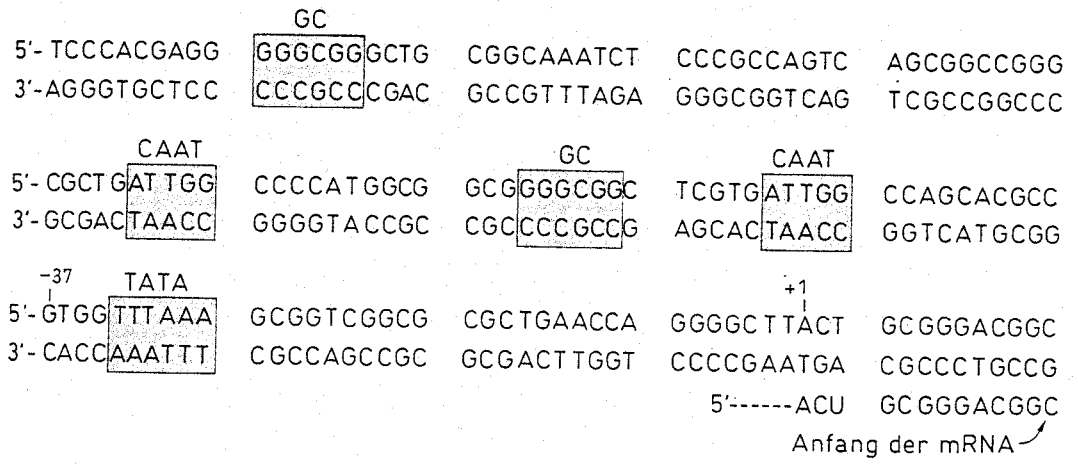
gnale sind mit einem A gekennzeichnet. Die gestrichelten Linien in den reifen mRNAs symbolisieren Bereiche, die durch das alternative Spleißen entfernt wurden. TM = Tropomyosin. (Nach J. P. Lees et al., 1990.)



(a)



(b)

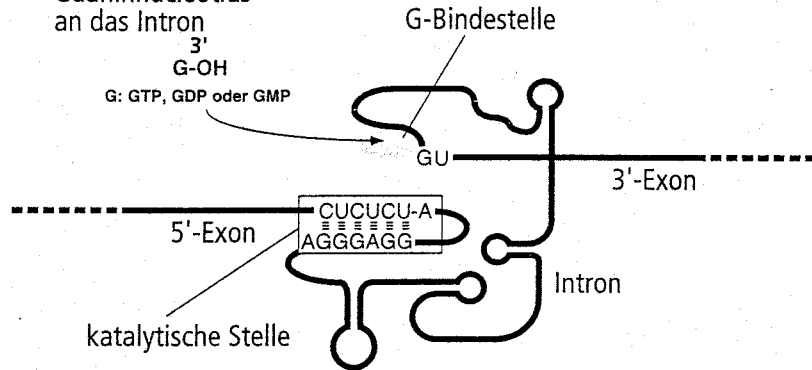


rRNA-Vorläufermolekül

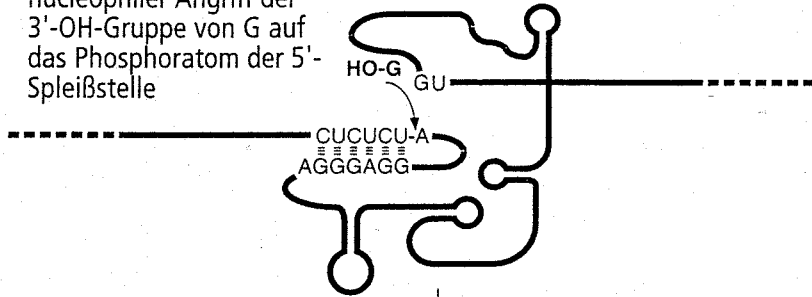


Spleißmechanismus:

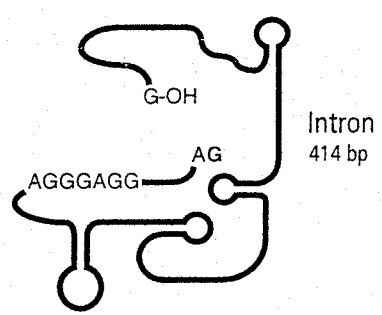
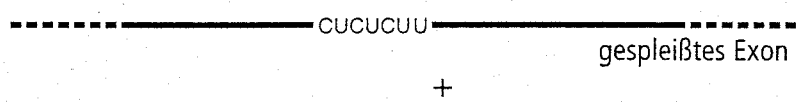
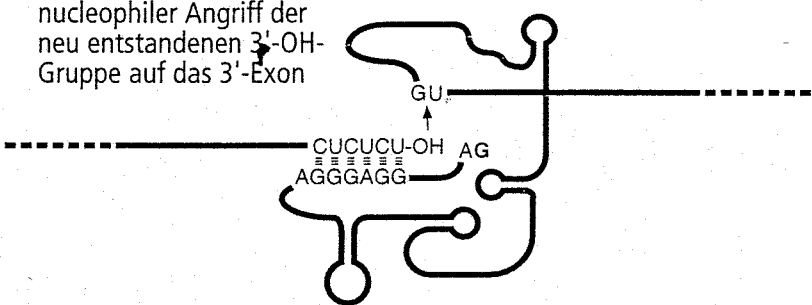
Bindung des Guaninnucleotids an das Intron



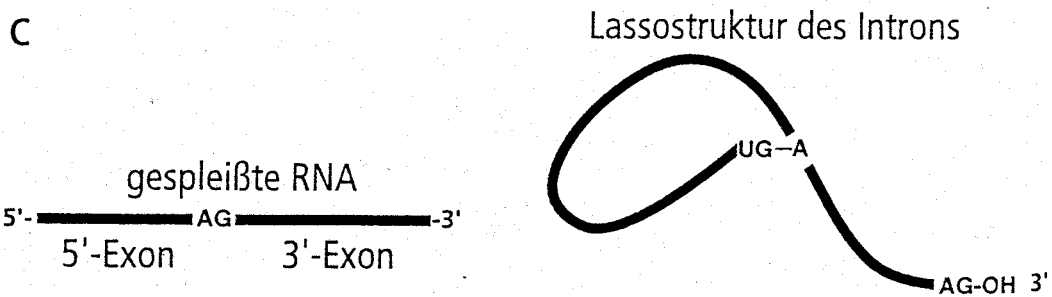
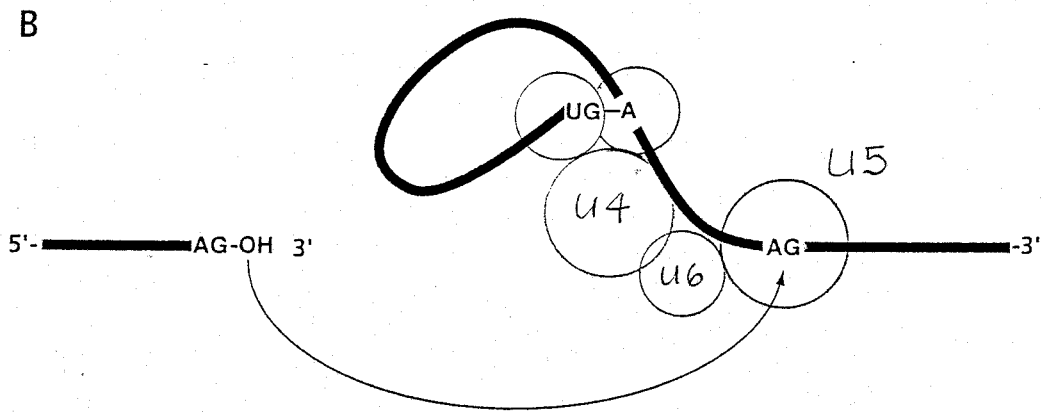
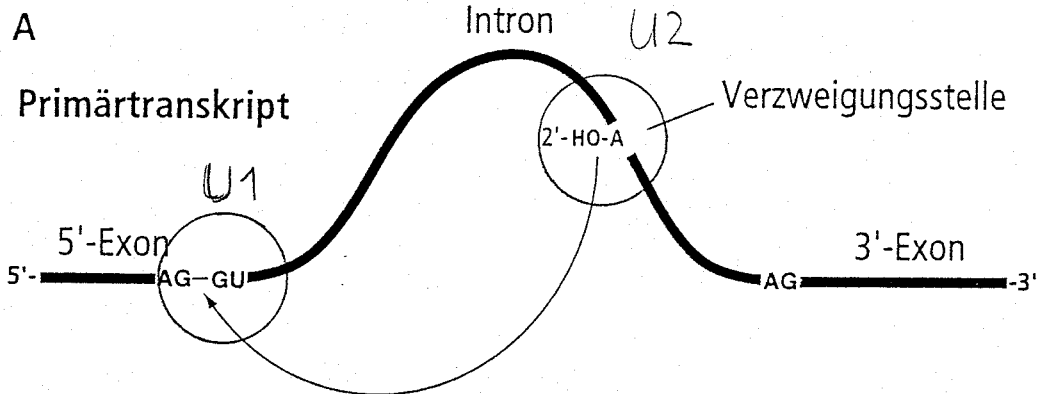
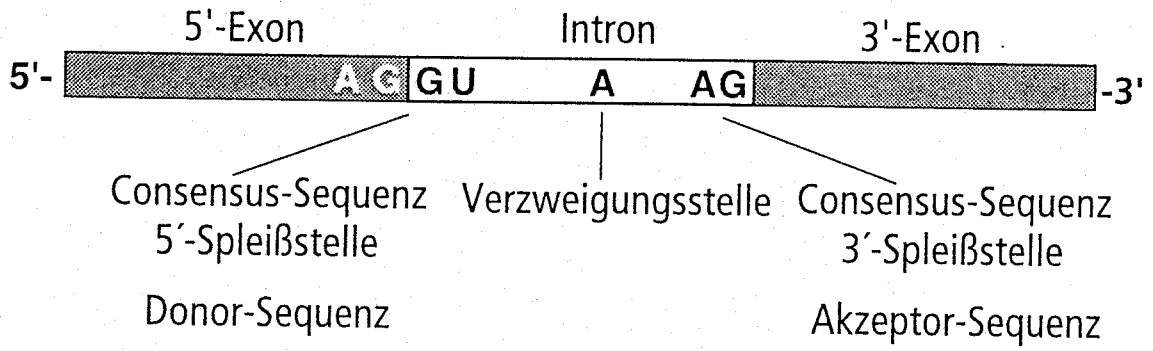
nucleophiler Angriff der 3'-OH-Gruppe von G auf das Phosphoratom der 5'-Spleißstelle

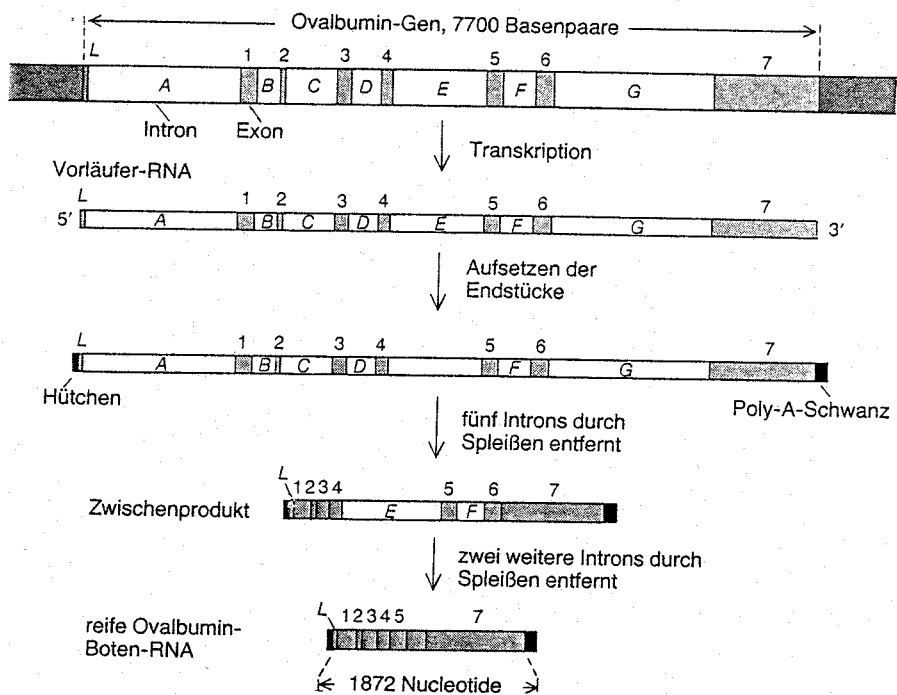
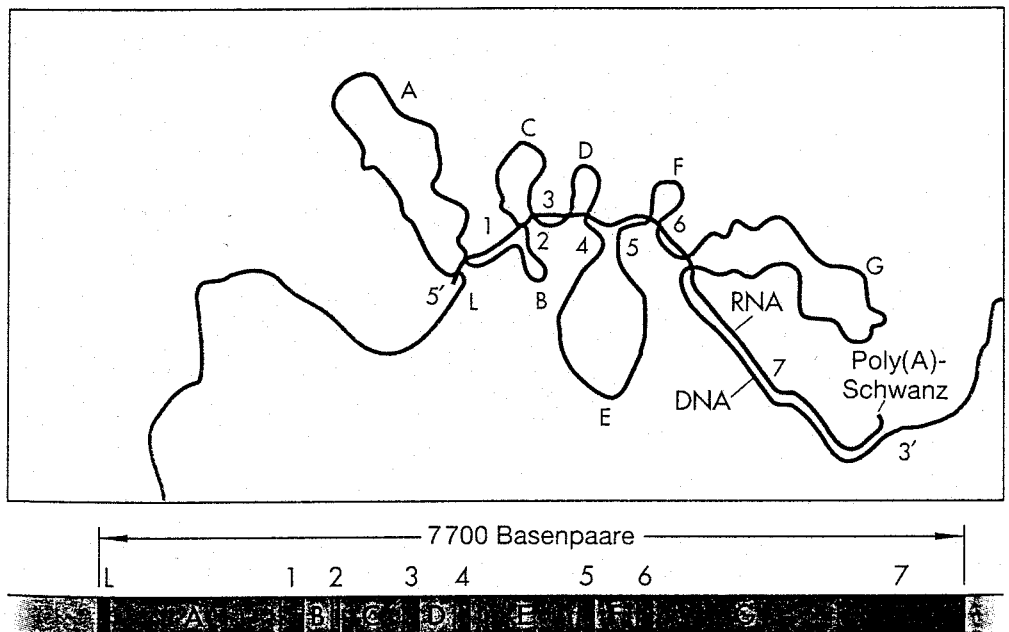
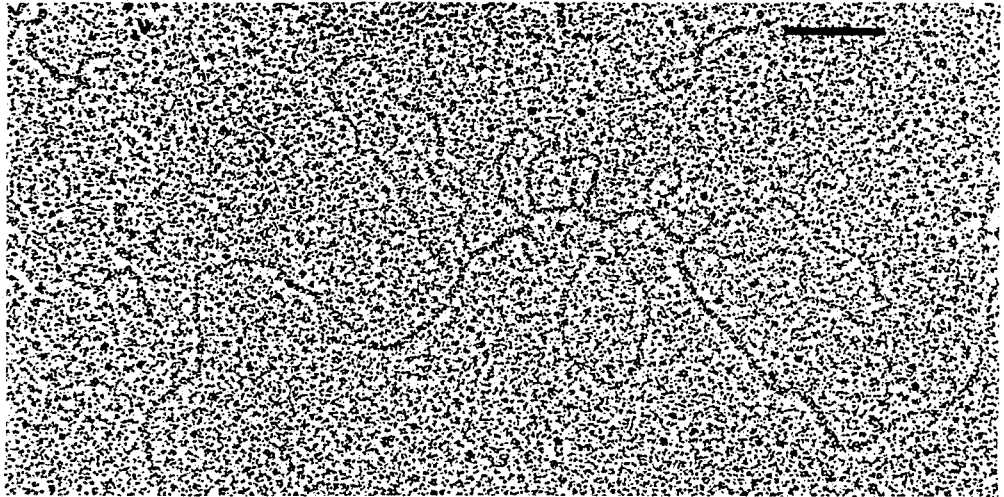


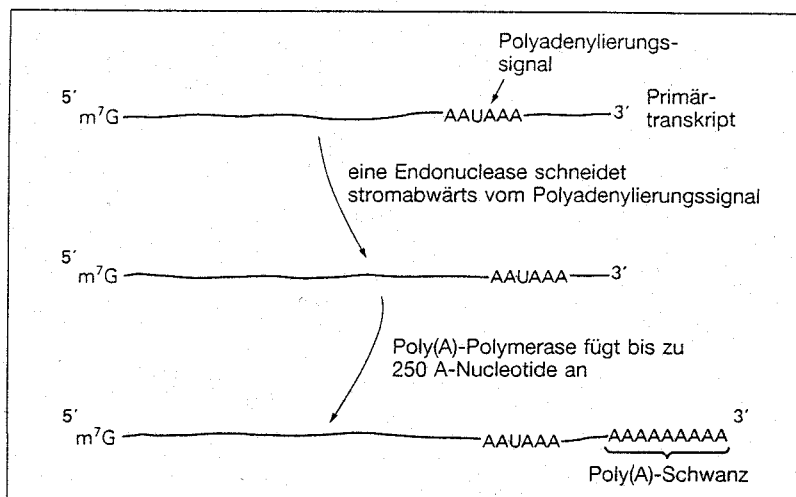
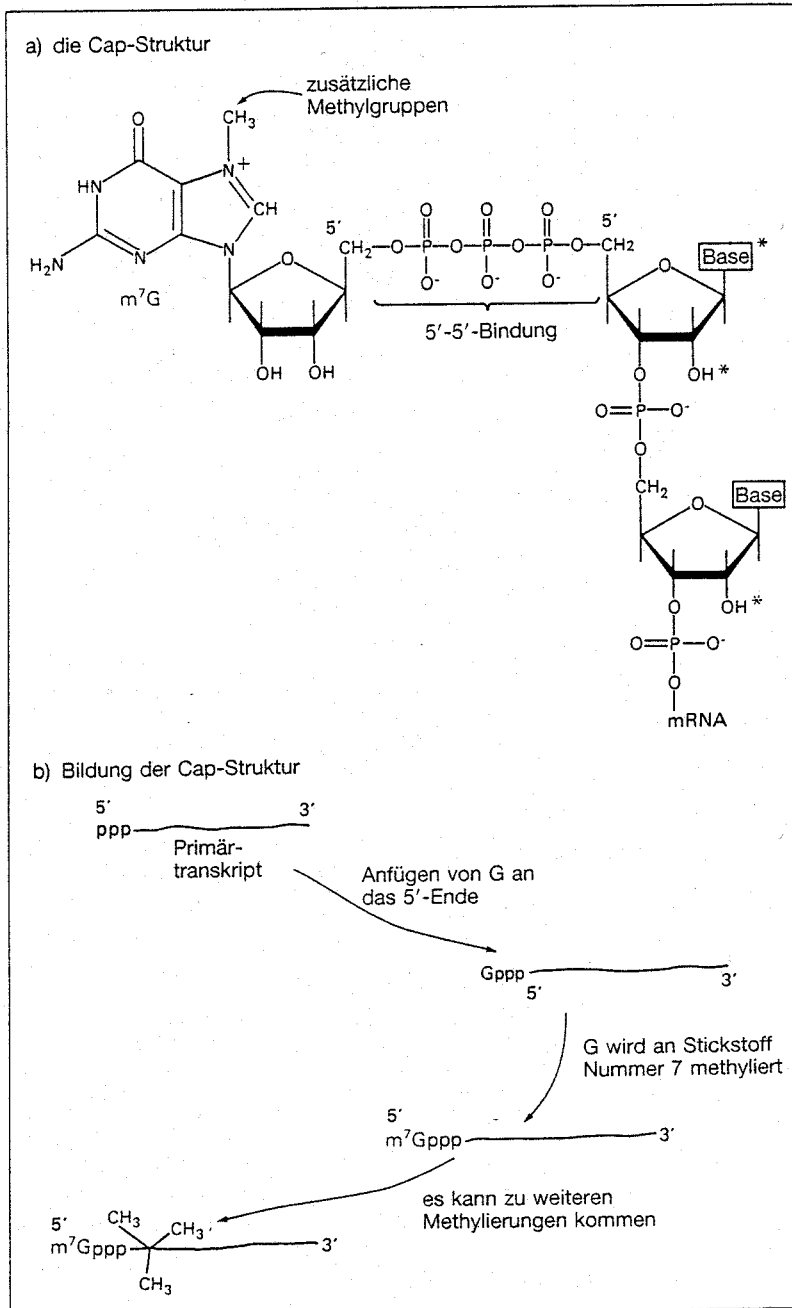
nucleophiler Angriff der neu entstandenen 3'-OH-Gruppe auf das 3'-Exon



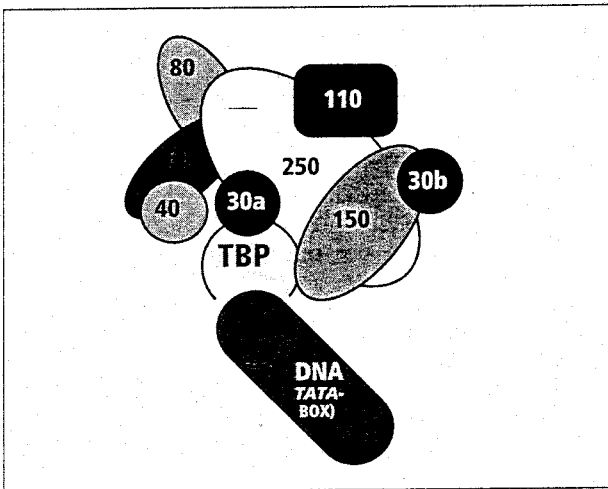
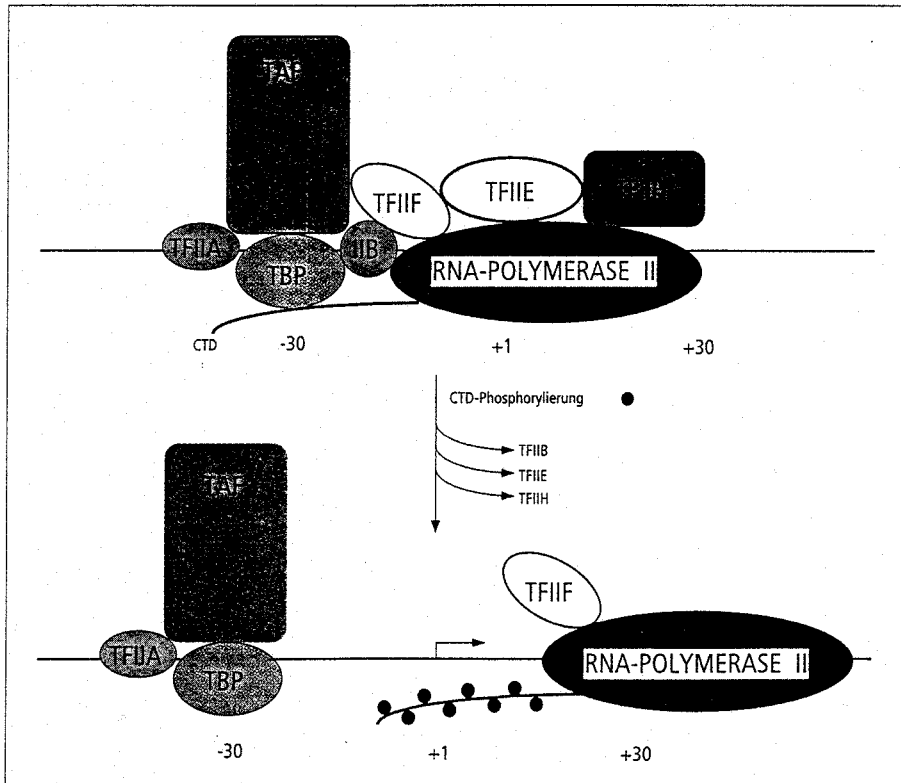
### Primärtranskript



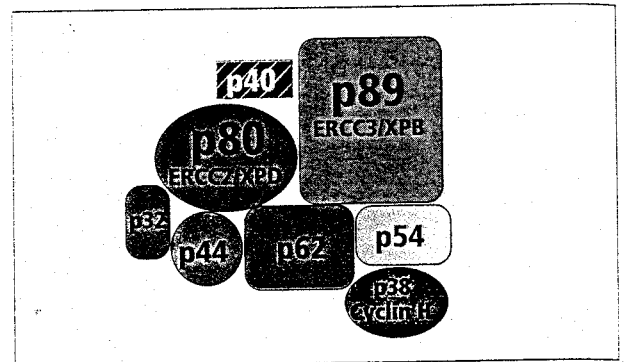




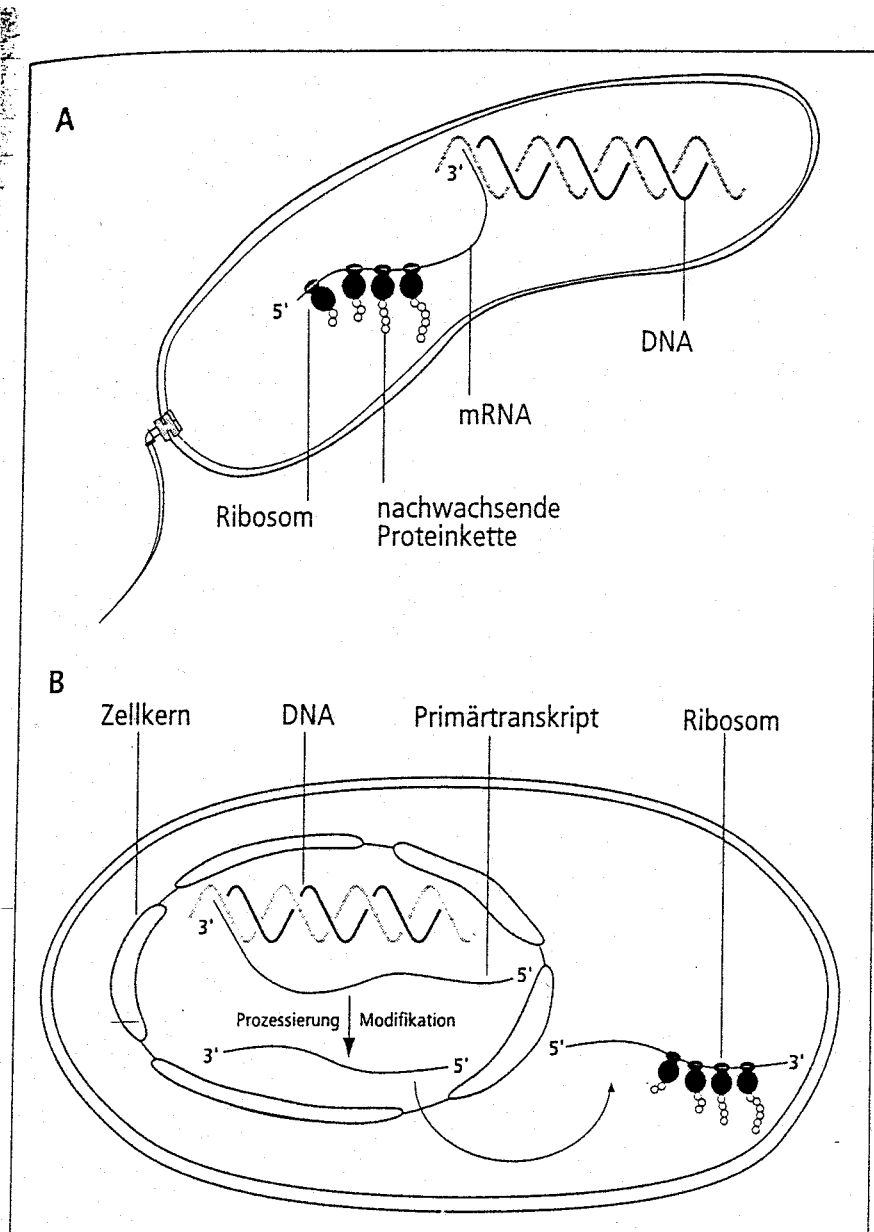




**Abb. 8-2:** TBP und seine TAFs. Die TAF-Proteine komplexieren sich um das DNA-gebundene TBP-Protein. Die DNA der TATA-Box ist als Zylinder dargestellt. Diese komplexe Struktur des TBP-TAF-Komplexes dient zur Kontaktaufnahme mit anderen generellen Transkriptionsfaktoren (GTF, wie z. B. den TFI) oder regulatorischen Transkriptionsfaktoren (RTF).



**Abb. 8-3:** Der generelle Transkriptionsfaktor TFIIH. Schematische Darstellung der verschiedenen Untereinheiten des TFIIH-Proteinkomplexes (s. Tab. 8-2).



- (A) Die **prokaryotische Genexpression** verläuft kontinuierlich. Prokaryotische mRNA-Moleküle werden noch während ihrer Synthese (Transkription) zur Herstellung der kodierten Proteine mit Ribosomen besetzt und translatiert.
- (B) In einer **eukaryotischen Zelle** verlaufen die beiden Schritte räumlich und zeitlich getrennt. Die Transkription erfolgt im Kern, die Translation im Cytoplasma. Deshalb muss die mRNA aus dem Kern durch die Kernporen ins Cytoplasma gelangen. Zunächst wird ein Vorläufermolekül, das **Primärtranskript** oder die **Prä-mRNA** hergestellt, die dann vor dem Verlassen des Kerns reift, indem sie von Enzymen **prozessiert** wird.

