

Molekulargenetik

Inhaltsverzeichnis

| | |
|---|----|
| Die Begriffe DNA, Nukleotid, Gen, Chromosom und Epigenom definieren | 2 |
| Beschreiben, wie die DNA aufgebaut ist..... | 3 |
| Den Ablauf der Replikation erklären und dabei die Funktion der Helicase, der Polymerase und der Ligase darlegen..... | 3 |
| Den Sinn der Transkription erörtern..... | 4 |
| Den Ablauf der Transkription beschreiben und dabei die Funktion von Promotor und RNA-Polymerase darlegen | 4 |
| Den Ablauf der Translation beschreiben und skizzieren..... | 6 |
| Erklären, warum eine DNA-Sequenz ein Protein eindeutig bestimmt und die Begriffe Codon und Leseraster definieren | 10 |
| Die Bedeutung der Genregulation für die Zelldifferenzierung und für die Steuerung der Zelle aufzeigen | 10 |
| Das Operon-Modell für eine Stoffsynthese (z.B. Tryptophan) und für einen Stoffabbau (z.B. Laktose) erklären und dabei die Funktion von Promotor, Operator, Repressor und Regulatorgen beschreiben | 11 |

Info

Es besteht kein Anspruch auf Vollständigkeit. Jede Haftung wird abgelehnt.

[Creative Commons Namensnennung-Keine kommerzielle Nutzung 3.0 Lizenz.](#)



Lernteil

Die Begriffe DNA, Nukleotid, Gen, Chromosom und Epigenom definieren¹

DNA

Desoxyribonukleinsäure ist ein in allen Lebewesen und DNA-Viren vorkommendes Biomolekül und Träger der Erbinformation, also der Gene, welche die Information für die Herstellung der Ribonukleinsäuren (RNA) enthalten. [...] Innerhalb der Protein-codierenden Gene legt die Abfolge der Basen die Abfolge der Aminosäuren des jeweiligen Proteins fest: Im genetischen Code stehen jeweils drei Basen für eine bestimmte Aminosäure.

Im Normalzustand ist DNA in Form einer Doppelhelix organisiert. Chemisch gesehen handelt es sich um Nukleinsäuren, lange Kettenmoleküle (Polymer) die aus vier verschiedenen Bausteinen, den Nukleotiden aufgebaut sind. Jedes Nukleotid besteht aus einem Phosphat-Rest, dem Zucker Desoxyribose und einer von vier organischen Basen Adenin, Thymin, Guanin und Cytosin, oft abgekürzt mit A, T, G und C.

In den Zellen von Eukaryoten, zu denen auch Pflanzen, Tiere und Pilze gehören, ist der Grossteil der DNA im Zellkern als Chromosomen organisiert [...].

Chromosom²

Chromosomen sind Strukturen, die Gene und somit auch Erbinformationen enthalten. Sie bestehen aus DNA, die mit vielen Proteinen verpackt ist.

Gen

Ein Gen ist ein Abschnitt auf der Desoxyribonukleinsäure (DNA), der die Grundinformationen zur Herstellung einer

Nukleotid

Ein Nukleotid, auch Nucleotid, ist ein Grundbaustein von Nukleinsäuren (DNA und RNA). Es ist ein Molekül mit einem Phosphat-, einem Zucker- und einem Basenbestandteil³.

Ein Nukleotid ist aus drei Bestandteilen aufgebaut:

- einer Phosphorsäure (P) (Phosphat),
- einem Monosaccharid (Zucker) mit 5 C-Atomen, auch Pentose (Z) genannt, das als Fünfring (Furanosering) vorliegt,
- einer der fünf Nukleobasen, nämlich Adenin (A), Guanin (G), Cytosin (C), Thymin (T) oder Uracil (U).

In der DNA werden nur vier dieser Basen (A, G, C, T) verwendet, in der RNA ist die Nukleobase Thymin (T) gegen Uracil (U) ausgetauscht. Die Nukleotide unterscheiden sich also durch die Base, die jeweils eingebaut ist, und durch den Zucker, der bei der DNA die Desoxyribose und bei der RNA die Ribose ist.

Epigenom

Das Genom ist das Erbgut, sprich die Gesamtheit der Gene/Chromosomen/DNA in einem Lebewesen.

Die Epigenetik ist ein Spezialgebiet der Biologie. Sie befasst sich mit Zelleigenschaften (Phänotyp), die auf Tochterzellen vererbt werden und nicht in der DNA-Sequenz (dem Genotyp) festgelegt sind. Dabei erfolgen Veränderungen an den Chromosomen, wodurch Abschnitte oder ganze Chromosomen in ihrer Aktivität beeinflusst werden. Man spricht

¹ Nach Wikipedia

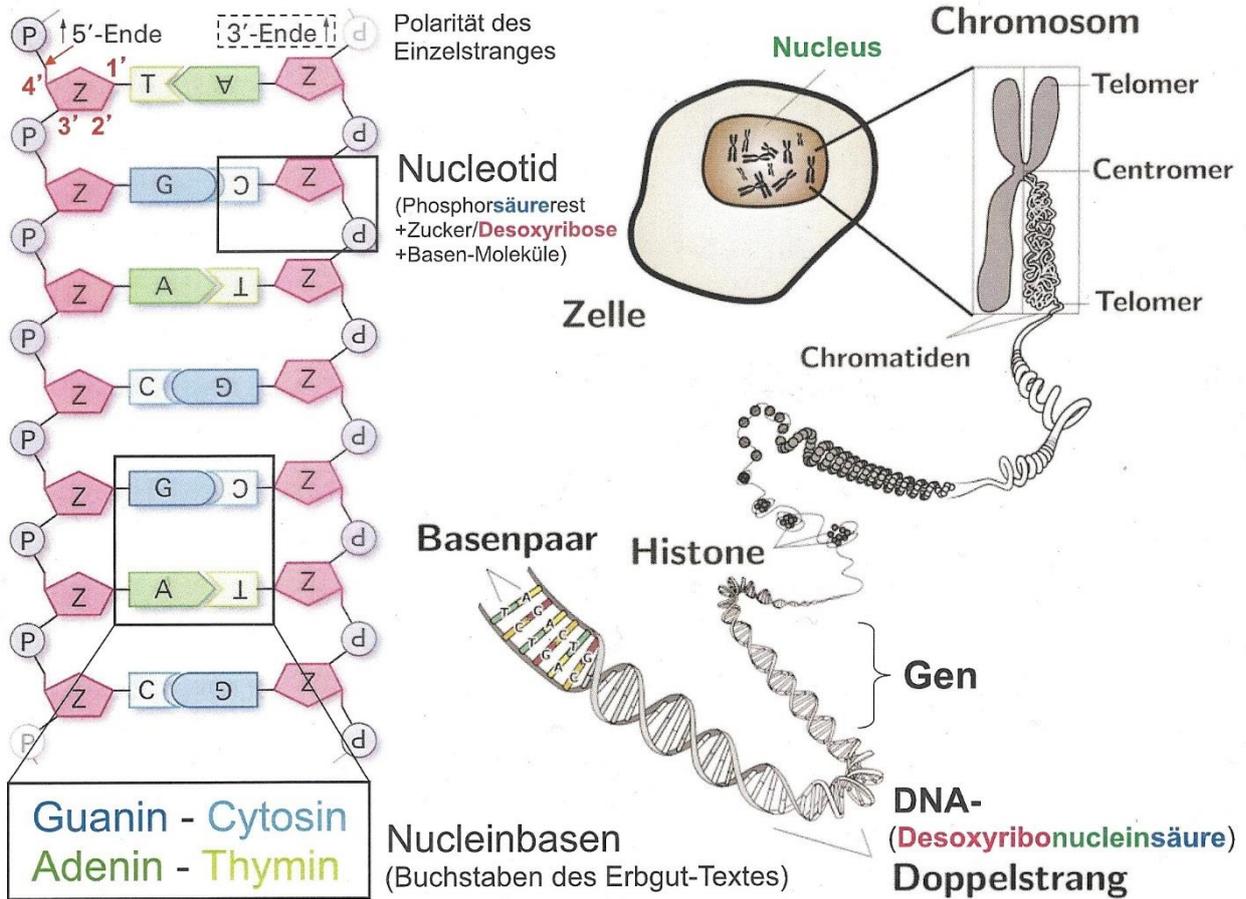
² Werden oft als X dargestellt

³ Für BCH/CHEF: auch ATP GTP und cAMP sind Nukleotiden

biologisch aktiven Ribonukleinsäure (RNA) enthält.

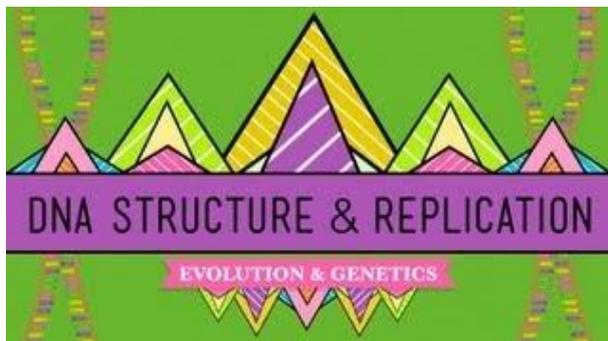
infolgedessen auch von epigenetischer Veränderung bzw. epigenetischer Prägung. Die DNA-Sequenz wird dabei jedoch nicht verändert. Das kann sowohl durch eine DNA-Methylierung [...].

Beschreiben, wie die DNA aufgebaut ist



Siehe auch vorheriges Lernziel

Den Ablauf der Replikation erklären und dabei die Funktion der Helicase, der Polymerase und der Ligase darlegen

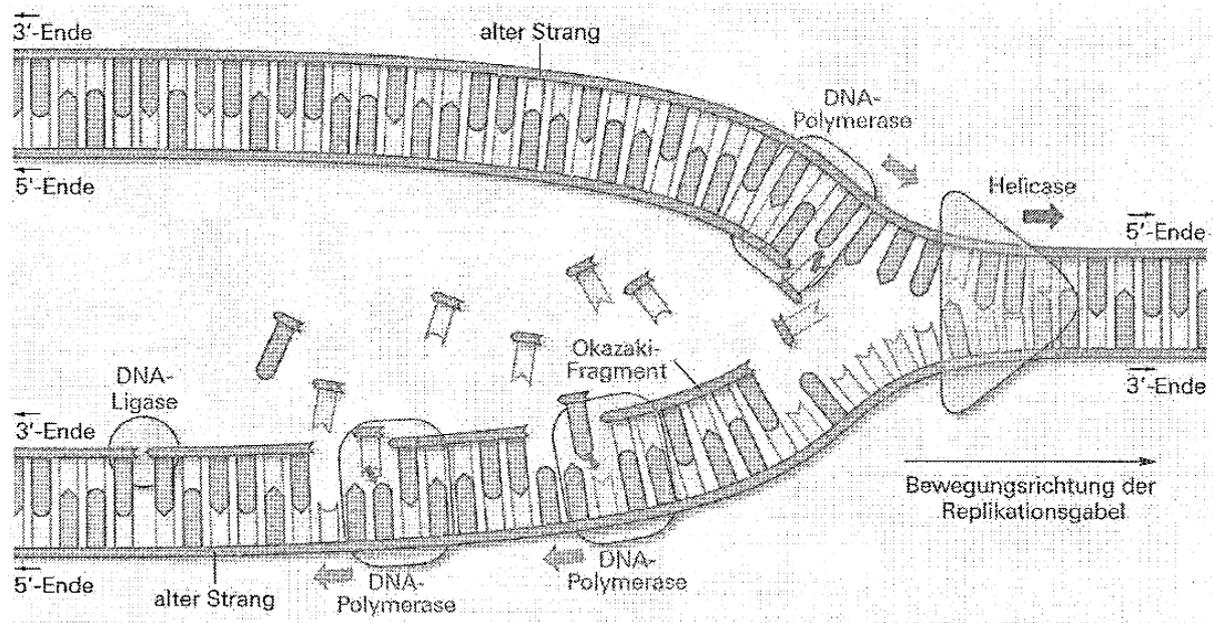


1. Die Helicase spaltet die DNA in zwei Stränge, einen oberen und einen unteren.
2. An beiden Strängen lagern sich jeweils die komplementäre Nucleotide an (A-T bzw. G-C) mithilfe des Proteins DNA-Polymerase welches die einzelnen Nucleotide verknüpft. Da immer nur genau zwei Nucleotide zusammenpassen, entsteht eine *exakte* Kopie des anderen Strangs.

3. Da die DNA-Polymerase nur von 3' Richtung 5' arbeiten kann, kommt der „obere“ Strang schon fertig raus, während der „untere“ Strang zusätzliche Hilfe benötigt.

Dort kann die DNA-Polymerase nur schrittweise arbeiten, da sie rückwärts laufen muss

und dadurch nur die sogen. Okazaki-Fragmente produzieren kann, welche schlussendlich von der Ligase zusammengefügt werden.



Den Sinn der Transkription erörtern

Den Ablauf der Transkription beschreiben und dabei die Funktion von Promotor und RNA- Polymerase darlegen



Als Transkription wird in der Genetik die Synthese von RNA anhand einer DNA als Vorlage bezeichnet. Die dabei entstehende RNA lässt sich grösstenteils in drei Gruppen einteilen: mRNA (zur Proteinbiosynthese) sowie tRNA und rRNA. Die Transkription ist, wie auch die Translation, ein wesentlicher Teilprozess der Genexpression.

Bei der Transkription wird ein Gen abgelesen und als RNA-Molekül vervielfältigt, das heisst ein spezifischer DNA-Abschnitt dient als Vorlage (Template) zur Synthese eines neuen RNA-Strangs. Bei diesem Vorgang werden die Nukleinbasen der DNA (A – T – G – C) in die Nukleinbasen der RNA (A – U – G – C) umgeschrieben. Anstelle des Thymins kommt Uracil und anstelle der Desoxyribose kommt Ribose⁴ in der RNA vor.

Der Promotor, der den Vorgang u.a. regelt, ist eine Nukleotid-Sequenz auf der DNA bezeichnet, die die regulierte Expression eines Gens ermöglicht.

1. Synthese der mRNA:
 - Allgemeiner Ablauf: Der RNA-Polymerase-Proteinkomplex setzt sich an eine Promotor genannte DNA-Region. Die RNA-Polymerase entspiralisiert im Verlauf der

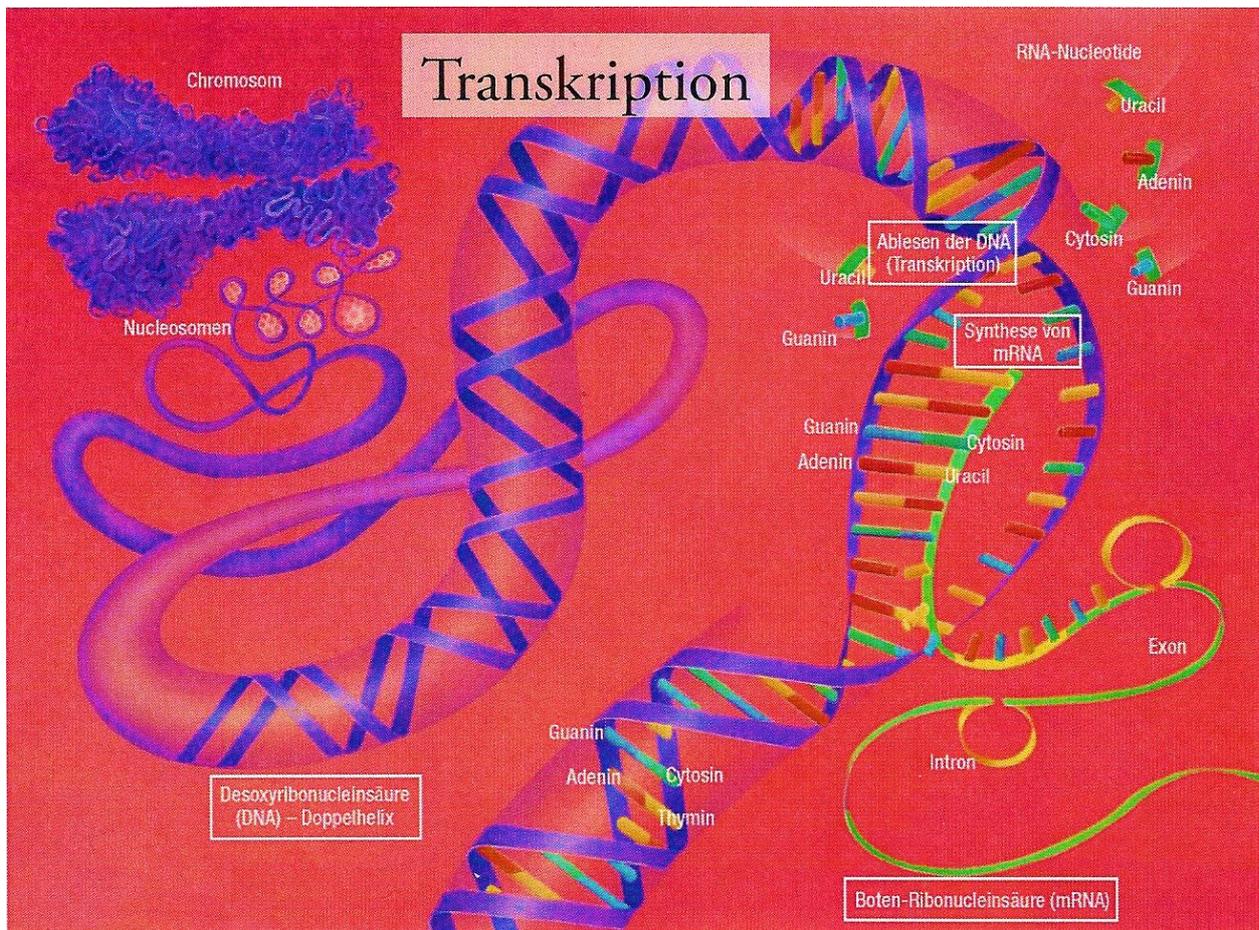
⁴ Hat ein O mehr (irgendwie logisch...)
Version 1.0a vom 04.01.2013

Elongation die Doppelhelix und legt so jeweils ca. 10-20 Basen der DNA zur Paarung frei. Am codogenen Strang der DNA lagern sich durch Basenpaarung komplementäre Ribonukleotide an. Die Ableserichtung der DNA verläuft vom 3'-Ende zum 5'-Ende, die Synthese der komplementären RNA dementsprechend von 5' nach 3'. Die RNA-Polymerase benötigt keinen Primer, am Terminator wird die Transkription beendet. Danach wird das mRNA-Transkript entlassen und die Polymerase löst sich von der DNA.

- Bei der eukaryotischen mRNA-Synthese kommen zum gerade beschriebenen Ablauf noch die Synthese einer Cap-Struktur am 5'-Ende der mRNA hinzu, die ihrem Schutz und als Signal für den Transport aus dem Zellkern dient. Dieses so genannte Capping passiert bereits, wenn das Transkript nur wenige Basen lang ist, also noch vor der Elongation.⁵

2. Weitere Verarbeitung der mRNA:

- Bei Prokaryoten gelangt die mRNA nach dem Kopiervorgang direkt zu den Ribosomen, häufig lagern sich auch bereits Ribosomen an die noch entstehende Kette an und beginnen die Translation, bevor die Transkription beendet ist (Poly-Ribosom-Complex).



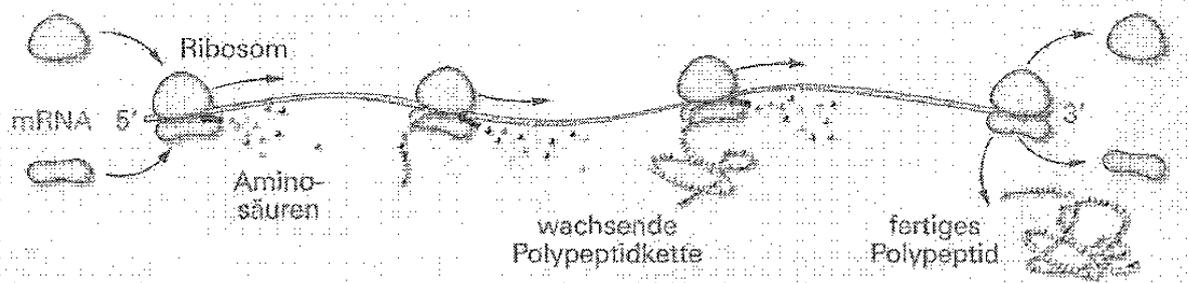
⁵ Bin mir nicht mehr sicher, ob wir diesen Absatz wirklich behandelt haben.
Version 1.0a vom 04.01.2013

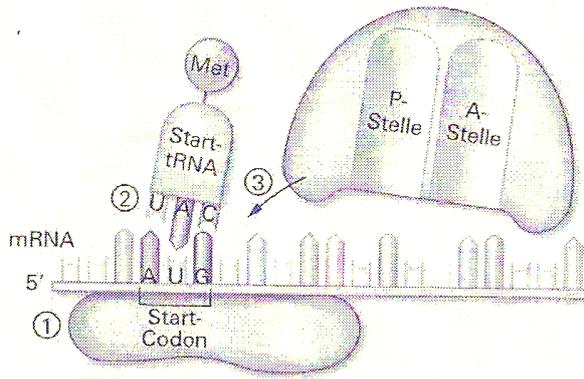
Den Ablauf der Translation beschreiben und skizzieren



Bei der Translation binden sich die beiden Ribosomen-Untereinheiten an das 5'-Ende der mRNA. Das *Ribosom bewegt sich auf der mRNA zum 3'-Ende*, liest dabei die Sequenz der mRNA ab und baut gemäss dieser Information Aminosäure-Moleküle zu einem Eiweissmolekül zusammen. Die Aminosäuren werden von der *tRNA*, die als Übersetzerin dient, angeliefert. Das Ribosom fährt über die mRNA und zieht dabei den wachsenden Eiweissstrang hinter sich her. Am 3'-Ende der mRNA gibt das Ribosom das Eiweiss frei und seine Untereinheiten lösen sich von der mRNA.

[Abb. 7-8] Prinzip der Translation

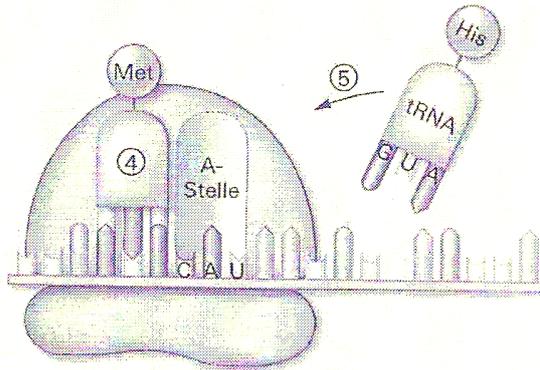




Beim Start der Translation bindet sich die kleine Untereinheit des Ribosoms an eine spezifische Nucleotidsequenz am 5'-Ende der mRNA (1).

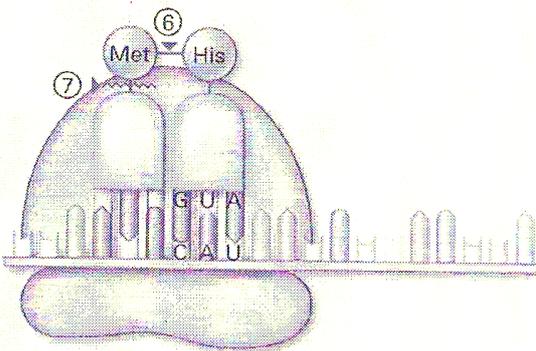
Die Start-tRNA mit dem Anticodon UAC lagert sich an das Start-Triplett AUG an. Sie trägt die Aminosäure Methionin (2).

Die grosse Untereinheit des Ribosoms lagert sich an (3).



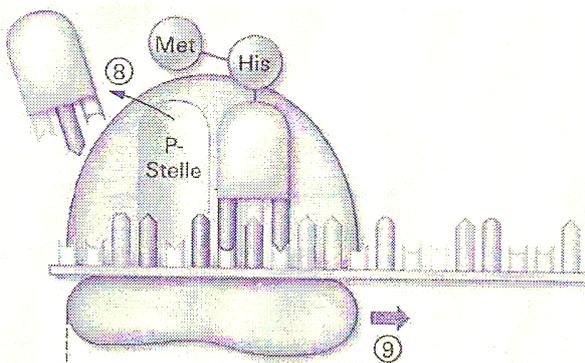
Die Start-tRNA liegt in der P-Stelle, die A-Stelle ist noch frei (4).

Die tRNA, deren Anticodon an das Codon der mRNA in der A-Stelle passt (hier CAU), lagert sich an. Sie bringt ihre Aminosäure (hier His) in die richtige Position zur Aminosäure in der P-Stelle (5).



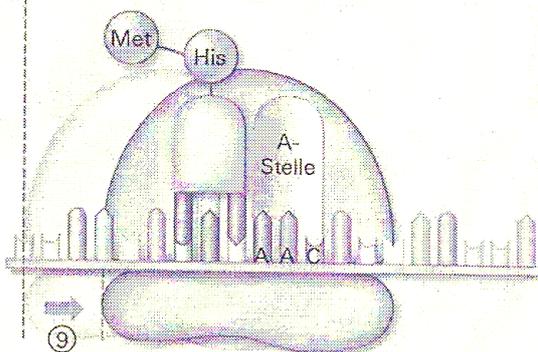
Die Aminosäuren in den beiden Bindungsstellen werden verknüpft. Sie reagieren miteinander unter Bildung einer Peptidbindung. Eine Komponente des Ribosoms wirkt dabei als Enzym (6).

Das Methionin löst sich von seiner tRNA und das Dipeptid hängt nun an der tRNA in der A-Stelle (7).

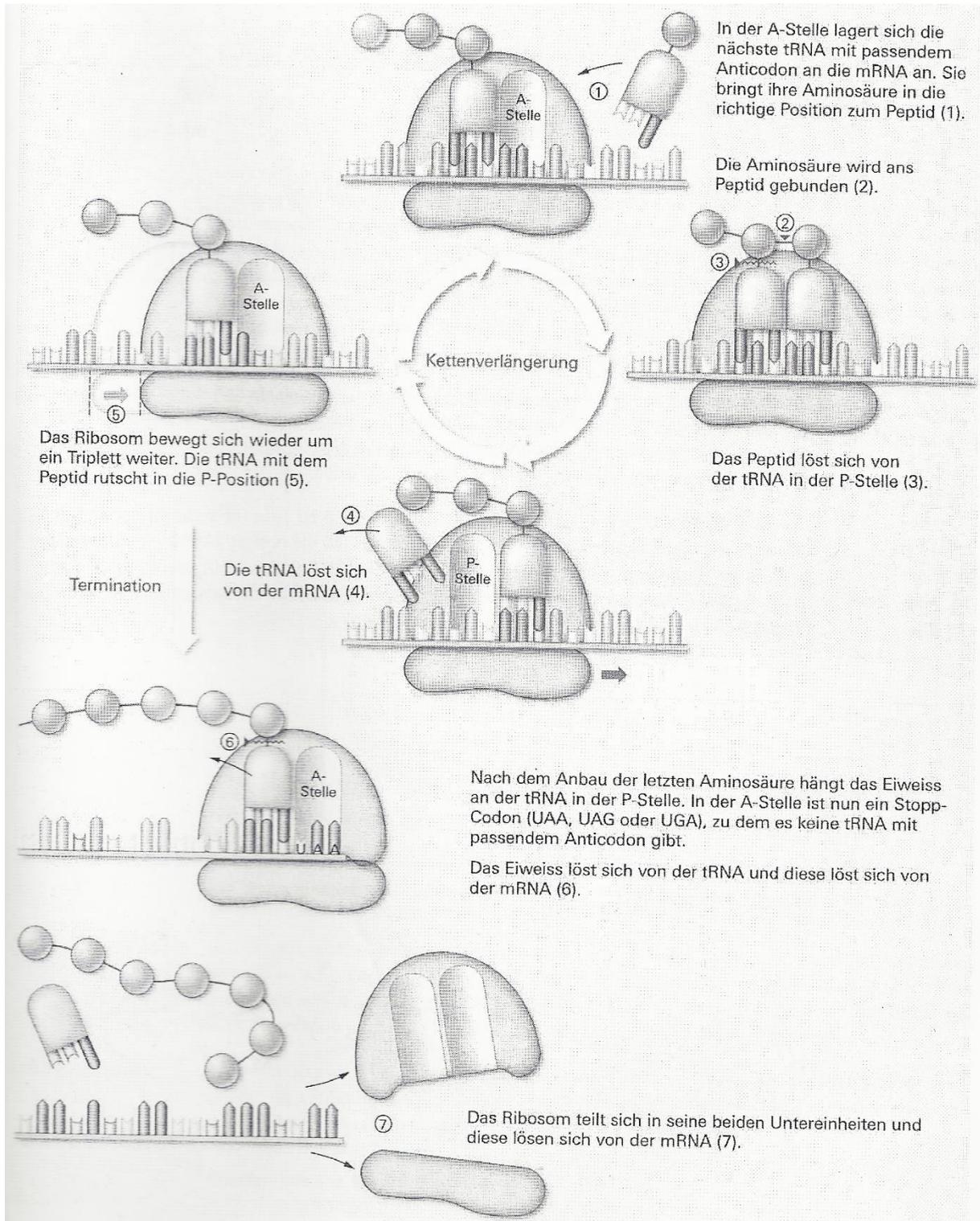


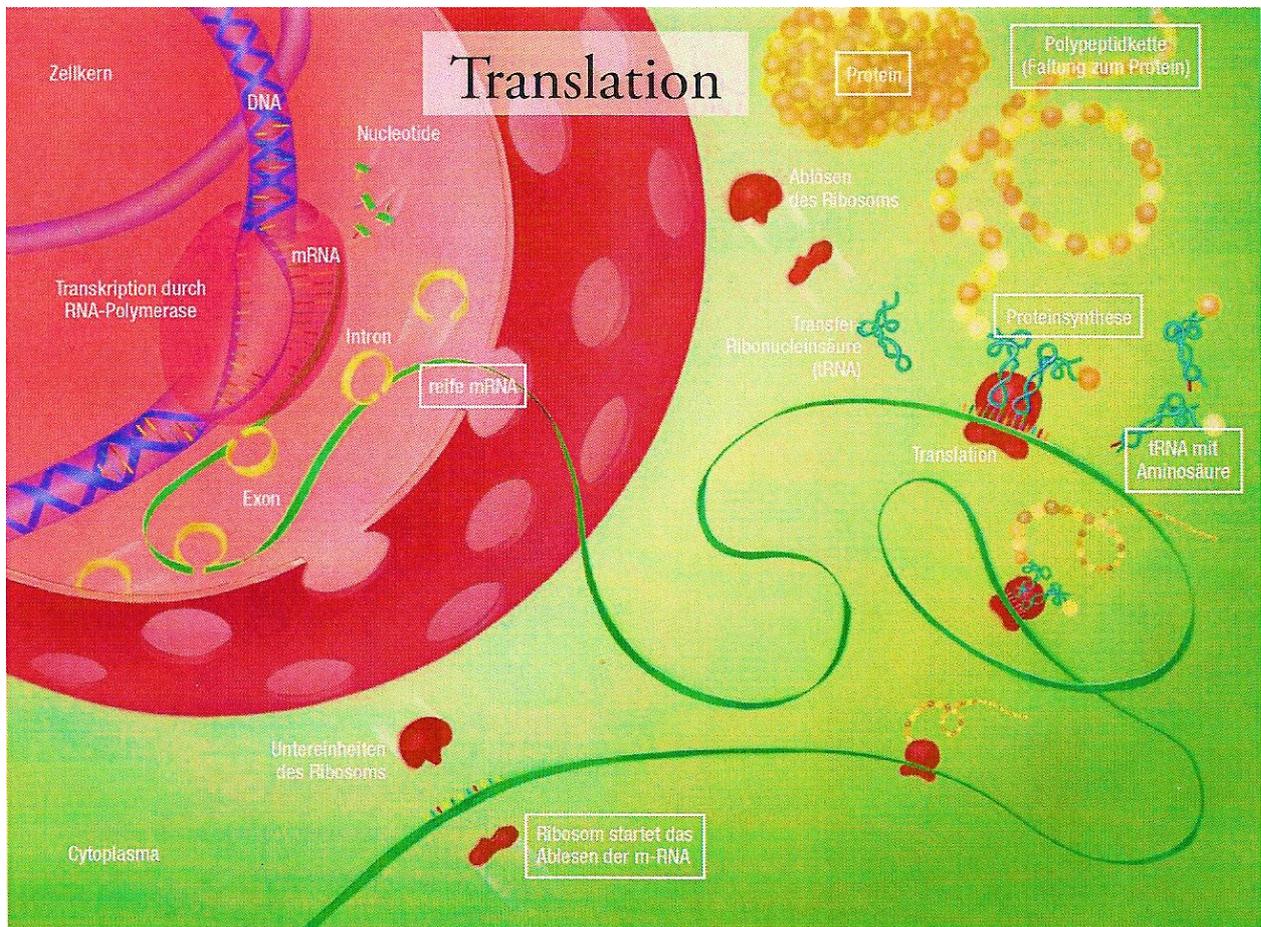
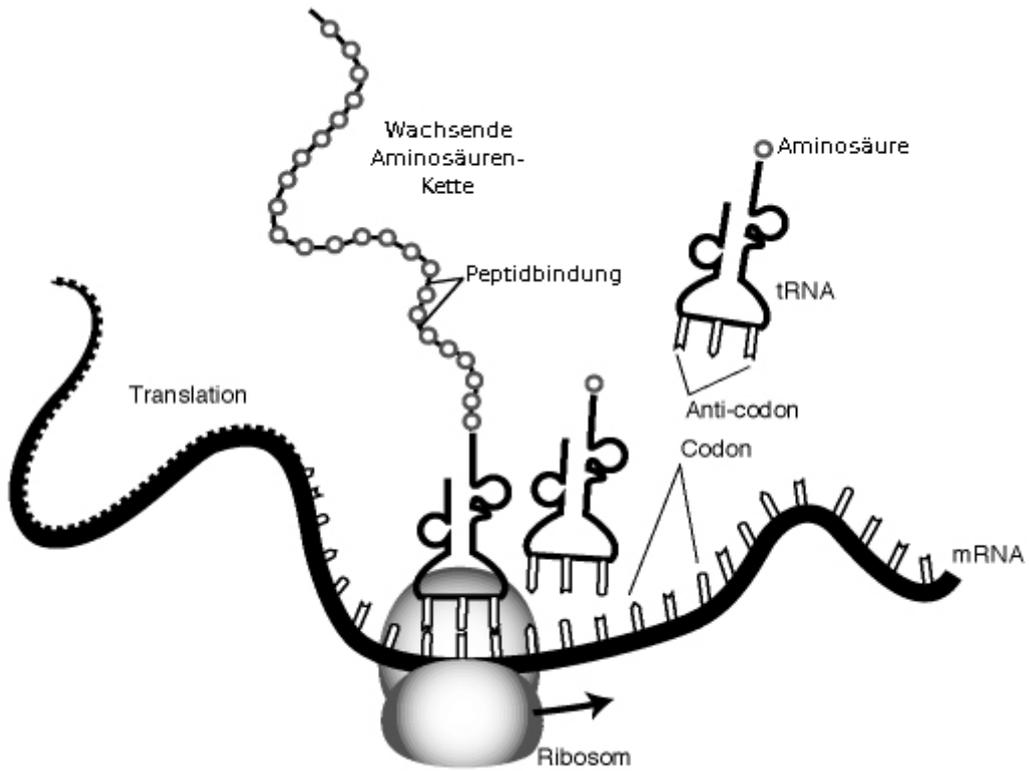
Die Start-tRNA löst sich von der mRNA und verlässt die P-Stelle. Sie wird im Plasma wieder mit Methionin beladen (8).

Das Ribosom bewegt sich auf der mRNA um ein Triplett weiter. Die tRNA mit dem Dipeptid rutscht von der A- in die P-Stelle (9).

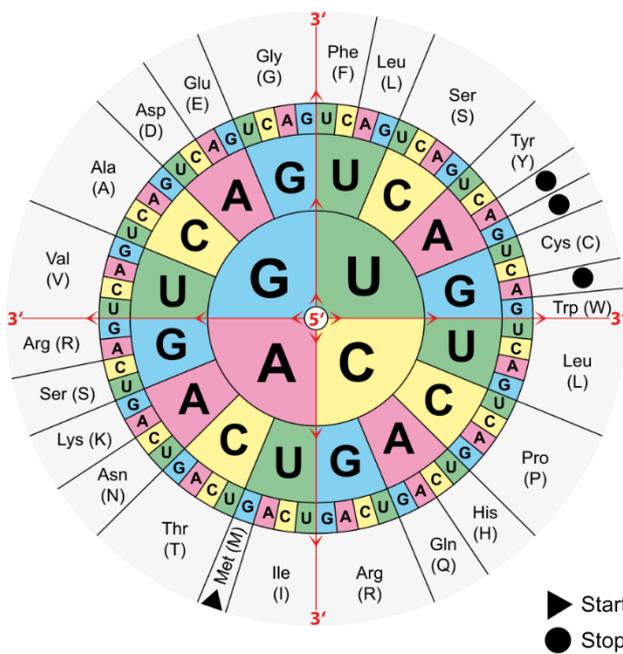


Die A-Stelle ist frei, hier wird sich die nächste tRNA mit dem passenden Anticodon (UUG) anlagern.





Erklären, warum eine DNA-Sequenz ein Protein eindeutig bestimmt und die Begriffe Codon und Leseraster definieren



Als Codon bezeichnet man die Sequenz von drei Nucleobasen (Basentriplett) der mRNA, die im genetischen Code eine Aminosäure codiert. Insgesamt existieren $4^3 = 64$ mögliche Codons, davon sind drei Nonsens-Codons, diese werden zur Termination der Translation genutzt, die restlichen 61 codieren die insgesamt 20 kanonischen, proteinogenen Aminosäuren. Für viele Aminosäuren gibt es mehrere verschiedene Kodierungen. Die Kodierung als Triplet ist trotzdem notwendig, da bei einer Duplett-Kodierung nur $4^2 = 16$ mögliche Codons entstehen würden, und somit nicht genügend Möglichkeiten

vorhanden wären, um alle 20 kanonischen Aminosäuren abzudecken.⁶

Leseraster: „das Ableseraster, nach dem die messenger-RNA bei der Proteinbiosynthese in eine Aminosäuresequenz übersetzt wird. Es entspricht dem Tripletcode des genetischen Codes und wird durch den Initiationsprozess an einem Start-Codon festgelegt.“⁷

Die Bedeutung der Genregulation für die Zelldifferenzierung und für die Steuerung der Zelle aufzeigen

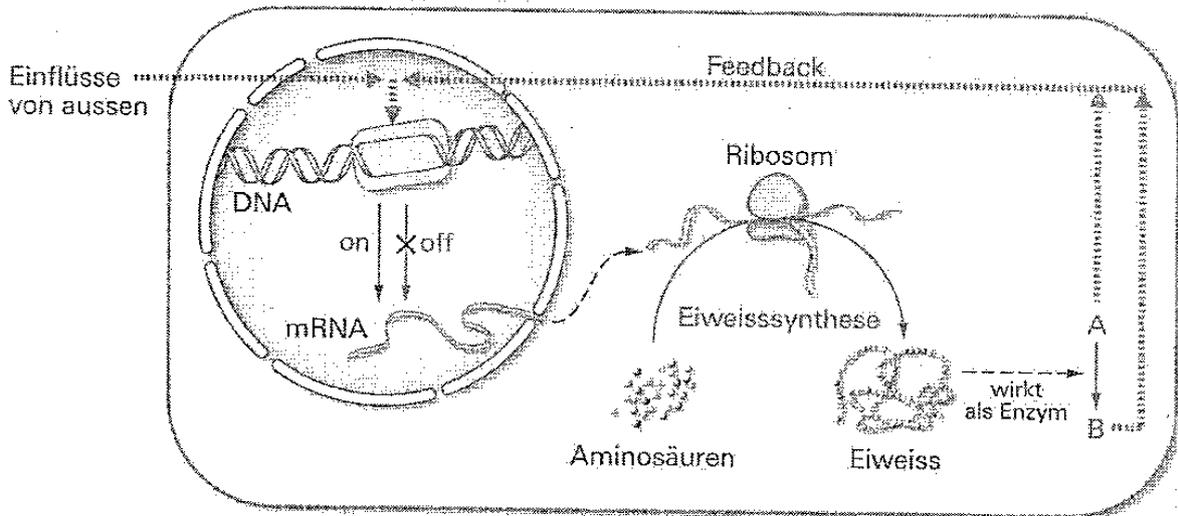
Genregulation bezeichnet in der Biologie die Steuerung der Aktivität von Genen, genauer gesagt, die Steuerung der Genexpression. Sie legt fest, in welcher Konzentration das von dem Gen kodierte Protein in der Zelle vorliegen soll. Dabei gibt es verschiedene Ebenen, auf denen die Regulation stattfinden kann: Als "Genexpression" wird der gesamte Prozess des Umsetzens der im Gen enthaltenen Information in das entsprechende Genprodukt bezeichnet. Dieser Prozess erfolgt in mehreren Schritten. An jedem dieser Schritte können regulatorische Faktoren einwirken und den Prozess steuern.

Bei Prokaryoten dient die Genregulation zu großen Teilen einer Anpassung an eine wechselnde Umgebung, zum Beispiel an ein vermindertes Sauerstoff- oder ein wechselndes Nährstoffangebot. Eukaryotische Zellen sind bis auf die Protisten weniger stark darauf angewiesen, auf schwankende Umweltbedingungen zu reagieren, haben dafür aber die schwierige Aufgabe, bei mehrzelligen Organismen die Entwicklung zu steuern. Hierfür muss gewährleistet sein, dass zum richtigen Zeitpunkt im richtigen Gewebe in den richtigen Zellen die notwendigen Gene aktiviert werden.⁸

⁶ Wikipedia

⁷ wissen.de

⁸ Wikipedia



Das Operon-Modell für eine Stoffsynthese (z.B. Tryptophan) und für einen Stoffabbau (z.B. Laktose) erklären und dabei die Funktion von Promotor, Operator, Repressor und Regulatorgen beschreiben

Eigentlich sind die nachfolgenden Bilder selbsterklärend, ansonsten sind sie im Dossier gut erklärt.

[Abb. 8-6] Regelung von Stoffsynthese und Stoffabbau im Vergleich

Hemmung des Stoffaufbaus durch das Produkt Aktivierung des Stoffabbaus durch das Edukt

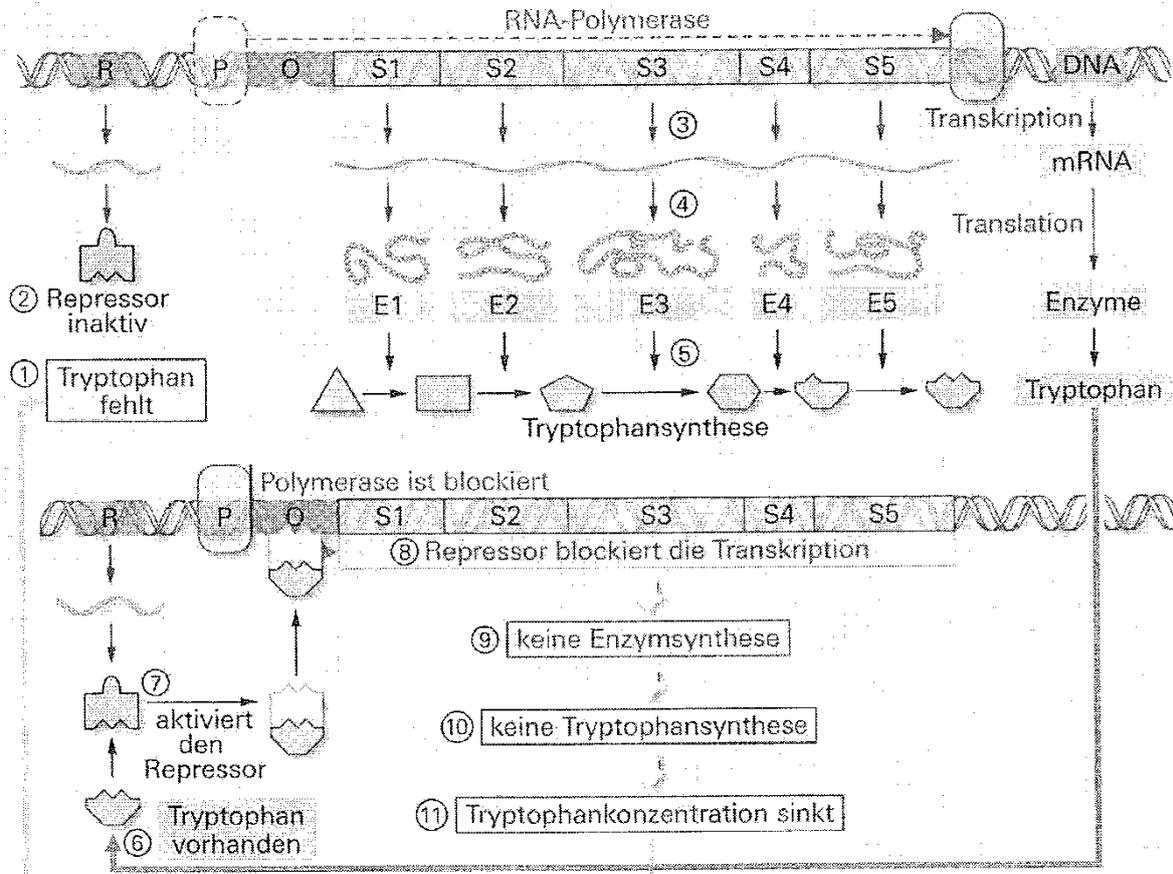


Grundsätzlich gilt also:

- Gene für die Enzyme von *Stoffsynthesen* (*anabole* Enzyme) werden durch das Endprodukt gehemmt (Repression). Das Produkt aktiviert den Repressor.
- Gene für die Enzyme von *Abbauvorgängen* (*katabole* Enzyme) werden durch das Edukt aktiviert (Induktion). Das Edukt inaktiviert den Repressor.

Stoffsynthese

[Abb. 8-4] Tryptophan-Operon: Repression der Transkription durch das Endprodukt



Stoffabbau

[Abb. 8-7] Lactose-Operon: Induktion durch das Edukt

