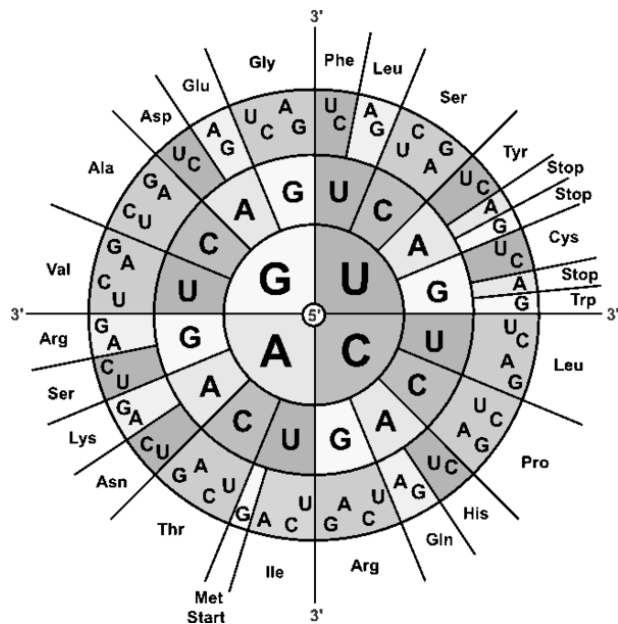


AB: Der genetische Code-„Das Alphabet des Lebens“

Die **Codesonne** gibt an, welches Codon der m-RNS in welche Aminosäure überführt wird



Leserichtung von **innen** nach **außen**

(also von 5' nach 3')

Übungsaufgabe:

1. In welches Peptid wird folgende mRNS übersetzt?

5' UUAAG **AUG** AGCGACGAACCCCUAAAAUUUACC **UAG** UAGUAGCCAU 3'

Lösung mit Hinweisen:

Peptid beginnt immer mit einem Startcodon (AUG) und endet immer mit einem Stopcodon (UAG), denn dort beginnt bzw. endet die DNA-Sequenz für ein Gen! Basen, die davor oder danach kommen werden nicht transkribiert und folglich auch nicht translatiert!

Schreibweise bei der **ersten AS** immer mit NH₂-Gruppe und bei der **letzten AS** immer mit COOH-Gruppe

H₂N-Met – Ser – Asp – Glu – Pro – Leu – Lys – Phe – Thr_{COOH}

2. In welches Peptid wird folgender Abschnitt einer doppelsträngigen DNS übersetzt?

(Übersetzung beginnt immer mit einem Startcodon)

5' TTAAGATGAGCGACGAACCCCTAAAA TTTACC TAGTAG T AGCCAT 3'
3' AAT TCTAC TCGCAGCTTGGGGATTTT AAATGG ATC ATCATCGGTA 5'

Lösung: zuerst codogenen Strang ermitteln, Startcodon suchen und dann ab TAC in mRNA transkribieren. Anschließend mit dem Startcodon die Translation mittels Codesonne durchführen! Achtet immer auf die genaue Angabe der Richtungen der jeweiligen Stränge!

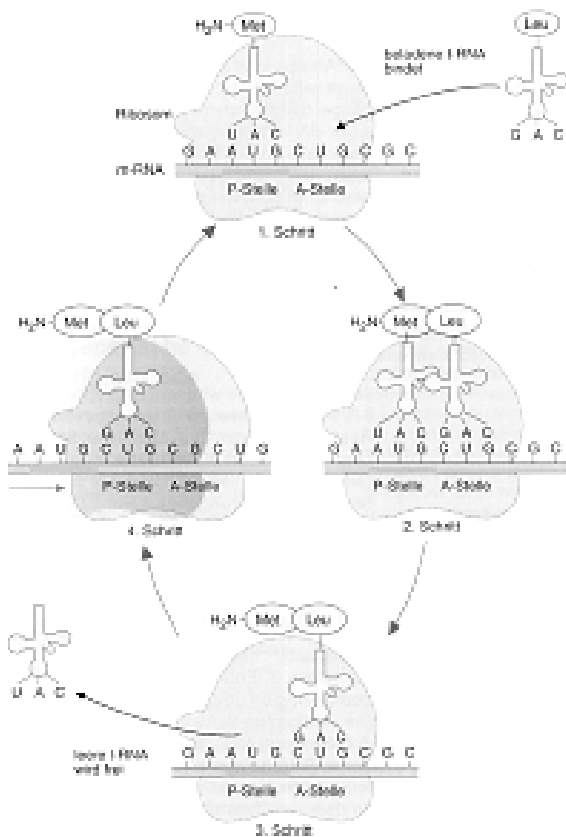
5' T TAAG ATGAGCGTCGAACCCCTAAAA TT TACC TAGTAG T AGCCAT 3'

3' AAT TCT**TAC** TCGCAGCTTGGGGATT T T AAATGG **ATC** ATCATCGGTA 5' **codogener Strang**

5' **AUG** AGC GUC GAA CCC CUA AAA UUU ACC **UAG** 3' mRNS

H₂N- Met – Ser – Val - Glu - Pro- Leu - Lys- Phe -Thr-_{COOH} (Stop) **Peptid**

Der Ablauf der Translation



- 1. Schritt:**
- a) Anlagerung der Ribosomeneinheiten an die Startstelle der m-RNA
 - b) t-RNA (mit Met beladen) wird an Startcodon der m-RNS (AUG) gebunden, die an der P-Stelle des Ribosoms sitzt

- 2. Schritt:**
- a) Anlagerung einer zweiten beladenen-RNA an die m-RNS und an die A-Stelle des Ribosoms
 - b) Bildung einer Peptidbindung zwischen beiden AS

- 3. Schritt:**
- Ablösung der leeren t-RNA vom der P-Stelle und der m-RNS

- 4. Schritt:**
- t-RNA mit AS-Sequenz rückt um ein Triplet weiter von der A-Stelle auf die P-Stelle

Vorgang wiederholt sich → Bildung einer Peptidkette

Lösung_Übung_genetischer Code

1. Fähigkeit: Übersetzen einer gegebenen DNA- oder RNA-Sequenz in die entsprechende Aminosäure-Sequenz.

Löse mit Hilfe der Code-Sonne die folgenden Aufgaben

1.1 Einem Enzymprotein, entstanden aus 150 Aminosäuren, liegt ein DNA-Abschnitt zugrunde (Nukleotide mit den Basen 1 bis 450), der in den Nukleotidpositionen 10 bis 24 des codogenen Strangs folgende Basen enthält.

Ergänze die komplementäre mRNA und die Aminosäuresequenz:

	3'	A	C	C	G	C	T	A	G	C	A	A	T	T	T	C	5'
Position	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24		
mRNA	U	G	G	C	G	A	U	C	G	U	U	A	A	A	G		
AS		Trp-			Arg		Ser			Leu		Lys					

1.2 Durch eine spontane Mutation kommt es zu einem Austausch der Base an Position 15 in Adenin statt Thymin.

Ergänze wieder die komplementäre mRNA und die Aminosäuresequenz:

	3'	A	C	C	G	C	A	A	G	C	A	A	T	T	T	C	5'
Position	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24		
mRNA	U	G	G	C	G	U	U	C	G	U	U	A	A	A	G		
AS		Trp-				Arg		Ser			Leu			Lys			

1.3 Durch eine spontane Mutation kommt es zu einem **Austausch** der Base an Position 19 in Thymin statt Adenin.

Ergänze wieder die komplementäre mRNA und die Aminosäuresequenz:

	3'	A	C	C	G	C	T	A	G	C	T	A	T	T	T	C	5'
Position	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24		
mRNA	U	G	G	C	G	U	U	C	G	A	U	A	A	A	G		
AS		Trp-				Arg		Ser			Ile			Lys			

1.4 Durch ein Mutagen kommt es zu einem Basen**verlust** in Position 19 des angegebenen DNA-Abschnitts.

Ergänze wieder die komplementäre mRNA und die Aminosäuresequenz:

	3'	A	C	C	G	C	T	A	G	C		A	T	T	T	C	?	5'
Position	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19		20	21	22	23	24		
mRNA	U	G	G	C	G	U	U	C	G	≠		U	A	A	A	G		
AS		Trp-				Arg		Ser				Stopp						

2. Fähigkeit: Kenntnis der Degeneration des genetischen Codes und der Bedeutung für die Auswirkungen von Punktmutationen.

2.1 Leite mit Hilfe der Code-Sonne, alle möglichen Basensequenzen des codogenen Strangs ab.

Die dritte Base kann laut Code-Sonne variieren ohne dass eine andere Aminosäure codiert wird, Allerdings hat es im Umkehrschluss Auswirkungen auf die mRNA-Sequenz und schließlich auf die DNA-Sequenz!

AS	Val	Leu	Ile	
mRNA 5'	GUG	UUA	AUA	3'
ggfs. Varianten	GUA	UUG	AUC	
	GUC		AUU	
	GUU			
DNA 3'	CAC	AAT	TAT	5' Codogener Strang
ggfs. Varianten	CAT	AAC	TAG	
	CAG		TAA	

Lösung_AB_DNA-Replikation

	Aufgabe/Erklärung
Helicase	Entspiralisierung der ds-DNA und Trennung der H-Brücken→Öffnung und Entwindung: Replikationsgabel entsteht
Topoisomerase	Verhinderung einer Überdrillung→ schneiden und erneute Verknüpfung der DNA
RNA-Primer	Kurze RNA-Startnucleotid-Sequenz gebildet durch Enzym Primase→ komplementäre Anlagerung an geöffnete DNA ; einmalig an der Leitstrangmatrize; Mehrmals an der Folgestrangmatrize
DNA-Polymerase	1. Enzym zur Verlängerung des sich bildenden Leitstrangs durch kontinuierlicher Anlagerung von Nucleotiden am 3'-Ende des Primers 2. Diskontinuierliche Anlagerung von Nucleotiden zur Bildung des Folgestrangs durch Bildung von Okazaki-Fragmenten an mehrerer Primer-Sequenzen
DNA-Ligase	Verknüpfung der Okazaki-Fragmente am Folgestrang nach Ersatz der RNA-Primer durch DNA-Nucleotide
Leitstrang 5'→3'	eine kontinuierlich bildende komplementäre Abschrift des „Vorwärts-Stranges“
Folgestrang 3'→5'	eine diskontinuierlich bildende Abschrift des „Rückwärts-Stranges“ in Form von komplementären Okazaki-Fragmenten und anschließende Verknüpfung dieser durch die Ligase
Okazaki-Fragment	Kurze einzelsrängige DNA-Fragmente