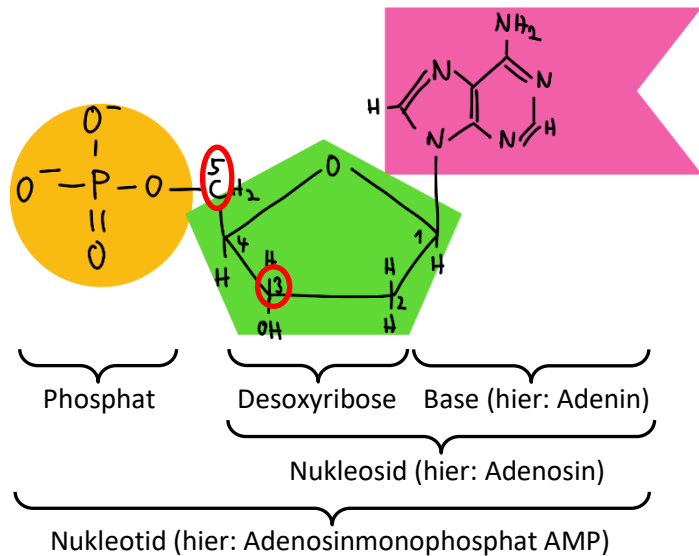


(2) Molekulargenetik		
2.1 Bau der DNA	Du kennst die Baubestandteile eines Nukleotids. Du kannst die Zusammensetzung der DNA aus Nukleotiden beschreiben. Du weißt, was ein 3' und 5'-Ende bedeutet, dass A-T über 2 und C-G über 3 Wasserstoffbrücken komplementär binden.	
2.2 Replikation der DNA	Du kannst das Meselson/Stahl-Experiment beschreiben und damit die semikonservative Replikation erklären. Du kennst die an der Replikation beteiligten Enzyme und kannst den Ablauf der Replikation beschreiben. Du kannst die unterschiedliche DNA-Synthese am Leit- und Folgestrang erklären.	
2.3 Proteinbiosynthese	Du kannst die Begriffe Transkription und Translation definieren. Du kannst den Ablauf der Proteinbiosynthese beschreiben. Du kannst Unterschiede der Proteinbiosynthese zwischen Prokaryoten und Eukaryoten (Reifung der prä-mRNA zur mRNA) beschreiben. Du kannst den Vorgang der Translation genauer beschreiben. Du kannst die Eigenschaften des genetischen Codes definieren. Du kannst die Codesonne anwenden.	
2.4 Mutationen und deren Auswirkungen	Du kannst Genmutationen und deren unterschiedliche Auswirkungen je nach Lage auf dem Triplet erklären. Du kennst Beispiele von Gen-, Chromosomen- und Genommutationen.	
2.5 Differentielle Genaktivität und Genregulation bei Prokaryoten	Du kannst die Substratinduktion und die Endproduktrepression als Möglichkeiten der Genregulation bei Prokaryoten erklären.	

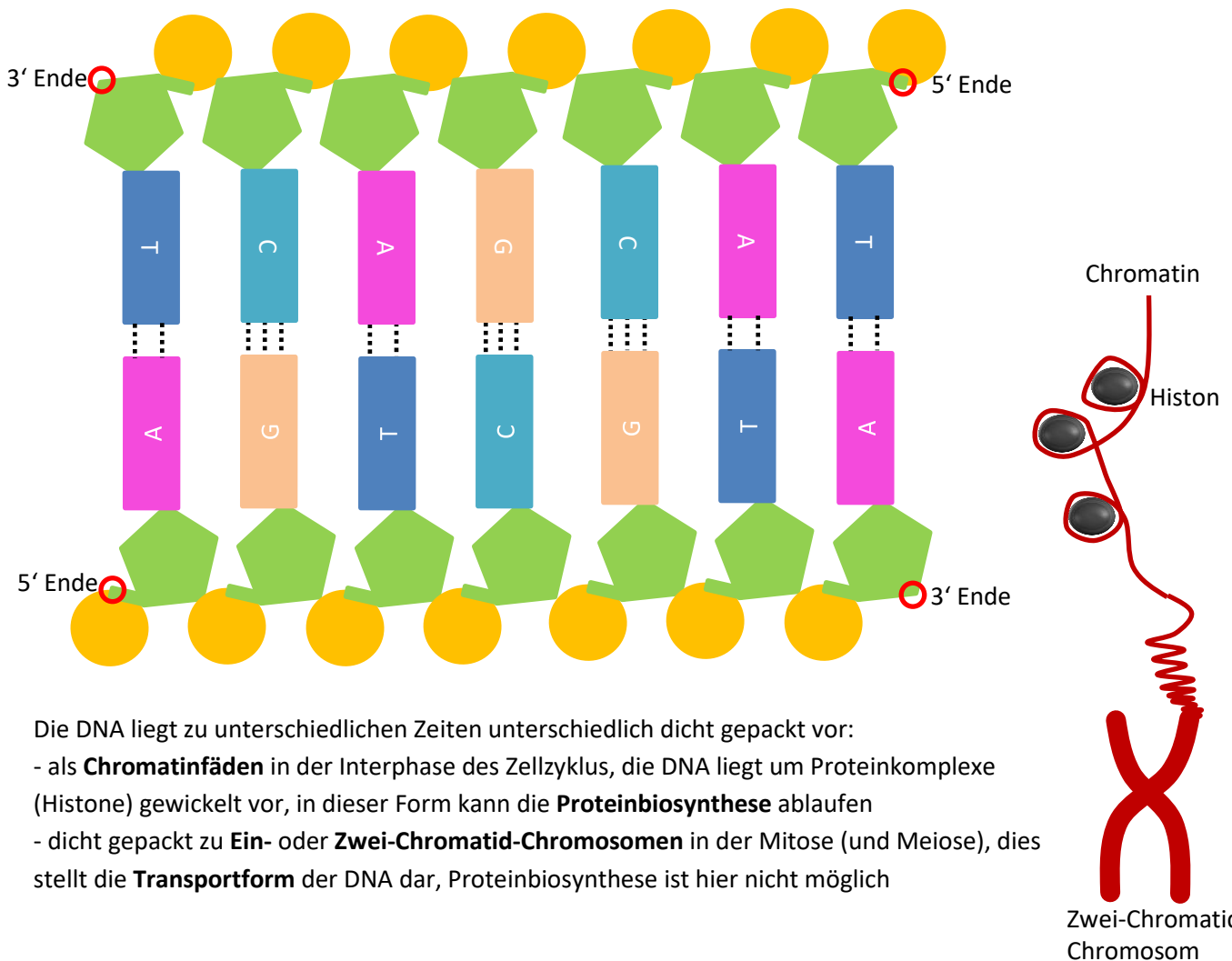
## (2) Molekulargenetik

### 2.1 Bau der DNA

Der Grundbaustein der DNA ist das **Nukleotid**. Es besteht aus einer Phosphatgruppe, die am fünften C-Atom des Zuckers **Desoxyribose** hängt. Das erste C-Atom ist mit einer der vier Basen **Adenin, Thymin, Cytosin** oder **Guanin** verbunden. über das dritte C-Atom des Zuckers ist ein Nukleotid mit der **Phosphatgruppe** des nächsten Nukleotids verbunden. Die Ribose der RNA hat am zweiten C-Atom statt des einen -H eine -OH-Gruppe.



A und G sind sogenannte **Purine**, T und C sogenannte **Pyrimidine**. Die Basen sind **komplementär**: **G paart mit C** über **drei Wasserstoffbrücken**, **A paart mit T** über **zwei Wasserstoffbrücken**. Die Basenabfolge stellt die Informationscodierung dar, Zucker und Phosphat bilden das Gerüst. Die beiden Einzelstränge sind **antiparallel**, räumlich liegt die DNA als **Doppelhelix** vor.



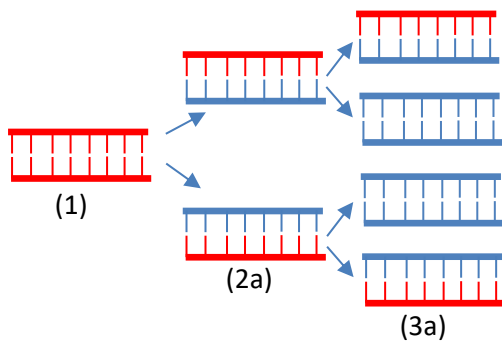
Die DNA liegt zu unterschiedlichen Zeiten unterschiedlich dicht gepackt vor:

- als **Chromatinfäden** in der Interphase des Zellzyklus, die DNA liegt um Proteinkomplexe (Histone) gewickelt vor, in dieser Form kann die **Proteinbiosynthese** ablaufen
- dicht gepackt zu **Ein- oder Zwei-Chromatid-Chromosomen** in der Mitose (und Meiose), dies stellt die **Transportform** der DNA dar, Proteinbiosynthese ist hier nicht möglich

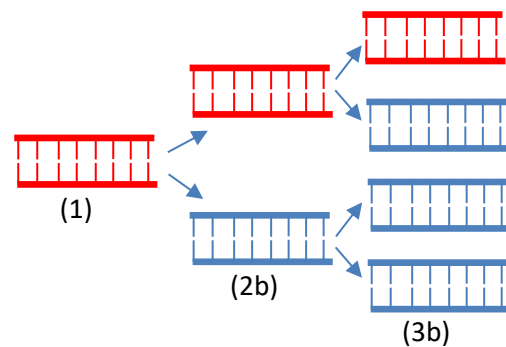
## 2.2 Replikation der DNA

### a.) Das Experiment von Meselson/Stahl bewies den semikonservativen Replikationsmechanismus

Hypothese 1: semikonservative Replikation



Hypothese 2: konservative Replikation



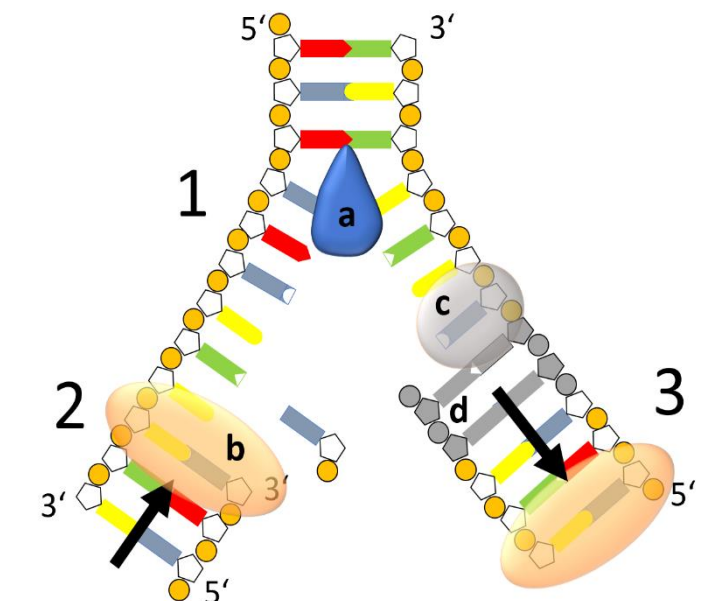
Experiment und Schlussfolgerung:

- Ausgangszustand: Bakterien wurden mit schwerem Stickstoff  $^{15}\text{N}$  kultiviert, dieser lagert sich in die DNA ein. Es handelt sich um eine schwere DNA (1).
- Anschließend kultiviert man diese Ausgangspopulation mit normalem Stickstoff  $^{13}\text{N}$ . Nach einer Teilungsrunde (2) und nach zwei Teilungsrunden (3) untersucht man die Dichte der DNA.
- Die Ergebnisse des Experiments waren: Nach einer Teilungsrunde entstand ausschließlich halbschwere DNA (2a), nach zwei Teilungsrunden halbschwere und leichte DNA (2b). Dies entspricht der semikonservativen Replikation. Bei einer konservativen wäre nach einer Teilungsrunde schwere und leichte DNA entstanden (2b), nach zwei Teilungsrunden ebenfalls mit einem Verhältnis 1:3 (3b).

### b.) Der Ablauf der Replikation

**Zeitpunkt:** DNA wird zu Beginn der **Mitose** repliziert

- (1) Die **Helicase (a)** öffnet den Doppelstrang, Hier nicht dargestellte Proteine (Einzelstrang-bindendes Proteine, SSB-Proteine) stabilisieren die Einzelstränge. Es bildet sich die **Replikationsgabel**.
- (2) Am Leitstrang kann die **DNA-Polymerase (b)** kontinuierlich Nukleotide hinzufügen.
- (3) Am Folgestrang lagert die **Primase (c)** in kurzen Abständen **Primer (d)** an. Hier kann die DNA-Polymerase andocken und in umgekehrter Richtung DNA doppelsträngig machen. Die Primer werden schließlich entfernt und die hier nicht dargestellte **Ligase** verknüpft die sogenannten **Okazaki-Fragmente**.



## 2.3 Die Proteinbiosynthese

### a.) Transkription und Translation im Überblick

Transkription: Übersetzung der DNA-Information in eine mRNA-Kopie

Translation: Übersetzung der RNA-Basenfolge in eine Aminosäuresequenz

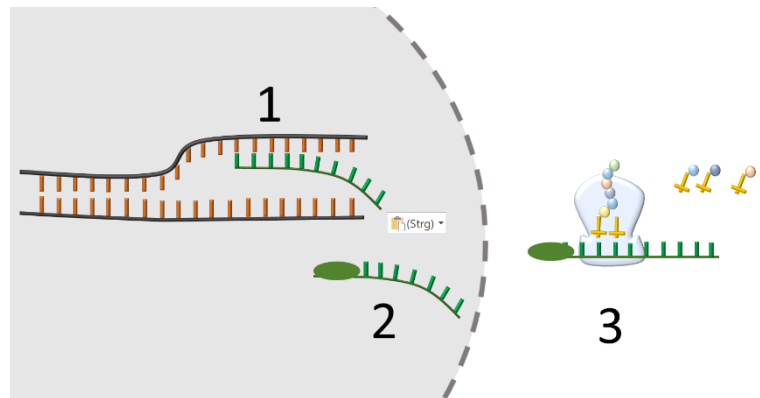
#### Vorgang:

(1) Öffnung des DNA-Stranges durch Lösung der H-Brücken der Basen, Bindung komplementärer Ribonucleotide, Verbindung durch RNA-Polymerase

Achtung: statt Base Thymin (T) Verwendung von Uracil (U) in mRNA

(2) Nur bei **Eukaryoten**: Erst nach Reifung der prä-mRNA durch Anbau von Kappe, Start und Endsequenz sowie Spleißen entsteht fertige mRNA

(3) mRNA wandert durch das Ribosom, tRNA setzen sich an passende Triplet-Bindungsstellen, Verbindung der Aminosäuren



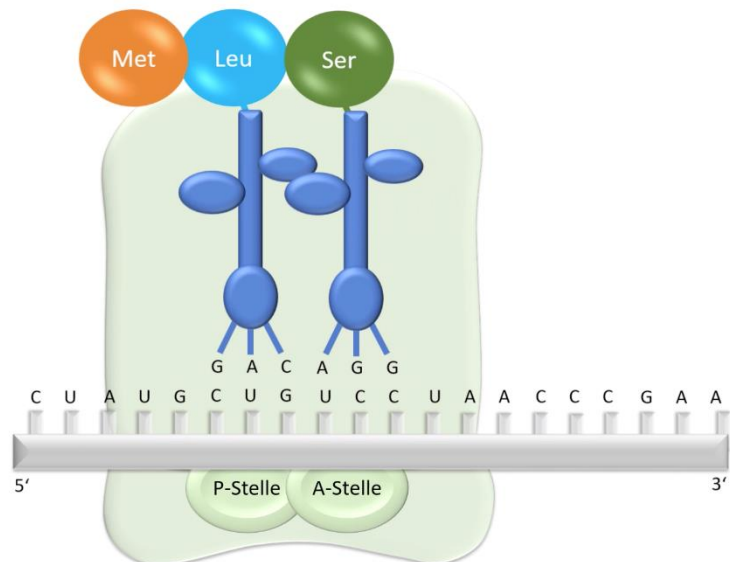
### b.) Translation im Detail

#### Beteiligte Strukturen:

- Ribosomen aus zwei Untereinheiten, aus Protein und rRNA
- tRNA (transfer-RNA, kleeblattförmig, mit Aminosäureanheftungsregion und speziellem Basentriplett zum Anheften an m-RNA (Anticodon))

#### Vorgang im Detail:

- Ribosomen-Untereinheiten lagern sich zusammen
- Enzyme heften passende Aminosäure an die jeweilige tRNA
- mRNA wandert von 5' nach 3' durch ein Ribosom
- P- und A-Bindungsstellen im Ribosom für zwei beladene tRNA
- Verbindung der zwei Aminosäuren von P nach A und Verschiebung des Leserasters um ein Triplet
- Besonderheit: Nicht ein sondern ganze Ribosomenkette (Polysom)

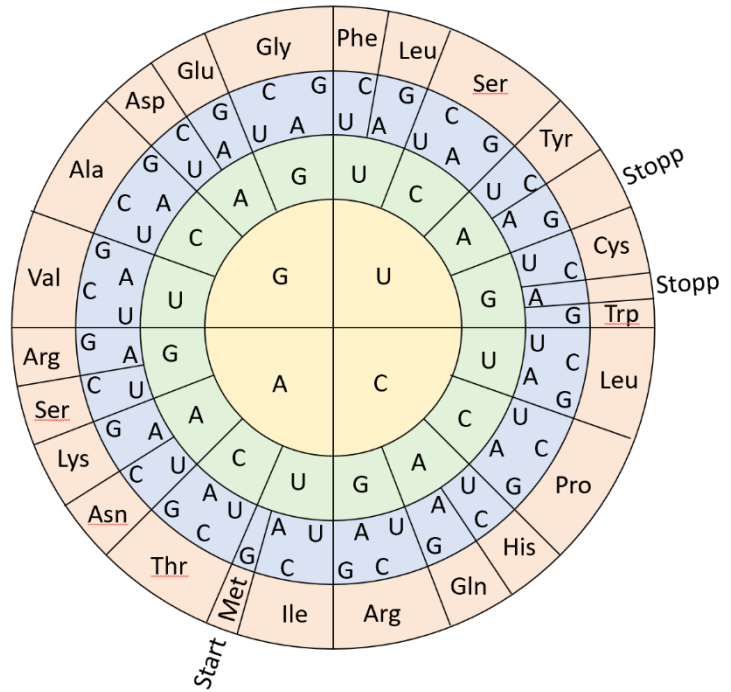
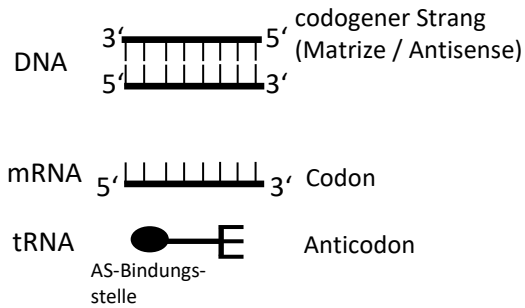


**Eigenschaften des genetischen Codes:** Er ist **universell** (gilt für alle Lebewesen), **eindeutig** (ein Triplet codiert eine bestimmte Aminosäure), **degeneriert** (es gibt 4x4x4 Codierungsmöglichkeiten, es werden aber nur 20 benötigt), **redundant** (oft werden AS durch mehrere Triplets codiert), **nicht überlappend** (die Triplets sind nacheinander angeordnet), **kommatafrei** (zwischen zwei Triplets gibt es keine Lücke).

### c.) Arbeiten mit der Codesonne

Die Codesonne ist der Translations-Schlüssel (mRNA --> Aminosäuresequenz). Sie wird von innen nach außen gelesen. Neben den 20 AS gibt es noch ein Start-Triplett und mehrere Stopp-Triplets.  
Bsp: G C C --> Alanin (Ala)

Folgende Begriffe müssen Dir bei der Anwendung der Codesonne klar sein:



### 2.4 Mutationen und deren Auswirkungen

Wir unterscheiden Gen-, Chromosomen- und Genommutationen:

<b>Genmutation</b>	<b>Punktmutation</b> z.B. <b>stumme Mutation</b> (Veränderung an 3. Stelle des Triplets führt nicht zu einem Austausch einer Aminosäure) z.B. <b>Missense Mutation</b> (Veränderung im Triplett führt zu einer Aminosäure-austausch) <b>Rastermutation</b> z.B. <b>Insertion und Deletion</b> (Hinzufügen oder Wegfall einer Base führt zu einer Verschiebung des Leserasters)	Hautkrebs
<b>Chromosomenmutation</b>	in Form von <b>Translokation, Inversion, Deletion oder Duplikation</b>	Crossing-over
<b>Genommutation</b>	entweder einzelne Chromosomen treten statt diploid nur einfach oder dreifach auf (Trisomie 21) oder das gesamte Genom wird vervielfältigt (Polyploidie)	Trisomie 21, Polyploidie bei Getreide

## 2.5 Differentielle Genaktivität und Genregulation bei Prokaryoten

### a.) Substratinduktion am Bsp. des Lac-Operons

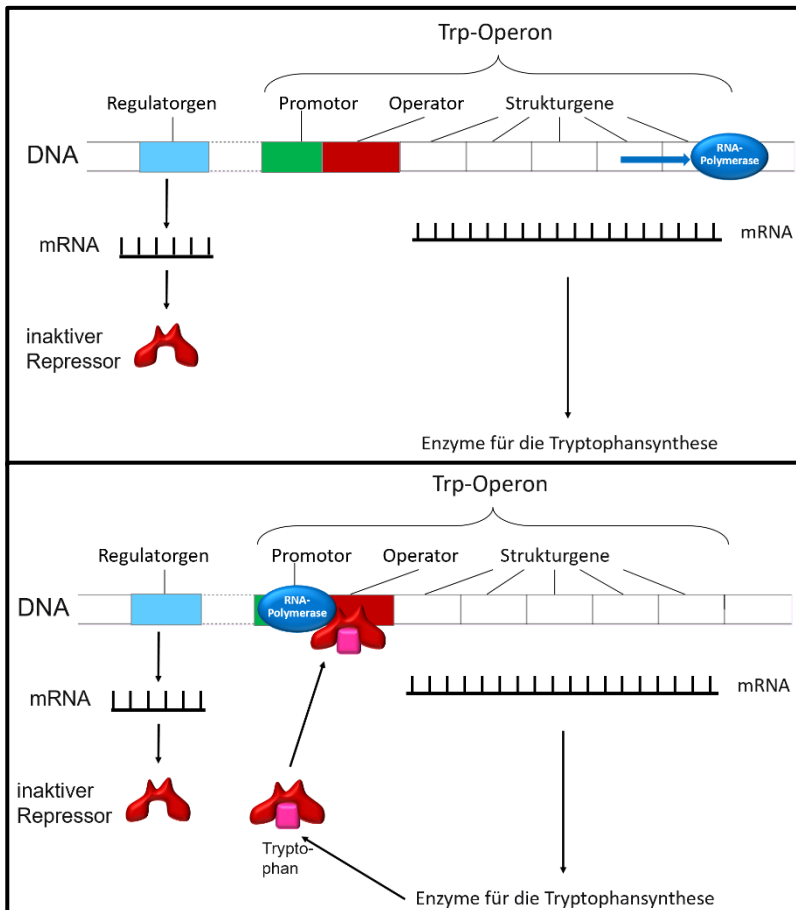
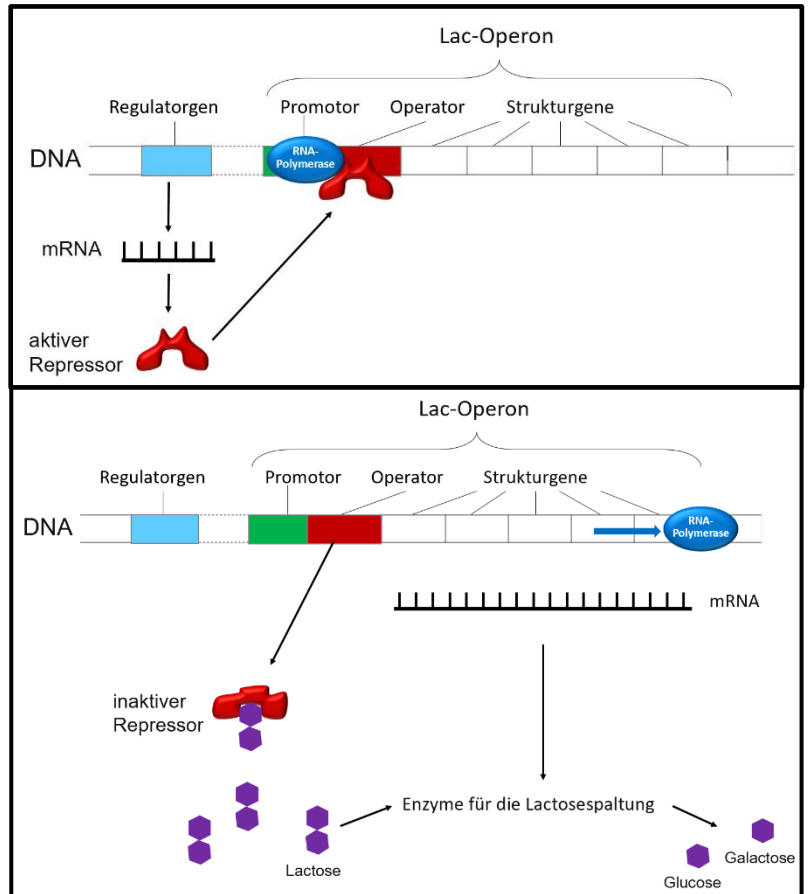
#### Bild 1:

Durch ein Regulatorgen wird ein aktiver Repressor gebildet. Dieser lagert sich an den Operator und verhindert ein Ablesen der Strukturgene.

#### Bild 2:

Ist das Substrat Lactose anwesend, wirkt dies als Induktor: Es lagert sich an den Repressor, dieser verändert sich in der räumlichen Struktur, löst sich vom Operatorgen und ist dadurch inaktiv.

Die Strukturgene können abgelesen werden, es bilden sich die Enzyme, die das Substrat Lactose spalten können. Sind alle Lactose-Moleküle gespalten, wird der Repressor wieder aktiv.



### b.) Endproduktrepression am Bsp. des Tryptophan-Operons

#### Bild 1:

Es wird ein Repressor gebildet, dieser liegt aber in einer inaktiven Form vor. Die RNA-Polymerase liest die Strukturgene ab, es werden die Enzyme für die Tryptophansynthese gebildet.

#### Bild 2:

Wurde Tryptophan gebildet, löst dieses Endprodukt eine Repression aus: es lagert sich in den inaktiven Repressor, sorgt für eine räumliche Veränderung und aktiviert ihn dadurch. Der Repressor lagert sich jetzt in den Operator und blockiert ein weiteres Ablesen.