

5-27-61, 03 a.m.:UUUUUUUUUUUUUUUU...=> Phe-Phe-Phe-Phe-Phe... TO_Bio und TG12_Bio



Am 27. Mai 1961 in den frühen Morgenstunden wurde die Tür aufgestoßen zur Entzifferung des genetischen Codes. Es dauerte nur wenige Jahre, um den Code dann vollständig zu knacken. Schon 1968 erhielt MARSHALL NIRENBERG und Kollegen hierfür den Nobelpreis für Physiologie und Medizin. Den ersten Versuch im Mai 1961 führte ein deutscher Kollege NIRENBERGS durch, HEINRICH MATTHAEI: Das Poly-U-Experiment und der Code des Lebens.

27-Q incub. 5-27-61, 3 a.m. for 60' at 36°, 10% O₂ (see p. 78)

#	System	Special treatment	min for 10,240 ct.	CPM (ct/60 sec)
1	Complete with 4 Phe, 78 3 27 18 30 15 1 20 11 Phe.	640	50.53	202
2	25 2 Phe-C ¹⁴ 10 2 11 10 2 M	640	48.69	210 >206
3	+ 10 μ Poly-U	570	2.69	3810

Abb. 1: Der original-Auszug des entscheidenden Experiments (27-Q) aus dem Laborjournal von MATTHAEI: Man achte auf die erste Zeile und das „Poly-U“. PD

1. Der Stand des Wissens und die Problemstellung

Im Jahr 1961 wusste man, dass die Proteinbiosynthese an den **Ribosomen** abläuft. Es war allerdings nicht mal bekannt, ob DNA oder RNA dort als Matrize für die Synthese genutzt wurde. Durch Analyse der DNA und RNA wusste man jedoch, dass die genetischen Alphabete von DNA und auch von RNA in jedem Fall nur 4 Basen (≙ „Buchstaben“) kennen. Die Code musste so gestaltet sein, dass eine bestimmte Basenabfolge (≙ „Wort“), fachsprachlich auch **Codon** genannt, eindeutig für eine bestimmte Aminosäure steht. Es musste also mindestens 20 „Worte“ (Codons) geben, denn Proteine bestehen aus

mindestens 20 verschiedenen Aminosäuren. Über die „Wortlänge“ (**Codonlänge**), also wie viel aufeinander folgende „Buchstaben“ (Basen) für eine Aminosäure stehen, konnte nur spekuliert werden:

1. Wie viel Aminosäuren lassen sich theoretisch durch eine Codonlänge von..... a) einer, b)von zwei, c) von drei und d) von vier Basen codieren?

2. Proteinsynthese im zellfreien System: Das Poly-U-Experiment

Im Jahr 1961 konnte man schon RNA-Nucleotide (Phosphat-Ribose-Nucleinbase-Baueinheit) im Reagenzglas zu einem RNA-Strang verknüpfen lassen. Da aber eine gezielte Synthese mit festgelegter Basenabfolge nicht möglich war nutzte man zu Beginn dabei nur einzelne Ribonucleotid-Sorten. Die synthetisierte RNA enthielt also nur einen Buchstaben, z.B. **UUUUUUUU... (Poly-U)**.

jeweils eine andere der Aminosäuresorten radioaktiv markiert.

Nachdem einer Einwirkzeit, z.B. 60 Minuten (vgl. *Laborjournal oben*), wurde das Gemisch jeden Ansatzes auf einen Filter gegeben, der größere Moleküle und Partikel zurückhielt: Ribosomen, RNA, Enzyme und eventuell neu entstandene Proteine. Die kleinen freien Aminosäuren konnten den Filter passieren. Es wurde dann jeweils untersucht, ob sich die im Ansatz verwendete radioaktive Aminosäuresorte im Filtrat befand oder auf dem Filter zurückgehalten wurde, weil sie etwa in ein Protein eingebaut wurde. In neunzehn der zwanzig Ansätzen wurde die Radioaktivität im Filtrat detektiert; konnte also den Filter passieren. Nur im Ansatz mit dem radioaktivem Phenylalanin, fand sich die Radioaktivität auf dem Filter.

Die experimentelle Proteinsynthese erfolgte in einem **zellfreien System**, also **in vitro**. MATTHAEI und NIRENBERG nutzten Extrakte von Bakterien, die Ribosomen und alle Enzyme enthielten, aber deren Bakterien-DNA und Bakterien-RNA zerstört wurde. Solche Extrakte mischte man in den Reagenzgläsern einer **Versuchsreihe** mit synthetischer **Poly-U-RNA** und einem Gemisch aller zwanzig proteino-genen Aminosäuren. Von Ansatz zu Ansatz war dabei

2. Welche Schlussfolgerungen konnte man daraus ziehen? Kreuzen Sie alle eindeutigen Schlussfolgerungen an:

<input type="checkbox"/> U codiert für Phenylalanin	<input type="checkbox"/> (U) _x codiert für Phenylalanin. x ist unbekannt	<input type="checkbox"/> RNA dient als Matrize der Proteinbiosynthese
<input type="checkbox"/> UU codiert für Phenylalanin	<input type="checkbox"/> UUU codiert für Phenylalanin	<input type="checkbox"/> DNA dient als Matrize der Proteinbiosynthese

Mit der gleichen Methode konnte Poly-A dem Lysin (Lys) und Poly-C Prolin (Pro) zugeordnet werden.

Folgeexperimente mit gemischten Basensequenzen

In einem weiteren Versuch wurde synthetische RNA hergestellt, die 2 Basensorten in Zufallsabfolge enthielt. Mischt man bei der RNA-Synthese die Ribonucleotide U und C im Verhältnis 2:1, fand sich dieses Verhältnis auch in der Basensequenz. Beispiel:

CUUCUUCUCCUUCUUCUUCUUUCUCUUCUU.

Die dazugehörigen Proteine bestanden aus den vier Aminosäuren Phe (Phenylalanin), Pro (Prolin), Ser (Serin) und Leucin (Leu).

- 3. Deutet das Ergebnis auf Basendoublets (2 Basen) und/oder auf Basentriplets (3 Basen) als Codonlänge hin?

Genauere Erkenntnisse, welches Codon für welche Aminosäure steht, erhielt man, indem man die RNA-Formen mit Enzymen in kleinere Bruchstücke spaltete und anschließend isolierte. Man erkannte, dass Nucleotid-Dubletts nicht in der Lage waren, radioaktiv markierte Aminosäuren an die Ribosomen zu lagern. Nucleotid-Triplets waren dazu in der Lage. So konnte dem Codon UCU zum Beispiel die Aminosäure Serin (Ser) zugeordnet werden. Die Entzifferung des gesamten Codes war im Jahr 1966 abgeschlossen.

3. Der genetische Code

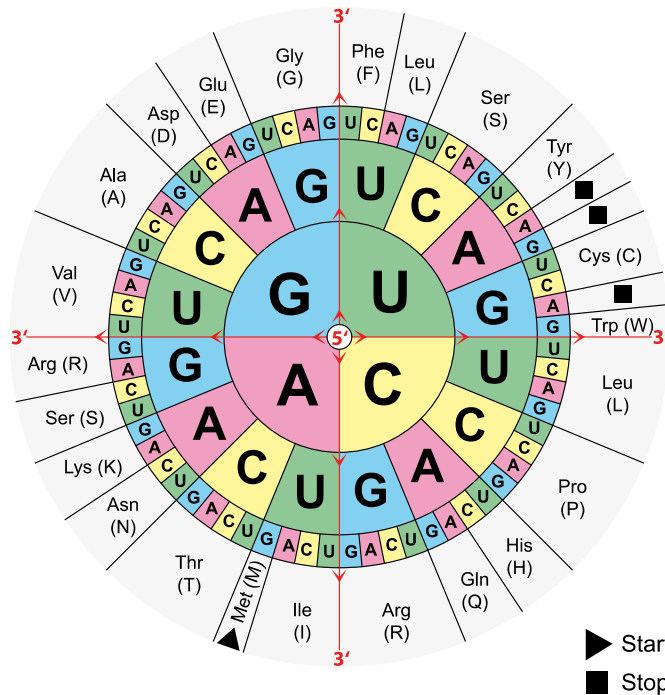


Abb. 2: Der genetische Code in Form der Codesonne (Quelle: commons. wikimedia. Auot: Mouagip)

Zum Weiterlesen



- DER SPIEGEL 1/2012: „Des ganzen Wirklichkeit“. Biographie und Porträt von HEINRICH MATTHAEI. <http://magazin.spiegel.de/EpubDelivery/spiegel/pdf/83422554>
- Youtube-Video mit Nirenberg über die Experimente (ab 6.37 Min): <https://youtu.be/fODwXbtysaQ?t=397>

