

1. Vorüberlegungen zu den Übersetzungsregeln

1. Ergänzen Sie die Lücken sinnvoll.

Anhand der Basenabfolge eines Abschnitts auf dem DNA-Strang (**Gen**) als Vorlage (Matritze), entsteht ein RNA-Molekül mit der *komplementären Basenabfolge*. Die Übersetzungsregeln für diese **Umschreibung (Transkription)** sind einfach:

- Aus einem DNA-A wird RNA-.....
- Aus einem DNA-.... wird ein RNA-.....
- Aus einem DNA-.... wird ein RNA-.....
- Aus einem DNA-..... wird ein RNA-.....

Die Einhaltung der Übersetzungsregeln hängen mit dem Mechanismus der Transkription zusammen. Er ist dem Mechanismus der Replikation ähnlich. Wie dort auch, so ist letzten Endes die **spezifische Basenpaarung** über Wasserstoffbrückenbindungen für die korrekte Umschreibung verantwortlich. Bildlich gesprochen passen die komplementären Basen, wie Puzzleteile zusammen (lateinisch complementum = ‚Ergänzung‘).

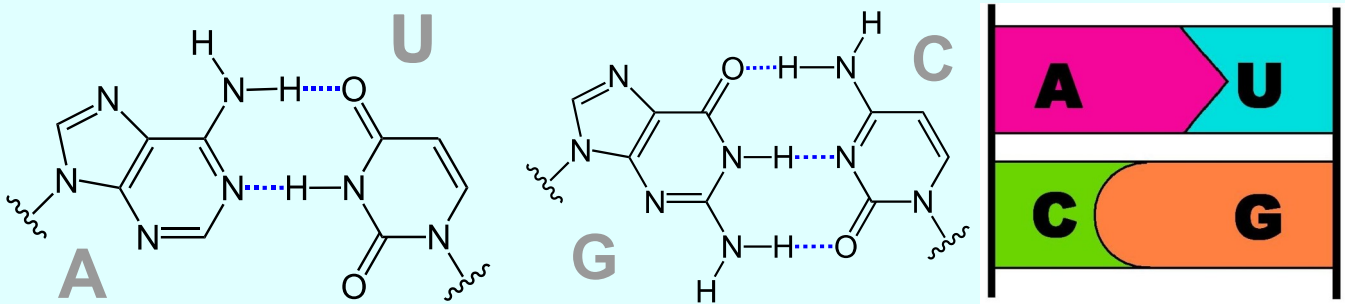


Abb. 1.1: Spezifische Basenpaarung bei der Transkription. Q: wikicommons. A: links und mitte: Jü. rechts: Magnonimo

Das Transkript, die (*prä*-)mRNA (**messenger RNA, Boten-RNA**), verlässt den Zellkern und gelangt in das Cytoplasma. An der reifen mRNA als Matritze entstehen mithilfe der Ribosomen Proteine, also Moleküle mit einer bestimmten Aminosäureabfolge. Ein Beispiel für eine solche AS-Abfolge wäre Met-Ala-Leu-Gly-Val-Met-.....

Man nennt die Aminosäureabfolge eines Proteins auch **Primärstruktur**. In Proteinen kommen ca. 20 verschiedene Aminosäuren vor, die **proteinogenen Aminosäuren**. Doch welche Base codiert für welche Aminosäure?

- Wenn jede einzelne Base für eine Aminosäure codieren würde, dann können nur Aminosäuren codiert werden. Das ist zu wenig, denn die Codierung muss für ca. 20 Aminosäure-Arten reichen.

- Wenn zwei aufeinander folgende Basen für eine Aminosäure codieren, dann gäbe es folgende Dublett-Möglichkeiten: Das sind mathematisch $N^2 = 20^2 = 400$. Das ist zu wenig, denn die Codierung muss für ca. 20 Aminosäure-Arten reichen.
- Wenn drei aufeinander folgende Basen, also Basen-Triplets für eine Aminosäure codieren, dann könnte insgesamt $N^3 = 20^3 = 8000$ Aminosäuren codiert werden. Das ist mehr als ausreichend!

In langen Versuchssequenzen konnte zwischen 1961 und 1966 ermittelt werden, welches **RNA-Basentriplett (Codon)**, für jede einzelne Aminosäure codiert.

2. Die Codesonne und die Universalität des genetischen Codes

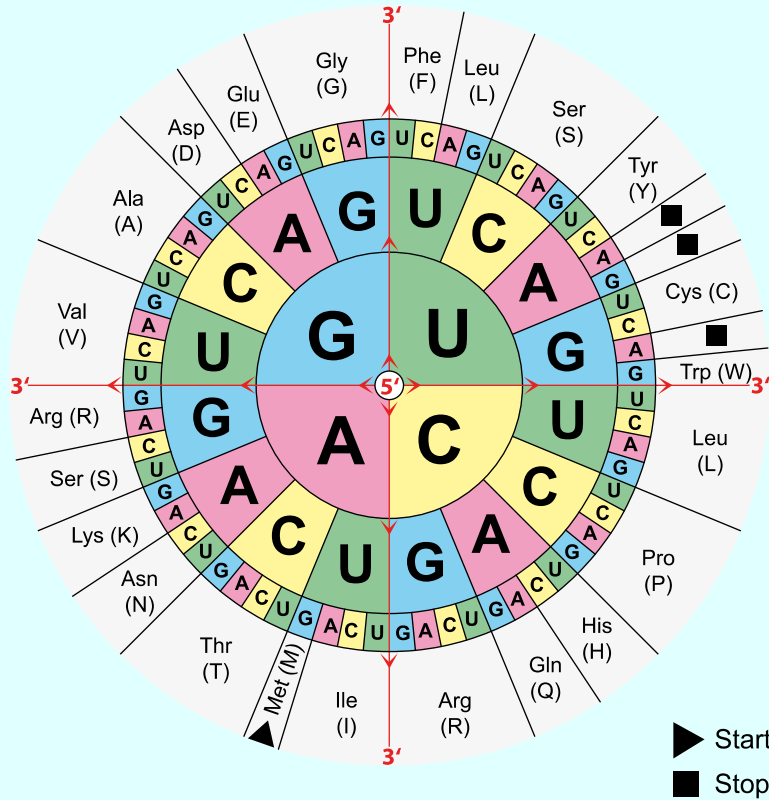


Abb. 2: Der genetische Code in Form der Codesonne (Quelle: commons. wikimedia. Auot: Mouagip)

Die Universalität des genetischen Codes

Bemerkenswert ist, dass der genetische Code für alle Lebewesen gleich ist, alle Lebewesen sich also der gleichen *genetischen Sprache* bedienen. Bis auf wenige Ausnahmen steht ein bestimmtes Codon jeweils immer für dieselbe Aminosäure. Daher ist es möglich, in der Gentechnik z. B. das Gen für menschliches Insulin in Bakterien einzuschleusen, damit diese dann das Hormonprotein Insulin produzieren. Kleine Variationen in wenigen Details, die einzelne Triplets betreffen finden sich häufig bei ursprünglichen niederen Lebensformen und bei Bakterien. Auch die Mitochondrien-mRNA und Plastiden-mRNA unterscheiden sich geringfügig in einzelnen Triplets.

Der genetische Code muss also ziemlich früh in der Evolution entstanden sein. Ein sehr wichtiges Indiz für die Verwandtschaft aller Lebewesen und die moderne, synthetische Evolutionstheorie.

2.1 Der genetische Code wird manchmal als „degeneriert“ bezeichnet. Ihm wird deshalb aber auch eine gewisse Fehlertoleranz zugesprochen. Was ist damit gemeint?

2.2 Die erste Aminosäure frisch synthetisierter Proteine ist stets Methionin. Beispiel: Met – Lys – Ala- Gly – Ala – Phe – Begründen Sie!