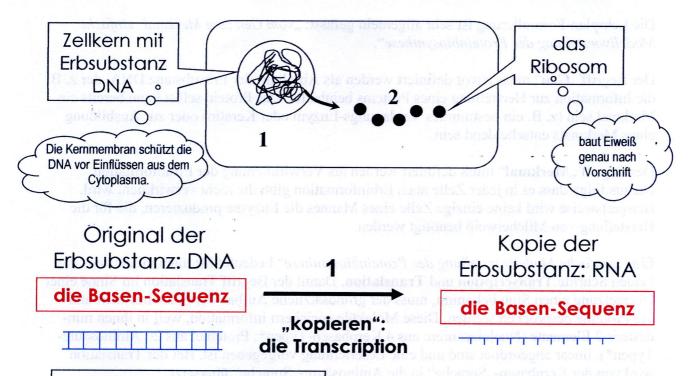
Proteinbiosynthese

Von der Erbinformation (das Gen) zum Merkmal (das Phän)



Analoge Modelle:

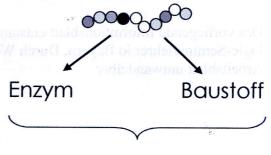
Die DNA entspricht einem Lehrbuch, die RNA entspricht einem daraus kopierten Arbeitsblatt und das Eiweiß entspricht der nach dem Arbeitsblatt angefertigen Hausaufgabe.

Die DNA entspricht einem Kochbuch, die RNA entspricht einer daraus kopierten Rezeptseite und das Eiweiß entspricht dem nach dem Rezept gekochten Gericht (mit Zellkern als Bibliothek und Ribosom als Küche).

Die **Sequenz** ist eine Abfolge. Die Basen-Sequenz beschreibt die Abfolge der Kernbasen (4 Typen) in der DNA oder RNA, die Aminosäure-Sequenz die Abfolge der Aminosäuren (20 Typen) im Protein. "übersetzen": die Translation

das Eiweiß = das Protein

die Aminosäure-Sequenz



=> MERKMALE

Hinweise für die Lehrkraft:

In den **Sprechblasen** werden die Strukturen mit ihren Fachbegriffen beschrieben. In den **Denkblasen** wird ihre Funktion erklärt.

Die Lehrplan-Formulierung ist sehr allgemein gefasst: "vom Gen zum Merkmal: einfache Modellvorstellung der Proteinbiosynthese".

Der Begriff "Gen" muss zuvor definiert werden als Abschnitt der Erbsubstanz DNA, der z. B. die Information zur Herstellung eines Proteins beinhaltet. Das Protein selbst kann bereits ein Merkmal sein (z. B. ein bestimmtes Verdauungs-Enzym oder Keratin) oder zur Ausbildung eines Merkmals entscheidend sein.

Der Begriff "Merkmal" muss definiert werden als Verwirklichung der Erbinformation. Daraus folgt, dass es in jeder Zelle auch Erbinformation gibt, die nicht verwirklicht wird. Beispielsweise wird keine einzige Zelle eines Mannes die Enzyme produzieren, die für die Herstellung von Milcheiweiß benötigt werden.

Eine "einfache Modellvorstellung der Proteinbiosynthese" bedeutet für mich mindestens die beiden Schritte **Transcription** und **Translation**. Damit der Begriff Translation im Sinne einer Übersetzung einen Sinn bekommt, muss der grundsätzliche Aufbau der Nucleinsäuren und der Proteine besprochen werden. Diese Moleküle speichern Information, weil in ihnen mindestens 2 Elemente (Nucleinsäuren: aus 4 Kernbasen-Typen*; Proteine: aus 20 Aminosäure-Typen*), linear angeordnet sind und eine Leserichtung vorgegeben ist. Bei der Translation wird von der Kernbasen-"Sprache" in die Aminosäure-"Sprache" übersetzt.

*) Die Formulierung: "Proteine sind aus 20 verschiedenen Aminosäuren aufgebaut" ist missverständlich. Manche Schüler denken dann, alle Proteine sind 20 Aminosäuren lang, und verstehen die Aussage nicht, dass es praktisch unendlich viele Möglichkeiten für Aminosäure-Sequenzen gibt.

Der genetische Code wird vom Lehrplan nicht verlangt. In einer sehr interessierten Klasse würde ich das Prinzip trotzdem besprechen, allerdings nicht abprüfen.

Modell-Kritik: Die Aminosäuren im Modell rechts unten unterscheiden sich in der Füllfarbe, aber nicht in der Form und in der Größe. Reale Aminosäuren haben wie alle Moleküle keine Farbe, aber sie unterscheiden sich deutlich in Form und Größe (auf die Unterschiede im Ladungszustand einzugehen, hat nur dann Sinn, wenn ganze und Teilladungen aus dem Chemie-Unterricht bereits bekannt sind).

Das vorliegende Informtionsblatt entstand nach Überlegungen eines Arbeitskreises der Biologie-Seminarlehrer in Bayern. Durch Weglassen einiges Teils der Beschriftung ist es in ein Arbeitsblatt umwandelbar.

Nickl, September 2018