

# Molekulargenetik

1. Eine frei erfundene Basensequenz:

5'-AUGCUGAAGUUU-3'

- a) Übersetzen Sie den oben angegebenen Ausschnitt aus einer m-RNA in ein Peptid und geben Sie die Leserichtung an.
- b) Führen Sie an den nachfolgend bezeichneten Basen jede mögliche Punktmutation durch und diskutieren Sie die Auswirkungen auf das Peptid (keine Häufung von Mutationen, sondern jeweils nur 1 Mutation!):

Basen Nummer: 3 / 6 / 7 / 11

2. Das Peptidhormon **Insulin**, das den Blutzuckerspiegel regelt, besteht aus zwei Peptidketten, die miteinander über Disulfidbrücken verbunden sind. Die kurze Kette hat folgende Aminosäuresequenz:

H<sub>2</sub>N-Gly-Ile-Val-Glu-GIN-Cys-Cys-Ala-Ser-Val-Cys-Ser-Leu-Tyr-GIN-Leu-Glu-AsN-Tyr-Cys-AsN-COOH

- 2.1. In der Medizin ist man daran interessiert, Diabetikern möglichst kein Schweine-Insulin zu verabreichen, das leichte Abweichungen zum Humaninsulin aufweist. Man hat deshalb Erbsubstanz, die Humaninsulin codiert, in Mikroorganismen eingebaut, welche nun die beiden Peptidketten in großer Menge kostengünstig produzieren.

- a) Erstellen Sie für die gesamte kurze Kette des Insulins (21 Aminosäuren plus Stopp-Codon) eine mögliche Basensequenz einer m-RNA. Kennzeichnen Sie die Leserichtung.
- b) Erstellen Sie für die ersten 21 Basen Ihrer m-RNA den entsprechenden Ausschnitt der DNA. Kennzeichnen Sie die Leserichtung der beiden DNA-Stränge und benennen Sie diese.

- 2.2. Mutationen beim Insulin-Gen:

- a) Führen Sie bei der dritten Base Ihrer m-RNA für die kurze Kette des Insulins eine Punktmutation durch und diskutieren Sie die möglichen Auswirkungen auf die Peptidkette.
- b) Führen Sie bei der 18. Base Ihrer m-RNA eine Punktmutation durch und diskutieren Sie die möglichen Auswirkungen auf die Peptidkette.
- c) Führen Sie eine Rastermutation durch, indem Sie zwischen die siebte und die achte Base Ihres m-RNA-Abschnitts eine weitere beliebige Base einschieben. Diskutieren Sie die Auswirkungen auf die gesamte Peptidkette.

Hinweis: Polypeptidketten werden nachträglich oft gekürzt. Deshalb steht am Anfang nicht immer eine Aminosäure, deren Codon gleichzeitig ein Startcodon ist.

### **Hinweise für die Lehrkraft:**

Zunächst sollte nur die Aufgabe 1a und im weiteren Verlauf des Unterrichts die Aufgabe 2.1 bearbeitet werden. In einem eigenen Dokument ist die Lösung für die Aufgabe 1 (a und b) für eine Projektion dargestellt (Molekulargenetik Aufgaben Lösung). Bei Aufgabe 2.1 gibt es keine eindeutige Lösung, weil der genetische Code degeneriert ist.

Bei und nach der Besprechung der Genmutationen werden dann die Aufgaben 1b sowie 2.2 gestellt.

Aufgabe 2.2 a:

Der genetische Code für Gly ist GGX, so dass eine Veränderung der dritten Kernbase immer eine stumme Mutation ist, die keine Auswirkungen auf das Polypeptid hat.

Aufgabe 2.2. b:

Der genetische Code für Cys ist UGU bzw. UGC. Eine Punktmutation bei der 3. Kernbase kann also eine stumme Mutation darstellen, aber auch den Code für eine andere Aminosäure ergeben (UGG > Trp) bzw. ein Stoppcodon (UGA).

Nickl