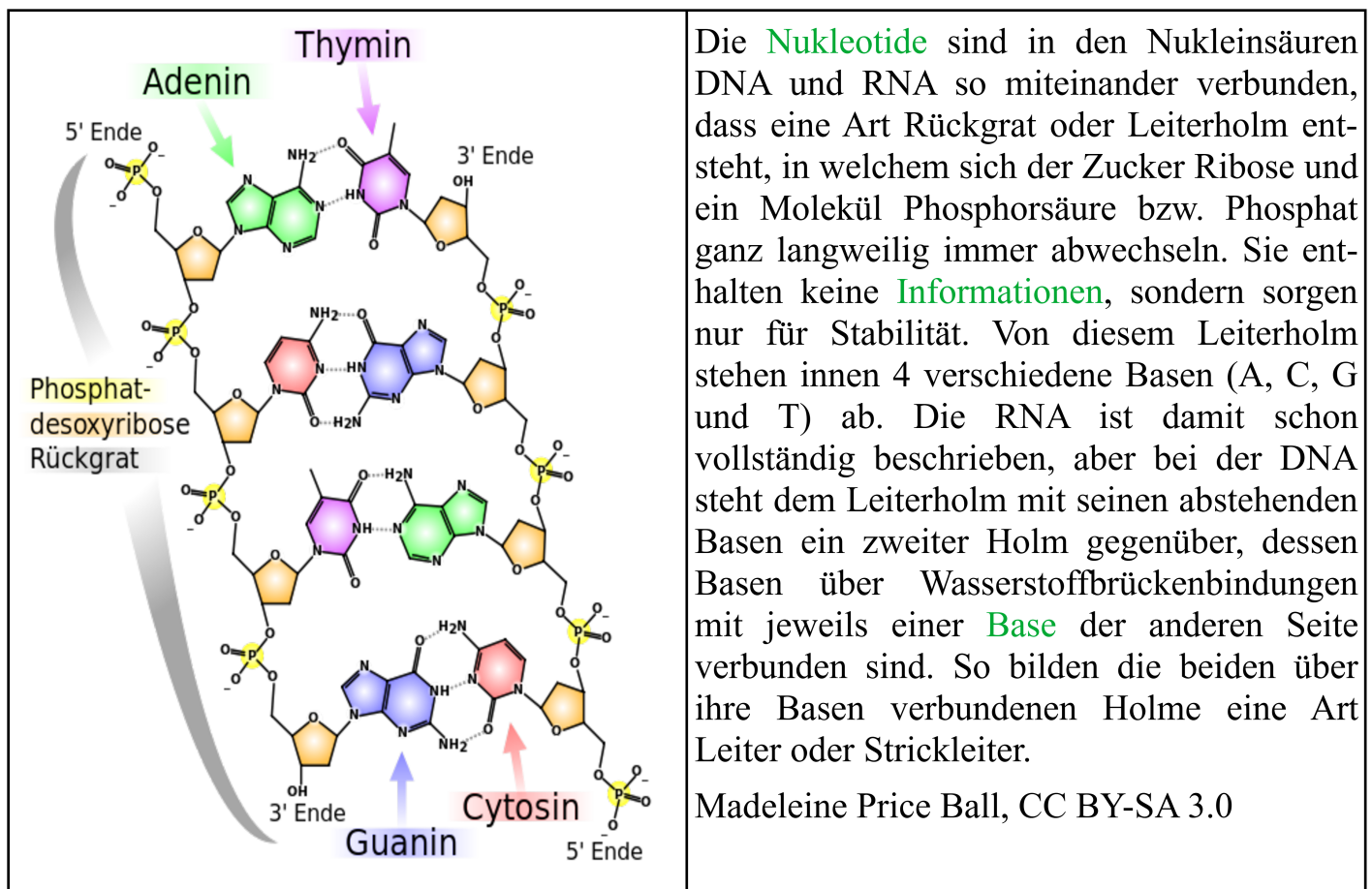


Erklärung des Zusammenhangs zwischen Mutation und Eigenschaft

Lückentext-Lösung

Der Zellkern einer menschlichen Körperzelle enthält 46 **Chromosomen**. 23 haben wir von der Mutter geerbt und 23 vom Vater. Die Chromosomen bestehen aus **DNA**, die um Proteine gewickelt und von anderen Proteinen umgeben ist. Die **Proteine** schützen die DNA, regulieren deren Benutzung und machen bei Bedarf Kopien von der DNA. Die Proteine sind die Aktiven, die fast alles im Organismus regeln und machen. Aber DNA enthält die **Baupläne** für die Herstellung der Proteine. Die Informationen des Bauplans stecken in der **Reihenfolge** (Sequenz) der 4 unterschiedlichen Bausteine (Nukleotide), aus denen die DNA in unseren Chromosomen besteht. Vereinfachend nennen wir diese Bausteine A, C, G und T.



Damit der DNA-Doppelstrang überall gleich breit ist und keine übermäßigen Spannungen entstehen, muss immer eine große Nukleobase einer **kleinen** gegenüber stehen. Die Zeichnung zeigt auch, dass Wasserstoffbrückenbindungen nur zustande kommen, wenn die **Basenpaare** Adenin und Thymin oder Guanin und Cytosin heißen. Denn nur dann stehen sich an passenden Positionen jeweils ein Wasserstoffatom und ein freies Elektronenpaar eines Sauerstoff- oder Stickstoff-Atoms gegenüber. Dabei sind Adenin und Thymin jeweils durch 2 **Wasserstoffbrückenbindungen** miteinander verbunden. Bei Cytosin und Guanin sind es drei. Cytosin und Guanin sind deshalb fester miteinander verbunden.

Darum stehen sich in den Basenpaaren immer die Bausteine A und **T** oder C und **G** gegenüber. Man spricht von sich ergänzenden oder komplementären **Basenpaaren**. Deshalb legt die Reihenfolge der **Nukleotide** auf einer Seite der Strickleiter auch die Reihenfolge der Bausteine auf der Gegenseite fest. Der **Sequenz** (Reihenfolge): "ACTG" in einem Strang stehen im Gegenstrang die Nukleotide: "TGAC" gegenüber.

Man erkennt in dieser Darstellung auch, dass die beiden Enden eines DNA-Einzelstranges nicht identisch sind. Man unterscheidet zwischen einem 5'-Ende und einem 3'-Ende. Dabei steht immer ein 5'-Ende des einen Einzelstranges einem 3'-Ende des Gegenstranges gegenüber.

Aus diesem Aufbau folgt, dass sich die **Sequenz** des einen Stranges automatisch aus der Sequenz des Gegenstranges ergibt. Für die genetische **Information** reicht daher ein Strang aus. Der Gegenstrang schützt allerdings die **DNA** vor dem Zerfall und stellt quasi eine Sicherheitskopie dar. Wird ein Strang beschädigt, kann er durch den Vergleich mit dem unbeschädigten Gegenstrang **repariert** werden.

Außerdem lässt diese Struktur der DNA das **Potential** erkennen, Kopien von DNA-Einzelsträngen herzustellen. Diese **Eigenschaft** der DNA wird zur DNA-Verdopplung vor einer **Zellteilung** sowie zur Produktion von RNA-Kopien genutzt. Letzteres nennt man Transkription, denn im Grunde wird die DNA-Vorlage Buchstabe für Buchstabe abgeschrieben. Die Buchstaben sehen nur ein wenig anders aus.

Die Verdopplung der DNA- **Doppelstränge** ist im Grunde ganz einfach. Die beiden Stränge werden getrennt und die Bausteine (**Nukleotide**) für die neuen Gegenstränge finden quasi automatisch ihre passenden Plätze. Denn jedes **A** kann nur an ein T binden, jedes **T** nur an ein A, jedes **C** nur an ein G und jedes **G** nur an ein C.

Die folgende Darstellung zeigt, wie die Reihenfolge der Nukleotide in der DNA die Reihenfolge der Aminosäuren in einem Protein bestimmt.

DNA-Sequenz:

Roland Heynkes, CC BY-SA-4.0

TACTGTTTGTTCCTCGTCCAGCGTCTGCTCCGAAAGATAGTATGACGACCGGCGTAGTCGCTTAG

Die Nukleotid-Sequenz der DNA codiert die Aminosäure-Sequenz eines Proteins.

Aminosäure-Sequenz:

Met-Thr-Asn-Lys-Ser-Arg-Val-Ala-Asp-Glu-Gly-Phe-Leu-Ser-Tyr-Cys-Trp-Pro-His-Gln-Arg-Ile

Jeweils 3 Nukleotide bilden ein Triplet genanntes Wort, das eine von 20 unterschiedlichen Aminosäuren codiert. Diese Aminosäuren dienen als Grundbausteine (Monomere) menschlicher Proteine. Die Zuordnung von Nukleotid-Triplets zu bestimmten Aminosäuren nennt man den genetischen Code.

So bestimmt die Nukleotid-Sequenz der DNA die Aminosäure-Sequenz eines Proteins.

Die Aminosäuresequenz ist die Primärstruktur eines Proteins und sie ist entscheidend dafür, wo sich in der Aminosäurekette welche Sekundärstrukturen bilden.

Sekundärstrukturen wie die Alphahelix und das β -Faltblatt legen sich zusammen zur Tertiärstruktur genannten räumlichen Form eines Proteins.

Bei vielen Proteinen setzen sich mehrere Tertiärstrukturen zu einer Quartärstruktur zusammen.

Die Form eines Proteins bestimmt dessen Funktion.

Und die Funktionen unserer Proteine bestimmen unsere Eigenschaften.

Verändert eine Mutation auch nur eine Aminosäure in der Sequenz eines Proteins, dann ändern sich dessen Form und Funktion sowie eine Eigenschaft des Organismus.