



i Hinweis: KI-generierte Musterlösung - bei Unklarheiten gerne nochmal im Buch nachschlagen.

### AUFGABE 1a

TIPP: Überlegen Sie sich die drei Kategorien einzeln: Welcher Zucker steckt im Rückgrat, welche vier Basen kommen jeweils vor, und wie viele Stränge hat das Molekül?

SCHRITT 1: Vergleichen Sie zunächst den Zucker: In der DNA ist es Desoxyribose, in der RNA Ribose. Der Unterschied liegt an einem Sauerstoffatom - Ribose trägt an einem bestimmten Kohlenstoffatom eine OH-Gruppe, Desoxyribose dort nur Wasserstoff.

SCHRITT 2: Vergleichen Sie dann die Basen: Beide Nukleinsäuren enthalten Adenin, Guanin und Cytosin. Der Unterschied liegt bei der vierten Base: DNA enthält Thymin, mRNA stattdessen Uracil.

SCHRITT 3: Vergleichen Sie zuletzt die Strangform: DNA liegt als Doppelstrang (Doppelhelix) aus zwei komplementären Strängen vor, mRNA ist einzelsträngig.

ENDERGEBNIS: Die drei Unterschiede sind: 1) Zucker - DNA enthält Desoxyribose, mRNA enthält Ribose. 2) Basen - DNA enthält Thymin, mRNA enthält stattdessen Uracil (A, G, C sind in beiden vorhanden). 3) Strangform - DNA ist doppelsträngig (Doppelhelix), mRNA ist einzelsträngig.

### AUFGABE 1b

TIPP: Denken Sie an den Ablauf wie bei einem „Start - Verlängerung - Stopp“-Prinzip und überlegen Sie, welches Enzym dabei die Hauptrolle spielt.

SCHRITT 1: Initiation - Das Enzym RNA-Polymerase bindet an eine bestimmte Erkennungssequenz auf der DNA, den Promotor. Dadurch wird festgelegt, wo die Transkription beginnt und welcher der beiden DNA-Stränge als codogener (Matrizen-)Strang abgelesen wird. Die DNA-Doppelhelix öffnet sich an dieser Stelle.

SCHRITT 2: Elongation - Die RNA-Polymerase gleitet am codogenen Strang entlang und verknüpft dabei komplementäre RNA-Nukleotide (A-U, T-A, G-C, C-G) zu einem wachsenden mRNA-Strang. Die DNA wird dabei immer nur kurz geöffnet und hinter der Polymerase wieder geschlossen.

SCHRITT 3: Termination - Sobald die RNA-Polymerase eine Terminationssequenz (Stoppsignal) auf der DNA erreicht, löst sie sich von der DNA. Die fertige mRNA wird freigesetzt und die DNA schließt sich wieder vollständig zur Doppelhelix.

ENDERGEBNIS: Transkription läuft in drei Phasen ab: Initiation (Bindung der RNA-Polymerase am Promotor, Öffnen der DNA), Elongation (Ablezen des codogenen Strangs und Verknüpfung komplementärer RNA-Bausteine zur mRNA) und





Termination (Erreichen des Stoppsignals, Ablösen der Polymerase und Freisetzung der fertigen mRNA).

### AUFGABE 2a

TIPP: Übertragen Sie den codogenen Strang Base für Base in die komplementäre mRNA - denken Sie daran, dass in der RNA statt Thymin Uracil eingebaut wird, und achten Sie auf die Laufrichtung.

SCHRITT 1: Notieren Sie sich den gegebenen codogenen Strang mit seiner Laufrichtung: 3'-TAC GGA CTT ATC CGA-5'.

SCHRITT 2: Bilden Sie zu jeder Base die komplementäre RNA-Base: T wird zu A, A wird zu U, C wird zu G, G wird zu C. Die mRNA wird dabei antiparallel zum codogenen Strang gebildet, verläuft also von 5' nach 3', während die Reihenfolge der Basenpaarung erhalten bleibt.

SCHRITT 3: Setzen Sie die komplementären Basen triplettweise zusammen: Aus TAC wird AUG, aus GGA wird CCU, aus CTT wird GAA, aus ATC wird UAG, aus CGA wird GCU.

ENDERGEBNIS: Die mRNA-Sequenz lautet 5'-AUG CCU GAA UAG GCU-3'.

### AUFGABE 2b

TIPP: Übersetzen Sie die mRNA aus Aufgabe 2a Codon für Codon mithilfe der Codon-Sonne/Codon-Tabelle und achten Sie besonders auf das Startcodon und mögliche Stoppcodons.

SCHRITT 1: Beginnen Sie mit dem ersten Codon AUG - dies ist immer das Startcodon und codiert zugleich die Aminosäure Methionin (Met).

SCHRITT 2: Übersetzen Sie das zweite Codon CCU - dieses codiert laut genetischem Code die Aminosäure Prolin (Pro).

SCHRITT 3: Übersetzen Sie das dritte Codon GAA - dieses codiert die Aminosäure Glutaminsäure (Glu).

SCHRITT 4: Betrachten Sie das vierte Codon UAG - dies ist eines der drei Stoppcodons (neben UAA und UGA). Es codiert keine Aminosäure, sondern beendet die Translation an dieser Stelle. Das fünfte Codon (GCU) wird daher nicht mehr übersetzt.

ENDERGEBNIS: Die Aminosäuresequenz lautet Methionin - Prolin - Glutaminsäure (Met-Pro-Glu), danach bricht die Translation durch das Stoppcodon UAG ab.





### AUFGABE 3a

TIPP: Überlegen Sie, welche zwei „Enden“ eine tRNA besitzt und wofür jedes der beiden gebraucht wird - das eine zur Erkennung, das andere zum Transport.

SCHRITT 1: Beschreiben Sie zunächst die Funktion der tRNA allgemein: Sie fungiert als „Adaptermolekül“ bei der Translation, das die genetische Information der mRNA (in Form von Codons) mit der passenden Aminosäure verknüpft. Jede tRNA trägt an einem Ende eine ganz bestimmte Aminosäure.

SCHRITT 2: Erklären Sie, wie die tRNA das passende Codon erkennt: Am gegenüberliegenden Ende der tRNA befindet sich eine Dreier-Basenfolge, das Anticodon.

SCHRITT 3: Definieren Sie den Begriff Anticodon genauer: Es ist die zum mRNA-Codon komplementäre Basentriplett-Sequenz. Durch komplementäre Basenpaarung zwischen Codon (auf der mRNA) und Anticodon (auf der tRNA) wird sichergestellt, dass genau die zum Codon passende Aminosäure an der wachsenden Polypeptidkette angehängt wird.

ENDERGEBNIS: Die tRNA transportiert im Zytoplasma die passende Aminosäure zum Ribosom und sorgt durch die komplementäre Basenpaarung zwischen ihrem Anticodon und dem mRNA-Codon dafür, dass die Aminosäuren in der richtigen Reihenfolge entsprechend der genetischen Information eingebaut werden. Das Anticodon ist dabei das zum jeweiligen Codon komplementäre Basentriplett der tRNA.

### AUFGABE 3b

TIPP: „Degeneriert“ bezieht sich auf die Anzahl der Codons pro Aminosäure, „universell“ bezieht sich auf verschiedene Lebewesen.

SCHRITT 1: Erklären Sie „degeneriert“: Der genetische Code ist degeneriert, weil die meisten Aminosäuren von mehr als einem Codon codiert werden können (z. B. codieren mehrere unterschiedliche Codons dieselbe Aminosäure, wie bei Prolin in Aufgabe 2b, das außer durch CCU auch durch CCC, CCA oder CCG codiert werden kann).

SCHRITT 2: Erklären Sie „universell“: Der genetische Code ist universell, weil er (von wenigen Ausnahmen abgesehen) bei nahezu allen Lebewesen - von Bakterien über Pflanzen bis zum Menschen - in gleicher Weise gilt, also dieselben Codons für dieselben Aminosäuren codieren.

ENDERGEBNIS: Degeneriert bedeutet, dass eine Aminosäure durch mehrere verschiedene Codons codiert werden kann. Universell bedeutet, dass der genetische





Code bei fast allen Organismen gleich ist und gleich „gelesen“ wird.

### AUFGABE 4a

**TIPP:** Überlegen Sie, was passiert, wenn man ab einer bestimmten Stelle eine zusätzliche Base in die Sequenz einfügt - wie verschieben sich dadurch die nachfolgenden Dreiergruppen?

**SCHRITT 1:** Machen Sie sich klar, dass die mRNA in Dreierschritten (Tripletts/Codons) von einem festen Startpunkt aus abgelesen wird, dem Leseraster. Dieses Raster ergibt sich aus der Position des Startcodons AUG. Das vierte Basentriplett des codogenen Strangs (ATC) entspricht dabei dem mRNA-Codon UAG, also dem Stoppcodon, an dem die Translation normalerweise endet.

**SCHRITT 2:** Überlegen Sie, was eine Insertion einer einzelnen Base ab dem vierten Triplett bewirkt: Da eine zusätzliche Base eingefügt wird, aber die Ablesung weiterhin in Dreiergruppen erfolgt, verschiebt sich die Gruppierung aller nachfolgenden Basen um eine Position. Alle Codons ab dieser Stelle werden dadurch völlig neu gebildet und bestehen aus anderen Basenkombinationen als vorher - insbesondere entsteht an dieser Stelle in der Regel nicht mehr das ursprüngliche Stoppcodon UAG.

**SCHRITT 3:** Leiten Sie die Folge für die Aminosäuresequenz ab: Da das ursprüngliche Stoppcodon durch die Verschiebung verloren geht, liest das Ribosom über die eigentliche Stoppstelle hinaus weiter. Dadurch werden ab der Mutationsstelle neue, meist völlig andere Aminosäuren eingebaut, bis zufällig ein neues Stoppcodon im verschobenen Leseraster erreicht wird. Das Protein wird dadurch in der Regel deutlich länger und besitzt ab der Mutationsstelle eine völlig veränderte Aminosäuresequenz.

**ENDERGEBNIS:** Eine Rasterschub-Mutation durch Einfügen einer Base im vierten Basentriplett verschiebt das Leseraster ab dieser Stelle vollständig. Da dort ursprünglich das Stoppcodon lag, geht dieses verloren, sodass die Translation über die eigentliche Stoppstelle hinausgeht. Ab der Mutationsstelle werden völlig andere Aminosäuren eingebaut, bis zufällig ein neues Stoppcodon erreicht wird - das entstehende Protein unterscheidet sich stark vom ursprünglichen Protein, ist in der Regel länger und häufig funktionsunfähig.





### AUFGABE 4b

TIPP: Erinnern Sie sich an die Eigenschaft des genetischen Codes aus Aufgabe 3b, die genau erklärt, warum mehrere unterschiedliche Codons zur selben Aminosäure führen können.

SCHRITT 1: Machen Sie sich bewusst, dass bei einer Punktmutation ohne Rasterverschiebung nur eine einzige Base im codogenen DNA-Strang ausgetauscht wird. Dadurch verändert sich bei der Transkription auch nur eine einzige Base im entsprechenden mRNA-Codon, alle anderen Codons bleiben unverändert.

SCHRITT 2: Nutzen Sie die Eigenschaft der Degeneriertheit des genetischen Codes: Da die meisten Aminosäuren von mehreren unterschiedlichen Codons codiert werden können (oft unterscheiden sich diese Codons nur in der dritten Base, der sogenannten „Wobble-Position“), kann ein verändertes Codon trotz der Basenänderung noch immer für dieselbe Aminosäure codieren.

SCHRITT 3: Beschreiben Sie den Fall einer solchen „stillen Mutation“: Trifft die Basenänderung die dritte Position eines Codons (die Wobble-Position), so führt sie durch die Degeneriertheit des genetischen Codes häufig nicht zu einer neuen Aminosäure, weil mehrere Codons, die sich nur in dieser dritten Base unterscheiden, dieselbe Aminosäure codieren (zum Beispiel codieren CCU, CCC, CCA und CCG alle für Prolin, siehe Aufgabe 2b/3b). In diesem Fall bleibt die Aminosäuresequenz des Proteins trotz der Mutation auf DNA-Ebene unverändert; man spricht von einer „stillen“ oder „synonymen“ Mutation.

SCHRITT 4: Erläutern Sie den Gegenfall: Betrifft die Mutation dagegen die erste oder zweite Position des Codons, so führt dies in der Regel zu einem veränderten Codon für eine andere Aminosäure (Missense-Mutation) oder sogar zu einem Stoppcodon (Nonsense-Mutation), wodurch sich die Aminosäuresequenz bzw. die Proteinelänge tatsächlich verändert.

ENDERGEBNIS: Ein Basenaustausch ohne Rasterverschiebung muss nicht zwangsläufig zu einer veränderten Aminosäure führen, da der genetische Code degeneriert ist: Viele Aminosäuren werden von mehreren Codons codiert, die sich häufig nur in der dritten Position (Wobble-Position) unterscheiden. Trifft die Mutation diese dritte Position, codiert das veränderte Codon oft weiterhin für dieselbe Aminosäure (stille Mutation), sodass das Protein unverändert bleibt. Nur wenn die Mutation zu einem Codon für eine andere Aminosäure oder zu einem Stoppcodon führt, ändert sich die Proteinsequenz tatsächlich.

