

Aufgabe Luciferase des Glühwürmchens:

- 5.1 Die Fragestellung ist missverständlich, da „...Basenfolge des transkribierten Einzelstrangs des Luciferase-Gens“ sowohl den **DNA-Strang** meinen kann, der hier transkribiert wurde, als auch den **mRNA-Strang** als Ergebnis der Transkription dieses Gens.

AS-Sequenz – Thr – Glu – Lys – Lys – Val – Met –
 mRNA 5' ... ACC GAA AAA AAA GUU AUG ... 3'
 G G G G A
 A A
 U C
 DNA 3' ... TG G CTT TTT TTT CAA TAC ... 5'
 C C C C T C
 T T C
 A G

AS	mögliche mRNA-Triplets	DNA-Triplets
Lys	AAA (AAG)	TTT (TTC)
Ile	AUA (AUC, AUU)	TAT (TAG, TAA)

Einfachste Deutung : Austausch einer einzigen Base

In der DNA wurde durch eine **Basenaustauschmutation** im Triplet TTT die 2. Base T gegen A ausgetauscht. Mutationstyp: Genmutation (= Punktmutation)

Mögliche **Mutationsauslöser** (2 verlangt):

- energiereiche elektromagnetische Strahlung: UV-Licht, Röntgenstrahlung, γ -Strahlung
- radioaktive Strahlung: α -, β -Strahlung
- mutagene Chemikalien
- Replikationsfehler durch falsche Basenpaarungen

- 5.3 Da der genetische Code **degeneriert** (*Begriff nicht verlangt*) ist, gibt es für viele Aminosäuren mehrere Codone. Meist kann die dritte Base eines Codons vertauscht werden, ohne dass eine andere Aminosäure codiert wird. Dies gilt auch für Valin.

AS Nr. 500	mögliche mRNA-Triplets	DNA-Triplets
Val	GUA T G C	CAT A C G

→ Eine Basenaustauschmutation führt nur dann zu einer anderen Aminosäure, wenn die 1. oder 2. Base betroffen ist. Der Austausch der 3. Base des Triplets hat keine Auswirkung.

AS Nr. 501	mögliches mRNA-Triplett	DNA-Triplett
Met	AUG	TAG

→ Met wird nur von einem einzigen Basentriplett codiert. **Jede** Basenaustausch-Mutation führt bei der Translation zum Einbau einer neuer Aminosäure.

Wenn man also davon ausgeht, dass eine Austauschmutation rein zufällig jede Base betreffen kann, dann ist die Position Nr. 501 häufiger von einem Aminosäure-Tausch betroffen als die Stelle Nr. 500.

Mit der Tatsache, dass Met und Val auch Startcodone sind, hat diese Frage nichts zu tun!

Aufgabe AIDS-Resistenz

- 3.1 Codogener Strang des Membran-Gens:

DNA 3' ... TGC GCG TTT GGC ATA AAT GGC TAA ... 5'
 mRNA 5' ... ACG CGC AAA CCG UAU UUA CCG AUU 3'
 AS-Sequenz – Thr – Arg – Lys – Pro – Tyr – Leu – Ala – Ile –

Codogener Strang des mutierten Gens:

DNA 3' ... TGC GCG TTG GCA TAA ATC GCT AA ... 5'
 mRNA 5' ... ACG CGC AAC CGU AUU UAG CGA UU 3'
 AS-Sequenz – Thr – Arg – Asn – Arg – Ile – Stopp

Mutationstyp: **Genmutation** (genau: Rastermutation), da eine Base verloren gegangen ist.

Folge für das Protein: Einbau von drei falschen Aminosäuren und danach Kettenende (**Abbruch der Translation**) → viel zu kurzes Protein, völlig veränderte Tertiärstruktur

- 3.2 Kein Andocken des HI-Virus an die Wirtszelle mehr möglich, da das Membranprotein vermutlich Teil des CD 4-Proteins ist, das das Virus benötigt, um in die Zelle einzudringen.

oder:

Das veränderte Membranprotein ist Teil der Proteine, die für die aktive Aufnahme des Virus in die Wirtszelle verantwortlich ist.