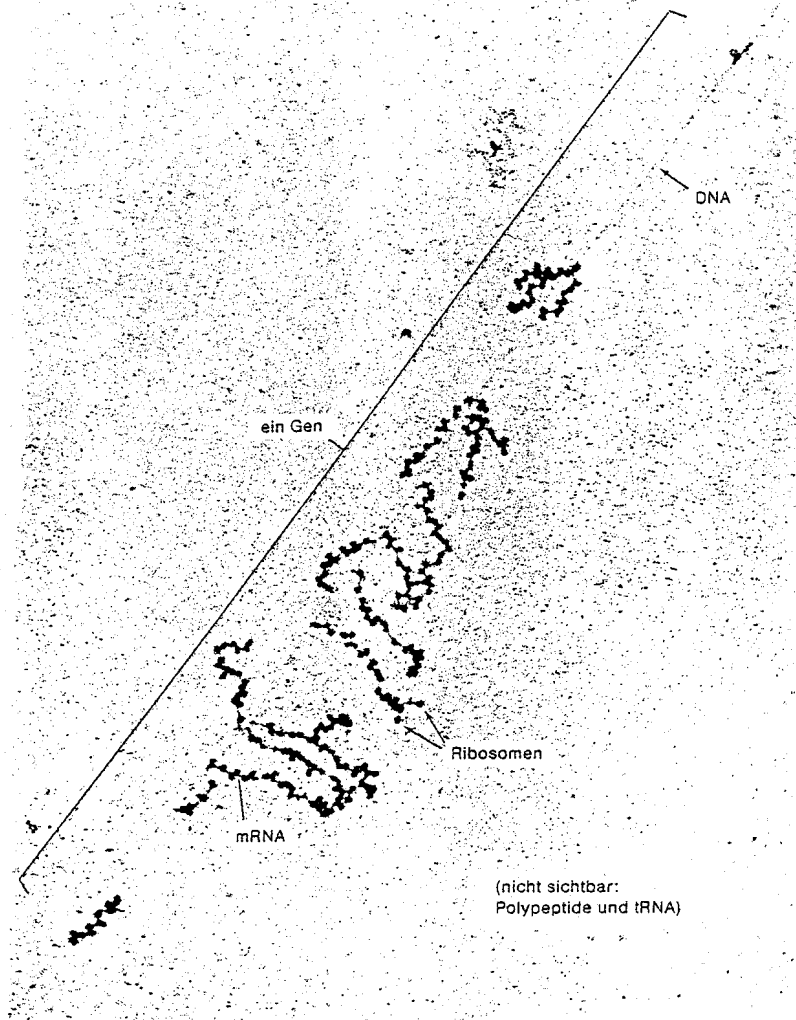


## Vorlesung

# Allgemeine Biologie für Informatiker und Mathematiker 1

## Teilgebiet Genetik 2



Ursula Priefer

Institut für Biologie I, Ökologie des Bodens  
RWTH Aachen, Worringer Weg, 52056 Aachen  
Tel. 0241 80 6644; Fax 0241 8888 637  
e-mail: [priefer@bio1.rwth-aachen.de](mailto:priefer@bio1.rwth-aachen.de)







## **Vorlesung**

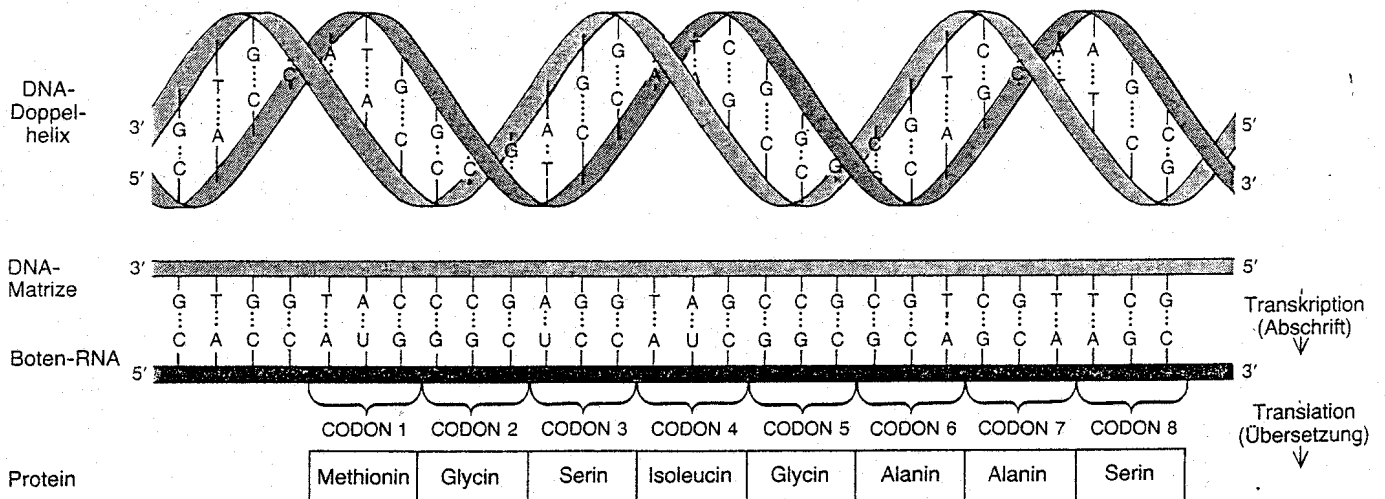
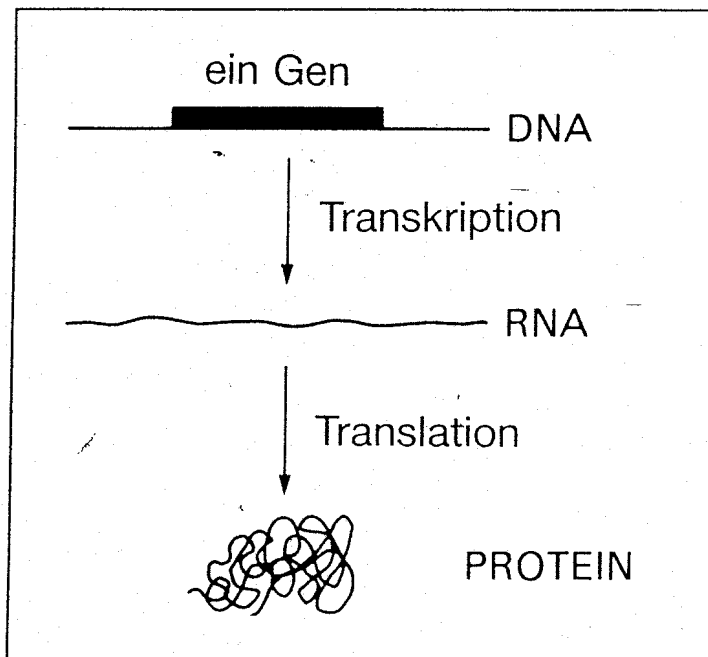
# **Allgemeine Biologie für Informatiker und Mathematiker 1**

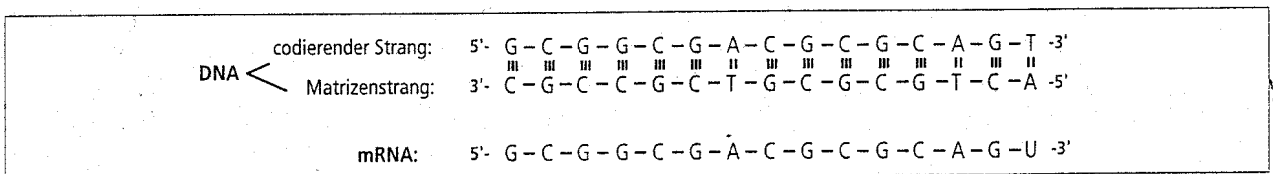
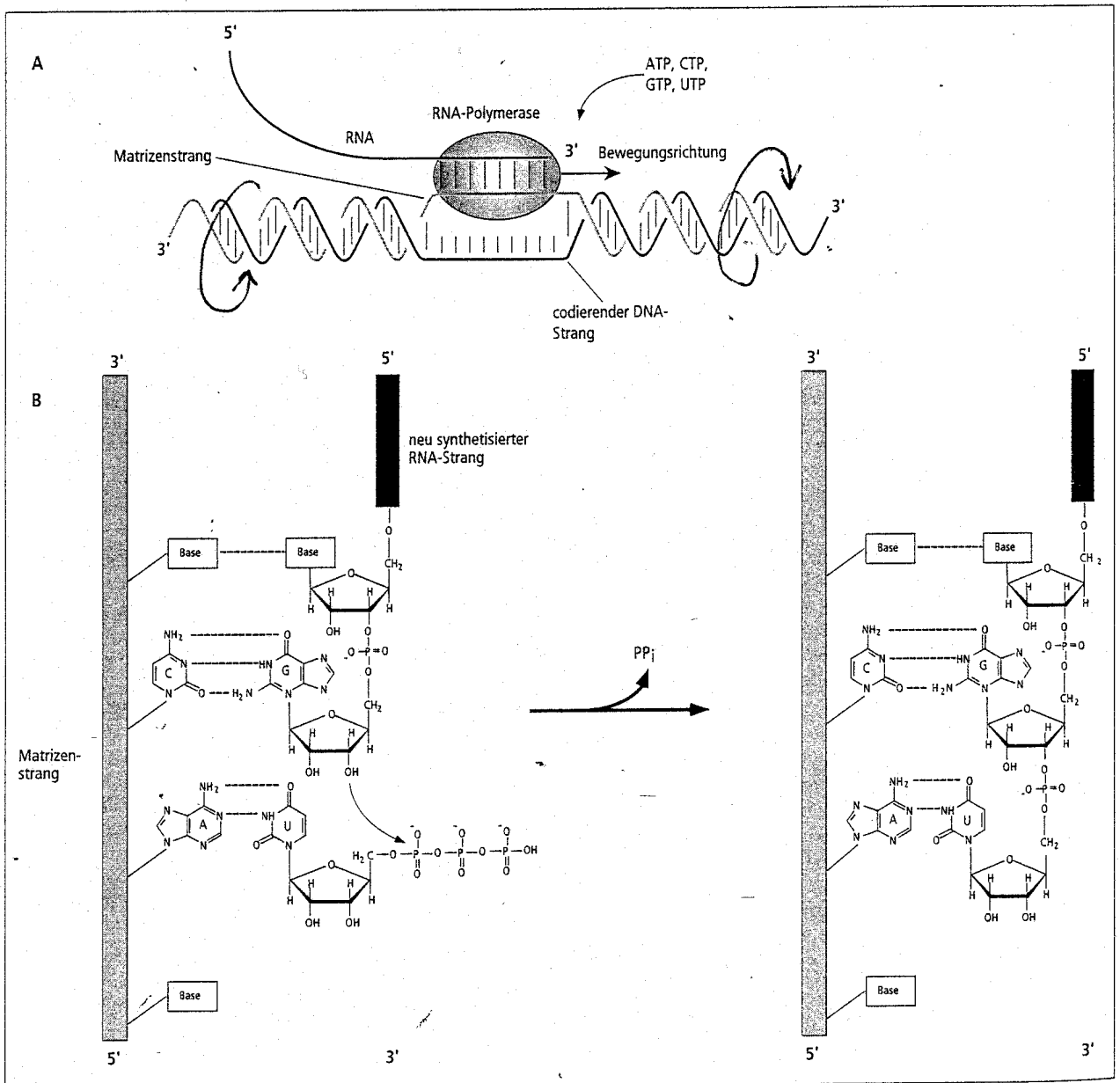
## **Teilgebiet Genetik 2**

### **Inhalt**

- **Grundlagen der Transkription und Translation**
  - **Genexpression in Prokaryoten**
- **Organisation und Expression des eukaryotischen Genoms**
- **Gentransfersysteme (Konjugation, Transduktion, Transformation, Transposons)**
  - **Gentechnologie**

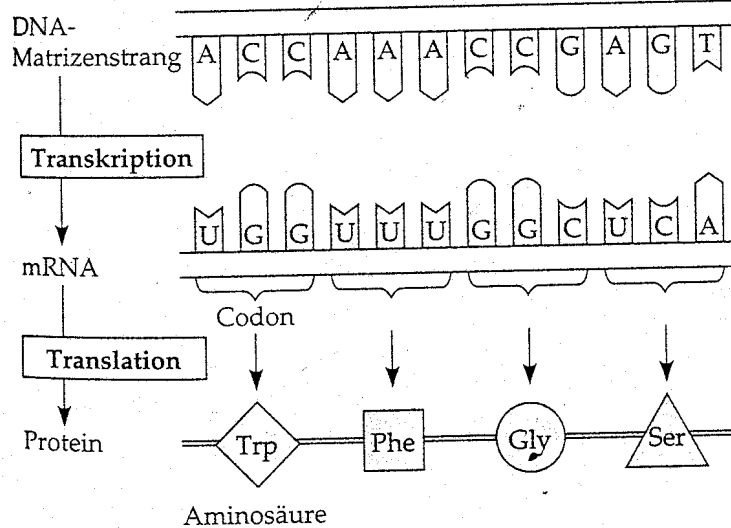
<p>Tryptophan</p>  <p>Formylkynurenin</p>  <p>Hydroxykynurenin</p>  <p>braunes Pigment</p>	<p>← blockiert</p> <p>← blockiert</p>	<p><i>vermillion</i></p> <p><i>cinnabar</i></p>	<p>leuchtendrotes Auge</p> <p>hellrotes Auge</p> <p>Wildtypauge (rote Farbe)</p>	  
Stoffwechsel-zwischenprodukt		Mutation		Phänotyp

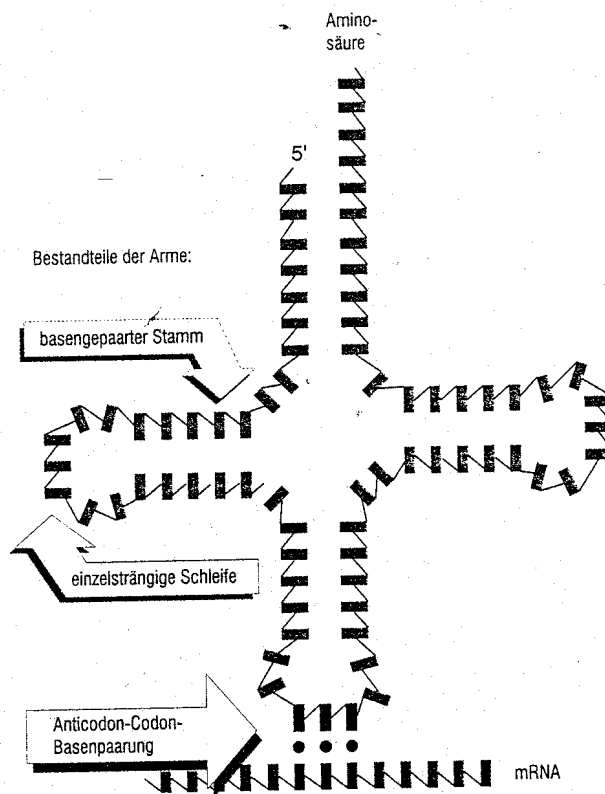
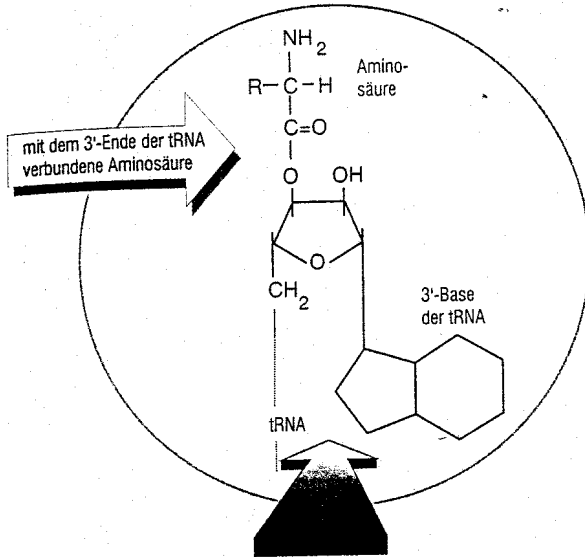


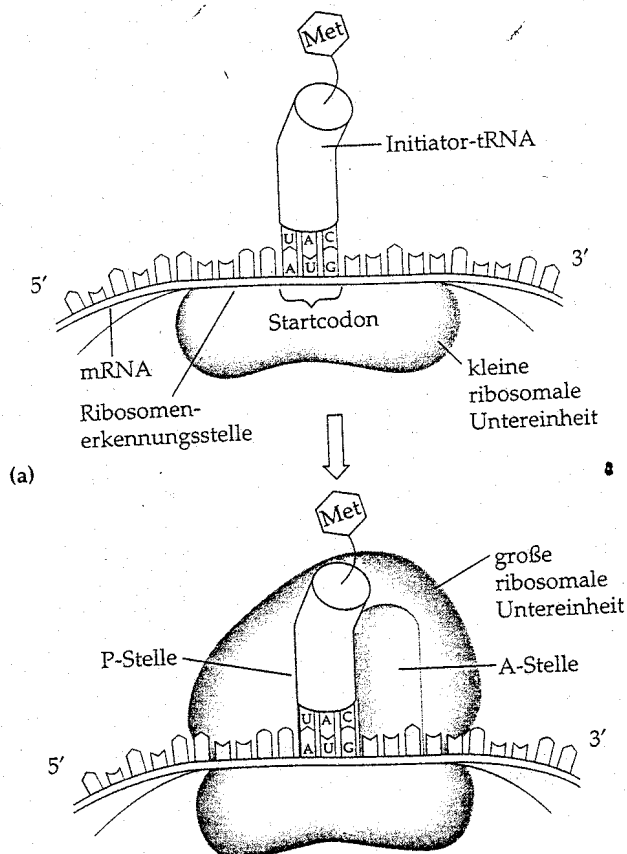
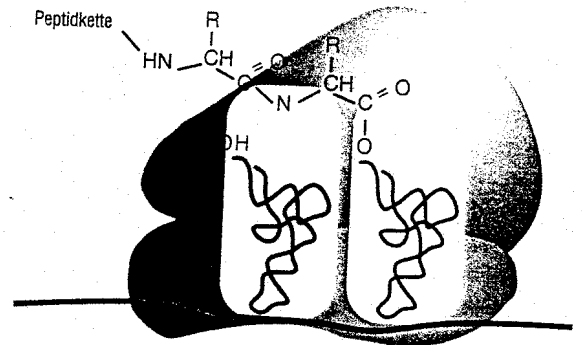
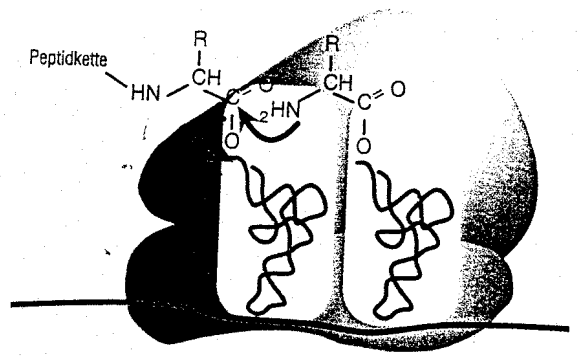
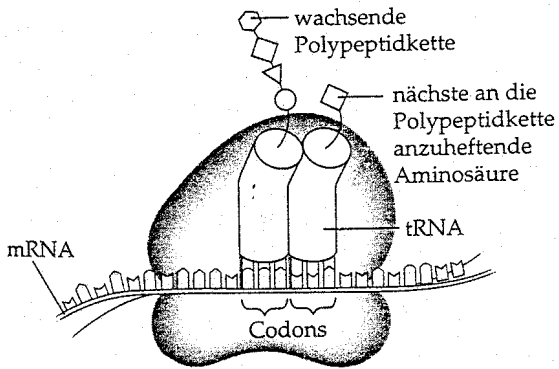
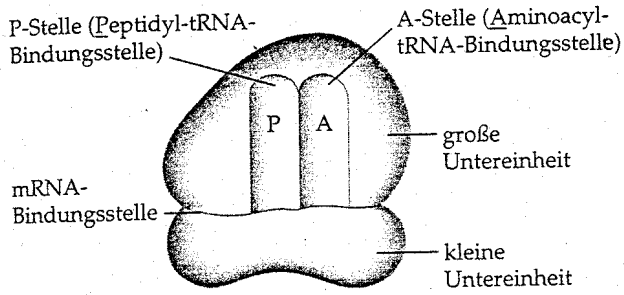


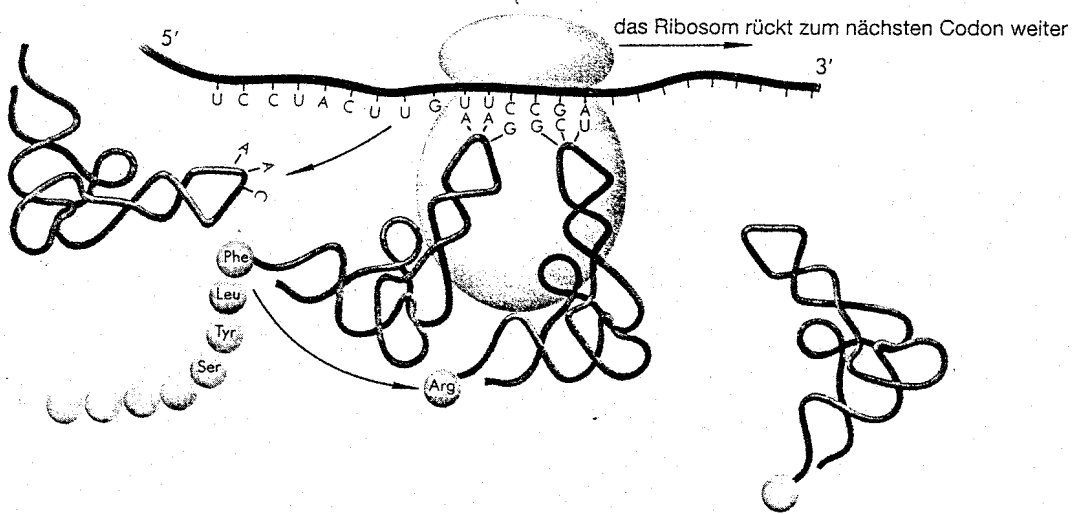
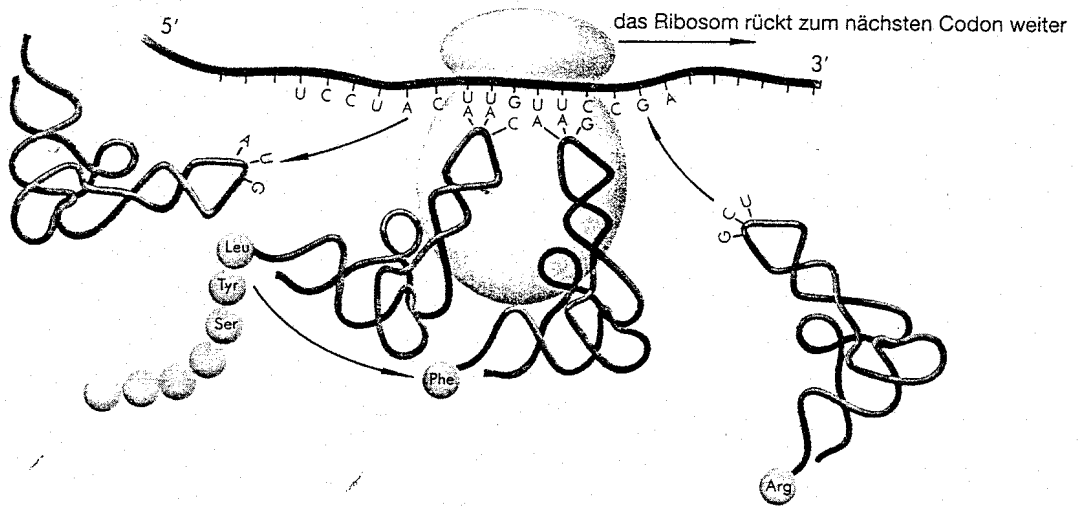
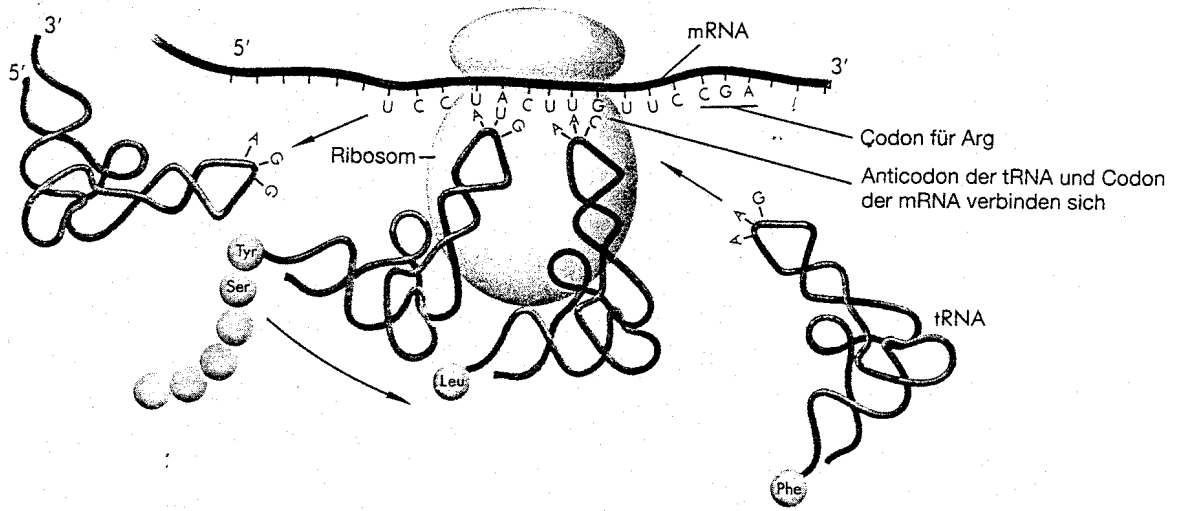
### Der genetische Code

UUU } phe*	UCU } ser	UAU } tyr	UGU } cys
UUC } phe*	UCC } ser	UAC } tyr	UGC } cys
UUA } leu	UCA } ser	UAA } 'stop'	UGA } 'stop'
UUG } leu	UCG } ser	UAG } 'stop'	UGG } trp
CUU } leu	CCU } pro	CAU } his	CGU } arg
CUC } leu	CCC } pro	CAC } his	CGC } arg
CUA } leu	CCA } pro	CAA } gln	CGA } arg
CUG } leu	CCG } pro	CAG } gln	CGG } arg
AUU } ile	ACU } thr	AAU } asn	AGU } ser
AUC } ile	ACC } thr	AAC } asn	AGC } ser
AUA } met	ACA } thr	AAA } lys	AGA } arg
AUG } met	ACG } thr	AAG } lys	AGG } arg
GUU } val	GCU } ala	GAU } asp	GGU } gly
GUC } val	GCC } ala	GAC } asp	GGC } gly
GUA } val	GCA } ala	GAA } glu	GGA } gly
GUG } val	GCG } ala	GAG } glu	GGG } gly

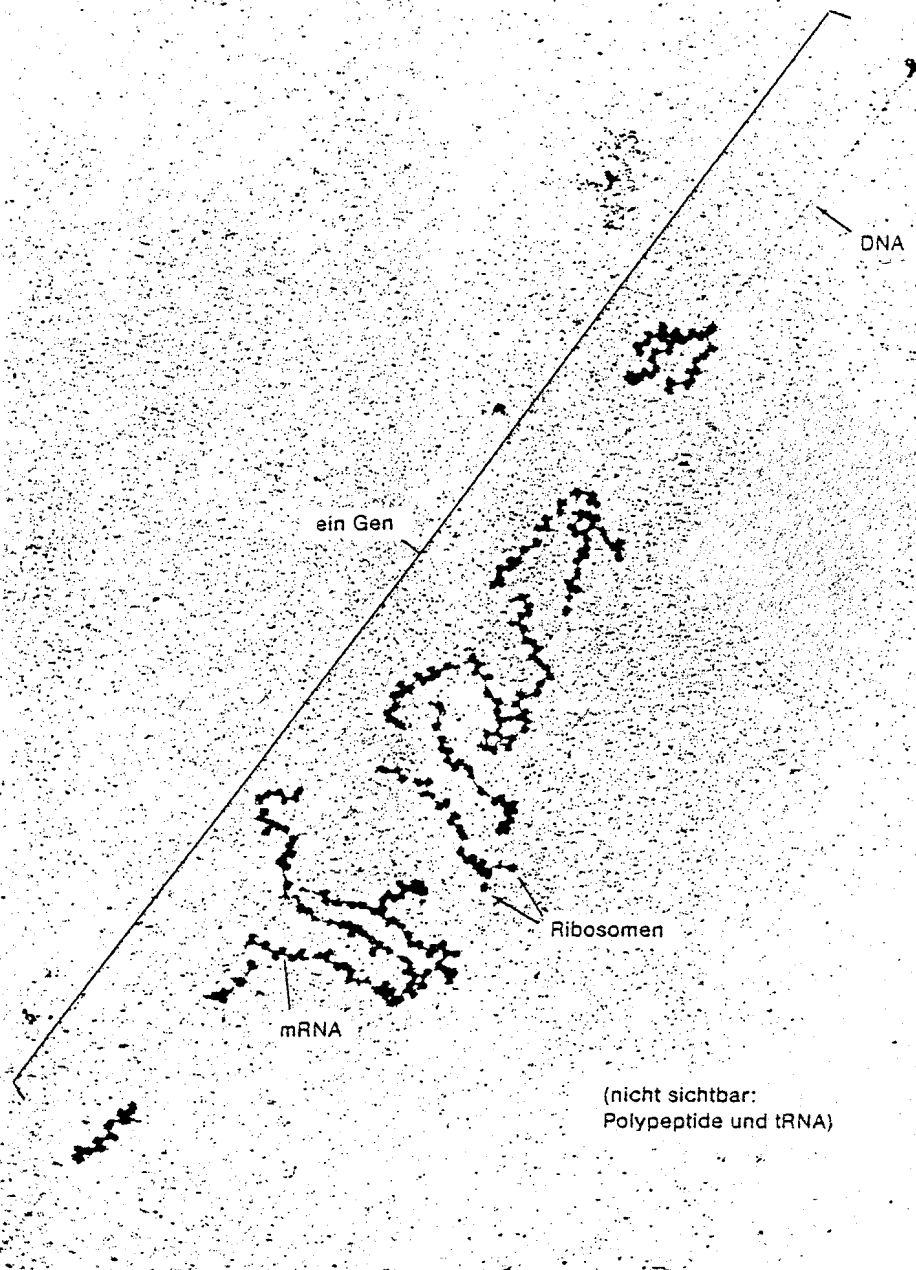












ein Gen

DNA

Ribosomen

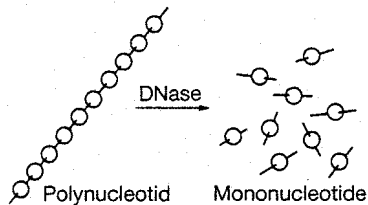
mRNA

(nicht sichtbar:  
Polypeptide und tRNA)

### DNase-Schutzexperimente

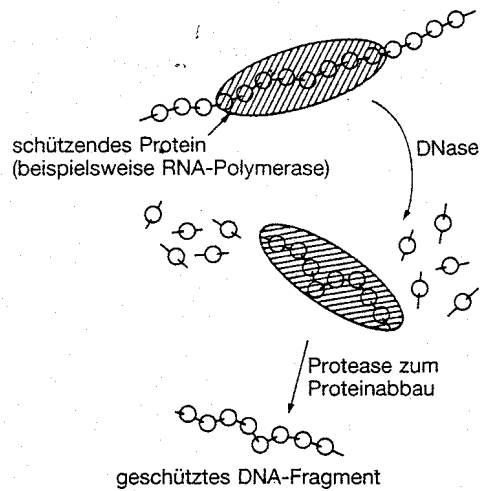
Man hat eine Reihe von Methoden eingesetzt, um die Wechselwirkung zwischen RNA-Polymerase und Promotorsequenzen zu erforschen. Die bedeutendste dieser Techniken nennt man Deoxyribonuclease (DNase)-Schutzverfahren.

DNase ist ein Enzym, das DNA abbaut, indem es Phosphodiesterbindungen spaltet. Die Auswirkung von DNase-Aktivität auf reine DNA besteht also darin, daß die Doppelhelix zu einzelnen Nucleotiden abgebaut wird.



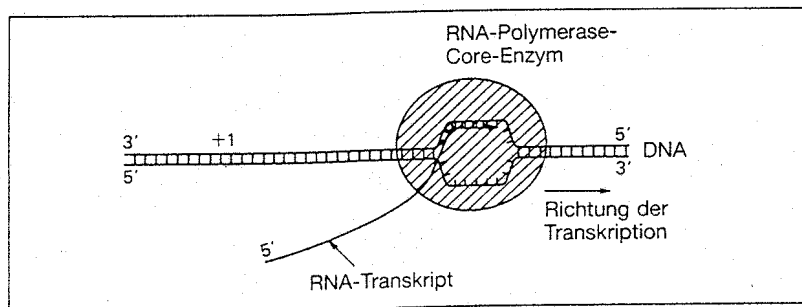
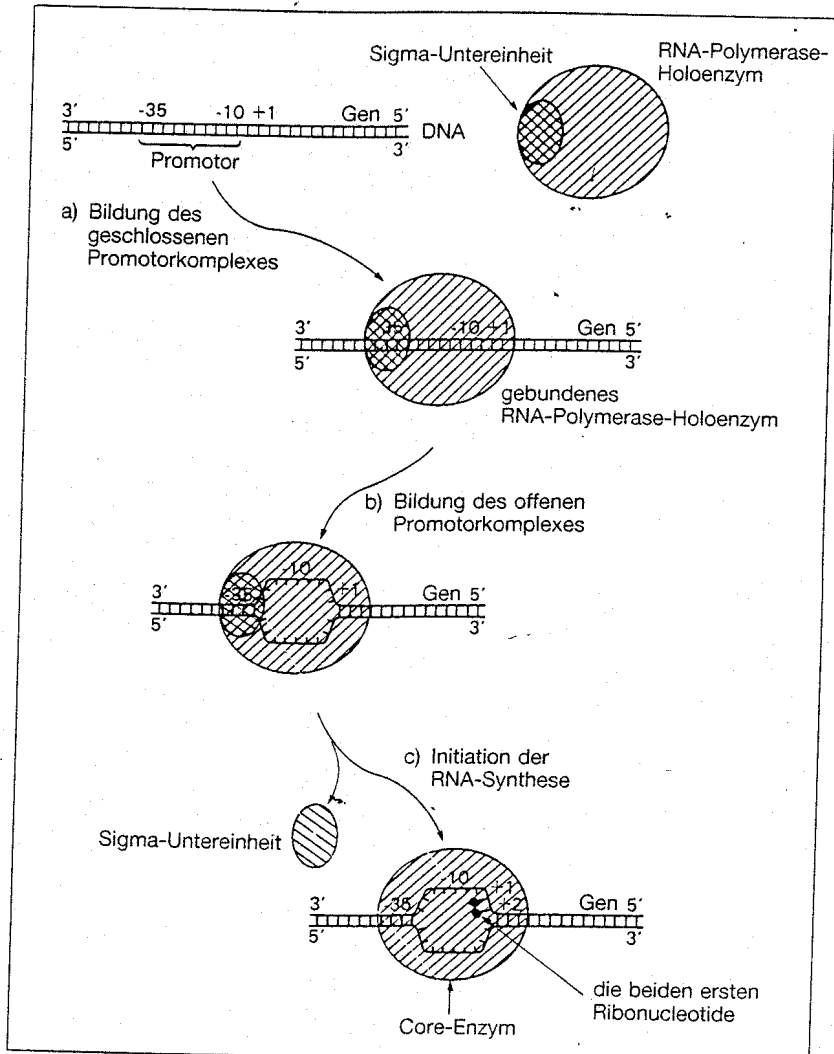
Wenn jedoch ein gereinigtes DNA-Fragment einen Promotor enthält, an den ein RNA-Polymerase-Protein gebunden ist, so sind nicht alle Phosphodiesterbindungen für den Angriff der DNase zugänglich: Einige werden durch das gebundene Enzym „geschützt“. Durch die DNase-Behandlung erhält man demnach einige wenige Mononucleotide und ein ungespaltenes DNA-Fragment. Die Größe dieses DNA-Abschnitts

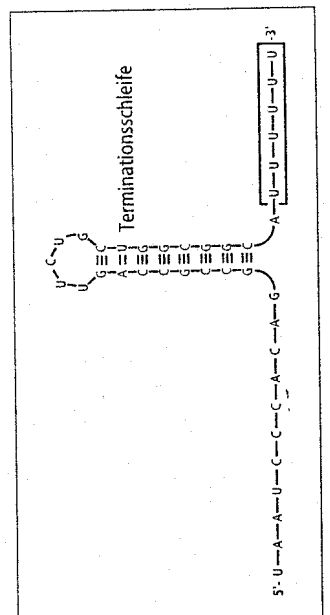
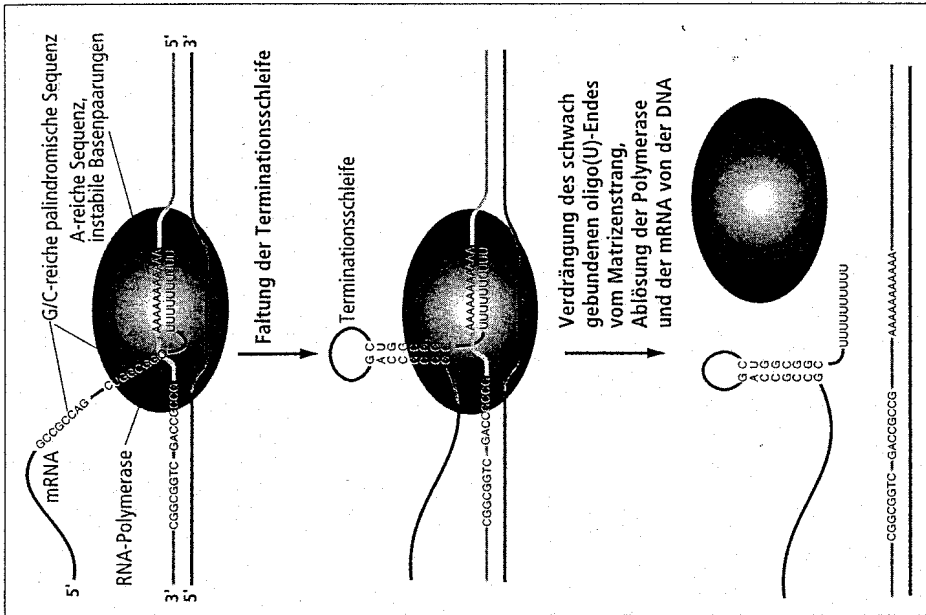
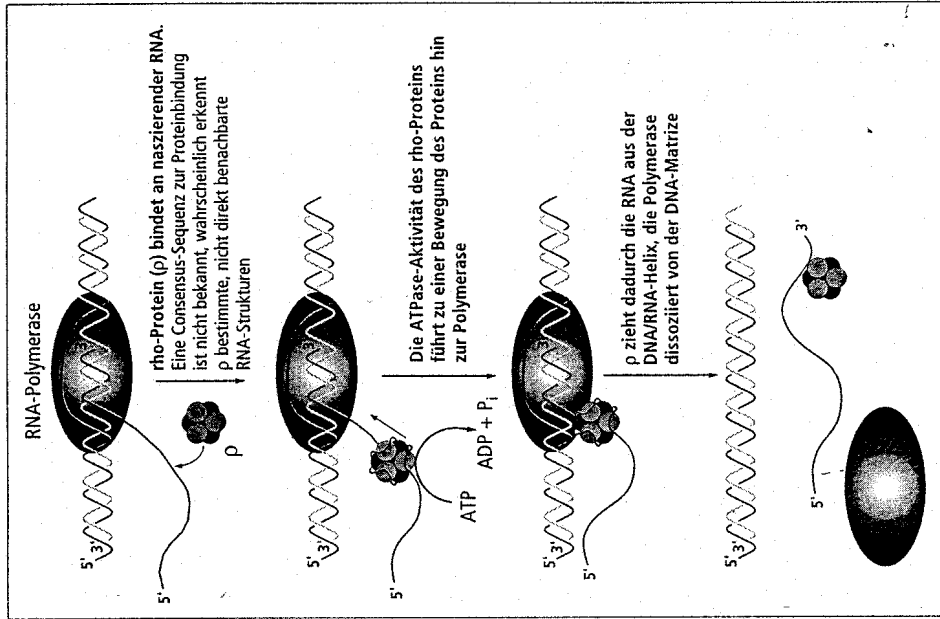
gibt Auskunft über das Ausmaß der Interaktion zwischen RNA-Polymerase und DNA: Seine Nucleotidsequenz (die man durch DNA-Sequenzierung ermitteln kann) zeigt genau, welcher Teil des Moleküls durch das Enzym geschützt ist.

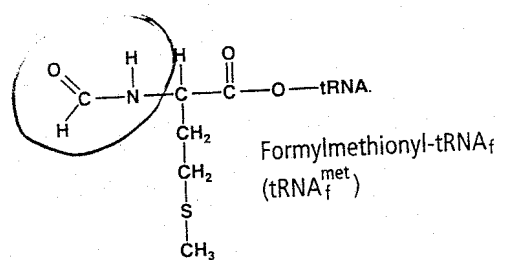
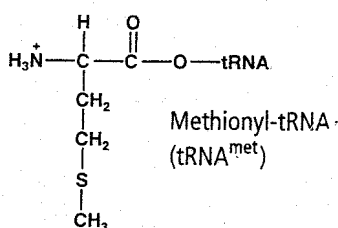
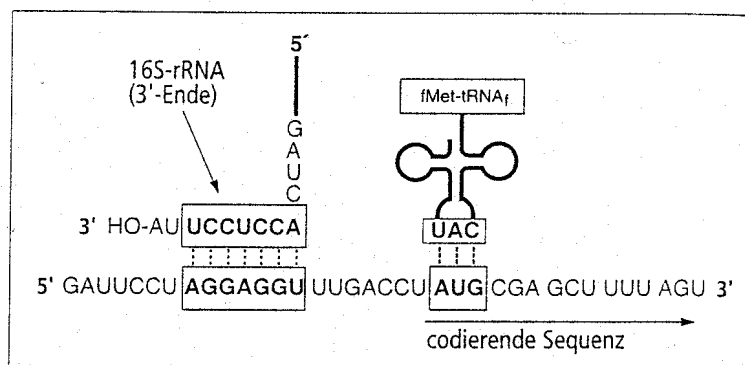
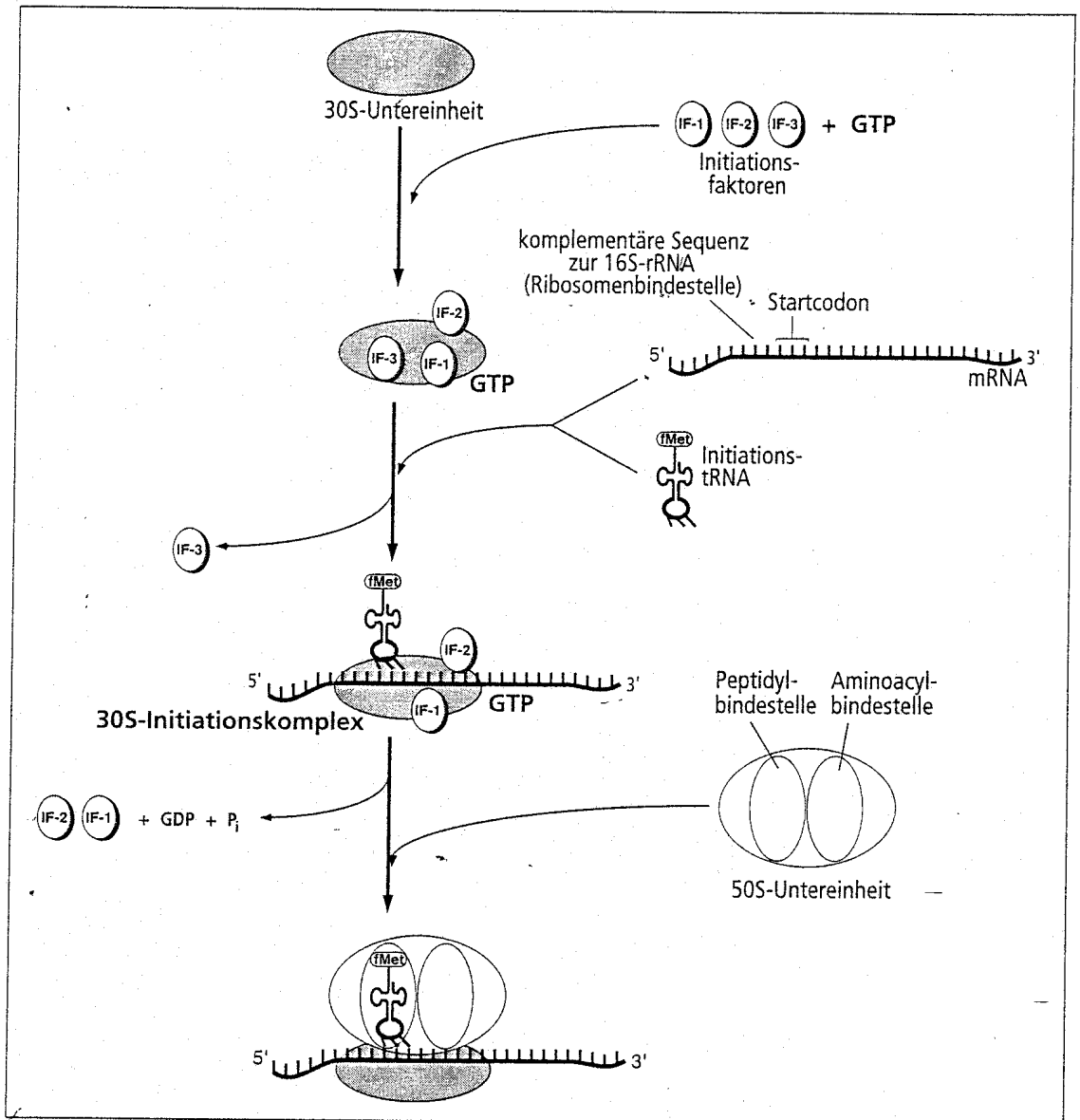


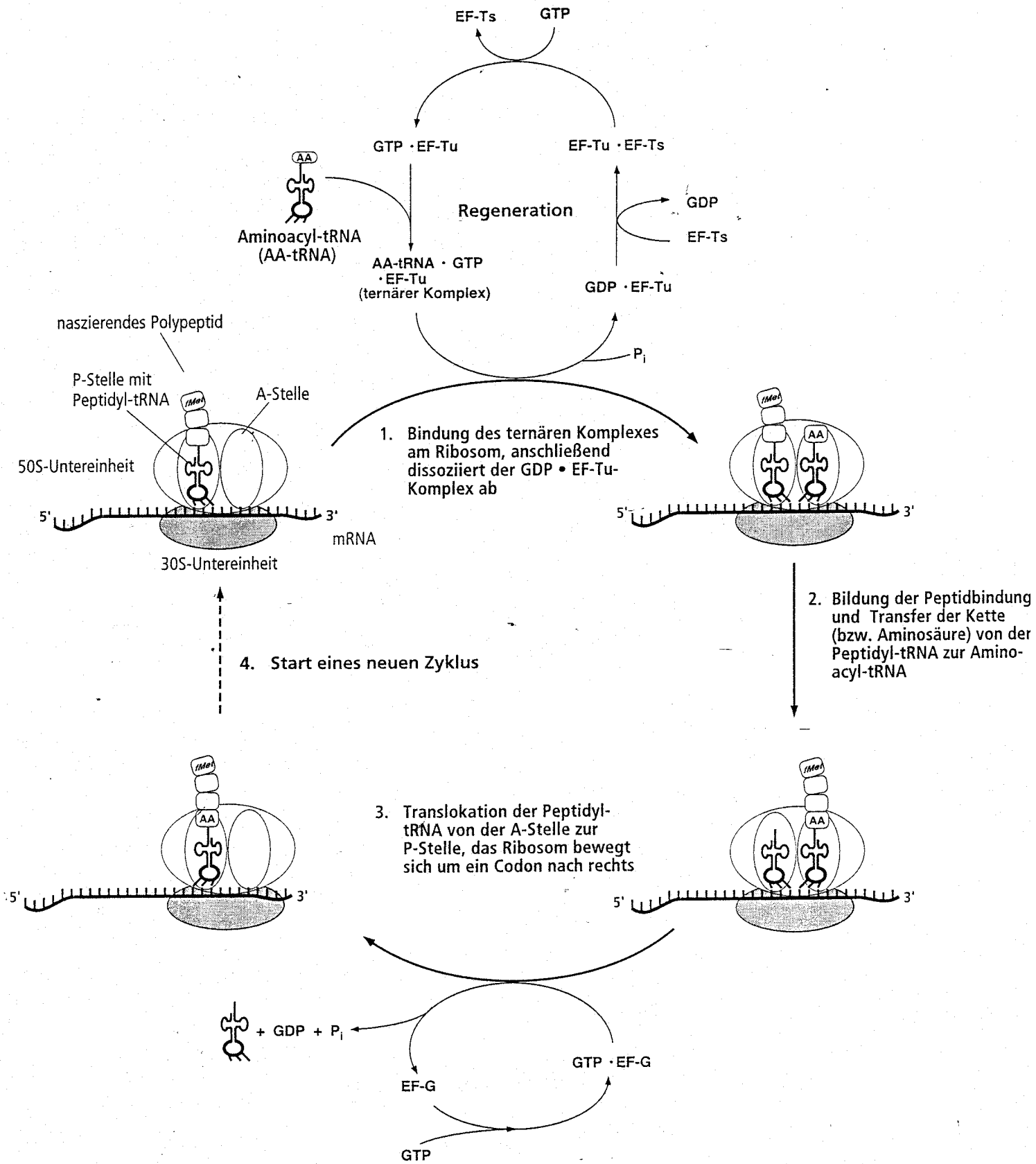
Die Ergebnisse dieser Experimente zeigen, daß die *E. coli*-Polymerase zwischen 41 und 44 bp der DNA einschließlich der -10- und der -35-Box sowie einen kleinen Abschnitt der umgebenden Sequenz abdeckt.

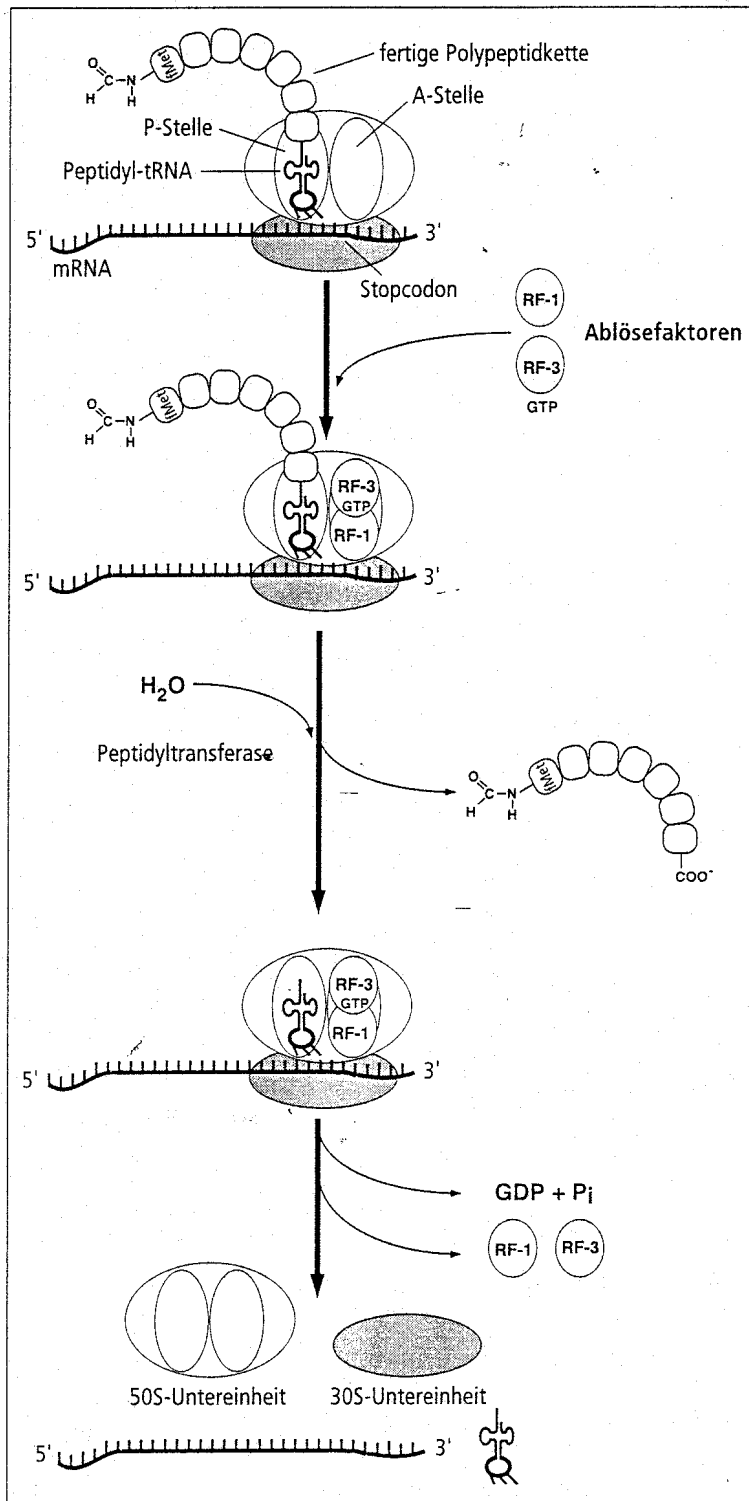
	-35 Region	16-17 Nucleotide	-10 Region (Pribnow-Box)	6-7 Nucleotide	Transkriptionsstart
( <i>lac</i> Operon)	TTTACA	~~~~~	TATGTT	~~~~~	↓
( <i>trp</i> Operon)	TTGACA	~~~~~	TTA ACT	~~~~~	
( <i>tyr</i> tRNA)	TTTACA	~~~~~	TATGAT	~~~~~	
( <i>lexA</i> )	TTGACA	~~~~~	TACGAT	~~~~~	
( <i>recA</i> )	TTGATA	~~~~~	TATAAT	~~~~~	
Consensus-Sequenz:					
~~~~~TTGACA~~~~~TATAAT~~~~~					

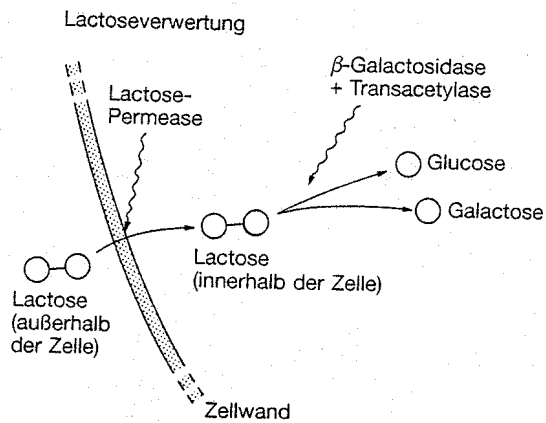
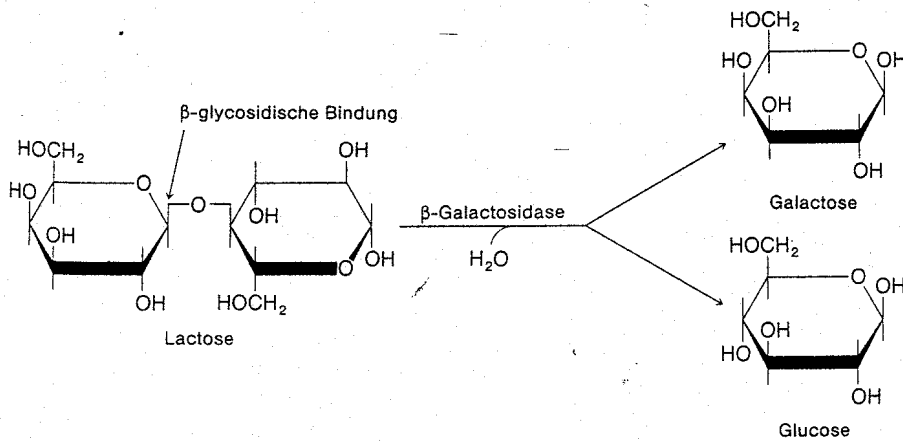
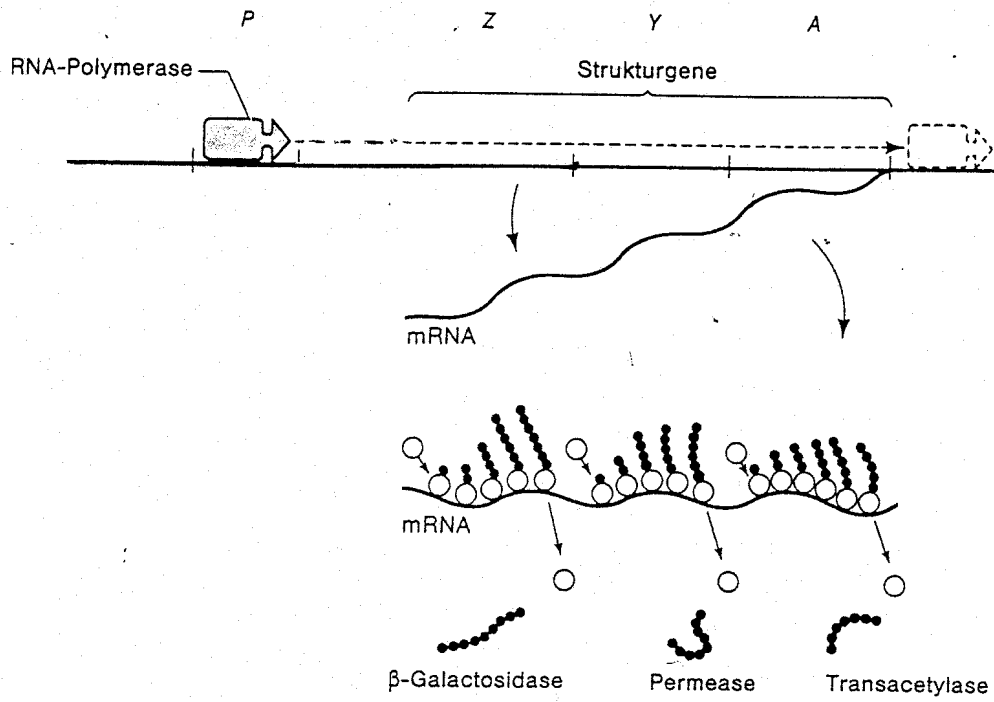




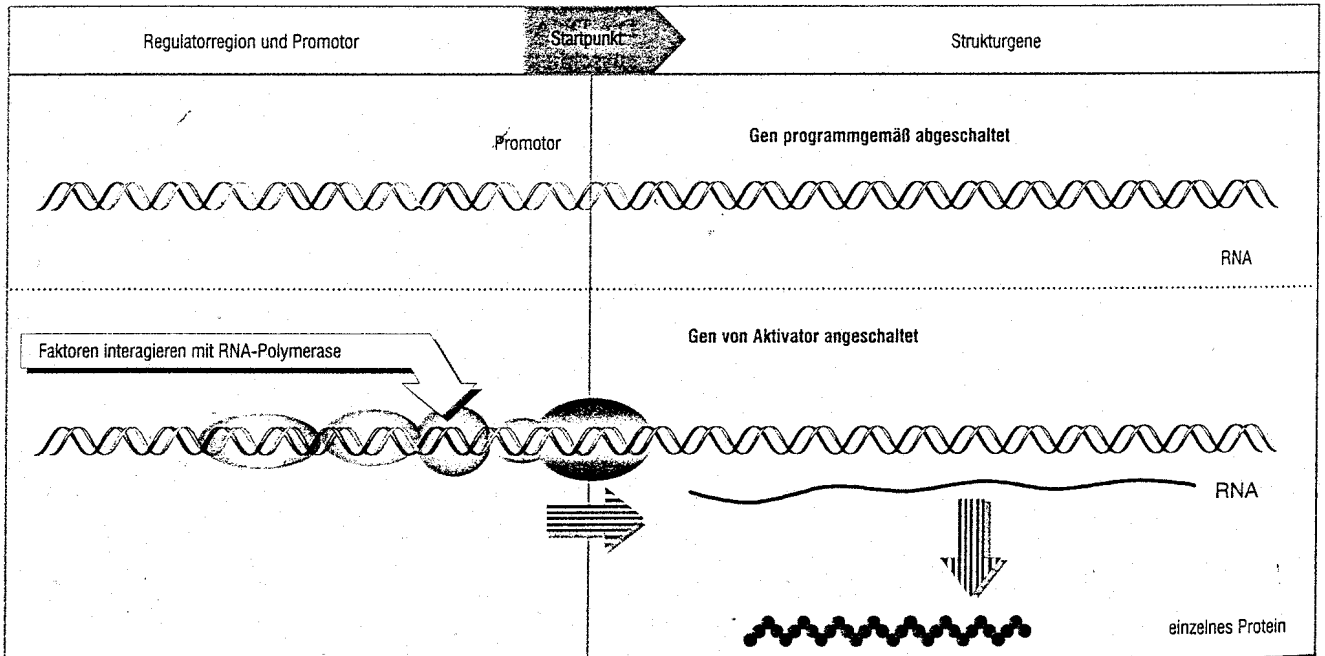
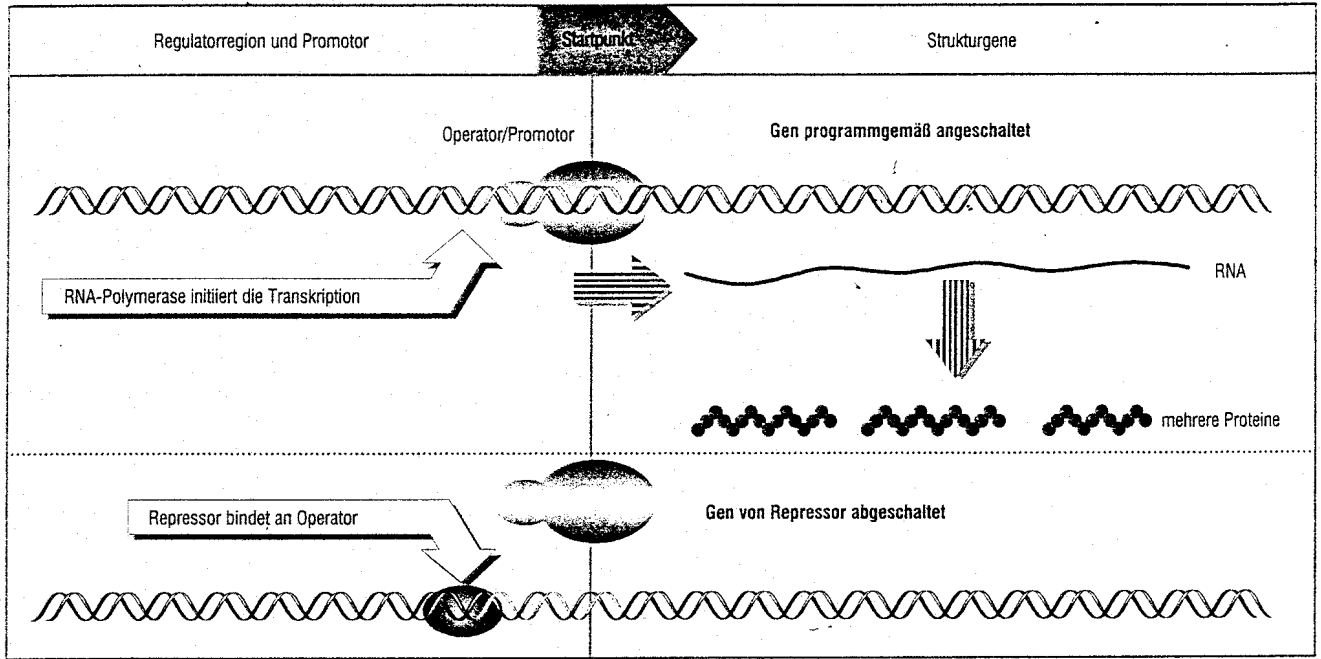


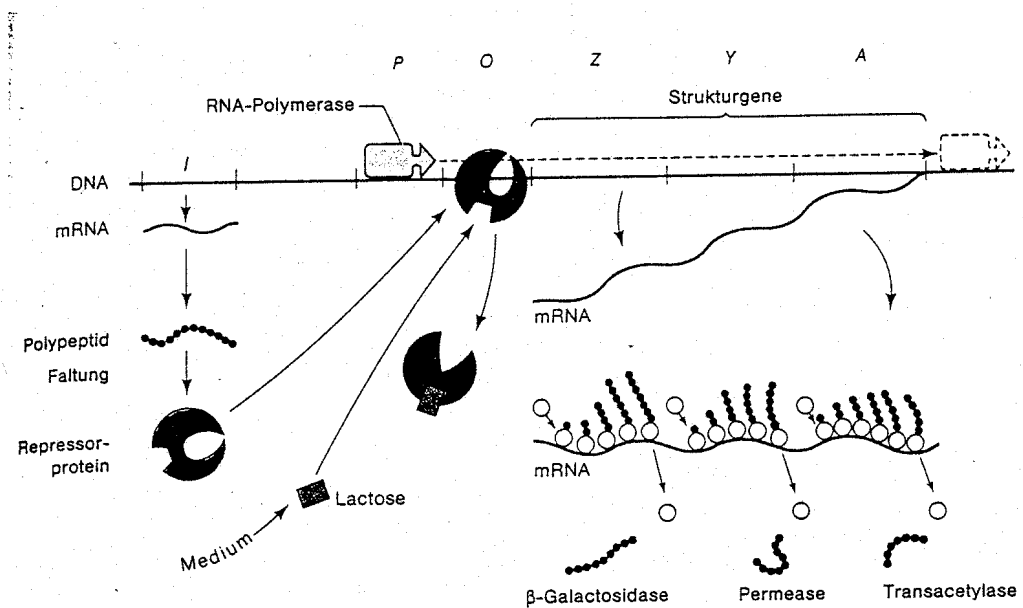
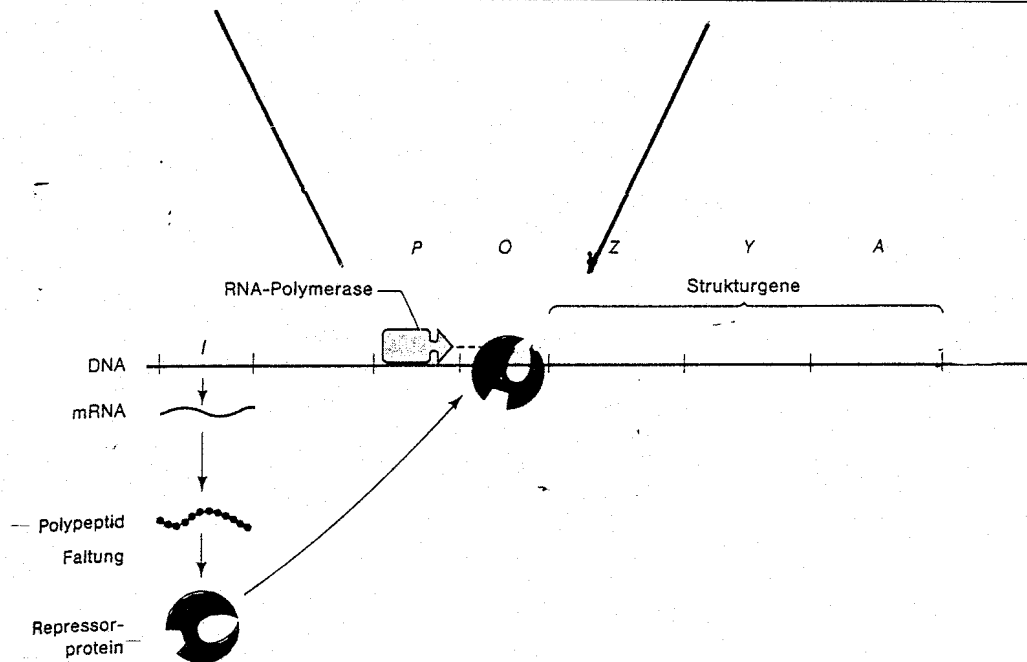
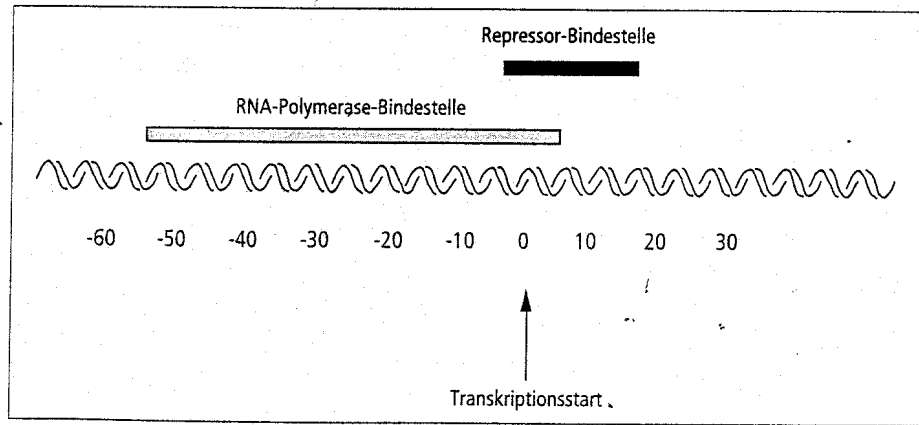










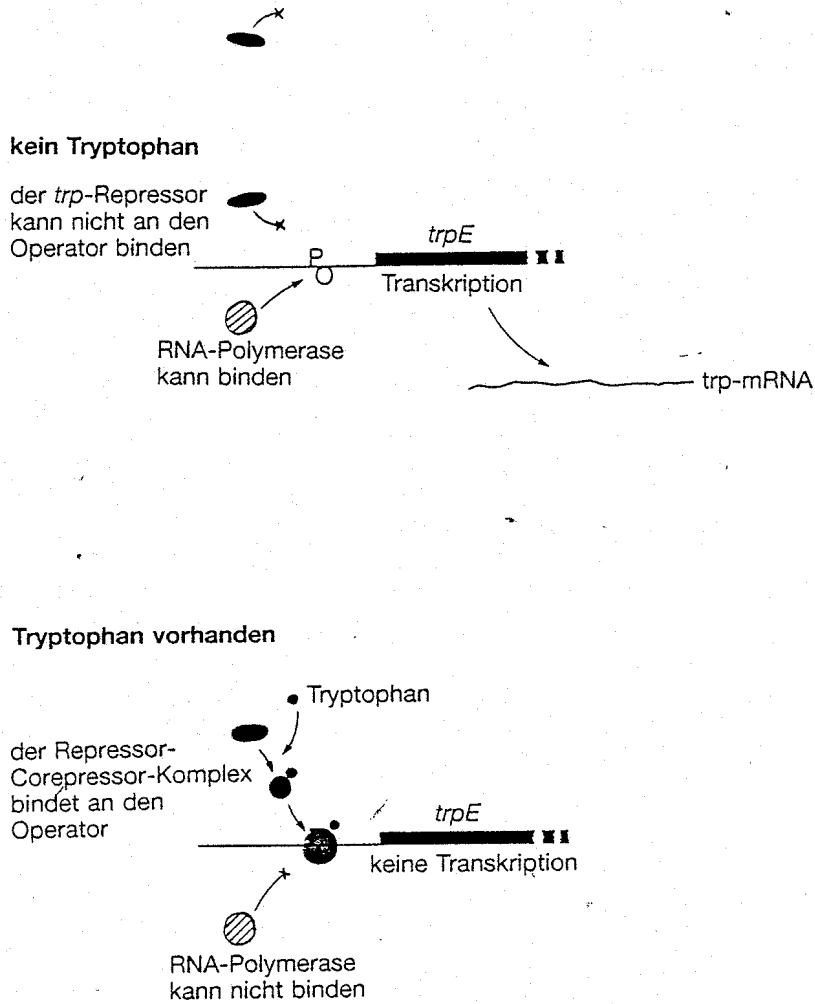


**Eigenschaften des Tryptophan-Operons**

Ein zweites Operon zeigt ein Beispiel für andere Strategien der Genregulation bei *E. coli*. Das *trp*-Operon besteht aus fünf Genen,

die an der Synthese der Aminosäure Tryptophan beteiligt sind. Die Expression des Operons wird durch den *trp*-Repressor kontrolliert, der an den *trp*-Operator bindet und damit die Transkription verhindert. In diesem Fall jedoch

kann der Repressor nicht von sich aus an den Operator binden. Die Repression des Operons erfolgt nur, wenn der *trp*-Repressor Tryptophan bindet:



Das ist natürlich völlig logisch, denn Tryptophan ist das Produkt des biochemischen Weges, den das Operon kontrolliert. Wenn kein Tryptophan vorhanden ist, werden die Enzyme für seine Synthese benötigt, und das Operon muß transkribiert werden. In Ab-

wesenheit von Tryptophan bindet der Repressor also nicht an den Operator. Auf der anderen Seite müssen die Gene ausgeschaltet werden, wenn Tryptophan vorhanden ist; in diesem Fall bindet der Repressor-Tryptophan-Komplex an den Operator und verhindert

die Transkription. Tryptophan wirkt hier als sogenannter **Corepressor**. Operons dieses Typs bezeichnet man als reprimierbar, im Gegensatz zum *lac*-Operon und anderen induzierbaren Operons.

