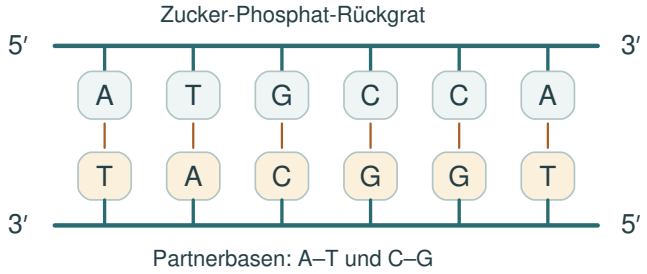
01 | WISSEN IM ZUSAMMENHANG

Wie DNA Information speichert

Eine kurze Folge aus vier Buchstaben kann im Modell viele verschiedene Reihenfolgen bilden. In der Zelle stehen diese Buchstaben für chemische Bausteine. Ihre Anordnung ermöglicht das Speichern und Weitergeben von Erbinformation.



DNA als vereinfachte Leiter: A passt zu T, C zu G. Die beiden Stränge verlaufen entgegengesetzt. Die Abfolge ist ein kurzes Lernbeispiel und zeigt einen Ausschnitt.

1 · Vier Basen bilden viele Folgen

Die **DNA** ist ein langes Molekül aus wiederkehrenden Bausteinen, den Nukleotiden. Jedes enthält einen Zucker, eine Phosphatgruppe und eine Base. Die vier Basen heißen Adenin, Thymin, Cytosin und Guanin; im Modell werden sie als A, T, C und G abgekürzt.

Zucker und Phosphat bilden das äußere Rückgrat. Die Basen bilden die veränderliche Reihenfolge. Wie bei einer Schrift hängt die Information von der Abfolge ab. Die Buchstaben sind dabei eine übersichtliche Darstellung realer Molekülgruppen.

2 · Zwei passende Stränge gehören zusammen

Die DNA liegt meist als **Doppelhelix** vor: zwei miteinander verbundene, gewundene Stränge. A paart mit T, C paart mit G. Deshalb lässt sich zu einer vorgegebenen Folge ein passender, **komplementärer** Strang ergänzen.

Beide Stränge haben entgegengesetzte Richtungen, bezeichnet als 5′ und 3′. Eine flache Leiter zeigt diese Ordnung übersichtlich. In Zellen ist DNA zusätzlich mit Proteinen organisiert. Ein nicht verdoppeltes **Chromosom** enthält ein langes DNA-Molekül und zugehörige Proteine; ein Gen ist ein funktioneller Abschnitt der Erbinformation.

3 · Vor der Teilung wird DNA kopiert

Bei der **Replikation** werden die beiden DNA-Stränge lokal getrennt. Jeder dient als Vorlage für einen neuen passenden Strang. Spezielle Enzyme bauen die neuen Nukleotide ein. Aus einem Doppelstrang entstehen zwei Doppelstränge mit jeweils einem alten und einem neu gebildeten Strang.

Auf diese Weise kann eine Zelle ihre Erbinformation vor einer Teilung verdoppeln. Kontroll- und Reparaturvorgänge unterstützen die Genauigkeit. Im Baukasten zeigt das getrennte Ergänzen beider Vorlagen die Grundidee; reale Zellen benötigen dafür viele zusammenarbeitende Moleküle.

Das gehört zusammen: Die Basenfolge speichert Information. Die Paarungsregeln ermöglichen passende Ergänzungen und damit das geordnete Kopieren der DNA.

Öffne „1 · DNA bauen“ und ergänze die Partnerbasen. Vergleiche Leiteransicht und Doppelhelix. Aktiviere danach die Vertiefung und verfolge „1 · Stränge trennen“ und „2 · Neue Stränge ergänzen“.

01 | ZUSAMMENHÄNGE VERTIEFEN

Kopieren, ohne die Information zu halbieren

Aus einer Doppelhelix werden zwei

1. Ausgangszustand
Ein DNA-Doppelstrang aus zwei alten Strängen.

→

2. Trennen und ergänzen
Jeder alte Strang erhält einen neuen komplementären Partner.

→

3. Ergebnis
Zwei Doppelstränge; jeder enthält einen alten und einen neuen Strang.

Die Folge zeigt das Prinzip der Replikation. Reale Enzyme arbeiten abschnittsweise und benötigen zusätzliche Bausteine und Energie.

Wenn die beiden DNA-Stränge getrennt werden, besitzt jeder weiterhin eine vollständige Vorlage für seinen Partner. Aus A folgt T, aus C folgt G und umgekehrt. Die **Basenpaarung** macht es deshalb möglich, aus jedem Einzelstrang wieder einen Doppelstrang aufzubauen. Die Information wird beim Kopieren nicht auf zwei unvollständige Hälften verteilt. Beide neu entstandenen Doppelstränge tragen bei fehlerfreiem Kopieren dieselbe Baseninformation. Jeder besteht aus einem alten und einem neuen Strang. Dieses Prinzip heißt **semikonservative Replikation**: Je eine Hälfte der ursprünglichen Doppelhelix bleibt erhalten.

Für ein kurzes Beispiel kannst du die Folge 3′-TAC-5′ betrachten. Ihr Partner lautet 5′-ATG-3′. Wird der Doppelstrang getrennt, dient einmal TAC und einmal ATG als Vorlage. Die neu ergänzten Partner ergeben wieder dieselben beiden zusammengehörigen Folgen. Beachte dabei die entgegengesetzten Richtungen. In lebenden Zellen öffnen Enzyme die DNA nur abschnittsweise und weitere Enzyme bauen passende Nukleotide ein. Das Modell fasst diese Zusammenarbeit stark zusammen. Zum Erklären brauchst du zunächst drei Größen: die Zahl der alten Stränge, die Zahl der neu gebildeten Stränge und die Zahl vollständiger Doppelstränge nach dem Kopieren.

DNA-Replikation und Zellteilung sind aufeinander abgestimmt. Zunächst wird die Information kopiert, danach werden die Kopien auf Tochterzellen verteilt. Kontrollmechanismen helfen, beschädigte oder unvollständig kopierte DNA zu erkennen. Manche Fehler werden repariert. Bleibt eine Änderung erhalten, kann sie bei späteren Teilungen mitkopiert werden. Hohe Genauigkeit bedeutet deshalb nicht völlige Fehlerfreiheit.

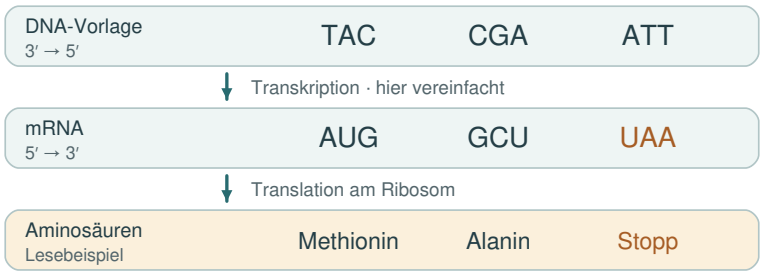
Alte und neue Stränge zählen
Vor dem Kopieren besitzt du zwei alte Einzelstränge in einer Doppelhelix. Danach gibt es weiterhin diese zwei alten Stränge und zusätzlich zwei neue. Je ein alter und ein neuer gehören zusammen. Insgesamt entstehen somit zwei vollständige DNA-Doppelstränge und nicht vier Doppelstränge.

Genau unterscheiden
Häufige Verwechslung: Nach der Replikation besteht eine Tochter-DNA nur aus alten und die andere nur aus neuen Strängen.
So stimmt es: Jede Tochter-DNA enthält einen alten und einen neu ergänzten Strang. Die passende Basenfolge des neuen Partners wird durch den alten Strang vorgegeben.

02 | WISSEN IM ZUSAMMENHANG

Von der DNA zum Protein

Eine Zelle nutzt jeweils bestimmte Teile ihrer Erbinformation. Für ein Protein entsteht zunächst eine RNA-Abschrift. Ein Ribosom liest diese Information und verbindet passende Aminosäuren miteinander.



Beispiel vom DNA-Vorlagenstrang über mRNA zur Aminosäurekette. UAA ist ein Stoppsignal. RNA-Verarbeitung und weitere Hilfsmoleküle sind im Schema zusammengefasst.

4 · Ein Gen wird als RNA abgeschrieben

Bei der **Transkription** stellt ein Enzym, die RNA-Polymerase, eine RNA nach einem DNA-Vorlagenstrang her. In der RNA steht U für Uracil an der Stelle von T. Zur DNA-Vorlage A passt daher RNA-U, zu T passt A, zu C passt G und zu G passt C.

Bei einem Gen für ein Protein entsteht eine Vorstufe der **mRNA**, der Boten-RNA. In Zellen mit Zellkern findet dieser Schritt für die Gene der Kern-DNA im Zellkern statt. Die DNA bleibt als Informationsspeicher erhalten.

5 · Die RNA wird zur passenden Arbeitskopie

Die mRNA-Vorstufe wird in tierischen und pflanzlichen Zellen weiterverarbeitet. Bestimmte Abschnitte werden herausgeschnitten und die verbleibenden miteinander verbunden. Schutz- und Erkennungselemente werden ergänzt. Danach kann die fertige mRNA den Zellkern verlassen.

Dieser Vorgang erklärt, weshalb eine kurze Modellabschrift eine starke Vereinfachung ist. Die fertige mRNA bringt eine bestimmte Information zu einem Ribosom. Andere RNA-Arten übernehmen eigene Aufgaben: tRNA transportiert Aminosäuren; rRNA bildet einen wesentlichen Bestandteil der Ribosomen.

6 · Dreiergruppen werden übersetzt

Bei der **Translation** liest das Ribosom die mRNA in Dreiergruppen. Eine solche Gruppe heißt **Codon**. Passende tRNAs liefern die zugehörigen Aminosäuren. Das Ribosom verknüpft sie zu einer Kette.

Das Startcodon AUG legt im üblichen Modell den Beginn fest. Stoppcodons beenden die Übersetzung. Mehrere verschiedene Codons können für dieselbe Aminosäure stehen. Im Beispiel AUG - GCU - UAA entstehen Methionin und Alanin; UAA beendet den Vorgang. Eine kurze Lernkette zeigt die Zuordnung, während reale Proteine meist deutlich länger sind.

Das gehört zusammen: Transkription überträgt DNA-Information auf RNA. Translation ordnet den mRNA-Codons Aminosäuren zu und verknüpft sie zu einer Kette.

Öffne in der Vertiefung „2 · RNA erstellen“ und ergänze die RNA zur DNA-Vorlage. Gehe dann zu „3 · Protein bilden“ und verfolge die Codons einzeln.

02 | ZUSAMMENHÄNGE VERTIEFEN

Von einer Buchstabenfolge zu einer Bausteinfolge

Ein kurzes Übersetzungsbeispiel

1. DNA-Vorlage · 3′ → 5′
TAC - CGA - ATT

→

2. mRNA · 5′ → 3′
AUG - GCU - UAA

→

3. Aminosäurekette
Methionin - Alanin; danach beendet UAA die Translation.

Das kurze Beispiel beschreibt nur einen Modellabschnitt. Die mRNA-Verarbeitung und viele Steuerungssignale sind nicht gezeigt.

Beim Übergang von DNA zu RNA bleibt die Art der Information ähnlich: Eine Folge von Basen bestimmt eine weitere Basenfolge. Für die **Translation** wird dagegen ein anderer Code gelesen. Je drei RNA-Basen stehen für eine Aminosäure oder ein Stoppsignal. Es gibt vier mögliche RNA-Basen. Für drei Positionen ergeben sich 4 · 4 · 4 = 64 mögliche Codons. Weil wesentlich weniger verschiedene Standardaminosäuren verwendet werden, können mehrere Codons dieselbe Aminosäure bezeichnen. Ein Codon wird im üblichen genetischen Code trotzdem eindeutig gelesen: Es bezeichnet jeweils eine bestimmte Aminosäure oder Stopp.

Auch die **Leserichtung und der Beginn** sind wichtig. Im Modell beginnt das Ribosom bei AUG und liest von 5′ nach 3′. Danach werden die Basen in aufeinanderfolgende Dreiergruppen eingeteilt. Ein Stoppcodon fügt keine zusätzliche Aminosäure an, sondern beendet die Übersetzung. Die mRNA liefert also eine Anweisung, die mit passenden tRNAs und dem Ribosom umgesetzt wird. Die Aminosäuren stammen aus dem Vorrat der Zelle. Wenn du RNA-Basen und Aminosäuren im Bild unterscheidest, erkennst du den Wechsel zwischen Informationsspeicher, Arbeitskopie und neu aufgebautem Molekül.

tRNA und mRNA haben verschiedene Aufgaben. Die mRNA enthält die zu lesende Codonfolge. Eine tRNA trägt eine bestimmte Aminosäure und besitzt ein passendes Anticodon, das an das Codon bindet. Das Ribosom bringt diese Partner zusammen und verknüpft die Aminosäuren. Es liest also keine fertigen Proteine aus der DNA heraus, sondern ermöglicht deren schrittweisen Aufbau.

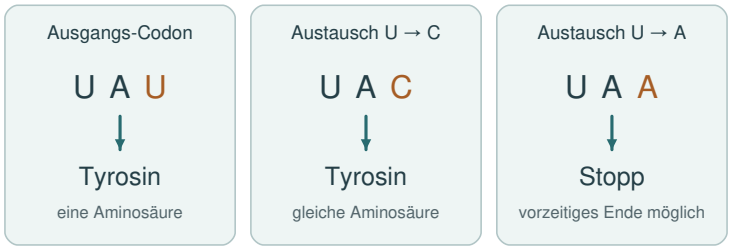
Das Stoppsignal mitzählen?
Die mRNA AUG-GCU-UAA besitzt drei Codons. Trotzdem entstehen in diesem Beispiel nur zwei Aminosäuren: Methionin und Alanin. Das dritte Codon steht für Stopp. Beim Vergleichen von Codonzahl und Kettenlänge musst du deshalb prüfen, ob ein Stoppsignal enthalten ist.

Genau unterscheiden
Häufige Verwechslung: Jedes Codon fügt eine Aminosäure hinzu.
So stimmt es: Die meisten Codons stehen für eine Aminosäure. UAA, UAG und UGA sind im üblichen Code Stoppsignale. Sie beenden die Translation, ohne eine Aminosäure anzufügen.

03 | WISSEN IM ZUSAMMENHANG

Wie Information eine Wirkung bekommt

Ein Protein kann als Enzym einen Stoff umwandeln oder als Kanal Teilchen durch eine Membran lassen. Damit wird verständlich, wie eine Basenfolge über mehrere Schritte eine Eigenschaft der Zelle beeinflusst.



Zwei mRNA-Codons können dieselbe Aminosäure festlegen; ein anderer Austausch erzeugt ein Stoppsignal. Die Beispiele zeigen mögliche Folgen einzelner Basenänderungen in einem vereinfachten Ausschnitt.

7 · Die Form ermöglicht eine Aufgabe

Eine Aminosäurekette faltet sich zu einer räumlichen Struktur. Die Reihenfolge und Eigenschaften ihrer Bausteine wirken dabei zusammen. Manche Proteine bestehen aus mehreren verbundenen Ketten oder werden nach der Herstellung weiter verändert.

Ihre Form ermöglicht passende Kontakte zu anderen Molekülen. Ein Enzym bindet bestimmte Ausgangsstoffe und erleichtert deren Umsetzung. Ein Membranprotein kann einen Transportweg bilden. So verbindet sich die Information aus einem Gen mit einem konkreten Vorgang. Auch Bedingungen wie Temperatur und Umgebung beeinflussen die Struktur und Wirkung.

8 · Änderungen haben verschiedene Folgen

Eine dauerhafte Veränderung der DNA-Sequenz heißt **Mutation**. Beispielsweise kann eine Base ausgetauscht, eingefügt oder entfernt werden. Manche Veränderungen beeinflussen die Aminosäurefolge, andere lassen sie gleich. Ein Austausch kann auch ein neues Stoppsignal erzeugen.

Wird innerhalb eines übersetzten Abschnitts eine einzelne Base eingefügt oder entfernt, kann sich die Gruppierung aller folgenden Codons verschieben. Welche Wirkung entsteht, hängt vom Ort und von der Veränderung ab. Viele Fehler werden repariert; erhaltene Veränderungen liefern zugleich neue genetische Varianten.

9 · Zellen nutzen Information unterschiedlich

Verschiedene Zelltypen eines Körpers besitzen weitgehend dieselbe DNA. Sie nutzen jedoch unterschiedliche Gene und stellen dadurch unterschiedliche Mengen bestimmter Proteine her. Diese Steuerung heißt **Genregulation**. Signale und Entwicklungsabläufe beeinflussen, welche Informationen gerade benötigt werden.

Eine Erklärung verbindet deshalb mehrere Ebenen: Basenfolge → RNA → Aminosäurefolge → räumliche Form → Wirkung. Zwischen diesen Schritten liegen zusätzliche Regelungen. Wer eine Mutation untersucht, vergleicht zunächst die Folgen im Molekülmodell und danach mögliche Auswirkungen auf die Zelle.

Das gehört zusammen: Eine Basenfolge wirkt über RNA, Proteinstruktur und Zellvorgänge. Genregulation und Umgebung bestimmen mit, wann und wie diese Wirkung sichtbar wird.

Fachbücher und Quellen stehen auf Seite 7. Die Onlinefassung verlinkt außerdem die passenden Lehrbuchkapitel.

03 | ZUSAMMENHÄNGE VERTIEFEN

Eine Änderung verfolgen, ohne ihre Folgen zu überschätzen

Eine Mutation auf mehreren Ebenen prüfen

1. DNA und RNA
Welche Base wurde ersetzt und welches Codon entsteht?

→

2. Aminosäurefolge
Bleibt sie gleich, ändert sie sich oder endet sie früher?

→

3. Proteinfunktion
Mögliche Folgen müssen zusätzlich untersucht werden.

Die ersten beiden Ebenen sind im Modell vergleichbar. Eine sichere Vorhersage über Gesundheit oder andere Merkmale folgt daraus nicht automatisch.

Bei einer Mutation gehst du **Ebene für Ebene** vor. Zuerst vergleichst du die DNA-Basen. Danach bestimmst du die veränderte RNA und teilst sie in Codons ein. Erst dann vergleichst du die Aminosäurefolge. Ein Basenaustausch kann die Folge unverändert lassen, weil verschiedene Codons dieselbe Aminosäure bedeuten. In einem anderen Fall wird eine Aminosäure ersetzt oder ein Stoppsignal erzeugt. Fehlt nach einer Änderung das Startcodon im gezeigten Abschnitt, beginnt dort keine normale Übersetzung. Diese unterschiedlichen Ergebnisse lassen sich nicht allein aus der Aussage „eine Base wurde geändert“ vorhersagen.

Selbst eine veränderte Aminosäurefolge erlaubt noch keine sichere Aussage über einen ganzen Organismus. Entscheidend ist unter anderem, ob sich Faltung, Stabilität oder Funktion des Proteins verändern. Manche Stellen sind für die Aufgabe besonders wichtig, andere vertragen bestimmte Änderungen. Außerdem kommt es darauf an, in welchen Zellen das Gen genutzt wird und welche weiteren Faktoren mitwirken. Das Werkstattmodell zeigt zunächst **molekulare Möglichkeiten**, keine Diagnose. Vergleiche daher das, was tatsächlich sichtbar ist, und trenne es von einer möglichen Folge. Die Formulierung „Die Aminosäurefolge verändert sich“ ist genauer als die unbelegte Behauptung „Das Lebewesen wird krank“.

Ob eine Veränderung an Nachkommen weitergegeben werden kann, hängt auch vom betroffenen Zelltyp ab. Eine Mutation in einer Körperzelle betrifft zunächst diese Zelle und ihre Tochterzellen. Veränderungen in der **Keimbahn** können dagegen über Ei- oder Samenzellen an die nächste Generation gelangen. Vererbbare neue Varianten entstehen somit auf molekularer Ebene und wirken über viele Zellvorgänge weiter.

Gleiche Aminosäure trotz Änderung
GCU und GCC stehen beide für Alanin. Ändert sich ein passendes RNA-Codon von GCU zu GCC, bleibt an dieser Stelle die Aminosäure gleich. Bei einer Änderung zu GUU stünde dort Valin. Erst die konkrete Folge zeigt, welche der beiden Situationen vorliegt.

Genau unterscheiden
Häufige Verwechslung: Jeder Basenaustausch verändert ein Merkmal sichtbar.
So stimmt es: Ein Austausch kann die Aminosäurefolge unverändert lassen. Selbst bei veränderter Folge hängen Auswirkungen von der Proteinaufgabe, der betroffenen Stelle und weiteren Bedingungen ab.

Wissen anwenden und weiterdenken

Drei ergänzende Entdeckeraufträge. Erkläre deine Beobachtungen mit den Zusammenhängen aus dem Wissenstext.

1 · 1 · DNA bauen

Ausprobieren: Ergänze im Bereich „1 · DNA bauen“ die Partnerbasen. Öffne für den Kopiervorgang die Vertiefung und nutze „1 · Stränge trennen“, danach „2 · Neue Stränge ergänzen“.

Beobachten: Verfolge die Beschriftungen „alter“ und „neuer“ Strang in beiden Doppelsträngen.

Erklären: Warum kann jeder der beiden alten Stränge als Vorlage dienen?

Modellgrenze: Das kurze Modell zeigt das Kopierprinzip; Enzyme, Reparatur, Energiebedarf und abschnittsweiser Aufbau sind zusammengefasst.

2 · 3 · Protein bilden

Ausprobieren: Erstelle in der Vertiefung unter „2 · RNA erstellen“ die RNA. Wechsle zu „3 · Protein bilden“ und klicke mehrmals „Nächstes Codon lesen“.

Beobachten: Vergleiche bei jedem Schritt das gelesene Codon mit der Länge der Aminosäurekette.

Erklären: Was passiert beim Stoppsignal, obwohl noch ein Codon gelesen wird?

Modellgrenze: Die sehr kurze Modellkette zeigt die Zuordnung. RNA-Verarbeitung und die spätere räumliche Faltung des Proteins sind zusammengefasst.

3 · 3 · Protein bilden

Ausprobieren: Öffne in der Vertiefung unter „3 · Protein bilden“ den Abschnitt „Mutation untersuchen“. Wähle Position und neue DNA-Base und klicke „Base austauschen“. Vergleiche mit „Original“.

Beobachten: Suche sowohl eine Änderung der Aminosäurefolge als auch eine Änderung ohne neue Aminosäure. Stelle dazwischen das Original wieder her.

Erklären: Welche Aussage lässt sich direkt am Modell belegen, welche benötigt weitere Untersuchungen?

Modellgrenze: Der Baukasten vergleicht kurze Sequenzen. Er berechnet weder Proteinfaltung noch Erkrankungsrisiken oder den Einfluss der Umgebung.

Interaktive Werkstatt öffnen →

Fachliche Quellen und weiterführende Literatur

Biology 2e

Campbell Biologie · Gymnasiale Oberstufe

MedlinePlus Genetics · Genvarianten