

Übung "Statistische Aspekte der Analyse molekularbiologischer und genetischer Daten"

Inhaltsverzeichnis

1	Übung 1: Biologische Grundlagen – Teil 1	1
1.1	Aufgabe 1	1
1.2	Aufgabe 2	1
1.3	Aufgabe 3	1
1.4	Aufgabe 4	1
1.5	Aufgabe 5	2
1.6	Aufgabe 6	4
2	Übung 2	5

1 Übung 1: Biologische Grundlagen – Teil 1

1.1 Aufgabe 1

- zu a: siehe Codonsonne¹
AUG (ATG) als Startcodon, UGA (TGA) als Stopcodon
5' - ATG GTT AAA CAC GTG CAC GAG TGA - 3'
3' - TAC CAA TTT GTG CAC GTG CTC ACT - 5'
- zu b:
5' - AUG GUU AAA CAC GUG CAC GAG UGA - 3'
- zu c: tRNA für Valin, Lysin, Histidin, Valin, Glutamin, Glutaminsäure
- zu d:

1.2 Aufgabe 2

1.3 Aufgabe 3

- E. coli: $4,6 \cdot 10^6$ Basen, 4500 Gene
- Bäckerhefe: $2 \cdot 10^7$ Basen, 6000 Gene
- Ackerschmalwand: 10^8 Basen, 25500 Gene
- Fruchtfliege (Drosophila Melanogaster): $2 \cdot 10^8$ Basen, 13500 Gene
- Menschen: $3,27 \cdot 10^9$ Basen, 23000 Gene

1.4 Aufgabe 4

- SNP²:
 - Single Nucleotide Polymorphism - Einzelnukleotid-Polymorphismus
 - Variation eines einzelnen Basenpaares in einem DNA-Strang
 - SNPs sind geerbte und vererbte genetische Varianten. Begrifflich davon abzugrenzen ist der Begriff der Mutation, der in der Regel eine neu aufgetretene Veränderung bezeichnet
 - Laktosetoleranz: durch einen SNP im Intron des Gens mcm6 entwickelt, welches 5' von LCT(Lactase) liegt
- CNV³:

¹<https://de.wikipedia.org/wiki/Code-Sonne>

²<https://de.wikipedia.org/wiki/Einzelnukleotid-Polymorphismus>

³https://de.wikipedia.org/wiki/Gene_copy_number_variants

- Copy number variation - Kopienzahlvariation
- struktureller Variation des Erbguts, die Abweichungen der Anzahl der Kopien eines bestimmten DNA-Abschnittes innerhalb eines Genoms erzeugt
- Chromosomen-Mutationen⁴:
 - strukturelle Veränderung eines Chromosoms, 5 Arten
 - Deletion: Ein Teilstück des Chromosoms (Endstück oder mittlerer Abschnitt) geht verloren
 - Translokation: Chromosomen können auseinanderbrechen und dabei Teilstücke verlieren, welche in die Chromatide eines anderen Chromosoms angeheftet werden
 - Duplikation: Ein Abschnitt des Chromosoms ist doppelt vorhanden, da ein auseinandergebrochenes Teilstück in die Schwesterchromatide eingegliedert wurde
 - Inversion: Innerhalb eines Chromosoms kann sich nach einem doppelten Bruch ein Stück wieder umgekehrt einfügen
 - Insertion (auch: Addition): Hier besitzt ein Chromosom ein zusätzliches Teilstück

1.5 Aufgabe 5

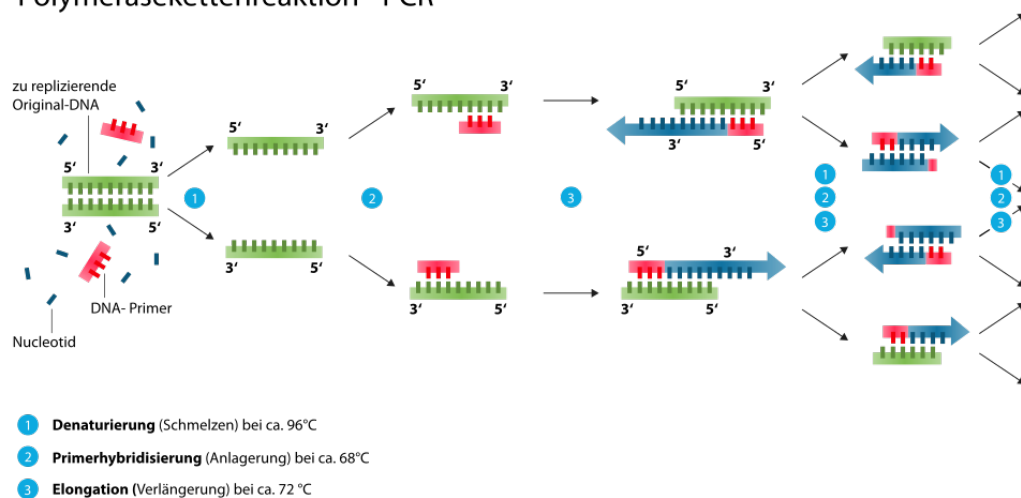
- PCR⁵: Polymerase-Kettenreaktion (polymerase chain reaction)
- Prozess besteht aus etwa 20–50 Zyklen, jeder Zyklus besteht aus drei Schritten
 1. Denaturierung (Melting, Schmelzen): Zunächst wird die doppelsträngige DNA auf 94–96 °C erhitzt, um die Stränge zu trennen. Die Wasserstoffbrückenbindungen, die die beiden DNA-Stränge zusammenhalten, werden aufgebrochen. Im ersten Zyklus wird die DNA oft für längere Zeit erhitzt (Initialisierung), um sicherzustellen, dass sich sowohl die Ausgangs-DNA als auch die Primer vollständig voneinander getrennt haben und nur noch Einzelstränge vorliegen. Manche (sogenannte Hot-Start-) Polymerasen müssen durch eine noch längere anfängliche Erhitzungsphase (bis zu 15 Minuten) aktiviert werden. Danach wird schnell auf 65 °C abgekühlt, um die Rückbildung der Doppelhelix zu verhindern.

⁴<https://de.wikipedia.org/wiki/Chromosomenmutation>

⁵<https://de.wikipedia.org/wiki/Polymerase-Kettenreaktion>

2. Primerhybridisierung (primer annealing): Die Temperatur wird ca. 30 Sekunden lang auf einem Wert gehalten, der eine spezifische Anlagerung der Primer an die DNA erlaubt. Die genaue Temperatur wird hierbei durch die Länge und die Sequenz der Primer bestimmt (bzw. der passenden Nukleotide im Primer, wenn durch diesen Mutationen eingeführt werden sollen = site-directed mutagenesis). Wird die Temperatur zu niedrig gewählt, können sich die Primer unter Umständen auch an nicht hundertprozentig komplementären Sequenzen anlagern und so zu unspezifischen Produkten („Geisterbanden“) führen. Wird die Temperatur zu hoch gewählt, ist die thermische Bewegung der Primer u. U. so groß, dass sie sich nicht richtig anheften können, so dass es zu gar keiner oder nur ineffizienter Produktbildung kommt. Die Temperatur, welche die beiden oben genannten Effekte weitgehend ausschließt, liegt normalerweise 5–10 °C unter dem Schmelzpunkt der Primersequenzen; dies entspricht meist einer Temperatur von 55 bis 65 °C.
3. Elongation (Extending, Polymerisation, Verlängerung, Amplifikation): Schließlich füllt die DNA-Polymerase die fehlenden Stränge mit freien Nukleotiden auf. Sie beginnt am 3'-Ende des angelagerten Primers und folgt dann dem DNA-Strang. Der Primer wird nicht wieder abgelöst, er bildet den Anfang des neuen Einzelstrangs. Die Temperatur hängt vom Arbeitsoptimum der verwendeten DNA-Polymerase ab (68–72 °C). Dieser Schritt dauert etwa 30 Sekunden je 500 Basenpaare, variiert aber in Abhängigkeit von der verwendeten DNA-Polymerase. Übliche Thermocycler kühlen die Reaktionsansätze nach Vollendung aller Zyklen auf 4–8 °C, so dass eine PCR am Abend angesetzt werden kann und die Proben am Morgen darauf weiterverarbeitet werden können.

Polymerasekettenreaktion - PCR



zu amplifizierende Sequenz:

5'ACCGCGGCTT AGGAAAXXX XXXXXCCCG GGGCGTATGC TGACGG3'
3'-CGAA TCCTTT-5' 3'-GGGC CCCGCA-5'

1.6 Aufgabe 6

Didesoxymethode nach Sanger⁶:

- Didesoxynukleotide weil: wird als Stopp-Nukleotiden benutzt, an Ribose (Zucker) an Position 2' und 3' desoxidiert ist. Dadurch fehlt am 3'-Kohlenstoff-Atom die Hydroxygruppe, an der bei der Polymerisation das nächste Nukleotid angehängt wird.
- auch Desoxynukleotide weil: sonst funktioniert die Verlängerung nicht
- Ergebnis nur Didesoxynukleotide: es gibt keine Verlängerung

nur Didesoxynukleotide

⁶https://de.wikipedia.org/wiki/DNA-Sequenzierung#Didesoxymethode_nach_Sanger

2 Übung 2