

AUFGABEN Alternatives RNA-Spleißen

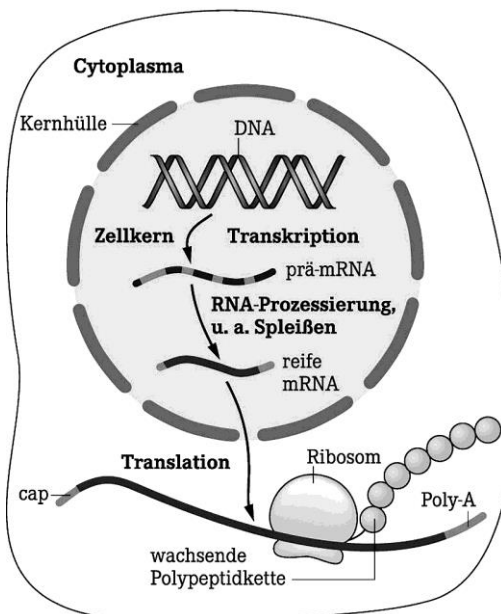
M1 Information

Bei Eukaryoten bestehen Gene aus codierenden Abschnitten, den Exons, sowie aus nichtcodierenden Bereichen, den Introns. Beide Abschnitte werden zunächst in eine prä-mRNA transkribiert. Die Introns werden im Laufe der Prozessierung der prä-

mRNA herausgeschnitten und die Exons miteinander verbunden. Dieser Vorgang wird als Spleißen bezeichnet.

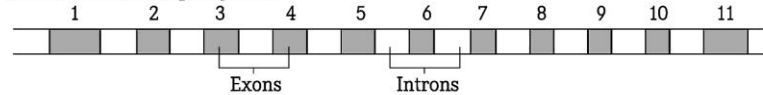
Gewinnt man die reife mRNA eines bestimmten Gens aus verschiedenen Geweben und analysiert sie, stellt

man häufig deutliche Sequenzunterschiede fest. Die Abbildung zeigt die Ergebnisse einer solchen Analyse für das Tropomyosin-Gen, das für ein Strukturprotein codiert.

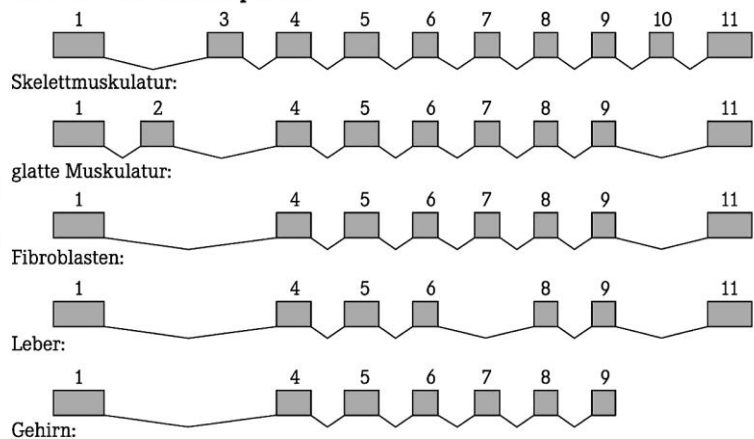


Karnath, Brigitte

Prä-mRNA für Tropomyosin:

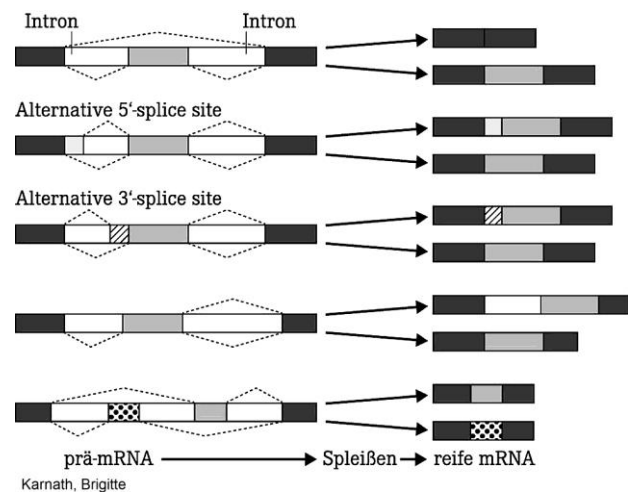


Reife mRNA nach dem Spleißen:



M2 Formen alternativen RNA-Spleißens

Erst während des Spleißens wird festgelegt, welche Sequenzen aus der prä-mRNA herausgeschnitten werden. Dafür verantwortlich sind Proteine, die bestimmte Sequenzen an den Grenzen von codierenden und nichtcodierenden Abschnitten erkennen, an denen die prä-mRNA variabel geschnitten wird. Die Grenze zwischen Exon und Intron wird auch als splice site bezeichnet. Jedes Intron besitzt zwei Sequenzbereiche, die für das Spleißen von Bedeutung sind: die 5'-splice site und die 3'-splice site. Beim alternativen RNA-Spleißen können die verschiedenen Formen in der nebenstehenden Abbildung unterschieden werden.



Karnath, Brigitte

- 1 Erklären Sie anhand von M1 den Prozess des alternativen RNA-Spleißens.
- 2 Beschreiben Sie anhand von M2 die verschiedenen Formen alternativen RNA-Spleißens und ordnen Sie das Beispiel aus M1 einer dieser Formen zu.
- 3 Nehmen Sie Stellung zu folgender Aussage: „Durch alternatives Spleißen erhöht sich die genetische Variabilität.“