

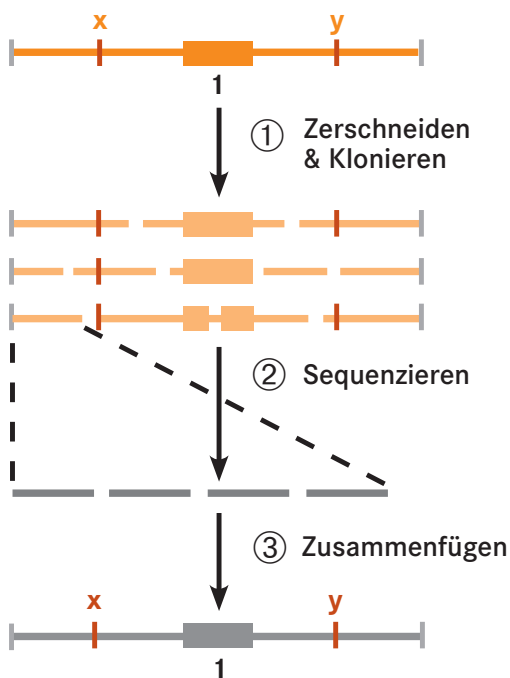
LÖSUNGEN

LERNKONTROLLE – Modul 2

A wie ... Ankreuzen!

- 1.) **Welche gentechnischen Verfahren bildeten die Grundlage für das Humangenomprojekt (Mehrfachnennungen möglich)?**
Antworten a: Polymerase-Kettenreaktion, b: Klonierungen und c: Kettenabbruchverfahren
- 2.) **Wie lautet in der Genomforschung das Fachwort für Vielgestaltigkeit?**
Antwort c: Polymorphismus
- 3.) **Welche Tiere wurden im Rahmen des DHGP neben den Arbeiten am menschlichen Genom noch sequenziert (Mehrfachnennungen möglich)?**
Antworten a: Ratte, b: Zebrafisch und f: Fliege
- 4.) **Welche Marker ermöglichten 1987 die erste Genkarte des Menschen?**
Antwort b: RFLPs
- 5.) **Das Genom von Mäusen und Menschen gleicht sich zu ...**
Antwort c: 95 %
- 6.) **In welcher Maßeinheit wird der Abstand zwischen Genen in einer physikalischen Genkarte angegeben?**
Antwort c: Mikrometer (μm)
- 7.) **Welcher der folgenden Begriffe steht für die Gesamtheit der RNA in einer Zelle?**
Antwort b: Transkriptom
- 8.) **Wo leben die Bakterien, welche die für die PCR benötigte Polymerase liefern?**
Antwort b: In heißen Quellen
- 9.) **Womit haben die Wissenschaftler des HGP die DNA zerlegt?**
Antwort c: Mit Restriktionsenzymen
- 10.) **Wie viele Gene fanden die DHGP-Wissenschaftler auf Chromosom 21?**
Antwort b: 225
- 11.) **Mit welchem Verfahren werden Knock-out-Mäuse geschaffen?**
Antwort a: Homologe Rekombination
- 12.) **Hinter welcher der folgenden Abkürzungen verbirgt sich kein Kunstchromosom?**
Antwort b: TAC
- 13.) **Welches Enzym sorgt bei der Pyrosequenzierung für den Lichtblitz?**
Antwort c: Luciferase
- 14.) **Für welche Krankheiten haben NGFN-Forscher Gene identifizieren können (Mehrfachnennungen möglich)?**
Antworten a: Parkinson, b: Chronische Darmentzündungen und c: Sarkoidose
- 15.) **Welcher Satz stimmt nicht (Mehrfachnennungen möglich)?**
Antworten a: Gene des Menschen überlappen sich nicht und d: Transkribierte DNA (RNA) codiert immer für Proteine

16.) Beschreiben Sie in wenigen Sätzen die Strategie des Humangenomprojekts. Beschriften Sie dabei die untenstehende Abbildung!



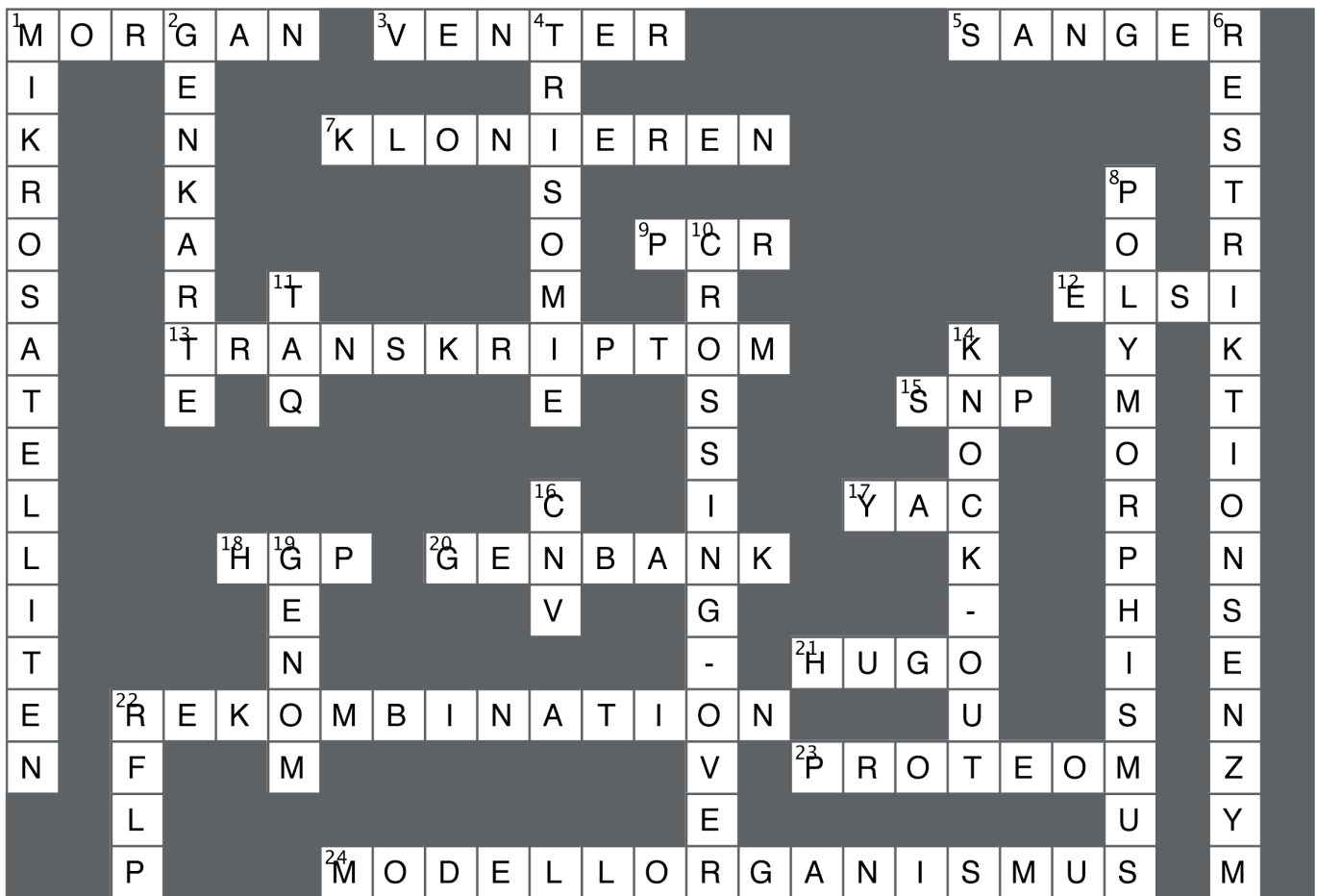
Das vom Humangenomprojekt angewendete „Klon-für-Klon-Verfahren“ zur Sequenzierung des Humangenoms basiert auf drei Arbeitsschritten. Zuerst wird die DNA eines Chromosoms mit Restriktionsenzymen zerschnitten. Die Fragmente werden anschließend kloniert und später weiter zerschnitten. Sequenziert werden schließlich DNA-Fragmente, die rund 500 Basenpaare lang sind. Der dritte Schritt ist die Assemblierung: das Zusammensetzen der Chromosomen-DNA aus den Einzelteilen. Dies gelingt mithilfe der überlappenden Bereiche an den Enden der Fragmente und dank Markern (x und y), deren Positionen auf dem Chromosom bekannt sind.

B wie ... Bescheid wissen!

Ordnen Sie die in der Tabelle aufgeführten Begriffe so, dass jeweils drei Begriffe untereinander stehen, die zu einem gemeinsamen Thema gehören. Drei Begriffe haben allerdings überhaupt nichts miteinander zu tun. Ordnen Sie diese ebenfalls in einer Spalte untereinander!

Kartierung	Marker	Organisation	Klon für Klon	PCR	Quatsch
Morgan	RFLPs	HUGO	Zerschneiden	Denaturierung	Stanley
Drosophila	SNPs	HGP	Sequenzieren	Amplifizierung	LPG
Genkarte	Mikrosatelliten	ELSI	Zusammenfügen	Assemblierung	Konstrukt

C wie ... Kreuzworträtsel?



D wie ... DER Lückentext!

Der richtig ausgefüllte Lückentext lautet:

Bei der PCR werden winzige Mengen an **DNA** in kürzester Zeit **vervielfältigt**. Theoretisch genügt für die PCR **1** DNA-Molekül – die PCR ist damit eine der empfindlichsten biologischen Techniken überhaupt. Das Grundprinzip ist einfach: Die Anzahl an kopierten DNA-Molekülen wird in einer Kettenreaktion immer und immer wieder **verdoppelt**, sodass aus einem DNA-Molekül nach **20** Runden (= PCR-Zyklen) etwa eine Million Moleküle entstehen. Die PCR beruht auf einem immer wiederkehrenden Zyklus aus **3** Schritten: Zunächst wird der **DNA-Doppelstrang** durch Erhitzen auf über **90°C** in die beiden **Einzelstränge** getrennt (= **denaturiert**). Im zweiten Schritt wird die Temperatur auf ca. **37-65°C** abgekühlt, sodass sich die beiden **Primer** an den DNA-Strang anlagern können. Im dritten Schritt wird die Temperatur wieder erhöht, diesmal auf **72°C**. Das ist die ideale Arbeitstemperatur für die verwendete **Taq-Polymerase**. Es handelt sich dabei um ein Enzym, das aus einer **Bakterienart** stammt, die in Heißwasserquellen lebt. Deshalb ist diese Polymerase besonders **hitzebeständig**. Die **Taq-Polymerase** verbindet einzelne **Nukleotide** zu langen DNA-Molekülsträngen. Sie benötigt dafür **Nukleotide** mit den Basen **Adenin**, **Thymin**, **Cytosin** und **Guanin** sowie **Primer**, die sie verlängern kann. In den PCR-Ansatz gehören außerdem einige Exemplare eines **DNA-Moleküls**, von dem ein definierter Abschnitt kopiert werden soll, als **Matrize**. Für die PCR werden **2** Primer benötigt. Diese Primer kann man synthetisch herstellen. Ihre Basenabfolge wird so gewählt, dass die **Sequenz** des einen Primers **komplementär** zur Startsequenz ist, während die des anderen zur Endsequenz des jeweiligen DNA-Abschnitts passt, den man vervielfältigen möchte. Die beiden Primer lagern sich deshalb genau an die Flanken des interessierenden DNA-Bereichs an, der eine am ersten Einzelstrang und der andere am komplementären zweiten Einzelstrang. Die **Taq-Polymerase** baut nun an die Primer ein zum Matrizenstrang jeweils passendes **Nukleotid** an. Ist das nächste **Nukleotid** der Matrize beispielsweise ein A, dann bekommt der Primer ein **T** angehängt, bei einem G ist es ein **C**. Auf diese Weise kann die Polymerase den Primer bis zum Ende der Matrize verlängern. Im Unterschied zur **Replikation** der DNA bei der Zellteilung wird bei der PCR nicht der gesamte DNA-Strang verdoppelt, sondern nur ein Ausschnitt von mehreren Hundert Basenpaaren vervielfältigt.