Nebenfachprüfung
Biologie, Genetik

Allgemeine Genetik I
Bakterien und Phagengenetik
Genetik niederer Eukaryoten

Prüfer: Prof. Dr. Ursula B. Priefer, Prof. Dr. B. Schäfer
Datum: 06.03.2007
Note: 1.0

Dies ist ein Gedächtnisprotokoll, dass ich nach bestem Wissen und Gewissen erstellt habe. Selbstverständlich übernehme ich keine Garantie für die Korrektheit der Antworten. Es werden sicherlich auch ein paar Fragen fehlen.

Prüfungsteil Priefer

Priefer: Wie läuft denn grob die Genexpression ab?

Ich: *DNA → mRNA → Protein. Manchmal auch besondere Wege, wie z.B. reverse Transkription.*

Priefer: Können Sie Beispiele für Reverse Transcription nennen?

Ich: *Ja, z.B. die Ty-Elemente aus Hefen oder Retrovieren.*

Priefer: Wofür brauchen Retroviren denn die Reverse Transkriptase?

Ich: *Damit das virale Genom in die Wirts-DNA eingebaut werden kann.*

Priefer: Sie erwähnten gerade dass mRNA translatiert wird. Werden denn alle RNAs translatiert?

Ich: *Nein, nicht translatiert werden die tRNAs und rRNAs.*

Priefer: Wie sehen denn die tRNAs aus? Malen Sie mal eine auf.

Ich: grob eine tRNA skizziert. *tRNAs bilden typische Rückfaltungsstrukturen. Zusätzlich enthalten sie ein Anticodon, das im Ribosom mit der mRNA paart. An einem Ende hängt dann die Aminosäure.*

Priefer: An welchem Ende denn?

Ich: *Entweder am 2' oder am 3' Ende.*

Priefer: Wie sehen denn die Enden aus?

Ich: Arg! Mit Hilfe von Frau Priefer: *Am 5' Ende ist das Phosphat, am 3' Ende der Zucker.*

Priefer: Und wie werden die tRNAs beladen?

Ich: *Beladung durch Aminoacyl-tRNA-Synthetasen erklärt.*

Priefer: Gut. Wie gelangt die tRNA dann zum Ribosom?

Ich: *Elongationsfaktor EF-Tu erklärt. Reaktivierung des EF-Tu durch GTP erwähnt. Binden der tRNA in der A-Site es Ribosoms und Transfer der Aminosäure durch Peptidyltransferase.*

Priefer: Ok. Gehen wir einen Schritt zurück. Erklären Sie mal die Translation.

Ich: *Translation bei Pros erklärt. RNA-Polymerase und deren Untereinheiten, offener/geschlossener binärer Komplex, ternärer Komplex, abortive Initiation, Abspaltung des σ-Faktors, Konformationsänderung der RNAP.*

Priefer: Sie haben gerade gesagt, dass sich Ihre Beschreibung auf Prokaryoten bezogen hat. Wo sind denn die Unterschiede zu den Eukaryoten?

Ich: *Bei Eus gibt es drei RNA-Polymerasen: RNAP-I für rRNA, RNAP-II für mRNA und RNAP-III für tRNA. Außerdem sind basale Transkriptionsfaktoren notwendig.*

Priefer: Was ist denn die Funktion dieser Transkriptionsfaktoren?

Ich: *Sie erfüllen zwei Funktionen: 1.) TFII-F bindet die RNA-Polymerase an den Promotor und 2.) phosphorilieren sie die C-terminale Domäne der RNAP. Dies ist notwendig damit sich die RNAP bewegen kann.*

Priefer: Jetzt gibt es ja auch regulatorische Transkriptionsaktivatoren. Welche kennen Sie da?

Ich: *cAMP-CRP Regulation ausführlich erklärt. Adenylatcyclase, ABC-Transporter, PEP-Phosphotransferase-System.*

Priefer: Was zeigt denn die Bindungsstelle des CRP für eine Besonderheit?

Ich: *Es ist eine palindromische Sequenz.*

Priefer: Und was bedeutet das für die Bindung?

Ich: *CRP bindet als Dimer an die DNA.*

Priefer: Über welche Bindestelle dimerisiert das CRP denn?

Ich: keine Ahnung. *Also ich könnte Ihnen sagen, dass das C-terminale Ende ein Helix-Turn-Helix-Motiv besitzt und das N-terminale Ende das cAMP bindet...*

Priefer: Nagut, ist nicht schlimm, wenn Sie das nicht wissen. Über die F-Helix findet die Dimerbildung statt.

Prüfungsteil Schäfer

Schäfer: Sie hatten vorhin erwähnt, dass Introns nicht translatiert werden. Stimmt das?

Ich: *Nein, das stimmt so nicht ganz. Z.B. kodieren Introns der Gruppen I und II Proteine, die sie für das autokatalytische Splicing benötigen.*

Schäfer: Kennen Sie die mendelschen Regeln? Muss nicht im Wortlaut sein.

Ich: *Im Prinzip kann man mit Hilfe der Mendelschen Regeln vom Genotyp der Eltern auf den Genotyp der Nachkommen schließen.*

Schäfer: Ja, genau. Und wofür ist das gut?

Ich: *Wenn man Abweichungen von den Regeln feststellt, dann wird es zur Rekombination, z.B. zu Crossing-Overs, während der Meiose gekommen sein. Das kann man dann für Rekombinationskartierung verwenden. Im folgenden die Idee hinter der Genkartierung, die Freisporenanalyse und centiMorgan erklärt.*

Schäfer: Sie sagten, die Freisporenanalyse ist eine relativ einfache Methode zur Kartierung. Was ist denn aber an der problematisch?

Ich: *Keine Lethalmarker verwendbar und Doppelcrossover sind nicht erkennbar. Abhilfe schafft die Tetradenanalyse. Im Folgenden diese erklärt.*

Schäfer: Man kann aber auch Abweichungen von den theoretischen Auspaltungsverhältnissen erhalten, z.B. durch Genkonversion. Was ist das und wie zeigt sie sich?

Ich: *Genkonversion ist die Überführung eines Allels in ein anderes ohne das genetische Information ausgetauscht wird wie es z.B. bei der Rekombination der Fall ist. Ursache ist häufig eine Missmatch-Reparatur. Genkonversion zeigt sich dann durch eine Abweichung von der erwarteten Aufspaltung. D.h. eine Tetrade ist z.B. weder vom parentalen Dityp, noch vom Tetratyp.*

Schäfer: Wir hatten vorhin ja schon Genregulation durch Transkriptionsaktivatoren bei den Prokaryoten. Kennen Sie ein Beispiel bei Eus?

Ich: *Regulation des Gal-Operons mittels Skizzen erklärt.*

Schäfer: Wo liegt denn der zentrale Unterschied bei der Genregulation zwischen Eus und Pros?

Ich: *Bei Pros sind die Gene auf einem Operon angeordnet während es bei den Eus Regulons oder Modulons sind. Gründe dafür erläutert, poly- vs. monocistronische Messenger.*

Schäfer: Gut, vielen Dank. Warte Sie mal bitte eben draußen.