

## 10.1.3 Sehr schwer (5 Punkte)

**Erläutern Sie, wie NIERENBERG und MATTHEI mit statistisch zusammengesetzten mRNAs (Beispiel: 30% A, 70% G) den genetischen Code aufgeklärt haben.**

## 1. Grundverfahren erläutern:

Herstellung künstlicher mRNA-Moleküle (1), dann in-vitro-Synthese (1) eines Peptids (1) und Analyse der Aminosäure-Sequenz des Peptids (1).

2. Herstellung von künstlicher mRNA, die zu 30% aus Adenin- und zu 70% aus Guanin-Basen besteht (2).

3. Diese mRNA ist nicht regelmäßig (alternierend) zusammengesetzt, sondern statistisch (zufällig) (2).

4. Die möglichen Codons sind zum Beispiel AAA, AAG, AGA, GAA, GGA, GAG und so weiter (2).

5. Berechnung der Wahrscheinlichkeit der Codons an zwei oder drei Beispielen demonstrieren, zum Beispiel  $AAG = 0,3 * 0,3 * 0,7 = 6,3\%$  (3).

6. Prozentuale Zusammensetzung des entstandenen Peptids muss ermittelt werden (2), zum Beispiel Lys 2,7%, Asn 6,3% etc. (2).

7. Aus diesen Ergebnissen kann dann geschlussfolgert werden, welches Codon für welche Aminosäure verantwortlich sein könnte (3).

**Insgesamt 20 Rohpunkte**

**Rohpunktzahl durch 4 dividieren = max. 5 echte Punkte**