

# DNA Analyse

---

## Inhalt

<b>1</b>	<b>Genetische Grundlagen</b> .....	<b>2</b>
1.1	Das Gen und seine Funktionsweise.....	2
1.2	Gene und der Sumpf der Komplexität.....	5
1.3	Das Lernen der Gene .....	7
1.4	Die Kommunikation zwischen Genen und Umwelt.....	8
<b>2</b>	<b>Analyse-Techniken</b> .....	<b>9</b>
2.1	Chemie der Nukleotide .....	9
2.2	Denaturation/Hydration .....	9
2.3	Extraktion/Reinigung .....	9
2.4	Elektrophorese.....	10
2.4.1	Gel-Elektrophorese.....	10
2.4.2	Kapillare Elektrophorese .....	10
2.5	Vervielfältigung: PCR .....	11
2.5.1	Zyklus 1 .....	11
2.5.2	Zyklus 2 .....	12
2.5.3	Zyklus 3 .....	13
2.6	Sequenzierung .....	13
<b>3</b>	<b>Identifizierung</b> .....	<b>14</b>
3.1	Grundlagen: Polymorphismus, Allele .....	14
3.2	Identifikation repetitiver Sequenzen (STR) .....	14



# 1 Genetische Grundlagen

## 1.1 Das Gen und seine Funktionsweise

**Aus welchen Grundbausteinen baut sich ein lebender Organismus auf?**

Naiv gesagt: Die Gene enthalten den Bauplan des Organismus, eines Menschen. Sie sind eine Blaupause für die Herstellung der sogenannten Proteine. Proteine steuern alle lebenswichtigen Vorgänge im Körper. Diese naive Auffassung wollen wir kritisch beleuchten, dazu müssen wir aber zuerst die Begriffe etwas mit Inhalt füllen.

**Proteine: Die Perlenketten der Natur**

Ein Protein stellen Sie sich am Einfachsten als eine Perlenkette vor. Auf einer Schnur aufgereiht sind verschieden farbige Perlen in höchst eigenwilliger Abfolge. Ein Protein enthält im Durchschnitt etwa 1000 Perlen. Proteine sind für das Funktionieren des Körpers verantwortlich:

Als Enzyme erledigen sie die biologische Fabrikarbeit z.B. die Energieversorgung

Als Hormone tragen sie Botschaften von Zelle zu Zelle oder über die Blutbahn von einer Körperregion zur andern

Als Rezeptoren empfangen sie die Signale, die die Hormone bringen.

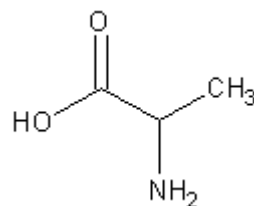
Der Mensch besitzt etwa 35 000 Proteine.

**Aminosäuren: die Perlen der Natur**

Es gibt 20 verschiedene Perlen, man nennt sie Aminosäuren. Es sind relativ komplizierte Moleküle. Allerdings kann man mit einigem guten Willen und etwas chemischem Verständnis ihre Form lernen.

**Alanin als Beispiel einer Aminosäure**

Alanin hat folgende Strukturformel



Als Summe schreibt man das Molekül:

$C_3H_7NO_2$  Beachte: an den Verzweigungspunkten steht jeweils ein C.



## Aminosäuren die Bausteine des Lebens

Aminosäuren spielen eine Schlüsselrolle beim Phänomen Leben. Natürlich drängt sich da die Frage auf, wie sie im Laufe der Evolution entstanden sind. Nachdem das Universum etwa die Hälfte seines Lebens verbracht hatte (5 Mrd. Jahre), bildete sich die Erde mit einer Atmosphäre aus Wasser, Methan und Ammoniak.

## Herstellung von Aminosäuren im Labor

Anfang der 1950er-Jahre machte der amerikanische Chemiker Stanley L. Miller ein Experiment, um eine Möglichkeit der Herstellung von Aminosäuren zu untersuchen. Er goss Wasser in einen Glaskolben und verschloss ihn. Dann leitete er zur Simulation einer Atmosphäre noch Wasserstoff, Ammoniak und Methan in den Kolben. Zur Nachbildung von Blitzen als Energiequellen, liess er Funken durch das Gasgemisch schlagen.

Nach einigen Tagen begann sich das Wasser zu trüben, und eine Analyse zeigte, dass es nun einige Aminosäuren enthielt. Dieses »Miller-Experiment« erregte damals viel Aufsehen. Es war der Beweis, dass bestimmte organische Moleküle, die die Grundbausteine für lebende Materie sind, unter natürlichen Verhältnissen, wie sie in der Frühzeit der Erde vorgelegen haben mochten, entstehen konnten.

## Der Aufbau der Gene

Ein Gen enthält nun den Plan, wie die Perlenkette des Proteins aufgebaut ist. Das Gen selbst ist ein Abschnitt auf der DNS (Desoxyribonucleinsäure auch DNA, A für acid, engl. für Säure). Sie ist ein langer Faden, der in jedem Zellkern vorhanden ist.

## Die Syntax des Gens: Der genetische Code

Wir wiederholen noch ein Mal die Darstellung aus dem Kapitel M.1. Der genetische Code besteht aus einem Vierersystem. Es gibt 4 Zeichen, die mit A, G, T, C bezeichnet werden; man könnte auch 0,1,2,3 sagen. Im genetischen Code kann man also bis 3 zählen, dann braucht man eine neue Stelle: die Vierer. Der Code enthält „Bytes“ von nur drei „Bit“ Länge. Das Bit heisst Nukleotid und das Byte nennt man Triplett oder Codon. Mit diesem System kann jedes Gen-Byte (Codon) 64 verschiedene Zustände darstellen. Mit Zahlen:

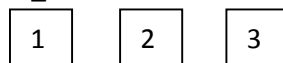
### Was ein Codon speichern kann:

AAA;AAG;AAT;AAC  
AGA;AGG;AGT;AGC;  
ATA;ATG;ATT;ATC;

.....

.....

16\_er Vierer Einer



Das wäre die Zahl 27 ( $16 + 2 \cdot 4 + 3 \cdot 1$ ) im Vierersystem. Analog zur Sprache entspricht das Bit oder Nukleotid dem Buchstaben, und das Codon dem Wort.

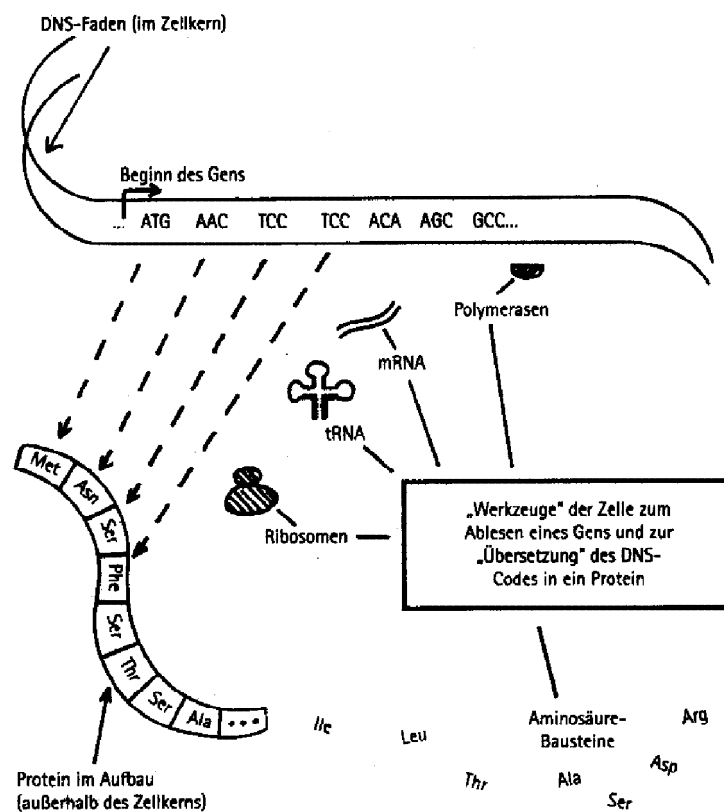
## Ein Codon, ein Byte, bestimmt eine Aminosäure

Ein Codon oder ein Byte besteht wie gesagt aus 3 Zeichen z.B. ATG. Jedes Byte bestimmt jetzt eine Perle auf dem Protein. Also jedes Byte entspricht einer Aminosäure. ATG z.B. entspricht der Aminosäure Met (Abk. für Methionin) Allerdings kann ein Byte ja 64 verschiedene Zustände darstellen, es gibt aber nur 20 verschiedene Aminosäuren!

Eine Aminosäure kann deshalb verschiedene Codons (Wörter) haben. Es gibt also Synonyme.



## Bauer's Darstellung der Proteinbildung



## Ein Protein entspricht einem Gen

Um die Perlenkette eines Proteins zu erstellen braucht es also eine ganze Reihe von Codons. Diese Reihe heisst Gen und ist ein Teil der DNS. In der sprachlichen Analogie ist das der Satz.

## DNS oder Genom: Der ganze Text

Die DNS enthält also alle Gene und zwischen den Genen lange Sequenzen, die nicht direkt dem Proteinbauplan zugeordnet werden können. Sie wird auch Genom genannt und entspricht in der sprachlichen Analogie dem ganzen Text.

## Junk DNA

Von den 3.9 Milliarden Nukleotiden der menschlichen DNS fallen nur etwa 2-3 Prozent auf die Gene, resp. den Bauplan der Proteine. Dazwischen liegen sehr lange Reihen repetitiver Sequenzen, deren Funktionalität man (noch) nicht versteht und die man deshalb als junk DNS bezeichnet. Die Wortwahl sagt schon viel über die Mentalität der Wortschöpfer aus!



## 1.2 Gene und der Sumpf der Komplexität

### Gentherapie: Die kaputte Stelle ersetzen?

Als Nichtbiologe könnte man bei Gentherapie denken: „Aha, das Gen ist an einer Stelle kaputt und jetzt wird es repariert und der Mensch ist dann gesund, weil wieder die richtigen Proteine erzeugt werden.“

Diese Überzeugung nennt man „genetischen Determinismus“. Genetische Information lässt sich nicht so simpel fassen. Wie gesagt, das Lesen des genetischen Codes entspricht einem „Sprachproblem“. Richard Lewontin listet in seinem Buch „Biology as Ideology“ die verschiedenen Komplexitätsstufen des genetischen Codes auf. Wir wollen am Beispiel Gentherapie einer Krankheit diesen Komplexitätsgraden nachspüren.

### Syntaktische Probleme: Polymorphismus

Schon auf der Ebene von Gen-Bits – dem Nukleotid, das ein A, G, T oder C sein kann – und auf dem Niveau der Gen-Bytes (drei Bit zusammen oder Codon) wird es schwierig. Bereits die syntaktische Dimension enthält eine grosse, schwer fassbare Komplexität. Die Gensequenz von zwei Menschen (DNS) stimmt nämlich an etwa 6 000 000 Stellen (Bit) nicht überein – und beide sind gesund. Man nennt das Phänomen Polymorphismus. Ein Mensch weicht etwa in 2 Promille vom Durchschnitt ab.

Umgesetzt auf ein Protein, das im Durchschnitt aus 1000 Aminosäuren besteht, für deren Festlegung 3000 Stellen auf dem DNS-Strang zuständig sind (ein Gen), heisst das, dass im Schnitt 6 Stellen auf der DNS vom Durchschnitt abweichen. Kein Protein wäre dann „fehlerfrei“!

### Syntaktische Probleme: Mehrfach Codierung

Wie gesagt, ein Codon bestimmt die Perle auf dem Protein, es legt fest, welche Aminosäure an einer bestimmten Stelle verwendet wird. Aber das Codon könnte 64 Aminosäuren beschreiben. Wenn es nun nur 20 Aminosäuren gibt, können dann zwei verschiedene Codons z.B. AAA und AAG die gleiche Aminosäure bestimmen?

Ja, der Mehrheit der Aminosäuren sind 2 oder 4 Codons zugeordnet. Man sagt der Code hat Redundanz. Mit einem solchen Code können Fehler besser korrigiert werden. Man kann mit dem Synonym überprüfen, ob die richtige Aminosäure gewählt wurde. Aber wie läuft diese Prüfung ab?



**Syntaktische Probleme:  
Der Code ist nicht statisch  
sondern Produkt eines  
rückgekoppelten  
Prozesses**

Lewontin kritisiert am genetischen Determinismus, er vernachlässige die Wechselbeziehung von genetischem Code und Umwelt: Hören sie ihn im Originalton (S.51):

The second problem of the human genome sequencing project is that it also claims that in knowing the molecular configuration of our genes, we know everything that is worth knowing about us. It regards the gene as determining the individual, and the individual as determining society. It isolates an alteration in a so called cancer gene as the cause of cancer, whereas that alteration in the gene may in turn have been caused by ingesting a pollutant, which in turn was produced by an industrial process, which in turn was the inevitable consequence of investing money at 6 percent.

**Semanto-pragmatische  
Probleme:  
Kontextabhängigkeit**

Die gleiche Code - Sequenz, z.B. GTAAGT, kann ganz verschiedene Bedeutungen haben, je nach dem sie umgebenden Umfeld. Einmal dient sie als Instruktion, die Aminosäuren Valin und Serin in ein Protein einzubauen. Ein anderes Mal steht sie bloss als Platzhalter da und hat keine semantische Bedeutung. Unglücklicherweise wissen wir nicht, wie die Zelle zwischen den verschiedenen Bedeutungen entscheidet.

GTAAGT entspricht z.B. dem englischen „do“.  
„Do it now!“ oder „I do not know“. Im ersten Fall fordert „do“ zur Handlung auf, im zweiten Fall hat es keine eigenständige Bedeutung.

**Semanto-pragmatischer  
Aspekt: Wer löst die  
Proteinbildung aus und  
wie geht sie von Statten?**

Eigentlich können wir die Frage, wie ein Organismus seinen genetischen Code interpretiert, nur an der Handlung ablesen, die das Protein ausführt. Nun sind diese Handlungen aber vom ganzen Körperzustand des Organismus abhängig. Die Beschreibung der Handlung ist ohne grobe Vereinfachungen nicht möglich. Wir stecken schon wieder mitten im Sumpf der Komplexität: Mit den Worten von Lewontin:

„Wir wissen nicht einmal im Prinzip welche Funktionen die verschiedenen Nukleotide in einem Gen ausführen können. Wir wissen nicht, wie der spezifische Kontext (Zellzustand, Anwesenheit anderer Substanzen) die Interpretation des Nukleotids durch die Zelle beeinflusst. Noch wissen wir nur im Entferntesten, wie ein ganzer Organismus aus den einzelnen Proteinen erklärt werden könnte.“



## 1.3 Das Lernen der Gene

### Bauer, „Das Gedächtnis des Körpers“

Joachim Bauer verdient die Ehre, dem Gen - Determinismus drei entscheidende Stösse versetzt zu haben. In seinem Buch „Das Gedächtnis des Körpers“ stellt er eine Sammlung von wissenschaftlichen Arbeiten zu drei Themen vor, die das Wissen um die Funktionsweise der Gene revolutionieren:

- Gene führen kein autistisches Eigenleben; ihre Aktivität wird reguliert
- Teile dieser Regulation erlernt ein Organismus bei seinem Aufwachsen
- Gene kommunizieren mit der Umwelt

Die folgende Darstellung stützt sich wesentlich auf die Gedanken von Bauer.

### Gene werden reguliert

Die Aktivität der meisten Gene wird reguliert. Dies gilt insbesondere für die Gene, die entscheidenden Einfluss auf Gesundheit und Krankheit nehmen.

### Schlösser upstream und downstream

Zwischen den einzelnen Genen auf der DNS existieren lange Abschnitte, deren Funktion bis in jüngster Zeit unklar blieben. Wie erwähnt redeten einige Forscher deshalb von „junk“-DNA(!). Nun lassen sich aber gerade auf diesen Abschnitten Sequenzen identifizieren, die darüber bestimmen, ob und wie stark das nach ihnen kommende Gen abgelesen wird (downstream). Diese Sequenzen wirken wie Schlösser. Sie sind fähig, Substanzen aus der Zelle, aus dem Körper oder sogar aus der Umwelt anzulagern.

### Die Schlüssel – Transkriptionsfaktoren

Diese Substanzen aktivieren nun das Gen, es wird abgelesen. Sie spielen also die Rolle eines Schlüssels, der das Schloss öffnet. Da das Ablesen des Gens in der Fachsprache „Transkription“ heisst, nennt man die Substanzen „Transkriptionsfaktoren“.

### Das Befestigen von Schlössern; ein Lernprozess

Aus der Stressforschung weiss man, dass das Befestigen und die Funktionsweise der Schlösser ganz offensichtlich aus einem Lernprozess hervorgehen. Je nach Biografie eines Organismus aktivieren seine Schlösser die Stressgene mehr oder weniger, obwohl der Organismus den gleichen Umweltreizen ausgesetzt ist. Im Körper finden sich dann mehr oder weniger Stress – Proteine.



## 1.4 Die Kommunikation zwischen Genen und Umwelt

### Produktion von Transkriptionsfaktoren als Folge einer somatischen Bewertung von Sinneseindrücken

Substanzen, die als Schlüssel wirken, die Transkriptions-faktoren können, wie erwähnt, aus dem Körper oder aus der Umwelt stammen. Oft aber werden solche Substanzen im Körper als Folge eines Zusammenspiels von Sinneswahr-nehmungen und Bewertungen dieser Sinneswahrnehmungen durch unser Gehirn erzeugt. Diese Bewertung durch sogenannte „somatische Marker“ ist Gegenstand des erwähnten Buches von Damasio.

### Panik - Orchester

Durch die Sinne wahrgenommene Gefahrensituationen führen nach vielen Bewertungsstufen schliesslich zur Aktivierung von Genen im Hirnstamm (Noradrenalin- Produktion) sowie im Hypothalamus (Produktion von CRH – Corticotropin- Releasing Hormon). Die vom Gen gebildeten Proteine lösen nun im ganzen Körper die vielfältigsten Reaktionen aus. Die Stressforschung hat in unzähligen Experimenten nachgewiesen, dass diese Prozesse hochkomplex sind, keinem unverrückbaren Ablaufschema folgen und an mehreren Stellen Elemente des Lernens erhalten. Die im Blutkreislauf festgestellten Botenstoffe geben dabei wenig Auskunft darüber, wer das Orchester dirigiert und welches Stück es in welcher Lautstärke spielt.

### Wachstumsfaktoren

Positive äussere Situationen – z. B. freundliche oder interessante Beziehungen zu andern Menschen oder reizvolle Aufgabenstellungen – aktivieren das „Wachstumsorchester“ des Körpers. Gene werden aktiviert, deren Proteine sogenannte Wachstumsfaktoren für die Nervenzellen sind. Synapsen werden leichter gebildet, die Funktion der Nervenzellen wird intensiviert und das neuronale Netzwerk wird stabilisiert.

Allerneueste Untersuchungen legen gar nahe, dass sogar neue Nervenzellen gebildet werden. Ein Faktum, das der gültigen Lehrmeinung widerspricht, wonach Nervenzellen im Laufe des Lebens nicht neu gebildet werden – sie sterben bloss ab.





## 2 Analyse-Techniken

### 2.1 Chemie der Nukleotide

#### Wichtig

Ein DNA Strang hat eine fest vorgegebene Aufbaurichtung. Beim Doppelstrang baut sich der eine Strang z.B. nach rechts auf, dann baut sich der andere Strang gegen links au.

### 2.2 Denaturation/Hydration

**Trennen der DNA Stränge** Normalerweise trennt man die DNA-Stränge durch Erhöhen der Temperatur über ca. 80 °C. diesen Vorgang nennt man: Denaturation.

**Chemischer Hintergrund** Das Erhöhen der Temperatur führt zum Bruch der Wasserstoffbrücken zwischen den Nukleotiden.

**Alkalische Lösungen** Die Wasserstoffbrücken werden auch durch Laugen, so genannte alkalische Lösungen, gebrochen. (Lauge: wässrige Lösung von Alkalihydroxiden, z. B. Natriumhydroxid NaOH: Natronlauge)

**Polare organische Lösungen** Ein weiteres Verfahren zur Lösung der Wasserstoffbrücken ist das Lösen der DNA in polaren organischen Lösungsmitteln. Gängigstes Lösungsmittel: Formamid.

**Hybridation** Das Zusammenführen von zwei DNA-Strängen nennt man dagegen: Hybridation.

### 2.3 Extraktion/Reinigung

**Biologische Substanz und DNA lösen** Die DNA ist in biologischem Material enthalten. Dieses Material, z.B. ein Blutstropfen, muss zuerst aufgelöst werden. Meist in Wasser, oft unter Zugabe von etwas Waschmittel.

**Reinigung** Nun muss die DANN von den andern biologischen Spuren getrennt werden. Meist versendet man einen Filter, der die DANN nicht durchlässt und so befreit man sich von allen anderen störenden biologischen Molekülen.



## 2.4 Elektrophorese

### 2.4.1 Gel-Elektrophorese

#### DNA

Die DNA ist elektrisch negativ geladen. Legt man eine Spannung an eine wässrige Lösung, dann werden die DNA-Stücke in der Lösung zu wandern beginnen. Kleine Stücke werden sich schnell bewegen, längere langsamer.

#### Bremssubstanz

Die wässrige Lösung ist empfindlich auf Erschütterungen, deshalb suchte man eine Substanz, die etwas träger ist, und fand sie in einer Gelatine, die man aus Algen gewinnt. (Agarose) Später fand man auch eine künstliche Substanz, die eher noch geeigneter ist (Polyacrylamid).

### 2.4.2 Kapillare Elektrophorese

#### Kapillare

Eine Kapillare ist ein dünnes Röhrchen, etwa im Durchmesser eines Haares. Die Enge des Röhrchens wirkt als Bremse; stärker für lange und schwächer für kurze Stücke. Verwendet man eine solche Kapillare, so kann man bedeutend höhere Spannungen anlegen. Die Elektrophorese läuft viel schneller ab. Die Kapillare ist aber trotzdem mit einer Bremssubstanz gefüllt, die bei jeder Analyse erneuert wird.

#### Leichtere Messung

Kapillaren sind im Allgemeinen durchsichtig. Es ist deshalb möglich, mit optischen Instrumenten oder Massenspektrometrie die Lage der einzelnen Bruchstücke zu bestimmen.

#### Automatische Analyse

Wegen der automatischen Messung ist nun eine vollautomatische Analyse von DNA Proben hintereinander möglich. Das ist vor allem beim Human Genom Project nötig, weil dort 3 Milliarden Nukleotide identifiziert werden mussten und prinzipiell 3 Milliarden unterschiedliche DNA-Stränge nach ihrer Länge bestimmt werden mussten (c.f. später)



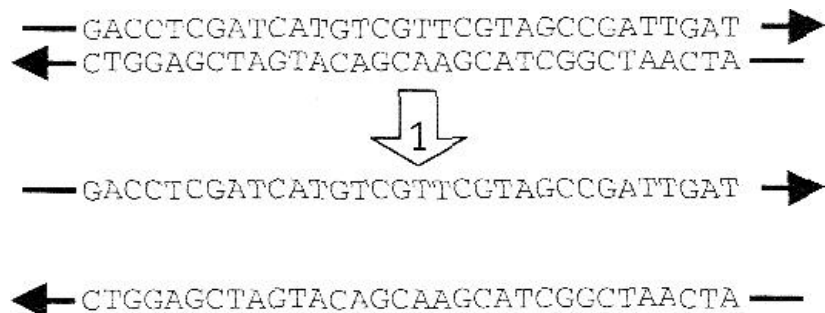
## 2.5 Vervielfältigung: PCR

<b>PCR</b>	Ist die Abkürzung für Polymerase Chain Reaction. Auf Deutsch: Polymer-Bildung-Ketten-Reaktion
<b>Polymer</b>	Ein grosses Molekül (Makromolekül), das aus einer Sequenz von sich wiederholenden Einheiten besteht. Typisch sind Plastik, oder Sequenzen von Nukleotiden in der DNA oder RNA.
<b>Grundprinzip</b>	Bei der PCR wird: <ol style="list-style-type: none"><li>1. zuerst die DNA in zwei Stränge aufgeteilt (Denaturation)</li><li>2. Dann wird vorne und hinten auf einen uns interessierenden Teil der DNA ein Eckstein (amorce: Zünder, Köder, Primer) gesetzt. Er schneidet dieses Stück aus der DNA heraus.</li><li>3. Dann wird von diesem Teil aus der Rest des DNA Strangs in eine Richtung vervollständigt, indem im Reagenzglas die gleichen Bedingungen hergestellt werden wie bei der Zellteilung.</li></ol>
<b>Bedingungen in der Zelle</b>	Im Reagenzglas müssen also genug A, G, T, C Nukleotide vorhanden sein. Zudem braucht es einen PH von ca. 8-9 und auch einige $Mg^{2+}$ -Ionen, die nötig sind um die Katalyse der DNA zu ermöglichen. (Welche Enzyme zur Katalyse. S. 48?)
<b>Eckstein</b>	Ein vorderer und hinterer Eckstein besteht aus einem Stück DNA, das chemisch hergestellt wird. Diese Stücke dürfen nirgends sonst auf den 3 Mrd. Nukleotiden der DNA hinpassen! Sie müssen deshalb mindestens etwa 20 Nukleotide lang sein.

### 2.5.1 Zyklus 1

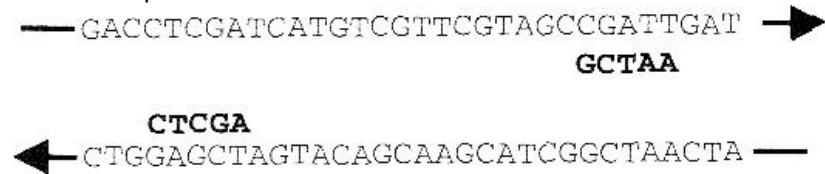
#### 1) Denaturation

Wir gehen ein Mal von einem einzigen DNA Strang aus. Zuerst wird die DNA getrennt: durch Erhitzung, Denaturation.



## 2) Hybridisation mit den Ecksteinen

Jetzt werden die Ecksteine hinzugefügt (Hybridation). Da sie schon im Reagenzglas sind, hängen sie sich nach der Denaturierung sofort an die entsprechenden Stellen der DNA an.



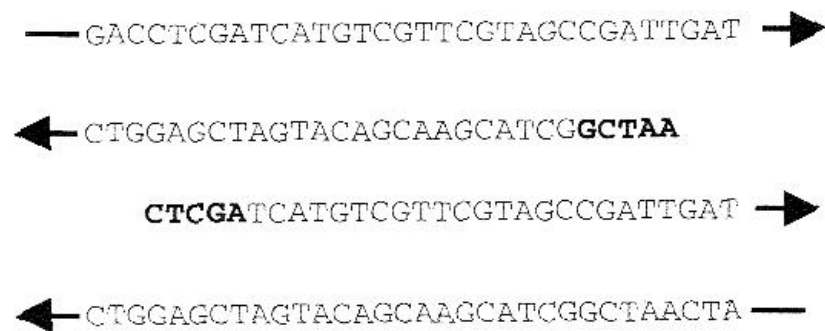
## 3) Aufbau, Verlängerung

Jeder DNA-Strang hat eine fest vorgegebene Aufbaurichtung. Auch der Eckstein hat diese Aufbaurichtung: Vom Endstein aus kann nur gegen vorne aufgebaut werden, wogegen vom Anfangsstein aus nur gegen hinten aufgebaut wird.

### 2.5.2 Zyklus 2

## 1) Denaturation

Jetzt wird erneut Denaturiert: Damit entstehen – neben der normalen DNA – zwei neue Stücke: Das eine vom vorderen Ende bis zum Schluss und das andere vom Anfang bis zum hinteren Ende.



## 2) Hybridation: Ecksteine

An alle diese Teilstücke setzen sich nun wieder Ecksteine und somit ergeben sich – neben anderen – zwei Stücke die hinten und vorne mit Ecksteinen abgegrenzt sind.

## 3) Verlängerung

Kaum sitzt der Eckstein, wird sofort von ihm aus verlängert.



## Denaturation, Hybridisation, Verlängerung

### 2.5.3 Zyklus 3

Jetzt wird erneut denaturiert: Damit entstehen – neben der normalen DNA – zwei neue Stücke: Das eine vom vorderen Ende bis zum Schluss und das andere vom Anfang bis zum hinteren Ende.



Nach 3 Zyklen haben wir zwei vollständig ausgeschnittene DNA Stränge, 2 linkslaufende und 2 rechtslaufende, und 2 noch vollständig, ursprüngliche Stränge. Also eine 3 malige Verdoppelung:  $2^3=8$ .

### 2.6 Sequenzierung

- Es gibt künstliche chemische Substanzen, die sich an Stelle z.B. einer A-Base an den DNA-Strang im Aufbau andocken
- Sie verhindern ein weiteres Auffüllen (Endstücke der Kette) (ddATP didesoxynucleotide A)



## 3 Identifizierung

### 3.1 Grundlagen: Polymorphismus, Allele

**Allel**

Eigentlich Variation eines bestimmten DNA Abschnitts. Biologen sagen nicht Variation sondern Allel.

**Polymorphismus**

### 3.2 Identifikation repetitiver Sequenzen (STR)

**Short Tandem Repeat  
Mikrosatelliten**

STR: Kurze repetitive Sequenz (weniger als 6 Basen). Sie werden oft auch Mikrosatelliten genannt.

**VNTR  
Minisatelliten**

Variable Number Tandem Repeat: Lange Sequenz, die repetiert wird (bis zu 100 Nukleotide). Oft auch Minisatelliten genannt. Die VNTR sind nicht so geeignet für die nachfolgende PCR, die Genabschnitte sind zu lang, bis zu 10 bp. Da macht die PCR zu viele Fehler.

**Identifikation**

Die Anzahl von Repetitionen ist bei jedem Individuum anders. Das Muster dieser repetitiven Sequenzen auf den nicht-codierenden Abschnitten der DNA identifiziert also einen Menschen.

**Identifikation mit PCR**

Man multipliziert nun eine genau eingegrenzte Region der DNA – auf der sich die STR oder VNTR befinden – mit PCR. Weil nun diese mit PCR vervielfältigten Stellen sehr unterschiedlich lang sind - je nach Individuum und dessen charakteristischer Anzahl von Repetitionen -, gibt das Elektrophorese-Bild direkt einen Fingerprint des Individuums.

