

# **Meine Moleküle Deine Moleküle**

**RHOMBOS-VERLAG • BERLIN**

## **Bibliografische Information Der Deutschen Bibliothek**

Die Deutsche Bibliothek verzeichnet diese Publikation in der Deutschen Nationalbibliografie; detaillierte bibliografische Daten sind im Internet über <http://dnb.ddb.de> abrufbar

Die Wiedergabe von Gebrauchsnamen, Handelsnamen, Warenbezeichnungen usw. in diesem Werk berechtigt auch ohne besondere Kennzeichnung nicht zu der Annahme, daß solche Namen im Sinne der Warenzeichen- und Markenschutzgesetzgebung als frei zu betrachten wären und daher von jedermann benutzt werden dürfen. Eine Haftung für die Richtigkeit der veröffentlichten Informationen kann trotz sorgfältiger Prüfung vom Verlag nicht übernommen werden.



© **2004 RHOMBOS-VERLAG, Berlin**  
**Printed in Germany**

Das Werk ist in allen seinen Teilen urheberrechtlich geschützt. Jede Verwertung außerhalb der engen Grenzen des Urheberrechtsgesetzes ist ohne Zustimmung des Verlages unzulässig und strafbar. Das gilt insbesondere für Vervielfältigungen, Übersetzungen, Mikroverfilmungen und die Einspeisung und Verarbeitung in elektronischen Systemen.

Umschlag: RHOMBOS-VERLAG, Berlin

VK-Nr. 65 859  
[www.rhombos.de](http://www.rhombos.de)  
[verlag@rhombos.de](mailto:verlag@rhombos.de)

RHOMBOS-VERLAG, Kurfürstenstr. 17, 10785 Berlin

Druck: dbusiness GmbH, Berlin, Eberswalde

**ISBN 3-937231-47-1**

**Jürgen Groth**

**Meine Moleküle  
Deine Moleküle**

**Von der molekularen Individualität**

**RHOMBOS**



# INHALT

---

Vorwort .....	9
Makromoleküle .....	11
<i>Bausteine des Lebens</i>	
Das Schlüssel-Schloss-Prinzip .....	12
<i>Prinzip der molekularen Individualität</i>	
Die Zelle .....	13
<i>Die Welt der geordneten Moleküle</i>	
Nukleinsäuren .....	17
<i>Bausteine der Genetik</i>	
Vom Gen zum Eiweiß.....	20
<i>Die Realisierung des genetischen Bauplanes</i>	
Eiweiße.....	24
<i>Die universellen Träger des Lebens</i>	
Die Chromosomen - Zellteilung - Rekombination.....	26
<i>Neue Vielfalt durch Rekombination</i>	
Das Genom .....	29
<i>Fast aufgeklärt und nun ...?</i>	
Das Mitochondriengenom .....	32
<i>Verschiedenheit aus der Vergangenheit</i>	
Genregulation.....	34
<i>Dynamik der molekularen Vielfalt</i>	
Epigenetik.....	36
<i>Alternative Steuerung der Vielfalt</i>	
Das Transkriptom .....	40
<i>Momentane molekulare Vielfalt</i>	
Das Proteom .....	42
<i>Gewaltige Aufgaben für die Zukunft</i>	
Mutationen.....	43
<i>Der Zufall und die Umwelt</i>	
Polymorphismus.....	50
<i>Molekulare Vielfalt an einem Genort</i>	
Der genetische Fingerabdruck .....	57
<i>Molekulare Vielfalt aus der Vergangenheit modern genutzt</i>	

Eineiige Zwillinge.....	60
<i>Doch molekular unterscheidbar?</i>	
Normal - Unnormal - Gesund - Krank.....	62
<i>Was (wer) ist schon "normal"</i>	
Homingmoleküle.....	65
<i>Wie wandernde Zellen nach Hause finden</i>	
Der programmierte Zelltod (Apoptose).....	69
<i>Alles ist endlich</i>	
Antigene - Antikörper.....	72
<i>Das universelle Schlüssel-Schloß-Prinzip</i>	
Immunologische Erkennung von Selbst und Fremd.....	81
<i>Meine Moleküle - Deine Moleküle</i>	
Individuelle Reaktivität.....	85
<i>Jeder reagiert anders</i>	
Transplantation und Transfusion.....	91
<i>Von der Natur nicht vorgesehen</i>	
Schwangerschaft.....	98
<i>Der Embryo als Transplantat</i>	
Krebsmoleküle.....	100
<i>Embryonale Moleküle treten wieder auf</i>	
Autoaggression.....	103
<i>Ich als Du</i>	
Selbstinkompatibilität.....	105
<i>Je fremder desto besser</i>	
Erbkrankheiten.....	108
<i>Was du ererbt von deinen Vätern (und Müttern)</i>	
Frauen- und Männermoleküle.....	113
<i>Der kleine Unterschied</i>	
Zeitmoleküle.....	115
<i>Jeder tickt anders</i>	
Gäste und Trittbrettfahrer.....	119
<i>Fremdes im Eigenen</i>	
Therapeutisches und reproduktives Klonen.....	124
<i>Das vervielfachte Individuum</i>	

Individuelle Therapie.....	128
<i>Medikamente maßgeschneidert?</i>	
Quellenangaben.....	133
Wörterklärungen .....	139
Index .....	151





Das vorliegende Buch beschäftigt sich mit der molekularen Vielfalt der Lebewesen. Sie findet auf der Ebene des Individuums ihren Ausdruck in der Vielgestaltigkeit molekularer Muster, die sich zeit- und funktionsabhängig ständig wandeln. Trotz dieser innewohnenden Dynamik lassen sich molekulare Strukturen beobachten, die zeitlebens ein Individuum charakterisieren und auf diese Weise unabhängig vom Zeitpunkt der Beobachtung dem Untersucher zugänglich sind.

Anhand ausgewählter Beispiele werden wir die Ursachen für die individuelle molekulare Vielfalt und ihre biologische Bedeutung kennenlernen. Dies führt uns im weiteren zu praktischen Anwendungen im Rahmen der biologischen, medizinischen und medizinisch-forensischen Praxis.

Einer kurzen systematischen Einführung in die molekularbiologischen Grundlagen schließt sich eine lose Folge von Themengebieten an, die das Phänomen der molekularen Individualität illustrieren und erklären soll. So können letztere in der Regel auch unabhängig voneinander gelesen werden.

Wer tiefer in die Thematik eindringen möchte, dem empfehle ich zwei wichtige Publikationen. Erstens ein 1998 wieder aufgelegtes Buch des Altmeisters auf dem Gebiet der molekularen Individualität, Roger J. Williams, mit dem Titel „Biochemical Individuality“<sup>1</sup> sowie das faszinierende umfangreiche Buch des Wiener Biolo-

gen Wolfgang Wieser :“Die Erfindung der Individualität“<sup>2</sup>.

Als eine wichtige Fundgrube erwies sich bei der Vorbereitung des Manuskripts das Internet, das ich dem interessierten Leser sehr ans Herz legen kann. So wurden alle Internetquellen der im Text zitierten Informationen im Anhang aufgelistet.

Ein Schlagwortregister und eine Zusammenstellung von Erklärungen wichtiger Fachausdrücke beschließen den Text.

Und noch ein Wort in eigener Sache: Da beabsichtigt ist, das Manuskript im Laufe der Zeit zu aktualisieren und zu erweitern, wünsche ich mir von meinen Lesern neben rücksichtsloser Kritik vor allem Vorschläge zu neuen Themen und Inhalten, die die Qualität des Buches verbessern könnten.

Jürgen Groth  
jka.groth@web.de



## Makromoleküle

### Bausteine des Lebens

Das Leben ist seit seiner Entstehung vor etwa vier Milliarden Jahren an Makromoleküle gebunden. Besonders die beiden Gruppen von Biomolekülen - Eiweiße und Nukleinsäuren (RNS, DNS) - spielen in gegenseitiger Abhängigkeit eine dominierende Rolle (Abb. 1). Sie sind die unabdingbare Voraussetzung dafür, daß sich Leben selbst reproduzieren und erhalten kann. Dabei bilden die Nukleinsäuren den von Generation zu Generation weitergegebenen prinzipiellen Bauplan, der für die korrekte Synthese der verschiedenen Eiweiße verantwortlich ist. Namentlich die Synthese der Enzyme (Biokatalysatoren) wiederum ist die Voraussetzung dafür, daß die Nukleinsäuren synthetisiert werden können. „Das Molekül der DNS, obwohl es so hervorragend in der Lage ist, Informationen zu speichern

und zu verdoppeln, ist nicht imstande, sich selbst zusammenzubauen. Das geschieht durch Proteine, die jedoch ihrerseits nicht imstande sind, sich ohne die in der DNS enthaltene Information zu reproduzieren. So gesehen ist Leben stets und ständig ein Zusammenspiel dieser beiden Molekularsysteme“<sup>3</sup>.

Wie wir bald sehen werden, haben die genannten beiden Makromoleküle zwei wichtige Eigenschaften: Sie können aufgrund ihrer strukturellen Organisation Information speichern und auf das sie umgebende Milieu in angemessener Weise reagieren. So sind ihre Funktionen ständigen Regulationsmechanismen unterworfen. Dies bedeutet, daß die im Laboratorium nachweisbaren Strukturen letztlich nur Möglichkeiten repräsentieren, in verschiedener Weise reagieren zu können. Insofern muß die Euphorie über die Aufklärung des menschlichen Genoms etwas gedämpft werden. Zwar kennen wir nun ziemlich genau die Reihenfolge der Bausteine der DNS aller Chromosomen des Menschen (vgl. Abschnitt „Das Genom“) aber noch lange nicht die Gesamtheit der Eiweiße, die sich aus diesen Informationen ableiten. Auch wenn wir letztere lückenlos kennen würden, fehlte uns für die meisten wegen ihrer strukturellen und funktionellen Vieltätigkeit das Wissen über ihre Reaktionsmöglichkeiten im biologischen Geschehen. Aber gerade dieses

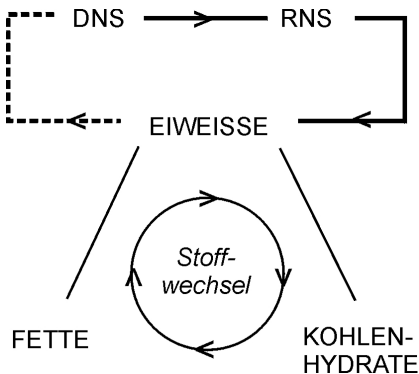


Abb. 1: Gegenseitige Beziehungen zwischen Nukleinsäuren (DNS, RNS) und Eiweißen

Wissen ist es, was benötigt wird, um wichtige biologische Prozesse zu verstehen, die mit brennenden medizinischen Fragestellungen verbunden sind.

Um es auf die Spitze zu treiben, hat sich die Natur noch etwas Besonderes einfallen lassen. Sie hat jedem Individuum seine persönliche molekulare Ausstattung mitgegeben. So gibt es molekulare Differenzen von Individuum zu Individuum, die zu jedem Zeitpunkt des Individuallebens konstant präsent sind und das Einzelwesen charakterisieren. Diese Eigenschaften können labortechnisch erfaßt und dokumentiert werden. Ihre Bedeutung liegt in der Sicherung einer geregelten Zell-Zell-Kooperation sowie zur Unterscheidung von Selbst und Fremd bei der inneren und äußeren Überwachung durch das Immunsystem.

## **Das Schlüssel-Schloss-Prinzip**

### *Komplementarität und molekulare Individualität*

---

Als 1904 der Physiker und spätere Nobelpreisträger Niels Bohr den Begriff der Komplementarität prägte, verband sich damit die Dualität von Teilchen und Welle, also die Gleichzeitigkeit der Existenz zweier Formen der Materie. Im Zusammenhang mit unserem Thema wird es bei diesem Begriff um das sogenannte Schlüssel-Schloß-Prinzip gehen, das wir überall in der belebten Natur verwirklicht finden und das uns an vielen Stellen der vorliegenden Schrift begegnen wird. Einfach gesagt handelt es sich darum, daß zwei molekulare

Die Kenntnis der individuellen molekularen Ausstattung der Lebewesen hat zur Entwicklung mannigfaltiger Untersuchungsverfahren geführt, die es erlauben, Individuen oder Gruppen von Individuen voneinander zu unterscheiden bzw. ihre Zuordnung zu bestimmten Gruppen und deren Abstammungsverhältnisse festzustellen. Bekannte Verfahren sind z.B. die Blut- und Gewebegruppenbestimmung oder der genetische Fingerabdruck. Alle diese spezifischen Verfahren beruhen auf dem sog. Schlüssel-Schloß-Prinzip.

Fazit: : Die gegenseitigen Beziehungen zwischen Nukleinsäuren (DNS, RNS) und Eiweißen bilden das Fundament für die Reproduktion und Erhaltung des Lebens. Jedes Individuum unterscheidet sich durch seine individuelle molekulare Ausstattung.

Strukturen zueinander passen müssen, um eine bestimmte Funktion erfüllen zu können, eben wie Schlüssel und Schloß (Abb. 2).

So brauchen Hormone einen (strukturell) passenden Rezeptor um wirken zu können, Antikörper sind gegen eine spezifische komplementäre molekulare Antigenstruktur gerichtet, Oberflächenstrukturen von zirkulierenden Zellen brauchen passende Strukturen, um „nach Hause“ zu finden, Viren benötigen zur Infektion ihres Wirtes spezifische molekulare „Andockstellen“ , Immunzellen, die

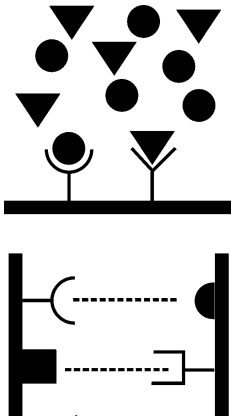


Abb. 2: Oben: Spezifische Rezeptoren reagieren nur mit ihren „passenden“ komplementären Molekülstrukturen; Unten: Ähnlich verhält es sich bei der Reaktion komplementärer Strukturen an der Oberfläche zweier Zellen; In beiden Fällen führt die Reaktion zur Auslösung spezifischer Signalketten.

funktionell zusammenarbeiten, benötigen an ihrer Membranoberfläche Moleküle, die bestimmte Oberflächenmoleküle des „Partners“ als Eigen und gleichzeitig das molekular Fremde als fremd erkennen. Spermien müssen ein bestimmtes Glykoprotein an der Oberfläche der Eizelle vorfinden, um in sie einzudringen. Alle Zellen in Zellverbänden (Gewebe, Organe) besitzen an ihrer Membranoberfläche Strukturen und komplementäre Gegenstrukturen, die Teil der Kommunikation zwischen den Zellen sind

und zum strukturellen und funktionellen Zusammenhalt beitragen.

Bei der Entwicklung verschiedener diagnostischer Untersuchungsverfahren wird das Prinzip der Komplementarität umfangreich genutzt, so für die Immundiagnostik (Blutgruppenbestimmung, Gewebetypisierung, Infektionsdiagnostik) oder in molekularbiologischen („genetischen“) Diagnostikverfahren wie dem „genetischen Fingerabdruck“, dem Vaterschafts-Ausschlußtest oder dem Nachweis genetischer Anomalien. Alle diese Untersuchungen beruhen darauf, daß die Testreagenzien mit bekannter molekularer Spezifität komplementär zum Untersuchungsmaterial sind und ihre Bindung oder Reaktion das Vorhandensein der Zielstruktur anzeigt. In vielen Fällen werden die immunologischen oder molekulargenetischen Verfahren dazu eingesetzt, um individuelle molekulare Besonderheiten (z.B. Blut- und Gewebemerkmale) nachzuweisen oder Krankheitsrisiken abzuschätzen.

Fazit: Die gezielte Kooperation der Zellen und die Realisierung der meisten makromolekularen Prozesse in einem Organismus gründen sich auf der Komplementarität ihrer molekularen Strukturen. Darüberhinaus ist das Schlüssel-Schloß-Prinzip notwendige Voraussetzung für die Zellkooperation und die Unterscheidung von Selbst und Fremd.

## Die Zelle

### Die Welt der geordneten Moleküle

Unser Körper ist aus zirka 13 Billionen Zellen aufgebaut. Jede Zelle (Abb.3) stellt einen kleinen Organismus dar, der in der Lage ist, mit seinen benachbarten Zellen und/oder der Außenwelt des Gesamtorganismus zu kommunizieren. Im Gegensatz zu den Einzellern, die alle biologischen Funktionen gleichzeitig bewerkstelligen müssen, finden wir bei den Vielzellern eine mehr oder weniger ausgeprägte funktionelle Differenzierung und Spezialisierung der einzelnen Zelltypen. Man zählt heute mehr als 250 funktionell verschiedene Zellarten. Wir werden später sehen, daß alle Zellen eines Individuums die gleichen genetischen Informationen tragen, die jedoch entsprechend ihrem Differenzierungsgrad oder ihrer funktionellen Disposition einzeln oder gruppenweise an- oder abgeschaltet werden können.

Beginnen wir mit der Zellmembran oder Plasmamembran<sup>4</sup>, die den Zellinnenraum umschließt und die Schranke zum extrazellulären Raum bildet. Hier finden alle stofflichen und

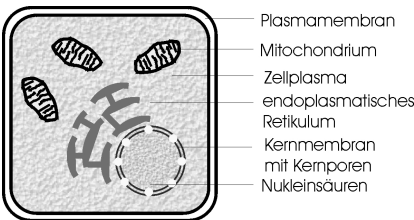


Abb. 3: Schematische Darstellung einer Zelle

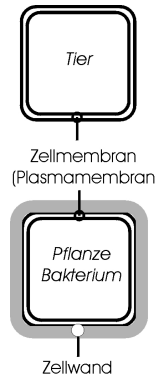


Abb. 4: Die tierische Zelle wird durch eine Doppelmembran begrenzt. Der Pflanzenzelle ist zusätzlich eine kohlenhydratreiche Zellwand aufgelagert.

Informationsaustausche mit der „inneren Umwelt“ statt, die der Erhaltung, dem Wachstum und der Reproduktion der Zelle dienen. Dementsprechend ist ihr Bau sehr differenziert und hochdynamisch. Die Zellmembran bildet in organisierten Geweben die Grenze zu den Nachbarzellen und im Fall „flüssiger Gewebe“ wie etwa dem Blut oder der Lymphe die Schranke zum umgebenden Flüssigkeitsstrom.

Die elektronenmikroskopisch sichtbare Grundstruktur der Plasmamembran ist eine Doppelmembran, die für sich allein genommen, ziemlich inert ist und kaum zur Ausführung von fein abgestimmten Regelprozessen geeignet wäre. Sie besteht zur Hälfte aus verschiedenen Lipidmolekülen (z.B.

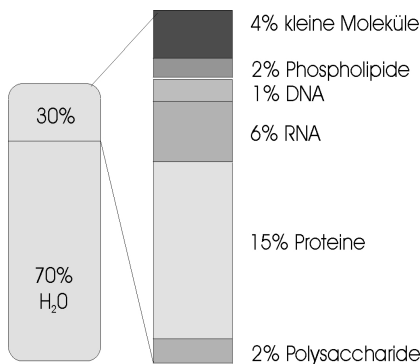


Abb. 5: Durchschnittliche Zusammensetzung des Zytoplasmas

Cholesterin, Phospholipide) und zur anderen Hälfte aus Proteinen oder Abkömmlingen von reinen Proteinen (z.B. Glykoproteinen, Lipoproteinen). Der Fachterminus „Zellwand“ wird im Gegensatz zur Plasmamembran für jene Schichten verwendet, die bei der Bakterien- und Pflanzenzelle der Plasmamembran zusätzlich aufgelagert sind und hauptsächlich aus Zuckermolekülen und deren komplexen Abkömmlingen bestehen (Abb. 4).

An der Oberfläche der Plasmamembran läßt sich eine Vielzahl von verschiedenen Makromolekülen - meist Glykoproteine - nachweisen, deren Funktion bisher nur unvollständig aufgeklärt ist. Sie bilden in Abhängigkeit von der funktionellen Differenzierung (von der Stammzelle zur Organzelle) und dem aktuellen funktionellen Zustand charakteristische Molekülmuster. Einige dieser Zelloberflächenmoleküle jedoch sind individualspezifisch, d.h. ihre Struktur unterscheidet sich von Individuum zu

Individuum. Sie bilden z.B. die Grundlage für die Blutgruppen- und Gewebetypisierung und die Risikoabschätzung für verschiedene Krankheiten wie den verschiedenen Leukämien.

Die erwähnten Regelprozesse an der Zellmembran werden von Makromolekülen - meist Eiweißen - bewerkstelligt, die der Membran innen oder außen auf- oder eingelagert sind oder als Transmembranmoleküle den extrazellulären mit dem intrazellulären Raum verbinden.

Ohne uns weiter in diese hochinteressante Materie zu vertiefen, soll noch erwähnt werden, daß die Membranproteine nicht in der Membran starr fixiert sind, sondern daß die Plasmamembran aufgrund ihrer Struktur als flüssiger Kristall (denken Sie an die LCD-Anzeige in ihrem Taschenrechner) die Bewegung der Membranproteine in der Membran zulassen - sie „schwimmen“ in der Membran.

Kommen wir zum Zellinnenraum. Er wird ausgefüllt vom „Zytoplasma“, einem Gemisch von Salzen und Makromolekülen (Abb. 5) sowie von geformten mikroskopisch oder elektronenmikroskopisch darstellbaren Zellorganellen. Wichtig zu wissen ist, daß der Zellinnenraum keine amorphe Suppe darstellt, sondern wohlorganisiert ist und „alles seinen Platz hat“. Dafür sorgen Membran- und Faserstrukturen, die die einzelnen funktionellen Kompartimente voneinander abtrennen und die Beziehungen zwischen ihnen organisieren.

Im folgenden sollen nun einige Zellorganelle besprochen werden, soweit sie zum Verständnis der weiteren spezielleren Ausführungen erforderlich sind. Dies sind: der Zellkern, das endoplasmatische Retikulum mit den Ribosomen und die Mitochondrien.

**Zellkern (Nukleus).** Beim Menschen haben - bis auf die reifen roten Blutkörperchen - alle Zellen einen Zellkern. Der Kern beherbergt den größten Teil der genetischen Information, die über die Keimzellen an die Nachfahren weitergegeben wird. Sie ist in den Nukleinsäuren (DNS, RNS) gespeichert und in den Chromosomen lokalisiert. Nur während einer bestimmten Phase der Zellteilung (Meta-phase) sind die Chromosomen nach Anfärbung sichtbar.

Auch der Zellkern wird wie die gesamte Zelle von einer Doppelmembran umgeben. Er besitzt Kernporen, die während der Eiweiß-Biosynthese eine wichtige Rolle beim Transport und der Übersetzung der im Kern gespeicherten genetischen Information in die Aufeinanderfolge der Eiweißbausteine (Aminosäuren) spielt (vgl. Abschnitt "Vom Gen zum Eiweiß"). Die Kernporen sind für die riesigen DNS-Moleküle undurchlässig, jedoch für die kleineren Überträger der genetischen Information, die Messenger-RNS (Boten-RNS), durchlässig. Auf diese Weise können letztere in den Zellinnenraum gelangen, wo sich in der Nähe des Zellkerns die Biosynthese der Eiweiße abspielt. Dieses endoplasmatische Retikulum besteht aus einem Netzwerk

von Doppelmembranen (endoplasmatisches Retikulum), denen die sog. Ribosomen aufgelagert sind (daher der Name „rauhes“ endoplasmatisches Retikulum). Hier findet die Eiweißsynthese, also der Übergang der genetischen Informationen in die Primärstruktur der Eiweiße, statt.

Die Mitochondrien sind stäbchenförmige bis kugelige Organelle, die als „Kraftwerke der Zelle“ bezeichnet werden, da sie als der Hauptort der Biosynthese von universellen Energieträgern (ATP) angesehen werden, die an den meisten energieabhängigen Stoffwechselreaktionen beteiligt sind. Im Zusammenhang mit unserem Thema ist zu erwähnen, daß die Matrix der Mitochondrien ringförmige DNS und RNS sowie Ribosomen enthält, also den gesamten prinzipiellen Informations- und Syntheseparat, wie er für die chromosomale DNS und RNS sowie das endoplasmatische Retikulum für den Zellkern soeben beschrieben wurde. So ist es nicht überraschend, daß es neben der chromosomalen Vererbung auch eine mitochondriale Vererbung gibt, die allerdings auf eine Weitergabe der Erbinformationen in weiblicher Linie beschränkt ist (vgl. Abschnitt „Das Mitochondriengenom“).

**Fazit:** Die genetische Information ist im Zellkern und den Mitochondrien gespeichert. Die Übersetzung der genetischen Information in Eiweißstrukturen findet außerhalb des Zellkerns in der Nähe der Kernmembran statt.



## Nukleinsäuren

### Bausteine der Genetik

Fast jedermann weiß heutzutage aus dem Schulunterricht, daß der Hauptteil der Erbinformationen im Kern der Zelle in den Chromosomen lokalisiert ist und über die Keimzellen (Spermien, Eizellen) an die Nachfahren weitergegeben wird. Die Träger der Erbinformationen - die Nukleinsäuren namentlich die DNS - sind in aller Munde (genetischer Fingerabdruck, Präimplantationsdiagnostik, Klonen u.a.).

Im Folgenden werden wir uns kurz mit den Nukleinsäuren, deren Aufbau und Funktion sowie dem Zusammenhang zwischen den Erbinformationen und der Biosynthese von Eiweißen beschäftigen, um herauszufinden, wie und wo die Informationen für die individuellen Unterschiede von Mensch zu Mensch gespeichert sind. Doch zuerst ein wenig Basiswissen.

Die molekulare Grundlage der Nu-

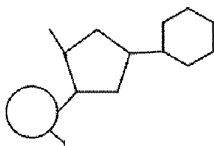
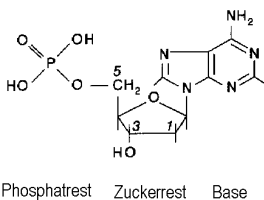


Abb. 6: Aufbau eines Bausteins der Nukleinsäuren

kleinsäuren (Kernsäuren) bilden sehr kleine organische Bausteine sog. Nucleotide, die sich jeweils aus drei Molekülen zusammensetzen: einem basischen Ringmolekül (Base), einem Zucker- und einem Phosphatrest. Entsprechend der Art des Zuckermoleküls (Ribose oder Desoxyribose) werden Ribonucleinsäuren (RNS; engl.: RNA - ribonucleic acid) und Desoxyribonucleinsäuren (DNS; engl.: DNA - desoxyribonucleic acid) unterschieden.

Abb. 6 zeigt die zweidimensionale Darstellung der Molekülstruktur eines Nucleotids und darunter das vereinfachte Schema eines solchen Bausteins. Die für einen Nichtchemiker vielleicht abschreckende Strukturformel ist für das weitere Verständnis nicht erforderlich. Das Wissen um die Bedeutung der Nucleotide, die sozusagen die Buchstaben des genetischen Codes darstellen, sollte der Leser jedoch für das Verständnis der nächsten Kapitel ständig zur Verfügung haben.

Es gibt vier verschiedene Basen, die vier verschiedene Nucleotid-Bausteine der DNS charakterisieren: Adenin (A), Guanin (G), Thymin (T) und Cytosin (C). Im Falle der RNS steht Uridin (U) anstelle von Thymin (T). Die sequenzielle Abfolge dieser vier Nucleotide bildet die Grundlage für den genetischen Code, die Basis der molekularen Genetik. Dieses Programmiersystem funktioniert universell in der belebten Natur – vom

Grippevirus bis zum Menschen !

Lange Molekülketten aus Millionen oder Milliarden von Nukleotiden, die über den Zucker- bzw. Phosphatanteil miteinander verknüpft sind, bilden die Primärstruktur der Nucleinsäuren (Abb. 7). Neben der bloßen Aneinanderreihung der Nucleotide weisen die Nucleinsäuren eine strenge räumliche Spiralstruktur - die Sekundärstruktur - auf, die aus zwei Einzelsträngen besteht, in der sich jeweils zwei komplementäre Basen gegenüberstehen (komplementäre Basenpaarung), nämlich G gegenüber C und T gegenüber A. Der erst vor wenigen Jahren verstorbene Erwin Chargaff<sup>5</sup> hatte bereits 1950 herausgefunden, daß in jeder DNS die Bausteine A und T bzw. G und C jeweils im exakt gleichen Mengenverhältnis vorkommen. So lag die Vermutung nahe, daß es sich bei den Nucleinsäuren um eine komplementäre Molekülstruktur handeln mußte.

Die beiden Einzelstränge werden über schwache Wasserstoffbrücken (nicht über feste chemische Bindungen) zwischen den komplementären Basen zusammengehalten. Auf diese Weise entsteht ein gegenläufiger Doppelstrang (Doppelhelix, Abb. 7), der entweder mit einem Zucker- oder Phosphatrest endet. Die Stabilität des Riesenmoleküls wird durch das Milieu der Zelle erreicht, das dem des Urozean ähnelt, aus dem alles Leben einstmals hervorgegangen ist.

Am 25. April 1953 veröffentlichten die Wissenschaftler James Watson und Francis Crick anhand eines räum-

lichen Modells ihre Hypothese von der DNS-Doppelhelix. Für dieses Modell erhielten sie 1962 den Nobelpreis für Medizin und Physiologie. Titel: „Entdeckung über die Molekularstruktur der Nucleinsäuren und ihre Bedeutung für die Informationsübertragung in lebender Substanz“<sup>6</sup>

Um sich eine Vorstellung von den Dimensionen des universellen Informationsträgers DNS machen zu können, hier noch einige erstaunliche

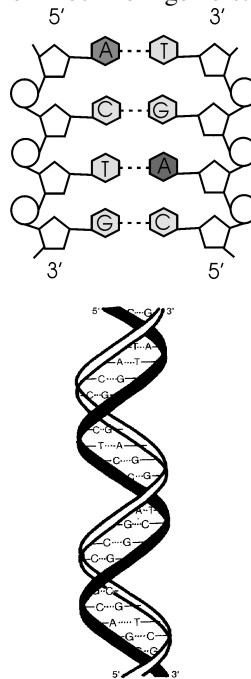


Abb. 7: Oben: Ausschnitt aus einem DNS-Doppelstrang. Die Verbindung der Einzelstränge erfolgt über komplementäre Basenpaarungen A-T bzw. G-C. Unten: Der Doppelstrang weist eine strenge räumliche Spiralstruktur auf.

Fakten<sup>3</sup>: Die Länge der DNS in den 46 Chromosomen eines einzelnen menschlichen Zellkerns beträgt in der Summe etwa 2 Meter. So ist der DNS-Faden eine Milliarde mal länger als sein Durchmesser. Zieht man alle Zellen des Körpers in Betracht, so kommt man auf eine Gesamtlänge des DNS-Fadens von 200 Milliarden Kilometer, also der siebzigfachen Strecke Sonne-Saturn. Allein die Tatsache, daß die 2m DNS in einer einzelnen Zelle im winzigen Zellkern untergebracht werden muß und zum Zeitpunkt der Zellteilung wieder aufgerollt wird, um danach erneut in die kompakte Form gebracht zu werden, sollte uns ein wenig Ehrfurcht vor dem Leben einflößen.

DNS aus einem biologischen Material zu isolieren ist kinderleicht und bedarf keines größeren labortechnischen Aufwandes. In vielen Fällen, insbesondere bei der Bearbeitung kriminalistischer Fragestellungen mit geringsten Materials Spuren, ist es jedoch erforderlich, die zur Verfügung stehende Probenmenge zu vervielfältigen, um in den nachfolgenden Nachweisverfahren zuverlässige Resultate zu erhalten.

Das Prinzip der DNS-Vervielfältigung (Amplifikation) ist einfach zu verstehen: Die Doppelstränge der DNS werden durch Hitze (ca. 95°) aufgespalten. Durch Zugabe von Nukleotidbausteinen (A,T,G,C) und eines Enzyms (Polymerase) werden die komplementären Gegenstränge der beiden Einzelstränge bei niedrigeren Temperaturen synthetisiert. Dieser Vorgang wird mehrfach wiederholt

und heißt Polymerase-Kettenreaktion-Reaktion (PCR)<sup>7</sup>. Die Methode wurde bereits Mitte 1985 von Karry Mullis entwickelt, für die er 1993 den Nobelpreis für Chemie erhielt. Sie ahmt praktisch die identische Verdopplung der DNS in kernhaltigen Zellen bei der Zellteilung nach. Mittels PCR kann durch etwa 30 solcher Zyklen die DNS-Vorlage aus der Probe auf das Milliardenfache vermehrt werden. Die PCR wird eingesetzt, um einen kurzen, genau definierten Teil eines DNS-Strangs zu vervielfältigen. Dabei kann es sich um ein Gen oder auch nur um einen Teil eines Gens oder eines nichtkodierenden Abschnitts der DNS handeln. Im Gegensatz zu lebenden Organismen kann der PCR-Prozess nur kurze DNS-Abschnitte bis zu 10.000 Basenpaaren kopieren.

Eine Zufallsentdeckung hat die weite Verbreitung dieses Verfahren möglich gemacht. Wie gesagt, benötigt man zur Amplifikation ein Enzym, das bei einer Temperatur von 95°C stabil und wirksam ist und nicht wie die meisten Eiweiße bei 60°C seine Arbeit einstellt. So entdeckte man ein Bakterium namens *Thermophilus aquaticus*, das bei über 110°C in Geysiren des Yellowstone National Parks (USA) lebt und dessen Enzyme außerordentlich hitzestabil sind. Der Name der heute meist benutzten Polymerase leitet sich deshalb von dem Namen dieses Bakteriums ab: Taq-Polymerase.

Fazit: Die Nukleinsäuren DNS und RNS sind aus vier verschiedenen Nu-

kleotidbausteinen aufgebaut. Ihre Aufeinanderfolge bildet den universellen genetischen Kode für die Synthese der verschiedenen Eiweiße. Die

Nukleinsäuren weisen eine strenge räumliche Spiralstruktur auf, die aus zwei Einzelsträngen besteht.

## Vom Gen zum Eiweiß

### *Die Realisierung des genetischen Bauplanes*

---

Die Erbinformation des Menschen besteht aus zirka 3 Milliarden Nukleotidbausteinen. Jeweils 1.000 bis 3.000 solcher Buchstaben bilden ein Gen. Das Genom des Menschen umfaßt etwa 30.000 Gene.

Die Begriffsdefinition des Gens ist nicht ganz einheitlich. In der klassischen Genetik bezeichnete man als Gen einen Erbfaktor, welcher ein Merkmal definiert. Heute wird ein Gen als chemisch definierter Abschnitt eines DNS-Stranges bezeichnet, der in eine Boten-RNS (Messenger-RNS, mRNA) übersetzt wird, die danach die Matrize für die Synthese eines spezifischen Eiweißes bildet. Die kodierenden Teile des Gens werden als Exon bezeichnet. Alle kodierenden Abschnitte machen zusammen nur wenige Prozent des Genoms aus. Die nichtkodierenden „stummen“ Teile eines Gens, die Introns, beste-

hen aus den gleichen Bausteinen wie die der kodierenden Teile. Sie sind für die verschiedensten Regulationsaufgaben verantwortlich. Wir werden im Zusammenhang mit der Regelung der Genaktivität noch mehrmals im Detail auf diese Problematik zurückkommen, weil sie für das Verständnis der molekularen Vielfalt und Individualität von zentraler Bedeutung ist.

Betrachten wir nun den Weg der kodierenden genetischen Information der DNS eines Gens, wie sie im Kern bzw. den Mitochondrien vorliegt, bis zum fertigen Eiweißmolekül (Polypeptid), ohne vorerst die vielfältigen Regulationsmöglichkeiten in Betracht zu ziehen. Dieser Weg der genetischen Information von der DNS zum fertigen Protein wird als das „zentrale Dogma der Molekularbiologie“ bezeichnet. Der prinzipielle Ablauf ist in Abb. 8 und Abb. 9 skizziert.



*Abb. 8: Weg der genetischen Information von der DNS zum Protein (Kurzform)*

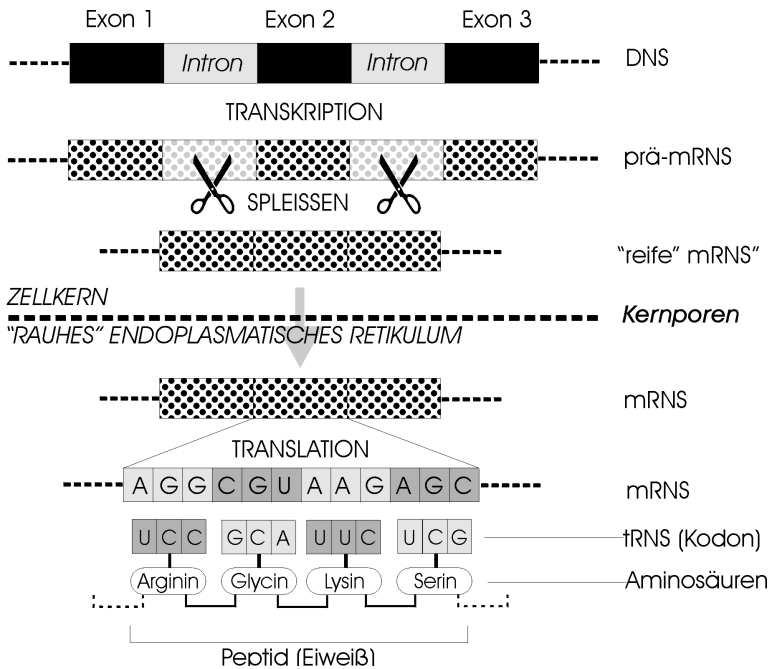


Abb. 9: Weg der genetischen Information von der DNS zum Protein (Details)

Vorweg sei bemerkt, daß die genetischen Informationen für das herzustellende Protein, die Exons, nicht in ununterbrochener Reihenfolge hintereinander vorliegen. Sie werden wiederholt durch Bereiche ohne entsprechende Informationen für die Synthese spezifischer Eiweiße, nämlich die erwähnten Introns, getrennt. Letztere werden zu einem späteren Zeitpunkt herausgetrennt.

Schritt 1. Transkription im Zellkern. In einem ersten Schritt wird die DNS in eine vorläufige instabile Messenger-RNS (prä-mRNS) umkopiert, die noch alle Exons und Introns enthält. Der daran anschließende Prozeß des

Spleißens - nämlich das Herausschneiden der nichtkodierenden Introns - stellt bereits auf dieser frühen Stufe der molekularen Informationsverarbeitung eine wichtige Quelle molekularer Differenzierung dar. Wir werden dies bei der Besprechung der Synthese spezifischer Antikörper im Zusammenhang mit dem alternativen Spleißens noch näher kennenlernen. Erst nachdem die Introns enzymatisch herausgeschnitten (gespleißt) wurden, haben wir die reife mRNA vor uns, die durch die Kernporen aus dem Kern auswandert und die endgültige Matrize für die Eiweißsynthese im endoplasmatischen

Tab1: Mögliche Kodewörter (Trinukleotide) der mRNS für einzelne Aminosäuren

Aminosäure	Abkürzung	Kode 1	Kode 2	Kode 3	Kode 4
Alanin	<i>Ala (A)</i>	GCU	GCC	GCA	GCG
Arginin	<i>Arg (R)</i>	AGG	AGA		
Asparagin	<i>Asn (N)</i>	AAC	AAU		
Asparaginsäure	<i>Asp (D)</i>	GAU	GAC		
Cystein	<i>Cys (C)</i>	UGU	UGC		
Glutamin	<i>Gln (Q)</i>	CAA	CAG		
Glutaminsäure	<i>Glu (E)</i>	GAA	GAG		
Glycin	<i>Gly (G)</i>	GGU	GGC	GGA	GGG
Histidin	<i>His (H)</i>	CAC	CAU		
Isoleucin	<i>Ile (I)</i>	AUA	AUC	AUU	
Leucin	<i>Leu (L)</i>	UUA	UUG		
Lysin	<i>Lys (K)</i>	AAG	AAA		
Methionin	<i>Met (M)</i>	AUG			
Phenylalanin	<i>Phe (F)</i>	UUU	UUC		
Prolin	<i>Pro (P)</i>	CCU	CCA	CCC	CCG
Serin	<i>Ser (S)</i>	AGC	AGU		
Threonin	<i>Thr (T)</i>	ACG	ACA	ACC	ACU
Tryptophan	<i>Trp (W)</i>	UGG	UGG		
Tyrosin	<i>Tyr (Y)</i>	UAU	UAC		
Valin	<i>Val (V)</i>	GUA	GUC	GUU	
STARTSIGNAL		AUG			
STOPPSIGNAL		UAA	UAG	UGA	

Retikulum in der Nähe - aber außerhalb - des Zellkerns bildet.

Schritt 2. Translation außerhalb des

Zellkerns. Translation bedeutet in diesem Zusammenhang: Übersetzung der Informationen, die in den Nukleotid-

sequenzen der Boten-RNS stecken, in Ketten von Aminosäure-Bausteinen, der Basis der Eiweißstrukturen. Dazu muß man wissen, daß die einzelnen Aminosäuren zum Transport an kleine Transfer-RNS-(tRNS)-Moleküle (70-90 Nukleotide) gebunden sind, die aus jeweils drei Nukleotiden (Tripletts) bestehen (Tab. 1). Sie bilden auf diese Weise die kleinste kodierende Einheit - das Kodon. Beispielsweise bildet das Nukleotid-Triplett GCA das Kodon für den Transport der Aminosäure Alanin. Diese tRNS-Triplett-Aminosäurekomplexe binden komplementär an die Tripletts der mRNS-Matritze. Auf diese Weise entsteht - entsprechend dem genetischen Kode - eine Reihenfolge von Aminosäuren, die dann enzymatisch miteinander verknüpft eine Peptikette ergeben - die Primärstruktur eines Eiweißmoleküls.

Dem Körper stehen 20 verschiedene Aminosäuren zur Verfügung, aus denen alle möglichen Aminosäureketten (kurze Peptide als auch Eiweiße) synthetisiert werden können. Da die 43 Kombinationen der 4 Basen in den Tripletts 64 Möglichkeiten ergeben aber nur 20 verschiedene Tripletts benötigt werden, um alle Aminosäuren zu kodieren, ist das System gewissermaßen überdimensioniert. So können die einzelnen Aminosäuren nicht nur durch ein einziges Triplett kodiert sein, sondern durch verschiedene Trinukleotide (Tab.1). Daneben werden für die Kodierung des Anfangs und des Endes der Peptidkette (Start- bzw.

Stopkodon) der Ablesung des Codes verwendet.

Bei der Entwicklung bestimmter Antibiotika macht man sich die Erkenntnisse über den Ablauf der Kodierung der Eiweißsynthese zunutze, indem chemische Abkömmlinge (Analoga) einer Aminosäure dazu benutzt werden, den Prozeß der Peptidsynthese in Bakterien zu unterbrechen. Diese sogenannten Analoga sind so synthetisiert, daß sie z.B. während der Peptidsynthese mit dem Vorgänger in der Peptidsequenz eine Verbindung eingehen können, mit dem Nachfolger jedoch nicht. Die pharmakologische Wirkung besteht also darin, daß im krankmachenden Bakterium die normale Synthese des Polypeptids bzw. Eiweißes abgebrochen wird, was zum Absterben des Bakteriums führt.

Die oben beschriebenen Einzelschritte umfassen nur wesentliche Gesichtspunkte zur Beziehung zwischen Nukleotidsequenz und Eiweißsynthese. An der Erforschung dieses Themengebietes waren und sind Tausende von Wissenschaftlern beteiligt. Neuere ist auch die Industrie in starkem Maße mit Milliardeninvestitionen an der Forschung als auch an der Produktion von Pharmaka, Bioprodukten (grüne, rote, weiße und graue Gentechnik) an dieser Entwicklung beteiligt. Soviel ist heute bereits sicher: Die molekularbiologische Wissenschaft und Technik wird unser ferneres Leben in weitaus stärkerem Maße beeinflussen als die sich heute rasant entwickelnde Informationstech-

nik, vor allem deshalb, weil sie unmittelbar - in positiver wie negativer Hinsicht - in unser physisches Leben eingreifen wird.

Fazit: Die in der DNS gespeicherte genetische Information wird in Form einer Kopie, der Boten-RNS (Messenger-RNS, mRNA) aus dem Zellkern in das sog. raue endoplasmatische Retikulum, den Ort der Eiweißsynthese, transportiert. Die verschiedenen Bausteine der Eiweiße, die Aminosäuren, werden mittels kurzer Sequenzen aus

3 Nukleotidbausteinen (Trinukleotide) zu den Synthesorten transportiert. Diese Kodons genannten Komplexe ordnen sich entsprechend der komplementären Sequenzen der Boten-RNS an. Nachdem die Nukleotid-Träger abgelöst wurden, können die einzelnen Aminosäuren miteinander verknüpft werden und bilden so eine Polypeptidkette, die Grundlage der Eiweiße. Der beschriebene Vorgang wird als das „zentrale Dogma der Molekularbiologie“ bezeichnet.

## Eiweiße (Proteine)

### *Die universellen Träger des Lebens*

---

Eiweiße sind also Ketten aus Aminosäuren (Polypeptide). Sie treten selten als gestreckte Kettenmoleküle auf wie z.B. in Haaren, Sehnen oder inneren Zellstrukturen. Die überwiegende Zahl der Eiweiße ist globulärer Natur. Das bedeutet, daß die mehr oder weniger gefaltete Polypeptidkette eine räumliche Struktur mit kugelförmiger oder elliptischer Oberfläche aufweist. Die räumliche Gestalt dieser Oberfläche mit Gruben und Erhöhungen (Abb. 10) ist von größter Bedeutung für das Verhalten dieser Moleküle im biologischen Geschehen. Sie bildet die räumliche Voraussetzung für alle molekularen Wechselwirkungen, die darauf beruhen, daß komplementäre räumliche Ladungsmuster nach dem erwähnten Schlüssel-Schloß-Prinzip miteinander reagieren können (Abb. 11).

Die räumliche Faltung der Peptidketten wird ganz wesentlich durch die

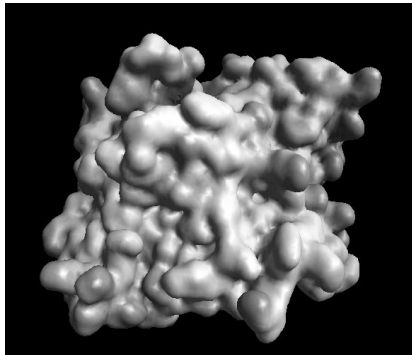


Abb. 10: Eiweißmolekül mit "Gruben" und "Erhöhungen"<sup>8</sup>

Sequenz der Aminosäuren und deren Seitenketten, Restladungen, Van-der-Waals-Kräften und der Bildung von Wasserstoffbrücken zwischen den Kettenanteilen, also durch intramolekulare Wechselwirkungen, bestimmt. So kann man bereits erahnen, daß ein direkter Zusammenhang zwischen unterschiedlichem genetischem Kode,



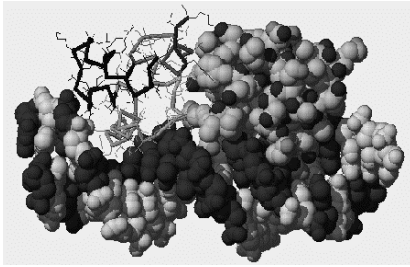


Abb. 11: Kontakt von zwei komplexen Molekülen<sup>9</sup>

resultierender Aminosäuresequenz, der daraus folgenden Faltung der Eiweißmoleküle sowie den Wechselwirkungsmöglichkeiten mit anderen Molekülen besteht. Wir werden im Weiteren sehen, daß hier in vielen Fällen der Schlüssel für die individuellen molekularen sowie funktionellen Unterschiede zwischen den Individuen begründet liegt.

Bei den Eiweißen handelt es sich nicht um Moleküle mit einer starren Struktur. Was ihre Struktur anbetrifft, sind sie vielmehr hochdynamisch und damit auch funktionell dynamisch wandelbar. Dies betrifft die Abhängigkeit der funktionellen Ausprägung vom umgebenden Milieu und der Wechselwirkung mit anderen Mikro- und Makromolekülen. Dieszüglich könnte man von einer dynamischen molekularen Vielfalt sprechen, die nicht nur in statischen Unterschieden von Individuum zu Individuum zum Ausdruck kommt, sondern auch gleichzeitig einen zeitabhängigen Zustand in einem einzelnen Individuum beschreibt.

Ein Drittel aller Eiweiße sind Enzy-

me, also Biokatalysatoren, die die Dynamik des Stoffwechsels bewerkstelligen. Eiweiße können als strukturbildende Proteine, als lösliche Moleküle in der Zelle oder der Zirkulation (Blut, Lymphe) vorkommen oder als Oberflächenmoleküle außen oder innen in die Zellmembran eingelagert sein oder die Zellmembran vollständig durchdringen, so daß sich der eine Teil in der Zelle und der andere im extrazellulären Raum befindet. Diese Moleküle haben die Aufgabe, den Informationsaustausch zwischen den Zellen des Gewebes zu gewährleisten, auf Milieuänderungen zu reagieren oder den Stoffaustausch zwischen Zellen und ihrer Mikroumwelt zu steuern.

An dieser Stelle soll noch einmal darauf hingewiesen werden, daß es sich bei den meisten hier besprochenen Eiweißen nicht um „pure“ Proteine handelt, die also nur aus Aminosäuren bestehen, sondern meist um Proteine mit verschiedenen Zuckerresten (Glykoproteine) oder anderen Begleitkomponenten wie Fetten (Lipoproteine), die stark zur molekularen Individualität beitragen können (Musterbeispiel Blut- und Gewebegruppen).

Fazit: Eiweiße sind Ketten aus Aminosäuren (Polypeptide). Obwohl es auch langgestreckte Moleküle gibt, handelt es sich bei den meisten Eiweißen um globuläre Strukturen. Die Polypeptidketten sind mehr oder weniger gefaltet und bilden Erhebungen und Gruben, deren räumliche

Vielfalt erst die Möglichkeit zu spezifischen Reaktionen mit komplementären Strukturen schafft. Viele dieser Strukturen sind individualspezifisch. Andere tragen als Komponenten der

Zellmembran zur Zell-Zell-Kooperation bei oder sind an der Fremd-Selbst-Unterscheidung beteiligt. Etwa ein Drittel aller Eiweiße sind Enzyme („Biokatalysatoren“).

## Chromosomen - Zellteilung - Rekombination

### Neue Vielfalt durch Rekombination

Chromosomen. Fast die gesamte Erbinformation des Menschen finden wir in den 23 Chromosomenpaaren, die im Kern der Zelle lokalisiert sind. Den Rest der Erbinformation (ca. 1%) beherbergen die Mitochondrien, denen ein extra Abschnitt gewidmet wurde (s. Abschnitt „Das Mitochondriengenom“). In der ruhenden, sich nicht teilenden Zelle sind die Chromosomen in der Regel nicht im Lichtmikroskop darstellbar. Es handelt sich um lange DNS-Fäden (Gesamtlänge ca. 2 m), die dicht gepackt und mit Hüllproteinen umgeben sind. Nur in einer bestimmten Phase der Zellteilung, wenn sich die DNS-Fäden zu kompakten Chromosomen organisieren und sich in der Zellmitte paarig anordnen, sind sie dem Beobachter zugänglich, können fotografisch dokumentiert und zur Feststellung bestimmter genetischer Erkrankungen (z.B. Mongolismus) herangezogen werden. Abb. 12 zeigt ein typisches Karyogramm eines Menschen mit 22 jeweils morphologisch identischen Chromosomenpaaren (Autosomen), die ihrer Größe nach durchnummeriert wurden sowie den zwei Geschlechtschromosomen (Gonosomen) X und Y. Frauen besitzen 2 X-Chromosomen

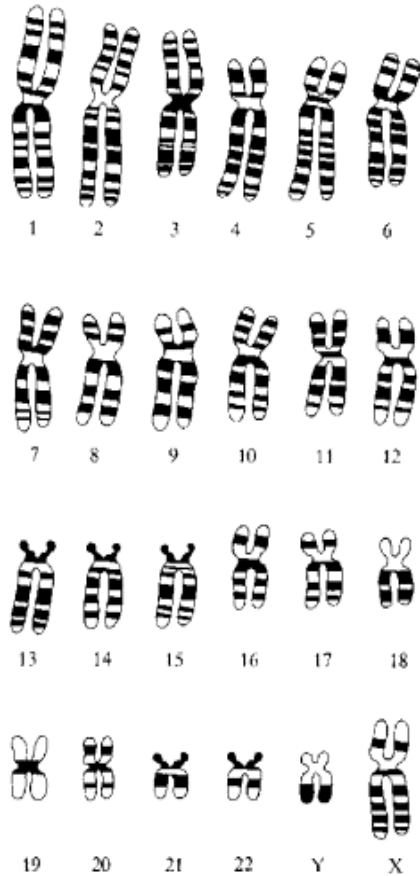


Abb. 12: Karyogramm eines Menschen<sup>102</sup>

Tab. 2: Chromosomenzahl bei verschiedenen Tier- und Pflanzenarten

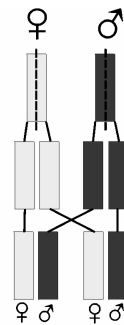
Spezies	n	Spezies	n
Wurm*	2	Rhesusaffe	42
Mücke	6	Hafer	42
Drosophila	8	Mensch	46
Hausfliege	12	Ameise	48
Erbse	14	Tabak	48
Speisezwiebel	16	Gorilla	48
Mais	20	Schimpanse	48
Zuckerrohr	20	Kartoffel	48
Bohne	22	Rind	60
Reis	24	Katze	64
Frosch	26	Meerschwein	64
Hefe	32	Huhn	78
Hund	38	Karpfen	104
Maus	40	Einsiedlerkrebs	254
Weizen	42	Farn-Arten	600
Ratte	42	* <i>Parascaris univalens</i>	

(XX), Männer 1 X-Chromosom und 1 Y-Chromosom (XY). Zum Vergleich findet sich in Tab. 2 eine Auflistung verschiedener Tier- und Pflanzenarten mit Angabe ihrer Chromosomenzahl. Dabei fällt auf, daß die Anzahl der Chromosomen offensichtlich in keinem Zusammenhang mit der Größe der Organismen oder ihrer entwicklungs-geschichtlichen Zuordnung steht. Ihre Anzahl schwankt zwischen 1 Chromosomenpaar (Wurm *Parascaris univalens*) und mehr als 600 Chromosomen bei bestimmten Farnarten. Der Mensch steht also hinsicht-

lich seiner Chromosomenzahl zwischen Hafer und Ameise. Darüberhinaus gibt es Tier- und Pflanzenarten, die durch einen drei-, vier- oder mehrfachen Chromosomensatz ausgezeichnet sind<sup>11</sup>.

Zellteilung. Bei der einfachen Zellteilung (Mitose) wird der väterliche und mütterliche Teil des Chromosomenpaares verdoppelt und auf die Tochterzellen verteilt (Abb. 13). Die Tochterzellen besitzen dann wieder einen doppelten (diploiden) Chromosomensatz wie die Ursprungszelle.

Im Gegensatz zur einfachen Zellteilung wird bei der Reifeteilung (Meiose<sup>102</sup>, Abb. 14) - also bei der Entstehung der Keimzellen (Eizellen und Spermien) - in einem ersten Schritt der paarige (doppelte, diploide) Chromosomensatz halbiert, so daß die ehemals väterlichen und müt-



2 Tochterzellen (diploid)  
(Körperzellen)

Abb. 13: Mitose. Bei der einfachen Zellteilung wird der väterliche und mütterliche Teil des Chromosomenpaares verdoppelt und auf die beiden Tochterzellen verteilt.