
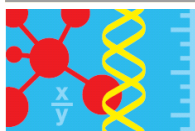


Wie arbeite ich erfolgreich mit diesem Skript?

1. Arbeiten bedeutet nicht nur lesen, sondern wirklich „bearbeiten“: Unterstreiche, markiere, mach dir zusätzliche Stichpunkte, verbinde durch Pfeile im Skript. All das kann dir helfen Zusammenhänge zu sehen und die wichtigsten Inhalte zu behalten.
2. Nimm dir die nötige Zeit um über Zusammenhänge nachzudenken und versuche sie selbst nachzuvollziehen. Einen Satz zu lesen und ihn zu verstehen ist ein kleiner aber feiner Unterschied!
3. Rede deshalb auch mit den anderen über die Aufgaben und Inhalte. Je genauer man sich austauscht und diskutiert, desto mehr lässt sich lernen.
4. Mit einem Sternchen * sind Wörter markiert, die im Glossar erklärt werden. Denk erst selber nach, was dir zu dem Begriff einfällt, schlage sie wenn nötig nach und notiere dir vielleicht auch ein paar Stichwörter direkt im Fließtext, damit du sie schnell wieder vor Augen hast.
5. Beantworte die Fragen, die im Skript auftauchen. Bespreche und diskutiere deine Ergebnisse mit anderen.
6. Versteh dieses Skript auch als Chance dein eigenes Wissen zu überprüfen: Dieses Skript kann dir als gute Wiederholung der Proteinbiosynthese, zum Aufbau von Proteinen und zu vielen anderen Themen dienen! Und damit auch zur Vorbereitung auf eine Klausur oder das Abitur... Alles was du hier sorgfältig erarbeitest und schriftlich festhältst, muss du dann nicht noch einmal aus Büchern, Unterlagen und dem Internet zusammensuchen!
7. Suche deshalb selbst Verbindungen zu deinem Wissen: Welche Begriffe kennst du schon? In welchem Zusammenhang sind sie dir begegnet?
8. Hier kann dir vor allem dein eigenes Begriffsnetz hilfreich sein: Findest du neue Verbindungen? Werden dir schon bestehende Verknüpfungen klarer? Auch das Begriffsnetz kannst du während der Arbeit „bearbeiten“: Neue Punkte und Verbindungen einfügen, Verknüpfungen umstellen, Ergänzungen zu Punkten vornehmen, etc.
9. Besonders hilfreich kann es sein, wenn du dein Begriffsnetz zweimal ausdruckst oder kopierst: Ein Blatt lässt du „unbehandelt“, das zweite bearbeitest du im Laufe der Arbeit: Damit hast du am Ende der Arbeit quasi deinen Lernzuwachs vor Augen!

Viel Spaß und Erfolg!
Dein Science – Bridge Team. 



Science Bridge Modul 8: Bioinformatik

A. Von der DNA zum Protein – Proteinsynthese *in silicio*

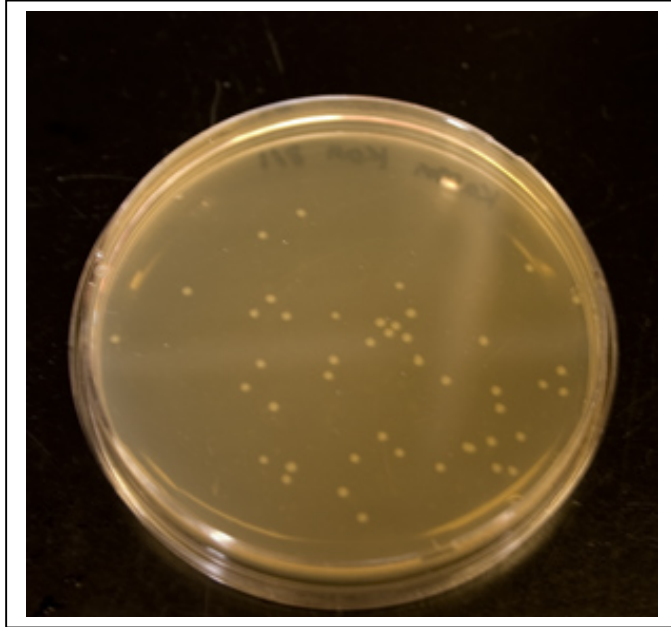


Abb. 1: Foto einer Agarplatte*: Auf einer Agarplatte können die meisten Bakterien gut wachsen. Auf dieser Agarplatte sind die von uns gefundenen Bakterien kultiviert! Die auf dieser Platte sichtbaren Bakterienkolonien sind punkt- oder kreisförmig, weißlich, milchig trüb mit glatter Oberfläche und glattem Rand, sie haben eine ungefähre Größe von <1mm bis 2mm.

Was für Bakterien haben wir in der Krankenhausküche gefunden? Handelt es sich um ungefährliche Bakterien, oder sind sie für den Menschen sogar pathogen*?

Dafür lassen wir die wenigen, in der Küche gefundenen Bakterien sich zunächst auf der Agarplatte vermehren. Wenn sie ausreichend große Kolonien gebildet haben, führen wir mit ihnen eine DNA-Sequenzierung* durch. (Wie man an die DNA kommt, wie sie aufbereitet wird und wie die Sequenzierung erfolgt ist Gegenstand eines anderen Moduls.)

Durch die Sequenzierung wurde folgende DNA Sequenz erhalten.

```
5'ctaccatcaa tccggtaggt ttccggctg ataaataagg ttttccctg
atgctgccac gcgtgagcgg tcgtaatcag caccgcgtcg gcaagtgtat
ctgccgtgca ctgcaacaac gctgcttcgg cctggtaatg gcccgccgcc 3'
```

Im Internet gibt es zahlreiche Datenbanken und Programme, die uns die Beantwortung unserer Fragen

- Um welches Bakterium handelt es sich?
- Ist es gefährlich?

bequem vom Schreibtisch aus ermöglichen.

Diese Datenbanken und Programme dienen Forschern auf der ganzen Welt dazu ihre Ergebnisse aus der genetischen Forschung miteinander zu vergleichen oder sich weitere Informationen zu beschaffen, genauso wie du es jetzt tust!

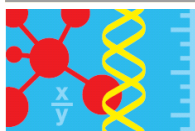
Denn da sie frei zugänglich sind, kann mit ihrer Hilfe auch jeder „Normal-Sterbliche“ die DNA-, RNA- und Proteinsequenzen fast aller Organismen der Erde erforschen und sich Informationen über sie beschaffen!

Ihr bekommt ein paar Einblicke in die Möglichkeiten dieser Datenbanken und Programme, indem ihr herausfindet, welches Bakterium in der Krankenhausküche gefunden wurde und ein Urteil abgibt, ob es unbedenklich ist, wenn dieses Bakterium in der Küche vorhanden ist.

Jetzt geht es an die Rechner:

Die durch die Sequenzierung erhaltene DNA-Sequenz reicht noch nicht aus um eine Aussage über das Bakterium zu treffen.

Du benutzt für eine Suche in den Datenbanken besser eine Aminosäuresequenz, weil man damit leichter etwas findet.



Wie entsteht in einer prokaryotischen Zelle aus einer DNA-Sequenz eine Aminosäuresequenz?

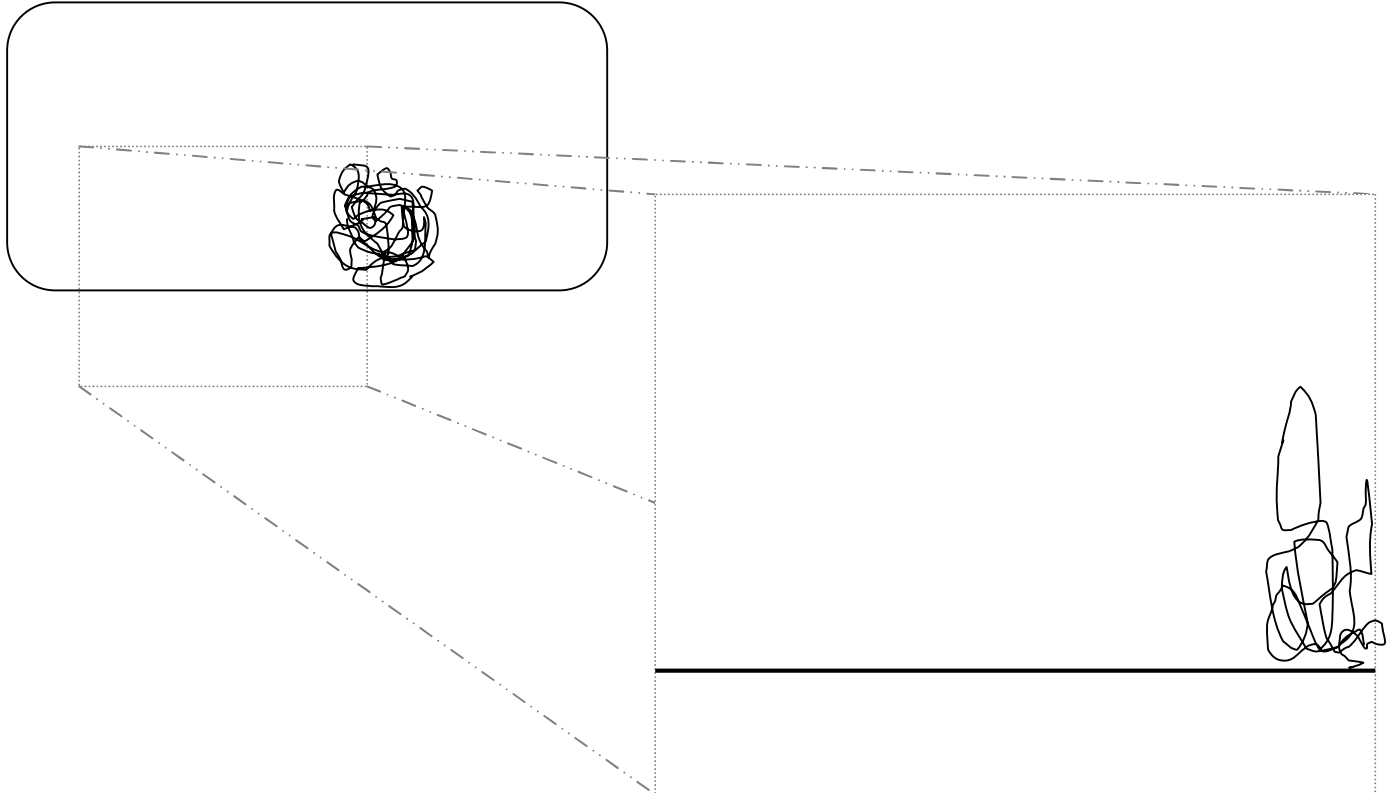


Abb. 2: Stark schematische, nicht maßstabgetreue Darstellung einer prokaryotischen Zelle. Nicht alle Bestandteile einer prokaryotischen Zelle sind eingezeichnet! (Science Bridge 2008, Susanne Junk)

Aufgabe 1:

Trage in der schematisch Darstellung einer prokaryotischen* Zelle (Abb. 2) die wichtigsten Schritte der Proteinbiosynthese mit Begriffen und Pfeilen ein, so dass die Abfolge der Schritte erkennbar ist!

Aufgabe 2:

Wie viele Aminosäuresequenz-Möglichkeiten können aus der DNA-Sequenz entstehen? Begründe deine Antwort!

Unter der Adresse www.expasy.org/tools findest du eine Zusammenstellung aller wichtigen Datenbanken für dein Vorhaben. Die Datenbanken sind wiederum in Kategorien eingeteilt.

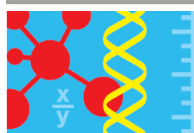
Wir wollen von unserer DNA Sequenz zu allererst eine Übersetzung in ein mögliches Protein durchführen. Scroll auf der Seite bis du die Kategorie „DNA → Protein“ findest (mit einem blauen Balken unterlegt).

Hier findest du einen Link der „Translate“ heißt. Öffne diesen mit einem Klick und füge die komplette sequenzierte DNA Sequenz ein. Du startest die Übersetzung in eine Aminosäuresequenz, indem du auf „Translate Sequence“ klickst.

Aminosäure	Ein-Buchstaben-Code	Drei-Buchstaben-Code	Aminosäure	Ein-Buchstaben-Code	Drei-Buchstaben-Code
Alanin	A	Ala	Leucin	L	Leu
Arginin	R	Arg	Lysin	K	Lys
Asparagin	N	Asn	Methionin	M	Met
Aspartat	D	Asp	Phenylalanin	F	Phe
Cystein	C	Cys	Prolin	P	Pro
Glutamat	E	Glu	Serin	S	Ser
Glutamin	Q	Gln	Threonin	T	Thr
Glycin	G	Gly	Tryptophan	W	Trp
Histidin	H	His	Tyrosin	Y	Tyr
Isoleucin	I	Ile	Valin	V	Val

Du bekommst mehrere Möglichkeiten, wie die DNA-Sequenz in Aminosäuresequenzen umgesetzt werden könnte: Die Buchstaben stehen hier nicht mehr für die Basen der DNA, sondern für die Aminosäuren!

Abb. 3.: Die Aminosäuren im Ein-Buchstaben- und Drei-Buchstabencode. Grafik von: http://www.diss.fu-berlin.de/diss/servlets/MCRFileNodeServlet/FUDISS_derivate_000000001213/09_Anhang.pdf;jsessionid=3550C3F81CA8B8C5D05DA170121244AE?hosts=, letzter Zugriff: 12.08.2008, 14:00 Uhr.



Stimmen deine vorherigen Überlegungen, zu der möglichen Anzahl von Aminosäuresequenzen?

Bei der Proteinsynthese gibt es ein Startcodon und mehrere Stoppcodons. Diese sind auf der Internetseite in den jeweiligen Möglichkeiten in fett hervorgehoben.

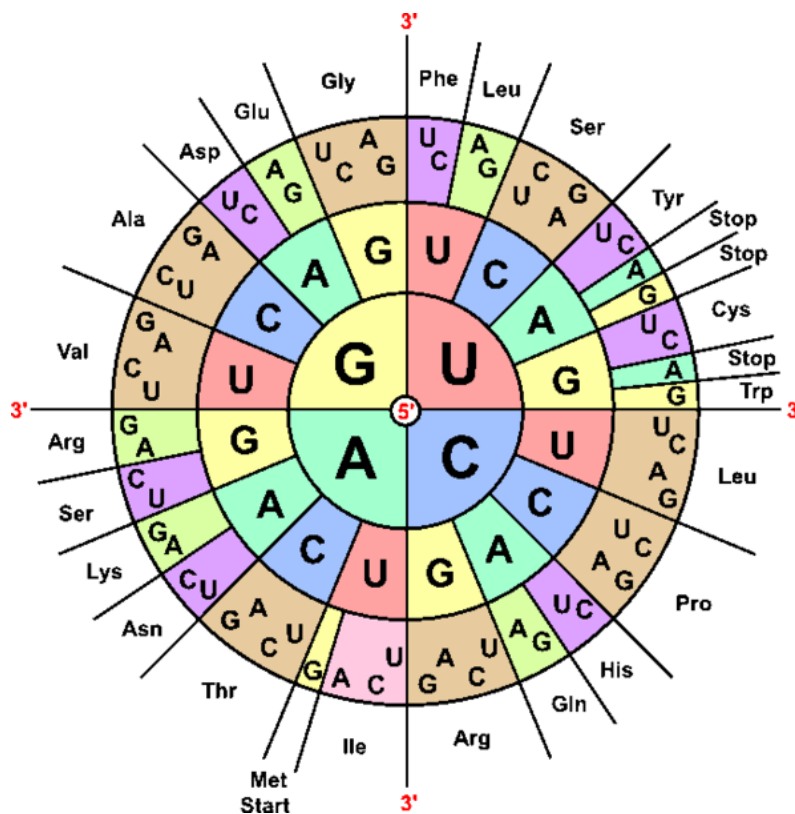


Abb. 4: Die Codesonne. Hier kannst du erkennen, welche DNA-Basentriplets für welche Aminosäure oder für den Abbruch der Translation stehen.

Quelle: http://de.wikipedia.org/wiki/Bild:Codons_aminoacids_table.png, letzter Zugriff: 12-08.2008, 14:00 Uhr.

Aufgabe 3: Begründe welche der gezeigten Leseraster du für die Erstellung eines Proteins am sinnvollsten findest (Denk daran, dass Proteine aus einer SEHR großen Anzahl von Aminosäuren bestehen und dafür eine lange ununterbrochene Aminosäuresequenz notwendig ist!):

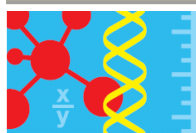
Wähl die sinnvollste der Sequenzen aus, indem du sie markierst und in ein leeres Worddokument kopierst. Jetzt haben wir die Aminosäuresequenz, die sich aus unserer DNA ergibt und als solche ein Teil eines Proteins sein könnte.

(Wichtig! Noch haben wir nicht bewiesen, ob die DNA Sequenz auch wirklich für ein Protein codiert, es kann sich auch um „nicht-proteincodierende“ DNA* handeln!) Damit können wir jetzt nachforschen, ob es diese Aminosäuresequenz wirklich gibt und wenn ja auch die Organismen ausfindig machen, in denen diese genau so oder ähnlich vorkommt.

Wir sprechen von mehreren Organismen, weil davon auszugehen ist, dass sich ein Protein in mehreren eng miteinander verwandten Arten finden wird. Je nachdem wie wichtig das Produkt dieser Sequenz für das Überleben ist, wird es sich in ähnlicher Form in fast allen Lebewesen finden:

Stelle eine Vermutung auf: Welche Proteine sind bei allen Lebewesen wahrscheinlich sehr ähnlich?

Aufgabe 4: Liste drei der Genprodukte, die dir einfallen hier auf und begründe deine Vermutung, warum du sie für besonders wichtig hältst.



Geh wieder auf die Übersichtsseite von expasy (2 Klicks zurück):

Um herauszufinden, ob deine vorher generierte Aminosäuresequenz in einem Organismus dieser Erde vorkommt nutzt du ein Programm, das Aminosäuresequenzen, die man ihm eingibt, mit einer Datenbank abgleicht, in der mehrere Millionen Sequenzen für Proteine abgespeichert sind.

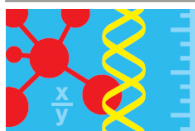
Das Programm findet sich in der Kategorie „Similarity Searches“ und es heißt BLAST* (Basic Local Alignment* and Search Tool), Network. Gib deine komplette Aminosäuresequenz hier ein und starte den BLAST. Die Datenbank ist manchmal überlastet, weil von der gesamten Welt auf sie zugegriffen wird.

Du erhältst nach einiger Zeit und ein wenig scrollen eine lange Liste (**List of potentially matching sequences**), die dir die Organismen und ihre Proteine angibt, mit denen deine Sequenz mehr oder weniger übereinstimmt. Diese sind so geordnet, dass du ganz oben das Protein findest, dass am stärksten mit deiner Aminosäure- Sequenz übereinstimmt.

Unter dem Punkt „Description“ findest du jeweils eine Kurzbeschreibung des Proteins. Geübte Wissenschaftler erkennen an diesen Abkürzungen schon den Organismus und das Protein.

Die Spalte „score“ dahinter gibt die Ähnlichkeit der gefundenen Sequenz zu deiner Ausgangssequenz (der sogenannten „Query“) als einen Zifferwert an: Je größer der Wert desto größer ist die Übereinstimmung. Durch einen Klick auf Score beim ersten angegebenen Gen gelangst du zu einem Vergleich (Der Kasten ganz oben) zwischen deiner (Query) und der durch die Datenbank gefundenen Sequenz (Subject). Die graue Sequenz zeigt übereinstimmende Aminosäuren an, Lücken in dieser Sequenz zeigen, wo unterschiedliche Aminosäuren vorliegen.

Wenn du zurück auf die Seite mit der Liste gehst, findest du ganz unten am Ende der Liste eine Grafik: In ihr ist die Ähnlichkeit aller gezeigten Sequenzen in einem Farbcode angegeben. Diese Darstellung zeigt noch einmal anschaulicher die Übereinstimmung deiner Aminosäuresequenz mit denen aus der Liste!



Du erkennst auch, dass die von dir ermittelte Aminosäuresequenz nur ein Teil von einem Protein ist: Ganz rechts ist das ganze Protein als grauer Balken dargestellt und die Position deiner Aminosäuresequenz darauf eingezeichnet!!

Nun wieder zurück zum Anfang der Liste. Klick beim ersten angegebenen Protein auf AC („Accession number“). Hier findet sich eine eigene Seite für das Protein mit ausführlicher Beschreibung und vielen weiteren Links. Hier ist auch das Gen benannt von dem dieses Protein codiert wird!

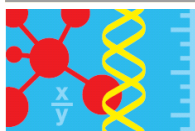
Aufgabe 5: Wie heißt das Protein vollständig? Wie heißt das protein-codierende Gen? In welchem Organismus liegt es vor?

Unter „Taxonomy“* ist der Organismus in den Stammbaum aller Lebewesen eingeordnet. Hier kannst du herausfinden, ob es sich beispielsweise um ein Säugetier, eine Pflanze oder ein Bakterium handelt. Wenn du mit den Begriffen nichts anfangen kannst, kann es helfen diese zu googlen.

Weiter unten, unter „3D structure databases“ findest du die Kristallstruktur* des Proteins. Klicke in der Spalte PDB, beim ersten Eintrag auf den Link „RCSB“. Rechts kannst du die Kristallstruktur des Proteins sehen.

Kannst du verschiedene Sekundärstrukturen des Proteins erkennen? Nenne die Sekundärstrukturen von Proteinen, die du kennst:

Wenn du wieder auf die Übersichtsseite zu eurem Protein gehst, findest du ganz unten die vollständige Aminosäure Sequenz des Proteins.



Kopier die vollständige (!) Sequenz in ein Word Dokument und beschrifte sie eindeutig, am besten mit dem Namen des Organismus aus dem sie stammt. Wenn ihr auch die zweite Einheit zur Bioinformatik macht, werdet ihr gleich damit weiterarbeiten.

Nach deiner Suche im Internet kannst du jetzt folgende Fragen leicht beantworten (Und das ohne selbst lange im Labor stehen und DNA aus einem Lebewesen extrahieren zu müssen ;-))

Um welchen Organismus handelt es sich mit größter Wahrscheinlichkeit in der Krankenhausküche?

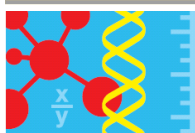
Welche Vermutungen hast du wie er in die Küche gelangt ist?

Bewerte, ob das Vorhandensein dieses Bakterienstammes in der Krankenhausküche eine Gefahr darstellt. Und wenn ja welche Gefahr von diesem Bakterium hier ausgehen kann. (Dazu kannst du auch im Internet nachforschen.)

Wir hoffen dir hat die Reise durch die digitale DNA- und Protein-Welt gefallen!

Dein Science-Bridge Team

Skript: Science Bridge 2008, Susanne Junk



Glossar

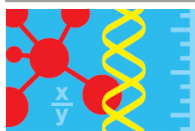
AGARPLATTE - Auf Agarplatten werden Bakterien aber auch höhere Einzeller im Labor kultiviert. Es handelt sich dabei um ein Agarmedium (\rightarrow), das in eine Petrischale gegossen wird und hier fest wird, so dass auf der Oberfläche und im Medium die Organismen wachsen können. Je nach dem welcher Organismus kultiviert werden soll, müssen das Medium und die Umgebung, in der man die Bakterien auf der Platte kultiviert, auf diese abgestimmt sein. (Übrigens: Der Penicillin produzierende Pilz wurde von Sir Alexander Fleming zufällig auf einer seiner Bakterien-Agarplatten gefunden. Ein Schimmelpilz auf einer Bakterienkultur ist normalerweise eine Verunreinigung und diese Platte wird vernichtet. Fleming bemerkte allerdings, dass rund um den Pilz keine weiteren Bakterien wuchsen und forschte weiter an dem Pilz.)

AGARMEDIUM/AGARMEDIEN – Hauptbestandteil des Mediums ist „Agar“. Dabei handelt es sich um ein Geliermittel, das aus asiatischen Algen gewonnen wird. Agar lässt sich hoch erwärmen, so dass das Medium sterilisiert (keimfrei) werden kann, ohne dass das Agar darunter leidet. Durch das Sterilisieren stellt man sicher, dass auch nur die Organismen auf dem Medium wachsen, die man gezielt darauf gibt.

ALIGNMENT – Vergleich von zwei oder mehr Aminosäuresequenzen verwandter Proteine. Das Programm (z.B. INRA oder T-coffee) stellt dabei die verschiedenen Sequenzen so übereinander, dass die beste Übereinstimmung erreicht wird. In der farbigen Darstellung erkennt man sofort, welche Bereiche eines Proteins sich in der Evolution kaum verändert haben und welche eher variabel (d.h. weniger „wichtig“) sind. Konservierte Abschnitte, d.h. solche, die wenig Veränderung zeigen sind oft die aktiven Zentren von Enzymen.

BASENPAARE – Die Bausteine der DNA bestehen aus den Basen Guanin (G), Cytosin (C), Thymin (T) und Adenin (A). Sie sind jeweils an einen Zucker gebunden, die Desoxyribose. Der Zucker trägt außerdem einen Phosphatrest. Diesen „Baustein“ aus einer Base, dem Zucker und dem Phosphatrest nennt man „Nukleotid“. In der DNA Helix sind in jedem der beiden Stränge diese Nukleotide linear hintereinander angeordnet. Hinzu kommt, dass die beiden Stränge der DNA über die Basen miteinander verknüpft sind: A ist immer mit T gepaart und C mit G. Dies sind die so genannten Basenpaare. Das liegt an der genauen Struktur der Basen, die ähnlich wie Schlüssel und Schloss zusammenpassen. Die Abfolge der Nucleotide auf der für Proteine codierend DNA (zum Beispiel als erstes ein Nucleotid mit der Base G, dann eines mit T, weiter abgekürzt CATTGCTGG usw.) bestimmen den Aufbau des Proteins.

β -GALACTOSIDASE (LAKTASE) – Ein Enzym, das den Zucker Laktose (umgangssprachlich auch Milchzucker) in die Zucker Galactose und Glukose zersetzt. Bildlich kann man sich dies so vorstellen, dass das Enzym β -GALACTOSIDASE die Laktose in zwei „kleinere“ Zucker zerschneidet. Der Name β -GALACTOSIDASE leitet sich durch die chemische Spaltungsweise des Enzyms ab, der umgangssprachliche Name Laktase lässt sich einfacher merken: Enzyme, die Substanzen zersetzen tragen am Ende des Namens immer ein „-ase“. Davor ist angegeben um welche Substanz es sich handelt. In diesem Fall die Laktose.



BLAST-Search – (Basic Local Alignment Search Tool) Ein Suchprogramm bei dem eine DNA- oder Proteinsequenz, über die man etwas wissen möchte, mit den weltweit verfügbaren Sequenzdatenbanken verglichen wird. Alleine die Datenbank SwissProt enthält Einträge mit über 140 Millionen Aminosäuren. Ein BLAST-Search liefert Angaben über DNA- oder Aminosäuresequenzen, die Ähnlichkeit mit der eingegebenen Sequenz (Query) haben.

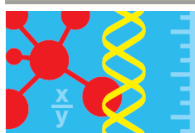
DNA-SEQUENZIERUNG – Bei einer DNA Sequenzierung wird die DNA Sequenz bestimmt. Das hast du dir bestimmt schon selbst gedacht. Aber wie geht das genau? Bei der Sequenzierung muss man den genetischen Code in der DNA ablesen, der durch die Nucleotide vorgegeben ist (Wenn du gerade nicht weißt was Nucleotide sind, lies unter →Basenpaare nach). Es gibt heutzutage mehrere Möglichkeiten die Abfolge der Basen auf der DNA zu bestimmen. Die häufigste Methode ist die „Dideoxymethode“ von Sanger. Über diese findest du im Wikipedia-Artikel „DNA Sequenzierung“ weitere Informationen.

E. COLI – *E. coli* ist die Abkürzung für das Bakterium *Escherichia coli* (Bei abgekürzten Bakterienamen wird das zweite Wort immer kursiv geschrieben). Es handelt sich dabei um ein Bakterium, das natürlicherweise im tierischen Darm lebt. Im tierischen Darm hat es wichtige Aufgaben: Unter anderem verhindern die *E. coli* Bakterien, die in großer Zahl im Darm leben, dass sich gefährliche Bakterien hier festsetzen und vermehren können. Das schaffen die *E. colis* allein dadurch, dass sie die Darmwand so stark bewachsen, dass andere Bakterien sich hier nicht ansiedeln können. Außerhalb des Darmes kann *E. coli* allerdings Infektionen hervorrufen. Auch gibt es ein paar *E. coli* Stämme, die auch im Darm Infektionen hervorrufen können. Auch diese werden in einem gesunden Darm von den harmlosen *E. colis* an der Vermehrung gehindert. In der genetischen Forschung ist es ein „Haustier“ vieler Labore, denn das Bakterium ist als ein Modellorganismus ausgesucht worden, mit dessen Hilfe die Forschung versucht, das komplexe Zusammenwirken von DNA, RNA und Proteinen in Zellen zu verstehen. *E. coli* ist damit eins der best untersuchten Lebewesen auf der Erde! Viele Erkenntnisse (zum Beispiel Antworten auf die Frage wie Gene angeschaltet und ausgeschaltet werden können, wenn sie gerade gebraucht werden), die man an *E. coli* gewinnt, lassen sich auf andere Organismen übertragen.

KRISTALLSTRUKTUR – Proteine sind von großem Interesse für die biologische Forschung, stellen sie doch die „Maschinen des Lebens“ dar. Leider sind sie aber auch einerseits wahnsinnig klein, andererseits bestehen sie aber aus sehr vielen Atomen, die zueinander in sehr vielen komplizierten Zusammenhängen stehen. Deswegen sind Proteine nicht leicht zu untersuchen! Eine Methode Proteine „sichtbar“ zu machen, ist es, wenn man Proteine kristallisiert (Proteine dazu zu bewegen zu Kristallen zu werden, ist so schwierig, dass James Batcheller Sumner und John Howard Northrop 1946, im Jahr 1964 Dorothy Crowfoot Hodgkin für die Forschung auf diesem Gebiet den Nobelpreis für Chemie erhielten.) Hat man die Kristallisation des Proteins erfolgreich geschafft, wird die Probe mit Röntgenstrahlen „abgescannt“. Die Form wie die Röntgenstrahlen abgelenkt werden gibt Aufschluss über die Struktur des Proteins. Am PC entstehen dann die Bilder, die ihr auch auf der Internetseite findet.

LAKTASE - → β -Galactosidase

LB_{AMP} – MEDIUM - →Agarmedium



„NICHT-PROTEINCODIERENDE“ DNA – Die DNA aller Organismen besteht zu einem großen Teil aus Abschnitten, die nicht abgelesen werden um Proteine herzustellen. Diese Abschnitte können viele verschiedene Funktionen haben (Zum Beispiel codieren sie für die tRNA, oder aber sie sorgen dafür, dass die DNA in ganz bestimmter Art und Weise angeordnet ist.) und es werden immer noch neue Funktionen dieser Abschnitte entdeckt. Deshalb ist ihre Bezeichnung als „junk-DNA“ (junk, engl. für Müll) auch nicht sehr glücklich. Diese Bezeichnung stammt noch aus einer Zeit in der die Forschung sich auf die DNA Abschnitte konzentrierte, die für Proteine codieren. Aber ohne diese „junk-DNA“ wären wichtige, sehr feine und komplexe Regelprozesse in den Zellen gestört. Bei der Erkundung der DNA-Welt am PC kann man zufällig auf nicht protein-codierende DNA stoßen: Findet sich zu einer DNA Sequenz kein Eintrag kann das zweierlei bedeuten: Entweder gibt es zu diesem DNA Abschnitt wirklich kein Protein oder aber es ist noch nicht in der Datenbank aufgeführt.

PATHOGEN – Organismen, die Krankheiten auslösen können, werden als pathogen bezeichnet.

PROKARYOTEN – Prokaryoten sind Einzeller, die keinen Zellkern besitzen. Das bedeutet, dass ihre DNA nicht von einer Kernhülle umschlossen ist wie es bei den Eukaryoten (Zellen mit echten, doppelmembranigen Zellkernen) der Fall ist. Deshalb findet die Transkription wie auch die Translation im Gytoplasma statt. Außerdem besitzen Prokaryoten keine Zellorganellen (Mitochondrien, Plastide, Golgi-Vesikel, etc.)

TAXONOMY (DT.: TAXONOMIE) – Das Wort Taxonomie stammt aus dem Griechischen und bedeutet frei übersetzt „Ordnung des Wissens“. Eine Taxonomie dient dazu Organismen nach einem bestimmten, vorher festgelegten Schema zu sortieren und miteinander in Beziehung zu stellen. Durch eine Taxonomie kann man zum Beispiel erkennen, in welchem Ausmaß Organismen nach den vorher ausgewählten Kriterien miteinander verwandt sind. Taxonomische Merkmale festzulegen kann sehr schwierig sein. Ein Beispiel: Früher ordnete man alle Organismen die ein „wurmartiges“ Aussehen haben nah zueinander. Heute weiß man unter anderem durch die DNA-Sequenzierung dieser Organismen, dass es sich um weit voneinander entfernte Organismen handelt, die sich aber äußerlich sehr ähnlich sehen können.

