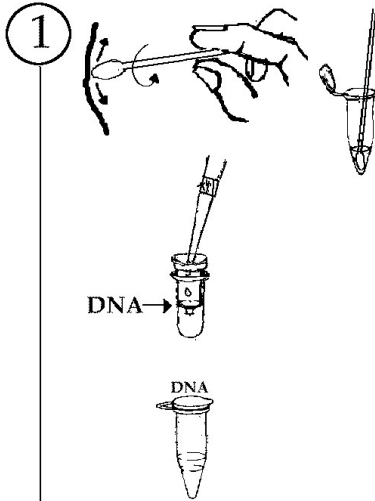


# Back to Our Roots?

- Spuren der Entwicklungsgeschichte des Menschen im Genom -

Stabile genetische Marker könnten einen Baustein liefern, mit dessen Hilfe sich Aufschlüsse über die Wurzeln der Menschheit gewinnen lassen. So genannte Alu-Elemente sind kurze, sich wiederholende Sequenzen, die in großer Zahl über das ganze menschliche Genom verteilt sind. Beim Menschen gibt es spezifische Alu-Elemente, die bei unseren nächsten Verwandten, den Menschenaffen, fehlen. Darüber hinaus findet man über die Kontinente hinweg interessante Verteilungsmuster dieser Mutation. In unserem Versuch überprüfen wir bei jedem Schüler das Vorhandensein eines Alu-Elements auf Chromosom 8.

## 1. Isolierung der DNA mit Hilfe von Silika Technologie und Zentrifugation

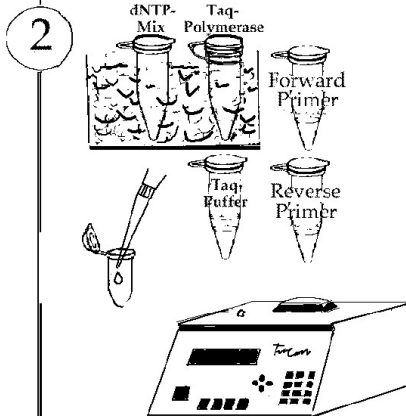


Mit einem sterilen Wattestäbchen wird ein Zellastrich der Mundschleimhaut genommen.

Mit Hilfe eines speziellen Verfahrens wird die DNA aus den Mundschleimhautzellen isoliert, indem sie an eine Silika-Membran (Pfeil) gebunden wird.

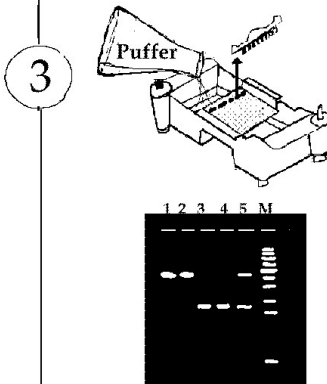
Am Ende wird die hoch gereinigte DNA der Mundschleimhautzellen - in einem Puffer gelöst - aufgefangen.

## 2. Vervielfältigung eines bestimmten DNA-Sequenzabschnittes mit PCR (Polymerase Chain Reaction)



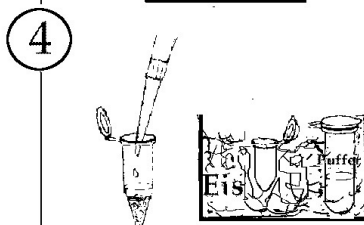
Mit Hilfe der "Polymerase Ketten Reaktion" können auch geringste Mengen von DNA nachgewiesen werden, indem die isolierte DNA gezielt vervielfältigt wird. In unserem Beispiel handelt es sich um eine human-spezifische Alu-Insertion auf Chromosom 8.

## 3. Auftrennung der Fragmente durch Gelelektrophorese und Auswertung



Um diese DNA-Fragmente sichtbar zu machen, werden sie auf ein Gel aufgetragen. Nach Anlegen einer Spannung wandern die Fragmente durch das Porensystem des Gels. Je nach Vererbungstyp erscheinen dort die entsprechenden Fragmente für Alu(+) oder Alu(-).

## 4. Identifizierung der Alu-Insertion mit einer Restriktion



Die Restriktionsendonuclease *Alu I* schneidet, wie der Name vermuten lässt, Alu-Elemente in einer typischen Weise, so dass über die entstehenden Fragmente eine exaktere Aussage möglich wird. Die Länge der Fragmente wird graphisch ermittelt.