

TASK DESCRIPTION

Identify mutations in the given DNA model and determine which of those caused cancer.

DNA STRUCTURE AND TERMINOLOGY

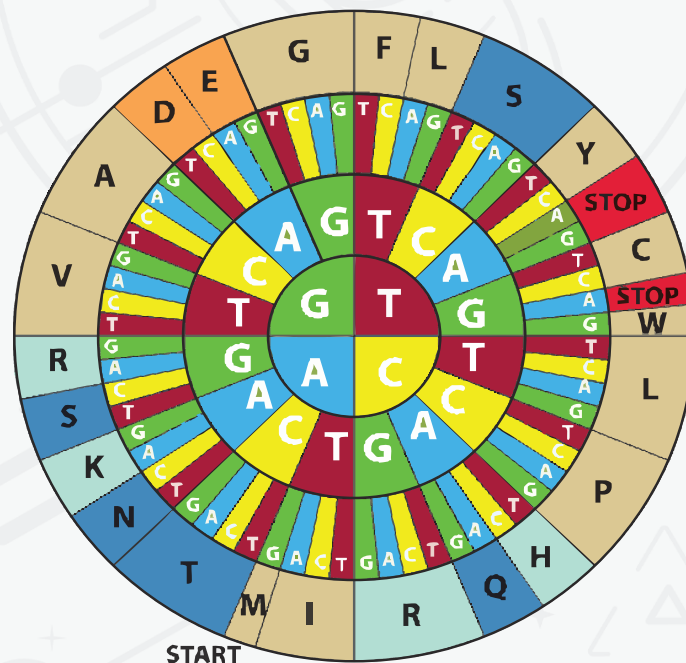
DNA consists of nucleotides containing four bases: **adenine (A)**, **guanine (G)**, **cytosine (C)**, and **thymine (T)**. These nucleotides are paired: A pairs with T, G pairs with C and the other way around. In the model in front of you, colours are marked as follows: G is green, C is yellow, T is red, and A is blue.

DNA is made up of two strands: one is called the **antisense strand (or template strand)** and the other one is called **sense strand (or coding strand)** - these are marked on the model. For analysis, use **only the sequence of the sense strand**.

CODONS AND MUTATIONS

The sense strand of the DNA can be viewed as the instruction to build a chain of amino acids. Three consecutive nucleotides -which form a so-called codon - determine which amino acid is built into the amino acid chain. To identify the amino acid corresponding to a codon, use the **codon wheel**. Start reading from the centre of the wheel and move outwards according to the three bases of the codon. You will find the corresponding amino acid in the outermost circle, represented by a single letter.

If the DNA codon of a cancer cell differs from the DNA codon of a healthy cell, a **mutation** has occurred. If the mutation results in the synthesis of a different amino acid, this mutation is **significant** and can cause cancer. A silent mutation, however, is one in which the amino acid does not change and is not considered dangerous in this challenge.



A - Alanine
C - Cysteine
D - Aspartic Acid
E - Glutamic acid
F - Phenylalanine

G - Glycine
H - Histidine
I - Isoleucine
K - Lysine
L - Leucine

M - Methionine
N - Asparagine
P - Proline
Q - Glutamine
R - Arginine

S - Serine
T - Threonine
V - Valine
W - Tryptophan
Y - Tyrosine

INSTRUCTIONS

- Compare the two DNA models and identify all mutations. Fill the table as follows:
 - The sequence of the healthy cell codon and the letter of the corresponding amino acid.
 - The sequence of the cancer cell codon and the letter of the corresponding amino acid.
 - Mark whether the mutation is significant.
- Once you have found all mutations, report to the coaches the codon **number of the significant mutation and its corresponding amino acid symbol**.

Healthy cell DNA	Codon number	1	2	3	4	5	6	7	8
	Codon sequence								
	Corresponding amino acid								
Cancer -infected cell DNA	Codon number	1	2	3	4	5	6	7	8
	Codon sequence								
	Corresponding amino acid								
	Is the mutation significant?								

If there is one significant mutation, answer in singular:

The potential cause of cancer is a mutation in codon number ____, which synthesizes the amino acid with the letter_____.

If there are multiple significant mutations, answer in plural:

The potential causes of cancer are mutations in codons number _____, which synthesize the amino acids with the letters_____.

AUFGABE

Identifiziere Mutationen im DNA-Modell und bestimme, welche davon Krebs verursacht haben.

DNA-STRUKTUR UND TERMINOLOGIE

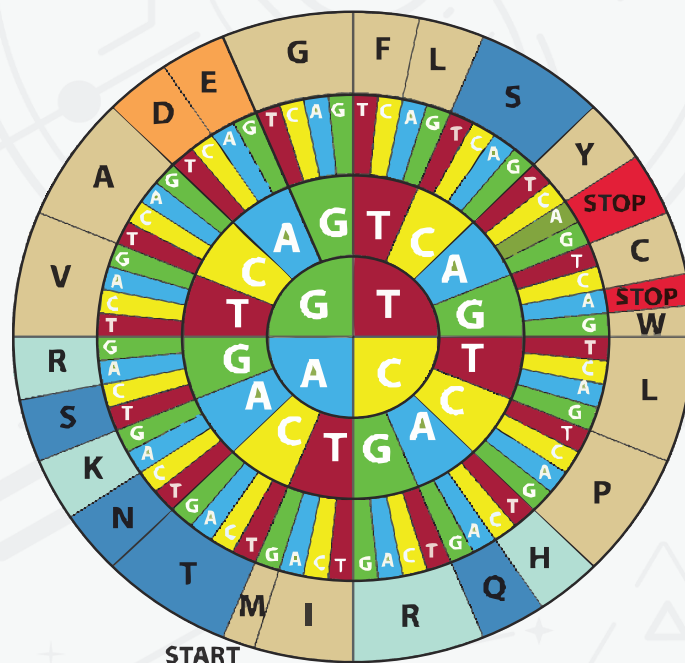
DNA besteht aus Nukleotiden, die vier Basen enthalten: **Adenin (A)**, **Guanin (G)**, **Cytosin (C)** und **Thymin (T)**. Diese Nukleotide paaren sich: A paart sich mit T, G paart sich mit C – und umgekehrt. Im Modell vor dir sind die Farben wie folgt gekennzeichnet: G ist grün, C ist gelb, T ist rot und A ist blau.

Die DNA besteht aus zwei Strängen: Einer wird **Antisense-Strang (oder Matrizenstrang)** genannt, der andere **Sense-Strang (oder codierender Strang)** – diese sind im Modell markiert. Für die Analyse **verwende nur die Sequenz des Sense-Strangs**.

CODONS UND MUTATIONEN

Der Sense-Strang der DNA kann als Anleitung zum Aufbau einer Kette von Aminosäuren betrachtet werden. Drei aufeinanderfolgende Nukleotide – die ein sogenanntes Codon bilden – bestimmen, welche Aminosäure in die Kette eingebaut wird. Um die Aminosäure zu identifizieren, die einem Codon entspricht, verwende das **Codon-Rad**. Beginne im Zentrum des Rades und bewege dich nach außen entsprechend der drei Basen des Codons. Die entsprechende Aminosäure findest du im äußersten Kreis, dargestellt durch einen einzelnen Buchstaben.

Wenn sich das DNA-Codon einer Krebszelle vom DNA-Codon einer gesunden Zelle unterscheidet, ist eine Mutation aufgetreten. Führt die **Mutation** zur Synthese einer anderen Aminosäure, ist sie **signifikant** und kann Krebs verursachen. Eine stille Mutation hingegen verändert die Aminosäure nicht und gilt in dieser Aufgabe nicht als gefährlich.



A – Alanin
C – Cystein
D – Asparaginsäure
E – Glutaminsäure
F – Phenylalanin

G – Glycin
H – Histidin
I – Isoleucin
K – Lysin
L – Leucin

M – Methionin
N – Asparagin
P – Prolin
Q – Glutamin
R – Arginin

S – Serin
T – Threonin
V – Valin
W – Tryptophan
Y – Tyrosin

ANLEITUNG

- Vergleiche die beiden DNA-Modelle und identifiziere alle Mutationen. Fülle die Tabelle wie folgt aus:
 - Die Sequenz des Codons der gesunden Zelle und den Buchstaben der entsprechenden Aminosäure.
 - Die Sequenz des Codons der Krebszelle und den Buchstaben der entsprechenden Aminosäure.
 - Markiere, ob die Mutation signifikant ist.
- Sobald du alle Mutationen gefunden hast, melde den Coaches die **Nummer des signifikanten Codons und das Symbol der entsprechenden Aminosäure**.

Gesunde Zell-DNA	Codon nummer	1	2	3	4	5	6	7	8
	Codon sequenze								
	Entsprechende Aminosäure								
Krebsin-fizierte Zell-DNA	Codon nummer	1	2	3	4	5	6	7	8
	Codon sequenze								
	Entsprechende Aminosäure								
	Ist die Mutation signifikant?								

Wenn eine signifikante Mutationen vorhanden ist, antworte im Singular:

Die mögliche Ursache für Krebs ist eine Mutation im Codon Nummer ____, die die Aminosäure mit dem Buchstaben _____ synthetisiert.

Wenn mehrere signifikante Mutationen vorhanden sind, antworte im Plural:

Die möglichen Ursachen für Krebs sind Mutationen in den Codons Nummer _____, die die Aminosäuren mit den Buchstaben _____ synthetisieren.

DESCRIPTION DE LA TÂCHE

Identifier les mutations dans le modèle d'ADN donné et déterminer lesquelles ont provoqué le

STRUCTURE ET TERMINOLOGIE DE L'ADN

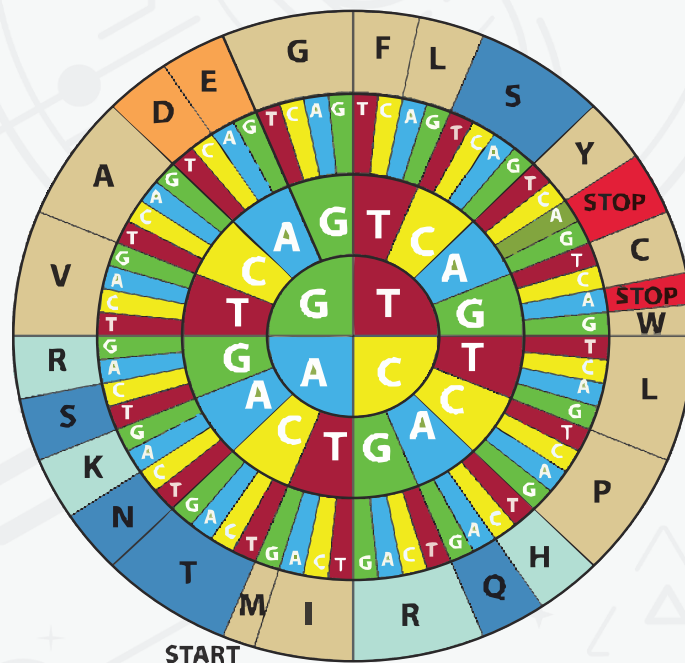
L'ADN est constitué de nucléotides contenant quatre bases : **adénine (A)**, **guanine (G)**, **cytosine (C)** et **thymine (T)**. Ces nucléotides s'apparient entre eux : A s'apparie avec T, G s'apparie avec C, et inversement. Dans le modèle devant vous, les couleurs sont indiquées comme suit : G est vert, C est jaune, T est rouge et A est bleu.

L'ADN est composé de deux brins : l'un est appelé le **brin antisens (ou brin matrice)** et l'autre le **brin sens (ou brin codant)** – ces brins sont indiqués sur le modèle. Pour l'analyse, utilisez **uniquement la séquence du brin sens**.

CODONS ET MUTATIONS

Le brin sens de l'ADN peut être considéré comme l'instruction permettant de construire une chaîne d'acides aminés. Trois nucléotides consécutifs – formant un « codon » – déterminent quel acide aminé est incorporé dans la chaîne. Pour identifier l'acide aminé correspondant à un codon, utilisez la **roue des codons**. Commencez la lecture au centre de la roue et progressez vers l'extérieur selon les trois bases du codon. L'acide aminé correspondant se trouve dans le cercle le plus externe, représenté par une seule lettre.

Si le codon d'ADN d'une cellule cancéreuse diffère de celui d'une cellule saine, une **mutation** s'est produite. Si cette mutation entraîne la synthèse d'un acide aminé différent, la mutation est **significative** et peut provoquer le cancer. Une mutation silencieuse, en revanche, n'entraîne pas de changement d'acide aminé et n'est pas considérée comme dangereuse dans cet exercice.



A – Alanine
C – Cystéine
D – Acide aspartique
E – Acide glutamique
F – Phénylalanine

G – Glycine
H – Histidine
I – Isoleucine
K – Lysine
L – Leucine

M – Méthionine
N – Asparagine
P – Proline
Q – Glutamine
R – Arginine

S – Sérine
T – Thréonine
V – Valine
W – Tryptophan
Y – Tyrosine

INSTRUCTIONS

1. Comparer les deux modèles d'ADN et identifier toutes les mutations. Remplis le tableau comme suit :
 - A. La séquence du codon de la cellule saine et la lettre de l'acide aminé correspondant.
 - B. La séquence du codon de la cellule cancéreuse et la lettre de l'acide aminé correspondant.
 - C. Indiquer si la mutation est significative.
2. Une fois toutes les mutations identifiées, signaler aux Coaches le **numéro du codon présentant une mutation significative et le symbole de l'acide aminé correspondant**.

ADN de cellule saine	Numéro du codon	1	2	3	4	5	6	7	8
	Séquence du codon								
	Acide aminé correspondant								
ADN de cellule cancéreuse	Numéro du codon	1	2	3	4	5	6	7	8
	Séquence du codon								
	Acide aminé correspondant								
	La mutation est-elle significative ?								

S'il n'y a qu'une seule mutation significative, réponds au singulier :

La cause potentielle du cancer est une mutation dans le codon numéro ____, qui synthétise l'acide aminé représenté par la lettre _____.

S'il y a plusieurs mutations significatives, réponds au pluriel :

Les causes potentielles du cancer sont des mutations dans les codons numéros _____, qui synthétisent les acides aminés représentés par les lettres _____.