



Biologie

SII

Kostenfreie
Leseprobe



**Hybrides Schulbuch
mit KI-Lernmodulen**
enthält Mediacodes mit
digitalem Zusatzmaterial



gA/eA
Ausgabe A



Biologie – Ausgabe A ab 2026

Unterrichtswerk für Biologie in der Sekundarstufe II

Biologie SII

Biologie für das grundlegende /
erhöhte Anforderungsniveau

Mit **Biologie – Ausgabe A** sicher zum Abitur

Auf die bewährte Reihe **Biologie** von C.C.Buchner können Sie sich auch in der gymnasialen Oberstufe / Sekundarstufe II verlassen. Der Gesamtband **Biologie SII** unterstützt Sie im grundlegenden und erhöhten Anforderungsniveau (gA/eA) / Grund- und Leistungskurs bzw. in der Einführungs- und Qualifikationsphase (E-Phase/Q-Phase).

Das neue Lehrwerk in der allgemeinen Ausgabe A berücksichtigt die 2020 von der Kultusministerkonferenz verabschiedeten, bundesweit geltenden Bildungsstandards für die allgemeine Hochschulreife und begleitet Lehrende und Lernende sicher auf dem Weg zum Abitur. Die große Anzahl abwechslungsreicher und differenzierter Aufgaben bietet Schülerinnen und Schülern die Möglichkeit, die geforderten Kompetenzen selbstständig zu erwerben und für das Abitur zu trainieren.



Weitere Informationen:
www.ccbuchner.de/reihe/2754



Ideal für den digitalen Materialaustausch

Die **digitale Ausgabe des Schülerbands click & study** und das **digitale Lehrmaterial click & teach** bilden zusammen die ideale digitale Lernumgebung: vielfältig im Angebot und einfach in der Bedienung!

Mehr Infos finden Sie auf den Seiten 14 bis 17 sowie auf www.click-and-study.de und www.click-and-teach.de.

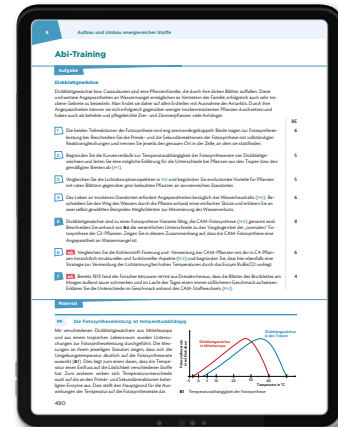


Testen Sie **click & teach** mit der
kostenfreien Demoversion für **Biologie SII**.



Lernwege und Abi-Training

Die Unterkapitel sind durch Lernwege klar strukturiert: Vorangestellte Lernaufgaben mit passgenauen Materialien und Versuchen erleichtern Ihnen die Unterrichtsvorbereitung und ermöglichen Ihren Schülerinnen und Schülern selbstgesteuerte Lernprozesse. Dadurch wird der Kompetenzgewinn ermöglicht und die Schülerinnen und Schüler gewöhnen sich an die Struktur der neuen Abituraufgaben. Zusätzliche Sonderseiten mit entsprechenden Aufgaben runden das Abi-Training ab.



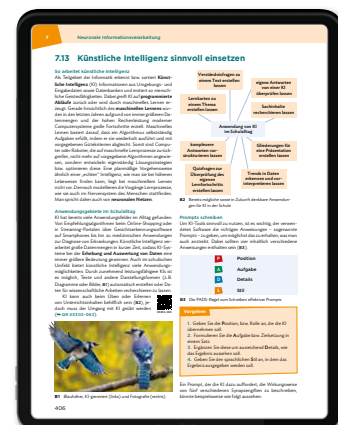
Diagnose und Lernstandserhebung mit digitalen Lernanwendungen

Zu Beginn jedes Kapitels können Sie mithilfe von digitalen Lernanwendungen auf den „Startklar?“-Seiten den Lernstand der Klasse ermitteln. Am Ende des Kapitels finden Sie auf den Diagnoseseiten „Ziel erreicht?“ digitale Angebote zur Lernerfolgskontrolle. Zudem können Sie an vielen weiteren Stellen die neuen Inhalte mithilfe von digitalen Lernanwendungen festigen.



Sonderseiten zu prozessbezogenen Kompetenzen

Die verschiedenen Sonderseiten vermitteln Erkenntnisgewinnungs-, Kommunikations- und Bewertungskompetenzen im Zusammenhang mit biologischen Sachverhalten. Hier finden sich neben erklärenden Texten auch praktische Handlungsanweisungen und Aufgaben, z. B. zum Umgang mit digitalen Medien.



Interaktive KI-Lernmodule

Die per QR-Code kostenfrei erreichbaren Module schulen grundlegende KI-Kompetenzen der Schülerinnen und Schüler. Mehr Information und Erklärfilm: www.ccbuchner.de/ki-lernmodule/

Aktivierung des Vorwissens

Startklar?

- 1. Selbst einschätzung**
Wie hoch ist Ihre Kompetenz in den Bereichen A bis D? Schätzen Sie sich selbst ein und kreuzen Sie auf dem Arbeitsblatt (→ QR 03302-082) in der Auswertungstabelle unter die entsprechenden Kästchen an.
- 2. Überprüfung**
Bearbeiten Sie die untenstehenden Aufgaben. Vergleichen Sie Ihre Antworten mit den Lösungen (→ QR 03302-083) und kreuzen Sie die erreichte Punktzahl in Ihrer Auswertungstabelle ein. Vergleichen Sie mit Ihrer Selbst einschätzung. Unter → QR 03302-083 finden Sie außerdem eine digitale Lernanwendung zur Überprüfung der geforderten Kompetenzen.

Kompetenzen

Kompetenz A

- A1** In einem Ökosystem sind viele Elemente durch unterschiedliche Beziehungen miteinander vernetzt. Ordnen Sie den folgenden Bildern auf Ihrem Arbeitsblatt die entsprechenden Begriffe zu und formulieren Sie jeweils eine kurze Definition. Ökosystem = abiotische Faktoren + Biota = Nahrungsnetz/Nahrungswelt = biotische Faktoren + Biota.



zu A1a

Kompetenz B

- B1** Ordnen Sie folgende Begriffe den Stoffen (1-4), den Prozessen (A-D) und Lebensweisen unterschiedlicher Ernährungstypen (H-I) in der Abbildung auf Ihrem Arbeitsblatt zu: Energiefluss, Nährstofffluss, Konsumenten, Produzenten, Destruenten, (organische) Abfallstoffe, Zersetzung, Mineralstoffe, Primärproduzenten, Saurstoff, Kohlenstoff, Mineralisierung, Gasaustausch.



zu B1b

Kompetenz C

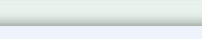
- C1** Beurteilen Sie die folgenden Aussagen und begründen Sie Ihre Antwort.

1. Die Stabilität eines Ökosystems hängt von der Vielfalt der Arten in diesem Ökosystem ab, da eine höhere Artenvielfalt die Widerstandsfähigkeit gegenüber Störungen erhöht.
2. Ein Ökosystem ist stabil, wenn es keine nennenswerten Störungen oder Veränderungen erfährt, da jede Veränderung das Gleichgewicht des Systems beeinträchtigen kann.

zu C1b

Kompetenz D

- D1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

3. Das Gleichgewicht zwischen Produzenten, Konsumenten und Destruenten ist entscheidend für die Stabilität eines Ökosystems, da jede Gruppe eine spezifische Funktion hat, die das gesamte System unterstützt.
4. Die Ausbreitung einer bestimmten Art hat keinen Einfluss auf die Stabilität eines Ökosystems, da andere Arten diese Lücke füllen können.
5. Menschliche Eingriffe in ein Ökosystem haben keinen Einfluss auf die Stabilität, da sich das System anpassen und erholen kann.
6. Die Verfügbarkeit von Ressourcen wie Wasser, Nahrung und Lebensraum beeinflusst die Stabilität eines Ökosystems, da ein Mangel an Ressourcen zu Ungleichgewichten führen kann.

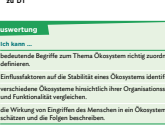
zu D1



zu D1



zu D1



zu D1

Kompetenz E

- E1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz F

- F1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz G

- G1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz H

- H1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz I

- I1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz J

- J1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz K

- K1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz L

- L1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz M

- M1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz N

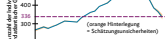
- N1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz O

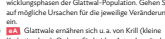
- O1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz P

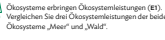
- P1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz Q

- Q1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz R

- R1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz S

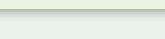
- S1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz T

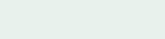
- T1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz U

- U1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.



zu D1

Kompetenz V

- V1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz W

- W1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz X

- X1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz Y

- Y1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz Z

- Z1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AA

- AA1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AB

- AB1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AC

- AC1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AD

- AD1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AE

- AE1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AF

- AF1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AG

- AG1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AH

- AH1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AI

- AI1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AJ

- AJ1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AK

- AK1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AL

- AL1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AM

- AM1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AN

- AN1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AO

- AO1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AP

- AP1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AQ

- AQ1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AR

- AR1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AS

- AS1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AT

- AT1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AU

- AU1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AV

- AV1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AW

- AW1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

zu D1

Kompetenz AX

- AX1** Skizzieren Sie die in b) dargestellten Zusammenhänge in einem Kartell und erklären Sie deren Bedeutung für Destruenten.

Schülernaher **Problemeinstieg** macht neugierig und stellt einen Kontext für den Lernweg her.

10.25 Anthropogene Einflüsse: Mikroplastik und Neobiota eA



Der Great Pacific Garbage Patch ist eine große Ansammlung von im Meer treibendem Müll, der im Jahr 2018 auf eine Fläche von ca. 1,6 Mio. km² geschätzt wurde. Solche Müllansammlungen entstehen durch Meeresströmungen, die den frei schwebenden oder schwimmenden Müll, v. a. Kunststoff-Partikel, an den jeweiligen Stellen verdichten. Der Mensch wirkt so und auch auf viele andere Arten und Weisen auf die Umwelt ein.

→ Welche Auswirkungen hat das Verhalten des Menschen auf die Biosphäre und wie schädigt er sich dabei auch selbst?

Lernweg-Aufgaben steuern passgenaue Materialien und Versuche gezielt an und ermöglichen es so, die neuen Inhalte selbst zu erarbeiten.

Lernweg

- 1** Kunststoffe nutzen wir tagtäglich, ihre Entsorgung stellt uns jedoch vor Herausforderungen (**M1**).
 - a) Stellen Sie die Daten in **B1** in einem geeigneten Diagramm dar und leiten Sie Möglichkeiten ab, wie Sie die Verwendung von Kunststoffen in Ihrem Alltag reduzieren können.
 - b) Recherchieren Sie Gründe, die zu einem Rückgang der Plastikmüll-Exporte (**B2**) beigetragen haben.
- 2** Der Mensch beeinflusst durch sein Konsumverhalten globale Stoffkreisläufe (**M2**).
 - a) „Ich finde es furchtbar, dass so viel Plastikmüll hier herumliegt. Dabei ist es doch so einfach, ihn mitzunehmen und zu recyceln. Wenn das jede und jeder machen würde, hätten wir auch das Problem mit dem Mikroplastik nicht.“ Beurteilen Sie diese Aussage mithilfe von **B3**.
 - b) Messungen der Mikroplastik-Kontamination mariner Organismen finden häufig eine deutlich höhere

Belastung bei größeren Raubfischen, Delfinen und Seevögeln. Erläutern Sie dies mithilfe von **B3**.

- 3** Invasive Arten stellen eine Bedrohung für die Ökosysteme dar, in die sie eingebracht wurden (**M3**).
 - a) Begründen Sie die nachteiligen Konsequenzen einer invasiven Art für ein Ökosystem. Gehen Sie dabei auch auf bestehende Nahrungsnetze und zwischenartliche Konkurrenz (→ **10.7**, **10.8**) ein.
 - b) In einigen Ländern ist eine Einreise nur erlaubt, wenn man kein verschmutztes Schuhwerk oder verunreinigte Wassersportgeräte mit sich führt. Begründen Sie diese Maßnahme mithilfe von **B4**.
 - c) Die Bekämpfung der Fuchskus in Neuseeland hat Befürworter und Gegner. Sammeln Sie Argumente, die für und gegen die Tötung der Fuchskus sprechen und ordnen Sie diesen jeweils einen Wert zu, den sie berühren.

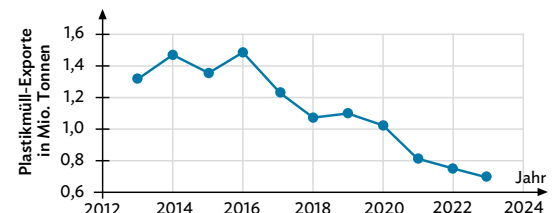
M1 Recycling-Nation Deutschland?

Schon Kinder in Deutschland lernen die Wichtigkeit der Mülltrennung, um ein Recycling der Rohstoffe möglich zu machen. Allerdings wird der gesammelte Plastikmüll in Deutschland nicht vollständig zur Gewinnung neuer Rohstoffe genutzt. Von den 2023 in Deutschland verwerteten Kunststoffabfällen wurden 52 % recycelt und ca. 48 % verbrannt. Was nicht hier verarbeitet werden kann, wird depo-

nirt oder letztendlich in Länder exportiert, deren Umgang mit Müll sich teils deutlich von uns unterscheidet, da in Deutschland ganz andere Gesetze und Regularien gelten. In den Empfängerländern gelangt der Müll oft unbehandelt in die Natur und trägt so zu **irreversiblen Verschmutzungen** bei, wie z. B. zum Eintrag von Schadstoffen (Elektroschrott) oder zur Plastikmüll-Verschmutzung der Weltmeere.

Haushaltsgegenstände	13,7 %
Fischerei- und Aquakulturausstattung	25,8 %
Lebensmittelverpackungen	12,6 %
andere	14,6 %
nicht identifizierbare Fragmente	33,3 %

B1 Zusammensetzung einer riesigen Müllansammlung (ca. 100 Mio. Tonnen) im Nordpazifikwirbel (1,6 Mio. km²)



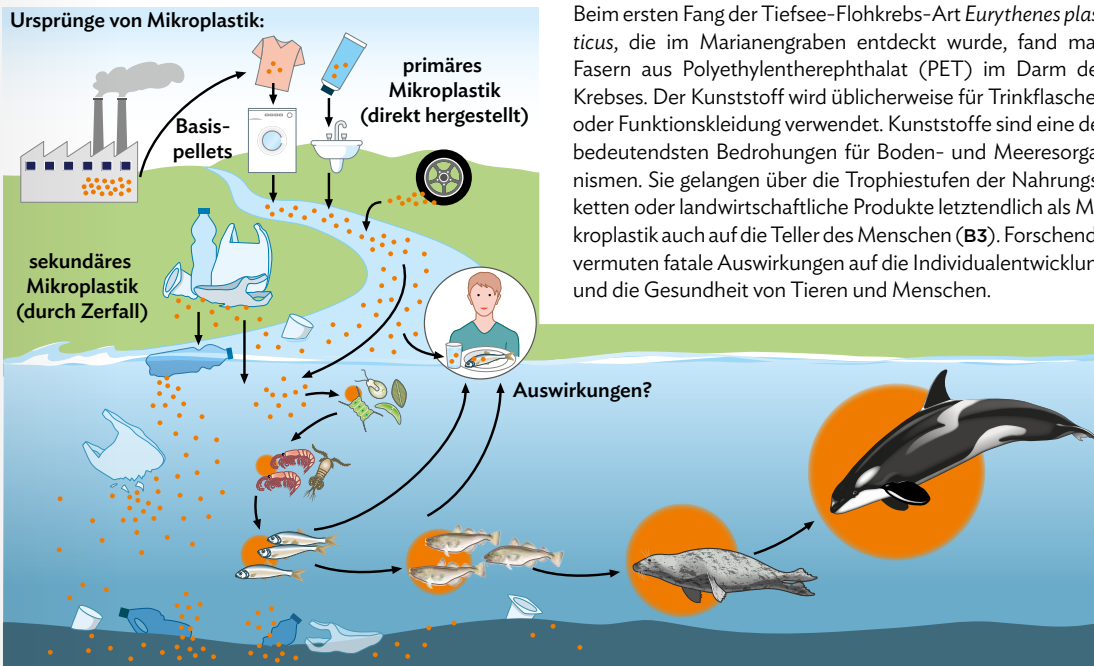
B2 Deutsche Plastikmüll-Exporte von 2013 bis 2023 in Mio. Tonnen (Quelle: Statistisches Bundesamt (Destatis), 2025)

584

Die neuen Inhalte werden durch mehrere **Materialien** portioniert und gegliedert.

Wichtige Inhalte und Fachbegriffe sind **hervorgehoben**.

M2 Mikroplastik



Beim ersten Fang der Tiefsee-Flohkrebs-Art *Eurythenes plasticus*, die im Marianengraben entdeckt wurde, fand man Fasern aus Polyethylenterephthalat (PET) im Darm des Krebses. Der Kunststoff wird üblicherweise für Trinkflaschen oder Funktionskleidung verwendet. Kunststoffe sind eine der bedeutendsten Bedrohungen für Boden- und Meeresorganismen. Sie gelangen über die Trophiestufen der Nahrungsketten oder landwirtschaftliche Produkte letztendlich als Mikroplastik auch auf die Teller des Menschen (B3). Forschende vermuten fatale Auswirkungen auf die Individualentwicklung und die Gesundheit von Tieren und Menschen.

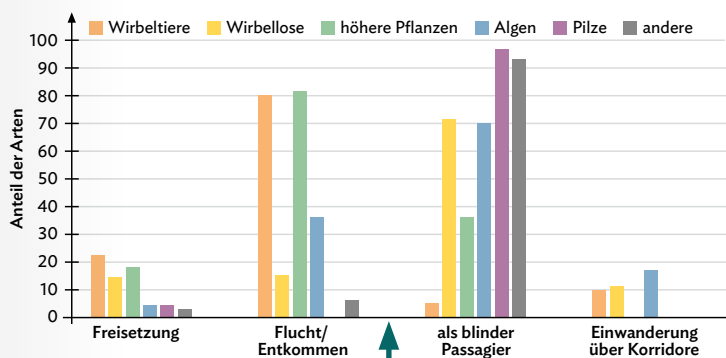
B3 Beispiele für Wege von primärem und sekundärem Mikroplastik in die menschliche Nahrung

Zahlreiche **Grafiken** veranschaulichen die Sachverhalte.

M3 Invasive Arten

Im Zuge der Globalisierung werden häufig Arten absichtlich oder unabsichtlich, z. B. im Gepäck oder an der Kleidung, in neue Lebensräume transportiert (B4), wo sie stabile Populationen etablieren und einheimische Arten negativ beeinflussen können (→ 10.12). Der nachtaktive Fuchskusu (B5) ist eine in Australien heimische Beuteltierart, von der im 19. Jahrhundert wenige Individuen in Neuseeland freigelassen wurden, um dort einen Pelzmarkt zu etablieren. Der Fuchskusu hat gravierende Auswirkungen auf die dort heimischen Arten: Unter den Pflanzen leiden viele Baumarten durch seinen Blattfraß. Zudem fallen die Jungtiere vieler

flugunfähiger Vögel dem Fuchskusu zum Opfer, da viele in Neuseeland einheimischen Vögel nicht an größere auf dem Boden oder in Bäumen jagende Fressfeinde angepasst sind. So sind mittlerweile der flugunfähige Kakapo oder der Kiwi in ihrer Existenz gefährdet. Die Fuchskusu-Population wurde in den 1980er Jahren auf ca. 70 Millionen Individuen geschätzt und beläuft sich mittlerweile dank drastischer Maßnahmen durch das Umweltministerium Neuseelands auf ca. 30 Millionen Tiere. Die Tiere werden mit Giftködern erlegt, Privatpersonen zur Tötung der Tiere animiert und der Handel mit Pelzen wild-gefangener Tiere gefördert.



B4 Wege der Einführung in neue Gebiete (Quelle: SAUL et al., 2016)



B5 Fuchskusu

Der Umgang mit **Diagrammen** und **Tabellen** wird konsequent geübt.



Interaktive KI-Lernmodule können über QR-Code abgerufen werden.

7

Neuronale Informationsverarbeitung

7.13 Künstliche Intelligenz sinnvoll einsetzen

Die verschiedenen **Sonderseiten** vermitteln Fach-, Erkenntnisgewinnungs-, Kommunikations- und Bewertungskompetenzen im Zusammenhang mit biologischen Sachverhalten.

So arbeitet künstliche Intelligenz

Als Teilgebiet der Informatik erkennt bzw. sortiert **Künstliche Intelligenz (KI)** Informationen aus Umgebungs- und Eingabedaten sowie Datenbanken und imitiert so menschliche Geistesfähigkeiten. Dabei greift KI auf **programmierte Abläufe** zurück oder wird durch maschinelles Lernen erzeugt. Gerade hinsichtlich des **maschinellen Lernens** wurden in den letzten Jahren aufgrund von immer größeren Datenmengen und der hohen Rechenleistung moderner Computersysteme große Fortschritte erzielt. Maschinelles Lernen basiert darauf, dass ein Algorithmus selbstständig Aufgaben erfüllt, indem er sie wiederholt ausführt und mit vorgegebenen Gütekriterien abgleicht. Somit sind Computer oder Roboter, die auf maschinelle Lernprozesse zurückgreifen, nicht mehr auf vorgegebene Algorithmen angewiesen, sondern entwickeln eigenständig Lösungsstrategien bzw. optimieren diese. Eine planmäßige Vorgehensweise ähnlich einer „echten“ Intelligenz, wie man sie bei höheren Lebewesen finden kann, liegt bei maschinellem Lernen nicht vor. Dennoch modellieren die Vorgänge Lernprozesse, wie sie auch im Nervensystem des Menschen stattfinden. Man spricht daher auch von **neuronalen Netzen**.

Anwendungsgebiete im Schulalltag

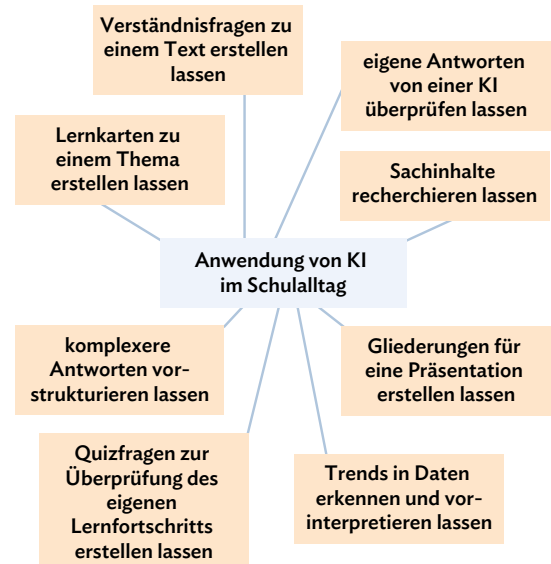
KI hat bereits viele Anwendungsfelder im Alltag gefunden: Von Empfehlungsalgorithmen beim Online-Shopping oder in Streaming-Portalen über Gesichtserkennungssoftware auf Smartphones bis hin zu medizinischen Anwendungen zur Diagnose von Erkrankungen. Künstliche Intelligenz verarbeitet große Datenmengen in kurzer Zeit, sodass KI-Systeme bei der **Erhebung und Auswertung von Daten** eine immer größere Bedeutung gewinnen. Auch im schulischen Umfeld bietet künstliche Intelligenz viele Anwendungsmöglichkeiten. Durch zunehmend leistungsfähigere KIs ist es möglich, Texte und andere Darstellungsformen (z. B. Diagramme oder Bilder, **B1**) automatisch erstellen oder Daten für wissenschaftliche Arbeiten recherchieren zu lassen.

KI kann auch beim Üben oder Erlernen von Unterrichtsinhalten behilflich sein (**B2**), jedoch muss der Umgang mit KI geübt werden (→ **QR 03302-063**).



B1 Blauhäher, KI-generiert (links) und Fotografie (rechts)

406



B2 Bereits mögliche sowie in Zukunft denkbare Anwendungen für KI in der Schule

Prompts schreiben

Um KI-Tools sinnvoll zu nutzen, ist es wichtig, der verwendeten Software die richtigen Anweisungen – sogenannte Prompts – zu geben, um möglichst das zu erhalten, was man auch anstrebt. Dabei sollten vier inhaltlich verschiedene Anweisungen enthalten sein (**B3**).

P	Position
A	Aufgabe
D	Details
S	Stil

B3 Die PADS-Regel zum Schreiben effektiver Prompts

Vorgehen

1. Geben Sie die **Position**, bzw. Rolle an, die die KI übernehmen soll.
2. Formulieren Sie die **Aufgabe** bzw. Zielsetzung in einem Satz.
3. Ergänzen Sie diese um ausreichend **Details**, wie das Ergebnis aussehen soll.
4. Geben Sie den sprachlichen **Stil** an, in dem das Ergebnis ausgegeben werden soll.

Ein Prompt, der die KI dazu auffordert, die Wirkungsweise von fünf verschiedenen Synapsengiften zu beschreiben, könnte beispielsweise wie folgt aussehen:

Sie sind Schüler oder Schülerin der Jahrgangsstufe 13 am bayerischen Gymnasium. Nennen Sie fünf Gifte, die die Informationsübertragung an einer chemischen Synapse beeinflussen, und beschreiben Sie deren Wirkungsweise. Beschreiben Sie die Wirkungsweise auf zellulärer Ebene. Beschreiben Sie diese knapp und auf das Wesentliche fokussiert.

Daten auf ihre Verlässlichkeit prüfen

Gerade zur Recherche von Quellen für Referate oder Seminararbeiten kann KI in kürzester Zeit eine Auswahl relevanter Daten zusammenfassen und diese präsentieren. Da derart erhobene Informationen keine Überprüfung aus zweiter Hand erfahren, wie es bei veröffentlichten wissenschaftlichen Quellen normalerweise der Fall ist, gilt auch und vor allem bei der Nutzung von KI, dass die **Verlässlichkeit der Daten** kritisch hinterfragt werden muss.

Vorgehen

1. Überprüfen Sie, ob Autorinnen und Autoren, Plattformen oder Verlage korrekt angegeben sind.
2. Überprüfen Sie die inhaltliche und sprachliche Qualität der Daten. Sind Logikfehler oder ungewöhnliche sprachliche Strukturen erkennbar?
3. Führen Sie eine Kontrollrecherche durch. Werden ähnliche Daten auch von anderen (vertrauenswürdigen) Quellen angegeben oder zitiert?

KI als Quelle angeben

Um auch anderen Nutzerinnen und Nutzern den Ursprung KI-erzeugter Inhalte verlässlich wiederzugeben und die Verwendung der Software nachvollziehbar zu machen, muss der Einsatz von KI bei der Erstellung von Präsentationen oder Seminararbeiten **als Quelle angegeben werden**.

Vorgehen

1. Geben Sie das verwendete KI-Tool an.
2. Beschreiben Sie den genauen Einsatz der Software, einschließlich der verwendeten Prompts.
3. Prüfen Sie Quellenangaben, die in KI-generierten Texten enthalten sein können. Diese können **frei erfunden** sein.

Gefahren von KI – Datenproblematik

Maschinelles Lernen basiert auf großen Datenmengen und greift auf Datenbanken zurück, die über das Internet zur Verfügung gestellt werden. Von diesen ist die Verlässlichkeit KI-generierter Inhalte abhängig. Da die Datenbanken in vielen der Öffentlichkeit zugänglichen Fällen – je nach System bzw. der genutzten Software-Version – auf älteren Da-

tensätzen basieren, sind KI-erhobene Daten meist (noch) nicht tagesaktuell und entsprechen nicht dem aktuellen Wissensstand. Zudem kommt es vor, dass die KI zu einem Thema Daten (v.a. Zahlenwerte) erfindet, wenn sie selbst keine Informationen hat.

Beim digitalen Arbeiten gilt die wichtige Handlungsempfehlung, **sensible Daten nicht unreflektiert preisgeben**. Dies gilt natürlich auch bzw. insbesondere beim Einsatz von KI-Tools. Gerade die Möglichkeiten von KI, aus wenigen Informationen Bilder, Videos und Audio-Dateien zu generieren, macht den **umsichtigen Umgang beim Upload** von Bild- und Tonmaterial notwendiger denn je. Bedenken Sie zudem, dass auch die Nutzung von Daten aus sozialen Medien durch KI nicht ausgeschlossen werden kann. Daraus sollte ein umso sorgfältiger Umgang mit eigenen und fremden persönlichen Daten resultieren.

Aufgaben

1. Die Datenverarbeitung durch KI ist in manchen Aspekten vergleichbar mit der Informationsverarbeitung durch das Nervensystem. Stellen Sie die KI-gestützte Verarbeitung von Daten mithilfe eines Schemas ähnlich der Reiz-Reaktions-Kette (→ S. 17) dar und beschreiben Sie Gemeinsamkeiten und Unterschiede.
2. Die Informationsübertragung an Synapsen erfolgt über viele Schritte. Erstellen Sie mithilfe der PADS-Regel einen Prompt, der eine KI dazu auffordert, Lernkarten zu den Vorgängen an einer chemischen Synapse zu erstellen.
3. Entwickeln Sie eine Quellenangabe, welche die mithilfe des Prompts aus Aufgabe 2 erstellten Übersichten ausreichend kennzeichnet.
4. Der folgende Textausschnitt zu Synapsengiften wurde von einer KI generiert und mit Fehlinformationen versehen. Gleichen Sie den Text mit einer eigenen Recherche ab und korrigieren Sie falsche oder unvollständige Informationen.
„Synapsengifte können die Erregungsübertragung an chemischen Synapsen stören. Zum Beispiel blockiert Botulinumtoxin die Calciumkanäle, was zu einer verstärkten Freisetzung von Neurotransmittern führt. Tetanustoxin hingegen hemmt die Rezeptoren auf der postsynaptischen Membran, was zu einer verstärkten Reaktion führt. Curare wirkt durch die Aktivierung von inhibitorischen Neurotransmittern, was zu einer erhöhten Erregbarkeit der postsynaptischen Zelle führt. Tetrodotoxin verursacht eine Überproduktion von Neurotransmittern, was zu einer verstärkten Signalübertragung führt. Schließlich kann Alpha-Latrotoxin die Vesikelfusion blockieren und somit die Freisetzung von Neurotransmittern verringern.“

Farbmarkierung kennzeichnet anspruchsvolle Aufgaben.

Passgenaue Aufgaben, z. B. zum Umgang mit digitalen Medien, trainieren prozessbezogene Kompetenzen.

Auf den Kompakt-Seiten werden alle wesentlichen Inhalte des jeweiligen Großkapitels zusammengefasst.

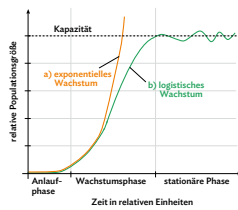
10

Ökologie und Biodiversität

Biologisches Gleichgewicht und Einflüsse – kompakt

Die Entwicklung einer Population = 10.10

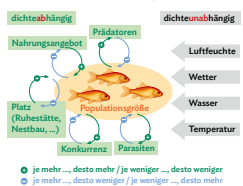
Populationen entwickeln sich abhängig von den in ihrem Lebensraum verfügbaren Ressourcen und den Einflüssen unterschiedlich. Eine Population mit unendlicher Ressourcerverfügbarkeit und ohne den Einfluss biotischer Faktoren würde **exponentiell** wachsen (B1a). Unter realistischen Bedingungen tritt ein **logistisches Wachstum** auf (B1b). Nach einer **Anlaufphase**, in der sich die Individuen an den neuen Lebensraum gewöhnen, vermehren sie sich in der **Wachstumsphase** äußerst stark – zu Beginn sogar annäherungsweise exponentiell. In dieser Phase liegt die Geburtenrate innerhalb der Population höher als die Sterberate. Ab einer gewissen Populationsgröße tritt eine dynamische **stationäre Phase** ein, bei der die Populationsgröße gewissen Schwankungen unterliegt, insgesamt aber stabil bleibt. Ihre Größe liegt nahe der **Kapazitätsgrenze** für das jeweilige Ökosystem. In manchen Fällen folgt dieser Phase eine **Absterbephase**, bei der es z. B. infolge von Gift- oder Abfallstoffen zu einem Absinken der Populationsgröße kommt.



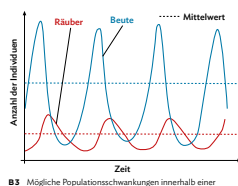
B1 Phasen der Populationsentwicklung

Die Dynamik des biologischen Gleichgewichts = 10.11, 10.12

Die Populationsgrößen der in einem Ökosystem lebenden Arten werden zum einen von abiotischen, **dichteunabhängigen** Faktoren bedingt. So kann ein langer, harter Winter innerhalb einer Population für eine hohe Sterblichkeit sorgen. Zum anderen spielen biotische, **dichteeabhängige** Faktoren (z. B. Konkurrenz um Ressourcen, Prädatoren, Symbionten, Krankheitserreger etc.) eine große Rolle (B2). Die Stärke ihrer Wirkung ist abhängig von der Populationsdichte, sie wirken somit **regulierend**. In stabilen Ökosystemen kommt es infolgedessen zwar zu kurzfristigen **Schwankungen von Populationsgrößen** der dort lebenden Arten, über längere Zeit betrachtet ergibt sich jedoch ein konstanter Mittelwert. Sehr gut untersuchte Beispiele hierfür sind die Räuber-Beute-Beziehungen (B3).



B2 Einflüsse auf die Populationsgröße



B3 Mögliche Populationschwankungen innerhalb einer Räuber-Beute-Beziehung

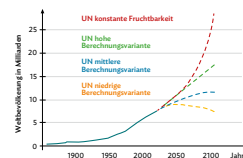
600

Ökologie und Biodiversität

10

Die Populationsentwicklung des Menschen = 10.15

Verbesserte Lebensbedingungen, medizinische Fortschritte und technologische Innovationen führen im Falle der menschlichen Population dazu, dass der Einfluss von Umweltfaktoren deutlich anders ausfällt als auf die Populationen anderer Arten. Dies führte im vergangenen Jahrhundert dazu, dass ein exponentielles Wachstum in ein **überexponentielles Wachstum** überging, bei dem sich die Verdopplungszeit der Populationsgröße zunehmend verkürzte. Ressourcerverfügbarkeit, gesellschaftliche Veränderungen und die Herausforderungen des Klimawandels machen es derzeit allerdings schwierig, eine verlässliche Prognose für die zukünftige Entwicklung der menschlichen Bevölkerung abzugeben. Die UN definiert daher verschiedene Szenarien, wie sich die Weltbevölkerung in der Zukunft entwickeln könnte (B4).



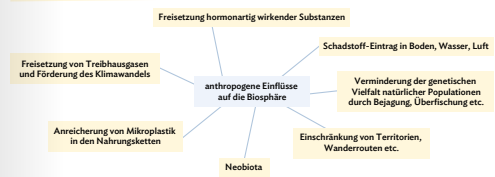
B4 Prognose für die Entwicklung der Weltbevölkerung (Quelle: UN Population Division (2017 revision), HYDE)

WE Wechselwirkung von Biomen – Biodiversität = 10.25, 10.24

Ökosysteme unterliegen einer dynamischen Veränderung ihrer biotischen und abiotischen Faktoren. Dabei beeinflussen sich benachbarte Ökosysteme auch gegenseitig und sie haben maßgeblichen Einfluss auf globale Prozesse. Beispielsweise beeinflussen die **Wasserkreisläufe** verschiedener tropischer und subtropischer Gebiete auch die Niederschläge in weit entfernten Gegenden oder haben Auswirkungen auf **Luft- und Wasserströmungen** oder **Wettermuster**. Veränderungen von Ökosystemen wirken sich bezüglich ihrer abiotischen Faktoren weit über ihre Flächenausdehnung hinaus aus. Die Zerstörung erheblicher Teile des tropischen Regenwaldes beeinflusst beispielsweise den globalen Wasserkreislauf und setzt – mit globaler Wirkung – große Mengen an Kohlenstoff frei. Die Auswirkungen betreffen zahlreiche Ökosysteme wie Korallenriffe, Meere und Tundren und reichen bis hin zu vermehrten Schäden in unseren heimischen Wäldern. Auch die biotischen Faktoren

werden nicht nur regional, sondern ebenso global durch die **Wechselwirkung der Biome** (vorherrschende Ökosysteme ausgedehnter Gebiete der Erdoberfläche) untereinander beeinflusst. Bei ausreichend hoher **Biodiversität** führt jedoch ein ausgeglichenes Wechselspiel innerhalb der vorhandenen Arten zu einem **stabilen Gleichgewicht**. Bei stark schwankenden abiotischen Faktoren sind allerdings auch Massenerlöschnisse bzw. das Aussterben von Arten möglich. Dies kann die **Stabilität der Ökosysteme** gefährden. Verschiedene Hypothesen bzw. Modelle versuchen, die Auswirkungen des **irreversiblen Artensterbens** einer Art zu veranschaulichen: Gemäß der **Nieten-Hypothese** ist die Gefahr einer Instabilität umso größer, je mehr Arten fehlen. Allerdings reicht laut der **Passagier-Hypothese** manche Arten (**Schlüsselarten**) stärker zur Stabilität im Ökosystem bei als andere. Die Bedeutung einer Art ist vor allem möglichen Aussterbens jedoch oft nicht absehbar.

Anthropogene Einflüsse auf die Biosphäre = 10.25, 10.26



B5 Beispiele für anthropogene Einflüsse auf die Biosphäre

601

Zum Üben und Weiterdenken: Vielfältige, auch materialbasierte Aufgaben helfen beim Üben und Vertiefen des Erlentens.

10

Ökologie und Biodiversität

Zum Üben und Weiterdenken

1 Ökologie und Schutz von Bryde's Walen

Im Hauraki-Golf vor der neuseeländischen Milionstädte Auckland lebt eine Population von Bryde's Walen (B1). Diese Barwal-Ärt ernährt sich von Krill und anderem Plankton. Über Ausflugsboote können die Tiere zusammen mit anderen Bewohnern des Golfs beobachtet werden. Gleichzeitig werden die Tiere aber auch fotografisch erfasst und ihr Auftreten kartiert.

a) Bei Touristenausflügen wird täglich die Sichttiefe des Hauraki-Golfs und damit das Vorkommen von pflanzlichem Phytoplankton bestimmt. Begründen Sie diese Vorgehensweise.

b) Ordnen Sie den Bryde's Wal und den in großen Schwärmen auftretenden Antarktischen Krill begründet unterschiedlichen Fortpflanzungsstrategien zu.

c) Formulieren Sie – auch anhand einer eigenen Recherche – je zwei ethische Argumente für und gegen die touristische Vermarktung der Bryde's-Wal-Population im Hauraki-Golf.

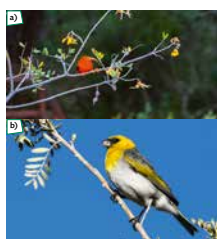
d) Nach einem deutlichen Rückgang der Populationsgröße wurden Zusaumenstöße mit Containerschiffen und anderen großen Wasserfahrzeugen (B1) für ca. 85% des Rückgangs als (Teil-) Ursache des Walsterbens identifiziert. Infolge der Einführung einer (freiwilligen) Geschwindigkeitsbegrenzung verminderten ca. 80% der Schiffe im Golf ihre Geschwindigkeit von 14,2 auf 10 Knoten. Seit Einführung dieser Maßnahme sank die Zahl der Stöße von Schiffen und Walen deutlich. Identifizieren Sie verschiedene Interessensgruppen bei der Einführung der beschriebenen Maßnahme und sammeln Sie Werte, die diese in vorangegangenen Diskussionen vertreten haben könnten.



B1 Bryde's Wale in Schiffsnähe

2 Evolution und Gefährdung der Kleidervögel

Die auf der Inseln Hawaii einheimischen Kleidervögel (B2) sind eine Gruppe von Arten, die infolge mehrerer Evolutionsprozesse aus einer ursprünglich wenig angepassten Vorläufer-Art hervorgegangen sind. Verschiedene Schnabelformen und Brutverhaltenweisen ermöglichen es den unterschiedlichen



B2 Kleidervögel Lwi (a) und Palla (b)

Kleidervogel-Arten, auf den Inseln Hawaii auf unterschiedliche Nahrungsquellen und Nistmöglichkeiten zurückzuführen.

a) Erläutern Sie den Vorteil der Entstehung unterschiedlicher Schnabelformen und Verhaltenweisen für die Individuen aus ökologischer Sicht und begründen Sie die daraus resultierende Entstehung der Artenvielfalt der Kleidervögel.

b) Etwa die Hälfte der bekannten Kleidervogel-Arten ist bereits ausgestorben, alle weiteren Arten sind mindestens gefährdet. Als Hauptursache wird der Einfluss des Menschen auf die Natur der Inselkette Hawaii genannt. Recherchieren Sie mögliche Gründe für das Aussterben bzw. die Gefährdung der Kleidervögel und stellen Sie diese in Form einer Mind-Map dar. Ergänzen Sie diese jeweils um mögliche Gegenmaßnahmen.

3 Entwicklung von Gründerpopulationen

Die Erforschung der Besiedlung neu entstandener Inseln weitab vom Festland oder anderen Inseln mit bereits etablierten Ökosystemen ermöglicht es, Einflüsse auf die Entwicklung von Populationen zu untersuchen. Ein typischer Mechanismus, über den Tiere oder Pflanzen auf eine solche neu entstandene Insel gelangen können, sind Baumstämme oder schwimmende Früchte (B3), die über Strömungen angetrieben werden.

a) Skizzieren Sie die Entwicklung der Populationsgröße ausgehend von einer Gründerpopulation in einem geeigneten Diagramm und kennzeichnen Sie für jeden charakteristischen Abschnitt mögliche Einflussfaktoren, die sich maßgeblich auf die Populationsgröße auswirken.

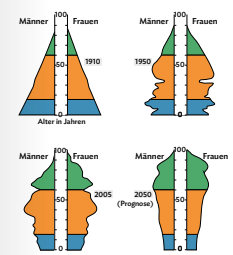
b) Vergleichen Sie die Entwicklung einer auf einer neu entstandenen Insel gestrandeten Population mit der Entwicklung der Population einer eingeschleppten Art in einem bereits bestehenden, aber destabilisierten Ökosystem.



B3 Schwimmfrucht der Kokospalme

4 Demografischer Wandel in Deutschland

Die Zusammensetzung einer Bevölkerung aus unterschiedlichen Altersgruppen verändert sich im Laufe der Zeit abhängig von verschiedenen Einflussfaktoren. Beschreiben Sie die Veränderung der Altersstrukturen der deutschen Bevölkerung (B4) und erklären Sie mögliche Gründe für diesen demografischen Wandel.



B4 Veränderte und Prognose des Altersaufbaus der Bevölkerung Deutschlands

5 Nachhaltige Lebensweise

Vergleichen Sie an einem selbst gewählten Beispiel Handlungsoptionen für nachhaltige Ziele auf persönlicher und gesellschaftlicher Ebene. Gehen Sie auf Gemeinsamkeiten und Unterschiede ein und machen Sie deutlich, welche Rolle hierbei verschiedene Wertehierarchisierungen spielen können.

6 Ökosystemleistungen von Nationalparks

Die Nationalparks Nordamerika (B5) sind Schutzgebiete und Touristenmagneten, die hauptsächlich staatlich, durch Nutzungsgebühren und Spengengelder finanziert werden.



B5 Yosemite-Nationalpark, Kalifornien

a) Betrachten Sie das Video (QR 03013-106) und leiten Sie Kosten und Nutzen der Einrichtung von Nationalparks ab. Stellen Sie diese tabellarisch gegenüber.

b) Aufgrund der zuletzt angespannten Wirtschaftslage wird seit einigen Jahren diskutiert, ob die Finanzierung der Nationalparks auch mit Unterstützung von Großkonzernen stattfinden sollte. Formulieren Sie je ein dreistufiges Argument für und gegen die Kooperation der Nationalparks betreibenden mit Großkonzernen.

c) Im Rahmen ihres „Investing in America“-Programms verkündete die Administration unter US-Präsident Biden 2024 eine Investition von 195 Mio. US-\$ in die Nationalparks der USA. Politischen Gegnern und Gegnern ist diese Ausgabe zu hoch, während andere noch höhere Summen für den Erhalt und Betrieb der Nationalparks fordern. Sammeln Sie im Team Ökosystemleistungen, die durch Investitionen in Nationalparks gefördert werden können und begründen Sie damit die Verwendung des Begriffs „Investition“ für die Förderung von Nationalparks.

7 Holz als nachwachsender Rohstoff

In den vergangenen Jahren wurde die Verwendung von Holz als Baumaterial immer beliebter.

a) Betrachten Sie das Video (QR 03013-107). Begründen Sie die Vorteile, die ein großflächiger Wechsel zur Holzbauweise mit sich bringen kann und leiten Sie daraus Ökosystemleistungen des Ökosystems „Wald“ ab.

b) Nennen Sie weitere Möglichkeiten, durch die bei Bauprojekten mit Holz als Haupt-Baumaterial Nachhaltigkeit gefördert werden kann.

604

605

Ziel erreicht?: Nach der Bearbeitung eines Kapitels können die Schülerinnen und Schüler anhand von gezielten Aufgaben mit Lösungen im Anhang selbstständig überprüfen, ob sie die geforderten Inhalte und Kompetenzen erworben haben.

10 Ökologie und Biodiversität

Ziel erreicht?

1. Selbsteinschätzung
Wie hoch ist Ihre Kompetenz in den Bereichen A bis G? Schätzen Sie sich selbst ein und kreuzen Sie auf dem Arbeitsblatt (QR 03302-086) in der Auswertungstabelle unten die entsprechenden Kästchen an.

2. Überprüfung
Bearbeiten Sie die untenstehenden Aufgaben. Vergleichen Sie Ihre Antworten mit den Lösungen (QR 03302-085) und kreisen Sie die erreichte Punktzahl in Ihrer Auswertungstabelle ein. Vergleichen Sie mit Ihrer Selbsteinschätzung. Unter QR 03302-087 finden Sie außerdem eine digitale Lernanwendung zur Überprüfung der geforderten Kompetenzen.

Kompetenzen

Kompetenz A

A1 Die Riffe der Malediven sind komplexe Ökosysteme mit einer immensen hohen Biodiversität an Meeresbewohnern. Man findet hier Rifffische, Meeresschildkröten, Rochen, Kleinkrebse und Seesterne genauso wie viele Arten von Fischen, z. B. den Clownfisch oder Papageifisch. Seegras- und Algen bilden die Produzenten des Systems. Im Riff herrscht eine starke Sonneneinstrahlung. Die Wassertemperaturen liegen normalerweise zwischen 20 und 30 °C und der Salzgehalt bei 3 bis 4 ‰, wobei die Phosphat- und Nitratwerte sehr niedrig sind. Die Grundlage des Riffs bilden verschiedene heterotrophe Korallen-Arten. Jede Koralle besteht aus einer Vielzahl von festhaltenden Korallenpolypen, die ein Kalkskelett ausscheiden und nach oben Tentakel als Fangarme tragen. Die Tiere können im nährstoffarmen Meer effizient wachsen, da sie im Inneren zur Photosynthese befähigte Algen (Zooxanthellen) tragen. Liegt die Meerestemperatur zu lange über 30 °C, scheiden die Algen Giftstoffe aus. Daher werden sie von den Korallen abgestoßen, sodass diese ihre Farbe verlieren (Korallenbleiche). Korallen reagieren äußerst empfindlich auf veränderte Umweltbedingungen ihres Lebensraums, weshalb alle Korallenriffe weltweit auch als gefährdet gelten. Neben vielen Fischen lebt dort auch der Dornenkronenseesterne, der sich nur von Steinkorallen ernährt. Zu seinen wenigen Fressfeinden zählen Raifische wie Lippfische oder Kugelfische. Bei hohem Mineral- und Salzgehalt im Meer vermehren sich auch Phytoplankton und Algen, die Nahrung der Seesterne-Larven.

7 BE a) Charakterisieren Sie zum einen abiotische Faktoren des Korallenriffs der Malediven und zum anderen die Zusammensetzung sowie Beziehungen der Biözönose.

8 BE b) Zeigen Sie konkrete ökologische Zusammenhänge dieser Biözönose auf.

13 BE c) Nennen Sie drei weltweite Gefahren für die heutigen Korallenriffe.

Kompetenz B

B1 Ein mitteleuropäischer Mischwald ist ein komplexes Ökosystem. In ihm leben viele verschiedene Pflanzen, Pilze und Tiere miteinander in ständiger Wechselbeziehung.

a) Beschreiben Sie den Kohlenstoff-Atomkreislauf für dieses konkrete Ökosystem-Beispiel. **5 BE**

b) **24** Erklären Sie, inwiefern die Organismen in diesem Ökosystem in den Stickstoff-Atomkreislauf involviert sind. **5 BE**

c) Beschreiben Sie den Energiefluss in diesem Ökosystem anhand eines Schemas. **9 BE**

Kompetenz C

C1 Die Baumarten der Abbildung (C1) kommen alle im selben Lebensraum vor und konkurrieren dort um Licht, Feuchtigkeit, Mineralsalze, usw.

a) Erklären Sie anhand der Grafik den Unterschied zwischen Toleranzbereich und ökologischer Potenz der Baumarten in Bezug auf den abiotischen Umweltfaktor Wasserverfügbarkeit. **6 BE**

10 Ökologie und Biodiversität

b) Begründen Sie, dass eine langfristige Koexistenz der Baumarten im gleichen Lebensraum nur stattfinden kann, wenn die verschiedenen Arten unterschiedliche ökologische Nischen besetzen.

Kompetenz D

D1 Nach dem Ende der Bejagung Nordatlantischer Gattwale 1990 wurde deren Populationsgröße langfristig dokumentiert.

zu D1

a) Erläutern Sie anhand des Diagramms typische Entwicklungsphasen der Gattwal-Population. Gehen Sie auf mögliche Ursachen für die jeweilige Veränderung ein. **6 BE**

b) **24** Gattwale ernähren sich u. a. von Krill (kleine Krebstiere). Ordnen Sie beiden Arten begründet eine Fortpflanzungsstrategie zu. **4 BE**

Kompetenz E

E1 Ökosysteme erbringen Ökosystemleistungen (E1).

a) Vergleichen Sie drei Ökosystemleistungen der beiden Ökosysteme „Meer“ und „Wald“. **6 BE**

b) „Der Begriff Ökosystemleistungen entspringt einer anthropozentrischen Sichtweise.“ Beurteilen Sie.

zu E1

Kompetenz F

F1 **24** Erläutern Sie, inwieweit sich die Rodung tropischer Wälder auf Ökosysteme in anderen Regionen der Erde auswirkt. Betrachten Sie dabei allgemein globale Veränderungen sowie deren Auswirkung auf ein Ökosystem Ihrer Wahl (z. B. Ackerflächen, Korallenriffe) und stellen Sie eine Prognose zur Auswirkung auf die Biodiversität des Ökosystems auf. **6 BE**

Kompetenz G

G1 Sie beziehen eine Wohnung, wofür Sie einen neuen Schreibtisch benötigen.

a) Erstellen Sie eine Mind-Map, aus der sowohl die verschiedenen Optionen, einen Schreibtisch zu erhalten, als auch dessen mögliche Rohstoffe ersichtlich sind. **6 BE**

b) Gewichten Sie nach Ihren persönlichen ökonomischen, ökologischen und sozialen Wertvorstellungen (die unter a) erarbeiteten Optionen) und entscheiden Sie sich für eine nachhaltige Option. **4 BE**

Auswertung		prima	ganz gut	mit Hilfe	siehe Seite
A	ein Biotop charakterisieren und die Zusammensetzung einer Biözönose erläutern.	18-15	14-10	9-5	536-541, 542 f., 596
B	einen Stoffkreislauf sowie den Energiefluss in einem Ökosystem erläutern.	14-11	10-7	6-3	544 f., 597
C	die ökologische Potenz sowie das Konzept der ökologischen Nische erklären.	11-9	8-6	5-3	546-551, 598 f.
D	die verschiedenen Phasen der Populationsentwicklung erläutern und Fortpflanzungsstrategien charakterisieren.	6-5	4-3	2	552 f., 554-561, 562-565, 599, 600 f.
E	Ökosysteme nach dem Konzept der Ökosystemleistungen vergleichen und die anthropozentrische Bewertung der Natur reflektieren.	11-9	8-6	5-3	566-575, 578 f., 588 f., 596 f.
F	die weltweite Vernetzung von Biomen erläutern und Auswirkungen von Störungen durch menschliche Eingriffe erklären.	6-5	4-3	2	580-586, 590 f.
G	durch eine individuelle Werthierarchisierung Handlungsoptionen für eine nachhaltige Lebensweise auf persönlicher und gesellschaftlicher Ebene ableiten.	10-9	8-6	5-3	590-595, 596 f.

Auf den Seiten Abi-Training finden Sie eine Vielzahl von Aufgaben im Stil von Abitur-Aufgaben, welche somit ideal für die Vorbereitung auf eine anstehende Prüfung geeignet sind.

10 Ökologie und Biodiversität

Abi-Training

Aufgabe

Orcas und Weiße Haie

Weiße Haie sind in allen Weltmeeren beheimatet und werden als Spitzenprädatoren, also als Endglied vieler Nahrungsketten, angesehen. Veleiten erkennt man mehr und mehr ihre Bedeutung für ihre Lebensräume, auch wenn ihnen oft noch immer ihr Respekt einflößender Ruf voraussetzt. Auch Orcas, die ihren frühen häufig verwendeten Namen „Killer-Wale“ weitestgehend ablegen konnten, stehen in ihren Lebensräumen an der Spitze der Nahrungsketten.

1 Beschreiben Sie auch unter Zuhilfenahme von M1 Einflüsse der belebten und unbelebten Umwelt, die auf Weiße Haie und Orcas wirken. **4 BE**

2 Ein wichtiger Einflussfaktor auf die Verbreitungsgebiete der beiden Arten ist die Wassertemperatur. Leiten Sie anhand von M1 Toleranzkurven für den Weißen Hai und den Orca bezüglich der Temperatur ab. **3 BE**

3 Begründen Sie anhand von M1 und M2, dass Weiße Haie und Orcas in überlappenden Verbreitungsgebieten koexistieren können, obwohl sie ähnliche Nahrungsquellen nutzen. **4 BE**

4 Erklären Sie den Begriff „ökologisches Gleichgewicht“ anhand einer Skizze für eine mögliche Entwicklung der Populationsgrößen von See-Elefanten und Orcas vor der Küste Alaskas, also in Gebieten, in denen Weiße Haie nicht vorkommen. **5 BE**

5 **24** Vergleichen Sie Chancen und Grenzen der in M3 beschriebenen Methoden zur Überwachung von Populationen und deren Größen bei Weißen Haien. **10 BE**

6 Diskutieren Sie unter Bezug auf M4 die Bezeichnung von Weißen Haien und Orcas als „Spitzenprädatoren“. **3 BE**

7 Entwickeln Sie anhand von M4 eine Hypothese zur Erklärung des Auftauchens von Bronzehaien vor Gansbaai. **4 BE**

8 Vergleichen Sie die Weitergabe von PCBs, wie sie in M5 dargestellt ist, mit dem Kohlenstoff-Atomkreislauf. **5 BE**

9 Begründen Sie, auch anhand von M5, dass PCBs in größeren Mengen vor allem in höheren Trophieebenen und weniger bei Konsumenten 1. oder 2. Ordnung messbar sind. **2 BE**

Material

M1 Nahrungszusammenhänge im Ost-Pazifik

M2 See-Elefanten als Beute von Orcas und Weißen Haien

Während ein Teil der gesamten Population Nördlicher See-Elefanten nur zur Fortpflanzung auf Festland kommt, lebt ein weiterer Teil auf kleinen vorgelagerten Inseln vor der Pazifikküste. Die Bereiche um die Inseln werden abhängig von der Meerestiefe in drei Regionen unterteilt, bevor sie ins offene Meer übergehen. Ausgewachsene See-Elefanten verlassen die Inseln tagsüber zur Jagd, während jüngere Tiere den ganzen Tag in der Strand- und Flachwasserregion anzureichern sind. Die meisten Angriffe auf See-Elefanten finden in den drei Regionen um die Inseln statt (**B2**, **B3**).

B2 Angriffshäufigkeit auf die See-Elefanten nach Region

B3 Zusammensetzung der Beute von Orcas und Weißen Haien

M3 **24** Wanderbewegungen im Blickfeld der Wissenschaft

Das Vorkommen Weißer Haie beunruhigt nicht nur Badegäste, es dient auch als wichtiger Anzeiger für die Gesundheit von Ökosystemen, da die Tiere als Fressfeinde empfindlich auf die verfügbaren Nahrungsressourcen reagieren. Um die allein umherziehenden Tiere zu überwachen, haben sich mittlerweile unterschiedliche Methoden etabliert. So können die sehr langlebigen Tiere u. a. über Sender markiert und deren Wanderwegen z. B. satellitengestützt verfolgt werden. Über akustische Sender und im Wasser stationierte Sensoren können außerdem Haie nachgewiesen werden, sobald sie sich nahe genug an den Sensoren aufhalten. Sichtung von Flossen, Zeichnungen oder von Verletzungen ermöglichen es Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern, Tiere individuell zu erkennen. Im Rahmen von touristischen Ausflügen oder durch Drohnenüberwachung können Daten gesammelt und ausgewertet werden. Eine weitere Möglichkeit zum Nachweis von weißen Haien ist die Untersuchung von Wasserproben auf bestimmte DNA-Bestandteile.

M4 Haie vor Südafrika

Vor der Küste Gansbaais (Südafrika), an der sowohl Weiße Haie als auch Orcas Jagd auf unterschiedliche Robben machen, wurden vor einigen Jahren zwei an ihren auffälligen gekrümmten Rückenrücken erkennbare Orca-Individuen beobachtet, die Weiße Haie töteten und deren Leber fraßen. In Folge veränderten sich die Hai-Sichtungen (**B4**).

B4 Anzahl der Hai-Sichtungen vor Gansbaai sowie der Sichten von Orcas allgemein bzw. von Orcas mit Jagderfahrung auf Weiße Haie (gekennzeichnete Flosse) (Quelle: vereinfacht nach Towse et al., 2022)

M5 Bedrohung für Orcas

Polychlorierte Biphenyle (PCBs) wurden bis in die 1980er Jahre weltweit z. B. in Hydrauliköl oder Lacken angewendet. Bis heute werden sie in Geweben von Orcas nachgewiesen (**B5**) und als eine mögliche Ursache für den Rückgang von Orca-Populationen gesehen.

B5 Anreicherung von PCBs in der Nahrungskette

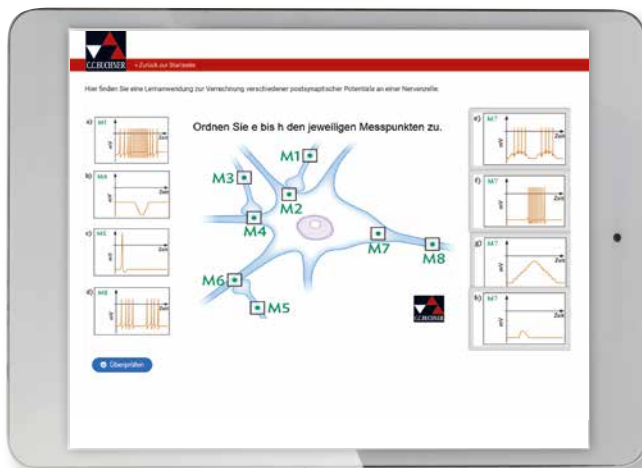
10 Ökologie und Biodiversität

608

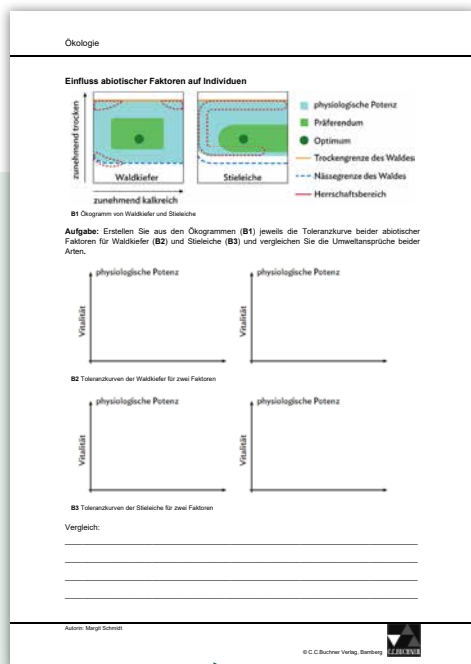
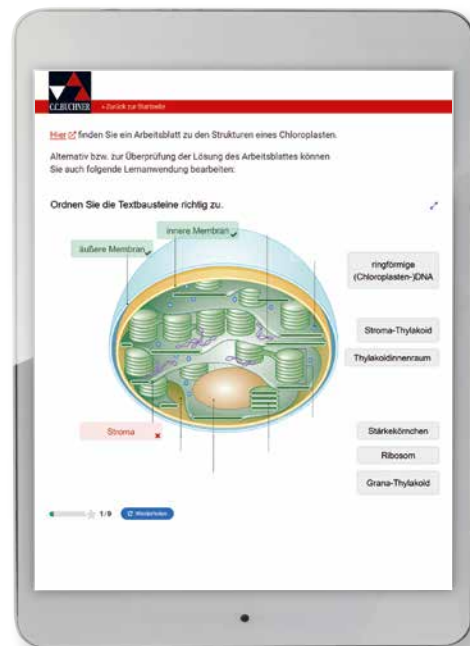
Mit **Biologie – Ausgabe A** wird Ihr Unterricht multimedial!

Mit dem hybriden Lehrwerk **Biologie – Ausgabe A** können Sie Ihren Unterricht multimedial erweitern, denn es ist vielfältig und umfangreich digital angereichert.

Zahlreiche QR- und Mediacodes, die mit Tablets oder Smartphones gescannt oder auf der www.ccbuchner.de abgerufen werden können, bieten Zugang zu beispielsweise folgenden Zusatzmaterialien:



Interaktive Lernanwendungen



Arbeitsblätter



Videos

Protokollvorlagen

Ökologie

Protokoll Lufttemperatur und Lichtstärke

Datum: _____ Uhrzeit: _____

Bewölkung: _____ Niederschlag: _____

Material:
Luxmeter oder kostenlose App zur Bestimmung der Lichtstärke, Thermometer, Meterstab, Bestimmungsliteratur

Fragestellung: _____

Hypothese: _____

Durchführung:

- Notieren Sie im Protokoll das Datum, die aktuelle Wetterlage (Temperatur, Bewölkung, Niederschlag, ...) und die Uhrzeit.
- Messen Sie an drei verschiedenen Standorten (z. B. Waldrand, Waldinneres und Lichtung) und in drei unterschiedlichen Wuchshöhen (15 cm, 1 m und 2 m Höhe).
- Notieren Sie bei den Messungen von Temperatur und Lichtintensität zusätzlich, welche Pflanzen an jeweils gemessenen Standort im Umkreis von 2 m zu finden sind.
- Wiederholen Sie jede Messung dreimal, bilden Sie aus den gemessenen Werten den Mittelwert und tragen Sie diesen in die Tabellen (siehe unten) ein.
- Stellen Sie die in 2 m Höhe gemessenen Werte der Lufttemperatur und Lichtintensität in einem Diagramm dar und nutzen Sie für die verschiedenen Standorte drei verschiedene Farben.

Eintragung von Temperaturmesswerten¹:

Messung	Standort 1	Standort 2	Standort 3
1 (15 cm Höhe)			
2 (1 m Höhe)			
3 (2 m Höhe)			

Messen Sie jeweils dreimal und tragen Sie hier den Mittelwert ein.

Eintragung von Lichtintensitätsmesswerten²:

Messung	Standort 1	Standort 2	Standort 3
1 (15 cm Höhe)			
2 (1 m Höhe)			
3 (2 m Höhe)			

Messen Sie jeweils dreimal und tragen Sie hier den Mittelwert ein.

Autoren: Magdi Schmidt

© C.C. Bucher Verlag, Bernburg

© C.C. Bucher Verlag, Bernburg

© C.C. Bucher Verlag, Bernburg

Versuchsanleitungen

Neuronale Informationsverarbeitung

Modell-Experiment zur kontinuierlichen Erregungsleitung im Axon

Im Nervensystem werden Informationen über elektrische Impulse weitergegeben. Im Modell-Experiment steht ein Dominostein für ein Aktionspotential. Fällt der Stein gegen den nächsten Stein, so gilt dies als das Auslösen eines nächsten Aktionspotentials (B1).

Material:

- Dominosteine
- Stoppuhr

Durchführung:

- Markieren Sie eine ca. 50 cm lange Strecke. Sie soll das Axon darstellen.
- Stellen Sie die Dominosteine entlang dieser Strecke hintereinander auf.
- Stoßen Sie den ersten Stein an, beschreiben Sie Ihre Beobachtung und messen Sie die Zeit, bis der letzte Stein umgefallen ist.
- Führen Sie den Versuch mehrmals durch und variieren Sie die Bedingungen. Zum Beispiel:
 - Kraft des Stoßes
 - Entfernung der Steine voneinander
 - ...
- Protokollieren Sie Ihre Tätigkeiten und Ergebnisse übersichtlich.
- Üben Sie Modellkritik:
 - Vergleichen Sie die unterschiedlichen Bedingungen und das Verhalten der Dominosteine im Modellversuch mit der realen Erregungsleitung im Axon.
 - Zeigen Sie Möglichkeiten und Grenzen des Modells auf.

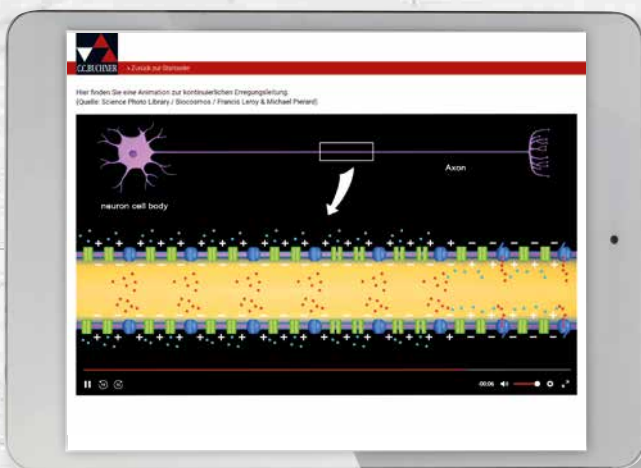
Saltatorische Erregungsleitung:

Wenn Sie zwischen jeweils zwei Dominosteinen einen Strohalm auf einer Erhöhung (z. B. Bauklötz oder Legosteine) platzieren, können Sie mit dieser Anordnung die saltatorische Erregungsleitung darstellen (B2). Messen Sie auch hier die Zeit, bis der letzte Stein der 50 cm Strecke umgefallen ist.

- Vergleichen Sie die Versuchsaufbauten in Bezug auf den Bau der Nervenzelle.
- Erläutern Sie gemessene Zeitunterschiede.

B1 Versuchsaufbau kont.-durchführung

B2 Versuchsaufbau salt.-durchführung



Animationen

Sie benötigen mehr Material oder möchten digital unterrichten?

Dafür bieten wir die **digitale Ausgabe des Schulbuchs click & study** für Schülerinnen und Schüler und das **digitale Lehrmaterial click & teach** für Lehrkräfte mit weiteren Materialien und einer idealen Umgebung für digitales Lehren und Lernen.



Digitaler Unterricht mit C.C.Buchner

Das digitale Lehrmaterial **click & teach** und die digitale Ausgabe des Schulbuchs **click & study** bilden zusammen die ideale digitale Lehr- und Lernwelt: vielfältig im Angebot und einfach in der Bedienung. Für eine moderne und individuelle Unterrichtsgestaltung!



Mit **click & teach**, unserem Angebot für Lehrkräfte, kann der digitale Arbeitsplatz rund um das Lehrwerk von C.C.Buchner selbst gestaltet werden. Enthalten sind nicht nur die vollständige digitale Ausgabe des jeweiligen Schulbuchs, sondern auch nützliche Funktionen wie der Unterrichtsplaner sowie umfangreiches und perfekt abgestimmtes Zusatzmaterial wie **Aufgabenlösungen, digitale Lernanwendungen, Versuchsanleitungen, Arbeitsblätter, didaktische Kommentare** und vieles mehr.



Für Schülerinnen und Schüler bieten wir die digitale Ausgabe des Schulbuchs **click & study**. Im modernen und intuitiven Reader finden Lernende nicht nur die vollständige digitale Ausgabe und hilfreiche Werkzeuge, sondern auch direkten Zugriff auf zusätzliche Materialien, die im Schulbuch über QR- und Mediacodes zugänglich sind.



click & teach und **click & study** sind intelligent miteinander verknüpft: Mit dem Aufgabenpool, dem Forum und der Lerngruppenfunktion kann die Interaktion zwischen Lehrenden und Lernenden rein digital erfolgen. So sind **click & teach** und **click & study** die idealen Begleiter in der digitalen Lernwelt – vor, während und nach dem Unterricht.

Individuelle Lizenzierung

Egal ob für Einzelpersonen, das Kollegium oder die Schülerschaft – für **click & teach** und **click & study** gibt es für jeden Bedarf eine passende Lizenz. Bestellungen sind ausschließlich auf www.ccbuchner.de möglich. Die digitale Ausgabe **click & study** kann zudem über den Bildungslogin genutzt werden.



Einfache Verwaltung

Lehrkräfte, Lehrmittelverantwortliche und IT-Kräfte haben Zugang zum C.C.Buchner-Schulkonto. Damit können die digitalen Lehr- und Lernmittel **click & teach** und **click & study** an einem zentralen Ort vergünstigt erworben, verwaltet und dem Kollegium oder der Schülerschaft bereitgestellt werden.





Lizenzmodelle click & teach

	Kollegiumslizenz	Einzellizenz flex	Einzellizenz
Inhalt	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial
Preis	ab 145,- €	ab 40,- €	ab 26,- €
Laufzeit	solange das gedruckte Lehrwerk erhältlich ist	solange das gedruckte Lehrwerk erhältlich ist	solange das gedruckte Lehrwerk erhältlich ist
Lizenzanzahl	beliebige Anzahl für das komplette Fachkollegium inkl. Referendare	1	1
Weitergabe	übertragbar	übertragbar	nicht übertragbar
Zugang	direkte Freischaltung im Schulkonto	direkte Freischaltung im Schulkonto	digitaler Freischaltcode per E-Mail
Verfügbarkeit	im verknüpften Schulkonto	im verknüpften Schulkonto	im persönlichen Konto

Preisstand: 1. April 2026



Lizenzmodelle click & study

Bestellen Sie click & study
im Schulkonto und
profitieren Sie vom
3-fach-Rabatt!



	Testlizenz	Einzellizenz	Schulkonto PrintPlus Lizenz	Schulkonto Lizenz
Inhalt	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial	Digitale Ausgabe + Zusatzmaterial
Preis	kostenfrei nur für Lehrkräfte	Standardpreis ab 7,30 €	ab 2,30 € bei Einführung des Schulbuchs	Standardpreis abzgl. Schulkonto- Laufzeit- und Mengenrabatt
Laufzeit	100 Tage	12 + 1 Monat ab Freischaltung	12 + 1 Monat ab Freischaltung	wählbar 1-6 Jahre (+ 1 Monat) ab Freischaltung
Lizenzanzahl	1 – 30	1	1 pro eingeführtem Schulbuch	beliebige Anzahl für die Schülerschaft
Weitergabe	nicht übertragbar	nicht übertragbar	nicht übertragbar	übertragbar
Zugang	digitaler Freischaltcode per E-Mail	digitaler Freischaltcode per E-Mail	Freischaltung im Schulkonto oder Codeliste/ Abholnummer*	Freischaltung im Schulkonto oder Codeliste/ Abholnummer*
Verfügbarkeit	im persönlichen Konto	im persönlichen Konto	im verknüpften Schulkonto	im verknüpften Schulkonto

Preisstand: 1. April 2026

* Im Schulkonto haben Sie die Wahl: Sie können click & study-Lizenzen regulär erwerben oder als Codeliste
(= Freischaltcodes als Excel-Datei) oder als Abholnummern (= zur Übertragung in den Lizenzmanager des Bildungslogins).

Biologie

Sekundarstufe II

Ausgabe A

Herausgegeben von
Margit Schmidt

Bearbeitet von
Sebastian Blaschke
Michael Bug
Melanie Fischer-Geiger
Michaela Fleischmann
Sabine Gern
Alina Hermann
Martin Hertel
Albin Huber
Christine Ritzinger
Jürgen Rojacher
Johannes Schmidkonz
Sonja Schmidkonz
Margit Schmidt
Frank Scholz
Erik Schuhmann
Michael Spangler
Martina Stahl
Veronika Süßmilch
Christoph Trescher
Susanne Ullrich-Winter
Robert Vogl
Theresa Wachter

C.C. Buchner

Biologie – Ausgabe A ab 2026

Unterrichtswerk für Biologie in der Sekundarstufe II

Herausgegeben von Margit Schmidt

Biologie SII

Biologie für das grundlegende/erhöhte Anforderungsniveau

Bearbeitet von Sebastian Blaschke, Michael Bug, Melanie Fischer-Geiger, Michaela Fleischmann, Sabine Gern, Alina Hermann, Martin Hertel, Albin Huber, Christine Ritzinger, Jürgen Rojacher, Johannes Schmidkonz, Sonja Schmidkonz, Margit Schmidt, Frank Scholz, Erik Schuhmann, Michael Spangler, Martina Stahl, Veronika Süßmilch, Christoph Trescher, Susanne Ullrich-Winter, Robert Vogl, Theresa Wachter unter Beratung von Thomas Nickl

Zu diesem Lehrwerk ist geplant:

- Digitales Schulbuch click & study, Einzellizenz, WEB-Bestell-Nr. 033021
- Digitales Lehrermaterial click & teach Einzellizenz, WEB-Bestell-Nr. 033022

Weitere Lizenzformen (Einzellizenz flex, Kollegiumslizenz) und Materialien unter www.ccbuchner.de.

Leseprobe

Dieses Lehrwerk folgt den aktuellen Regelungen für Rechtschreibung und Zeichensetzung. Ausnahmen bilden Texte, bei denen künstlerische, philologische oder lizenzrechtliche Gründe einer Änderung entgegenstehen. Teile des Lehrwerks wurden mithilfe gängiger Large Language Models erstellt oder bearbeitet. Sämtliche Inhalte wurden anschließend redaktionell geprüft, überarbeitet und verantwortet. Weitere Informationen finden Sie auf www.ccbuchner.de/ki-leitlinie

© 2026 C.C. Buchner Verlag, Bamberg

Das Werk und seine Teile sind urheberrechtlich geschützt. Jede Nutzung in anderen als den gesetzlich zugelassenen Fällen bedarf der vorherigen schriftlichen Einwilligung des Verlags. Hinweis zu §§ 60 a, 60 b UrhG: Weder das Werk noch seine Teile dürfen ohne eine solche Einwilligung eingescannt und/oder in ein Netzwerk eingestellt werden. Dies gilt auch für Intranets von Schulen und sonstigen Bildungseinrichtungen. Fotomechanische, digitale oder andere Wiedergabeverfahren sowie jede öffentliche Vorführung, Sendung oder sonstige gewerbliche Nutzung oder deren Duldung sowie Vervielfältigung (z. B. Kopie, Download oder Streaming), Verleih und Vermietung nur mit ausdrücklicher Genehmigung des Verlags. Nutzungsvorbehalt: Die Nutzung für Text und Data Mining (§ 44 b UrhG) ist vorbehalten, insbesondere für die (Weiter-)Entwicklung und das Training jeglicher KI-Systeme. Dies betrifft nicht Text und Data Mining für Zwecke der wissenschaftlichen Forschung (§ 60 d UrhG).

produktsicherheit@ccbuchner.de

Redaktion: Marlies Hartmann, Carolin Ratzka

Layout: Petra Michel, Amberg

Satz: tiff.any GmbH & Co. KG, Berlin

Illustrationen/Grafiken: Helmut Holtermann, Dannenberg; Angelika Kramer, Stuttgart;

Stelzner Illustration & Grafikdesign, Frankfurt; tiff.any GmbH & Co. KG, Berlin

Umschlag: Petra Michel, Amberg; tiff.any GmbH & Co. KG, Berlin

Druck und Bindung: Firmengruppe Appl, aprinta Druck, Wemding

www.ccbuchner.de

ISBN 978-3-661-03302-0

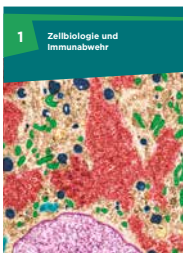
AdobeStock / ALBERTO GHIZZI PANIZZA, SCIENCE PHOTO LIBRARY - Cover; - / caifas S. 108; - / Dr. Willy Bruechle, Weiterstadt S. 110; - / Christoph Burgstedt S. 84; - / Juan Gärtner S. 110; - / GraphicsRF S. 111; - / Paul Hakimata S. 122; - / mailsompignata S. 124; Getty Images Plus / iStockphoto, AnVyChicago S. 118; - / iStockphoto, Assja S. 116; - / iStockphoto, Olesia Bekh S. 104; - / iStockphoto, Rasi Bhadramani S. 102; - / iStockphoto, BlackQuetzal S. 94; - / iStockphoto, Byrdyak S. 92; - / iStockphoto, Ricky Deacon S. 96; - / iStockphoto, DjMiko S. 114; - / iStockphoto, gabes1976 S. 116; - / iStockphoto, Snizhana Galytska S. 116; - / iStockphoto, Giores S. 96; - / iStockphoto, gorodenkoff S. 121; - / iStockphoto, Pascale Gueret S. 114; - / iStockphoto, joey333 S. 104; - / iStockphoto, Marina Khromova S. 118; - / iStockphoto, piotr_malczyk S. 90; - / iStockphoto, StockSeller_ukr S. 120; - / iStockphoto, Ivan Traimak S. 112; - / iStockphoto, vdvornyk S. 110; iStockphoto / chromatos S. 88; Science Photo Library / JOSE CALVO S. 95; - / Thomas Deerinck, NCMIR S. 99; - / US Department of Energy, Oak Ridge National Laboratory S. 130; - / Philippe Plailly S. 100; - / Harald Ritsch S. 88; Shutterstock / Raimundo79 S. 91; - / VectorMine S. 133.

Grundlegende Kenntnisse und Kompetenzen	14
SACHKOMPETENZ: Die Basiskonzepte der Biologie	14
KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Unterschiedliche Aufgabentypen bearbeiten	20
ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Experimente planen und durchführen	24
ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Modelle kritisch betrachten und weiterentwickeln	26
KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Wissenschaftliche Quellen finden und nutzen	28
KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Informationen aufbereiten	30
BEWERTUNGSKOMPETENZ: Ethisches Bewerten	32

1

Zellbiologie und Immunabwehr

34



■ Startklar?	36
1.1 Mikroskopische Betrachtung von Zellen	38
1.2 Vergleich tierischer und pflanzlicher Zellen	40
1.3 ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Ein Präparat anfärben und mikroskopieren	42
1.4 EXKURS: Funktionsweise der Elektronenmikroskopie	43
1.5 Pro- und eukaryotische Zellen im Vergleich	44
1.6 Zelldifferenzierung und individuelle Entwicklung	46
1.7 Diffusion und Osmose	48
1.8 Osmotische Vorgänge bei Zellen	50
1.9 Die Biomembran und Membranmodelle	52
1.10 Zellorganellen mit doppelter Membran	54
1.11 Zusammenwirken von Organellen bei der Stoffabgabe	56
1.12 Organellen zur intrazellulären Verdauung	58
1.13 Bakterien und Viren als Krankheitserreger	60
1.14 Die unspezifische Immunreaktion	62
1.15 Die spezifische Immunreaktion	64
1.16 Aktive und passive Immunisierung	66
1.17 Gesellschaftliche Bedeutung von Impfungen	68
1.18 BEWERTUNGSKOMPETENZ: Impfentscheidungen treffen	70
■ Zelltypen – kompakt	72
■ Zelldifferenzierung und Osmose – kompakt	74
■ Kompartimentierung durch Membranen – kompakt	76
■ Immunabwehr – kompakt	78
■ Zum Üben und Weiterdenken	80
■ Ziel erreicht?	82

2

Speicherung, Realisierung und Regulation genetischer Information

84



■	Startklar?	86
2.1	Der Bau verschiedener Nukleinsäuren	88
2.2	Proteine als Genprodukte	90
2.3	Der genetische Code	92
2.4	Die Transkription und RNA-Prozessierung	94
2.5	Die Translation	96
2.6	EXKURS: Synthetische Bakterien und Viren	98
2.7	eA Alternatives Spleißen	100
2.8	eA Vermehrung von Viren in eukaryotischen Zellen	102
2.9	eA Die Wirkung von Antisense-RNA	104
2.10	KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Die Vertrauenswürdigkeit von Quellen analysieren	106
2.11	eA Antibiotika-Einfluss auf die Proteinbiosynthese	108
2.12	Die Rolle von Proteinen bei der Merkmalsausbildung	110
2.13	Genwirkketten und deren Unterbrechung	112
2.14	Genregulation bei Eukaryoten	114
2.15	Epigenetische Genregulation	116
2.16	eA RNA-Interferenz und Histonmodifikationen	118
2.17	Bedeutung der Genregulation	120
2.18	Stammzellen - medizinische Hoffnungsträger	122
2.19	BEWERTUNGSKOMPETENZ: Entscheidungen treffen und reflektieren	124
■	Die Proteinbiosynthese - kompakt	126
■	eA Einflüsse auf die Proteinbiosynthese - kompakt	128
■	Merkmalsausprägung und Genregulation - kompakt	130
■	Epigenetische Genregulation - kompakt	132
■	Zum Üben und Weiterdenken	134
■	Ziel erreicht?	136
■	Abi-Training	138

3

Vervielfältigung, Neukombination und Veränderung genetischer Information

140



■	Startklar?	142
3.1	DNA-Replikation	144
3.2	PCR und DNA-Reparatur	146
3.3	Der Zellzyklus	148
3.4	Die mitotische Zellteilung	150
3.5	KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Erklärvideos beurteilen und erstellen	152
3.6	eA Kontrolle des Zellzyklus und Tumorbildung	154
3.7	Die meiotische Zellteilung	156
3.8	Genetische Neukombination und Biodiversität	158
3.9	Bedeutung der Neukombination für die Evolution	160
3.10	FACHMETHODE: Karyogramme auswerten	162
3.11	Ursachen und Folgen von Genommutationen	164
3.12	Leben mit Trisomie 21	166
3.13	EXKURS: ROBERTSON-Translokation 21/14	167
3.14	eA Gonosomale Genommutationen	168
3.15	eA Polyploidie bei Pflanzen	170
3.16	Ursachen und Auswirkungen von Genmutationen	172
3.17	FACHMETHODE: Sequenzen analysieren	174
3.18	Bedeutung von Genmutationen	176
3.19	Somatische Mutationen und Keimbahnmutationen	178
3.20	Künstliche Veränderung von Erbanlagen	180
3.21	eA Die konkrete Technik der CRISPR/Cas-Methode	182
3.22	Gentechnik in der Tierzucht	184
3.23	Gentechnik in der Pflanzenzucht	186
3.24	Gentechnik in der Lebensmittelproduktion	188
3.25	Gentechnik in der Medikamenten-Herstellung	190
3.26	Gentherapie und gentherapeutische Verfahren	192
3.27	BEWERTUNGSKOMPETENZ: Naturalistische Fehlschlüsse erkennen	194
■	Vervielfältigung genetischer Information – kompakt	196
■	Neukombination genetischer Information – kompakt	198
■	Tumorbildung und Genommutationen – kompakt	200
■	Genmutationen – kompakt	202
■	Künstliche Veränderung von Erbanlagen – kompakt	204
■	Zum Üben und Weiterdenken	206
■	Ziel erreicht?	208
■	Abi-Training	210

4

Weitergabe genetischer Information und Genetik von Erkrankungen

212



■	Startklar?	214
4.1	Monohybrider Erbgang	216
4.2	eA Auswertung von Kreuzungsexperimenten	218
4.3	Dihybrider Erbgang und unvollständige Dominanz	220
4.4	FACHMETHODE: Die MENDELS chen Regeln anwenden	222
4.5	Vererbung des AB0- und des Rhesus-Systems	224
4.6	eA Genkopplung und Genaustausch	226
4.7	eA Epigenetische Vererbung und genomische Prägung	228
4.8	Entwicklung naturwissenschaftlichen Wissens	230
4.9	EXKURS: Nicht- MENDELS che Vererbung	232
4.10	Erbgänge beim Menschen I	234
4.11	Erbgänge beim Menschen II	236
4.12	FACHMETHODE: Stammbäume analysieren	238
4.13	Genetische Familienberatung	240
4.14	Pränataldiagnostik	242
4.15	Ethische Aspekte	244
4.16	Gelelektrophorese und DNA-Sequenzierung	246
4.17	DNA-Analytik beim Menschen	248
4.18	Ethische Gesichtspunkte der DNA-Analytik	250
4.19	EXKURS: Symptomatik genetisch bedingter Erkrankungen	252
■	Mendelsche Regeln und Genexpression – kompakt	254
■	Epigenetische Regulation und Erbgänge – kompakt	256
■	Analytische Methoden und Familienberatung – kompakt	258
■	Zum Üben und Weiterdenken	260
■	Ziel erreicht?	262
■	Abi-Training	264

5

Evolution – Forschung und Mechanismen

266



■	Startklar?	268
5.1	Molekularbiologische Vergleiche	270
5.2	Einteilung der Lebewesen	272
5.3	Verschiedene Stammbäume	274
5.4	Erstellen eines Stammbaums	276
5.5	Verwandtschaft und Stammbäume	278
5.6	ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Vergleichen, Ordnen, Systematisieren und Bestimmen	280
5.7	eA Ursprung und Fossilgeschichte des Menschen	282
5.8	eA Verbreitung des modernen Menschen	284
5.9	DARWIN und LAMARCK	286
5.10	Die synthetische Evolutionstheorie	288
5.11	ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Möglichkeiten der Erkenntnisgewinnung reflektieren	290
5.12	KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Nicht-wissenschaftliche Erklärungen erkennen	292
5.13	Veränderung von Merkmalen	294
5.14	EXKURS: Die ökologische Nische	296
5.15	Koevolution	298
5.16	Artbildung und Isolationsmechanismen	300
5.17	EXKURS: Adaptive Radiation	302
5.18	Problematik des Artbegriffs	304
5.19	eA Evolutionsmechanismen bei Primaten	306
5.20	eA Selektionsvorteile durch Informationsweitergabe	308
5.21	eA Kulturelle Evolution und weltweite Verbreitung	310
5.22	eA Aktive Anpassung der Umwelt durch den Menschen	312
5.23	eA Eingriffe in natürliche Evolutionsprozesse	314
■	Homologie und Stammbaum – kompakt	316
■	Evolutionsmechanismen und Artbildung – kompakt	318
■	eA Evolution des Menschen – kompakt	320
■	Zum Üben und Weiterdenken	322
■	Ziel erreicht?	324
■	Abi-Training	326

6

Verhaltensökologie

328



■	Startklar?	330
6.1	Adaptiver Wert von Verhalten	332
6.2	Kosten-Nutzen-Analyse und Optimalitätsmodell	334
6.3	ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Methoden der Verhaltensökologie anwenden	336
6.4	Überleben des Individuums	338
6.5	Kooperatives Verhalten	340
6.6	Altruistisches Verhalten	342
6.7	eA Verhaltensweisen zur Kommunikation	344
6.8	eA Signalfälschung bei der Kommunikation	346
6.9	Intensitätsstufen aggressiven Verhaltens	348
6.10	Aggressionskontrolle	350
6.11	Elternaufwand und Paarungssysteme	352
6.12	Partnerwahl im Tierreich	354
6.13	eA Partnerwahl und direkte Fitness	356
6.14	eA Sozialverhalten von Primaten	358
6.15	eA Fortpflanzungsverhalten bei Primaten	360
6.16	eA Kommunikation unter Primaten	362
6.17	eA Kooperation als Grundlage des Sozialverhaltens	364
6.18	eA Aggression – wir und die anderen	366
■	Verhaltensökologie – kompakt	368
■	Sozialverhalten – kompakt	370
■	Zum Üben und Weiterdenken	372
■	Ziel erreicht?	374
■	Abi-Training	376

7

Neuronale Informationsverarbeitung

378



■	Startklar?	380
7.1	Der Bau von Nervenzellen	382
7.2	Die Biomembran	384
7.3	Transportvorgänge an der Biomembran	386
7.4	Das Ruhepotential	388
7.5	Das Aktionspotential	390
7.6	Refraktärphase und Signalcodierung	392
7.7	Erregungsleitung im Axon	394
7.8	Erregungsübertragung an einer chemischen Synapse	396
7.9	Stoffliche Beeinflussung der Synapse	398
7.10	Medikamente und Suchtmittel beeinflussen Synapsen	400
7.11	Depression: eine psychische oder neuronale Störung?	402
7.12	Leben mit Depression	404
7.13	KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Künstliche Intelligenz sinnvoll einsetzen	406
7.14	eA Die Bedeutung hemmender Synapsen	408
7.15	eA Räumliche und zeitliche Verrechnung	410
7.16	eA Struktur und Funktion von Sinneszellen	412
7.17	eA Optische sinnesphysiologische Phänomene	414
7.18	eA Lernen: funktionelle und strukturelle Plastizität	416
7.19	eA Neurophysiologische Verfahren: EKG und ENG	418
7.20	eA Erkrankungen des Nervensystems	420
7.21	eA Verschränkung von Nerven- und Hormonsystem	422
7.22	eA Hormonregulation – Stressreaktionen	424
7.23	eA Wenn aus Stress Krankheit wird	426
■	Nervenzelle und Vorgänge am Axon – kompakt	428
■	Erregungsleitung und Signalübertragung – kompakt	430
■	eA Summation und Reizumwandlung – kompakt	432
■	eA Lernen, neuronale Erkrankungen, Stress – kompakt	434
■	Zum Üben und Weiterdenken	436
■	Ziel erreicht?	438
■	Abi-Training	440

8

Aufbau und Umbau energiereicher Stoffe

442



■	Startklar?	444
8.1	Die Fotosynthese als Assimilationsprozess	446
8.2	Fotosynthesefarbstoffe	448
8.3	Abhängigkeit der Fotosyntheserate vom Licht	450
8.4	Abhängigkeit von weiteren abiotischen Faktoren	452
8.5	Faktoren zur Steigerung der Fotosyntheseleistung	454
8.6	Angepasstheiten der Blattstrukturen	456
8.7	Erforschung des Fotosyntheseprozesses	458
8.8	Energetische Betrachtung der Primärreaktionen	460
8.9	Die chemiosmotische Theorie	462
8.10	Die Sekundärreaktionen der Fotosynthese	464
8.11	ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Die Fotosynthese digital erfassen	466
8.12	ERKENNTNISGEWINNUNGSKOMPETENZ: Blätter mikroskopieren	467
8.13	Transpiration und Verdunstungsschutz	468
8.14	eA Besonderheiten der C4-Pflanzen	470
8.15	eA Vergleich von C3- und C4-Pflanzen	472
8.16	Bedeutung des Fotosyntheseprodukts Glucose	474
8.17	eA Funktionen sekundärer Pflanzenstoffe	476
8.18	Nachwachsende Rohstoffe	478
■	Fotosyntheserate und Außenfaktoren – kompakt	480
■	Vorgänge im Chloroplasten – kompakt	482
■	Angepasstheiten an die Fotosynthese – kompakt	484
■	Zum Üben und Weiterdenken	486
■	Ziel erreicht?	488
■	Abi-Training	490

9

Umbau von Stoffen und Dissimilation

492



■	Startklar?	494
9.1	eA Einflüsse auf die Enzymaktivität	496
9.2	Hemmung der Enzymaktivität	498
9.3	Bedarfsgerechte Regulation des Stoffwechsels	500
9.4	Gärungen als Redoxreaktionen	502
9.5	eA Experimente zur Gärung	504
9.6	Das Mitochondrium als Ort der Zellatmung	505
9.7	Aerober Abbau von Glucose – Teil 1	506
9.8	Aerober Abbau von Glucose – Teil 2	508
9.9	Vergleich von Fotosynthese und Zellatmung	510
9.10	EXKURS: Künstliche Fotosynthese	512
9.11	EXKURS: Verwertung pflanzlicher und tierischer Abfallstoffe	513
9.12	Stoff- und Energiebilanz der Glucose-Abbauwege	514
9.13	eA Flexible Anpassung von Stoffwechselwegen	516
9.14	eA Fette und deren Abbau	518
■	Enzyme regulieren Stoffwechselprozesse – kompakt	520
■	Abbau von Glucose – kompakt	522
■	Vergleich von Stoffwechselprozessen – kompakt	524
■	Zum Üben und Weiterdenken	526
■	Ziel erreicht?	528
■	Abi-Training	530

10

Ökologie und Biodiversität

532

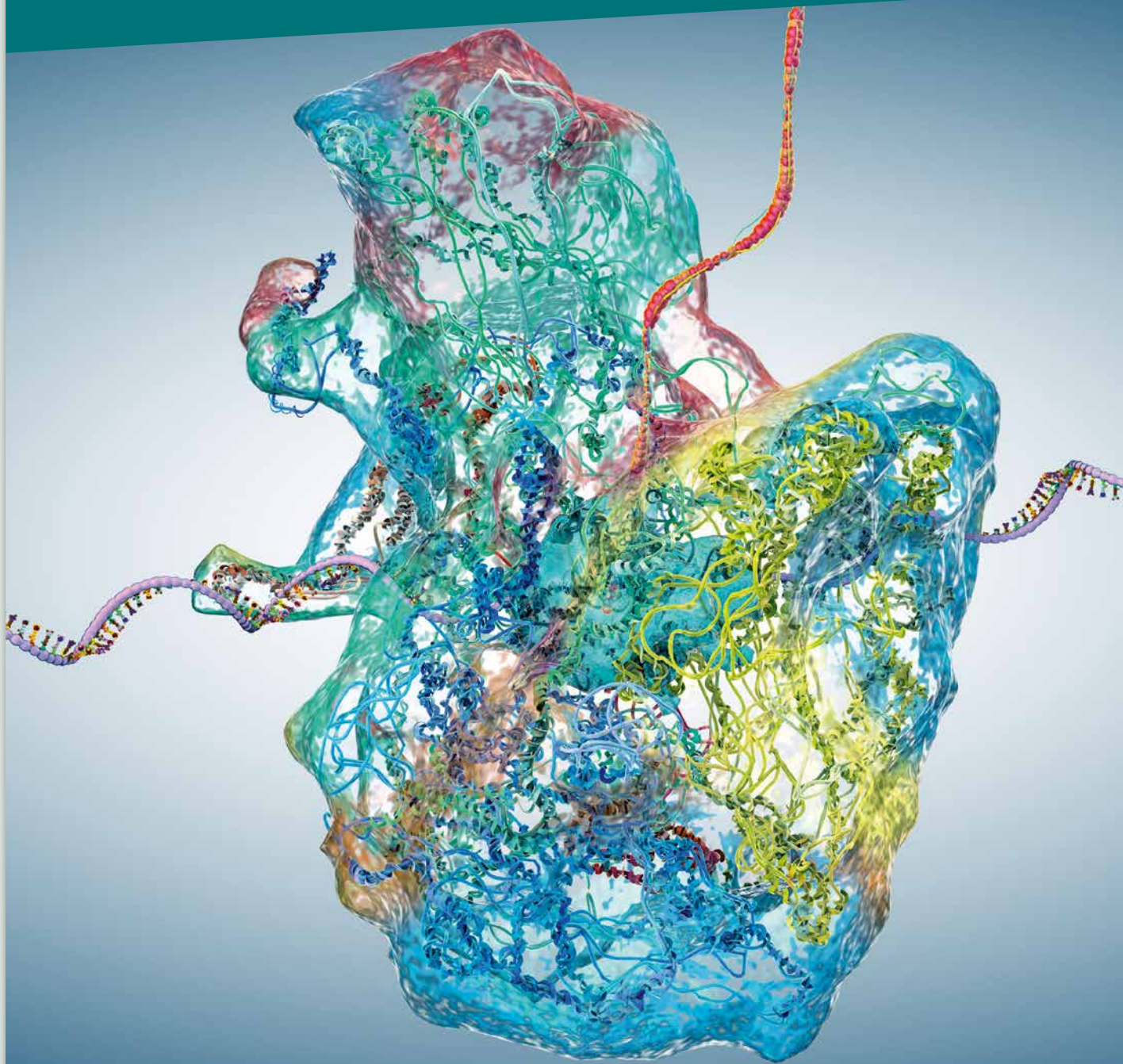


■	Startklar?	534
10.1	Abiotische Faktoren von Biotopen	536
10.2	Nahrungsbeziehungen in der Biozönose	538
10.3	Qualitative Erfassung der Arten einer Biozönose	540
10.4	eA Quantitative Untersuchungen im Ökosystem Wald	542
10.5	Energiefluss und Stoffkreisläufe in Ökosystemen	544
10.6	Einfluss abiotischer Faktoren auf Individuen	546
10.7	Einfluss biotischer Faktoren auf Individuen	548
10.8	Konkurrenzvermeidung durch ökologische Nischen	550
10.9	eA Fortpflanzungsstrategien	552
10.10	Entwicklung einer Population	554
10.11	Dynamik des biologischen Gleichgewichts	556
10.12	Neobiota stören das biologische Gleichgewicht	558
10.13	eA Methoden der Populationsabschätzung I	560
10.14	eA Methoden der Populationsabschätzung II	562
10.15	Die Populationsentwicklung des Menschen	564
10.16	Das Konzept der Ökosystemleistungen	566
10.17	Ökonomische Kosten menschlicher Einflüsse	568
10.18	Monetarisierung von Ökosystemen	570
10.19	Ökosystemmanagement	572
10.20	Anthropozentrische Bewertung der Natur	574
10.21	EXKURS: Jagd im Ökosystem Wald	576
10.22	eA Der ökologische Fußabdruck	578
10.23	eA Wechselwirkungen zwischen Biomen	580
10.24	eA Biodiversität bei Veränderungen in Ökosystemen	582
10.25	eA Anthropogene Einflüsse: Mikroplastik und Neobiota	584
10.26	eA Anthropogene Einflüsse: hormonartige Substanzen	586
10.27	Folgen des anthropogen bedingten Klimawandels	588
10.28	Zusammenwirken unterschiedlicher Disziplinen	590
10.29	Bewertung verschiedener Handlungsoptionen	592
10.30	Eine nachhaltige Lebensweise	594
■	Charakterisierung eines Ökosystems – kompakt	596
■	Einflüsse auf die Biozönose – kompakt	598
■	Biologisches Gleichgewicht und Einflüsse – kompakt	600
■	Ökosystemmanagement – kompakt	602
■	Zum Üben und Weiterdenken	604
■	Ziel erreicht?	606
■	Abi-Training	608

Vorbereitung auf die Abiturprüfung	610
KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Aufgaben schriftlich bearbeiten	610
KOMMUNIKATIONSKOMPETENZ: Das Kolloquium meistern	612
Abi-Training I	614
Abi-Training II	618
Abi-Training III	622
 Anhang	 626
Glossar	626
Stichwortverzeichnis	644
Bildnachweis	651
Text- und Quellennachweis	654
Sicherheit im Labor	656
Studien- und Berufsfelder der Biologie	

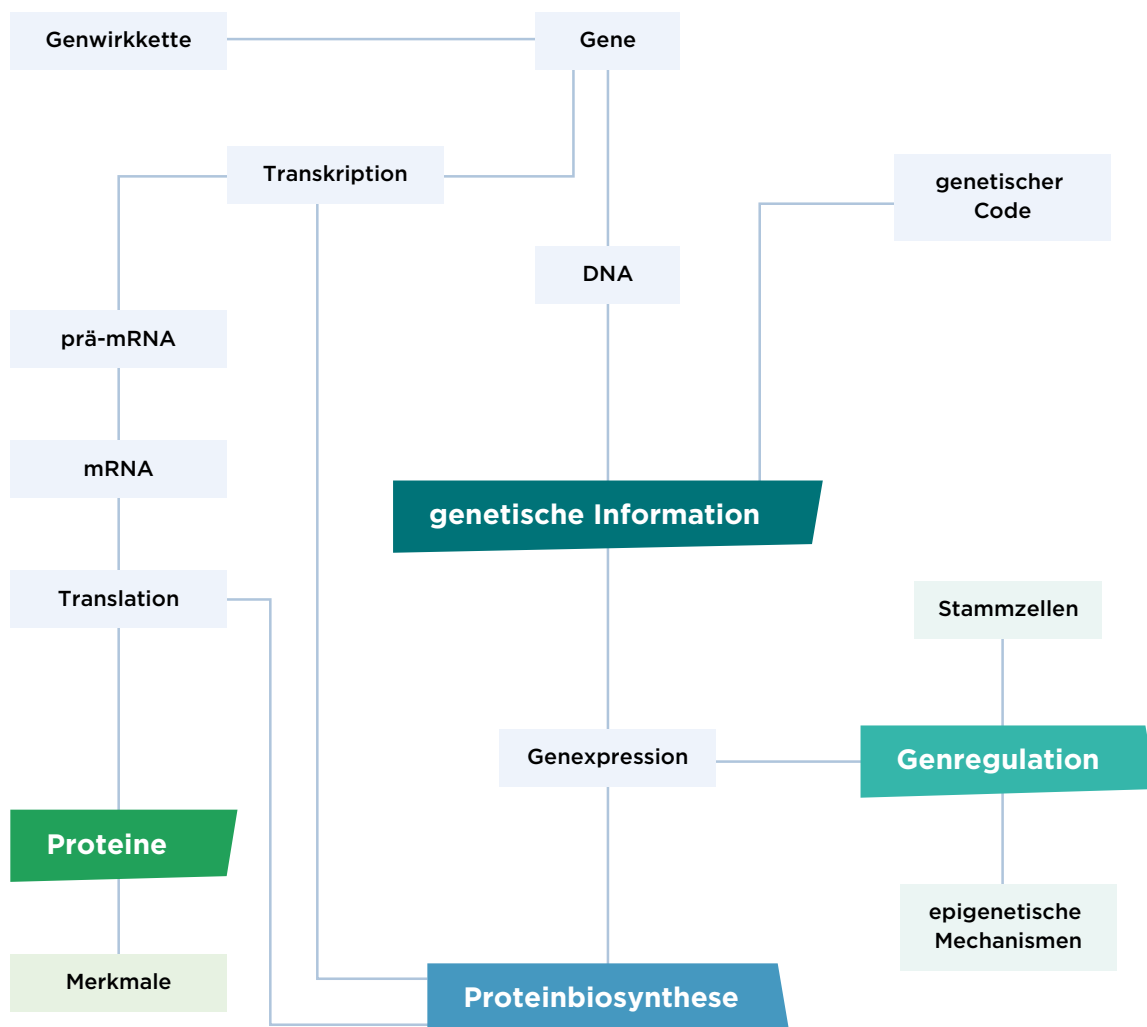
2

Speicherung, Realisierung und Regulation genetischer Information





Arbeitsblatt
→ QR 03302-028



Startklar?

1. Selbsteinschätzung

Wie hoch ist Ihre Kompetenz in den Bereichen A bis F? Schätzen Sie sich selbst ein und kreuzen Sie auf dem Arbeitsblatt (➔ **QR 03302-029**) in der Auswertungstabelle unten die entsprechenden Kästchen an.

2. Überprüfung

Bearbeiten Sie die untenstehenden Aufgaben. Vergleichen Sie Ihre Antworten mit den Lösungen (➔ **QR 03302-005**) und kreisen Sie die erreichte Punktzahl in Ihrer Auswertungstabelle ein. Vergleichen Sie mit Ihrer Selbsteinschätzung. Unter ➔ **QR 03302-030** finden Sie außerdem eine digitale Lernanwendung zur Überprüfung der geforderten Kompetenzen.



03302-029



03302-005

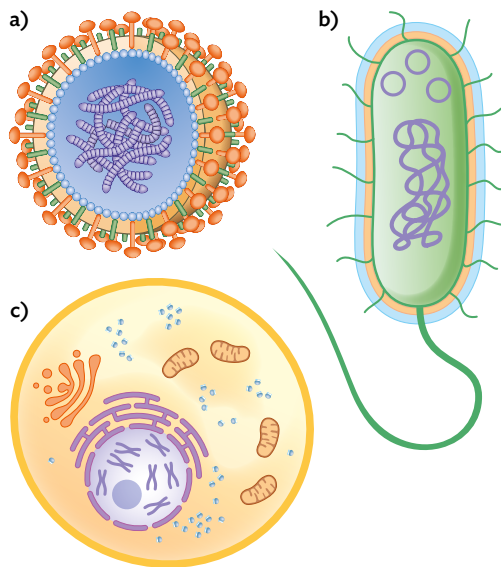


03302-030

Kompetenzen

Kompetenz A

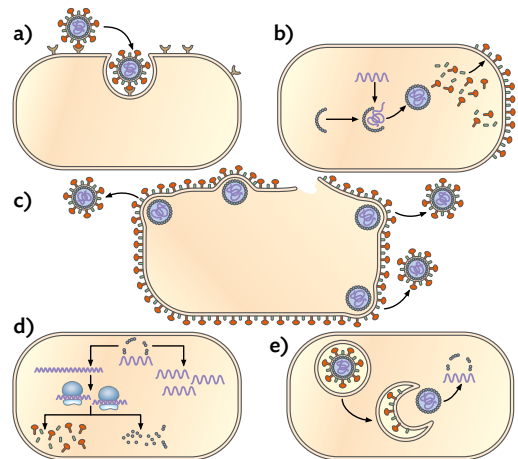
- 9 BE** **A1** Die folgenden Abbildungen zeigen ein Virus (**A1a**), eine prokaryotische (**A1b**) und eine eukaryotische Zelle (**A1c**). Vergleichen Sie das Virus und die Zellen tabellarisch miteinander. Verwenden Sie folgende Kriterien: Größe, Vermehrung, Antibiotikum-Wirksamkeit sowie drei weitere selbstgewählte Kriterien.



zu A1

Kompetenz B

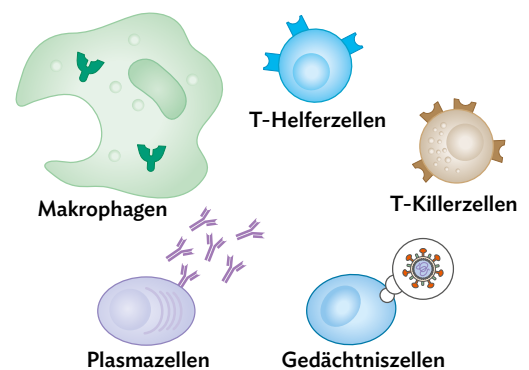
- 6 BE** **B1** Bringen Sie die Bilder a) bis e) zum Vermehrungszyklus eines Virus in die richtige Reihenfolge und beschreiben Sie die Vorgänge jeweils kurz.
- 3 BE** **B2** In der Wissenschaft werden Viren nicht als Lebewesen bezeichnet, sondern als „dem Leben nahe stehend“. Begründen Sie diese Formulierung.



zu B1

Kompetenz C

- 7 BE** **C1** Die spezifische Immunantwort des Menschen besteht aus dem humoralen und zellvermittelten Abwehrsystem. Zu Beginn präsentiert ein Makrophage die Antigene des Erregers auf seiner Oberfläche, um die Immunzellen zu informieren.



zu C1

Stellen Sie das Zusammenspiel der Immunzellen (C1) getrennt nach humoraler und zellvermittelter Immunantwort in einem Schema dar.

Kompetenz D

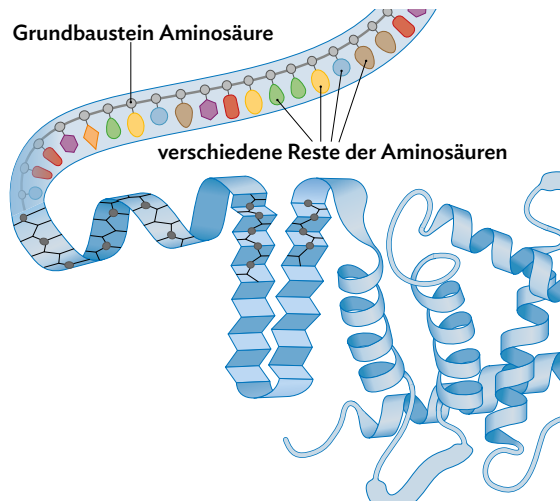
- 8 BE **D1** Die Biochemiker JAMES D. WATSON und FRANCIS CRICK veröffentlichten 1953 ihr Doppelhelix-Modell zum Bau der DNA: Die Grundbausteine der DNA sind die Nukleotide, die miteinander zu einem langen DNA-Einzelstrang verknüpft sind. Jedes Nukleotid besteht aus dem Zucker Desoxyribose, an dem eine Phosphat-Gruppe und eine von vier Basen gebunden sind. Die vier Basen bilden zwischen zwei DNA-Einzelsträngen komplementäre Basenpaarungen aus: Es werden immer Adenin (A) und Thymin (T) bzw. Cytosin (C) und Guanin (G) über Wasserstoffbrücken zusammengehalten. Der DNA-Doppelstrang ist regelmäßig um die eigene Achse gewunden. Skizzieren Sie einen vier Basenpaare umfassenden Abschnitt der DNA und beschriften Sie diesen.

Kompetenz E

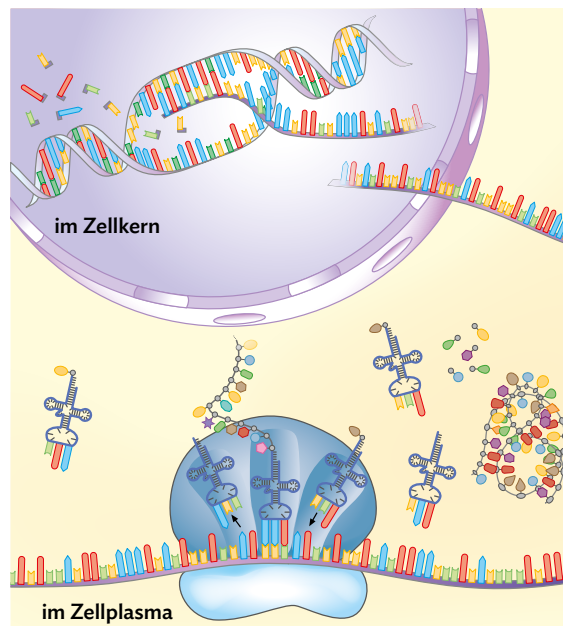
- E1 Proteine spielen eine wichtige Rolle in Organismen.
- 7 BE a) Beschreiben Sie anhand der Abbildung den Aufbau eines Proteins und erklären Sie den Zusammenhang zwischen räumlicher Struktur und Funktion.
- 6 BE b) Nennen Sie sechs Beispiele von Proteinen bzw. Gruppen von Proteinen im menschlichen Organismus mit ihren zugehörigen Aufgaben.
- 3 BE c) Leiten Sie anhand der grundsätzlichen Bauweise von DNA und Proteinen eine Möglichkeit der Codierung des Bauplans eines Proteins auf der DNA ab.

Kompetenz F

- 8 BE **F1** Beschreiben Sie anhand der Abbildung die wesentlichen Vorgänge der Proteinbiosynthese in einem Fließschema.



zu E1a



zu F1

Auswertung

Ich kann ...	prima	ganz gut	mit Hilfe	siehe Seite
A ein Virus, eine pro- und eine eukaryotische Zelle voneinander unterscheiden.	9-8	7-4	3-2	44 f.
B den Entwicklungszyklus eines Virus skizzieren.	9-8	7-4	3-2	60 f.
C die grundsätzlichen Vorgänge des menschlichen Immunsystems beschreiben.	7-6	5-3	2-1	62-65
D den Bau der DNA beschreiben.	8-7	6-4	3-2	27
E den Bau von Proteinen beschreiben.	16-13	12-8	7-4	17
F die Abläufe der Proteinbiosynthese im Überblick beschreiben.	8-7	6-4	3-2	17

2.1 Der Bau verschiedener Nukleinsäuren



In den 1930er Jahren waren bereits alle Grundbausteine der DNA bekannt. In den folgenden Jahren wurden viele Experimente zur Aufklärung der DNA-Struktur durchgeführt. Aber erst über 20 Jahre später führte, basierend auf der Röntgenstrukturanalyse von ROSALIND FRANKLIN, die kreative Idee von JAMES WATSON und FRANCIS CRICK 1953 zu einem realitätsnahen Modell der DNA.

→ Welche besondere Struktur weist die DNA auf?

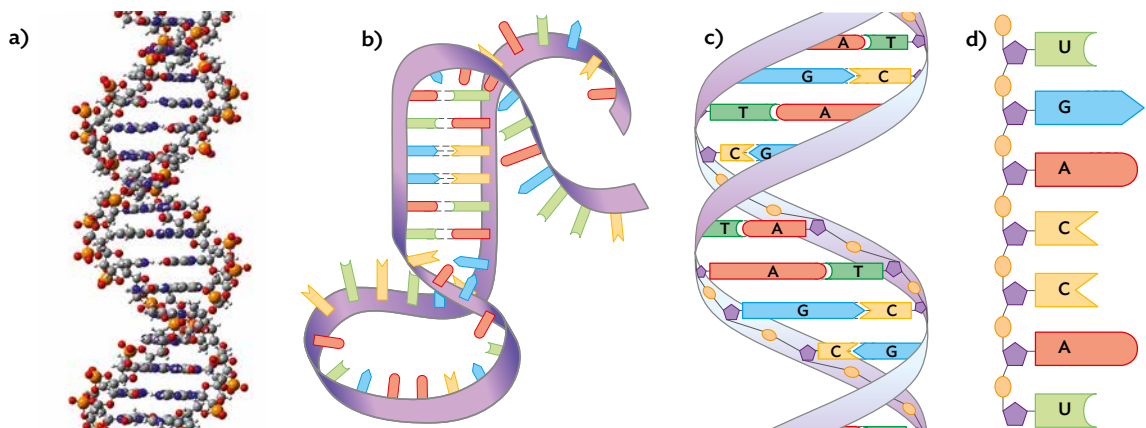
Lernweg

- 1 Zur Darstellung der Nukleinsäuren (**B1** in **M1**) gibt es viele verschiedene Modelle.
 - a) Ordnen Sie jedes Modell entweder der DNA oder der RNA begründet zu.
 - b) Vergleichen Sie die verschiedenen Modelldarstellungen und ihre jeweilige Zielsetzung.
- 2 Im Bau der DNA und der RNA bestehen Gemeinsamkeiten, aber auch Unterschiede (**M2**).
 - a) Charakterisieren Sie den molekularen Bau der DNA mithilfe von **B2b** möglichst genau. Übertragen Sie dazu **B2b** in Form einer einfachen, selbst entwickelten Modelldarstellung in Ihre Unterlagen und beschriften Sie die folgenden Strukturen: Desoxyribose (Zucker), Phosphat-Rest, organische Base, Wasserstoffbrücken, komplementäre Basenpaarung, antiparallele Anordnung der Stränge, 3'-Ende, 5'-Ende.
 - b) Vergleichen Sie den molekularen Bau der RNA und der DNA in Tabellenform.
 - c) Bereiten Sie einen Kurzvortrag zur Charakterisierung der RNA- und DNA-Struktur vor. Ihre Zielgruppe sollen interessierte Erwachsene mit Vorkenntnissen in Biologie aus den gängigen Medien sein. Nutzen Sie ein passendes Modell zur Veranschaulichung.
 - d) Bauen Sie jeweils ein Modell eines kurzen RNA- und DNA-Abschnitts unter Verwendung derselben Symbolik und auf dem gleichen Abstraktionsniveau. Mögliche Materialien: Schnur, Draht, Büroklammern, Wäscheklammern oder Ähnliches. Übernehmen Sie jeweils ein Foto des Modells in Ihre Unterlagen.
 - e) Stellen Sie mithilfe Ihres Wissens über die Proteinbiosynthese Vermutungen über die Notwendigkeit des unterschiedlichen molekularen Baus von DNA und mRNA auf.
- 3 Führen Sie den Versuch zur Isolierung von DNA aus Mundschleimhautzellen (**V3**) nach Anleitung (→ **QR 03012-007**) durch und erstellen Sie dazu ein vollständiges Protokoll. Recherchieren Sie anschließend, wie man beweisen könnte, dass es sich bei dem isolierten Produkt tatsächlich um DNA handelt.



03012-007

M1 Nukleinsäure-Modelle

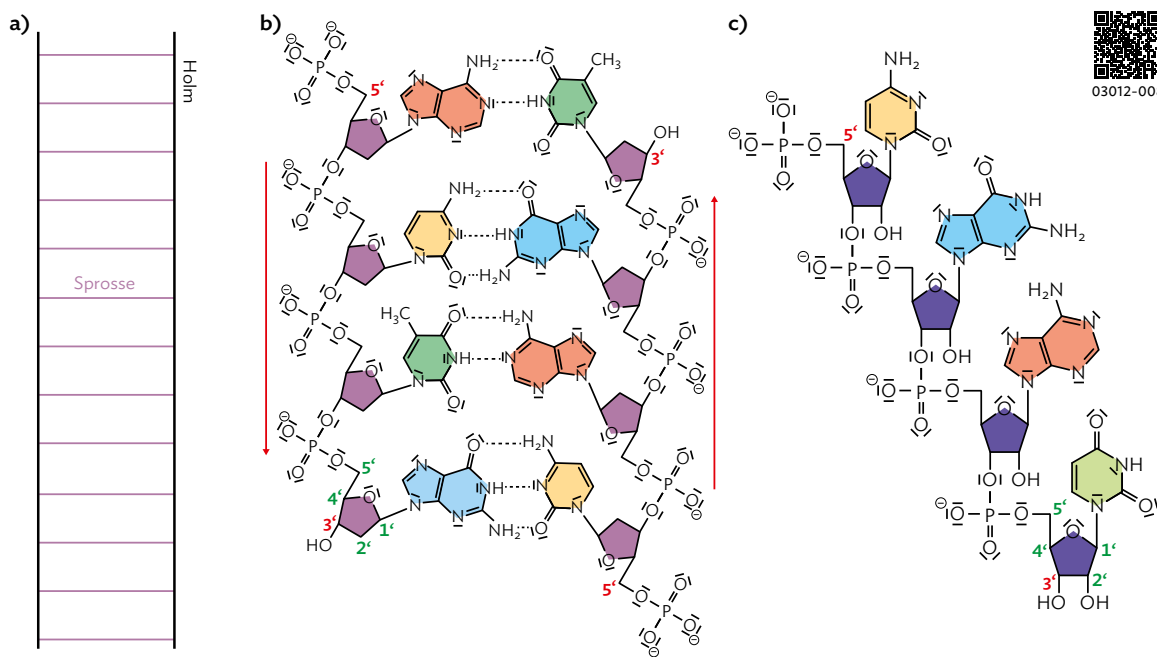


B1 Verschiedene Modelldarstellungen von Nukleinsäuren

M2 Molekularer Bau der Nukleinsäuren

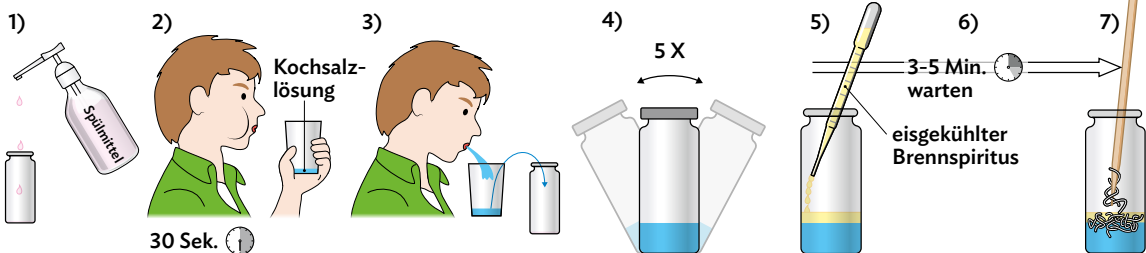
Die DNA-Einzelstränge enthalten Gene. Ein **Gen** ist ein DNA-Abschnitt, der die Grundinformationen zur Herstellung einer biologisch aktiven Ribonukleinsäure (RNA) enthält. Ein DNA-Doppelstrang (**B2b**) besteht aus zwei DNA-Molekülen. Aufgrund der Bindungswinkel innerhalb eines Moleküls sind diese in einer **Doppelhelix-Struktur** schraubenförmig umeinander gewunden. Der molekulare Bau der DNA kann mit dem einer Strickleiter (**B2a**) verglichen werden. Das Rückgrat eines Strangs ($\triangleq$ Holm einer Strickleiter) besteht jeweils aus miteinander verknüpften **Desoxyribose-Molekülen** (Zucker-Molekülen) und **Phosphat-Resten**, die im Wechsel angeordnet sind. Die C-Atome der Zuckerringe werden von 1' („eins Strich“) bis 5' durchnummeriert. Am C-1'-Atom des Zuckers ist jeweils eine der vier DNA-Basen **Adenin**, **Thymin**, **Guanin** und **Cytosin** verknüpft. Die Verbindungseinheiten aus Desoxy-

ribose-, Base- und Phosphat-Rest bezeichnet man als **Nukleotide**. Der Zusammenhalt beider DNA-Stränge erfolgt über **Wasserstoffbrücken** zwischen den Basen ($\triangleq$ waagrechte Sprossen einer Strickleiter). Dabei bilden sich zwischen den jeweils **komplementären** Basen Guanin und Cytosin drei und zwischen Adenin und Thymin nur zwei Wasserstoffbrücken aus. Damit die Basen räumlich so zueinander stehen, dass sich die Wasserstoffbrücken ausbilden können, sind die beiden gewundenen Stränge **gegenläufig** (antiparallel) angeordnet. Dies erkennt man, da das Zucker-Phosphat-Rückgrat jedes Stranges eine **Polarität** aufweist. Am sog. **5'-Ende** schließt der Strang mit einer Phosphat-Gruppe am C-5'-Atom ab und am 3'-Ende mit einer OH-Gruppe am C-3'-Atom. Die RNA (**B2c**) hingegen ist einsträngig und enthält die Base **Uracil** statt Thymin sowie den Zucker **Ribose** statt Desoxyribose.



B2 Modell einer Strickleiter (a) sowie molekularen Bau der DNA (b, Video unter [QR 03012-008](#)) und RNA (c)

V3 DNA-Isolierung



B3 Versuchsdurchführung zur Isolierung von DNA

2.2 Proteine als Genprodukte



Im menschlichen Körper findet man mehr als 100.000 verschiedene Proteine. Ob Haut, Haare, Nägel, Herz, Muskeln oder Gehirn – die meisten Bestandteile des Körpers bestehen hauptsächlich aus Proteinen. Zudem katalysieren Proteine als Enzyme praktisch alle chemischen Prozesse in der Zelle.

- Was ist der gemeinsame Bauplan von Proteinen?
- Wie können Proteine trotz gemeinsamem Bauplan so unterschiedlich sein?

Lernweg

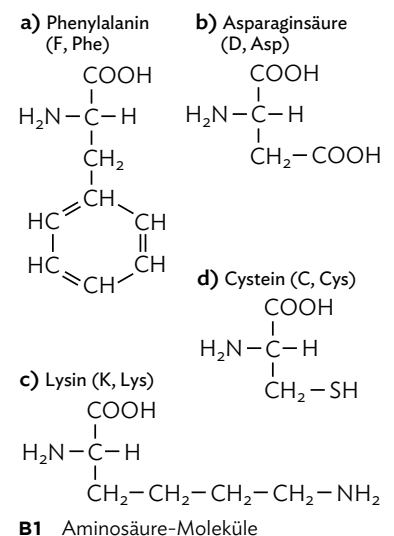
- 1 Aminosäuren sind als die Bausteine der Proteine bekannt (M1).
 - a) Übertragen Sie die Aminosäure-Moleküle aus B1 inklusive Trivialnamen und Einbuchstabencode in Ihre Unterlagen und kennzeichnen Sie jeweils die Amino- und die Carboxy-Gruppe sowie den Rest (R) in verschiedenen Farben.
 - b) Betrachten Sie die Übersicht der Aminosäuren unter  QR 03012-009. Beschreiben Sie die Einteilung der Aminosäuren anhand der chemischen Eigenschaften des jeweiligen Rests. Nennen Sie alle für den Menschen essenziellen Aminosäuren.
- 2 Aminosäure-Moleküle können durch Kondensationsreaktionen miteinander verknüpft werden (M2).
 - a) In B2 ist die Verknüpfung von Aminosäure-Molekülen symbolhaft dargestellt. Beschreiben Sie die Entstehung der Peptidbindung.
- b) Bauen Sie mit selbst gewählten Materialien ein materielles Modell (→ S. 26 f.) eines Oligopeptids. Überlegen Sie dabei, wie Sie der Tatsache Rechnung tragen, dass die Reste nicht alle gleich gebaut sind.
- 3 Die Aminosäuresequenz bestimmt die räumliche Struktur des Proteins (M2–M4).
 - a) Lesen Sie die Materialien M2 bis M4 und schauen Sie das Video an (→ QR 03012-010). Erstellen Sie mithilfe dieser Informationen eine knappe Übersicht zu den vier Strukturebenen eines Proteins.
 - b) Zeichnen Sie Ihr Modell aus Aufgabe 2b) gefaltet, wobei Wechselwirkungen und chemische Bindungen dargestellt werden sollen. Diskutieren Sie Ihre Vorschläge im Kurs.
 - c) Begründen Sie die enorme Vielfalt der Proteine durch deren strukturellen Aufbau.



03012-010

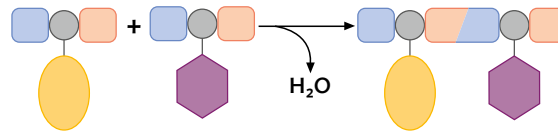
M1 Aminosäuren als Bausteine

Alle Proteine bestehen aus den gleichen Bausteinen: den Aminocarbonsäuren (kurz Aminosäuren). Im Erbgut ist die Information zum Bau der Proteine verschlüsselt. Dabei werden nur zwanzig verschiedene Aminosäuren als Bausteine verwendet. Diese zwanzig Aminosäuren werden mit Trivialnamen benannt, die üblicherweise im international einheitlichen **Einbuchstabencode**, manchmal auch im **Dreibuchstabencode**, abgekürzt sind (Übersicht → QR 03012-009). Aminosäure-Moleküle (B1) besitzen alle einen gemeinsamen Grundbauplan: An ein zentrales C-Atom sind eine **Amino-Gruppe** ($-\text{NH}_2$), eine **Carboxy-Gruppe** ($-\text{COOH}$), ein Wasserstoff-Atom sowie ein Rest gebunden. Der Rest macht den Unterschied zwischen den Molekülen verschiedener Aminosäuren aus. Die Moleküle der einfachsten Aminosäure Glycin (G, Gly) besitzen z. B. ein Wasserstoff-Atom als Rest. In Abhängigkeit von den Eigenschaften des Restes können die Aminosäuren in unpolare (B1a), polare (B1d), saure (B1b) und basische (B1c) Aminosäuren eingeteilt werden. Elf der zwanzig Aminosäuren kann ein Erwachsener in seinem Stoffwechsel bzw. über das Mikrobiom in seinem Darm selbst herstellen. Die restlichen neun müssen mit der Nahrung aufgenommen werden, man nennt sie daher **essenzielle** Aminosäuren.



M2 Die Peptidbindung und die Primärstruktur

Aminosäure-Moleküle können über eine **Peptidbindung** miteinander verknüpft werden. So entstehen beliebig lange Molekülketten, die je nach Kettenlänge als **Dipeptide** (2 Bausteine), **Oligopeptide** (bis 10 Bausteine), **Polypeptide** (11–100 Bausteine) oder **Proteine** (über 100 Bausteine) bezeichnet werden. Verschiedene Peptide bzw. Proteine unterscheiden sich sowohl in der Kettenlänge als auch in der Reihenfolge der verknüpften Aminosäuren. Diese **Aminosäuresequenz** stellt die erste Strukturebene (Primärstruktur) von Proteinen dar und wird stets vom **N-terminalen Ende** (Ende mit freier Amino-Gruppe) zum **C-terminalen Ende** (Ende mit freier Carboxy-Gruppe) angegeben. Sie ist für jedes Peptid bzw. Protein charakteris-



B2 Modelldarstellung der Bildung eines Dipeptids

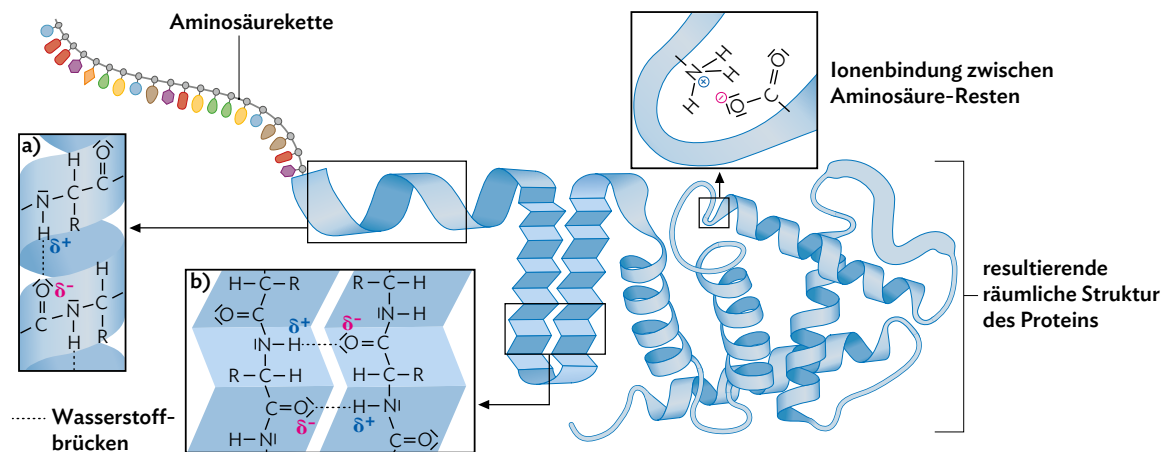
tisch. Da die zwanzig verschiedenen Aminosäure-Bausteine beliebig kombinierbar sind, kann die Anzahl der möglichen Sequenzen nach der Formel 20^n (n = Zahl der Aminosäure-Bausteine) berechnet werden. Für ein Peptid aus nur fünf Bausteinen ergeben sich damit bereits 3.200.000 verschiedene Kombinationsmöglichkeiten.

M3 Die räumliche Struktur der Proteine

Die zweite Strukturebene (Sekundärstruktur) beschreibt die **räumliche Anordnung einzelner Abschnitte** einer Peptid-Kette, die sich regelmäßig wiederholen. Zwischen der N-H-Gruppe des einen und der C=O-Gruppe einer anderen Peptidbindung bilden sich Wasserstoffbrücken aus (**B3**). Dabei können schraubige Anordnungen (**B3a**) oder gefaltete Abschnitte (**B3b**) entstehen. Zudem treten Wechselwirkungen und chemische Bindungen (z. B. Ionen-

bindungen) zwischen den verschiedenen Aminosäure-Res-ten auf, wodurch weitere **Faltungen** zustande kommen und sich schließlich eine bestimmte **räumliche Struktur** des Proteins als dritte Strukturebene (Tertiärstruktur) ergibt.

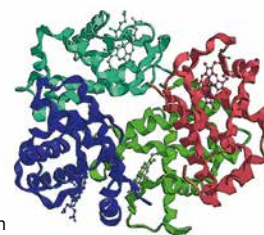
Sowohl die zweite als auch die dritte Strukturebene eines Protein-Moleküls sind bereits durch die Aminosäuresequenz (erste Strukturebene) vorgegeben.



B3 Durch Faltung der Aminosäurekette ergibt sich eine bestimmte räumliche Struktur des Proteins.

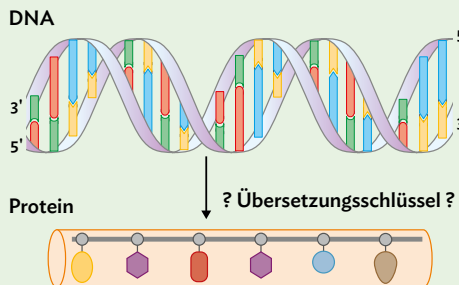
M4 Zusammengesetzte Proteine

Besteht ein Protein aus mehreren Peptid-Ketten oder weist es zusätzlich Bin-dungen zu anderen Molekülen auf, so besitzt es eine vierte Strukturebene (Quartärstruktur). Dabei werden die einzelnen Peptid-Ketten ebenfalls durch Wechselwirkungen oder chemische Bindungen zusammengehalten. Ein Beispiel für ein zusammengesetztes Protein ist der rote Blutfarbstoff Hämoglobin, der aus vier Untereinheiten (Polypeptid-Ketten) besteht (**B4**).



B4 Modell der Struktur von Hämoglobin

2.3 Der genetische Code



Die Information zum Bau von Proteinen ist im Erbgut verschlüsselt. Während die DNA aus Nukleotiden mit nur vier verschiedenen Basen aufgebaut ist, können in Proteinen zwanzig verschiedene Aminosäure-Bausteine vorkommen.

- Wie kann mit vier Basen die Information zur Verknüpfung von zwanzig verschiedenen Aminosäuren verschlüsselt werden?
- Wie konnte die Übersetzungsvorschrift (der genetische Code) entschlüsselt werden?

Lernweg

- 1** Proteine werden in der Zelle in mehreren Schritten hergestellt (**M1**).
 - a) Erstellen Sie ein Schema zum Ablauf der Realisierung der genetischen Information und veranschaulichen Sie die Schritte mit kleinen Skizzen. Verwenden Sie dazu folgende Begriffe: mRNA, Translation, DNA, Anreicherung von Eumelanin, Transkription, Transmembranprotein MC1R.
 - b) Formulieren Sie mögliche Regeln, wie die genetische Information verschlüsselt ist (z. B.: „eine DNA-Base codiert für eine Aminosäure“). Begründen Sie dann mithilfe mathematischer Überlegungen, welche Zuordnungsregel Ihrer Ansicht nach gültig ist.
- 2** Zahlreiche Experimente halfen bei der Entschlüsselung des genetischen Codes (**M2**).
 - a) Beschreiben Sie die Durchführung sowie Ergebnisse der Experimente (E1–E3) in **B2**.
 - b) Durch E2 wurde gezeigt, dass jeweils Dreiergruppen von Basen (**Basentriplets**) für eine Aminosäure stehen und nicht Vierergruppen. Begründen Sie dies.
 - c) Leiten Sie auf Grundlage der Versuchsergebnisse (**B2**) jeweils die Basentriplets der mRNA ab, die für die Aminosäuren Phenylalanin (F), Threonin (T), Histidin (H), Asparagin (N) und Glutamin (Q) codieren.
- 3** Mithilfe der Code-Sonne kann der genetische Code gelesen werden (**B3, B4**).
 - a) Beschreiben Sie **B4** und stellen Sie einen Bezug zur Code-Sonne (**B3**) her. Formulieren Sie Regeln für die Übersetzung der genetischen Information mithilfe der Code-Sonne. Verwenden Sie dabei u. a. folgende Begriffe: 5'-3'-Leserichtung, codogener Strang, Start-Codon, Stopp-Codon.
 - b) Gegeben ist folgende Basensequenz der DNA: 3'-GCTACTGTGCGTAAGGGAACCTCTGTTGTACTG-5' Leiten Sie die gebildete mRNA ab und übersetzen Sie diese in das gebildete Polypeptid.
 - c) Ein Ausschnitt aus der Aminosäuresequenz des Proteins MC1R (**M1**) lautet: -T-I-F-Y-A-L-R-Y- Ermitteln Sie schrittweise einen möglichen DNA-Abschnitt, der für diesen Proteinausschnitt codiert. Vergleichen Sie Ihre Ergebnisse im Kursverband.
 - d) „Der genetische Code ist eindeutig, kommafrei, nicht überlappend, universell und redundant.“ Erklären Sie die Bedeutung der einzelnen Adjektive im Hinblick auf den genetischen Code mithilfe von **M3**.
 - e) Der genetische Code ist für alle Lebewesen nahezu gleich (**M3**). Leiten Sie Rückschlüsse aus diesem Befund bezüglich der Entwicklung der Lebewesen auf der Erde ab.

M1 Aus Erbinformation werden Merkmale

Man fand heraus, dass zur **Umsetzung der genetischen Information in Merkmale** eines Lebewesens insgesamt zwei Schritte nötig sind: Zuerst wird im Zellkern die DNA in ein einzelsträngiges Molekül, die sogenannte messenger-RNA (mRNA, ➔ 2.1) umgeschrieben. Diesen Prozess nennt man Transkription (lat. *transcribere*: abschreiben, umschreiben, ➔ 2.4). Die mRNA stellt eine Abschrift der im Zellkern sicher aufbewahrten, wertvollen Erbinformation dar und wird aus dem Kern ausgeschleust. Im Zytoplasma (= Zellplasma) dient die mRNA im Rahmen der Translation (➔ 2.5) dann als Vorlage, um nach deren Anweisung bestimmte Proteine aufzubauen, die z. B. als Enzyme Stoffwechselreaktionen katalysieren oder Transportvorgänge steuern. Eine Variante des Transmembranproteins MC1R sorgt z. B. bei Leoparden für die Anreicherung von Eumelanin in Haarzellen, welches für eine schwarze Fellfarbe verantwortlich ist („Schwarzer Panther“, **B1**).



B1 Schwarzer Leopard

2.4 Die Transkription und RNA-Prozessierung



In vielen Staats-Bibliotheken gibt es antike Bücher. Diese wertvollen und einzigartigen Schriften können ausschließlich vor Ort eingesehen werden. Möchte man aber mit ihnen wirklich arbeiten, um sie z. B. zu übersetzen, sollte es möglich sein, eigene Notizen hinzuzufügen. Dafür benötigt man eine Kopie, die man mit nach Hause nehmen kann. Auch die DNA in unseren Zellen ist wertvoll und einzigartig!

→ Wie wird eine Abschrift der DNA angefertigt und wie muss diese gestaltet sein, um ihre Aufgabe zu erfüllen?

Lernweg

- 1 Die Transkription der DNA wird im Wesentlichen von einem einzigen Enzym bewerkstelligt.
 - a) Erstellen Sie anhand von **M1** und **B1** eine stichpunktartige Liste aller Arbeitsschritte der Polymerase II, um DNA zu transkribieren. Beginnen Sie mit der DNA-Doppelhelix und gehen Sie chronologisch vor.
 - b) Sehen Sie sich das Video zum Ablauf der Transkription an (→ **QR 03012-012**) und vergleichen Sie die Modelldarstellung mit der in **B1**.
- 2 Bei Eukaryoten wird die zunächst angefertigte prä-mRNA noch weiter bearbeitet (**M2**), bevor sie den Zellkern verlässt.



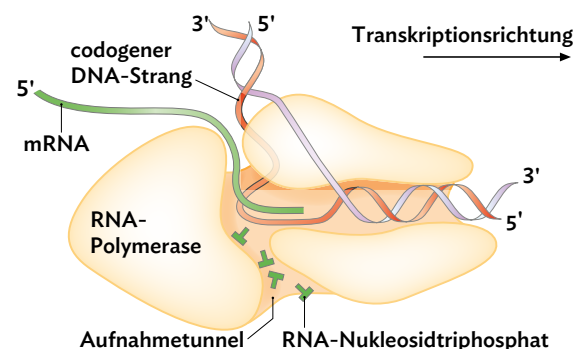
03012-012

- a) Benennen und beschreiben Sie kurz die drei Schritte, die zur Prozessierung der prä-mRNA gehören. Fertigen Sie eine vereinfachte Skizze an, die die Veränderung der prä-mRNA bis zur reifen mRNA zeigt.
 - b) Stellen Sie eine Vermutung zur Bedeutung des 5'-Capings und der 3'-Polyadenylierung auf und recherchieren Sie anschließend den Nutzen der beiden Vorgänge.
- 3 Je nach der Aufgabe einer Zelle, die sie im Organismus erfüllt, kann die DNA im Zellkern in verschiedenen Zuständen vorliegen (**M3**).
 - a) Erstellen Sie eine Lexikon-Definition für die Begriffe Heterochromatin und Euchromatin.
 - b) Stellen Sie eine begründete Vermutung über den biologischen Sinn der Kondensation der DNA auf.

M1 Die Transkription

Der erste Schritt bei der Realisierung der genetischen Information ist die Transkription, bei der von einem Abschnitt der DNA eine Abschrift in Form von mRNA erstellt wird. Die Informationen der DNA bleiben somit erhalten. Die Hauptaufgabe übernimmt dabei das Enzym RNA-Polymerase II (**B1**), das wie alle **Polymerasen** die Bildung eines Nukleotid-Stranges katalysiert. Die RNA-Polymerase II bindet an einer speziellen Erkennungsregion der DNA, die den codogenen Strang und die Leserichtung festlegt. Für die folgende Transkription entwindet die Polymerase den DNA-Doppelstrang jeweils auf einer Länge von ca. 20 Basenpaaren, sodass der **codogene DNA-Strang** der DNA in 3'→5'-Richtung abgelesen werden kann. Er dient als Vorlage für die Bildung der mRNA. Dabei werden jeweils komplementäre Bausteine angelagert und durch die Polymerase in 5'→3'-Richtung miteinander verknüpft. Die Bausteine dafür sind RNA-Nukleosidtriphosphate, bei denen der Zucker Ribose mit einer der vier Basen und einem Rest aus **drei Phosphat-Gruppen** verknüpft ist. Ein bekanntes Beispiel ist das energiereiche ATP. Die **aktivierten Nukle-**

otide liefern die nötige Energie für ihre Verknüpfung zu einem Einzelstrang. Dies wird so lange fortgeführt, bis die Polymerase die Terminator-Sequenz erreicht. Dann löst sie sich von der DNA ab und das neu gebildete, einsträngige mRNA-Molekül wird freigesetzt. Es kann den Zellkern verlassen.



B1 RNA-Polymerase II bei der Arbeit

M2 Die RNA-Prozessierung

Die durch die RNA-Polymerase II synthetisierte **prä-mRNA** muss in eukaryotischen Zellen noch verändert werden. Die Verarbeitung zur fertigen mRNA heißt **RNA-Prozessierung**. Sobald der Anfang der neu synthetisierten RNA aus etwa 25 Nukleotiden die Polymerase verlässt, wird sie chemisch verändert (= modifiziert): Sogenannte Capping-Enzyme setzen am 5'-Ende eine „Kappe“ auf, die aus einem veränderten Guaninnukleotid besteht. Durch dieses **5'-Capping** wird die mRNA geschützt. Einen weiteren Verarbeitungsschritt, die **3'-Polyadenylierung** bewerkstelligen spezielle Proteine: An dem 3'-Ende der mRNA wird eine Markierung aus ca. 200 Adeninnukleotiden (Poly-A-Schwanz) angefügt. Sie schützt die mRNA einige Zeit vor dem enzymatischen Abbau in der Zelle. In der Forschung, die sich zunächst nur mit bakteriellen Genen beschäftigt hatte, ergab sich 1977 eine überraschende Entdeckung: Eukaryotische Gene liegen, anders als die Gene von Bakterien,

auf der DNA in kleinen, voneinander getrennten Stücken codierender Sequenzen (= exprimierte Sequenzen, **Exons**) vor, zwischen denen sich längere Bereiche intervenierender Sequenzen (= **Introns**) befinden (**B2**). Da die RNA-Polymerase nicht zwischen Exons und Introns unterscheidet, besteht frisch synthetisierte mRNA (= **prä-mRNA**) aus einem Mosaik von codierenden und nicht-codierenden Bereichen (**B2**). Beim letzten Verarbeitungsschritt, dem sog. **Spleißen**, werden die Introns aus der prä-mRNA entfernt. Dabei erkennen spezialisierte, sehr kurze snRNA-Moleküle (sn von „small nuclear“) die Ränder der Introns. Unter Mithilfe von Proteinen katalysieren sie das Verbinden von zwei Exonsequenzen, indem die Intronsequenz in eine Schleife gelegt und ausgeschnitten wird. Sind alle Verarbeitungsschritte erfolgt, kann die fertige mRNA durch die Kernporen ins Zellplasma ausgeschleust werden.

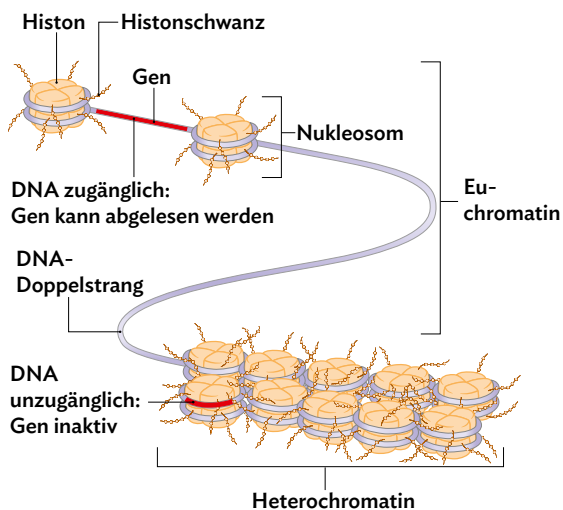


B2 Schematische Darstellung der prä-mRNA des Blutgerinnungs-Faktor-VIII-Gens beim Menschen mit 26 Exons und 27 Introns

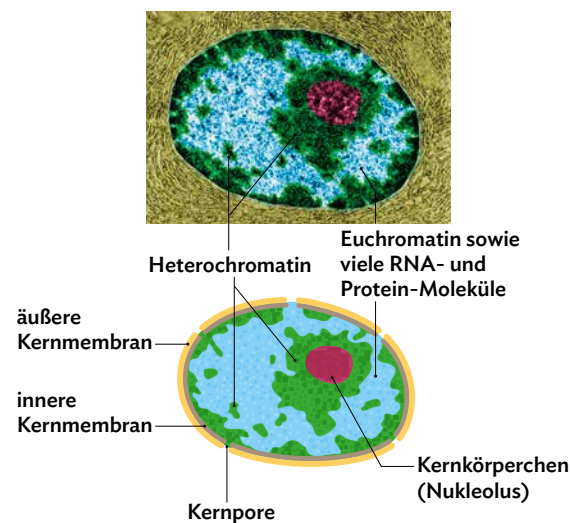
M3 Aktive und inaktive Bereiche der DNA

In eukaryotischen Zellen liegt die DNA im Zellkern vor und wird durch die Kernmembran geschützt. Der DNA-Doppelstrang ist in sog. **Nukleosomen** verpackt. Dabei sind DNA-Abschnitte zweimal um einen kugelförmigen Komplex aus acht Proteinen, den sog. **Histon**, gewunden (**B3**). Die Nukleosomen können weiterhin zu einem sog. Chromatinfaden zusammengefasst werden. Ist diese Auffaltung besonders dicht, so kann man die als **Hetero-**

chromatin bezeichneten Bereiche sehr gut anfärben und bereits im Lichtmikroskop erkennen (**B4**). Solche Bereiche sind hoch geordnet und für Enzyme wie RNA-Polymerasen kaum zugänglich. Der weniger kondensierte, d.h. weniger verdichtete Teil des Chromatins heißt **Euchromatin**. Gene in diesen Bereichen können gut abgelesen und z. B. in Proteine übersetzt werden. Euchromatin-Bereiche können in Heterochromatin umgewandelt werden und umgekehrt.



B3 Organisation der DNA in Nukleosomen



B4 Eingefärbte elektronenmikroskopische Aufnahme eines Zellkerns (oben) und Schemazeichnung (unten)

2.5 Die Translation



Die Enigma ist eine im 2. Weltkrieg von der deutschen Wehrmacht verwendete Codiermaschine, mit der geheime Informationen sicher übermittelt wurden. Die Decodiermaschine arbeitet mit mehreren Walzen, die den Stromfluss so leiten, dass ein eingetippter Buchstabe mit wechselnden Codierungen in einen anderen übersetzt wird.

→ Wie arbeitet die Maschinerie der Zelle, um die Informationen der mRNA zu decodieren?

Lernweg

- 1 Im Rahmen der Translation wird anhand der Informationen der mRNA ein Protein synthetisiert.
 - a) Erklären Sie anhand eines Vergleichs der Strukturen von mRNA und Protein wie die Decodierung der Erbinformation (M1) funktioniert.
 - b) Begründen Sie, dass in menschlichen Zellen mindestens 20 unterschiedliche tRNAs und ebenso viele verschiedene tRNA-Synthetasen vorkommen.
- 2 Die Synthese von Proteinen erfolgt mithilfe der Ribosomen (M2) in vielen einzelnen Teilschritten (M3).
 - a) Identifizieren Sie die beteiligten Strukturen und charakterisieren Sie diese kurz.
 - b) Bringen Sie B3a bis h in die korrekte Reihenfolge (Arbeitsblatt und Lernanwendung → QR 03012-013) und erstellen Sie je einen kurzen Erklärtext. Ordnen Sie die Begriffe Initiation, Elongation und Termination zu.



03012-013

- c) Erstellen Sie mithilfe einer Präsentations- oder Animationssoftware eine Computeranimation zum Ablauf der Translation in den drei Phasen und überlegen Sie sich einen prägnanten Sprechtext für jeden Einzelvorgang (Vorlage → QR 03012-014).
- d) Betrachten Sie das Video (→ QR 03012-015) und vergleichen Sie es mit Ihrer Animation nach selbstgewählten Kriterien. Überprüfen Sie Ihre Animation in diesem Zusammenhang auf korrekte bzw. vereinfachte fachliche Darstellung, Verständlichkeit der von Ihnen verfassten Texte sowie Anschaulichkeit und korrigieren Sie diese gegebenenfalls.
- e) Vergleichen Sie die Enigma-Maschine (siehe oben) mit den Gegebenheiten in der Zelle.



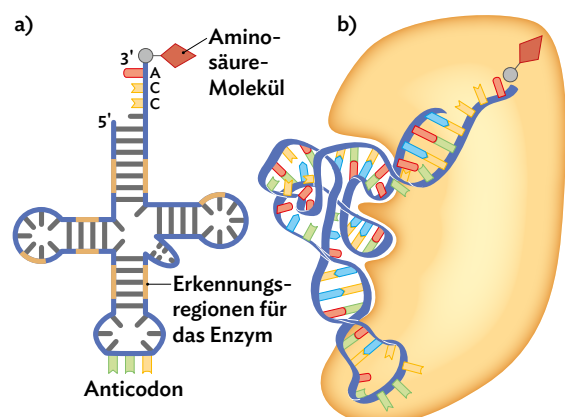
03012-014



03012-015

M1 Die Decodierer

Transfer-RNA (= tRNA) besteht aus einem RNA-Einzelstrang mit nur ca. 80 Nukleotiden, der an einigen Stellen intramolekulare Basenpaarungen eingeht, sodass bei räumlicher Darstellung eine L-Form entsteht (B1b). Die RNA-Kette beginnt am 3'-Ende mit der Nukleotidabfolge ACC. An dem endständigen Adenosin-Nukleotid kann ein **Aminosäure-Molekül** reversibel gebunden werden. Auf der gegenüberliegenden Seite der t-RNA befindet sich ein zu dieser Aminosäure passendes **Anticodon** (→ 2.3): Ein Triplet, dessen Basen nach außen zeigen und komplementär zur entsprechenden Nukleotidabfolge der mRNA angeordnet sind. Um mit einer Aminosäure beladen zu werden, muss die tRNA an eine **spezifische** tRNA-Synthetase binden. Hierzu binden die Erkennungsregionen nach dem Schlüssel-Schloss-Modell nur an eine bestimmte tRNA-Synthetase. Diese kann an ihr aktives Zentrum immer nur ein bestimmtes, zum Anticodon passendes Aminosäure-Molekül binden, wobei zwischenmolekulare Wechselwirkungen in

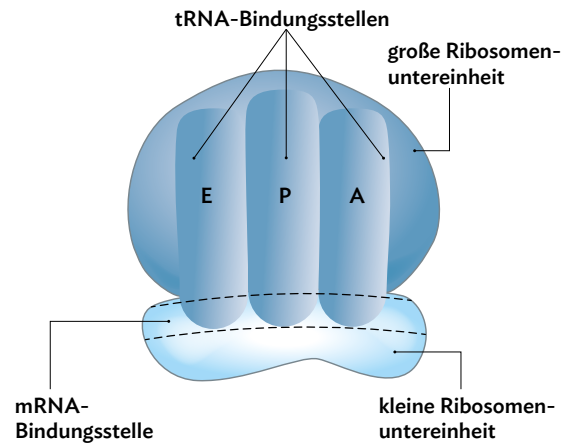


B1 Schematische Struktur der tRNA mit der Aminosäure Glutaminsäure (a) und Bindung an das Enzym (b)

einem anderen Molekülteil des Enzyms dafür sorgen, dass falsche Aminosäuren erkannt und entfernt werden.

M2 Ribosomen – „Maschinen“ für die Proteinsynthese

Ein Ribosom (**B2**) besitzt einen Durchmesser von nur 25 nm. Im Jahr 2000 wurde die Struktur bis ins Detail aufgeklärt: Insgesamt bestehen Ribosomen aus mehr als 50 verschiedenen ribosomalen Proteinen und mehreren RNA-Molekülen, den **rRNAs** (= ribosomale RNAs). Ribosomen werden im Nukleolus (**2.4, B5**), einem Teilbereich des Zellkerns, in zwei getrennten Untereinheiten hergestellt und dann ins Zellplasma exportiert. Dort treten die **große** und die **kleine Untereinheit** ausschließlich zur Proteinsynthese zum „ganzen“ Ribosom zusammen. Dabei stellt die kleine Untereinheit die „Schiene“ dar, in der das mRNA-Molekül verläuft und in der die passenden tRNA-Moleküle an die Codons der mRNA binden können. Die große Untereinheit katalysiert die Verknüpfung der Aminosäure-Moleküle über **Peptidbindungen** (**2.2**). Jedes Ribosom hat eine Bindungsstelle für die mRNA sowie drei Bindungsstellen für jeweils ein tRNA-Molekül (**M1**), die als **E-, P- und A-Stelle** bezeichnet werden.

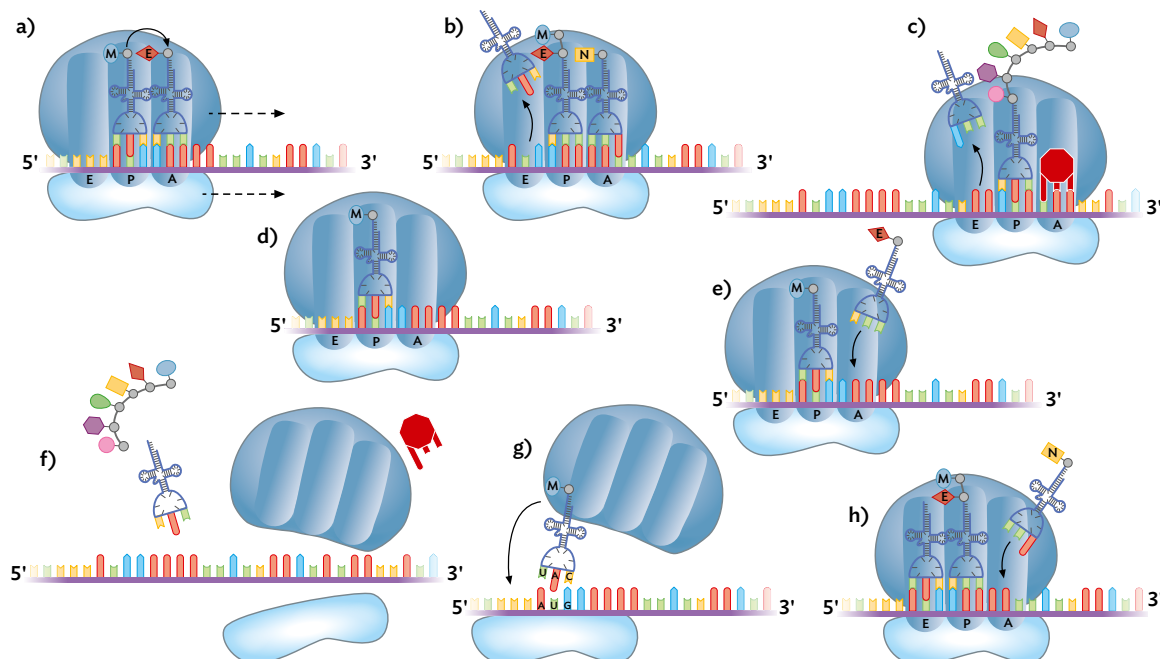


B2 Schematische Darstellung eines Ribosoms mit E-, P- und A-Stelle (E: Exit; P: Peptidyl-tRNA; A: Aminoacyl-tRNA)

M3 Der Ablauf der Translation

Bei der Translation wird die Nukleotidsequenz der mRNA mithilfe von tRNA-Molekülen (**M1**), die mit einer Aminosäure beladen sind, in eine Aminosäurekette übersetzt. Dabei treten immer komplementäre Tripletts, die Anticodons der tRNA und die Codons der mRNA, innerhalb des Ribosoms (**M2**) zusammen. Die Ribosomen dienen als Katalysatoren für die Ausbildung der Peptidbindung. Den Ablauf der Translation kann man in drei Phasen untergliedern: Die Startphase

(**Initiation**) erfolgt, wenn sich die erste, mit Methionin beladene tRNA angelagert hat, woraufhin die große Ribosomen-untereinheit an die kleine bindet. Die Kettenverlängerung (**Elongation**) dient dem Aufbau der Aminosäurekette und das Ende (**Termination**) ist durch die Bindung eines Freisetzungsfaktors anstelle einer tRNA und den Zerfall des Ribosoms gekennzeichnet. **B3** zeigt Momentaufnahmen, die in der Reihenfolge durcheinandergeraten sind.



B3 Ungeordneter Ablauf der Translation

2.6 Synthetische Bakterien und Viren

Inzwischen ist vieles über das „Wunderwerk“ Zelle bekannt: Man kennt die Strukturen der Biomoleküle, die sie aufbauen, bis auf das Atom genau und die in der DNA verschlüsselte Information kann gelesen werden. Liegt es da nicht nahe, eine Zelle selbst herzustellen? Also „einfach“ den (synthetischen) Biomolekül-Cocktail zu mischen, den eine Zelle braucht und sie so zum Leben zu erwecken? Ist das möglich?

Spontane Erzeugung von Leben?

In der Antike und im Mittelalter herrschte die Vorstellung der **Spontanzeugung** bzw. **Urzeugung** vor. Man ging davon aus, dass Lebewesen spontan aus unbelebter Materie entstehen können und dass dies auch ständig überall vorkommt. Beispielsweise nahm man an, dass Bodenlebewesen wie Insektenlarven spontan aus fauliger Erde entstehen würden. Diese Vorstellung der Spontanzeugung wurde im 18. und 19. Jahrhundert widerlegt, zumal man mithilfe immer besserer Mikroskopie zeigen konnte, dass auch Bakterien nicht spontan entstehen.

Nichtsdestotrotz lässt den Menschen bis heute die Frage nach der Entstehung von Leben nicht los: „Wie entsteht Leben aus Nicht-Leben?“, oder noch extremer: „Kann der Mensch künstlich lebendige Systeme selbst erzeugen?“. Mit dem Übergang ins 21. Jahrhundert und den Kenntnissen der molekularen Genetik und Biochemie eröffneten sich neue Möglichkeiten, Antworten auf diese Fragen zu finden. Rasante Fortschritte in der Gentechnik und die vollständige Sequenzierung vieler Genome bieten sowohl die Werkzeuge als auch die Daten, um die Erschaffung synthetischer Organismen anzugehen.

Erste synthetische Viren

Ein erster Eckpunkt wurde von einem deutsch-amerikanischen Wissenschaftlerteam um ECKARD WIMMER gesetzt, der 2002 das erste Virusgenom synthetisierte. Allerdings nicht von Grund auf durch Aneinanderhängen entsprechender Nukleotide, sondern indem er das Erbgut des Polio-Erregers (Erreger der Kinderlähmung) nutzte. Bei dem Erreger handelt es sich um ein RNA-Virus, d.h. es besitzt RNA als Erbgut. WIMMER schrieb diese RNA mithilfe des Enzyms reverse Transkriptase in cDNA (complementary DNA → 2.8) um. Die cDNA ließ er enzymatisch wieder zurück in RNA transkribieren und mischte anschließend dieses Virus-Genom *in vitro* („im Reagenzglas“) mit Virus-Proteinen. Die so entstandenen Viren wiesen dieselben Eigenschaften auf wie ihre natürlichen Vertreter. Damit war die Erschaffung künstlichen Lebens allerdings noch nicht geglückt, zumal Viren definitionsgemäß nicht zu den Lebewesen zählen.

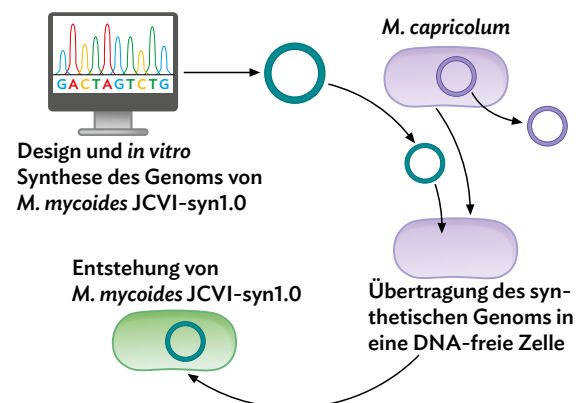
Der erste synthetische Organismus

In den Jahren 2007 bis 2010 gelang schließlich der US-amerikanischen Arbeitsgruppe um CRAIG VENTER ein Durch-

bruch, den der Wissenschaftler und Biotech-Unternehmer medienwirksam verkündete: die Herstellung des ersten synthetischen Organismus. Dabei handelte es sich um ein *Mycoplasma*-Bakterium, das sich selbstständig teilen und Stoffwechsel betreiben konnte. Es bekam den Namen *Mycoplasma mycoides* JCVI-syn1.0.

Inwiefern man bei *Mycoplasma mycoides* JCVI-syn1.0 bereits von einer synthetischen Zelle sprechen kann, wird auch in Fachkreisen heftig diskutiert: Denn das Genom wurde zwar künstlich hergestellt, ist aber zu 99 % eine Kopie des Genoms von *M. mycoides*. Außerdem funktioniert der Zusammenbau nicht ohne natürliche Lebewesen, denn das synthetische Genom wurde in eine DNA-freie Zelle einer verwandten *Mycoplasma*-Art eingebracht (B1).

VENTER hielt dagegen, dass die „Eltern“ seiner Bakterien-DNA schließlich Computer waren. Außerdem hat er künstliche genetische Elemente eingebaut, indem er seinen Namen, eine Mailadresse sowie Sinnsprüche im Genom, genauer gesagt im Einbuchstabencode der zugehörigen Aminosäuresequenz, verschlüsselt hat.

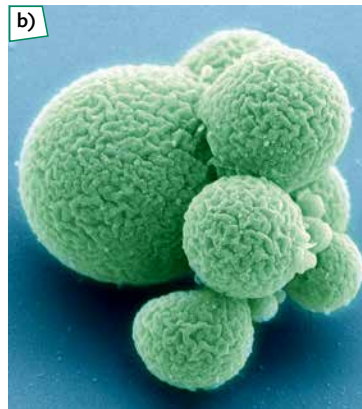
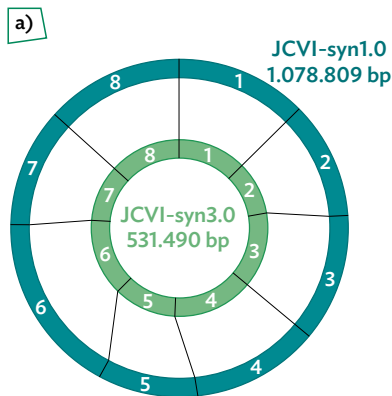


B1 Herstellung der ersten „synthetischen Zelle“

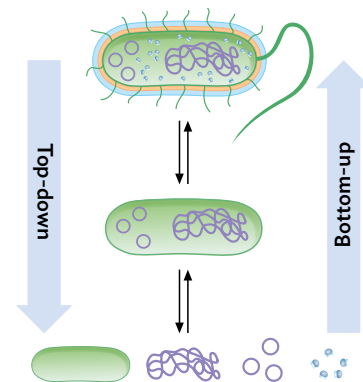
Minimalorganismen

Auch wenn mit *Mycoplasma mycoides* JCVI-syn1.0 nicht wirklich neues Leben geschaffen wurde, so könnte der Nutzen von künstlich geschaffenen Genomen dennoch enorm sein. Beispielsweise kann man durch gezieltes Entfernen oder Hinzufügen von Genen deren Funktion untersuchen. In weitergehenden Forschungen ging es dem Team um VENTER darum, einen sog. **Minimalorganismus** herzustellen, der die minimale Anzahl an Genen besitzt, um noch überlebensfähig zu sein und sich im Labor selbstständig teilen zu können. Dies gelang im Jahr 2016 mit *M. mycoides* JCVI-syn3.0. Dabei handelt es sich um ein Bakterium mit einem **Minimalgenom**, das es in der Natur nicht gibt.

Es umfasst genau 473 Gene – 57 Gene weniger als das Ursprungsbakterium (B2). Überraschenderweise ist die genaue Funktion von ca. einem Drittel dieser Gene noch



B2 a) Vergleich der Genomgröße von JCVI-syn1.0 (äußerer Kreis) und JCVI-syn3.0 (innerer Kreis) b) Zellen von JCVI-syn3.0



B3 Bottom-up- und Top-down-Ansatz zur Herstellung eines Minimalorganismus

weitgehend unklar. Im Jahr 2019 wurde von einem britischen Team das Bakterium *Escherichia coli* Syn61 künstlich gebaut, welches nur 61 statt 64 Codons nutzt. Diese und weitere Forschungen eröffneten einen neuen Fachbereich der Biologie: die synthetische Biologie.

Synthetische Biologie

Ziel der **synthetischen Biologie** ist es, künstliche biologische Systeme bzw. künstliches Leben (engl. *artificial life*, AL) zu erschaffen. Dazu vereint sie Arbeitsweisen der Gentechnologie mit denen des Ingenieurwesens. Neue Moleküle oder Organismen werden quasi *designt*, um bestimmte Eigenschaften zu erzeugen. Dazu nutzt man zwei typische Konstruktionsprinzipien aus den Ingenieurwissenschaften (**B3**): Beim sog. **Top-down-Ansatz** geht man von einem lebenden Organismus aus und versucht diesen so lange zu vereinfachen, bis man einen Minimalorganismus erhält. Im Gegensatz dazu geht man beim **Bottom-up-Ansatz** von (künstlich erzeugten) Zellbestandteilen (z. B. DNA, Proteinen) aus und versucht, daraus einen Minimalorganismus neu zusammenzubauen.

Artificial Life – Fluch oder Segen?

Ein Minimalorganismus könnte als Grundgerüst des Lebens dienen, das dann – je nach Bedarf – mit Genen für die Herstellung von Produkten wie z. B. Medikamenten, Impfstoffen, Treibstoffen oder Nahrungsergänzungsmitteln ausgestattet wird. Man könnte die Minimalzelle kompetent für den Abbau von Müll und Erdöl in den Ozeanen machen oder sie mit einem Stoffwechsel ausstatten, der völlig neue Proteine nutzt. Die Möglichkeiten, die sich daraus ergeben, wären schier grenzenlos!

Die Forschungen der synthetischen Biologie stehen zwar noch am Anfang, dennoch stellt sich bereits die Frage: „Wie weit darf der Mensch hier gehen?“ Die Bedenken vieler Kritikerinnen und Kritiker betreffen die **Biosicherheit**, also die Gefahren, die durch eine unbeabsichtigte oder gar beabsichtigte Freisetzung synthetischer Organismen entstehen. Befürworterinnen und Befürworter teilen diese Bedenken nicht, zumal Minimalorganismen unter natürli-

chen Bedingungen nicht überleben könnten und die Gefahren auch nicht größer wären als bei gentechnisch veränderten Organismen oder neuen natürlichen Mutanten. So gehen die Arbeiten weiter und die Möglichkeiten sind verlockend. Aber wo sollen bzw. müssen wir aus Achtung vor der Natur und der Menschenwürde aufhören?

Aufgaben

- 1** Eine moderne Anweisung zur Herstellung einer synthetischen Zelle könnte lauten: „Nehmen Sie ein Stück synthetische DNA, fügen Sie ein paar Fett- und Zucker-Moleküle sowie viele verschiedene Proteine in ausreichender Menge hinzu, stellen Sie den pH-Wert mit einem geeigneten Puffer bei 6,5 ein und rühren Sie das Ganze bei 35 °C vorsichtig eine Woche lang. So erhalten Sie eine Zelle.“ Beurteilen Sie, ob nach diesem Rezept eine Zelle entstehen kann. Begründen Sie Ihre Entscheidung.
- 2** CRAIG VENTER hat seinen Namen im Genom von *Mycoplasma mycoides* JCVI-syn1.0 mithilfe des genetischen Codes (→ 2.3) verschlüsselt. Leiten Sie ausgehend vom Einbuchstabencode und unter Angabe der entsprechenden Aminosäuren ein mögliches doppelsträngiges DNA-Fragment ab.
- 3** Beschreiben Sie die Herstellung der ersten synthetischen Zelle (**B1**) in Fachsprache.
- 4** Stellen Sie Pro- und Contra-Argumente zur Erzeugung synthetischer Organismen gegenüber.
- 5** Erklären Sie verschiedene ethische Probleme, die sich aus der Erschaffung von höher entwickelten synthetischen Lebewesen wie Schweinen oder gar Menschen ergeben würden. Gehen Sie dabei auf betroffene Werte ein.

2.7 Alternatives Spleißen eA



Im Jahr 1990 startete das Human Genom Projekt zur vollständigen Entschlüsselung des menschlichen Genoms. Man erhoffte sich von der Sequenzierung des Genoms u. a. genauere Kenntnisse über genetisch bedingte Krankheiten, die Entstehung von Krebs sowie zur Anzahl und Funktion der menschlichen Gene. Aufgrund der Vielfalt menschlicher Proteine wurde die Zahl der Gene zu Beginn des Projekts auf mindestens 100.000 geschätzt. Aktuell geht man aber von nur 20.000 bis 25.000 Genen aus.

→ Wie kann es sein, dass es bei geschätzten 80.000 bis 400.000 menschlichen Proteinen lediglich 20.000 bis 25.000 Gene gibt?

Lernweg

- 1 Die Gene von Eukaryoten setzen sich aus Exons und Introns zusammen (→ 2.4). Vergleichen Sie B1 (M1) mit der Skizze zum Spleißen der prä-mRNA (→ S. 127, B4). Leiten Sie daraus eine Vermutung ab, die den Unterschied zwischen der Anzahl der menschlichen Gene und Proteine erklärt.
- 2 Alternatives Spleißen ist ein besonderer Vorgang bei der Proteinbiosynthese von Eukaryoten (M2).
 - a) Erstellen Sie ein Flussdiagramm, welches die Prozesse beim alternativen Spleißen wiedergibt.
 - b) Erklären Sie die Bedeutung des alternativen Spleißens für die Proteinvialt bei Eukaryoten.
- 3 Ayla hat die letzte Biologie-Stunde verpasst, in der das alternative Spleißen behandelt wurde. Sie erkundigt sich bei ihrem Sitznachbarn Theo über diesen Inhalt. Theos Erklärungen sind in M3 aufgeführt. Korrigieren Sie Theos Aussagen, sodass sie für Ayla fachsprachlich korrekt aufbereitet sind.
- 4 Eukaryotische Gene enthalten oft 20 oder mehr Introns. Nicht alle sich hieraus ergebenden Spleiß-Varianten werden im Organismus benötigt. Zudem treten auch Spleiß-Mutationen auf (M4).
 - a) Die durch alternatives Spleißen bzw. Spleiß-Mutationen entstandene sehr große Variabilität von Proteinen stellt eine Voraussetzung für Selektionsprozesse in der Evolution dar. Erklären Sie dies. Berücksichtigen Sie bei Ihrer Antwort die in M4 beschriebenen Beispiele.
 - b) Beurteilen Sie die Tauglichkeit der Satz-Darstellung (B1) als Modellvorstellung für das alternative Spleißen.

M1 Modell zum alternativen Spleißen – „Weglassen von Satzteilen?“

Modell für eine prä-mRNA

In der Natur	blablabla	existiert nichts	blablablablabla	für sich	blablablabla	allein
--------------	-----------	------------------	-----------------	----------	--------------	--------

Modell für mRNAs, die durch alternatives Spleißen entstehen:

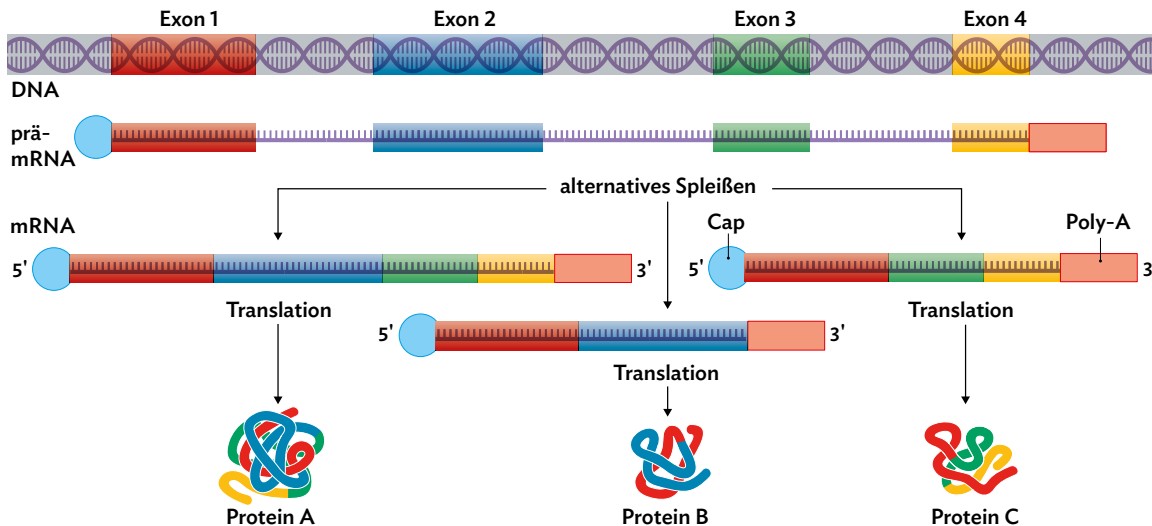
In der Natur	existiert nichts	für sich	allein
--------------	------------------	----------	--------

In der Natur	existiert nichts	allein
--------------	------------------	--------

In der Natur	existiert nichts
--------------	------------------

In der Natur	für sich	allein
--------------	----------	--------

B1 Ein Satz kann auch nach dem Herausschneiden bestimmter Satzglieder noch Sinn ergeben. (Quelle: Übersetzung eines Zitats der amerikanischen Biologin RACHEL CARSON, 1907–1964, aus ihrem Buch Silent Spring: „In nature, nothing exists alone.“)

M2 Alternatives Spleißen – von einem Gen zu einer Vielfalt an Proteinen**B2** Alternatives Spleißen der prä-mRNA ermöglicht es, verschiedene Proteine aus der Information desselben Gens herzustellen.**M3 Theos unpräzise Erklärungen zum alternativen Spleißen**

In der letzten Stunde haben wir wiederholt, wie die Proteinbiosynthese abläuft. Also erst wird die DNA kopiert und es entsteht die RNA. Die wird dann noch im Zellkern durch verschiedene Prozesse verändert, sodass die fertige mRNA entsteht. Dann haben wir das alternative Spleißen besprochen. Dabei handelt es sich um einen Vorgang bei Vielzel-

lern in der Proteinbiosynthese, bei dem verschiedene Exons ausgewählt werden. Dabei entstehen unterschiedliche RNAs, die dann mehrere Proteine bilden. Durch das alternative Schnippeln ist es möglich, dass aus einem Gen und der entsprechenden Abschrift unterschiedliche RNAs und damit eine Vielzahl an Proteinen entstehen.

M4 Evolutionäre Bedeutung

Antikörper sind Proteine, die eine wichtige Rolle bei der Erkennung von körperfremden Strukturen spielen, indem sie nach dem Schlüssel-Schloss-Prinzip an deren Oberflächenstrukturen andocken. Der Mensch besitzt mehr als 100 Milliarden unterschiedliche Antikörper, deren Vielfalt u. a. im alternativen Spleißen begründet liegt. Aus evolutionärer Sicht ist nicht genau geklärt, wie das alternative Spleißen entstanden ist. Vermutlich führten Mutationen in Introns zu unterschiedlichen Spleißstellen und somit zu unterschiedlichen Polypeptiden. Waren deren Eigenschaften positiv für den Organismus, so hatte dieser einen Selektionsvorteil. Obwohl solche Spleiß-Mutationen auch verheerende Folgen haben können (**B3**), liegt in ihnen ein enormes Potential. Ein verändertes Spleißen führt relativ einfach zur Entstehung neuer Proteine. Bei Prokaryoten gelingt dies nur durch Genmutationen, d. h. einer Änderung der Nukleotidsequenz der DNA. Dies kann allerdings, z. B. durch den Einbau einer anderen Aminosäure, den Funktionsverlust des Proteins bedeuten. Bei einer Spleiß-Mutation hingegen sind die Folgen z. T. weniger schwerwiegend, da die entstehenden Proteine oft noch funktionsfähige Aminosäuresequenzen besitzen. Eine solche Sequenz kann z. B. für das aktive Zen-

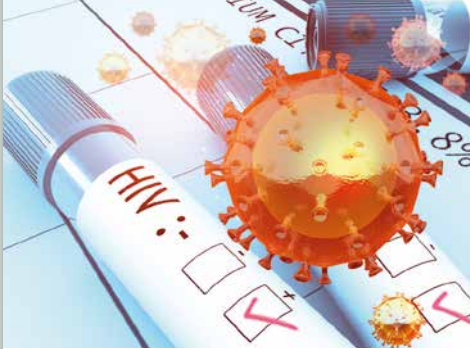
β-Thalassämie

Hintergrund	Hämoglobin ist ein Protein, das bei Erwachsenen aus je zwei α- und β-Polypeptiden gebildet wird (→ 2.2, M4). Das für das β-Polypeptid codierende Gen besteht aus drei Exons und zwei Introns.
Ursache	Es kommt zur Hemmung der Synthese für das β-Polypeptid des Hämoglobins, die durch eine Spleiß-Mutation hervorgerufen wird.
Folge	Hämoglobin wird aus anderen Polypeptidketten gebildet, die z. T. viel schneller abgebaut werden.
Symptome	nicht ausreichende Konzentration an Hämoglobin führt u. a. zu Abgeschlagenheit, verminderter Leistungsfähigkeit und Müdigkeit

B3 Übersicht zur β-Thalassämie

trum eines Enzyms fungieren, eine andere für die Einlagerung in eine Membran. So veränderte Polypeptide erhöhen die Vielfalt der Proteine im Körper, die unterschiedlichen Selektionsprozessen unterworfen sind. Der selektive Vorteil der großen Vielfalt an Antikörpern liegt darin, dass eine große Anzahl bereits existierender und auch neu entstehender körperfremder Strukturen erkannt und abgewehrt werden kann.

2.8 Vermehrung von Viren in eukaryotischen Zellen eA



Im Jahr 1981 stellte man in den USA eine Häufung einer bestimmten Krebsart sowie eines Typs von Lungenentzündungen fest, die in der Gesamtbevölkerung eigentlich sehr selten sind. Lediglich bei Personen, deren körpereigenes Immunsystem unterdrückt ist, treten diese Erkrankungen häufiger auf. Die Beobachtungen führten schließlich zu der Entdeckung von AIDS (Acquired Immunodeficiency Syndrome).

- Was haben die o. g. Erkrankungen mit der HIV-Infektion zu tun?
- Warum gibt es nach der HIV-Infektion eine so lange Ruhephase ohne Symptome, bevor AIDS ausbricht?

Lernweg

- 1** Ein Virus kann seine Wirkung nur entfalten, wenn es in eine Wirtszelle eingedrungen ist (**M1**).
 - a) Vergleichen Sie den Bau des HI-Virus mit dem einer Bakterienzelle und beurteilen Sie, ob es sich bei dem HIV um ein Lebewesen handelt.
 - b) Beschreiben Sie den Mechanismus des Eindringens in die Zelle (**B2**). Nutzen Sie hierzu auch das Video (→ [QR 03012-016](#)).
- 2** Damit Retroviren in der Wirtszelle reproduziert werden, müssen sie ihre Erbsubstanz in die menschliche DNA einbauen (**M2**). Fertigen Sie ein Flussdiagramm an, in dem die einzelnen Schritte der reversen Transkription und der Integration der viralen Erbinformation in das menschliche Genom dargestellt sind.
- 3** HI-Viren befallen bestimmte T-Helferzellen, sog. CD_4^+ -T-Helferzellen (**M3**).
 - a) HI-Viren nutzen die Proteinbiosynthese der befallenen Wirtszelle, um sich zu reproduzieren. Erläutern Sie anhand von **B5** diese Tatsache.
- b) Beschreiben Sie das Diagramm **B6** und erklären Sie die Kurvenverläufe in den einzelnen Phasen.
- c) Beschreiben Sie aufbauend auf Ihrer Diagramm-Auswertung die Auswirkungen auf das Immunsystem der betroffenen Person. Recherchieren Sie ggf. die Bedeutung der T-Helferzellen bei der Immunantwort.
- d) Formulieren Sie anhand ihrer Ergebnisse eine begründete Vermutung zum Auftreten von Begleitinfektionen lange nach der HIV-Erstinfektion.



03012-016

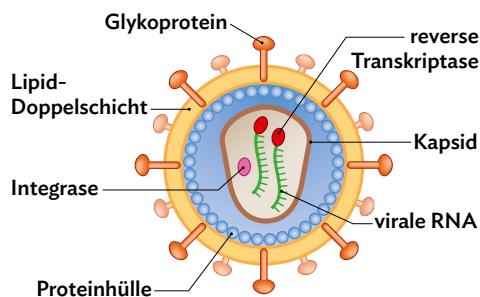


03012-017

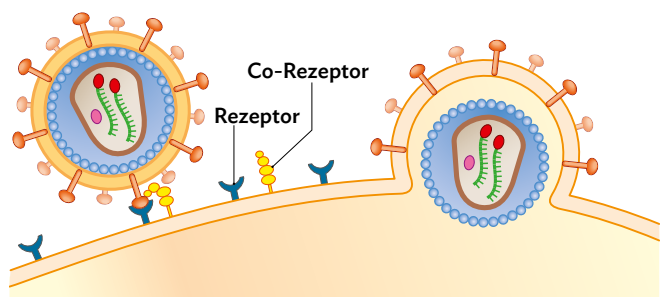
M1 Befall der Wirtszelle durch ein HI-Virus

Alle Viren, wie auch das HIV (**B1**), sind darauf angewiesen, dass eine intakte Zelle ihre Gene exprimiert, d. h. abliest und

in Genprodukte übersetzt. Dazu müssen die Virusbestandteile zunächst in die Wirtszelle eindringen (**B2**).



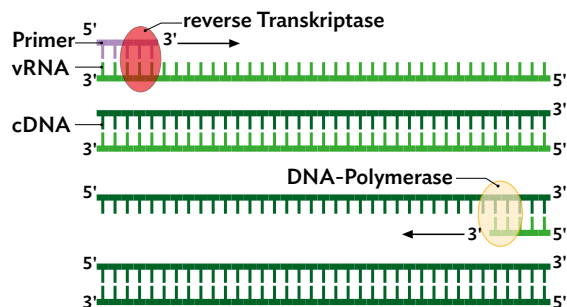
B1 Vereinfachter Aufbau des HI-Virus



B2 Mechanismus des Eindringens des HI-Virus in eine menschliche Zelle

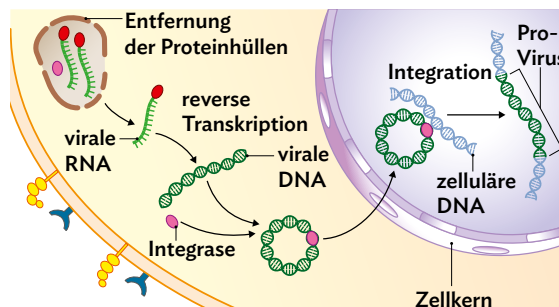
M2 Reverse Transkription und Integration in das Wirtsgenom

Retroviren wie HI-Viren besitzen als Erbsubstanz zwei einzelsträngige RNA-Moleküle. Ihre Erbsubstanz kann in das Genom der Wirtszelle eingebaut werden. Die RNA muss dafür zunächst in DNA umgeschrieben werden. Verantwortlich dafür ist das Enzym **reverse Transkriptase** (B3). Zunächst wird die einzelsträngige virale RNA (vRNA) in mehreren Schritten durch das Enzym in einen **komplementären** DNA-Einzelstrang (cDNA, von engl. *complementary DNA* oder *copy DNA*) umgeschrieben. Im Anschluss wird die



B3 Synthese einer viralen DNA anhand der viralen RNA

vRNA bis auf ein kurzes Fragment abgebaut, das als Ansatzstelle für die DNA-Polymerase (→ S. 96) dient, und ein zweiter DNA-Strang komplementär zu der cDNA gebildet. Die doppelsträngige DNA wird in den Zellkern der Wirtszelle geschleust und mithilfe des Enzyms **Integrase** in das Genom eingebaut (B4). Dazu bindet die Integrase sowohl an die Wirts-DNA, als auch an beide Enden der viralen DNA, zerschneidet die Wirts-DNA und fügt die virale DNA ein. Das eingebaute Virus-Genom wird nun **Pro-Virus** genannt.

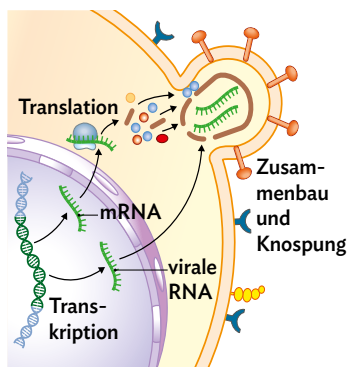


B4 Einbau der viralen DNA in das Wirtsgenom

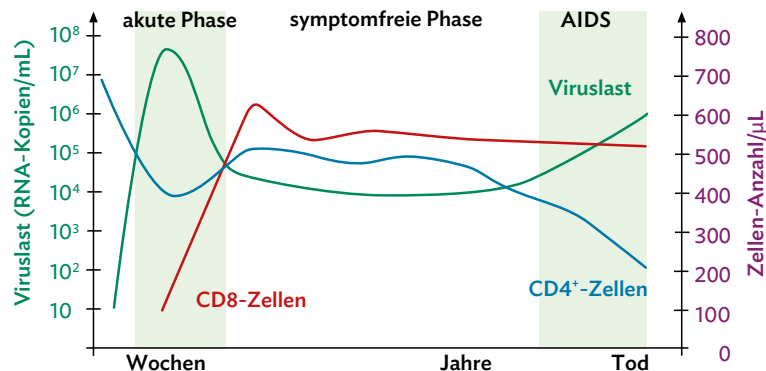
M3 Expression, Auswirkungen auf den Wirt und mögliche Therapieansätze

Prinzipiell kann die virale DNA bereits vor ihrem Einbau in das Wirtsgenom abgelesen werden, was als **frühe virale Genexpression** (= Umsetzung der genetischen Information in Merkmale, → S. 632) bezeichnet wird. Häufig bleibt aber selbst das Pro-Virus inaktiv und erst durch eine Infektion mit einem anderen Krankheitserreger kommt es zu einer **späten viralen Genexpression** (B5) und der Vermehrung der Viren. In der inaktiven Zeit entzieht sich das Virus dem Angriff von antiviralen Medikamenten. Zudem ist die Fehlerhäufigkeit der reversen Transkriptase aufgrund einer fehlenden Korrekturlesefunktion sehr groß. Die Mutationsrate bei HI-Viren ist daher sehr hoch, wodurch sich die Viren der Immunabwehr z.T. entziehen können. Eine Infektion mit dem HI-Virus führt zu einer Immunantwort durch T-Killer-

zellen, sog. CD8-Lymphozyten, deren Konzentrationswert fortan auf einem hohen Niveau bleibt. Von AIDS spricht man aber erst, wenn die Anzahl der CD4⁺-T-Helferzellen unter einen definierten Wert gefallen ist (B6) und eine Zweitinfektion durch das Immunsystem kaum oder gar nicht mehr abgewehrt werden kann. Da sich das HI-Virus ständig verändert, stellt die Behandlung eine große Herausforderung dar. Ein einzelnes Medikament kann rasch seine Wirkung verlieren, weil das mutierte Virus resistent gegen dieses Medikament wird. Bei der **antiretroviralen Therapie** kommen deshalb Medikamente zum Einsatz, die an verschiedenen Stellen der HIV-Vermehrung angreifen und die Ausbreitung auf Immunzellen trotz Mutationen weiterhin verhindern. Eine solche Kombinationstherapie ist besonders effektiv.



B5 Expression der Virus-Gene und Bildung neuer Viren



B6 Modell des Krankheitsverlaufs (Quelle: SIMON et al., 2006)

2.9 Die Wirkung von Antisense-RNA eA



„Tomaten, die auch bei längerer Lagerzeit nicht weich werden!“ So ähnlich könnte der Slogan gelautet haben, mit dem die Flavr-Savr-Tomate, umgangssprachlich „Anti-Matsch-Tomate“, vermarktet wurde. Verantwortlich für das Weichwerden ist ein Enzym, das den Abbau des Stützgewebes Pektin in der Zellwand katalysiert. Bei der gentechnisch veränderten „Anti-Matsch-Tomate“ konnte die Produktion dieses Enzyms auf der Ebene der Translation verhindert werden.

→ Wie kann man ganz gezielt die Umsetzung der genetischen Information eines Gens (= Genexpression → S. 632) verhindern?

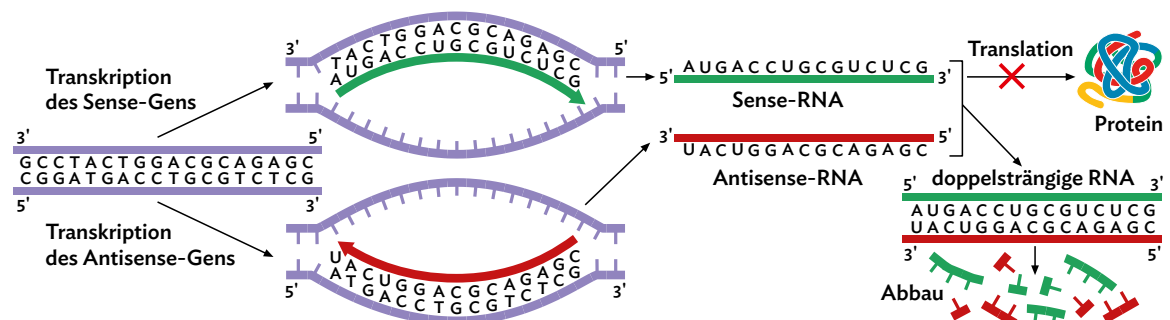
Lernweg

- 1** Im menschlichen Organismus existieren Mechanismen, um einzelne Gene an ihrer Expression zu hindern.
 - a) Leiten Sie für den Ausschnitt des Sense-Gens, das in **B1** dargestellt ist, die Aminosäuresequenz ab.
 - b) Erstellen Sie mithilfe von **M1** zwei Flussdiagramme, die die Genexpression des Sense-Gens und die Wirkung eines Antisense-Gens gegenüberstellen. Erklären Sie die Wirkung der Antisense-RNA in eigenen Worten.
 - c) Erklären Sie die Wirkung der aRNA in der gentechnisch veränderten Antimatsch-Tomate (**M2**). Beschreiben Sie dazu zunächst kausale Zusammenhänge. Gehen Sie dann auf die funktionale Zielsetzung im Zusammenhang mit der Reifeverzögerung ein.
- 2** Für die Antisense-RNA-Technik gibt es mittlerweile verschiedene Einsatzbereiche.
 - a) Vergleichen Sie mithilfe von **M1** und **M2** verschiedene Prinzipien der aRNA-Technik übersichtlich.
 - b) Leiten Sie mögliche Anwendungen der ASOs in der Medizin ab und beschreiben Sie mithilfe von **M3** Schwierigkeiten bei der Anwendung aRNA-haltiger Medikamente.
- 3** Formulieren Sie mithilfe von **M4** je ein Pro- und ein Contra-Argument zum Einsatz von Antisense-Medikamenten unter Angabe des zugrundeliegenden Wertes (→ S. 33). Bewerten Sie unter Einbeziehung Ihrer Argumente den Einsatz teurer Medikamente in der Humanmedizin.

M1 Wirkungsweise der Antisense-RNA

Beim Menschen kommen natürlicherweise ca. 1.600 Antisense-Gene vor, mit deren Hilfe der Organismus u.a. die Aktivität bestimmter Gene auf der Ebene der Translation regulieren kann. Dies ist z.B. beim *Insulin-like growth factor 2 receptor-Gen* (IGF-2) der Fall. Bei diesem Gen kann ein zweiter Transkriptionsstart am 3'-Ende des nicht-codogen-

nen Strangs aktiv sein, wodurch eine Antisense-RNA, auch **aRNA** (engl. *antisense*: Gegensinn), gebildet wird (**B1**). Weil die aRNA und die eigentliche mRNA (= Sense-RNA, engl. *sense*: Sinn) komplementär sind, bilden sie einen Doppelstrang (**B1**), der vom Ribosom nicht abgelesen werden kann, sondern enzymatisch abgebaut wird.



B1 Vereinfachte Darstellung der Expression eines Gens und dessen Hemmung mithilfe einer Antisense-RNA

M2 Genregulation mithilfe von Antisense-RNA

Die natürliche Antisense-RNA dient zum einen der Regulation der Genexpression bestimmter Gene und kann zum anderen ein natürlicher Schutz vor Viren-RNA sein, da die dann doppelsträngige RNA (Viren-RNA und Antisense-RNA) nicht abgelesen, sondern abgebaut wird. Synthetisch hergestellte **Antisense-Oligonukleotide**, kurz **ASO**, können ebenfalls die Produktion ausgewählter Proteine hemmen, indem sie die Translation blockieren oder die mRNA zum Abbau markieren. Um die erzielte Wirkung zu erreichen, genügt es, einen Teilbereich der Sense-RNA zu blockieren, entweder ausgehend vom 5'-Ende oder auch in der Mitte der Sense-RNA. Eine derartige Regulation der Genexpression auf RNA-Ebene wird als **Knock-Down-Verfahren** bezeichnet, da die Gene selbst auf DNA-Ebene nicht dauerhaft inaktiviert werden (vgl. Knock-Out-Verfahren ➔ 2.13, M2). Der Vorteil liegt darin, dass die aRNA nicht in den Zellkern vordringen muss und hier keine unerwünschten Wirkungen haben kann. Zudem wird die aRNA wieder vollständig enzymatisch abgebaut. Bei einer anderen Va-

riante dringt die aRNA in den Zellkern vor und beeinflusst den Spleißvorgang. Dabei ist auch eine Aktivierung des Gens möglich, wenn die Bindung der aRNA dazu führt, dass der Spleißvorgang zu einer sinnvollen mRNA und somit zu einem wirkungsvollen Genprodukt führt.

Bei der „**Anti-Matsch-Tomate**“ (➔ S. 104) wurde das Antisense-Gen fest in das Erbgut der Zielzellen eingebaut. Der codierende Strang des Antisense-Gens ist gegenläufig komplementär zum codierenden Strang des Sense-Gens und entspricht somit dem nichtcodierenden Strang des Sense-Gens (B1).

Die erste **Antisense-Therapie** zur Behandlung der viral bedingten CMV-Retinitis (M3) bei AIDS-Patienten wurde 1998 zugelassen. Die meisten ASO dienen heute zur Behandlung seltener erblicher Erkrankungen wie z. B. Hypercholesterinämie oder einer neuronalen Erkrankung, bei der infolge einer Mutation zusätzliche Proteine gebildet werden, die sich im Nervengewebe ablagern und zunehmend die Funktion der Nerven einschränken.

M3 Antisense-Technik in der Medizin

Fomiviren, das erste zugelassene Antisense-Medikament, war ein Virostatikum, also ein Medikament zur Behandlung von viralen Infektionen. Es wurde bei Personen eingesetzt, die an AIDS erkrankt waren und an einer Infektion der Netzhaut mit Cytomegalie-Viren litten. Unbehandelt führt eine solche Infektion zur Erblindung. Das Medikament enthielt eine Antisense-Nukleotidsequenz, die komplementär zu einem Abschnitt viraler mRNA war. Die Antisense-RNA lagerte sich durch die Basenpaarung an diese mRNA an und verminderte so die Proteinbiosynthese. Unter anderem aus wirtschaftlichen Gründen zog ein Pharma-Unternehmen die Zulassung des Medikaments zurück, da es mittlerweile in vielen Ländern durch

eine verbesserte HIV-Therapie seltener zu AIDS-Erkrankungen kommt.

Auch in der Krebstherapie wird am Einsatz von ASOs geforscht. Hierbei sollen Gene, die einen programmierten Zelltod (= Apoptose ➔ 3.6) einleiten, aktiviert werden, sodass es zumindest zu einem Stillstand im Tumorwachstum kommt. Die größte Schwierigkeit liegt darin, die aRNA in genügend großen Mengen in das Tumorgewebe zu schleusen, da der größte Teil abgebaut oder ausgeschieden wird. Um Abhilfe zu schaffen, wird derzeit an chemischen Veränderungen der Moleküle geforscht, die zu einer höheren Stabilität führen bzw. an geeigneten Trägersubstanzen wie z. B. Liposomen (Fett-Vesikeln).

M4 Urteilsfindung zum Einsatz von Antisense-Medikamenten

Einige Krankheiten und Infektionen können durch Antisense-Medikamente behandelt werden. Die Behandlung mithilfe von Antisense-Technik ist aber kompliziert und kostspielig. Auch in den Medien findet man in Schlagzeilen häufig Anspielungen auf die enormen Kosten und die damit eingeschränkte Wirtschaftlichkeit. Betroffene bzw. deren Angehörige hingegen führen die Vorteile der Behandlung auf.

Spinraza ist ein Antisense-Medikament, das Betroffenen, meist Säuglingen, verabreicht werden kann, die an der spinalen Muskelatrophie I leiden. Dabei handelt es sich um eine genetisch bedingte Krankheit, bei der motorische Neuronen absterben, was zu sehr großem Leiden und einem frühen Tod führt. Ursache ist ein verändertes Gen, wodurch ein Schutzfaktor für diese Neuronen nicht gebildet werden

kann. Ein zweites ähnlich gebautes Gen codiert ebenfalls für diesen Schutzfaktor, jedoch entsteht beim Spleißen fast nur unbrauchbare mRNA. Durch die Gabe von Antisense-RNA zur mRNA dieses Gens wird dieser Fehler teilweise verhindert, sodass der Schutzfaktor vermehrt gebildet wird. Hierdurch wird die Krankheit deutlich abgeschwächt, sodass die Betroffenen meist selbstständig atmen, sitzen und stehen können. Die Lebenserwartung ist trotzdem deutlich vermindert. Die Behandlungskosten belaufen sich im ersten Jahr auf ca. 380.000 Euro und in den Folgejahren auf jeweils ca. 280.000 Euro. Zu dem Medikament gibt es ein alternatives, mit dem eine lebenslange Therapie meist günstiger wäre. Aufgrund der Kosten entbrannte eine Diskussion in Teilen der Gesellschaft darüber, wie teuer die medikamentöse Behandlung einer Person sein darf.

2.10 Die Vertrauenswürdigkeit von Quellen analysieren

Beurteilungskriterien für Internetquellen

Noch nie waren so viele Informationen so leicht zugänglich wie heutzutage. In Zeiten von „Fakenews“ und (bewusster) Falschinformation ist es nicht immer leicht, Informationen auf ihre Glaubwürdigkeit hin zu überprüfen. Dennoch gibt es einige Kriterien, anhand derer man eine Quelle als glaubwürdig einstufen kann.

Vorgehen

1. Stellen Sie fest, ob die Autorinnen und Autoren der Seite benannt sind.
2. Finden Sie heraus, wer den Server betreibt.
3. Überprüfen Sie, ob die Quellen korrekt angegeben sind.
4. Überlegen Sie, welche Zielgruppe erreicht werden soll und ob eine Pro- bzw. Contra-Position zu einem Sachverhalt eingenommen wird.
5. Beurteilen Sie die inhaltliche und formale Qualität.
6. Überprüfen Sie die Aktualität der Seite.

Beispiel

Zu 1: Recherchieren Sie, ob auf der Seite ein Impressum vorhanden ist (meist am Seitenende) und ermitteln sie, von wem die Seite verfasst bzw. herausgegeben wurde. Prüfen Sie, ob die Personen Referenzen wie beispielsweise einen akademischen Titel haben. Finden Sie durch eine Suchmaschinen-Abfrage heraus, ob die Daten zu den Personen echt sind, indem Sie den Namen in Anführungsstrichen eingeben, beispielsweise „Prof. Maximiliane Musterfrau“.

Zu 2: Ermitteln Sie, ob eine Universität, Regierung, Firma oder Privatperson den zugehörigen Server betreibt. Die zuständige Redaktion samt Kontaktdaten sind ebenfalls im Impressum zu finden.

Tipp: Oft sind die Internet-Adressen bei einem Ergebnis der Suchanfrage sehr lang. Löschen Sie in der Adresszeile alles rechts vom Länderkürzel, um auf den Server zu kommen.

Zu 3: Überprüfen Sie, ob Quellenangaben vorhanden sind bzw. ob die Angaben korrekt sind. Testen Sie dazu ggf. die Links (nur wenn die Seite seriös wirkt) oder kopieren Sie ein Zitat in das Eingabefeld einer Suchmaschine, um es zu kontrollieren.

Zu 4: Stellen Sie fest, ob die Seite eher kommerziell oder wissenschaftlich wirkt. Seiten mit Werbung in Form von Pop-ups sind meist weniger vertrauenswürdig. Teilweise kann man die Position der Autorin bzw. des Autors erst auf den zweiten Blick erkennen. Prüfen Sie, ob man Zahlen, Diagramme oder Aussagen auch anders interpretieren könnte.

Zu 5: Kontrollieren Sie die Seite auf Fehler in der Orthographie oder Zeichensetzung. Beurteilen Sie, ob die Argumente objektiv sind oder ob es sich um subjektive Erfahrungsberichte handelt. Letztere sind in der Regel wenig seriös.

Zu 6: Recherchieren Sie die Aktualität des Copyrights der Seite (Seitenende oder Impressum). Achten Sie auch darauf, ob es sich bei den angegebenen Meldungen und Informationen um aktuelle Ereignisse bzw. Erkenntnisse handelt.

Recherche der originalen Bildquelle

Führt man bei einer Suchmaschine im Internet eine Bildrecherche beispielsweise zu naturwissenschaftlichen Themen durch, so stößt man sehr häufig auf gleiche oder ähnliche Abbildungen und Grafiken. Will man die Originalquelle für eine Bild-Datei herausfinden, so gibt es bei Suchmaschinen unterschiedliche Möglichkeiten die Daten zu ermitteln. Kennt man Urheber und Originaldatei, so lassen sich leicht Änderungen oder Fälschungen in ähnlichen Abbildungen feststellen.

Vorgehen

1. Führen Sie eine Bildersuche zu einem Begriff oder naturwissenschaftlichen Prozess durch.
2. Vergleichen Sie die Treffer und wählen Sie eine geeignete Abbildung aus.
3. Öffnen Sie eine entsprechende Bilder-Suchmaschine.
4. Führen Sie eine Bilderrückwärtssuche mit einer entsprechenden Bilder-Suchmaschine durch.
5. Suchen Sie die originale Bildquelle und vergleichen Sie diese mit anderen Abbildungen.

Beispiel

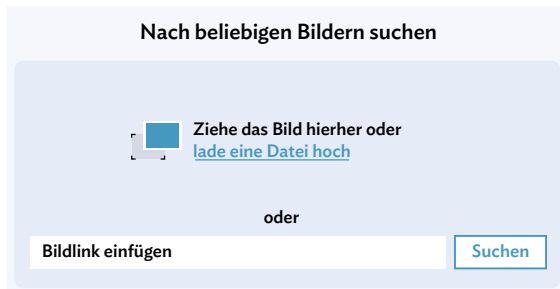
Zu 1: Geben Sie im Suchfeld von einer Suchmaschine einen Begriff zu einem naturwissenschaftlichen Prozess ein. Klicken Sie bei der Seite der Suchergebnisse auf den Reiter „Bilder“.

Zu 2: Betrachten Sie die Treffer und wählen eine Abbildung aus, die mehrfach identisch oder optisch ähnlich bei unterschiedlichen Quellen angezeigt wird. Klicken Sie diese Abbildung an, sie erscheint dann groß.

Zu 3: Öffnen Sie in einem neuen Tab in Ihrem Browser wieder die gleiche Suchmaschine. Klicken Sie auf das Symbol „Suche anhand von Bildern“ neben dem Eingabefeld oder gehen Sie direkt zu einer Bilder-Suchmaschine (B1).

Zu 4: Wechseln Sie wieder zum Tab, in dem Sie die gewünschte Abbildung geöffnet haben. Klicken Sie die ausgewählte Abbildung mit der linken Maustaste an und halten

Sie die Maustaste gedrückt. Wenn Sie die Abbildung mit dem Mauszeiger bewegen, erscheint ein Suchfeld, in das Sie die Abbildung hineinziehen können. Lassen Sie dann die Maustaste los.

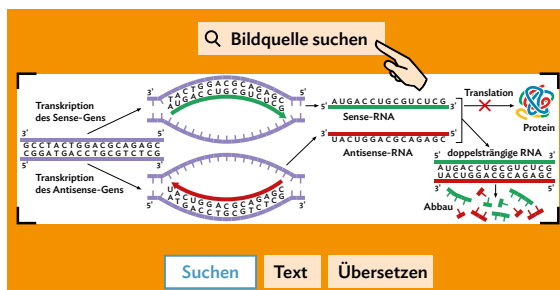


B1 Bildersuche

Zu 5: Klicken Sie im Suchfeld der Bilder-Suchmaschine oberhalb der Abbildung auf das Feld „Bildquelle suchen“ (B2). In einem neuen Tab werden Ihnen die Webseiten mit „übereinstimmenden Bildern“ und mit „optisch ähnlichen Bildern“ angezeigt. Oft ist die erste Webseite, die unter „Seiten mit übereinstimmenden Bildern“ aufgeführt wird, die mit der Original-Datei.

Vergleichen Sie auch die optisch ähnlichen Abbildungen, die Ihnen angezeigt werden. Sie können leicht Veränderungen der Original-Datei ermitteln.

Tipp: Auf vertrauenswürdigen Internetseiten sollte die Quelle der Original-Abbildung angezeigt werden.



B2 Bildquelle der gesuchten Abbildung ermitteln

Textausschnitt 1 (fiktiv):

Anti-SMN2 basiert auf einem modifizierten Antisense-RNA-Molekül, das so konstruiert ist, dass es selektiv an eine bestimmte Stelle in einer Ziel-RNA andockt, hier dem Transkript von dem SMN2-Gen. Patienten, die ein mutiertes SMN2-Gen besitzen, können an der meist tödlich verlaufenden Erbkrankheit der akuten infantilen spinalen Muskelatrophie leiden. Entwicklung und Produktion des Medikaments zur Therapie dieser Krankheit waren und sind sehr kostspielig, weshalb die Behandlung eines Patienten teilweise mehr als eine Million Euro kostet.

Textausschnitt 2 (fiktiv):

Die kleine Monika ist die total süße Tochter von unseren Nachbarn. Leider hat sie eine Krankheit, die superteuer in der Behandlung ist! Über eine Million wollen da die Pharmakonzerne mit dem Leid der Familie verdienen! Und die Krankenkassen diskutieren da mit den Politikern, ob das bezahlbar ist?

Ich frage: Wie viel ist ein Leben denn Wert?? Bei einer Recherche habe ich rausgefunden, wie so ein Medikament funktioniert. Die spritzen ein sogenanntes Antisense Medikament. Es soll das fehlerhafte Gen ausschalten, damit keine falschen Proteine gebildet werden können, die die Krankheit auslösen. Ich kann schon verstehen, dass die Kosten für die Entwicklung hoch sind und wieder reingeholt werden müssen – aber da muss halt der Staat einspringen! Jedes Menschenleben ist unbezahlbar – das von der kleinen Monika auf jeden Fall!!

B3 Textausschnitte von fiktiven Internetseiten zum Thema „Antisense-Medikamente“

Aufgaben

- 1 Recherchieren Sie im Internet zu den Kosten der Behandlung mit Antisense-Medikamenten. Geben Sie dazu beispielsweise bei einer Suchmaschine Begriffe wie „Antisense-RNA“, „Medikament“, „Kosten“, „teuer“ bzw. Kombinationen der Begriffe ein. Beurteilen und vergleichen Sie zwei Internetquellen nach der oben beschriebenen Vorgehensweise.
- 2 In B3 sind zwei fiktive Texte unterschiedlicher Verfasser zum Thema Antisense-Medikamente abgedruckt. Erläutern Sie, welche Zielgruppe mit den Texten jeweils angesprochen werden soll und beurteilen Sie die inhaltliche und formale Qualität der Texte.
- 3 Recherchieren Sie im Internet z. B. die Begriffe „genetischer Code“, „Translation“ oder „Antisense-RNA“.
 - a) Überprüfen Sie, ob bei identischen oder optisch ähnlichen Abbildungen die Quellen der Original-Bilddateien angegeben wurde. Vergleichen und diskutieren Sie Ihre Resultate mit Ihren Mitschülerinnen und Mitschülern.
 - b) Wählen Sie eines Ihrer recherchierten Bilder aus und finden Sie mit einer Bilder-Rückwärtssuche Webseiten mit übereinstimmenden Bildern. Dokumentieren Sie, wenn möglich, die Quelle, die Autorin bzw. den Autor und die Bildrechte/-lizenzen.
 - c) Beurteilen Sie anhand der Schritte 1 bis 6 (erster Kasten), ob es sich um eine vertrauenswürdige Quelle handelt.

2.11 Antibiotika-Einfluss auf die Proteinbiosynthese eA



ALEXANDER FLEMINGS Entdeckung, dass der Schimmelpilz *Penicillium chrysogenum* in der Lage ist, speziell die Vermehrung von Bakterien zu hemmen, hat die Behandlung bakterieller Infektionen revolutioniert. Es gelang ihm, den bakterientötenden Stoff zu isolieren. Er nannte ihn Penicillin. Ab den 1940er-Jahren wurde es als Medikament für den Menschen eingesetzt.

→ Wie wirken Stoffe wie Penicillin, die Bakterienzellen abtöten, ohne die Zellen der erkrankten Person zu schädigen?

Lernweg

- 1** Bakterien sind Prokaryoten; Schimmelpilze und auch Menschen gehören zu den Eukaryoten.
 - a) Vergleichen Sie mithilfe von **M1** Pro- und Eucyten in Form einer Tabelle.
 - b) Leiten Sie aus Ihren Ergebnissen mögliche Wirkorte bei Bakterien für vermehrungshemmende oder abtötende Stoffe ab, die der Eucyte kaum schaden können.
- 2** In **M2** ist die Proteinbiosynthese bei Pro- und Eukaryoten dargestellt.
 - a) Benennen Sie alle in **B2** dargestellten Strukturen (1–8) und Prozesse (A–C) (Arbeitsblatt, Lernanwendung → **QR 03012-018**).
 - b) Bearbeiten Sie das Arbeitsblatt zur Proteinbiosynthese bei Prokaryoten (→ **QR 03302-031**).
 - c) Vergleichen Sie die Proteinbiosynthese von Pro- und Eukaryoten mithilfe von **M2**.
 - d) Markieren Sie auf dem Arbeitsblatt (→ **QR 03012-019**) Stellen, an denen Stoffe aus Medikamenten die Proteinbiosynthese speziell von Bakterien hemmen könnten und formulieren Sie Vermutungen zur jeweiligen Wirkungsweise.
- 3** Zur Behandlung von bakteriellen Infektionen werden häufig Antibiotika (Singular: Antibiotikum) eingesetzt. In einem Kinderlexikon stößt man auf folgende Definition: „Ein Antibiotikum ist ein Mittel, das gegen krankmachende Bakterien hilft.“
 - a) Recherchieren Sie im Internet eine fachsprachlich einwandfreie Definition für den Begriff Antibiotikum.
 - b) Beurteilen Sie, ob die vereinfachte Formulierung aus dem Kinderlexikon noch korrekt ist.
- 4** In **M3** sind die Wirkungsweisen verschiedener Antibiotika schematisch dargestellt.
 - a) Leiten Sie mithilfe von **B3** bis **B6** sowie **M1** und **M2** die Einflüsse des jeweiligen Stoffes auf die Proteinbiosynthese ab.
 - b) Formulieren Sie zusammenfassend einen Satz, der die Angriffspunkte der Antibiotika charakterisiert.
 - c) Begründen Sie mit den in **A1b** (**M1**) und **A4b** (**M3**) gefundenen Wirkungen die Einteilung der Antibiotika als bakteriostatisch bzw. bakterizid wirkend.



03012-018



03302-031



03012-019

M1 Vergleich von Pro- und Eucyten

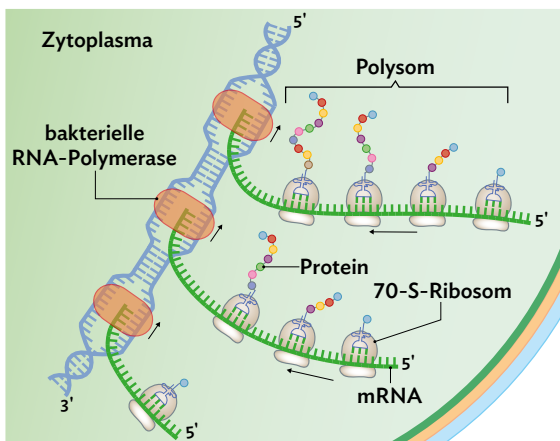
Prokaryoten, wie z. B. Bakterien, sind einzellige Lebewesen, die aus einer Zelle, der Procyte, aufgebaut sind. Procyten messen größtenteils nur wenige Mikrometer und sind somit deutlich kleiner als die Eucyten der Eukaryoten, die je nach Lebewesen und Art der Zelle meist zwischen 10 bis 100 µm groß sind. Beide Zelltypen sind von einer Zellmembran umgeben, die sich aber in den auf- und eingelagerten Proteinen stark unterscheiden kann. Anders als tierische Eucyten besitzen fast alle Procyten eine Zellwand. Es gibt bei Procyten zwar unterschiedliche Zellwand-Typen, die Gerüstsubstanz besteht jedoch immer aus Murein. Bei pflanzlichen Eucyten besteht das Zellwandgerüst aus Cellulose und bei Eucyten von Pilzen aus Chitin. Procyten besitzen durch Faltungen der Zellmembran nur einen geringen Grad an **Kompartimentierung** (Unterteilung in Räume → **S. 15**). In Eucyten

hingegen sind unterschiedliche Zellorganellen vorhanden, die von Membranen umgeben sind, wodurch unterschiedliche Reaktionsräume entstehen. Procyten fehlen derartige Organellen. Auch im Stoffwechsel gibt es Unterschiede. So unterscheidet sich die Enzym-Ausstattung anaerober Bakterien wesentlich von der bei aeroben Bakterien und Eucyten. Dadurch werden aufgenommene Stoffe von anaeroben Bakterien anders verarbeitet, wodurch Moleküle mit toxischer Wirkung entstehen können. Bakterien sind darauf angewiesen, Folsäure selbst zu synthetisieren, da sie diese nicht, wie der Mensch, mit der Nahrung aufnehmen können. Folsäure ist ein Ausgangsstoff für ein Enzym, das bei der Synthese von Proteinen und DNA sowie RNA dringend benötigt wird. Die Synthese der Folsäure bzw. des Enzyms erfolgt mithilfe bakterienspezifischer Enzyme.

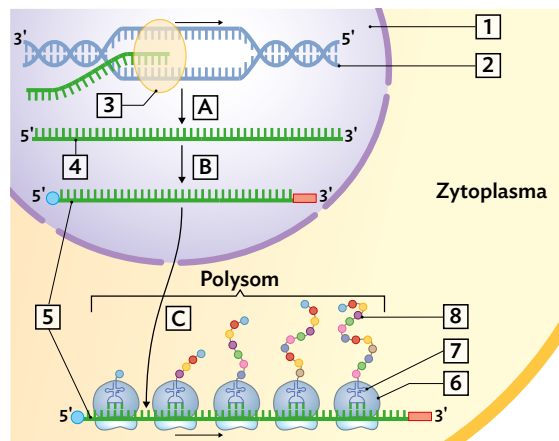
M2 Die Proteinbiosynthese bei Pro- und Eukaryoten

Bei Bakterien ist, wie bei Eukaryoten, doppelsträngige DNA der Träger der Erbinformation. Diese liegt allerdings nicht im Zellkern, sondern frei, also ohne eine Membranhülle, im Zytoplasma vor. Es handelt es sich um einen einzigen, zu einem Ring geschlossenen DNA-Doppelstrang, das sog. Ringchromosom. Dieses ist zwar mit Proteinen verknüpft, aber weit weniger stark komprimiert als die Eukaryoten-DNA (→ 2.4, M3), da die Gene wesentlich dichter zusammen liegen und viele Stellen gleichzeitig abgelesen werden müssen. Das nur in Bakterien vorkommende Enzym Topoisomerase II hilft bei der Entwindung des Ringchromosoms, um die Transkription zu ermöglichen. Die hier tätige RNA-Polymerase ist ebenfalls bakterienspezifisch. Da

die bakteriellen Gene keine Introns besitzen und die DNA bei Bakterien frei im Zytoplasma vorliegt, muss die mRNA nicht prozessiert werden (→ 2.4, M2). Daher findet auch die Translation direkt im Zytoplasma nahe bei der DNA statt (B1). Beide Zelltypen besitzen Ribosomen, aber die prokaryotischen sind vom 70-S-Typ, während die eukaryotischen vom 80-S-Typ sind. (Die Einheit S (Svedberg) ist ein Maß für die Sedimentationsgeschwindigkeit (Sinkgeschwindigkeit) bei einer Zentrifugation.) Somit haben die eukaryotischen Ribosomen eine größere Dichte. Als Polysom (B1, B2) bezeichnet man die aneinandergereihten Ribosomen auf der mRNA, die hintereinander die gleiche Erbinformation translatieren.

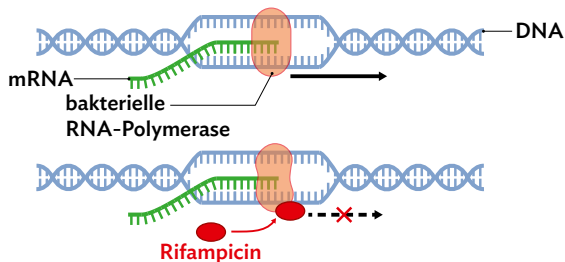


B1 Proteinbiosynthese bei Prokaryoten

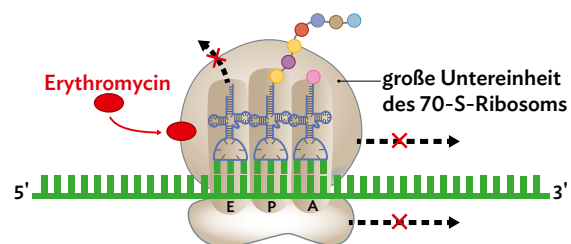


B2 Proteinbiosynthese bei Eukaryoten

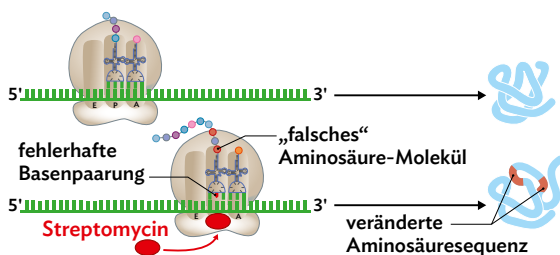
M3 Bakteriostatische (wachstums-/vermehrungshemmende) und bakterizide (abtötende) Antibiotika



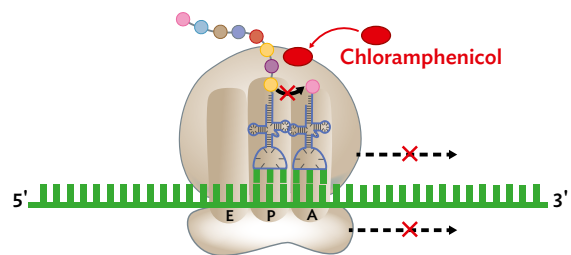
B3 Wirkung von Rifampicin



B4 Wirkung von Erythromycin

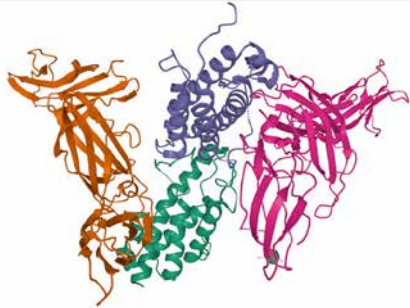


B5 Wirkung von Streptomycin



B6 Wirkung von Chloramphenicol

2.12 Die Rolle von Proteinen bei der Merkmalsausbildung



Das experimentelle Computerspiel Foldit soll Forschenden bei der Aufklärung der Struktur von Proteinen helfen. Ziel ist es, ein Modell eines Proteins zu erhalten, das wie in der Natur möglichst günstig gefaltet ist und so sein Energieminimum erreicht. Dabei wird die Fähigkeit des Menschen, 3D-Muster zu erkennen, genutzt, um die Proteinfaltungssoftware zu verbessern.

→ Welche Bedeutung hat die räumliche Struktur von Proteinen bei der Erfüllung ihrer Aufgaben in lebenden Systemen?

Lernweg

- 1** Proteine erfüllen vielfältige Aufgaben in Organismen.
- a) Bearbeiten Sie in arbeitsteiligen Gruppen jeweils eines der Materialien **M1** bis **M6**. Ermitteln Sie folgende Fakten und Zusammenhänge:
- Funktionen der einzelnen Proteine und Zusammenhang mit deren räumlicher Struktur
 - jeweils von außen sicht- bzw. messbares Erscheinungsbild
 - Vorgänge, die auf der Teilchenebene ablaufen.
- Recherchieren Sie mithilfe einer wissenschaftlichen Suchmaschine mindestens ein zusätzliches Beispiel.



03012-020

- b) Tragen Sie die Ergebnisse aller Expertengruppen auf dem Arbeitsblatt (→ **QR 03012-020**) zusammen und formulieren Sie einen zusammenfassenden Text zur Bedeutung der Proteine bei der Merkmalsausprägung. Berücksichtigen Sie dabei auch die direkte und indirekte Rolle der Proteine.

- 2** Proteine werden ihrer Gestalt nach in globuläre (kugelige) und fibrilläre (fadenförmige) Proteine unterteilt. Entscheiden Sie ausgehend von den Aufgaben der Proteine in **M1** bis **M6**, in welchen Fällen eine fibrilläre Gestalt besonders wichtig ist und begründen Sie Ihre Entscheidung.

M1 Strukturproteine

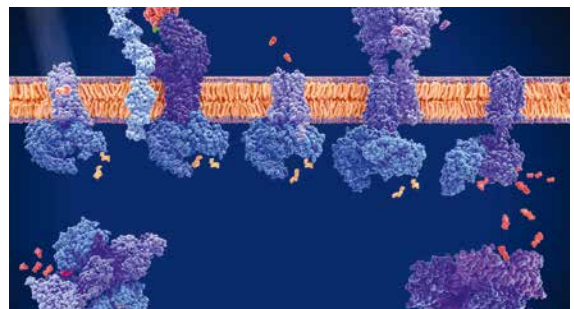
Spinnenseide (B1) gilt aufgrund ihrer hohen Elastizität und Reißfestigkeit als Werkstoff der Zukunft. Die Eigenschaften erhält sie u. a. durch ihren Aufbau aus langgestreckten Proteinen. Auch andere Strukturproteine sind für die Form, die Dehnbarkeit und die Festigkeit von Körpergeweben und -strukturen verantwortlich. So sind Haare, Nägel und Hufe von Säugetieren, Vogelfedern oder Reptilienschuppen aus **Keratin** (Horn) aufgebaut. Auch das **Kollagen**, das im Bindegewebe von Haut, Sehnen, Knochen und Knorpeln zu finden ist, besteht aus Proteinen.



B1 Seidenspinnne auf ihrem Netz

M2 Rezeptorproteine

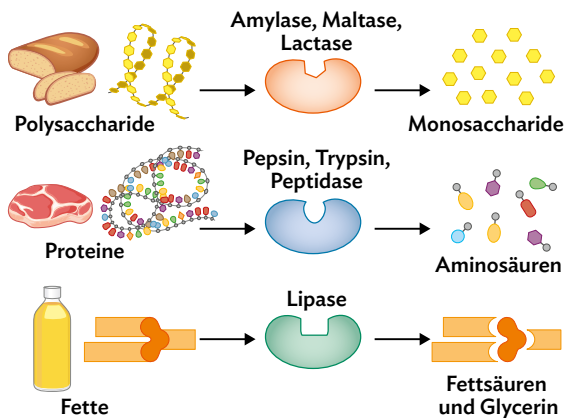
In der Zellmembran sind Proteine eingelagert, an die bestimmte Signalmoleküle spezifisch binden und damit eine Signalkaskade auslösen können. Solche **Rezeptorproteine (B2)** spielen bei der Kommunikation zwischen Zellen, z. B. an Synapsen, eine wichtige Rolle. Auch die Wahrnehmung chemischer Signale durch **Riech-** oder **Geschmacksinneszellen** ist nur durch Rezeptorproteine möglich. Auch bei der Regulation des Blutzuckergehalts sind Rezeptorproteine beteiligt, an die die Hormone Insulin bzw. Glukagon binden können.



B2 Verschiedene Rezeptoren in der Zellmembran

M3 Enzyme

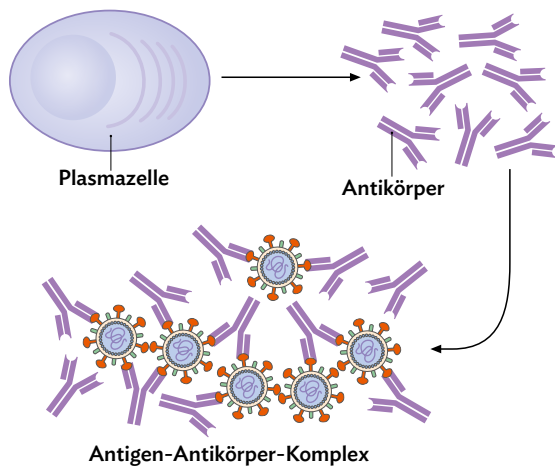
Die meisten biochemischen Reaktionen im Körper sind nur durch Enzyme, die als Biokatalysatoren wirken, möglich oder werden durch diese stark beschleunigt bzw. gesteuert. Beispielsweise katalysieren Verdauungsenzyme wie die **Amylase** den Abbau von Nährstoffen in ihre Bestandteile (B3). **Polymerasen** und **Transkriptionsfaktoren** regulieren wichtige Schritte in der Proteinbiosynthese.



B3 Überblick über ausgewählte Verdauungsenzyme

M5 Abwehrproteine

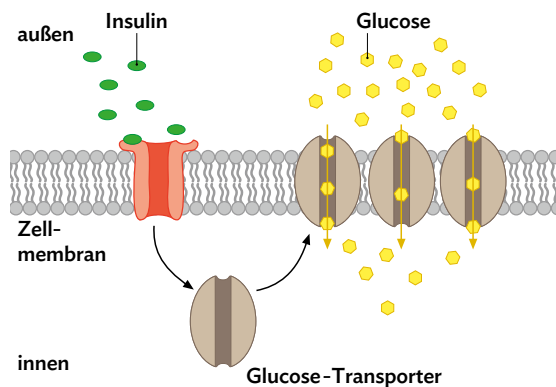
Die Immunantwort unseres Körpers auf Fremdkörper ist stark von Proteinen abhängig. So besitzen einige Zellen des Immunsystems **MHC-Proteine** auf ihrer Oberfläche, mit denen sie Antigene fremder Zellen präsentieren. Diese MHC-Proteine werden von anderen Zellen erkannt, die daran binden, die nötige Information über die Antigene erhalten und eine Reaktion auslösen. Auch **Antikörper** (B5) bestehen aus Proteinen, die spezifisch zu Oberflächenstrukturen fremder Zellen oder Krankheitserregern passen, wie ein Schlüssel zu einem Schloss.



B5 Produktion und Wirkung von Antikörpern

M4 Transportproteine

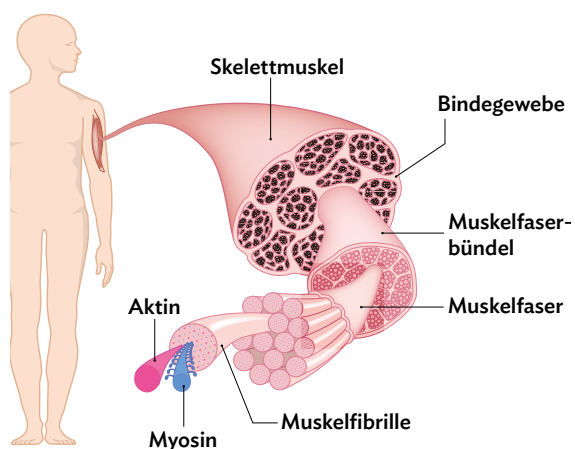
Die Spezialisierung von Zellen und die Einteilung in unterschiedliche Reaktionsräume in Zellen bzw. in Organismen erfordert den Transport von Stoffen. Transportproteine dienen in Form von **Tunnel-** oder **Carrierproteinen** dem regulierten Transport von Stoffen durch die Biomembran (B4). **Hämoglobin** unterstützt den Atemgastransport im Blutkreislauf.



B4 Glucose-Transport-Proteine regulieren den Transport der Glucose-Moleküle vom Blut in die Zelle

M6 Bewegliche Proteine

Eigenständige Bewegung ist eines der Kennzeichen, die Lebewesen von ihrer nicht belebten Umgebung unterscheidet. Diese wird u. a. durch bewegliche Proteine ermöglicht. Die Proteine **Aktin** und **Myosin** sind langkettige Proteine, die sich unter Energieaufwand gegeneinander verschieben und so eine Muskelverkürzung bewirken. Auch innerhalb der Zelle sind es Proteine, die als Bestandteile des Zytoskeletts u. a. für den Transport von Stoffen und Zellorganellen sorgen.



B6 Aufbau eines Muskels

2.13 Genwirkketten und deren Unterbrechung



In der Industrie werden Produkte wie z. B. Autos häufig massenhaft durch sog. Fließfertigung hergestellt. Dabei wird der Herstellungsprozess in viele Einzelschritte unterteilt, die jeweils von darauf spezialisierten Mitarbeitern bzw. Maschinen durchgeführt werden.

In einer Zelle werden nicht nur Proteine, sondern auch andere Stoffe im Stoffwechsel über mehrere Teilschritte produziert.

→ Ist die Stoff-Produktion in einer Zelle mit der Fließfertigung vergleichbar? Welche Vor- und Nachteile ergeben sich daraus?

Lernweg

- 1 Anhand von Mangelmutanten kann man Synthesewege nachvollziehen (M1).
 - a) Skizzieren Sie B2 in Ihren Unterlagen und ergänzen Sie die entsprechenden Stoffe.
 - b) Ordnen Sie die Mangelmutanten 1 bis 3 jeweils einer möglichen Stoffwechselunterbrechung begründet zu und definieren Sie den Begriff „Genwirkkette“.
 - c) Erklären Sie, inwiefern das Experiment die lange als gültig angesehene „Ein-Gen-ein-Enzym-Hypothese“ von BEADLE und TATUM unterstützt.
 - d) Begründen Sie die Bedeutung des Experiments mit den nicht bestrahlten Schimmelsporen (Wildtyp).
- 2 eA Knock-Out-Mäuse können wertvolle Hinweise zur Funktion von Genen liefern (M2).
 - a) Beschreiben Sie ihre Produktion (B3) und recherchieren Sie konkrete Anwendungsmöglichkeiten.
 - b) Der Verlust des Leptin-Gens führt bei Mäusen zu Fettleibigkeit. Diskutieren Sie in der Gruppe die Übertragbarkeit dieser Erkenntnis auf den Menschen.
- 3 eA Der Phenylalanin-Stoffwechsel zeigt beispielhaft die Zusammenhänge von Genwirkketten.
 - a) Ordnen Sie die vier Erkrankungen aus M3 den Ziffern 1 bis 4 in B4 zu und erklären Sie jeweils deren genetische Ursache sowie funktionale Auswirkung.
 - b) Auf vielen Light-Produkten findet man den Hinweis „enthält eine Phenylalaninquelle“. Begründen Sie, für welche Träger einer bestimmten Stoffwechselblockade dieser Hinweis wichtig ist.

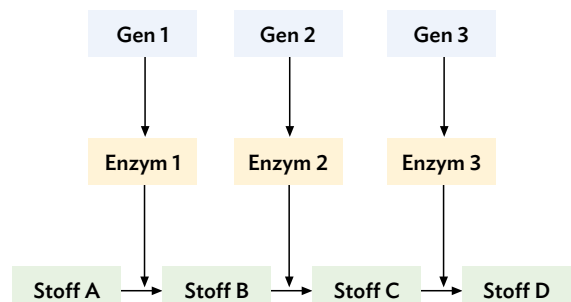
M1 Genwirkketten

Der Brotschimmel *Neurospora crassa* kann problemlos in einem Nährmedium mit wenigen Mineralsalzen, dem Zucker Saccharose, dem Vitamin Biotin und ausreichender Feuchtigkeit gezüchtet werden. Aus diesen Stoffen kann der Brotschimmel alle anderen Stoffe, die er zum Überleben braucht, selbst synthetisieren. 1941 bestrahlten die Genetiker G. W. BEADLE und E. L. TATUM Brotschimmelsporen mit Röntgenstrahlen und erzeugten auf diese Weise Zellen, deren Erb-

	Nährmedium	+ Ornithin	+ Citrullin	+ Arginin
Vermehrung Wildtyp				
Mutante 1				
Mutante 2				
Mutante 3				

B1 Ergebnisse der Experimente mit Brotschimmel

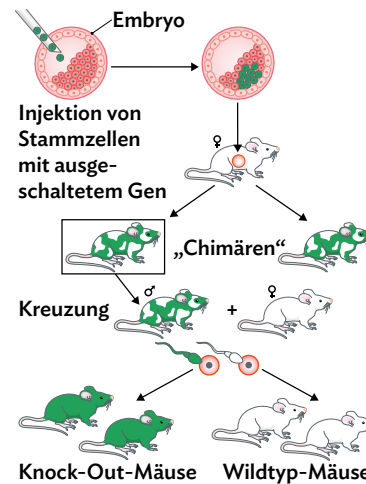
substanz verändert war – sog. Mutanten. Verschiedene Mutanten konnten sich nur vermehren, wenn ein bestimmter Stoff dem Nährmedium zugesetzt wurde. Aus ihren Experimenten (B1) schlossen BEADLE und TATUM, dass diese Mangelmutanten einzelne Stoffwechselreaktionen nicht mehr durchführen konnten. Sie gingen davon aus, dass die Synthese der Aminosäure Arginin aus einer Vorstufe über die zwei Zwischenprodukte Ornithin und Citrullin erfolgt (B2).



B2 Schlussfolgerung von BEADLE und TATUM: Genwirkkette

M2 eA Knock-Out-Organismen – wichtige Modellorganismen

In den Experimenten von BEADLE und TATUM konnten Veränderungen im Erbgut nur zufällig hervorgerufen werden. Erste Modellorganismen, bei denen **gezielt** Gene dauerhaft ausgeschaltet werden konnten, waren sog. „**Knock-Out-Mäuse**“ (B3): Man verändert zunächst embryonale Mäusestammzellen derart, dass z. B. ein bestimmtes Gen nicht mehr transkribiert werden kann. Im Anschluss injiziert man diese veränderten Stammzellen in einen im Anfangsstadium heranwachsenden Mäuse-Embryo und überträgt diesen wiederum in eine weibliche Wildtyp-Maus. Es entstehen schließlich Nachkommen mit zwei unterschiedlichen Zelltypen: Ein Teil besitzt das funktionierende Gen, in anderen Zellen ist es ausgeschaltet. Man spricht von „chimären“ Organismen. Kreuzt man diese „Chimären“ mit einer Wildtyp-Maus, entstehen z. T. sog. „Knock-Out-Mäuse“ mit dauerhaft stillgelegtem Gen in allen Zellen (transgene Mäuse) und Wildtyp-Mäuse. Für dieses Verfahren wurde 2007 der Medizin-Nobelpreis verliehen, da durch das gezielte Ausschalten **eines** Gens die daraus **resultierenden Mängel** morphologisch, physiologisch und biochemisch analysiert werden können. Dies ist für die Erforschung von Krankheitsursachen und die Entwicklung von Therapiewirkstoffen von größter Bedeutung. In der Grundlagenforschung kann man durch das gezielte Abschalten von Genen Rückschlüsse auf ihre Arbeitsweise sowie ihre jeweilige Funktion bzw. die des Genproduktes ziehen.

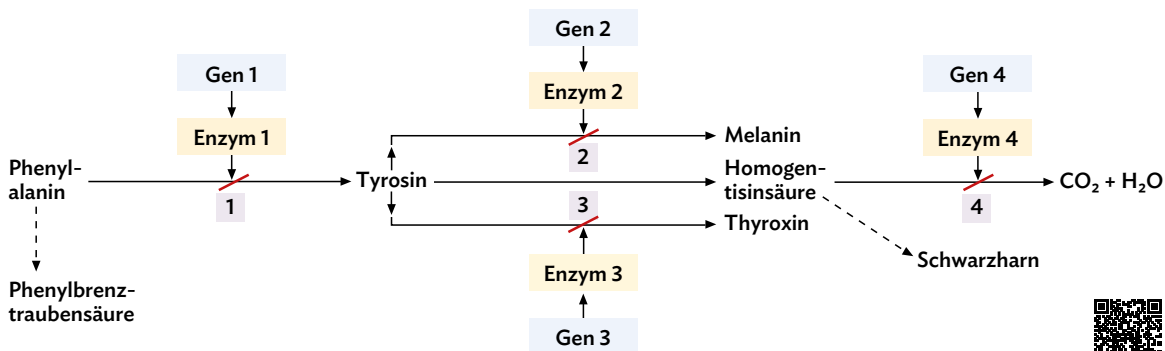


B3 Schema zur Produktion von Knock-Out-Mäusen

M3 eA Phenylalanin-Stoffwechsel beim Menschen

Die Verarbeitung des aus der Nahrung aufgenommenen Phenylalanins im menschlichen Organismus ist in B4 dargestellt. Patientinnen und Patienten mit **Kretinismus** sind von frühester Kindheit an stark in ihrer geistigen Entwicklung eingeschränkt und das Körperwachstum ist stark verlangsamt. Hier liegt meist ein genetischer Defekt zugrunde, wobei Tyrosin nicht in das Schilddrüsenhormon Thyroxin umgewandelt werden kann, welches u.a. an der Regelung des Energiestoffwechsels beim Menschen beteiligt ist. Menschen mit **Albinismus** haben in der Regel eine sehr helle Haut, blonde Haare und häufig rötliche Augen mit eingeschränkter Sehkraft. Da in der Haut kein schützendes Melanin gebildet werden kann, besteht im Sonnenlicht eine erhöhte Hautkrebsgefahr. Das Pigment Melanin wird normalerweise in unserem Stoffwechsel über mehrere Schritte aus Tyrosin gebildet und ist für die Dunkelfärbung von Haut, Haaren oder Augen verantwortlich. Phenylalanin kann auch zur Homogentisinsäure umgebaut werden,

die enzymkatalysiert schließlich zu Kohlendioxid und Wasser abgebaut wird. Im Falle der **Alkaptonurie** findet der letzte Schritt nicht statt, sodass die Homogentisinsäure über den Harn ausgeschieden wird. Mit Sauerstoff oxidiert diese sehr leicht und färbt sich dunkel, sodass der sog. „Schwarzharn“ entsteht, der aber keine weiteren Folgen hat. Die Säure kann sich allerdings auch in den Gelenken ablagern und zu Gelenkentzündungen führen. **Phenylketonurie (PKU)** tritt auf, wenn durch ein funktionsloses Enzym die Aminosäure Phenylalanin nicht zu Tyrosin umgewandelt werden kann. Als Folge reichert sich Phenylalanin bzw. Phenylbrenztraubensäure im Körper an. Dies schädigt vor allem die Zellen des Nervensystems, was unbehandelt zu einer geistigen Behinderung führt. In Deutschland gehört die Untersuchung auf PKU zum Neugeborenen-Screening. Liegt diese Stoffwechselstörung vor, muss eine lebenslange Diät mit phenylalaninarmer und tyrosinreicher Kost eingehalten werden.



B4 Phenylalanin-Stoffwechsel

Lernanwendung:



03012-021

2.14 Genregulation bei Eukaryoten



Der Schwalbenschwanz ist ein heimischer Tagfalter, der eine schwanzartige Verlängerung am Hinterflügel des adulten Tieres hat. Die Raupe des Schmetterlings fällt jedoch durch ihr leuchtendes Grün mit schwarz-orange-punktierten Querstreifen auf. Ihre Lebensweise ist völlig unterschiedlich. Dabei handelt es sich um das gleiche Individuum, mit identischer Erbinformation.

→ Wie kommt es zum Abruf so unterschiedlicher Informationen zu unterschiedlichen Zeitpunkten im Leben des Schwalbenschwanzes?

Lernweg

- 1 Der Schwalbenschwanz und seine Raupe besitzen trotz großer optischer Unterschiede die identische Erbinformation. Fassen Sie die Zielsetzung und Möglichkeiten der Genregulation innerhalb einer Zelle mithilfe von **M1** übersichtlich zusammen.
- 2 Genregulation kann die Transkriptionshäufigkeit eines Gens betreffen. Dem Start der Transkription kommt dabei eine besondere Bedeutung zu. Skizzieren Sie mithilfe von **M2** den Transkriptionsstart mit allen beteiligten Strukturen.
- 3 Etwa 10 % der Gene einer menschlichen Zelle codieren für Transkriptionsfaktoren. Übernehmen Sie **B2** vereinfacht in Ihre Unterlagen und ergänzen Sie Ihre Skizze mithilfe von **M2** und **M3** mit folgenden Begriffen: allgemeine Transkriptionsfaktoren, RNA-Polymerase, Coaktivator, Repressor, Aktivator, TATA-Bindungsprotein (Lernanwendung ➔ **QR 03012-022**). Erläutern Sie die Auswirkungen auf die Transkription mit unterschiedlich aktiven Transkriptionskomplexen (Arbeitsblatt ➔ **QR 03302-032**).
- 4 Die Wirbelsäule ist ein Beispiel für Homöobox-Gene (**M4**). Definieren Sie den Begriff und recherchieren Sie weitere Beispiele.



03012-022



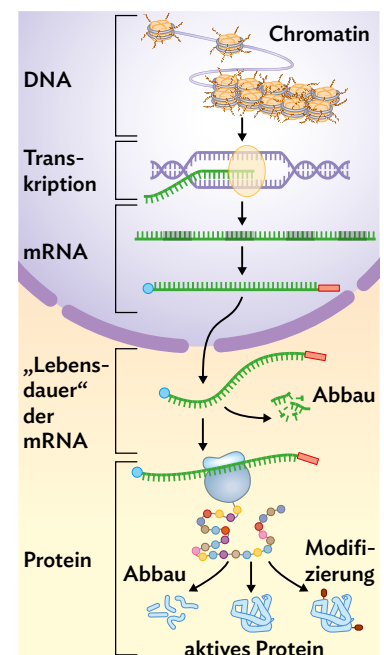
03302-032

M1 Ebenen und Ziele der Genregulation

Bei der Entwicklung eines Lebewesens müssen im Rahmen der Zelldifferenzierung aus den Embryonalzellen viele verschiedene Zelltypen, Gewebe und Organe gebildet werden. Man kann die genetische Information einer Zelle mit einem Ordner voller „Baupläne“ für ein großes Gebäude vergleichen. Für das gesäumte Gebäude werden alle Pläne benötigt, wenngleich temporär nur einzelne Pläne umgesetzt werden.

Die Umsetzung der genetischen Information zur Ausbildung von Strukturen in der Zelle nennt man **Genexpression**. Eine gezielte Steuerung dieser Genexpression sorgt für eine unterschiedliche Entwicklung jeder Zelle. Zudem muss der Organismus auf innere und äußere Signale reagieren können, z. B. bei einem veränderten Ernährungsverhalten, weshalb eine Kontrolle der Genexpression notwendig ist. Die dafür nötige Regulation der Genaktivität (= **Genregulation**) kann theoretisch bei jedem Schritt auf dem Weg vom Gen zum Genprodukt bzw. funktionellen Protein stattfinden (**B1**):

- DNA: Die Chromatindichte (➔ **2.4**) beeinflusst die Transkriptionswahrscheinlichkeit eines Gens.
 - Transkription: Regulation über Transkriptionsfaktoren (**M2**)
 - mRNA: Veränderung durch unterschiedliche Prozessierung oder Verhinderung der Translation durch Abbau
 - Genprodukt (i. d. R. Protein): Abbau oder strukturelle Modifizierung
- Auf jeder Ebene kann die Genexpression an- bzw. abgeschaltet oder beschleunigt bzw. gebremst werden (epigenetische Genregulation ➔ **2.15**, **2.16**). Auf diese Weise entsteht ein ganz bestimmtes **Expressionsmuster** in jeder Zelle.



B1 Genregulationsebenen in Zellen

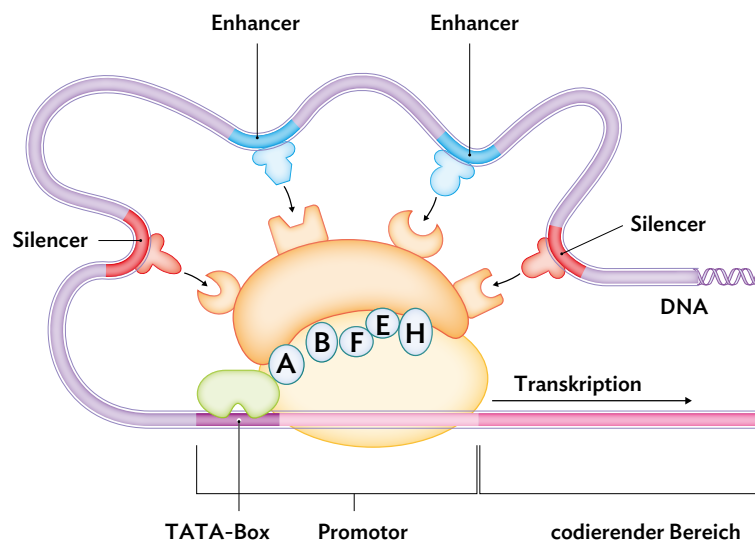
M2 Genregulation durch allgemeine Transkriptionsfaktoren

Eukaryotische Zellen müssen fortlaufend eine Vielzahl an Proteinen am richtigen Ort, zur richtigen Zeit und in der richtigen Menge produzieren, sodass eine ständige Anpassung an wechselnde Umweltbedingungen möglich ist. Eine wichtige Stellschraube zur Regulation ist dabei die Transkription innerhalb der Proteinbiosynthese (→ 2.4). Diese teilt man in drei Phasen ein: Initiation, Elongation und Termination. Bei der Initiation muss die RNA-Polymerase II an den sog. **Promotor** binden. Dies ist ein essenzieller Bestandteil eines Gens, der **vor** dem codierenden DNA-Bereich angesiedelt ist. Sein asymmetrischer Aufbau gibt zum einen die Leserichtung und den codogenen Strang (= Matrizenstrang) vor und zum anderen ermöglicht er eine regulierte Expression des Gens, da hier eine Reihe von Proteinen, die sog. **Transkriptionsfaktoren**, binden können. Diese ermöglichen

die Anlagerung der RNA-Polymerase II und die Initiation, sodass die Transkription starten kann. Der Promotor legt nicht nur den Transkriptionsstartpunkt fest, sondern beinhaltet ebenso im Abstand von ca. 25 Nukleotiden stromaufwärts (entgegengesetzt zur Ableserichtung der DNA) auf dem Nicht-Matrizenstrang eine sog. **TATA-Box** (viele Thymin-Adenin-Basen, meist im Wechsel). Erst wenn sich hier ein Transkriptionsfaktor, ein sog. **TATA-Bindungsprotein**, angelagert hat, kann dies auch die RNA-Polymerase II tun. Zusätzliche Transkriptionsfaktoren, die willkürlich von A bis H bezeichnet werden, docken dann schrittweise an die RNA-Polymerase II an. Erst wenn sich alle Transkriptionsfaktoren und die RNA-Polymerase II zu einem sog. Transkriptionskomplex zusammengelagert haben, kann die eigentliche Transkription beginnen.

M3 Spezifische Transkriptionsfaktoren

Transkriptionsfaktoren sind für alle Gene essenziell. Denn erst wenn sich ein vollständiger Transkriptionskomplex aufgebaut hat, kann die Transkription beginnen. Allerdings kann die Effizienz der Transkription durch spezifische Transkriptionsfaktoren noch wesentlich verändert werden. Es gibt weitere DNA-Sequenzen, die teilweise weit entfernt von dem eigentlichen Gen liegen und die Tätigkeit der Polymerase II verstärken (**Enhancer**) oder hemmen (**Silencer**) können. An Enhancer gebundene **Aktivatorproteine** bzw. an Silencer gebundene **Repressorproteine** docken über ein Verbiegen des DNA-Strangs an sog. **Coaktivatoren** an; das sind Proteine, die den Kontakt zur RNA-Polymerase II vermitteln (B2).



B2 Genregulation durch Transkriptionsfaktoren

M4 Homöobox-Gene

Homöobox-Gene sind Regulatoren für die Entwicklung. Sie codieren Proteine, die als Transkriptionsfaktoren wirken und so die Entwicklung der Körperstrukturen bewirken. Ein Abschnitt des Proteins besteht aus 60 Aminosäuren, die **Homöodomäne**, welche spezifisch an die DNA-Abschnitte der Zielgene bindet und deren Transkription so aktiviert oder abschaltet.

In der Reihenfolge, in der die Gene auf den Chromosomen sind, sind sie auch für die Entwicklung der Körperstrukturen zugehörig. Das heißt, die Gene, die früher abgelesen werden, betreffen auch für früher entwickelte Körperstrukturen.

Ein Beispiel ist die Entwicklung der Wirbelsäule des Menschen, wobei die Anordnung der Wirbel Hals-, Brust-, Lenden-, Kreuz- und Steißbeinwirbel durch die Aktivität der Homöobox-Gene bereits während der Embryogenese gesteuert wird.

Die Homöobox-Gene deuten auf wichtige grundlegende biologische Entwicklungsschritte hin. Die Gruppe dieser Gene wird auch als „stark konserviert“ bezeichnet. Dies bedeutet, dass es sich über lange evolutionäre Zeiträume nicht oder kaum verändert haben und eine Mutation so fatale Folgen hätte, dass sich diese nicht etablieren.

2.15 Epigenetische Genregulation



Mit dem Namen „CC“ (copy cat) wurde die erste geklonte Katze 2001 bezeichnet, die in der tiermedizinischen Fakultät der Texas University geboren wurde. Klone sind genetisch identische Individuen. CC wurde von einer Leihmutter ausgetragen, die getigert war (rechts). Ihre „Klonmutter“ war eine dreifarbige Katze (links) mit orangen, schwarzen und weißen Fellanteilen. Das CC-Kätzchen hatte jedoch andere Fellflecken als die Mutter.

→ Wie kann das bei identischem Erbgut sein?

Lernweg

- 1 Lebewesen sind mehr als die Summe ihrer Gene. In wissenschaftlichen Veröffentlichungen findet man viele Definitionen des Begriffs Epigenetik.
 - a) Definieren Sie den Begriff mithilfe von **M1** in eigenen Worten.
 - b) Recherchieren Sie, ob der Begriff der Epigenetik auch für Prokaryoten verwendet wird.
- 2 Die Steuerung der Genexpression über epigenetische Modifikationen unterliegt stärker den Einflüssen aus der Umwelt als die Regulation über Transkriptionsfaktoren.
 - a) Beschreiben Sie die Regulation der Genaktivität durch DNA-Methylierung auf molekularer Ebene (**M2**).
 - b) Aufgrund eines ärztlichen Rates wird der Anteil an Fetten in der Nahrung stark reduziert. Ziehen Sie einen Rückschluss auf die Regulierung der Gene für bestimmte Verdauungsenzyme auf molekularer Ebene.
- 3 Eineiige Zwillinge mit identischer Grundausstattung an DNA sind gerade im Rahmen der Epigenetik sehr wertvoll für die Forschung. Der Wissenschaftler MANEL ESTELLER (Universität Barcelona) hatte das
 - a) Methylierungsmuster bestimmter Chromosomen von 40 eineiigen Zwillingspaaren unterschiedlichen Alters (zwischen 3 und 74 Jahren) untersucht. Dabei konnte er feststellen, dass das Methylierungsmuster bei Zwillingen im Alter von drei Jahren nahezu identisch ist, mit zunehmendem Alter jedoch mal weniger, mal stärker voneinander abweicht (→ **2.17, B2**). Erläutern Sie das Zustandekommen dieser Unterschiede mithilfe von **M2**.
 - b) Die Geschlechtschromosomen bestimmen, ob ein Organismus weiblich (XX) oder männlich (XY) ist.
 - a) Entwickeln Sie mithilfe von **M3** eine Modell-Skizze zur Inaktivierung des X-Chromosoms.
 - b) Die Inaktivierung eines X-Chromosoms bezeichnet man auch als „Dosis-Kompensierung“. Erläutern Sie diese Begriffsverwendung.
 - c) Sog. Schildpatt-Katzen sind fast immer Weibchen, deren Fell orange und schwarze Regionen aufweist. Das Gen für die Fellfarbe befindet sich auf dem X-Chromosom und zwar entweder in der Variante für orange oder in der für schwarz. Erklären Sie das Zustandekommen der orangen und schwarzen Fellflecken (Hilfen → **QR 03012-023**).



03012-023

M1 Verschiedene Definitionen zur Epigenetik

„Diese molekularen Mechanismen sorgen – abhängig von äußeren Umständen – dafür, dass Gene stärker oder schwächer abgelesen werden. Die dort in der DNA-Sequenz hinterlegte Information wird dabei nicht verändert.“
(Spektrum der Wissenschaft)

„Epigenetik ist die Weitergabe erworbener Information ohne Veränderung der DNA-Sequenz.“
(Thomas Jenuwein, MPI für Immunbiologie und Epigenetik)

„Epigenetische Modifikationen sind reversible chemische Veränderungen der DNA [...]. Diese chemischen Veränderungen sorgen dafür, dass Proteine, die die Genexpression vermitteln, angezogen oder abgestoßen werden. Auf diese Weise können epigenetische Modifikationen Genexpression beeinflussen und die jeweils spezifischen Expressionsmuster der verschiedenen Zelltypen definieren.“
(Max-Planck-Gesellschaft)

B1 Unterschiedliche Definitionsansätze für Epigenetik

2.16 RNA-Interferenz und Histonmodifikationen eA



Eine der größten genetischen Entdeckungen in neuerer Zeit begann um 1990 mit einem Rückschlag. Eigentlich sollte die Blütenfarbe von Petunien nach tiefviolett verstärkt werden, stattdessen entstanden aber nur violett-weiße bzw. ganz weiße Blüten. Man hatte durch die Einbringung eines zusätzlichen Gens aus Versehen die Expression eines Enzyms zur Ausbildung der Blütenfarbe unterdrückt. Die Klärung der Wirkungsweise und deren Nutzung als gezielt einsetzbare Technik wurde 2006 mit dem Nobelpreis für Medizin belohnt.

→ Wie kann die Realisierung eines Gens unterdrückt werden?

Lernweg

- 1** RNAs werden nicht immer in Proteine übersetzt.
 - a) Strukturieren Sie die unterschiedlichen ncRNA-Typen in **M1** übersichtlich.
 - b) Erläutern Sie mithilfe des Basiskonzeptes Steuerung und Regelung die Bedeutung von miRNA auf molekularer Ebene und auf der Ebene des Organismus.
 - c) Beurteilen Sie die Gültigkeit der Ein-Gen-ein-Protein-Hypothese von BEADLE und TATUM (↪ **2.13**).
- 2** Aufgrund einer Unterdrückung der Genexpression konnte in den weißen Petunien-Blüten kein Farbstoff mehr gebildet werden.
 - a) Beschreiben Sie die Schritte 1 bis 6 in **B1** (**M2**, Lernanwendung ↪ **QR 03012-024**) und erklären Sie die Wirkungsweise der micro-RNA (miRNA) anhand des Beispiels der Petunien-Blüten (siehe oben).
 - b) Ziehen Sie Rückschlüsse auf die Wirksamkeit der RNAi gegen virale doppelsträngige RNA (dsRNA, **B1**, 7).
- 3** Erläutern Sie die Notwendigkeit und Verwirklichung der Verpackung der DNA im Zellkern (**M3**) sowie die Möglichkeit der Regulation benötigter Gene in einer Hautzelle und einer Nervenzelle.
- 4** Eineiige Zwillinge entwickeln sich im Laufe ihres Lebens trotz identischer DNA unterschiedlich. Untersuchungen der Genaktivität ergaben, dass bei den Zwillingspaaren gleiche Gene unterschiedlich aktiv sein können. Erklären Sie anhand Ihrer Erkenntnisse aus den Vorkapiteln (↪ **2.15**, **2.16**) die unterschiedlichen Merkmalsausprägungen bei eineiigen Zwillingen im Laufe ihres Lebens.



03012-024

M1 Verschiedene nicht-codierende RNAs

Ca. 98 % der DNA des menschlichen Genoms enthalten keine Informationen für den Aufbau von Proteinen. Diese DNA-Abschnitte werden nicht in mRNA übersetzt und codieren somit nicht für Proteine. Forschende fanden heraus, dass mithilfe einiger dieser DNA-Bereiche sog. nicht-codierende Ribonukleinsäuren (**ncRNA**) gebildet werden. Hierbei handelt es sich um eine ganze Gruppe von RNA-Molekülen mit unterschiedlichen Längen und Aufgaben. In Eukaryoten machen ncRNAs den weitaus größten Teil (bis zu 98 %) der durch Transkription gebildeten RNA-Moleküle aus. Grob unterscheidet man zunächst zwischen langen RNAs (lncRNA = long non-coding RNA) mit mehr als 200 Nukleotiden und kurzen RNAs (sncRNA = short non-coding RNA) mit weniger als 30 Nukleotiden.

Zu den lncRNAs gehören die ribosomalen RNAs (rRNA) und die transfer-RNAs (tRNA). Außerdem zählen RNA-Moleküle dazu, die z. B. zusammen mit Proteinen im

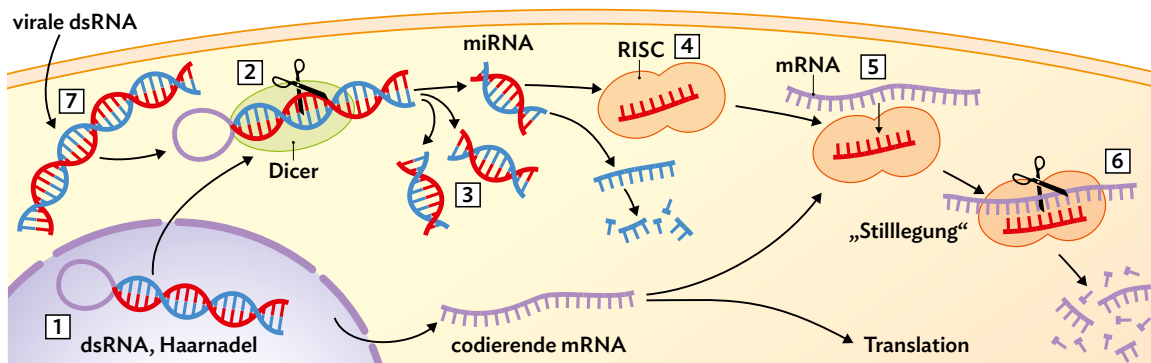
Rahmen der mRNA-Prozessierung (↪ **2.4**) v. a. beim Spleißen der Introns mitwirken, sowie solche, die wie Enzyme wirken und z. B. RNA abbauen können.

Zu den sncRNAs der Eukaryoten gehören die **miRNAs** (micro-RNA) bzw. **siRNAs** (small-interfering RNA). Man schätzt, dass es etwa 1.000 verschiedene miRNAs gibt, die im menschlichen Organismus die Aktivität von ca. 30 % der Gene kontrollieren, v. a. im Bereich des Immunsystems. Sie wirken posttranskriptional auf der Ebene der mRNA und können die Expression eines Gens sogar gänzlich verhindern („Gen-Knock-Out“). Eine weitere Aufgabe ist die Infektionsabwehr. Im menschlichen Genom stammen etwa 45 % der DNA-Sequenzen aus dem Genom eingedrungener Viren. Die von solchen Sequenzen transkribierte mRNA kann mithilfe der miRNA stillgelegt werden. Auch die von der Zelle vervielfältigte Virus-RNA (↪ **2.8**) kann mithilfe der miRNA-Moleküle erkannt und abgebaut werden.

M2 Genregulation durch RNA-Interferenz (RNAi)

Die Regulation der Genaktivität kann bei Eukaryoten im Zytoplasma posttranskriptional auf der Ebene der mRNA über die sog. **RNA-Interferenz** (RNAi) erfolgen. Dieser Vorgang läuft in mehreren Schritten ab (B1, 1–6). Zunächst wird ein Gen transkribiert, dessen entsprechende RNA 500 bis 1.000 Nukleotide lang ist, einen Poly-A-Schwanz sowie eine Cap besitzt und aufgrund teilweiser Basenpaarungen eine Schleife ausbildet. Die doppelsträngige RNA (dsRNA) wird noch im Zellkern auf ca. 70 bis 80 Nukleotide gekürzt und bildet durch Verdrillen eine typische Haarnadelstruktur. Diese dsRNA gelangt ins Zytoplasma und wird von einem speziellen Enzym (**Dicer**) in kurze Stücke mit 17 bis 24 Basenpaaren zerschnitten, sodass **miRNAs** entstehen. Diese doppelsträngigen miRNAs werden innerhalb des En-

zymkomplexes **RISC** (RNA-induced silencing complex) in die beiden RNA-Stränge getrennt und einer davon abgebaut. Der andere Einzelstrang dient als Erkennungsstrang für die codierende mRNA, welche daran angelagert werden kann. Ist die Basenpaarung bei der Anlagerung völlig komplementär, wird die gebundene mRNA anschließend abgebaut und das Gen somit stillgelegt. Sind nur Teile der codierenden mRNA komplementär zur miRNA, wird lediglich die Translation zum Protein (zeitweise) gehemmt, da die mRNA erhalten bleibt. Durch RNAi kann eine Zelle auch eingedrungene oder bereits vervielfältigte dsRNA von Viren (B1, 7) unschädlich machen. In der Wissenschaft kommt die RNAi-Technik z.B. in der Grundlagenforschung zum Einsatz, um die Funktion einzelner Gene zu ermitteln.

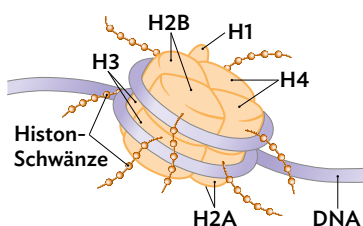


B1 Einzelschritte bei der RNA-Interferenz

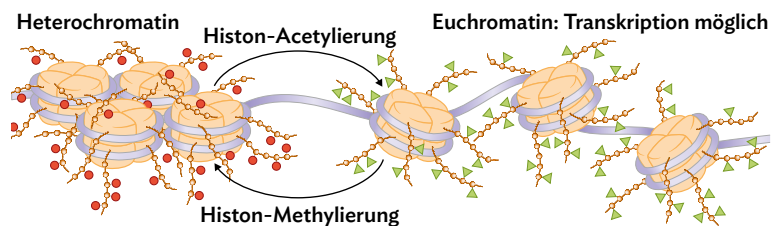
M3 Genregulation durch Histonmodifikation

Damit die DNA-Doppelstränge mit einer Gesamtlänge von ca. 2 m in den nur ca. 5–16 µm großen Zellkern passen, wird die DNA durch Bildung von Nukleosomen verdichtet (→ 2.4, M3). Ein Nukleosom wird von einem Komplex aus acht Histon-Proteinen (je zweimal H2A, H2B, H3, H4) gebildet, um den der DNA-Doppelstrang gewickelt ist. Ein weiteres Histon-Protein H1 sorgt durch das Verbinden des eintretenden und austretenden DNA-Doppelstrangs für den Zusammenhalt (B2). Jedes Nukleosom ist über eine linker-DNA mit dem nächsten Nukleosom verbunden, sodass der Aufbau im elektronenmikroskopischen Bild an eine Perlenkette erinnert. Histone haben zudem auch eine wichtige regulatorische Funktion bei der Genexpression.

Die Enden der Histon-Proteine ragen als Aminosäureketten aus dem Nukleosom heraus. An diesen „Histonschwänzen“ können reversible chemische Veränderungen stattfinden, wie z.B. **Methylierung** oder **Acetylierung**. In Abhängigkeit vom Grad der **Histonmodifikationen** wird zum einen die Bindung des DNA-Doppelstrangs an den Histonen (B3) und zum anderen die Anlagerung weiterer Proteine, z.B. Transkriptionsfaktoren, beeinflusst. Dadurch kann die Transkription blockiert oder gefördert werden. Aufgrund der variantenreichen Regulation spricht man vom sog. „**Histon-Code**“, der durch seine Genregulation maßgeblich an zellulären Prozessen beteiligt ist.



B2 Aufbau eines Nukleosoms



B3 Genregulation durch Histonmodifikation – „Lesbarkeit“ der DNA

2.17 Bedeutung der Genregulation



In einem Bienenvolk gibt es eine Königin und viele Arbeiterinnen, die viel kleiner sind und nur 4 bis 6 Wochen leben, während die Königin bis zu drei Jahre alt werden kann. Die Arbeiterinnen versorgen im Laufe ihres Lebens die Brut, verteidigen den Bienenstock und sammeln Pollen sowie Nektar. Nur die Königin kann sich fortpflanzen und Eier legen. Dabei besitzen alle Arbeiterbienen die gleiche Erbsubstanz wie die Bienenkönigin.

→ Wie sind diese Unterschiede im Aussehen und der Aufgabenverteilung trotz identischer DNA-Ausstattung möglich?

Lernweg

1 Die Zelldifferenzierung innerhalb eines Organismus trotz identischer DNA-Ausstattung lässt sich mit der klassischen Genetik nicht darstellen (M1).

a) Erklären Sie den Begriff „epigenetische Modifikation“.

b) Planen Sie ein Vorgehen zur experimentellen Überprüfung der Bedeutung der DNA-Methyltransferase für die unterschiedliche Larvenentwicklung bei Bienen (Hilfen → QR 03012-025).



2 Umwelteinflüsse verändern das Epigenom (M2).

a) Erläutern Sie den Einfluss von Umweltveränderungen auf die Genexpression mithilfe des Experiments der „Einbeinradler“.

b) Beurteilen Sie die Aussagekraft der Ergebnisse hinsichtlich möglicher Fehlerquellen.

c) Fassen Sie die Vorteile einer epigenetischen Genregulation zusammen.

d) Diskutieren Sie, ob wir v. a. durch unsere Gene oder Umwelt geprägt werden („nature versus nurture“).

3 Im Laufe eines Lebens kommt es zur Alterung des Organismus (M3).

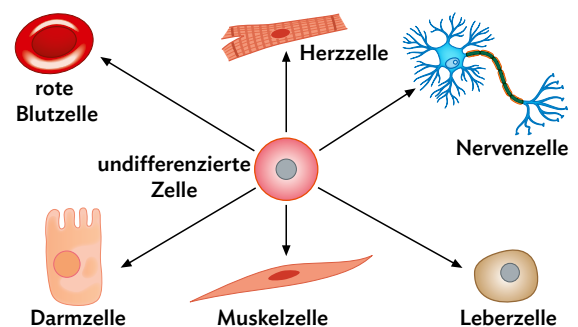
a) Beschreiben Sie die Veränderungen im Epigenom, die dafür verantwortlich sind, und erklären Sie deren Bedeutung anhand von B3.

b) Bearbeiten Sie das Arbeitsblatt zur Zellalterung (→ QR 03302-033).



M1 Zelldifferenzierung durch epigenetische Modifikation

Die geschätzte Zellzahl eines menschlichen Körpers beträgt etwa 10-100 Billionen Zellen, welche durch Teilung aus einer einzigen befruchteten Eizelle hervorgehen. Trotz **identischer DNA-Ausstattung** müssen sich aus den embryonalen Zellen ca. 200 unterschiedliche Zelltypen in unterschiedlichen Geweben und Organen im Körper eines Menschen bilden (B1). Vergleichende Untersuchungen der **Genexpression** bei Zellen verschiedener Gewebe zeigen deutliche Unterschiede in der Transkriptionsrate vieler Gene. Diese Unterschiede beruhen aber nicht auf einer Veränderung der DNA-Basensequenz, sondern werden durch bestimmte Signale bzw. Umwelteinflüsse ausgelöst. Man bezeichnet sie als epigenetische Modifikationen. Diese sind bei allen Eukaryoten wie z. B. Hefen, Pflanzen und auch Bienen bekannt. Forschende fanden heraus, dass die unterschiedliche Entwicklung von Bienenkönigin und Arbeiterin aufgrund eines unterschiedlichen DNA-Methylierungsmusters zustande kommt. Zu Beginn ihres Lebens werden alle Bienenlarven mit protein- und fettreichem Gelée Royal gefüttert. Anschließend erhalten nur die Larven, die sich zu neuen Königinnen entwickeln sollen, weiterhin Gelée Royal, während die anderen mit Nektar und Pollen gefüttert



B1 Zelldifferenzierung

werden. Die unterschiedliche Nahrung wirkt als Umweltreiz auf die Aktivierung oder Inaktivierung bestimmter Gene in der Larvenentwicklung. Bei Königinnen-Larven wird z. B. die DNA-Methyltransferase gehemmt (→ 2.15, M2), so dass bestimmte Bereiche von Genen nicht methyliert werden und Transkriptionsfaktoren andocken können. Als Folge werden die betroffenen Gene abgelesen und die entsprechenden Genprodukte hergestellt. Bei Larven, die sich zu Arbeiterinnen entwickeln, ist das nicht der Fall.

M2 Einfluss der Umwelt auf die Genregulation

Forschende, die untersuchen inwiefern Umweltfaktoren, Lebensstil und andere äußere Einflüsse sich auf die Genaktivität auswirken, werden als Epigenetiker bezeichnet (B2). Verschiedene Faktoren haben Einfluss darauf, ob bzw. wie stark ein Gen exprimiert wird: das Vorliegen von Transkriptionsfaktoren (→ 2.14), die vorhandene DNA-Methylierung (→ 2.15), das Vorliegen der DNA als Eu- oder Heterochromatin aufgrund der bestehenden Histon-Modifikation (→ 2.16) sowie das Auftreten von RNA-Interferenz (→ 2.16). Man fasst diese epigenetischen Veränderungen des Genoms einer Zelle als das Epigenom zusammen. Ändert sich das **Epigenom**, wechselt die Zelle ihr Programm. Zur Untersuchung dieser Prozesse ließen Forschende des Karolinska-Instituts der Universität Stockholm untrainierte Probanden über drei Monate ihre Beinmuskulatur auf einem speziellen einbeinigen Ergometer trainieren. Das andere Bein blieb untrainiert. Während des Trainings wurden über Gewebeproben die epigenetischen Strukturen im Erbgut der Muskelzellen analysiert. Hierbei zeigten sich signifikante Änderungen in der Genexpression. Besonders häufig wurden Veränderungen an Enhancer-Bereichen bestimmter Gene festgestellt. Nachweislich wurden die Gene zum Muskelfaseraufbau, zum Zellenergiehaushalt und zur Bildung von speicherndem Fettgewebe aktiviert. Die Folgen waren äußerlich als Muskelzuwachs zu erkennen, wie man es von trainierten Muskeln kennt. Der Körper reagierte auf das Training, indem er nachweislich die Genexpression in

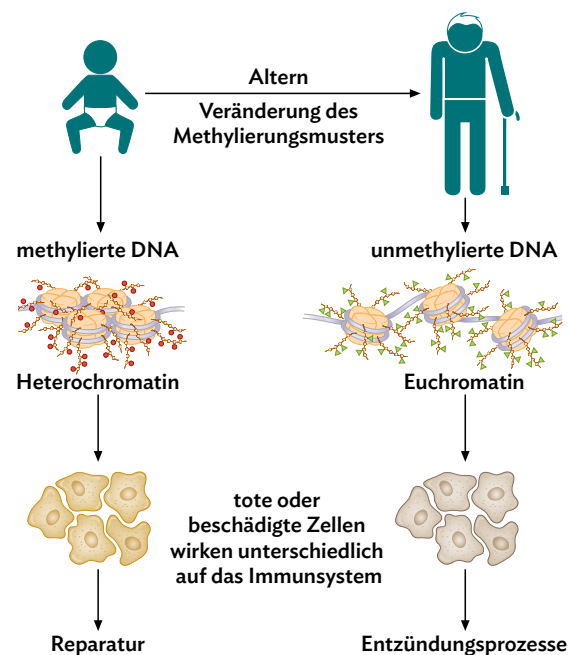


B2 Epigenetiker beim Durchführen verschiedener Analysen

den Muskelzellen veränderte. Dass auch andere **Umwelteinflüsse** den Methylierungsgrad der DNA bestimmen, zeigt sich im Vergleich des Methylierungsmusters von eineiigen **Zwillingen**: Bei Neugeborenen lässt sich hier kein Unterschied feststellen. Mit fortschreitendem Alter weichen die Methylierungsmuster jedoch immer weiter voneinander ab. Die Zellen können demnach sehr flexibel und schnell auf sich verändernde Umweltbedingungen reagieren. Ein weiterer Sinn der Stilllegung von DNA liegt im **Schutz** vor virusähnlichen Sequenzen, die sich im Laufe von Jahrmillionen im Erbgut der Wirtszellen eingelagert haben. Diese DNA-Sequenzen können sich spontan vervielfältigen und an irgendeiner anderen Stelle im Genom wieder einbauen. Sie machen ca. 40 % des menschlichen Erbguts aus.

M3 Die epigenetische Uhr

„Man ist stets so alt, wie man sich fühlt.“ Dieser Spruch ist vielen bekannt. Mithilfe epigenetischer Strukturen ist es möglich, das biologische Alter mit dem wahren Alter eines Menschen zu vergleichen. Denn im Laufe der Jahre verändert sich das menschliche Epigenom auf charakteristische Art und Weise (B3), wobei der Anteil unmethylierter DNA im Gesamtgenom ansteigt (DNA-Hypomethylierung). Die auftretenden Veränderungen sind dabei nicht nur die Folgen von Alterserscheinungen, sondern meist auch die Auslöser dafür. Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftlern ist es gelungen, mithilfe des DNA-Methylierungsmusters das Alter verschiedener Zellen und Gewebe auf wenige Jahre genau zu berechnen. Diese Methode wird als **epigenetische Uhr** bezeichnet. Sie hilft z. B. bei der Prognose von typischen Alterskrankheiten oder in der Kriminalistik zur Altersbestimmung von Tätern. Es gibt allerdings auch Menschen, die biologisch besonders schnell oder besonders langsam altern. Dann weichen biologisches und epigenetisches Alter mehr oder weniger weit voneinander ab. Der Effekt einer langsamen Veränderung des Methylierungsmusters (Alterung des Epigenoms) wird durch das biologische Alter relativiert und umgekehrt. Es gibt allerdings Hinweise darauf, dass ein schnelles Altern mit einem erhöhten Krankheitsrisiko für den Menschen einhergeht.



B3 Veränderungen des Epigenoms im Laufe des Lebens

2.18 Stammzellen – medizinische Hoffnungsträger



Eltern haben heutzutage die Möglichkeit, kurz nach der Geburt entnommene Stammzellen aus Nabelschnurblut aufbewahren zu lassen. Dafür gibt es zwei Wege: Eine kostenlose Lagerung des Nabelschnurblutes in einer öffentlichen Nabelschnurblutbank, wobei die Stammzellen jeder Patientin bzw. jedem Patienten weltweit bei Bedarf zur Verfügung gestellt werden. Es gibt aber auch die Möglichkeit bei privaten Blutbanken, gegen kein geringes Entgelt, die Zellen für das eigene Kind einlagern zu lassen.

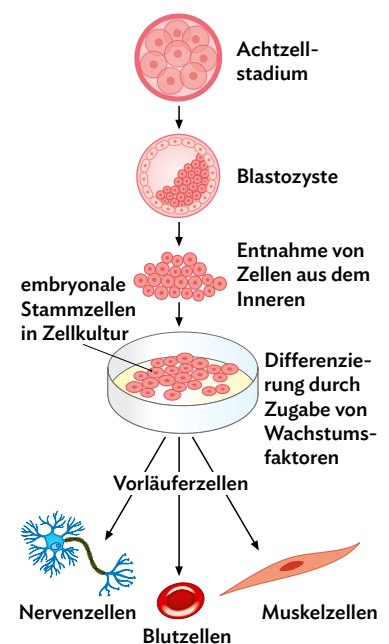
→ Warum sind Stammzellen für den Menschen so wertvoll?

Lernweg

- 1 Knochenmarkstammzellen waren die ersten entdeckten adulten Stammzellen. Ähnliche blutbildende Stammzellen finden sich auch im Nabelschnurblut von Neugeborenen. Erstellen Sie anhand M1 und M2 eine Übersicht zu den unterschiedlichen Stammzelltypen. Berücksichtigen Sie dabei das Vorkommen bzw. die Bildung sowie das Differenzierungspotential.
- 2 Forschenden ist es gelungen, Spermien- und Eizellen aus iPS (M2) von Mäusen herzustellen und diese zur Befruchtung zu nutzen. Theoretisch könnte so auch ein menschlicher Embryo aus nicht natürlichen Keimzellen generiert werden. Diskutieren Sie Folgen dieses Szenarios.
- 3 Die Anwendungsbereiche von Stammzellen sind begrenzt (M3). Vergleichen Sie die Einsatzmöglichkeiten sowie Vor- und Nachteile der verschiedenen Stammzelltypen tabellarisch und beurteilen Sie die Bedeutung ihres Einsatzes in der Medizin.
- 4 Die Aufbewahrung von Nabelschnurblut in privaten Blutbanken ist sehr umstritten (M4). Informieren Sie sich auch im Internet und erstellen Sie eine Pro- und Contra-Argumentation als Teilschritte einer ethischen Analyse (→ 2.19) zur Aufbewahrung und Nutzung von Nabelschnurblut.

M1 Verschiedene Stammzelltypen

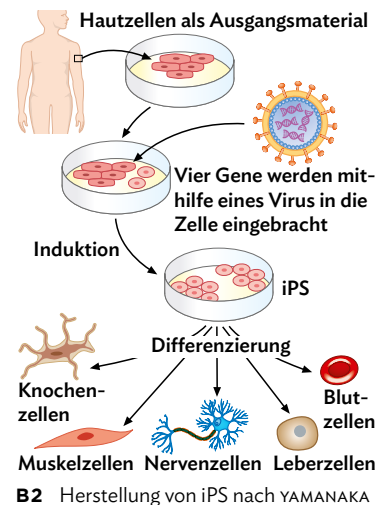
Stammzellen eines Körpers sind noch undifferenzierte Zellen. Ihre Aufgabe ist der Aufbau, die Erneuerung und die Reparatur von Geweben. Stammzellen teilen sich und bringen jeweils eine neue Stammzelle und eine Vorläuferzelle hervor, die sich differenziert. Nach den ersten Teilungen einer befruchteten Eizelle (Zygote) sind bis zum 8-Zellstadium alle Zellen **totipotent**, d. h. aus jeder Zelle könnte ein vollständiger Organismus gebildet werden. Die in der Forschung verwendeten embryonalen Stammzellen, werden aber etwas später aus dem Inneren der Blastocyste (= Zellbläschen 4–6 Tage nach der Befruchtung) entnommen und in Zellkultur vermehrt (B1). Sie können fast alle Gewebetypen bilden, jedoch keinen gesamten Organismus, man nennt sie **pluripotent**. Nach der Geburt existieren im Organismus nur noch adulte Stammzellen (Gewebestammzellen), die in ihren Differenzierungsmöglichkeiten noch stärker eingeschränkt sind. Aus diesen **multipotenten** Zellen können verschiedene Zelltypen hervorgehen, welche innerhalb eines Organs bzw. Gewebetyps vorkommen. Stammzellen des Knochenmarks können z. B. alle Blutzellen (Blutplättchen, Erythrozyten, Makrophagen, Lymphozyten, etc.) bilden. Auch aus Fettgewebe können adulte Stammzellen gewonnen werden. Gesteuert werden die Differenzierungsprozesse durch Transkriptions- und Wachstumsfaktoren. Stammzellen können oft viele Wochen, embryonale Stammzellen sogar unbegrenzt *in vitro* (außerhalb eines Organismus) kultiviert werden und sind zu vielen Teilungen (ca. 300 Generationen) fähig. Gerade embryonale Stammzellen sind daher das Hauptmaterial für Forschungen zu Krankheiten und Medikamenten.



B1 Gewinnung embryonaler Stammzellen

M2 Induzierte pluripotente Stammzellen

2006 gelang es dem japanischen Forscher SHINYA YAMANAKA, bei Mäusen im Labor zusätzliche pluripotente Stammzellen zu bilden, indem er durch **Ein-schleusen bestimmter Transkriptionsfaktoren** in Körperzellen bereits ruhende Entwicklungsgene reaktivierte. Auf diese Weise wurden die Zellen in den embryonalen Zustand zurückprogrammiert, wofür YAMANAKA 2012 zusammen mit JOHN GURDON den Medizin-Nobelpreis erhielt. Kurze Zeit später gelang die Re-programmierung auch bei menschlichen Gewebezellen (**B2**). Man spricht von **induzierten pluripotenten Stammzellen (iPS)**, die in der Lage sind, fast alle Körperzellen zu entwickeln. Für ihre Herstellung müssen nur vier Gene von regulatorischen Transkriptionsfaktoren eingebracht werden. iPS könnten zur Heilung von Gewebeschäden z. B. nach einem Herzinfarkt, bei Diabetes Typ I oder bei Verletzung von Nervenzellen eingesetzt werden. Dabei ist das Risiko der Bildung eines Krebsgeschwürs sehr gering. Allerdings vermehren sich iPS deutlich schlechter als embryonale Stammzellen, sodass die Bildung einer ausreichenden Zellmenge fraglich ist. Trotz intensiver Forschung steht eine klinische Anwendung v. a. aus technischen Gründen noch in weiter Ferne.



M3 Einsatz von Stammzellen in der Medizin

Alle in der EU zugelassenen Stammzelltherapien werden mit **adulten Stammzellen** aus dem Knochenmark oder aus Nabelschnurblut durchgeführt, da sie das geringste Risiko für eine Tumorentstehung aufweisen und keine Immunreaktion hervorrufen. Allerdings sind Gewebestammzellen schwer zu gewinnen, sie sind nicht sehr teilungsfreudig und sie können im Laufe des Lebens angehäuften Erbgutschäden aufweisen. Zur Zeit werden Blutkrebs (Leukämie), die Regeneration von Hautzellen nach großflächigen Verbrennungen, Transplantationsabstoßungen, Entzündungen bei chronischen Darmerkrankungen und Verletzungen der Augen-Hornhaut erfolgreich behandelt. Zudem werden körpereigene Stammzellen, die zunächst aus dem Knochenmark oder Blut des Patienten entnommen wurden, nach einer Chemotherapie wieder zugeführt, um den Körper bei der Regeneration der blutbildenden Zellen zu unterstützen. Am Einsatz gegen akutes Leberversagen anstelle einer Lebertransplantation wird intensiv geforscht. Ein Hauptproblem

ist häufig die Abstoßungsgefahr der neuen Zellen, wenn es sich nicht um körpereigene adulte Stammzellen handelt. **Embryonale Stammzellen** bergen ein erhöhtes Risiko für ein Tumorwachstum, da sie äußerst teilungsfreudig sind. Zwar ist es möglich aus ihnen **im Labor** Herzmuskelzellen (bei Herzinfarkt), Nervenzellen (bei Querschnittslähmung, Parkinson- und Alzheimer-Erkrankungen) oder insulinproduzierende Zellen (bei Diabetes) zu bilden, allerdings ist es noch nicht gelungen, die Stammzellen funktionsfähig in den menschlichen Körper einzubringen. Eine positive Wirkung liegt bisher nur darin, dass sie Wachstumsfaktoren oder Entzündungshemmer in das umliegende Gewebe abgeben. Aufgrund ihres Risikos, der ethisch fragwürdigen Gewinnung (**B1**) und der **Konkurrenz durch körpereigene iPS** werden sie heute fast nur noch zur Erforschung zellbiologischer Grundlagen bei genetisch bedingten Erkrankungen verwendet. Außerdem eignen sich „kranke“ Zellen in Kultur zum Test von Wirkstoffen für neue Medikamente.

M4 Nabelschnurblut

Stammzellen aus Nabelschnurblut (**B3**) werden heute erfolgreich bei Stoffwechselerkrankungen, Immunschwäche und hauptsächlich bei verschiedenen Blutkrebsarten eingesetzt. Sie können das erkrankte Knochenmark der betroffenen Person fast vollständig ersetzen. Solche Stammzellen weisen auch Vorteile gegenüber adulten Stammzellen auf. Sie neigen viel seltener dazu, den Körper des Empfängenden zu attackieren, sie vermehren sich gut und weisen kaum Erbschäden auf. Andererseits gibt es im Nabelschnurblut nur äußerst wenige Blutstammzellen, die sich im Labor funktionsfähig vermehren lassen. Stammzellen von Patientinnen und Patienten mit Blutkrebs oder genetisch bedingten Erkrankungen enthalten genetische Fehler und eignen sich deshalb nicht für eine Stammzellentherapie. Deshalb wäre eine Einlagerung in öffentlichen Blutbanken sehr wichtig, deren Kapazitäten sind aber stark beschränkt. Die Einlagerung in privaten Blutbanken ist teuer und das Blut steht nur der Familie zur Verfügung.

Eigenschaften	enthält verschiedene Stammzellen
Lagerung	bei -170 °C über mehrere Jahrzehnte möglich
Anwendung bei an Leukämie erkrankten Kindern	wird standardmäßig eingesetzt, oft letzte Rettung
Anwendung bei Erwachsenen	nur, wenn sonst kein Spender vorhanden

B3 Verwendung von Nabelschnurblut

2.19 Entscheidungen treffen und reflektieren

Eine Dilemma-Situation bezeichnet eine Zwangslage, in der sich eine Person zwischen mindestens zwei Handlungsoptionen entscheiden muss, die jeweils negative Folgen nach sich ziehen können. So kann beispielsweise ein Konflikt zwischen Interessen der entscheidenden Person und der Gesellschaft ein Dilemma auslösen. Die folgenden Schritte können bei einer reflektierten Entscheidungsfindung hilfreich sein.

Vorgehen

1. Beschreiben Sie die vorliegende Dilemma-Situation. **Nehmen** Sie Ihre Assoziationen zu dem Thema **wahr**.
2. **Analysieren** Sie die Situation auf weitere (alternative) Handlungsmöglichkeiten.
3. Recherchieren Sie nach Tatsachen und untersuchen Sie diese auf davon berührte Normen und Werte. Ziehen Sie aus der Kombination von Fakten und Werten eine Schlussfolgerung und formulieren Sie so vollständige, dreistufige **Argumente**.
4. **Gewichten** Sie die Argumente hinsichtlich der Werte, die durch sie berührt werden, anhand einer (persönlichen) Wertehierarchie.
5. **Entscheiden** Sie sich anhand der Gewichtung der Argumente und der Folgenabschätzung für eine der vorliegenden Handlungsoptionen.
6. **Reflektieren** Sie das ursprünglich gefällte Urteil.

Basierend auf dem WAAGE^R-Modell, nach LANGLEY et al., 2022, MNU Themenreihe Bildungsstandards, Bewertungskompetenz

Fallbeispiel Stammzellen

Hinweis: Eine Bewertung berührt sehr individuelle Werte-Entscheidungen und kann daher nicht „richtig“ bzw. „falsch“ erfolgen. Die hier dargestellte Vorgehensweise dient v. a. der Veranschaulichung der Schritte zur Entscheidungsfindung in moralischen Konfliktsituationen. Das Kapitel stellt eine ausführliche Betrachtung der Thematik dar und geht über den normalen Erwartungshorizont von Aufgaben mit dem Operator „Bewerten“ hinaus.

Der Bedarf an Spenderorganen bzw. Gewebsspenden übersteigt in Deutschland bei weitem deren Verfügbarkeit (**B1**). Durch den Einsatz von Stammzellen könnten in verschiedenen Verfahren zukünftig Krankheiten, die mit Gewebsschädigungen einhergehen, gelindert oder gar geheilt werden.

Gerade der Einsatz embryonaler Stammzellen ist ein sehr kontrovers diskutiertes Thema. Aus einem menschlichen Embryo werden dazu wenige Tage nach der Befruchtung einzelne Zellen entnommen. Aus diesen sog. pluripotenten



B1 Viele Dialyse-Patientinnen und Patienten warten auf eine Nieren-Organpende.

Zellen können sich nahezu alle Zellen des menschlichen Organismus entwickeln. Sie eröffnen damit grundsätzlich die breitesten Anwendungsmöglichkeiten. Allerdings wird bei der Entnahme der Stammzellen der Embryo zerstört. In der Diskussion um die ethischen Aspekte im vorliegenden Fall kommt oftmals die Frage auf, wann menschliches Leben beginnt bzw. ab wann es schützenswert ist. In Deutschland wird dies in Abstimmung mit Bioethikerinnen und -ethikern (**hinten im Buchdeckel**) gesetzlich festgelegt:

- Das **Embryonenschutzgesetz** (ESchG) regelt den Umgang mit menschlichen Embryonen. Nach diesem Gesetz sind jede befruchtete und entwicklungsfähige Eizelle sowie jede entnommene Zelle, die sich selbst zu einem vollständigen Individuum entwickeln könnte, bereits als Embryo definiert. Zudem ist es verboten, Eizellen aus einem anderen Zweck als der Herbeiführung einer Schwangerschaft künstlich zu befruchten.
- Das **Stammzellgesetz** (StZG) zielt zum einen darauf ab, die Würde des Menschen zu wahren, zum anderen soll die Freiheit der Forschung gewährleistet werden. Daher ist darin das grundsätzliche Verbot der Gewinnung und der Einfuhr embryonaler Stammzellen formuliert, zu dem es strenge Sonderausnahmeregelungen bei „hochrangigen Forschungszielen“ gibt. Diese werden von der zentralen Ethikkommission für Stammzellenforschung des Robert-Koch-Instituts bewertet und beschlossen.

Außerdem bestehen noch ungeklärte Fragen zur weiteren Behandlung der einzelnen Erkrankungen und zu Spätfolgen bei den Patientinnen und Patienten. Die Arbeit mit embryonalen Stammzellen ist daher aktuell auf Forschungsarbeit beschränkt, während induzierte pluripotente Stammzellen (**2.18, M2**) in einigen Bereichen zur Therapie eingesetzt werden können. Aufgrund der Fülle an potentiellen Möglichkeiten wird dennoch weiter mit embryonalen Stammzellen geforscht.

Sollte die aktuelle Rechtslage, die die Entnahme embryonaler Stammzellen zur Herstellung von Geweben oder Organen (z. B. Nieren) in Deutschland verbietet, überdacht werden?

Zu 1: Persönliche Meinung: Ich empfinde eine Bewertung zu diesem Thema als Herausforderung, da es sowohl bei den von der medizinischen Forschung profitierenden Patientinnen und Patienten, als auch beim Embryo, dessen Zellen entnommen werden, um menschliches Leben geht.

Zu 2: Momentan bieten embryonale Stammzellen die beste Möglichkeit für die Herstellung von Geweben oder Organen. Es gibt aber auch weitere Möglichkeiten, menschliche Stammzellen zu gewinnen (➔ 2.18), deren Potential jedoch z. T. stark eingeschränkt ist. Außerdem stehen z. T. andere Behandlungsmethoden zur Verfügung, wie z. B. die Dialyse (B1), oder eine klassische Organspende kann Abhilfe verschaffen.

Zu 3: Embryonale Stammzellen eröffnen theoretisch die Möglichkeit, unterschiedliche Gewebe zu erzeugen. Sie bilden damit eine Alternative zu Organspenden. Damit wären für viele Erkrankungen, bei denen Gewebe oder Zellen beschädigt werden, Heilungsoptionen denkbar. In der medizinischen Praxis gibt es allerdings viele Herausforderungen, die deren Einsatz noch infrage stellen.

In dieser Situation sind u. a. folgende Werte berührt: Gesundheit, medizinischer Fortschritt, Würde des Menschen, Selbstbestimmung, Recht auf Leben. Je nachdem, welche Werte zugrunde gelegt werden, können aus den Fakten unterschiedliche Schlüsse gezogen werden bzw. verschiedene dreistufige Argumente (➔ S. 33) formuliert werden. Beispiele:

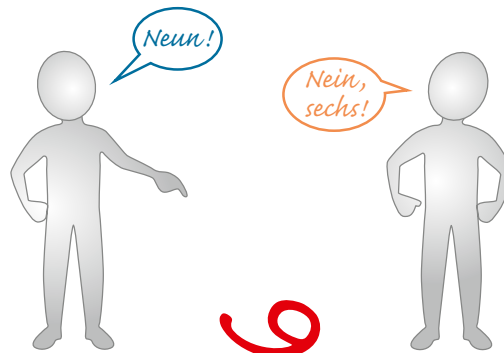
- Durch die Erforschung von Anwendungsmöglichkeiten embryonaler Stammzellen könnten neue Behandlungsmöglichkeiten gefunden werden. Dies könnte die **Gesundheit** der Patientinnen und Patienten erheblich verbessern. Demnach ist die **Forschung zu embryonalen Stammzellen moralisch erstrebenswert**.
- Die Gewinnung embryonaler Stammzellen erfolgt zwangsläufig ohne die Zustimmung des jeweiligen Individuums und führt zur Zerstörung des betroffenen Embryos. Dem Embryo wird durch äußere Einflüsse das **Recht auf Leben** genommen. Die Gewinnung embryonaler Stammzellen **beschneidet diesen Wert beträchtlich und sollte daher abgelehnt werden**.

Zu 4: Persönliche Meinung: Nicht alle von der Thematik betroffenen Werte sind gleich relevant. Für meine Entscheidungsfindung sind die Werte „Würde des Menschen“ und „Recht auf Leben“ besonders bedeutsam. Sie werden von „Gesundheit“ und „Leidminderung“ gefolgt. In diesem Zusammenhang weniger wichtig erachte ich den Wert „Fortschritt“, auch wenn dieser in Zukunft weitere Handlungsmöglichkeiten eröffnet.

Zu 5: Die Argumente zum Recht des Embryos auf Leben und zur Gesundheit der Patientinnen und Patienten, die von der medizinischen Forschung mit embryonalen Stammzellen profitieren, stehen im Widerspruch zueinander.

Ich persönlich gewichte das Recht des Embryos auf Leben stärker als die Gesundheit des Patienten, die auch über andere Handlungsoptionen gefördert werden könnte. Daher stimme ich mit der Rechtslage überein, dass keine embryonalen Stammzellen gewonnen werden sollten.

Zu 6: Zur Entscheidungsfindung wurden die Perspektiven der in Konflikt stehenden Parteien (B2) beleuchtet und davon berührte Werte gegenübergestellt. Eine bessere Informationslage zu alternativen Behandlungsmöglichkeiten und mehr Erkenntnisse zu möglichen Spätfolgen des Stammzell-Einsatzes könnte eine Abänderung der getroffenen Entscheidung erforderlich machen.



B2 Der Blick aus einer anderen Perspektive

Aufgaben

- 1 Neben dem Einsatz embryonaler Stammzellen, der Dialyse und der Organspende existieren weitere Handlungsoptionen. Analysieren Sie die vorliegende Dilemma-Situation hinsichtlich weiterer Therapie-Möglichkeiten mithilfe von Stammzellen (➔ 2.18) und formulieren Sie konkrete Handlungsoptionen.
- 2 Formulieren Sie zu fünf weiteren Werten jeweils ein dreistufiges Argument und gewichten Sie die Argumente hinsichtlich Ihrer persönlichen Wertehierarchie (Arbeitsblatt ➔ QR 03012-026).
- 3 Neben der Behandlung von Nierenerkrankungen könnten embryonale Stammzellen auch in anderen medizinischen Feldern eingesetzt werden.
 - a) Recherchieren Sie einen weiteren Anwendungsbereich für den Einsatz der oben diskutierten Stammzellen und formulieren Sie je ein dreistufiges Argument (➔ S. 33) für bzw. gegen den Einsatz der Stammzellen.
 - b) Diskutieren Sie, ob im Fall der bei Ihrer Recherche gefundenen Einsatzmöglichkeiten eine andere Entscheidung zu bevorzugen wäre. Erläutern Sie den zugrundeliegenden Gedankengang.



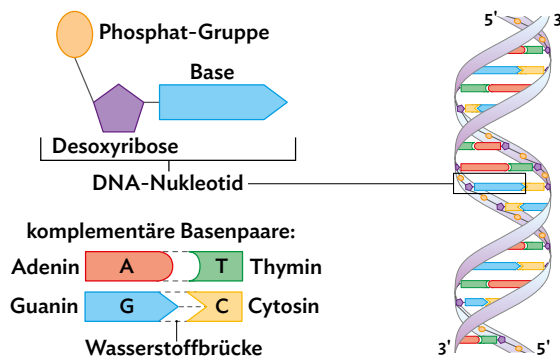
03012-026

Die Proteinbiosynthese – kompakt

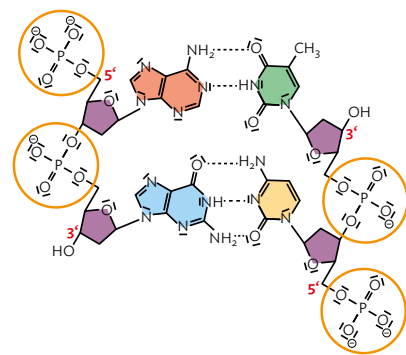
Die Nukleinsäuren ➔ 2.1

Grundbausteine von DNA- und RNA-Molekülen sind die **Nukleotide** (B1), die aus einem Monosaccharid (Zucker), einem Phosphat-Rest und einer Base bestehen. Die fünf C-Atome des Zucker-Moleküls werden von 1' bis 5' durchnummeriert. Am C-1'-Atom ist die jeweilige **Base** (**Ade**-nin, **Thy**min bzw. **Uracil**, **Guan**in und **Cy**tosin) gebunden. Der **Phosphat-Rest** ist mit dem C-5'-Atom verknüpft. Bei einem **Polynukleotidstrang** (B2) sind die Zucker-Moleküle am C-3'-Atom über den dazwischen liegenden Phos-

phat-Rest mit dem C-5'-Atom des nächsten Zucker-Moleküls verbunden. Auf diese Weise erhält man bei einem Polynukleotidstrang zwei unterschiedliche Enden: 5'-Ende mit Phosphat-Rest und 3'-Ende mit Hydroxy-Gruppe. Im DNA-Molekül winden sich zwei dieser Polynukleotidstränge in **entgegengesetzter Polarität** in Form einer **Doppelhelix-Struktur** umeinander. Die Stabilität wird über die **Wasserstoffbrücken** zwischen den **komplementären Basen** gegenüberliegender Nukleotide erreicht.



B1 DNA-Nukleotid und Doppelhelix-Modell



B2 Strukturformeldarstellung der DNA

	DNA	RNA
Zucker	Desoxyribose	Ribose
Basen	Cytosin, Guanin, Adenin und Thymin	Cytosin, Guanin, Adenin und Uracil
Struktur	Doppelstrang	meist Einzelstrang
Funktion	Informationsspeicher	Informationsbote (mRNA), Aminosäure-Transport (tRNA), Bestandteil des Ribosoms (rRNA), Regulation der Genexpression (z. T. aRNA, miRNA)

Proteine als Genprodukte ➔ 2.2

Peptide bzw. Proteine unterscheiden sich sowohl in der Kettenlänge als auch in der Reihenfolge der miteinander verknüpften Aminosäuren. Diese **Aminosäuresequenz** gibt vor, in welcher Weise die Aminosäurekette räumlich **gefaltet** (gebogen) wird: Die verschiedenen Aminosäure-Moleküle besitzen unterschiedliche Reste. Dadurch

kommt es innerhalb der Aminosäure-Kette zu molekularen Wechselwirkungen zwischen nicht benachbarten Aminosäure-Molekülen und z. T. auch zur Ausbildung chemischer Bindungen. Diese Wechselwirkungen bzw. Bindungen bestimmen die **räumliche Struktur**, welche für die **Funktion** jedes Proteins entscheidend ist.

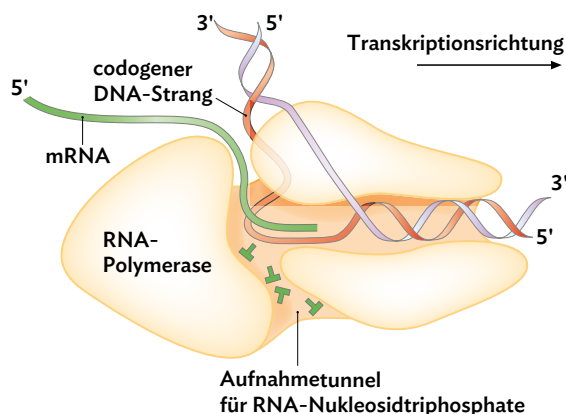
Der genetische Code ➔ 2.3

Die Verschlüsselung der genetischen Information wird als **genetischer Code** bezeichnet (Code-Sonne ➔ 2.3, B3). Um mit vier verschiedenen Basen 20 verschiedene Aminosäuren zu codieren, werden **Basen-Tripletts** benötigt. Die Nukleotidabfolge eines mRNA-Tripletts (= **Codon**, 5'→3') ist komplementär zum **codogenen DNA-Strang** (= Matrizenstrang, 3'→5') und paart sich komplementär mit dem **Anti-**

codon der tRNA. Der genetische Code ist **eindeutig** (jedes Tripletts codiert immer nur für eine Aminosäure), **kommafrei** (die Tripletts schließen lückenlos aneinander), **nicht überlappend** (eine Base ist immer nur Bestandteil eines einzigen Tripletts), **redundant** (für die meisten Aminosäuren existieren mehrere Tripletts) und **universell** (jedes Tripletts codiert in allen Lebewesen für die gleiche Aminosäure).

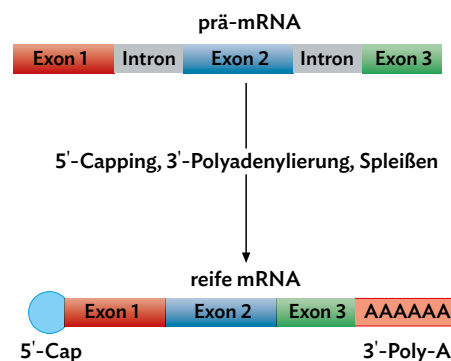
Die Transkription → 2.4

Ein **Gen** ist ein Abschnitt auf der DNA, der in eine biologisch aktive RNA umgeschrieben wird. Dies geschieht im Zellkern beim Vorgang der **Transkription**. Dabei wird der **codogene Strang** der DNA durch das **Enzym RNA-Polymerase** mit aktivierten RNA-Nukleotiden **komplementär** ergänzt (B3). Der Unterschied zwischen dem 5'- und 3'-Ende der DNA ist besonders bei der Transkription von



B3 Mechanismus der Transkription

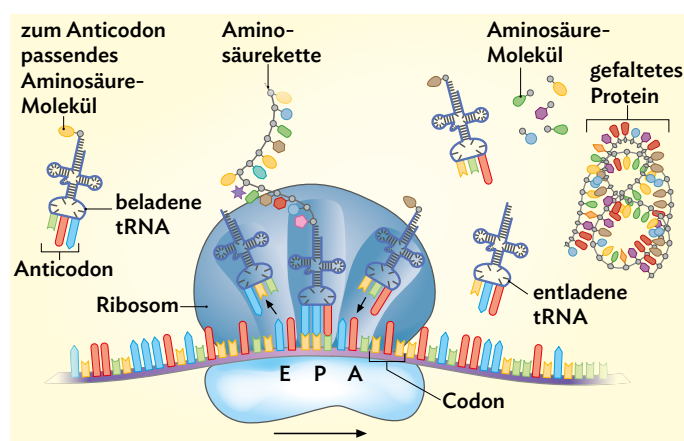
Bedeutung, weil nur am 3'-Ende der RNA neue Nukleotide angelagert werden können und die Polymerase somit eine vorgegebene Laufrichtung hat. Das gesamte Gen, mit Exons und Introns, wird transkribiert, sodass ein langes Transkript, die **prä-mRNA**, entsteht. Bereits während der Transkription und teilweise auch nach deren Abschluss finden Prozessierungsschritte statt (B4): Veränderungen am 5'-Ende (**Capping**) und am 3'-Ende (**Polyadenylierung**) sowie das Herausschneiden der Intronsequenzen (**Spleißen**).



B4 RNA-Prozessierung

Die Translation → 2.5

Während der Translation werden auf Grundlage der genetischen Information Aminosäure-Moleküle durch Peptidbindungen zu unverzweigten Polypeptid-Ketten verknüpft (B5). Das Ribosom sichert mit seiner **kleinen Untereinheit** das Einfädeln und Binden der mRNA. Die **große Untereinheit** bindet erst, wenn sich eine beladene tRNA am Start-Codon angeheftet hat (= **Initiation**). An der Bindungsstelle (A) tritt eine zweite, beladene tRNA hinzu und die große Untereinheit katalysiert die Ausbildung der **Peptidbindung** zwischen den beiden Aminosäure-Molekülen. Das Ribosom rutscht auf der mRNA um ein Triplet weiter, sodass die nun unbeladene tRNA an der Bindungsstelle (E) sitzt, an der sie das Ribosom verlassen kann. Die vormals zweite tRNA sitzt nun in der Mitte (P), sodass eine neue tRNA an der Bindungsstelle A binden kann. Dieser Vorgang, die **Elongation**, wird solange wiederholt, bis das Ribosom auf ein **Stopp-Codon** trifft. Während der folgenden **Termination** bindet ein Terminationsfaktor (Protein) und der gesamte Komplex zerfällt. Die eindeutige Zuordnung der tRNAs ist durch die **komplementäre** Basenpaarung von **Anticodon** und **Codon** gesichert. Die richtige Übersetzung gewährleisten die hochspezifischen Enzyme, die die tRNA-Moleküle passend zum jeweiligen Anticodon mit der entsprechenden Aminosäure beladen. An einem



B5 Mechanismus der Translation

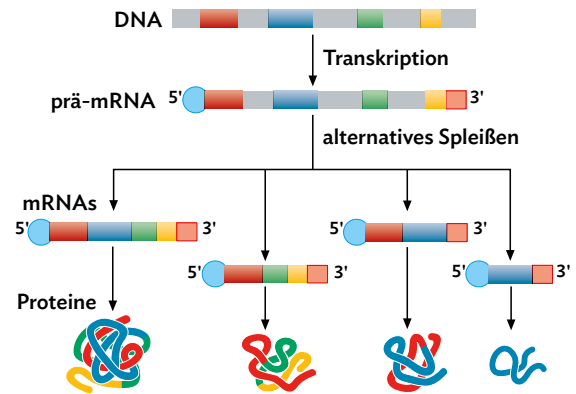
mRNA-Molekül werden gleichzeitig mehrere Polypeptid-Ketten synthetisiert, da nach Verlassen der Initiationsregion sofort weitere Ribosomen binden. Schon vor Beendigung der Peptidsynthese beginnen sich die Ketten dreidimensional zu falten. So entstehen Polypeptide bzw. Proteine mit spezifischer biologischer Funktion.

Der Prozess der Proteinbiosynthese aus Transkription und Translation hat eine zentrale Bedeutung für das Leben, denn er dient der Realisierung der genetischen Information in Form von Proteinen, welche alle zentralen Aufgaben in einem Organismus erfüllen.

Einflüsse auf die Proteinbiosynthese – kompakt eA

Alternatives Spleißen ➔ 2.7

Bei Eukaryoten können während des Spleißvorgangs aus prä-mRNAs z. T. verschiedene Abschnitte herausgeschnitten und unterschiedlich zusammengesetzt werden. Dieser Vorgang wird als **alternatives Spleißen** bezeichnet. Aus der gleichen prä-mRNA können dadurch unterschiedliche mRNAs gebildet werden, die für verschiedene Proteine codieren (**B1**). Dies ermöglicht bei Eukaryoten die Herstellung einer **Vielfalt an Proteinen**, die die Anzahl an Genen bei weitem übersteigt. Aus evolutionärer Sicht stellt das alternative Spleißen einen **Selektionsvorteil** dar, da es die **Variabilität** der Proteine erhöht. Dadurch steigt auch die Wahrscheinlichkeit für die Entstehung von anderen bzw. neuen Proteinvarianten, die für den jeweiligen Organismus positiv sind bzw. dessen Überlebens- oder Fortpflanzungswahrscheinlichkeit erhöhen.



B1 Schema zum alternativen Spleißen

Vermehrungszyklus des HI-Virus ➔ 2.8

Die Vermehrung von HI-Viren in eukaryotischen Zellen kann in vier Phasen unterteilt werden (**B2**):

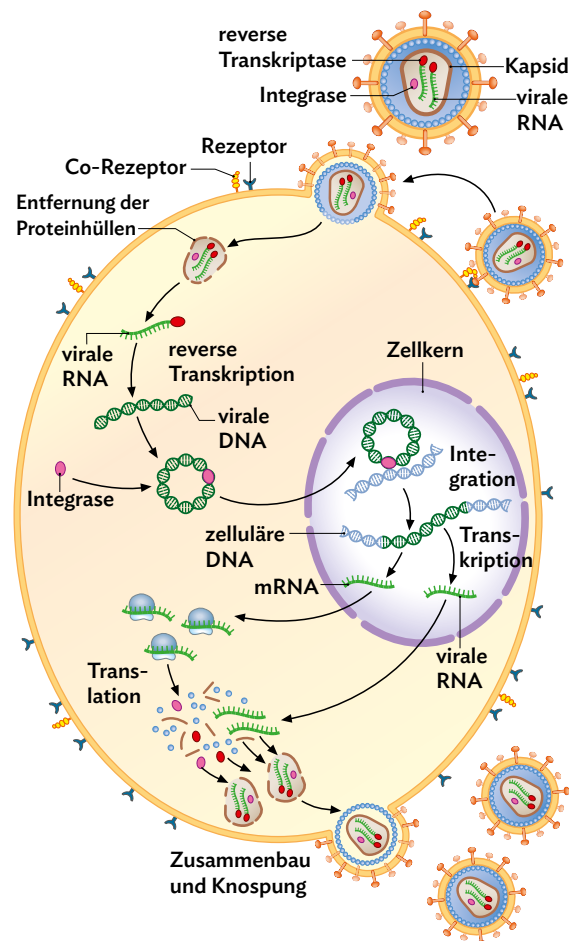
1. Befall der Wirtszelle: Viren docken mit ihren Glykoproteinen an Oberflächenproteinen ihrer Wirtszellen an. Sie besitzen unterschiedliche Mechanismen, damit ihre Erbsubstanz in die Wirtszelle gelangt. Einige injizieren ihre Erbsubstanz in das Zellplasma, bei anderen, wie dem HI-Virus, verschmilzt die Virusmembran mit der Zellmembran und das Kapsid samt Erbsubstanz gelangt in die Zielzelle.

2. Reverse Transkription: Durch den Abbau des Kapsids wird die HIV-RNA freigesetzt. Das virale Enzym **reverse Transkriptase** stellt anhand der beiden viralen RNA-Einzelstränge in mehreren Schritten zunächst je eine einsträngige cDNA und dann doppelsträngige virale DNA her.

3. Integration: Diese virale DNA wird in den Zellkern der Wirtszelle eingeschleust und durch das Enzym **Integrase** in das Wirts-Genom eingebaut. Das eingebaute Virus-Genom wird als **Pro-Virus** bezeichnet.

4. Expression: Durch **Transkription** des Pro-Virus und **Prozessierung** wird mRNA gebildet, die an den **Ribosomen der Wirtszelle** zu viralen Proteinen **translatiert** wird. Es entstehen beispielsweise Kapsid-Proteine oder Enzyme, die im Anschluss zusammen mit der ebenfalls transkribierten viralen RNA zu neuen Viren zusammengesetzt werden, die durch Knospung die Zelle verlassen.

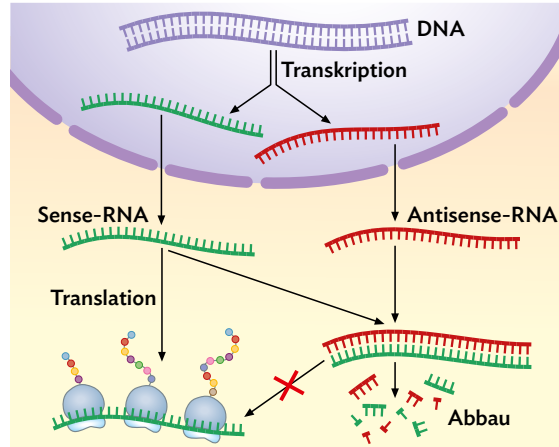
Therapieansätze zur Behandlung von retroviralen Infektionen zielen vor allem auf die Hemmung von viralen Enzymen, die zur Reproduktion der Viren benötigt werden, wie der reversen Transkriptase.



B2 Phasen der Vermehrung von HI-Viren in einer eukaryotischen Zelle

Antisense-RNA → 2.9

Antisense-RNA oder **aRNA** dient der **Genregulation**. Sie ist komplementär zu einer bestimmten mRNA bzw. einem mRNA-Abschnitt. Aufgrund der Basenpaarung lagert sie sich mit dieser mRNA (auch **Sense-RNA** genannt) zu einem RNA-Doppelstrang zusammen, der nicht mehr translatiert werden kann (B3). Die doppelsträngige RNA wird daraufhin enzymatisch abgebaut. aRNA kommt natürlicherweise vor, wird aber auch künstlich eingesetzt, um die Aktivität bestimmter Gene zu beeinflussen. Bei diesem sog. **Knock-Down-Verfahren** bleibt die Erbinformation auf der DNA unberührt, lediglich die gebildete mRNA wird blockiert. In der Medizin wird an verschiedenen Anwendungsmöglichkeiten der aRNA geforscht: Bei der Therapie von viralen Infektionen kann aRNA eingesetzt werden, um die Expression der viralen RNA zu unterdrücken. In der Krebstherapie könnte das Tumorwachstum durch gezielten Einsatz von aRNA gestoppt werden.

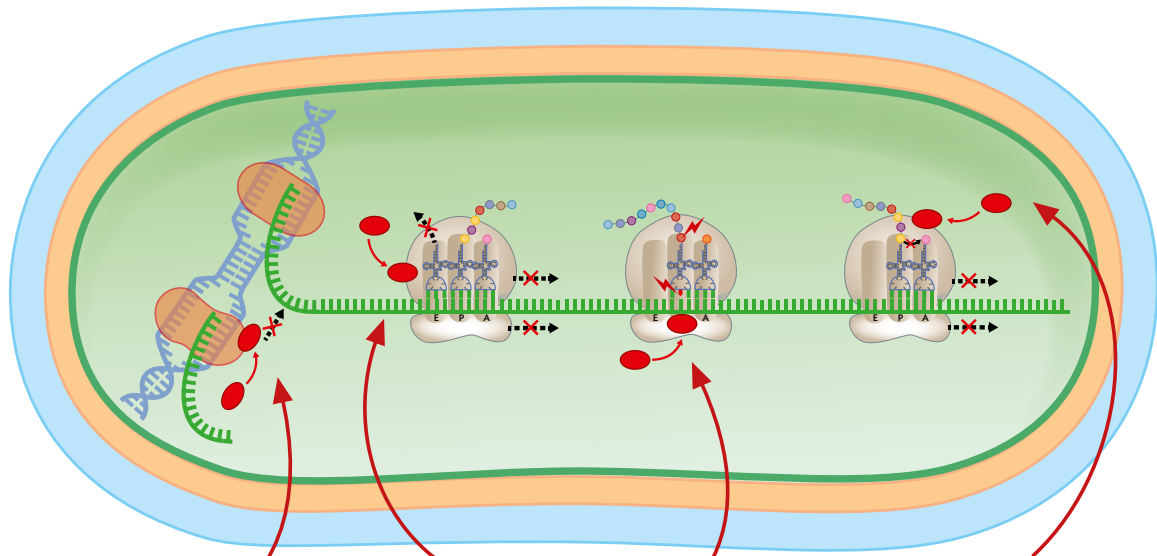


B3 Regulation der Proteinbiosynthese durch Antisense-RNA

Wirkung von Antibiotika → 2.11

Antibiotika sind Substanzen, die Bakterien abtöten oder ihren Stoffwechsel hemmen und so deren Wachstum bzw. Vermehrung verhindern. Sie wirken in der Regel nur auf prokaryotische Organismen und nicht auf eukaryotische Zellen, da sie **Unterschiede im Bau oder Stoffwechsel** nutzen (B4). Sehr viele Antibiotika greifen gezielt in den Prozess der Proteinbiosynthese bei Prokaryoten ein. Das Antibiotikum Rifampicin verhindert beispielsweise die Transkription,

indem es die bakterielle RNA-Polymerase hemmt. Andere Antibiotika wie Erythromycin oder Streptomycin verhindern die Translation, indem sie spezifisch die 70-S-Ribosomen der Prokaryoten „angreifen“. Dazu binden sie z.B. an die große oder kleine Untereinheit der prokaryotischen Ribosomen. Die Vermehrung der Bakterien wird dadurch verhindert und der Wirts-Organismus kann sie erfolgreich bekämpfen.



Abbruch der Transkription durch Hemmung der bakteriellen RNA-Polymerase, z. B. **Rifampicin**

Blockierung der Ablösung der tRNA durch Bindung an die große Untereinheit des 70-S-Ribosoms, z. B. **Erythromycin**

fehlerhaftes Ablesen der mRNA durch Bindung an die kleine Untereinheit des 70-S-Ribosoms, z. B. **Streptomycin**

Blockieren des Knüpfens der Peptidbindung durch Bindung an die große Untereinheit des 70-S-Ribosoms, z. B. **Chloramphenicol**

B4 Wirkung von Antibiotika auf die Proteinbiosynthese bei Prokaryoten

Merkmalsausprägung und Genregulation – kompakt

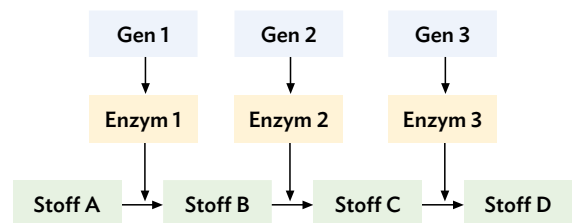
Bedeutung von Proteinen ➔ 2.12

Proteine sind an nahezu allen Lebensprozessen beteiligt. Aufgrund ihrer **Strukturvielfalt** können sie zahlreiche verschiedene **Funktionen** erfüllen. Dabei können sie direkt oder indirekt für die **Merkmalsausbildung** verantwortlich sein. Die **Strukturproteine** Kollagen und Keratin dienen z. B. als Baustoff der Knochen, Haut, Sehnen, Haare und Nägel und bestimmen damit direkt die Merkmale des Lebewesens. **Enzyme** sind Wirkstoffproteine, die z. B. die

Herstellung verschiedener Stoffe für ihrerseits enzymkatalysierte Stoffwechselreaktionen katalysieren und so indirekt für die Ausbildung von Merkmalen sorgen. Andere Proteine ermöglichen Bewegungen (**bewegliche Proteine**), dienen der Verteilung von Stoffen im Körper (**Transportproteine**), der Übertragung von Informationen (**Rezeptorproteine, Hormone**) oder der Immunabwehr (**Abwehrproteine**) und tragen so zur Merkmalsausprägung bei.

Genwirkketten ➔ 2.13

Die Abfolge mehrerer Stoffwechselreaktionen, die von den Produkten verschiedener Gene gesteuert werden, wird **Genwirkkette (B1)** genannt. Bei den Genprodukten handelt es sich in diesem Fall um Enzyme, die verschiedene Stoffwechselreaktionen katalysieren. Das Pigment Melanin z. B. bewirkt die Dunkelfärbung von Haut, Fell oder Federn bei fast allen Lebewesen. Es wird über mehrere Stoffwechselschritte, die jeweils enzymkatalysiert sind, aus der essenziellen Aminosäure Phenylalanin hergestellt.



B1 Genwirkkette allgemein

eA Unterbrechung von Genwirkketten ➔ 2.13

Das gezielte Unterbrechen von Genwirkketten oder das Abschalten einzelner Gene ist heutzutage möglich. Es entstehen dabei sog. **Knock-Out-Organismen (B2)**. Sie werden in der Forschung zur Funktionsanalyse von Genen eingesetzt. Fehlt einem Organismus durch Stilllegen eines Gens ein Genprodukt, kann dies schwerwiegende Folgen wie bestimmte Krankheiten nach sich ziehen. Mit diesen Modell-Organismen können bestimmte Krankheitsbilder leichter untersucht wie auch geeignete Therapieansätze für Medikamente entwickelt werden. Es ist bereits gelungen, gegen BSE (Rinderwahnsinn) resistente Mäuse zu züchten oder das Krankheitsbild von Parkinson genauer zu analysieren.



B2 Knock-Out-Maus (links) und eine normale Maus (rechts): Der Verlust des Leptin-Gens führt zu Fettleibigkeit.

Genregulation bei Eukaryoten ➔ 2.14

Eukaryoten bestehen aus einer Vielzahl von verschiedenen Zelltypen, die Gewebe, Organe bzw. den gesamten Organismus aufbauen. Die verschiedenen Zelltypen entstehen in der Individualentwicklung des Lebewesens durch **Zelldifferenzierung** aus embryonalen Stammzellen. Dazu muss die **Genexpression**, d. h. die Umsetzung der genetischen Information, gezielt gesteuert werden. Auch im erwachsenen Organismus ist eine Kontrolle der Genexpression nötig, um eine Anpassung bzw. Reaktion des Organismus auf innere und äußere Signale zu erreichen. Es muss also jeweils reguliert werden, welche Gene wie stark abgelesen werden bzw. welche Genprodukte in welchem Umfang ge-

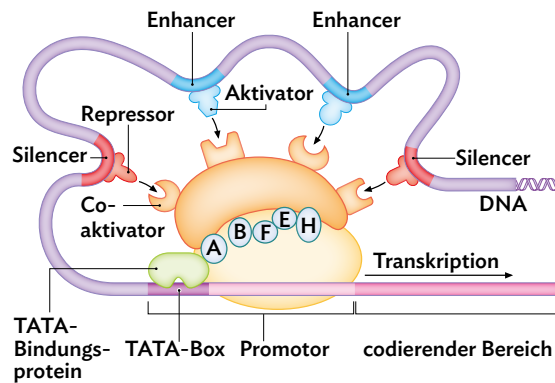
bildet werden. Diese Regulation der Genaktivität (= **Genregulation**) kann grundsätzlich auf jeder Ebene vom Gen zum Genprodukt stattfinden: auf **DNA-Ebene** durch die Chromatindichte und die Transkriptionsregulation durch Transkriptionsfaktoren, auf **RNA-Ebene** durch Prozessierung, Antisense-RNA bzw. die Abbaurate der mRNA und auf **Protein-Ebene** durch Modifizierung bzw. Abbau des jeweiligen Proteins. Durch diese Vielzahl an Regulationsmöglichkeiten kann der zelluläre Stoffwechsel flexibel an veränderte Umweltbedingungen angepasst werden, so dass ein spezifisches **Expressionsmuster** in jeder Zelle entsteht.

Genregulation durch Transkriptionsfaktoren ➔ 2.14

Eine besondere Bedeutung bei der Genregulation kommt der Transkription während der Proteinbiosynthese zu. Am Promotor (Startstelle) eines Gens befinden sich verschiedene Proteinbindungsstellen, u. a. eine sog. **TATA-Box**. Durch die Anlagerung eines **TATA-Bindungsproteins** wird der Startpunkt der Transkription festgelegt und die RNA-Polymerase II kann sich dort anheften.

Weitere sog. allgemeine Transkriptionsfaktoren (A, B, F, E, H) docken schließlich an der RNA-Polymerase II an, sodass ein **Transkriptionskomplex (B3)** entsteht und die Transkription beginnen kann.

Als weiterer Regulationsmechanismus dienen zusätzliche regulatorische DNA-Sequenzen, sog. **Enhancer** und **Silencer**, die meist in größerem Abstand vom eigentlichen Gen liegen. Diese können **spezifische Transkriptionsfaktoren** gebunden haben: **Aktivatorproteine** (an Enhancer) bzw. **Repressorproteine** (an Silencer). Durch Schlaufenbildung können sie schließlich nach dem Schlüssel-Schloss-



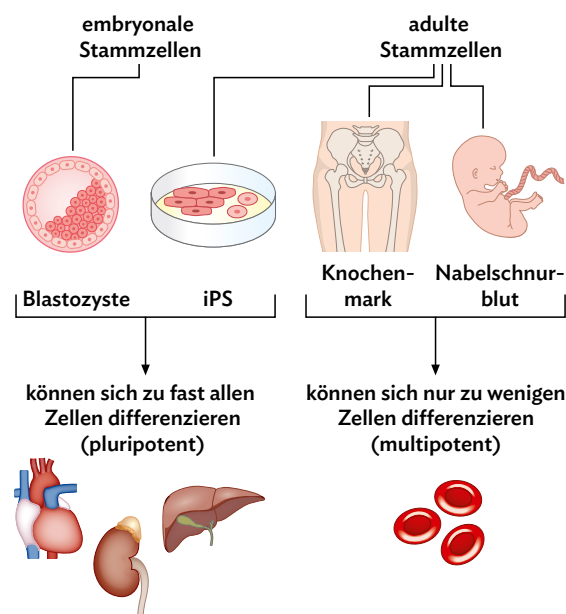
B3 Regulation der Transkription

Prinzip an sog. **Coaktivatoren** auf der RNA-Polymerase II andocken und die Transkription beschleunigen oder bremsen.

Stammzellen ➔ 2.18, 2.19

Stammzellen sind besondere Zellen, die über ein enormes Entwicklungspotential verfügen (**B4**). Durch entsprechende Genregulation kann aus den ersten acht Zellen einer sich teilenden Zygote jeweils ein vollständiges Lebewesen gebildet werden. Man bezeichnet diese Zellen als **totipotent embryonale Stammzellen**. Mit jeder weiteren Teilung nimmt diese Fähigkeit allerdings ab, da sich die Zellen zu unterschiedlichen Zelltypen ausdifferenzieren. Sie werden als **pluripotent** bezeichnet. **Adulte Stammzellen** findet man noch in manchen Geweben eines erwachsenen Körpers wie z. B. dem Knochenmark. Sie werden als **multipotent** bezeichnet. Bei ihrer Teilung bleibt eine der Tochterzellen eine Stammzelle und die andere differenziert sich zu einer bestimmten Körperzelle (➔ S. 133, **B5**). Die Aufgabe der adulten Stammzellen ist die Erneuerung oder die Reparatur von Geweben. Mittlerweile können durch das Einbringen bestimmter Transkriptionsfaktoren auch Körperzellen reprogrammiert werden und sog. **induzierte pluripotente Stammzellen (iPS)** hergestellt werden.

Die theoretischen Einsatzmöglichkeiten von Stammzellen in der Forschung und Medizin sind sehr vielfältig. Beispielsweise könnten Gewebe oder sogar ganze Organe zur Behandlung verschiedenster Erkrankungen im Labor hergestellt werden. Die Verwendung von Stammzellen wirft allerdings viele **ethische Fragen** auf. Embryonale Stammzellen bieten die meisten Anwendungsmöglichkeiten, da sie die meisten Differenzierungsmöglichkeiten aufweisen. Zur Gewinnung embryonaler Stammzellen müssen allerdings menschliche Embryonen zerstört werden. Es stellt sich die Frage, wann menschliches Leben beginnt bzw. ab wann es schützenswert ist. In Deutschland ist die Gewinnung und Einfuhr embryonaler Stammzellen auf Grund-



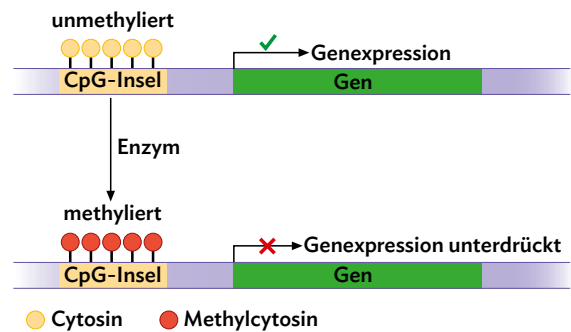
B4 Typen von Stammzellen

lage des **Embryonenschutzgesetzes (ESchG)** sowie des **Stammzellgesetzes (StZG)** weitestgehend verboten. Der Einsatz von induzierten pluripotenten Stammzellen (iPS) scheint auf den ersten Blick weniger bedenklich. Allerdings müssen auch hier ethische Aspekte bedacht werden. Beispielsweise könnten aus iPS menschliche Keimzellen und daraus menschliche Klone künstlich erzeugt werden. Solche Einsatzszenarien müssen im Vorfeld durchdacht und ggf. geregelt bzw. verboten werden.

Epigenetische Genregulation – kompakt

DNA-Methylierung ➔ 2.15

Die **Epigenetik** untersucht Unterschiede in der Merkmalsausprägung, die auf Tochterzellen vererbbar sind, denen aber keine Veränderung der Basensequenz der DNA zugrunde liegt. Auf molekularer Ebene können Gene durch **Methylierung** bzw. **Demethylierung** inaktiviert bzw. aktiviert werden (B1). Ist in der DNA die Basensequenz CG vorhanden, kann mithilfe des **Enzyms** DNA-Methyltransferase (DNMT) eine **Methylgruppe reversibel** an **Cytosin** gebunden werden. Besonders häufig kommt das im Promotorbereich eines Gens vor. Als Folge dieser DNA-Methylierung können die zur Transkription nötigen Transkriptionsfaktoren nicht andocken und das Gen wird nicht transkribiert. Das so entstandene zellspezifische Methylierungsmuster wird bei der DNA-Replikation beibehalten. Beeinflusst wird



B1 Einfluss der DNA-Methylierung auf die Genexpression

die Methylierung u. a. durch die Ernährung, Rauchen oder frühkindlichen Stress.

Inaktivierung des X-Chromosoms ➔ 2.15

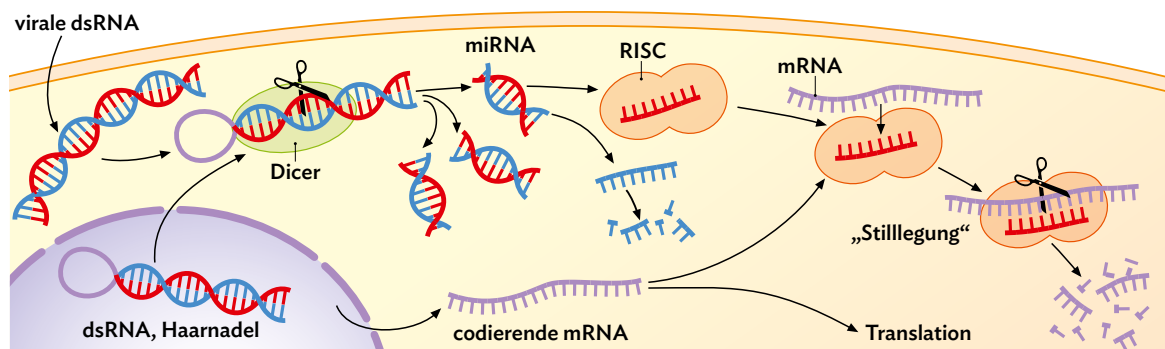
Eine weitere besondere Genregulation erfolgt bei den weiblichen Geschlechtschromosomen. Weibliche Säugetiere besitzen die zwei Geschlechtschromosomen XX, während männliche XY aufweisen. Um eine Überexpression der X-chromosomalen Gene zu vermeiden, wird bei weiblichen Individuen in einem frühen Embryonalstadium eines der beiden X-Chromosomen zufällig ausgewählt und stillgelegt. Dazu bildet das zu inaktivierende X-Chromosom

spezifische RNA-Moleküle, die sich an das X-Chromosom anheften und eine starke Verdichtung bewirken. Eine Transkription wird dadurch dauerhaft verhindert. Im Lichtmikroskop ist das inaktive und maximal kondensierte X-Chromosom als sog. **Barr-Körperchen** sichtbar. Früher wurde das Barr-Körperchen zur Geschlechtsbestimmung von Leistungssportlerinnen bei großen sportlichen Veranstaltungen verwendet.

eA RNA-Interferenz (RNAi) ➔ 2.16

Unter **RNA-Interferenz (RNAi)** versteht man Mechanismen, die der Genstilllegung und damit der Genregulation dienen. Grundsätzlich beruht die RNAi auf komplementären Wechselwirkungen zwischen kurzen **miRNAs** (micro RNAs) und der mRNA eines Zielgens. Zunächst wird ein Gen transkribiert. Das Produkt lagert sich durch komplementäre Basenpaarung zu einer doppelsträngigen RNA (**dsRNA**) mit haarnadelähnlicher Struktur zusammen (**B2**). Im Zytoplasma wird diese mithilfe eines speziellen Enzyms

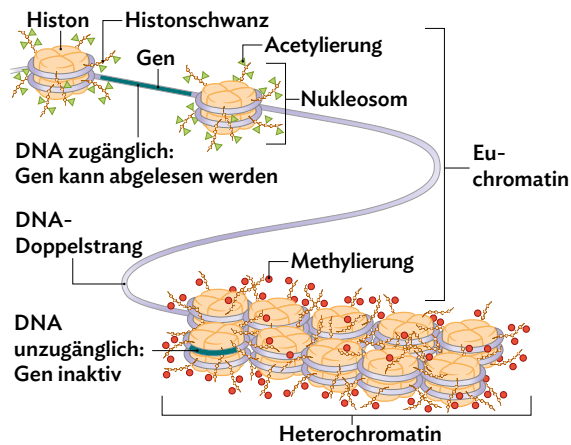
(Dicer) in kürzere miRNAs zerschnitten. Der **Enzymkomplex RISC** (RNA-induced silencing complex) bindet diese Stücke, trennt die Einzelstränge und zersetzt einen der beiden. An den weiteren miRNA-Strang kann die komplementäre mRNA schließlich gebunden werden. Daraufhin wird die mRNA entweder abgebaut oder soweit stillgelegt, dass daraus kein Protein gebildet werden kann. In der Natur dient die RNAi der Virenabwehr, in der Gentechnik können damit gezielt Gene stillgelegt werden.



B2 Schema zur RNA-Interferenz

eA Histonmodifikation → 2.16

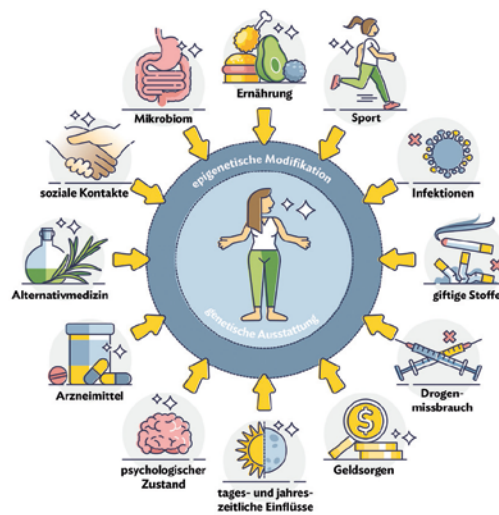
Die DNA muss sehr stark verdichtet werden, damit sie in den Zellkern passt. Dies geschieht dadurch, dass der DNA-Faden um Histonprotein-Komplexe gewunden wird. Ein Histonprotein-Komplex besteht aus acht Histon-Proteinen (je zweimal H2A, H2B, H3, H4), einem verknüpfenden Protein H1 und wird als **Nukleosom** bezeichnet (B3). Zwischen den Nukleosomen befindet sich in unterschiedlicher Länge die sog. linker-DNA, sodass der Aufbau im mikroskopischen Bild einer Perlenkette gleicht. Die Enden der Histon-Proteine ragen als Aminosäureketten heraus, woran verschiedene reversible chemische Veränderungen stattfinden können, wie z.B. Methylierung oder Acetylierung. Durch diese **Histonmodifikationen** kann die Transkriptionsstärke reguliert werden. Man spricht vom sog. „Histon-Code“, über welchen wiederum eine Anpassung an veränderte Umweltbedingungen möglich ist.



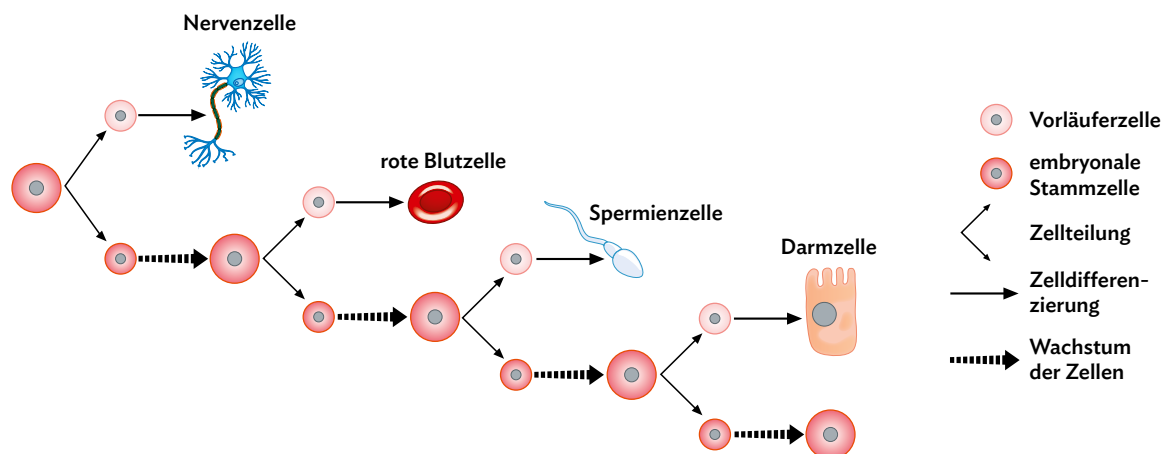
B3 Histonmodifikationen bei Euchromatin und Heterochromatin

Bedeutung der Epigenetik → 2.17

Unter **epigenetischen Modifikationen** versteht man reversible Veränderungen an der DNA, die ein An- bzw. Abschalten von Genen ermöglichen. Sie können durch Umwelteinflüsse wie Ernährung, aber auch Stress, etc. (B4) beeinflusst werden. Über diese Mechanismen ist es möglich, trotz identischer DNA-Ausstattung unterschiedliche Zelltypen ausdifferenzieren zu lassen (B5) und Stoffwechselaktivitäten anzupassen. Das **Epigenom** einer Zelle beinhaltet zusammengefasst alle derartigen Möglichkeiten einer Genregulation. Im Laufe eines Lebens verändert sich das Epigenom eines Organismus auf charakteristische Art und Weise, sodass man mithilfe epigenetischer Modifikationen das biologische Alter berechnen kann. Weichen das biologische Alter und das wahre Alter stark voneinander ab, kann das z.B. ein Hinweis auf eine erhöhte Krankheitsanfälligkeit sein. Epigenetische Modifikationen sind auch die Ursache für die Unterschiede in den Merkmalen von ein-eigenen Zwillingen, deren DNA-Sequenzen identisch sind.



B4 Umwelteinflüsse führen zu epigenetischen Modifikationen



B5 Zelldifferenzierung

Zum Üben und Weiterdenken

1 Eine Definition für den Begriff „Gen“

Ein Gen kann auf molekularer Ebene als DNA-Abschnitt betrachtet werden, der eine Funktionseinheit darstellt. In **B1** sind Aussagen zum Genbegriff aus verschiedenen Lehrwerken über die Jahrzehnte hinweg dargestellt. Zeigen Sie, dass keine der unten stehenden Definitionen den Genbegriff korrekt charakterisiert, indem Sie Beispiele finden, die die Aussagen widerlegen.

Es gilt die Ein-Gen-ein-Merkmal-Hypothese, d. h. ein einzelnes Gen bewirkt ein bestimmtes Merkmal des Lebewesens.

Es gilt die Ein-Gen-ein-Protein-Hypothese, d. h. ein einzelnes Gen ist für die Bildung eines Proteins zuständig.

Es gilt die Ein-Gen-ein-Enzym-Hypothese, d. h. ein einzelnes Gen ist für die Bildung eines bestimmten Enzyms zuständig.

B1 Verschiedene Gendefinitionen

2 Komplementäre Basen der DNA

Vom Menschen und vom Bakteriophagen ϕ X174 (ein Virus, das ausschließlich Bakterien befällt) wurden die ungefähren Anteile der Basen im Erbgut bestimmt und in einer Tabelle notiert:

	% A	% B	% C	% D
Organismus A	24	21,5	23,3	31,2
Organismus B	29,6	20,4	20,4	29,6

B2 Anteile der vier Basen im Genom

Ordnen Sie die Datensätze A und B aus **B2** dem Menschen bzw. dem Bakteriophagen zu und leiten Sie aus den Zahlenwerten nachvollziehbar ab, in welcher Form das Erbgut jeweils vorliegen muss.

3 Proteinbiosynthese

Membranen der Nervenzellen besitzen verschiedene Kanäle, die jeweils für bestimmte Ionen durchlässig sind. Das gesamte Gen für eine Untereinheit eines Natrium-Ionenkanals (SCN_4A) umfasst über 34.365 Basenpaare. Es enthält 24 Exons und liegt innerhalb der menschlichen DNA auf Chromosom Nr. 17. **B3** zeigt einen Ausschnitt aus dem Exon 2.

3' CATCTCTCGTCCACACCGCCTCTT 5'
5' GTAGAGAGCAGGTGTGGCGGAGAA 3'

B3 Ausschnitt der Basenabfolge aus dem SCN_4A -Gen (oben: codogener Strang)

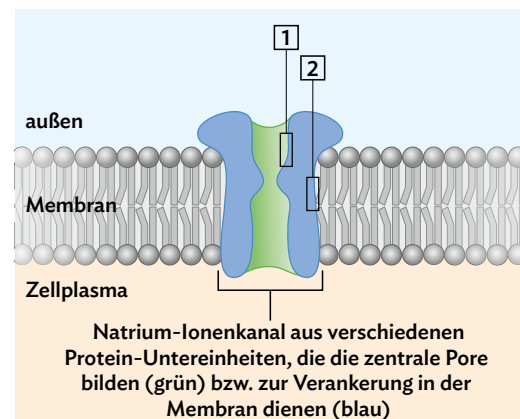
- a) Übersetzen Sie diese Sequenz schrittweise in die zugehörige Aminosäuresequenz.
b) Im Zuge der Proteinbiosynthese entsteht im Zellkern zunächst ein unreifes mRNA-Molekül des SCN_4A -Gens. **B4** zeigt einen Ausschnitt dieses mRNA-Moleküls.

Stellen Sie anhand von **B4** die Prozesse ausführlich dar, die im Anschluss noch im Zellkern stattfinden. Geben Sie anschließend die weiteren Vorgänge bis zur Bildung der Polypeptidkette anhand einer aussagekräftigen Skizze stichpunktartig an.

----- Exon 2 Exon 3 Exon 4 -----

B4 RNA-Ausschnitt, schematische Darstellung

- c) Sofort nach Fertigstellung der Proteinuntereinheiten falten sich die Aminosäureketten in charakteristischer Weise. Stellen Sie die Ebenen der Proteinfaltung unter Verwendung von Fachbegriffen dar.
d) **B5** zeigt stark vereinfacht die schematische Struktur des Natrium-Ionenkanals SCN_4A , der eingebettet in die Zellmembran liegt. Die Oberflächen der Membran besitzen hydrophile Eigenschaften, der innere Bereich ist hydrophob. Begründen Sie, welche Polaritäten die Reste der Aminosäure-Moleküle überwiegend aufweisen, die die gekennzeichneten Bereiche **1** und **2** des Kanals bilden.



B5 Natrium-Ionenkanal in einer Nervenzellmembran

4 eA Wirkung von Antibiotika

Neben der Proteinbiosynthese gibt es zahlreiche weitere Strukturen und Prozesse, die durch Antibiotika gestört oder blockiert werden können.

- a) Führen Sie im Internet eine Bildersuche zum Thema „Angriffspunkte von Antibiotika bei Bakterien“ durch. Vergleichen Sie mehrere Abbildungen miteinander und nennen Sie Strukturen und Prozesse, die von Antibiotika beeinflusst werden können.

- b) Wählen Sie drei Antibiotika aus. Jedes Team-Mitglied recherchiert den Wirkungsmechanismus eines Antibiotikums. Stellen Sie sich diese im Anschluss gegenseitig vor.

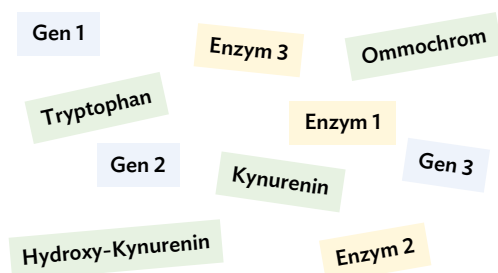
5 Kommunikation und Regulation in der Zelle

Menschen und auch viele Tiere kommunizieren miteinander über Sprache oder Laute. Daneben gibt es noch weitere Möglichkeiten, sich zu koordinieren und zu organisieren. Auch bei Pflanzen hat man nachgewiesen, dass sie mithilfe von Botenstoffen Informationen austauschen. Stellen Sie stichpunktartig verschiedene Mechanismen zusammen, die Lebewesen auf **Zell- bzw. auf Molekülebene** zur Kommunikation und zur Regelung von Prozessen nutzen, um eine hohe Ordnung der Stoffwechselprozesse aufrechtzuerhalten.

6 Genwirkkette und deren Unterbrechung

Die Fruchtfliege *Drosophila melanogaster* besitzt im Wildtyp rote Augen. An der Ausprägung sind drei Gene beteiligt, deren Genprodukte die Umsetzung von Tryptophan zum Augenfarbstoff Ommochrom enzymgesteuert bewirken. Als Zwischenprodukte werden die Stoffe Kynurenin und Hydroxykynurenin gebildet. Ist nur Tryptophan vorhanden, bleiben die Augen farblos. Findet die Umwandlung von Tryptophan in Kynurenin statt, so lassen sich orangefarbene Augen feststellen.

- a) Stellen Sie mithilfe der in B6 dargestellten Bausteine die Genwirkkette für die Bildung des roten Augenfarbstoffes bei der Fruchtfliege in einem Schema dar.
- b) **eA** Erklären Sie anhand Ihrer Genwirkkette die Bildung der unterschiedlichen Augenfarben bei *Drosophila* durch Mutationen an unterschiedlichen Stellen.

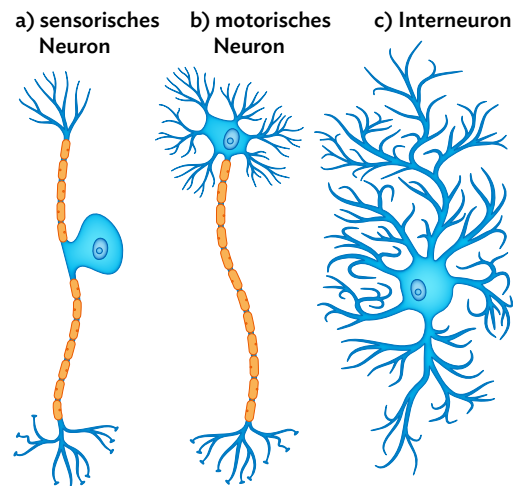


B6 Bausteine der Ommochrom-Synthese

7 Genregulation

Während der Entwicklung des menschlichen Gehirns werden bestimmte Gene in neuronalen Vorläuferzellen aktiviert, um ihre Differenzierung in unterschiedliche Nervenzellen zu bewirken. Z. B. entwickeln sich einige Nervenzellen zu sensorischen Neuronen (B7a), die Information zum Gehirn liefern, während andere zu motorischen Neuronen (B7b) werden, die

Information an die Muskulatur liefern. Andere Nervenzellen entwickeln sich zu Interneuronen (B7c) im Gehirn bzw. Rückenmark, die zwischen zwei weiteren Nervenzellen „zwischengeschaltet“ sind. Einige Gene, die in Vorläuferzellen aktiv sind, werden in ausgewachsenen Nervenzellen stillgelegt. Beschreiben Sie die Mechanismen, die zur Regulation der Gene in den Nervenzellen beitragen können.



B7 Verschiedene Nervenzelltypen

8 Genexpressionsmuster (Epigenom)

Schimpanse und Mensch haben zu ca. 98,7 % die gleiche Erbsubstanz. Die Verschiedenheit lässt sich also nicht mit Unterschieden in der Basenabfolge allein erklären.

- a) Erklären Sie an diesem Beispiel die Bedeutung der epigenetischen Genregulation.
- b) Vergleichen Sie die epigenetische Genregulation mit der Veränderung von Genen durch Mutationen hinsichtlich des zeitlichen Rahmens (Generationen), der für das Erreichen einer Anpassung an die Umwelt gebraucht wird.

9 Stammzellen

Die Eignung von Stammzellen zur Therapie oder zu Forschungszwecken hängt stark von ihrer Herkunft ab.

- a) Vergleichen Sie embryonale, adulte und induzierte Stammzellen hinsichtlich ihrer Eignung zur Therapie einer monogenetisch (von einem einzigen Gen) verursachten Erbkrankheit.
- b) Begründen Sie mit ethischen Argumenten, dass in Deutschland keine embryonalen Stammzellen gewonnen werden dürfen und importierte Zellen ausschließlich zu Forschungszwecken verwendet werden dürfen.

Ziel erreicht?

1. Selbsteinschätzung

Wie hoch ist Ihre Kompetenz in den Bereichen A bis H? Schätzen Sie sich selbst ein und kreuzen Sie auf dem Arbeitsblatt (→ QR 03302-034) in der Auswertungstabelle unten die entsprechenden Kästchen an.

2. Überprüfung

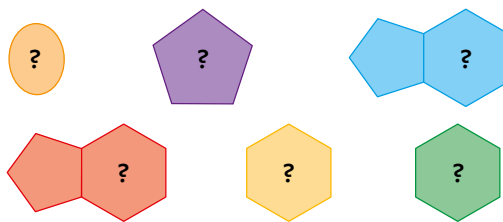
Bearbeiten Sie die untenstehenden Aufgaben. Vergleichen Sie Ihre Antworten mit den Lösungen (→ QR 03302-005) und kreisen Sie die erreichte Punktzahl in Ihrer Auswertungstabelle ein. Vergleichen Sie mit Ihrer Selbsteinschätzung. Unter → QR 03302-035 finden Sie außerdem eine digitale Lernanwendung zur Überprüfung der geforderten Kompetenzen.



Kompetenzen

Kompetenz A

A1 Folgende Bestandteile gehören zur DNA:

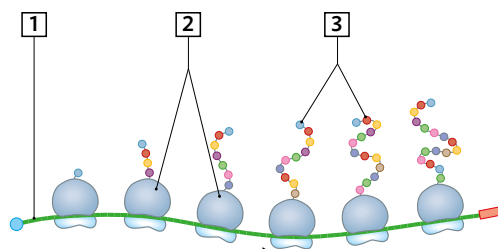


zu A1

- 8 BE** a) Erstellen Sie mithilfe der Modell-Strukturen der Abbildung einen kurzen, beschrifteten Ausschnitt eines DNA-Doppelstrangs und geben Sie die Polarität der Polynukleotid-Stränge an.
- 5 BE** b) Vergleichen Sie den molekularen Bau der DNA mit dem der mRNA.
- 9 BE** **A2** Sie möchten den Namen „FRANKLIN“ im Erbgut eines künstlichen Organismus verschlüsseln. Leiten Sie ausgehend vom Einbuchstabencode und unter Angabe der entsprechenden Aminosäuren ein mögliches DNA-Fragment ab (Code-Sonne → 2.3, B3).

Kompetenz B

B1 Die Proteinbiosynthese findet in zwei Teilschritten an unterschiedlichen Orten in der Zelle statt.

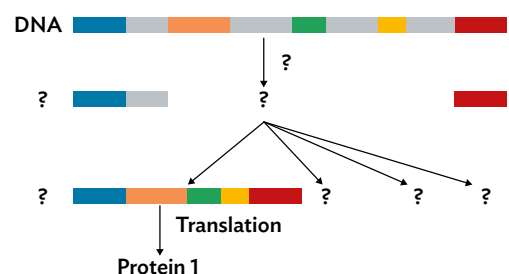


zu B1b

- a) Beschreiben Sie den Ablauf der Transkription und der Prozessierung bei Eukaryoten. **12 BE**
- b) Bei der Translation im Zellplasma laufen viele Ribosomen hintereinander eine mRNA entlang. Benennen Sie die mit 1 bis 3 gekennzeichneten Strukturen in der Abbildung (B1b) und beschreiben Sie stichpunktartig die Abläufe während der Translation. Begründen Sie die Laufrichtung des Ribosoms. **9 BE**
- c) Viele Antibiotika greifen in den Prozess der Proteinbiosynthese ein und stoppen ihn. Erläutern Sie, dass die fehlenden Genprodukte zum Absterben einer Zelle bzw. eines Organismus führen. **4 BE**
- d) **eA** Leiten Sie anhand der Vorgänge in der Proteinbiosynthese bei Prokaryoten verschiedene Angriffsorte für Antibiotika ab. **6 BE**

Kompetenz C

C1 **eA** Skizzieren und vervollständigen Sie das folgende Schema zum alternativen Spleißen. Beschreiben Sie die Bedeutung dieses Vorgangs.

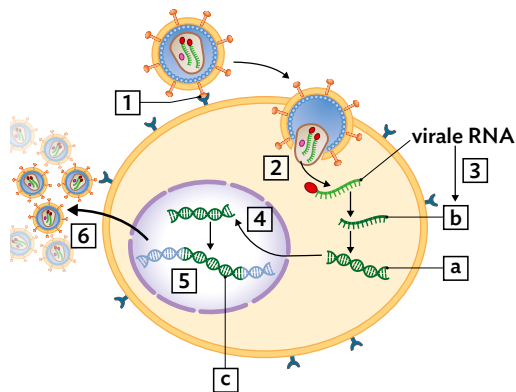


zu C1

Kompetenz D

D1 **eA** Nennen Sie die Beschriftung für a bis c und beschreiben Sie in Stichpunkten die Vorgänge an den Stellen 1 bis 6. Verwenden Sie Fachbegriffe.

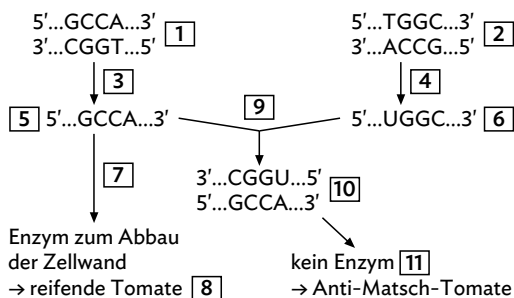
11 BE



zu D1

Kompetenz E

- E1** **eA** Erläutern Sie anhand der dargestellten Strukturen und Vorgänge 1 bis 11 den Ablauf der Antisense-Technik am Beispiel der Anti-Matsch-Tomate.



zu E1

Kompetenz F

- F1** Einem Albino-Tier fehlt das Haut-Pigment Melanin, das in drei aufeinanderfolgenden Stoffwechselschritten hergestellt wird. Leiten Sie mögliche Ursachen anhand einer allgemeinen Skizze zur entsprechenden Genwirkkette ab.

5 BE

Kompetenz G

- G1** Störungen im komplexen Prozess der eukaryotischen Genregulation führen zu Fehlfunktionen.
- Beschreiben Sie die Funktion allgemeiner und spezifischer Transkriptionsfaktoren sowie die Genregulation auf epigenetischer Ebene.
 - Erläutern Sie die Bedeutung der Genregulation für die Differenzierung von Zellen und die Anpassung des Organismus an Umweltbedingungen.

13 BE

eA

15 BE

4 BE

Kompetenz H

- H1** Herr Meier (56 J.) ist Vater von drei Kindern. Völlig unerwartet erlitt er einen Herzinfarkt, der durch abgestorbene Herzmuskelzellen zu einer verminderten Herzleistung von 20 % führte. Neueste Forschungen zu einer Therapie mit embryonalen Stammzellen machen ihm große Hoffnung auf Genesung.
- Formulieren Sie zwei mögliche Handlungsoptionen des Patienten als Teil einer ethischen Analyse.
 - Formulieren Sie je ein Pro- und ein Contra-Argument mit Angabe des zugrunde liegenden Wertes.

2 BE

6 BE

Auswertung

Ich kann ...	prima	ganz gut	mit Hilfe	siehe Seite
A den Bau der DNA und der RNA vergleichen sowie den genetischen Code anwenden.	22–19	18–13	12–7	88 f., 92 f., 126
B den Mechanismus der Proteinbiosynthese beschreiben, deren Bedeutung erklären und mögliche Angriffsorte für Antibiotika in Prokaryoten ableiten. eA	25–21	20–15	14–9	94–97, 127,
C die Bedeutung des alternativen Spleißens erklären. eA	31–26	25–19	18–13	108 f., 127
D den Vermehrungszyklus von Viren beschreiben und mögliche Therapieansätze erläutern. eA	7–6	5–3	2–1	100 f., 126
E den Vermehrungszyklus von Viren beschreiben und mögliche Therapieansätze erläutern. eA	11–9	8–6	5–3	102 f., 126
F die Wirkung von Antisense-RNA erläutern und Anwendungsmöglichkeiten ableiten. eA	11–9	8–6	5–3	104 f., 127
G das Zusammenwirken von Genen in einer Genwirkkette erläutern.	5	4–3	2	112 f., 128
H Mechanismen zur Regulation der Genaktivität beschreiben und deren Bedeutung erklären.	17–14 19–16	13–10 15–11	9–5 10–4	114–117, 118 f., 120 f., 128–131
H die Bedeutung von Stammzellen beurteilen und deren Einsatz bewerten.	8–7	6–4	3–2	122–125, 132

Abi-Training

Aufgabe

Alle Jahre wieder – Grippezeit

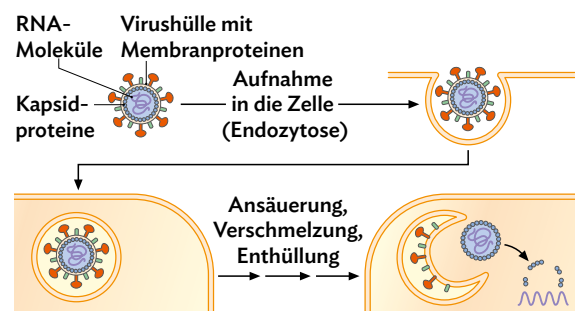
Jedes Jahr infizieren sich weltweit schätzungsweise 500 Millionen Menschen mit dem Influenza-Virus. Vor allem ältere Menschen lassen sich deshalb im Herbst impfen. Aus gutem Grund, denn sie gehören zur Risikogruppe, für die die Influenza bei einem schweren Verlauf lebensbedrohlich werden kann. Noch immer sterben in Deutschland jedes Jahr bis zu ca. 20.000 Personen an den Folgen der Grippe. Einmal ausgebrochen ist die Virusinfektion relativ schwer behandelbar, doch aufgrund der Fortschritte im Bereich der molekularbiologischen Forschung ist es in den letzten Jahrzehnten gelungen, immer bessere Impfstoffe und auch Therapieansätze zu entwickeln.

- | | |
|---|--|
| <p>1 Benennen Sie den Vorgang, der in der infizierten Zelle zur Bildung der Virusproteine führt und stellen Sie unter Mitverwendung eigener Skizzen, die die gegebene Modelldarstellung angemessen aufgreifen, den Mechanismus der Protein-Herstellung mit Bezug zum Beispiel dar (M1).</p> <p>2 Vergleichen Sie die molekulare Struktur von RNA und Proteinen (M1).</p> <p>3 Sofort nach der Infektion beginnt das Immunsystem zu arbeiten. Dabei greifen verschiedene Schritte ineinander, von denen der Infizierte zunächst nichts bemerkt. Ein solcher Schritt ist die Präsentation von Proteinbausteinen (Antigene) des Virus auf der Membranoberfläche (M2) einer infizierten Zelle. Beschreiben Sie die Schritte zur Präsentation der Virusproteine in einem prägnanten Text.</p> <p>4 eA Interpretieren Sie B6 (M3) im Hinblick auf den Bau eines Antikörpers (B3, B4).</p> <p>5 eA Beschreiben Sie die Bildung einer hypervariablen Region eines Antikörpers mithilfe des alternativen Spleißens anhand des Beispiels in M3 (B5). Stellen Sie mit Skizzen verschiedene Spleiß-Möglichkeiten dar und nennen Sie den Vorteil dieses Mechanismus.</p> <p>6 eA Beschreiben Sie kurz Wirkprinzipien von Antibiotika sowie von Antisense-RNA und diskutieren Sie unter Einbezug von M4, welche der beschriebenen Therapien für eine an Influenza erkrankte Person zu empfehlen ist. Schließen Sie ungeeignete Wege begründet aus.</p> <p>7 eA Erklären Sie, wie der Körper mithilfe der RNA-Interferenz Influenzaviren abwehren kann (M4) und leiten Sie davon ausgehend eine Strategie zur Entwicklung neuer Medikamente gegen Viren ab. Gehen Sie außerdem kurz darauf ein, warum die Entwicklung solcher Medikamente so schwierig ist.</p> | <p>BE</p> <p>9</p> <p>5</p> <p>4</p> <p>6</p> <p>4</p> <p>7</p> <p>5</p> |
|---|--|

Material

M1 Das Influenzavirus und sein Vermehrungszyklus

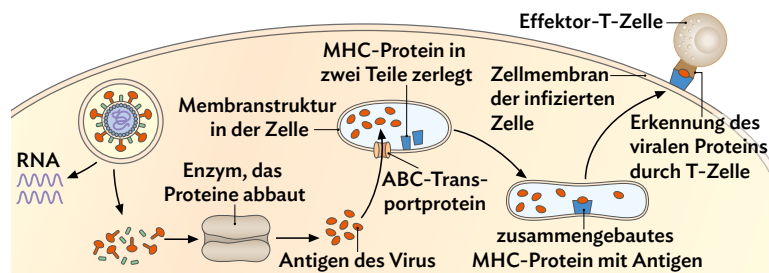
Das Influenzavirus gehört zu den umhüllten RNA-Viren, das heißt, es trägt seine Erbinformation in Form von einsträngigen RNA-Molekülen, welche von einem sog. Kapsid aus Proteinen umhüllt sind. Ist dieses Kapsid zusätzlich von einer Lipid-Doppelschicht-Membran umgeben, spricht man von umhüllten Viren. B1 zeigt, welche Strategie Influenzaviren nutzen, um in ihre Wirtszellen einzudringen. Nach Freisetzung ihrer RNA sind sie dann auf die Strukturen und Prozesse der Wirtszelle angewiesen, um sich zu vermehren. Die im Folgenden angegebene Basenfolge entstammt einem RNA-Ausschnitt aus der Erbinformation eines Influenzavirus: 5'...AACACUGUGUCAAGU...-3'



B1 Bau eines Influenzavirus und sein Eintritt in die Wirtszelle

M2 Antigenpräsentation

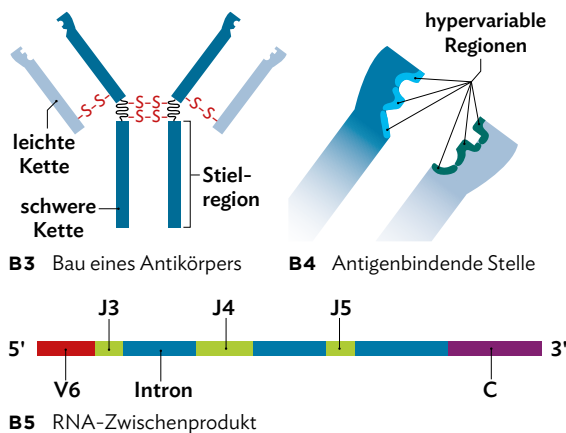
Eine Effektor-T-Zelle des Immunsystems tötet eine virusinfizierte Zelle, wenn sie auf deren Oberfläche gebundene Fragmente von Virusproteinen erkennt. Diese Antigene werden von bestimmten Proteinen präsentiert, den sog. **MHC-Proteinen**, die die Wirtszelle eigens für diesen Zweck neu bildet (B2).



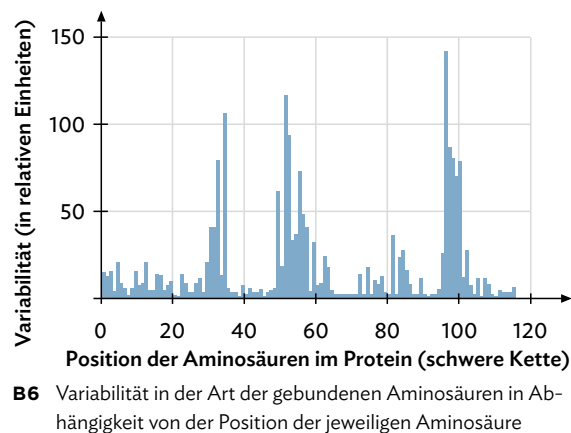
B2 Aufbereitung eines fremden Proteins für die Präsentation

M3 eA Infektionsabwehr durch Antikörper

Zellen des Immunsystems produzieren Immunglobuline als Zelloberflächenrezeptoren (MHC-Proteine, ➔ M2) und als Antikörper, die von den Zellen abgegeben werden. Ein typischer Antikörper besitzt zwei identische Antigenbindungsstellen (B4). Er besteht aus vier Polypeptidketten – zwei identischen leichten Ketten und zwei identischen schweren Ketten, die über Disulfidbrücken zusammengehalten werden. Die N-terminalen Teile der leichten und der schweren Ketten wirken in der Regel zusammen und bilden die antigenbindenden Stellen. Die C-terminalen Teile der schweren Ketten bilden den „Stiel“ des Y-förmigen Proteins (B3).



Untersucht man die Aminosäurezusammensetzung der Antikörper genauer, kann man an unterschiedlichen Stellen den Einbau vieler verschiedener Aminosäuren ermitteln (B6). Die Vielfalt der Antikörper beim Menschen kommt durch unterschiedliche Prozesse zustande, u. a. durch unterschiedliche RNA-Prozessierung. Ein RNA-Zwischenprodukt ist in B5 schematisch dargestellt: Von den insgesamt ca. 35 V-Segmenten und 5 J-Segmenten auf der DNA wird jeweils eines zufällig mit dem C-Segment kombiniert. So entsteht letztendlich der Proteinausschnitt zu einer der hypervariablen Regionen.



M4 eA Therapieansätze

Zur Therapie beim Menschen sind **Medikamente** aus verschiedenen Substanzklassen zugelassen. Ein Beispiel sind die erst vor wenigen Jahren entwickelten Neuraminidase-Hemmer. Sie blockieren ein virales Oberflächenenzym, die Neuraminidase, und stören damit die Loslösung eines Virus bei der Freisetzung aus der Zelle. Somit können keine weiteren Zellen infiziert werden. Bisher verfügbare Vertreter dieser Substanzklasse haben ein ungünstiges Verhältnis von (geringer) Wirksamkeit und (bedeutsamen) Nebenwirkungen. Derzeit sind in der EU drei Neuraminidase-Hemmer zugelassen. Ein bekanntes Beispiel ist Oseltamivir. Es wird als Suspension oder Kapsel oral angewendet und ist

in Deutschland zur Therapie und Prophylaxe ab dem ersten Lebensjahr zugelassen.

Auf Grundlage von RNA-Interferenz (RNAi) könnten neue Medikamente entwickelt werden. Denn viele der Proteine, die bei der RNAi an der Genregulierung beteiligt sind, können auch eine Abwehrreaktion bewirken: Sie organisieren den Abbau fremder doppelsträngiger RNA-Moleküle. Viele Viren bilden im Laufe ihres Lebenszyklus zumindest vorübergehend doppelsträngige RNA. Mithilfe der **RNA-Interferenz** können solche „Eindringlinge“ bekämpft werden, denn durch die Anwesenheit doppelsträngiger RNA wird ein Proteinkomplex aktiviert, der Dicer enthält.

Biologie – Ausgabe A ab 2026 Unterrichtswerk für Biologie in der Sekundarstufe II		ISBN 978-3-661- / Bestellnr.
	Biologie SII Biologie für das grundlegende / erhöhte Anforderungsniveau	03302-0
	Digitale Ausgabe click & study Einzellizenz	WEB 033021 Diese und weitere Lizenzarten finden Sie auf www.ccbuchner.de .
Profitieren Sie bei der Bestellung von click & study im Schulkonto vom 3-fach-Rabatt oder erwerben Sie bei Einführung der Print-Ausgabe die Print-Plus-Lizenz zu einem vergünstigten Preis.		
	Digitales Lehrermaterial click & teach Einzellizenz	WEB 033022 Diese und weitere Lizenzarten finden Sie auf www.ccbuchner.de .



Alle Produkte, Preise und weitere Infos finden Sie auf:
www.ccbuchner.de/reihe/2754

Sie wünschen persönliche Beratung?

Unser Schulberatungsteam ist für Sie da –
vor Ort, telefonisch und online.

Kontaktinformationen finden Sie auf
www.ccbuchner.de/schulberatung



L03302

Stand: April 2026. Änderungen und Irrtümer vorbehalten.
C.C.Buchner Verlag | Laubanger 8 | Bamberg | service@ccbuchner.de
produktsicherheit@ccbuchner.de

© Bildquellen: AdobeStock / Science RF; Freepik.com / ariqstock – S. 3: AdobeStock / tope007 – S. 12, 13;
Shutterstock / Drazen Zigic – S. 14, 16, 17; Shutterstock / Andriy Mertsalov – S. 15; Shutterstock / Dmitri1ch – S. 13, 15