

Lösungen zu Aufgabe 1

Aufg.	Antwort	Punkte
1a 2 Punkte	Geeignete Methode nennen, zum Beispiel das Abzeichnen der Blattnrisse auf Millimeterpapier und das Bestimmen der Gesamtläche in cm ² . Durchführung und Angabe der Werte.	2
1b 2,5 Punkte	Foto des Versuchsansatzes: Zweige sichtbar (Wahl der Art), Wasserstände sichtbar, Beschriftung der Gläser, Ölschicht erkennbar, Reihenfolge der Gläser (je 0,5P).	2,5
1c 3 Punkte	Ölschicht verhindert die Verdunstung (Evaporation) des Wassers Versuch: Zwei Gläser, eins mit, eins ohne Ölschicht (Blindprobe) zusätzlich aufstellen, wiegen.	1 2
1d 5 Punkte	Korrekte Tabelle mit je 14 Werten, Zweig 1 (keine Blätter): keine Verdunstung (1 P), Zweig 2 (unbehandelte Blätter): starke Verdunstung (1 P), Zweig 3 (Blattunterseite Vaseline): geringe Verdunstung (1P), Zweig 4 (Oberseite Vaseline): starke Verdunstung (1 P), Zweig 5 (beide Blattseiten Vaseline): keine Verdunstung.	5
5 Punkte	Dazu korrekte Grafik (Achsenbeschriftung, x-Achse: Zeit, y-Achse Wasserverlust/cm ² Blattfläche, 5 Grafen)	5
1e 2,5 Punkte	Die Blätter sind Organe für den Transpirationssog der Pflanze. Die Verdunstung des Wassers geschieht bei Laubblättern hauptsächlich an der Blattunterseite. Die verantwortlichen zellulären Strukturen sind als Spaltöffnungen bekannt.	2,5

Lösungen zu Aufgabe 2

Aufg.	Antwort	Punkte																					
2a 3 Punkte	<table border="1"> <thead> <tr> <th>Enzym</th> <th>Organ</th> <th>Substrat</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td>Aminopeptidase</td> <td>Darm</td> <td>Proteine</td> </tr> <tr> <td>Amylase</td> <td>Speicheldrüse</td> <td>Polysaccharide</td> </tr> <tr> <td>Chymotrypsin</td> <td>Pankreas</td> <td>Proteine</td> </tr> <tr> <td>Lipase</td> <td>Magen/Pankreas</td> <td>Fette</td> </tr> <tr> <td>Pepsin</td> <td>Magen</td> <td>Proteine</td> </tr> <tr> <td>Trypsin</td> <td>Pankreas</td> <td>Proteine</td> </tr> </tbody> </table>	Enzym	Organ	Substrat	Aminopeptidase	Darm	Proteine	Amylase	Speicheldrüse	Polysaccharide	Chymotrypsin	Pankreas	Proteine	Lipase	Magen/Pankreas	Fette	Pepsin	Magen	Proteine	Trypsin	Pankreas	Proteine	3 pro Zeile 1x0,5
Enzym	Organ	Substrat																					
Aminopeptidase	Darm	Proteine																					
Amylase	Speicheldrüse	Polysaccharide																					
Chymotrypsin	Pankreas	Proteine																					
Lipase	Magen/Pankreas	Fette																					
Pepsin	Magen	Proteine																					
Trypsin	Pankreas	Proteine																					
2b 6 Punkte	<p>Erwartete Beobachtung: #1 bleibt pink, keine Entfärbung #2: Entfärbung von pink nach farblos #3: Entfärbung von pink nach farblos</p> <p>Indikator Phenolphthalein: pink in basischer (Soda-) Lösung, farblos in saurer Spaltung der Fette (Oliveneröl) in Glycerin und Fettsäuren durch Pankreatin (enthält Lipasen) Lösung wird sauer (Fettsäuren), Indikator farblos schnellere Fettspaltung durch Emulgatoren wie Gallensäure im Gallenpräparat Geschwindigkeit der Reaktionen: #3 > #2 > #1</p>	1 1 1 1 1 1																					
2c 3 Punkte	<p>Reaktion nur in Ansatz drei – Verdau der Gelatine, Auflösen des Farbstoffes 1 + 2 nur Quellen der Gelatine Salzsäure allein reicht nicht für Verdauung, Pepsin benötigt sauren pH-Bereich für Optimum</p>	1 1 1																					
2d 8 Punkte	<p>Lösen der Aufgabe mit einfacher Literaturrecherche Befundbeurteilung: Patient B ist gesund im Hinblick auf die Vitamin B12-Resorption (Ausscheidung von mind. 6% der Radioaktivität), Patient A hat einen Defekt – höchstwahrscheinlich Mangel an Intrinsic Faktor (IF), der für die Vitamin B12-Aufnahme nötig ist Kontrollversuch: Gabe des Vitamin B12 zusammen mit Intrinsic Faktor. (Damit müssten sich die Werte bei Patient A normalisieren, bei B bleiben oder nur leicht ansteigen.) Weitere mögliche Ursachen für geringe Ausscheidungsrate: 1) Malabsorption – generell eingeschränkte Funktionsfähigkeit des Dünndarms – Kontrolltest mit IF ändert Ergebnis nicht 2) verminderte Aufnahme wegen Überwucherung des Dünndarms mit Bakterien – Kontrolltest mit IF ändert Ergebnis nicht 3) Verzögerte Ausscheidung des aufgenommenen markierten Vitamin B12 wegen Niereninsuffizienz – Kontrolltest mit IF ändert Ergebnis nicht</p>	1 2 2 1 1 1																					

Lösungen zu Aufgabe 3

Aufg.	Antwort	Punkte
3a 5 Punkte	<p>DNA-Sequenzierung vor 1980: MAXAM-GILBERT-Sequenzierung und Kettenabbruchmethode nach SANGER</p> <p>DNA-Sequenzierung nach 1995: Sogenannte „high-throughput sequencing“ oder „deep sequencing“-Technologien wie Pyrosequenzierung oder Sequenzieren durch Ligation. Alternativ kann Nanoporen-Sequenzierung genannt werden</p> <p>1. MAXAM-GILBERT-Sequenzierung: Markierte DNA wird durch basenspezifische chemische Spaltung in vier verschiedenen Ansätzen (für, A, G, C und T) fragmentiert. Per Gelelektrophorese werden die Fragmente der Länge nach vermessen, wobei Längendifferenzen von jeweils einer bestimmten Base ausgelöst wurden. Durch Vergleich der vier Ansätze lässt sich die Sequenz ermitteln.</p> <p>2. Kettenabbruchmethode nach SANGER: Während der Elongation eines Primers durch DNA-Polymerase werden neben unmarkierten dNTPs markierte ddNTPs inkorporiert, die zum Kettenabbruch führen. Dadurch entstehen Fragmente verschiedener Länge, wobei es für jede Basenposition ein Fragment gibt. Diese Fragmente werden durch Polyacrylamid-Gelelektrophorese nach ihrer Größe aufgetrennt. Durch die Information, welches ddNTP bei welcher Fragment-Größe eingebaut wurde, kann die DNA-Sequenz ermittelt werden.</p> <p>3. Pyrosequenzierung: Pyrosequenzierung basiert auf der Kopplung des Nucleotideinbaus während der Sequenzierreaktion mit einem chemolumineszenten Enzyms. Hierbei wird Base für Base getestet, welches Nucleotid ein chemolumineszentes Signal erzeugt. Hierdurch kann die Sequenz einzelner DNA-Moleküle ermittelt werden.</p>	1 1 1 1 1
3b 4 Punkte	<p>Der Maximum-Parsimony-Stammbaum sollte folgendermaßen aussehen:</p> <p>Korrekte Topologie: Die Länge der einzelnen Arme ist hier zu vernachlässigen. Korrekte Anordnung der Arten: Der Stammbaum ist rotationssymmetrisch, also Zebra und Nilpferd sowie Bär und Hase müssen jeweils auf derselben Seite stehen, es ist jedoch unwichtig, welches Tier oben bzw. unten aufgeführt ist. <i>Hinweis: Wie bei der Topologie erwähnt, ist die Länge der einzelnen Arme bei dieser Aufgabe nicht wichtig. Selbstverständlich kann der Stammbaum aber vom Schüler gewichtet werden. Ein solcher Stammbaum würde dann folgendermaßen aussehen:</i></p>	2 2
3c 4 Punkte	<p>Wert für die genetische Distanz beim Bären: 5 Die spezifischen Substitutionen sind grau hinterlegt. Sie erhalten jeweils den Wert 1. Die Substitutionen, die im Widerspruch zum Stammbaum stehen, sind umrandet. Sie erhalten je den Wert 0,5.</p> <p> <i>U. arctos:</i> C. <u>C</u>. C. A. T. G. T. C. T. C. <u>A</u>. T. <u>C</u>. <u>C</u>. G. C. G. T. <u>C</u>. <u>C</u>. G <i>M. novaeangl.:</i> C. G. C. A. T. A. T. T. T. C. G. T. G. A. G. T. G. A. T. T. A <i>L. europaeus:</i> T. G. T. A. C. G. C. C. C. T. G. C. C. A. A. C. G. T. T. T. G <i>H. amphibius:</i> C. G. C. G. T. G. T. T. T. C. G. T. C. A. G. T. C. T. C. T. A </p> <p>In der Summe findet man für <i>Ursus arctos</i> 4 spezifische Substitutionen und</p>	1

	2 Substitutionen im Widerspruch zum Stammbaum: $4 \cdot 1 + 2 \cdot 0,5 = 5$	
	Wert für die genetische Distanz beim Wal: 3 <i>U. arctos</i> : C.C.C.A.T.G.T.C.T.C.A.T.G.C.G.C.G.T.C.C.G <i>M. novaeangl.</i> : C.G.C.A.T.A.T.T.T.C.G.T.C.A.G.T.G.A.T.T.A <i>L. europaeus</i> : T.G.T.A.C.G.C.C.C.T.G.C.C.A.A.C.G.T.T.T.G <i>H. amphibius</i> : C.G.C.G.T.G.T.T.T.C.G.T.C.A.G.T.C.T.C.T.A	1
	In der Summe findet man für <i>Megaptera novaeangliae</i> 2 spezifische Substitutionen und 2 Substitutionen im Widerspruch zum Stammbaum: $2 \cdot 1 + 2 \cdot 0,5 = 3$	
	Wert für die genetische Distanz beim Hasen: 9 <i>U. arctos</i> : C.C.C.A.T.G.T.C.T.C.A.T.G.C.G.C.G.T.C.C.G <i>M. novaeangl.</i> : C.G.C.A.T.A.T.T.T.C.G.T.G.A.G.T.G.A.T.T.A <i>L. europaeus</i> : T.G.T.A.C.G.C.C.C.T.G.C.C.A.A.C.G.T.T.T.G <i>H. amphibius</i> : C.G.C.G.T.G.T.T.T.C.G.T.C.A.G.T.C.T.C.T.A	1
	In der Summe findet man für <i>Lepus europaeus</i> 8 spezifische Substitutionen und 2 Substitutionen im Widerspruch zum Stammbaum: $2 \cdot 1 + 2 \cdot 0,5 = 9$	
	Wert für die genetische Distanz beim Nilpferd: 3 <i>U. arctos</i> : C.C.C.A.T.G.T.C.T.C.A.T.G.C.G.C.G.T.C.C.G <i>M. novaeangl.</i> : C.G.C.A.T.A.T.T.T.C.G.T.G.A.G.T.G.A.T.T.A <i>L. europaeus</i> : T.G.T.A.C.G.C.C.C.T.G.C.C.A.A.C.G.T.T.T.G <i>H. amphibius</i> : C.G.C.G.T.G.T.T.T.C.G.T.C.A.G.T.C.T.C.T.A	1
	In der Summe findet man für <i>Hippopotamus amphibius</i> 2 spezifische Substitutionen und 2 Substitutionen im Widerspruch zum Stammbaum: $2 \cdot 1 + 2 \cdot 0,5 = 3$	
3d 4 Punkte	Der phylogenetische Stammbaum mit Wurzel sollte folgendermaßen aussehen: 	-
	Korrekte Topologie des Stammbaumes	1
	Korrekte Zuordnung der Arten gemäß der Lösung aus 2c	1
	Korrekte relative Länge der einzelnen Äste gemäß der Lösung aus 2c (mit Beschriftung)	1
	Hinweis: Punkte können hier komplett folgerichtig vergeben werden, wenn der Schüler in Aufgabe 2c keine Punkte oder nur Teil-Punkte erhalten hat und den Stammbaum entsprechend korrekt anfertigt.	
3e 3 Punkte	Hinweis: <i>Megaptera novaeangliae</i> : Buckelwal <i>Hippopotamus amphibius</i> : Nilpferd Flusspferde (Hippopotamidae) wurden bis zum Aufkommen der Sequenzier-Technologie aufgrund ihrer Morphologie den Paarhufern (Artiodactyla) zugeordnet. Basierend auf molekularbiologischen Erkenntnissen sind die Flusspferde jedoch die nächsten Verwandten der Wale (Cetacea). Demnach sind die Paarhufer paraphyletisch in Bezug auf die Wale, also ein offenes Taxum.	-
	Flusspferde (Hippopotamidae) wurden bis zum Aufkommen der Sequenzier-Technologie aufgrund ihrer Morphologie den Paarhufern (Artiodactyla) zugeordnet.	1
	Basierend auf molekularbiologischen Erkenntnissen sind die Flusspferde jedoch die nächsten Verwandten der Wale (Cetacea).	1
	Demnach sind die Paarhufer paraphyletisch in Bezug auf die Wale, also ein offenes Taxum.	1

Lösungen zu Aufgabe 4

Aufg.	Antwort	Punkte
4a 4 Punkte	Hintergrund: Beim somatischen Zellkerntransfer wird der Zellkern einer somatischen Zelle in eine Eizelle verpflanzt, deren Zellkern vorher entfernt wurde. Aus dieser Eizelle kann sich ganz normal ein Organismus entwickeln, als ob der Zellkerntransfer nicht stattgefunden hätte. Diese Technik demonstriert, dass der Zellkern somatischer Zellen potenziell Totipotenz behält und von einem somatischen zu einem embryonalen Status reprogrammiert werden kann (= das Gegenteil von Differenzierung ist potenziell biologisch möglich). Da der Zellkern differenziert war und nur das Cytoplasma vom Embryo stammt, müssen Faktoren im Cytoplasma für die Reprogrammierung verantwortlich sein.	- 1 1 1
4b 4 Punkte	Diese Zellen müssen sich in Zellen aller drei Keimblätter (Entoderm, Ektoderm und Mesoderm) sowie der Keimbahn differenzieren lassen, um embryonalen Stammzellen in ihrem Potenzial gleich zu kommen. Diese Stammzellen müssen injiziert z.B. in einen Mausembryo zur Bildung der kompletten Maus beitragen sowie keimbahngängig sein – also die gebildete Maus muss fruchtbare Spermien bzw. Eizellen haben, die von den hergestellten Stammzellen direkt abstammen. Hinweis: Es reicht nicht aus, dass ein Schüler alternativ vorschlägt, die Stammzellen zu differenzieren und zu testen, ob man alle Zelltypen generieren kann. Ein in vivo Test ist das ultimative Kriterium, um zu überprüfen, ob pluripotente Zellen geschaffen wurden.	1 1 1 -
4c 4 Punkte	Die Reprogrammierung beim somatischen Zellkerntransfer war abhängig von Faktoren im Cytoplasma. Daher wäre es notwendig diese Faktoren zu identifizieren. Nach der Identifikation könnte man solche Faktoren gezielt in somatische Zellen einbringen. Auf diese Weise würden die somatischen Zellen durch die Anwesenheit der somatischen Faktoren reprogrammiert ohne embryonale Stammzellen zu verwenden. Hinweis: Diese Art der Reprogrammierung wird heutzutage bereits bei der Herstellung von induzierten, pluripotenten Stammzellen (iPS-Zellen) verwendet.	1 1 1 1 -
4d 4 Punkte	Die Faktoren A und B beeinflussen beide Reprogrammierung, und das gemeinsame Entfernen führt zu einem synthetisch kranken Phänotypen. Daher müssen beide in ineinander mündenden Signalwegen das gleiche Zielprotein/ Zielgen regulieren Der Signalweg kann beispielsweise folgendermaßen skizziert werden: 	1 1 -
	Korrekte Skizze/Beschriftung	2
4e 4 Punkte	Die Faktoren A und B können mit Hilfe der RNAi-Technologie aus Zellen entfernt werden (=Abbau der mRNA von A und B nach Transfektion von Zellen mit kurzen doppelsträngigen, komplementären RNA-Molekülen). Der Nachweis eines solchen „knock-downs“ erfolgt am besten mit Hilfe eines Western Blots, um zu verifizieren, ob die Proteine A und B tatsächlich aus den Zellen entfernt wurden. Hinweis: Als alternative Methoden können genannt werden: Northern Blot oder quantitative PCR, um zu verifizieren, ob die mRNAs von A und B entfernt wurden.	1 1 1 1

Herausgeber:
 Dr. Eckhard Lucius
 Dennis Kappei (M.Sci.)
 Dr. Christiane Mühle

