

A detailed illustration of a peacock with its tail feathers fanned out, showing many 'eyes'. The peacock's head and neck are in the lower left, facing right. The background is a mix of green and blue feathers.

**MEHR
ERFAHREN**



NEUES ABITUR

ABITUR-TRAINING

Biologie 1


Genetik und Gentechnik
Evolution · Verhaltensökologie

STARK

Inhalt

Vorwort

Genetik und Gentechnik	1
1 Speicherung und Realisierung genetischer Information	2
1.1 Aufbau und Struktur der DNA	2
1.2 Die RNA	5
 1.3 Der genetische Code und die Proteinbiosynthese	6
1.4 Proteine	12
1.5 Genwirkketten	13
1.6 Eingriff von Viren in die Proteinbiosynthese ihres Wirts	15
1.7 Wirkung von Antibiotika auf die Proteinbiosynthese von Prokaryoten	17
 Aufgaben	20
2 Regulation der Genaktivität	25
2.1 Differenzielle Genaktivität	25
2.2 Mechanismen der Genregulation bei Eukaryoten	26
2.3 Epigenetik	30
2.4 Stammzellforschung	32
 Aufgaben	35
3 Vervielfältigung genetischer Informationen	37
3.1 Die natürliche DNA-Replikation	37
 3.2 Die künstliche DNA-Replikation	40
 3.3 Zellzyklus und Mitose	42
3.4 Kontrolle und Störungen des Zellzyklus	45
 Aufgaben	49
4 Neukombination und Veränderung genetischer Informationen	51
4.1 Meiose	51
4.2 Genommutationen	56
4.3 Chromosomenmutationen	61
4.4 Genmutationen	63
4.5 Künstliche Veränderung von Erbanlagen	67
 Aufgaben	77
5 Weitergabe genetischer Informationen	81
5.1 Die MENDELSchen Regeln	81
5.2 Weitere Vererbungsregeln	88
5.3 Epigenetische Vererbung und Genomische Prägung	93
 Aufgaben	96

6	Weitergabe von Erbkrankheiten und DNA-Analytik	99
6.1	Erbgänge genetisch bedingter Krankheiten beim Menschen	99
6.2	Methoden der genetischen Familienberatung	105
6.3	DNA-Analytik beim Menschen	108
6.4	Ethische Gesichtspunkte	114
	Aufgaben	117

Evolution	121
------------------	------------

1	Evolutionsforschung	122
----------	----------------------------	------------

1.1	Verschiedene Evolutionstheorien im Vergleich	122
-----	--	-----

1.2	Belege für die synthetische Evolutionstheorie: Molekularbiologische Homologien	126
-----	---	-----

1.3	Systematisierung von Lebewesen und Rekonstruktion der Stammesgeschichte	130
-----	--	-----

	Aufgaben	137
---	----------	-----

2	Synthetische Evolutionstheorie: Mechanismen der Evolution	141
----------	--	------------

2.1	Die Evolutionsfaktoren Mutation und Rekombination	142
-----	---	-----

2.2	Natürliche Selektion und Selektionsformen	144
-----	---	-----

2.3	Alleldrift	148
-----	------------	-----

2.4	Artbildung durch Isolation	150
-----	----------------------------	-----

2.5	Koevolution	157
-----	-------------	-----

	Aufgaben	159
---	----------	-----

3	Der Mensch und die Evolution: ein Wechselspiel	161
----------	---	------------

3.1	Die Evolution des Menschen	161
-----	----------------------------	-----

3.2	Die kulturelle Evolution des Menschen	167
-----	---------------------------------------	-----

3.3	Veränderungen der Umwelt durch den Menschen	170
-----	---	-----

	Aufgaben	175
---	----------	-----

Verhaltensökologie – Evolution und Anpasstheit von Verhalten	177
---	------------

1	Grundlagen der Verhaltensökologie	178
----------	--	------------

1.1	Fragestellungen der Verhaltensökologie	178
-----	--	-----

1.2	Fitness	179
-----	---------	-----

1.3	Methoden der verhaltensökologischen Forschung	180
-----	---	-----

	Aufgaben	182
---	----------	-----

2	Individuum und soziale Gruppe	184
----------	--------------------------------------	------------

2.1	Kooperation und Altruismus	185
-----	----------------------------	-----

2.2	Kommunikation	187
-----	---------------	-----

2.3	Aggression	190
-----	------------	-----

2.4	Partnerwahl und Fortpflanzung	193
-----	-------------------------------	-----

	Aufgaben	201
---	----------	-----

3	Sozialverhalten von Primaten	205
3.1	Kommunikations-, Aggressions- und Kooperationsverhalten	206
3.2	Sexualverhalten	209
	Aufgaben	212
Lösungen		215
	Stichwortverzeichnis	261
	Abbildungsverzeichnis	266

Autorin und Autoren:


Maren Frey, Sebastian Rinner, Harald Steinhofer, Florian Zollet

Vorwort

Liebe Schülerin, lieber Schüler,

der vorliegende Band 1 sowie Band 2 dienen als zuverlässige und praxisnahe Begleiter bei allen wesentlichen Inhalten der Biologie in der Oberstufe. Ob für anstehende Klausuren oder zur Vorbereitung auf das Abitur – in diesem Band finden Sie fundiertes Fachwissen und vielfältige Übungsmaterialien, um die Themen **Genetik und Gentechnik**, **Evolution** und **Verhaltensökologie** zu verstehen und Aufgaben dazu sicher zu meistern.

Zum Aufbau dieses Buches:

- In den Kapiteln werden zunächst alle entscheidenden **Fachbegriffe** und **Zusammenhänge** erklärt, sodass Sie den Unterrichtsstoff wiederholen oder auch selbstständig erarbeiten können.
- Viele **Abbildungen** und sorgfältig ausgewählte **Beispiele** veranschaulichen den Lernstoff. 
- Die wichtigsten Begriffe und Zusammenhänge finden Sie in **farbigen Kästen**. 
- **Zusammenfassungen** am Ende jedes Lernbereichs ermöglichen eine schnelle Überprüfung des Gelernten.
- Zu jedem Kapitel gibt es **zahlreiche Aufgaben** mit **ausführlichen Lösungen**, damit Sie Ihren Lernerfolg selbstständig überprüfen können. 
- Themenbereiche, die nur für das **erhöhte Anforderungsniveau** bzw. den **Leistungskurs**/das **Leistungsfach** relevant sind, erkennen Sie durch einen farbigen Balken am Seitenrand.
- Das ausführliche **Stichwortverzeichnis** bietet Ihnen einen raschen Überblick und den sicheren Zugriff auf relevante Informationen.
- Zu ausgewählten Themenbereichen gibt es **hilfreiche Lernvideos**. Die entsprechenden Stellen im Buch sind mit einem Video-Symbol gekennzeichnet. Dort befinden sich QR-Codes, die Sie mit Ihrem Smartphone oder Tablet scannen können. Falls Sie keine Möglichkeit haben, die QR-Codes zu scannen, finden Sie die Lernvideos auch unter: www.stark-verlag.de 

Viel Freude mit diesem Buch und viel Erfolg für Ihre Prüfungen wünschen Ihnen die Autorin, die Autoren und der STARK Verlag!

Genetik und Gentechnik



Thermocycler ermöglichen eine automatisierte Vervielfältigung von Erbmaterial mithilfe der PCR und spielen damit eine zentrale Rolle in der Genforschung.

1 Speicherung und Realisierung genetischer Information

1.1 Aufbau und Struktur der DNA

Die **DNA** (engl. **d**eoxyribo**n**ucleic **a**cid; auch **DNS** = **D**esoxyribo**n**ukleinsäure) ist ein grundlegender Baustein des Lebens. Sie enthält die **genetische Information** eines Organismus und ist verantwortlich für die Ausbildung und die Weitergabe von Merkmalen. Somit bildet sie die Grundlage für unser physisches Erscheinungsbild (= Phänotyp) sowie unseren Stoffwechsel und stellt das Fundament der biologischen Vielfalt dar.

Molekularer Bau der DNA



Die **DNA** besteht aus drei Grundbausteinen:

- **Phosphatrest** (= **Phosphorsäurerest**): gebundene Phosphorsäure
- **Desoxyribose**: eine Pentose (Zuckermolekül mit 5 C-Atomen)
- **Organische Basen**: Adenin (A), Thymin (T), Cytosin (C), Guanin (G)

Diese drei Grundbausteine zusammen ergeben ein **Nukleotid**, bei dem der Phosphatrest über das C5-Atom (5') und die Base über das C1-Atom (1') der Desoxyribose gebunden ist. Die Verbindung aus Desoxyribose und Base nennt man **Nukleosid**.

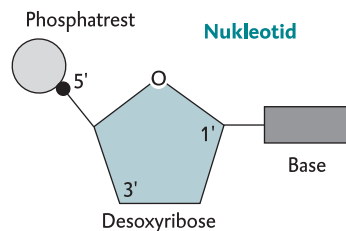


Abb. 1: Schematische Darstellung eines Nukleotids

Die Basenmoleküle lassen sich in zwei Gruppen einteilen:

- Die **Purin-Basen** Adenin und Guanin bestehen aus einem Doppelringssystem (zwei verbundene stickstoffhaltige Ringe).
- Die **Pyrimidin-Basen** Thymin und Cytosin besitzen ein Einfachringssystem (ein einzelner stickstoffhaltiger Ring).

Die DNA liegt in Form von langen Ketten aus Nukleotiden vor, die **Polynukleotidstränge** genannt werden. Die Verbindung zwischen den Nukleotiden erfolgt über den Phosphatrest des einen Nukleotids zum C3-Atom der Desoxyribose des nächsten Nukleotids.

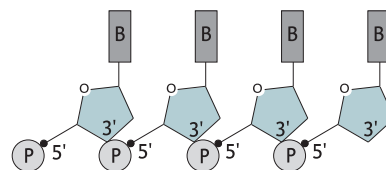


Abb. 2: Schematische Darstellung eines Polynukleotidstrang-Ausschnitts



In der Reihenfolge der am **Phosphat-Desoxyribose-Rückgrat** ansetzenden **Basen** ist die **genetische Information** verschlüsselt.

Aufgrund der beschriebenen Verknüpfung sind die zwei Enden des Polynukleotidstrangs nicht gleich, sondern es gibt ein **5'-Ende** und ein **3'-Ende**. Der Strang weist also eine **Polarität** auf. Da die Verknüpfung mit dem nächsten Nukleotid nur am C3-Atom möglich ist, kann die DNA nur vom 5'- zum 3'-Ende verlängert werden.

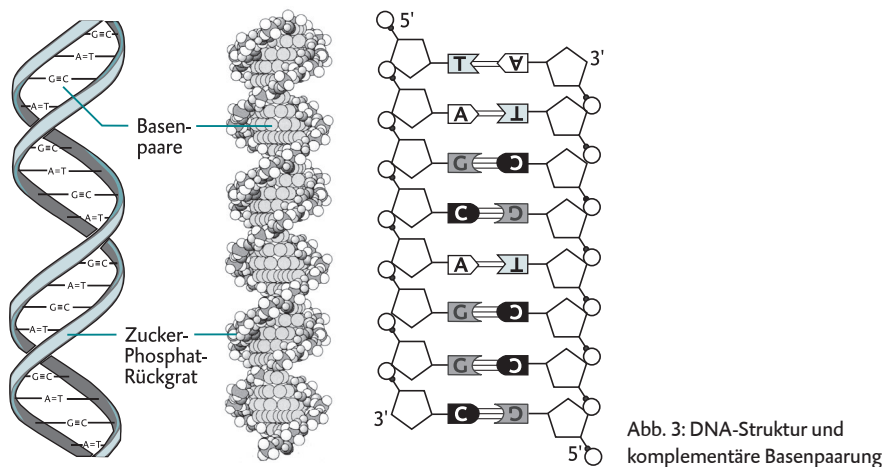


Abb. 3: DNA-Struktur und komplementäre Basenpaarung

Die DNA besitzt darüber hinaus folgende Baumerkmale:

- Sie besteht aus **zwei** miteinander verbundenen **Polynukleotid-Strängen**, die eine Spirale bilden. Diese Struktur wird als **Doppelhelix** bezeichnet.
- Die **Basenpaarung** zwischen den Strängen erfolgt nach spezifischen Regeln: Adenin paart immer mit Thymin (A–T), während Guanin mit Cytosin paart (G–C). Grund hierfür ist die Ausbildung von **Wasserstoffbrücken** (H-Brücken) zwischen den Basen. Zwischen Adenin und Thymin werden zwei H-Brücken ausgebildet, zwischen Guanin und Cytosin drei. Diese **komplementäre** Basenpaarung nach dem **Schlüssel-Schloss-Modell** sorgt für die Stabilität der DNA-Struktur.
- Die beiden Stränge der DNA verlaufen in entgegengesetzter Richtung, man sagt, sie sind **antiparallel** zueinander angeordnet. Der eine Strang verläuft von 5' nach 3', der andere von 3' nach 5'.

**Die Struktur der DNA:**

- **Primärstruktur:** Polynukleotidstrang
- **Sekundärstruktur:** zwei über H-Brücken verbundene Polynukleotidstränge
- **Tertiärstruktur:** Doppelhelix aus den beiden Polynukleotidsträngen

Die Struktur der DNA ermöglicht es, die genetische Information zu speichern, abzulesen, zu replizieren und an nachfolgende Generationen weiterzugeben.

Arbeits- und Transportform der DNA

Bei Prokaryoten liegt die DNA frei im Zytoplasma vor, bei Eukaryoten ist sie im **Zellkern** zu finden und von der schützenden Kernhülle (innere und äußere Kernmembran) umgeben. Bestimmte Abschnitte auf der DNA sind für die Expression spezifischer Proteine verantwortlich, die zur Ausprägung bestimmter Merkmale führen. Diese DNA-Abschnitte nennt man **Gene**.

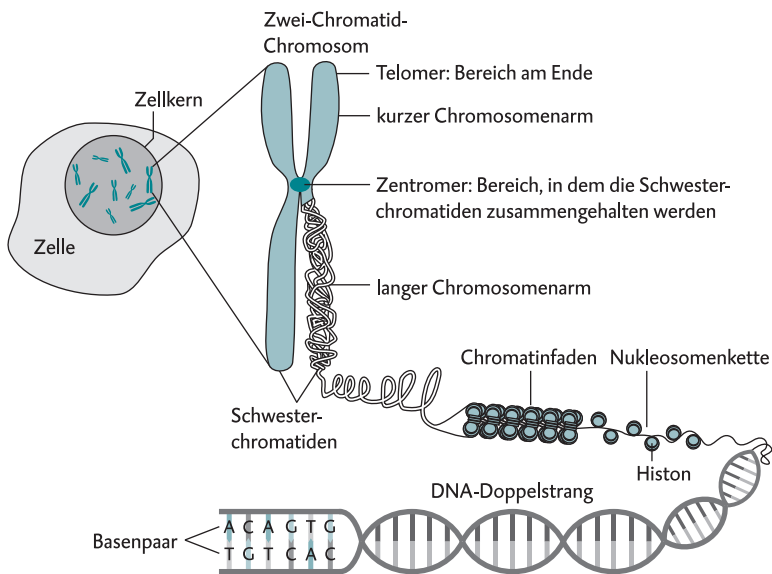


Abb. 4: Struktur eines Chromosoms und Kondensation der DNA

Die DNA ist um spezielle Proteine, die sogenannten **Histone**, gewickelt (siehe Abb. 4). Diese Struktur bezeichnet man als **Nukleosomenkette**. Durch weiteres Aufwinden der Nukleosomenkette entsteht der ca. 30 nm dicke **Chromatinfaden**, der schließlich weiter zum **Chromosom** aufgewunden wird.



Die DNA liegt in der Zelle in der Regel in ihrer **Arbeitsform** als wenig dicht gepacktes Molekül vor, dem **Chromatinfaden**. Findet eine Zellteilung statt, **kondensiert** (verdichtet sich, spiralisiert sich) das genetische Material weiter zu vollständig kondensierten **Chromosomen**, der **Transportform** der DNA.

In der Arbeitsform können die in der DNA gespeicherten Informationen abgelesen werden. Die Transportform ermöglicht es, das genetische Material bei der Zellkernteilung (siehe S. 43 f.) gleichmäßig auf die beiden entstehenden Tochterzellen aufzuteilen.

1.2 Die RNA

Die **RNA (Ribonukleinsäure)** ist wie die DNA als Polynukleotidstrang aufgebaut, weist jedoch einige Unterschiede auf.

	DNA	RNA
Länge	in der Regel sehr lang	deutlich kürzer
Struktur	Doppelstrang	Einzelstrang
Zucker	Desoxyribose	Ribose
Basen	A, C, G, T	A, C, G, U → Uracil (U) statt Thymin (T) → Uracil paart wie Thymin mit Adenin
Aufgabe	genetischer Informationsspeicher	<ul style="list-style-type: none"> • rRNA, tRNA, mRNA → Proteinbiosynthese (siehe S. 6 ff.) • Antisense-RNA → Genregulation (siehe S. 29 f.) • tracrRNA, crRNA → CRISPR/Cas-System (siehe S. 71 ff.)

Tab. 1: Vergleich von DNA und RNA

In der Regel liegt die RNA als Einzelstrang vor. Da sie durch komplementäre Basenpaarung in sich selbst gefaltet sein kann, können jedoch verschiedene räumliche Strukturen entstehen (Sekundärstruktur). Eine solche Struktur ist die **Haarnadelstruktur**, bei der sich der RNA-Strang zu einer Schleife faltet.

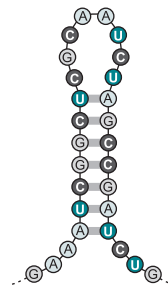


Abb. 5: Schematische Darstellung der Haarnadelstruktur

1.3 Der genetische Code und die Proteinbiosynthese

Die DNA enthält die gesamte genetische Information eines Lebewesens, die definiert, wie im Prozess der **Proteinbiosynthese** aus einem **Gen** über die **mRNA** (messenger- oder Boten-RNA) Aminosäureketten, also **Proteine**, aufgebaut werden. Dieser Vorgang wird auch als **Genexpression** bezeichnet.

Viele der Proteine wirken als **Enzyme**, die biochemische Reaktionen im Körper katalysieren. Ein Mensch besitzt etwa 25.000 Gene, die für die unterschiedlichsten Proteine bzw. Enzyme codieren. Diese Proteine bzw. Enzyme sind entscheidend für die Ausprägung von **Merkmalen**, da sie Struktur und Funktion von Zellen und Geweben beeinflussen.

Nur wenn in der Zelle ein bestimmtes Protein bzw. Enzym benötigt wird, wird der entsprechende DNA-Abschnitt abgelesen.



Abb. 6: Vereinfachte Darstellung des Wegs vom Gen zum Merkmal



Die Proteinbiosynthese kann in zwei Schritte unterteilt werden:

- **Transkription:** Umschreiben der Basensequenz des DNA-Abschnitts in die Basensequenz der mRNA.
- **Translation:** Übersetzung der Basensequenz der mRNA in die Aminosäuresequenz eines Proteins.



Der genetische Code



Der genetische Code ist die Grundlage für die Speicherung der genetischen Information in der **Basensequenz der DNA** und für die Übersetzung dieser Basensequenz in die **Aminosäuresequenz eines Proteins**. Der Code besteht aus **Basen-Tripletts**, also Dreiergruppen von Basen, die **Codons** genannt werden. Die Codons entsprechen entweder einer Aminosäure, einem Start- oder einem Stopp-Signal.



Der **genetische Code** hat folgende Merkmale:

- **Triplet-Code:** Immer drei Basen (Tripletts) codieren für eine Aminosäure.
- **kommatafrei:** Tripletts sind nicht durch Trennzeichen voneinander abgegrenzt. Die Basensequenz wird durchgehend abgelesen.
- **überlappungsfrei:** Alle Tripletts schließen lückenlos und ohne Überlappungen aneinander, wobei jede Base immer nur Bestandteil eines Tripletts ist.
- **degeneriert:** Mehrere Codons können für dieselbe Aminosäure codieren.
→ 64 (4^3) verschiedene Kombinationsmöglichkeiten der 4 verschiedenen Basen für nur 20 verschiedene Aminosäuren (sowie Start- und Stopp-Signale).

- **universell:** Bei fast allen Organismen werden dieselben Aminosäuren von den gleichen Basentripletts verschlüsselt.

Die Vorlage für die Proteinbiosynthese ist der **Matrizenstrang** (auch: **codogener Strang**) der DNA.

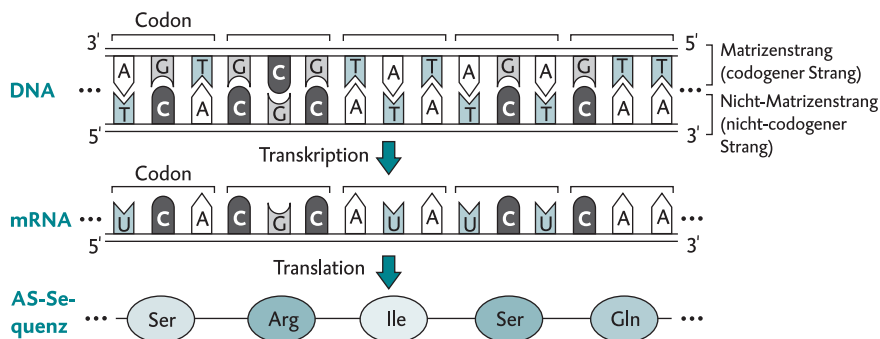


Abb. 7: Umsetzung der genetischen Information; AS = Aminosäure

Bei der Transkription wird nur der in **3'→5'-Richtung** verlaufende Matrizenstrang abgelesen und anhand dieser Vorlage die mRNA gebildet. Die mRNA wird dann bei der Translation in **5'→3'-Richtung** in die Aminosäuresequenz übersetzt.

Mithilfe der **Codesonne** (Abb. 8) oder von **Code-Tabellen** lässt sich die Translation der Basensequenz der mRNA in die Aminosäuresequenz leicht nachvollziehen.

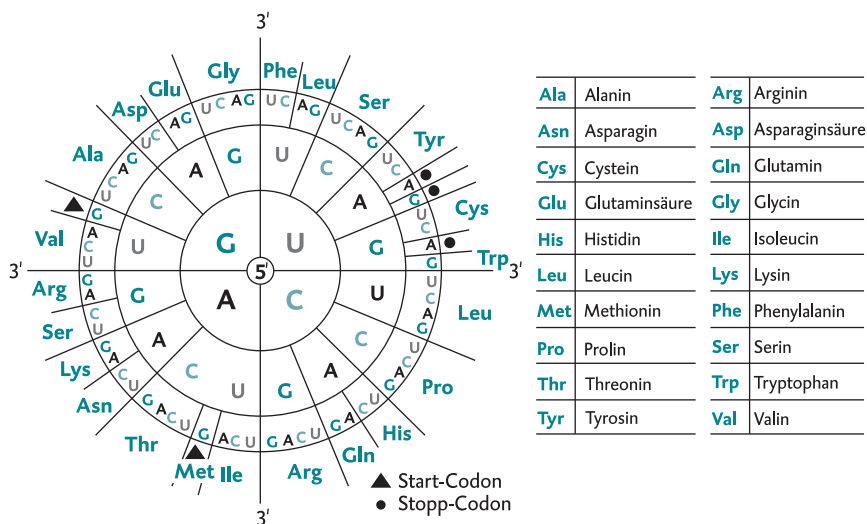


Abb. 8: Codesonne

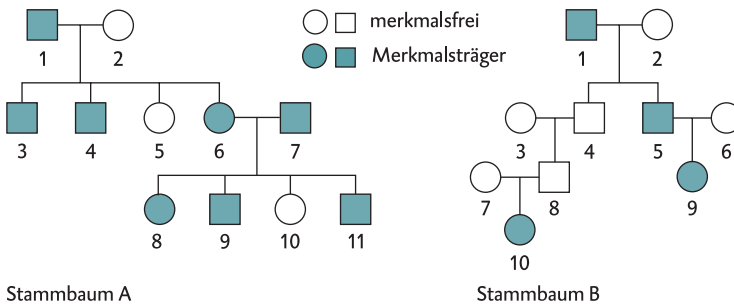


Aufgaben

- 68 Ein Elternpaar hat sowohl eine Tochter als auch einen Sohn. In der Familie liegt eine **autosomal-dominant** vererbte Erkrankung vor. Der Vater ist genotypisch **heterozygot** für das Erbleiden, während seine Frau **phänotypisch** gesund ist.

- Erklären Sie die im Text farbig markierten Begriffe autosomal, dominant, heterozygot und phänotypisch.
- Erstellen Sie zwei mögliche Stammbäume für diese Familie.

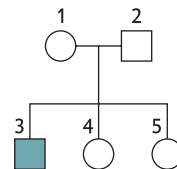
- 69 Die folgenden Stammbäume zeigen zwei unterschiedliche Erbgangstypen.



- Leiten Sie begründet ab, um welchen Erbgangstyp es sich jeweils handelt.
- Geben Sie jeweils alle möglichen Genotypen der Personen an.

- 70 Eine Familie ist von einem X-chromosomal-rezessiven Erbleiden betroffen.

- Erklären Sie den Begriff Konduktor.
- Leiten Sie aus der Abbildung rechts begründet ab, bei welchen der weiblichen Personen es sich um Konduktorinnen handelt bzw. handeln könnte.

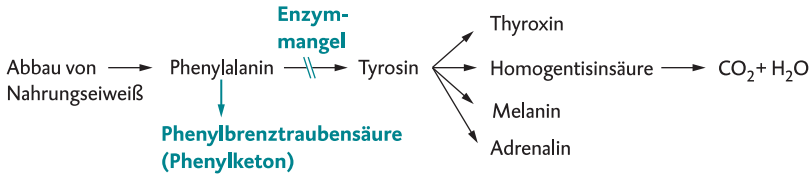


- 71 Der US-amerikanischer Mikrobiologe Robert GUTHRIE entwickelte um 1960 einen bakteriellen Hemmtest zur Früherkennung der angeborenen Stoffwechselerkrankung Phenylketonurie (PKU).

- Beschreiben Sie mithilfe von Material 1 die Ursache der erblichen Stoffwechselerkrankung Phenylketonurie.
- Entscheiden Sie anhand der Informationen in Material 2, ob der GUTHRIE-Test theoretisch auch als Heterozygotentest genutzt werden könnte. Nehmen Sie aus ethischer Sicht Stellung zu dem beschriebenen Verfahren.

- c Ordnen Sie mithilfe von Material 1 den drei Geschwistern im Material 3 die Genotypen AA, Aa und aa begründet zu.

Material 1

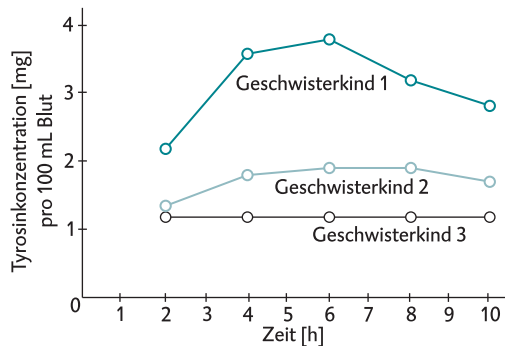


Material 2

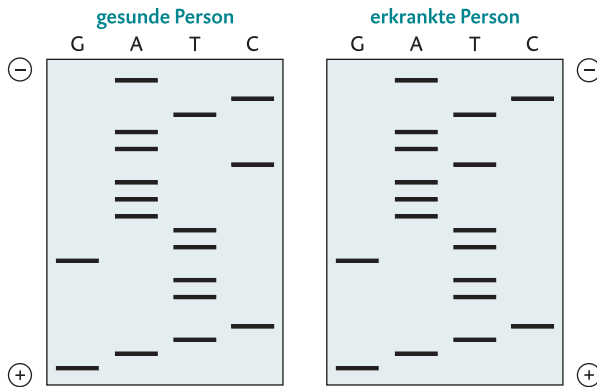
Der GUTHRIE-Test ist ein Verfahren im Neugeborenen-Screening zur Früherkennung von Phenylketonurie (PKU). Dazu werden einem Neugeborenen aus der Ferse einige Tropfen Blut entnommen und im Labor auf einen Nährboden mit dem Hemmstoff 2-Thienylalanin aufgetragen. 2-Thienylalanin hemmt das Wachstum von *Bacillus-subtilis*-Bakterien, mit denen der Nährboden beimpft wurde, solange kein oder nur wenig Phenylalanin vorhanden ist. Die Wirkung des Hemmstoffs wird durch die Anwesenheit von Phenylalanin aufgehoben. Kann die Bakterienkultur um die Blutprobe herum wachsen, lässt dies auf erhöhte Phenylalaninwerte im Blut schließen. Anhand der Größe des Bakterienhofes kann sogar die ungefähre Konzentration von Phenylalanin im Blut abgeschätzt werden. Beim GUTHRIE-Test handelte es sich um eine biologische Nachweismethode, die relativ fehleranfällig ist.

Material 3

In einer Familie tritt die autosomal-rezessiv vererbte Stoffwechselkrankheit PKU auf. Drei Geschwistern wurde eine identische Menge der Aminosäure Phenylalanin verabreicht und anschließend in gewissen Abständen Blut abgenommen. Das Diagramm zeigt die jeweilige Tyrosinkonzentration in ihrem Blutplasma.



- 72 Die folgende Abbildung zeigt die Elektrophorese-Gels zweier DNA-Sequenzierungen nach der klassischen Kettenabbruchmethode nach SANGER mit vier getrennten Ansätzen.



- Stellen Sie den Ablauf der klassischen Kettenabbruchmethode in Form eines Fließdiagramms dar.
- Erklären Sie das Zustandekommen des Bandenmusters bei der Gelelektrophorese.
- Werten Sie die Bandenmuster aus und formulieren Sie eine Hypothese für die genetische Ursache der bei der erkrankten Person vorliegenden Erbkrankheit.

- 73** Ein junges Paar sucht eine genetische Beratungsstelle auf. Sie haben einen Kinderwunsch und wollen Informationen, da in der Familie der jungen Frau sowohl bei einem ihrer beiden Brüder als auch bei ihrer Großmutter mütterlicherseits die Krankheit Chorea Huntington aufgetreten ist. Ihre 42-jährigen Eltern leiden nicht an Chorea Huntington.

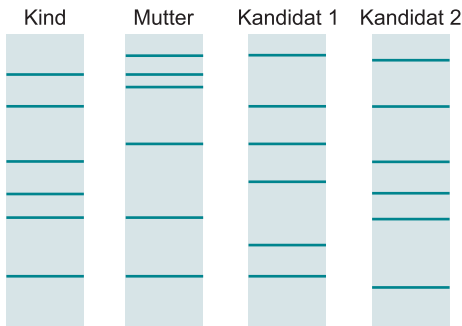
Bei Chorea Huntington handelt es sich um eine unheilbare, autosomal-dominant vererbte Erkrankung infolge eines defekten Huntingtin-Gens. Dadurch wird bei den Betroffenen ein fehlerhaftes Eiweiß gebildet. Erste Symptome treten meist im Alter von 40 bis 50 Jahren auf. Die Krankheit verläuft tödlich.

Die Mutation im Huntingtin-Gen führt dazu, dass in einem spezifischen DNA-Abschnitt das Basen-Triplett CAG, das sich bei Gesunden etwa 16- bis 20-mal wiederholt, bei Erkrankten mehr als 40-mal vorliegt.

- Ermitteln Sie den Familienstammbaum der beschriebenen Familie. Leiten Sie ab, ob zur Risikoabschätzung weitere Untersuchungen nötig sind.
- Begründen Sie, mit welcher Methode der DNA-Analytik eine weitere Gesundheitsprüfung durchgeführt werden könnte.
- Bewerten Sie den Wunsch des jungen Paares nach einem Gentest. Berücksichtigen Sie dabei auch ethische Probleme, die sich hinsichtlich der Eltern der jungen Frau ergeben.

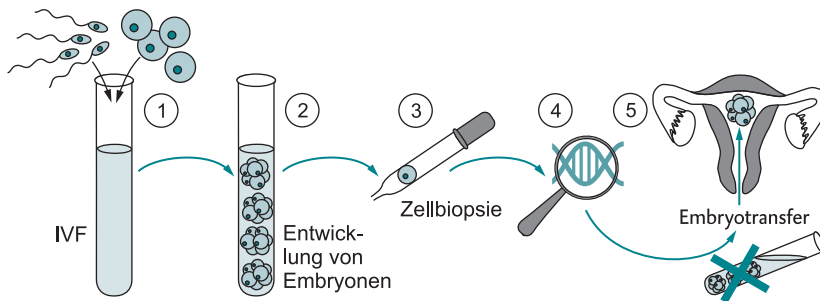
74 STR-Analysen im Rahmen des genetischen Fingerabdruckes werden nicht nur in der Kriminalistik, sondern auch bei Vaterschaftstests angewandt.

- a** Beschreiben Sie die Durchführung der STR-Analyse und erläutern Sie das Verfahren im Rahmen eines Vaterschaftstests.
- b** Leiten Sie aus dem folgenden Ergebnis einer STR-Analyse den Vater des Kindes ab.



75 Eine Elternpaar, dessen 1. Kind an einer Erbkrankheit leidet, sucht eine Beratungsstelle auf. Bei der genetischen Familienberatung wird der Familie zur In-vitro-Fertilisation mit anschließender Präimplantationsdiagnostik geraten.

- a** Beschreiben Sie den Ablauf der Behandlung anhand der Abbildung.
- b** Erläutern Sie, warum die Präimplantationsdiagnostik ethische umstritten ist.



- 66** Eine eindeutige Zuordnung ist nur nach dem Ausschlussprinzip möglich. Das Kind mit der Blutgruppe **AB** muss zum **Paar 3** gehören, da bei A und B Kodominanz vorliegt und diese Allele nur von Paar 3 vererbt werden können → Genotypen Paar 3: A0 oder AA und B0 oder BB.

Das Kind mit der Blutgruppe **A** könnte den Genotyp AA oder A0 haben, da A dominant gegenüber 0 ist, und somit von Paar 2 oder 3 abstammen. Da Paar 3 jedoch schon ein Kind zugeordnet wurde, bleibt nur noch **Paar 2** übrig → Genotypen Paar 2: AB und 00.

Das Kind mit der Blutgruppe **B** könnte den Genotyp BB oder B0 haben und somit von den Paaren 2, 3 oder 4 abstammen, da B dominant gegenüber 0 ist. Den Paaren 2 und 3 wurde jedoch schon ein Kind zugeordnet, weshalb hier nur **Paar 4** infrage kommt → Genotyp Paar 4: B0 oder BB und B0 oder BB.

Das Kind mit der Blutgruppe **0** muss den Genotyp 00 haben und folglich zum **Paar 1** gehören. Zwar wären auch die Paare 3 und 4 möglich, diese sind aber bereits zugeordnet → Genotypen Paar 1: 00 und 00.

- 67 a** Vater: A0 Mutter: B0 beide Kinder: 00

b Phänotypen der Eltern:

- Mutter: Rhesus-negativ, sonst wäre die Rhesusunverträglichkeit beim dritten Kind nicht möglich
- Vater: Rhesus-positiv, da sonst kein Kind Rhesus-positiv sein könnte

Phänotypen der Kinder:

- Von den ersten beiden Kindern muss eines Rhesus-positiv sein, da bei dessen Geburt die Mutter Anti D-Antikörper gebildet hat.
- Das andere Kind muss Rhesus-negativ sein, da sonst die Rhesusunverträglichkeit schon bei der zweiten Geburt aufgetreten wäre.
- Das dritte Kind muss Rhesus-positiv sein, da bei ihm die Rhesusunverträglichkeit auftritt.

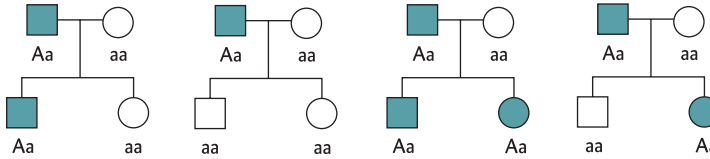
- 68 a autosomal:** Als autosomal bezeichnet man einen Erbgang, wenn die betreffenden Allele auf den 22 Körperchromosom-Paaren liegen.

dominant: Bei der Vererbung von Krankheiten spricht man von einem dominanten Erbgang, wenn sich die Krankheit bereits bei Vorliegen eines veränderten Allels ausprägt.

heterozygot: Von Heterozygotie ist die Rede, wenn die beiden Allele eines Gens unterschiedlich sind.

phänotypisch: Jedem Merkmal des Erscheinungsbildes, auch Phänotyp genannt, liegen im Genotyp zwei Allele zugrunde.

b mögliche Stammbäume:



69 a **Stammbaum A:** Nachdem das Merkmal in jeder Generation auftritt, könnte es sich um einen dominanten Erbgang handeln. Dass beide Geschlechter betroffen sind, spricht für eine autosomale Vererbung.

Der Erbgang kann nicht X-chromosomal bedingt sein, da der erkrankte Vater (Person 7) eine gesunde Tochter 10 hat. Bei einer X-chromosomalen Vererbung müsste die Tochter auch betroffen sein, da ihr Vater ein X-Chromosom mit dem krankheitsauslösenden Allel an sie weitergibt. Außerdem kann der Erbgang nicht autosomal-rezessiv sein, da die merkmalsstragenden Personen 6 und 7 ein gesundes Kind (Person 10) haben.

Es handelt sich folglich um einen **autosomal-dominanten** Erbgang.

Stammbaum B: Nachdem das Merkmal nicht in jeder Generation auftritt, könnte es sich um einen rezessiven Erbgang handeln. Dass beide Geschlechter gleich häufig betroffen sind, spricht für eine autosomale Vererbung.

Der Erbgang kann nicht X-chromosomal bedingt sein, da der merkmalsfreie Vater 8 mit seiner ebenfalls merkmalsfreien Partnerin 7 eine phänotypisch erkrankte Tochter 10 hat. Der Erbgang kann aus diesem Grund auch nicht autosomal-dominant sein, da in diesem Fall entweder die Mutter 7 oder der Vater 8 der Merkmalsträgerin 10 auch betroffen sein müssten.

Es handelt sich folglich um einen **autosomal-rezessiven** Erbgang.

b Legende: a = normales Allel A = mutiertes Allel

Stammbaum A:

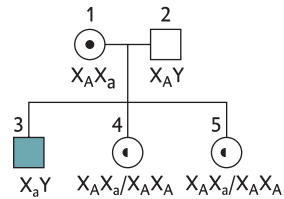
Person 1: Aa	Person 2: aa	Person 3: Aa	Person 4: Aa	Person 5: aa
Person 6: Aa	Person 7: Aa	Person 8: Aa/AA	Person 9: Aa/AA	Person 10: aa
Person 11: Aa/AA				

Stammbaum B:

Person 1: aa	Person 2: Aa	Person 3: AA/Aa	Person 4: Aa	Person 5: aa
Person 6: Aa	Person 7: Aa	Person 8: Aa	Person 9: aa	Person 10: aa

70 a Als Konduktor bezeichnet man eine bezüglich eines Merkmals genotypisch heterozygote, aber phänotypisch gesunde Person, die das betroffene Allel jedoch an ihre Nachkommen weitergeben kann.

- b** Die Mutter (Person 1) muss eine Konduktorin sein, da ihr Sohn (Person 3) ansonsten kein Merkmalsträger sein könnte. Die Töchter (Personen 4 und 5) könnten ebenfalls Konduktorinnen sein, da sie das betroffene X-Chromosom von ihrer Mutter geerbt haben könnten. Mit der selben Wahrscheinlichkeit sind sie aber auch homozygot gesund.



- 71 a** Die Ursache für Phenylketonurie (PKU) liegt in einem fehlenden Enzym des Phenylalanin-Stoffwechsels. Das beim Abbau von Nahrungsprotein anfallende Phenylalanin kann dadurch nicht in Tyrosin umgewandelt werden. Stattdessen wird Phenylbrenztraubensäure gebildet.

- b** Bei Heterozygotentests handelt es sich um biochemische Nachweismethoden, mit denen das Vorliegen eines phänotypisch unauffälligen rezessiven Allels im Labor nachgewiesen werden kann. Da bei heterozygoten PKU-Merkmalsträgern wahrscheinlich eine geringere Enzymmenge gebildet wird als bei gesunden Personen, ist es wahrscheinlich, dass ihr Blut eine erhöhte Phenylalaninmenge enthält, die ein Bakterienwachstum ermöglicht. Folglich könnte der Test auch zum Nachweis heterozygoter Genotypen geeignet sein. Da der Test allerdings, wie im Material erwähnt, fehleranfällig ist, ist fraglich, ob er in diesen Fällen zuverlässig anschlagen würde.

Aus ethischer Sicht ist das frühzeitige Erkennen (Wert: Fortschritt) und damit der frühzeitige Behandlungsbeginn (Wert: Gesundheit) vorteilhaft. Argumente gegen den Test könnten sein, dass einem Neugeborenen ohne dessen Einwilligung (Wert: Recht auf Selbstbestimmung) durch einen Eingriff (Wert: Gesundheit) Blut entnommen wird.

- c** **Geschwisterkind 3** muss PKU-krank sein und damit den Genotyp aa aufweisen, da die verabreichte Phenylalanin-Menge nicht in Tyrosin umgewandelt wird.

Da die verabreichte Phenylalanin-Menge schnell in Tyrosin umgewandelt wird, muss **Geschwisterkind 1** homozygot gesund sein und damit den Genotyp AA aufweisen.

Geschwisterkind 2 muss heterozygot sein und damit den Genotyp Aa aufweisen, da die verabreichte Phenylalanin-Menge in Tyrosin umgewandelt wird, wenn auch langsam.

- 72 a** DNA-Probe entnehmen → vervielfältigen mittels PCR → Matrizenstränge gewinnen → Aufteilen in vier Ansätze mit jeweils Primern, DNA-Polymerase



© **STARK Verlag**

www.stark-verlag.de
info@stark-verlag.de

Der Datenbestand der STARK Verlag GmbH
ist urheberrechtlich international geschützt.
Kein Teil dieser Daten darf ohne Zustimmung
des Rechteinhabers in irgendeiner Form
verwertet werden.

STARK