

Vorgesehene Bearbeitungsdauer für diese Aufgabe:

90 Minuten

Gesamtdauer der Klausur gemäß VV zu § 14 Absatz 1 APO-GOST: 225 Minuten (Q2.1)

300 Minuten (Q2.2)

inclusive 30 Minuten Auswahlzeit

Thema: Genexpression bei der Brackwasser-Seepocke

Die Brackwasser-Seepocke lebt in der Gezeitenzone des Meeres und wird daher ständig wechselnden Bedingungen ausgesetzt. Insbesondere schwankt die Salinität, also der Salzgehalt des Wassers, in ihrer direkten Umgebung. Die genetischen Grundlagen der Toleranz der Brackwasser-Seepocke gegenüber Schwankungen der Salinität wurden genauer analysiert.

Aufgabenstellung:

1. Geben Sie die Unterschiede zwischen der Proteinbiosynthese von Prokaryoten und Eukaryoten in Form einer kriteriengeleiteten Tabelle an (M 1). (6 BE)
2. Erklären Sie auch auf Basis von Abbildung 2 die Abläufe der RNA-Prozessierung bei der Genexpression des *nak1*-Gens (M 2). Beurteilen Sie, ob dadurch auch die genetische Variabilität erhöht wird (M 2). (8 BE)
3. Fassen Sie die in Abbildung 3 gezeigten Ergebnisse zusammen (M 2). Erläutern Sie unter Einbezug der Funktion der Na^+/K^+ -ATPase die mögliche Bedeutung der NAK1-Polypeptid-Varianten bei der Anpassung der Brackwasser-Seepocke an unterschiedliche Salinitäten (M 2 und M 3). (10 BE)
4. Beschreiben Sie die Bedeutung molekularer Homologien als Beleg für die Evolution am Beispiel der Na^+/K^+ -ATPasen (M 3). (4 BE)
5. Stellen Sie auf Grundlage der Synthetischen Evolutionstheorie eine Hypothese zur Evolution der Salinitätstoleranz der Brackwasser-Seepocke auf (M 2 und M 3). (7 BE)
6. Vergleichen Sie proximate und ultimate Ursachen in Bezug auf beide Varianten der Genexpression des *nak1*-Gens bei der Brackwasser-Seepocke (M 2 und M 3). (5 BE)

M 1 Proteinbiosynthese bei Prokaryoten



Abbildung 1 Proteinbiosynthese bei Prokaryoten (schematisch)

M 2 Die Na⁺/K⁺-ATPase der Brackwasser-Seepocke

In der Gezeitenzone wird der Stoffwechsel der Brackwasser-Seepocke (*Balanus improvisus*) durch die schwankende Salinität des sie umgebenden Wassers beeinflusst. Insgesamt weist die Brackwasser-Seepocke eine breite Salinitätstoleranz auf, sodass sie bei unterschiedlichen Salzgehalten aufgrund ihrer Osmoregulation leben kann.

Ein zentraler Bestandteil der Regulation des Salzhaushaltes bei vielen Lebewesen ist die Na⁺/K⁺-ATPase. Diese Ionen-Pumpe transportiert in Abhängigkeit von der Salinität der Umgebung Natriumionen in die Zellen hinein oder aus den Zellen heraus. Sie besteht aus je einer α- und einer β-Untereinheit. Das *nak*-Gen codiert die α-Untereinheit der Na⁺/K⁺-ATPase.

Die Brackwasser-Seepocke besitzt mehrere Genkopien des *nak*-Gens, die jeweils für leicht veränderte α-Untereinheiten der Na⁺/K⁺-ATPase codieren. Die verschiedenen *nak*-Genkopien werden bei ihrer Benennung durchnummeriert. Bei der Expression des *nak1*-Gens konnte man zwei unterschiedliche Polypeptid-Varianten als Produkte dieses Gens nachweisen (Abbildung 2).

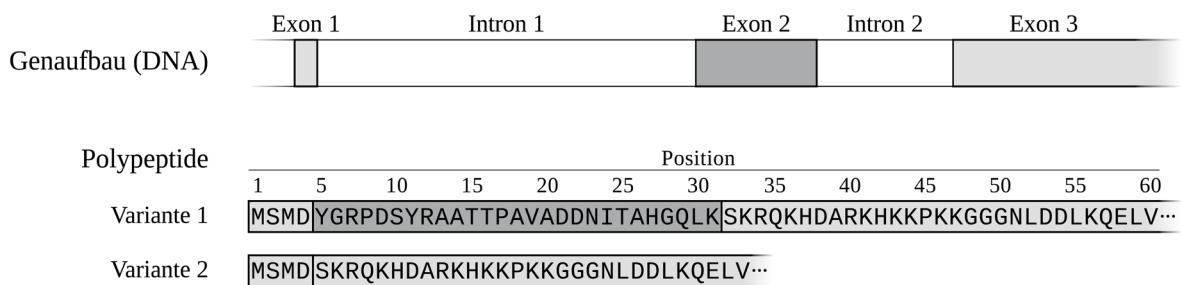


Abbildung 2 Schematische Darstellung eines Ausschnittes des *nak1*-Gens sowie der abgeleiteten Polypeptid-Varianten. Die Aminosäuren sind als Ein-Buchstaben-Abkürzungen angegeben.

Die Bedeutung der unterschiedlichen NAK1-Polypeptid-Varianten bei der Brackwasser-Seepocke wurde untersucht. Dazu wurden die relativen Mengen der zugehörigen mRNA-Varianten des *nak1*-Gens in Larven der Brackwasser-Seepocke bei verschiedenen Salinitäten ermittelt (Abbildung 3). Die Salinität von Wasser wird in PSU angegeben. Ein PSU-Wert von 1 entspricht einem Gramm Salz pro Liter Wasser. Süßwasser besitzt eine Salinität von 0 bis 1 PSU, Brackwasser 1 bis maximal 10 PSU und Salzwasser Werte über 10 PSU.

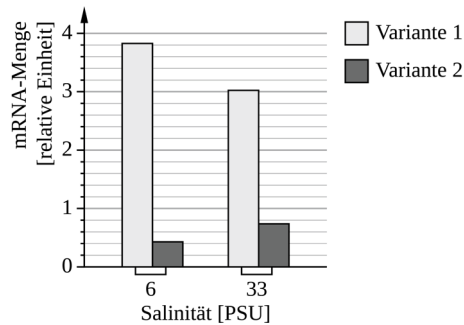


Abbildung 3 mRNA-Menge der Varianten des *nak1*-Gens in Larven bei verschiedenen Salinitäten. Die Larven wurden zuvor über 24 Stunden Salinitäten von 33 bzw. 6 PSU ausgesetzt.

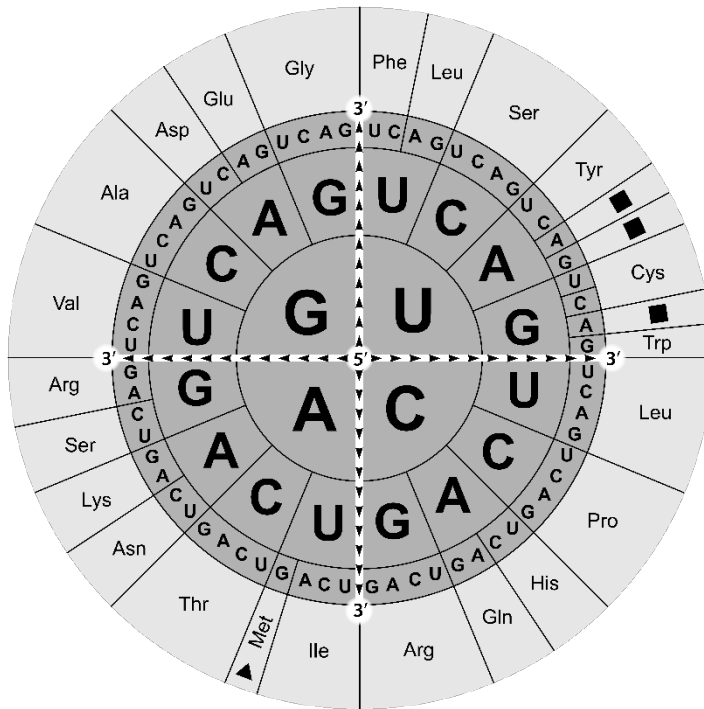
M 3 Molekulare Homologien

Neben der Seepocke regulieren auch andere aquatisch lebende Tiere ihren Salzgehalt mithilfe der Na^+/K^+ -ATPase. In Tabelle 1 sind Ausschnitte der Aminosäuresequenz ausgewählter Na^+/K^+ -ATPasen verschiedener Organismen dargestellt, die phylogenetisch nicht nah verwandt sind. In dem grau gekennzeichneten Bereich der Aminosäuresequenz liegt eine Bindestelle für ein spezielles Regulatorprotein, das bei der Steuerung von vielen zellulären Signalwegen eine zentrale Funktion hat. Diese Bindestelle ist nicht in Variante 2 des NAK1 bei der Brackwasser-Seepocke vorhanden.

Tabelle 1 Vergleich eines Ausschnittes der Aminosäuresequenzen von Na^+/K^+ -ATPasen verschiedener Organismen. Die Aminosäuren sind als Ein-Buchstaben-Abkürzungen angegeben. Die Nummerierung entspricht derjenigen in Abbildung 2 für Variante 1 des NAK1 der Brackwasser-Seepocke.

Art	Aminosäure-Nummer	Bindestelle für ein Regulatorprotein								
		5	10	15	20	25	30			
Brackwasser-Seepocke (<i>Balanus improvisus</i>)	YGR	RPDSYRAATT	PAVADDNITAHGQLK							
Aphrodites Seepocke (<i>Amphibalanus amphitrite</i>)	YGR	RPDSYRAATT	PAVADDNITAHGQLK							
Pazifische Auster (<i>Crassostrea gigas</i>)	NPR	ADSYRYAVTP	GGEDPKKGGKKKSK							
Krallenfrosch (<i>Xenopus laevis</i>)	YGR	SDSYRVATTQ	DNKDEKSPKKGKGV							
Mensch (<i>Homo sapiens</i>)	SGG	SDSYRIATSQ	DKKDDKDSPKKNKG							

M 4 Code-Sonne und Ein-Buchstaben-Abkürzung der Aminosäuren



- | | | |
|-----|---|----------------|
| Ala | A | Alanin |
| Arg | R | Arginin |
| Asn | N | Asparagin |
| Asp | D | Asparaginsäure |
| Cys | C | Cystein |
| Gln | Q | Glutamin |
| Glu | E | Glutaminsäure |
| Gly | G | Glycin |
| His | H | Histidin |
| Ile | I | Isoleucin |
| Leu | L | Leucin |
| Lys | K | Lysin |
| Met | M | Methionin |
| Phe | F | Phenylalanin |
| Pro | P | Prolin |
| Ser | S | Serin |
| Thr | T | Threonin |
| Trp | W | Tryptophan |
| Tyr | Y | Tyrosin |
| Val | V | Valin |
-
- | | |
|---|-------------|
| ▶ | Start-Codon |
| ■ | Stopp-Codon |

Vorgesehene Bearbeitungsdauer für diese Aufgabe:

90 Minuten

Gesamtdauer der Klausur gemäß VV zu § 14 Absatz 1 APO-GOST: 225 Minuten (Q2.1)

300 Minuten (Q2.2)

inclusive 30 Minuten Auswahlzeit

Thema: Genexpression bei der Brackwasser-Seepocke <i>Lösungsvorschlag</i>			BE (AFB)	Erreichte BE
1				
Angeben <i>(zur Vergabe der vollen Punktzahl reicht die Angabe von drei Kriterien aus)</i>			6 (I)	
Kriterium	Prokaryoten	Eukaryoten		
räumliche Organisation	DNA liegt im Cytoplasma, daher Transkription und Translation im Cytoplasma	DNA liegt im Zellkern, daher Transkription im Zellkern und Translation im Cytoplasma		
zeitliche Organisation	Translation direkt an der entstehenden mRNA	Zeitliche Trennung von Transkription und Translation		
Genaufbau	Gene enthalten fast nur codierende Bereiche	Gene enthalten Exons, deren Information exprimiert wird, und Introns, deren Information in der Regel nicht exprimiert wird		
Prozessierung der RNA	keine	vorhanden (Cap-Struktur, Spleißen, polyA-Schwanz)		
2				
Erklären Das Gen besitzt im hier gezeigten Ausschnitt drei Exons und zwei Introns. Durch Transkription wird eine prä-mRNA gebildet, die alle Exon- und Intron-Sequenzen enthält. Bei der Prozessierung werden eine Cap-Struktur sowie ein PolyA-Schwanz angehängt. Diese Abläufe sind gleich. Beim Spleißen werden bei der Variante 1 die Introns entfernt und die drei Exonsequenzen zusammengefügt. Bei der anschließenden Translation im Cytoplasma entsteht dann ein Polypeptid mit mehr als 60 Aminosäuren. Beim Spleißen werden bei der Variante 2 die Introns sowie auch Exon 2 entfernt. Daher entsteht bei der Translation im Cytoplasma ein kürzeres Polypeptid als bei Variante 1. Aus einer prä-mRNA können also verschiedene reife mRNA-Moleküle entstehen. Dies bezeichnet man als alternatives Spleißen.			6 (II)	
Beurteilen Die Variabilität bei reifen mRNA-Molekülen und die der codierten Polypeptide wird durch diese Art der Prozessierung erhöht. Die Variabilität auf Ebene der Gene, also auf DNA-Ebene, bleibt hingegen gleich. Daher wird die genetische Variabilität durch alternatives Spleißen nicht erhöht, wohl aber die Vielfalt der möglichen Genprodukte.				
3				
Zusammenfassen Bei einer Salinität von 6 PSU ist mRNA der Variante 1 in zehnfach größerer Menge vorhanden als mRNA der Variante 2. Bei einer Salinität von 33 PSU ist mRNA der Variante 1 nur noch etwa dreifach häufiger als mRNA der Variante 2.			2 (I)	
Erläutern Die Na ⁺ /K ⁺ -ATPase ist wichtig für den Ionentransport bei der Osmoregulation der Brackwasser-Seepocke. Diese Ionenpumpe nimmt unter ATP-Verbrauch insbesondere bei geringen Salinitäten Natriumionen aus dem umgebenden Wasser auf, bei hohen Salinitäten transportiert sie Natriumionen heraus. Da Polypeptid-Variante 1 bei Wasser mit geringem Salzgehalt in größerer Menge vorhanden ist, ist diese vermutlich effizienter bei der Aufnahme von Natriumionen aus der Umgebung. Bei höheren Salinitäten wie 33 PSU könnte Polypeptid-Variante 2 effizienter Natriumionen aus den Zellen heraus transportieren. Abhängig von der Salinität der Umgebung könnten daher beide Varianten jeweils Vorteile bieten. Durch das alternative Spleißen kann daher eine schnelle physiologische Anpassung der Brackwasser-Seepocke an verschiedene Salinitäten erfolgen. Diese Möglichkeit der Regulation ist effizienter als das vollständige An- und Abschalten von Genvarianten.				

Thema: Genexpression bei der Brackwasser-Seepocke <i>Lösungsvorschlag</i>	BE (AFB)	Erreichte BE
4		
<p>Beschreiben Molekulare Homologien sind als Belege für die Evolution anzusehen, da sie auf einem gemeinsamen Ursprung der verglichenen homologen Gene oder Proteine basieren. Treten deutliche Sequenzübereinstimmungen etwa bei homologen Proteinen verschiedener Spezies auf, so weist das auch auf eine ähnliche Funktion hin, die im Verlauf der Stammesgeschichte bewahrt wurde. Zum Beispiel zeigen die Aminosäuresequenzen von Na⁺/K⁺-ATPasen bei verschiedenen Spezies Ähnlichkeiten, insbesondere im Bereich der Bindestelle für das Regulatorprotein. In diesem Bereich sind die Aminosäuresequenzen der näher verwandten Seepockenarten identisch. Die Sequenz des entfernter mit den Seepocken verwandten Menschen unterscheidet sich hingegen auch im Bereich der Bindestelle an mehreren Positionen, außerhalb der Bindestelle sind die Unterschiede noch größer.</p>	4 (I)	
5		
<p>Hypothese aufstellen Bei der Stammform der Brackwasser-Seepocke könnte eine Mutation den Spleißprozess der prä-mRNA des <i>nak1</i>-Gens so verändert haben, dass aus der prä-mRNA des <i>nak1</i>-Gens zwei mRNA-Varianten entstanden. Diese können in ihrer Menge abhängig vom Salinitätsgrad der Umgebung reguliert werden. Während die Polypeptid-Variante 1 eine Bindestelle für ein Regulatorprotein aufweist, fehlt dies bei Polypeptid-Variante 2. Daher können beide Polypeptid-Varianten in verschiedene zelluläre Signalwege eingebunden sein. Die unterschiedlichen NAK1-Varianten ermöglichten vermutlich eine breite Salinitätstoleranz der Brackwasser-Seepocke. Aufgrund der schnellen Regulationsfähigkeit durch das alternative Spleißen hatten Individuen mit diesen Allelen Selektionsvorteile, insbesondere in einer variablen Umgebung wie der Gezeitenzone. Durch Selektion kam es zu Verschiebungen der Allelfrequenzen in den Populationen der Brackwasser-Seepocke. So breitete sich aufgrund der erhöhten reproduktiven Fitness das betreffende Allel in der Population aus.</p>	3 (II) 4 (III)	
6		
<p>Vergleichen Proximate Ursachen beziehen sich auf unmittelbare Mechanismen: Die aktuellen Schwankungen der Salinität an dem Standort der Brackwasser-Seepocke werden wahrgenommen und führen über Regulationswege zur Veränderung der Genexpression des <i>nak1</i>-Gens. Die bei den jeweiligen Bedingungen günstigere Polypeptid-Variante wird dann bevorzugt gebildet. Ultimate Ursachen beziehen sich auf evolutionsbiologische Zusammenhänge: Während der Stammesgeschichte der Brackwasser-Seepocke hatten die Individuen mit Spleißvarianten größere Selektionsvorteile und daher eine größere reproduktive Fitness.</p>	5 (II)	
		40

KLP-Bezüge

Inhaltliche Schwerpunkte und Aspekte	Speicherung und Realisierung genetischer Information: Transkription, Translation Zusammenhänge zwischen genetischem Material, Genprodukten und Merkmal Synthetische Evolutionstheorie: Mutation, Rekombination, Selektion, Variation, Kosten-Nutzen-Analyse, reproduktive Fitness molekularbiologische Homologien
Konkretisierte Kompetenzerwartung	erläutern vergleichend die Realisierung der genetischen Information bei Prokaryoten und Eukaryoten begründen die Veränderungen im Genpool einer Population mit der Wirkung der Evolutionsfaktoren erläutern die Angepasstheit von Lebewesen auf Basis der reproduktiven Fitness auch unter dem Aspekt einer Kosten-Nutzen-Analyse erklären Prozesse des Artwandels und der Artbildung mithilfe der Synthetischen Evolutionstheorie deuten molekularbiologische Homologien im Hinblick auf phylogenetische Verwandtschaft und vergleichen diese mit konvergenten Entwicklungen
Übergeordnete Kompetenzerwartung	S2 strukturieren und erschließen biologische Phänomene sowie Anwendungen der Biologie auch mithilfe von Basiskonzepten S5 strukturieren und erschließen die Eigenschaften lebender Systeme auch mithilfe von Basiskonzepten und erläutern die Eigenschaften unter qualitativen und quantitativen Aspekten S6 stellen Vernetzungen zwischen Systemebenen (Molekular- bis Biosphärenebene) dar E9 finden in erhobenen oder recherchierten Daten Strukturen, Beziehungen und Trends, erklären diese theoriebezogen und ziehen Schlussfolgerungen K5 strukturieren und interpretieren ausgewählte Informationen und leiten Schlussfolgerungen ab K7 erklären Sachverhalte aus ultimer und proximer Sicht, ohne dabei unangemessene finale Begründungen zu nutzen

Literatur

Lind, U., Rosenblad, M. A., Wrange, A.-L., Sundell, K. S., Jonsson, P. R., ... Blomberg, A. (2013). Molecular Characterization of the α -Subunit of Na⁺/K⁺ ATPase from the Euryhaline Barnacle *Balanus improvisus* Reveals Multiple Genes and Differential Expression of Alternative Splice Variants. *PLOS ONE*, 8(10), e77069. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0077069>

https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=14-3-3_protein&oldid=866153028