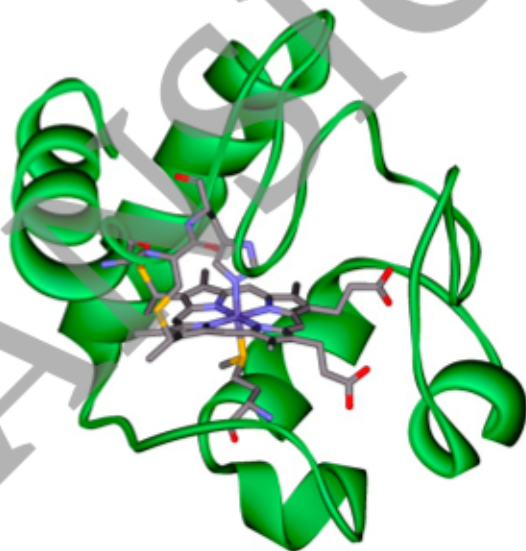


# UNTERRICHTS MATERIALIEN

Biologie Sek. II



**Molekulare Uhren**

Leistungskontrolle zu Datierungsmethoden der Evolutionsbiologie

VORANSICHT

### M 1 Wie funktionieren molekulare Uhren?

Die Methode der molekularen Uhr basiert auf der Annahme, dass bestimmte Abschnitte in Genomen konstant evolvieren, d. h., dass es konstante Mutationsraten gibt. Wenn der Zeitpunkt der Aufspaltung in zwei Taxa, ausgehend von einem gemeinsamen Vorfahren, molekularbiologisch untersucht werden soll, werden molekulare Uhren genutzt. Oft lässt sich die evolutive Entwicklung besser durch einen Vergleich der molekularen Unterschiede im Genom nachvollziehen als anhand morphologischer Vergleiche. Proteine, die sich bestens für molekulare Uhren eignen, sind z. B. Cytochrom c, Hämoglobin und Fibrin, da sie eine Schlüsselposition im Stoffwechsel der Lebewesen haben und grundsätzlich konservativ bewahrt werden.

Als molekulare Uhren werden homologe DNA-Sequenzen verschiedener Gruppen von Lebewesen verglichen, von denen man weiß, dass sie einen gemeinsamen Vorfahren haben. Ist anhand von Fossilienfunden der Zeitpunkt der Trennung zweier Gruppen bekannt, kann anhand der Anzahl von Mutationsereignissen die sogenannte Substitutionsrate berechnet werden. Danach ist die Anzahl veränderter Nukleotide proportional zur vergangenen Zeit: je mehr Mutationen, umso mehr Zeit ist verstrichen.

Mithilfe von molekularen Uhren können sowohl relative als auch absolute Aussagen zum Alter gemacht werden. Einige Biologen betrachten die Genauigkeit molekularer Uhren mit Skepsis. Denn es gibt keine Genomabschnitte, die absolut gleichmäßige Mutationsraten haben und damit einen Nukleotid- bzw. Aminosäure-Austausch in immer gleichbleibender Genauigkeit anzeigen. In einigen Abschnitten des Genoms treten Mutationen nachweislich sehr unregelmäßig auf, sodass keine konstante Mutationsrate angenommen werden kann und diese Abschnitte zur Nutzung als molekulare Uhr nicht geeignet sind. Dagegen gibt es Genombereiche, deren Mutationsraten statistisch gesehen konstant sind. Solche Abschnitte dienen als molekulare Uhren und können an die Echtzeit geeicht werden. Für diese Eichung wird der Austausch von Sequenzen für eine Reihe von Verzweigungspunkten im Stammbaum, die durch Fossilfunde gut belegt sind, gegen die Zeit aufgetragen.

## Lösungsvorschläge

Inhaltliche Leistungen		Max. Punkte (AF)
Der Prüfling		
1 ... erklärt,	<ul style="list-style-type: none"> <li>dass molekulare Uhren dazu eingesetzt werden, Verwandtschaftsbeziehungen zu untersuchen.</li> <li>dass molekulare Uhren eingesetzt werden, wenn der Zeitpunkt der Abspaltung zweier Taxa von einer gemeinsamen Stammlinie molekularbiologisch untersucht werden soll.</li> </ul>	4 (I)
... erläutert,	dass die Methode der molekularen Uhren auf der Annahme konstanter Mutationsraten von homologen DNA-Sequenzen oder deren Proteinprodukte beruht.	3 (I)
... beschreibt,	dass, wenn Genomabschnitte mit konstanter Geschwindigkeit evolvieren, anhand ihrer Divergenz der Zeitpunkt, an dem sich die Taxa trennten, ermittelt werden kann.	2 (I)
... beschreibt,	<ul style="list-style-type: none"> <li>dass molekulare Uhren anhand der Fossilienlage geeicht werden.</li> <li>dass, wenn aufgrund der Fossilienlage der Zeitraum der Abspaltung zweier Gruppen bekannt ist, anhand des Austausches von Nukleotiden die Substitutionsrate bestimmt werden kann.</li> </ul>	2 (I)
... erläutert,	<ul style="list-style-type: none"> <li>dass bei der Untersuchung von bestimmten Genomabschnitten häufig nicht codierende Bereiche gewählt werden, da deren Evolution schneller abläuft und nicht zu veränderten Genprodukten führt.</li> <li>dass bei der Untersuchung von Proteinen weitverbreitete Proteine der zu untersuchenden Gruppe eingesetzt werden, z. B. Cytochrom c, Hämoglobin und Fibrin.</li> </ul>	4 (II)
... erfüllt ein weiteres aufgabenbezogenes Kriterium, z. B.	<ul style="list-style-type: none"> <li>dass die Bezeichnung auf E. Zuckerkandl und L. Pauling zurückgeht, die herausfanden, dass die Aminosäuresequenz des Hämoglobins immer unterschiedlicher wird, je länger die evolutive Trennung zweier Taxa zurückliegt.</li> <li>nennen Faktoren nach Ayala, die die Ganggeschwindigkeit der molekularen Uhren beeinflussen (Generationsdauer, Populationsgröße, artspezifische Unterschiede, Funktion eines Proteins, Änderung der natürlichen Selektion).</li> </ul>	2