

Die Südliche Seide und die Zeit zum Blühen

Eine kommentierte Musterlösung der Abituraufgabe von 2023
von *Ulrich Helmich*

Aufgabe 1

Stellen Sie die Anpassungen der Südlichen Seide an die parasitäre Lebensweise dar (Material A). Geben Sie eine Definition des Begriffes reproduktive Fitness an. Fassen Sie die in Abbildung 1 gezeigten Daten zusammen und erläutern Sie die Bedeutung des Zeitpunkts der Blütenbildung für die reproduktive Fitness der Südlichen Seide (Material A).

Lösungsvorschlag

Die Südliche Seide ist eine einjährige parasitische Blütenpflanze, die auf bzw. in anderen Blütenpflanzen lebt. Mit speziellen Saugorganen dringt sie in die Leitungsbahnen der Wirtspflanze vor und ernährt sich von den dort transportierten Nährstoffen. Die Wirtspflanze erleidet so einen Nährstoffverlust, wird aber nicht auf andere Weise vom Parasiten geschädigt, sondern kann wachsen, Blüten bilden und sich vermehren.

Typisch für Parasiten sind gewisse evolutionäre Rückentwicklungen. So verlieren die Pflanzen des Parasiten nach kurzer Zeit (10 Tage) ihr Chlorophyll, weil sie es nicht mehr brauchen - als Parasit muss man keine Photosynthese betreiben, man ernährt sich ja von dem Wirt. Auch die Wurzeln werden in den ersten 10 Tagen abgebaut, Wasser muss ja nicht mehr aus dem Erdboden aufgenommen werden, sondern wird vom Wirt geliefert.

Während viele Parasiten auf einen ganz spezifischen Wirt spezialisiert sind, befällt die Südliche Seide viele verschiedene einjährige Blütenpflanzenarten. Auch der Parasit ist einjährig und stirbt mit der Blütenpflanze ab, wenn diese im Herbst eingeht.

... Geben Sie eine Definition des Begriffes reproduktive Fitness an ...

Unter der reproduktiven Fitness versteht man die Anzahl an Nachkommen, die ein Individuum hat, in Relation zur maximalen Nachkommenzahl der Art. Können Lebewesen einer Art maximal 10 Nachkommen erzeugen, so hat ein Individuum mit 7 Nachkommen die Fitness 0,7.

... Fassen Sie die in Abbildung 1 gezeigten Daten zusammen und erläutern Sie die Bedeutung des Zeitpunkts der Blütenbildung für die reproduktive Fitness der Südlichen Seide (Material A).

Die Abbildung 1 zeigt den durchschnittlichen Blühbeginn verschiedener Wirtspflanzen und der sie parasitierenden Südlichen Seide. Die Tomate beginnt nach ca. 90 Tagen zu blühen, die Sojabohne nach ca. 35 Tagen und die Gurke nach ca. 36 Tagen. Die Parasiten haben einen ähnlichen Blühbeginn wie ihre jeweiligen Wirte, allerdings erst vier bis fünf Tage später.

Die Blütenpflanzen werden durch Insekten bestäubt, und das gilt auch für die Blüten des Parasiten. Wenn die Insekten die Wirtspflanzen besuchen, können sie die Blüten des Parasiten gleich mit bestäuben. Die Parasiten profitieren also vom Blütenbesuch der Insekten. Sehr viel später als die Wirtspflanzen können die Parasiten nicht blühen, weil dann die Wirtspflanze schon am Absterben ist und keine Nährstoffe mehr liefert. Und viel früher als die Wirtspflanze zu blühen bringt keinen Vorteil für die Parasiten, sie würden dann schon absterben, während der Wirt noch für längere Zeit Nährstoffe zur Verfügung stellen könnte.

Durch das Anpassen der Blütezeit an die Blütezeit der Wirte erhöhen die Parasiten also ihre reproduktive Fitness.

Aufgabe 2

Stellen Sie die wesentlichen Schritte der mRNA-Prozessierung bei Eukaryoten dar. Beschreiben Sie mithilfe von Abbildung 2 das Verfahren der Reversen Transkriptase-PCR und erläutern Sie die Funktionen der eingesetzten Primer (Material B).

Im Gegensatz zu prokaryotischer DNA enthalten die Gene der eukaryotischen DNA sogenannte Introns und Exons. Die Exons sind DNA-Abschnitte innerhalb eines Gens, die in ein Protein übersetzt werden. Die Introns sind DNA-Abschnitte zwischen den Exons, quasi in das Gen eingeschoben, und werden nicht in ein Protein übersetzt.

Bei der Transkription wird jedoch zunächst das gesamte Gen mit Exons und Introns in eine mRNA-Kopie umgeschrieben. Noch im Zellkern findet das sogenannte RNA-Spleißen statt. Dabei werden die Introns durch bestimmte Enzyme aus der mRNA entfernt. Außerdem werden die Enden der RNA modifiziert. Am 5'-Ende wird eine Cap-Struktur angehängt, und am 3'-Ende der sogenannte Poly-A-Schwanz, der aus vielen Adenosin-Nucleotiden besteht.

Wenn die mRNA den Zellkern durch die Kernporen verlässt, besteht sie nur noch aus den Exons. Im Zellplasma setzen sich die Ribosomen-Untereinheiten an die prozessierte mRNA und beginnen mit der Translation.

...Beschreiben Sie mithilfe von Abbildung 2 das Verfahren der Reversen Transkriptase-PCR und erläutern Sie die Funktionen der eingesetzten Primer (Material B).

Bei der Reversen Transkriptase-Polymerase-Kettenreaktion (RT-PCR) geht man bei der Vervielfältigung der DNA nicht von einem DNA-Stück aus, sondern von einer RNA. Das Verfahren wird immer dann angewandt, wenn man leicht an die von einer Zelle produzierten mRNA herankommt, weil die Zelle beispielsweise fast ausschließlich ein bestimmtes Protein synthetisiert (Drüsenzellen, Hormonzellen etc.).

Zunächst muss die mRNA in eine "normale" doppelsträngige DNA transformiert werden. Dazu macht man sich das Enzym Reverse Transkriptase zu Nutze, das ursprünglich von RNA-Viren eingesetzt wird, um ihre RNA in DNA umzuschreiben, damit diese besser in die Wirts-DNA integriert werden kann.

Die Reverse Transkriptase erstellt einen komplementären DNA-Strang, der mit dem RNA-Strang über H-Brücken verbunden ist.

Im nächsten Schritt wird eine RNAase eingesetzt, um den ursprünglichen RNA-Strang zu zerstören. Nach diesem Schritt liegt eine einsträngige DNA vor.

Ein drittes Enzym, die sogenannte Taq-Polymerase, ergänzt nun diese einsträngige DNA um einen zweiten Strang, es entsteht eine "normale" doppelsträngige DNA.

Die in der Abbildung gezeigten Primer sind kurze DNA-Stücke, die es den beteiligten Enzymen ermöglichen, mit ihrer Arbeit zu beginnen. Als erstes wird ein Oligo-dT-Primer eingesetzt. Dieser besteht aus lauter Thymin-Nucleotiden und bindet an den Poly-A-Schwanz der mRNA. Jede mRNA der Zelle besitzt einen solchen Poly-A-Schwanz, und das heißt, dass alle mRNA-Moleküle von diesem Primer besetzt werden.

Der zweite Primer, hier als Primer 1 bezeichnet, ist ein für das jeweilige Gen spezifischer Primer, der komplementär zu einer bestimmten Region am Anfang des zu vervielfältigenden Gens ist. An diesen Primer setzt dann die Taq-Polymerase an und ergänzt die DNA um einen zweiten Einzelstrang.

Aufgabe 3

Werten Sie die in **Abbildung 3** gezeigten Ergebnisse in Bezug auf die **Expression des arteigenen FT-Gens der Südlichen Seide aus (Material C)**.

Erläutern Sie die einzelnen experimentellen Schritte (Material D). Werten Sie die Ergebnisse des Experiments in Bezug auf die Fragestellung aus (Abbildung 4, Materialien A bis D).

Vorbemerkung

Im Text von Material C wird die Expression des FT-Gens der Südlichen Seide erläutert. Und zwar steuert das FT-Gen den Blühbeginn (FT könnte man sich als "flowering time", also als "Blühzeit" merken).

Das FT-Gen wird erst dann transkribiert und translatiert, wenn die Tageslänge eine bestimmte Dauer überschreitet. Diese Dauer ist von Blütenpflanzenart zu Blütenpflanzenart unterschiedlich, manche Pflanzen beginnen eher zu blühen als andere, man denke dabei nur an die Frühlingsblüher wie Krokus oder Schneeglöckchen, die schon im Februar blühen.

Das FT-Protein, das von dem FT-Gen codiert wird, ist aber noch nicht direkt für das Blühen verantwortlich, sondern dient als Transkriptionsfaktor, der andere Gene aktiviert, die dann für das Blühen zuständig sind.

Vergleicht man die Basensequenzen der FT-Gene verschiedener Blütenpflanzen, so fällt auf, die hier eine große Übereinstimmung herrscht. Es handelt sich bei dem FT-Gen also um ein **hochkonservatives** Gen, wie man in der Evolutionsbiologie sagen würde (dieser Fachbegriff wird den Schüler(innen) in dem Material allerdings vorenthalten).

Das FT-Gen der Südlichen Seide wurde nun mit Hilfe der RT-PCR (Material B) untersucht. Für diese Experimente wurden Sojabohnen mit dem Parasiten infiziert. Am 35. Tag begannen sowohl die Sojabohnen wie auch der Parasit zu blühen. Alle 5 Tage wurden dann Zellen der Südlichen Seide untersucht, mittels RT-PCR wurde der Gehalt an FT-mRNA festgestellt. Das Ergebnis war sehr interessant: Am keinem Untersuchungstag konnte eine nennenswerte Menge an FT-mRNA in den Zellen der Südlichen Seide festgestellt werden. Das FT-Gen des Parasiten wird also nicht exprimiert - trotzdem beginnt die Seide am 35. Tag mit dem Blühen.

Um zu überprüfen, ob das experimentelle Verfahren an sich funktioniert, wurde als Kontrollexperiment ein anderes Gen der Südlichen Seide ebenfalls untersucht, das EF-Gen. Hier zeigte sich dann, dass die Transkription und Translation fehlerfrei abläuft, und auch die RT-PCR und die anschließende Elektrophorese laufen fehlerfrei ab.

Der Parasit beginnt am 35. Tag zu blühen, obwohl zu keinem Zeitpunkt das FT-Gen exprimiert wurde. Da die Seide aber blüht, und da zur Auslösung des Blühvorgangs das FT-Protein als Transkriptionsfaktor notwendig ist, kann man davon ausgehen, dass das FT-Protein aus dem Wirt stammt und irgendwie in die Zellen des Parasiten gelangt.

Das würde auch erklären, wieso der Wirt und der Parasit ungefähr zur gleichen Zeit mit dem Blühen beginnen. Wenn der Wirt genügend FT-Protein gebildet hat, so dass er mit dem Blühen beginnen kann, tritt auch ein Teil des FT-Proteins in den Parasiten über und löst dort das Blühen aus.

... Erläutern Sie die einzelnen experimentellen Schritte (Material D).

Vorbemerkung

Dazu muss man sich die komplexe Zeichnung (Abb. 4) in Material D aber erst mal genau ansehen. Unter [diesem Link](#) können Sie die komplette Aufgabe samt Abbildungen und Erwartungen herunterladen. Ich erläutere die experimentellen Schritte nun so, dass sie hoffentlich auch ohne die Abbildung verständlich werden.

Schritt 1

Das erste Versuchsobjekt ist hier der Ackerschmalwand *Arabidopsis thaliana*, ein bei Pflanzengenetikern sehr beliebtes Acker-Unkraut. Der Promotor des FT-Gens wird hier gentechnisch verändert, und zwar so, dass der Promotor durch einen spezifischen Botenstoff aktiviert werden kann.

Schritt 2

Das zweite Versuchsobjekt ist eine Tabakpflanze. Bei dieser Pflanze wird das FT-Gen gentechnisch ausgeschaltet.

Schritt 3

Nun wird das gentechnisch veränderte FT-Gen der Ackerschmalwand in die Zellen der Tabakpflanze eingesetzt. Es handelt sich also um eine Art künstlichen horizontalen Gentransfer. Die transgenen Tabakpflanzen enthalten nun also ein funktionierendes FT-Gen, das durch einen spezifischen Botenstoff aktiviert werden kann.

Schritt 4

Nun kommt das dritte Versuchsobjekt ins Spiel, die Südliche Seide, der Parasit. Die transgenen Tabakpflanzen werden jetzt mit diesem Parasiten infiziert.

Schritt 5

Die transgenen und infizierten Tabakpflanzen werden nun in zwei Gruppen aufgeteilt.

Schritt 6

Die **Gruppe A** wird 16 Tage ohne Botenstoff behandelt, die **Gruppe B** dagegen wird in dem gleichen Zeitraum mit dem spezifischen Botenstoff behandelt, der den Promotor des fremden FT-Gens aktiviert.

Beide Pflanzengruppen werden dann 120 Tage lang kultiviert, so dass sie gut wachsen und anschließend blühen können.

Ergebnis Gruppe A

Die Tabakpflanzen mit den Parasiten blühen nicht. Durch den fehlenden Botenstoff konnte das FT-Gen nicht aktiviert werden. Da kein FT-Protein gebildet wurde, kann dieses auch nicht in den Parasiten übertreten und diesen zum Blühen bringen.

Ergebnis Gruppe B

Die Tabakpflanzen blühen nach etwa 75 Tagen. Aus dem Material geht leider nicht hervor, ob auch die Parasiten blühen: "*Tabakpflanzen mit parasitierenden Südlichen Seiden blühen nach etwa 75 Tagen*" steht in der Abbildung - mehr nicht.

In den Anforderungen ist dann zu lesen, dass tatsächlich die Parasiten ebenfalls blühen. Ich kann mir gut vorstellen, dass diese Nicht-Information in dem Material für einige Verwirrung bei manchen Schüler(innen) geführt hat.

Schritt 7

Die Sprosszellen des Parasiten werden mittels RT-PCR untersucht. Es konnte keine Ackerschmalwand FT-mRNA nachgewiesen werden.

Kommen wir nun zur eigentlichen Lösung der Aufgabe. In dem Material D wird folgendes gesagt: "Zur Klärung der Fragestellung, ob artfremde FT-Proteine oder artfremde FT-mRNA für den Blühbeginn der Südlichen Seide verantwortlich sind, wurde ein Experiment durchgeführt. Abbildung 4 zeigt den experimentellen Ablauf sowie die beobachteten Ergebnisse. "

Bei der eigentlichen Lösung müssen wir uns also auf diese Fragestellung beziehen.

Im Schritt 1 wird der Promotor des FT-Gens in der Ackerschmalwand gentechnisch verändert, so dass er durch einen spezifischen Botenstoff aktivierbar ist. Die Transkription des FT-Gens kann jetzt also gezielt an- oder ausgeschaltet werden.

Im Schritt 2 wird das FT-Gen der Tabakpflanze gentechnisch ausgeschaltet. Die Zellen der Tabakpflanze können also kein eigenes FT-Protein mehr bilden. Wenn die Tabakpflanzen mit dem Parasiten infiziert werden (Schritt 4), kann also auch kein Tabak-FT-Protein in die Zellen des Parasiten gelangen.

Im Schritt 3 wird das gentechnisch veränderte FT-Gen der Ackerschmalwand in die Zellen der Tabakpflanze eingesetzt. Die transgenen Tabakpflanzen enthalten nun also ein funktionierendes FT-Gen, das durch einen spezifischen Botenstoff aktiviert werden kann. Allerdings handelt es sich bei der dann gebildeten mRNA nicht um Tabak-FT-mRNA, sondern um Ackerschmalwand-FT-mRNA. Diese könnte jetzt theoretisch in die Zellen des Parasiten übertreten.

Im vierten Schritt werden nun die transgenen Tabakpflanzen mit der Südlichen Seide infiziert.

Die transgenen und infizierten Tabakpflanzen werden im fünften Schritt in zwei Gruppen aufgeteilt. Dann wird - in Schritt 6 - die eine Gruppe (A) für 16 Tage ohne Botenstoff, die andere Gruppe (B) mit Botenstoff behandelt. Die Gruppe A könnte man hier als Kontrollgruppe ansehen, das eigentliche Experiment findet in der Gruppe B statt. Die Kontrollgruppe hat den Sinn, Fehler beim experimentellen Verfahren rechtzeitig zu finden.

Im Schritt 7 kann dann mit Hilfe der RT-PCR überprüft werden, ob Fremd-RNA in die Zellen des Parasiten eingedrungen ist. Dies war nicht der Fall. Da die Parasiten aber blühten, kann man davon ausgehen, dass Fremd-Protein, nämlich das FT-Protein, in die Zellen des Parasiten gelangt ist.

...Werten Sie die Ergebnisse des Experiments in Bezug auf die Fragestellung aus (Abbildung 4, Materialien A bis D).

In der Kontrollgruppe A fand weder bei den Tabakpflanzen noch beim Parasiten der Blühvorgang statt. Der Promotor des FT-Gens wurde nicht aktiviert, da kein Botenstoff verabreicht wurde. Also wurde das FT-Gen nicht transkribiert, und da keine FT-mRNA gebildet wurde, konnten an den Ribosomen auch keine FT-Proteine gebildet werden, die als Transkriptionsfaktoren den Blühprozess ausgelöst hätten.

In der eigentlichen Versuchsgruppe B kam es sowohl in den Tabakpflanzen wie auch bei den Parasiten zum Blühen. Bei den Tabakpflanzen ist das auch leicht erklärbar, denn durch den Botenstoff wurde die Transkription des fremden FT-Gens eingeleitet, durch Transkription und Translation wurde das FT-Protein synthetisiert, und dies löste als Transkriptionsfaktor das Blühen aus.

Das Blühen der Parasiten kann durch das Hinüberwandern des Arabidopsis-FT-Proteins von den Zellen der Tabakpflanzen in die Zellen des Parasiten erklärt werden. Die Arabidopsis-FT-mRNA ist dabei nicht transportiert worden, das hätte die RT-PCR nämlich angezeigt.

Aufgabe 4

Erläutern Sie die Bedeutung der artfremden FT-Genprodukte für die Südliche Seide (Materialien A, C und D). Entwickeln Sie eine evolutionsbiologisch begründete Hypothese zur Entstehung der Angepasstheit des Blühbeginns der Südlichen Seide an die jeweiligen Wirtspflanzen (Materialien A, C, und D).

Die Südliche Seide besitzt wie alle Blütenpflanzen das FT-Gen, das geht zumindest aus dem Material C hervor. Allerdings kann keine FT-mRNA in den Zellen des Parasiten nachgewiesen werden. Zum Blühen ist die Südliche Seide also auf FT-RNA aus dem Wirt angewiesen. Das erklärt auch das zeitgleiche Blühen des Wirtes und des Parasiten.

Evolutionsbiologisch könnte man dieses Phänomen so erklären, dass es für den Parasiten einen Selektionsvorteil bringt, wenn er gleichzeitig mit dem Wirt blüht. Interessant wäre jetzt die Frage, ob er dann auch von den gleichen Insekten bestäubt wird, leider wird darauf in dem Material nicht eingegangen.

Um zur selben Zeit zu blühen wie sein Wirt, ist es hilfreich, sich einfach des FT-Proteins des Wirtes zu bedienen, das ja das Blühen auslöst. Der Parasit dringt mit seinen Zellen in die Leitgefäße des Wirtes ein und ernährt sich von den dort transportierten Nährstoffen. Auch das FT-Protein wird in diesen Gefäßen transportiert. Daher sollte es auch kein Problem sein, mit den Nährstoffen genügend FT-Protein aufzunehmen. Das eigene FT-Gen muss dann nicht mehr transkribiert werden, dadurch können einige Ressourcen eingespart werden. Auch eine Translation ist nicht mehr notwendig, so dass noch mehr Ressourcen gespart werden können. Die so eingesparten Ressourcen können dem Parasiten dann für andere Prozesse zur Verfügung stehen, zum Beispiel zur Bildung von mehr Samen, was einen eindeutigen Selektionsvorteil darstellt.

Zu Entstehung dieser Angepasstheit kann man natürlich nur spekulieren. Es wäre dankbar, dass die ersten Parasiten noch ihre eigene FT-mRNA herstellten und das FT-Protein selbst produzierten. Es kam dann immer wieder zu Mutationen in dem FT-Gen, was dazu führte, dass solche Pflanzen nicht blühen konnten. Eine Pflanze, die dann das FT-Protein aus dem Wirt mit den Nährstoffen aufnahm, konnte dann trotzdem blühen, Samen bilden und so ihre Gene an die Nachkommen weitergeben. Diese hatten dann die genetische Eigenschaft geerbt, das FT-Protein der Wirtes zu verwerten und besaßen so einen Selektionsvorteil gegenüber den Parasiten, die ihr FT-Protein immer noch selbst herstellen mussten.

Allerdings exprimierten diese Pflanzen immer noch ihr eigenes FT-Gen und produzierten so - zusätzlich zum aufgenommenen Wirts-Protein - ihr eigenes FT-Protein.

Eine weitere Mutation, die das eigene FT-Gen stilllegte, verhalf den Individuen dann zu einem weiteren Selektionsvorteil. Sie konnten Ressourcen sparen, weil sie ausschließlich das Wirts-FT-Protein als Transkriptionsfaktor für das Auslösen des Blühens einsetzten. Diese Ressourcen konnten dann für sinnvollere Aufgaben eingesetzt werden wie zum Beispiel die Bildung von mehr Samen und damit potenziell mehr Nachkommen (Fitness-Erhöhung) - ein weiterer Selektionsvorteil.