Vanessa D.I. Pfeiffer,
Christine Glöggler,
Stephanie Hahn und
Sven Gemballa

# 16.5 Lösungen zu den Unterrichtsmaterialien

## Material 1: Alignieren von Nukleotidsequenzen für die Verwandtschaftsanalyse

### Aufgabe 1

Erstelle mit farbigen Büroklammern Modelle für die in Tabelle 16.6 (in Unterrichtsmaterialien) gezeigten DNA-Teilstränge des Hämoglobins von Mensch, Schimpanse, Gorilla und eines hypothetischen Vorfahren (fossile, ausgestorbene Art). Verwende für jede Base eine andere Farbe und markiere die Richtung von Base 1 nach Base 20.

Individuelle Schülerleistung

### Aufgabe 2

**a** Lies den folgenden Text und beschreibe den Vorgang des Alignierens in eigenen Worten.

Individuelle Schülerleistung

**b** Erstelle nun mithilfe der Büroklammer-Sequenzen aus Aufgabe 1 ein Alignment für die DNA-Teilstränge des Hämoglobins von Mensch, Schimpanse, Gorilla und des hypothetischen Vorfahren. Ermittle die wahrscheinlichen Deletionen.

**Tab. 16.6:** (in Unterrichtsmaterialien) Ausschnitt aus der für das Protein Hämoglobin kodierenden DNA von Mensch, Schimpanse, Gorilla und einem hypothetischen gemeinsamen Vorfahren. Hier Darstellung der nicht alignierten Sequenzen.

| Position | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 | 22 | 23 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Mensch | A | G | G | C | A | T | A | A | A | C | C | A | A | C | C | G | A | T | T | A | | | |
| Schimpanse | A | G | G | C | C | C | C | T | T | C | C | A | A | C | C | G | A | T | T | A | | | |
| Gorilla | A | G | G | C | C | C | C | T | T | C | C | A | A | C | C | A | G | G | C | C | | | |
| hypothetischer Vorfahr | A | G | G | A | A | C | C | C | G | C | T | C | C | C | A | A | C | C | A | G | G | C | C |

**Tab. 16.10:** Alignment aus Datenmatrix von Tabelle 16.6, dieses Mal mit alignierten Sequenzen.

| Position | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 | 8 | 9 | 10 | 11 | 12 | 13 | 14 | 15 | 16 | 17 | 18 | 19 | 20 | 21 | 22 | 23 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| Mensch | A | G | G | --- | --- | --- | C | A | T | A | A | A | C | C | A | A | C | C | G | A | T | T | A |
| Schimpanse | A | G | G | --- | --- | --- | C | C | C | C | T | T | C | C | A | A | C | C | G | A | T | T | A |
| Gorilla | A | G | G | --- | --- | --- | C | C | C | C | T | T | C | C | A | A | C | C | A | G | G | C | C |
| hypothetischer Vorfahr | A | G | G | A | A | C | C | C | G | C | T | C | C | C | A | A | C | C | A | G | G | C | C |

### Aufgabe 3

**a** Lies den folgenden Text und beschreibe das Parsimonie-Prinzip in eigenen Worten.

Individuelle Schülerleistung

**b** Vergleiche die alignierten Sequenzen aus Aufgabe 2b mit dem in Tabelle 16.8 (in Unterrichtsmaterialien) vorgegebenen Raster. Erstelle unter Verwendung des Parsimonie-Prinzips einen Stammbaum.

**Tab. 16.11:** Lösung über die Anzahl der richtig beziehungsweise falsch gepaarten Basen des Alignments zum Vergleich der einzelnen Sequenzen. Deletionen wurden bei der Auszählung nicht berücksichtigt.

| | Anzahl nicht übereinstimmender Basen | Anzahl übereinstimmender Basen |
|---|---|---|
| **DNA Mensch verglichen mit** | | |
| DNA Schimpanse | 5 | 15 |
| DNA Gorilla | 10 | 10 |
| **DNA gemeinsamer Vorfahr verglichen mit** | | |
| DNA Mensch | 10 | 10 |
| DNA Schimpanse | 7 | 13 |
| DNA Gorilla | 2 | 18 |

## Material 2: Von der Gensequenz zum Stammbaum

### Aufgabe 4

Verwende die Datenbank GenBank, um die Mitochondrien-DNA von Makake, Gibbon, Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan zu suchen (Signaturen siehe Tab. 16.9 in Unterrichtsmaterialien). Lade die Sequenzen unter Verwendung der „Clipboard-Funktion“ als eine FASTA-Datei auf deinen Computer.

FASTA-Datei siehe unter *http://extras.springer.com*

### Aufgabe 5

Aligniere die Sequenzen der FASTA-Datei mithilfe von ClustalX.

Die folgenden Abbildungen zeigen die ersten 70 Basen der mtDNA im nicht alignierten (Abb. 16.12a) und alignierten (Abb. 16.12b) Zustand.



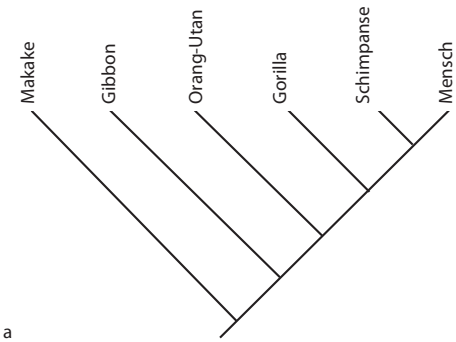
Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

**Abb. 16.12** Lösung zu Aufgabe 5 mit den ersten 70 Basen der mtDNA. a) nicht aligniert; b) aligniert

## Aufgabe 6

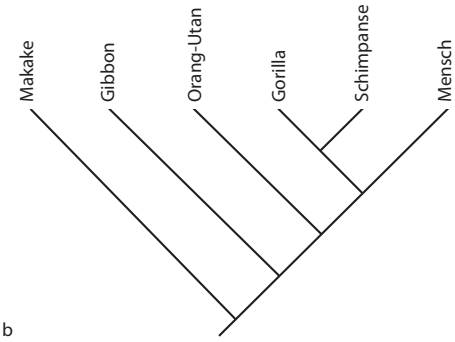
**a** Vergleiche die in Abbildung 16.11 (in Unterrichtsmaterialien; = Abb. 16.13) dargestellten Stammbaumhypothesen, indem du mit dem Programm MacClade die zugehörigen *treelengths* ermittelst.

**Stammbaumhypothese 1**



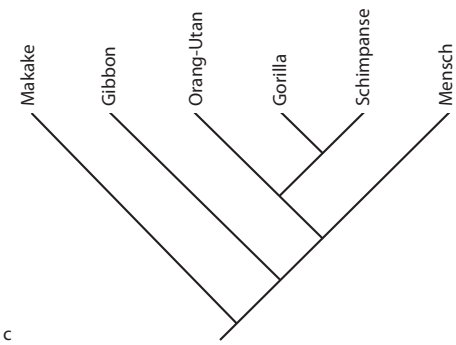

Die nach dem Parsimonie-Prinzip durch das Programm MacClade ermittelte *treelength* für Stammbaumhypothese 1 beträgt: 331

**Stammbaumhypothese 2**




Die nach dem Parsimonie-Prinzip durch das Programm MacClade ermittelte *treelength* für Stammbaumhypothese 2 beträgt: 333

**Stammbaumhypothese 3**




Die nach dem Parsimonie-Prinzip durch das Programm MacClade ermittelte *treelength* für Stammbaumhypothese 3 beträgt: 346

**Abb. 16.13** Links die drei unterschiedlichen Hypothesen zur Verwandtschaft der großen Menschenaffen. Auf der rechten Seite stehen die mit MacClade ermittelten *treelengths* (unter Berücksichtigung der ersten 1 000 Basenpaaren der mtDNA-Sequenzen).



Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

**b** Beurteile die drei Hypothesen nach dem Parsimonie-Prinzip und treffe eine begründete Entscheidung bezüglich des nächsten Verwandten des Menschen.

Nach dem Parsimonie-Prinzip ist dem Stammbaum mit der geringsten *treelength*, d. h. mit den wenigsten Evolutionsschritten, der Vorzug zu geben – dies ist der Stammbaum der Hypothese 1. Hier gibt es die im Vergleich wenigsten Basenänderungen. Der nächste Verwandte des Menschen ist demnach der Schimpanse.

Anmerkung: Der Unterschied zu Hypothese 2 fällt sehr gering aus. Daher würde man in der Forschungspraxis statt der hier berücksichtigten 1000 Basenpaaren der mtDNA die gesamte mtDNA (ca. 16700 Basenpaare) alignieren und vergleichen. Der Rechenaufwand ist dann ungleich größer.