

Genetik im schriftlichen Biologie-Abitur des G8

Der Formulierung des G8-Lehrplans ist nicht eindeutig zu entnehmen, welche Aspekte besprochen werden sollen (z. B. gonosomale Vererbung) und welche Fachbegriffe vorausgesetzt werden. Manchmal werden in den Abituraufgaben Synonyme genannt, manchmal nur ein einziger Fachbegriff (aber nicht immer der beste).

Nach der Durchsicht der G8-Abituraufgaben ergibt sich, dass die Schüler (in Ergänzung zur Formulierung im Lehrplan) Folgendes kennen bzw. wissen sollten:

- X-chromosomal rezessiver Erbgang; Vererbung auf X- bzw. Y-Chromosom heißt gonosomaler Erbgang
- Bei der Begründung des Vererbungstyps durch Ausschlussverfahren sind zu berücksichtigen: autosomal dominant bzw. rezessiv sowie X-chromosomal rezessiv.
- komplementär zum codogenen Strang ist der nicht-codogene Strang = „Code-Strang“ (ein irreführender Name, der aber wiederholt im Abitur auftritt)
- Mutationstypen erkennen, zuordnen, benennen
- Endonuklease = Restriktionsenzym
- Spleißen, PCR (einschließlich Primer) und Gel-Elektrophorese müssen in ihren Grundzügen gut beherrscht werden, sonst sind die Transferaufgaben zu schwer
- AB0-System einschließlich Vaterschaftstest
- von der Nukleotidsequenz der DNA zur Aminosäuresequenz und umgekehrt
- modifiziertes Plasmid = Hybridplasmid (im Lehrplan steht nur: „Plasmide und Viren als Vektoren“)
- in der Regel wird in der Molekulargenetik die Code-Sonne angegeben, aber 2015 wurde stattdessen eine tabellarische Darstellung angegeben (die Schüler sollten sie am besten schon einmal gesehen haben)

Die Aufgaben enthalten oft sehr viel Material, dessen Sichtung eigentlich mehr Zeit benötigt, als für das Biologie-Abitur vorgesehen ist. Diese neue Aufgabenkultur verlangt nicht nur meiner Meinung nach mehr Bearbeitungszeit (z. B. 4 statt 3 Stunden). Bei der Auswahl der Aufgabenblöcke sollte man darauf achten, dass der zeitliche Aufwand für die Bearbeitung einer Aufgabe mit den erreichbaren BE einigermaßen zusammenpasst (zwei Seiten Material mit einer halben Seite Text für 4 BE ist nicht stimmig).

2019

B1 / Aufgabe 2.1: Aminosäuresequenz anhand der Basensequenz vom codogenen Strang

B1 / Aufgabe 2.2: Mutationstyp (mehrfacher Basenentfall); Auswirkungen auf das Genprodukt

B1 / Aufgabe 3.1: aus gegebenem Stammbaum (Hund) Vererbungsmodus ableiten

B1 / Aufgabe 3.2.1: PCR

B1 / Aufgabe 3.2.2: Genotypen bestimmen, Individuen Nummern im Stammbaum zuordnen anhand des Ergebnisses einer Gelelektrophorese

B2 / Aufgabe 2.2: Unfruchtbarkeit begründen bei Kreuzung zweier Arten mit unterschiedlicher Chromosomenzahl

B2 / Aufgabe 3.1: Aminosäuresequenz aus vorgegebener Nukleotidsequenz

B1 / Aufgabe 3.2: Einfluss einer Mutation auf das Genprodukt

2018

B1 / Aufgabe 1.1: Mitose und Meiose im Vergleich

B1 / Aufgabe 1.2 und 1.3: Karyogramme vergleichen

B1 / Aufgabe 3.1: nach gegebener Basensequenz und Informationen zum Phänotyp Zuordnung zu Eltern- und Jungtier

B1 / Aufgabe 3.2: Mutationstyp

B2 / Aufgabe 2.1: PCR

B2 / Aufgabe 2.2: Primer zuordnen anhand der Basensequenz

B2 / Aufgabe 3.2: Basensequenz der DNA erstellen nach gegebener Aminosäuresequenz

B2 / Aufgabe 3.3: Mutationstyp

2017

C1 / Aufgabe 1: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal-rezessiv); im Erwartungshorizont wird der Ausschluss des autosomal-dominanten wie auch des X-chromosomal-rezessiven Erbgang genannt (das lässt sich nach meiner Meinung nicht zwingend aus dem G8-Lehrplan ableiten)

C1 / Aufgabe 3.1: Prozessierung einer m-RNA

C1 / Aufgabe 3.2: aus gegebenem Abschnitt eines codogenen Strangs der DNA die Aminosäuresequenz ableiten; Mutationstyp bestimmen (Basenverlust)

C2 / Aufgabe 2.1: aus gegebenem Abschnitt eines codogenen Strangs der DNA die Aminosäuresequenz ableiten; Mutationstypen bestimmen (Punktmutation, Basenverlust)

C2 / Aufgabe 2.2: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal-rezessiv); im Erwartungshorizont wird der Ausschluss des autosomal-dominanten wie auch des X-chromosomal-rezessiven Erbgang genannt (das lässt sich nach meiner Meinung nicht zwingend aus dem G8-Lehrplan ableiten)

C2 / Aufgabe 2.3: Basiskompetenz „bewerten“ (Beispiel Gentest)

2016

A1 / Aufgabe 1.1: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal-rezessiv); im Erwartungshorizont wird der „Ausschluss nicht zutreffender Erbgänge“ (Plural!) genannt

A1 / Aufgabe 1.2: Zuordnung von Messdaten bei einer PCR, bei denen der Abbau einer Gensonde dargestellt wird (für die Schüler ziemlich verwirrend; wer intensiv gelernt hat, ist benachteiligt)

A2 / Aufgabe 3.1: Analyse eines Familienstammbaums mit AB0-System

A2 / Aufgabe 3.2: Vaterschafts-Test

C1 / Aufgabe 2.1: nach vorgegebener Viren-RNA Bestimmung der Aminosäuresequenz

C1 / Aufgabe 2.2: Prozessierung einer m-RNA

C1 / Aufgabe 2.3: Begründung, warum eine RNA-Polymerase vom Virus eingebracht werden muss (die Begründung im Erwartungshorizont finde ich nicht schlüssig)

C2 / Aufgabe 3.1: ausgehend von der DNA soll explizit über die m-RNA die Aminosäuresequenz ermittelt werden; hier wird ausschließlich der Begriff „Code-Strang“ der DNA genannt, den ich strikt ablehne, weil er verwirrend ist; im G8-Lehrplan wird er nicht genannt; deshalb darf es nicht zu BE-Abzug führen, wenn ein Schüler den „Code-Strang“ für den codogenen Strang hält

C2 / Aufgabe 3.2: Es soll ein geeigneter Primer für die angegebene DNA-Sequenz ausgewählt werden. Die passende Sequenz (2) dockt außerhalb des durch PCR zu vermehrenden DNA-Bereichs an, was für die Schüler nicht unbedingt logisch sein muss.

C2 / Aufgabe 3.3: Teilschritte der PCR, Begründung für die Hitzestabilität der Polymerase

2015

A1 / Aufgabe 1.3.1: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal-rezessiv); im Erwartungshorizont wird der „Ausschluss nicht zutreffender Erbgänge“ (Plural!) genannt

A1 / Aufgabe 2.1: aus gegebenem Abschnitt eines codogenen Strangs der DNA die Aminosäuresequenz ableiten

A1 / Aufgabe 2.2: Entscheidung zwischen zwei Mutagenen (Punkt- bzw. Rastermutation) anhand der veränderten Aminosäuresequenz; Problem: Schüler, die bei Aufgabe 2.1 direkt vom codogenen Strang abgelesen haben statt von der m-RNA, finden die gegebene Aminosäuresequenz nicht und können die Aufgabe (9 BE!) nicht richtig bearbeiten

A2 / Aufgabe 2.2.1: Analyse eines Familienstammbaums, vorgegeben ist rezessiv, es soll entschieden werden zwischen autosomal und gonosomal (genau genommen nicht abgedeckt durch die Formulierung des G8-Lehrplans)

A2 / Aufgabe 3.1: alternatives Spleißen als Transfer (denn im Lehrplan kommt das nicht vor); machbar, aber der Schüler muss den Lernstoff gut beherrschen

A2 / Aufgabe 3.2.1: vorgegeben ist der nicht-codogene Strang, auch die Bezeichnung Code-Strang wird verwendet (so muss das sein, besser wäre eine einheitlich vorgegebene Nomenklatur im Lehrplan); Erstellung der Aminosäuresequenz, Begründung des Mutationstyps

A2 / Aufgabe 3.2.2: ziemlich verwirrende Aufgabenstellung, kostet viel Nachdenken, bringt nur 4 BE (bzw. kostet nur 4 BE, wenn sie nicht bearbeitet wird); Beispiel für gute Strategie zur Bearbeitung: So eine Aufgabe wird als noch nicht bearbeitet markiert und zunächst übersprungen.

[Die Wahl zwischen A1 und A2 gestaltete sich ein bisschen wie die Wahl zwischen Pest und Cholera...]

C1 / Aufgabe 2: klassische Aufgabe mit dihybridem Erbgang ohne Fallen

C1 / Aufgabe 3.2.2: Herstellung eines Hybridplasmids, Nachweis des Einbaus

2014

C1 / Aufgabe 3: Sichelzellanämie – das Gen der beta-Kette von Hämoglobin wird durch ein Restriktionsenzym geschnitten, danach Gelelektrophorese; Bestimmung der Stelle im Gen, wo die Mutation liegt. Ziemlich knifflige Aufgabe für nur 4 BE (sollte als letzte im Abitur bearbeitet werden).

C1 / Aufgabe 4: Analyse eines Familienstammbaums mit X-chromosomaler Vererbung; Begründung des Erbgangs bezieht sich vermutlich auf Unterscheidung dominant oder rezessiv (steht nicht im Erwartungshorizont)

C2 / Aufgabe 2.3.1: Entscheidung, welche Aminosäuren für die Unempfindlichkeit eines Enzyms gegen ein Gift verantwortlich sind; eigentlich reine Denkübung, die kaum Vorwissen voraussetzt

C2 / Aufgabe 2.3.2: Nukleotidsequenz der DNA (im Erwartungshorizont steht nur der codogene Strang, der nicht-codogene fehlt) ausgehend von der Aminosäuresequenz

2013

A1 / Aufgabe 1.2.1: Basensequenz der zweisträngigen DNA (Formulierung: „Code-Strang und codogener Strang“, was nicht ganz sauber ist, aber eigentlich trotzdem eindeutig) ausgehend von der Aminosäuresequenz

A1 / Aufgabe 1.2.2: die Folgen einer Punktmutation erklären (es bleibt aber unklar, ob die veränderte Aminosäure genannt werden muss oder nicht)

A2 / Aufgabe 1.2.1: Vergleich DNA und RNA mit Skizze

A2 / Aufgabe 1.2.2: Synthese einer cDNA

A2 / Aufgabe 2.1: Erstellung der Aminosäuresequenzen anhand des codogenen Strangs; daraus Resistenz gegen Gift begründen

B2 / Aufgabe 3.1: Herstellung eines Hybridplasmids

C1 / Aufgabe 4.1/2: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal dominant)

2012

B1 / Aufgabe 1: von der DNA zur fertig prozessierten m-RNA

B1 / Aufgabe 2.1: Erstellung von Aminosäuresequenzen anhand des codogenen Strangs; Erkennung und Benennung einer Punktmutation, die zum Stopp-Codon führt

B1 / Aufgabe 2.2: Bilder von Ein-Chromatid-Chromosomen mit Banden: Beschreibung einer Deletion (aber dieser Begriff ist nicht verlangt!)

B1 / Aufgabe 2.3: mitotische non-disjunction als Transfer (da ist viel Phantasie und wenig Wissen gefordert für 7 BE!)

B1 / Aufgabe 2.4: Gel-Elektrophorese, Erkennen von homozygoten und heterozygoten Genotypen, Begründung, bei wem das Erbkleiden auftritt und bei wem nicht

B1 / Aufgabe 2.5: ein Verfahren der Pränataldiagnostik

B2 / Aufgabe 1.1.1: Vorgang der Replikation

B2 / Aufgabe 1.1.2: Transfer zu Cystin-Dimer mit möglichen Basenpaarungen und Auswirkung auf die entstehenden Proteine

B2 / Aufgabe 2.1: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal rezessiv)

B2 / Aufgabe 2.2: Hypothesen zu phänotypischem Mosaik

B2 / Aufgabe 3.2.1: Hypothese zum pränatalen Phenylalanin-Gehalt im Blut

2011 (erstes Abitur im G8, gleichzeitig mit dem letzten Abitur im alten G9)

B2 / Aufgabe 2.1: Antisense-Banane mit komplementärem Gen für ein Enzym erklären (für 8 BE, das bedeutet, dass Aufgabe B2 nicht in Frage kommt, wenn die Antisense-Methode nicht besprochen worden ist)

C1 / Aufgabe 2.1: Definition der Punktmutation und zwei mögliche Konsequenzen für das codierte Protein

C1 / Aufgabe 2.2: Ermittlung einer Punktmutation anhand der beiden Aminosäuren (und der Codesonne)

C1 / Aufgabe 2.3: Familienstammbaum mit Krankheitsbild, das von einem mitochondrialen Gen erzeugt wird; Analyse nur mit Hilfe des Kopftextes (eine volle Seite weiter vorne) bearbeitet werden kann (Männer vererben keine Mitochondrien); mit 6 BE eigentlich zu riskant und ist wohl der Grund, warum C1 kaum gewählt wurde

C1 / Aufgabe 3: Beschreibung der PCR-Methode

C2 / Aufgabe 1.1: Analyse eines Familienstammbaums (autosomal rezessiv)

C2 / Aufgabe 1.2: Erkennen von homozygoten und heterozygoten Genotypen in einem Diagramm mit Erklärung

C2 / Aufgabe 2.1: ausgehend vom codogenen Strang der DNA über die m-RNA (verlangt!) zur Aminosäuresequenz

C2 / Aufgabe 2.3: Herstellung von Hybridplasmiden