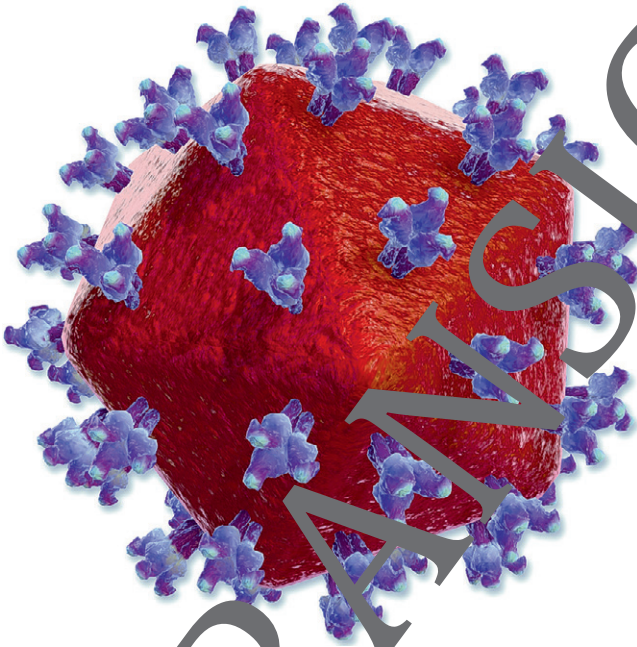


Das Humane Immunschwäche-Virus (HIV)

von Jonas Breuer und Dr. Monika Pohlmann



Wikimedia/BruceBlas /CC BY-SA 4.0

Diese Leistungskontrolle für die Oberstufe setzt grundlegende Kompetenzen zur Molekulargenetik voraus. Sie bezieht sich inhaltlich auf die Prozesse der Proteinbiosynthese, den genetischen Code und Mutationstypen. Es sollten zentrale Methoden, Gelelektrophorese oder Blotting-Techniken, zur Auftrennung von Gemischen elektrisch geladener, hochmolekularer Stoffe wie Nukleinsäuren und Proteine bekannt sein. Weiterhin sollten die Verläufe von Virusinfektionen und, im Speziellen, Wissen zum Humanen Immunschwäche-Virus (HIV) bekannt sein. Grundlegende Kenntnisse zur Molekulargenetik werden exemplarisch am humanen Rezeptor CCR5 angewendet.

Das Humane Immunschwäche-Virus (HIV)

Methodisch-didaktische Hinweise

1981 wurde eine bis dahin noch unbekannte Krankheit diagnostiziert. Betroffene starben an seltenen Infektionskrankheiten, die durch ein geschwächtes Immunsystem hervorgerufen wurden. Aufgrund dieser Tatsache gab man der Krankheit den Namen „erworbene Immunschwäche“ bzw. *acquired immune deficiency syndrome*, Aids. Zwei Jahre nach den ersten Beobachtungen konnten Luc Montagnier und seine Mitarbeiter feststellen, dass das Humane Immunschwächevirus (HIV) der Erregere von Aids ist. Es sind zwei Hauptklassen des Virus, das HIV-1 und das viel seltener HIV-2, bekannt. Die beiden Klassen unterscheiden sich leicht im Aufbau ihres Genoms. Selbst HIV-Spezialisten haben nur selten mit HIV-2 zu tun, denn im Vergleich mit HIV-1 ist diese Infektion z. B. in Deutschland fast 1.000-mal seltener. Während HIV-1 weltweit verbreitete und für die Aids-Pandemie verantwortlich ist, hat HIV-2 sich endemisch hauptsächlich bei Menschen in Westafrika ausgebreitet.

HIV-1 und HIV-2 gehören zu den Lebewesen in der Familie der Retroviren. Retroviren haben ein einzelsträngiges RNA-Genom. Kurz nach Eintritt in die Wirtszelle wird das RNA-Genom durch eine virale Polymerase, die reverse Transkriptase, in eine DNA-Kopie umgewandelt. Der Begriff Retrovirus ist vom Fluss der genetischen Information abgeleitet, der hier ausgehend von der RNA zur DNA führt, im Gegensatz zu allen anderen Lebewesen.

Nach UNAIDS haben sich im Jahr 2018 weltweit 1,7 Millionen Menschen neu angesteckt. Damit wird gegenüber 2010 ein Rückgang um 16 Prozent verzeichnet. 2018 lebten weltweit 37,9 Millionen Menschen mit HIV. 23,3 Millionen Menschen erhalten antiretrovirale Therapien, die bei richtiger Anwendung eine Übertragung des Virus verhindern können. Für Deutschland kann die Anzahl der HIV-Neuinfektionen und die Gesamtzahl der Menschen mit HIV nur mithilfe von Modellrechnungen abgeschätzt werden. Für das Jahr 2017 wird die Anzahl Neuinfizierter für Deutschland vom Robert-Koch-Institut auf 2.600 geschätzt. Die Zahl der Menschen, die sich mit HIV infiziert haben, jedoch noch nicht diagnostiziert wurden, steigt in Deutschland seit 2011 an und hat sich von etwa 10.800

am Ende des Jahres 2011 auf geschätzte 11.200 am Ende des Jahres 2017 erhöht. Es wird angenommen, dass Ende 2017 etwa 86.000 Menschen mit einer HIV-Infektion in Deutschland lebten.

Im Bericht der Vereinten Nationen von 2019 wird davon ausgegangen, dass mehr als die Hälfte der Infektionen Sexarbeiter, Drogenkonsumenten, homosexuelle Männer, Inhaftige, Inhaftiger, Inhaftierte und deren Partner betreffen. Viele von ihnen haben keinen Zugang zur Infektionskontrolle.

	Aufgabe 1	Aufgabe 2	Aufgabe 3	Aufgabe 4
Rohpunkte	10	26	30	10
Anforderungsbereich	I	II	I–III	I/III

Aufgaben

1. **Nennen** und **erklären** Sie knapp die grundlegenden Eigenschaften des genetischen Codes. (10 Punkte)
2. **Bestimmen** Sie anhand der DNA-Sequenzen die jeweiligen Aminosäuresequenzen bis einschließlich der Position 561 (M 2). **Vergleichen** Sie die vorliegenden DNA-Sequenzen und begründen Sie, welchem Mutationstyp die Mutation CCR5 Δ 32 zuzuordnen ist. **Erklären** Sie anschließend die molekularen Auswirkungen dieser Mutation. (26 Punkte)
3. **Beschreiben** Sie das Ergebnis der Western-Blot-Analyse (M 1) und **erklären** Sie, welches der Bandenmuster dem Protein CCR5 Δ 32 zuzuordnen ist. **Entwickeln** Sie eine Hypothese, welcher Genotyp Menschen gegen HIV resistent machen könnte. **Begründen** Sie Ihre Hypothese. (20 Punkte)
4. **Erläutern** Sie Vor- und Nachteile des Medikaments Truvada[®] (M 4). **Beurteilen** Sie das Medikament hinsichtlich seiner Bedeutung im weltweiten Kampf gegen Aids. (10 Punkte)

Der RAABE Webshop: Schnell, übersichtlich, sicher!



Wir bieten Ihnen:



Schnelle und intuitive Produktsuche



Übersichtliches Kundenkonto



Komfortable Nutzung über
Computer, Tablet und Smartphone



Höhere Sicherheit durch
SSL-Verschlüsselung

Mehr unter: www.raabe.de