

# Bestimmung der genetischen Distanz von Primaten – Klausuraufgabe

von Dr. Monika Pohlmann und Laura Schmidt



© RollingEarth/E+

Lange gab es unterschiedliche Ansichten, welche Primaten zur Familie der Großen Menschenaffen zu zählen sind. Mithilfe molekularbiologischer Methoden kann man Verwandtschaftsbeziehungen heutzutage sehr gut bestimmen. Die genetische Distanz zwischen Populationen oder Arten ist zum einen ein Maß für die zeitliche Dauer der Abspaltung von einer gemeinsamen Stammart zum anderen ein Maß für den Grad der genetischen Differenzierung. In dieser Leistungsaufgabe bestimmen Ihre Schülerinnen und Schüler auf der Basis molekulargenetischer DNA-Sequenzvergleiche die Verwandtschaftsbeziehungen der Großen Menschenaffen, prüfen verschiedene Hypothesen und rekonstruieren selbstständig den Stammbaum der Großen Menschenaffen.

# Bestimmung der genetischen Distanz von Primaten – Klausuraufgabe

**Niveau: grundlegend, vertiefend**

von Dr. Monika Pohlmann und Laura Schmidt

Methodisch-didaktische Hinweise	1
M 1 Verwandtschaft der Menschenaffen	3
M 2 Molekularbiologische Befunde zur genetischen Distanz	4
Lösungen	6
Literatur	10

VORSCHAU

# Bestimmung der genetischen Distanz von Primaten – Klausuraufgabe

## Methodisch-didaktische Hinweise

Die genetische Distanz ist ein Maß für die genetische Divergenz zwischen Arten unabhängig davon, ob der Abstand die Zeit vom gemeinsamen Vorfahren oder den Grad der Differenzierung misst. Populationen mit vielen ähnlichen Allelen haben kleine genetische Abstände. Dies deutet darauf hin, dass sie eng miteinander verwandt sind und einen jüngeren gemeinsamen Vorfahren haben. Der genetische Abstand ist nützlich, um die Geschichte von Populationen und Arten zu rekonstruieren. Beispielsweise deuten genetische Abstände darauf hin, dass die Menschen in Afrika südlich der Sahara und in Eurasien vor etwa 100.000 Jahren auseinandergingen. Genetische Abstände werden auch zum Verständnis des Ursprungs der biologischen Vielfalt verwendet. Zum Beispiel wird oft die genetische Distanz zwischen verschiedenen Rassen domestizierter Tiere untersucht, um zu bestimmen, welche Rassen geschützt werden sollten, um die genetische Vielfalt zu erhalten.

Durch Bewältigung dieser Leistungsaufgabe, die auch als vorbereitende Übung für die Abiturklausur verwendet werden kann, explizieren die Schülerinnen und Schüler (SuS) ihren kompetenten Umgang mit der Analyse von Verwandtschaftsbeziehungen auf der Basis molekulargenetischer Befunde. Im Mittelpunkt dieser Leistungsaufgabe steht die Klärung der verwandtschaftlichen Beziehungen der Menschenaffen, zu denen der Mensch taxonomisch gehört. Dazu werden grundlegende Kompetenzen zu zentralen Methoden der Genetik und der Evolutionsbiologie verlangt. Diese Aufgabe fokussiert damit den Themenkreis der Abstammung des Menschen sowie die genetische Distanz zu nahen verwandten Arten. Die SuS setzen molekulargenetische Daten in Beziehung zu hypothetischen Stammbäumen, falsifizieren Thesen und konstruieren selbstständig die Verwandtschaft der Großen Menschenaffen in der fachspezifischen Arbeitsweise eines Kladogramms.

Diese Leistungsaufgabe ist primär für den Grundkurs konzipiert worden, könnte in Abhängigkeit vom Vorwissen der SuS aber auch Teil einer Leistungskursklausur sein.