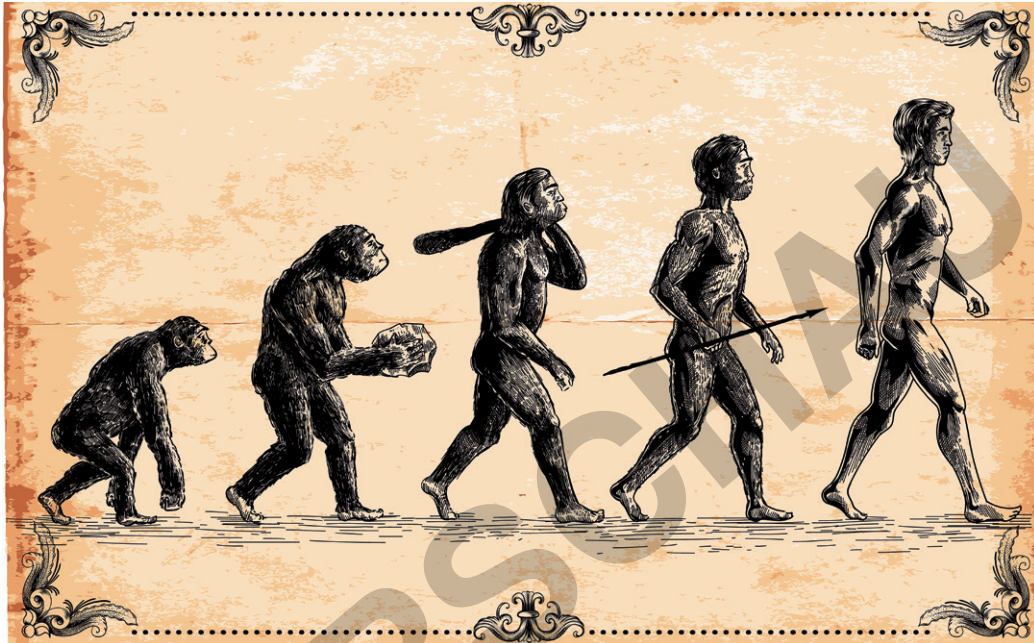


II.1.3.4

Evolution

Klausurvorschlag zur Humanevolution – das genetische Geschichtsbuch von *Homo sapiens*

Ein Beitrag von Janina Sophie Buch und Dr. Monika Pohlmann



© RAABE 2021

© Man_Half-tube/DigitalVision Vectors

In dieser Klausuraufgabe werden Ihre Schülerinnen und Schüler dazu herausgefordert, ihr Fachwissen zur Humanevolution, zur Molekulargenetik und zu grundlegenden Methoden der Paläogenetik auf konkrete aktuelle Forschungsfragen und Ergebnisse anzuwenden. Anhand wissenschaftlicher Daten ist die interessante Frage nach der verwandtschaftlichen Beziehung des modernen Menschen und des Neandertalers zu klären.

KOMPETENZPROFIL

Klassenstufe:	Sek. II
Dauer:	4–5 Unterrichtsstunden
Kompetenzen:	1. Verwandtschaftliche Beziehungen von <i>Homo sapiens</i> und Neandertaler beschreiben; 2. Entwicklung der Menschenformen des europäischen Kontinents als Anpassungen an Umweltbedingungen durch die natürliche Selektion erklären; 3. Out-of-Africa-Theorie erklären
Thematische Bereiche:	Humanevolution, Paläogenetik, Molekulargenetik, Sequenzierungstechniken, Populationsgenetik, biologisches Artkonzept

Fachwissenschaftliche Analyse

Molekulare Zeitreisen – Methoden der paläogenetischen Forschung

Der Einsatz paläogenetischer Methoden ermöglicht eine zeitliche Einordnung evolutionärer Abspaltungen einzelner Populationen des modernen Menschen. Dafür nutzen Paläogenetiker die Technik der molekularen Uhr, welche die Geschwindigkeit der Mutationsrate misst. Die Grundannahme ist dabei eine über die Zeit konstante Mutationsrate und dass jeder Mensch etwa 100 erst in der Keimbahn der Eltern entstandene und somit neue Mutationen aufweist. Daraus ergibt sich eine Mutationsrate von 50 Veränderungen pro Generation, da Menschen über einen diploiden Chromosomensatz verfügen. Somit kann auf Grundlage der Unterschiede der einzelnen Basen zwischen zwei Populationen und der durchschnittlichen Generationsdauer berechnet werden, wie viel Zeit seit der Trennung der Populationen verstrichen ist. Je größer die Anzahl der Unterschiede, desto mehr Zeit ist seit dem letzten gemeinsamen Vorfahren vergangen. Allerdings misst die molekulare Uhr die Zeit nicht exakt, sondern ähnlich wie bei der Radiokarbonmethode schwanken die tatsächlichen Veränderungen um einen Erwartungswert. Häufig werden Frequenzveränderungen von Genvarianten wie Einzelnukleotid-Polymorphismen (engl. single nucleotide polymorphism, SNP) zur Untersuchung von Verwandtschaftsbeziehungen zwischen Populationen verwendet. Dies sind Genvarianten, die sich durch Veränderungen einzelner Basen unterscheiden. Die Punktmutationen, die zu SNPs führen, können sowohl in codierenden als auch in nicht codierenden Bereichen des Genoms auftreten und somit potenziell Proteinstrukturen, genetische oder epigenetische Regulationsmechanismen, beeinflussen, haben oft jedoch keine Auswirkungen. Die Häufigkeit bestimmter SNPs variiert in menschlichen Populationen in Abhängigkeit der Zeit, wobei sich mehr Frequenzunterschiede von SNPs zwischen geografisch voneinander isolierten Populationen ansammeln als in geografisch benachbarten Populationen. Veränderungen der Häufigkeiten von SNPs können positiver oder negativer Selektion unterliegen, wobei eine positiv selektierte Genvariante zu einem vermehrten Auftreten führt. Negativ selektierte Genvarianten erfahren populationsgenetisch eine Reduktion oder verschwinden sogar. Am häufigsten unterliegen SNPs jedoch keinem Selektionsdruck und sind deswegen neutral. Nur die selektionsneutralen Mutationen können für die molekulare Uhr verwendet werden. Um die Verwandtschaftsbeziehung von Populationen zu analysieren, ist ein Vergleich vieler SNPs erforderlich. Daher ist die Durchführung von genomweiten SNP-Analysen aufwendig.

Fortschritte zur Abklärung von Verwandtschaft und Alter fossiler Funde konnten durch die Wahl der richtigen Substrate zur Extraktion von aDNA erzielt werden. Zu Beginn der aDNA-Erforschung nahmen Paläogenetiker an, dass Weichgewebe wie Muskeln post mortem viel DNA enthalten würde, weil dies bei lebenden Organismen der Fall ist. Es stellte sich jedoch heraus, dass alte Knochen mehr DNA als Weichgewebe enthalten. Knochen scheinen aDNA besser zu konservieren, da die DNA sich an das im Knochen enthaltene Hydroxylapatit anheftet und Teile der DNA innerhalb kleiner Hydroxylapatit-Kristalle vor Degradationsprozessen geschützt ist. Besonders das Felsenbein, ein Abschnitt des Schläfenbeins, enthält eine hohe DNA-Konzentration und ist damit für aDNA-Analysen ideal geeignet. aDNA ist deswegen so fragil, da post mortem die DNA-Reparaturmechanismen nicht mehr funktionieren, sodass nur wenige aDNA-Kopien erhalten bleiben und diese oft fragmentiert und beschädigt sind. Aus diesem Grund ist aDNA aus Knochenfossilien kalter Regionen besser konserviert als aus Warmzonen. Unabhängig von Umwelteinflüssen können weitere Prozesse DNA-Schäden erzeugen. Aufgrund möglicher DNA-Schäden ist aDNA meist weniger als 100 Basenpaare lang. Der Grad der Schäden hängt von den konkreten Umweltbedingungen der Probe ab.

Mediathek

- ▶ **Burger, Joachim:** Palaeogenetik. In G. A. Wagner (Hrsg.). Einführung in die Archäometrie. Springer-Verlag, Berlin Heidelberg 2007. S. 279–298.
- ▶ **Callaway, Ewen:** Early European may have had Neanderthal great-great-grandparent. Nature 2015. <https://doi.org/10.1038/nature.2015.17534>
- ▶ **Haak, Wolfgang u. a.:** Massive migration from the steppe was a source for Indo-European languages in Europe. Nature 2015, 522 (207–211). <https://doi.org/10.1038/nature14317>
- ▶ **Krause, Johannes:** Die genetische Herkunft der Europäer: Biologische Anpassung und Mobilität in der Vorgeschichte. Jahresbericht Max-Planck-Gesellschaft 2016, S. 58–62.
- ▶ **Krause, Prof. Dr. Johannes; Trappe, Thomas:** Die Reise unserer Gene (5. Aufl.). Propyläen Verlag, Berlin 2019.
- ▶ **Pohlmann, Monika u. a.:** Entwicklung eines kompetenzorientierten Unterrichts. In: Dirk Krüger (Hrsg.), Biologie erfolgreich unterrichten: Empfehlungen für (junge) Lehrkräfte. Aulis Verlag, Hallbergmoos 2021. S. 53–64.
- ▶ **Reich, David:** Who We Are and How We Got Here. Oxford University Press, Oxford 2019.
- ▶ www.nytimes.com/2018/03/23/opinion/sunday/genetics-race.html (letzter Abruf: 16.06.2021)
- ▶ www.spektrum.de/news/was-wir-vom-neandertaler-erbt/1221945 (letzter Abruf: 16.06.2021)
- ▶ www.spektrum.de/news/das-bislang-aelteste-genom-eines-modernen-menschen-liegt-vor/1314548 (letzter Abruf: 16.06.2021)
- ▶ www.mpg.de/10479996/genetisches-geschichtsbuch-der-steinzeit (letzter Abruf: 16.06.2021)
- ▶ www.mpg.de/13886400/neandertaler-genom-projekt (letzter Abruf: 16.06.2021)

Auf einen Blick

Klausurvorschlag

- Thema:** Erben des Neandertalers – Das genetische Geschichtsbuch von *Homo sapiens*
- M 1** Das genetische Geschichtsbuch von *Homo sapiens* – Aufgabenstellungen
- M 2** Menschen und Neandertaler teilten sich den Lebensraum
- M 3** Gemeinsame Elternschaft von Neandertaler und *Homo sapiens*?
- M 4** Wie viel Neandertaler-DNA steckt im modernen Menschen?
- M 5** Anteil der Neandertaler-DNA im Genom des modernen Menschen zu verschiedenen Zeitpunkten