

II.1.3.5

Evolution – Stammesgeschichte und Systematik

Die Humanevolution der Europäer – Ein fiktiver Forschungskongress

Ein Beitrag von Janina Sophie Buch und Dr. Monika Pohlmann



© alexis84/iStock/Getty Images Plus

Lassen Sie Ihre Lernenden mithilfe des molekulargenetischen und evolutionsbiologischen Fachwissens kooperativ entschlüsseln, wie prähistorische Völker im Neolithikum den modernen Europäer prägten. Innerhalb eines fiktiven Forschungskongresses mittels kooperativer Lernformen werden Ihre Lernenden zu Expertinnen und Experten für die genetische Evolution der Europäer.

KOMPETENZPROFIL

Klassenstufe:	Sek. II
Dauer:	8 Unterrichtsstunden (Minimalplan: 6)
Kompetenzen:	Die Lernenden 1. beschreiben Belege der stammesgeschichtlichen Verwandtschaft, 2. erklären Werkzeuge und Verfahren der Molekularbiologie, 3. erklären die Bedeutung der kulturellen Evolution für die Entstehung des heutigen Menschen.
Thematische Bereiche:	Humanevolution, Molekulargenetik, Bioethik, Rassismus

Auf einen Blick

Benötigt: mindestens ein internetfähiges Endgerät pro Lerngruppe

1.–4. Stunde

Thema: Forschungszyklus zur neolithischen Revolution

M 1 **Woher stammen die heutigen Europäer?**

M 2 **Poster – Paläogenetiker auf molekularer Zeitreise**

M 3 **Der Mensch erobert Europa / Workshop 1**

Benötigt: Endgeräte und ggf. Programme wie *PowerPoint* zur Erstellung der digitalen Präsentationen

M 4 **Gründet die neolithische Revolution auf kulturellen Austausch oder Einwanderung von Erfindern? / Workshop 2**

5.–8. Stunde

Thema: Forschungszyklus zur „Geisterpopulation“ der Jamnaja

M 5 **Das Volk der Jamnaja / Workshop 3**

M 6 **Der genetische Cocktail / Workshop 4 als Gruppenpuzzle**

M 6a **Welche Ursachen führten zur hellen Hautfarbe heutiger Europäer? / Expertengruppe 1**

M 6b **Welche Ursachen führten zur blauen Augenfarbe heutiger Europäer? / Expertengruppe 2**

M 6c **Welche Ursachen führten zur Laktosetoleranz heutiger Europäer? / Expertengruppe 3**

M 7 **Die Frage nach den Menschenrassen ...**

M 8 **Mystery-Rätsel zur Herkunft der heutigen Europäer**

Benötigt: Papier zur Erstellung der Mysterykärtchen



Woher stammen die heutigen Europäer?

M 1



Prof. Dr. Johannes K. vom Max-Planck-Institut für Menschheitsgeschichte in Jena lädt jedes Jahr interessierte Forschende wie Sie zu einem interdisziplinären Kongress zur Menschheitsgeschichte ein. Natürlich nehmen Sie die Einladung gerne an und reisen für ein Wochenende nach Jena, um gemeinsam mit anderen Forscherinnen und Forschern neueste Erkenntnisse in Vorlesungen und Workshops zu erarbeiten und an Podiumsdiskussionen aktiv mitzuwirken.

Aufgaben

1. **Erläutern** Sie anhand der Einladung, welche Erkenntnisse dem Wissenschaftlerkongress zugrunde liegen.
2. **Bearbeiten** Sie das Grundlagentext „Die neolithische Revolution“ mit einer texterschließenden Methode Ihrer Wahl und **erklären** Sie, warum die neolithische Revolution mit der industriellen Revolution des 19. Jahrhunderts verglichen wird.
3. **Tauschen** Sie sich mit einem Lernpartner bzw. einer Lernpartnerin **aus** und **stellen** Sie mindestens zwei **Hypothesen** zur Forschungsfrage des interdisziplinären Kongresses **auf**.



Die Einladung

Von: johannes.k@mpi.jena.de

Betreff: Einladung zum diesjährigen Kongress zur Erforschung der Menschheitsgeschichte

PDF Die neolithische Revolution X

Sehr geehrte Forscherinnen und Forscher,

mit Freude laden wir Sie zum diesjährigen interdisziplinären Kongress zur Erforschung der Menschheitsgeschichte ein. Auch dieses Jahr befassen sich unsere Vorträge, Workshops und Podiumsdiskussionen wieder mit einem spannenden und hochaktuellen Thema:

Woher stammen die heutigen Europäer? Das genetische Geschichtsbuch unserer jungsteinzeitlichen Vorfahren.

Das Feld der Paläogenetik erlebte im letzten Jahrzehnt durch die effektive und preiswerte Sequenzierung zahlreicher genetischer Proben aus archäologischen Artefakten eine Flut neuer Informationen über Menschen, die vor Tausenden Jahren lebten. Im diesjährigen Forschungskongress möchten wir uns unter anderem mit der veralteten Vorstellung einer genetisch „reinen“ Population von Ureuropäern auseinandersetzen. Diese Vorstellungen dienten lange Zeit als Nährboden für rassistische Aussagen und Taten.

Sie erhalten Einblicke in ein innovatives Forschungsfeld, deren Ergebnisse dazu beitragen, rassistische Theorien mithilfe von naturwissenschaftlichen Erkenntnissen zu entkräften. Lassen Sie uns gemeinsam das genetische Geschichtsbuch unserer jungsteinzeitlichen Vorfahren mit Inhalt füllen!

Bitte lesen Sie im Vorfeld des Kongresses die Datei im Anhang aufmerksam durch.

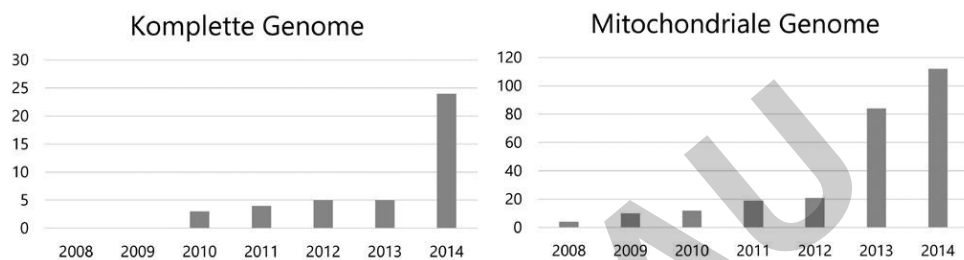
Mit freundlichen Grüßen

Johannes K.
Direktor des Max-Planck-Instituts für Menschheitsgeschichte, Jena

Poster: Paläogenetik und aDNA

Paläogenetik – ein Forschungsfeld auf der Überholspur

„Paläogenetik“ ist ein in den 1990er Jahren geprägter Fachbegriff. Er steht für die Gewinnung und Analyse genetischen Materials aus archäologischen Funden. Dieses genetische Material wird als alte DNA, kurz aDNA, bezeichnet. Die Revolution in der Sequenzierungstechnologie führte zu neuen spektakulären Erkenntnissen und zu einer großen Zahl an vollständig sequenzierten, vorgeschichtlichen Humangenomenen. Die Rekonstruktion der Genome eines 4000 Jahre alten Paläo-Inuk sowie eines Neandertalers stellte 2010 einen Meilenstein in der Erforschung ausgestorbener Populationen dar. Mittlerweile konnte 500 000 Jahre alte DNA aus menschlichen Knochen gewonnen und analysiert werden.



(verändert nach Knapp, Lalueza-Fox & Hofreiter 2015, 6)

Abb. 1: Sequenzierte, vorgeschichtliche Humangenome

Paläogenetik schlägt Archäologie und Geschichtsforschung

Während die genetische Untersuchung heutiger Populationen nur begrenzt Rückschlüsse auf die Vorgeschichte dieser Menschen zulässt, eröffnet der Vergleich von moderner und alter DNA tiefe Einblicke in die Menschheitsgeschichte. Genomweite Daten aus der Vergangenheit machen es möglich, größere Veränderungen der genetischen Struktur menschlicher Populationen über längere Zeiträume nachzuweisen. Durch Vergleiche von alter mit aktueller DNA entsteht ein erstaunlich genaues Bild über die Migrationsrouten und die Ausbreitung bestimmter Volksgruppen der Vorgeschichte sowie daraus resultierende genetische Veränderungen. Die Sequenzierung alter Erbsubstanz ermöglicht es zudem, schon lange offene Forschungsfragen der Archäologie und Geschichtsforschung zu beantworten bzw. deren Hypothesen zu prüfen. Mit ihren fachspezifischen biochemischen Methoden sammelt die Paläogenetik erfolgreich Belege dafür, wie kultureller Wandel durch eine veränderte Mobilität, durch Einwanderungen und daraus resultierende Genflüsse beeinflusst wurde.

abiotische Faktoren sind Umweltfaktoren, an denen Lebewesen nicht erkennbar beteiligt sind. z. B. Klima, Wasser, Licht usw.

Welche DNA-Proben eignen sich?

Ein Problem der Paläogenetiker ist die begrenzte Verfügbarkeit geeigneter Proben. DNA wird mit der Zeit abgebaut, wobei bestimmte **abiotische Faktoren** den Zerfallsprozess verlangsamen, aber nicht aufhalten können. Somit ist der Erhaltung der molekularen Struktur von aDNA eine natürliche Grenze gesetzt. Günstige Bedingungen bieten ein kaltes und trockenes Klima sowie ein leicht basisches Bodenmilieu. Aus diesem Grunde wurde bislang mehr aDNA aus gemäßigten Zonen als aus äquatornahen Regionen analysiert (siehe Abb. 2). Einen besonders hohen Anteil aDNA enthalten Knochen und Zähne, sodass diese gute Probenquellen darstellen. Außerdem enthalten diese Skeletteile das Mineral Hydroxylapatit, an das die DNA binden kann und dadurch besser vor Abbauprozessen geschützt ist.

M 5 Das Volk der Jamnaja

Die Herkunft der frühen Ackerbauern ließ sich aufklären. So wurden genetische Komponenten der Wildbeuter-Urbevölkerung und der Einwanderer aus der Region des Fruchtbaren Halbmonds gefunden. Es wurde jedoch auch eine dritte genetische Komponente gefunden. Beleuchten Sie die Hintergründe zu dieser unbekanntenen Population, die ihre Spur im Erbgut der heutigen Europäer so deutlich hinterließ.

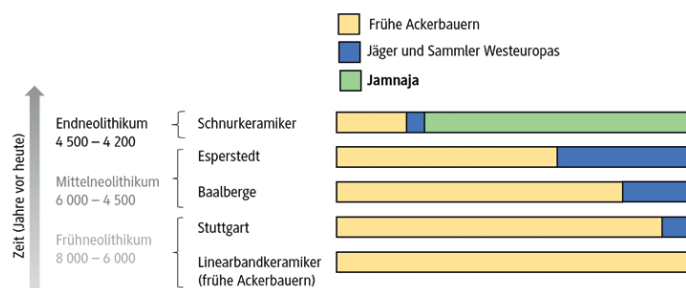
Aufgaben

1. **Erklären** Sie mithilfe von A, welche Schlüsse die Paläogenetik zur dritten genetischen Komponente im Erbgut der heutigen Europäer ziehen. **Stellen** Sie darüber hinaus eine Hypothese für den Zeitpunkt der Einwanderungswelle der Geisterpopulation **auf**.
2. **Beschreiben** Sie anhand von A, B und C die Migration der Jamnaja nach Europa und ihre Folgen.
3. **Vervollständigen** Sie das wissenschaftliche Protokoll E und **begründen** Sie, welche der konkurrierenden Hypothesen in D bestätigt, beziehungsweise falsifiziert werden. **Tauschen** Sie sich mit einem Lernpartner **aus** und **präsentieren** Sie gemeinsam Ihr Ergebnis.



A: Das rätselhafte, fehlende genetische Puzzleteil

Was uns in Erstaunen versetzt, ist, dass alle heutigen Europäer die genetischen Spuren der Ur-Europäer in sich tragen und damit ein genetischer Mix der Wildbeuter und der frühen Ackerbauern aus dem Nahen Osten sind. Zusätzlich wurden die heutigen Europäer offenbar noch durch eine weitere, dritte Population geprägt. Diese dritte genetische Komponente besitzt jeder heutige Europäer, während sie bei der Urbevölkerung der Jäger und Sammler und den frühen Ackerbauern fehlt. Dieser Befund weist eindeutig auf eine weitere, spätere Einwanderungswelle hin. Die Prägung einer dritten Population auf das Erbgut heutiger Europäer konnte durch die Verwandtschaft der Europäer mit den amerikanischen Ureinwohnern belegt werden. Demnach wanderten europäische Jäger und Sammler nie nach Amerika aus. Die Verwandtschaft mit den Ur-Amerikanern kann daher nur durch einen gemeinsamen Vorfahren beider Populationen erklärt werden. Eine Population, deren Existenz nur mithilfe von Modellrechnungen vorhergesagt, aber nicht durch archäologische Funde belegt werden kann, heißt „Geisterpopulation“. 2015 wurde der Ursprung der dritten Komponente im Erbgut heutiger Europäer gefunden. Die Geisterpopulation erhielt den Namen Jamnaja. Die ersten Vertreter mit den genetischen Markern der Jamnaja waren die Schnurkeramiker (engl. *Corded Ware*). Diese Komponente breitete sich rasant in großen Teilen Europas aus und noch heute stellt sie in nordeuro-

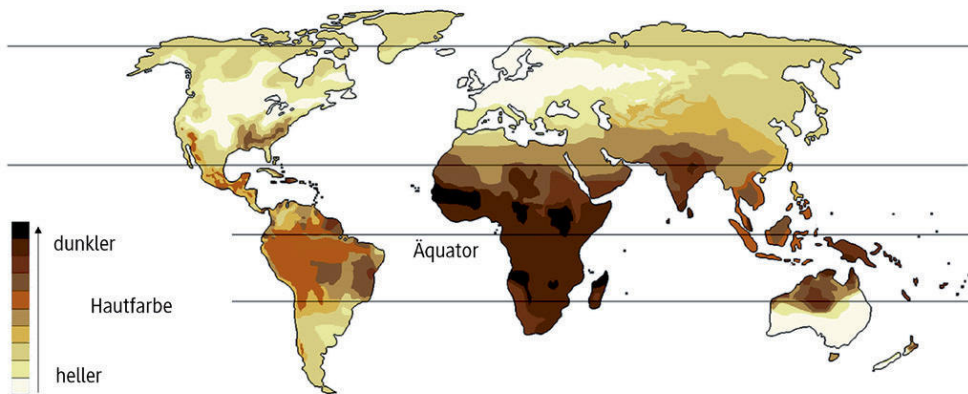


(verändert nach Haak et al. 2015, 210)

Abb. 1: Genetische Zusammensetzung der Schnurkeramiker im Vergleich zu anderen prähistorischen Populationen

päischen Populationen den größten Anteil der drei genetischen Ausstattungen dar. Abb. 1 zeigt die genetische Zusammensetzung der Schnurkeramiker im Vergleich zu den älteren Populationen in Europa.

A: Melanin schützt vor Hautkrebs, hemmt aber die Vitamin D-Synthese



Wikimedia Commons/Renato Biasutti/CC BY-SA 4.0

Abb. 1: Pigmentierungsstufen der indigenen Völker der Erde

Die Stärke der Pigmentierung der Haut variiert innerhalb sowie zwischen menschlichen Populationen. Sie kann durch Umweltfaktoren beeinflusst werden, ist aber unabhängig davon grundsätzlich genetisch bedingt. Der Grad der Hautfarbe hängt davon ab, wieviel Melanin in der Haut gebildet wird. Die Synthese dieses Farbstoffs, der auch die Augen- und Haarfarbe bewirkt, findet in bestimmten Zellorganellen, den Melanosomen, statt. Diese befinden sich in den Melanozyten (Zellen in der obersten Hautschicht). Es gibt zwei Melaninausprägungen. Der Farbstoff Eumelanin ruft je nach Konzentration in den Melanosomen eine braune bis schwarze Färbung hervor, während das rot-gelbe Phäomelanin der Farbstoff von Menschen mit hellem Hauttyp ist. Die biologische Funktion von Melanin ist die Absorption schädlicher UV-Strahlen. Dadurch schützt der Farbstoff wirksam vor Hautkrebs. Als Nebeneffekt hemmt eine hohe Melaninkonzentration der Haut allerdings die körpereigene Synthese des lebenswichtigen Vitamin D. Vitamin D ist für ein gesundes Skelett und ein starkes Immunsystem unerlässlich. Eine ausreichende Versorgung mit Vitamin D kann, außer durch das ultraviolette Licht der Sonne, über eine Vitamin-D-reiche Ernährung ergänzt werden. Dabei beinhalten Fettfische (z. B. Lachs, Hering, Makrele), Eigelb und einige Speisepilze besonders viel Vitamin D.

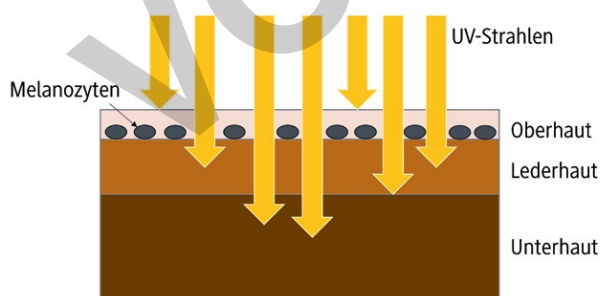


Abb. 2: Wirkung des Pigments Melanin in der Haut. Melanozyten enthalten Melanosome, in denen sich Melanin befindet. Melanin absorbiert einen Teil der UV-Strahlung.

B: Vitamin D-Bedarf und eine paradoxe Beobachtung

Die einzig vorteilhafte biologische Wirkung des energiereichen, ultravioletten Sonnenlichts ist die Bildung des körpereigenen Vitamin D durch den Anteil an UV-B-Strahlung. Dabei wird Provitamin D₃ in unseren Hautzellen durch die Reaktion mit UV-B-Strahlen in Vitamin D umgewandelt. Für die körpereigene Vitamin-D-Bildung ist die Stärke der UV-B-Strahlen ausschlaggebend. Ist die UV-B-Strahlungsintensität zu gering, kommt die körpereigene Vitamin-D-Produktion zum Erliegen. Wie lange sich ein Mensch für eine ausreichende Vitamin-D-Versorgung in der Sonne aufhalten muss, hängt

für die Laktasepersistenz gefunden werden. Die häufigsten mit der Laktoseintoleranz verknüpften Mutationen sind die Genvarianten 13910 C/T und 22018 G/A. Nach aktuellem Erkenntnisstand zeigen 13910 C/C und 22018 G/G homozygote Menschen Symptome der Laktoseintoleranz, während diese bei heterozygoten Trägern, 13910 C/T und 22018 G/A, nur unter Stress oder bei Darminfektionen auftreten. Homozygote Träger 13910 T/T und 22018 A/A sind laktasepersistent und zeigen keine Symptome. Die Laktasepersistenz beruht allerdings nicht auf Mutationen im Laktasegen (LCT-Gen) selbst.

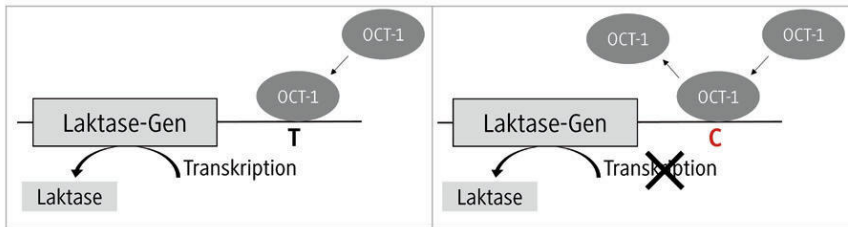


Abb. 2: Genetische Regulation bei Laktosetoleranz

Stattdessen sind Punktmutationen im Intron 13 des benachbarten Gens MCM6 für Laktasepersistenz ursächlich. Dieser DNA-Abschnitt fungiert als *Enhancer* des Laktasegens. Der *Enhancer* bindet das Protein OCT-1 (*Octamer binding protein 1*). OCT-1 ist ein Transkriptionsfaktor, der mit weiteren Transkriptionsfaktoren interagiert, die an den Promotor des Laktasegens binden und ihn aktivieren. Bei der in Europa weit verbreiteten Mutation 13910 (die Kennzahl gibt die Entfernung der Position vom 5'-Ende des Laktasegens an) bindet das Protein OCT-1 an das substituierte T stärker als an das ursprüngliche C. Diese Punktmutation bewirkt dadurch eine erhebliche Steigerung der Expressionsrate des Laktasegens.

Enhancer = kurze Gensequenzen, die nach Anbindung eines Proteins die mRNA-Produktion eines Gens verstärken können.

© RAABE 2023



Wikimedia Commons/NmiPortal/CC BY-SA 3.0

Abb. 3: Laktoseunverträglichkeit im weltweiten Vergleich

Neuesten Untersuchungen zufolge ist das C im Erwachsenenalter **methyliert**. Dadurch kann der Transkriptionsfaktor nur schlecht binden, während das T nicht methyliert ist. Die Mutationen in Saudi-Arabien und Afrika betreffen dieselbe Region. Alle Mutationen zur Laktosetoleranz sind unabhängig voneinander entstanden. Sie stellen ein beeindruckendes Beispiel für konvergente Evolution dar.

Bei der **DNA-Methylierung** werden Methylgruppen durch Enzyme auf ausgewählte DNA-Basen übertragen.

