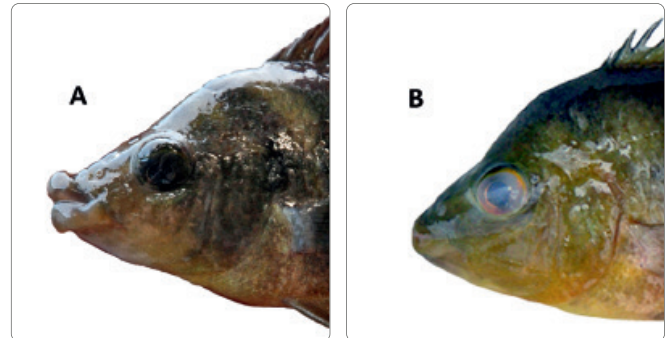


Evolution auf der Überholspur

In nur hundert Generationen in derselben Zahl an Jahren entwickelten Midas-Buntbarsche *Amphilophus cf. citrinellus* in Nicaragua eine völlig neue physische Eigenschaft: sehr ausgeprägte, dicke Lippen bei einer gleichzeitig schlankeren Kopfform. Diese Evolutionsprozesse, die Evolutionsbiologen jetzt in einem nicaraguanischen Vulkankratersee beobachteten, sind damit um ein vielfaches schneller als gemeinhin angenommen. Das internationale Forscherteam belegt mit seinen Untersuchungen, dass evolutionärer Wandel in nur wenigen Jahrzehnten möglich ist. Die dicklippigen Fische besetzen eine andere ökologische Nische im selben See als ihre dünnlippigen Verwandten. Beobachtungen zeigen, dass dick- und dünnlippige Exemplare unterschiedliche Ernährungsgewohnheiten aufweisen und es vermeiden, sich miteinander zu paaren – obwohl Laborexperimente beweisen, dass die beiden Fischarten sich noch immer kreuzen könnten. Durch die Vermeidung der Paarung sind sie jedoch auf dem besten Weg, sich zu unterschiedlichen Arten zu entwickeln. Die schlankere Kopfform der neuen Fischart ist ideal, um Insekten und Larven aus den Spalten des Vulkanfelsens zu fangen. Die aufgedunsenen Lippen polstern dabei Verletzungen durch scharfkantige Felsspitzen ab. Die dünnlippigere Variante weist hingegen ein kräftigeres Gebiss mit zusätzlichen Zähnen auf, bestens dazu geeignet, die Gehäuseschalen der Schnecken aufzuknacken, von denen sie sich häufig ernähren. Es ist von großer Bedeutung, wenn Wissenschaftler neu-entstehende Arten im Prozess ihrer Entstehung aufspüren. Die Forschungsarbeit belegt Theorien aus den 1990er-Jahren, Arten könnten sich schnell ausdifferenzieren, auch wenn sie sich denselben Lebensraum teilen.



Dicklippige (A) und dünnlippige Variante des Midas-Buntbarsches (*Amphilophus cf. citrinellus*) aus einem See in Nicaragua (Fotos: Universität Konstanz).

Originalpublikation: Elmer, KR et al. (2010) Rapid sympatric ecological differentiation of crater lake cichlid fishes within historic times. *BMC Biology*

Arbeitsaufträge

1. Grenzen Sie Art und Rasse voneinander ab.
2. Nennen und erklären Sie allgemein die Evolutionsfaktoren.
3. Stellen Sie die Entwicklung der beiden Varianten des Midas-Buntbarsches dar.
4. Entwickeln Sie Hypothesen, warum es zu dieser schnellen Entwicklung kommen konnte.

Der Neandertaler in uns

Analyse des Neandertaler-Genoms offenbart Vermischung von Mensch und Neandertaler

Es ist eine bisher einmalige wissenschaftliche Leistung: Fast zehn Jahre nach Entschlüsselung des Genoms des *Homo sapiens* präsentieren Forscher nun erstmals die Gensequenz eines ausgestorbenen Hominiden, der zudem der engste ausgestorbene Verwandte des Menschen ist. Das Forscherteam um Svante Pääbo vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie benötigte insgesamt vier Jahre, um das Genom des Neandertalers zu entschlüsseln. „Der Vergleich dieser beiden Gensequenzen gibt uns die Möglichkeit zu erfahren, wo wir uns in unserem Genom von unseren nächsten Verwandten unterscheiden“, sagt Svante Pääbo.

Die Version der Neandertaler-Sequenz basiert auf der Analyse von mehr als einer Milliarde DNA-Fragmente aus mehreren Neandertaler-Knochen aus Kroatien, Spanien, Russland und dem Neandertal in Deutschland. Unter den DNA-Fragmenten haben die Leipziger Forscher diejenigen identifiziert, die aus dem Neandertaler-Genom stammen und zusammen mehr als sechzig Prozent des Gesamtgenoms abdecken.

Ein erster Vergleich der beiden Sequenzen förderte bereits erste aufregende Entdeckungen zutage. Anders als von vielen Forschern vermutet, haben sich Neandertaler und der frühe moderne Mensch offensichtlich vermischt. Im Genom einiger heute lebender Menschen stammen nach Berechnungen der Forscher ein bis vier Prozent der DNA vom Neandertaler. „Diejenigen von uns, die außerhalb Afrikas leben, tragen ein kleines bisschen Neandertaler in sich“, sagt Svante Pääbo. Bei vorangegangenen Untersuchungen der DNA von Mitochondrien der Neandertaler hatte man für eine Vermischung keine Hinweise gefunden.

Für die Analyse sequenzierten die Forscher zusätzlich fünf menschliche Genome europäischer, asiatischer und afrikanischer Abstammung und verglichen diese mit dem Neandertaler-Genom. Die Überraschung: Der Neandertaler hat ein wenig mehr genetische Gemeinsamkeiten mit den Menschen außerhalb Afrikas als mit den Afrikanern. Zugleich ähnelt das Neandertaler-Genom der Sequenz von Europäern im gleichen Ausmaß wie der von Ostasia-

Infokarte Expertengruppe

Fächerübergreifendes Thema – Evolution

ten. Das verwundert, denn bis heute wurden keine Überreste von Neandertalern in Ostasien gefunden. Sie lebten in Europa und Westasien.

Die Forscher haben aber eine einleuchtende Erklärung für ihre Ergebnisse. Svante Pääbo: „Neandertaler haben sich wahrscheinlich mit frühen modernen Menschen vermischt bevor Homo sapiens sich in Europa und Asien in verschiedene Gruppen aufspaltete.“ Dies war in einem Zeitraum zwischen 100.000 bis 50.000 Jahren im Mittleren Osten möglich, noch bevor die menschliche Population sich über Eurasien ausbreitete. Aus archäologischen Funden weiß man, dass damals Neandertaler und Menschen dieselbe Region bewohnten.

Abgesehen von der Frage, ob Neandertaler und Homo sapiens sich vermischt haben, gilt das Hauptinteresse der Forscher Genbereichen, die den Menschen von seinem nächsten Verwandten unterscheiden und ihm vielleicht Vorteile im Laufe der Evolution einbrachten.

Die Wissenschaftler um Pääbo haben bereits einige Regionen entdeckt, in denen sie Gene ausfindig machten, die möglicherweise eine wichtige Rolle in der menschlichen Evolution spielten. So fanden sie Gene, die mit kognitiven Funktionen, mit dem Stoffwechsel und mit der Entwicklung von Schädel, Schlüsselbein und Brustkorb zusammenhängen. Doch erst genauere Analysen werden Rückschlüsse über den tatsächlichen Einfluss dieser Gene zulassen. Den Großteil der DNA für ihre Untersuchung gewann das Forschungsteam aus insgesamt 400 Milligramm Knochenpulver aus Knochen dreier weiblicher Neandertaler, die in einer Höhle in Kroatien ausgegraben wurden und dort vor mehr als 38.000 Jahren lebten.

Das Genom einer vor Zehntausenden von Jahren ausgestorbenen Art zu sequenzieren ist eine ganz besondere Herausforderung, denn die DNA ist im Laufe der Zeit zu winzigen Fragmenten zerfallen und zum Teil chemisch verändert. Hinzu kommt das Problem der Verunreinigung. „Mehr als 95 Prozent der DNA in einer Probe stammen von Bakterien und Mikroorganismen, die den Neandertaler nach seinem Tod besiedelten“, sagt Svante Pääbo. Auch menschliche DNA, die bei der Ausgrabung oder im Labor in die Probe gelangt, verfälscht die Ergebnisse. Pääbo und sein Team in Leipzig setzen verschiedene, zum Teil völlig neu entwickelte Techniken ein, um die zu sequenzierende DNA von Kontaminationen zu befreien. Sie bearbeiten die Proben in Reinräumen und



Marco de la Rasilla und Svante Pääbo in der El Sidron Höhle in Asturias, Spanien (Foto: © El Sidron Research Team).

markieren jedes Sequenzstück eines Neandertalers mit einem kurzen Stück DNA als Etikett, um es von menschlicher DNA unterscheiden zu können.

Die technischen Herausforderungen haben die Forscher inzwischen im Griff. Jetzt schauen sie optimistisch in die Zukunft: „Wir werden auch die verbleibende Sequenz des Neandertalers entschlüsseln und noch viel mehr über uns und unseren nächsten Verwandten erfahren“, sagt Svante Pääbo.

Originalpublikation: Green, RE et al. (2010) A draft sequence and preliminary analysis of the Neandertal genome. *Science*, 7 May 2010; Vol. 328. no. 5979, pp. 710 – 722. DOI: 10.1126/science.1188021

Arbeitsaufträge

1. Fassen Sie die geschilderten neuen Erkenntnisse in diesem Artikel zusammen.
2. Vergleichen Sie die Ergebnisse des Forschungsstandes seit Entdeckung der ersten Neandertalerfossilien mit den heutigen Erkenntnissen aus der Genetik.



Svante Pääbo mit einem rekonstruierten Neandertalerschädel (Foto: © Frank Vinken).



Bohren am Knochenfragment: Das Forscherteam benötigte insgesamt nur 400 Milligramm Knochenpulver für die Analyse (Foto: © Frank Vinken).