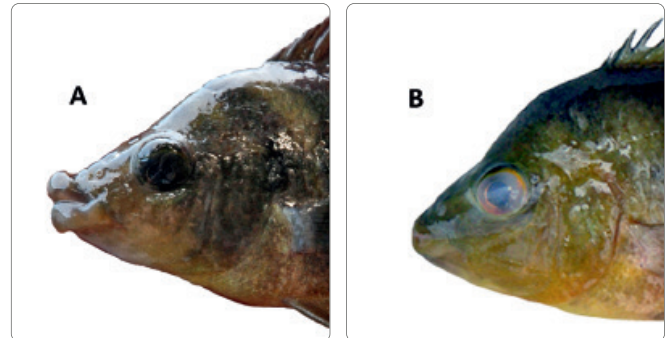


Evolution auf der Überholspur

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-