

St. Joseph Gymnasium  
Rheinbach

Schuljahr 2006/2007

## Facharbeit

**Thema:** Analyse der Verwandtschaftsverhältnisse zwischen *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* an Hand von Homologien der mitochondrialen DNA

**Fach:** Biologie Leistungskurs

**Fachlehrerin:** Frau Löhr

**Verfasserin:** Kerstin Siegburg

**Abgabetermin:** 30.03.2007

**Note:** \_\_\_\_\_

**Punktzahl:** \_\_\_\_\_

**Unterschrift:** \_\_\_\_\_

## Inhaltsverzeichnis

<b><u>1. Einleitung</u></b>	S. 3
<b><u>2. Grundlagen</u></b>	
<b>2.1 Allgemeine Indizien und Belege für Evolution</b>	S. 4
<b>2.2 Homologien</b>	
2.2.1 Was wird als homolog bezeichnet	S. 5
2.2.2 Biochemische Homologie	S. 5
2.2.3 Der Schlüssel der Evolution: Mutationen	S. 6
2.2.4 Zurück zum Ausgangsproblem	S. 6
<b>2.3 die mitochondriale DNA</b>	
2.3.1 Mitochondrien	S. 7
2.3.2 Die DNA der Mitochondrien	S. 7
2.3.3 Der besondere Vererbungsmechanismus	S. 8
2.3.4 Warum sich die mtDNA besser zur Analyse eignet	S. 9
2.3.5 Zurück zum Ausgangsproblem	S. 10
<b><u>3. Homo sapiens und Homo neanderthalensis</u></b>	
<b>3.1 Einordnung</b>	
3.1.1 Stammbaum	S. 10
3.1.2 Wer war homo sapiens?	S. 11
3.1.3 Wer war homo neanderthalensis?	S. 11
<b>3.2 Theorien</b>	
3.2.1 Zwei Modelle	S. 12
3.2.1.1 „Out-of-Africa-Modell“	S. 13
3.2.1.2 „Multiregionales Modell“	S. 14
3.2.2 Das Prinzip der molekularen Uhr	S. 14
3.2.3 Die molekulare „Eva“	S. 15
3.2.4 Zurück zum Ausgangsproblem	S. 16
<b>3.3 Analysen von mtDNA Sequenzen des Neandertalers</b>	
3.3.1 Besuch im Neanderthal Museum Düsseldorf	S. 17
3.3.2 Analyse durch Svante Pääbo	S. 17
3.3.3 Ergebnisse und Vergleich in Bezug auf homo sapiens	S. 19
3.3.4 Grenzen und Hindernisse	S. 20
3.3.5. Zurück zum Ausgangsproblem	S. 20
<b><u>4. Spekulationen und neue Möglichkeiten</u></b>	
4.1 Warum verschwand der Neandertaler plötzlich?	S. 21
4.2 Hat der Neandertaler Spuren in unserem Genpool hinterlassen?	S. 22
4.3 Bald Sequenzierung der Kern-DNA?	S. 22
<b><u>5. Abschließende Worte</u></b>	
5.1 Wie ich die Arbeit an der Facharbeit empfunden habe	S. 23
<b><u>6. Anhang</u></b>	
6.1 Literatur- und Quellenverzeichnis	S. 24
6.2 Schlusserklärung	S. 25

## 1. Einleitung: Stamme ich vom Neandertaler ab?



Gar nicht so leicht zu beantworten, die Frage, betrachtet man das Bild. Wer ist denn jetzt bloß die „richtige“ Kerstin?

Ok, ich gebe es zu, natürlich weiß ich, wer ich bin, aber diese Collage, die ich in einem Fotoautomaten im Neanderthal Museum in Mettmann habe herstellen lassen, ist nicht schlecht.

Und sie passt perfekt zu der Frage, die ich mir in meiner Facharbeit stellen möchte: Stamme ich vom Neandertaler ab?

Der linke Kopf zeigt mich, so wie ich heute aussehe. Wie ich aussehen würde, wäre ich ein Neandertaler, zeigt der rechte Kopf.

Ich bin froh, mich als *homo sapiens* betrachten zu dürfen, denn diese hervorstechende Stirn, der flache Kopf und die große Nase und untere Gesichtshälfte, die charakteristisch für die Neandertaler waren, gefallen mir dann doch nicht so gut.

Aber sind denn alle heute lebenden Mensch mit dem Neandertaler verwandt, der vor tausenden von Jahren in unserer Region lebte? Ist er ein direkter Vorfahre von uns? Hat er einen Beitrag zu unserem heutigen Genpool hinterlassen? Wie kann man die Antwort auf diese Fragen herausfinden? Welche Möglichkeiten gibt es, Verwandtschaftsbeziehungen zu bestimmen? Von welchen Grundlagen muss man ausgehen und welche Rolle spielt die mitochondriale DNA für die Verwandtschaftsforschung? Und warum gibt es den Neandertaler heute nicht mehr?

Ausgehend vom Prinzip der Homologien möchte ich mich mit der mitochondrialen DNA beschäftigen. Warum ist sie so interessant für die Evolutionsforschung und wie hat man letztendlich bewiesen, dass *homo neanderthalensis* und *homo sapiens* zwei unterschiedliche Menschenarten sind?

## 2. Grundlagen

### 2.1 Allgemeine Indizien und Belege für Evolution

Welche Möglichkeiten gibt es überhaupt, Evolution zu beweisen?

Um insbesondere die stammesgeschichtliche Entwicklung des Menschen nachvollziehen zu können, gibt es verschiedene Arten von Herangehensweisen. Drei Arten von Ansätzen bei der Suche nach Indizien und Belegen lassen sich unterscheiden.

Eine erste und bisher auch älteste Methode besteht darin, Fossilreste zu untersuchen. Mit modernen Mitteln der Altersdatierung<sup>1</sup> kann man die Funde so in die Stammesgeschichte einordnen und ungefähr sagen, vor wie vielen Jahrtausenden welche Menschenart existiert hat.

Eine weitere Möglichkeit besteht darin, den Entwicklungsstand eines Volkes durch die Untersuchung von Überresten längst untergegangener Lagerplätze und Werkzeuge zu bestimmen. Je fortschrittlicher die Funde sind, desto später muss diese Art gelebt haben. Hierbei helfen auch Feldstudien<sup>2</sup>. Ein großer Lagerplatz lässt auf eine große Population schließen. Damit diese friedlich zusammenleben kann, bedarf es eines ausgefeilten sozialen Systems. Durch die Herausforderung des Aufbaus einer Sozialstruktur werden die einzelnen Individuen geistig gefördert, was ein Anwachsen der Gehirnmasse zur Folge hat, was wiederum in den Erbanlagen vermerkt werden muss. (Quelle 1.2)

„Bei der Evolution des Menschen war dies eine entscheidende Präadaption<sup>3</sup>“

(Quelle 1.2; S.439 rechte Spalte, Z.1-3)

Die Methode der Verwandtschaftsbestimmung, mit der ich mich beschäftigen möchte, gehört in den Bereich der Molekularbiologie. Ein grundlegender Gedanke besteht darin, DNA-Sequenzen oder Proteine auf ihre Ähnlichkeit (= Homologie) zu untersuchen. Je ähnlicher sich die Proben zweier Funde sind, desto enger muss das verwandtschaftliche Verhältnis sein. Auf Grund einiger Vorteile, auf die ich noch eingehen werde, hat es sich als günstig herausgestellt, die DNA der Mitochondrien zu analysieren und zu vergleichen.

Svante Pääbo hat so 1996 herausgefunden, wie es um die verwandtschaftlichen Verhältnisse zwischen *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* bestellt ist. Aber dazu später mehr.

---

<sup>1</sup> **Methoden der Altersdatierung:** z. B. : Computertomographie, Radiometrie, Biostratigraphie, Paläomagnetismus (Quelle 3.3)

<sup>2</sup> **Feldstudie:** Ziel der Feldforschung, Sammlung und Analyse von Daten über Kultur oder Struktur einer sozialen Einheit in deren alltäglichem Umfeld (Quelle 5)

<sup>3</sup> **Präadaption:** Genkombination, die zuerst neutral oder nachteilig ist, sich aber im Zuge von Veränderungen der Umweltbedingungen als positiv auswirkt. (Quelle 1)

## **2.2. Homologien**

### **2.2.1 Was wird als homolog bezeichnet?**

„Homologie = Ähnlichkeit, die auf Übereinstimmungen im Bauplan von Organen beruht“ (Quelle 10; S.211 Z.5-6)

„Übereinstimmungen, die auf gemeinsamer Erbinformation und damit auf gemeinsamer Abstammung beruhen, sind homolog“ (Quelle 2.1; S.40, Z. 35-37)

Wie man diesen beiden Definitionen entnehmen kann, ist Homologie<sup>4</sup> zunächst einmal einfach nur eine Ähnlichkeit oder Übereinstimmung im Körperaufbau von zwei Lebewesen. Diese Ähnlichkeiten geben Informationen über mögliche gemeinsame Abstammungen der verglichenen Arten.

Wie ist dies möglich?

Um das Prinzip der Homologie zu verstehen, muss man sie in Verbindung mit der Evolutionstheorie<sup>5</sup> bringen. Wie kann es sein, dass Individuen verschiedener Arten ähnliche Strukturen in ihrem Körperaufbau aufweisen? Ist das nicht ein sehr unwahrscheinlicher Zufall?

Nein, wenn man annimmt, dass diese beiden heute lebenden verwandten Arten vor Millionen von Jahren noch eine Art waren, deren Individuen sich zum Beispiel auf Grund von unterschiedlichen Umweltfaktoren von der Ausgangsstruktur ausgehend in unterschiedlicher Weise weiter entwickelt haben.

Diese neuen Muster müssen von Generation zu Generation weiter geben werden, was nur möglich ist, wenn die Änderungen auf genetischer Ebene stattgefunden haben, nämlich auf dem Träger der Erbinformation, der DNA. (Quelle 2.1)

### **2.2.2 Biochemische Homologie**

Mit Hilfe des Vergleiches von Molekülen lassen sich gemeinsame Abstammungen bestimmen, denn Moleküle verwandter Arten zeigen abgestufte Ähnlichkeiten.

Je größer die Übereinstimmungen sind, desto enger müssen die beiden Arten miteinander verwandt sein. (Quelle 10)

„Daher liefert die Erforschung von Homologien in allen Teilgebieten der Biologie die Begründung der Abstammungslehre und erlaubt die Feststellung stammesgeschichtlicher Verwandtschaften.“ (Quelle 1.1, S.402, linke Spalte Z. 11-15)

Der Vergleich molekularer Merkmale hinsichtlich der Homologiekriterien gilt als die sicherste Methode. (Quelle 6.1)

---

<sup>4</sup> Homologie: weitere Form von Ähnlichkeit → Analogie: Ähnlichkeit, die auf Funktionsgleichheit beruht (Quelle 10)

<sup>5</sup> Evolutionstheorie: aufgestellt von Charles Darwin 1871 → Prinzip der natürlichen Auslese (Quelle 3.2)

### **2.2.3 Der Schlüssel der Evolution: Mutationen**

Ohne Mutationen kann keine Evolution stattfinden. Wie soll es sonst möglich sein, dass sich aus einer Art im Laufe der Evolution zwei neue entwickeln?

Mutationen sind plötzliche Veränderungen im Erbgut, die für den betreffenden Organismus sowohl positiv, negativ, als auch neutral verlaufen können.

Für die Vererbung ist es notwendig, dass das Erbmateriale, also die DNA, identisch repliziert wird, damit die Nachkommen genau dieselben Merkmale und Fähigkeiten zum Überleben besitzen.

In sehr seltenen Fällen kann es jedoch passieren, dass die Verdoppelung fehlerhaft verläuft. „Eine solche nichtidentische Reduplikation nennt man Mutation. Hat sich eine Mutation ereignet, so wird sie Bestandteil des Erbmaterials.“ (Quelle 2.2; S.65, Z. 6-8)

Mutationen können spontan auftreten oder durch mutagene Stoffe<sup>6</sup> verursacht werden. Es gibt verschiedene Arten von Mutationen (Deletion, Duplikation, Inversion, Translokation), die auf verschiedenen Ebenen stattfinden können: auf der Ebene der Gene, der Chromosomen oder der Genome.

Verläuft eine Mutation positiv, so bedeutet dies, dass der Organismus durch sie an seine Umwelt ein Stück besser angepasst wird. Er hat damit einen Vorteil im Kampf um den Fortpflanzungserfolg gegenüber seinen Artgenossen.

Verbessert sich so im Laufe der Evolution ein Organsystem, so spricht man von einer Progressionsreihe. (Quelle 1.1)

### **2.2.4 Zurück zum Ausgangsproblem**

Die Frage ist ja, wie man herausgefunden hat, dass wir heute lebenden Menschen nicht vom Neandertaler abstammen. Das Prinzip der Homologie hilft dabei zu verstehen, welche theoretische Vorgehensweise es gibt, um den Verwandtschaftsgrad zwischen zwei Arten zu bestimmen.

Man vergleicht DNA-Sequenzen von *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* und bestimmt an Hand der Homologiekriterien, ob die Sequenzen einen gemeinsamen Ursprung haben.

Als besonders günstig in diesem Fall hat es sich herausgestellt, die DNA-Sequenzen aus den Mitochondrien zu untersuchen, weshalb ich als nächstes die Mitochondrien kurz vorstellen und erklären möchte, welche Vorteile die Untersuchungen der mtDNA im Gegensatz zur normalen DNA haben.

---

<sup>6</sup> Mutagene Stoffe: zum Beispiel: UV-Licht, Chemikalien, radioaktive Strahlung

## 2.3 Die mitochondriale DNA

### 2.3.1 Mitochondrien



Abb. 1: Mitochondrien (Quelle 5, Mitochondrien)

Diese Abbildung, die im Elektronenmikroskop entstanden ist, zeigt gut die Struktur der Mitochondrien, Organelle im Zytoplasma fast jeder eukaryotischen Zelle.

Charakteristisch sind die, wie auf der Abbildung erkennbar, wurstartige Form und die Doppelmembranen, von denen jedes Mitochondrium eingeschlossen wird. Die innere Membranhülle ist stark gefaltet, was zu einer Oberflächenvergrößerung führt, die es dem Organell ermöglicht, seine Funktion effizienter zu erfüllen. Denn die Mitochondrien sind ein extrem wichtiger Bestandteil jeder Zelle, werden sie doch auch häufig als ihre „Kraftwerke“ bezeichnet.

Die letzten Vorgänge der Zellatmung finden in ihnen statt, womit sie entscheidend dazu beitragen, dass die jeweiligen Zellen genug Energie bekommen, um ihren Stoffwechsel aufrecht zu erhalten. (Quelle 5)

### 2.3.2 Die DNA der Mitochondrien

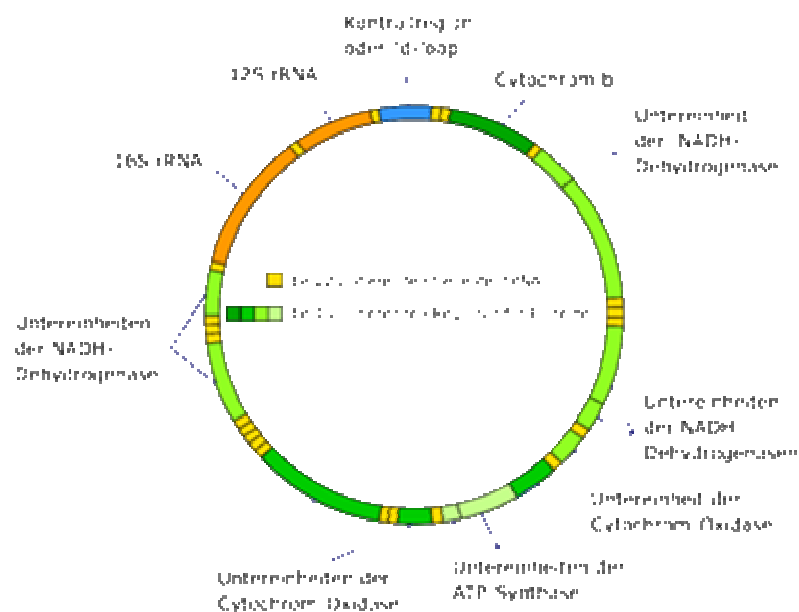


Abb. 2: die mtDNA (Quelle 4)

Das Besondere an den Mitochondrien ist, dass sie eine eigene DNA haben, die es ihnen zwar nicht ermöglicht, sich unabhängig vom Zellkern zu vermehren, trotzdem aber eine evolutionäre Besonderheit darstellt. Die DNA befindet sich in der Matrix der Mitochondrien. Im Gegensatz zur Doppelhelix-Struktur der Kern-DNA besteht die mitochondriale DNA aus einem zirkulären, doppelsträngigen Molekül, wie die Abbildung oben zeigt. Die mtDNA des Menschen besteht aus 16.569 Basenpaaren, die 37 Gene codieren. Die in der Abbildung grün markierten Regionen codieren 13 Proteine (dies sind die Untereinheiten der NADH-Dehydrogenase, der Cytochrom-Oxidase und der ATP-Synthase, also Proteine, die bei der Zellatmung benötigt werden), die dazwischen liegenden gelben, kurzen Regionen codieren 22 tRNAs<sup>7</sup>. Außerdem gibt es noch 2 Regionen, in denen rRNAs<sup>8</sup> codiert werden, die in der Abbildung orange markiert sind. (Quelle 4)

Auch wenn die Mitochondrien nur einen Bruchteil der menschlichen Gene in ihrer DNA verschlüsselt aufbewahren, so sind doch alle 37 Gene für den Menschen sehr wichtig und schon kleinste negative Mutationen können schwere Störungen des Nervensystems nach sich ziehen. (Quelle 12)

Teilweise sind die Proteine und RNAs für die Struktur und die Reproduktion der Mitochondrien verantwortlich, einige Enzyme des Citrat-Zyklus<sup>9</sup> sind jedoch ebenfalls auf der mtDNA codiert.

Während ein Mitochondrium aus 10 bis 15 Molekülen besteht, befinden sich in jeder einzelnen dieser Zellen 100 bis 10.000 Kopien der mitochondrialen DNA! (Quelle 4)

### **2.3.3 Die besondere Vererbung der Mitochondrien**

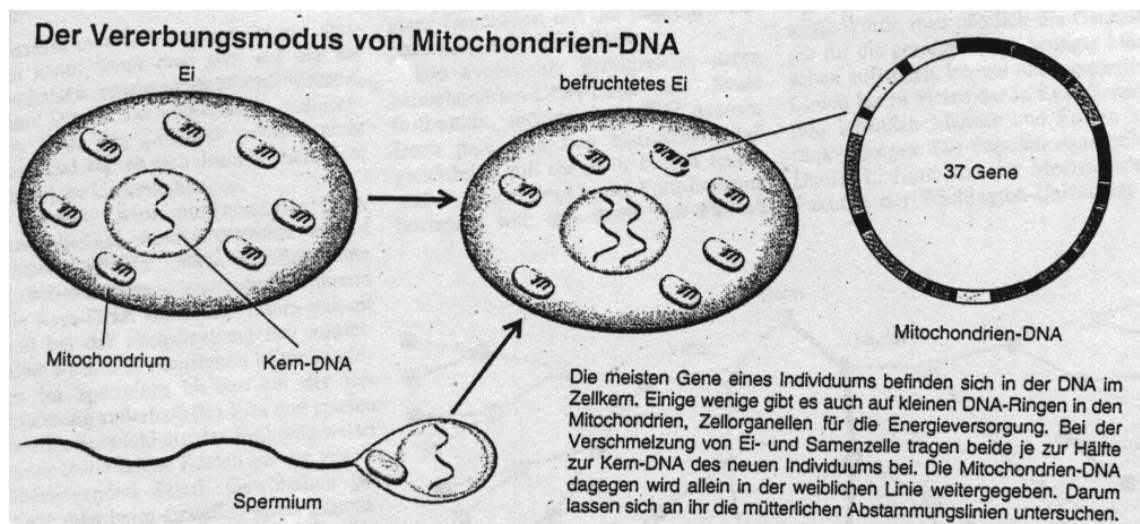


Abb. 3: Der Vererbungsmodus der mtDNA (Quelle 12, S.74)

<sup>7</sup> tRNA: transfer RNA, die entsprechend der Basenabfolge während der Translation Aminosäuren zu den Ribosomen bringt

<sup>8</sup> rRNA: ribosomale RNA, Bestandteil der Ribosomen

<sup>9</sup> Citrat-Zyklus: Teilschritt des Glucoseabbaus

Das Besondere am Vererbungsmodus der Mitochondrien-DNA ist, dass sie maternal vererbt wird, was bedeutet, dass Nachkommen ihre Mitochondrien nur von der Mutter erhalten. *(Quelle 4)*

In der Eizelle befinden sich die Mitochondrien im Zellplasma und sind somit nach der Befruchtung bleibender Bestandteil dieser und damit des heranwachsenden Embryos. Bei den Spermienzellen ist es jedoch so, dass nur ihr Zellkern mit der mütterlichen Eizelle verschmilzt und ihre Mitochondrien im Hals des Spermiums zurück bleiben.

### **2.3.4 Warum sich die mtDNA besser zu Analyse eignet**

Es gibt einige Merkmale, in denen sich die mitochondriale DNA von der Kern-DNA unterscheidet.

Zuerst ist da natürlich die Tatsache, dass die mtDNA aus viel weniger Genen besteht, nämlich nur aus 37, im Vergleich zu mehreren Tausend auf der Kern-DNA.

Dafür sind allerdings, wie bereits erwähnt, in jeder Zelle bis zu 10.000 Kopien der mtDNA, was die Wahrscheinlichkeit erhöht, erhaltene Sequenzen aus Fossilfunden zu isolieren. *(Quelle 4)*

Zum anderen gibt es auch keine Rekombination in den Genen. *(Quelle 6.1)*

Rekombination bedeutet die Bildung von neuen Allelkombinationen und dadurch entstehende neue Merkmale. Allerdings sind die Mitochondrien gänzlich von der Rekombination ausgeschlossen, da sie sich im Zellplasma befinden und nur die mütterlichen Mitochondrien Teil der befruchteten Eizelle werden.

Dies hat den entscheidenden Vorteil, dass Veränderungen auf der mtDNA nur durch Mutationen entstehen können.

Außerdem mutieren Gene auf der mitochondrialen DNA häufiger als auf der Kern-DNA, da die entsprechenden Reparaturmechanismen in den Mitochondrien weniger gut arbeiten. *(Quelle 6.1)*

Dies ist vermutlich deshalb so, weil es wichtiger ist, 10 000 Gene (also die auf der Kern-DNA) richtig zu replizieren, als „nur“ 37 Gene auf der mtDNA.

Dies hat zur Folge, dass in der gleichen Zahl von Generationen in der mtDNA mehr Mutationen entstehen als in der Kern-DNA. Vergleicht man zwei DNA-Sequenzen, hat man folglich auch eine größere Zahl von Unterschieden, was die Ermittlung der Verwandtschaftsbeziehung zwischen Individuen der selben Art erleichtert, denn die Erbanlagen von Artgenossen unterscheiden sich ohne Mutationen nur minimal.

*(Quelle 6.1)*

Ein weiterer entscheidender Vorteil ist, dass man herausgefunden hat, dass die Mutationen mit einer konstanten Rate stattfinden. *(Quelle 4)*

Aus dieser Erkenntnis ist das Prinzip der „molekularen Uhr“ entstanden, auf das ich noch eingehen werde.

Aus diesen vielen Gründen hat es sich herausgestellt, dass sich die mtDNA besser zum Vergleich zwischen Individuen derselben Population oder Art eignet.

### 2.3.5 Zurück zum Ausgangsproblem

Bin ich meiner Frage, wie man herausgefunden hat, dass der Mensch kein direkter Nachfahre des Neandertalers ist, näher gekommen?

Ja, weil ich nun in der Lage bin nachzuvollziehen, wie Allen Wilson 1987 aus mtDNA-Sequenzen Evolutionsstammbäume rekonstruieren konnte. Daraus folgten die Begriffe „molekulare Uhr“ und „molekulare Eva“.

Ich weiß nun über den besonderen Vererbungsmechanismus der mtDNA und der Unterschiede zwischen dieser DNA und der Kern-DNA Bescheid.

Nachdem ich *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* kurz vorgestellt habe, möchte ich über diese beiden neuen Begriffe die Brücke schlagen zu Svante Pääbo und der mtDNA- Analyse des Neandertalers.

Auf geht's.

## 3. Homo sapiens und Homo neanderthalensis

### 3.1 Einordnung

#### 3.1.1 Stammbaum

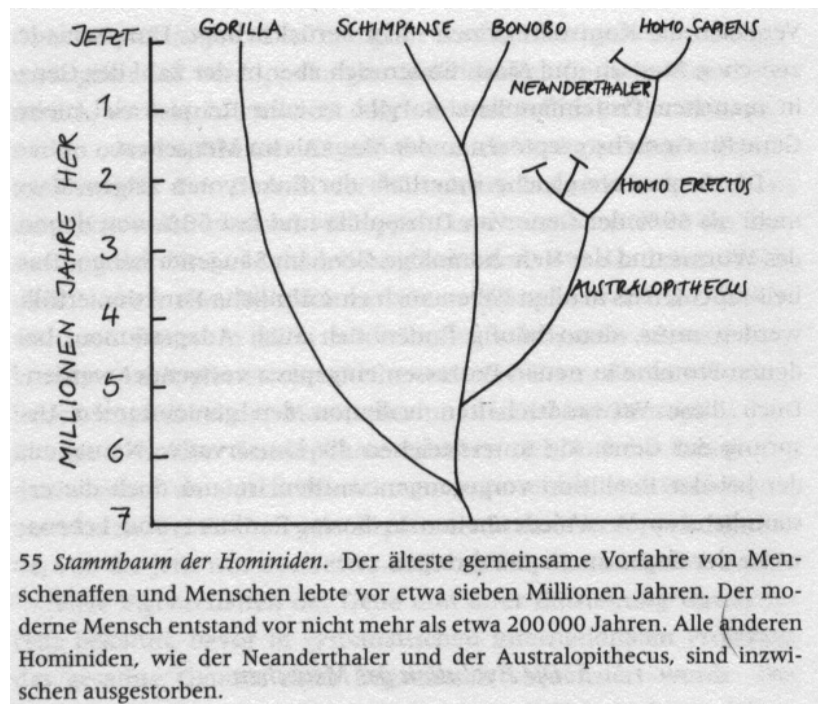


Abb. 4: Stammbaum der Hominiden (Quelle 6.2, S.172)

Dieser schlichte Stammbaum der Hominiden<sup>10</sup> gibt eine gute Übersicht über unsere Stellung in der Evolutionsgeschichte. Aus einer einzigen Art haben sich im Laufe von

<sup>10</sup> Hominiden: „Familie der Menschen“, alle Menschen und Menschenvorfahren seit der Abspaltung von den Menschenaffen, Kennzeichen: aufrechter Gang (Quelle 3.6)

7 Millionen Jahren vier unterschiedliche neue Arten entwickelt. Auf der einen Seite die drei Menschenaffen<sup>11</sup> Gorilla, Schimpanse, Bonobo und auf der anderen Seite der Mensch, als letzter Überlebender der Hominiden. Vor zwei bis drei Millionen Jahren entwickelte sich *homo erectus*<sup>12</sup> aus *homo australopithecus*, welcher zuvor fast drei Millionen Jahre lang auf der Erde lebte. Dieser war der letzte gemeinsame Vorfahre von *homo sapiens* und *homo neanderthalensis*, die vor ungefähr 500 000 Jahren zum ersten Mal getrennte Wege gingen, wobei der des Neandertalers vor circa 30 000 Jahren in einer Sackgasse endete.

### **3.1.2 Wer war homo sapiens?**

Vor ungefähr 195 000 Jahren entwickelte sich *homo sapiens* aus *homo erectus* und ist die einzige Menschenart, die bis heute überlebt hat.

Sein (unser) Hirnvolumen beträgt rund 1400ccm.

Nachdem er als Jäger und Sammler ums Überleben kämpfte, ist er vor ca. 10 000 Jahren sesshaft geworden und betreibt seitdem Ackerbau und Viehzucht.

(Quelle 3.1)

Wir sind homo sapiens.

### **3.1.3 Wer war homo neanderthalensis?**



Abb.5: Bild vom Neandertaler (Quelle 3, S. 5)

*Homo neanderthalensis*, oder auch der Neandertaler, entwickelte sich in Europa aus *homo heidelbergensis*<sup>13</sup>. Er lebte vor 200 000 bis 27 000 Jahren in Europa und Vorderasien, während der letzten Eiszeit<sup>14</sup>.

<sup>11</sup> Menschenaffen: in dem Diagramm nicht aufgeführt: Orang-Utan

<sup>12</sup> *Homo erectus*: entwickelte sich aus *homo ergaster*, Hirnvolumen 1100ccm, bis 165cm, bis 65kg, vermutlich Jäger und Sammler (Quelle 3.1)

<sup>13</sup> *Homo heidelbergensis*: entwickelte sich aus *homo h. antecessor* in Europa oder aus *h. erectus* in Afrika, Hirnvolumen 1200ccm, wahrscheinlich Jäger und Sammler (Quelle 3.1)

<sup>14</sup> Letzte Eiszeit: begann vor ungefähr 1,6 Millionen Jahren, mit dem Beginn des Quartärs (Quelle 5)

Sein Hirnvolumen betrug bis zu 1750 ccm, er wurde ungefähr 166 cm groß, bei einem Gewicht von 80kg. Sein, für unsere Verhältnisse, schweres Gewicht erklärt sich durch seine muskulöse Statur und seinen starken Knochenbau. (Quelle 3.5)

Der Schädel des Neandertalers unterscheidet sich zu dem des *homo sapiens* durch ein flaches, langes Schädeldach, einen durchgehenden Überaugenwulst und eine fliehende Stirn. (Quelle 2.3)

Er war Jäger und ernährte sich aus diesem Grund hauptsächlich von Fleisch.

Man kann den Neandertaler als Vetter des *homo sapiens* bezeichnen, da beide aus *homo erectus* entstanden sind und teilweise zur gleichen Zeit in regionaler Nähe gelebt haben.

Aus bisher unerkannten Gründen starben die Neandertaler vor ca. 30 000 Jahren aus. (Quelle 3.4 und 3.5)

1875 fand ein gewisser Herr Fuhlrott, Lehrer von Beruf, ein menschliches Skelett in einem Tal in der Nähe von Düsseldorf. Der Neandertaler war entdeckt. Doch wer war dieser Neandertaler jetzt genau? (Quelle 8)

„Primitive Wilde sollen es gewesen sein, dachte man über Jahrzehnte. Tatsächlich war der Neandertaler ein Mensch der Eiszeit und entsprechend groß und kräftig. Vielleicht nicht so künstlerisch begabt wie die späteren Menschen, aber doch überlebensfähiger als wir. 30 – 40 000 Jahre soll er im Nahen Osten neben unseren direkten Vorfahren, dem anatomisch modernen *homo sapiens* verbracht haben, ohne sich mit ihm zu verkämpfen oder auch zu vermischen.“ (Quelle 8; S.108, Z. 10-17)

Primitive Wilde - genau das waren sie also nicht, denn wie wir waren sie in der Lage, Gefühle zu haben und diese auch ausdrücken zu können. Der Neandertaler war sensibel und leidensfähig, was er nicht zuletzt durch Beigaben in Gräber ausdrückte. (Quelle 8)

## **3.2 Theorien**

### **3.2.1 2 Modelle**

Es gibt zwei verschiedene Theorien, die die menschheitsgeschichtliche Entwicklung des *homo sapiens* zu erklären versuchen. Zum einen das „Out-of-Africa-Modell“ und zum anderen das „Multiregionale Modell“.

Einigkeit zwischen den Vertretern der beiden Theorien besteht nur in wenigen Punkten. (Quelle 9.1)

„Die Vertreter beider Richtungen nehmen an, dass sich vor über 1,5 Millionen Jahren, ausgehend von Afrika, der *homo erectus* über die gesamte Alte Welt<sup>15</sup> verbreitete.“ (Quelle 9.1; S.190, Z. 4-7)

---

<sup>15</sup> Alte Welt: Afrika, Europa, Asien

Der zweite Punkt, dem beide Theorien zustimmen, ist die Annahme, dass sich auf Grund unterschiedlicher regionaler Einflüsse die einzelnen Populationen unterschiedlich entwickelt haben.

Bis heute ist noch keine der beiden Theorien in der Lage, alle Fragen in Bezug auf die menschheitsgeschichtliche Entwicklung und den Einfluss des Neandertalers zu beantworten. (Quelle 9.1)

Das „Out-of-Africa-Modell“ scheint sich jedoch als wahrscheinlicher herauszustellen, wie wir im Zusammenhang mit der molekularen Uhr noch sehen werden.

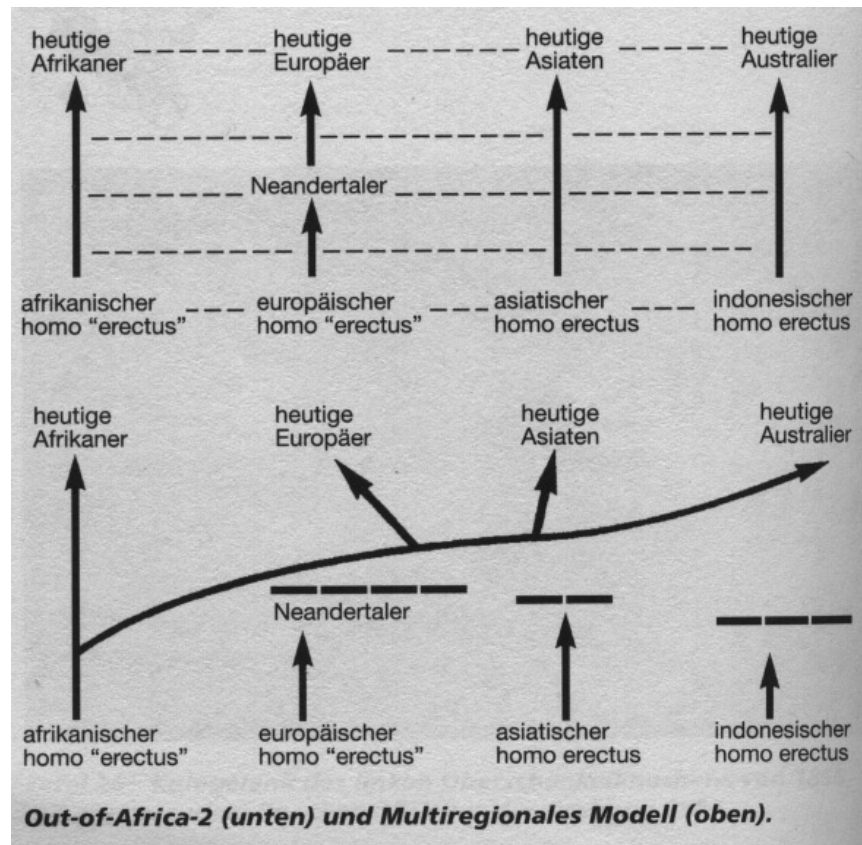


Abb. 6: Out-of-Africa-2 und Multiregionales Modell (Quelle 9.1, S. 190)

### 3.2.1.1 „Out-of-Africa-Modell“

Die Befürworter dieser Theorien sind der Auffassung, dass der Ursprung der Menschwerdung ausschließlich Afrika ist. Dort soll sich *homo sapiens* aus *homo erectus* entwickelt haben und vor circa 40 000 Jahren nach Europa eingewandert sein. Wie man in der Abbildung oben sehen kann, soll es folglich nur der afrikanische *homo erectus* geschafft haben, bis in die heutige Zeit durch neue Menschenrassen, die aus ihm hervorgegangen sind, nicht ausgestorben zu sein. In Bezug auf die Neandertaler besagt die Theorie, dass der anatomisch moderne Mensch den Neandertaler in Europa nach seiner Einwanderung nach und nach ersetzt hat, was in der Fachwelt mit dem Begriff *replacement*<sup>16</sup> formuliert wird. (Quelle 9.1)

<sup>16</sup> replacement: vom Englischen, dt. : Ersatz, Vertretung

So sei die gesamte Weltbevölkerung „als eine enger zusammengehörende Menschenfamilie mit einer gemeinsamen Migrationsgeschichte anzusehen.“ (Quelle 3.4; S.121, Z.3-5)

In Folge dieser Theorie ist der Neandertaler kein direkter Vorfahre des *homo sapiens*, sondern nur eine Parallelentwicklung.

### **3.2.1.2 „Multiregionales Modell“**

Die Vertreter des Multiregionalen Modells sind der Meinung, dass sich der anatomisch moderne Mensch an unterschiedlichen Orten „der Alten Welt jeweils aus den archaischen Vorgängerpopulationen entwickelt hat“ (Quelle 9.1; S.191, Z. 4-5), was den Begriff *multiregionale Kontinuität* oder auch *continuity* geprägt hat. Die Frage, wie es sein kann, dass sich unabhängig voneinander so ähnliche Arten entwickelt haben können, beantworten die Multiregionalisten durch den interkontinentalen Genfluss. Mit diesem Begriff ist der Kontakt zwischen den verschiedenen Populationen auf den Kontinenten gemeint. (Quelle 9.1)

Haben sich Individuen der verschiedenen Populationen untereinander vermehrt, gehen die Vertreter dieses Modells davon aus, dass dies dazu geführt hat, dass sich die Erbanlagen dadurch zwischen den Populationen gleichmäßig vermischten. Deshalb wird im Zuge dieser Theorie der Neandertaler auch als ein direkter Vorfahre des Menschen betrachtet.

### **3.2.2 Das Prinzip der molekularen Uhr**

„Geboren“ wurde die Idee der molekularen Uhr von Allan Wilson und Vincent Sarich in Berkeley. Die beiden kamen zu der Erkenntnis, dass die Zeitdauer, die seit der Trennung von zwei Arten vergangen ist, durch die Anzahl der Abweichungen in der mtDNA wieder gespiegelt wird. (Quelle 9.1) Denn durch die konstante Rate von Punktmutationen in ein und derselben Entwicklungslinie kann man die Zahl der Mutationen errechnen und so die genetische Ähnlichkeit zwischen Arten oder Populationen bestimmen. (Quelle 7)

In dem wissenschaftlichen Artikel „Afrikanischer Ursprung des modernen Menschen“ von Allan Wilson und Rebecca Cann aus dem Jahr 1992 beschäftigen sich die beiden Forscher mit der molekularen Uhr in der mitochondrialen DNA.

Nachdem 1980 die DNA-Restriktionsanalyse entwickelt wurde, konnten die Wissenschaftler an Hand der mitochondrialen DNA „die mütterlichen Abstammungslinien von Menschen aus der ganzen Welt zurückverfolgen.“ (Quelle 12) (siehe auch Punkt 2.3.4)

Um die jüngsten Evolutionsprozesse innerhalb unserer Art messen zu können, bedarf es der Konzentration auf schnell mutierende Gene, weil die DNA-Sequenzen heute lebender Menschen größtenteils übereinstimmen.

Die mtDNA ist somit als „schnell tickende Uhr“ besonders gut zur Analyse geeignet.

Darum konzentrierten sich Wilson und Cann auf die so genannten Matrilinearien, die rein mütterlichen mitochondrialen Linien. Die Matrilinearien zwischen Geschwistern haben noch denselben Abstand, mit jeder weiteren Stufe im Stammbaum nehmen jedoch der Verwandtschaftsgrad und somit auch die genetische Ähnlichkeit ab. (Quelle 12)

„Und je weiter man in der Genealogie<sup>17</sup> zurückgeht, desto größer wird der Kreis der über Matrilinearien verwandten Menschen, bis er irgendwann jeden Lebenden einschließt.“ (Quelle 12; S.75, Z.41-46)

Daraus ziehen die Autoren des Artikels die Schlussfolgerung, dass alle menschlichen mtDNA auf eine gemeinsame Stammutter zurückgehen. (Quelle 12)

### **3.2.3 Die molekulare „Eva“**

Diese gemeinsame Stammutter wurde bald als molekulare „Eva“ bezeichnet und ein Versuch bestätigte die Theorie. Die mitochondriale DNA von 147 Frauen aus allen Teilen der Weltbevölkerung wurde untersucht mit dem Ergebnis, dass eine genetische Ahnin aller Menschen vor rund 200 000 Jahren in Afrika gelebt haben könnte. (Quelle 3)

Sie muss dabei nicht die einzige Frau in ihrer Generation gewesen sein, wie die folgende Abbildung erklärt:

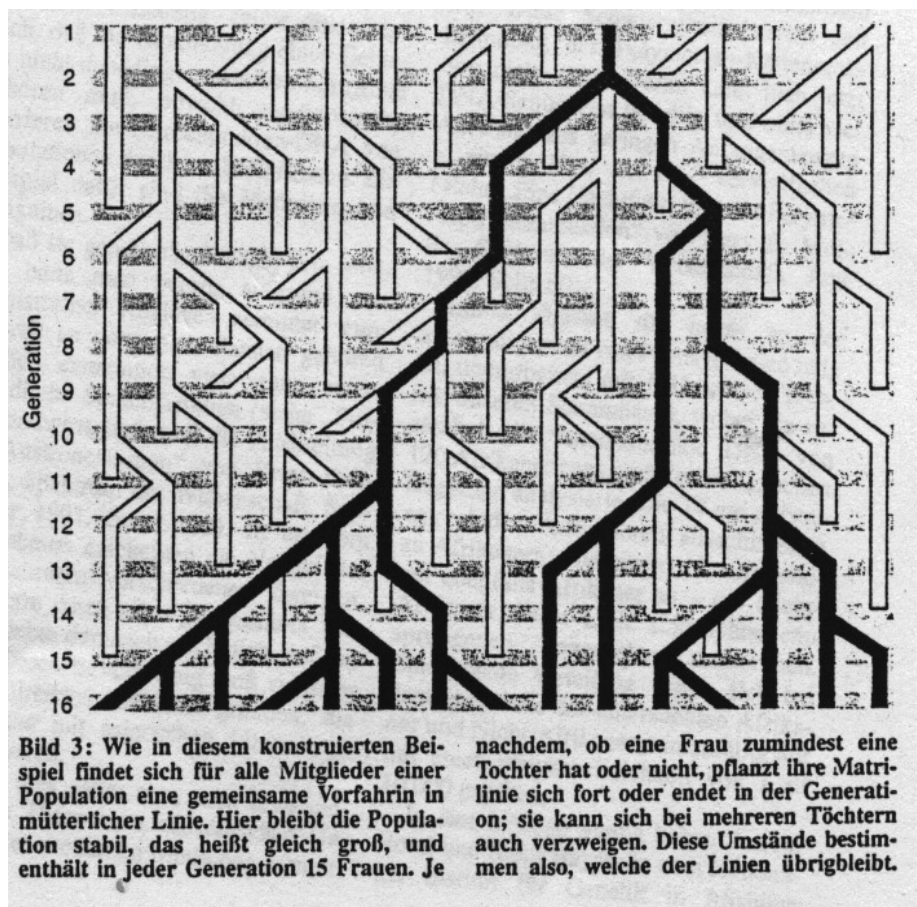


Abb.7: Idee der mitochondrialen Eva (Quelle 12, S.75, Bild 3)

<sup>17</sup> Genealogie: Abstammungsgeschichte einer Familie (Quelle 5)

Zu dem Bild steht geschrieben:

„Wie in diesem konstruierten Beispiel findet sich für alle Mitglieder einer Population eine gemeinsame Vorfahrin in mütterlicher Linie. Hier bleibt die Population stabil, das heißt gleich groß, und erhält in jeder Generation 15 Frauen. Je nachdem, ob eine Frau zumindest eine Tochter hat oder nicht, pflanzt ihre Matrilinie sich fort oder endet in der Generation; sie kann sich bei mehreren Töchtern auch verzweigen. Diese Umstände bestimmen also, welche der Linien übrig bleibt.“ (Quelle 12, S.75, Text zu Bild 3)

Wilson und Cann sind in ihrem Artikel die ersten, die von „Eva“ sprechen, nachdem sie die These aufgestellt haben, dass bis auf eine, alle Matrilinien früher oder später ausgestorben sein müssen, die zu der Frau führt, deren Mitochondrien-DNA- Linie bis heute fortbesteht. „Eva“ muss dabei in keinsten Weise bei der Fortpflanzung bevorzugt gewesen sein, es ist mehr dem Zufall der Umstände zuzuschreiben, dass ihre Linie überlebt hat. (Quelle 12)

### **3.2.4 Zurück zum Ausgangsproblem**

Der Stammbaum hat mir geholfen, mir die zeitlichen Dimensionen klar zu machen, in denen sich die Verwandtschaftsforschung bewegt. Und durch Punkt 2.1.3 weiß ich jetzt genauer, mit wem ich mich hier die ganze Zeit eigentlich beschäftige.

Die beiden Modelle sind eng mit meiner Fragestellung verknüpft, weil sie von unterschiedlichen grundlegenden Theorien ausgehen, wovon eine für und eine gegen eine direkte Verwandtschaft zwischen uns und dem Neandertaler spricht. Das Prinzip der molekularen Uhr und der mitochondrialen Eva hat die Bedeutung der mtDNA für die Evolutionsforschung bewiesen.

Und wie sieht es nun aus mit dem Verwandtschaftsverhältnis?

Als Svante Pääbo 1996 dieser Frage nachging, konnte er sich bereits auf die Prinzipien von Allen Wilson und Rebecca Cann stützen.

### **3.3 Analysen von mtDNA Sequenzen des Neandertalers**

#### **3.3.1 Besuch im Neanderthal Museum Düsseldorf**



Im Januar diesen Jahres traf ich mich mit Dunja Berens (Foto: links), die als wissenschaftliche Mitarbeiterin im Neanderthal Museum in Mettmann bei Düsseldorf arbeitet, um mich mit ihr über das Thema meiner Facharbeit zu unterhalten. Nach ihrem Biologiestudium ist sie dort nun für ein zweijähriges Volontariat tätig.

Frau Berens war sehr freundlich, beantwortete mir viele Fragen und gab mir wissenschaftliche Artikel, unter anderem von Svante Pääbo und Allen Wilson, die ich nun in meine Facharbeit mit einfließen lassen kann.

#### **3.3.2 Analyse durch Svante Pääbo**

Der schwedische Anthropologe Svante Pääbo<sup>18</sup> analysierte 1996 DNA-Sequenzen aus 3 Gramm Oberarmknochen des Neandertalerfundes von 1856 in der Nähe von Düsseldorf.

Die Analyse sollte zeigen, wie es um das Verwandtschaftsverhältnis zwischen dem Neandertaler und uns bestellt ist.

Dabei konzentrierten sich die Forscher um Pääbo auf die mitochondriale DNA, die sich zu einer Analyse besser eignet als die Kern-DNA (siehe Punkt 2.3.4).

Das erste Ziel der Forscher bestand deshalb auch darin, originale, nicht verunreinigte DNA aus den Mitochondrien des Neandertalers zu extrahieren. Im Folgenden wollten sie durch Berechnungen ermitteln, wie nah der moderne Mensch mit dem Neandertaler verwandt ist, indem sie nach den von Wilson aufgestellten Prinzipien der „molekularen Uhr“ und der Idee der „molekularen Eva“ ausgingen (siehe Punkt 3.2.2 und 3.2.3).

*(Quelle 3.4)*

Eine weitere entscheidende Erleichterung bei der Analyse stellte die Entwicklung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) von Kary Mullis dar, mit der man DNA-Bruchstücke

---

<sup>18</sup> Svante Pääbo: \*1955, nach Studium von Geschichte, Ägyptologie, Russisch und Medizin heute Direktor am Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig (Quelle 3.4)

nicht mehr mühsam durch Einpflanzung in Bakterien vervielfältigen musste, sondern innerhalb kürzester Zeit mit Hilfe des Enzyms Polymerase Milliarden von identischen Kopien der DNA gewinnen konnte.

Damit war es gesichert, ausreichende Mengen dieser zur Untersuchung zu bekommen.

*(Quelle 9.2)*

Ende Juni 1996 wurde aus dem Skelett des Neandertalers, das im Rheinischen Landesmuseum Bonn aufbewahrt wird, aus dem rechten Humerus eine 3,5 Gramm schwere und 1,4 Zentimeter dicke Halbscheibe entnommen. Die Forscher hatten sich dazu entschlossen, DNA aus dem Oberarmknochen zu isolieren, da diese insbesondere „vor schädlichen Einflüssen wie größeren Wassermengen, hohen Temperaturen oder einem sauren Milieu sehr gut geschützt und eine wesentliche Kontamination<sup>19</sup> des oft angefassten Fundes mit moderner DNA kaum zu befürchten war“ *(Quelle 9.3)*

Matthias Krings wurde im Zuge seiner Doktorarbeit damit beauftragt, den „molekularen Erhaltungszustand“ der Probe durch eine Aminosäureanalyse zu bestimmen. Seine Ergebnisse bestätigten den vermuteten guten Erhaltungszustand der Knochensubstanz. Nachdem ein Versuch mit 0,1 Gramm Knochensubstanz scheiterte, konnte im zweiten Versuch, mit 0,4 Gramm, eine Analyse der DNA-Sequenzen durchgeführt werden.

Die Analyse gelang im Oktober 1996, Matthias Krings fand nicht nur eine Sequenz, sondern sogar auch eine, die Abweichungen von der moderner Menschen zeigte. Am 11. Juli 1997 veröffentlichten Svante Pääbo und seine Kollegen den Artikel „Neandertal DNA Sequences and the Origin of Modern Humans“ in der Fachzeitschrift *Cell*.

*(Quelle 9.3)*

„Dabei wurde die reine Tatsache, dass es gelungen war, die erste DNA-Sequenz eines Neandertalers zu gewinnen, von Vertretern verschiedenster Fachdisziplinen durchweg als großer Fortschritt gewertet. Begriffe wie „Durchbruch“ oder „Meilenstein“ flossen auch aus Federn seriöser Fachkollegen, die das Resultat in eigenen Fachbeiträgen kommentierten.

Die veröffentlichte Sequenz stellt mit einer Länge von 379 Basen der hypervariablen Region 1 einen sehr aussagekräftigen Abschnitt der mtDNA dar und ließ sich mit der mtDNA moderner Menschen vergleichen. Dabei zeigte sich eine Reihe von Positionen mit abweichenden Bausteinen.“ *(Quelle 9.4; S.208, Z.1-11)*

---

<sup>19</sup> Kontamination: Verunreinigung eines Gegenstandes oder Organismus *(Quelle 5)*

### 3.3.3 Ergebnisse und Vergleich in Bezug auf *homo sapiens*

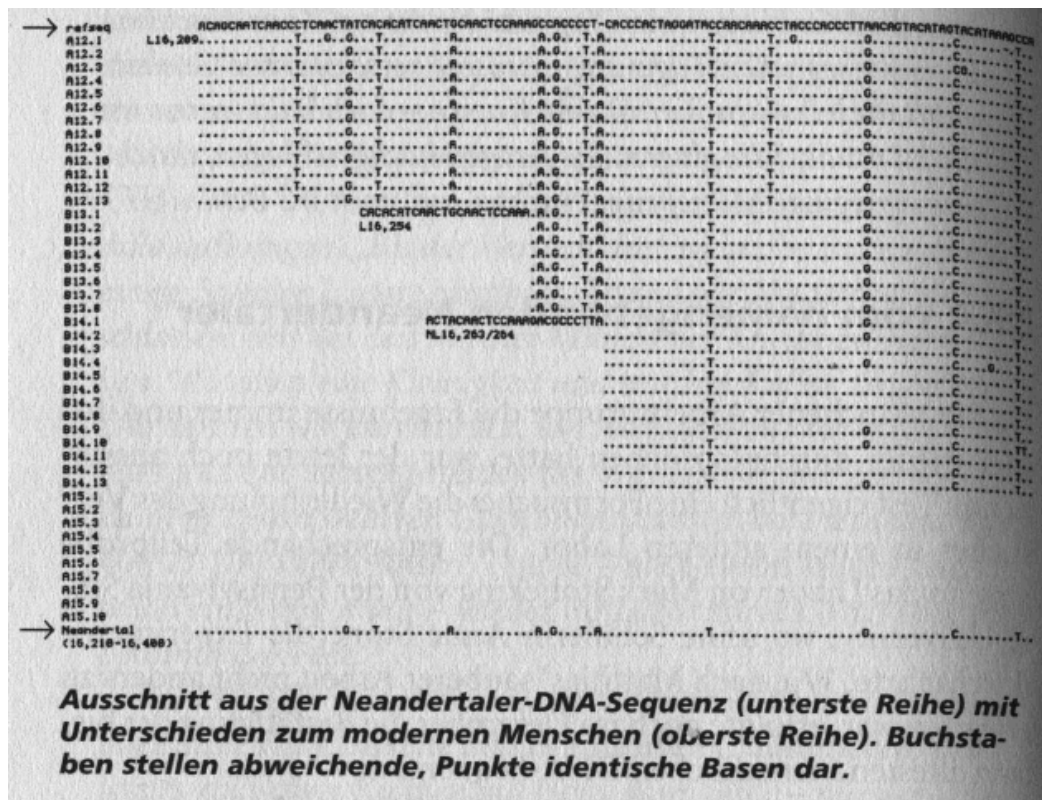


Abb. 8 Sequenzunterschiede zwischen Neandertaler mtDNA und mtDNA des modernen Menschen (Quelle 9.4)

Diese Abbildung zeigt einen Ausschnitt aus dem Vergleich der mtDNA - Abschnitte zwischen *homo sapiens* und *homo neanderthalensis*. Die obere Reihe zeigt die Basenabfolge des heutigen Menschen, darunter folgen mehrere Sequenzen aus den Mitochondrien des Neandertalers. Die untere Zeile zeigt die letztendliche Sequenz des Neandertalers, bei der Punkte Übereinstimmungen mit der Sequenz des *homo sapiens* zeigen und Buchstaben abweichende Basen. Die einzelne Base wurde nur dann in die Endsequenz übernommen, wenn sie in möglichst jeder Neandertalerprobe von der menschlichen Sequenz abweicht.

Durch frühere Sequenzanalysen wurde bereits ermittelt, dass sich die hypervariable Region aller modernen, aus sämtlichen Kontinenten stammenden Menschen, im Durchschnitt um 8 Positionen unterscheidet.

Nachdem man Teile der mtDNA - Sequenz des Neandertalers entschlüsselt hatte und diese mit den entsprechenden der heute lebenden Menschen verglich, ergab sich im Mittel ein Abweichen um 27 Positionen auf dem entsprechenden Abschnitt.

Die Schlussfolgerung der Forscher aus diesem Ergebnis ist, dass der Neandertaler höchstens am Rande der Variationsbreite der mtDNA der heute existierenden Menschen liegt. (Quelle 9.4)

So wie man es bei der mitochondrialen Eva gemacht hatte (siehe Punkt 2.2.3), verfolgten die Forscher die genetischen Linien zurück und errechneten, dass sie sich in einer Zeit vor ungefähr 600 000 Jahre teilten, was zu früh ist, als das der Neandertaler ein direkter Vorfahre von uns sein kann. *(Quelle 3.4)*

### **3.3.4 Grenzen und Hindernisse**

An dieser Stelle möchte ich erwähnen, dass die Genauigkeit der Ergebnisse, so gut die Experimente auch geführt sind, durch verschiedene Gründe verfälscht werden kann.

Wie zuverlässig kann eine Datierung sein?

Auf Grund des lückenhaften Fossilbestandes weiß man nicht, ob der untersuchte Neandertaler als ein repräsentativer Vertreter seiner Gattung angesehen werden kann. Deshalb müssen weitere Reste untersucht werden, die das Ergebnis im besten Fall bestätigen.

Außerdem beziehen sich alle jetzigen Theorien „nur“ auf die mtDNA. Würde eine Analyse der Kern-DNA dasselbe Ergebnis liefern? *(Quelle 9.4)*

Ein anderer Grund, die Ergebnisse nur als bedingt aussagekräftig anzusehen, ist der, dass nur die Linie der Mütter berücksichtigt wird und die Väter sozusagen außen vor gelassen werden. *(Quelle 11)*

Die grundlegende Herausforderung für die Wissenschaftler besteht außerdem darin, ein gut erhaltenes DNA-Stück zu finden. Nach dem Tod eines Individuums wird die DNA enzymatisch in Stücke zerlegt, noch bevor das Gewebe ausgetrocknet ist. Bei der Analyse muss man diese Stücke nun wieder in der richtigen Reihenfolge zusammengesetzt bekommen. Des Weiteren kann die DNA zum Beispiel durch Sauerstoffradikale chemisch verändert werden oder sogar verloren gehen, wenn das Zucker-Phosphat-Rückgrad auseinander bricht. Dann kann sich die DNA mit anderen Stoffen verbinden und die genetische Information geht verloren. *(Quelle 7)*

Geht es um die Vervielfältigung der DNA durch die Polymerase-Kettenreaktion, so wird die DNA bereits bei der winzigsten Verunreinigung, zum Beispiel durch menschliche Hautzellen verfälscht und nicht korrekt repliziert. *(Quelle 7)*

Es ist also nicht auszuschließen, dass Fehler unterlaufen. Aus diesem Grund werden alle Analysen zur Kontrolle immer noch einmal an einer anderen Forschungsstation durchgeführt.

### **3.3.5 Zurück zum Ausgangsproblem**

Der Mensch ist kein direkter Nachfahre des Neandertalers, sondern nur ein Nebenlinie der Hominiden. Svante Pääbo konnte es mit Hilfe der mitochondrialen DNA beweisen. Die im Laufe der Jahrtausenden durch Mutationen (siehe 1.2.4) entstandenen Abweichungen der mtDNA heute lebender Menschen und des Neandertalers sind zu groß, als das eine direkte Verwandtschaft bestehen könnte. Wie in Abb.4 von Punkt

2.1.1 abzulesen, lebte der letzte gemeinsame Vorfahre, *homo erectus*, vor ungefähr 500 000 Jahren.

Dies konnte man auf der Basis der molekularen Uhr errechnen.

Außerdem belegt Pääbo mit seinen Ergebnissen das „Out-of-Africa-Modell“.

Denn hätte der Neandertaler ein direkter Vorfahre des heutigen Europäer sein sollen, so müsste er mit diesem enger verwandt sein als mit heutigen Menschen anderer Kontinente. Dies ist aber, wie in 2.3.3 bereits angesprochen, nicht so. Alle heutigen Menschen haben denselben genetischen Abstand zum Neandertaler, womit die Theorie der multiregionalen Entwicklung widerlegt wäre.

#### **4. Spekulationen und Möglichkeiten**

##### **4.1 Warum verschwand der Neandertaler plötzlich?**

Warum gibt es uns heute noch, während der Neandertaler ausgestorben ist? Diese Frage ist ebenfalls noch nicht geklärt, auch wenn es viele verschiedene Theorien gibt.

Was man weiß ist, dass sich *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* vor ungefähr 100 000 Jahren das erste Mal begegneten und mehrere Zehntausende Jahre nebeneinander lebten, bis *homo sapiens* vor 30 000 Jahren während einer Zeit unbeständigen Klimas in das Stammland des Neandertalers eindrang und der Neandertaler nach und nach ausstarb. Die letzten Funde datieren auf eine Zeit von vor 27 000 Jahren. (Quelle 3.5)

Wie konnte sich *homo sapiens* gegen den *homo neanderthalensis* durchsetzen?

War *homo sapiens* intelligenter und überlebensfähiger? Kam es zu Kämpfen zwischen den beiden Hominidenarten, die *homo sapiens* für sich entscheiden konnte?

Theorien gibt es über jede Möglichkeit, ich möchte kurz eine vorstellen, die ich für wahrscheinlich halte.

Das Neanderthal Museum stellt sich gegen die Behauptung eines „Völkermordes“ und geht davon aus, dass der moderne Mensch den Neandertaler auf Grund von kleinen Überlebensvorteilen langsam verdrängt hat. (Quelle 8)

Durch die daraus folgende schrumpfende Population des Neandertalers könnte sich ein weiterer Grund ergeben, wie ihn Svante Pääbo in seinem Artikel „DNA aus alter Zeit“ anspricht. In einer schrumpfenden Population nimmt die genetische Vielfalt ab, wodurch ihre Mitglieder anfälliger für Infektionskrankheiten und ähnliches werden. (Quelle 7)

Dies hätte kleine Restbestände von Neandertalerpopulationen letzten Endes zum Aussterben bringen können.

Diese Theorie ist weder bewiesen noch belegt, man wird sehen, welche neuen Erkenntnisse in der Zukunft helfen werden, der Frage auf den Grund zu kommen.

Eine weitere spannende Frage ist ebenfalls noch nicht geklärt:

#### **4.2 Hat der Neandertaler Spuren in unserem Genpool hinterlassen?**

Auch wenn der Neandertaler kein direkter Nachfahre des modernen Menschen ist, so könnte es angesichts der Tatsache, dass die beiden Hominiden mehrere Tausend Jahre nebeneinander lebten, doch trotzdem zu sexuellem Kontakt zwischen ihnen gekommen sein. Ob es Nachkommen zwischen den beiden Arten gab und somit eine Vermischung der beiden Genpools stattfinden konnte, ist in der Wissenschaft bislang noch umstritten.

Nach den Ergebnissen der mtDNA - Analyse des Neandertalers hat dieser höchstens mit 0,1 % zum Genpool des heutigen Menschen beigetragen. (Quelle 11)

Sehr große Spuren hat er also nicht im menschlichen Genpool hinterlassen.

1998 wurde in Portugal ein Skelett gefunden, in dem die verantwortlichen Forscher eine Mischung zwischen *homo sapiens* und *homo neanderthalensis* zu erkennen glauben. Sie sehen in diesem Fund den Beweis dafür, dass der Neandertaler nicht ausgestorben ist, sondern in unserem Genpool weiterlebt.

Allerdings stimmen die meisten anderen Forscher auf Grund der Ergebnisse der mtDNA Analyse dieser Theorie nicht zu. Für sie gehörte *homo neanderthalensis* zu einer eigenen Art. (Quelle 3.5)

Für handfeste Beweise bedarf es weiterer Analysen. Da sich die bisherigen Schlussfolgerungen nur auf die mtDNA stützen, besteht das nächste Ziel der Forscher darin, das komplette Genom des Neandertalers zu entschlüsseln.

#### **4.3 Bald Sequenzierung der Kern-DNA?**

Dass es Svante Pääbo gelungen ist, die mitochondriale DNA des Neandertalers zu analysieren, ist nun schon über 10 Jahre her, in denen die Forschung nicht stehen geblieben ist.

Mittlerweile ist das komplette menschliche Genom entschlüsselt und am Max-Planck-Institut in Leipzig hat man damit begonnen, die Kern-DNA des Neandertalers zu entschlüsseln.

Zusammen mit der amerikanischen Genomfirma „454 Life Sciences“ wollen die Wissenschaftler um Svante Pääbo das Erbgut des Neandertalers weiter dechiffrieren.

Neu dabei ist die von der Firma entwickelte so genannte Pyrosequenzierung. Diese neue Technik ermöglicht es, kurze DNA-Stücke schnell zu vervielfältigen und zu entschlüsseln.

Bisher konnten die Forscher schon 1 Million Basenpaare entschlüsseln, was allerdings erst einem Bruchteil des 3 Milliarden Basenpaare fassenden Genoms des Neandertalers entspricht.

Was man bis jetzt sagen kann, ist, dass die Genome der beiden Menscharten vermutlich zu 99,5 % übereinstimmen werden.

Auch bei dieser neu entwickelten Technik gibt es noch Fehlerquellen, die eine genaue Datierung der Trennung erschweren. Wie die genetischen Unterschiede zwischen uns und dem Neandertaler wirklich sind, wird man vielleicht in zwei Jahren sagen können, wenn die Dechiffrierung des Neandertalergenoms vollständig ist. (Quelle 11)

Ich bin schon mal gespannt.

## **5. Abschließende Worte**

### **5.1 Wie ich die Arbeit an der Facharbeit empfunden haben und was sie mir gebracht hat**

Auch wenn es ein wenig gedauert hat, bis ich mit meinem Thema vertraut war, so kann ich abschließend doch sagen, dass mir die Arbeit Spaß gemacht hat.

Zwei Dinge möchte ich gerne noch erklären. Zum einen, warum meine Facharbeit so lang geworden ist und zum anderen, warum ich nicht genau auf die gentechnischen Verfahren eingegangen bin, mit denen die mtDNA sequenziert wird. Die Verfahren, die angewandt wurden, haben wir bereits mehr oder weniger im Unterricht besprochen. Vor meiner Facharbeit hatte ich mir über das verwandtschaftliche Verhältnis zwischen uns und dem Neandertaler noch nie richtig Gedanken gemacht. Mir war auch nicht bewusst, wie komplex dieser ganze Zusammenhang mit den beiden unterschiedlichen Verbreitungstheorien, der molekularen Uhr und der molekularen Eva ist.

Dass die Mitochondrien eine DNA haben, war mir bekannt, aber dass die Wissenschaft durch sie so entscheidend in der Evolutionsforschung weitergekommen ist, wusste ich ebenfalls nicht.

Aus diesen Gründen habe ich mich dazu entschlossen mehr über die Zusammenhänge zu schreiben als über die Analysetechniken.

Im Nachhinein betrachtet habe ich wirklich sehr viel durch meine Facharbeit gelernt.

Sie ist deshalb so lang geworden, weil ich dem Leser (und mir) einen umfassenden Einblick geben möchte. Dabei habe ich natürlich auch versucht, möglichst tiefgehend auf die einzelnen Bereiche einzugehen.

Es war viel Arbeit, ich hatte zwischendurch kleine Durchhänger, aber jetzt bin ich doch zufrieden mit meiner Facharbeit.

Ich hoffe, dass jeder, der sie liest, am Ende sagen kann, etwas dazugelernt zu haben.

Ich habe das auf jeden Fall.

## **6. Anhang**

### **6.1 Inhalts- und Quellenverzeichnis**

Quelle 1: Horst Bayrhuber und Ulrich Kull (Hrsg.), Linder Biologie – Lehrbuch für die Oberstufe, 21. Auflage, Hannover 1998, Schroedel Verlag GmbH

- 1.1 S.402/402 3.1.1 Homologin im Bau von Lebewesen
- 1.2 S.439 4.3 Verlauf der Evolution des Menschen

Quelle 2: Jürgen Christner, Abitur Wissen Evolution, 10. Auflage, Stuttgart 1999, Ernst Klett Verlag für Wissen und Bildung GmbH

- 2.1 S.39-42 4.2 Homologien
- 2.2 S.65-67 5.1 Mutationen
- 2.3 S.126 Neandertaler bewohnten das eiszeitliche Europa

Quelle 3: Peter-Matthias Gaede (Hrsg.), GEOkompakt Nr.4 – Die Evolution des Menschen, Hamburg 2005, Gruner + Jahr Hamburg

- 3.1 S.24-29 Das Puzzle unserer Existenz / Die Vielfalt des Menschen
- 3.2 S.36/37 Und Gott spielt keine Rolle mehr
- 3.3 S.72-77 Damit die Knochen reden
- 3.4 S.120/121 Die Wanderkarte aus dem Genlabor
- 3.5 S.122-126 Der andere Mensch
- 3.6 S.158-161 Kurz und Knapp

Quelle 4: Hoffmeier, Mitochondriale DNA [online], Januar 2003, update 17.02.2007, <http://www.wikipedia.org/wiki/MtDNA>

Quelle 5: Microsoft ® Encarta ® Enzyklopädie 2005 © 1993-2004 Microsoft Corporation. Alle Rechte vorbehalten.

Gesuchte Begriffe: Eiszeit, Feldstudie, Genealogie, Kontamination, Mitochondrien

Quelle 6: Christiane Nüsslein-Volhard, Das Werden des Lebens – Wie Gene die Entwicklung steuern, 1. Auflage, München 2004, Verlag C.H. Beck oHG

- 6.1 S.158/159 Evolution, Baupläne und Genome
- 6.2 S.171-174 Die Evolution des Menschen

Quelle 7: Svante Pääbo, DNA aus alter Zeit, in: Spektrum der Wissenschaft, Januar 1994, S.54-61

Quelle 8: Wolfgang-Rüdiger Schmidt, Der Schimpanse im Menschen – das gottebenbildliche Tier, 1. Auflage, Gütersloh 2003, Gütersloher Verlagshaus GmbH

S.107-109 Der vorletzte Schritt – Der Neandertaler, kein primitiver Wilder

Quelle 9: Ralf W. Schmitz und Jürgen Thissen, Neandertal – Die Geschichte geht weiter, 1. Auflage, Heidelberg: Berlin 2002, Spektrum Akad. Verl.

5. Kapitel Sind die Neandertaler unsere Vorfahren?

- 9.1 S.190-194 Erneut eine heftige Kontroverse
- 9.2 S.194-196 Gen- Archäologie
- 9.3 S.197-207 Die 5%- Chance
- 9.4 S.207-214 DNA vom namengebenden Neandertaler

Quelle 10: Karlheinz Uhlenbrock und Micheal Walory, Schülerhilfe Abitur Box Biologie – Prüfungs- und Basiswissen der Oberstufe, Königswinter 2006, Tandem Verlag GmbH

S.211-215 Indizien und Belege für Evolution

Quelle 11: Reinhard Wandtner, Der Neandertaler lebt auf [online], 15. November 2006, <http://www.faz.net> Aktuell → Natur und Wissenschaft → Mensch und Gene

Quelle 12: Allen C. Wilson und Rebecca L. Cann, Afrikanischer Ursprung des modernen Menschen, in: Spektrum der Wissenschaft, 1992, S.72-79

**6.2 Schlusserklärung**

Hiermit erkläre ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbständig und ohne fremde Hilfe verfasst und keine anderen als die im Literaturverzeichnis angegebenen Hilfsmittel verwendet habe.

Alle genutzten Internetquellen wurden kenntlich gemacht.

Sofern sich – auch zu einem späteren Zeitpunkt – herausstellen sollte, dass die Arbeit oder Teile davon nicht selbstständig verfasst wurden, so wird die Arbeit auch nachträglich mit 0 Punkten gewertet.

Ort, Datum, Unterschrift: \_\_\_\_\_