

Molekularbiologische Methoden in der Rekonstruktion der Besiedlung Australiens

Methodisch-didaktische Hinweise

Nach der nicht unumstrittenen „Out-of-Afrika“ Theorie zogen Gründerpopulationen des modernen Menschen von Afrika kommend in die gesamte Welt. Über den Nahen Osten und Ostasien breitete sich Homo sapiens vor ca. 40.000–50.000 Jahren nach Südostasien und Australien aus. Die genetische Diversität heutiger Bevölkerungsgruppen bezieht sich nur auf unbedeutende Unterschiede z. B. Hautfarbe oder Haarstruktur und ist als jeweils lokale Anpasstheit entstanden. Molekularbiologische Untersuchungen der mitochondrialen DNA (mtDNA) zeigen, dass die genetische Vielfalt in Afrika am größten ist. Dieser wichtige Befund unterstützt die Theorie, dass die Menschheit auf dem afrikanischen Kontinent ihren Ursprung hat.

Analysen der mtDNA belegen, dass die Besiedlung Australiens in einer zweiten Expansionswelle erfolgte, nachdem klimatische Veränderungen die Überquerung des Roten Meeres begünstigten. Das heutige Neuguinea und Australien bildeten einmal einen zusammenhängenden Kontinent (Sahul), jedoch verschwanden ehemalige Landwege nachdem der Meeresspiegel wieder stieg. Die ursprüngliche Siedlergruppe, die Australien erreicht hatte, war abgeschnitten und verteilte sich über den Kontinent. Mitochondriale Befunde und geographische Erkenntnisse verdeutlichen, dass sich die Besiedlung Australiens vor 45.000–49.000 Jahren von Norden über die Ost- und Westküsten nach Süden vollzog. Die migrierenden Stämme der Urbevölkerung grenzten sich stark voneinander ab. Dazu mögen unterschiedliche kulturelle Gepflogenheiten und Traditionen beigetragen haben. Damit war Regionalismus vorherrschend. Die Ureinwohner Australiens waren sehr ortstreu naturverbunden und blieben größtenteils bis in die jüngste Vergangenheit in ihren jeweiligen Heimatregionen. DNA-Sequenzierungen der mtDNA von 111 Haarproben von Mitgliedern der großen Bevölkerungsgruppen heute lebender Aborigines trugen erheblich dazu bei, den geographischen Ursprung der verschiedenen Stämme und die Verwandtschaftlichen Beziehungen aufzuklären. Entscheidend dafür waren molekularbiologische Vergleiche von mtDNA-Sequenzen. Über die mütterliche Linie konnten fünf genetische Großgruppen (S, O, M, P und R) identifiziert werden. Nur ein kleiner Teil der DNA (37 Gene) ist in den Mitochondrien gespeichert, diese DNA ist für den Organismus nicht so wichtig. Alle anderen Gene wurden im evolutionen Prozess einer fortschreitenden Endosymbiose in den Zellkern der Wirtszelle verlagert. Mitochondrien haben ein eigenes Translationssystem und der mitochondriale genetische Code zeigt Abweichungen vom universellen genetischen Code. Durch den Vergleich von Mutationen in Standardsequenzen können menschliche Verwandtschaftsbeziehungen rekonstruiert werden. Dass

dies möglich ist liegt daran, dass bereits seit 1981 Datenbanken für mtDNA angelegt wurden. Aus den Polymorphismen, den Allelvarianten, der menschlichen mtDNA lassen sich ethnisch diverse Gruppen rekonstruieren. mtDNA wird z. B. aus Blutplättchen oder Haarschwanzeln gewonnen. Die Analyse der mtDNA kann erschwert sein, wenn nur kleine Bruchstücke vorliegen. Diese müssen dann mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) repliziert werden. Für die anschließende DNA-Sequenzierung werden mindestens 10.000 Basenpaare benötigt. mtDNA liegt meist in einer großen Anzahl von Kopien in einer Zelle vor. Nachteil genetischer Analysen der mtDNA ist allerdings, dass sie nur über die mütterliche Linie vererbt wird und sich damit lediglich ein mütterlicher Stammbaum erschließen lässt.

In dieser Einheit vertiefen die Schüler ihre genetischen Kenntnisse. Im Kontext der Enträtselung der Wanderwege während der Erstkolonisierung des australischen Kontinents wenden sie molekularbiologische Methoden an, stellen diese aber auch in einen evolutionsbiologischen Zusammenhang. Die Aufgabe vertieft zudem die Methodenkompetenzen der Schüler. Erst im Zusammenspiel der Anwendung der PCR-Methode, der DNA-Sequenzierung und der elektrophoretischen Analyse werden Erkenntnisse zur Klärung der Forschungsfrage erzielt: „Wie verlief die prähistorische Besiedlung Australiens durch die Vorfahren der heutigen Urbevölkerung, der Aborigines?“ Grundlagenwissen zur Keimzellreifung, zur Proteinbiosynthese und zum genetischen Code ist Voraussetzung. Den damit verknüpften Kompetenzen wächst in dieser Lernaufgabe besondere Bedeutung zu, da auf deren Basis konkret und praktisch eine wissenschaftliche Frage selbstständig beantwortet werden kann.

Die Aufgaben fordern die selbstständige Rekapitulation der molekularbiologischen Methoden und erweitern deren Anwendungsbereich auf die moderne Forensik. Dabei wird das Southern Blotting-Verfahren als eine Spezialform der elektrophoretischen Stofftrennung neu erarbeitet und ein wirkungsnaher Kriminalfall gelöst. Für eine erfolgreiche Bewältigung der Übung müssen die Lernprodukte der vorangegangenen Lernaufgabe zusammengeführt werden. Die Schüler gewinnen die Erkenntnis, dass zur Aufklärung prähistorischer Wanderwege die Genetik sowie für das moderne DNA-Profilieren in der Kriminalistik die gleichen Techniken nützlich sind.

Vorausgesetztes Fachwissen

Zur Bearbeitung der Aufgaben müssen die Schüler Kompetenzen zu Meiose, Proteinbiosynthese und Code-Sonne sowie Methodenkenntnisse zum PCR-Verfahren und zur DNA-Sequenzierung besitzen. Das Southern Blotting-Verfahren sollte noch unbekannt sein. Insgesamt sollte damit tragem Wissen Vorschub geleistet, und stattdessen anwendungsbezogene, handlungsorientierte Kompetenzen im Sinne nachhaltigen Lernens entwickelt werden.

M 3 Vermehrung von mtDNA und der Flaschenhals-Effekt

In einer einzelnen menschlichen Körperzelle kommen Tausende mtDNA-Moleküle kopien vor. Dabei können zufällig auftretende Mutationen in der mtDNA entweder in jeder Kopie vorkommen, oder die mutierten Gene koexistieren mit den unveränderten Genen in einem bestimmten Mischungsverhältnis. Da sich die einzelnen Mitochondrien, und damit die mtDNA-Moleküle, unabhängig voneinander vermehren, können unterschiedliche Zellen eines Menschen verschiedene Mischungsverhältnisse mutierter und ursprünglicher Genen besitzen.

Unreife Eizellen besitzen nur wenige mtDNA-Moleküle. Reife sie heran, werden die mtDNA-Moleküle schnell auf eine hohe Anzahl vermehrt (Flaschenhals-Effekt). Wenige Ausgangsmoleküle der mtDNA stellen die Basis aller späteren Kopien der mtDNA im Organismus dar. Dieses Flaschenhals-Phänomen kann bewirken, dass eine Frau mit einem niedrigen Gehalt an mtDNA-Molekülen mit mutierten Genen besitzt, die Nachkommen aber einen unverhältnismäßig hohen Gehalt haben, da sich die Auswahl der Moleküle und deren Mischungsverhältnis von mutierten zu ursprünglichen Genen zufällig einstellt. Es können so mehr Moleküle mit mutierten Genen vererbt werden als es der tatsächlichen Situation in der Mutter entspricht. Dieses Phänomen wird auch als Gendrift bezeichnet, die zufällige

Veränderung der Allelfrequenz innerhalb des Genpools einer Population. Die Gendrift ist ein Evolutionsfaktor.

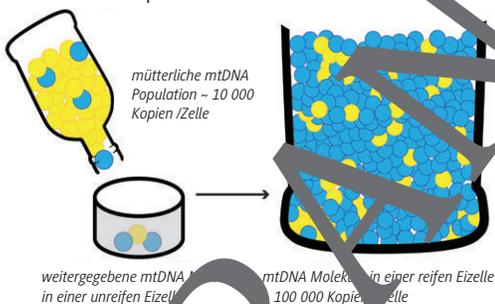
In einer mütterlichen Körperzelle liegen etwa 10.000 mtDNA-Kopien vor. Es gibt mtDNA-Moleküle mit mutierten (blau) und ursprünglichen Genen (gelb) in einem bestimmten Mischungsverhältnis. In eine unreife Eizelle werden nur wenige

mtDNA-Moleküle übertragen. Reift sie heran, vermehren sich die Mitochondrien und die mtDNA schnell auf ca. 100.000 Kopien. Hier im Beispiel mit der Folge, dass sich das Mischungsverhältnis mutierter und ursprünglicher mtDNA Moleküle verglichen zur mütterlichen Ausgangszelle umgekehrt hat.

Aufgaben

1. Skizzieren Sie schematisch drei Generationen in einer mütterlichen Linie und stellen Sie beispielhaft die zufällige Verteilung von mutierten und nicht mutierten Mitochondrien (mtDNA) im Wechsel von reifer Eizelle – Körperzelle - unreifer Eizelle dar.
2. Erklären Sie gemeinsam mit Ihrem Lernpartner den Flaschenhalseffekt.

© RAABE 2020



Grafik: Sylvana Timmer

M 7 Vergleich von mtDNA aus Haarproben

Aus den Haarproben von Aborigines bedeutender Stammesgruppen, deren Heimatregionen über ganz Australien verteilt sind, lassen sich wichtige Sequenzen der mtDNA ermitteln. Die Probe 1 mit Sequenz 1 (vgl. Ergebnis M 6) wird als Referenz für Vergleich herangezogen. Achtung, alle Sequenzen werden im mRNA-Code angegeben!

Sequenz 1

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAUACCGAGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 2

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAAACCGCGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 3

5' ...GGAUCGGGAUCAUGAUCUGGAUACCGAGAAUGCCGAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 4

5' ...GGAUCGUGAUCUUGAUCUGGAUACCGAGAAUGCCGAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 5

5' ...GGAUCGGGAUCAUGAUCUGGAUACCGAGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 6

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAAACCGAGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 7

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAUACCGAGAAUGCCGAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 8

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAAACCGCGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Sequenz 9

5' ...GGAUCGGGAUCUUGAUCUGGAAACCGAGAAUGCCAGACGAGUUUAC... 3'

Der RAABE Webshop: Schnell, übersichtlich, sicher!



Wir bieten Ihnen:



Schnelle und intuitive Produktsuche



Übersichtliches Kundenkonto



Komfortable Nutzung über
Computer, Tablet und Smartphone



Höhere Sicherheit durch
SSL-Verschlüsselung

Mehr unter: www.raabe.de