

Nobelpreis zur Paläogenetik – Fenster in unsere Vergangenheit

Volker Wolff



© Man_Half-tube/DigitalVisions Vectors

Wer sind wir? Woher kommen wir? – Zwei Fragen, die wir Menschen uns seit jeher stellen. Lange Zeit waren Untersuchungen an Fossilien die prägende Methode, mit der Antworten auf diese Frage nach unserer biologischen Abstammung gesucht wurden. Die Entwicklung der Paläogenetik eröffnete völlig neue Möglichkeiten, zumindest unsere jüngere Stammesgeschichte zu erforschen. Wenngleich die Idee an sich älter ist, gilt der schwedische Biologe Svante Pääbo als ihr entscheidender Wegbereiter. Im Jahr 2022 wurde Pääbo mit dem Nobelpreis für Physiologie oder Medizin ausgezeichnet. Die Unterrichtsmaterialien zu diesem Thema geben Ihren Schülerinnen und Schülern einen Einblick in die Methodik der Paläogenetik und fördern die Anwendung genetischer Kenntnisse im evolutionsbiologischen Kontext.

Nobelpreis zur Paläogenetik – Fenster in unsere Vergangenheit

Niveau: einführend, weiterführend und vertiefend

Volker Wolff

Methodisch-didaktische Hinweise	1
M 1 Paläogenetik: Neue Methoden – neue Möglichkeiten	3
M 2 Die Neandertaler und wir	7
M 3 Die Denisovaner und wir	11
M 4 Woher kommen wir und was bedeutet unser Erbe?	14
Lösungen	18
Literatur	31

VORANSICHT

M4 Woher kommen wir und was bedeutet unser Erbe?

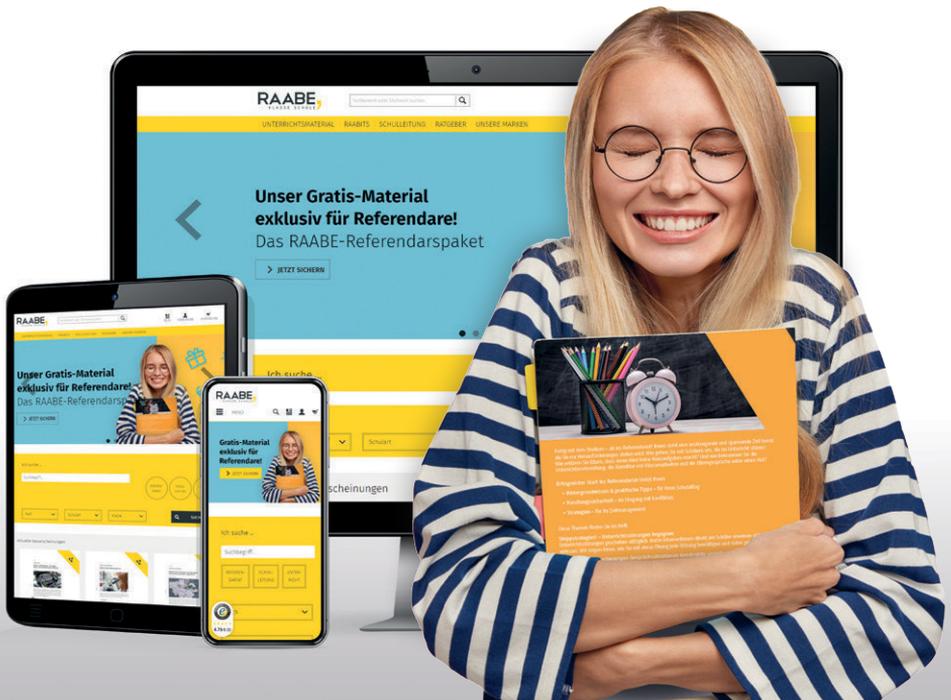
Unter der Bezeichnung *Homo* fasst die biologische Systematik alle heutigen und ausgestorbenen Menschenarten zusammen. Archäologische Befunde lassen den Schluss zu, dass diese Gattung vor etwa 3 Mio. Jahren in Afrika entstand, dass nachher, aber auch gleichzeitig, verschiedene Arten existierten und dass wiederholt einige Populationen Afrika verließen und andere Kontinente besiedelten. Die erste Auswanderung aus dem afrikanischen Raum betraf vor ca. 1,8 Mio Jahren *Homo erectus*, gefolgt vom *Homo heidelbergensis* vor 800.000 Jahren. Aus dessen Nachfahren entwickelte sich vor ca. 400.000 Jahren in Europa der Neandertaler (*Homo neanderthalensis*), der weite Teile Eurasiens besiedelte und mehrere Eiszeiten überlebte, bis er vor etwa 30.000 Jahren von der Bildfläche verschwand. Etwas später als der Neandertaler in Europa entwickelte sich aus dem afrikanischen Zweig von *Homo heidelbergensis* die Gattung aller heute lebenden Menschen angehören, *Homo sapiens*, der anatomisch moderner Mensch. Auch Populationen dieser Art machten sich vor ca. 100.000 Jahren in einer dritten Welle über den mittleren Osten auf den Weg nach Europa und von dort aus zu den anderen Kontinenten. Im eurasischen Raum lebten sie für mehrere zehntausend Jahre gleichzeitig mit anderen Menschenarten und hatten nachweislich Kontakt sowie Nachkommen mit ihnen.

Während der Genfluss von archaischen Menschenarten wie Neandertaler oder Denisovaner zum *Homo sapiens* heute als gesichert gilt, richtet sich das Interesse nun auf neue Fragen: Welche Allele haben sich erfolgreich in unserem Genpool etabliert, welche weniger und warum?

Zur Klärung dieser Fragen suchen Wissenschaftler nach Bereichen, die mindestens 30 bis 100 kbp lang sind und deutlich vom heutigen menschlichen Durchschnittsgenom abweichen bzw. dem Neandertaler- oder Denisovanergenom stark ähneln. Jeder einzelne heutige Mensch trägt nur ca. 2 % ehemalige Neandertaler-DNA. In der Summe ergeben die Untersuchungen jedoch, dass sich 600 Mio bis 1,1 Mrd Nukleotide des Neandertalers im Genpool des heutigen *Homo sapiens* wiederfinden, ungleich verteilt in „Neandertaler-Wüsten“ und Hotspots.

Sie wollen mehr für Ihr Fach?

Bekommen Sie: Ganz einfach zum Download im RAABE Webshop.



Über 5.000 Unterrichtseinheiten
sofort zum Download verfügbar



Webinare und Videos
für Ihre fachliche und
persönliche Weiterbildung



Attraktive Vergünstigungen
für Referendar:innen mit
bis zu 15% Rabatt



Käuferschutz
mit Trusted Shops



Jetzt entdecken:
www.raabe.de