

Die Entdeckung des „Denisova-Menschen“ im Altai-Gebirge und sein Erbe im modernen Menschen

von Anna Müller und Monika Pohlmann



© Wikimedia Commons/Демин Алексей Барнаул – CC BY-SA 4.0

Diese Unterrichtsmaterialien sind für die gymnasiale Oberstufe geeignet. Zu beachten ist, dass die molekularbiologischen Grundlagen der Genetik einschließlich der Methoden der Polymerasekettenreaktion (PCR) und der DNA-Sequenzierung bekannt sowie Kenntnisse zu den Belegen und Mechanismen der Evolution bereits erworben sein sollten, da in diesen Aufgaben die erworbenen Fachkenntnisse am Kontext einer archaischen, urzeitlichen Menschenform zur Anwendung kommen und erweitert werden.

Kompetenzprofil

- Niveau: vertiefend
- Fachlicher Bezug: Evolution, Genetik, Physiologie
- Methode: Einzelarbeit, Partnerarbeit, Gruppenarbeit, Placemat, Gruppenpuzzle, Lerntempoduett, Mystery, Flussdiagramm, ggf. Stationen-Lernen
- Basiskonzepte: Entwicklung, Struktur und Funktion, Variabilität und Angepasstheit, Geschichte und Verwandtschaft
- Erkenntnismethoden: beschreiben, vergleichen, Konzepte anwenden, analysieren, vernetzen, Hypothesen bilden und prüfen, Darstellungen entwickeln und verwenden
- Kommunikation: präsentieren, darstellen, argumentieren, diskutieren, Materialien einsetzen
- Reflexion: Im Mystery werden zentrale Inhalte entlang einer Leitfrage reflektiert und gesichert.
- Inhalt in Stichworten: Entdeckung des Denisovaners, Fossil, DNA-Sequenzierungs-Methoden, Evolution des Menschen, Out-of-Africa-Theorie, Verpaarung unterschiedlicher Menschenformen, Wirkungsweise des Gens EPAS 1, Genvariante von EPAS 1, evolutionäre Abkürzung

Autorinnen: Anna Müller und Monika Pohlmann

M2 Konferenz der Biowissenschaftler

Wir schreiben das Jahr 2008. Professoren der „Russischen Akademie der Wissenschaft“ finden ein 7 mm langes fossiles Fingerknochenfragment eines unbekanntes Hominiden in einer Höhle im Altai-Gebirge in Südsibirien, die auch als Denisova-Höhle bekannt ist.



Abb. 1: Eingang zur Denisova-Höhle im Altai-Gebirge in Südsibirien

Die Funde der bereits 30 Jahre andauernden Ausgrabungsarbeiten belegen, dass die Denisova-Höhle schon vor 280.000 Jahren von Menschen bewohnt wurde. Die russischen Evolutionsbiologen können das rätselhafte Knochenfragment einer Erdschicht zuordnen, die auf ein Alter von 50.000 bis 30.000 Jahre geschätzt wird. Die Forscher sind ratlos: Der Knochensplitter aus einem Finger gehört zu keiner bisher bekannten Menschenform.



Abb. 2: Tibet (Dunkelgrau) in China und Denisova-Höhle (Kreis) in Südsibirien

Wissenschaftler entdecken außerdem eine ungewöhnliche Variante eines bestimmten Gens im Genpool der heutigen Bewohner von Tibet. Jeder andere Mensch außerhalb von Tibet besitzt die normale Genvariante. Ausgerechnet diese seltene, heute lokal eng begrenzbare Genvariante findet sich im fossilen Fingerknochen der Denisova-Höhle in Südsibirien, mehr als 3000 km weit von Tibet entfernt. Welches Geheimnis verbirgt sich hinter diesem Knochensplitter?

Wie kommt das Gen einer ausgestorbenen, urzeitlichen Menschenform in den Genpool der heutigen Tibeter?

Alte Knochen – neue Techniken: die DNA-Sequenzierung

Wenn Teile eines fossilen Skeletts gefunden werden, versuchen Wissenschaftler, Knochen und Zähne zu bestimmen und zuzuordnen. In der Regel wird zuerst ein Morphologie-Vergleich durchgeführt. Dies bedeutet, dass die äußere Form und Struktur von Fundstücken mit anderen, bereits bekannten Objekten verglichen werden. Weil aber oft nur Bruchstücke von Knochen wie beim Denisovaner gefunden werden, ist ein morphologischer Vergleich gar nicht möglich.



Abb. 3: Nachbildung des fossilen Fingerknochensplinters des Denisova-Menschen (Thilo Parg / Wikimedia Commons, Lizenz: CC BY-SA 3.0)

In solchen Fällen können Fundstücke jedoch mittels DNA-Sequenzierung identifiziert und zugeordnet werden. Durch eine DNA-Sequenzierung wird die exakte Basenabfolge einer unbekanntes DNA erschlossen. Vergleicht man dann Abschnitte der zu bestimmenden DNA-Probe mit bereits entschlüsselten Genomen, können verwandtschaftliche Beziehungen und stammesgeschichtliche Zusammenhänge rekonstruiert werden. Je ähnlicher die molekularen Strukturen der Vergleichsobjekte, desto näher sind sie miteinander verwandt. Das Genom des modernen Menschen und das des Schimpansen stimmen beispielsweise seitens ihres molekularen Aufbaus zu 98,4 Prozent überein. Auch der feine Fingerknochensplinter des Denisovaners kann über eine DNA-Sequenzierung Aufschluss über die verwandtschaftliche Beziehung zum modernen Menschen geben.