

Nobelpreis zur Paläogenetik – Fenster in unsere Vergangenheit

Volker Wolff



© Man_Half-tube/DigitalVision 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 die 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.

Methodisch-didaktische Hinweise

Wer sind wir? Woher kommen wir? – Zwei Fragen, die wir Menschen uns seit jeher stellen und die bis heute nicht abschließend geklärt sind. Auch die Bildungsstandards für die allgemeine Hochschulreife weisen die Evolution des Menschen in prominenter Weise als Inhalt für die Biologiekurse auf erhöhtem Anforderungsniveau aus. Lange Zeit waren vergleichend-anthropologische Untersuchungen an Fossilien die prägende Methode, mit der Antworten auf die Frage nach unserer biologischen Abstammung gesucht wurden. Die Entwicklung der Paläogenetik eröffnete völlig neue Möglichkeiten, zumindest unsere jüngere Stammesgeschichte zu erforschen. Ab den 1990er Jahren waren molekulargenetische Verfahren so weit fortentwickelt worden, dass die Extraktion, Klonierung und Sequenzierung alter DNA aus Fossilien möglich war. Wenngleich die Idee an sich älter ist, gilt der schwedische Biologe Svante Pääbo als entscheidender Wegbereiter ihrer praktischen Umsetzung. Im Jahr 2022 wurde Pääbo mit dem Nobelpreis für Physiologie oder Medizin ausgezeichnet. Die nachfolgenden Unterrichtsmaterialien sollen Schülerinnen und Schülern einen Einblick in die Methodik der Paläogenetik geben und die Anwendung genetischer Kenntnisse im evolutionsbiologischen Kontext fördern.

Im **Material M1** werden zunächst grundlegende Ansätze zur Erforschung der Evolution des Menschen mit ihren Möglichkeiten und Grenzen reflektiert. Daran schließt sich eine Erarbeitung der Versuchsmethodik zur Analyse alter DNA an. Sie ist didaktisch so weit reduziert, dass sie von den Lernenden selbstständig geleistet werden kann. Alternativ können durch Nutzung weiterführender Materialien Detailfragen etwa zur Authentizitätsprüfung oder zum Alignment betrachtet werden. Diese Phase kann beispielsweise als Partnerarbeit zum Einstieg in die Vertiefung nach dem Think-Pair-Share Modell organisiert werden. In diesem Fall würde die Bearbeitung der **Materialien M2** und **M3** arbeitsteilig erfolgen. Ein Arbeitspartner eignet sich Kenntnisse zum Neandertaler an, der andere zum Denisova-Menschen, einer weiteren Schwestergruppe des *Homo sapiens*, deren Existenz überhaupt erst durch die Paläogenetik bekannt wurde. In beiden Fällen werden genetische Wissensbestände reaktiviert, etwa zu Mutationstypen, zu Besonderheiten mitochondrialer DNA oder zum chromosomalen Geschlecht beim Menschen. Mit der grafischen Darstellung und der Auswertung von Forschungsergebnissen der Paläogenetik wird die Diagrammkompetenz weiterentwickelt. Schließlich werden die Befunde genutzt, um zur Stammesgeschichte des Menschen Hypothesen und Erklärungen zu formulieren. Beim Austausch der Arbeitsergebnisse haben beide Partner Gelegenheit, ihre Fähigkeit zu fachlicher Kommunikation zu trainieren. Das **Material M4** sieht dann eine gemeinsame Anwendung des Gelernten vor. Mit der multiregionalen und der Out-of-Afrika-Hypothese werden Modelle zur Stammesgeschichte des Menschen gegenübergestellt und vor dem Hintergrund paläogenetischer Erkenntnisse beurteilt. Eine bereits in den beiden vorhergehenden Materialien thematisierte Frage wird abschließend vertieft: Die

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 nacheinander, 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 50.000 Jahren von der Bildfläche verschwand. Etwas später als der Neandertaler in Europa entwickelte sich aus dem afrikanischen Zweig von *Homo heidelbergensis* die Art, der alle heute lebenden Menschen angehören, *Homo sapiens*, der anatomisch moderne 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 Asien 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 erfolgreicher 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 Durchschnitts-genom 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“ bzw. Hotspots.