

WIE HAT SICH DIE MENSCHHEIT AUSGEBREITET



Über Erbgutvergleiche können Forscher nachvollziehen, wie sich der Mensch schrittweise über viele Jahrtausende von Afrika aus über die ganze Erde verbreitete. Die größte genetische Vielfalt herrscht tatsächlich in Afrika, die kleinste bei den indigenen Amerikanern.

Von Gary Stix

In Kürze

- ▶ **Prähistorischer Wanderungen von Menschengruppen** lassen sich nicht nur aus Fossilien und Artefakten erschließen. **DNA-Vergleiche heutiger Bevölkerungen** zeigen manche Wege und Einzelheiten der Verbreitung viel genauer. Inzwischen nutzen Populationsgenetiker dazu auch komplette Genome.
- ▶ Außer Verwandtschaftsbeziehungen zwischen menschlichen Populationen klären die genetischen Analysen auch das Alter von **Bevölkerungen verschiedener Regionen**. Es gibt schon Landkarten der Verbreitungswege über die ganze Welt, die sich auf DNA-Vergleiche stützen.
- ▶ Zudem weisen **Genvergleiche** auf, wie sich Menschen an ein neues Klima, andere Nahrung und Krankheitsgefahren anpassten.

Eine Brücke über den Bab el-Mandeb, das »Tor der Tränen« der Sklavenszeit, möchte ein Bauunternehmen eines Halbbruders von Osama Bin Laden errichten. Die 26 Kilometer breite Meerenge zwischen Arabien und Afrika verbindet das Rote Meer mit dem Golf von Aden. Künftig würden dann Pilger aus Afrika hoch über der denkwürdigsten Route der Menschheitsgeschichte nach Mekka ziehen. Wahrscheinlich passierten Afrikaner diese Stelle schon vor 50 000 oder 60 000 Jahren – allerdings ohne Rückkehr. Es mögen ein paar hundert oder tausend Menschen gewesen sein, die Arabien damals vermutlich in kleinen Booten erreichten.

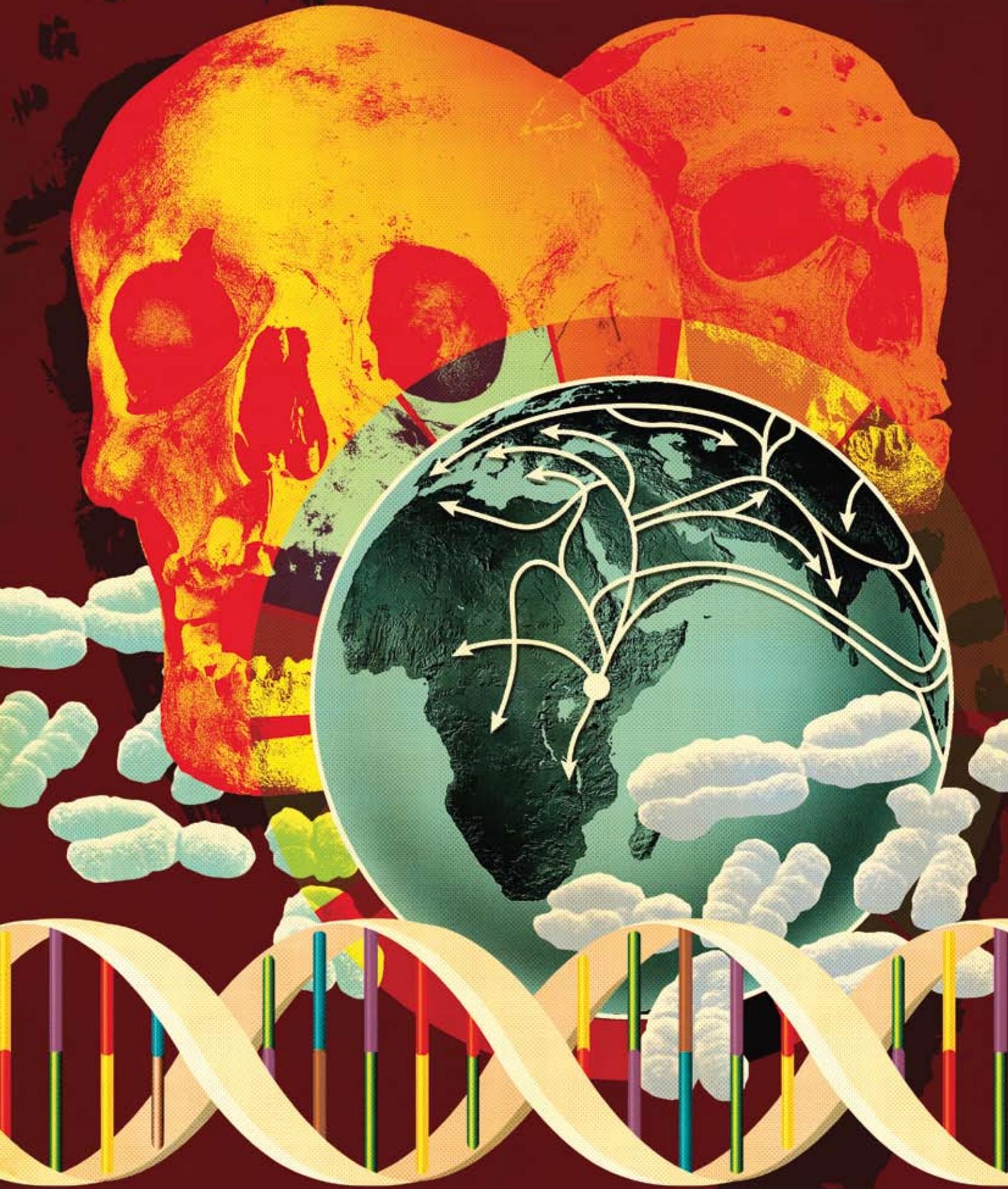
Warum sie zu dem Zeitpunkt ihre ostafrikanische Heimat verließen, wissen wir nicht genau. Das Klima könnte sich verschlechtert haben, oder der alte Lebensraum bot nicht mehr genug Nahrung aus dem Meer. Fest steht aber, dass diese afrikanischen Auswanderer anthropologisch gesehen – in Körperbau, Verhalten, Hirngröße und Sprachfähigkeit – moderne Menschen waren wie wir. Bald zogen einige von ihnen noch weiter. Im Lauf von Jahrtausenden durchquerten Nachfahren ganze Kontinente, gingen über Landbrücken, erreichten Australien, Europa, Amerika und sogar Feuerland.

Knochenfossilien und Artefakte wie Speerspitzen erzählen bereits viel über die Verbreitungswege und den zeitlichen Ablauf dieser Migrationen. Doch letztlich liefern

die raren Funde der Anthropologie und Paläoarchäologie vielfach kein komplettes Bild vom Geschehen. Darum versuchen seit nunmehr 20 Jahren Populationsgenetiker, die Lücken mit ihren Methoden zu füllen. Sie zeichnen unsere Verbreitungsgeschichte anhand von DNA-Spuren in heutigen Bevölkerungen nach, die von den damals eingeschlagenen Routen zeugen.

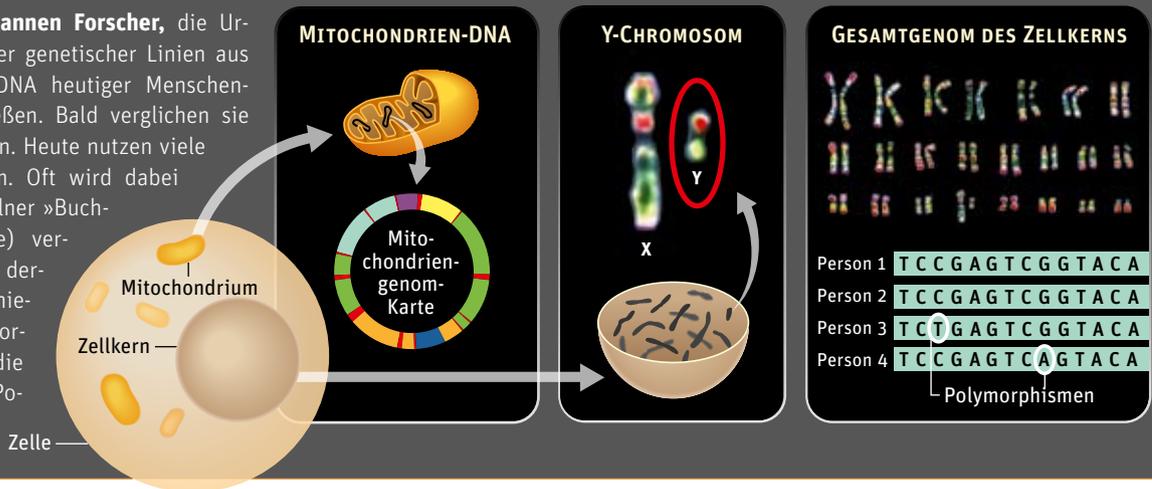
Das Erbgut aller heutigen Menschen ist zum allergrößten Teil identisch. Von den drei Milliarden »Buchstaben« – Nukleotiden – unserer DNA stimmen 99,9 Prozent überein. Doch in dem restlichen Promille steckt gewissermaßen die Verbreitungsgeschichte der Menschheit. Ein genetischer Vergleich von Ostafrikanern und Indianern kann darüber Auskunft geben, woher die Menschen kamen und wohin sie gingen. Bis vor ein paar Jahren griffen die Genetiker für solche Rekonstruktionen nur auf die Teile der DNA zurück, die allein von Vater zu Sohn – durch das Y-Chromosom – oder nur von der Mutter an ihre Kinder – mit den Mitochondrien – weitergegeben werden. (Letztere sind Zellorganellen mit eigener DNA, die nur mit der Eizelle vererbt werden.) Inzwischen beziehen die Forscher auch das übrige Erbgut ein. Sie vergleichen nun Varianten in Hunderttausenden von Nukleotidsequenzen, die sich über das gesamte Genom verteilen.

Umfangreiche DNA-Vergleiche erhellen die Ausbreitungsroueten in der Frühzeit des modernen Menschen.



GENSEQUENZEN IM VERGLEICH

Vor 20 Jahren begannen Forscher, die Ursprünge menschlicher genetischer Linien aus der Mitochondrien-DNA heutiger Menschengruppen zu erschließen. Bald verglichen sie auch Y-Chromosomen. Heute nutzen viele das gesamte Genom. Oft wird dabei der Austausch einzelner »Buchstaben« (Nukleotide) verglichen. Wenn an derselben Stelle verschiedene Nukleotide vorkommen, sprechen die Forscher von einem Polymorphismus.



Solche genomweiten Analysen liefern von den prähistorischen Wanderrouten Karten mit bisher nicht gekannter Genauigkeit. Auch bestätigen sie die inzwischen weithin akzeptierte These, dass der moderne Mensch in Afrika entstand. Die neuen Daten zeigen die hohe genetische Vielfalt der dortigen Menschen, von deren Genpool offenbar nur kleinere Teile in die übrige Welt gelangten. Den ältesten Ast des genetischen Stammbaums der Menschheit repräsentieren die Buschmänner, die jüngsten Zweige bilden die südamerikanischen Indios sowie die Pazifikvölker.

Im Grunde begann die Erforschung der genetischen Variabilität des Menschen im Ersten Weltkrieg. Damals entdeckten Ärzte in Thessaloniki, dass bestimmte Blutgruppen bei Soldaten aus verschiedenen Ländern unterschiedlich häufig auftraten. Entscheidende Impulse für genetische Vergleichsstudien menschlicher Bevölkerungen gab seit den 1950er Jahren der italienische, zuletzt in Stanford lehrende Genetiker Luigi Luca Cavalli-Sforza. Unter anderem zog er Blutgruppenproteine vieler indigener Völker heran, um genetische Verteilungsmuster bei verschiedenen Populationen zu bestimmen und hieraus zusammen mit anderen Daten, etwa zur Sprachverwandtschaft, die Herkunft menschlicher Populationen zu erschließen (siehe SdW 1/1992, S. 90).

Im Jahr 1987 erschien dann die aufsehenerregende Arbeit von Rebecca L. Cann und Allan C. Wilson von der University of California in Berkeley. Sie hatten Abschnitte der Mitochondrien-DNA vieler Menschen miteinander verglichen und kamen zu dem Schluss, dass wir alle von derselben Frau abstammen, einer Afrikanerin, die vor ungefähr 200 000 Jahren lebte. Seither kursiert die Schlagzeile von der »mitochondrialen Eva« – die im Übrigen natürlich

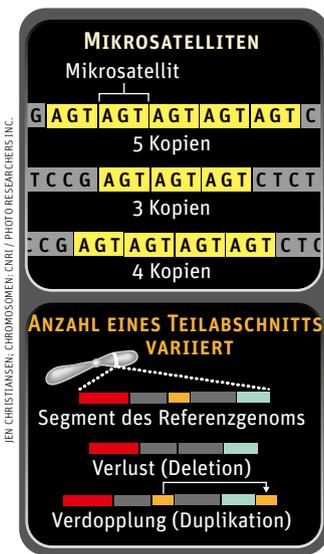
nicht die erste und damals einzige Frau war; vielmehr sagt der Befund, dass nur die – später vielfach aufgesplante – Linie ihrer Nachfahren heute noch existiert (SdW 6/1992, S. 72).

Cann und Wilson machten sich »neutrale« Mutationen in der Mitochondrien-DNA zu Nutze. Zeitlich offenbar recht regelmäßig pflegen einzelne DNA-Bausteine in bestimmten Abschnitten gelegentlich zu wechseln, ohne dass es Auswirkungen auf den Organismus hätte. Dieses Faktum verwenden die Forscher als so genannte molekulare Uhr: Aus den Mustern und der Anzahl solcher Mutationen, die sich über viele Generationen ansammeln, erschließen sie, wie eng oder entfernt verwandt Populationen miteinander sind. Vor allem können sie auch feststellen, wann sich zwei Linien trennten. Sie errechnen also einen Stammbaum der heutigen Menschengruppen, dessen verschieden alte Äste erkennen lassen, wann und auf welchen Routen der moderne *Homo sapiens* die einzelnen Regionen der Welt besiedelte.

Karten von Verbreitungsrouten

Vergleiche an Y-Chromosomen brachten noch genauere und breitere Erkenntnisse. Dieses Chromosom enthält viele Millionen Nukleotide, das Mitochondriengenom dagegen nur 16 000.

Wichtig für die Vergleiche sind so genannte genetische Marker, also charakteristische DNA-Abschnitte (Varianten), die einzelne Abstammungslinien kennzeichnen und somit auch die Verbreitungswege des modernen Menschen sichtbar machen. Die Routen und Wegverzweigungen lassen sich verdeutlichen, wenn man die Äste und Zweige solch eines Stammbaums aus Markern wie ein Straßennetz über den Globus legt. Die verschiedenen



Wichtig für die DNA-Vergleiche sind genetische Marker, also für einzelne Populationen typische Mutationsmuster. Dazu zählen Mikrosatelliten – kurze, unterschiedlich oft wiederholte Sequenzen (oben) – oder auch Variationen einzelner Teile eines längeren Abschnitts. Sie können fehlen oder mehrfach vorkommen (unten).

Marker erhalten dabei Nummern. (Genauer gesagt wird analysiert, wo die einzelnen Marker heute vorkommen und wie sie nacheinander in den diversen Linien entstanden sein müssen.)

Zum Beispiel zeigt das Bild unten die Historie des Y-Chromosoms, also praktisch die Verwandtschaft und Abstammung in den männlichen Linien – wie etwa die Herkunft der amerikanischen Ureinwohner: Die ersten Ankömmlinge aus Afrika in Arabien besaßen offenbar einen Marker (M), der die Nummer M168 erhielt. Das wäre der Name für den Weg über den Bab el-Mandeb. Eine Gruppe (Linie), die sich dann nach Norden wandte und die Arabische Halbinsel durchquerte, trug den Marker M89. Einige jener Menschen bogen schließlich von diesem Weg nach Osten ab und zogen nach Mesopotamien und noch weiter. Das war praktisch die Route M9. Danach ging es nördlich vom Hindukusch auf der M45 sozusagen links ab nach Norden. In Sibirien zweigte die M242 rechts ab und führte schließlich bis nach Alaska, das damals mit Asien durch eine Landbrücke verbunden war. Und noch später wanderten Amerikaner auf der M3 bis nach Feuerland.

Wie viel sich Experten weiterhin von solchen Analysen der Mitochondrien und der Y-Chromosomen versprechen, zeigt das so ge-

nannte geografische Projekt, ein weltweites, privat mit 40 Millionen Dollar finanziertes Gemeinschaftsvorhaben der amerikanischen National Geographic Society, von IBM und der Waitt Family Foundation. Unter Leitung des amerikanischen Anthropologen Spencer Wells teilen sich zehn Forschungsstätten in verschiedenen Ländern die Aufgabe, von 100 000 Ureinwohnern DNA-Proben zu sammeln und zu analysieren (Kasten S. 65). »Es geht um die Details des Ausbreitungsverlaufs«, kommentiert Wells. So kam heraus, dass die Khoisan, Buschleute in Südafrika, offenbar 100 000 Jahre lang von anderen Menschen genetisch isoliert waren. Und ein Ergebnis zur jüngeren Geschichte: Der Genpool libanesischer Männer lässt sich in Teilen bis zu den Kreuzrittern sowie bis zu den Muslimen von der Arabischen Halbinsel zurückverfolgen.

Allerdings stimmen die Ergebnisse der Paläogenetiker nicht immer mit denen der Paläontologen überein. So liefern Isotopenmessungen an Fossilien unter Umständen ein anderes Alter als die DNA-Vergleiche – ganz abgesehen davon, dass die Mutationsraten verschiedener Bereiche des Erbguts mitunter voneinander abweichen. Deswegen würden viele Anthropologen und Paläoarchäologen gerne alle Abstammungslinien, die sich genetisch ergaben, mit Fossilfunden und Artefakten bele-



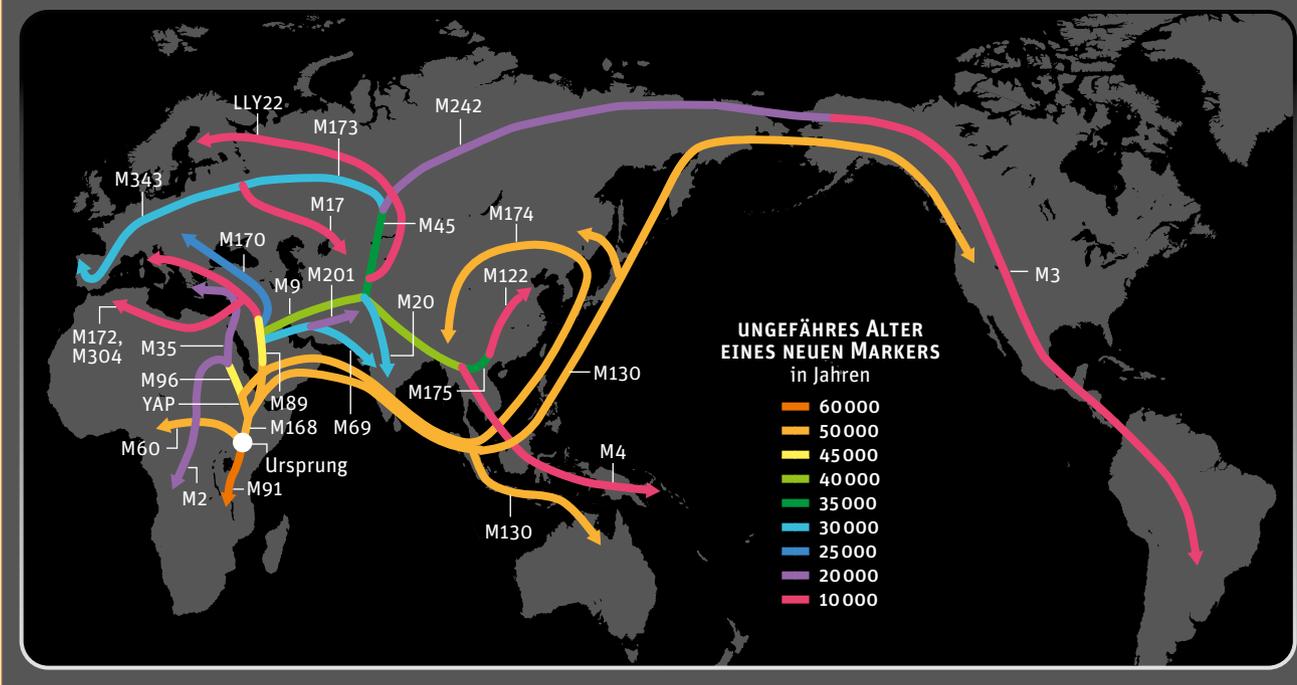
Das Magenbakterium *Helicobacter pylori* blieb dem Menschen treu. Seine DNA besagt, dass es vor ungefähr 55 000 Jahren mit ihm Afrika verließ und dass die südamerikanischen Indianer aus Ostasien kamen.

PHOTO RESEARCHERS / P. HAWTIN

WANDERROUTEN DES Y-CHROMOSOMS

Diese Ausbreitungskarte für das Y-Chromosom erschlossen Populationsgenetiker aus genetischen Markern (M), die in verschiedenen Regionen typischerweise auftreten. Jede Nummer

bezeichnet eine Evolutionslinie und zugleich eine Wanderroute. Auch die seit einer Abzweigung verstrichene Zeit lässt sich bestimmen.



JEN CHRISTIANSEN, NACH: NATIONAL GEOGRAPHIC MAPS

gen. Leider aber sind passende Funde allzu selten und die Überreste oft nur fragmentarisch. Beispielsweise lässt sich an Mitochondrien und Y-Chromosomen recht gut rekonstruieren, wie die erste Route von Afrika nach Australien verlief. Unter anderem halfen dabei DNA-Proben von den Andamanen im Indischen Ozean. Doch Funde aus der Vorzeit hierzu gibt es so gut wie nicht.

Darum lassen sich viele Detailfragen letztlich nur durch noch mehr Erbgutvergleiche klären – wobei die DNA nicht einmal immer menschlich sein muss. Manch interessante Hinweise auf unsere frühe Geschichte liefern auch Viren, Mikroorganismen oder Parasiten, etwa Läuse oder Magenbakterien. Die haben sich mit dem Menschen verbreitet und ebenfalls verändert.

Vor allem aber nutzen die Populationsgenetiker jetzt neuere Ansätze, um ganze Genome im Detail miteinander zu vergleichen. Diese Verfahren erwuchsen insbesondere aus dem Humangenomprojekt, bei dem die DNA des Menschen fast komplett entziffert wurde. Der Anthropologe Tim Weaver von der University of California in Davis meint dazu: »Die statistische Aussagekraft steigt natürlich, wenn man seine Hypothesen an ganz vielen Stellen des Genoms für möglichst viele Personen aus möglichst vielen Bevölkerungen überprüft.«

Seit die Forscher nun eine große Anzahl so genannter Polymorphismen – variabler genetischer Abschnitte (siehe Bilder S. 60) – des drei Milliarden Nukleotide umfassenden menschlichen Genoms gleichzeitig untersuchen können, gelingen umwälzende Entdeckungen. Im Februar 2009 erschienen in den Fachzeitschriften »Science« und »Nature« zwei Artikel zu den bislang umfangreichsten dieser Studien (Kasten S. 64). Die beiden Teams analysierten jeweils mehr als eine halbe Million Polymorphismen, bei denen einzelne Nukleotide (DNA-Bausteine) ausgetauscht sind – fachlich SNPs (*single nucleotide polymorphisms*). Sie benutzen dazu DNA aus dem Human Genome Diversity Panel, einer Sammlung von Zelllinien von rund 1000 Individuen aus 51 Populationen, die am Centre d'Etude du Polymorphisme Humain (Forschungszentrum für Humanpolymorphismen) in Paris archiviert sind.

Diese Datenflut durchforsteten die Forscher auf mehreren Ebenen. So verglichen sie direkt den Austausch einzelner Nukleotide bei weit voneinander entfernten Populationen. Außerdem fahndeten sie nach Haplotypen: DNA-Abschnitte mit einer größeren Anzahl der gleichen ausgetauschten Nukleotide, die über viele Generationen als Block weitervererbt werden. Die »Nature«-Autoren suchten auch in langen

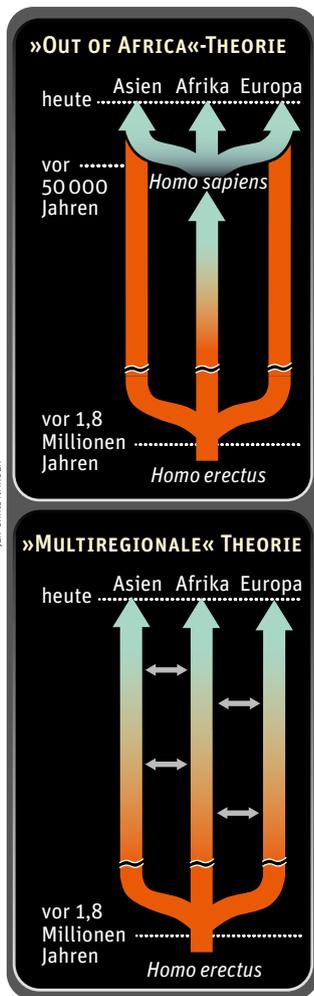
DNA-Abschnitten – von bis zu einer Million Nukleotiden –, ob darin irgendwelche Sequenzen mehrfach vorkommen oder verschwunden sind. Auch solche Muster eignen sich als Marker. Noah A. Rosenberg von der University of Michigan in Ann Arbor erläutert: »Jedes Genomstück hat seine eigene Geschichte. Die muss nicht die Vergangenheit des gesamten Genoms spiegeln. Aber wenn man viele Abschnitte zugleich betrachtet, am besten tausende Marker, erhält man ein recht passables Bild der prähistorischen Ausbreitung.«

Ausgedünnte Variabilität

Durch Analyse hunderttausender SNPs gelang es, eine Reihe von Bevölkerungsgruppen genetisch zu charakterisieren und engere Beziehungen von Populationen zueinander zu erkennen, auch dann, wenn diese heute weit voneinander entfernt leben. So lässt sich die Herkunft der südamerikanischen Ureinwohner bis zu den sibirischen Yakuten und einigen anderen asiatischen Stämmen zurückverfolgen. Die Basken sind mit einem kaukasischen Volk eng verwandt, die Han-Chinesen gliedern sich in Wirklichkeit in eine nördliche und eine südliche Population. Die Beduinen ähneln genetisch Volksgruppen aus Europa, Pakistan und dem Mittleren Osten.

Die neuen Ergebnisse passen sowohl mit Befunden aus Anthropologie, Archäologie, Linguistik und Biologie zusammen als auch mit den Daten von Mitochondrien und Y-Chromosomen. Zudem stützen sie die These, dass der moderne Mensch aus Afrika stammt. Danach verließ einst eine kleine Anzahl anatomisch moderner Menschen Afrika. Die neue Population wuchs heran, irgendwann zog ein Teil weiter, und so fort. Auf diese Weise besiedelte der moderne *Homo sapiens* Schritt für Schritt die ganze bewohnbare Welt. Archaische Menschen – der *Homo erectus* und die Neandertaler – verschwanden, wohl ohne sich mit ihm zu vermischen oder zumindest genetisch bei ihm merkbare Spuren zu hinterlassen.

Nach den neuen Analysen nahm jede kleine Teilgruppe, die weiterzog, von der Genomvielfalt ihrer Herkunftspopulation jeweils nur einen Teil mit. Schon die ersten Auswanderer repräsentierten genetisch lediglich eine kleine Fraktion der afrikanischen Stammgruppe. Im Lauf der Jahrtausende – und mit der Länge des zurückgelegten Wegs – dünnte dann die genetische Vielfalt in den Linien immer mehr aus. Auch daran lassen sich die Verbreitungsrouten gut verfolgen. So erklärt sich, wieso die indigene Bevölkerung in Amerika eine so deutlich geringere genetische Vielfalt aufweist als die in Afrika: Als letzte Kontinente besiedelte die Menschheit eben Amerika.



Nach der heute vorherrschenden Ansicht entstand der moderne Mensch in Afrika und verbreitete sich erst später über die Welt (oben). Früher glaubten viele Anthropologen, der *Homo sapiens* habe sich auf mehreren Kontinenten aus dem *Homo erectus* entwickelt (unten).

Für die These vom afrikanischen Ursprung der heutigen Menschheit spricht inzwischen so viel, dass nur noch wenige Anthropologen eine abweichende Ansicht vertreten. Bevor die ersten populationsgenetischen Studien erschienen, glaubten viele Forscher noch, dass der *Homo sapiens* im Verlauf von 1,8 Millionen Jahren gleichzeitig auf mehreren Erdteilen aus den jeweils regionalen archaischen Menschen hervorgegangen war. Getrennte moderne Menschenarten seien in Afrika, Europa und Asien nur deswegen nicht entstanden, weil sich die Populationen zuweilen vermischten.

Auch wenn an solchen Thesen nur noch die wenigsten festhalten – folgenreiche Kontakte des *Homo sapiens* mit archaischen Menschen möchten manche Wissenschaftler nicht ausschließen. Dazu gehören Vinayak Eswaran vom Indian Institute of Technology in Kanpur (Indien), Henry C. Harpending und Alan A. Rogers von der University of Utah in Salt Lake City. Sie führten vor ein paar Jahren an vorliegenden genetischen Daten Simulationen durch und überprüften die statistischen Verfahren. Ihres Erachtens spricht manches dafür, dass sich die modernen Gruppen mit archaischen Arten wie *Homo erectus* durchaus ausgiebig vermischt haben könnten. Sogar bis zu 80 Prozent unseres Genoms könnten demnach mit deren Erbgut in Berührung gekommen sein. Wieso sehen Genetiker davon heute aber so wenig? Harpending stellt sich vor, dass die Neuankömmlinge teils vorteilhaftere Gene trugen, die etwa die Geburt erleichterten. Selektionsbedingt seien mit der Zeit die Spuren mancher der archaischen Erbanlagen wieder verschwunden. »Nach außen hin wirkt das dann, als stünde die Population den Überbringern dieser Gene näher als in Wahrheit.«

Fremde Gene in uns?

Zündstoff für solche Dispute liefern zum einen bestimmte Fossilien vom *Homo sapiens*, die einzelnen Experten zufolge in ein paar Details an ältere Menschenarten erinnern. Zum anderen wollen sich verschiedene genetische Einzelheiten bei heutigen Menschen in das klare Bild von unserer afrikanischen Herkunft nicht recht fügen. Und zwar erscheinen einige der genetischen Varianten als deutlich älter, als sie es sein dürften, wenn wir alle wirklich allein von einer homogenen Gruppe abstammen, die vor höchstens 200 000 Jahren lebte. Hat sich da vielleicht doch Genmaterial einer heute ausgestorbenen archaischen Menschenform eingekreuzt? Nach einer Arbeit von 2006 von Bruce T. Lahn und seinem Team von der University of Chicago weist eine Version des *Microcephalin*-Gens einen Haplotyp auf, den moderne Menschen vor 40 000

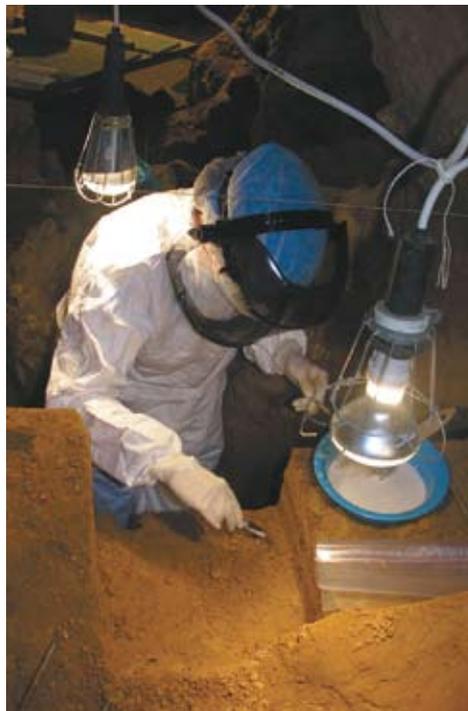


FOTO: EL SIDRON RESEARCH TEAM; NEANDERTALER: JAY H. MATTERNES

Bei Ausgrabungen von Neandertalerfossilien in der El-Sidrón-Höhle in Spanien tragen die Forscher eine Reinstraumausrüstung. Sie dürfen das Fundmaterial auf keinen Fall mit ihrer eigenen DNA verunreinigen.



Jahren von Neandertalern übernommen haben könnten. Dieses Gen bestimmt die Hirngröße mit.

Vielleicht erfahren wir schon demnächst mehr. Gespannt warten viele auf die Entzifferung und Analyse des Neandertalergenoms – ein Kooperationsprojekt des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie in Leipzig unter Svante Pääbo und der Firma 454 Life Sciences in Branford (Connecticut). Eine erste Version, die gut 60 Prozent des Genoms umfasste, haben die Forscher im Februar 2009 schon vorgelegt. Allerdings fanden sie bisher keine Anzeichen für eine Einkreuzung.

Bei der Handhabung von uralter DNA gilt es – was sehr schwer ist und die Forscher schon manches Mal täuschte –, unbedingt jegliche Verunreinigungen mit heutigem menschlichem Erbgut zu vermeiden. Das gelingt nur mit Reinraumverfahren. Heute benutzen Anthropologen möglichst schon beim Bergen solcher Fossilien komplette Schutzanzüge. Pääbos Team markiert die Fragmente vom Neandertalergenom vor der weiteren Bearbeitung inzwischen auch mit speziellen kurzen Erkennungssequenzen.

Nach früheren Schätzungen dürfte das Erbgut vom Neandertaler und das von modernen Menschen zu etwa 99,5 Prozent übereinstimmen. Der DNA-Vergleich mit unserem nächsten Vetter verspricht auch Aufschluss über Besonderheiten in unserer eigenen Evolution, so etwa über die Selektion spezieller Merkmale. »Die Neandertaler bieten einzigartige Möglichkeiten, mehr von unserer eigenen Evolu-

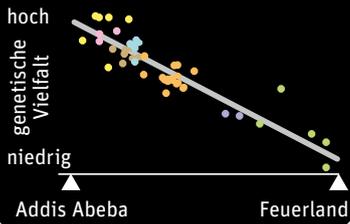
WAS DAS TELEFONBUCH VERRÄT

Viele Männer in Nordwestengland mit Nachnamen, die dort schon vor 400 Jahren gebräuchlich waren, haben offenbar skandinavische Vorfahren. Dies stellte Mark A. Jobling von der University of Leicester (England) beim Vergleich ihrer Y-Chromosomen fest. Das Erbe der Wikinger scheint sich durchzuprägen.

GENOM-GESCHICHTEN

Umfassende Vergleiche der Genome vieler Menschen liefern spannende Erkenntnisse über Verwandtschaft und genetische Vielfalt. Hier zwei global angelegte Arbeiten:

Je weiter die Entfernung von Äthiopien, desto geringer die genetische Vielfalt – hier gemessen an Haplotypen (DNA-Sequenzen mit denselben ausgetauschten Buchstaben).

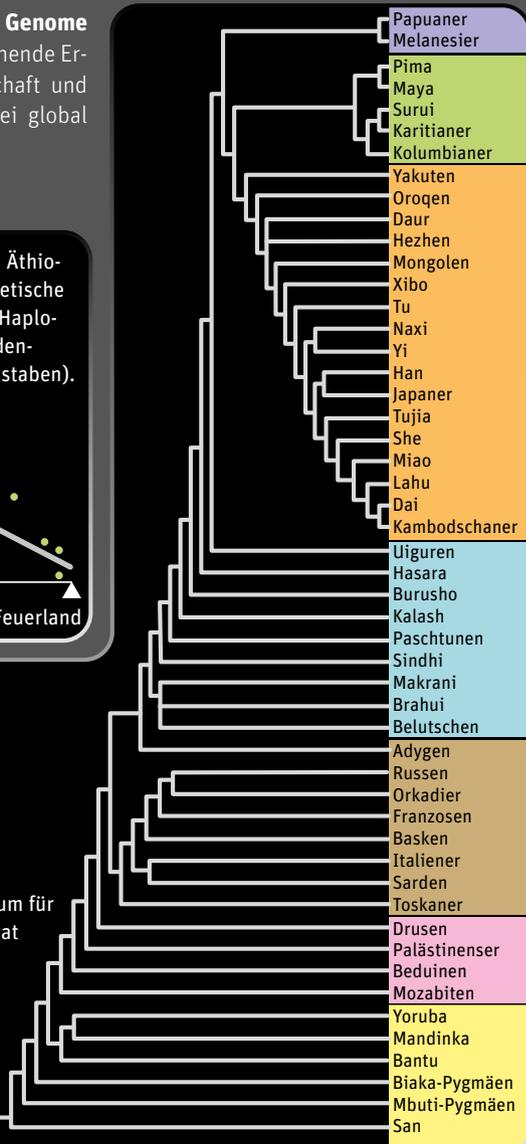


GEOGRAFISCHE REGION

- Ozeanien
- Nord- und Südamerika
- Ostasien
- Zentral- und Südasien
- Europa
- Mittlerer Osten
- Afrika

Dieser genetische Stammbaum für heutige Menschengruppen hat afrikanische Wurzeln.

gemeinsamer Vorfahre



Diese Karte stellt häufige Haplotypen in verschiedenen Farben dar. Die Vielfalt ist in Afrika am größten, in Amerika am geringsten. Auch kommen manche der Haplotypen nur in Afrika vor, unser aller Ursprungskontinent.



tion zu erfahren«, kommentiert Pääbo. »Sie sind unsere nächsten Verwandten. Technisch ist das Vorgehen zwar schwierig, doch wir haben zu ihrem Genom Zugang. Bei anderen Menschengruppen der Urzeit wird das kaum möglich sein.« Nach bisherigen Befunden unterscheidet sich das Y-Chromosom des Neandertalers klar von dem des modernen Menschen. »Bei keinem heutigen Menschen sieht es so aus wie beim Neandertaler«, betont Pääbo. Gleiches hatten die Forscher schon früher für das Mitochondriengenom festgestellt. Erst kürzlich gab das Team überdies bekannt, dass die Zahl der Neandertaler nur klein gewesen sein dürfte. Das schließen die Wissenschaftler aus der geringen genetischen Vielfalt der untersuchten Mitochondriengenome mehrerer Individuen aus verschiedenen Regionen des Verbreitungsgebiets.

Doch fand sich im Zellkerngenom bei Neandertalern aus Spanien auch eine Übereinstimmung: Sie besaßen dieselbe Variante des Gens *FOXP2* wie wir. Diese Erbanlage wirkt bei uns an der Ausbildung von Sprachfähigkeit mit. Nun ist die Frage: Trugen die Neandertaler dieses Gen schon immer? Oder hatten sie es durch Paarung mit modernen Menschen erworben? Oder waren nur die Proben verunreinigt?

In der »Nature«-Ausgabe vom Februar 2008 findet sich auch ein Artikel über genetische Anpassungen und andere Mutationen bei den modernen Menschen, nachdem sie Afrika verlassen hatten. Die Forscher dieser Studie hatten von 20 Amerikanern europäischer und 15 afrikanischer Abstammung 40 000 SNPs verglichen. Bei den Personen mit europäischen Vorfahren tauchten mehr ungünstige – potenziell schädliche – Versionen auf. Über spezifische gesundheitliche Auswirkungen wollten die Autoren zwar nicht spekulieren, doch zeigt ihr Befund den Preis einer geringeren genetischen Vielfalt. Carlos D. Bustamante von der Cornell University in Ithaca (New York) spricht von dem »populationsgenetischen Echo« der Besiedlung Europas. Seiner Ansicht nach waren die ersten modernen Menschen in Europa so gering an Zahl und genetisch so wenig vielfältig, dass sich anfangs vorhandene nachteilige Mutationen in der anwachsenden Bevölkerung gut verbreiten konnten. Gleiches mag für neu hinzugekommene Mutationen gegolten haben. Die Zeit bis heute war zu kurz, als dass die ungünstigen Varianten wieder hätten verschwinden können.

Andererseits lassen genomübergreifende Studien zunehmend auch vorteilhafte Neuanpassungen erkennen, die das Leben in den neu besiedelten Gebieten erleichterten, sei es bald nach der Ankunft in Eurasien oder teils

JEN CHRISTIANSEN, NACH: JUN Z. LIE ET AL., WORLDWIDE HUMAN RELATIONSHIPS INFERRED FROM GENOME-WIDE PATTERNS OF VARIATION, SCIENCE, 2008, RD. 319

MARTIN SOAVE, UNIVERSITY OF MICHIGAN

BITTE EIN WENIG DNA

In den Anfangszeiten der weltweiten DNA-Vergleichsstudien am Menschen peilten die Forscher ein Genominventar für 400 Populationen an, wobei jeweils 25 nicht miteinander verwandte Personen genetisches Material beisteuern sollten. Dieses Projekt scheiterte an der Finanzierung, aber auch am Widerstand indigener Bevölkerungen, die darin Biopiraterie witterten, etwa Ausbeutung durch Medikamentenpatente. 5000 Populationen wäre heute das Wunschziel der Populationsgenetiker.

Mittlerweile existiert in Paris das Human Genome Diversity Panel. Dort lagern immerhin Zellen von über 1000 Menschen aus mehr als 50 Populationen. Diese Sammlung stammt aus diversen Forschungsprojekten.

Das jüngere geografische Projekt visiert 100 000 Genome an. Auch dieses Vorhaben stößt bei indigenen Gruppen auf Vorbehalte, insbesondere in Amerika – trotz klarer Zusicherungen,



NATIONAL GEOGRAPHIC / DAVID EVANS

Im Tschad nimmt Spencer Wells für das geografische Projekt einen Abstrich von der Mundschleimhaut.

das das Material nicht medizinisch verwendet wird. Ob die Genetiker die Vielfalt der Menschheit jemals voll und in allen Nuancen erfassen können, ist zweifelhaft.

auch viel später, etwa als Landwirtschaft aufkam (siehe SdW Spezial 1/2009, S. 52). Die Forscher nutzen dazu gern den *International HapMap* genannten Katalog von Haplotypen (den das International Haplotype Map Consortium bereitstellt) mit darin enthaltenen 3,9 Millionen SNPs. Es handelt sich um Haplotypen von Menschen in Nigeria, China und Japan sowie von Nordamerikanern mit Vorfahren aus Nordwesteuropa.

»Rassen gibt es nicht«

Eine der Arbeiten, an der Henry Harpending mitwirkte, zeigte, dass sich unsere Evolution in den letzten 40 000 Jahren offenbar beschleunigte, denn die Rate genetischer Veränderungen stieg. Einer anderen Studie zufolge, die Pardis C. Sabeti vom Broad Institute in Cambridge (Massachusetts) und ihre Kollegen durchführten, greifen Selektionsprozesse auch heutzutage an hunderten Regionen des Genoms an. Solche Neuanpassungen an veränderte Umweltbedingungen reichen von Krankheitsresistenzen bis zu Hautfarbe, Behaarung und Schweißproduktion.

Ein weiteres solches Projekt leitete Lluís Quintana-Murci vom Pasteur-Institut in Paris. Die Forscher fanden für 580 Gene jeweils unterschiedliche Selektionsbedingungen in den im HapMap-Katalog erfassten Populationen. Manche dieser Erbanlagen spielen bei Diabetes, Fettsucht oder Bluthochdruck eine Rolle. Vielleicht hilft dies, die verschiedenen Verteilungsmuster mancher Krankheitsbilder zu erklären. Auch könnten solche Befunde neue Ansätze zur Medikamentenentwicklung bieten.

Forschungen zur Ausbreitungsgeschichte der Menschheit und zu unserer genetischen Vielfalt werfen natürlich schnell die alten Fra-

gen nach Rassen, Ethnien und deren genetischen Grundlagen auf. Was würde es bedeuten, wenn sich eine mit kognitiven Fähigkeiten assoziierte Genvariante fände, die zudem bei Europäern häufiger vorkäme als bei Afrikanern? Vor allem müssten wir begreifen, dass ein einzelnes Gen allein keinesfalls über die Intelligenz bestimmt, und uns vor voreiligen Schlüssen hüten (siehe SdW 7/2009, S. 74).

Aus genetischer Sicht würden Beschreibungen wie »Asiate« oder »Chinesen« von feineren Unterteilungen abgelöst. Zum Beispiel erweisen die Genomstudien, dass die nördlichen und südlichen Han-Chinesen zwei recht unterschiedliche Gruppen darstellen. »Rassen gibt es nicht«, betont Quintana-Murci. »Genetisch existieren nur geografische Gradienten. Deswegen besteht auch keine scharfe Abgrenzung etwa zwischen Europäern und Asiaten. Nirgends zwischen Irland und Japan tritt eine klare genetische Trennlinie auf, hinter der etwas plötzlich ganz anders ist.«

Die Reise der vergleichenden Genomforschung durch unsere Evolutionsgeschichte hat erst begonnen. Das Streben nach großen Datenmengen, noch leistungsfähigeren Computern und besseren Analysemethoden hört nicht auf. Anfang 2008 kündigte ein internationales Konsortium das 1000-Genome-Projekt an: Das Erbgut von 1000 Menschen aus unterschiedlichsten Regionen soll sequenziert und verglichen werden. Erste Ergebnisse sind schon zugänglich. Riesenvorhaben wie dieses, das vielleicht schon in zwei oder drei Jahren abgeschlossen sein wird, bieten so viele zuverlässige Daten, dass die Forscher inzwischen immer realistischere Modelle der menschlichen Evolution entwerfen und testen können. Vielleicht werden wir bald genauer wissen, wer wir sind und woher wir kommen. ◀



Gary Stix arbeitet in der Redaktion von »Scientific American«.

DeSalle, R., Tattersall, I.: Human Origins: What Bones and Genomes Tell Us about Ourselves. Texas A&M University Press, 2008.

»Evolution des Menschen II«, Spektrum-Dossier 1/2004.

Weaver, T. D., Roseman, C. C.: New Developments in the Genetic Evidence for Modern Human Origins. In: Evolutionary Anthropology 17, S. 69–80, 22. Februar 2008.

Weblinks zu diesem Thema finden Sie unter www.spektrum.de/artikel/1002940.