Anuschka Fenner und
Röbbe Wünschiers

15.5 Lösungen zu den Unterrichtsmaterialien

Material 1: Puzzle zur Genomsequenzierung

Aufgabe 1

Schneide die Textfragmente (Abb. 15.12 in Unterrichtsmaterialien) aus. Sie entsprechen sozusagen den bei der Genomsequenzierung entstehenden DNA-Fragmenten.

Lege nun die sich überlappenden Fragmente untereinander, sodass der ursprüngliche Satz (das ursprüngliche „Genom“) rekonstruiert wird.

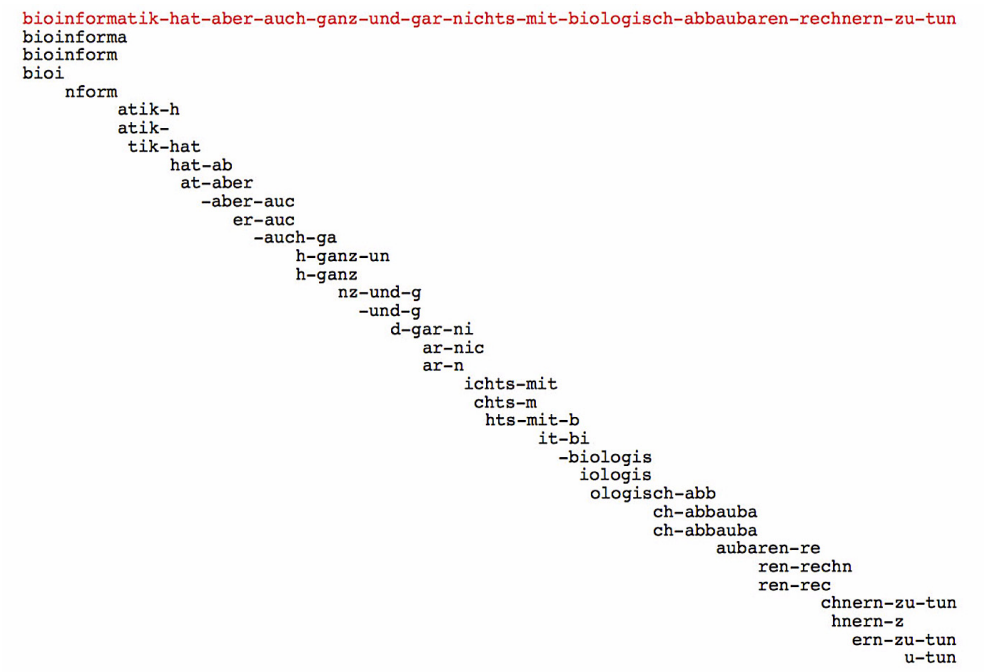


Abb. 15.34 Sequenzierungs-Puzzle. Rekonstruiertes „Genom“ aus „Sequenzierungsprodukten“ (Fragmenten).

15.5.1 Unterrichtsmaterialien für den 1. Unterrichtsabschnitt

Material 2: Ähnlichkeitsvergleich von Menschenaffen

Aufgabe 2

Führe einen Ähnlichkeitsvergleich der vier Menschenaffen anhand der hier dargestellten Merkmale durch (Tab. 15.1 in Unterrichtsmaterialien). Erstelle drei Bäume nach dem sogenannten Parsimonie-Prinzip. Welches Lebewesen ist demnach am nächsten verwandt mit dem Menschen?

Nach dem Parsimonie-Prinzip würde sich anhand der Daten aus Tabelle 15.1 ein „falscher Baum" ergeben (Abb. 15.35), wonach der Orang-Utan dem Menschen am nächsten verwandt wäre.

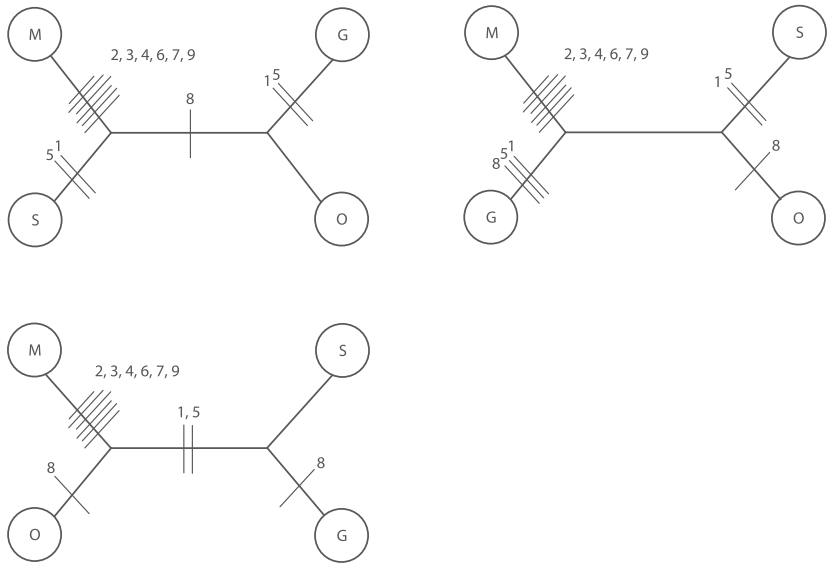
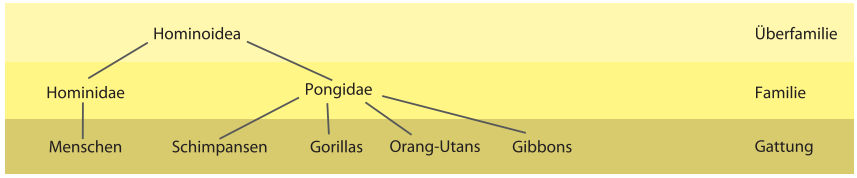


Abb. 15.35 Vergleich von drei möglichen ungewurzelten Bäumen für die vier Gruppen Mensch (M), Schimpanse (S), Gorilla (G) und Orang-Utan (O). Jeder Balken steht für eine „Merkmalsänderung" beziehungsweise die Zahl für ein morphologisches Merkmal (z.B. 1 = Knöchelgang; vgl. Tab. 15.1 in Unterrichtsmaterialien).

Material 3: Die Geschichte der Hominoiden-Taxonomie

Aufgabe 3

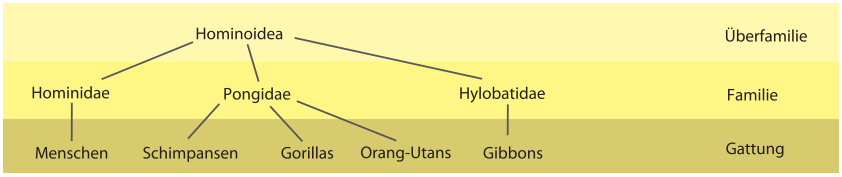
Stelle die beschriebenen Veränderungen in der Taxonomie der Hominoiden schrittweise anhand von Skizzen dar.



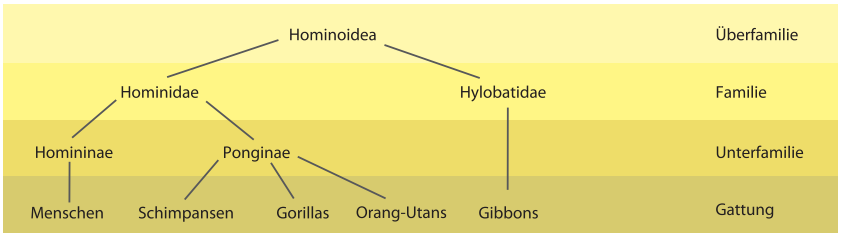
a

Abb. 15.36 Veränderungen in der Taxonomie der Hominoidea. a–g: siehe Text in Unterrichtsmaterialien 3

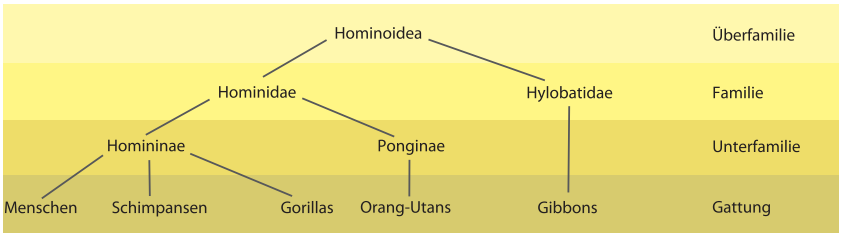
Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg



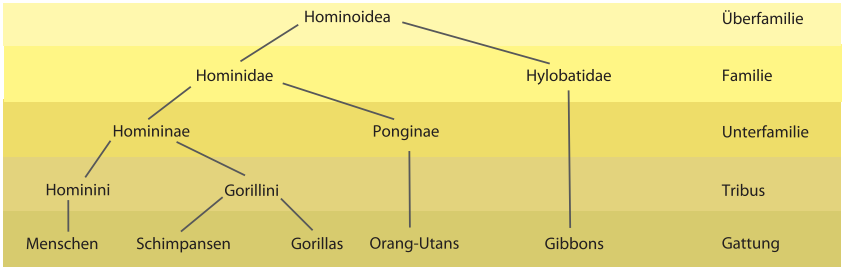
b



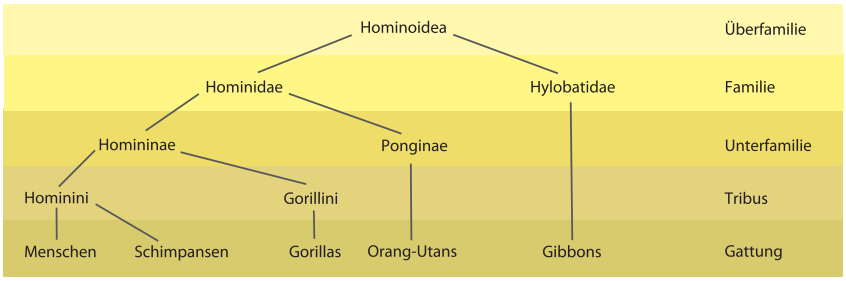
c



d

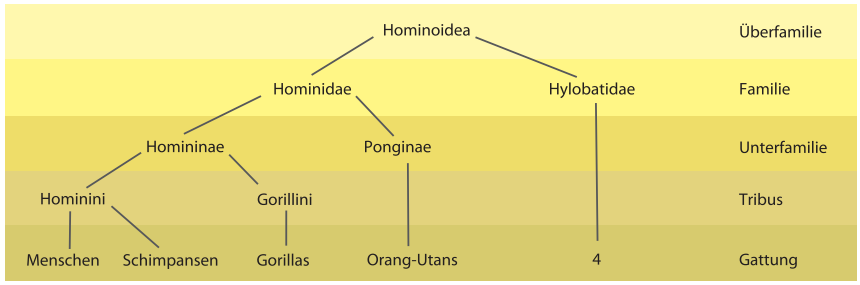


e



f

Abb. 15.36 Veränderungen in der Taxonomie der Hominoidea. a–g: siehe Text in Unterrichtsmaterialien 3



g

Abb. 15.36 Veränderungen in der Taxonomie der Hominoidea. a–g: siehe Text in Unterrichtsmaterialien 3

Aufgabe 4

Beschreibe die Probleme bei der Entwicklung der Taxonomie und begründe diese anhand der Materialien.

Das grundlegende Problem ist die Akzeptanz der nahen Verwandtschaft der Menschen mit den Menschenaffen, welches im Text auch als beunruhigend und gottlos bezeichnet wird. Zur Vermeidung der gemeinsamen Gruppierung von Menschen und Menschenaffen, mit Sicherheit auch aus religiösen Gründen, wurden unwissenschaftliche Kategorien wie die Vier- und Zweihänder eingeführt. In der Geschichte der Taxonomie waren aufgrund immer neuer Erkenntnisse Umstrukturierungen nötig und ständig wurde die Lösung der Frage der ersten Abspaltung von Gruppierungen gesucht und weiter verschoben. Es kam zur Bildung von Untergruppierungen wie Unterfamilien und Triben. Erst relativ spät (1990) wurden infolge von Ergebnissen aus DNA-Vergleichen die Schimpansen mit den Menschen gemeinsam in die Hominini eingeordnet.

Material 4: Chromosomen der Hominiden

Aufgabe 5

Betrachte Abbildung 15.13 (in Unterrichtsmaterialien) und vergleiche die Chromosomenbanden-Muster von Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan. Kennzeichne in der Abbildung markante Abweichungen beziehungsweise Mutationen. (Kleinere Abweichungen an den Chromosomenenden können vernachlässigt werden.)

Erstelle nun eine Tabelle, in der du die Chromosomennummern und die einzelnen Lebewesen aufführst. Vergebe für Abweichungen beziehungsweise Mutationen bei einem Lebewesen im Vergleich zu den anderen eine „1“, bei einem gleichen Chromosomenmuster eine „0“.

Abbildung 15.37 stellt eine Musterlösung dar. Hier sind nur die „offensichtlichen“ Abweichungen, vor allem durch Fusion und Inversion, gekennzeichnet.

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

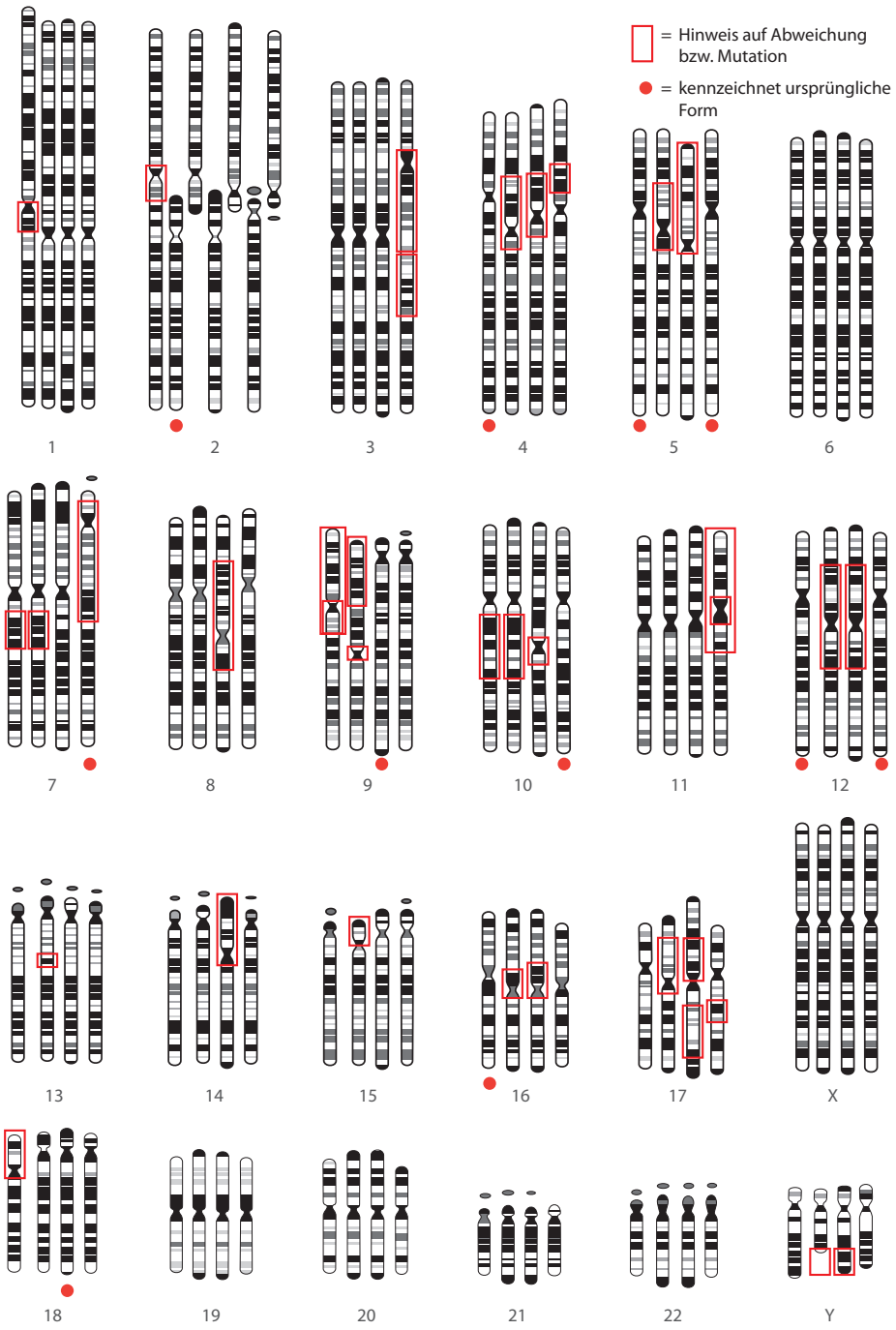


Abb. 15.37 Vergleich von Mutationen beziehungsweise Abweichungen der Chromosomenbanden-Muster der Hominiden (späte Prophase; nach Yunis und Prakash 1982). Es sind die Chromosomen von Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan dargestellt (von links nach rechts für jede Nummer). Nr. 2 – links Mensch, je zwei weitere Chromosomenstücke gehören zu den anderen Lebewesen.

Tab. 15.12: Chromosomenabweichungen beziehungsweise -mutationen im Vergleich (1 = Abweichung/Mutation). M = Mensch, S = Schimpanse, G = Gorilla, O = Orang-Utan

Chromosomen-Nr.	M	S	G	O
1	1	0	0	0
2	1	0	0	0
3	0	0	0	1
4	0	1	1	0
4	0	0	0	1
5	0	1	0	0
5	0	0	1	0
7	1	1	0	0
7	0	0	0	1
8	0	0	1	0
9	1	1	0	0
9	1	0	0	0
9	0	1	0	0
10	1	1	0	0
10	0	0	1	0
11	0	0	0	1
12	0	1	1	0
13	0	1	0	0
14	0	0	1	0
15	0	1	0	0
16	0	0	1	0
16	0	1	0	0
17	0	1	0	0
17	0	0	1	0
17	0	0	0	1
18	1	0	0	0
Y	0	0	0	1
Y	0	1	0	0
6, 19, 20, 21, 22, X	0	0	0	0

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Material 5: Prinzip eines Alignments

Aufgabe 6

Aligniere die folgenden beiden Sequenzpaare. Schreibe hierzu jeweils die beiden Sequenzen untereinander und finde mehrere Möglichkeiten für jedes Sequenzpaar.

- Sequenzpaar 1: CDGCD / CGC
- Sequenzpaar 2: ATGCGTCGGT / ATCCGCGTC

Tab. 15.13: Alignments des 1. Sequenzpaares

mögliche Anordnung der zweiten Sequenz						Score	Bemerkung
	C	D	G	C	D		
Variante a	-	-	C	G	C	(-2)+(-2)+(-1)+(-1)+(-1) = -7	
Variante b	-	C	-	G	C	(-2)+(-1)+(-2)+(-1)+(-1) = -7	
Variante c	-	C	G	-	C	(-2)+(-1)+1+(-2)+(-1) = -5	
Variante d	-	C	G	C	-	(-2)+(-1)+1+1+(-2) = -3	
Variante e	C	-	-	G	C	+1+(-2)+(-2)+(-1)+(-1) = -5	
Variante f	C	-	G	-	C	+1+(-2)+1+(-2)+(-1) = -3	
Variante g	C	-	G	C	-	+1+(-2)+1+1+(-2) = -1	höchster Score, bestes Alignment
Variante h	C	G	-	-	C	+1+(-1)+(-2)+(-2)+(-1) = -5	
Variante i	C	G	-	C	-	+1+(-1)+(-2)+1+(-2) = -3	
Variante j	C	G	C	-	-	+1+(-1)+(-1)+(-2)+(-2) = -5	

Tab. 15.14: Alignments des 2. Sequenzpaares (Beispiele)

mögliche Anordnung der zweiten Sequenz											Score (Kurzversion)	Bemerkung
	A	T	G	C	G	T	C	G	G	T		
Variante a	A	T	C	C	G	C	G	T	C	-	+4+(-5)+(-2) = -3	
Variante b	A	T	C	C	G	-	C	G	T	C	+6+(-3)+(-2) = +1	höchster Score, bestes Alignment
Variante c	A	T	-	C	C	G	C	G	T	C	+5+(-4)+(-2) = -1	

Aufgabe 7

Finde jeweils das beste Alignment, indem du einen Score berechnest.

siehe Lösung Aufgabe 6

Material 6: Sequenzvergleiche und Stammbaumerstellung am Beispiel des Cytochrom b

Aufgabe 8

Vergleiche die Aminosäure- und DNA-Sequenzen für das Protein Cytochrom b für die vier Lebewesen Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan. Trage deine Ergebnisse in Tabelle 15.3 (in Unterrichtsmaterialien) ein.

- *Homo sapiens*: Mensch
- *Pan troglodytes*: Gemeiner Schimpanse
- *Gorilla gorilla*: Westlicher Gorilla
- *Pongo abelii*: Sumatra-Orang-Utan

Aminosäuresequenzen von Cytochrom b im FASTA-Format

```
>gi|194303445|gb|AAB58955.3| cytochrome b [Homo sapiens]
MTPMRKTNPLMKLINHSFIDLPTPSNISAWWNFGSLLGACLILQITTGLFLAMHYSPDASTAFSSIAHIT
RDVNYGWIIRYLHANGASMFFICLFLHIGRGLYYGSFLYSETWNIGIILLLATMATAFMGYVLPWGQMSF
WGATVITNLLSAIPYIGTDLVQWIWGGYSVDSPTLTRFFTFHFILPFIIAALATLHLLFLHETGSNNPLG
ITSHSDKITFHPYYTIKDALGLLLFLLSLMTLTLFSPDLLGDPDNYTLANPLNTPPHIKPEWYFLFAYTI
LRSVPNKLGGVLALLLSILILAMIPILHMSKQQSMMFRPLSQSLYWLLAADLLILTWIGGQPVSYPFTII
GQVASVLYFTTILILMPTISLIENKMLKWA

>gi|5835134|ref|NP_008198.1|cytochrome b [Pan troglodytes]
MTPTRKINPLMKLINHSFIDLPTPSNISAWWNFGSLLGACLILQITTGLFLAMHYSPDASTAFSSIAHIT
RDVNYGWIIRYLHANGASMFFICLFLHIGRGLYYGSFLYLETWNIGIILLLTTMATAFMGYVLPWGQMSF
WGATVITNLLSAIPYIGTDLVQWVWGGYSVDSPTLTRFFTFHFILPFIITALTTLHLLFLHETGSNNPLG
ITSHSDKITFHPYYTIKDILGLFLFLLLILMTLTLFSPGLLGDPDNYTLANPLNTPPHIKPEWYFLFAYTI
LRSIPNKLGGVLALLLSILILTAIPVLHTSKQQSMMFRPLSQLLYWLLATDLLILTWIGGQPVSYPFITI
GQMASVLYFTTILILMPIASLIENKMLEWT

>gi|195952366|ref|YP_002120670.1| cytochrome b [Gorilla gorilla]
MTPMRKTNPLAKLINHSFIDLPTPSNISTWWNFGSLLGACLILQITTGLFLAMHYSPDASTAFSSIAHIT
RDVNYGWTIRYLHANGASMFFICLFLHIGRGLYYGSFLHQETWNIGIILLLTTMATAFMGYVLPWGQMSF
WGATVITNLLSAIPYIGTDLVQWVWGGYSVDSPTLTRFFTFHFILPFIITALTTLHLLFLHETGSNNPLG
IPSHSDKITFHPYYTIKDILGLFFFLLTLMTLTLFSPDLLGDPDNYTLANPLNTPPHIKPEWYFLFAYAI
LRSVPNKLGGVLALLLSILILTMIPILHMSKQQSMMFRPLSQLLYWFLIANLFTLTWIGGQPVSYPFITI
GQVASVLYFTTILFLMPITSLIENKMLKWT

>gi|1743307|emb|CAA66295.1| cytochrome b [Pongo abelii]
MTSTRKTNPLMKLINHSLIDLPTPSNISAWWNFGSLLGACLIIQITTGLFLAMHYSPDASTAFSSIAHIT
RDVNYGWMIRHLHANGASMFFICLFLHIGRGLYYGSFTHLETWNIGIILLFTTMMTAFMGYVLPWGQMSF
WGATVITNLLSAIPYIGTDLVQWVWGGYSVNSPTLTRFFTLHFMLPFIITALTTLHLLFLHETGSNNPLG
IPSHSDKITFHPYYTIKDILGLLLFLLALMTLTLLSPDLLSDPDNYTLANPLSTPPHIKPEWYFLFAYAI
LRSVPNKLGGVMALMLSILILTTIPALHMSKQQSMTFRPLSQFLYWLLIADLLILTWIGGQPVSYPFITI
SQVASTLYFTTILLLMPASSLIENHMLKWT
```


Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

DNA-Sequenzen von Cytochrom b im FASTA-Format

```
>gi|113200490:14747-15887 Homo sapiens Cytochrome b
ATGACCCCAATACGCAAAACTAACCCCCTAATAAAATTAATTAACCACTCATTCATCGACCTCCCCACCC
CATCCAACATCTCCGCATGATGAAACTTCGGCTCACTCCTTGGCGCCTGCCTGATCCTCCAAATCACCAC
AGGACTATTCCTAGCCATGCACTACTCACCAGACGCCTCAACCGCCTTTTCATCAATCGCCCACATCACT
CGAGACGTAAATTATGGCTGAATCATCCGCTACCTTCACGCCAATGGCGCCTCAATATTCTTTATCTGCC
TCTTCCTACACATCGGGCGAGGCCTATATTACGGATCATTTCTCTACTCAGAAACCTGAAACATCGGCAT
TATCCTCCTGCTTGCAACTATAGCAACAGCCTTCATAGGCTATGTCCTCCCGTGAGGCCAAATATCATTC
TGAGGGGCCACAGTAATTACAAACTTACTATCCGCCATCCCATACATTGGGACAGACCTAGTTCAATGAA
TCTGAGGAGGCTACTCAGTAGACAGTCCCACCCTCACACGATTCTTTACCTTTCACTTCATCTTGCCCTT
CATTATTGCAGCCCTAGCAACACTCCACCTCCTATTCTTGCACGAAACGGGATCAAACAACCCCCTAGGA
ATCACCTCCCATTCCGATAAAATCACCTTCCACCCTTACTACACAATCAAAGACGCCCTCGGCTTACTTC
TCTTCCTTCTCTCCTTAATGACATTAACACTATTCTCACCAGACCTCCTAGGCGACCCAGACAATTATAC
CCTAGCCAACCCCTTAAACACCCCTCCCCACATCAAGCCCGAATGATATTTCCTATTCGCCTACACAATT
CTCCGATCCGTCCCTAACAAACTAGGAGGCGTCCTTGCCCTATTACTATCCATCCTCATCCTAGCAATAA
TCCCCATCCTCCATATATCCAAACAACAAAGCATAATATTTCGCCCACTAAGCCAATCACTTTATTGACT
CCTAGCCGCAGACCTCCTCATTCTAACCTGAATCGGAGGACAACCAGTAAGCTACCCTTTTACCATCATT
GGACAAGTAGCATCCGTACTATACTTCACAACAATCCTAATCCTAATACCAACTATCTCCCTAATTGAAA
ACAAAATACTCAAATGGGCCT

>gi|5835121:14165-15305 Pan troglodytes Cytochrome b
ATGACCCCGACACGCAAAATTAACCCACTAATAAAATTAATTAATCACTCATTTATCGACCTCCCCACCC
CATCCAACATTTCCGCATGATGGAACTTCGGCTCACTTCTCGGCGCCTGCCTAATCCTTCAAATTACCAC
AGGATTATTCCTAGCTATACACTACTCACCAGACGCCTCAACCGCCTTCTCGTCGATCGCCCACATCACC
CGAGACGTAAACTATGGTTGGATCATCCGCTACCTCCACGCTAACGGCGCCTCAATATTTTTTATCTGCC
TCTTCCTACACATCGGCCGAGGTCTATATTACGGCTCATTTCTCTACCTAGAAACCTGAAACATTGGCAT
TATCCTCTTGCTCACAACCATAGCAACAGCCTTTATGGGCTATGTCCTCCCATGAGGCCAAATATCCTTC
TGAGGAGCCACAGTAATTACAAACCTACTGTCCGCTATCCCATACATCGGAACAGACCTGGTCCAGTGAG
TCTGAGGAGGCTACTCAGTAGACAGCCCTACCCTTACACGATTCTTCACCTTCCACTTTATCTTACCCTT
CATCATCACAGCCCTAACAACACTTCATCTCCTATTCTTACACGAAACAGGATCAAATAACCCCCTAGGA
ATCACCTCCCACTCCGACAAAATTACCTTCCACCCCTACTACACAATCAAAGATATCCTTGGCTTATTCC
TTTTCCTCCTTATCCTAATGACATTAACACTATTCTCACCAGGCCTCCTAGGCGATCCAGACAACTATAC
CCTAGCTAACCCCCTAAACACCCCACCCCACATTAAACCCGAGTGATACTTTCTATTTGCCTACACAATC
CTCCGATCCATCCCCAACAAACTAGGAGGCGTCCTCGCCCTACTACTATCTATCCTAATCCTAACAGCAA
TCCCTGTCCTCCACACATCCAAACAACAAAGCATAATATTTCGCCCACTAAGCCAACTGCTTTACTGACT
CCTAGCCACAGACCTCCTCATCCTAACCTGAATCGGAGGACAACCAGTAAGCTACCCCTTCATCACCATC
GGACAAATAGCATCCGTATTATACTTCACAACAATCCTAATCCTAATACCAATCGCCTCTCTAATCGAAA
ACAAAATACTTGAATGAACCT

>gi|195952353:14171-15311 Gorilla gorilla Cytochrome b
ATGACCCCTATACGCAAAACTAACCCACTAGCAAAACTAATTAACCACTCATTCATTGACCTCCCTACCC
CGTCCAACATCTCCACATGATGAAACTTCGGCTCACTCCTTGGTGCCTGCTTAATCCTTCAAATCACCAC
AGGGCTATTCCTAGCCATACACTACTCACCTGATGCCTCAACCGCCTTCTCATCAATCGCCCACATCACC
CGAGATGTAAACTATGGCTGAACCATCCGCTACCTCCACGCTAACGGCGCCTCAATATTCTTCATTTGCC
TCTTTCTACACATCGGCCGGGGCCTATACTACGGCTCATTTCTCCACCAAGAAACCTGAAACATCGGCAT
CATCCTCCTACTCACAACCATAGCAACAGCCTTCATAGGCTATGTCCTCCCATGAGGCCAAATATCCTTC
TGAGGGGCCACAGTAATCACAAACTTGCTATCCGCCATCCCGTACATCGGAACAGATCTAGTCCAATGAG
TTTGAGGTGGTTACTCAGTAGATAGCCCTACCCTTACACGATTCTTTACCTTCCACTTTATCCTACCCTT
CATTATCACAGCCCTAACAACCCTCCATCTCCTATTTCTACACGAAACAGGATCAAACAACCCTCTAGGC
ATCCCCTCCCACTCTGACAAAATCACCTTCCACCCCTACTACACAATCAAAGACATCCTAGGCCTATTCT
TCTTTCTCCTGACCTTGATAACATTAACACTATTCTCACCAGACCTCCTAGGAGACCCAGACAACTACAC
TTTAGCCAACCCCCTAAACACCCCACCCCACATCAAACCCGAATGATATTTCCTATTTGCCTACGCAATT
CTCCGATCTGTCCCCAATAAACTAGGAGGCGTCTTAGCTCTATTACTATCCATTCTCATCCTAACAATAA
TTCCTATTCTCCACATATCCAAACAACAAAGCATAATATTCCGCCCATTAAGCCAACTACTCTACTGATT
CCTAATCGCAAACCTCTTCACCCTAACCTGAATCGGAGGACAACCAGTAAGCTACCCCTTCATTACCATT
```

GGGCAAGTAGCATCCGTACTATACTTCACGACAATCCTATTCCTGATACCAATCACATCCCTGATCGAAA
ACAAAATACTCAAATGAACCT

>gi|1743294:14201-15341 Pongo abelii Cytochrome b
ATGACCTCAACACGTAAAACCAACCCACTAATAAAATTAATCAACCACTCACTTATCGACCTCCCCACCC
CATCAAACATCTCCGCATGATGGAACTTCGGCTCACTCCTAGGCGCCTGCTTAATCATCCAAATCACCAC
TGGACTATTCCTAGCTATACATTATTCACCAGACGCCTCCACTGCCTTTTCATCAATCGCCCACATCACT
CGAGATGTAAACTACGGCTGAATAATTCGCCACCTCCACGCTAACGGCGCCTCAATATTCTTTATCTGCC
TCTTCTTACATATCGGCCGAGGCCTATACTATGGCTCATTCACCCACCTAGAAACCTGAAACATCGGCAT
CATCCTACTATTTACAACTATAATAACAGCCTTCATAGGTTACGTCCTCCCATGAGGCCAAATATCCTTC
TGAGGAGCCACAGTAATCACAAATCTACTGTCCGCCATCCCATACATTGGAACAGACCTGGTCCAATGAG
TCTGAGGTGGCTACTCAGTAAATAGCCCCACTCTAACACGATTCTTCACCCTACACTTCATACTACCCTT
CATTATTACAGCCCTAACAACTCTACACCTCTTATTCCTACACGAAACAGGATCAAATAACCCCCTGGGA
ATCCCCTCCCATTCCGACAAAATCACCTTCCACCCCTACTACACAATCAAAGACATCCTAGGCCTACTCC
TTTTTCTCCTCGCCCTAATAACACTAACACTACTCTCACCAGACCTCCTAAGCGACCCAGACAACTACAC
CTTAGCTAACCCCCTAAGCACCCCACCCCACATTAAACCCGAATGATATTTCCTATTCGCCTACGCAATC
CTACGATCCGTCCCCAACAAACTAGGAGGTGTAATAGCCCTCATACTATCCATCCTAATCCTAACAACAA
TCCCTGCCCTTCACATGTCCAAGCAACAGAGCATAACATTTCGCCCATTGAGCCAATTCCTATATTGACT
TTTAATCGCCGACCTTCTAATTCTCACCTGAATTGGAGGGCAACCAGTAAGCTACCCCTTCATCACCATT
AGCCAAGTAGCATCCACATTGTACTTCACTACTATCCTTCTACTTATACCAGCCTCTTCCCTGATCGAAA
ACCACATACTCAAATGAACCT

Tab. 15.15: Ergebnisse des Vergleichs der Aminosäure- und DNA-Sequenzen des Cytochrom b von vier Lebewesen

		Anzahl Aminosäureunterschiede in der Aminosäuresequenz (Gesamtlänge: 380 Aminosäuren)			
Anzahl Basenunterschiede in der DNA-Sequenz (Gesamtlänge: 1141 Basenpaare)		Mensch	Schimpanse	Gorilla	Orang-Utan
	Mensch	–	25	28	42
	Schimpanse	132	–	26	39
	Gorilla	142	137	–	37
	Orang-Utan	174	164	164	–

Aufgabe 9

Erstelle einen Stammbaum nach der oben beschriebenen UPGMA-Methode anhand deiner ermittelten Daten (Tab. 15.3 in Unterrichtsmaterialien, paarweise Unterschiede der Aminosäure- und DNA-Sequenzen) als Distanzen.

Nach den Werten aus Tabelle 15.15 ergeben sich nach dem UPGMA-Verfahren folgende Werte beziehungsweise Stammbäume (Abb. 15.38a und 15.38b).

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Ermittlung der Distanzen aus Aminosäure-Sequenzunterschieden nach dem UPGMA-Verfahren:

- Paar mit den geringsten Unterschieden = Mensch (M) – Schimpanse (S)
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 25 / 2 = 12,5
- Mittelwerte bilden zu MS
  Gorilla (G): (28 + 26) / 2 = 27
  Orang-Utan (O): (42 + 39) / 2 = 40,5
- nächste geringste Unterschiede zu MS = Gorilla (G)
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 27 / 2 = 13,5
- nächste geringste Unterschiede zu MSG = Orang-Utan = (40,5 + 37) / 2 = 38,75
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 38,75 / 2 = 19,375

Überprüfungsmöglichkeit zur Stammbaumerstellung: Länge des längsten Astes (hier 19,375) ist gleich der Summe der Teiläste (12,5 + 1,0 + 5,875 = 19,375).

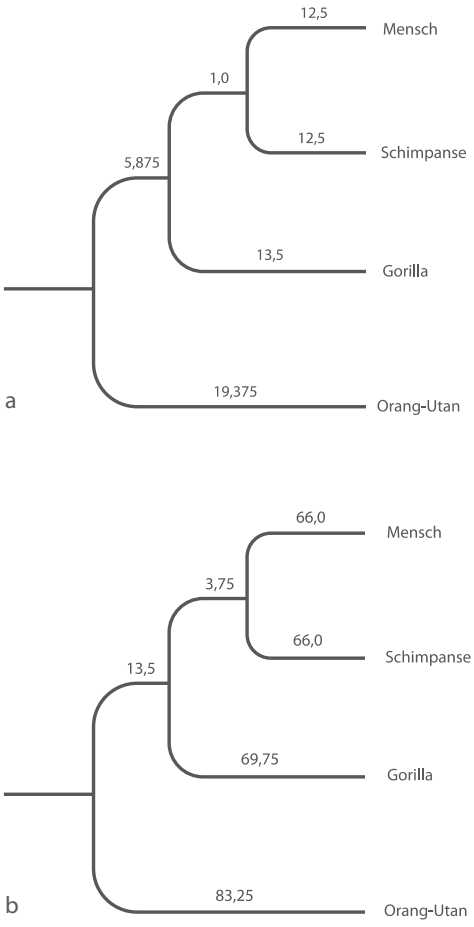


Abb. 15.38 Stammbaum des Cytochrom b von Mensch, Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan als Distanzen nach den paarweisen Sequenzunterschieden (UPGMA-Methode). a) anhand von Aminosäure-Sequenzunterschieden. b) anhand von DNA-Sequenzunterschieden

Ermittlung der Distanzen aus DNA-Sequenzunterschieden nach dem UPGMA-Verfahren:

- Paar mit den geringsten Unterschieden = Mensch (M) – Schimpanse (S)
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 132 / 2 = 66
- Mittelwerte bilden zu MS
  Gorilla (G): (142 + 137) / 2 = 139,5
  Orang-Utan (O): (174 + 164) / 2 = 169
- nächste geringste Unterschiede zu MS = Gorilla (G)
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 139,5 / 2 = 69,75
- nächste geringste Unterschiede zu MSG = Orang-Utan = (169 + 164) / 2 = 166,5
  Distanz zu gemeinsamen Vorfahren: 166,5 / 2 = 83,25

Überprüfungsmöglichkeit zur Stammbaumerstellung: Länge des längsten Astes (hier 83,25) ist gleich der Summe der Teiläste (66 + 3,75 + 13,5 = 83,25).

15.5.2 Unterrichtsmaterialien für den 2. Unterrichtsabschnitt

Material 7 : Vergleich mitochondrialer DNA-Sequenzen (hypervariable Region I)

Aufgabe 10

Ermittle die DNA-Sequenzen der unten aufgeführten Lebewesen, und zwar für die angegebenen Sequenzpositionen. Vergleiche die DNA-Sequenzen mithilfe des EBI-Softwaretools und trage deine Ergebnisse in die Tabellen ein. Berechne nun die Unterschiede in Prozent.

DNA-Sequenzen verschiedener Lebewesen im FASTA-Format

Somalia:EF060347,16078-16377
>gi|116241857:16078-16377 Homo sapiens isolate 36_M1a4(Tor185) mitochondrion, complete genome
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAACCCCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCTTCAACTATCACACATCAACTGCAACCCCAAAGCCACCCCTCACCCACTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGTACATAGCACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGTCCCCATGGATGACC

Vietnam: DQ981474, 16078-16377
>gi|114150373:16078-16377 Homo sapiens isolate VNM165 mitochondrion, complete genome
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCACCCCTCACCCATTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGCACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGCCCCCATGGATGACC

Deutschland: AF346983, 16077-16376
>gi|13272836:16077-16376 Homo sapiens mitochondrion, complete genome
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGCACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCACCCCTCACCCACTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGTCCCCATGGATGACC

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Frankreich: AF346981, 16078-16377
>gi|13272808:16078-16377 Homo sapiens mitochondrion, complete genome
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCACCCCTCACCCACTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGTCCCCATGGATGACC

Spanien: AF382011, 16076-16375
>gi|17985795:16076-16375 Homo sapiens haplotype U7 mitochondrion, complete genome
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAATTCCAAAGCCACCCCTCACCCACTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAATGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGTCCCCATGGATGACC

Neandertaler 1, Feldhofer Höhle, Deutschland: AY149291, 55-355
>gb|AY149291.1|:55-355 Homo sapiens neanderthalsensis mitochondrial D-loop hypervariable region I, partial sequence
AGCAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAATTACTTGA
CTACCTGCAGTACATAAAAACCTAATCCACATCAACCCCCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAA
TCAACCTTCAACTGTCATACATCAACTACAACTCCAAAGACACCCTTACACCCACTAGGATATCAACAAA
CCTACCCACCCTTGACAGTACATAGCACATAAAGTCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCC
TTCTCGCCCCCATGGATGACC

Neandertaler 2, Okladnikov Höhle, Sibirien: EU078680, 43-343
>gb|EU078680.1|:43-343 Homo sapiens neanderthalensis isolate Okladnikov control region, partial sequence; mitochondrial
AACAACCGCTATGTATCTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAATTACTTGA
CTACCTGTAGTACATAAAAACCTAACCCACATCAAACCCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAA
TCAACCTTCAACTGTCATACATCAACTACAACTCCAAAGACACCCTCACACCCACTAGGATATCAACAAA
CCTACCCACCCTTGACAGTACATAGCACATAAAGTCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCC
TTCTCGCCCCCATGGATGACC

Neandertaler 3, El Sidron, Spanien: DQ859014 , 1-301
>gb|DQ859014.1|:1-301 Homo sapiens neanderthalensis from Spain control region, partial sequence; mitochondrial
AGCAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACCATAATTACTTGA
CTACCTGCAGTACATAAAAACCTAATCCACACCAACCCCCCCCCCCCCATGCTTACAAGCAAGCACAGCAA
TCAACCTTCAACTGTCATACATCAACTACAACTCCAAAGACGCCCTTACACCCACTAGGATATCAACAAA
CCTACCCACCCTTGACAGTACATAGCACATAAAGTCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCC
TTCTCGCCCCCATGGATGACC

Cro-Magnon (fossiler Europäer, 23 000 Jahre alt): AY283027, 54-353
>gb|AY283027.1|:54-353 Homo sapiens isolate Paglicci 25 mitochondrial control region, partial sequence
AACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACGGTACCATAAATACTTGA
CCACCTGTAGTACATAAAAACCCAATCCACATCAAAACCCCCTCCCCATGCTTACAAGCAAGTACAGCAA
TCAACCCTCAACTATCACACATCAACTGCAACTCCAAAGCCACCCCTCACCCACTAGGATACCAACAAAC
CTACCCACCCTTAACAGTACATAGTACATAAAGCCATTTACCGTACATAGCACATTACAGTCAAATCCCT
TCTCGTCCCCATGGATGACC

Schimpanse: DQ367612, 63-360
>gi|87116872:63-360 Pan troglodytes troglodytes isolate CM81 D-loop, partial sequence; mitochondrial
ACAACCGCTATGTATTTCGTACATTACTGCCAGCCACCATGAATATTGTACAGTACTATAATCACTCAAC
TACCTATAACACATTAAACCCACCCCACATCACAACGTCCCCCCCATGCTTACAAGCACGTACAACAATC

AACCCTCAACTGTCACACATAAGACGCAACTCCAAAGACACCCCTCCCCCACCCCGATACCAACAAACCT
ACACTCCCTTAACAGTACATAGCACATACAACCGCACACCAGACATAGCACATTATAGTCAAATCCATTC
TCGTCCCCACGGATGCCC

Tab. 15.16: Gruppe 1: Ergebnisse der DNA-Sequenzvergleiche zwischen drei Menschen verschiedener Kontinente

Sequenzen		Sequenzlänge	Anzahl Unterschiede	Unterschied (%)
Somalia	Vietnam	300	9	3,00
Somalia	Deutschland	300	7	2,33
Vietnam	Deutschland	300	4	1,33

Tab. 15.17: Gruppe 2: Ergebnisse der DNA-Sequenzvergleiche zwischen drei Europäern

Sequenzen		Sequenzlänge	Anzahl Unterschiede	Unterschied (%)
Deutschland	Frankreich	300	1	0,33
Deutschland	Spanien	300	3	1,00
Frankreich	Spanien	300	2	0,67

Tab. 15.18: Gruppe 3: Ergebnisse der DNA-Sequenzvergleiche zwischen drei Neandertalern

Sequenzen		Sequenzlänge	Anzahl Unterschiede	Unterschied (%)
Neandertaler 1	Neandertaler 2	301	7	2,33
Neandertaler 1	Neandertaler 3	301	2	0,66
Neandertaler 2	Neandertaler 3	301	9	2,99

Tab. 15.19: Gruppe 4: Ergebnisse der DNA-Sequenzvergleiche zwischen eines modernen sowie fossilen Europäers und eines Neandertalers

Sequenzen		Sequenzlänge	Anzahl Unterschiede	Unterschied (%)
Deutschland	Cro-Magnon	300	1	0,33
Deutschland	Neandertaler 1	301	23	7,64
Cro-Magnon	Neandertaler 1	301	22	7,31

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Tab. 15.20: Gruppe 5: Ergebnisse der DNA-Sequenzvergleiche zwischen modernen Menschen verschiedener Kontinente, Neandertalern und einem Schimpansen

Sequenzen		Sequenzlänge	Anzahl Unterschiede	Unterschied (%)
Somalia	Neandertaler 1	301	18	5,98
Vietnam	Neandertaler 2	301	21	6,98
Vietnam	Schimpanse	301	49	16,28
Neandertaler 1	Schimpanse	309	60	19,42

Aufgabe 11

Vergleiche deine Ergebnisse und überlege, ob der Neandertaler ein direkter Vorfahre des modernen Menschen ist (multiregionales Modell versus Out-of-Africa-Modell). Begründe deine Meinung.

Die genetischen Unterschiede bezogen auf die Basenunterschiede der mtDNA sind

- zwischen modernen Menschen verschiedener Kontinente untereinander (2,22 %) beziehungsweise zwischen Neandertalern untereinander (1,99 %) vergleichbar gering;
- zwischen Menschen eines Kontinents (Europäer 0,67 %) untereinander geringer als zwischen Menschen verschiedener Kontinente (2,22 %);
- zwischen Neandertalern und modernen Menschen Afrikas beziehungsweise Asiens sehr hoch (6,48 %);
- zwischen Neandertalern und Europäern (7,64 %) vergleichbar hoch wie zwischen Neandertalern und modernen Menschen anderer Kontinente;
- zwischen dem Cro-Magnon-Mensch und einem modernen Europäer sehr gering (0,33 %), aber zwischen dem Cro-Magnon-Mensch und dem Neandertaler relativ hoch (7,31 %);
- zwischen modernen Menschen und Schimpansen beziehungsweise zwischen Neandertalern und Schimpansen deutlich höher (16,28 % beziehungsweise 19,42 %).

Anhand der Ergebnisse wird das multiregionale Modell verworfen (→ große Sequenzunterschiede zwischen modernen Menschen und Neandertalern) und das Out-of-Africa-Modell akzeptiert. Hiernach bildet der Neandertaler eine eigene ausgestorbene Art und ist kein Vorfahr des modernen Menschen. Die richtige Benennung wäre hiernach dementsprechend *Homo neanderthalensis* (siehe auch Lösung zu Zusatzaufgabe in Material 8).

Material 8: Erstellung eines Stammbaums und einer molekularen Uhr mithilfe von Sequenzvergleichen

Aufgabe 12

Trage in Tabelle 15.9 (in Unterrichtsmaterialien) die aus den Sequenzvergleichen ermittelten prozentualen Unterschiede ein. Verwende für den Vergleich „moderne Menschen – Neandertaler" die Mittelwerte aus den Tabellen 15.7 und 15.8 (in Unterrichtsmaterialien).

Tab. 15.21: Ergebnisse (prozentuale Unterschiede) der Sequenzvergleiche zwischen modernen Menschen, Neandertalern und Schimpanse

	Neandertaler	Schimpanse
moderne Menschen	6,87 %	16,28 %
Neandertaler		19,42 %

Aufgabe 13

Ergänze den Stammbaum (Abb. 15.26, Daten aus Tab. 15.9 in Unterrichtsmaterialien). Verfahre nach der UPGMA-Methode (Abb. 15.23 in Unterrichtsmaterialien).

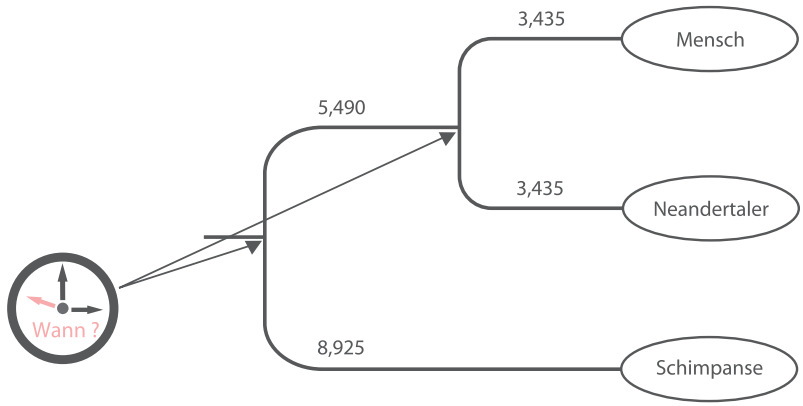


Abb. 15.39 Ergebnisstammbaum für prozentualen Sequenzvergleich zwischen modernen Menschen, Neandertaler und Schimpanse

Aufgabe 14

Berechnung einer molekularen Uhr: Archäologen benutzen eine Vielzahl unterschiedlicher Techniken, um das Alter von Fossilien zu bestimmen. Bei der Datierung von Menschenfossilien in Afrika haben Wissenschaftler herausgefunden, dass die ersten modernen Menschen vor ca. 200000 Jahren dort auftraten. Diesen Wert und die mittlere Abweichung von modernen Menschen untereinander kann man benutzen, um eine „molekulare Uhr" zu bestimmen.

Berechne anhand deiner Daten aus Tabelle 15.4 (in Unterrichtsmaterialien) die Zeit in Jahren, die es dauert, damit 1 % Unterschied zwischen den untersuchten mtDNA-Sequenzen (mtDNA = mitochondriale DNA) auftritt.

2,22 % (Mittelwert aus Tab. 15.16) = 200000 Jahre (erstes Auftreten des modernen Menschen beziehungsweise Auftrennen in verschiedene Entwicklungslinien)

1 % = 90090 Jahre

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht. Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Aufgabe 15

Aufspaltung von *Homo sapiens* und *Homo neanderthalensis*: Fossilien des Neandertalers wurden in Europa und im Mittleren Osten entdeckt. Anhand der Radiokarbon-Methode wurde die dünne Besiedlung von Europa durch die Neandertaler auf eine Zeit vor etwa 28000 Jahren datiert. Der Zeitpunkt des ersten Auftretens von *Homo neanderthalensis* beziehungsweise *Homo sapiens* in Europa kann so aber nicht genau bestimmt werden.

Betrachte deine Ergebnisse und gib an, vor wie vielen Jahren ein gemeinsamer Vorfahre der beiden Arten lebte.

Gemeinsamer Vorfahre von *Homo sapiens* und *Homo neanderthalensis*: 6,87 % = 618918 Jahre (zum Vergleich nach Green et al. 2008: 660000 ± 140000 Jahre)

Aufgabe 16

Gemeinsamer Vorfahre von Schimpanse und Menschenarten: Auf Fossilien basierend sind Wissenschaftler zu der Erkenntnis gelangt, dass sich die Entwicklungslinien, die zu Schimpansen und Menschenarten führten, vor etwa 8 Millionen Jahren getrennt haben.

Berechne anhand deiner Daten aus Tabelle 15.9 (in Unterrichtsmaterialien) und mithilfe der molekularen Uhr (Aufgabe 14), wann ein gemeinsamer Vorfahre von Schimpansen und Menschenarten gelebt hat.

Würde die molekulare Uhr „schneller" oder „langsamer" gehen, wenn du die Zeit von 8 Millionen Jahren als Grundlage zur zeitlichen Bestimmung der Entstehung der ersten modernen Menschen benutzt hättest?

Unter Verwendung der Ergebnisse aus Tabelle 15.21 und Aufgabe 14: Ein gemeinsamer Vorfahre von Schimpansen und Menschenarten hat gelebt vor etwa: 17,85 % = 1608107 Jahre

Dieser Wert weicht stark vom angenommenen Wert (8 000 000 Jahre) ab.

Würde man 8 Millionen Jahre als Grundlage nehmen, ergäbe sich hiermit, dass der moderne Mensch vor knapp 1 Million Jahren entstanden ist (wären 17,85 % = 8000000 Jahre, dann wären 2,22 % = 994958 Jahre).

Dieser Wert weicht ebenfalls extrem stark vom gegebenen ab (etwa 200000 Jahren; Aufgabe 14). Die molekulare Uhr würde bei dieser Art der Berechnung also „langsamer" gehen, das heißt, die Mutationsrate pro Zeiteinheit wäre geringer.

Zusatzaufgabe

Neuste Untersuchungen haben anhand der Analyse der Genom-DNA des Neandertalers gezeigt, dass Neandertaler und moderne Menschen sich doch vermischen konnten.

Recherchiere Fakten hierzu im Internet und stelle die Ergebnisse dieser Analyse zusammen. Nimm anhand der Ergebnisse Stellung zu der Frage, ob der Neandertaler eine eigene Art darstellt. Erweitere das entsprechende Modell zur Entstehung des modernen Menschen unter Berücksichtigung dieser Erkenntnisse (Aufgabe 11).

Fakten – Ergebnisse der Analyse des Neandertaler-Genoms (nach Green et al. 2010):

- Sequenzvergleiche von vier Individuen des Neandertalers verschiedener Fundorte weisen untereinander keine großen Unterschiede auf und lassen die Folgerung zu, dass die Neandertaler (in Eurasien) mit den heutigen Menschen gleich verwandt sind.
- Sequenzvergleiche durch Alignments liefern das Ergebnis, dass Genome von Neandertalern und einer Referenzsequenz des modernen Menschen sich autosomal um 12,7 % unterscheiden.
- Genome von modernen Menschen verschiedener Herkunft (Angehörige der San und der Yoruba aus Afrika, Menschen aus Papua-Neuguinea, China und Westeuropa [Frankreich]) unterscheiden sich zwischen 8,2 und 10,3 %.
  Somit ist der Unterschied im Vergleich zur Referenzsequenz im Neandertaler-Genom größer als bei jedem Genom der heutigen Menschen.
- Berechnungen anhand der DNA-Unterschiede zeigen, dass sich die Populationen des Neandertalers und des modernen Menschen vor 270000–440000 Jahren trennten.
- Vergleiche zeigen, dass die Neandertaler mehr abgeleitete Allele mit „Nicht-Afrikanern" als mit Afrikanern teilen. Die Erklärung, die hierfür nach dem Parsimonie-Prinzip naheliegt, ist, dass es zum Genaustausch zwischen Neandertalern und den Vorfahren der „Nicht-Afrikaner" kam.
- Unter der Annahme, dass ein Genfluss von dem Neandertaler zum modernen Menschen vor 50000–80000 Jahren auftrat, lässt sich ein Anteil an Neandertaler-DNA im Genom des modernen Menschen von 1–4 % ermitteln.

Schlussfolgerungen:

- Da sich moderne Menschen aus Europa und Asien gleichermaßen vom Neandertaler unterscheiden, muss es zu einer Vermischung vor der Auftrennung in diese Populationen im Mittleren Osten gekommen sein.
- Die Möglichkeit der Vermischung und das Vorhandensein von Neandertaler-DNA in uns lässt die weitere Schlussfolgerung zu, dass der Neandertaler und der moderne Mensch nicht zwei Arten sind, und der *Homo neanderthalensis* dann als *Homo sapiens neanderthalensis* zu bezeichnen ist.
- Das Out-of-Afrika-Modell kann entsprechend erweitert werden. Als gemeinsamer Vorfahre von Neandertalern und modernen Menschen wird *Homo erectus* angesehen. Die Abstammungslinie der modernen Menschen differenziert sich in die Vorfahren der Afrikaner und die Vorfahren der „Nicht-Afrikaner". Nur zwischen den Vorfahren der heutigen „Nicht-Afrikaner" und den Neandertalern findet ein relativ geringer Genfluss vom Neandertaler zu dem modernen Menschen statt, der dann entsprechend als Pfeil in das Modell eingezeichnet werden kann.

Material 9: Simulation einer molekularen Uhr

Aufgabe 17

Führt 30 Runden der Simulation durch. Tragt in eine Tabelle die Anzahl der Unterschiede gegen die Runden (Mutationsereignisse) auf.

Tab. 15.22: Beispielergebnis einer Simulation

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20		Unterschiede
1a	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	4	4	4	3		
1b	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	4	2	4	4		2

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

Tab. 15.22: Beispielergebnis einer Simulation (Fortsetzung)

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20		Unterschiede
2a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	4	4	4	3		
2b	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	4	2	4	4		3
3a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	4	4	4	3		
3b	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	3	3	3	4	3	4	4	2	4	4		4
4a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	3	4	4	3		
4b	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	4	3	3	4	3	4	4	2	4	4		6
5a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	3	4	4	3		
5b	1	1	1	1	1	2	1	2	2	2	4	3	3	4	3	4	4	2	4	4		7
6a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	4	3	4	4	3		
6b	1	1	1	1	1	4	1	2	2	2	4	3	3	4	3	4	4	2	4	4		8
7a	1	1	1	2	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
7b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	4	3	3	4	3	4	4	2	4	4		10
8a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
8b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	4	3	3	4	3	4	4	3	4	4		10
9a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
9b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	4	3	3	4	2	4	4	3	4	4		11
10a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	2	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
10b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	1	3	3	4	2	4	4	3	4	4		11
11a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	4	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
11b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	1	3	3	4	2	4	4	3	4	3		11
12a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	4	3	3	3	3	3	2	3	4	4	3		
12b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	1	1	3	4	2	4	4	3	4	3		12
13a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	4	3	3	4	3	3	2	3	4	4	3		
13b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		12
14a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	4	3	3	4	3	3	2	3	4	4	3		
14b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		12
15a	1	1	1	4	1	2	2	2	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
15b	1	3	1	1	1	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		11
16a	1	1	1	4	1	2	4	2	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
16b	1	3	1	1	2	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		12
17a	1	1	1	4	1	2	4	4	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
17b	1	3	1	1	2	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		13
18a	1	1	1	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
18b	1	3	1	3	2	4	1	2	2	2	3	1	3	4	2	4	4	3	4	3		13
19a	1	1	1	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
19b	1	3	1	3	2	4	1	2	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	3		13

Tab. 15.22: Beispielergebnis einer Simulation (Fortsetzung)

Position	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20		Unterschiede
20a	1	1	1	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	4	4	3		
20b	1	3	1	3	2	4	1	2	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	3		13
21a	1	1	1	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
21b	1	3	1	3	3	4	1	2	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	3		13
22a	1	1	2	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
22b	1	3	1	3	3	4	1	2	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	3		14
23a	1	1	2	4	1	2	4	1	2	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
23b	1	3	1	3	3	4	1	2	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	1		15
24a	1	1	2	4	1	2	4	1	3	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
24b	1	3	1	3	3	4	1	3	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	1		16
25a	1	1	2	4	1	2	4	1	3	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
25b	1	3	1	3	3	4	1	3	2	2	3	4	3	4	2	4	4	3	4	1		16
26a	1	1	2	4	1	2	4	1	3	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
26b	1	3	1	2	3	4	1	3	2	2	3	4	3	4	2	4	4	4	4	1		16
27a	1	1	2	4	1	2	4	1	3	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
27b	1	1	1	2	3	4	1	3	2	2	3	4	3	4	2	4	4	4	4	1		15
28a	1	1	2	4	1	2	4	1	4	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
28b	1	1	1	2	3	4	1	3	2	2	2	4	3	4	2	4	4	4	4	1		16
29a	1	2	2	4	1	2	4	1	4	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
29b	1	1	1	2	3	1	1	3	2	2	2	4	3	4	2	4	4	4	4	1		17
30a	1	2	2	4	1	2	4	1	4	4	3	3	4	3	3	2	4	2	4	3		
30b	1	1	1	3	3	1	1	3	2	2	2	4	3	4	2	4	4	4	4	1		17

Aufgabe 18

Zeichnet mithilfe eurer Ergebnisse eine Kurve (X-Achse = Runde, Y-Achse = Unterschiede zwischen 1. und 2. Reihe) und erklärt den Kurvenverlauf.

Die Anzahl der Unterschiede zwischen den beiden Kartenreihen (Abweichungen zwischen den „DNA"-Sequenzen) ist kleiner als die Zahl der Runden (Mutationsereignisse). Nur zu Anfang gibt es eine gewisse Linearität zwischen „Unterschiede" und „Runden" (Voraussetzung für die Gültigkeit einer molekularen Uhr). Danach gibt es deutlich weniger Unterschiede als Mutationsereignisse – die Kurve „wächst" langsamer als zuvor.

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg

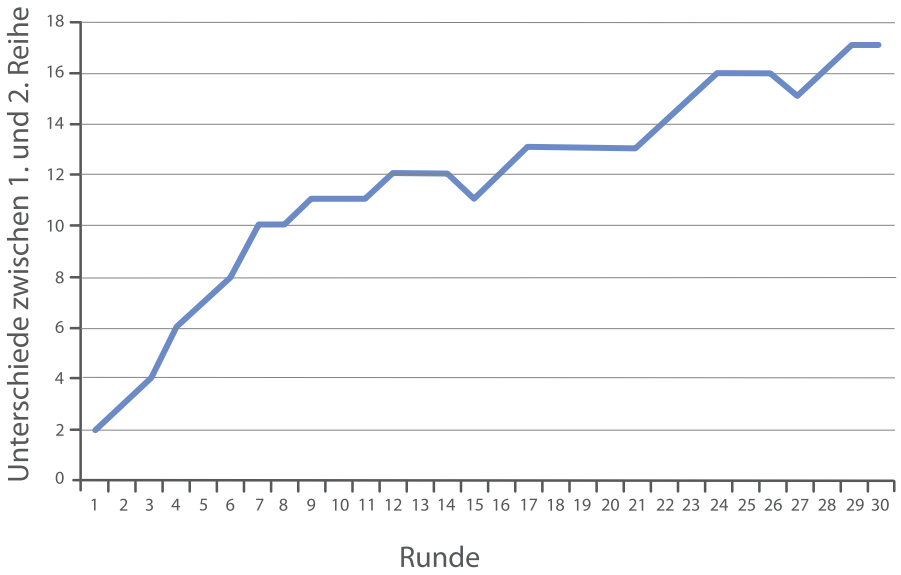


Abb. 15.40 Beispielkurvenverlauf der Simulation einer molekularen Uhr. Unterschiede zwischen 1. und 2. Reihe = Abweichungen zwischen den „DNA"-Sequenzen, Runde = Mutationsereignisse

Aufgabe 19

Folgert, für welchen Zeitabschnitt diese molekulare Uhr „richtig" geht.

Die simulierte molekulare Uhr geht nur für den Anfang „richtig" (hier bis etwa Runde 7 mit zwei kleinen Knicken).

Aufgabe 20

Erkläre mithilfe deines Wissens über molekulare Uhren nun Abbildung 15.27 (in Unterrichtsmaterialien).

Tab. 15.23: Vergleich der Sequenzen nach zwölf Mutationsereignissen

	Sequenz														**Anzahl Basenunterschiede**
Ursprungssequenz	A	C	T	G	A	A	C	G	T	A	A	C	G	C	
homologe Sequenz 1	A	**A**	T	G	A	A	**A**	G	**A**	A	**T**	C	G	C	4
homologe Sequenz 2	A	C	T	G	**T**	A	**G**	G	**A**	A	**T**	C	G	C	4

Beide homologen Basensequenzen weisen im Vergleich zur Ursprungssequenz vier Basenunterschiede auf, obwohl sie nicht gleich sind und zwölf Mutationsereignisse stattgefunden haben. Diese geringeren Unterschiede sind nur durch Rückmutationen oder mehrfache Mutationen an derselben Position erklärbar (vgl. Ergebnisse der Aufgabe 18).

15.5.3 Unterrichtsmaterialien für den 3. Unterrichtsabschnitt

Material 10: Meine DNA – Extraktion von DNA aus Mundschleimhautzellen

Individuelle Schülerleistungen

Material 11: Woher stammt diese DNA?

Aufgabe 21

Analysiere deine unbekannte mtDNA wie beschrieben und finde ihre Haplogruppe heraus.

Aufgabe 22

Recherchiere über „deine" Haplogruppe im Internet.

Erstelle anhand deiner Ergebnisse ein ansprechend gestaltetes Zertifikat, welches mindestens folgende Informationen enthält: Probennummer (z. B. 12), Abweichungen zur Referenzsequenz, zugeordnete Haplogruppe, Informationen über die Haplogruppe, Weg der Haplogruppe aus Afrika (Karte). Anregungen hierzu findest du bei deiner Internetrecherche.

Das Zertifikat wird nun über die Lehrkraft an den „Einsender" zurückgeschickt, welcher das Rätsel der Sequenz auflösen kann.

Aufgabe 23

Die Ergebnisse sollen miteinander verglichen und diskutiert werden. Hierbei solltet ihr auch Sinnhaftigkeit, Nutzen und Risiken von solchen mtDNA-Analysen und eine damit verbundene Datensammlung thematisieren.

Aufgabe 21–23: Individuelle Schülerleistungen

Dreesmann D, Graf D, Witte K (2011) Evolutionsbiologie – Moderne Themen für den Unterricht.
Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg