

Daten vom Erbgut verschiedener Neandertaler

Fossilien von Neandertalern und archäologische Untersuchungen an deren Hinterlassenschaften erlauben heute einen durchaus differenzierten Einblick in ihren Körperbau und ihre Lebensweise. Seit den Pionierarbeiten zur Analyse von Nukleinsäuren aus Fossilien liefern auch genetische Studien an fossilen Knochen von Neandertalern Beiträge zu unseren Vorstellungen von diesen Menschen. So legten KRINGS et al. (1997) erste DNA-Sequenzen aus mitochondrialer DNA (mtDNA) vom Typfossil des Neandertalers vor. Der technische Fortschritt in der Analyse von DNA aus fossilen Proben (MILLAR et al. 2008) ist auch darin dokumentiert, dass GREEN et al. (2008) die erste vollständige mitochondriale DNA-Sequenz veröffentlicht haben.

Nach Angaben von A. BRIGGS hätte die Analyse eines weiteren mitochondrialen Genoms (komplette DNA-Sequenz der Mitochondrien) mit den bisher verfügbaren Technologien ca. 400 Millionen \$ erfordert. Er hat jedoch neue Methoden entwickelt, die es erlauben, die mtDNA eines Neandertalers für nur ca. 8000 \$ zu sequenzieren (PENNISI 2009). Nun legen BRIGGS et al. (2009) eine vergleichende Studie an mtDNA von Neandertalern vor, für die fünf vollständige DNA-Sequenzen aus deren Mitochondrien erstellt worden sind.

Ausgangsmaterial für die Studie waren vergleichsweise gut erhaltene Fossilien von Neandertalern aus Russland (Mezmaiskaya-Höhle), Kroatien (Vindija-Höhle), Spanien (El Sidron-Höhle), sowie Fossilien von zwei Individuen aus der kleinen Feldhofer Grotte im Neandertal bei Düsseldorf. Den Fossilien werden Alter von ca. 38 000 bis 70 000 Jahre zugeordnet. Als Referenz diente die mtDNA-Sequenz eines weiteren Neandertalerfossils aus der Vindija-Höhle (Kroatien) (GREEN et al. 2008).

Die entscheidende technische Entwicklung von BRIGGS besteht darin, dass er aus einem Extrakt, das aus einer unübersehbar komplexen Mischung verschiedenster DNA-Fragmente (DNA aus Mikroben, von modernen Menschen, DNA aus dem Zellkern) besteht, durch einen molekularbiologischen Trick (Primer extension capture, PEC) die Fragmente aus fossiler mtDNA sehr stark anreichern kann. Mit PEC konnten Proben gewonnen werden, die zu 18,2 – 40,2% aus mitochondrialer DNA bestehen (dies entspricht einer Anreicherung um das 3640 – 80400 fache).

Ein Vergleich der mitochondrialen Genome weist bei 16 565 Basenpaaren (bp) 55 variable Posi-

tionen auf. Durchschnittlich unterscheiden sich die sechs mtDNA der Neandertaler um 20,2 bp voneinander. Im Vergleich dazu weichen die mitochondrialen Genome moderner Menschen um das Dreifache voneinander ab, wenn man von global verteilten Proben ausgeht. Verglichen mit modernen Europäern sind die individuellen Abweichungen der mtDNA-Sequenzen der Neandertaler um 37% geringer.

BRIGGS et al. versuchten mit statistischen Methoden die „effektive Populationsgröße“ der Neandertaler zu ermitteln. Diese kann man bei Zugrundelegung bestimmter Modelle anhand der Variation von DNA-Sequenzen bestimmen. So ergibt sich für Schweden bei einer Bevölkerung von ca. 9 Millionen eine effektive Population (der Anteil, der zur Fortpflanzung beiträgt) von 100 000. Die effektive Populationsgröße der Neandertaler wurde mit 3500 an der Fortpflanzung beteiligten weiblichen Neandertalerinnen (oder 7000 weiblichen und männlichen Individuen insgesamt) bestimmt. Das lässt auf eine wirkliche Populationsgröße von ca. 70 000 Neandertalern schließen, was einer vergleichsweise kleinen Population entspricht. Diese eher geringe Größe der Population von Neandertalern könnte für ihr Aussterben von Bedeutung gewesen sein.

Phylogenetische Analysen der neuen Daten bestätigen bisherige Vorstellungen zur Ähnlichkeit von Neandertalern mit modernen Menschen und anderen Primaten. Die mtDNA-Daten separieren die Neandertaler von modernen Menschen – und zwar sowohl von den Afrikanern als auch von den Nicht-Afrikanern, gleichzeitig sind aber Neandertaler und moderne Menschen gemeinsam klar von anderen Primaten (Schimpanse und Bonobo) getrennt. Die bisher vorliegenden Studien basieren auf vergleichsweise wenigen Genomdaten. Sie bedürfen einer Bestätigung durch weitere Untersuchungen. Die dazu nötigen Methoden und Techniken liegen inzwischen vor, wie BRIGGS et al. (2009) eindrucksvoll zeigen, und so darf man gespannt sein auf die bereits angekündigten Arbeiten über DNA-Sequenzen aus dem Zellkern von Neandertalern.

[BRIGGS AW, GOOD JM et al. (2009) Targeted retrieval and analysis of five Neandertal mtDNA genomes. *Science* 325, 318-321; GREEN RE et al. (2008) A complete Neanderthal mitochondrial genome sequence determined by high-throughput sequencing. *Cell* 134, 416-426; KRINGS M, STONE A, SCHMITZ RW, KRAINITZKI H & PÄÄBO S (1997) Neandertal DNA sequence and the origin of modern humans. *Cell* 90, 19-30; MILLAR CD, HUYNEN L, SUBRAMANIAN S, MOHANDESAN E & LAMBERT DM (2008) New developments in ancient genomics. *Trends Ecol. Evol.* 23, 386-393; PENNISI E (2009) Sequencing Neandertal mitochondrial genomes by the half-dozen. *Science* 325, 252.] H.Binder