

Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1%-Mythos“

Die Flut von DNA-Sequenzdaten nimmt zu und die Vielzahl von Publikationen über genetische Analysen ist unüberschaubar. Diese Entwicklung darf jedoch nicht darüber hinwegtäuschen, dass wir uns erst im Vorfeld eines Verständnisses von der Organisation genetischer Information und deren Bedeutung für einen Organismus befinden. Das wurde nicht zuletzt durch die jüngste Veröffentlichung des ENCODE-Project-Consortiums deutlich (ENCODE: ENCyclopedia Of DNA Elements). Darin legen Mitarbeiter aus 35 kooperierenden Arbeitsgruppen die bisher umfangreichsten Untersuchungen von ca. 30 Mb (Megabasen, Millionen Basen) des menschlichen Genoms vor (dies entspricht etwa 1% des gesamten Erbguts). Diese Resultate eröffnen neue Einsichten, u. a.: Das menschliche Genom wird fast durchgängig transkribiert, d.h. die allermeisten Basen werden in RNA umgeschrieben; „nicht codierende“ Abschnitte wurden identifiziert, die entgegen bisheriger Annahmen ebenfalls transkribiert werden. Für zahlreiche Sequenzabschnitte, die bisher als funktionslos angesehen wurden, konnten regulatorische Eigenschaften aufgezeigt werden. Mit anderen Worten: Der seit Beginn der Sequenzierungsaktivitäten häufig verwendete Begriff „junk-DNA“ („DNA-Müll“, womit man einen erheblichen Anteil z.B. des menschlichen Genoms bezeichnete, der ohne Funktion zu sein schien) war voreilig und kann als Hinweis auf unsere Unwissenheit aufgefasst werden. Damit ist auch ein häufig angeführtes Argument gegen „Intelligent Design“ hinfällig geworden, wonach funktionsloses Design gegen Schöpfung spreche. Die ausgesprochen populäre Evolutionsdeutung von unverständlicher DNA als „evolutionärer Müll“ erweist sich zunehmend als irreführend. Glücklicherweise hat sich die empirische biologische Forschung von dieser evolutionären Spekulation nicht beeindrucken lassen und ist dabei, den Irrtum aufzuklären.

1% Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse?

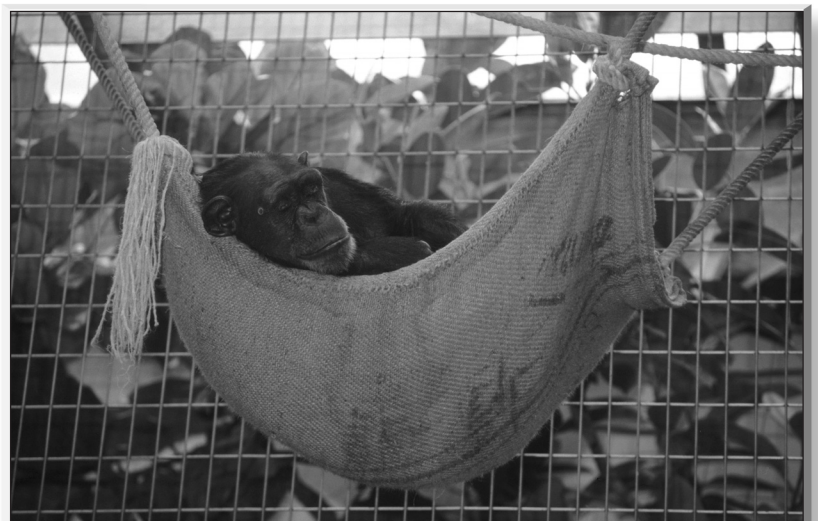
Ähnlich wie der Begriff vom „DNA-Müll“ hat sich auch die vermeintliche Tatsache von der weitgehenden Übereinstimmung zwischen dem Genom des Menschen (*Homo sapiens*) und des Schimpansen (*Pan troglodytes*) im Allgemeinwissen eingenistet; der genetische Unterschied soll gerade mal 1% betragen.

Die Behauptung der ca. 99%-igen Übereinstimmung der Genome von Mensch und Schimpanse wurde erstmals von WILSON & KING (1975) in einem *Science*-Artikel aufgestellt. Damals erregte

dieser erstaunlich geringe Unterschied Aufsehen. Bei aufmerksamer Lektüre der Veröffentlichung von WILSON & KING fällt jedoch auf, dass die beiden Autoren vermuten, neben den Genen (bekannte codierende Sequenzabschnitte) müssen weitergehende Differenzen vorliegen, die ursächlich für die auffälligen Unterschiede z.B. in Anatomie und Verhalten sind. Sie dachten dabei vor allem an genregulatorische Prozesse.

Nachfolgende Untersuchungen unterstützten die weitgehende genetische Übereinstimmung der beiden Primaten. Als 2005 vom *Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium* die Sequenz des Schimpansengenoms veröffentlicht wurde (KING war im Autorenteam), bestätigten diese Untersuchungen die auffällige Übereinstimmung: der Vergleich von $2,4 \cdot 10^9$ Basen der beiden Arten ergab eine Differenz von 1,23%. In der Publikation wurde jedoch ebenfalls vermerkt, dass diese Angabe ausschließlich den Austausch einzelner Basen berücksichtigt, nicht jedoch die vielen größeren Genomabschnitte, die eingefügt (Insertion) bzw. herausgeschnitten (Deletion) worden sind. Diese Bereiche werden häufig als „indels“ bezeichnet. Berücksichtigt man diese „indels“, so ergibt sich nach Berechnungen des Schimpansen-Konsortiums eine Differenz von zusätzlich 3%. Weitere vergleichende Untersuchungen zwischen dem menschlichen Erbgut und dem Schimpansengenom relativierten die Angabe von ca. 1% Unterschied zunehmend und veranlassten COHEN (2007), in einem *Science*-Artikel vom „Mythos“ dieses 1%-igen Unterschieds zu sprechen.

Abb. 1: Dem Menschen genetisch doch nicht so nahe: Der Schimpanse. (Zoo Basel; Foto: Richard WISKIN)



Doch nicht nur „indels“ vergrößern den Unterschied zwischen den beiden Genomen. Auch ganze Gene werden dupliziert oder eliminiert. Diese Vorgänge verursachen nach Berechnungen von HAHN und Mitarbeitern (2006) einen Unterschied von 6,4%. Nach Ansicht der Autoren spielten Genduplikationen (Verdoppelungen) und Genverluste bei der Entwicklung von spezifisch menschlichen Phänotypen (äußere Gestalt) eine größere Rolle als der Austausch von Basen und ganz sicher eine größere Rolle, als man bisher geschätzt hat.

GESCHWIND hat gemeinsam mit Mitarbeitern untersucht, welche von 4000 Genen in bestimmten Arealen des Gehirns gleichzeitig angeschaltet (exprimiert) werden und aus den gewonnenen Daten ein Gen-Netzwerk für verschiedene Organismen konstruiert. Die Autoren berichten, dass im Cortex beim Menschen 17,4% der Vernetzungen spezifisch sind und beim Schimpansen nicht auftreten (GESCHWIND et al. 2006).

Abschließend zitiert COHEN Svante PÄÄBO vom Max Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig; dieser antwortete auf die Frage, ob man unter Berücksichtigung aller bekannten Daten den Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse genau beziffern könne: Er glaube nicht, dass es eine Möglichkeit gebe, eine Zahl zu berechnen. Weiter wird PÄÄBO mit der Aussage zitiert: „In the

end, it's a political and social and cultural thing about how we see our differences.“ Dem ist eigentlich nichts hinzuzufügen außer vielleicht der Wunsch, dass sich diese Einsicht ähnlich rasch und nachhaltig in das Allgemeinwissen eingräbt wie die noch viel zu häufig und unreflektiert erwähnten 1%-Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse. Wir wissen inzwischen mehr!

Harald Binder

Literatur

- COHEN J (2007) Relative differences: the myth of 1%. *Science* 316, 1836.
- DEMUTH JP, BIE TD, STAJICH JE, CHRISTIANINI N & HAHN MW (2006) Evolution of mammalian gene families. *PLoS ONE* 1(1): e85, doi:10.1371.
- KING MC & WILSON AC (1975) Evolution at two levels in human and chimpanzees. *Science* 188, 107-116.
- OLDHAM MC, HORWATH S & GESCHWIND DH (2006) Conservation and evolution of gene coexpression networks in human and chimpanzee brains. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103, 17973-17978.
- The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005) Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437, 69-87.
- The ENCODE Project Consortium (2007) Identification and analysis of functional elements in 1% of the human genome by the ENCODE pilot project. *Nature* 447, 799-816.

Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von *Tyrannosaurus rex*

Zusammenfassung: In Fossilien, denen ein hohes Alter (ca. 70 Millionen Jahre) zugeordnet wird, haben Wissenschaftler wiederholt flexibles Gewebe isoliert und auch zellähnliche Strukturen nachgewiesen. Jetzt wurden mit leistungsfähigen Analysemethoden Fragmente von Proteinen festgestellt. Dieser Befund steht im Widerspruch zu den etablierten Erfahrungen über die chemische Stabilität von Proteinen. Danach sollten diese biologisch bedeutsamen Makromoleküle nach einer Zeitspanne, die deutlich unter einer Million Jahre liegt, nicht mehr analytisch nachweisbar sein. Zur Lösung dieser Diskrepanz könnten bisher unbekannte Mechanismen zur Langzeitstabilisierung von Polypeptiden beitragen. Solange solche nicht aufgezeigt werden können, stehen die hier vorgestellten Befunde im Widerspruch zu den konventionellen Altersangaben der Fossilien.

Einleitung. Nachdem SCHWEITZER et al. (2005) aus fossilen Dinosaurierknochen flexible Gewebefragmente isolieren konnten (s. auch BINDER 2005), leg-

ten sie jetzt Untersuchungen zum Nachweis von Proteinfragmenten aus demselben Material vor (SCHWEITZER et al. 2007a, ASARA et al. 2007). Wenn sich die Befunde und deren Interpretation bestätigen, bedeutet das, dass Proteine – zumindest Teile davon – innerhalb von fossilen Knochen unter besonderen Bedingungen aus der unteren Kreide (hier konkret von der Basis der Hell Creek Formation in Ost Montana/USA) bis heute erhalten geblieben und nachweisbar sind. Angesichts des Alters der Probe ist dieser Befund für die Wissenschaftler überraschend.

Die fossilen Überreste stammen von *Tyrannosaurus rex* (Museum of Rockies specimen, MOR 1125) und umfassen u.a. Schädel, Wirbel, beide Oberschenkel- (Femur) und Schienbeinknochen (Tibia) in außergewöhnlich guter Erhaltung. Die Fossilien waren in mittelförnigem Sandstein eingesedimentiert, der mit feinkörnigem Schlamm (muds) verzahnt ist. Aufgrund dieser Befunde wird als Ablagerungssystem ein Strömungskanal (stream channel) angenommen.