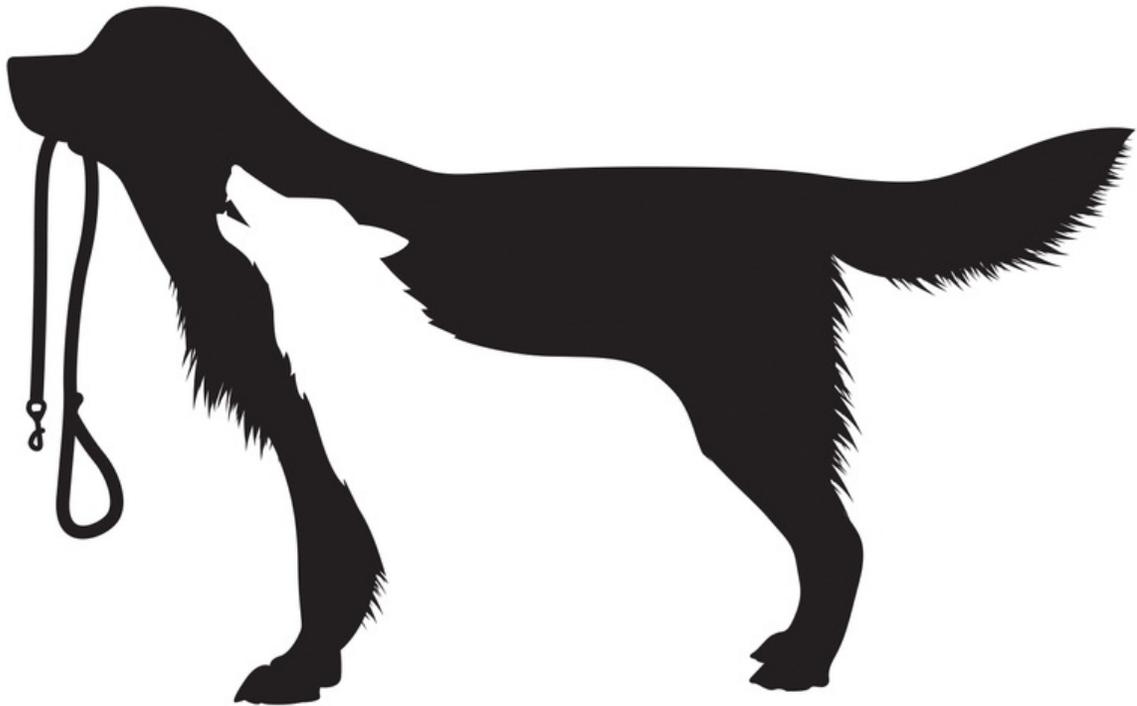


Bryan Sykes

Darwins Hund



Die Geschichte des Menschen und
seines besten Freundes



der Molekulargenetik dafür zu interessieren begann. In den folgenden Kapiteln werden wir erkunden, was diese neue Wissenschaft über die Evolution der Hunde herausgefunden hat, und erkennen, dass sie Darwin ausnahmsweise einmal widerlegt. Wir sind nämlich doch in der Lage, die Abstammung der Hunde mit Sicherheit zu bestimmen.



3

Ein Wanderer kam aus einem alten Land

Diese Zeile aus Percy Bysshe Shelleys Gedicht »Osymandias« kapere ich nicht zum ersten Mal.^[1] Sie vermittelt vortrefflich die Ehrfurcht vor dem Vergangenen und der zeitlosen Kontinuität, die mich jedes Mal erfasst, wenn ich mich von meinem Lieblingslotsen in unsere Vorgeschichte führen lasse: der mitochondrialen DNA.

Um diese Begeisterung zu erklären, müssen wir 30 Jahre zurückgehen zu einem bahnbrechenden Aufsatz in der wissenschaftlichen Fachzeitschrift *Nature*, verfasst von dem in Neuseeland geborenen Evolutionsbiologen Allan Wilson von der University of California, Berkeley.^[2] Wilson und sein Team hatten aus Plazentagewebe oder Zelllinien von 147 Frauen aus aller Welt mitochondriale DNA isoliert. Mitochondrien befinden sich im Cytoplasma, dem Teil der Zelle, der den Zellkern umgibt, aber noch innerhalb der Zellmembran liegt. Obwohl sie fest zur Zelle gehören, haben sie doch einen unabhängigen Ursprung. In der fernen Vergangenheit lebten sie zunächst als freie Algen, ehe sie irgendwann von einer primitiven Zelle umschlossen wurden. Da Mitochondrien ursprünglich selbständige Organismen waren, haben sie noch eigene Erbsubstanz. Das Besondere an ihnen ist, dass sie es der Zelle ermöglichen, mittels Sauerstoff Nahrung zu verbrennen. Ehe Zellen Mitochondrien enthielten, verfügten sie nur über einen Mechanismus für den anaeroben Stoffwechsel und kamen daher mit dem Sauerstoff

in der Atmosphäre nicht zurecht. Mithilfe ihrer neu erworbenen Mitochondrien jedoch konnten Zellen aus derselben Nahrungsmenge bis zu neunmal so viel Energie gewinnen. In der frühen Atmosphäre wirkte Sauerstoff noch toxisch, ehe die Mitochondrien ihn in den lebensspendenden Stoff verwandelten, auf den heute sämtliche Tierarten angewiesen sind.

Die zweite ungewöhnliche Eigenschaft der Mitochondrien ist, dass sie nur über die weibliche Linie vererbt werden. Eizellen sind voller Mitochondrien, wohingegen Spermien keine nennenswerten Mengen enthalten. Genauer gesagt: Die wenigen, die sich im Spermium befinden, können im befruchteten Ei nicht überleben. Diese Eigenschaft hatte es Wilson und seinem Team angetan. Alle Tiere erben die mitochondriale DNA ihrer Mutter, die sie wiederum von ihrer Mutter geerbt hat, und so weiter und so fort. Sowohl männliche als auch weibliche Tiere besitzen mitochondriale DNA – sie müssen ja alle Sauerstoff atmen –, aber nur die weiblichen vererben sie an ihren Nachwuchs.

Ganz anders als die mitochondriale DNA wird die DNA im Zellkern in etwa gleichen Teilen von beiden Eltern vererbt. Diese Kern-DNA steuert die meisten Körperfunktionen, mit der wichtigen Ausnahme des aeroben Stoffwechsels, der in der Verantwortung der Mitochondrien und ihrer DNA bleibt. Leider werden Erbbeziehungen, die man über die Kern-DNA zurückverfolgt, sehr schnell extrem kompliziert. Wir alle haben zwei Eltern, vier Großeltern, acht Urgroßeltern, 16 Ururgroßeltern und so weiter. Die Zahl der Vorfahren verdoppelt sich mit jeder Generation, die man zurückgeht, sodass wir, wenn wir 20 Generationen – beim Menschen sind das etwa 400 Jahre – zurückrechnen, schon auf mehr als 1 Million Vorfahren kommen. Wegen der willkürlichen Mischung der Kern-DNA in jeder Generation, auf die ich später noch eingehen werde, ist es sehr unwahrscheinlich, dass wir von allen diesen Vorfahren DNA geerbt haben. Dennoch besitzen wir wohl Erbanlagen von sehr vielen von ihnen, doch von wem genau, werden wir nie erfahren. Im Gegensatz zu diesem genetischen Kuddelmuddel gab es in jeder Generation immer nur eine Frau, die unsere mitochondriale Vorfahrin ist, deren Mitochondrien-DNA wir also geerbt haben. Diese Einfachheit veranlasste Allan Wilson dazu, in seiner repräsentativen Stichprobe der Weltbevölkerung nicht die Kern-

DNA, sondern die Mitochondrien-DNA (kurz mtDNA) zu untersuchen.

In seiner Arbeit gelangte er zu einem verblüffenden Ergebnis. Wenn man nur weit genug zurückgeht, hat jede und jeder auf diesem Planeten ihre oder seine mtDNA von einer einzigen Frau geerbt. Wilson nahm an, dass sie vor etwa 200 000 Jahren in Afrika lebte; wie er dazu kam, werden wir noch sehen. Er nannte sie, wenig überraschend, »mitochondriale Eva«. Seine Ergebnisse wiesen auch eine klare Verbindung zwischen Afrikanern und allen anderen Menschen nach, was darauf hindeutet, dass die modernen Menschen lange Zeit in Afrika lebten, ehe einige von ihnen den Kontinent verließen und den Rest der Welt bevölkerten. Wir dürfen hier allerdings nicht vergessen, dass wir nur die strenge Erbfolge in der weiblichen Linie von Frau zu Frau betrachten und vorerst die DNA von Männern unberücksichtigt lassen.

Es war ein herrlich einfaches Ergebnis, auch wenn manche es bis heute verwirrend finden. Eva war gewiss nicht die einzige Frau, die damals lebte, sondern nur die einzige mit heute lebenden matrilinearen Nachkommen. Ein Paar kann damals wie heute ausschließlich Söhne oder auch gar keine Kinder haben, doch nur Töchter können mitochondriale DNA an die nächste Generation weitergeben. Daraus folgt, dass in den etwa 10 000 Generationen seit Eva eine einzige bis in die Gegenwart fortbestehende mtDNA über eine ununterbrochene Erbfolge in der weiblichen Linie vererbt wurde, während sich die mtDNA vieler ihrer Zeitgenossinnen irgendwann unterwegs verlor.

Zwar wurden die Ergebnisse in den folgenden 30 Jahren noch modifiziert, doch insgesamt hat sich das Konzept der mitochondrialen Eva bewährt. Wilsons Aufsatz aus dem Jahr 1987 wurde zum Vorbild für alle späteren molekularen Stammbäume, die unser Wissen über die Ursprünge des Menschen revolutioniert haben. Ich analysiere Mitochondrien-DNA aus aller Welt und staune über jede einzelne Probe. In einer ununterbrochenen Ahnenreihe haben sich diese Erbinformationen über Zehntausende von Jahren unsichtbar in den Zellen fortgesetzt, bis heute, da sie ihre Geheimnisse im Labor enthüllen.

Es vergingen etwa zehn Jahre, bis die Biologen Robert Wayne und Carles Vilà eine entsprechende Genanalyse für den Hund veröffentlichten.^[3] Wie Wilson untersuchten auch sie mitochondriale DNA, allerdings mit einer moderneren Technik, die auf die DNA-

Sequenzen selbst zurückgriff und nicht auf die begrenzte Kurzversion, wie sie Wilson ein Jahrzehnt vorher zur Verfügung gestanden hatte. Ich werde später genauer erklären, was DNA-Sequenzen sind und wie man sie liest, doch zunächst wollen wir bei den Hunden bleiben.

Wayne und sein Team sammelten eine beeindruckende Vielzahl von Proben. Zusätzlich zu 140 Haushunden 67 unterschiedlicher Rassen berücksichtigten sie in ihren Analysen auch Wölfe, Kojoten und Schakale. Die Wolfssammlung umfasste 162 Tiere von 27 Standorten weltweit. Zusätzlich nahm Wayne auch fünf Kojoten und zwölf Schakale auf, weil sie als mögliche Vorfahren der modernen Hunde im Gespräch waren: zwei Goldschakale, zwei Schabrackenschakale und acht Äthiopische Schakale. Die mtDNA-Sequenzen all dieser Tiere wurden nun auf einem Molekularstammbaum angeordnet, vergleichbar dem, den Wilson zuvor für die mitochondriale Herkunft des Menschen erstellt hatte. Die Ähnlichkeiten zwischen dem sogenannten Wayne-Stammbaum und Wilsons Vorbild stachen sofort ins Auge.

Wilson's menschlicher Stammbaum (siehe obere Abbildung, [Seite 33](#)) teilte die Weltbevölkerung in zwei Hauptgruppen: Die eine erfasste afrikanische Menschen, die andere einige afrikanische sowie alle anderen Menschen außerhalb Afrikas. Die Afrika-Gruppe leitet sich aus einer einzigen matrilinearen Vorfahrin ab, der »mitochondrialen Eva«. Der Hunde-DNA-Stammbaum Waynes mündete in vier Hauptgruppen mit einer jeweils anderen Vorfahrin, die aber eng miteinander verwandt waren. Die meisten Tiere befanden sich in der Hauptgruppe I, die neben verbreiteten Rassen auch einige sogenannte »Urhunde« wie den Dingo, den Neuguinea-Dingo, den Basenji und den Greyhound enthielt. In Gruppe II fanden sich Tiere zweier skandinavischer Rassen, des Norwegischen und des Schwedischen Elchhunds, während Gruppe III Vertreter sehr unterschiedlicher Rassen enthielt, etwa einen Deutschen Schäferhund, einen Siberian Husky und einen Mexikanischen Nackthund. Der Gruppe IV schließlich wurden unter anderem ein Drahthaardackel, ein Flat Coated Retriever und ein Otterhund zugeordnet. Auch einige Wölfe fanden sich darin. Die DNA-Sequenz eines dieser Tiere, das aus Rumänien stammte, stimmte auch als einzige genau mit einer Vielzahl von Hunden überein, etwa einem Toy-Pudel, einer Bulldogge und überraschenderweise einem weiteren Mexikanischen Nackthund.