

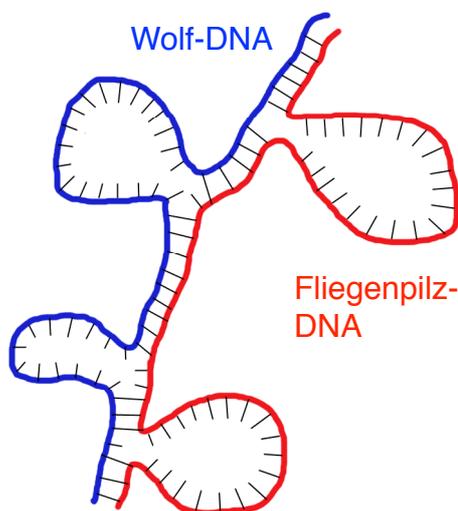
DNA-Hybridisierung und Verwandtschaft

Das Verfahren der DNA-Hybridisierung

Schritt 1: Zerlegung von DNA in kurze Einzelstränge

Wenn man DNA aus einer Zelle isoliert und auf ca. 100°C erhitzt, wird der DNA-Doppelstrang in seine Einzelstränge zerlegt. Lässt man nun langsam abkühlen, so fügen sich die beiden Einzelstränge wieder zu einem Doppelstrang zusammen. Durch rasches Abkühlen in Eiswasser wird eine solche Renaturierung jedoch verhindert, die Einzelstränge bleiben dann Einzelstränge. Setzt man nun bestimmte Enzyme, so genannte Nucleasen, hinzu, so werden diese Einzelstränge in kurze DNA-Abschnitte zerlegt, die vielleicht 500 bis 1500 Nucleotide lang sind.

Schritt 2: Hybridisierung



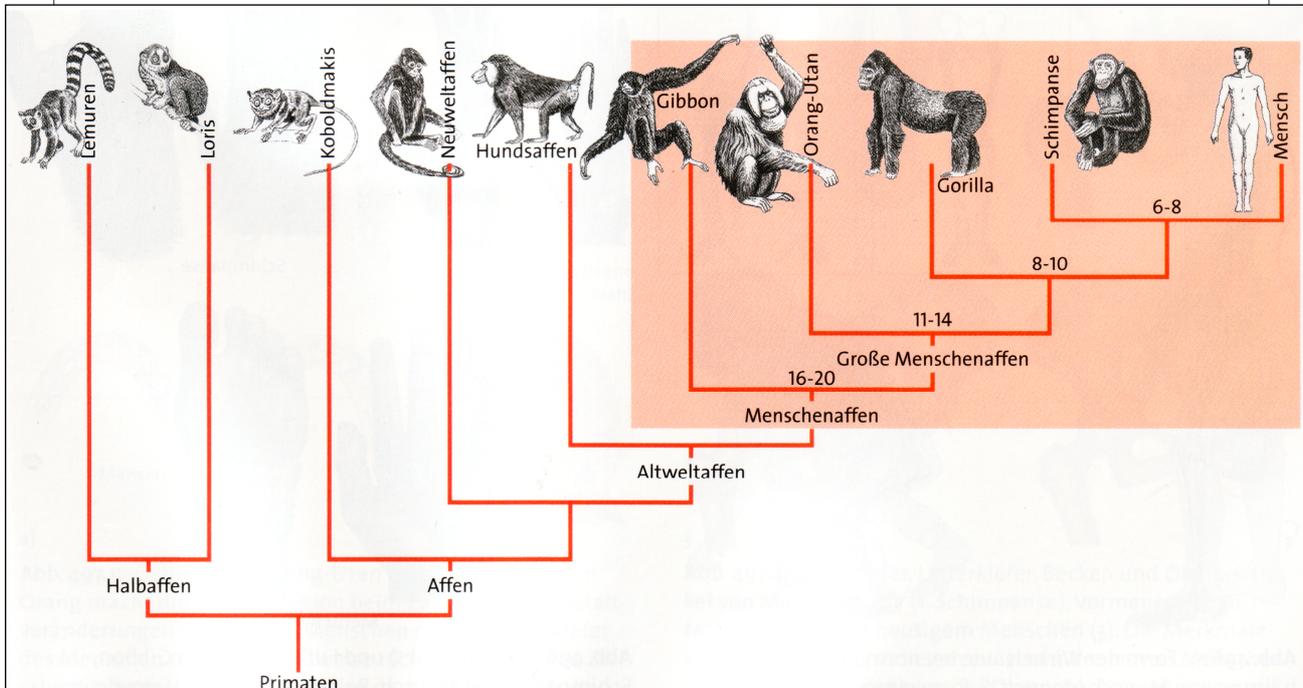
| Art 1 | Art 2 | TS-Wert |
|--------|-----------------|---------|
| Mensch | Mensch | 0 % |
| Mensch | Schimpanse | 1,6 % |
| Mensch | Orang-Utan | 1,9 % |
| Mensch | Gibbon | 3,5 % |
| Mensch | Grüne Meerkatze | 6,4 % |
| Mensch | Kapuzineraffe | 10,5 % |

Angenommen, man will den Verwandtschaftsgrad von zwei verschiedenen Arten bestimmen, beispielsweise **Wolf** und **Fliegenpilz**. Dann zerlegt man mit dem unter Schritt 1 beschriebenen Verfahren die DNA des Wolfs und die DNA des Fliegenpilzes in kurze Einzelstränge. Man gibt beide Sorten von Einzelsträngen in ein Reagenzglas und erwärmt die Lösung auf 60°C. Bei dieser Temperatur lagern sich diejenigen Einzelstränge von Wolf und Fliegenpilz, die zueinander komplementär sind, zu einem kurzen Doppelstrang zusammen. Da dieser Doppelstrang zur Hälfte aus Wolf-DNA und zur Hälfte aus Fliegenpilz-DNA besteht, spricht man von einem „Hybrid-Strang“ und nennt das Verfahren „Hybridisierung“.

Schritt 3: Verwandtschaftsanalyse

Die in Schritt 2 hergestellten Hybridstränge sind alles andere als perfekte Doppelstränge, wie man auf dem Bild oben gut erkennen kann. Mit Hilfe bestimmter Verfahren kann man bei einer solchen Hybrid-DNA nun den prozentualen **Anteil der ungepaarten Einzelstrangbereiche** ermitteln (**TS-Wert** genannt). In der Abbildung haben wir einen sehr hohen TS-Wert, schätzungsweise 50 bis 55%. Bei Mensch und Gibbon, einem Halb-Menschenaffen, beträgt der TS-Wert 3,5%, andere TS-Werte finden Sie in der obigen Tabelle.

Die folgende Abbildung zeigt die Verwandtschaftsverhältnisse der **Primaten**, basierend auf einem DNA-Stammbaum. Die Zahlen geben die Abweichungen in den Basensequenzen bestimmter Gene an.



Grüne Meerkatzen gehören zu den Altweltaffen, **Kapuzineraffen** dagegen zu den Neuweltaffen.

Aufgaben

1. Erläutern Sie kurz, wie die DNA aufgebaut ist und wie sie sich im Prinzip verdoppelt.
2. Erläutern Sie, wie man mit Hilfe der DNA-Hybridisierung den Verwandtschaftsgrad zwischen zwei Arten ermitteln kann.
3. Interpretieren Sie die Daten aus der Tabelle unter evolutionsbiologischen Aspekten unter Berücksichtigung folgender Aspekte:
 - wie kommen die Zahlen zustande?
 - was sagen sie aus?
 - passen sie zu dem DNA-Stammbaum der Primaten?
4. Erörtern Sie, welchen TS-Wert man erwarten müsste, wenn man
 - a) die DNA des Menschen und des Gorillas
 - b) die DNA des modernen Menschen und des Neanderthalers hybridisieren würde?