



Pressemitteilung

Das menschliche Gebiss als Spiegel unserer Evolution

Wissenschaftler der Universität Tübingen ermitteln, welche Eigenschaften der Zähne zur Rekonstruktion genetischer Verwandtschaft genutzt werden können

Dr. Karl Guido Rijkhoek
Leiter

Janna Eberhardt
Forschungsredakteurin

Telefon +49 7071 29-76788
+49 7071 29-77853

Telefax +49 7071 29-5566
karl.rijkhoek[at]uni-tuebingen.de
janna.eberhardt[at]uni-tuebingen.de

www.uni-tuebingen.de/aktuell

Tübingen, den 21.04.2020

Genetische Verwandtschaftsbeziehungen zwischen individuellen Menschen oder auch Menschengruppen lassen sich anhand ihrer Zahnformen teilweise rekonstruieren. Dr. Hannes Rathmann und Dr. Hugo Reyes-Centeno von der Kolleg-Forschungsgruppe „Words, Bones, Genes, Tools“ an der Universität Tübingen haben nun mithilfe eines Algorithmus herausgearbeitet, welche der zahlreichen Zahnmerkmale sich für Verwandtschaftsanalysen besonders gut eignen und welche Zahnmerkmale weniger die Verwandtschaft, sondern eine ähnliche Anpassung an gleiche Umweltbedingungen widerspiegeln. Die Studie erschien in der Fachzeitschrift *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)*.

Die Form menschlicher Zähne ist stark variabel und unterscheidet sich im Detail von Person zu Person. Merkmale sind zum Beispiel die Größe der Zahnhöcker, das Furchenmuster in Zahnkronen, die unterschiedliche Anzahl von Zahnwurzeln oder das Vorhandensein beziehungsweise Fehlen von Weisheitszähnen. Solche Zahnmerkmale sind erblich. Bestimmte Ausprägungen treten familiär gehäuft auf und lassen sich weltweit mit unterschiedlicher Häufigkeit in verschiedenen Bevölkerungsgruppen beobachten. „Zahnmerkmale lassen sich alternativ zum genetischen Material der DNA für populationsgenetische Studien verwenden“, sagt Hannes Rathmann. Zähne seien härter als Knochengewebe und Zahnreste verstorbener Individuen meist noch gut erhalten, selbst wenn Knochen und DNA längst zerfallen sind.

Neutrale Merkmale geben wertvolle Hinweise

„Die globale Vielfalt an Zahnmerkmalen entstand wahrscheinlich hauptsächlich durch die sogenannte Gendrift“, sagt Rathmann. „Das ist ein evolutionärer Prozess, bei dem sich neutrale Mutationen, also Genverän-

derungen, die keine Vor- oder Nachteile beinhalten, zufällig in einer Population festsetzen.“ Anders sei es, wenn bestimmte Merkmale vorteilhaft sind. Dann können sie sich durch Selektion und Anpassung an veränderte Umweltbedingungen in einer Population ausbreiten wie zum Beispiel bei einer anderen Nahrung, die eine Anpassung beim Kauen erfordert. „Für die Rekonstruktion genetischer Verwandtschaften eignen sich neutrale Zahnmerkmale am besten“, erklärt Reyes-Centeno. Um neutrale und nicht-neutrale Zahnmerkmale voneinander zu trennen, haben die Forscher die Variation von zahlreichen Zahnmerkmalen im Zusammenhang mit der genetischen Variation diverser Bevölkerungsgruppen der Welt untersucht.

„Wir haben einen Algorithmus entwickelt, der DNA-Sequenzen mit allen gängig verwendeten Zahnmerkmalen und Merkmalskombinationen vergleicht“, erklärt Rathmann. Die Forscher testeten in umfangreichen Berechnungen mehr als 130 Millionen mögliche Merkmalskombinationen. Sie konnten dadurch eine bestimmte Kombination an Zahnmerkmalen identifizieren, die dem Muster neutraler genetischer Variation am ehesten entspricht und sich somit am besten für die Rekonstruktion von Verwandtschaftsbeziehungen eignet.

Anwendungsmöglichkeiten in der Gerichtsmedizin, Archäologie und Paläoanthropologie

Gängige Anwendungsbereiche der Verwandtschaftsbestimmung mithilfe von Zahnmerkmalen seien die Identifizierung unbekannter Toter, die Untersuchung von Mobilität und Bevölkerungsstruktur vergangener Kulturen in archäologischen Studien und die Rekonstruktion der Abstammungsgeschichte des Menschen anhand von Fossilien. „In solchen Zusammenhängen ist die DNA für nähere Untersuchungen manchmal zu schlecht erhalten oder vom Untersuchungsmaterial darf keine Probe genommen werden, um es nicht zu zerstören“, erläutert Reyes-Centeno. Dann sei die Bestimmung der Zahnmerkmale eine gute Alternative. „Wir empfehlen, nur die Merkmale und Merkmalskombinationen zu nutzen, die wir in unserer Studie als besonders effektiv herausstellen konnten. Sie erlauben genaue Rückschlüsse auf die genetische Verwandtschaft.“ Die Einbeziehung nicht-neutraler Zahnmerkmale könne dagegen das Ergebnis der Analysen verfälschen.



Mosaik einer Weltkarte aus diversen menschlichen Zähnen und Zahnüberresten. Fotografien aus der Humanosteologischen Sammlung der Universität Tübingen; Grafikdesign: Peter Jammerneegg (Fotograf und Grafikdesigner); Copyright: Katerina Harvati/Universität Tübingen

Publikation:

Hannes Rathmann and Hugo Reyes-Centeno. 2020. Testing the utility of dental morphological trait combinations for inferring human neutral genetic variation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*. <https://dx.doi.org/10.1073/pnas.1914330117>

Kontakt:

Universität Tübingen

Kolleg-Forschungsgruppe Words, Bones, Genes, Tools: Tracking Linguistic, Cultural and Biological Trajectories of the Human Past

Dr. Hannes Rathmann

[hannes.rathmann\[at\]uni-tuebingen.de](mailto:hannes.rathmann[at]uni-tuebingen.de)

Dr. Hugo Reyes-Centeno

Telefon +49 7071 29-72139

[hugo.reyes-centeno\[at\]uni-tuebingen.de](mailto:hugo.reyes-centeno[at]uni-tuebingen.de)