

# DIE 51 MÜTTER DES HAUSHUNDES



Hofhund in China. In den ländlichen Gebieten werden die Hunde hauptsächlich als Wachhunde gehalten.

©Ya-ping Zhang

Auf dem 2. Canine Science Forum in Wien stellte der Molekulargenetiker Peter Savolainen eine These zur Domestikation des Hundes vor, die auf Untersuchungen an der mitochondrialen DNA von 1576 Hunden und 40 Wölfen beruht. Dieser These zufolge stammen alle heute lebenden Hunde von mindestens 51 Wölfinnen ab, die vor mehr als 16000 Jahren in Südostasien – genauer in den Landstrichen südlich des Jangtse-Flusses – von steinzeitlichen Bauern gehalten wurden.

Das klingt abenteuerlich, steht im Widerspruch zu fossilen Funden, die einen früheren Ursprung des Hundes vermuten lassen, und wirft daher sofort die Frage auf: Wie kommen die Wissenschaftler darauf?

## DIE MOLEKULARE UHR DES LEBENS

Grundlage für die These ist das Konzept der molekularen Uhr des Lebens. Diese Uhr hat nichts mit einem Chronometer, das Minuten und Stunden misst, zu tun. Es ist vielmehr ein Blick in die Vergangenheit anhand der Veränderungen, die im Erbgut, der DNA, im Laufe der Zeit stattgefunden haben.

Grob vereinfacht ausgedrückt: Man zählt die Veränderungen in der DNA im Vergleich zu den nächsten Verwandten, seien es Artgenossen oder verwandte Arten, und errechnet dann,

wie viel Zeit diese Veränderungen in Anspruch genommen haben. Wenn man das errechnet hat, kann man daraus schließen, wann sich die Arten voneinander getrennt haben – oder in unserem Fall: wann aus Wölfen Hunde wurden. Das Konzept der molekularen Uhr funktioniert, weil sich die DNA regelmäßig verändert. Allerdings unterliegen die verschiedenen Gene unterschiedlichen Rhythmen der Veränderung. Daher mussten die Wissenschaftler zuerst herausfinden, wie schnell die molekularen Uhren bei Hunden ticken.

Darüber hinaus musste eine schnell tickende Uhr ausgewählt werden. Denn um Veränderungen in den für die Evolution kurzen Zeiträumen der Domestikation bestimmen zu können, braucht man eine DNA, die sich relativ rasch verändert. Diese DNA findet man in den Mitochondrien, Organen der Zelle, die nur von der Mutter vererbt werden. Das wiederum ist ein weiterer Vorteil der mitochondrialen DNA für die Forschung, weil hier Veränderungen des Erbguts durch Verschmelzung und Durchmischung mit dem väterlichen Erbgut ausgeschlossen sind. Diese würden das Ergebnis verfälschen. Bei der Erforschung der väterlichen Linie behilft man sich deshalb mit dem Y-Chromosom, das nur der Vater auf seine Söhne überträgt.

## WO STAND DIE WIEGE DES HUNDES?

Über den Zeitpunkt der Domestikation hinaus wollte die Gruppe um Savolainen auch wissen, wo die Wiege des Haushundes stand. Gab es einen bestimmten Ort, wo Menschen Wölfe hielten, die Zahmsten unter ihnen auswählten und so die ersten Hunde züchteten? Oder hatten sich Hunde an vielen Orten aus Wölfen, die den steinzeitlichen Jägern und Sammlern folgten und ihre Abfälle vertilgten, in einer Art Selbstdomestikation entwickelt?

Um diese Fragen zu beantworten, sammelten die Forscher Proben rund um den Globus. Grundlage für dieses Verfahren waren folgende Überlegungen:

1. Wenn Hunde an vielen Orten der Welt zu unterschiedlichen Zeiten entstanden wären, müsste es große regionale Unterschiede im Erbgut geben. Vertreter verschiedener Abstammungslinien müssten auf bestimmten Kontinenten oder in bestimmten Ländern öfter zu finden sein als in anderen.

2. Wenn die Vorfahren unserer Hunde hingegen in einem begrenzten Gebiet und in einem bestimmten Zeitraum domestiziert worden wären, dann müssten die wichtigsten Abstammungslinien der heutigen Hunde überall auf der Welt ähnlich verteilt sein.
3. Wenn Hunde durch die Zucht zahmer Wölfe in einem begrenzten Gebiet entstanden sind, müsste die genetische Vielfalt am Ursprungsort des Hundes am größten sein und sich immer weiter verringern, je weiter weiter man sich davon entfernt.

Die Forscher um Savolainen schlossen vor allem Hunde in die Studie ein, die entweder einer Rasse angehörten, deren Ursprungsgebiet historisch verbürgt war, oder Tiere, die in Entwicklungs- und Schwellenländern in ländlichen Regionen ohne viel Außenkontakt gehalten wurden.

### SECHS HAUPTABSTAMMUNGSLINIEN

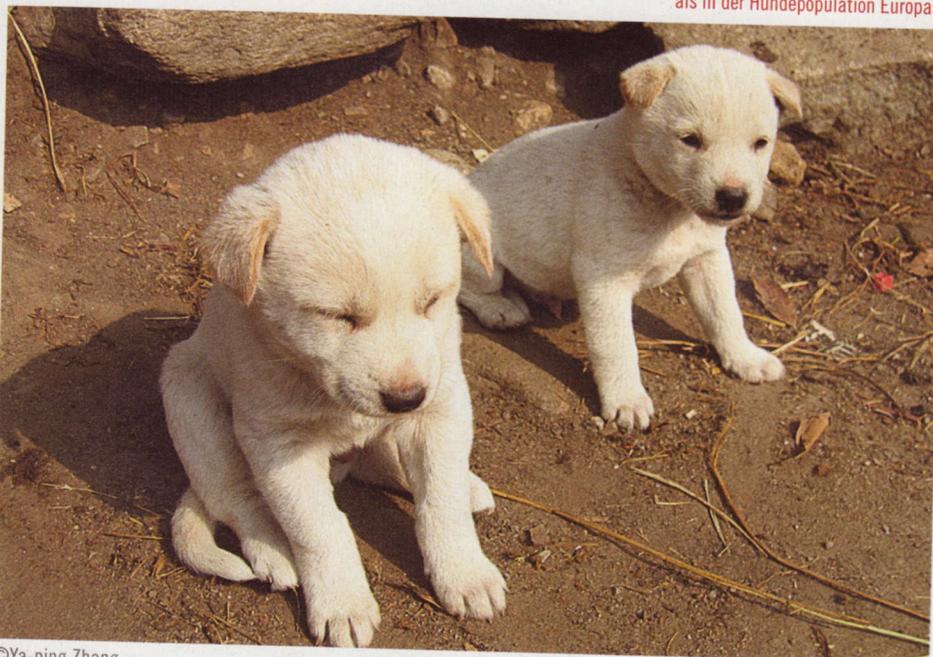
Nach der Analyse ergab sich folgendes Bild: Man konnte alle untersuchten Hunde sechs genetischen Hauptabstammungslinien, sogenannten Kladen, zuordnen. Diese Klade bezeichnete man mit den Buchstaben A bis F. Die drei Klade A, B und C kamen am häufigsten vor und waren überall auf der Welt vertreten. D, E und F waren hingegen selten. Die Forscher nahmen deshalb an, dass A, B und C die Ursprungszweige des Hundestammbaums waren und D, E und F durch die spätere Einkreuzung von Wölfen in die Haushundepopulation entstanden sind.

Da die drei häufigsten Klade A, B und C über die Welt weitgehend einheitlich verteilt waren, schloss man, dass es tatsächlich ein bestimmtes Gebiet und einen bestimmten Zeitraum gegeben haben musste, in dem Wölfe erstmals domestiziert wurden und von dem aus der Haushund den Globus erobert hat.

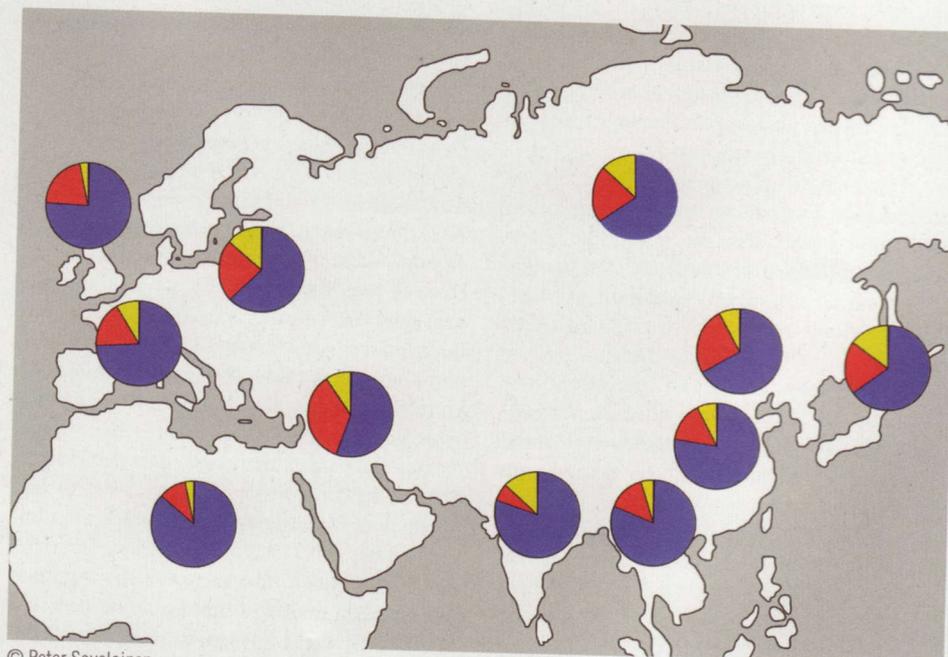
### GENETISCHE VIelfALT IN CHINA AM GRÖSSTEN

Um den Ort näher eingrenzen zu können, unterteilte man die drei Hauptklade A, B und C nochmals in zehn Untergruppen, die Haplogruppen 1-10, und sah sich deren Verteilung noch einmal genauer an. Dabei stellten die Forscher fest, dass die Hundepopulation in China, genauer in den Gebieten südlich des Jangtse-

Welpen von chinesischen Bauernhunden. Trotz des ähnlichen Aussehens ist bei den Bauernhunden in China eine größere genetische Vielfalt anzutreffen als in der Hundepopulation Europas.



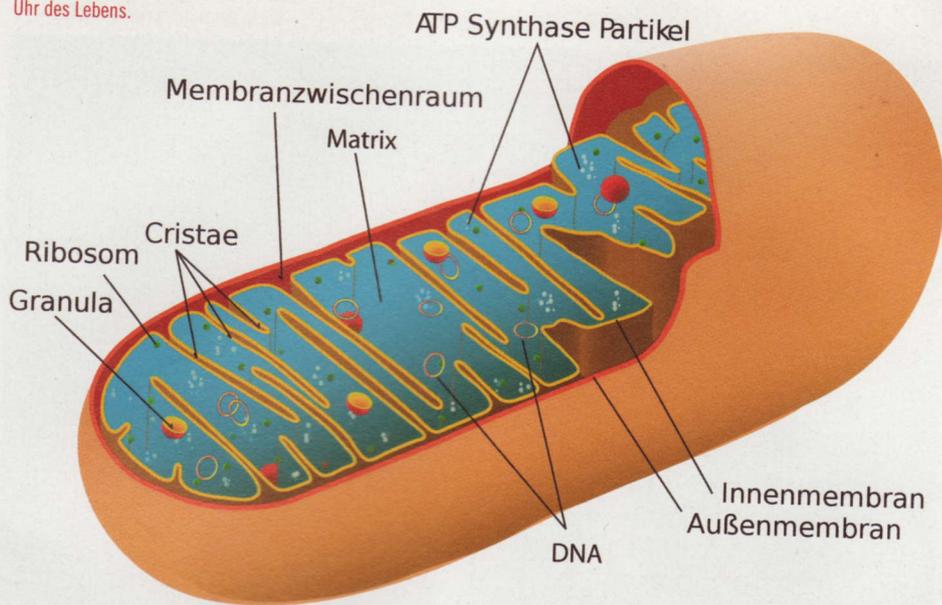
©Ya-ping Zhang



© Peter Savolainen

Verteilung der Klade A, B, C

Mitochondrium. Dieses Zellorganell ist vor allem für die Energiegewinnung der Zelle zuständig. Die mitochondriale DNA eignet sich für den Zeitraum der Domestikation besonders gut als molekulare Uhr des Lebens.



© Wikicommons

Flusses, die größte genetische Vielfalt, nämlich alle zehn Haplogruppen, aufwies. Je weiter man sich auf dem Landweg von diesem Gebiet entfernt, desto weniger Haplogruppen sind in der Hundepopulation vertreten. So gibt es im restlichen Asien noch sieben Haplogruppen, in Europa jedoch nur noch vier.

Die Abnahme der genetischen Vielfalt mit der Zunahme der Entfernung vom Ursprungsgebiet wird damit erklärt, dass nur bestimmte Linien in ein neues Gebiet einwanderten und dort zu den Ahnen der regionalen Population wurden. Doch wie kommen die Forscher darauf, dass mehr als 51 Wölfinnen die Mütter unserer heutigen Hunde sind? Die mitochondriale DNA von 169 Hunden aus allen Haplogruppen wurde nochmals, aber detaillierter untersucht und weiter unterteilt. Die Befunde aus der Detailuntersuchung wurden in Übereinstimmung mit den Ergebnissen der molekularen Uhr und mit archäologischen Funden, die auf ein Alter zwischen 11 500 und 16 300 Jahren datiert werden, gebracht.

Dabei stellte man 51 ursprüngliche Linien fest. So viele Wölfinnen mussten also mindestens an der Entstehung unserer heutigen Hunde beteiligt sein. Wahrscheinlich waren es jedoch einige Hundert. Denn erstens kann es durchaus noch mehr existierende Linien geben, die bisher nicht entdeckt wurden, und zweitens muss man

davon ausgehen, dass einige Linien im Laufe der Zeit ausstarben. So geht die Gruppe von Savolainen davon aus, dass die ersten Hunde in China entstanden, wo steinzeitliche Bauern vor etwas mehr als 16 000 Jahren in verhältnismäßig großem Stil zahme Wölfe zu kultischen Zwecken und/oder als Fleischreserve hielten.

#### KRITIK AN SAVOLAINENS THESE

Wie die meisten wissenschaftlichen Thesen ist auch diese These von der Entstehung des Hundes heiß umstritten. Einige Kritiker meinen, dass der Abstammungsnachweis und die Bestimmung des Ursprungsgebietes besser und einfacher zu führen seien, wenn man das Hundegenom mit dem Genom der regionalen Wolfspopulationen vergleicht – bei diesem Ansatz wäre das Ursprungsgebiet des Hundes dort zu suchen, wo das Genom der örtlichen Wölfe dem Hundegenom heutzutage am ähnlichsten ist.

Auf diese Kritik kontert Savolainen, dass man nicht wisse, welche Wolfspopulationen vor 10 000 und mehr Jahren in den verschiedenen Gebieten gelebt hätten. Schließlich wurden Wölfe in vielen Gebieten des eurasischen Raumes ausgerottet. In einige dieser Gebiete wanderten später Wölfe aus anderen Regionen wieder ein. Heutige Wolfspopulationen sind also häufig Einwanderer aus anderen Gebieten.

Aber es gibt auch fossile Fundstücke, die auf andere Ursprungsgebiete und vor allem auf eine frühere Domestikation des Wolfes respektive Hundes hinweisen. Zu diesen Funden gehört beispielsweise der Pfotenabdruck eines Caniden, der vor rund 25 000 Jahren an der Seite von Menschen durch die Höhle von Chauvet gestreift sein soll, oder der Canidenschädel Goyet, der auf ein Alter von über 31 000 Jahren datiert wird.

Wenn diese Spuren und Reste tatsächlich von Hunden stammen und die Datierung der Fossilien stimmt, würden sie Savolainens These ad absurdum führen. Oder doch nicht ganz? Schließlich sprechen die nahe Verwandtschaft aller Hunde und die Verteilung des Erbgutes eine andere Sprache.

Tatsächlich gibt es ein Szenario, das die Fossilienfunde mit der molekularen Uhr Savolainens teilweise versöhnt. Diesem Szenario zufolge hätten Menschen mit zahmen Wölfen und Hundartigen schon lange zusammengeliebt. Zur echten Domestikation wäre es aber erst in China gekommen. Und nur die Nachfahren dieser Tiere hätten sich letztlich als Haushunde durchgesetzt. Savolainens Studie bezieht sich ja nur auf die heute lebenden Hunde. Über Hundelinien, die möglicherweise ausgestorben sind, kann Savolainen keine Aussage treffen. Dass in einer Population nur wenige Linien die Oberhand gewinnen und andere Linien verdrängen, ist schließlich sowohl in der Natur als auch in der Zucht ein üblicher Vorgang.

Doch das ist reine Spekulation! Endgültige Sicherheit darüber, wie unsere Hunde entstanden sind, wird es letztlich nicht geben können, weil die, die dabei waren, leider kein Tagebuch geführt haben.

AUTORIN



Barbara Welsch  
Tierärztin und  
Journalistin  
Höhenstadter Str. 27  
81671 München  
[welsch@pfotenleser.de](mailto:welsch@pfotenleser.de)  
[www.pfotenleser.de](http://www.pfotenleser.de)