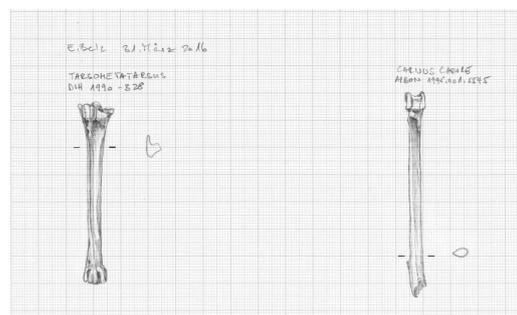


## Hybridzone der Rabenkrähe

2016 startete Prof. Dr. Jochen B. W. Wolf von der Universität München, Division of Evolutionary Biology, Faculty of Biology in Zusammenarbeit mit der Upsala University, Departement of Evolutionary Biology ein Projekt mit dem Ziel die Geschichte der europäischen Krähenhybridzone mit Hilfe alter DNA zu verfolgen. Das Amt für Archäologie unterstützte das Projekt mit Knochen aus archäologischen Fundstellen mit unterschiedlichen Zeitstellungen: Einerseits aus der mittelalterlichen Fundstelle Diessenhofen-Unterhof, andererseits mit einem Knochen aus der neolithischen UNESCO Pfahlbaufundstelle Arbon-Bleiche 3.

Tarsometatarsus *Corvus Corone*,  
1989.012.328.1 Diessenhofen, Unterhof  
(Ende 13./14. Jh. n.Chr.)

Tarsometatarsus *Corvus Corone*,  
1995.001.5545.1 Arbon, Arbon-Bleiche 3  
(3'384–3'370 v.Chr.)



Nun haben wir einen Projekt-Update erhalten, nachdem nach 5 Jahren die Datenerhebung abgeschlossen wurde. Von den meisten Proben wurden vorläufige Daten generiert, die es ermöglichen, die Art und das Geschlecht zu bestimmen. So haben wir Rückmeldung zu unseren zwei Knochen erhalten: Die Rabenkrähe aus Diessenhofen war ein Weibchen, die "Pfahlbaukrähe" aus Arbon war ein Männchen.

Das Projekt läuft nun weiter, denn nach der Datenerhebung wurde entschieden, welche Proben für die anschließende Target Capture- und Deep Whole Genome-Sequenzierung geeignet sind.

Die Hybridzone der Rabenkrähe *Corvus corone* ist ein berühmtes Beispiel für eine beginnende Artbildung, an der vermutlich die pleistozänen Vergletscherungen beteiligt waren. Ganz schwarze Aaskrähen und graue Nebelkrähen treffen in Europa und Asien in stabilen und engen Kontaktzonen aufeinander. Der europäische Teil der Hybridzone, auf den sich das Projekt konzentriert, befindet sich an einer Nahtstelle in Deutschland, die von mehreren Tier- und Pflanzenarten geteilt wird. Dies hat zu der Hypothese geführt, dass sich diese Zone durch sekundären Kontakt im frühen Holozän nach Divergenz in Refugien gebildet haben könnte. Das Projekt zielt darauf ab, die biogeografische Hypothese der Isolation und anschließenden Ausbreitung, gefolgt von Vermischung, zu testen und die Geschichte der sexuell selektierten Pigmentierungsloci durch Zeit und Raum zu rekonstruieren.

Von 2016 bis 2021 wurden insgesamt 139 Knochen gesammelt. Die Projektmitarbeiterinnen und Mitarbeiter extrahierten DNA aus 108 Knochen und sequenzierten insgesamt 133 Bibliotheken mit geringer Abdeckung; 25 der Knochen wurden zweimal sequenziert. Diese Proben wurden 2016 mit dem Protokoll für doppelsträngige DNA-Bibliotheken (dsDNA) und 2021 mit dem Protokoll für einzelsträngige DNA-Bibliotheken (ssDNA) vorbereitet. Mit dem aktualisierten Protokoll wurde eine mehr als 3-fache Wiederherstellung der endogenen DNA im Vergleich zu den im Jahr 2016 sequenzierten Proben festgestellt.