



Current

[university](https://www.uni-konstanz.de/universitaet/) (<https://www.uni-konstanz.de/universitaet/>), [>News and media](https://www.uni-konstanz.de/universitaet/aktuelles-und-medien/) (<https://www.uni-konstanz.de/universitaet/aktuelles-und-medien/>), [>current news](https://www.uni-konstanz.de/universitaet/aktuelles-und-medien/aktuelle-meldungen/) (<https://www.uni-konstanz.de/universitaet/aktuelles-und-medien/aktuelle-meldungen/>), [>](#)

May 26, 2020



View of part of the Aeolian Islands. Picture: Dr. Paolo Franchini

Chromosomal species formation in wild house mice

A new look at the genomes of natural house mouse populations by a group of researchers from the University of Konstanz, the University of Harvard and the University of La Sapienza in Rome suggests that large-scale chromosome reorganizations play an important role in speciation.

It is believed that changes to chromosomes are important in speciation. This is because multiple chromosome reorganizations can alter the genome of a few individuals in a population so that they cannot successfully cross with the rest of the population. It is believed that over time this can lead to the development of two separate species with different karyotypes (that is, different sets of the chromosomes that make up the genome). A thorough examination of these considerations is now possible with advanced molecular technologies that allow researchers to sequence entire genomes.

In einer neuen Arbeit, die in dem Journal *Molecular Biology and Evolution* erschienen ist, untersuchen Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler der Universität Konstanz, der Universität Harvard und der Universität La Sapienza in Rom wildlebende Hausmäuse (*Mus musculus domesticus*) von mehreren der Liparischen Inseln vor der Küste Siziliens. Ihre Ergebnisse liefern empirische Unterstützung für die Annahme, dass eine bestimmte Art von Chromosomenrearrangement im großen Maßstab, als „Robertson'sche (Rb) Translokationen“ bezeichnet, eine aktive Rolle bei der Artbildung spielen.

Aufklärung der Rolle von Chromosomenrearrangements bei der Artbildung

Chromosomenrearrangements sind Mutationen innerhalb des Genoms eines Individuums, einer Population

oder einer ganzen Spezies, bei denen sich große Teile des Genoms verändern, z. B. durch Duplikation (bei der ein ganzer Abschnitt eines Chromosoms dupliziert wird) oder Inversion (bei der ein Teil eines Chromosoms seine Ausrichtung relativ zum Rest des Chromosoms ändert). „Die häufigste Art von Chromosomenrearrangement bei den natürlichen Hausmauspopulationen Westeuropas sind Robertson'sche Translokationen“, erklärt Dr. Paolo Franchini, Erstautor der Studie und Forscher in der Arbeitsgruppe für Zoologie und Evolutionsbiologie unter der Leitung von Prof. Dr. Axel Meyer an der Universität Konstanz.

Robertson'sche Translokationen sind Chromosomenrearrangements im großen Maßstab, bei denen jeweils zwei ganze Chromosomen zu einem sehr großen metazentrischen (X-förmigen) Chromosom verschmelzen. „Es ist bekannt, dass diese Art der Umlagerung eine beträchtliche Rolle bei der Artbildung spielt“, so Franchini. „Und sie kommt bei wildlebenden Hausmäusen tatsächlich sehr häufig vor, was diese Tiere zu einem perfekten Studiensystem macht. Der zusätzliche Vorteil bei den liparischen Mäusen ist, dass ihre Populationen sehr klein sind und genetische Mutationen sich wahrscheinlich schnell in der Population einer bestimmten Insel ausbreiten.“

Die wildlebenden Hausmauspopulationen im Liparischen Archipel, der aus sieben kleinen Inseln vulkanischen Ursprungs besteht, weisen verschiedene Karyotypen auf, die sich durch unterschiedliche Kombinationen von Robertson'schen Translokationen auszeichnen. Eines der Hauptziele bei der Untersuchung dieser Populationen war es, zu verstehen, wie diese Karyotypen-Verteilungen entstanden sind, das heißt, ihre Evolutionsgeschichte zu rekonstruieren.

Einzelner, gemeinsamer Ursprung (Monophylie) vs. mehrfache unabhängige Ursprünge (Polyphylie)

„Das Hauptproblem in diesem Zusammenhang ist der Ursprung dieser Verteilungen“, erklärt Franchini. Interessanterweise finden sich drei der Robertson'schen Chromosomen, die in liparischen Inselpopulationen gefunden wurden, auch in Mäusen aus Mittelitalien. Eine frühere Studie hatte daher vorgeschlagen, dass die Mäuse aus Mittelitalien die Inseln zusammen mit menschlichen Siedlern kolonisiert hätten, und geschlussfolgert, dass dies der Grund sei, warum diese drei Robertson'schen Translokationen heute auf den Liparischen Inseln zu beobachten sind.

Dies wird als monophyletische Theorie bezeichnet – die Annahme eines einzelnen, gemeinsamen Ursprungs. Sie postuliert, dass diese Rb-Translokationen nur ein einziges Mal – in Mittelitalien – stattfanden und sich von dort aus verbreiteten. „Was wir in unserer Arbeit zeigen konnten, ist, dass gleichartige chromosomale Verschmelzungen an verschiedenen Orten und unabhängig voneinander stattfinden können“, sagt Franchini. Da bekannt ist, dass Robertson'sche Translokationen eine aktive Rolle bei der chromosomalen Artbildung spielen, kann das Verständnis ihres Ursprungs und die Feststellung, ob sie häufig sind und an verschiedenen geographischen Orten vorkommen oder nicht, Einblicke in die Dynamik der Artbildung geben: „Wenn gleichartige chromosomale Verschmelzungen viel leichter auftreten als bisher angenommen, dann würde dies für eine hohe Mutationsrate und indirekt für eine größere Wahrscheinlichkeit sprechen, dass Robertson'sche Rearrangements eine aktive Rolle bei der Artbildung spielen.“

Um diese beiden Hypothesen – die monophyletische und die polyphyletische, also von mehreren unabhängigen Entstehungen – zu unterscheiden, ist es notwendig, tiefer in die genetische Sequenz dieser Robertson'schen Chromosomen einzudringen. Daher verfolgten die Forscher in ihrer neuen Studie die Ursprünge und die Evolutionsgeschichte der drei gleichartigen Robertson'schen Chromosomen, die bei den Insel- und Festlandpopulationen gefunden wurden. Durch Anwendung phylogenetischer und populationsgenetischer Ansätze auf über das gesamte Genom verteilte genetische Marker konnten sie zeigen, dass dieser spezielle Chromosomensatz mindestens zweimal an verschiedenen geographischen Orten

entstanden ist – auf den Inseln und in Mittelitalien. Dies unterstützt die polyphyletische Hypothese – die Annahme mehrfacher unabhängiger Ursprünge.

Zusammenspiel von Robertson'schen Translokationen und Hybridisierungsereignissen

Die Wissenschaftler konnten ferner zeigen, dass einige der in den Inselpopulationen beobachteten Karyotypen tatsächlich Produkte von Hybridisierungsereignissen sind, an denen Mäuse mit unterschiedlichen Robertson- oder Standard-Chromosomensätzen beteiligt waren. „Letztlich ist es dieses Wechselspiel zwischen der Fixierung neu gebildeter Robertson'scher Chromosomen und solchen Hybridisierungsereignissen, was die Verteilung der Karyotypen auf dem Liparischen Archipel geprägt hat“, schließt Paolo Franchini.

Ob diese genomischen Mutationen einen Einfluss auf die Phänotypen dieser Mauspopulationen haben, ist nach wie vor unbekannt. „Dies ist der nächste Schritt“, sagt Franchini. „Wir wissen, dass Mutationen in den meisten Fällen etwas bewirken. Einige Robertson'sche Translokationen sind in Europa sehr weit verbreitet, was darauf hindeutet, dass irgendeine Selektion zugunsten dieser Mutationen stattfinden könnte. Dies wiederum legt nahe, dass diese Mutationen sogar vorteilhaft sein könnten.“ Worin genau der Vorteil dieser Translokationen bestehen mag, bleibt jedoch eine offene und faszinierende Frage.

Faktenübersicht:

- Neue genomweite Studie wildlebender Hausmäuse (*Mus musculus domesticus*) in Süditalien weist darauf hin, dass eine bestimmte Art von Chromosomenrearrangements im großen Maßstab, als „Robertson'sche (Rb) Translokationen“ bezeichnet, eine aktive Rolle bei der Artbildung spielen.
- Durch Anwendung einer Reihe genetischer Ansätze konnten Forschende der Universität Konstanz, der Universität Harvard und der Universität La Sapienza in Rom die demographischen Muster und Verteilung der Karyotypen wildlebender Hausmäuse im Liparischen Archipel verfolgen.
- Originalveröffentlichung: Paolo Franchini, Andreas F. Kautt, Alexander Nater, Gloria Antonini, Riccardo Castiglia, Axel Meyer, Emanuela Solano, Reconstructing the evolutionary history of chromosomal races on islands: a genome-wide analysis of natural house mouse populations, *Molecular Biology and Evolution*, msaa118, 25. Mai 2020. DOI: <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa118>
(<https://doi.org/10.1093/molbev/msaa118>).
- Durch Konzentration auf drei gleichartige Chromosomenrearrangements, die in den Insel- und Festlandpopulationen gefunden wurden, konnten die Forschenden zeigen, dass – anders als bisher angenommen – umfangreiche Genmutationen häufiger als gedacht und unabhängig voneinander stattfinden.

Kontakt

Universität Konstanz
Kommunikation und Marketing
78457 Konstanz
Tel.: +49 7531 88-3603

E-Mail schreiben 

Downloads & links

- [🔗 publication](https://doi.org/10.1093/molbev/msaa118) (<https://doi.org/10.1093/molbev/msaa118>).