

## Natur und Wissenschaft

# Das Genom als Modelliermasse

Stockte die Evolution ihr „Kapital“ durch DNS-Verdoppelung auf?

Der Einfallsreichtum der Evolution scheint keine Grenzen zu kennen. Wie aber schafft sie es, diese Vielfalt hervorzubringen? Wie modelliert sie aus einem Einzeller ein vielzelliges Wesen, das über Mund, Augen und Gliedmaßen verfügt? Wie formt sie aus flossenbewehrten, unter Wasser lebenden Tieren die mit Beinen und Lungen ausgestatteten Landbewohner? Einig ist man sich in der Fachwelt, daß die Evolution kein Vorgang mit einem festen, vorgegebenen Ziel ist. Über die Frage hingegen, wie die Veränderungen vor sich gehen, ob die Entwicklung beispielsweise eher in kleinen oder aber in großen Schritten verläuft, wird seit Darwin heftig debattiert. Diese Diskussionen sind auch nicht weniger geworden, seitdem man die eigentliche Modelliermasse der biologischen Evolution, das Erbmaterial, bis in kleinste Details zu analysieren vermag. Immerhin aber besteht jetzt die Möglichkeit, einige der alten Fragen gezielter anzugehen. So auch jene, die Susumo Ohno im Jahre 1970 in seinem Buch „Evolution by gene duplication“ aufgeworfen hatte.

Der Genetiker hatte die Idee, daß die Evolution hin und wieder gewissermaßen ihr genetisches Kapital aufgestockt hat, indem plötzlich nicht nur einzelne Gene, sondern das gesamte Erbmaterial eines Organismus – das Genom – verdoppelt wurden. Sollten die betreffenden Lebewesen an diesem Zustand nicht zugrunde gehen, hätten die überzähligen Gene als ein Reservoir dienen können, das – nach entsprechenden Mutationen – unter Umständen völlig neue Funktionen und damit auch neue Eigenschaften hervorzubringen vermochte. Die Idee geriet bald wieder in Vergessenheit, als man erkannte, daß überzählige Genome, sogenannte Polyploidien, meistens tödlich für die betreffenden Lebewesen enden. Eine Reihe von Wissenschaftlern aber, darunter der an der Universität Konstanz tätige Evolutionsbiologe Axel Meyer, haben Ohnos These durch vergleichende genetische Untersuchungen wieder zum Leben erweckt.

Seit Jahren beschäftigt den Konstanzer Forscher die Frage, wie es bei den in den großen, aber erdgeschichtlich jungen ostafrikanischen Seen lebenden Buntbarschen (Cichliden) zu einer so großen Artenfülle gekommen ist. Überhaupt gelten die Fische in dieser Hinsicht mit insgesamt mehr als 25 000 Spezies als besonders erfolgreiche Tiergruppe. Meyer und einige andere Evolutionsbiologen glauben, daß diese Vielfalt erst möglich wurde, nachdem im Verlaufe der Evolution der Fische, genauer innerhalb der vergangenen 300 bis 450 Millionen Jahre, zumindest einmal eine Verdoppelung des Ge-

noms stattgefunden hat, die zu der vermuteten Diversifizierung führte. Es soll aber keineswegs die erste gewesen sein. Vielmehr, so glauben die Forscher, ist sie die jüngste von bis zu drei Genom-Verdoppelungen, die seit Beginn der Entwicklung der Wirbeltiere stattgefunden haben sollen.

Die entscheidenden Hinweise wurden mit der detaillierten Untersuchung der sogenannten „Hox“-Gene geliefert – Gene, die oft in Gruppen vorkommen und ganz entscheidend die Entwicklung und Differenzierung der Zellen während der Embryonalentwicklung bestimmen. Amphioxus, ein als ursprünglich geltendes Tier, besitzt nur einen solchen Hox-Verband. Die meisten anderen Fische hingegen sowie die Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere einschließlich des Menschen besitzen vier. Solche Gengruppen haben die Wissenschaftler etwa bei Zebrafischen, dem Japanischen Goldhecht und dem Pufferfisch gefunden. Und in afrikanischen Buntbarschen haben Meyer und seine Kollegen sogar bis zu sechs Hox-Verbände nachgewiesen. In der Zeitschrift „Journal of Molecular Evolution“ (Bd. 53, S. 436) berichten die Konstanzer Forscher über einen Vergleich von 26 unterschiedlichen Genen, die man in ähnlichen Versionen bei Mensch, Maus und Huhn findet, die aber jeweils in zweifacher Ausfertigung beim Zebrafisch vorkommen. Wie sich zeigte, haben sich etwa die Hälfte der Geschwistergene des Zebrafisches mittlerweile so weit auseinanderentwickelt, daß sie deutlich voneinander zu unterscheiden sind und möglicherweise unterschiedliche Funktionen angenommen haben.

Viele Biologen bleiben trotzdem skeptisch. Wie, so fragen sie, kann es kommen, daß nach mehrfachen Verdoppelungen ganzer Genome die daraus hervorgehenden neuen Lebewesen weniger Erbmaterial besitzen als ihre Vorgänger? Tatsächlich verfügen vermutlich alle Fische über deutlich weniger Desoxyribonukleinsäure (DNS) als etwa der Mensch. Meyer glaubt, daß die Erbsubstanz nach der Verdoppelung keineswegs konserviert, sondern vielfach umgestaltet worden ist. Dazu gehört auch der Verlust großer Teile des verdoppelten Genoms – ein Phänomen, das bei Polyploidien nicht unbekannt ist. Daß es tatsächlich dazu gekommen sein könnte, zeigte Meyer unlängst mit einer Untersuchung der Hox-Gene verschiedener Fischarten („American Zoologist“, Bd. 41, S. 676). Viele Fischgruppen, so scheint es, haben nach der ursprünglichen Verdoppelung ein eigenes Hox-Muster ausgebildet. JOACHIM MÜLLER-JUNG