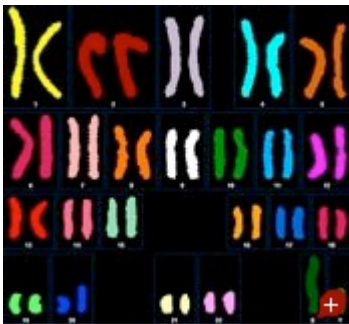


Genetik

Vom Expansionsdrang der Genome

Von Joachim Müller-Jung



Kein falscher Farbtupfer: Das Genom des Genpioniers Craig Venter

30. September 2009 Wie muss man sich die Entstehung von gut fünfundzwanzigtausend Genen im Laufe von einer Milliarde Jahre vorstellen? Wie also und wann ist das genetische Programm "geschrieben" worden, das eine so beispiellose ökologische Anpassungsfähigkeit und eine derart komplexe Architektur wie beim Menschen möglich gemacht hat - aber auch schon bei Fischen, Insekten, Pflanzen und Pilzen erkennbar wird? Die Genomforschung ist in diesen Fragen mittlerweile auf einige heiße Spuren gestoßen.

Zu den faszinierendsten Phänomenen zählt in dieser Hinsicht die Duplikation von Genen und ganzen Genomen. Vor einigen Monaten hatten amerikanische Forscher in der Zeitschrift "Nature" (Bd. 457, S. 877) über bemerkenswerte Funde in den Genomen von Mensch, Schimpanse und Gorilla berichtet. Jeweils unmittelbar vor der mutmaßlichen Aufspaltung der Abstammungslinien der vier Primatenarten vor Millionen Jahren war es offenbar zu regelrechten "Ausbrüchen" von Genduplikationen gekommen. Ganze Abschnitte des Erbguts verdoppelten sich plötzlich rasant und veränderten damit dauerhaft die Zusammensetzung des Genoms. Das betraf ausschließlich die zwischen den eigentlichen Genen liegenden Sequenzen - Genomabschnitte, die gerne als "Junk-DNA" oder "Schrott-DNA" bezeichnet werden. Bis es zur Abspaltung des Menschen kam, war ein Großteil der Duplikationen schon fest verankert. Allerdings erwiesen sich diese in ihren Genomsequenzen als außerordentlich variabel. Mensch und Affen unterscheiden sich dort massiv, und einige der neu entstandenen duplizierten Genomabschnitte findet man heute sogar exklusiv beim Menschen.

Die Bedeutung von Junk

Diese Beobachtung hat den Verdacht genährt, dass einem Großteil der vermeintlich

sinnlosen, nichtkodierenden Junk-DNA eine tragende Rolle in der Evolution zufällt. Eine besonders spannende Entdeckung hat in dieser Hinsicht jüngst die Gruppe um Diethard Tautz vom Max-Planck-Institut für Evolutionsbiologie in Plön gemacht. Auf Chromosom 10 der Maus, inmitten einer ausgedehnten Region von Schrott-DNA, haben die Forscher ein Gen ausfindig gemacht, das offenkundig durch sukzessive Veränderungen - durch einzelne aufeinanderfolgende Mutationen - entstanden ist - ein Prozess, der mindestens zweieinhalb bis dreieinhalb Millionen Jahre zurückliegen und auch einige Zeit gedauert haben dürfte. Als die Forscher die Abschrift des ausschließlich bei Mäusen vorkommenden Gens blockierten, zeigte sich, dass die Erbanlage in der Fortpflanzung eine wichtige Rolle spielt: Mäuse ohne das dreiteilige funktionsfähige Gen haben kleinere Hoden und langsamere Spermien ("Current Biology", doi: 10.1016/j.cub.2009.07.049). Selten hat man so klar nachvollziehen können, dass die Geburt neuer Gene - die "De-novo-Evolution" - tatsächlich eine derart wichtige Funktion in der Säugetierentwicklung einnehmen könnte.

Im Hinblick auf die Junk-DNA nimmt das Genom aller Säugetiere ohnehin eine Sonderstellung ein. Wie die Gruppe um den Konstanzer Evolutionsbiologen Axel Meyer in einer der jüngsten Ausgaben der Zeitschrift "Journal for Molecular Evolution" gezeigt hat, ist die Verteilung der bedeutungslosen "Gen-Wüsten" im Erbgut der Plazentatiere sehr viel ungleicher verteilt als üblich. Mikroben, Insekten, Pilze oder Pflanzen - bei allen hat man einen engen Zusammenhang zwischen der Länge der Chromosomen und der Zahl der Gene sowie dem Umfang der dazwischen liegenden Wüsten ermittelt. Bei Säugetieren hingegen ist der vermeintliche Schrott extrem ungleich verteilt. Wo viele Gene liegen, findet man wenig Wüste, wohingegen genarme Chromosomen extrem viel Zwischenraum bieten. Viele dieser Wüsten sind offenbar aus mehrfachen Duplikationen von Genabschnitten im jeweiligen Chromosom entstanden. Dafür, dass zumindest ein Teil dieser Sequenzen auch an der Regulation der eigentlichen Gene beteiligt ist, also durchaus nicht bloß Schrottwert besitzt, gibt es inzwischen zahlreiche Beispiele. Und auch aus dem Umstand, dass gut ein Fünftel dieser vermeintlich sinnlosen Genomabschnitte bei Säugetieren deutlich konserviert ist, also quasi unverändert bleibt, schließen Meyer und seine Kollegen, dass den ausgeprägten Gen-Wüsten bei der Höherentwicklung der Säuger eine hervorgehobene Rolle zukommen könnte.

Duplikationen in ökologischen Umbruchzeiten

Zum Thema

- [Einführung: Craig Venters Autobiographie](#)
- [Epigenetik: Mit Kaiserschnitt ins Genom](#)
- [Gentechnik: erster erfolgreicher transgener Eingriff in die Keimbahn bei Primaten](#)

Zu regelrecht gewaltigen Umbrüchen im Genom und damit zur Bildung ausgedehnter "Wüsten" im Erbgut war es in der Evolution insbesondere durch die Duplikation ganzer Genome gekommen. Die Mehrheit der heute lebenden Blütenpflanzen und Hunderte von Wirbeltieren und Insektengruppen tragen heute noch die Spuren solcher vollständigen Genomverdoppelungen. Allerdings ist diese Aufstockung des Geninventars keineswegs immer ein Vorteil - was man nicht nur aus der Geschichte vieler Krankheiten weiß, sondern auch aus der Tatsache, dass offenkundig die meisten gefundenen Genomverdoppelungen erst in der jüngeren Entwicklungsgeschichte entstanden und die meisten älteren längst wieder verschwunden sind.

Axel Meyer und seine Kollegen Yves van de Peer und Steven Maere von der Universität Gent haben jetzt in "Nature Review Genetics" (doi: 10.1038/nrg2600) dargelegt, unter welchen Umständen die schlagartige Aufstockung des Genominventars tatsächlich Vorteile bringen könnte: dann nämlich, wenn die Duplikationen in ökologischen Umbruchzeiten auftauchen. In globalen Aussterbekrisen etwa, wenn einzelne Organismen mit der zusätzlichen Genfracht quasi konkurrenzlos sind und neue oder frei gewordene ökologische Nischen besetzen können. "In direkter Konkurrenz mit gut angepassten Arten und in ökologisch stabilen Lebensräumen ist die Genomverdoppelung erst einmal kein Vorteil", schreiben die Evolutionsforscher. Gelingt es den Organismen mit duplizierten Genomen allerdings, eine Nische zu erobern, können sie sich unter Umständen schneller entwickeln und aus ihrem vergrößerten Genreservoir verstärkt nützliche Gene gewinnen - und am Ende sogar die Artbildung beschleunigen. Ein schrittweiser Prozess, der allerdings dauern kann. So sind vermutlich neunzig Prozent der wichtigen Regulationsgene bei der Arabidopsis-Pflanze in den vergangenen rund 150 Millionen Jahren allesamt aus Genomduplikationen entstanden.

Text: F.A.Z.

Bildmaterial: J. Craig Venter Institute

© Frankfurter Allgemeine Zeitung GmbH 2009.

Alle Rechte vorbehalten.

[Vervielfältigungs- und Nutzungsrechte erwerben](#)



[Verlagsinformation](#)

[Mehr medizinische Transparenz - die Facharzt- und Kliniksuche liefert Ihnen umfassende und wertneutrale Informationen zu Kliniken, Fachabteilungen und leitenden Ärzten. Jetzt informieren unter \[arztsuche.faz.net\]\(http://arztsuche.faz.net\)!](#)

F.A.Z. Electronic Media GmbH 2001 - 2009

Dies ist ein Ausdruck aus www.faz.net.