

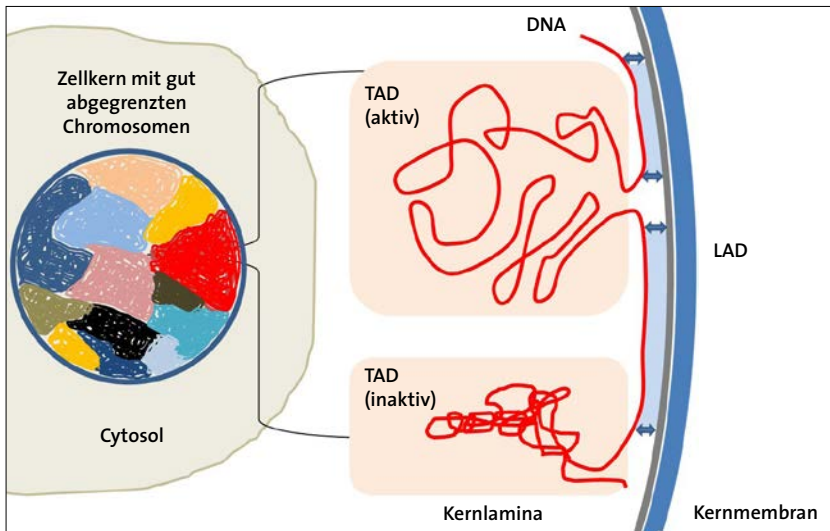


Abb. 1 Neu entdeckte funktionelle Elemente im Genom sind TAD und LAD. TADs sind definiert als Regionen, deren DNA-Sequenzen vorzugsweise miteinander in Kontakt stehen. Lamina-assoziierte Domänen (LADs) sind Teile des Chromatins, die stark mit der Lamina des Zellkerns interagieren. Die Lamina ist ein dichter Verbund von Fibrillen (winzigen Fasern). LADs bilden Langstreckeninteraktionen innerhalb der Chromosomen und sind für die 3D-Konfiguration des Genoms verantwortlich, d.h. sie bestimmen, wie die Chromosomen im Kernraum positioniert sind.

gien gab. Die jüngste Entwicklung von Techniken zur Analyse von Chromosomenkonformationen offenbarte ihre Existenz im Jahr 2012 (DIXON et al. 2012).

Es zeigt sich, dass TADs einen großen Teil der Chromosomen der Eukaryonten (Organismen mit kernhaltigen Zellen) ausmachen. Bei Säugetieren ist die mittlere TAD-Länge etwa 880.000 DNA-Buchstaben (Basen) lang – ein beträchtlicher Abschnitt der DNA, der typischerweise mehrere Gene und viele regulatorische Schalter und Kontrollfunktionen enthält (YU & REN 2017). Die 3D-Genomstruktur wird vor allem durch epigenetische Modifikationen (wie Acetylierung oder Phosphorylierung) von Histonen bestimmt, das sind Proteine, um die die DNA gewickelt sind. Diese Modifikationen zeigen nur eine etwa 70-prozentige Ähnlichkeit zwischen Mensch und Schimpanse (CAIN et al. 2012). Bemerkenswerterweise zeigte eine andere Studie aus dem Jahr 2012, dass Menschen für dasselbe Merkmal eine Ähnlichkeit von ebenfalls etwa 70 % mit Mäusen aufwiesen (WOO & LI 2012). Mit anderen Worten: Menschen unterschieden sich in Bezug auf diese spezielle Metrik der Genomkonformation genauso sehr von Mäusen wie von Schimpansen.

In der in *Trends in Genetics* vorgestellten Studie untersuchten die Wissenschaftler nun die TAD-Ähnlichkeit zwischen Menschen und Schimpansen. Sie fanden heraus, dass beim Vergleich von Menschen und Schimpansen „nur 43% der TADs konserviert [= ähnlich] sind“ und „nicht mehr als 78% der Domänen und 83% der TAD-Grenzen von Menschen und Schimpansen geteilt werden“. Dieses unerwartete Ergebnis veranlasste sie zu der Schlussfolgerung: „Unserer Meinung nach gibt es keine solide Grundlage für die verbreitete und oft unbestrittene Vorstellung, dass TADs hoch konserviert sind“ (ERES et al. 2020). Ein Mangel an Konservierung bedeutet hier: unerwartet große Unterschiede, viel zu groß für eine gemeinsame Abstammung.

Diese neue Studie stellt die vermeintliche sehr enge Verwandtschaft zwischen Mensch und Schimpanse weiter in Frage. Sie unterstreicht vielmehr die Einzigartigkeit beider Genome (vgl. BORGER 2019). Diese Befunde stehen dagegen in völliger Übereinstimmung mit der Schöpfung, wie sie in dem ersten Buch der Bibel beschrieben wird, wo es heißt, dass Gott die Geschöpfe nach ihrer Art und den Menschen zu seinem Bilde geschaffen hat (1. Mose 1,25–27). Diese tiefgründige Wahrheit wird durch die moderne Genetik immer wieder bestätigt.

[BORGER P (2019) Das Erbgut von Mensch und Schimpanse. Stud. Integr. J. 26, 4–10 • CAIN CE et al. (2011) Gene Expression Differences Among Primates Are Associated With Changes in a Histone Epigenetic Modification. Genetics 187, 1225–1234 • DIXON JR et al. (2012) Topological domains in mammalian genomes identified by analysis of chromatin interactions. Nature 485, 376–380 • ERES IE & GILAD Y (2020) A TAD Skeptic: Is 3D Genome Topology Conserved? Trends Genet. 37, 216–223 • YU M & REN B (2017) The Three-Dimensional Organization of Mammalian Genomes. Ann. Rev. Cell Dev. Biol. 33, 265–289 • WOO YH & LI WH (2012) Evolutionary Conservation of Histone Modifications in Mammals. Mol. Biol. Evol. 29, 1757–1767] P. Borger

■ Standing Variation: Das Rätsel der Buntbarsche gelöst?

Im afrikanischen Viktoriasee gibt es hunderte Arten von Buntbarschen, die alle möglichen ökologischen Nischen des Sees einnehmen. Man beobachtet Pflanzenfresser, Räuber und Aasfresser und sogar fast parasitär lebende Schuppenfresser. Viele Arten sind in ihrem biologischen Erscheinungsbild so unterschiedlich, dass man auf den ersten Blick meinen könnte, es handle sich um verschiedene Fischfamilien. Dennoch gehören alle Buntbarsche zu einer Familie, den *Cichlidae*.

Interessanterweise ist der Viktoriasee aus geologischer Sicht sehr jung: Vor etwa 14.000 radiometrischen Jahren war der See komplett ausgetrocknet und es gab keine Buntbarsche (JOHNSON 2000). Die Entwicklung dieser Fische – die Mindestschätzung ist, dass es über fünfhundert verschiedene Arten gegeben haben könnte – erfolgte innerhalb eines geologischen Augenblicks.

Wie schnell Artbildung ablaufen kann, erweisen fünf Cichliden-Arten, die nur im Nabugabo-See leben, einem kleinen Ausläufer des Viktoriasees, von dem er seit ca. 4.000 Jahren durch einen Sandwall abgeschnitten ist. Hier entstand ein ganzes Ökosystem innerhalb weniger Tausend Jahre. Eine derart schnelle Artbildung lässt für die Erzeugung neuer Gene bei weitem keinen ausreichenden zeitlichen Spielraum. Tatsächlich ist der Grad



Abb. 1 Drei Beispiele der Vielfalt der Buntbarsche im Viktoriasee: **A** *Astatoreochromis alluaudi*, **B** *Haplochromis thereuterion* und **C** *Pundamilia (Haplochromis) nyererei*. (Quellen: Banyankimbona, Gaspard, CC BY 3.0; User:Haplochromis, CC BY-SA 3.0; Kevin Bauman, CC BY 1.0)

der genetischen Variation zwischen den Arten aufgrund der kurzen Zeitspanne nach ihrer Aufspaltung sehr gering. Wie ist eine solch enorm schnelle Speziation dann möglich?

Frühere Studien haben bereits gezeigt, dass es zwischen den Arten hochdifferenzierte Allele (Genvarianten) im Opsin-Gen der Augen gibt, durch die sie sich leicht an unterschiedliche Tiefen und Trübungen anpassen können (MIYAGI 2012). Zudem kann aufgrund der Plastizität der doppelten Kieferausrüstung jede einzelne Buntbarschart eine sehr spezifische ökologische Nische einnehmen: Jede spezialisiert sich auf einen ganz bestimmten, sehr engen Ausschnitt aus dem Nahrungsspektrum (MUSCHICK 2011). Eine neue molekulargenetische Analyse, die in *Molecular Biology and Evolution* veröffentlicht wurde, deckt nun die wichtigsten genetischen Mechanismen der artspezifischen Anpassung der Viktoriasee-Buntbarsche auf.

Eine japanische Bioinformatikergruppe verglich die gesamten Genomsequenzen von drei Arten von Viktoriasee-Buntbarschen (*Haplochromis chilotes*, *H. sauvagei* und *Lithochromis rufus*), die in sehr unterschiedlichen Umgebungen leben,

um die evolutiven Anpassungsprozesse zu klären (NAKAMURA 2021). *H. chilotes* und *H. sauvagei* sind zwei auf felsige Biotope spezialisierte Arten, während *L. rufus* eine generalistische Art ist, die verschiedene Biotope am Seegrund im Viktoriasee bewohnt.

Im Artikel werden 99 neue Gene beschrieben, die mit Anpassungen der Fische verbunden sein könnten, von denen einige auf selektive Sweep-Ereignisse hinweisen. Im darwinistischen (selektionistischen) Rahmen bedeutet ein selektiver Sweep, dass eine Sequenz extrem schnell fixiert wird, weil sie dem Organismus einen extremen Selektionsvorteil bietet. Danach wird sofort gegen Mutationen in solchen Sequenzen selektiert und diese werden aus der Population entfernt. Es wurden artspezifische Allele entdeckt, die nur bei bestimmten verschiedenen Buntbarscharten vorhanden sind. Einige davon sollen extrem alt sein, sogar noch vor der Existenz des Viktoriasees vorhanden gewesen sein.

Von besonderem Interesse sind zwei Gene, die für Kollagen VI codieren. Kollagen VI ist ein wichtiges extrazelluläres Matrixprotein, das die Ausprägung des Skelettmuskels

und die Integrität der Haut beeinflusst. Eine wichtige Beobachtung ist, dass die Stammbäume der beiden Gene nicht mit dem Artenbaum übereinstimmen. Die Gene müssen daher als „standing genetic variation“ (= „bereits zuvor bestehende genetische Variation“) erklärt werden.

„Standing Variation“ ist ein Begriff, der in der Evolutionsbiologie verwendet wird, um die genetische Variation zu beschreiben, die in einer Population von Organismen bereits vorhanden ist und die der natürlichen Selektion direkt zur Verfügung steht, um speziell angepasste Formen zu erzeugen. Weitere Analysen ergaben, dass ein großer Teil der genetischen Diversität unter den Buntbarschen des Viktoriasees aus einer bereits bestehenden genetischen Variation stammt, die ihren Ursprung bereits vor der adaptiven Radiation hatte. „Standing variation“ ist sogar eines von fünf Schlagwörtern, mit denen die Autoren ihre Arbeit zusammenfassen und damit die Bedeutung der neuen Erkenntnisse hervorheben.

Diese neuen Daten zeigen, dass die sehr schnellen Anpassungen und die Artbildung bei den Buntbarschen im Viktoriasee hauptsächlich auf bereits vorhandene genetische Information zurückzuführen sind. Es stellt sich heraus, dass die Viktoriasee-Buntbarsche keine neuen Gene evolvieren mussten; ihre Genome waren auf Veränderungen vorbereitet.

[JOHNSON TC et al. (2000) The Holocene History of Lake Victoria. *Ambio* 29, 2–11 • MIYAGI R et al. (2012) Correlation between nuptial colors and visual sensitivities tuned by opsins leads to species richness in sympatric Lake Victoria cichlid fishes. *Mol. Biol. Evol.* 29, 3281–3296 • MUSCHICK M et al. (2011) Adaptive phenotypic plasticity in the Midas cichlid fish pharyngeal jaw and its relevance in adaptive radiation. *BMC Evol. Biol.* 11, 116; <https://doi.org/10.1186/1471-2148-11-116> • NAKAMURA H et al. (2021) Genomic Signatures for Species-Specific Adaptation in Lake Victoria Cichlids Derived from Large-Scale Standing Genetic Variation. *Mol. Biol. Evol.*, <https://doi.org/10.1093/molbev/msab084>] P. Borger