

■ Birkenspanner, Melanismus und springende Gene

Der Birkenspanner (*Biston betularia*, Abb. 1) ist ein häufig verwendetes Lehrbuchbeispiel dafür, wie aufgrund von Umweltbedingungen unterschiedliche Erscheinungsformen von Lebewesen (Morphen oder Phänotypen) selektiert werden können. Die hellen und dunklen Morphen von *B. betularia* können z. B. von Fressfeinden auf hellem bzw. dunklem Untergrund unterschiedlich gut wahrgenommen und erbeutet werden. Obwohl der Einfluss und die Reichweite von Selektionsfaktoren bis in die Gegenwart kontrovers diskutiert werden, ist hinreichend belegt, dass Vögel als Fressfeinde die Häufigkeitsverteilung der Birkenspanner in Abhängigkeit des entsprechenden Untergrundes beeinflussen.

Die genetischen Grundlagen für das Auftreten verschiedener Phänotypen von *B. betularia* sind bisher allerdings erst in Ansätzen bekannt. VAN'T HOF et al. (2011) konnten den Ort der genetischen Ursache für das Auftreten der dunklen Morphologie durch einen Vergleich mit dem Seidenspinner (*Bombyx mori*) anhand von genetischen Markern auf dem Chromosom 17 auf einen Bereich von 200 Kilobasen (kb) eingrenzen. Die Autoren interpretierten die empirischen Befunde als Beleg dafür, dass ein Allel (Genvariante), das vor nicht langer Zeit („recent“) erstmals aufgetreten ist, für die dunklen Birkenspanner verantwortlich ist. Sie konnten damals zwar die Korrelation des Bereichs im Genom mit der farblichen Veränderung belegen, aber es war kein genetischer Zusammenhang mit der Melaninproduktion, also der Erzeugung des dunklen Pigments, erkennbar.

In einer neuen Untersuchung (VAN'T HOF et al. 2016) konnte nun nachgewiesen werden, dass die dunklen *B. betularia*-Formen durch ein springendes Gen (Transposon) verursacht werden. In diesem Fall haben die Autoren ein Transposon der Klasse II identifiziert, also einen mobilen DNA-Abschnitt, der seine Position im Genom selbständig verändern kann. In der Arbeit wird gezeigt, dass dieses Transposon

sich in dem zuvor beschriebenen Bereich des Chromosoms 17 in das erste Intron eines Gens mit der Bezeichnung *cortex* integriert. Das Transposon umfasst einen DNA-Strang mit 22 kb, der sich in einen Abschnitt des *cortex*-Gens einbaut, der vor der Übersetzung (Translation) in das entsprechende Protein herausgeschnitten wird. Vom Protein Cortex ist aber nicht bekannt, dass es in irgendeinem Zusammenhang mit der Biosynthese des dunklen Pigments Melanin steht. Das *cortex*-Gen wird in bestimmten Larvenstadien in den embryonalen Flügelanlagen stark ausgeprägt (exprimiert). Das entsprechende Protein Cortex reguliert den Zellzyklus während der Entwicklung der Flügel in der Larve. Die genauen Details, wie diese Regulation die Pigmentierung beeinflusst, sind bisher jedoch nur wenig verstanden und werden weiter erforscht. In einem gleichzeitig erschienenen Artikel bestätigen NADEAU et al. (2016) jedoch, dass *cortex* in Schmetterlingen die Musterung der Flügel kontrolliert.

Aufgrund statistischer Untersuchungen von *cortex* in Birkenspannern kommen VAN'T HOF et al. (2016) zu dem Schluss, dass der Zeitpunkt, an dem das springende Gen sich an der neuen Position integriert hat, um das Jahr 1819 liegen soll. Sollte sich das bestätigen, dann hätte sich diese genetische Veränderung sehr rasch in der Population der Birkenspanner in der Gegend von

Birmingham bemerkbar gemacht, denn Mitte des 19. Jahrhunderts wurden die dunklen Morphen dort beobachtet und beschrieben.

Wenn sich die hier vorgestellten Untersuchungsergebnisse und deren Interpretation durch weitere Forschung bestätigen sollten, dann würde dieser Fall von Industriemelanismus zeigen, dass die verschiedenen Erscheinungsformen des Birkenspanners quasi vorprogrammiert sind und sich in einer Population rasch etablieren können.

[VAN'T HOF AE, EDMONDS N, DALIKOVA M, MAREC F & SACCHERI IJ (2011) Peppered moths has a singular and recent mutational origin. *Science* 332, 958-960 • VAN'T HOF AE, CAMPAGNE Pet al. (2016) The industrial melanism mutation in British peppered moths is a transposable element. *Nature* 534, 102-105 • NADEAU NJ, PARDO-DIAZ C et al. (2016) The gene *cortex* controls mimicry and crypsis in butterfly and moths. *Nature* 534, 106-110.]
H. Binder

■ In 50 statt in 12 000 Jahren: Wiederholte Anpassungen bei Stichlingen

Der dreistachelige Stichling (*Gasterosteus aculeatus*) gehört seit Jahren zu den besonders intensiv untersuchten Modellorganismen. Er kommt in Küstengewässern und im Süßwasser der Nordhemisphäre vor. Interessant ist der ca. 10 cm lange Fisch unter anderem, weil er in verschiedenen Formen auftritt: Die im Meer lebenden Stichlinge besitzen seitliche



Abb. 1 Eines der berühmtesten Beispiele für (Mikro-)Evolution „in action“: Der Birkenspanner (*Biston betularia*); helle und melanistische Form in einer Collage.

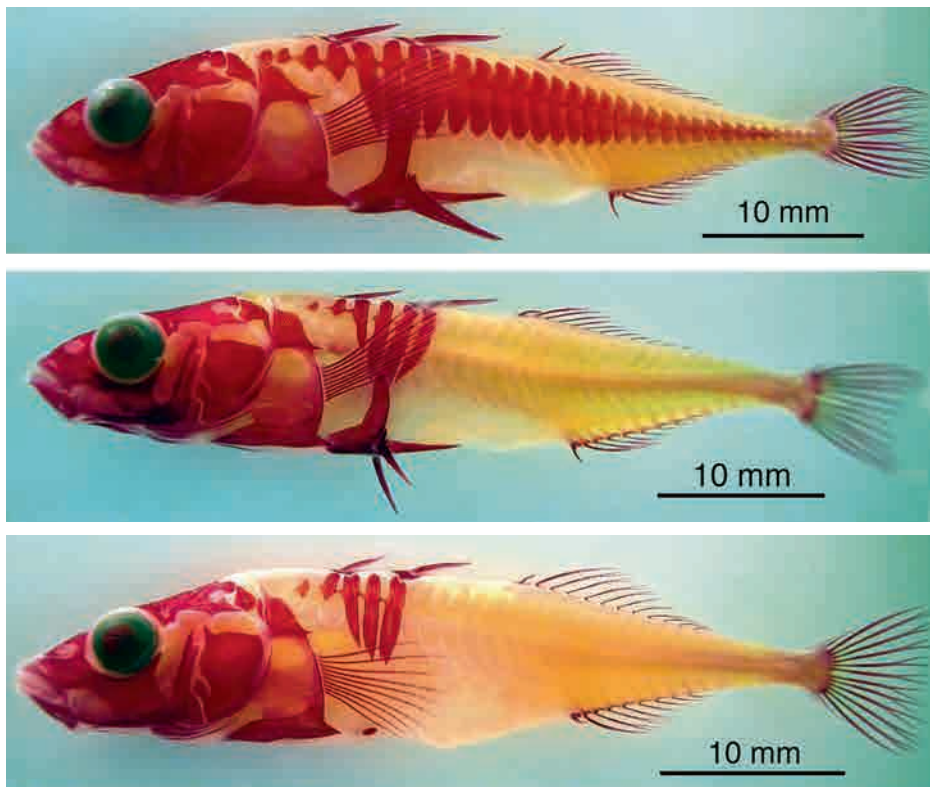


Abb. 1 Stichlinge verlieren im Süßwasser ihre knöchernen Panzerplatten (Mitte) sowie die Beckenstacheln (unten). (Aus PENNISI 2004)

Panzerplatten, z.T. mit stacheligen Auswüchsen, vermutlich ein Schutz vor Raubfischen. Die Süßwasser-Stichlinge dagegen besitzen entweder verkleinerte oder gar keine Seitenstacheln und Panzerplatten (Abb. 1), was mit dem geringen Angebot an Calcium für den Knochenaufbau oder mit dem Fehlen von nur im Meer lebenden Raubfischen zusammenhängen könnte. Einige genetische Grundlagen dieser Unterschiede fasst WINKLER (2005) zusammen. Die Entstehung der Süßwasserformen wird in der Phase des Rückzugs des Eises der Eiszeit vermutet, konventionell vor 12 000–20 000 Jahren. Im Meer lebende Stichlinge sollen demnach in Seen zurückgeblieben sein, die sich damals durch den Rückzug des Eises gebildet hatten. Im Laufe der Aussüßung der Seen konnten sich die Stichlinge an die neuen Bedingungen anpassen.

Nun konnten Wissenschaftler um Emily A. LESCAK von der University of Alaska Fairbanks und Susan L. BASSHAM von der University of Oregon in einer aufwändigen genetischen Studie zeigen, dass die Veränderungen bei den Süßwasserformen bereits in nur 50 Jahren auftreten, was 25–50 Generationen entspricht. Zugute kam den Forschern ein schweres

Erdbeben am 27. März 1964 im Gebiet der Südküste von Alaska. Es führte zur Heraushebung mehrerer Inseln im Prinz-William-Sund. Auf diesen entstanden Teiche mit Süßwasser. Der Dreistachelige Stichling konnte dort überleben, und über Flüsse wanderten auch Stichlinge aus dem Meer in die Süßwasserteiche ein oder sie gelangten durch Sturmfluten dorthin. LESCAK et al. (2015) berichten von Untersuchungen an Stichlingen von drei Inseln. Sie verglichen die Süßwasserformen mit den im Meer lebenden Fischen genetisch und nach ihrer äußeren Erscheinung (phänotypisch) und stellten fest, dass sich die Fische auf den Inseln „dramatisch“ im Vergleich zu ihren ozeanischen Vorfahren verändert haben. Die Merkmalsausprägungen der erst in den letzten 50 Jahren entstandenen Süßwasserformen unterscheiden sich kaum von den Merkmalen derjenigen Stichlinge, die andernorts schon seit mindestens 12 000 Jahren im Süßwasser leben. Anders ausgedrückt: Die phänotypische Divergenz ist nahezu identisch, gleichgültig ob die Formen in den letzten 50 oder in mindestens 12 000 Jahren entstanden sind. Die genetischen Unterschiede sind allerdings deutlich geringer. Die Untersuchungen zeigten, dass die

Formen auf den neu entstandenen Inseln nicht von anderen Süßwasserformen abstammen, sondern mindestens sechs Mal unabhängig auf die ozeanischen zurückgehen. Außerdem konnten die Forscher nachweisen, dass die Veränderungen tatsächlich auf Unterschieden im Erbgut beruhen und nicht Folge phänotypischer Plastizität sind. Plastizität ist die Fähigkeit, ausgelöst durch verschiedene Umweltreize unterschiedliche gestaltliche Ausprägungen hervorzubringen, und das auf der Basis desselben Erbguts.

Auf den neuen Inseln leben nach wie vor auch Formen, die den ozeanischen Fischen ähneln, und es kommt auch zu Vermischungen der verschiedenen Formen. Die Inselpopulationen bekommen offenbar immer wieder Zuwachs aus dem Meer.

Da die Veränderungen bei den Süßwasserformen mehrfach in ähnlicher Weise auftreten, vermuten die Forscher, dass die ozeanischen Formen einen großen Pool an genetischer Variation besitzen, der unter Süßwasserbedingungen schnell genutzt werden kann. LESCAK et al. (2015) folgern aus ihren Ergebnissen außerdem, dass auch in den älteren Süßwasserpopulationen die Veränderungen bereits in den ersten Generationen eingetreten sind. Die Autoren schließen: „Wenn die Befunde bei den Stichlingen auf andere Systeme verallgemeinert werden können, könnte rasche Evolution unter natürlichen Verhältnissen verbreiteter sein als bisher nachgewiesen.“ Die Autoren erwähnen einige weitere Beispiele dieser Art. Das Beispiel der Stichlinge zeigt, dass mindestens phänotypisch ein enormes Potenzial an Anpassungsmöglichkeiten in den Lebewesen angelegt sein kann. Man könnte diese Situation als Ausdruck einer Vorprogrammierung mit flexiblen Ausprägungsmöglichkeiten interpretieren.

[LESCAK EA, BASSHAM SL, CATCHEN J, GELMOND O, SHERBICK ML, VON HIPPEL FA & CRESKO WA (2015) Evolution of stickleback in 50 years on earthquake-uplifted islands. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, E7204–E7212 • PENNISI E (2004) Changing a fish's bony armor in the wink of a gene. *Science* 304, 1736–1739 • WINKLER N (2005) Über genetische Schalter bei Stichlingen. *Stud. Integr. J.* 12, 32–34] R. Junker