

## Vielfalt durch Kombination weniger Gene

Viele Hunderassen sind in wenigen hundert Jahren entstanden. Woher kommt ihre große Vielfalt? Vor einigen Jahren konnte gezeigt werden, dass ein einziges Gen, Igf-1 (insulin-like growth factor 1), eine entscheidende Bedeutung für die Körpergröße der Hunde hat (CHECK 2006). Wir hatten darüber in *Studium Integrale Journal* berichtet (Jg.14, 2007, S. 50f.). PARKER et al. (2009) fanden bei einer Untersuchung von 835 Hunden aus 76 Rassen heraus, dass das Retrogen fibroblast growth factor 4 (fgf4) eng mit der Ausbildung kurzer Beine (Chondrodysplasie) gekoppelt ist, die für mindestens 19 Hunderassen charakteristisch ist wie z. B. Dackel, Pekinese, Basset oder Corgi (vgl. Abb. 1). Retrogene entstehen durch Retrotransposition verdoppelter Gene. (Dabei wird RNA in DNA zurückübersetzt und diese an einer neuen Stelle im Erbgut eingebaut.) Die Autoren schließen aus ihren Untersuchungen, dass ein einzelnes evolutionäres Ereignis einen großen Einfluss auf die Richtung der phänotypischen (gestaltlichen) Vielfalt beim Hund haben kann.

In einer weiteren Studie untersuchten CADIEU et al. (2009) die genetischen Grundlagen der Variation der Fellfarbe und Fellbeschaffenheit an 1000 Hunden aus 80 Rassen. Sie identifizierten drei Gene (RSPO2, FGF5 und KRT71), die für die Mehrzahl der Farbmuster des Fells und Fellbeschaffenheit wie Länge und Kräuselung verantwortlich sind. Ein großer Teil der Variation kann demnach durch Kombination weniger Gene erzeugt werden.

Beide neuen Studien stützen die Hypothese, dass eine relativ geringe Anzahl von Genen ein großes Ausmaß an Variation ermöglichen kann. Diese Befunde lassen sich auch durch eine Vorprogrammierung von Variation durch Kombination und Mutation deuten.

[CADIEU E, NEFF M et al. (2009) Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science* 326, 150-153; CHECK E (2006) One gene between tiny dogs and giant ones? <http://www.nature.com/news/2006/061009/full/061009-12.html>; PARKER, GH, VONHOLDT BM et al. 2009. An expressed Fgf4 retrogene is associated with breed-defining chondrodysplasia in domestic dogs. *Science* 325, 995-998.] R. Junker

## Auf den Kopf gestellt: Die Argumentation mit dem Wurmfortsatz

Der Wurmfortsatz (die Appendix) des Blinddarms galt lange Zeit als Paradebeispiel eines (nahezu) nutzlosen Organs, das nur durch Rückbildung im Verlaufe einer längeren Evolution verstehbar sei. Auch Charles DARWIN hielt ihn für überflüssig. Es gab zwar schon lange Hinweise auf eine Funktionalität der Appendix, ein definitiver Beweis dafür gelang aber erst vor wenigen Jahren. Es konnte gezeigt werden, dass die Appendix u.a. eine Art



Zufluchtsort („safe house“) und Rettungsstation für symbiotische Bakterien darstellt, die das Wachstum nützlicher Darmbakterien fördert und bei durchfallbedingten Darmentleerungen die Wiederbesiedlung mit diesen Bakterien ermöglicht bzw. erleichtert. Diesen Bakterien fällt die Aufgabe zu, die Ausbreitung gefährlicher Krankheitserreger im menschlichen Verdauungstrakt zu verhindern, was besonders nach Durchfallerkrankungen sehr wichtig ist. Besonders in Gegenden, wo die medizinische Versorgung nicht gut ist, ist diese Funktion der Appendix wichtig (BOLLINGER et al. 2007).

Gegen die Deutung des Wurmfortsatzes als rudimentäres Organ sprach auch dessen Vorkommen bei verschiedenen Säugetiergruppen. Dieses legte eher ein Neuauftreten des Organs, nicht jedoch seine Rückbildung im Verlauf der Evolution nahe. Eine phylogenetische Studie brachte eine weitere Bestätigung. SMITH et al. (2009) legen eine detaillierte Untersuchung über die Vielfalt des Wurmfortsatzes bei den Säugetieren vor. Etwa 80 Arten aus verschiedenen Familien wurden untersucht; eine Appendix kommt in den meisten Gruppen vor, sie fehlt aber auch einer Reihe von Organismen. Die Autoren fanden drei Morphotypen der Appendix und appendix-ähnliche Strukturen in Arten, die keinen echten Wurmfortsatz besitzen. Cladistischen Analysen zufolge muss für den Wurmfortsatz eine mindestens zweimal unabhängige Entstehung in der Evolution der Säugetiere angenommen werden. Das bedeutet, die Appendix verschiedener Arten lässt sich wegen ihrer konvergenten Entstehung nicht mehr sicher homologisieren, d. h. auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückführen. Außerdem muss im evolutionstheoretischen Rahmen angenommen werden, dass der Wurmfortsatz in einigen Gruppen über mindestens 80 Millionen erhalten blieb. Alle diese Befunde schließen die Deutung der Appendix als funktionsloses phylogenetisches Rudiment weiter aus. Viel-

Abb. 1: Kurzbeiniger Welsh Corgi („Walisischer Zwerghund“). (GNU Freie Dokumentationslizenz)