

Auffällig ähnliche Muster in Chromosomen verschiedener Lebewesen

Untersuchungen von Chromosomen zeigen schon lange, dass bei ihrem Aufbau zusammenhängende Abschnitte als Blöcke Verwendung finden, die bei verschiedenen Organismen wie Bausteine weit verbreitet sind. Eine systematische Studie hat nun bestätigt, dass dies auch für Lebewesen gilt, deren Baupläne sehr unterschiedlich sind. Wie kann man das Zusammenspiel dieser Module im Gesamtkontext des Erbguts verstehen? Passt das zu etablierten Evolutionsvorstellungen oder ist ein zugrundeliegendes Konzept eine bessere Erklärung?

Harald Binder

Ein wichtiger Schritt beim Versuch, neue Erkenntnisse im Verständnis der Natur zu gewinnen, ist die Suche nach auffälligen Strukturmerkmalen. Solche Merkmale in der äußeren Erscheinungsform von Lebewesen oder in ihren molekularbiologischen Strukturen kann man zu Vergleichen heranziehen; so ermöglichen sie ein systematisches Verständnis der Gegebenheiten der Lebenswelt.

Bei der Untersuchung von Chromosomen haben modulartige Bereiche Aufmerksamkeit erregt. Die heute verfügbaren Methoden der Erforschung des kompletten Erbguts von Lebewesen (Genomanalyse) eröffnen Möglichkeiten, die enorm wachsenden Datenmengen aus den DNA-Sequenzierungen durch Vergleiche verschiedener Organismen zu erforschen und daraus neue Erkenntnisse zu gewinnen. Basierend auf sehr großen Computerkapazitäten stellt die Bioinformatik unterschiedlichste Ansätze bereit, entsprechend ausgewählte Datensätze auf bestimmte Besonderheiten hin zu untersuchen. Bei Untersuchungen von Chromosomen war schon lange aufgefallen, dass bestimmte Abschnitte immer im Verbund auf einem Chromo-

som vorkommen. RENWICK (1971) hatte dafür in einem Überblicksartikel über die Kartierung der menschlichen Chromosomen den Begriff „Syntänie“ (auch Syntenie) geprägt. Mit der Verknüpfung der beiden griechischen Wörter (*syn* = zusammen und *tainia* = Band) bringt der Autor zum Ausdruck, dass bestimmte Einheiten wie an einem Band verknüpft zusammen in einem Chromosom vorkommen. Die Abfolge der einzelnen Gene innerhalb dieser Chromosomenabschnitte wird dabei nicht beachtet, sie kann unterschiedlich sein.

Ein internationales Team von Wissenschaftlern hat den modularen Aufbau der Chromosomen in verschiedenen Organismen nun in einer ersten systematischen Untersuchung erforscht (SIMAKOV et al. 2022). Dazu haben die Forscher zunächst die Genomsequenz sowie ihre Verteilung auf die Chromosomen beim Süßwasserpolyphen *Hydra vulgaris* (Modellorganismus für Nesseltiere) bestimmt. Die gewonnenen Daten wurden mit denjenigen des Lanzettfischchens *Brachistoma floridae*, der Kammmuschel *Patinopecten yessoensis*, der Meeresqualle *Rhopilema esculentum* und dem Süßwasserschwamm *Ephy-*

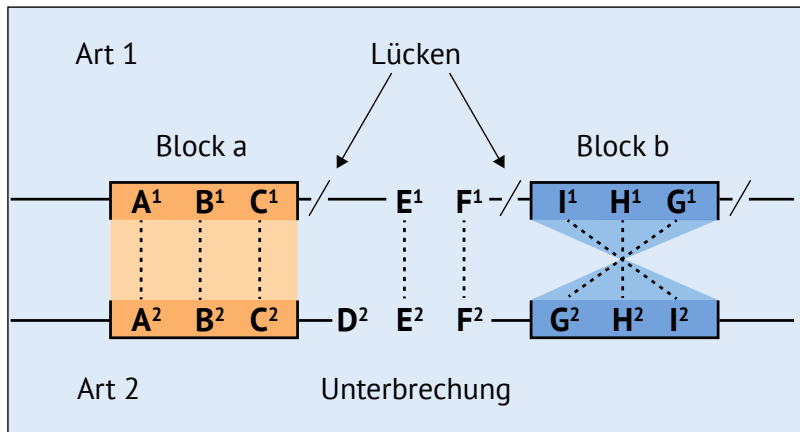


Abb. 1 Syntanie anhand eines formalen Beispiels graphisch dargestellt: Die Abfolge der Gene (durch Buchstabenfolge dargestellt) in den Chromosomen der beiden Arten (1 und 2) zeigt zwei wiedererkennbare Blöcke, wobei innerhalb der farblich gekennzeichneten Abschnitte die Reihenfolge der Gene verändert sein kann. (Nach Dang Liu, Martin Hunt & Isheng J Tsai, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>)

datia muelleri verglichen. Mit diesen Vertretern der Zweiseitentiere¹ (Bilateria), Nesseltiere (Cnidaria) und Schwämme (Porifera) sehen die Autoren das gesamte Tierreich (Metazoa) repräsentiert (unter Zugrundelegung evolutionärer Vorstellungen).

Bei der Untersuchung fanden SIMAKOV et al. 29 Gruppen von Genen, die sie in Chromosomen der verschiedenen Tiere nachweisen konnten. Die Reihenfolge der einzelnen Gene innerhalb der Gruppen unterscheidet sich jedoch stark. Daneben gibt es eine Vielzahl von Genen, die sich unabhängig von diesen modulartigen Gengruppen auf den Chromosomen verteilen (zwischen 29 % bei Kammuschel/Meeresqualle und 43 % bei Lanzettfischchen/Süßwasserschwamm).

Die Autoren formalisieren ihre Befunde, indem sie diese in algebraische Operationen übersetzen. Das nutzen sie zur Demonstration von drei verschiedenen Mechanismen, die zeigen sollen, wie die gefundene Verteilung der Gengruppen auf den Chromosomen der jeweiligen Organismen im Verlauf der angenommenen Evolution abgelaufen sein könnte.

Dabei legen SIMAKOV et al. evolutionäre Vorstellungen zugrunde. Diese führen sie ein, indem sie ihre Befunde aus den vergleichenden Genomanalysen mit einem Stammbaum koppeln. Dadurch erhalten die an Proben aus rezenten Organismen gewonnenen Genomdaten eine theoretische historische Dimension (diese steckt *nicht* in den Informationen aus den Genomen). Bei der Konstruktion von Stammbäumen fließen neben Daten, die zum Vergleich herangezogen werden, auch Denkkonzepte ein, wie z. B. dass alle Lebewesen letztlich auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen und durch natürliche Prozesse aus diesem hervorgegangen sind. Dieser Gedanke ist zwar weitgehend etabliert, aber er stellt eine Hypothese dar, die letztlich auf naturalistischen Überlegungen basiert.

Die Autoren kommen durch dieses Vorgehen zu Aussagen wie: „... die Syntanien (...) bei vielen verschiedenen Tieren sind bemerkenswert

ähnlich, sogar nach einer halben Milliarde von Jahren unabhängiger Entwicklung ...“.²

Bei der Konstruktion von Stammbäumen fließen neben Daten, die zum Vergleich herangezogen werden, auch Denkkonzepte ein.

Auch in den Genomdaten von Kragengeißeltierchen (Choanoflagellaten) – diese werden oft als älteste lebende Verwandte der Metazoa (Vielzellige Tiere) angesehen – und einzelligen Fischparasiten (Ichthyosporea) fanden die Autoren Hinweise auf 16 der nachgewiesenen 29 Gengruppen. Sie interpretieren dies als Beleg für die Erhaltung dieser Gengruppen seit mehr als 800 Millionen Jahren ablaufender Evolution (also seit präkambrischen Zeiten [Proterozoikum]). Es sei darauf hingewiesen, dass auch diese Interpretation Makroevolution als historische Tatsache voraussetzt. Zwar gibt es möglicherweise Hinweise auf fossile Verwandte der Ichthyosporea aus dem Präkambrium (STROTHER et al. 2021), aber es existieren aus dieser Zeit keine Fossilien für Kragengeißeltierchen – das älteste mögliche Fossil stammt aus der Kreide (vor ca. 90–100 Millionen radiometrischen Jahren; vgl. FONSECA et al. 2023).³

Diskussion

Die von SIMAKOV et al. (2022) vorgestellten Befunde zeigen, dass eine erstaunlich große Anzahl von Genen auf den Chromosomen unterschiedlichster Tiere in Gengruppen gekoppelt ist und in den untersuchten Spezies vorkommt. Eine Ursache dafür ist bisher nicht bekannt und erfordert weitere Forschung. Die Autoren spekulieren, dass Regulationsmechanismen eine Rolle gespielt haben könnten. Aus evolutionärer Perspektive ist dieses Ausmaß an Konservierung in der Verteilung der Gene auf die Chromosomen erstaunlich und verschärft die Frage, wie sich die angenommene Entfaltung der Lebewesen und deren Vielfalt im Genom widerspiegeln.

Die in der Fachpublikation und vor allem in den populären Veröffentlichungen angesprochenen hohen Alter sind nicht in den Genomdaten enthalten, sie stecken in den damit gekoppelten Stammbäumen und ihrer zeitlichen Dimensionierung.

Modulare Strukturen werden gemeinhin als Hinweis auf ein zugrundeliegendes gedankliches Konzept angesehen.

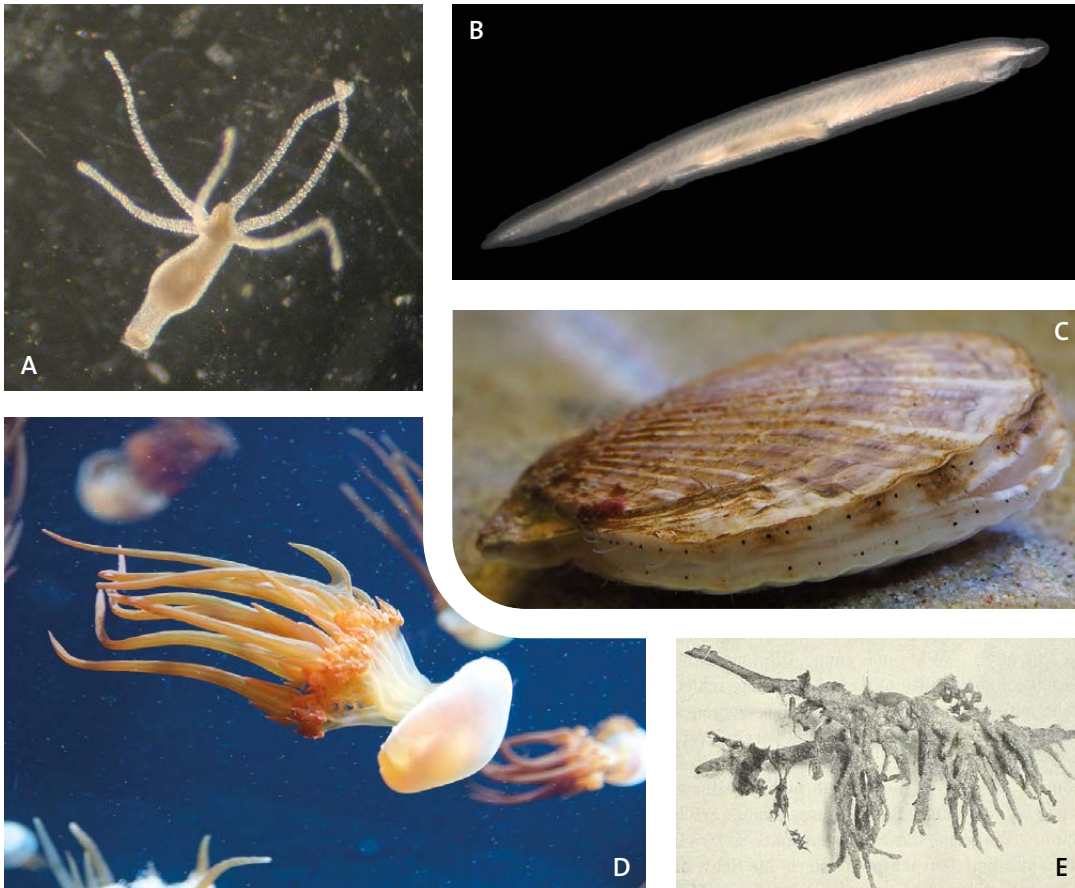


Abb. 2 Die abgebildeten Tiere sollen eine Vorstellung von den Tieren vermitteln, deren Chromosomen von SIMAKOV et al. (2022) hinsichtlich der Verteilung der Gene untersucht wurden: **A** Süßwasserpolymp (*Hydra vulgaris*), **B** Lanzettfischchen (*Branchiostoma lanceolatum*), **C** Kammmuschel (*Patinopecten/Mizuhopecten yessoensis*), **D** Meeresqualle (*Rhopilema esculentum*) und **E** Süßwasserschwamm (*Ephydatia muelleri*). (Wikimedia: Corvana, CC BY-SA 3.0; © Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0; harum.koh, CC BY-SA 2.0; Bill Abbott - aDSC_0786 on Flickr, CC BY-SA 2.0; flickr, CCo 1.0)

Die Gengruppen (Syntänien) erinnern stark an *Module* – ein Begriff, den die Autoren selbst nicht verwenden, der aber in den populären Darstellungen der hier vorgestellten Arbeit genutzt wird. Das Auftreten solcher Baugruppen ist von evolutionären Standpunkten aus eigentlich nicht zu erwarten. Modulare Strukturen werden gemeinhin eher als Hinweis auf ein zugrundeliegendes gedankliches Konzept angesehen. So ist das Programmieren in Modulen mit dem Ziel der Wiederverwendbarkeit in zukünftigen Programmen ein typisches Vorgehen in der Informatik.⁴

Die von SIMAKOV et al. (2022) veröffentlichten Befunde zeigen, dass wir bei der Fülle der verfügbaren genetischen Daten noch einen großen Forschungsbedarf haben, um ein besseres Verständnis der Zusammenhänge zu erreichen; in diesem konkreten Fall geht es darum, besser zu verstehen, warum bestimmte Gene auf den Chromosomen typischerweise in Gruppen angeordnet sind. Gleichzeitig passen die nachgewiesenen Syntänien nicht zu einer Interpretation aus der Perspektive der Evolutionslehre, da sie auf einen zugrundeliegenden Plan hinweisen, den es nach dem Denkansatz der Evolution nicht geben sollte.

Anmerkungen

- 1 Bilateria: Tiere, die einen zweiseitig (bilateral) symmetrischen Körperbau aufweisen, d. h. ihr Körper hat – bei äußerlicher Betrachtung – eine (einzige) Spiegelebene.

- 2 „... the syntenies (...) of many diverse animals are remarkably similar even after half a billion years of independent evolution ...“
- 3 „Knowledge on the evolution of choanoflagellates is key for the understanding of the ancestry of animals, and although molecular clock evidence suggests the appearance of choanoflagellates by late Neoproterozoic, no specimens of choanoflagellates are known to occur in the fossil record. [...] While the study of modern choanoflagellates holds the promise of illuminating the cellular foundations of animal origins [...], this discovery may bring new light into the reconstruction of the development and evolution of choanoflagellates, whose first specimens evolved over 600 million years ago“ (FONSECA et al. 2023).
- 4 „In object-oriented systems, assessing *reusability* plays a key role in reducing a cost and improving the quality of the software. Object-oriented programming helps in achieving the concept of reusability through different types of inheritance programs, which further help in developing *reusable software modules*“ (GOEL & BHATIA [2013], Hervorhebungen hinzugefügt).

Literatur

- FONSECA C et al. (2023) First putative occurrence in the fossil record of choanoflagellates, the sister group of Metazoa. *Sci. Rep.* 13, 1242, <https://doi.org/10.1038/s41598-022-26972-8>.
- GOEL BM & BHATIA PK (2013) Analysis of reusability of object-oriented systems using object-oriented metrics. *ACM SIGSOFT Software Engineering Notes* 38, 1–5, <https://doi.org/10.1145/2492248.2492264>.
- RENWICK HJ (1971) The mapping of the human chromosomes. *Ann. Rev. Genet.* 5, 81–120.
- SIMAKOV O et al. (2022) Deeply conserved synteny and the evolution of metazoan chromosomes. *Sci. Adv.* 8, eabi5884.
- STROTHER PK et al. (2021) A possible billion-year-old holozoan with differentiated multicellularity. *Curr. Biol.* 31, 2658–2665, <https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.051>.