

Gudrun Brockmann
Matthias Glaubrecht
Elke Dittmann

Genetische Variabilität und Anpassungsfähigkeit

Interdisziplinäres Zentrum
der Humboldt-Universität zu Berlin

IZGeVA

Genetische Variabilität ist an das Vorhandensein von DNA geknüpft, deren Gesamtheit das Genom bildet. Der Begriff Genom wurde vor nahezu 100 Jahren geprägt. Seitdem hat sich seine Definition stetig verändert und reflektiert die Zunahme des Wissens über die Zusammensetzung, die Struktur, die Variabilität zwischen verschiedenen Genomen sowie additive und kooperative Eigenschaften verschiedener Genomteile. Die Eigenschaften des Genoms hatten entwicklungsgeschichtliche Auswirkungen, prägen die genetische Vielfalt und die Anpassungsfähigkeit der Lebewesen an ihre Umwelt. – Ungeachtet der Millionen Arten umfassenden biologische Vielfalt ist allen Lebewesen der Erde ein beinahe universeller genetischer Code gemeinsam. Mit immer verfeinerten molekulargenetischen Techniken gelingt es heute, viele Details der genetischen Grundlagen des Lebens, darunter auch der genetischen Codierung und Steuerung zu untersuchen. Dadurch hoffen wir besser verstehen zu lernen, wie sich das Leben seit vielen Jahrmillionen immer wieder den vielfältigen neuen Herausforderungen einer sich wandelnden Umwelt anpassen konnte. Berliner Biologen aus den unterschiedlichsten biowissenschaftlichen Disziplinen, darunter des Museums für Naturkunde, der Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät und des Instituts für Biologie, haben sich im »Interdisziplinären Zentrum für Genetische Variabilität und Anpassungsfähigkeit« zusammengeschlossen (IZGeVA), um mit Hilfe verschiedener molekulargenetischer Analyseverfahren die genetischen Grundlagen der biologischen Vielfalt zu erforschen.

Auf der Erde leben schätzungsweise 10–15 Millionen Tier- und Pflanzenarten, vom Abermillionenheer an Einzellern ganz zu schweigen. Die genetischen Grundlagen jener Vielfalt des Lebens, der Biodiversität, sind Dank neuer molekulargenetischer Untersuchungsmethoden in den letzten Jahrzehnten immer mehr in den Blickpunkt der Biologen geraten. Inzwischen wurden komplette Genome verschiedener Organismen – angefangen bei uns Menschen, aber auch Mäuse, Rind, Huhn, Hund und sogar Mammuts – sequenziert und teilweise sogar rese-

quenziert, das heißt, nicht nur ein Individuum sondern mehrere Individuen einer Spezies wurden mit neuesten Techniken unter Verwendung der Ursprungssequenzinformation sequenziert, um die Unterschiede in der DNA-Sequenz sichtbar zu machen, die Ergebnis verschiedenartiger und mehrfacher Mutationen sind.

Durch die Interpretation der DNA-Sequenzinformation wurde längst klar, dass die Eigenschaften und Veränderungen des Genoms zu Veränderungen der Funktion von Genen führen kann und entwicklungsgeschichtliche Auswirkungen hatten. Zwar mögen in der genomischen Evolution oftmals Veränderungen neutral geblieben sein, doch viele solcher Mutationen dürften Ansatzpunkt für die Kräfte der Selektion gewesen sein. Zunehmend ist es möglich, durch die vergleichende



Abb. 1a

Die Abbildung zeigt den extremen Phänotyp einer auf hohen Fettsatz (Berliner Fettmaus) selektierten Mauslinie (Männchen im Alter von 12 Wochen).

Vererbung komplexer Merkmale – Körperzusammensetzung der Maus

Die Körpermasse ist für die Beurteilung von Übergewicht beim Menschen und Muskelmasse beim Nutztier ein wichtiges, leicht messbares Merkmal. Das Körpergewicht setzt sich jedoch aus Muskeln, Fettgewebe, Knochen und Körperflüssigkeiten zusammen und resultiert letztendlich aus der Differenz zwischen Stoffansatz (Aufbau von Muskeln und Proteinen) und Stoffumsatz (Bewegung und Thermoregulation). Mauslinien, die über viele Generationen wiederholt auf hohe Körpermasse selektiert wurden, tragen in ihrem Genom solche Genvarianten, die auf verschiedene Weise zur hohen Körpermasse beigetragen haben. Der Vorteil solcher selektierter Mäuse gegenüber künstlich genetisch modifizierten Mäusen (Transgene oder Knockout-Modelle) besteht darin, dass gerade natürlich vorkommende Genvarianten zum extremen Maustyp beitragen. Das sind solche Varianten, von denen wir annehmen, dass sie für die Zielspezies, nämlich Mensch und Nutztier, eher relevant sind als die künstlichen Mutanten. Deshalb sind extrem selektierte Mauslinien mit großen Fettdepots oder »Schwarzenegger«-Muskeln

Genomanalyse das Schicksal und die Veränderung einzelner Gene zu identifizieren sowie die Vorgänge der genetischen Regulation und Steuerung von körperbaulichen Eigenschaften und physiologischen Vorgängen zu untersuchen. Insbesondere die Analyse der Genexpression auf der Ebene der RNA und der Proteine trägt dazu bei, die Funktionen verschiedener Gene und deren Regulation aufzuklären. Zudem wird immer deutlicher, wie wichtig es ist, die verschiedenartigen Wechselwirkungen zwischen Genen und deren Genprodukten aufzuklären, um die Funktionsweise genomischer Netzwerke innerhalb von Zellen, Geweben und Organismen zu verstehen. Auf der Grundlage von Einblicken in Verwandtschaft, Wirkungsweise und Anpassung von verschiedenen Genomen lassen sich auch klassische Fragen der biologischen Komplexität, wie





Abb. 1b

Die Abbildung zeigt den extremen Phänotyp einer auf hohe Muskelmasse (Berliner Muskelmaus) selektierten Mauslinie (Männchen im Alter von 12 Wochen). Die beiden in Abbildung a und b gezeigten Selektionslinien stammen aus derselben Basispopulation.

wie wir sie an unserem Institut über mehr als 100 Generationen gezüchtet haben, sehr gute Modelle, um das Vererbungsmuster solcher komplexen Merkmale aufzuklären. Kreuzungen zwischen Selektions- und Kontrolllinien erlauben die Identifizierung von Chromosomenregionen, die das Merkmal beeinflussen. Werden diese Kreuzungsversuche mit Untersuchungen zur Transkriptionsaktivität der Gene verbunden, lassen sich Kandidatengene in Zielregionen identifizieren, und durch vergleichende Sequenzierung Polymorphismen identifizieren, die für die Wachstumsunterschiede verantwortlich sind. Unter Nutzung der Berliner Fett- und Muskel-Mauslinien wird von uns diese Strategie genutzt, um sowohl einzelne Gene zu finden, die zur unterschiedlichen Körperzusammensetzung beitragen, als auch Wechselwirkungen zwischen diesen Genen aufzudecken und den Einfluss verschiedener Diäten auf die Genwirkungen zu verstehen.

Prof. Dr. Gudrun Brockmann, Institut für Nutztierwissenschaften, Fachgebiet Züchtungsbiologie und molekulare Genetik

etwa die Wechselwirkung genetischer Systeme von Lebensgemeinschaften und ökologischen Systemen zu ihrer Umwelt verstehen.

Zielsetzungen

Mit der Gründung des *Interdisziplinären Zentrums für Genetische Variabilität und Anpassungsfähigkeit* wollen die Forscher der Berliner Humboldt-Universität zusammen mit Partnern anderer wissenschaftlicher Einrichtungen aus dem Großraum Berlin die Aufklärung der Evolution, der Struktur, Wirkungsweise und Funktion von Genen und Genomen jetzt noch stärker ins Visier nehmen. Sie wollen die naturwissenschaftliche Grundlagenforschung fördern, indem sie projektübergreifend ihre Kompetenzen auf verschiedenen Gebieten der Genetik und Genomanalyse bei diversen Organismen-

gruppen vereinen, um einen effizienten Beitrag zur Aufklärung der Wechselwirkungen zwischen genetischer Vielfalt und Anpassungsvermögen zu leisten.

Molekulargenetische Arbeitstechniken entwickeln sich zur Zeit mit großer Schnelligkeit. Selbst sehr große Arbeitsgruppen sind heutzutage nicht mehr in der Lage, dafür alle technischen Grundlagen bereitzustellen. Wir wollen in unserem Zentrum die notwendigen Arbeitsgeräte und zugleich auch das unverzichtbare Knowhow zur Durchführung entsprechender Forschungen zugänglich machen. Die zu bearbeitenden Organismen in den vom Zentrum aufgegriffenen einzelnen Projekten sind dabei ebenso vielfältig wie es die an der Gründung des Interdisziplinären Zentrums beteiligten Partner der verschiedenen Einrichtungen erwarten lassen. Die verbindende Klammer ist die nahezu universelle Gemeinsamkeit und quasi »natürliche« Vernetzung im methodischen Bereich, da alle Projekte die Sequenzierung von mitochondrialen oder/und nukleären Genen sowie die komparative oder phylogenetische Analyse dieser Sequenzdaten vorsehen. Die molekularen und statistischen Methoden werden dabei den jeweiligen wissenschaftlichen Fragestellungen angepasst und reichen von Sequenzvergleichen (nukleare und mtDNA) über hochauflösende nukleare Markersysteme bis hin zu Expressionsstudien, physiologischen Untersuchungen und komplexen Analysen der umfangreichen Daten.

Die Forschungen im *Interdisziplinären Zentrum für genetische Variabilität und Anpassungsfähigkeit* lassen sich zwei Themenkomplexen zuordnen, »Biodiversität, Evolution und Phylogenie« sowie »Anpassung durch Interaktionen zwischen Organismen und Genomen«. Das Zentrum will damit zugleich auch zur Profilbildung der Humboldt-Universität im Bereich der Lebenswissenschaften beitragen.

Biodiversität, Evolution und Phylogenie

In diesem Themenkomplex wird der Blick verstärkt auf die Vielfalt der Lebewesen gerichtet. Solch eine organismische Sichtweise schließt heute die Erforschung der genetischen Grundlagen ein. Eine zentrale Rolle bei der Erforschung von Ursachen und Mechanismen der Biodiversität kommt der Aufdeckung von Mustern genetischer Variabilität und Verwandtschaft sowie von Anpassungsleistungen bei verschiedenen Organismen sowohl innerhalb ausgewählter Ordnungsgruppen als auch zwischen verwandtschaftlich nahestehenden Gruppen zu. Das übergreifende Ziel der in dieser Thematik zusammengefassten Projekte ist letztlich ein besseres Verständnis von Adaptation und Variation im Spannungsfeld zwischen Genotyp und Phänotyp.

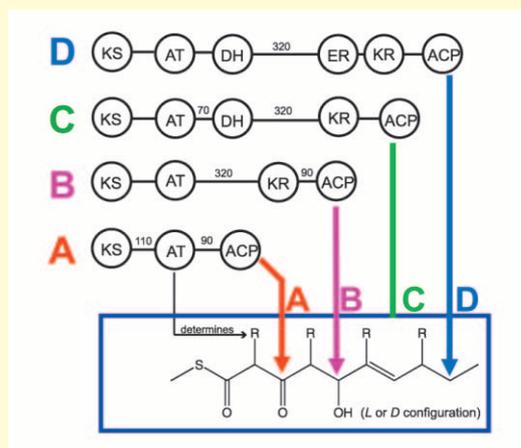
Der Evolutions- und Biodiversitätsforschung wird derzeit international wieder ein deutlich höherer Stellenwert eingeräumt, nachdem gezeigt werden konnte, wie sich eine klassisch-traditionelle biosystematische Ausrichtung mit den neuesten molekulargenetischen Arbeitsweisen kombinieren lässt. Daraus ergeben sich faszinierende neue Einblicke in die Vielfalt des Lebens mit ihren genetischen Grundlagen sowie die Wirkungsweise evolutionsbiologischer Prozesse. Diese werden derzeit auf den verschiedensten räumlichen und auch zeitlichen Niveaus untersucht. Mehrere Forschungsprojekte dienen in erster Linie der Klärung der stam-

mesgeschichtlichen Verwandtschaft (Phylogenie) und der systematischen Klassifizierung, um Fragen der Artenbildung (Speziation) beantworten zu können. Sogenannte »Alte Seen«, die vor ca. 1–12 Millionen Jahren gebildet wurden, und Höhlen, die in der jüngeren Erdgeschichte entstanden, sind besonders gut geeignet, das zeitliche und räumliche Muster der Speziation der darin lebenden Organismen zu untersuchen. Den Forschern am Naturkundemuseum geht es insbesondere um die Charakterisierung morphologisch unterschiedlicher Linien beispielsweise bei im Wasser lebenden (limnischen) Schnecken (Gastropoda) und

Abb. 2a
Streptomyceten – Prominente Antibiotika-Produzenten (aus: Charles J. Thompson, Doris Fink and Liem D Nguyen: Principles of microbial alchemy: insights from the Streptomyces coelicolor genome sequence. Genome Biology 2002, 3(7): reviews 1020.1–1020.4. <http://genomebiology.com/2002/3/7/reviews/1020>; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



Abb. 2b
Enzym-Domänen-Komplex



Variable Enzymnetzwerke zur Produktion bakterieller Wirkstoffe

Sekundärmetabolite zeigen eine große Variabilität auch bei Individuen einer Art. Dabei spielen offensichtlich sehr schnelle Anpassungsprozesse eine Rolle. Auf genetischer Ebene erfordert solch eine schnelle Anpassung spezielle Evolutionsmechanismen, die eine schnelle Veränderung von Genen erlauben, ohne diese funktionell zu beschädigen. Solche Mechanismen werden im Rahmen des IZGeVA gezielt untersucht. Bei Mikroorganismen besitzen viele der Sekundärmetabolitbiosynthesegene eine modulare Struktur, bei der die in der Regel kleinen Moleküle nach einem Baukastenprinzip von einzelnen Modulen zusammengesetzt werden. Biosyntheseenzyme, die nach solch einem Legoprinzip arbeiten, sind vor allem in Bodenbakterien der Streptomycetengruppe weit verbreitet (Abb. 2b). Die verschiedenen Antibiotika sind auch für die verschiedenen Färbungen einzelner Bakterienisolate verantwortlich (Abb. 2a). Die Domänenzusammensetzung einzelner Module entscheidet über die chemischen Eigenschaften der jeweiligen C2- oder C3-Gruppe (Abb. 2a) Im Laufe der Evolution kommt es offensichtlich sehr häufig zu Rekombinationsereignissen zwischen den ähnlich aufgebauten Modulen innerhalb eines Genoms und in der Folge zu neuen chemischen Eigenschaften der Sekundärmetabolite (Abb. 2b). Diese Erkenntnisse können nicht nur zum besseren Verständnis der ökologischen Wechselbeziehungen beitragen, sondern auch helfen, neue Strategien zur Herstellung von Bibliotheken bioaktiver Substanzen nach dem Vorbild der Natur abzuleiten. Das Interesse der Pharmazeutischen Industrie an solchen Strategien ist groß, da resistente Mikroorganismen in immer stärkerem Maße neue Wirkstoffe erfordern.

Juniorprofessorin Dr. Elke Dittmann, Institut für Biologie, Fachgebiet Molekulare Ökologie

Muscheln (Bivalvia) innerhalb der Weichtiere (Mollusken), aber auch anderer Gruppen der Wirbellosen wie etwa den Armfüßern (Brachiopoden) oder verschiedenen Insektengruppen. Über diese wirbellosen Tiergruppen weiß man aufgrund langer Vernachlässigung dieser Forschung sehr wenig. Aber gerade diese Tiergruppen können dazu beitragen, die Evolution und die Wechselwirkung zwischen Organismengruppen besser verstehen zu lernen. So helfen zum Beispiel genetische Untersuchungen von Süßwasserschnecken Australasiens (Kronenschnecken oder Thiaridae) sowie des Mittelmeerraumes (Maurenschnecken oder Mela-

nopsidae) bei der Klärung der Entstehung lebend gebärender Fortpflanzungsstrategien. Die dabei gewonnenen Datensätze mit DNA-Varianten des Zellkerns und der Mitochondrien enthalten darüber hinaus Informationen über genetische Determinanten für bestimmte Schalenmerkmale und die Rekonstruktion der Besiedlungsgeschichte dieser Schnecken einzelner Kontinente im Laufe der Erdgeschichte.

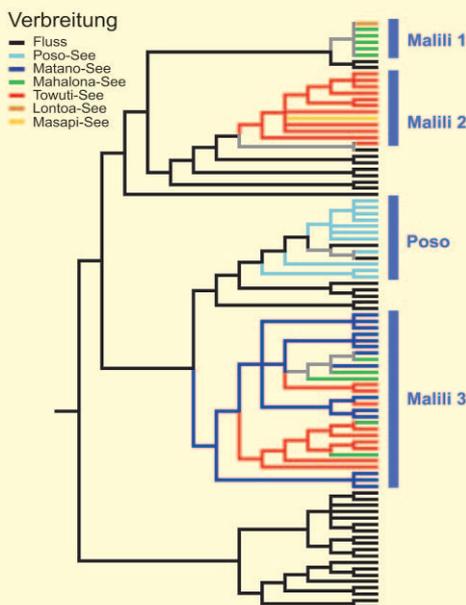
Interessante Fragen der Adaptation werden mit kälte-liebenden (psychrophile) Schneecalgen verfolgt. Welche Mutationen in welchen Genen führten zur Adaptation

Entstehung neuer Arten in alten Seen

Artbildungsprozesse (Speziation) werden modellhaft an limnischen Organismen in sogenannten »alten Seen« in Ostafrika und auf der indonesischen Insel Sulawesi durchgeführt. In mehreren Projekten werden derzeit mittels Sequenzierung und AFLP-Genotypisierung Speziationsmuster bei den Schnecken (Pachychilidae, Gattung *Tylomelania*), Muscheln (Corbiculidae, Gattung *Corbicula*) sowie Garnelen (Atyidae, Gattung *Caridina*) untersucht, die jeweils mit eigenen Artenschwämen etwa in den Zentralseen auf Sulawesi ver-

Abb. 3a

Die auf der Analyse von 1535 bp der mitochondrialen DNA basierende Phylogenie der Süßwasserschnecke *Tylomelania* auf Sulawesi zeigt, dass die alten Seen der Insel mehrfach unabhängig voneinander besiedelt wurden und danach eine rasche Aufspaltung der Arten erfolgte.

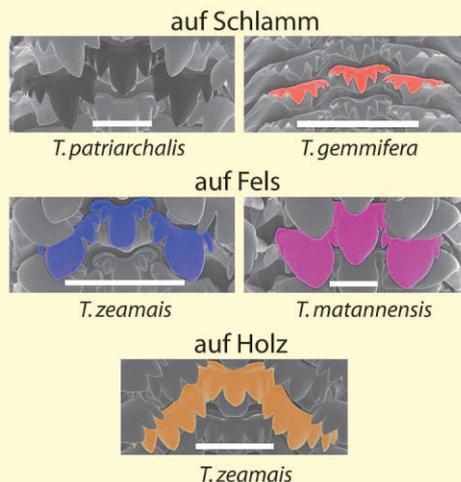


treten sind. Dazu müssen die in unterschiedlichem Maße morphologisch und ökologisch differenzierten Arten bzw. Populationen genetisch charakterisiert werden, und zwar mit dem Ziel, Hinweise auf den Grad genetischer Isolation unterschiedlicher Morphen abzuleiten und insbesondere die Rolle der trophischen Spezialisierung im Speziationsprozess zu erhellen. Beispielsweise weisen die Radula genannten Raspelzungen unterschiedliche anatomische Besonderheiten auf, die einerseits artspezifisch sind, andererseits mit dem jeweils genutzten Substrat korrelieren, auf dem sie leben. Sie sind also davon abhängig, ob Nahrung von Felsen oder von schlammigem Weichsubstrat oder von untergetauchten Stammstämmen aufgenommen wird.

Dr. Matthias Glaubrecht, Museum für Naturkunde

Abb. 3b

Die *Tylomelania*-Arten der Seen zeigen deutliche Anpassungen ihrer Raspelzunge (Radula) an das Substrat auf dem sie leben. Es wird daher angenommen, dass die Spezialisierung der Radula eine wesentliche Rolle bei der Diversifikation und Radiation dieser Schnecken in den alten Seen Sulawesi spielt.



dieser Algen an die eisigen Standorte? Untersucht wird, ob zwischen den heute isoliert liegenden Schneevalgenstandorten noch ein Genfluss existiert oder ob dieser nach Rückgang der großen Vergletscherungen in den Verbreitungsgebieten der Schneevalgen auch zu einer genetischen Isolation der Habitate geführt hat. Bei der Erforschung funktioneller Aspekte der Schneevalgen gilt besonderes Augenmerk den kälteinduzierten Genen sowie molekularen Aspekten von Osmoregulation, Gefrierschutz und Carotinoidsynthese.

Elektronenmikroskopische Aufnahme: CLRV-Partikel, 28 nm Durchmesser



Genetische Diversität und Anpassung des Kirschenblattrollvirus (CLRV)

Das Kirschenblattrollvirus (*Cherry leaf roll virus*, CLRV) ist im Forst und öffentlichen Grün Europas und Nord-Amerikas weit verbreitet. Die Viren beeinträchtigen die Vitalität und Widerstandsfähigkeit der Bäume, können zu Degenerationserscheinungen und zum Absterben führen.

CLRV ist bislang das einzige bekannte Pflanzenvirus, das einen extrem weiten Wirtspflanzenkreis an Gehölzen aufweist. Zu den holzigen Wirtspflanzen gehören Birke, Brombeere, Esche, Faulbaum, Flieder, Hainbuche, Hartriegel, Himbeere, Holunder, Liguster, Kirsche, Pfaffenhütchen, Rotbuche, Ulme, Walnuss und Wein. Interessanterweise werden aber auch krautige Pflanzen natürlich infiziert wie beispielsweise Rhabarber, Rittersporn, Graukresse und stumpfblättriger Ampfer. Der experimentelle Wirtskreis ist sehr viel größer und umfasst Pflanzenarten aus mehr als 36 Familien.

Viele Fragen zur genetischen Variabilität und Anpassungsfähigkeit dieses Virus an verschiedene Wirtspflanzen und Umweltbedingungen sind ungeklärt. Bisher konnte gezeigt werden, dass die genetische Struktur von CLRV-Populationen vor allem durch den Einfluss der natürlichen Wirtspflanzenart bestimmt wird, während

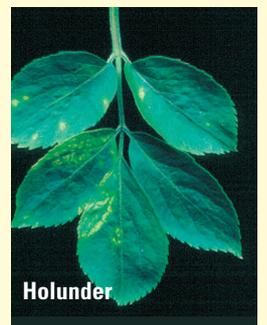
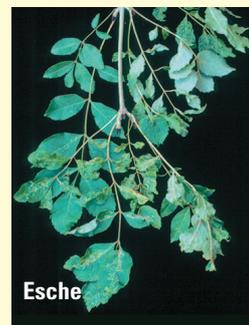
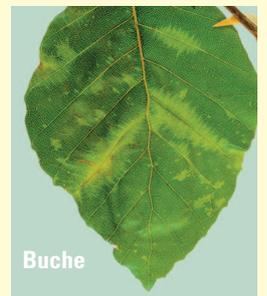
der Einfluss der geographischen Distanz vergleichsweise gering ist. Möglicherweise ist die Populationsstruktur dieses Virus epidemiologisch begründet, da CLRV im Gegensatz zu anderen Pflanzenviren vorrangig durch Pollen und Samen übertragen wird, was offenbar artspezifische Übertragungsbarrieren zur Folge hat.

Von direkter wirtschaftlicher Bedeutung ist eine Infektion mit CLRV vor allem an Obstgehölzen (Wal-

Anpassung durch Interaktion zwischen Organismen, Genomen und Genomteilen

Die zweite inhaltliche Fokussierung liegt auf dem Thema Anpassung. Anpassung kann durch Wechselbeziehungen zwischen Genomen ganzer Organismen, zwischen Genomteilen wie z.B. dem Zellkern und Mitochondrien und Organismus und Umwelt erfolgen, ja geradezu notwendig sein. Dabei steht die Aufklärung der Funktion einzelner Genomabschnitte, Gene oder Polymorphismen und ihres Zusammenspiels für die

nuss, Olive) und an Birken. Seit kurzem wird in zunehmendem Umfang z.B. in Finnland über absterbende Birken berichtet. Aktuelle Studien an zahlreichen Proben belegten eine Infektion mit CLRV. Das Virus wurde nicht nur in 56% der entnommenen Proben von Moor- und Hängebirken, die dort sowohl von ökonomischer (Papierherstellung, Möbelbau) als auch ökologischer Relevanz sind, nachgewiesen, man entdeckte darüber hinaus neue Wirtspflanzen, die bisher nicht als CLRV-Wirte bekannt waren, nämlich Zwergbirke (*B. nana*), Bergbirke (*B. pubescens* ssp. *czerepanovii*) und Kiilopää-Birke (*B. pubescens* var. *appressa*), die Leitarten der Tundren-Vegetation nördlich des Polarkreises sind.



Prof. Dr. Carmen Büttner, Institut für Gartenbauwissenschaften, Fachgebiet Phytomedizin

Abb. 4 Blattsymptome durch eine CLRV-Infektion an ausgewählten Wirtspflanzen: chlorotische Ringflecken, chlorotische Liniennmuster, Blattdeformationen an Fraxinus (Esche).

Ausprägung bestimmter Merkmale im Mittelpunkt des Interesses.

In diesem Zusammenhang interessiert die Wissenschaftler insbesondere der interessante Spezialfall der Endosymbiose, bei der einst unabhängig lebende Einzeller gleichsam eine Wohn- und Lebensgemeinschaft mit mehrzelligen Organismen eingegangen sind. Nach dem Motto »Mitgegangen, mitgefangen« sind sie seitdem in einem koevolutionärem Prozess aufeinander

Austausch stehen und auf diese Weise synergistisch agieren. Neben den Organismen selbst sind auch die Sekundärmetabolite Resultat von Koevolution. Arbeitsgruppen der Zentrumsinitiative arbeiten an vielfältigen Projekten, die den Zusammenhang zwischen Organismengruppen untereinander und die Diversität und Rolle von Sekundärmetaboliten untersuchen. Dabei werden Fragen nach den molekularen Ursachen für die Anpassung pflanzenpathogener Viren an ihre Wirtspflanzen ebenso gestellt wie nach den Ursachen für die Wechsel-

Wiederansiedlung baltischer Störe

Aufgrund intensiver Fischerei wurden die Störe in Nord- und Ostsee während des letzten Jahrhunderts ausgerottet. Archäozoologische Funde haben darauf hingewiesen, dass vor ungefähr 3000 Jahren der Europäische Atlantikstör, *Acipenser sturio*, die Ostsee kolonisierte. Genetische Untersuchungen an Museumsexemplaren zeigten, dass dieser von seiner nordamerikanischen Schwesterart, *A. oxyrinchus*,

lungen anhand von »ancient« (alter) DNA-Analysen von archäozoologischen Knochenplatten aus dem 8.–14. Jahrhundert weitergehend untersucht. Einerseits sollen generelle Aussagen zu Kolonisierungsergebnissen und der Dynamik von Gründerpopulationen gezogen werden, andererseits werden die Ergebnisse für die Wiederansiedlung von Stören in den Ostseezufüssen genutzt. Die Wiederansiedlung von Stören ist



während des 8.–12. Jahrhunderts verdrängt wurde. Damit liegt eine einzigartige Artverschiebung basierend auf einer transatlantischen Kolonisierung vor. Die Publikation dieser Ergebnisse in *Nature* (2002) hat zu einem großen fachlichen und öffentlichen Interesse geführt. Gleichzeitig blieben grundlegende Fragen zum eigentlichen Verlauf der Artenverschiebung (Hybridisierung, Introgression, Verdrängung) offen. Gegenwärtig werden diese offenen Fragestel-

lungen anhand von »ancient« (alter) DNA-Analysen von archäozoologischen Knochenplatten aus dem 8.–14. Jahrhundert weitergehend untersucht. Einerseits sollen generelle Aussagen zu Kolonisierungsergebnissen und der Dynamik von Gründerpopulationen gezogen werden, andererseits werden die Ergebnisse für die Wiederansiedlung von Stören in den Ostseezufüssen genutzt. Die Wiederansiedlung von Stören ist ein multinationales Projekt unter der Federführung der Bundesrepublik Deutschland. Die zukünftige weiterführende Bearbeitung dieses Projektes innerhalb des interdisziplinären Zentrums ermöglicht eine Nutzung der unterschiedlichen Kernkompetenzen und erfüllt damit eine essentielle Voraussetzung für die erfolgreiche Bearbeitung des Projektes.

PD Dr. Arne Ludwig, Institut für Zoo- und Wildtierforschung

Abb. 5
Der europäische Atlantikstör zählt zu den gefährdeten Süßwasserfischarten weltweit. Noch zu Beginn des letzten Jahrhunderts reichte sein Verbreitungsgebiet vom Schwarzen Meer bis zur Nordsee, heute existiert nur noch eine Reliktpopulation in der Gironde, Frankreich.
(Foto: B. Bourdes)

angewiesen und müssen die in ihrem jeweiligen Genom codierte genetische Information aufeinander abstimmen.

In der Beziehung zwischen Organismen erfolgt der Austausch von Informationen und das gegenseitige Erkennen der Partner häufig durch Vermittlung von Sekundärmetaboliten. Der Nutzen einer solchen Beziehung kann für die einzelnen Partner sehr unterschiedlich sein und reicht von symbiotischen bis zu parasitären Beziehungen oder Wirt-Pathogen-Interaktionen. Auch Organismen der gleichen Art können durch Kommunikationssignale im

wirkung zwischen Bakterien vom Typ *Bdellovibrio* und Gram-negativen Bakterien auf Jäger-Beute-Ebene. Das Verständnis dieser Interaktion kann zu völlig neuen Ansätzen bei der Behandlung von Infektionen führen. Aber auch die Unterdrückung phytopathogener Mikroorganismen durch bestimmte *Bacillus*-Stämme der Rhizosphäre (Wurzelwerk), die das Pflanzenwachstum fördern, ist von Interesse. Für einige *Bacillus*-Stämme konnte bereits gezeigt werden, dass spezifische Sekundärmetabolite von entscheidender Bedeutung für die Wechselwirkung sind. Eine Reihe von Arbeitsgruppen im Zentrum vereint die Rhizosphärenforschung und die For-

Interaktion zwischen Pflanzenarten im Feldbestand

Der anthropogene Rückgang der Artenvielfalt ist nicht nur aus ethischen Gründen bedenklich, sondern kann auch zu einem Verlust der Leistungen von Ökosystemen für den Menschen (»ecosystem services«) führen, wie z.B. der Bereitstellung von sauberem Trinkwasser oder der Aufnahme von Treibhausgasen aus der Atmosphäre. Im Rahmen eines von



Abb. 6a (oben)
Feldexperiment mit 400 m² großen Grünlandbeständen, die zwischen einer und 60 Pflanzenarten aus unterschiedlichen funktionellen Pflanzengruppen (Leguminosen, Kräuter, Gräser) enthalten.
(Foto: A. Weigelt)

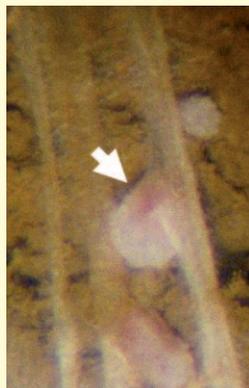


Abb. 6b (unten)
Mit geeigneten Techniken (»Mini-Rhizotrone«) kann das Wurzelwachstum im Boden kontinuierlich und nicht destruktiv beobachtet werden: Wurzeln der Leguminose Weißklee, die sich durch Infektion mit symbiotischen Bakterien (siehe Pfeil mit Wurzelknöllchen) aus der Luft mit Stickstoff versorgen kann.
(Foto: H. Beßler)

der DFG finanzierten Feldexperimentes, bei dem über 200 Grünlandbestände mit unterschiedlicher Pflanzenartenvielfalt etabliert wurden (siehe Abb. 6a), werden die Mechanismen untersucht, die der positiven Beziehung zwischen Artenvielfalt und Ökosystemleistungen zugrunde liegen.

Eine Arbeitsgruppe des Fachgebietes Pflanzenernährung beschäftigt sich mit den Wechselwirkungen zwischen den Arten im Wurzelbereich (»Rhizosphäre« siehe Abb. 6b). Dabei wird insbesondere untersucht, inwieweit Wechselwirkungen zwischen den Arten zu einer Veränderung der Bodendurchwurzelung jeder einzelnen Art führen und welche Signale an der Kommunikation zwischen den Arten beteiligt sind. In zukünftigen Arbeiten soll die Wirkung solcher Signale auf die Genexpression untersucht werden.

Prof. Dr. Christof Engels, Institut für Pflanzenbauwissenschaften, Fachgebiet Pflanzenernährung

schung über die Metabolit- und Signalvermittlung zwischen Wurzel und Spross (zwischen »sink«- und »source«-Gewebe). Hier sollen in zukünftigen Projekten Signale identifiziert werden, die zu einer Veränderung der Bodendurchwurzelung in verschiedenen Beständen führen. Auch Signal-vermittelte symbiotische Beziehungen zwischen Süßwasserschwämmen mit Bakterien sowie die Funktion von sekundären Pflanzeninhaltsstoffen bei der Abwehr spezialisierter Fraßfeinde in der Interaktion zwischen Kohlpflanzen und ihren Insekten-schädlingen spielt in den Forschungsthemen eine Rolle.

Die Cyanobakterien (auch Blaualgen genannt) besiedeln vermutlich bereits seit mehr als 3,5 Mrd. Jahren die Erde und zählen damit zu den ältesten Lebensformen überhaupt. Sie spielen eine wichtige Rolle für das biologische Gleichgewicht in verschiedenen Lebensräumen. Die Variabilität von cyanobakteriellen Sekundärmetaboliten und deren unterschiedliche Funktion soll weiter aufgeklärt werden. Solche Metabolite können einerseits toxisch sein für Fraßfeinde wie Zooplankton und Fische, aber auch andere, bislang unbekannte Funktionen übernehmen. Neben blütenbildenden toxischen Cyanobakterien im Süßwasser werden auch terrestrische Cyanobakterien und ihre symbiotischen Wechselwirkungen mit niederen und höheren Pflanzen untersucht. Phylogenetische Untersuchung von Biosyntheseenzymen für Sekundärmetabolite bilden auch hier einen Schwerpunkt.

Innerhalb einer Zelle ist ein harmonisches Zusammenspiel von Genen des Zellkerns und der Mitochondrien (und der Plastiden in der Pflanze) erforderlich. Wechselbeziehungen zwischen den Organellen setzen »passende« Genkombinationen, Genregulationsprozesse und (bi-)direktionale Signale sowie eine aufeinander abgestimmte Physiologie voraus. Sowohl Wechselbeziehungen zwischen Genomen des Zellkerns und der Mitochondrien als auch zwischen Zellkern und Plastiden sind Themengebiete beteiligter Projektgruppen.

Obwohl die Abhängigkeit der organellären Kompartimente in einer Pflanzenzelle untereinander bekannt ist, gibt es über die Kommunikationswege nur wenig Information. Diese sollen jetzt unter anderem in der neu eingerichteten DFG-Forschergruppe »Retrograde Signale der Chloroplasten« aufgeklärt werden. (s. u. »Kommunikation zwischen Chloroplasten und Zellkern«).

»Konflikte« zwischen Kern- und Mitochondriengenomen können weitreichende Folgen für Genomstruktur, Funktion und Phänotyp eines Organismus besitzen (s. »Koevolution und Interaktion von Genomen in der Zelle«). An bestimmten Modellpflanzen (CMS) soll

Koevolution und Interaktion von Genomen in der Zelle: Interaktion von Kerngenom und Mitochondriengenom

Das in Pflanzen gut bekannte Phänomen der Cytoplasmatischen Männlichen Sterilität (CMS) wird durch eine fehlerhafte Interaktion zwischen Genen des Zellkerns und Genen der Mitochondrien hervorgerufen. CMS-Pflanzen sind stets mit Umstrukturierungen/Defekten des Mitochondriengenoms assoziiert. Die Wirkung bestimmter Kerngene (Restorer) kann diese mitochondrialen Defekte kompensieren. Ausprägungen des CMS-Defektes zeigen sich ausschließlich in den männlichen Blütenorganen: entweder ist die Bildung funktionsfähiger Pollen unterbunden oder die männlichen Staubblattorgane sind vollständig durch andere Blütenorgane ersetzt (»homöotische« Fehlbildungen). Demnach beeinflusst eine fehlerhafte Interaktion zwischen Kern- und Mitochondriengenom essentielle Entwicklungsprozesse der Blütenbildung (Bauplankontrolle). Infolge des individuellen Phänotyps und der Vitalität der Pflanzen (Mitochondrienmutationen besitzen i.d.R. eine

hohe Letalität) bieten CMS-Pflanzen ein gut nutzbares Modell zur Analyse von Interaktionsmechanismen zwischen mitochondrialen und nukleären Genomen. Die spezifischen Blütenformen, die in CMS-Pflanzen der Möhre charakterisiert sind, weisen auf einen Einfluss mitochondrialer Genome auf die Kerngenexpression in der Entwicklung (Blütenformation/Bauplankontrolle) hin. Über die Ursachen dieser Veränderungen ist bislang wenig bekannt. Zum besseren Verständnis einer Einflussnahme mitochondrialer Genome auf bestimmte Entwicklungsprozesse sollen vergleichende Expressionsstudien mitochondrialer Gene in CMS-Pflanzen beitragen.

Dr. Bettina Linke, Institut für Biologie, AG Botanik

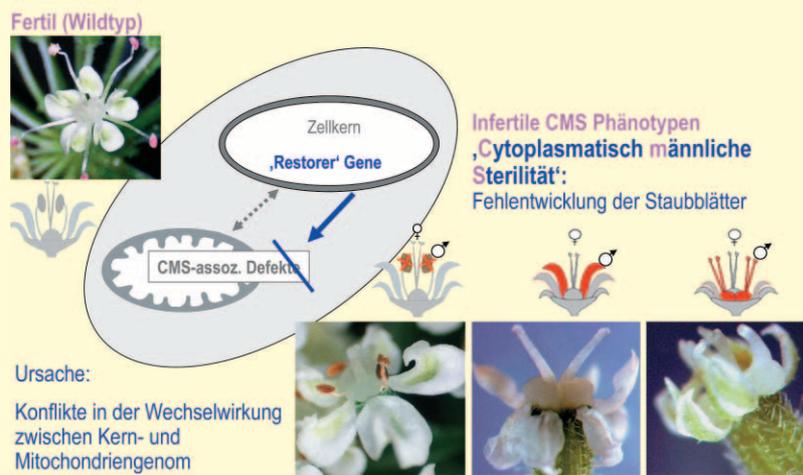


Abb. 7

Die Abbildung zeigt typische Blütendefekte in CMS-Pflanzen mit gestörter Interaktion zwischen Kerngenen und Mitochondriengenomen. Links im Bild ist der unveränderte Aufbau einer Möhrenblüte dargestellt. In CMS-Pflanzen der Möhre sind die männlichen Staubblätter entweder früh verbräunt (links unten), oder es sind an Stelle von Staubblättern entweder Kronblätter (mittleres Bild) oder weibliche Reproduktionsorgane (rechts oben) ausgebildet (homöotische Fehlbildungen).

überprüft werden, ob unpassende »Kombinationen« von Kern-/Mitochondriengenomen »epigenetische« Variationen im Kerngenom auslösen können (z.B. Genmethylierung) oder zu Expressionsveränderungen von mitochondrialen Genen (und von potentiellen regulatorischen RNAs) führen und beispielsweise die Fertilität beeinflussen. Am Mausmodell selektierter Linien aber auch in reziproken Kreuzungen zwischen den extremen Linien wird der Einfluss des Mitochondriengenoms auf die Entwicklung der Fettleibigkeit untersucht.

Die Genome von Mitochondrien (und von Plastiden in der Pflanze) bieten ferner wichtige Ressourcen für Vergleichsanalysen zwischen Individuen unter taxonomisch/phylogenetischen Fragestellungen, die in Kombination mit den klassischen molekularen Sequenzmarkern des Kerngenoms (z.B. ribosomale RNAs) einsetzbar sind. Sie bilden damit den Link zum Themenkomplex der Biodiversität, Evolution und Phylogenie.

Das Zentrum

Unter der Federführung von Professorin Gudrun Brockmann von der Landwirtschaftlich-Gärtnerischen Fakultät der Humboldt-Universität haben sich Wissenschaftler sowohl von universitären als auch außeruniversitären Einrichtungen zu einer Zentrumsinitiative zusammengefunden. Am 17. März 2006 hat dann das Kuratorium die Gründung dieses Interdisziplinären Zentrums beschlossen. Das Netzwerk aus zur Zeit 25 Arbeitsgruppen, die jeweils durch Publikationen in hochrangigen Journalen und erfolgreich begutachtete Drittmittelprojekte ausgewiesen sind, hat sich vor allem die Ausbildung von Doktoranden auf internationalem Spitzenniveau auf die Fahnen geschrieben. In den nächsten Jahren soll nun ein gemeinsames Funktionslabor als methodisch-technologische Plattform des Zentrums entstehen. So sollen die Voraussetzung geschaffen werden, innovative Techniken und Methoden zeitnah zu etablieren, um die Erforschung wissenschaftlichen Neulandes auf höchstem Niveau zu ermöglichen.



Prof. Dr. Gudrun Brockmann

Jg. 1958; Studium der Biologie in der Fachrichtung Biophysik an der Humboldt-Universität zu Berlin. 1985 Promotion auf dem Gebiet der Embryologie, anschließend Arbeitsgruppenleiterin in der DNA-Markeranalyse der Abteilung Genetik am Institut für Nutztierwissenschaften und später im Bereich Molekulare Genetik am Institut für die Biologie landwirtschaftlicher Nutztiere, einem Institut der Leibniz-Gemeinschaft, in Dummerstorf. In dieser Zeit arbeitete sie an verschiedenen Projekten zur Aufklärung der Wachstumsprozesse bei der Maus. 1999 erhielt sie für ihre Arbeiten zur Erzeugung von Chromosomensubstitutionslinien den von der DFG vergebenen Forschungspreis des Stifterverbands für die Deutsche Wissenschaft. Im Jahr 2002 habilitierte sie sich im Fach Genetik an der Universität Rostock und erlangte dort die *facultas docendi*. Seit 2003 leitet sie das Fachgebiet Züchtungsbiologie und molekulare Genetik am Institut für Nutztierwissenschaften der Humboldt-Universität. Der *Forschungsschwerpunkt* liegt in der Identifizierung natürlicher genetischer Variabilität mit Einfluss auf tierzüchterisch relevante Merkmale beim Nutztier und dem Modelltier Maus. Seit Gründung des IZGeVA ist sie dessen Direktorin.



Dr. Matthias Glaubrecht

Jg. 1962; Studium der Biologie und Paläontologie an der Universität Hamburg; wissenschaftlich tätig an der Universität Hamburg und als Research Fellow am Australian Museum Sydney. Seit 1997 Kurator für Malakozoologie am Museum für Naturkunde der Humboldt-Universität zu Berlin; Feldforschungen in Ostafrika, Südostasien und Australien. Seit 2006 Leiter der Abteilung Forschung und Mitglied des Direktoriums am Museum für Naturkunde. *Forschungsthemen:* Evolution, Biosystematik und Biogeographie insbesondere bei limnischen Mollusken.



Prof. Dr. Elke Dittmann

Jg. 1970; Studium der Biochemie an der Martin-Luther-Universität Halle und der Humboldt-Universität zu Berlin. Promotion im Fach Molekularbiologie an der Humboldt-Universität, danach wissenschaftliche Mitarbeiterin in interdisziplinären EU-Projekten. Im Jahr 2000/2001 Feodor-Lynen-Stipendiatin der Alexander von Humboldt-Stiftung an der University of New South Wales in Sydney. Seit 2003 Juniorprofessorin für Molekulare Ökologie an der Humboldt-Universität. *Forschungsthemen:* Biosynthese, Regulation, Evolution und Funktion von Sekundärmetaboliten in Mikroorganismen.

Kontakt
 Prof. Dr. Gudrun Brockmann
 Humboldt-Universität zu Berlin
 Landwirtschaftlich-Gärtnerische Fakultät
 Institut für Nutztierwissenschaften
 Invalidenstraße 42
 D-10115 Berlin
 Tel.: +49 30 2093-6449
 Fax: +49 30 2093-6397
 E-Mail: gudrun.brockmann@agrar.hu-berlin.de

Kommunikation zwischen Chloroplasten und Zellkern

Im kleineren Maßstab einer Pflanzenzelle muss eine Kommunikation zwischen den verschiedenen Zellkompartimenten sichergestellt sein, um die vielfältigen innerzellulären Prozesse miteinander gemäß des endogenen Entwicklungsprogramms und den Anpassungsbestrebungen der Pflanze zu synchronisieren und zu harmonisieren. Zwar dominieren die genetischen Informationen aus dem Zellkern alle zellulären Vorgänge, aber auch Chloroplasten und Mitochondrien, in denen entweder photosynthetische oder respiratorische Energiegewinnung stattfindet, besitzen die Fähigkeit, dem Zellkern Auskünfte über ihren Entwicklungszustand und über Stoffwechselaktivitäten zu erteilen. Die zurückgesendeten Informationen aus der Zellperipherie an den Zellkern werden retrograde Signale genannt. Hinweisen für die Existenz retrograder Signale aus Plastiden und ihrer Wirkungen im Zellkern liegen bereits vor. Dabei ist offensichtlich, dass diverse Chloroplastenfaktoren beteiligt sind, deren Informationen untereinander abgestimmt zur Modifizierung der Zellkernaktivitäten beitragen. Nachdem das Konzept der Plastiden-Kern-Kommunikation sowie die Existenz verschiedener Faktoren und Metabolite als permanente Signalegeber in den Plastiden und als Auslöser mit maßgeblichem Anteil an intrazellulären Signalkaskaden akzeptiert sind, sollen nun weitere Komponenten der Plastid-Zellkern-Signalketten identifiziert werden. Insbesondere der Transport der Signale auf dem Weg von den Plastiden über die Doppelmembran zur Freisetzung in das Zytoplasma und der Fortführung in Signalkaskaden in den Zellkern muss im Detail noch aufgeklärt werden.

Die DFG-Forschergruppe »Retrograde Signale der Chloroplasten« mit Beteiligung von sieben Gruppen aus dem Bereich der molekularen Pflanzenphysiologie hat sich unter Federführung von Bernhard Grimm die Aufgabe gestellt, die Bearbeitung einzelner plastidärer Signaltransduktionswege zu bündeln und gemeinsam die Komplexität des intrazellulären Netzwerks der Plastid-zu-Kern-Beziehung zu untersuchen. Es ist beabsichtigt, die noch fehlende Signaltransduktionskomponenten in der Plastid-Kern-Interaktion zu identifizieren und somit die Unterschiede, Gemeinsamkeiten und Abhängigkeiten der Signalwege im Gesamtnetzwerk zu entschlüsseln. Weitere Informationen in *Humboldt-Spektrum 2007, 3: 24-28*. Prof. Dr. Bernhard Grimm, Institut für Biologie, Pflanzenphysiologie