Zeitschrift: Eclogae Geologicae Helvetiae
Herausgeber: Schweizerische Geologische Gesellschaft
Band: 81 (1988)
Heft: 3

Artikel: Genetische Aspekte der Makroevolution
Autor: Sperlich, Diether
DOI: https://doi.org/10.5169/seals-166212

Nutzungsbedingungen
Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation
L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use
The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 15.07.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Eclogae geol. Helv.	Vol. 81	Nr. 3	Seiten 923–926	Basel, Dezember 1988

Genetische Aspekte der Makroevolution

Von DIETHER SPERLICH[1])

Einleitung

Während die klassische Evolutionsgenetik alle makroevolutiven Veränderungen auf die Summation gradueller, mikroevolutiver Prozesse zurückführt, neigen besonders manche Paläontologen dazu, bezüglich der Makroevolution nach einem besonderen Evolutionsmechanismus zu suchen (SCHINDEWOLF 1943; GOULD 1980). Durch die rasante Entwicklung besonders der molekularen Genetik haben sich jedoch einige Aspekte ergeben, die zu einer Lösung der Problematik beitragen könnten.

In der klassischen Genetik werden die Mutationen in die drei sehr verschiedenen Gruppen der Genmutationen, Chromosomenmutationen und Genommutationen eingeteilt (s. Tabelle). Alle drei Arten der Mutationen können das Rohmaterial zu jenen grösseren evolutiven Veränderungen geliefert haben, die man in der klassischen Evolutionsbiologie als makroevolutiv bezeichnen könnte. Da der organismische Effekt von Mutationen nicht immer streng korreliert mit dem Ausmass an Veränderungen im molekularen Bereich sein muss, können molekulare und organismische Evolution zeitweilig mit unterschiedlicher Geschwindigkeit verlaufen. Ebenso können die Mechanismen der Evolution auf molekularer Ebene andere sein als auf organismischer. Wir wollen daher hier die verschiedenen Mutationsarten kurz in Hinsicht auf diese Problematik betrachten (Übersicht siehe Tabelle).

Tabelle: *Einteilung der Mutationen.*

1.	Genmutationen	
a:	Basensubstitutionen	in Strukturgenen
		in Regulationsgenen
b:	Deletionen und Duplikationen	in Strukturgenen
		in Regulationsgenen
c:	Genverdoppelung	
d:	Domänen-Umkombination	
e:	Transponierbare Elemente	
2.	Chromosomenmutationen	
a:	Deletionen, Duplikationen, Inversionen	
b:	Translokationen (besonders zentrale Fusionen)	
c:	Amplifikationen	
3.	Genommutationen	

[1]) Universität Tübingen, Fakultät Biologie, Lehrstuhl Populationsgenetik, D–7400 Tübingen.

1. Genmutationen

1a und 1b: Basensubstitutionen, Deletionen und Duplikationen

Bei Strukturgenen, die für Proteine codieren, finden wir, dass die meisten Mutationen nachteilig sind, nur ein kleiner Teil (vielleicht 5% aller Mutationen) zu selektiv neutralen Veränderungen führen und nur äusserst selten adaptive Mutationen auftreten. Die hohe beobachtbare genetische Variabilität der Populationen auf molekularer Ebene (s. SPERLICH 1988) beruht fast ausschliesslich auf neutralen Mutationen (KIMURA 1987). Zur Evolution der höheren Organismen tragen diese Mutationen vermutlich nur wenig bei. In den sehr frühen Phasen der Evolution waren sie jedoch wichtig.

Anders liegen die Verhältnisse für die Regulationsgene, besonders für solche, die die frühe Embryonalentwicklung steuern. Neue Ergebnisse liegen hier zum Beispiel für *Dorsophila* vor (GEHRING 1985; AKAM 1987). Oft können ganz geringe Veränderungen in der Basenfolge der DNA zu starken morphologischen Veränderungen führen. Mutationen in Segementierungs- und/oder Gap-Genen können die Segmentspezifität verändern oder zum Ausfall einzelner oder mehrerer Segmente führen. Manche dieser informationstragenden DNA-Sequenzen finden sich im Genom aller segmentierten Tiere vom Anneliden bis zum Menschen wieder (z. B. die «Homeoboxen» der sogenannten homeotischen Gene von *Drosophila*). Es wäre denkbar, dass solche Entwicklungsmutationen in einzelnen Fällen in der Evolution eine Rolle gespielt und das Rohmaterial für grosse organismische Veränderungen geliefert haben (ohne im Sinne von SCHINDEWOLF Grossmutationen darzustellen). Sie schaffen durch die Verlagerung von Segmentspezifitäten und -grenzen nichts prinzipiell Neues, sondern verwerten bereits fertige Programmteile für neue Kombinationen. Sie lassen sich in ihren Effekten hierarchisch ordnen (MEINHARDT 1986; JÄCKLE et al. 1986), ohne jedoch dem geforderten hierarchischen System der evolutiven Systemtheorie (RIEDL 1975) zu entsprechen.

1c: Genverdoppelung

Viele Gene treten im Genom als Genfamilien auf. Sie zeigen, auf molekularer Ebene untereinander mehr oder weniger deutliche Ähnlichkeiten. Ihre Entstehung kann durch zunächst spontane mutative Genverdoppelung und nachfolgende Divergenzevolution durch Basensubstitutionen erklärt werden. Ein sehr gutes und bis ins Detail analysiertes Beispiel stellen die Globin-Gene des Hämoglobins der Vertebraten dar (s. DICKERSON & GEIS 1983). Auch hier werden in der Evolution vorhandene, komplexe Informationen als Fertigteile verwendet und abgewandelt.

1d: Domänen-Umkombination

Die Information in den Genen der Eukaryonten liegt im allgemeinen nicht in einer kontinuierlichen Sequenz vor, sondern sie wird meist mehrfach durch informationslose «Introns» unterbrochen. Die Introns teilen die Gene in Domänen, die in der Evolution vielfach umkombiniert worden sind, so dass eine Reihe funktionell sehr unterschiedlicher Gene partielle Ähnlichkeiten erkennen lassen (DOOLITTLE 1985).

1e: Transponierbare Elemente

Beim Mais, der Hefe, bei verschiedenen Säugern und vor allem bei *Drosophila* hat man DNA-Sequenzen gefunden, die im Genom herumspringen und sich dort auch vermehren können. Zum Teil gehen diese transponierbaren Sequenzen auf Retroviren zurück. Man kann sich vorstellen, dass solche springenden Sequenzen in der Evolution als mutationsauslösende Faktoren, als Isolationsfaktoren, aber eventuell auch bei einem horizontalen Gentransfer, vielleicht sogar zwischen evolutiv weit voneinander entfernten Organismen, wirksam gewesen sein könnten (s. HESS 1986; SHAPIRO 1983).

2. Chromosomenmutationen

2a und 2b: Deletionen, Duplikationen, Inversionen und Translokationen

Bei den Chromosomenmutationen sind besonders die Inversionen und die Robertsonschen Translokationen evolutiv bedeutsam. Bezüglich der Inversionen bestehen zumindest bei vielen Insekten intraspezifische Polymorphismen. Da die invertierten Chromosomenregionen mit nicht-invertierten Regionen keinen Genaustausch haben, bilden sich adaptive Genblöcke heraus, die als Fertigteile in der Evolution verwendet werden können (SPERLICH 1988). Robertsonsche Translokationen (= zentrische Fusionen) hingegen scheinen vor allem als Isolationsfaktoren bei der Artbildung eine Rolle zu spielen. Ganz allgemein besteht zwischen dem Ausmass an evolutiven Chromosomenumbauten und dem Mass an morphologischen Abwandlungen eine positive Korrelation, was zum Beispiel für Basensubstitutionen in der DNA (siehe 1a und 1b) nicht der Fall ist (WILSON 1976).

2e: Amplifikationen

Genamplifikationen, d. h. die Vermehrung spezifischer Gensequenzen durch aufeinanderfolgende Verdoppelungsschritte, treten funktionell in bestimmten Zellinien temporär auf. Sie können aber auch durch Ausseneinflüsse (z. B. Methotrexat löst Amplifikation des Dehydrofolat-Reduktase-Gens aus) induziert werden. Dieser Mechanismus stellt eine direkte, adaptive Reaktion des Genoms auf die Umwelt dar und lässt damit im molekularen Bereich eine Art von lamarckistischen Mechanismen erkennen.

3. Genommutationen

Polyploidisierungen treten in der Evolution der Pflanzen häufig auf; sie bewirken aber meist keine makroevolutiven Veränderungen. Bei Tieren sind Polyploidisierungen auf parthenogenetische oder asexuell fortpflanzende Gruppen beschränkt. Allerdings dürften bei der Entstehung der Wirbeltiere aus den Urchordaten und der Amphibien aus den Crossopterygiern zusammen mit den makroevolutiven Sprüngen Polyploidisierungen stattgefunden haben (OHNO 1970).

Zusammenfassend lässt sich sagen, dass durch den Einbezug molekulargenetischer Erkenntnisse auch für die Erklärung der organismischen Evolution Mechanismen sichtbar werden, deren Berücksichtigung zu einem besseren Verständnis der Evolutionsprozesse beitragen. Es wird auch klar, dass die Evolution bei höherer Komplexität auf der Informationsebene vielfach mit Umkombination und Abwandlung von fertigen Teilprogrammen arbeitet und nicht jedesmal neue Informationsinhalte neu entstehen müssen.

LITERATURVERZEICHNIS

AKAM, M. (1987): The molecular basis for metameric pattern in the Drosophila embryo. – Development *101*, 1–22.

DICKERSON, R. E., & GEIS, I. (1983): Hemoglobin. – Benjamin Publ. Comp., Menlo Park, California.

DOOLITTLE, R. F. (1985): Proteine. – Sepktrum der Wissenschaft *12* (85), 78–88.

GEHRING, W. J. (1985): Die molekulare Grundlage der Entwicklung. – Spektrum der Wissenschaft *12* (85), 148–159.

GOULD, S. J. (1980): Is a new and general theory of evolution emerging? – Paleobiology *6*, 119–130.

HESS, O. (1986): Das P-Element. Ein potenter Vektor für den Gentransfer bei Drosophila. – BioEngineering *2* (86), 12–24.

JÄCKLE, H., TAUTZ, D., SCHUH, R., SEIFERT, E., & LEHMANN, R. (1986): Cross-regulatory interactions among the gap genes of Drosophila. – Nature *324*, 668–670.

KIMURA, M. (1987): Die Neutralitätstheorie der molekularen Evolution. – Parey, Hamburg.

MAINHARDT, H. (1986): Hierarchical induction of cell states: A model for segmentation in Drosophila. – J. Cell. Sci. Suppl. *4*, 357–381.

OHNO, S. (1970): Evolution by gene duplication. – Springer-Verlag, Berlin.

RIEDL, R. (1975): Die Ordnung des Lebendigen. – Parey, Hamburg.

SCHINDEWOLF, O. (1943): Zur Frage der sprunghaften Entwicklung. – Der Biologe *12*, 238–247.

SHAPIRO, J. A. (Ed.) (1983): Movable genetic elements. – New York.

SPERLICH, D. (1988): Populationsgenetik. – G. Fischer, Stuttgart.

WILSON, A. C. (1976): Gene regulation in evolution. In: AYALA, F. (Ed.): Molecular Evolution (S. 225–236). – Sinauer Ass., Sunderland (Mass.).

Manuskript erhalten und angenommen am 24. August 1988