

GENOMFORSCHUNG

Gentransfers zwischen Parasit und Wirt

Bakterien tauschen auch ohne Manipulation durch Biologen häufig Gene untereinander aus und teilen so ihren Kollegen wichtige Informationen wie Resistenzen gegen Antibiotika mit. Innerhalb von Zellen höherer Organismen sind natürliche Wanderungen von Genen zwischen den verschiedenen Zellteilen Kern, Mitochondrien und Plastiden bereits seit einigen Jahren bekannt. Jetzt belegen mehrere Beispiele, dass genetische Information auch zwischen verschiedenen höheren Organismen wandern kann, besonders häufig scheinen sowohl im Tier- als auch im Pflanzenreich Genübertragungen zwischen Parasiten und ihren Wirten vorzukommen.



ABB. *Rafflesia pricei*, Malaysia.
Bild: Reed Beaman

von verschiedenen japanischen Universitäten verglichen vollständig sequenzierte Genome von 116 verschiedenen Bakterien und analysierten die Ähnlichkeiten der einzelnen darin codierten Gene. In allen Spezies fanden sich dabei genetische Informationen, die nicht die erwarteten Ähnlichkeiten mit nahe verwandten Organismen zeigten, sondern offensichtlich horizontal von anderen Bakterien eingeschleust worden waren.

Bei höheren Organismen, den Eukaryoten wie Tieren und Pflanzen, schien dies nicht oder nur sehr selten vorzukommen. Eine mögliche Erklärung dafür ist, dass die DNA im Zellkern viel besser geschützt wird als in den Prokaryoten, wo die DNA nur von einigen Proteinen bedeckt wird und locker an der Membran der Zelle angebunden ist. Mit der zunehmenden Menge an Sequenzdaten lassen sich jetzt vergleichende Untersuchungen angehen, die die Häufigkeit von Gentransfers auch bei Eukaryoten abschätzen können.

Einer dieser jüngsten Befunde berichtet von Gentransfers zwischen

zwei weit entfernten Spezies von Tieren: Bei der Sequenzanalyse von mehr als 10.000 mRNAs aus dem Erreger der Bilharziose, *Schistosoma japonicum*, fanden Wissenschaftler vom dänischen Labor für Bilharzioserforschung und der Universität Singapur erstaunliche Ähnlichkeiten zwischen springenden Elementen in diesem Genom und der DNA von Fischen, speziell von Salmoniden [2].

Wissenschaftler

zwei weit entfernten Spezies von Tieren: Bei der Sequenzanalyse von mehr als 10.000 mRNAs aus dem Erreger der Bilharziose, *Schistosoma japonicum*, fanden Wissenschaftler vom dänischen Labor für Bilharzioserforschung und der Universität Singapur erstaunliche Ähnlichkeiten zwischen springenden Elementen in diesem Genom und der DNA von Fischen, speziell von Salmoniden [2]. Diese Gensequenzen fanden sich nur in dem Wurm *Schistosoma* und der Gruppe der lachsartigen Fische, nicht aber in anderen Fischen, Würmern oder Säugetieren. Die Autoren erklären dies mit einem Übergang von Sequenzen aus den Fischen in die parasitischen Würmer während einer früheren Infektion. Heute sind diese Spezies von *Schistosoma* allerdings nicht mehr in der Lage, Vertreter der Salmoniden zu infizieren, obwohl sie einen Teil ihres Entwicklungszyklus bis hin zur Infektion von badenden Tieren oder Menschen im Wasser verbringen. Wahrscheinlich ging *Schistosoma* die Fähigkeit, diese Fische zu infizieren, irgendwann in der Evolutionsgeschichte unabhängig von den Gentransfers verloren – aber erst nachdem die jetzt beobachteten Transfers erfolgreich stattgefunden und sich festgesetzt hatten. Für diese Annahme einer früheren Infektion der Salmoniden durch *Schistosoma* spricht, dass sich die Würmer auch heute noch sehr schnell an neue Wirte anpassen können und die Infektionsfähigkeit ebenso leicht wieder verlieren.

Parallel zeigen zwei Forschungsarbeiten an Pflanzen, dass es zwischen parasitischen Pflanzen und ihren Wirten Gentransfers sogar in beide Richtungen gegeben hat. Genübertragung von der Wirtspflanze zur parasitischen Pflanze wurde bei Vertretern der meist tropischen und subtropischen Rafflesiaceae beobachtet, der bekannteste Vertreter ist die im Urwald der malayischen Halbinsel wachsende *Rafflesia*, deren Blüten mit einem Durchmesser von bis zu einem Meter zu den größten im Pflanzenreich gehören (siehe Abbildung). Die Rafflesiaceae gehören ganz klassisch nach allen phänotypischen wie auch molekularen Daten eindeutig zur Ordnung der Malpighiales. Die verblüffende Ausnahme ist lediglich ein einziger Genabschnitt in den Mitochondrien einiger Rafflesiaceae, der die größte Ähnlichkeit mit Vertretern der Vitaceae zeigt, zu der auch die obligaten Wirtspflanzen, Spezies von *Tetrastigma*, gehören [1]. Die Autoren spekulieren nun, dass die Parasiten irgendwann einmal in gar nicht so ferner Vergangenheit ein Stück DNA aus der Wirtspflanze aufgenommen und in ihr eigenes Genom eingebaut haben. Zumindest der letzte Schritt ist relativ einfach in den Genomen der Mitochondrien möglich, in denen diese fremde DNA gefunden wurde. Die DNA in diesen Organellen ist sehr flexibel und verändert oft durch aktive Rekombination bereits von einer Generation zur nächsten ihre Struktur und die Anordnung ihrer Gene.

Ebenfalls in den Mitochondrien wurde ein Beispiel für einen natürlichen Gentransfer in die andere Richtung beobachtet [3]. Von einigen obligaten Parasiten aus der Gattung *Cuscuta* gelangte ein Stück mitochondrialer DNA in mehrere Spezies der Wirtspflanze *Plantago*, zu denen auch die bei uns weitverbreiteten Wegeriche gehören. Bei den Spezies *Plantago rigida* und *Plantago tubulosa* werden beispielsweise die größten Ähnlichkeiten der betroffenen Gene mit den Parasiten der Gattung *Bartsia* beobachtet, die zu der Fami-

lie der Orobanchaceae gehören. Sowohl die beiden Spezies von Wirtspflanzen als auch diese Parasiten wachsen hauptsächlich in den nördlichen Anden – ein zusätzlicher Hinweis darauf, dass tatsächlich ein Transfer von Genen aus den Parasiten in die Wirtspflanzen stattgefunden hat. Der enge Kontakt zwischen diesen Pflanzen ist ein weiteres gutes Argument für dieses Szenario: alle betroffenen parasitischen Pflanzen schieben Auswüchse, so genannte Haustorien, in die Zellen ihrer Wirtspflanzen. Bei einem so engen Kontakt ist ein Austausch von DNA sehr

viel leichter vorstellbar, als bei anderen Schmarotzern wie beispielsweise Schlingpflanzen, die stets außerhalb der Wirtszellen wachsen und keinen Kontakt innerhalb der Zellen haben.

Diese Beispiele aus der Natur zeigen, dass nicht die Menschen den Transfer von Genen zwischen Tieren oder Pflanzen erfunden haben, sondern dass die Natur dieses Geschäft schon sehr lange betreibt. Solche Befunde mögen Bedenken stärken, dass durch Menschen eingebrachte neue Gene sich in der Natur weiter verbreiten können, als nur innerhalb einer Spezies oder unter nahen,

natürlich kreuzbaren Verwandten. Diese Beobachtungen können uns aber auch beruhigen, da solche natürlichen Gentransfers unter Pflanzen und Tieren offensichtlich nicht zur Entstehung von Superunkräutern führen.

- [1] C. C. Davis, K. J. Wurdack, *Science* **2004**, 305, 676-678.
- [2] P. Melamed et al., *Nature Genet.* **2004**, 36, 786-787.
- [3] J. P. Mower et al., *Nature* **2004**, 432, 165-166.
- [4] Y. Nakamura et al., *Nature Genet.* **2004**, 36, 760-766.

Axel Brennicke, Ulm

GENOMFORSCHUNG

Willkommen im Club: Huhn-Genom entziffert

Die Entschlüsselung der Erbinformation des Huhns, von Forschern als „größerer Meilenstein“ gefeiert, liefert viele neue Möglichkeiten für Wissenschaft und Praxis.

Aus einer Milliarde Basenpaaren besteht die DNA-Sequenz des Hühnergenoms. Dies ergab diese erste Analyse der Erbsubstanz eines Vogels, die von einem internationalen Konsortium durchgeführt wurde. Mehr als 170 Forscher waren an 50 Instituten daran beteiligt, die 23.000 Gene aus DNA-Proben von *Gallus gallus*, dem als „Stammvater“ der heutigen Haushühner geltenden Bankivahuhn, zu entziffern.

Ein gemeinsamer Vorfahr von Huhn und Mensch lebte zuletzt vor rund 310 Millionen Jahren. Von den Informationen des Hühnergenoms erwarten sich die Wissenschaftler nun vertiefende Informationen über die Stammesgeschichte und die Frage, warum sich bestimmte Sequenzen trotz der langen eigenständigen Entwicklung nicht verändert haben.

Einige überraschende Ergebnisse zeichnen sich bereits ab: Beispielsweise glaubte man bislang, dass Hühner über keinen Geruchssinn verfügen. Die große Zahl olfaktorischer

Gene in der Sequenz spricht nun jedoch eine andere Sprache.

Die Gene für Keratin – das Protein, das den Aufbau von Haaren und Fingernägeln beim Menschen sowie von Schnabel und Federn beim Vogel steuert – entstammen möglicherweise einer gemeinsamen Quelle. Allerdings unterscheidet sich die Hühnersequenz von den bislang bekannten Säugetiergenen, was den Verdacht nährt, dass sich die Keratin-Produktion auch zweimal getrennt voneinander entwickelt haben könnte.

Rund 60 Prozent der Protein-Erbinformationen des Huhns finden sich in Abwandlungen auch beim Menschen, beispielsweise bestimmte Immun-Gene. Allerdings fehlen dem Federvieh die Gene für Zahnschmelz, Speichelproteine und Milcheiweiß, die dem Menschen eigen sind. Dennoch gilt das Huhn als ein ideales Modell zur Erforschung der Embryonalentwicklung von Wirbeltieren und Krankheiten des Menschen wie Epilepsie und Muskelschwund.

Eine Forschergruppe verglich die Sequenzen dreier Zuchtrassen mit der des Bankivahuhns. Das Wildhuhn legt lediglich ein paar Dutzend Eier im Jahr und fliegt hoch auf Bäume, um sich beispielsweise vor Feinden in Sicherheit zu bringen. Die Legehennen von heute beginnt im Alter von sechs Monaten mit dem Eierlegen, bis sie nach 15 Monaten und einer Legeleistung von rund 300 Eiern pro Jahr als „Suppenhuhn“ endet.

2,8 Millionen feine Differenzierungen konnten die Genetiker in den Genen ausmachen. Diese Unterschiede eröffnen nun neue Perspektiven und machen es einfacher, Merkmale zu identifizieren, die für Züchter eine große Rolle spielen können.

Auch die Tiermedizin sieht gespannt auf die Ergebnisse der DNA-Entschlüsselung. Die Umstrukturierung der Hennenhaltungsbetriebe aufgrund der Nutztierhaltungsverordnung der EU und die Abschaffung der Käfighaltung schaffen Bedarf für ein „Öko-Huhn“, das in Bodenhaltung Verhaltensweisen wie Kannibalismus und Federpicken nicht mehr zeigt.

- [1] L. Andersson, *Nature* **2004**, 431, 717-722.
- [2] R.K. Wilson, E. Birney, *Nature* **2004**, 431, 695-715.
- [3] W. Warren, *Nature* **2004**, 431, 761-764.

Wilhelm Irsch, Reblingen-Siersburg



ABB. Huhn im Freiland.
Bild: Wilhelm Irsch

Mehr zum Thema im Internet:
www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/guide/chicken/