Schöne Biologie

Unterschätzter Nachwuchs

Es gilt bis heute als Dogma: Sequenzen, die sich über Jahrmillionen streng dem stetigen Ansturm zufälliger Mutationen widersetzen, müssen dem Organismus besonders wichtige Dienste leisten. Warum auch sonst sollte die natürliche Auslese in sturer Beharrlichkeit immer nur nahezu unveränderte Sequenzvarianten in der Population bewahren – und somit für die nächste Runde des Evolutionsroulettes auswählen? Logisch, die auf diese Weise konservierten „alten" Gene sind nicht nur wichtig, sondern sogar unverzichtbar für das gesunde Gedeihen des Organismus.

Wie ist das jetzt aber mit „neuen" Genen? Konserviert können die sowieso kaum sein. Und *wichtig*? Oder gar *unverzichtbar*?

Abgesehen davon, dass es wirklich *neue* Gene ja kaum gibt. Weit über 90 Prozent neuer *Genfunktionen* – das weiß man inzwischen – entstehen schlicht durch Verdopplung und anschließende Diversifikation eines älteren Gens mit wohl-etablierter Funktion. Die „geschenkte" Kopie kann daher erstmal ohne Funktionsdruck fröhlich vor sich hin mutieren. Meist führt das zwar in die Sackgasse eines Pseudogens, hin und wieder mutiert sich der ehemalige Zwilling jedoch tatsächlich in eine völlig neue Rolle, die in der Regel nichts mehr mit der ursprünglichen Funktion der „Kopiervorlage" zu tun hat.

Wie auch immer – was auf jeden Fall schwer vorstellbar erscheint, ist, dass solcherart entstandene neue Genfunktionen umgehend wichtige oder gar unverzichtbare Rollen im Organismus übernehmen. Schließlich brauchte er die neue Genfunktion bis dahin ja auch nicht. Verständlich daher, dass evolutionär neuen Genen schnell das Etikett *„Nice-to-have but not need-to-have"* anhaftet.

Könnte gut sein, dass man solch neue Gene damit jedoch deutlich unterschätzt. Denn offenbar übernehmen sie viel schneller essentielle Funktionen als bislang gedacht. Frische Ergebnisse aus Chicago mit Taufliegen deuten dies jedenfalls stark an (*Science* 330: 1682-85).

Sidi Chen *et al.* verglichen die kompletten Genomsequenzen von zwölf verschiedenen *Drosophila*-Arten der *Melanogaster*-Linie um zu sehen, wie oft seit dem gemeinsamen Vorfahren von *D. willistoni* und *D. melanogaster* neue Gene in dieser Linie entstanden. Auf diese Weise konnten sie schließlich 566 Gene festmachen, die im Intervall seit der Trennung der beiden Linien vor 35 Millionen Jahren bis vor etwa 3 Millionen Jahren jeweils ihren Dienst antraten. Das sind immerhin 4% aller *D. melanogaster*-Gene.

Die eigentliche Fleißarbeit stand damit jedoch erst bevor. 195 dieser „neuen" Gene schalteten die Autoren anschließend einzeln mit RNAi aus. Und siehe da, 30% davon erwiesen sich als essentiell – das heißt, ohne funktionale Kopie des betreffenden Gens starb die Fliege. Offensichtlich ist also knapp ein Drittel der neuen Gene nicht nur wichtig, sondern tatsächlich unverzichtbar.

Und noch weitere interessante Aspekte enthüllten Chen und Co. So etwa, dass sich die Geburtstunden dieser essentiellen „Frischlinge" halbwegs gleichmäßig über die gesamte Zeitspanne von vor 35 bis vor 3 Millionen Jahren verteilten. Wie auch, dass 80% dieser neuen essentiellen Gene während Larval- oder Verpuppungsstadium der Fliege exprimiert werden. Oder, dass die meisten der von ihnen kodierten *neuen* Proteine völlig neue Interaktionen mit den Produkten *alter* Gene eingehen – und sich womöglich gerade deshalb *unverzichtbar* für die Fliegenentwicklung machen.

Noch mehr Gewicht bekommen diese Befunde indes im Vergleich mit *alten* Genen. Chen und Co. schalteten nämlich parallel auch 245 alte, konservierten Fliegengene aus, die sie zufällig ausgewählt hatten. Und die Rate war kaum besser: etwa 35% dieser „Veteranen" war für das Fliegenleben essentiell. Der Anteil essentieller Gene, so schlossen daher die Autoren, ist offenbar in jeder „Altersgruppe" annähernd gleich.

Auch im Genom scheint daher zu gelten: Unterschätzt den Nachwuchs nicht!

RALF NEUMANN