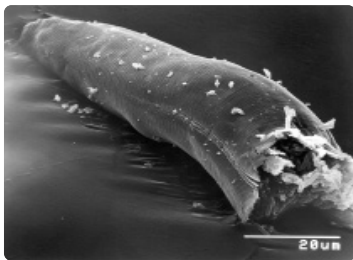


Evolution im Labor

Kieler Wissenschaftler haben unter kontrollierten Bedingungen am Fadenwurm *Caenorhabditis elegans* Evolution im Labor entstehen lassen. Sie konnten dabei zweifelsfrei beweisen, dass Evolution außerordentlich schnell stattfinden kann, bereits innerhalb von weniger als 6 Monaten. Für diesen Beweis hat das Team ein neues Modellsystem etabliert, das sich grundsätzlich hervorragend für Evolutionsexperimente eignet und hierfür auch in der Zukunft intensiv eingesetzt werden soll. Dieses Modellsystem besteht aus dem Fadenwurm *C. elegans* und seinen bakteriellen Krankheitserregern. Der Fadenwurm weist dabei eine Generationszeit von nur 3 Tagen auf und kann sehr einfach im Labor manipuliert werden. Das Experiment zeigt, dass das Auftreten von Infektionskrankheiten sowohl zu einer Beschleunigung der Evolution als auch zu einer erhöhten Biodiversität führen kann. Das heißt, dass Infektionskrankheiten ein wichtiger Motor der Evolution und auch entscheidend für den Erhalt der Biodiversität sein können. Dies wurde grundsätzlich bereits von Darwin vorhergesagt, konnte in diesem Umfang bisher allerdings nicht experimentell belegt wer-



Elektronenmikroskopische Aufnahme von einem Fadenwurm (*Caenorhabditis elegans*), der mit dem pathogenen Bakterium *Bacillus thuringiensis* infiziert ist (Foto: PNAS).

den. Schließlich geben die Ergebnisse einen wichtigen Hinweis darauf, warum Organismen, wie auch der Mensch, immer noch anfällig für Infektionskrankheiten sind. Zum einen können auch die Krankheitserreger sehr schnell evolvieren und stellen den Wirt damit vor immer neue Herausforderungen. Zum anderen wird gezeigt, dass die Evolution von hoher Immunität auch negative Konsequenzen hat. Individuen, die besonders vor Krankheitserregern geschützt sind, schneiden in anderen Merkmalen deutlich schlechter ab, wie zum Beispiel bei der Erzeugung von Nachkommen.

Originalpublikation: Schulte, RD et al. (2010) Multiple reciprocal adaptations and rapid genetic change upon experimental coevolution of an animal host and its microbial parasite. *PNAS*, Published online before print April 5, 2010. doi: 10.1073/pnas.1003113107

Arbeitsaufträge

1. Wiederholen Sie Darwins Evolutionstheorie und vergleichen Sie diese mit der synthetischen Evolutionstheorie.
2. Beurteilen Sie die Aussage: „dass Infektionskrankheiten ein wichtiger Motor der Evolution und auch entscheidend für den Erhalt der Biodiversität sein können.“!

Interview mit Matthias Meyer vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie zu den neuen Analysen des Denisova-Genoms (30. August 2012; veröffentlicht auf den Internetseiten der MPG; Autoren: SB/HR)

Die Evolution des Menschen ist bunt geworden

Ein winziger Fingerknochen und zwei Backenzähne in einer Höhle im Altai-Gebirge sind die einzigen bislang bekannten Überreste des Denisova-Menschen – einer Menschenform, die Forscher ausschließlich anhand ihres Erbguts identifiziert haben. Wissenschaftler des Max-Planck-Instituts für evolutionäre Anthropologie in Leipzig haben nun zusammen mit einem internationalen Forscherteam das Genom des Denisova-Menschen in bislang unerreichter Genauigkeit analysiert. Für Matthias Meyer vom Leipziger Max-Planck-Institut eröffnet sich damit eine Fülle neuer Einblicke in die Entstehungsgeschichte des Menschen.

Herr Meyer, was ist das Außergewöhnliche an den jetzt veröffentlichten Ergebnissen?

Noch nie ist das Erbgut eines ausgestorbenen Organismus so detailliert entschlüsselt worden wie das des Denisova-Menschen. Und das, obwohl der Knochen mit der DNA über 50.000 Jahre in einer Höhle lag. Die Qualität der Daten ist so gut, als würden Sie heute Ihr eigenes Genom analysieren lassen. Wir können sogar zwi-

schen den mütterlichen und väterlichen Chromosomen unterscheiden. Ein Vergleich der beiden Chromosomensätze zeigt uns, dass die Eltern unseres Denisova-Menschen – obwohl nicht miteinander verwandt – genetisch sehr ähnlich waren. Daraus schließen wir, dass es nicht sehr viele dieser Menschen gegeben haben kann.