

Schöne Biologie

Nix ist fix



■ Was die puren Ergebnisse eines Papers in größerem Rahmen bedeuten, entdeckt man allzu oft erst nach mehrmaligem Hinschauen und Durchdenken.

Das Paradebeispiel hierfür ist sicherlich der berühmte Einseiter in *Nature* aus dem Jahr 1953 (vol. 171: 737-38), in dem Watson und Crick damals die DNA-Struktur vorstellten. Über Jahre blieb die wahre Bedeutung des Artikels den Allermeisten verborgen. Insbesondere, welche fundamentale Erkenntnis Crick in dem lässig dahingeworfenen Schlusssatz „*It has not escaped our notice that the specific pairing we have postulated immediately suggests a possible copying mechanism for the genetic material*“ verkündete, begriffen wohl nur die eingefleischtesten Insider im ersten Anlauf.

Glücklicherweise ahnten damals offenbar zumindest die Reviewer die enorme Bedeutung des Watson/Crick-Papers, so dass es letztlich ziemlich prominent – und damit angemessen – publiziert wurde. Nicht alle Studien, deren tatsächliche Tragweite sich nicht sofort erschließt, hatten dieses Glück – und erschienen letztlich „unter Wert“.

Dem aktuellen Paper „*Adaptation of Drosophila to a novel laboratory environment reveals temporally heterogeneous trajectories of selected alleles*“ (*Mol. Ecol.* 4931-41) könnte womöglich genau dies widerfahren sein. Denn neben dem sperrigen Titel kann man dessen Inhalt zunächst leicht als reine „Machbarkeitsstudie“ missverstehen.

Erstautor Pablo Orozco-Terwengel und Co. vom Institut für Populationsgenetik der Veterinäruniversität Wien sammelten nämlich Tausende freilebende *Drosophilas* ein und züchteten sie im Labor über 37 Generationen weiter – dies um letztlich mehrmals die gepoolte Gesamt-DNA von 500 homogenisierten Fliegenweibchen zu sequenzieren und per Software nach auffälligen Allelverschiebungen zu durchsuchen.

Zwar stand bereits im Manuskript, warum die Autoren dies taten. Doch in seiner gesamten Tragweite ist es nicht so leicht zu verstehen. Kurz gesagt ging es nämlich darum, einen Blick darauf zu erhaschen, was während der adaptiven Evolution *quantitativer* Merkmale auf genetischer Ebene wirklich passiert.

Mit Einzelgen-Merkmalen verhält es sich ja ziemlich einfach. Eine neue Variante des betreffenden Gens entpuppt sich plötzlich als vorteilhaft und verbreitet sich daher von Generation zu Generation immer weiter – bis am Ende jedes Individuum der Population die Variante trägt. Das neue Allel wurde somit im Rahmen einer selektiven Anpassung in der Population fixiert.

Je mehr Gene indes zu einem Merkmal beitragen, desto „quantitativer“ verhält es sich. Statt „Gutes Allel ja oder nein“ kommt es hier vielmehr auf die kollektive Aktion vieler verschiedener Gene an. Das Problem dabei: verschiedene Allel-Kombinationen der vielen beteiligten Gene können dieselbe adaptive Qualität des Merkmals hervorbringen. Und die theoretische Konsequenz daraus wiederum? Keine der einzelnen Varianten würde in der Population endgültig fixiert.

Genau dies untermauerte die Wiener Studie nun mit harten Daten. Über die 37 Generationen verschoben Tausende Fliegen-Gene signifikant ihre Allel-Häufigkeiten infolge der Anpassung an das plötzlich kuschlig warme Laborleben – und dies nebenbei in zwei distinkten zeitlichen Gruppen. All diese Allele erreichten jedoch eine Häufigkeitssättigung, lange bevor sie die gesamte Population durchdringen konnten. Eine Fixierung bestimmter Allele von einzelnen Genen, die bei quantitativen Merkmalen mitmischen, scheint demnach nur sehr selten stattzufinden.

Keine kleine Erkenntnis, auch wenn das Paper sie womöglich nicht auf den ersten Blick offenbart. RALF NEUMANN