



Schöne Biologie

# Rollen und Springen

■ Transposons haben eine kontroverse Geschichte in den Biowissenschaften. Als Barbara McClintock sie in den dreißiger Jahren des vergangenen Jahrhunderts entdeckte, glaubten ihr ziemlich lange nur die wenigsten. Schließlich galt damals das Dogma vom *stabilen* Informationsträger DNA, der um Himmels willen *unverändert* an die nächste Generation weitergegeben werden muss, da andernfalls das schiere Mutations-Chaos drohe.

Wir wissen heute, dass dies nicht so ist. Genauso wie wir heute, wo komplette Genomsequenzen fast schon „Peanuts“ sind, im Rückblick locker, aber ziemlich unfair sagen können: Kein Wunder ist die McClintock damals über die Transposonen gestolpert – schließlich besteht das Mais-Genom ja zu gut 90 Prozent aus solchen „Springern“. (Unser Humangenom übrigens zu knapp der Hälfte.)

Nun muss man sich nicht vorstellen, dass in unseren und anderen Genomen deshalb ein wildes molekulares „Bäumchen wechsel Dich“ zugeht. Schließlich ist die Mehrheit der Transposonen inzwischen durch Mutation zum untätigen Stillsitzen verdammt. Diejenigen, die aber tatsächlich noch springen können, haben offenbar ein derart breites Spektrum an Strukturen und Mechanismen entwickelt, dass einem immer noch die ein oder andere Überraschung aus irgendeinem Genom entgegen hüpfet.

DNA Transposons; Retrotransposons; autonome und nicht-autonome Transposons; „Cut and Paste“-Transposons; replikative Transposons; selbst-synthetisierende Transposons; Transposons mit langen oder kurzen terminalen Wiederholungen; Transposons, die andere „Wirtsgene“ mitnehmen oder auch nicht... All diese Kategorien, Klassen oder Familien deuten bereits die bisher bekannte Vielfalt der springenden DNA-Elemente an. Diese sollen hier allerdings nicht weiter behandelt werden – wer tiefer einstiegen will: es gibt inzwischen jede Menge Reviews darüber.

Wenden wir uns stattdessen lieber einer der letzten „Überraschungen“ zu: den

Rolling-Circle-Transposons. Diese kennt man inzwischen auch schon seit etwa 12 Jahren und nennt sie seitdem Helitronen – doch wie sie funktionieren, ist immer noch sehr spekulativ.

Aus Sequenzvergleichen weiß man immerhin, dass Helitronen keine Inverted Repeats an ihren Enden tragen und als einzige aller Transposons beim Einspringen in die Zielsequenz auch keine „Schnitt-Duplikationen“ an beiden Enden produzieren. Sie springen also völlig „spurlos“, nehmen dabei aber auffallend oft Gene aus der Nachbarschaft mit.

Dies passiert vor allem deswegen, da während der Transposition einer der beiden DNA-Stränge des Helitrons einen kovalent geschlossenen Ring bildet, der am Ende als linearer Einzelstrang in den Zielort eingebaut und dort von der ganz normalen Polymerase zum Doppelstrang aufgefüllt wird.

Ist nun der Ring – sagen wir – in der Reihenfolge A bis F geschlossen worden, bleibt in aller Regel die Reihenfolge A bis F auch nach Aufdröseln und Integration in die Zielsequenz erhalten. Doch bekanntlich ist die Biologie die Wissenschaft, in der es nahezu keine Regel ohne Ausnahme gibt. Und tatsächlich haben belgische Forscher auf einer Tagung gerade über die Ausnahme von dieser Helitronen-Regel berichtet (*Science* 332: 1030).

Nach deren Daten ist im Genom der sogenannten Belgian Blue-Rinder einstmals ein solches Rolling-Circle-Transposon von Chromosom 6 in Chromosom 29 gesprungen. Allerdings wurde der „Zwischen-Ring“ bei der Integration an anderer Stelle wieder geöffnet als er zuvor geschlossen wurde – mit dem Resultat, dass aus A bis F auf Chromosom 6 quasi die Reihenfolge D, E, F, A, B, C auf der Nummer 29 wurde. Und da genau dieses Transposon das Fellfarben-Gen *KIT* enthält, haben die Rinder jetzt im Vergleich zu ihren Vettern einen ausgeprägten weißen Streifen auf dem Rücken.

Nur ein Beispiel dafür, dass die Geschichte der Transposons noch lange nicht zu Ende erzählt ist. RALF NEUMANN