

Nachlese zur Frühjahrsakademie der Gen-AG Evolutionsgenetik 2012 “Evolution and ecology in a rapidly changing world”



Teilnehmer der Frühjahrsakademie

■ Das explosionsartige Wachstum der Menschheit führt zu einer großflächigen Umwandlung von Lebensräumen und zu einer massiven Freisetzung von Treibhausgasen, die kaum ein Ökosystem der Erde unberührt lassen und die Biodiversität unseres Planeten nachhaltig verändern werden. Aus diesem Grund sprechen manche Wissenschaftler bereits vom Erdzeitalter des ‘Anthropozäns’ und bezeichnen den Menschen als die stärkste derzeit wirksame evolutionäre Kraft. Dabei stellt sich die Frage, ob die schnellen Umweltänderungen zu Änderungen in Ökosystemen führen, indem sich kurzfristig neue Lebensgemeinschaften aus vorhandenen Arten bilden, oder ob auch längerfristig wirkende, evolutionsgenetische Prozesse wie die Entstehung neuer, besser angepasster Arten und entsprechend veränderter Lebensräume die Zukunft bestimmen werden. Da die Geschichte unseres Planeten von zahlreichen Umweltänderungen geprägt war, etwa durch die Eiszeiten der letzten 100.000 Jahre, ist der Blick in die Vergangenheit nützlich, um Vergleiche mit der aktuellen Situation anzustellen.

Vom 12. bis 14. März 2012 trafen sich 26 Arbeitsgruppenleiter und Postdocs in der Stiftung LEUCOREA in Wittenberg, um im Rahmen der diesjährigen Frühjahrsakademie der Gesellschaft für Genetik mit dem Thema „Evolutionary genetics and ecology in a rapidly

ly changing world“ die Beziehung zwischen ökologischen und evolutionsgenetischen Prozessen in Vergangenheit und Gegenwart zu reflektieren und neue Forschungsthemen an der Schnittstelle von Ökologie und Evolution zu diskutieren. Diese Akademie wurde von den Leitern der Gen-AG „Evolutionsgenetik“, Prof. Dr. Karl Schmid, Universität Hohenheim und Dr. Arne Nolte, Max-Planck-Institut für Evolutionsbiologie, Plön organisiert und neben der Förderung durch die GfG auch von der Deutschen Forschungsgemeinschaft großzügig unterstützt.

Ausgangspunkt des Workshops war die weit verbreitete These, dass ökologische Anpassungen in wenigen Generationen stattfinden, evolutionäre Anpassungen dagegen sehr viel länger dauern. Da aber beide Prozesse eine Rolle bei der Entstehung der Biodiversität spielen, ergibt sich die Frage, auf welchen zeitlichen Ebenen ökologische und evolutionäre Prozesse interagieren. Ein weiterer, mehr praktischer als konzeptioneller Unterschied zwischen beiden Disziplinen ist die Fokussierung der Evolutionsgenetik auf einzelne Arten oder Gene, wogegen ökologische Untersuchungen eher auf Interaktionen zwischen Arten und ihrer Umwelt ausgerichtet sind.

Als klassisches Beispiel einer schnell ablaufenden ökologischen Anpassung kann das Modell der natürlichen Sukzession dienen,

demzufolge eine kleinräumige Störung eines Ökosystems nach einer zeitlichen Abfolge von unterschiedlichen Artengemeinschaften wieder in einem stabilen Zustand resultiert, der mehr oder weniger dem Ausgangszustand entspricht. In diesem Falle rekrutieren sich die an der Sukzession beteiligten Arten aus angrenzenden Gebieten, weswegen eine evolutionäre Anpassung nicht notwendig erscheint.

Andererseits können schnelle, großräumige Umweltänderungen auftreten, die zum Beispiel eine Veränderung der Verbreitungsgebiete von Pflanzenarten bewirken, wie sie für die gegenwärtige Klimaänderung nachgewiesen wurden. Dann finden sich Populationen auf Standorten wieder, wo vielleicht der ökologische Wettbewerbsdruck geringer ist, an die sie aber nicht optimal angepasst sind, wenn der Bodenuntergrund (z. B. Silikat- statt Kalkgestein) oder die Bodenflora (z. B. Mykorrhiza) anders als im ursprünglichen Verbreitungsgebiet sind. In diesen Fällen sind neben ökologischen auch evolutionäre Anpassungen an neue Umweltbedingungen durch die Fixierung adaptiver Mutationen zu erwarten. Joachim Kadereit (Universität Mainz) wies darauf hin, dass aufgrund der wiederholten Eiszeiten solche Vorgänge in der Vergangenheit häufig vorgekommen sind und deswegen in verschiedenen Pflanzenarten untersucht werden können.

Unter welchen Bedingungen ist ein „evolutionary rescue“, d. h. die evolutionäre Anpassung an sich schnell verändernde Umweltbedingungen als Alternative zum Aussterben möglich? Joachim Hermisson (Universität Wien) zeigte, wie ökologische Aspekte in populationsgenetische Modelle adaptiver Evolution miteinbezogen werden können, um diese Frage zu untersuchen. Die effektive Populationsgröße, die Rate neuer adaptiver Mutationen und die Änderung der Selektionskoeffizienten über die Zeit sind dabei die entscheidenden Faktoren. Die ökologischen Rahmenbedingungen beeinflussen dabei insbesondere die Populationsgröße und die Selektionskoeffizienten. Allerdings sind die daraus abgeleiteten mathematischen Modelle recht kompliziert, weswegen Simulationen herangezogen werden, um Hypothesen zu testen. Der rasante Fortschritt in der Genomsequenzierung ermöglicht es, Daten über die genetische Vielfalt in Ökosys-

temen in großer Menge zu gewinnen, so dass ein Vergleich zwischen Theorie und Daten prinzipiell möglich ist.

Ein weiterer Themenkreis beschäftigte sich mit der Biodiversität von Wirts-Pathogen-Systemen, die durch eine schnelle Evolution gekennzeichnet sind. Eric Kemen (John Innes Center, Norwich) und Jan Schierawski (RWTH Aachen) zeigten, wie sich bei Pflanzen neue Pathogen-Gemeinschaften durch den Genaustausch von Virulenzgenen verschiedener Pathogene (z. B. von Oomyceten) bilden. In diesem Zusammenhang stellte Aurelien Teller (Universität München) die Frage, welche Arten der natürlichen Selektion bei der Koevolution von Pathogenen und ihren Wirten eine Rolle spielen und wie sie charakterisiert werden können. Vor allem die Koaleszenztheorie verspricht hier einen wichtigen Beitrag zu liefern.

Darüber hinaus wurden weitere Beispiele für Anpassungen in terrestrischen und aquatischen Ökosystemen diskutiert. Ein mittlerweile gut untersuchtes System ist etwa die Adaptation von Stichlingen an unterschiedliche Umweltbedingungen (z. B. Süß- vs. Salzwasser). Mit Hilfe aktueller Methoden der Genomsequenzierung und der genetischen

Kartierung wurden bereits mehrere Gene, die bei diesen Anpassungen eine Rolle spielen, identifiziert.

Neben den indirekten anthropogenen Einflüssen wie Änderungen im CO₂-Gehalt oder der Durchschnittstemperatur, gibt es auch direkte Einflüsse des Menschen auf die Biodiversität, von denen die Habitatzerstörung und die Umwandlung natürlicher Ökosysteme in Agrarlandschaften zu den wichtigsten zählen. Die Folgen sind ein zunehmender Anpassungsdruck von übrig gebliebenen Wildarten, die Entstehung neuer ökologischer Gemeinschaften sowie die Koevolution von genetisch uniformen Kulturpflanzen mit Pathogenen, Herbivoren und Bodenorganismen. Hierdurch wird eine starke Evolutionsdynamik erzeugt, deren Ausmaß und langfristige Konsequenzen weitgehend unbekannt sind.

Die Diskussionen im Rahmen der Workshops haben gezeigt, dass es noch viele aktuelle und relevante Forschungsthemen an der Schnittstelle von Ökologie und Evolution gibt. Zum Beispiel ist die relative Bedeutung der phänotypischen Plastizität von Individuen, die ökologische Resilienz von Ökosystemen und die genetische Variation von Arten

in Ökosystemen für die Stabilität bei Umweltänderungen eine zentrale Frage. Es ist jedoch noch genau zu definieren, wann eine rasche Änderung der Umwelt vorliegt und ob eine allgemeingültige Definition für alle Ökosysteme überhaupt möglich ist. Aus der Sicht der Evolutionsgenetik ist es interessant, ob und in welchem Ausmaß unterschiedliche Genotypen von Schlüsselarten ("keystone species") ein Ökosystem signifikant beeinflussen können. Die Möglichkeit, ganze Ökosysteme in naher Zukunft zu sequenzieren sowie die Entwicklungen in der theoretischen und statistischen Analyse genetischer Variation lassen jedoch neue Erkenntnisse in der nahen Zukunft erwarten.

UNIVERSITÄT DUISBURG ESSEN
Open-Minded

43rd Annual Conference of the German Genetics Society (GfG)
Chromatin and Epigenetics

September 5 – 7, 2012
in Essen, Germany

Topics:

- Mechanisms of epigenetic memory
- Chromosome structure and segregation
- Chromosome condensation and decondensation
- Histone modifications
- Chromatin and DNA repair

Organizers:
Ann Ehrenhofer-Murray, Essen
Hemmo Meyer, Essen
Wolfgang Nellen, Kassel

Confirmed speakers:

Robin Allshire (Edinburgh)	Tom Owen-Hughes (Dundee)
Julian Blow (Dundee)	Elmar Schiebel (Heidelberg)
Nico Dantuma (Stockholm)	Elizabeth Schröder-Reiter (München)
Bill Earnshaw (Edinburgh)	Björn Schumacher (Köln)
Anja Groth (Kopenhagen)	Bas van Steensel (Amsterdam)
Patrick Heun (Freiburg)	Olaf Stemmann (Bayreuth)
Andreas Ladumer (München)	Henk Stunnenberg (Nijmegen)
Fred van Leeuwen (Amsterdam)	Jesper Svejstrup (South Mimms)
Frank Lyko (Heidelberg)	Maria-Elena Torres-Padilla (Strasbourg)
Jürg Müller (München)	Jörn Walter (Saarbrücken)
	Patrick Varga-Weisz (Cambridge)

Information and registration:
www.uni-due.de/chromatin2012
Early registration deadline: July 15, 2012
Free registration for members of the German Genetics Society.

Max-Delbrück-Lecture: Bernhard Horsthemke
Award of the Elisabeth-Gateff-Prize 2012

ZMB
ZENTRUM FÜR MEDIZINISCHE BIOTECHNOLOGIE

Supported by: Graduate Research Training Program GRK1431 and German Genetics Society (GfG)



Gesellschaft für Genetik

Präsident: Prof. Dr. Wolfgang Nellen
Universität Kassel
Abt. Genetik
Heinrich-Plett-Straße 40
D-34132 Kassel
Tel: 0561-8044 805, Fax: 0561-8044 800
nellen@uni-kassel.de

Vizepräsident: Prof. Dr. Frank Kempken
Christian-Albrechts-Universität zu Kiel
Abt. Botanische Genetik und Molekularbiologie
Olshausenstraße 40
D-24098 Kiel
Tel: 0431-880 4274, Fax: 0431-880 4248
fkempken@bot.uni-kiel.de

Vizepräsident: Prof. Dr. Manfred Schartl
Biozentrum der Universität
Lehrstuhl Physiologische Chemie I
Am Hubland
D-97074 Würzburg
Tel: 0931-31 84148, Fax: 0931-31 84150
phch1@biozentrum.uni-wuerzburg.de

Schatzmeister: Prof. Dr. Klaus Schughart
Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung
Abt. für Infektionsgenetik
Inhoffenstraße 7
38124 Braunschweig
Tel.: 0531-6181 1100, Fax: 0531-6181 1199
Klaus.Schughart@helmholtz-hzi.de

Schriftführer: PD Dr. Joachim Altschmied
IUF-Leibniz Institut für Umweltmedizinische Forschung
Molekulare Altersforschung
Auf'm Hennekamp 50
40225 Düsseldorf
Tel: 0211-3389 291, Fax: 0211-3389 331
Joachim.Altshied@uni-duesseldorf.de

Der Beirat:

Prof. Dr. Gerhard Braus
Georg August University Göttingen
Abteilung Molekulare Mikrobiologie und Genetik
Grisebachstraße 8
37077 Göttingen
Tel: 0551-393771
Fax: 0551-393330
gbraus@gwdg.de

Prof. Dr. Ann Ehrenhofer-Murray
Universität Duisburg-Essen
Zentrum für Medizinische Biotechnologie
Universitätsstraße 5
45117 Essen
Tel: 0201-1834132
Fax: 0201-1834397
ann.ehrenhofer-murray@uni-due.de

Prof. Dr. Jochen Graw
Helmholtz-Zentrum München
Deutsches Forschungszentrum für Gesundheit und Umwelt
Institut für Entwicklungsgenetik
Ingolstädter Landstraße 1
D-85764 Neuherberg
Tel: 089-31872610
Fax: 089-31872210
graw@helmholtz-muenchen.de

Prof. Dr. Jonathan Howard
Universität zu Köln
Institut für Genetik - Zellgenetik
Zülpicher Straße 47a
D-50674 Köln
Tel: 0221-4704864
Fax: 0221-4706749
jhoward@uni-koeln.de

Prof. Dr. Reinhard Köster
TU Braunschweig
Zoologisches Institut - Zellphysiologie
Biozentrum
Spielmannstraße 7
38106 Braunschweig
Tel: 0531-3913230
Fax: 0531-3913222
r.koester@tu-bs.de

Mitgliedsbeiträge:

Vollmitglieder	55,- €
Ehepaare	60,- €
Studenten	20,- €
Rentner, Pensionäre (auf Antrag)	20,- €

Bankverbindung:

Sparkasse Freiburg-Nördl. Breisgau
BLZ 680 501 01; Kto.-Nr.: 12733 138

GfG-Homepage: www.gfgenetik.de