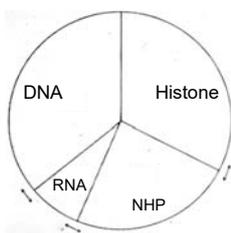


Die Organisation des Genoms

Chromatin und Chromosomen

DNA + Proteine im Zellkern bilden das Chromatin

Während der Zellteilung verdichtet sich das Chromatin zu Chromosomen



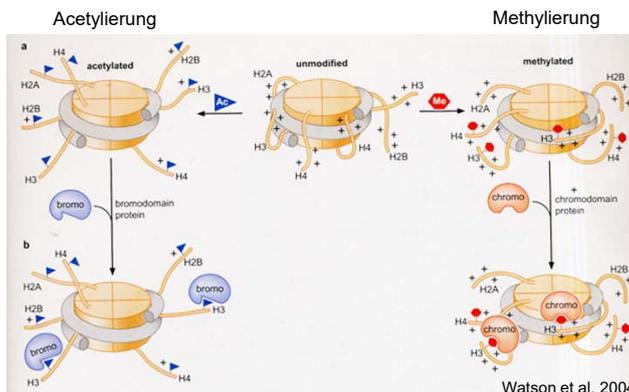
Chromatin/Chromosomen enthalten zu etwa einem Drittel DNA, Histon-Proteine und Nicht-Histon-Proteine und einen geringen Anteil an RNA

Genomorganisation

Das Nucleosom

Das Nucleosom besteht aus einem Kern aus einem Octamer von basischen Histon-Proteinen (jeweils 2x H2A, H2B, H3 H4) und herumgewickelter DNA. Es ist die kleinste Verpackungseinheit des eukaryotischen Chromatins

Histonmodifikationen steuern den Kondensationszustand des Chromatins und die Transkriptionsaktivität der DNA

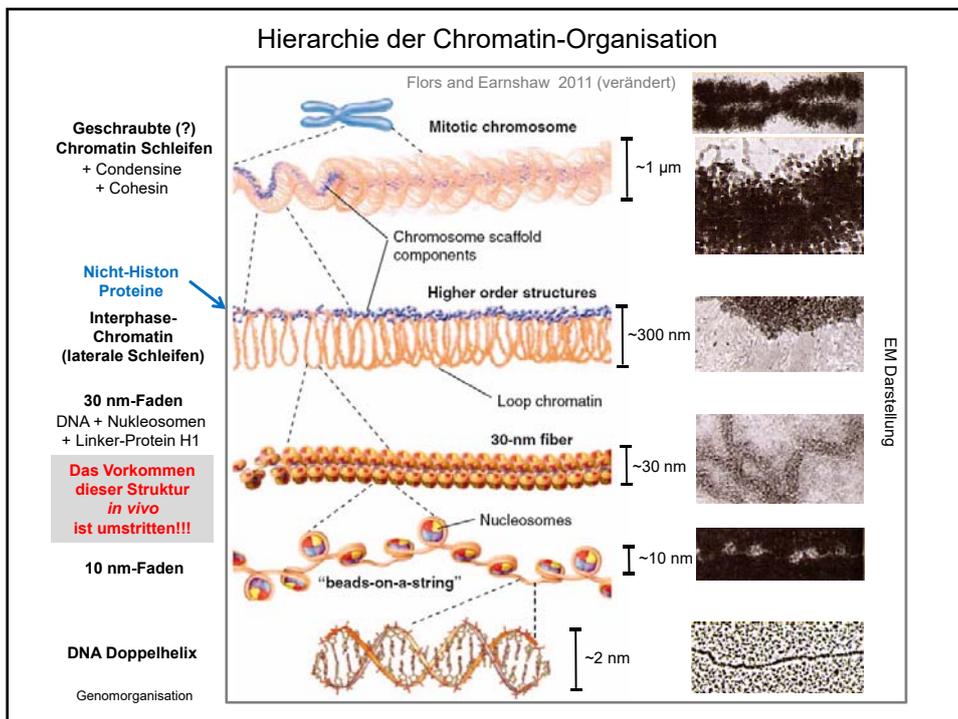


Watson et al. 2004

Auflockerung und Transkription

Dichte Packung und Unterdrückung der Transkription

Genomorganisation



Nicht-zufällige Anordnung der Chromosomen im Zellkern

Im Interphasekern liegen die Chromosomen in klar abgegrenzten Domänen. Ihre relative Lage zueinander ist nicht zufällig. Gemeinsam transkribierte Bereiche sind benachbart

Gen-reiche Chromosomen oder Chromosomenabschnitte und stark transkribierte Bereiche finden sich bevorzugt im Kerninneren; repetitive Sequenzen an der Peripherie

Chromosomendomänen in einem menschlichen Interphasekern

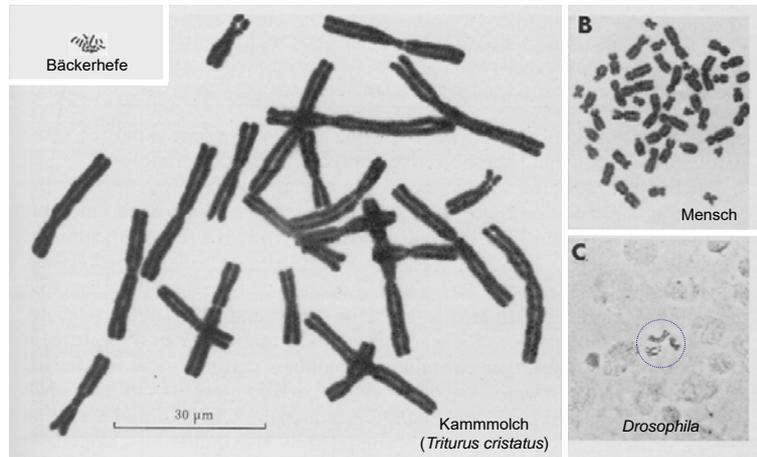
Bolzer et al 2005

Alu-Sequenzen (grün)
(als Marker für Gen-reiche Abschnitte)

Genomorganisation

Eukaryoten besitzen lineare Chromosomen

Die Chromosomengrößen können zwischen Arten stark variieren



aus Traut 1991, Rockmill et al. 2003

(alle bei gleicher Vergrößerung)

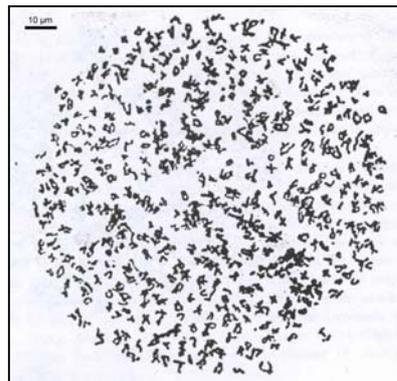
Genomorganisation

Die Zahl der Chromosomen kann zwischen Arten beträchtlich variieren
 Sie hat einen Einfluß auf den Grad der Durchmischung der Chromosomen in den Gameten und
 damit auf die meiotische Rekombination

Myrmecia pilosula (Ameise) $2n = 2$

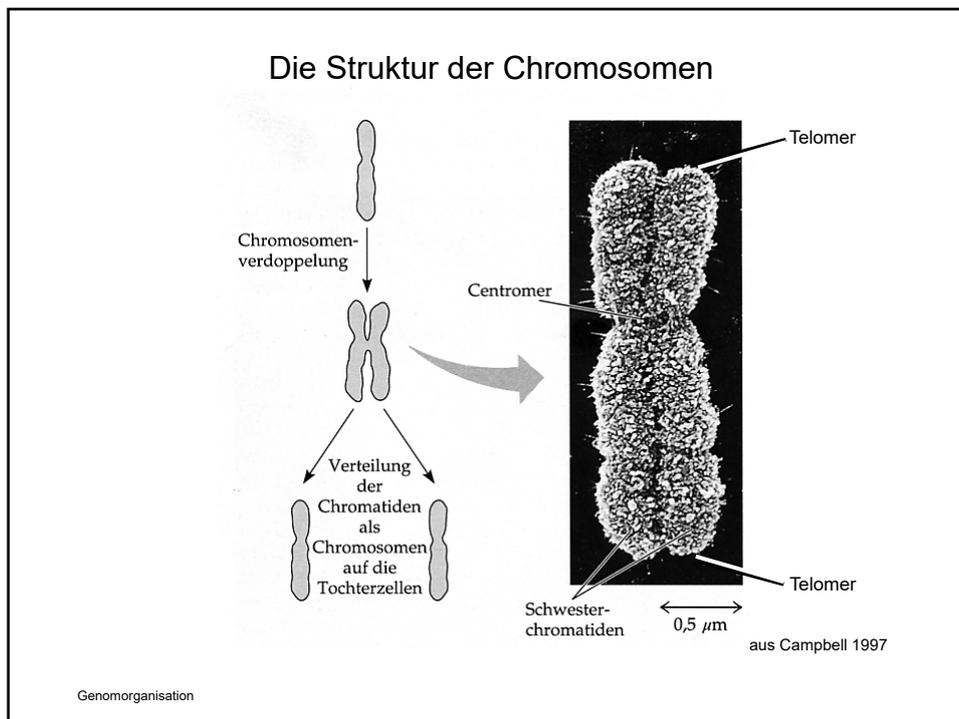


Natternzungenfarn (*Ophioglossum reticulatum*) $2n = 1440$



Ghatak 1977
 Crosland & Crozier 1986

Genomorganisation



Das Centromer

Das Centromer ist eine Einschnürung in kondensierten Chromosomen
 Die dort lokalisierten Proteine bilden das **Kinetochor**, jene Struktur an der die **Mikrotubuli** der **Teilungsspindel** ansetzen

Funktionen:

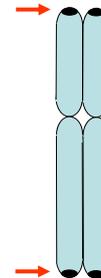
- Ansatz der mitotischen Spindel bei der mitotischen und meiotischen Trennung
- Zusammenhalt der Schwesterchromatiden, um dem Zug der Spindel vor der Anaphase entgegenzuwirken

Ansatz der Mikrotubuli an den Kinetochoren im Elektronenmikroskop gesehen

Genomorganisation

Die Telomere

Die Chromosomenenden (Telomere) enthalten sich wiederholende (beim Menschen ca. 2000x bis 3000x pro Telomer) kurze DNA Sequenzen (z.B. bei Vertebraten AGGGTT). An diese Sequenzen binden telomerspezifische Proteine

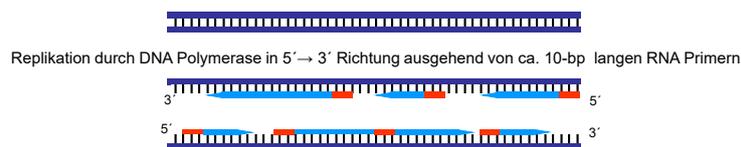


Aufgaben:

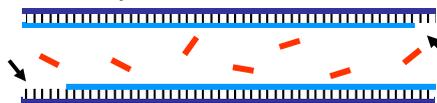
- Ergänzung der DNA, die bei jeder Replikationsrunde verloren geht ("End-Replikation Problem") und damit Verhinderung der Chromosomenverkürzung und des Verlusts von Genen
- Schutz gegen ungewollte Reparatur der vermeintlichen DNA-Brüche an den Enden linearer Chromosomen
- Organisation der Lage der Chromosomen im Zellkern (v.a. in der Meiose)

Genomorganisation

Telomer-Verkürzung bei der DNA Replikation ("The End-Replication Problem")



RNA Primer dissoziieren, die Lücken in den neu synthetisierten Strängen werden aufgefüllt, jedoch nicht an den 5' Enden!



Nach jedem Zellzyklus sind die neuen Stränge im Mittel um ~100 bp kürzer
Dadurch, dass an den Chromosomenenden die Telomer-Sequenzen sitzen, gehen dabei keine Gene verloren

Regeneration der Telomere durch Telomerase



Genomorganisation

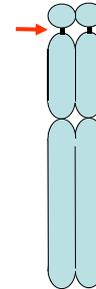
Die Nucleolus-organisierende Region (NOR)

Die Stelle in einem kondensierten Chromosom, wo Repeats (mehrere hundert) von ribosomaler DNA lokalisiert sind.

Sie ist durch eine Einschnürung im Chromosom kenntlich. Mindestens 1 Chromosomenpaar besitzt eine NOR (beim Menschen sind es 5/haploidem Satz).

Während der Interphase bildet sich dort der **Nucleolus** aus.

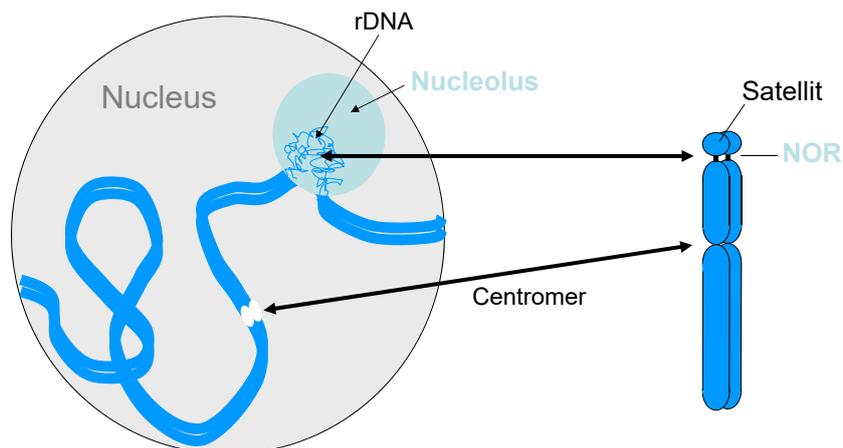
Im Nucleolus wird ribosomale RNA transkribiert und prozessiert, und Ribosomen-Untereinheiten werden zusammengebaut



Genomorganisation

Interphase

Metaphase



Vor der Teilung wird der Nucleolus aufgelöst und die ribosomale DNA konzentriert sich an der Nucleolus-organisierenden Region (NOR)

Genomorganisation

Chromosomen- und Genom-Mutationen

Chromosomenmutationen

Sind Veränderungen der Chromosomenstruktur (submikroskopisch bis mikroskopisch)
(Chromosomale Umbauten: Duplikation, Deletion, Inversion, Translokation)

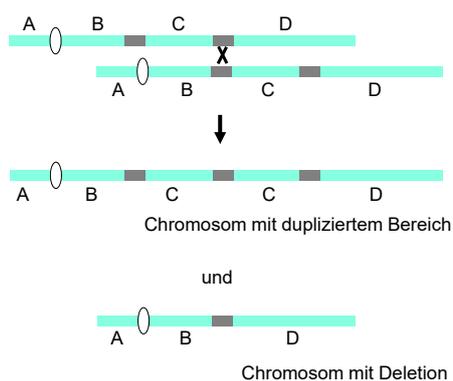
Entstehen durch Fehler bei der Rekombination und der Reparatur von
Doppelstrangbrüchen nach Einwirkung klastogener (bruchinduzierender)
Agentien (z.B. Ionisierende Strahlung, Bleomycin, Cisplatin, Mitomycin C)

Sind meistens nachteilig
sind aber auch von Bedeutung für die Entstehung neuer Gene und neuer Arten

Genomorganisation

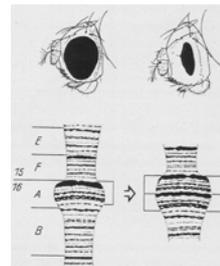
Duplikation und Deletion durch unäquales Crossing over

Durch Crossing over zwischen ähnlichen Sequenzen an verschiedenen Stellen auf
homologen Chromosomen werden Abschnitte verdoppelt oder entfernt

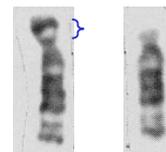


○ Centromer
■ Abschnitte mit ähnlichen DNA Sequenzen
X Crossover

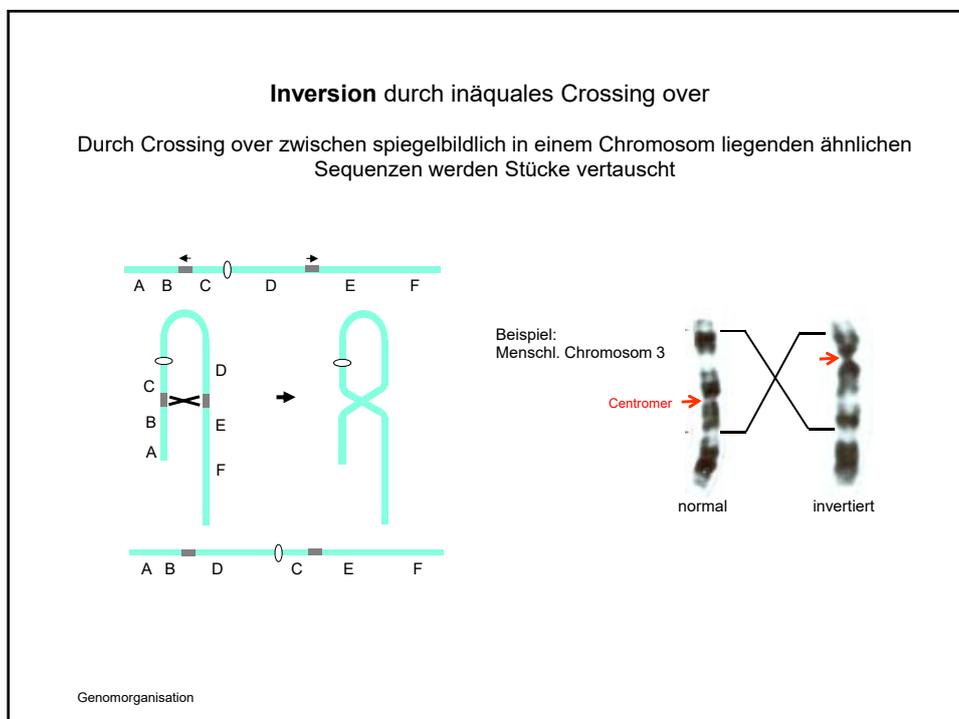
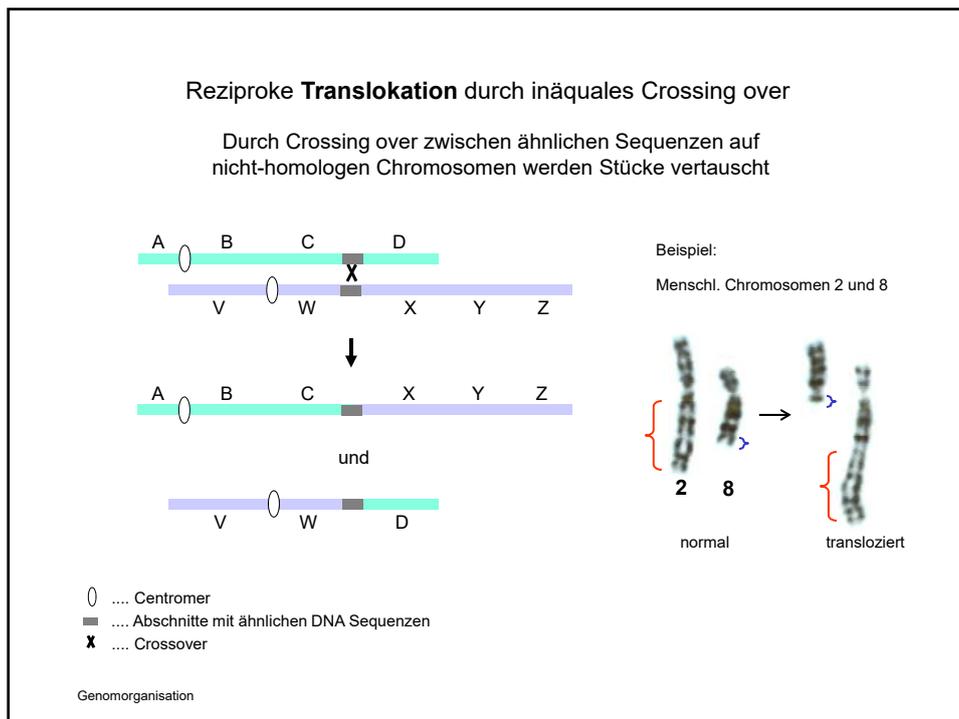
Genomorganisation



Phänotypische Auswirkung der Duplikation
des *bar*-Locus bei *Drosophila*

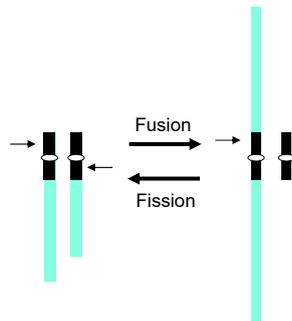


Eine Deletion am kurzen Arm eines
der Chromosomen #5 verursacht das
Cri-du-chat Syndrom beim Menschen



Robertson'sche Fusion/Fission

Robertson'sche Ereignisse sind eine Form der Translokation, bei der Austausch in Centromer-Nähe stattfinden. Dies führt zur Veränderung der Chromosomenzahl!



Beispiel:
Dramatische Reduktion der Chromosomenzahl durch multiple Robertson'sche Fusionen innerhalb eines kurzen evolutionären Zeitraums in der Gattung der Zwerghirsche

Chinesischer Muntjak,
Muntiacus reevesi
 $2n = 46$

Black muntjak,
Muntiacus crinifrons
 $2n = 8$ female/9 male

Indischer Muntjak,
Muntiacus muntjak vaginalis
 $2n = 6$ female/7 male



Warum macht der Muntjak das?

Genomorganisation

Konsequenzen von Chromosomenmutationen

Chromosomale Umbauten liegen meist **heterozygot** vor, d.h. nur Chromosomen eines der beiden Chromosomensätze sind beteiligt

Meistens bewirken **balancierte** Umbauten (kein Verlust von Genen) auch keinen Phänotyp beim Träger (es sei denn, die Brüche betreffen Gene oder regulierende Sequenzen)

Allerdings verursachen **Strukturheterozygotien** der Chromosomen Probleme bei der meiotischen Paarung oder Segregation. Dadurch ist die Fertilität von Trägern herabgesetzt

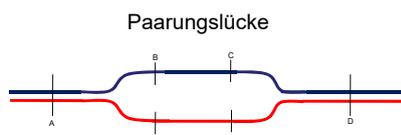
Chromosomale Umbauten schaffen Kreuzungsbarrieren, wodurch eine neue Art inmitten des Verbreitungsgebietes der Ursprungsart entstehen kann → Sympatrische Artbildung

Genomorganisation

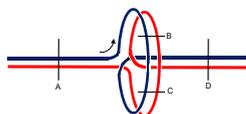
Strukturheterozygoten in der Meiose – ihre Konsequenzen auf die Paarung und Segregation homologer Chromosomen und die Lebensfähigkeit der Gameten

(am Beispiel einer Inversion)

1. Die Paarung ist gestört



oder Inversionsschleife



durch die Paarung zweier inversions-heterozygoter Chromosomen

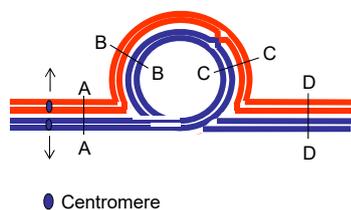
Genomorganisation

Beispiel für eine Inversionsschleife im Pachytän der Maus

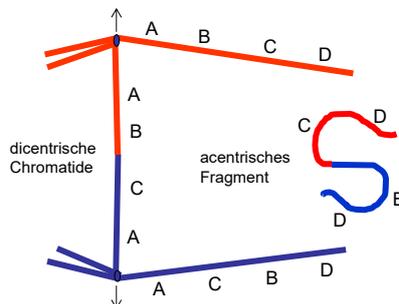


2. Die Segregation ist gestört

Bei einem Crossover im heterozygot invertierten Bereich bildet sich in der Meiose eine **Inversionsschleife**:



Konsequenz eines Crossover im Bereich der Inversionsschleife auf die Segregation in der 1. meiotischen Teilung:



3. Nur ein Teil der Gameten erhält einen vollständigen Satz an Genen
→ verminderte Fertilität bis vollständige Sterilität

Genomorganisation

Die Sterilität von Hybriden als Kreuzungsbarriere

Multiple chromosomale Umbauten (Translokationen, Inversionen, etc.) zwischen den beiden Elternarten führen zur Sterilität von Hybriden

Pferd ♀ × Esel ♂ Maultier



(Pferd ♂ × Esel ♀ = Maulesel)

Wenn man Pferd ♂ × Esel ♀ oder Pferd ♀ × Esel ♂ kreuzt, bekommt man unterschiedlich aussehende Tiere.
Warum? und welchem klassischen Erbgesetz widerspricht das?

Genomorganisation

Sympatrische Artbildung

Radikale Veränderungen im Karyotyp schaffen Kreuzungsbarrieren, wodurch eine neue Art inmitten des Verbreitungsgebietes der Ursprungsart entstehen kann

Ursprungsart:
voll fertil



Individuum mit heterozygotem Chromosomenrearrangement:
eingeschränkt fertil



Nachkommen mit homozygotem Chromosomenrearrangement:
Wieder voll fertil

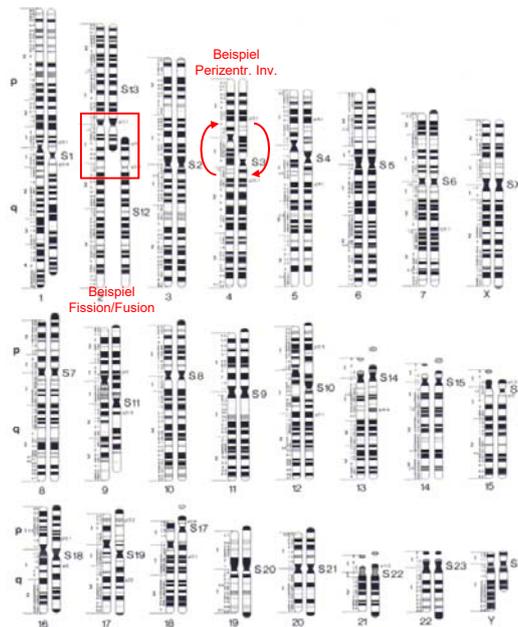


Begründen neue Art bei Kreuzung mit ihresgleichen

Genomorganisation

Der Karyotyp des Menschen $2n=46$; linke Chromosomen) unterscheidet sich durch multiple Translokationen und Inversionen von dem des Schimpansen ($2n=48$; S – rechte Chromosomen)

Der Unterschied zwischen dem Menschen- und Schimpansengenom liegt hauptsächlich in seiner chromosomalen Organisation und nicht in der DNA Sequenz, welche zu 98.8% gleich ist



Genomorganisation

Die große Ähnlichkeit von Mensch und Schimpanse führte zu - glücklicherweise erfolglos gebliebenen - Kreuzungsversuchen durch Besamung von weiblichen Schimpansen mit menschlichem Sperma, v.a. durch den russischen Biologen Ilja Iwanow (1870-1932)

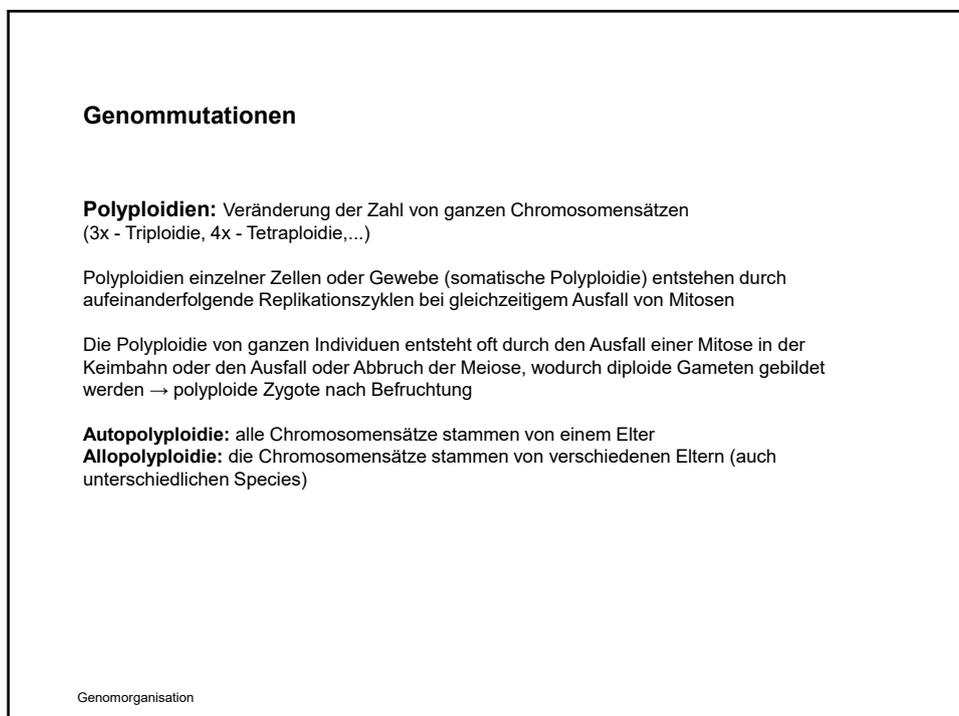
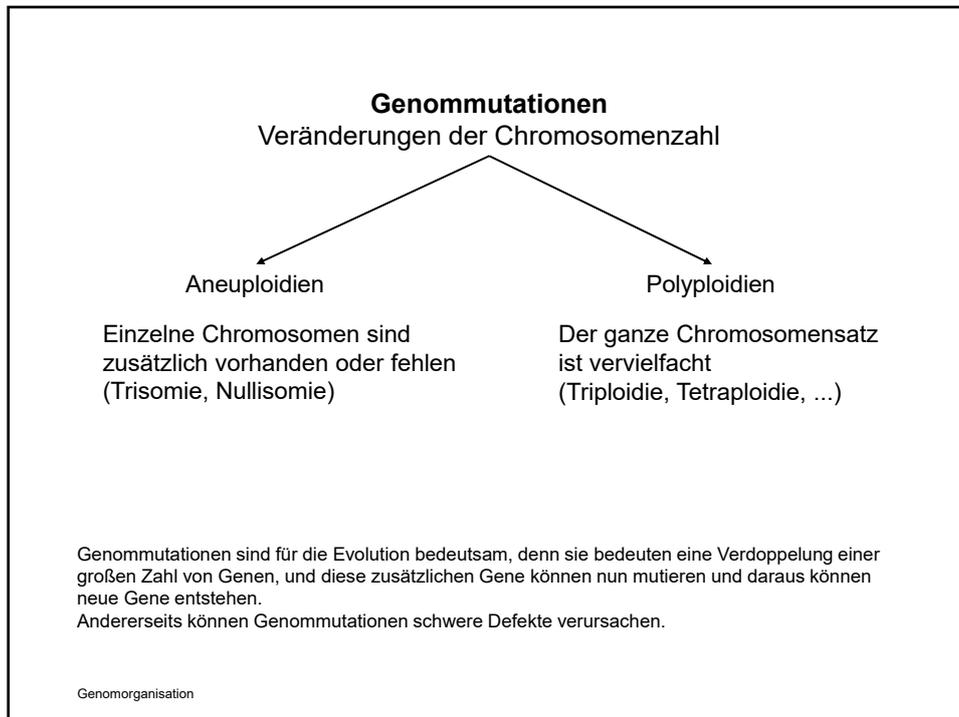
Gelegentlich wurden Schimpansen mit erstaunlichen kognitiven Fähigkeiten und menschenähnlichen Körpermerkmalen beschrieben, nie haben aber Chromosomenanalysen ihre Hybridnatur bestätigt



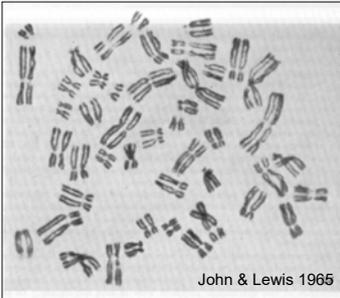
Wie konnte man angebliche Mensch-Schimpanse-Hybriden als unecht entlarven?

Bei dem hier abgebildeten, als Mensch-Schimpanse-Kreuzung ausgegebenem, Kind handelte es sich wahrscheinlich um eine Mißbildung oder um eine Fälschung

Genomorganisation



Somatische Polyploidie



Spontane Tetraploidisierung einer menschlichen Zelle durch Endomitose

Genomorganisation

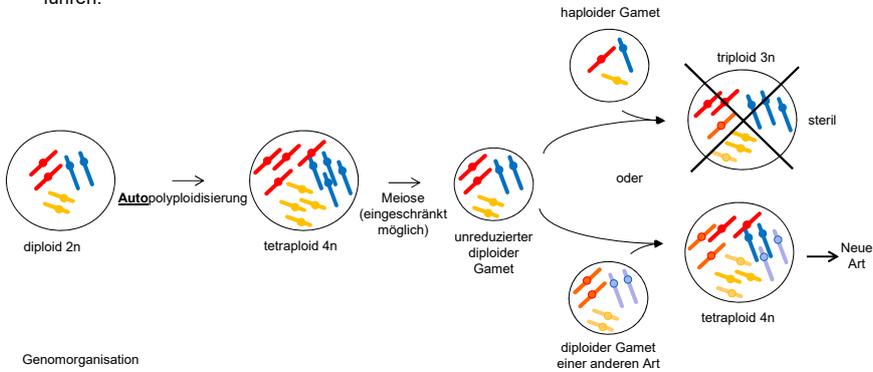
Artenstehung durch Polyploidisierung

Sympatrische Entstehung einer tetraploiden Art durch Polyploidisierung

Ein autopolyploides Individuum besitzt Zellen mit mehr als 2 gleichen Chromosomensätzen (ein Fehler bei der Zellteilung kann zur Verdoppelung $2n \rightarrow 4n$ führen)

Unter Umständen können diploide Gameten gebildet werden, aber die Befruchtung eines solchen Gameten durch einen normalen haploiden Gameten führt zu triploiden, sterilen Nachkommen.

Jedoch kann die Befruchtung durch einen ebenfalls unreduzierten Gameten einer anderen Art zu fertilen, tetraploiden Nachkommen, und in weiterer Folge, zur Bildung einer neuen Art führen.

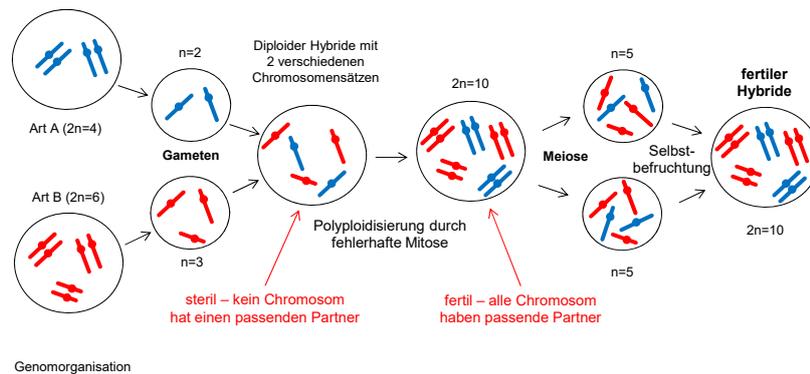


Genomorganisation

Artenstehung durch Polyploidisierung

Die Bildung fertiler Hybriden durch Polyploidisierung

Hybride sind steril, weil sie keine genetisch balancierten Gameten produzieren. Aber durch eine fehlerhafte Zellteilung in der Keimbahn können sich die 2 unterschiedlichen Chromosomensätze verdoppeln, sodass dann jedes Chromosom in 2 gleichen Kopien vorliegt. Jedes Chromosom hat dann in der Meiose einen passenden Paarungspartner, und es werden balancierte Gameten gebildet. Wenn sich zwei solche Gameten befruchten (z.B. bei Selbstung) kann eine neue polyploide Art entstehen.

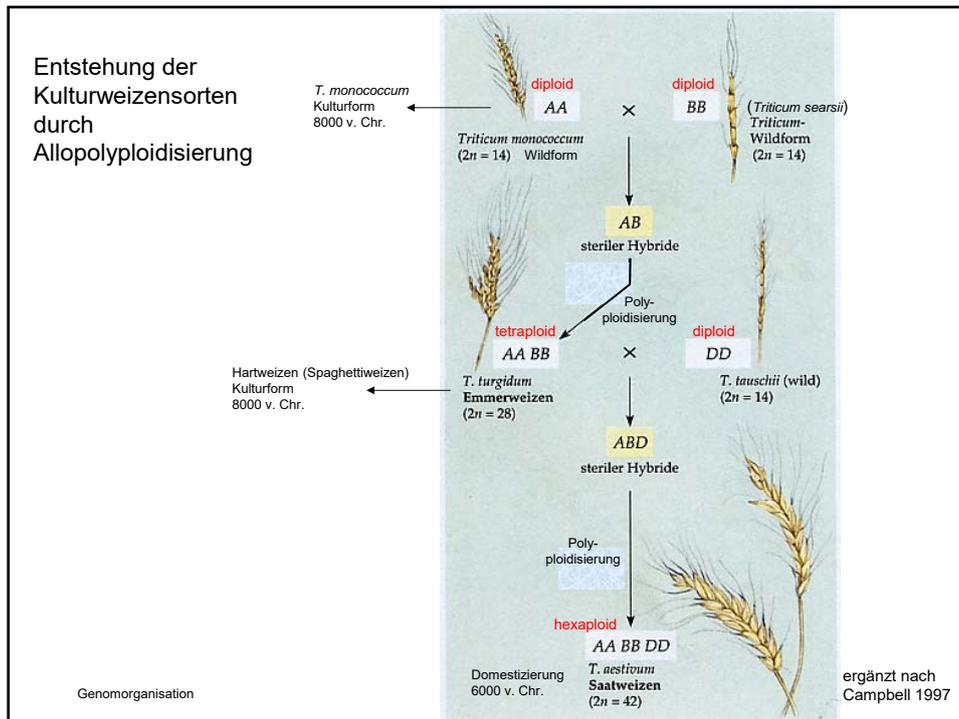


Polyploidisierungen spielten eine große Rolle in der Evolution und bei der Entstehung von Kulturformen

Pflanze	Ausgangszahl der Chromosomen (n)	heutiger 2n-Wert	Ploidie
A. Allopoloide			
<i>Malus ssp.</i> (Apfel)	17	34 oder 51	2–3x
<i>Pyrus communis</i> (Birne)	17	34 oder 51	2–3x
<i>Prunus ssp.</i> (Pflaume)	8	15, 24, 32, 48	2–6x
<i>Nicotiana tabacum</i> (Tabak)	12	48	4x
<i>Fragaria ananassa</i> (Erdbeere)	7	56	8x
<i>Triticum aestivum</i> (Weizen)	7	42	6x
B. Autopolloide			
<i>Solanum tuberosum</i> (Kartoffel)	12	48	4x
<i>Coffea arabica</i> (Kaffee)	11	22, 44, 66, 88	2–8x
<i>Musa sapientum</i> (Banane)	11	22, 33	2–3x

aus Hennig 1995

Genomorganisation



Die Rolle der Chromosomen- und Genom-Mutationen in der Evolution

Zusammenfassung

Duplikationen ermöglichen das Entstehen neuer Gene:

Von einem duplizierten Gen kann eine Kopie die ursprüngliche Funktion beibehalten. Die andere Kopie verändert sich mit der Zeit durch Mutationen, wird meistens degenerieren (→ Pseudogen), kann aber auch eine neue Funktion bekommen und so zu einem neuen Gen werden.

Chromosomale Strukturveränderungen führen zur Hybridsterilität und damit zur reproduktiven Isolation von Populationen.

Allopolyploidisierung ermöglicht Überwindung der Hybridsterilität, indem jedes Chromosom einen identischen Paarungspartner bekommt.

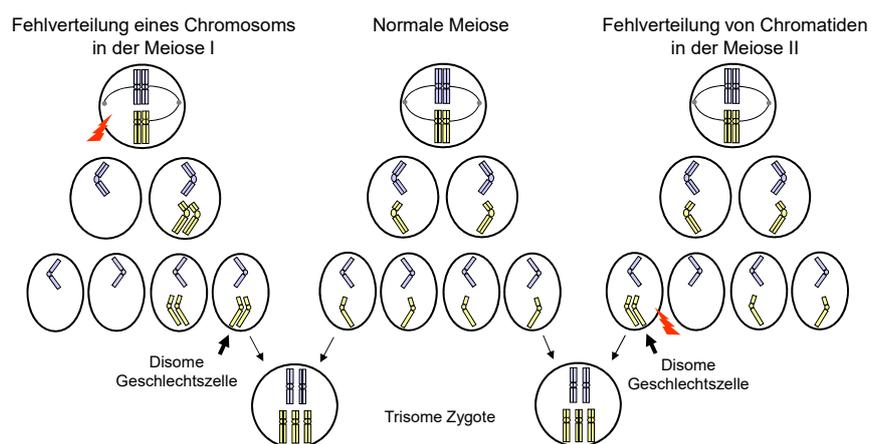
Genommutationen

Aneuploidien: Veränderung der Zahl einzelner Chromosomen
(Trisomie, [selten:] Tetrasomie, ...)

Aneuploidien entstehen meist durch die Fehlverteilung einzelner Chromosomen in Mitose oder Meiose

Genomorganisation

Entstehung von Aneuploidien durch Fehlverteilung in der 1. oder 2. Meiose



Genomorganisation

Chromosomenaberrationen sind die Ursache von 50% (!) aller Spontanaborte beim Menschen

Häufigkeit von Chromosomenaberrationen unter diagnostizierten menschlichen Schwangerschaften. Ca. 10-50% aller Zygoten sterben schon vor einer erkennbaren Schwangerschaft. Sie können daher in der Aufstellung nicht berücksichtigt werden

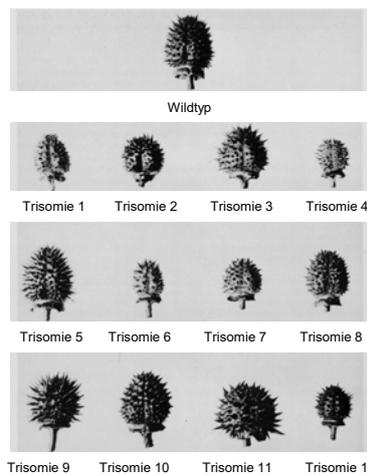
Aberration	Anteil (%) chromosomal abnormer Keime bei		
	Spontanaborten (bis 28. Schwangerschaftswoche)	Totgeburten (ab 28. Schwangerschaftswoche)	Lebendgeburten
Genommutationen			
Trisomie 16	7,5	-	-
Trisomie 13, 18, 21	4,5	2,7	0,14
XXX, XXY, XYY	0,3	0,4	0,15
alle anderen Trisomien	13,8	0,9	-
45, X	8,7	0,1	0,001
Triploidie	6,4	0,2	-
Tetraploidie	2,4	-	-
Chromosomen(struktur)mutationen	2,0	0,8	0,3
Alle Aberrationen zusammen	50	5	0,5

nach Hassold (1986)

Genomorganisation

Bei Pflanzen wirken sich Aneuploidien nicht so offensichtlich nachteilig aus wie bei Säugetieren

Unterschiedliche Phänotypen (Form und Größe der Fruchtkapsel) der Trisomien jedes der 12 Chromosomen beim Stechapfel ($2n=24$)



Genomorganisation

Entwicklungsgenetik

Die Entwicklungsgenetik befasst sich mit der genetischen Kontrolle von Zellwachstum, Zelldifferenzierung und Zellspezialisierung in verschiedenen Zelltypen und Organen.

Entwicklungsgene steuern die Differenzierung von Zellen während der Embryonalentwicklung.

Dies sind:

Segmentierungsgene und **Homöotische** Gene bei Tieren
Organidentitätsgene bei Pflanzen

(Dagegen steuern **Haushaltsgene** essentielle Funktionen in allen Zellen)

Entwicklungsgene codieren **Transkriptionsfaktoren**, das sind Proteine, die die Transkription (und damit die Aktivität) anderer Gene steuern

Entwicklungsgenetik

Vielzellige Tiere haben viele Gene, genetische Pathways und molekulare Signalmechanismen gemeinsam, die die Entwicklung von der Zygote zum reifen Organismus steuern.

Bei den Pflanzen sind ähnliche Entwicklungsprogramme unabhängig entstanden

Diese Gemeinsamkeiten erlauben es, an einigen wenigen günstigen Organismen (**Modellorganismen**) die konservierten Mechanismen zu studieren.

Modellorganismen für die Entwicklungsgenetik sind:

Fruchtfliege, *Drosophila melanogaster*
Fadenwurm, *Caenorhabditis elegans*
Zebrafisch, *Danio rerio*
die Blütenpflanze *Arabidopsis thaliana*

Entwicklungsgenetik

Bei *Drosophila* wurde gezeigt, daß die Embryonalentwicklung durch **Gradienten von mütterlichen Genprodukten** (RNAs, Proteine) in der Zygote eingeleitet wird

Die Positions-Information, die durch diese molekularen Gradienten festgelegt wird, wird von zwei Gruppen von Genen, die in der Zygote bzw. im Embryo transkribiert werden, interpretiert

Es sind dies die **Segmentierungsgene** und die **Homöotischen Gene**.

Über 20 Segmentierungsgene sind bekannt, und sie werden eingeteilt in:

Gap Gene

Pair-Rule Gene

Segment-Polaritäts Gene

Sie werden entlang der Embryo-Längsachse differentiell exprimiert, was zu seiner Gliederung in Segmente führt

Die Homöotischen Gene statten die Segmente unterschiedlich aus

Daher:

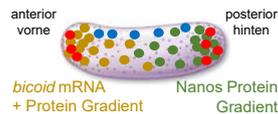
Segmentierungsgene: Anlage der Segmente

Homöotische Gene: Ausstattung der Segmente

Entwicklungsgenetik

Segmentierungsgene am Beispiel der Embryonalentwicklung von *Drosophila*

Schon in der unbefruchteten Eizelle geben Gradienten von **mütterlichen** Genprodukten die künftige Polarisierung des Embryo vor

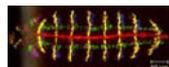


Maternale Eipolaritätsgene

Terminal Dorsal Terminal
Anterior Posterior

Zygotisch exprimierte Gene

Abhängig von der Konzentration der maternalen Transkriptionsfaktoren werden die Zellkerne des Syncytiums (Zellmembranen entwickeln sich erst später) in unterschiedlichen Bereichen des Embryos unterschiedliche Genaktivität entwickeln und damit zu einer weiteren Längsdifferenzierung des Embryos beitragen. Dadurch entsteht eine zunehmende Unterteilung in Segmente.



Segmentierungsgene

Gap Gene

unterteilen den Embryo in breite Zonen

Pair-Rule Gene

teilen den Embryo weiter in Streifen, die ungefähr zwei der endgültigen 14 Segmente umfassen

Segment-Polaritäts Gene

tragen zur weiteren Längsdifferenzierung bei, indem sie die "Vorder- und Rückseite" eines jeden Segments bestimmen

Homöotische Gene

steuern die unterschiedliche Ausstattung (Spezialisierung) der Segmente



TABLE 20.1 Segmentation Genes in *Drosophila*

Gap Genes	Pair-Rule Genes	Segment Polarity Genes
<i>Krüppel</i>	<i>hairy</i>	<i>engrailed</i>
<i>knirps</i>	<i>even-skipped</i>	<i>wingless</i>
<i>hunchback</i>	<i>runt</i>	<i>cubitus</i>
<i>giant</i>	<i>fushi tarazu</i>	<i>hedgehog</i>
<i>tailless</i>	<i>paired</i>	<i>fused</i>
<i>buckebein</i>	<i>odd-paired</i>	<i>armadillo</i>
<i>caudal</i>	<i>odd-skipped</i>	<i>patched</i>
	<i>sloppy-paired</i>	<i>gooseberry</i>
		<i>paired</i>
		<i>naked</i>
		<i>disheveled</i>

Mutationen in Gap Genen erzeugen Embryos denen Gruppen aufeinanderfolgender Segmente fehlen

Mutationen in Pair-Rule Genen erzeugen Embryos denen jedes zweite Protosegment fehlt

Die **cleidocraniale Dysplasie (CCD)**, ein autosomal dominanter Defekt, entsteht durch Mutationen in *RUNX2*, einem **menschlichen Pair Rule Gen**.
Bei Betroffenen schließt sich die Fontanelle nicht, und Schlüsselbeine werden nicht gebildet.

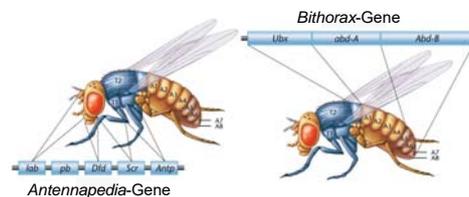


Entwicklungsgenetik

Die **homöotischen Gene** werden durch die Expression der Segmentierungsgene aktiviert und bestimmen, welche Strukturen in den adulten Tieren an jedem Körpersegment gebildet werden
Mutationen in diesen Genen heißen **homöotische Mutationen**.

Bei *Drosophila* gibt es zwei Cluster von homöotischen Genen auf dem Chromosom 3, den *Antennapedia* Komplex (zuständig für die Ausgestaltung der Segmente in Kopf und vorderem Thorax) und den *Bithorax* Komplex (zuständig für hinteren Thorax und Abdomen)

Diese Gene ähneln sich durch den Besitz einer konservierten 180-bp Nucleotid-Sequenz, der "homeobox"; daher werden sie auch als Homeobox (kurz: HOX) Gene bezeichnet



Interessanterweise entspricht die Anordnung der Gene auf dem Chromosom der Anordnung der Körpersegmente, für die sie zuständig sind. **Zufall?**

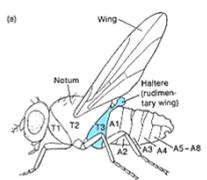
Entwicklungsgenetik

Homöotische Mutationen verursachen die Ausbildung von Extremitäten in den falschen Segmenten, z.B. bei *Drosophila* Beine statt Antennen oder Flügel statt Schwingkölbchen

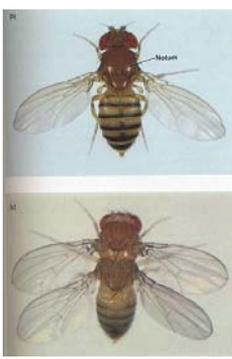
antennapedia



aus Campbell 1997



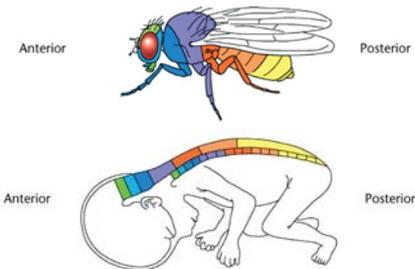
bithorax



aus Griffith et al. 1996

Entwicklungsgenetik

Die gleiche Organisation der Homöobox (Hox) Gene zeigt sich beim Menschen, auch wenn Vertebraten vier HOX Gencluster haben



Beim Menschen verursachen Mutationen in *HOXD13* Synpolydactylie (SPD), gekennzeichnet durch abnormale Knochenbildung in Händen und Füßen und daher extra Finger und Zehen.

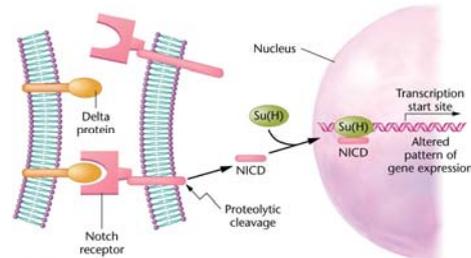


Entwicklungsgenetik

Ein weiterer wichtiger Faktor bei der **Zell**differenzierung sind Zell-Zell Interaktionen, wodurch benachbarte Zellen gegenseitig ihre Transkriptionsaktivitäten und damit ihre Entwicklung im Embryo beeinflussen

Beispiel:

Der **Notch-Signalpathway** funktioniert über direkten Zell-Zell Kontakt zur Steuerung der Entwicklung interagierender Zellen

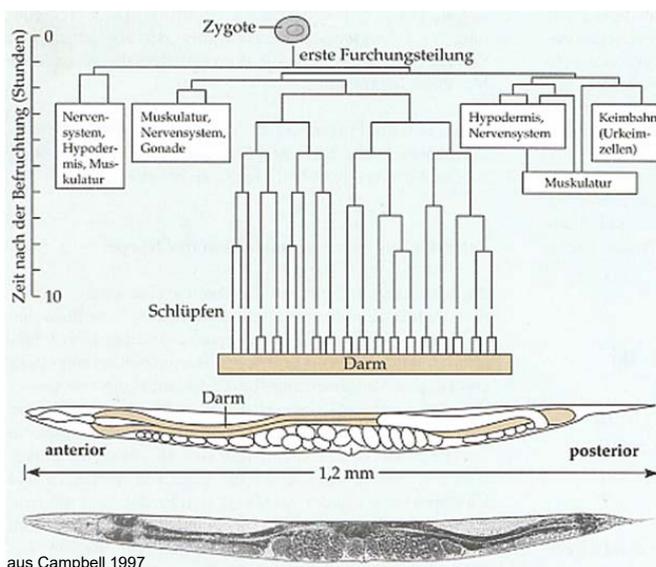


Das Notch-Gen codiert einen Signalrezeptor in der Plasmamembran. Das Signal ist ein weiteres Transmembran-Protein codiert vom Delta-Gen. Das Delta-Protein der einen Zelle bindet an den Notch-Rezeptor einer benachbarten Zelle. Das setzt einen Proteinkomplex frei, der in den Kern wandert und dort an Transkriptionsfaktoren bindet, die die Transkription von Genen aktivieren, die spezifische Entwicklungsprozesse steuern.

Entwicklungsgenetik

Caenorhabditis elegans als Modellsystem der Entwicklungsgenetik

Bei *C. elegans* wurde der Entwicklungsweg jeder Zelle von der Zygote bis zum adulten Tier verfolgt



1090 Zellen entstehen

131 davon erleiden **programmierten Zelltod (Apoptose)**

Es bleiben:
959 somatische Zellen,
davon 302 Nervenzellen

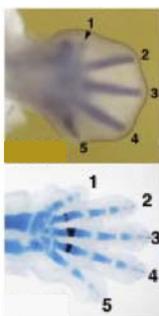
Zusätzlich ~2000 Keimzellen

~300 davon werden zu Embryonen

aus Campbell 1997

Entwicklungsgenetik

Die in der Embryonalentwicklung von *C. elegans* beobachtete **Apoptose**, der programmierte Zelltod, ist ein verbreiteter Vorgang. Beim menschlichen Embryo werden die "Schwimmhäute" zwischen Fingern und Zehen durch Apoptose rückgebildet.



(Außerhalb der Embryonalentwicklung finden wir Apoptose als Antwort auf irreparable DNA-Schädigung. Betroffene Zellen begehen "Selbstmord", um nicht durch mögliches entartetes Wachstum den Gesamtorganismus zu schädigen.)

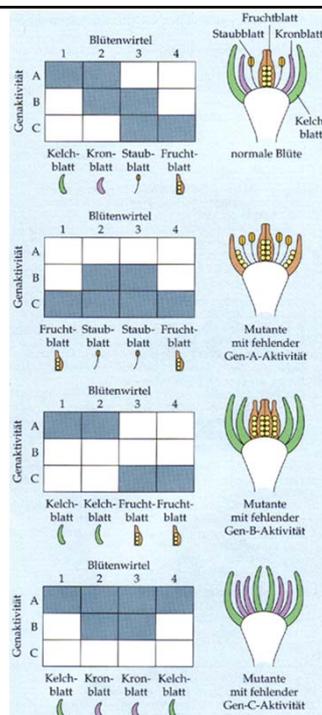
Entwicklungsgenetik

Beispiel für pflanzliche Entwicklungsgene:
Organidentitäts-Gene bei der Blütenentwicklung von *Arabidopsis*

Das ABC-Modell: Die Aktivität von 3 Genen entscheidet darüber, welcher Wirtel (Segment) mit welchen Spezialisierungen ausgestattet wird

Etwas abweichende Modelle erklären die Differenzierung der Blütenorgane bei anderen Gattungen

Diese homöotischen Gene sind bei Pflanzen und Tieren nicht **homolog** (abstammungsgleich). Es handelt sich um im Pflanzen- und Tierreich unabhängig entstandene (**analoge**) Systeme



Entwicklungsgenetik

aus Campbell 1997