Aus vier mach zwei: Wie verdoppelte Genome wieder diploid werden

Die Verdopplung des Genoms gab der Biodiversität vermutlich einen entscheidenden evolutionären Schub. Ein chinesisch-deutsches Forschungsteam um Axel Meyer von der Universität Konstanz untersuchte nun die frühen Phasen des Prozesses der sogenannten Re-Diploidisierung. Die Ergebnisse zeigen: Die Fusion von Chromosomensätzen verläuft asynchron.

Ein Chromosom von der Mutter, ein Chromosom vom Vater: Für uns Menschen und die allermeisten Tierarten ist es der Standard, einen doppelten Chromosomensatz zu haben. Man nennt diesen Zustand „diploid", jedes Chromosom ist in jeder Zelle zweimal vorhanden. Dies ist jedoch nicht immer der Fall. Es kann vorkommen, dass Organismen mehr als zwei vollständige Chromosomensätze ausbilden, typischerweise durch die Verdopplung des kompletten Erbguts (durch sogenannte Autopolyploidisierung der Hybridisierung innerhalb einer Art). Selten sind Fälle von vierfachen, sechsfachen, ja sogar zwanzigfachen Chromosomensätzen, wie sie in der aktuellen Studie entdeckt und sequenziert wurden. Solche „Polyploide" sind durchaus häufig bei Pflanzen, kommen bei Tieren jedoch selten vor – meist nur bei bestimmten Gruppen von Fischen.

Seit rund 50 Jahren verstärkt sich die Erkenntnis, dass eine Verdopplung von Chromosomensätzen eine große Rolle in den frühen Phasen der Evolution spielte. Eine solche Vervielfachung führte demnach zu einer explosiven Vergrößerung der genetischen Variationsmöglichkeiten und evolutionärer Innovation – und gab den neu entstandenen Arten einen kräftigen Schub für neue genetische Baupläne und Anpassungen. Solche „polyploiden" Arten behalten den vervielfachten Chromosomensatz meist aber nicht für immer. Typischerweise kehren Polyploide schrittweise zu einer stabileren, diploiden Vererbung zurück („Re-Diploidisierung"): Sie reduzieren also über Generationen hinweg die „überzähligen" Chromosomensätze, um schließlich wieder bei einem stabilen, „nur" doppelten Chromosomensatz zu landen. Dies passierte, wie das Labor des Konstanzer Evolutionsbiologen Axel Meyer schon vor 25 Jahren zeigen konnte, im gemeinsamen Vorfahren aller modernen Fische (etwa 27.000 Arten) vor rund 230 Millionen Jahren und wird verantwortlich gemacht für den evolutionären Erfolg der Biodiversität der Fische.

Die frühen Phasen der Evolution erforschen – mit Schneekarpfen

Für die Evolutionsforschung wäre es hochinteressant, diese genetischen Prozesse der Vervielfachung und anschließenden Re-Diploidisierung genauer zu verstehen. Wir würden dadurch mehr Erkenntnisse über die frühen Phasen bei der Entstehung neuer Arten und deren Anpassungen gewinnen. Dies lässt sich aber wegen der langen Zeit, die seit der Polyploidisierung der Fische verging, nicht mehr einfach nachvollziehen. Diese Vorgänge unmittelbar zu untersuchen ist schwierig, da Polyploide unter den heute lebenden Tierarten selten sind.

Ein chinesisch-deutsches Forschungsteam unter Leitung von Axel Meyer (Universität Konstanz) konnte nun die genetischen Vorgänge der Re-Diploidisierung durch aufwendige, vergleichende genomische Studien rekonstruieren. Der Schlüssel hierfür waren Schneekarpfen. Diese Fische sind evolutionär gesehen noch jung, sie entstanden vor erst rund 30 Millionen Jahren im Himalaya – daher der Name –, sie leben in bis zu 5.000 Meter extremen Höhen und machten dort „evolutionär gesprochen erst kürzlich" eine Vervielfachung ihres Chromosomensatzes durch. Für Meyer und sein Team stellten sie daher ein passendes Modell dar, um die frühen Phasen der Re-Diploidisierung zu erforschen: denn diese Fische stecken gerade noch mitten in dem Prozess, ihre Chromosomensätze wieder zu reduzieren und zu einem doppelten Chromosomensatz zurückzukehren.

Das erste Stadium: Die Fusion von Chromosomen

Zwar gab es bereits vergleichbare Studien zu Lachsen und Stören, die auch polyploide Genome tolerieren. Keine dieser Studien konnte jedoch die frühen Phasen der Re-Diploidisierung untersuchen, denn dies geschah bereits vor längerer Zeit in Lachsen und Stören – und gerade diese ersten Phasen sind hochinteressant. „Wir können nun nachweisen, dass das erste Stadium der Re-Diploidisierung durch die Fusion von Chromosomen initiiert wird", schildert Axel Meyer. Chromosomen werden zuerst durch Fusion vereint, und an diesen Fokalpunkten im Genom fängt die Re-Diploidisierung an, so dass bei den Nachkommen schließlich weniger Chromosomensätze in jedem Zellkern zu finden sind. Dieser Vorgang läuft jedoch nicht gleichmäßig, sondern stufenförmig ab, zeigen Meyer und sein Team: So treten zuerst Regionen im Genom auf, an denen die Chromosomen bereits fusioniert sind und als sogenanntes Ohnolog-Paar vorliegen, während an anderen Stellen noch ein vierfacher

Chromosomensatz besteht.

Die Vereinigung der Chromosomen beginnt demnach an einzelnen Fusionsstellen im Genom und breitet sich dann von dort aus in Stufen „nach außen zu den Enden der Chromosomen hin“ aus, wie ein Reißverschluss. „Der Verlauf der Re-Diploidisierung hängt somit stark von der Nähe zu diesen chromosomalen Fusionsstellen im Genom ab“, führt Meyer aus. „Es war entscheidend, diejenigen Regionen im Genom zu identifizieren, wo die Re-Diploidisierung am frühesten einsetzte, um diesen genomischen Mechanismus identifizieren zu können.“

Die Fusion der Chromosomensätze verläuft bei den Schneekarpfen folglich asynchron: Während einige Regionen ihres Genoms rasch zu einer diploiden Vererbung zurückkehrten, blieben andere noch weiterhin über lange Zeit bei einem vierfachen Chromosomensatz – über viele Millionen Jahre hinweg. Auch über Schneekarpfen hinaus ist anzunehmen, dass die Verdopplung des Genoms und die anschließende Reduzierung auf zwei Chromosomensätze die Evolution der Wirbeltiere entscheidend geprägt hat. Durch die jüngsten Einblicke ist der chromosomale Mechanismus dieser makroevolutionären Ereignisse nun besser verstanden.

Publikation:

Chuanshuai Xie, Axel Meyer, Haiping Liu, Luohao Xu et al., Chromosomal fusions trigger rediploidization of autopolyploid genomes, Nature 2026
DOI: 10.1038/s41586-026-10439-1
Link: https://www.nature.com/articles/s41586-026-10439-1

Pressemitteilung

22.04.2026
Quelle: Universität Konstanz

Weitere Informationen

Prof. Axel Meyer
Professor für Zoologie/Evolutionsbiologie an der Universität Konstanz
E-Mail: axel.meyer(at)uni-konstanz.de

- Universität Konstanz