

Biologie: Veröffentlichung in Nature Älteste Teile des Genoms behalten trotz Mutationen ihre Funktion

24.9.2026 - Arne Claussen | Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Die sogenannten Zentromere sind zentrale Elemente bei der Zellteilung, sie entstanden schon früh in der Evolution. Unter Federführung der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (HHU) und des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung (MPIPZ) in Köln hat ein Forschungsteam untersucht, wie Mutationen die genetische Kodierung der Zentromere im Laufe der Zeit veränderten. In der Fachzeitschrift Nature berichten sie, dass sich die DNA-Sequenzen sehr schnell und umfassend ändern, ihre Funktion bleibt aber erhalten. An der Studie waren auch Forschende aus Tübingen, Karlsruhe, München und Sheffield beteiligt.

Jedes Mal, wenn sich eine Zelle teilt, müssen ihre Chromosomen korrekt auf die beiden Tochterzellen verteilt werden. Im Zentrum dieses Prozesses steht das Zentromer, ein spezialisierter Bereich jedes Chromosoms, an dem die Chromosomenarme zusammentreffen. Er bildet die Anbindungsstelle für die zelluläre Maschinerie, die die Chromosomen auseinanderzieht.

Zentromere erfüllen damit eine der ältesten und wichtigsten Funktionen bei der Zellteilung. Doch trotz dieser Funktion, die während der Evolution seit fast zwei Milliarden Jahren erhalten geblieben ist, entwickelten sich die DNA-Sequenzen, aus denen die Zentromere bestehen, außerordentlich schnell weiter. Ein internationales Forschungsteam um Prof. Dr. Korbinian Schneeberger, Leiter des HHU-Instituts für Nutzpflanzenbiologie, fand nun heraus, wie relativ kleine Mutationen die enormen Unterschiede zwischen den Zentromeren hervorrufen.

Während die Funktion der Zentromere zwar in alle Organismen gleich ist, gilt dies nicht für die DNA-Sequenzen der Zentromere: Zentromere können sich zwischen verschiedenen Arten und sogar zwischen Individuen derselben Art erheblich unterscheiden. Dieser Widerspruch ist in der Biologie als „Zentromer-Paradoxon“ bekannt und stellt die Fachwelt vor die Frage, wie eine Struktur mit einer so alten und konservierten Funktion DNA beinhalten kann, die sich so schnell verändert?

Das Forschungsteam nutzte die Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*), eine Modellpflanze der Biologie, um die Mutationen, die innerhalb der Zentromere von einer Generation zur nächsten auftreten, direkt zu untersuchen. Danach weisen Zentromere ein charakteristisches Mutationsmuster auf: Punktmutationen – also solche, bei der nur eine einzige Nukleinbase, quasi ein genetischer Buchstabe, verändert wird – treten fast zehnmal häufiger auf als in den Chromosomenarmen. Außerdem treten häufig sogenannte Insertionen und Deletionen auf, die typischerweise Hunderte bis mehrere Tausend DNA-Buchstaben betreffen.

Bei diesen handelt es sich nicht um zufällige Mutationen des Zentromers. Zentromere in *Arabidopsis* bestehen größtenteils aus einer etwa 178 Buchstaben langen Basis-DNA-Sequenz, die sich tausendfach wiederholt. Die neu entdeckten Insertionen und Deletionen fügten fast ausnahmslos vollständige Kopien dieser Wiederholungseinheiten hinzu oder entfernten sie, wodurch die repetitive Architektur des Zentromers erhalten blieb.

„Zentromere sind viel dynamischer, als es von einer Region des Genoms mit einer so wesentlichen

Funktion erwartbar wäre“, sagt Xiao Dong, Doktorandin am MPIPZ und Erstautorin der Studie. „Gleichzeitig sind die Mutationen bemerkenswert strukturiert: Sie verändern das Zentromer, bewahren dabei aber seine grundlegende repetitive Organisation.“

Große Muster aus kleinen Veränderungen

Die Forschenden interessierten sich insbesondere für eine der auffälligsten Merkmale von Zentromeren: Ihre repetitive DNA ist in riesige Blöcke organisiert, die manchmal Millionen von DNA-Buchstaben lang sind und in denen sich die Wiederholungen stark ähneln. Diese Blöcke können sich von Individuum zu Individuum drastisch unterscheiden. Prof. Schneeberger, leitender Autor der Studie: „Nach bisheriger Meinung bedürfen Strukturen dieser Größe großen Mutationen oder erfordern weitreichende Umlagerungen, um sich zu bilden. Unsere Studie zeigt aber, dass dies nicht notwendig ist.“

Dies lernten die Forschenden durch Simulationen, in denen sie anhand der experimentell gemessenen Mutationsraten und -typen die Evolution der Zentromere über viele tausend Generationen nachbildeten. So erzeugten schon relativ kleine Mutationen, die meist nur wenige tausend DNA-Buchstaben betrafen, in den Simulationen nach und nach große Blöcke aus Hunderttausenden bis Millionen DNA-Buchstaben, die den Strukturen in natürlichen Zentromeren sehr ähnlich waren.

„Dieser Größenunterschied ist bemerkenswert“, sagt Xiao Dong: „In natürlichen Zentromere erkennen wir riesige Muster, die sich über Millionen von DNA-Basen erstrecken. Sie sind aber nicht durch umfangreiche Veränderungen entstanden, sondern indem sich viele relativ kleine Mutationen angehäuft haben.“

„Seit unseren ersten Untersuchungen zu spontanen Mutationsraten bei Pflanzen vor fast 20 Jahren haben wir uns gefragt, ob verschiedene Teile des Genoms auf unterschiedliche Weise mutieren“, sagt Prof. Dr. Detlef Weigel vom Max-Planck-Institut für Biologie Tübingen. „Diese Studie zeigt, dass Zentromere tatsächlich anders sind. Ihre ungewöhnliche Mutationsdynamik hilft zu erklären, warum Zentromere so deutlich hervorstechen, wenn wir Genome verschiedener Individuen und Populationen vergleichen.“

Prof. Schneeberger: „Unsere Arbeit verbindet zwei sehr unterschiedliche evolutionäre Skalen: lokale Mutationen, die von einer Generation zur nächsten auftreten, und die enormen Unterschiede zwischen Zentromeren, die sich über Tausende von Evolutionsgenerationen hinweg herausbilden.“

Die Studie wurde von Forschern des Max-Planck-Instituts für Pflanzenzüchtungsforschung in Köln, des Max-Planck-Instituts für Biologie Tübingen, des Joseph-Gottlieb-Kölreuter-Instituts für Pflanzenwissenschaften am Karlsruher Institut für Technologie (KIT), der Ludwig-Maximilians-Universität München, der University of Sheffield und der Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf mit ihrem Exzellenzcluster CEPLAS durchgeführt.

Originalpublikation

Xiao Dong, Wen-Biao Jiao, Lara Goldkuhle, Fernando Rabanal, Samija Amar, Matthew T. Parker, José A Campoy, Yueqi Tao, Bruno Huettel, Jurriaan Ton, Lisa M. Smith, Holger Puchta, Detlef Weigel, and Korbinian Schneeberger. „The mutational dynamics of the *Arabidopsis* centromeres“, Nature (2026)

DOI: 10.1038/s41586-026-11046-w

<https://www.hhu.de/die-hhu/presse-und-marketing/aktuelles/pressemeldungen-der-hhu/news-detaila>

[nsicht/aelteste-teile-des-genoms-behalten-trotz-mutationen-ihre-funktion](#)