
Rasante Evolution im Zentrum der Zellteilung

19.02.2026, 16:55 | Wissenschaft, Forschung, Bildung

Pressemitteilung von: *idw - Informationsdienst Wissenschaft*



Zentromere erfüllen praktisch im gesamten Baum des Lebens dieselbe zentrale Aufgabe: Sie sorgen für die korrekte Verteilung der Chromosomen während der Zellteilung. Doch die auffällige Vielfalt ihrer Architektur – von großen, repetitiven DNA-Arrays bis hin zu minimalistischen „Punkt“-Zentromeren in der Hefe – in Verbindung mit ihrer außergewöhnlich raschen Evolution gibt Forschenden seit Jahrzehnten Rätsel auf. Ein Forschungsteam unter der Leitung von Andrea Musacchio, Direktor am Max-Planck-Institut für molekulare Physiologie in Dortmund, und Jef Boeke von der New York University (NYU) Grossmann School of Medicine hat nun das andauernde Mysterium um den Ursprung und die Evolution des Hefezentromers gelöst. Sie haben ein „Proto-Punkt“-Zentromer identifiziert, das die evolutionäre Lücke zwischen dem heutigen winzigen „Punkt“-Zentromer und seinem komplexeren Vorfahren, der Fragmente parasitärer DNA enthielt, schließt. Diese Entdeckung offenbart einen der dramatischsten evolutionären Übergänge auf DNA-Ebene.

Zentromere sind DNA-Regionen auf den Chromosomen, an denen die Zellteilungsmaschinerie ansetzen kann, um das Erbgut auf die beiden Tochterzellen aufzuteilen. Zentromere sind für die genaue Auftrennung der Chromosomen in jeder sich teilenden Zelle, von Hefe bis zum Menschen, unerlässlich. Obwohl die Maschinerie, die die Chromosomentrennung steuert, strikt unverändert bleibt, entwickelt sich die Zentromer-DNA aber rasend weiter - ein Phänomen, das als „Zentromer-Paradoxon“ bekannt ist. Ein besonders eindrucksvolles Beispiel für diese schnelle Evolution ist das „Punkt“-Zentromer in Hefen. In ihrer neuen Studie zeigen die Teams des MPI und der NYU erstmals einen möglichen Ablauf der Entwicklung des Hefezentromers auf und identifizieren dessen genetischen Ursprung.

Erstautor Max Aaron Haase erläutert die neuen Erkenntnisse im Detail im Interview

Was genau ist Ihre Entdeckung?

Unsere Arbeit erklärt, wie ein sehr wichtiger Bestandteil der Chromosomen – das Zentromer – in der Bäckerhefe entstanden ist. In Hefen sind Zentromere extrem klein und präzise definiert – eine auffällige Besonderheit im Stammbaum des Lebens, die Chromosomenbiologen seit Jahrzehnten rätseln lässt. In dieser Arbeit zeigen wir eine wahrscheinliche Zwischenstufe in ihrer Evolution und verfolgen zurück, woher die DNA für diese speziellen Zentromere ursprünglich stammt.

Warum ist das so spannend?

Wir haben bisher unbekannte Zentromere in verwandten Hefearten gefunden, die wie Zwischenstadien zwischen großen, repetitiven Zentromeren und den winzigen Zentromeren in der Bäckerhefe aussehen. Die DNA dieser Zentromere ist mit einer Klasse von „springenden Genen“ (mobilen DNA-Stücken) verwandt, die als Retrotransposons bezeichnet werden. Höchstwahrscheinlich bildeten diese Elemente das Ausgangsmaterial für die evolutionäre Umgestaltung der Hefezentromere. Dies liefert eine konkrete genetische Erklärung dafür, wie die Hefe zu diesem ungewöhnlichen Zentromertyp gekommen ist.

Warum sind Ihre Ergebnisse für die wissenschaftliche Gemeinschaft wichtig?

Hefezentromere waren die ersten Zentromere, deren funktionelle DNA-Sequenz isoliert und detailliert untersucht wurde, beginnend mit den Arbeiten von Clarke und Carbon in den frühen 1980er Jahren. Dennoch blieb es ein Rätsel, wie sich solch winzige, präzise definierten Zentromere entwickelt haben könnten. Indem wir zeigen, wie eine Art von Zentromer aus einer anderen neu aufgebaut werden kann, geht unsere Arbeit dieser seit langem bestehenden Frage nach und zeigt, wie parasitäre DNA-Stücke gezähmt und in DNA umgewandelt werden können, auf die sich Zellen nun stützen, um ihre Chromosomen zu organisieren. Dies liefert ein konkretes Beispiel dafür, wie ein Kernstück des Chromosoms im Laufe der Evolution vollständig umstrukturiert werden kann, indem DNA, die einst wie genomischer „Müll“ aussah, einer neuen Verwendung zugeführt wird.

Was sind die nächsten Schritte, die Sie unternehmen werden?

Als Nächstes möchten wir verstehen, wie das Kinetochor – die Proteinmaschinerie, die Zentromere erkennt – solche dramatischen Veränderungen der Zentromer-DNA im Laufe der Evolution bewältigen kann. In diesem Zusammenhang beschäftigen wir uns mit der offenen Frage, wie Zentromere das Kinetochor aufbauen. Wir suchen auch nach weiteren Fällen, in denen Transposons wiederverwendet wurden, um Chromosomenstrukturen wie die Zentromere aufzubauen. Wir möchten sehen, wie häufig diese Art der Genominnovation vorkommt.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Dr. Max Haase

Max-Planck-Institut für molekulare Physiologie

Mechanistische Zellbiologie

Tel.: +49 231 133 2154

E-Mail: max.haase@mpi-dortmund.mpg.de

Originalpublikation:

Haase M. A. B, Lazar-Stefanita L, Buadry L, Wudzinska A, Zhou X, Rokas A, Hittinger C. T., Pfander B, Musacchio A, Boeke J. D (2026). Ancient co-option of LTR retrotransposons as yeast centromeres. *Nature*

Doi: [10.1038/s41586-025-10092-0](https://doi.org/10.1038/s41586-025-10092-0)

Max-Planck-Institut für molekulare Physiologie

JohannJarzombek (Mitarbeiter in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit)

0231 133 2522

johann.jarzombek@mpi-dortmund.mpg.de

News-ID: 1304425 • Views: 321 (Stand: 10.07.2026)

Link zur Pressemitteilung:

<https://www.openpr.de/news/1304425/Rasante-Evolution-im-Zentrum-der-Zellteilung-idw.html>