

Kurzzusammenfassung

Evolutionäre Ereignisse und Mutationen sind die Grundlage der Entstehung von Arten und Diversität. Gegenstand der vorliegenden Arbeit ist die Analyse verschiedener Hymenoptera-Genome, um Einblicke in die Evolution der haplodiploiden Geschlechtsdetermination sowie die Entstehung von Eusozialität in ihren verschiedenen Ausprägungen zu erhalten.

Die hochkonservierten Gene *feminizer* (*fem*, *transformer*) und *doublesex* bilden den Kern der geschlechtsbestimmenden Kaskade, während initiale Primärsignale stark variieren. *Doublesex* weist in seiner Aminosäuresequenz kaum Veränderungen zwischen den untersuchten Arten auf. *Feminizer* hingegen ist in seinen funktionellen Motiven unterschiedlich. Dies ist vor allem zwischen *Apis* und nicht-*Apis* Arten zu beobachten und lässt auf veränderte Funktion schließen. Zudem wurde gezeigt, dass sich der Co-Faktor *transformer2* in *Apis*, mit *feminizer* co-evolvierend, anders entwickelt hat als in anderen Gattungen und eine veränderte Bindesepezifität ausweist.

Das primäre Signal der Geschlechtsdetermination in *Apis* ist *complementary sex determiner* (*csd*). Es ist in seiner Funktion eine Neuentwicklung in *Apis* und so variabel, dass selbst innerhalb der Gattung deutliche Unterschiede zu finden sind. Die genauere Untersuchung von *csd* in *Apis florea* zeigt, dass es im Vergleich zu anderen Arten weniger komplex aufgebaut ist und eine schnellere Entstehung neuer Allelspezifitäten begünstigt. Dies steht in Einklang mit der Lebensweise von *A. florea* und entspricht der Theorie regelmäßiger „bottleneck“-Ereignisse in ihren Populationen. Zudem zeigen *csd* und *fem* veränderte funktionelle Motive, welche die abgegrenzte Stellung von *A. florea* innerhalb der Gattung *Apis* unterstützt.

Bei der Untersuchung verschiedener Hymenoptera-Genome hinsichtlich der Evolution von Eusozialität stellte sich die Entwicklung von Gennetzwerken als grundlegende Gemeinsamkeit heraus. Steigende Komplexität von Gennetzwerken konnte in Zusammenhang mit der Entwicklung erhöhter sozialer Organisation gebracht werden.

Die genauere Analyse der Genome der landwirtschaftlich wichtigen Arten *Bombus terrestris* sowie *Bombus impatiens* konnte diesen Zusammenhang bestätigen und weitere Einblicke in deren evolutionäre Entwicklung geben. Soziale Organisation ist keine Folge weniger großer Veränderungen, sondern vieler kleiner evolutionärer Ereignisse, die sich in komplexen regulatorischen Gennetzwerken nachvollziehen lassen.