



Pressemitteilung Nr. 100/2016

08.12.2016

SPERRFRIST BIS 14. DEZEMBER 2016, 19 UHR, MEZ

Die gallopiierende Evolution des Seepferdchens

Ein internationales Kooperationsprojekt mit Beteiligung Konstanzer Evolutionsbiologen und Genomforscher hat die kompletten Erbanlagen des Seepferdchens sequenziert und grundlegende Mechanismen der Evolution erforscht

Zu Darwins „Endless forms most beautiful“ (etwa „Unendliche Anzahl der schönsten Formen“) zählt zweifellos auch das Seepferdchen. Seine Körperform ist einzigartig. Es besitzt weder Schwanz- noch Bauchflossen, es schwimmt vertikal, sein gesamter Körper ist mit Knochenplatten verstärkt, und es hat keine Zähne, was bei Fischen selten ist. Dazu kommt ein ganz besonderes Merkmal: Bei den Seepferdchen werden die Männchen schwanger. In einem internationalen Kooperationsprojekt haben sechs Konstanzer Evolutionsbiologen aus dem Lehrstuhl von Prof. Dr. Axel Meyer, zusammen mit Forschern aus China und Singapur, das Genom des Tigerschwanz-Seepferdchens sequenziert und analysiert und haben neue molekular-evolutionäre Ergebnisse für die Biodiversitätsforschung präsentiert: Für die rasante Evolutionsgeschwindigkeit des Seepferdchens sind im Genom genauso der Verlust und die Duplikation von Genen verantwortlich wie auch der Verlust von regulativen Elementen. Die Ergebnisse werden als Coverstory im Wissenschaftsjournal „Nature“ vom 15. Dezember 2016 veröffentlicht.

Die hinter den Genom-Sequenzierungen stehende Frage, wie Diversität entsteht und was deren genetische Basis ist, lässt sich am Beispiel des Seepferdchens besonders eindrucksvoll beantworten, weil diese in vergleichsweise kurzer Zeit besonders viele einzigartige Merkmale entwickelten. So fanden die Forscher um den Konstanzer Evolutionsbiologen Axel Meyer für den Verlust der Zähne die Entsprechung auf dem Genom: Mehrere Gene, die bei anderen Fischen und auch beim Menschen bekanntlich zur Entwicklung der Zähne beitragen, sind beim Seepferdchen verlorengegangen. Durch seine spezielle Art der Nahrungsaufnahme braucht das Seepferdchen keine Zähne mehr. Es zerbeißt seine Nahrung nicht, sondern saugt sie mit enormem Unterdruck ein, den es in seiner langen Schnauze erzeugen kann. Derselbe Verlust betrifft auch Gene, die zum Geruchssinn beitragen: Das Seepferdchen jagt visuell und besitzt einen guten Sehsinn mit zwei unabhängig voneinander sich bewegenden Augen. Der Geruchssinn spielt daher scheinbar eine nur untergeordnete Rolle.

Besonders gravierend ist der Verlust der Bauchflossen. Evolutionär haben diese den gleichen Ursprung wie die menschlichen Hinterbeine. Die dafür zuständigen Gene sind gut erforscht und kommen in nahezu allen Wirbeltieren vor. Ein Gen, *tbx4*, mit besonders zentraler Rolle für die Bauchflossen fehlt allerdings im Genom des Seepferdchens. Um sicher zu gehen, dass dieses Gen wirklich nicht vorhanden ist, haben die Biologen die Genom-Analyse mit einer funktionellen Analyse gekoppelt. Dazu wurde im Zebraabürbling, einem gut erforschten Modellorganismus, das

entsprechende Gen durch die CRISPER-cas-Methode ausgeschaltet. Das Ergebnis war, dass sich Fische ohne Bauchflossen entwickelten. Dies stellt einen funktionellen Beleg für die Wichtigkeit dieses Gens in der Entwicklung der Bauchflossen dar.

Neben dem Gen-Verlust konnten die Biologen auch Gen-Duplikationen im Laufe der Evolution des Seepferdchens feststellen. Werden Gene dupliziert, kann eine Kopie eine neue Funktion übernehmen. Beim Seepferdchen ermöglicht ein Teil der so entstandenen neuen Gene vermutlich die Schwangerschaft der Männchen. Diese Gene regulieren wahrscheinlich die Schwangerschaft, zum Beispiel indem sie das Schlüpfen der Embryonen innerhalb der Bruttasche des Männchens koordinieren. Ist der Embryo ausgetragen, kommen die zusätzlichen Gene zum Einsatz. Die Biologen vermuten, dass sie dabei helfen, dass die Baby-Fische den Brutbeutel des Männchens verlassen.

Die Studie zeigt zudem, dass Modifikation nicht nur in Genen, sondern auch in regulativen Elementen (Gen-Schalter) eine wichtige Rolle in der Evolution spielen. Regulative Elemente sind DNA-Abschnitte, auf denen kein Gen liegt. Manche von ihnen verändern sich im Laufe der Evolution sehr wenig, da sie wichtige regulative Funktionen haben. Viele solcher eigentlich evolutionär sehr konservativen Bereiche fehlen beim Seepferdchen – gerade auch in solchen Elementen, die bei anderen Fischen und auch beim Menschen für das Skelett zuständig sind. Tatsächlich ist beim Seepferdchen das Skelett stark modifiziert: Es hat zum Beispiel keine Rippen mehr. Stattdessen ist der Körper mit harten Knochenplatten verstärkt. So ist es vor Fressfeinden besser geschützt und kann sich mit seinem Ringelschwanz an Seegrass oder Korallen festhalten und tarnen. Die Wissenschaftler gehen davon aus, dass der Verlust der entsprechenden regulativen Sequenz zu dieser Verknöcherung geführt hat.

Aufgrund seiner besonderen morphologischen Merkmale illustriert das Seepferdchen hervorragend, wie genetische Veränderungen zu evolutionären Merkmalsveränderungen führen können – und damit zum besseren Verständnis der genetischen Basis äußerlicher Merkmale.

Originalpublikation:

Lin et al.: The seahorse genome and the evolution of its specialized morphology. Nature, 15. Dezember 2016. Band 540, Nr. 7633.

DOI: [doi:10.1038/nature20595](https://doi.org/10.1038/nature20595)

Faktenübersicht:

- Insgesamt nahmen 34 Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler von der Universität Konstanz sowie aus Singapur und China an dem Kooperationsprojekt teil.

Hinweis an die Redaktionen:

Ein Foto kann im Folgenden heruntergeladen werden:

<https://cms.uni-konstanz.de/fileadmin/pi/filesserver/2016/Seahorse-Uni-KN-2016.jpg>

Bildunterschrift:

Barbour's Seepferd (*Hippocampus barbouri*).

Foto: Ralf Schneider

Kontakt:

Universität Konstanz

Kommunikation und Marketing

Telefon: + 49 7531 88-3603

E-Mail: kum@uni-konstanz.de

- uni.kn