

Pressemitteilung

Julius-Maximilians-Universität Würzburg

Gunnar Bartsch

30.03.2020

<http://idw-online.de/de/news743844>

Forschungsergebnisse
Biologie, Tier / Land / Forst, Umwelt / Ökologie
überregional



Riesiges Erbgut des Störs entschlüsselt: Lebendes Fossil mit bewegter Genomevolution

Störe lebten schon vor 300 Millionen Jahren auf der Erde und haben sich äußerlich seitdem kaum verändert. Einem Team von Forschern aus Würzburg und Berlin ist es jetzt gelungen, ihr höchst komplexes, weil vielfach verdoppeltes, Erbgut zu entschlüsseln. Sie haben damit ein bislang fehlendes Puzzleteil zum Verständnis der Genomevolution der Wirbeltiere geliefert.

Sie werden bisweilen auch „Methusalem der Süßwasserfische“ genannt: Störe und ihre nahen Verwandten. Fossilienfunde beweisen, dass sie bereits vor 250 Millionen Jahren existierten und sich seitdem zumindest rein äußerlich nur wenig verändert haben. Kein Wunder, dass schon Charles Darwin sie als „lebende Fossilien“ bezeichnete. Aber, obwohl sie sich äußerlich nicht verändert haben, zeichnen sie sich innerlich durch fundamentale Umstrukturierungen des Genoms aus; denn sie haben ihren Chromosomensatz mehrfach verdoppelt.

Wissenschaftlern der Julius-Maximilians-Universität Würzburg (JMU) und des Leibniz-Instituts für Gewässerökologie und Binnenfischerei (IGB) ist es jetzt gemeinsam mit Kollegen in Konstanz, Frankreich und Russland gelungen, das Genom einer Störart, des Sterlets (*Acipenser ruthenus*), zu entschlüsseln. Sie konnten zeigen, dass sich auch das Erbgut seit der Blütezeit der Dinosaurier nur wenig verändert hat. In der aktuellen Ausgabe der Fachzeitschrift *Nature Ecology and Evolution* stellen sie die Ergebnisse ihrer Arbeit vor.

Vorfahren der Wirbeltiere

„Stör-Genome sind ein wichtiges Puzzleteil, um die Abstammung von Wirbeltieren zu verstehen. Das hat uns bisher gefehlt“, erklärt Professor Manfred Schartl die Gründe, warum sich Wissenschaftler für diese Fischart interessieren. Schartl ist Hauptautor der jetzt veröffentlichten Studie und seit diesem Jahr Gastprofessor am Lehrstuhl für Entwicklungsbiochemie der JMU. Störe gehören entwicklungsgeschichtlich zu den ältesten Lebewesen auf der Erde. Sie sind die uralten Vettern von mehr als 30.000 heute vorkommenden Knochenfischarten, und damit von mehr als 96 Prozent aller lebenden Fischarten und etwa der Hälfte aller bekannten Wirbeltierarten. Aber die Zeit scheint Störe vergessen zu haben.

Wie Schartl und seine Kollegen zeigen konnten, hat sich ihre Linie irgendwann während des Oberdevon oder der Karbonzeit vor ca. 345 Millionen Jahren von der Entwicklungslinie anderer Arten abgespalten. „Dass sie sich seitdem äußerlich nur wenig verändert haben, spiegelt sich aber gar nicht ihrem Erbgut, ihrer DNA, wider“, erklärt Dr. Du Kang, Erstautor der Studie und Wissenschaftlicher Mitarbeiter am Lehrstuhl für Biochemie und Molekularbiologie II der JMU.

Um das zu überprüfen, mussten die Genetiker einen genauen Blick auf die Proteine werfen, die von den Genen des Sterlets kodiert werden. Tatsächlich zeigen ihre Berechnungen eine extrem langsame Geschwindigkeit dieser sogenannten Proteinevolution. „Die Rate der Proteinentwicklung des Sterlets gleicht der des Quastenflossers oder der Haie – zwei Fischarten, die ebenfalls seit mehr als 300 Millionen Jahren beinahe unverändert durch die Meere

schwimmen“, so Dr. Matthias Stöck, Evolutionsbiologe am IGB.

Umfangreiche Genomveränderung vor 180 Millionen Jahren

120 Chromosomen, rund 47.500 proteinkodierende Gene, 1,8 Milliarden Basenpaare: Diese Werte konnte das Forscherteam für den Sterlet ermitteln. Was es ebenfalls zeigen konnte: Vor gut 180 Millionen Jahren hat sich sein Erbgut verdoppelt, die meisten Gene werden daher vierfach abgelesen – Störe sind in der Sprache der Wissenschaft tetraploid. Dass sich das Erbgut verdoppelt, ist eine große Überraschung: „Die Entwicklung des Genoms von Wirbeltieren wurde nur sehr selten durch solche Prozesse, dann aber extrem stark beeinflusst“, sagt Manfred Schartl. Schon unsere ganz alten Fischvorfahren erlebten im Laufe der Evolution zwei Runden von „Ganzgenom-Duplikationen“, aber moderne Fischarten machten diesen Prozess drei oder sogar vier Mal durch. Das war schon vor etwa 20 Jahren durch die Labore von Manfred Schartl in Würzburg und Axel Meyer in Konstanz gefunden worden.

Überraschend hingegen war für die Wissenschaftler die Tatsache, dass die neu entdeckte Verdopplung des Genoms bei den Stören schon so lange zurückliegt. „Bei diesem langen Zeitraum hätten wir stärkere Veränderungen des Erbguts erwartet, denn bei tetraploiden Lebewesen gehen im Laufe der Zeit häufig Genabschnitte verloren, werden stummgeschaltet oder bekommen eine neue Funktion“, sagt Professor Axel Meyer, Evolutionsbiologe an der Universität Konstanz.

Unklarheit über das Erbgut beseitigt

Überhaupt war der exakte Zustand des Störgenoms unter Wissenschaftlern lange umstritten. Während die Einen darin klar Polypleide sahen – also ein mehrfach verdoppeltes Erbgut –, interpretierten Andere den Stör als „funktionellen Diploid“, also als eine Art, die ihr Genom zunächst verdoppelt und damit tetraploid wird, anschließend aber im Laufe der Evolution den Geninhalt wieder reduziert. Die Chromosomen liegen damit zwar immer noch jeweils in zwei Paaren vor; diese teilen jedoch ihre Aufgaben unter sich auf.

Jetzt ist klar: „Wir haben herausgefunden, dass der Sterlet nicht in einen diploiden Zustand zurückgekehrt ist. Stattdessen hat er einen unerwartet hohen Grad an struktureller und funktioneller Polyploidie beibehalten“, so Manfred Schartl. Dieses „Verharren“ erklären die Wissenschaftler mit dem der extrem langsamen molekularen Evolution, der die meisten Fraktionen des Sterlet-Genoms unterliegen.

Doppeltes Erbgut: Als Laie könnte man da vermuten, das erleichtert die Forschung, weil alles in zweifacher Ausführung vorliegt. Tatsächlich stellt es die Forscher vor eine große technische Herausforderung. „Das hat das Zusammensetzen und die Zuordnung der kleinen ‚Sequenzschnipsel‘, die uns die modernen Genomsequenzierungsverfahren liefern, außerordentlich erschwert“, sagt Schartl. Durch spezielle Verfahren sei es jedoch gelungen, mit einem internationalen Konsortium „ein sehr gutes Referenzgenom und das überhaupt erste von einem urtümlichen Fisch“ zu erstellen.

Genforschung für den Artenschutz

Die Entschlüsselung des Genoms ist eine wichtige Grundlage für den Schutz der Störarten. „Wir werden in Zukunft mit genetischen Analysen das Geschlecht der Tiere bestimmen können, was die Nachzucht erheblich erleichtert. Wir können so die Fortpflanzung steuern und die Bewirtschaftung von Brutbeständen unterstützen. Das ist ein Meilenstein für unsere Bemühungen, diese uralten Arten auch im Hier und Jetzt zu erhalten“, resümiert IGB-Störexperte Dr. Jörn Gessner.

Stichwort Stör

Störe sind von subtropischen bis subarktischen Flüssen, in Seen und an Küstenlinien Europas, Asiens und Nordamerikas verbreitet. Sie sind extrem langlebig und vermehren sich erst spät, in der Regel nicht vor dem zehnten Lebensjahr. Bei vielen Störarten wandern die erwachsenen Tiere wiederholt aus dem Meer ins Süßwasser, um zu laichen. Begehrte sind die Fische vor allem wegen ihrer Eier – besser bekannt unter dem Namen Kaviar.

Die Zerstörung von Lebensräumen, die fehlende Verbindung zu Flüssen, die Verschmutzung der Meere und die 2.000 Jahre alte Kaviarproduktion haben dazu geführt, dass die meisten Störarten heute vom Aussterben bedroht sind. Da Wildkaviar nicht mehr legal gehandelt werden darf, hat die Stör-Aquakultur eine hohe wirtschaftliche Bedeutung erlangt und kann ihrerseits zum Schutz der Wildpopulationen beitragen, indem sie eine sichere Marktversorgung gewährleistet.

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Prof. Dr. Manfred Scharl, T: +49 931 31-84149, phch1@biozentrum.uni-wuerzburg.de

Originalpublikation:

The sterlet sturgeon genome sequence and the mechanisms of segmental rediploidization. Du Kang, Matthias Stöck, Susanne Kneitz, Christophe Klopp, Joost Woltering, Mateus Adolphi, Romain Feron, Dmitry Prokopov, Alexey Makunin, Ilya Kichigin, Cornelia Schmidt, Petra Fischer, Heiner Kuhl, Sven Wuertz, Jörn Gessner, Werner Kloas, Cedric Cabau, Carole Iampietro, Hugues Parrinello, Chad Tomlinson, Laurent Journot, John H. Postlethwait, Ingo Braasch, Vladimir Trifonov, Wesley C. Warren, Axel Meyer, Yann Guiguen and Manfred Scharl. Nature Ecology & Evolution, <https://doi.org/10.1038/s41559-020-1166-x>

Ergänzung vom 30.03.2020:

Bitte beachten Sie: In dem Zitat von Dr. Du Kang hat sich ein Fehler eingeschlichen. Richtig muss es heißen:

„Dass sie sich seitdem äußerlich nur wenig verändert haben, spiegelt sich auch in ihrem Erbgut, ihrer DNA, wider“, erklärt Dr. Du Kang.



Der Sterlet (*Acipenser ruthenus*) zählt zu den Stören. Deren Genom ist ein wichtiges Puzzleteil, um die Abstammung von Wirbeltieren zu verstehen.
Andreas Hartl