

## EVOLUTION

## Das rätselhafte Giga-Genom der Lungenfische

Von Marco Krefting

Veröffentlicht am 04.09.2024 | Lesedauer: 4 Minuten



Nicht schön, aber besonders: In Sachen Erbgut ist der Südamerikanische Lungenfisch Rekordhalter

Quelle: dpa

In Afrika, Australien und Südamerika existieren Lungenfische, die nicht gerade als Schönheiten gelten, aber für Evolutionsbiologen sehr interessant sind: Es sind die nächsten noch lebenden Verwandten aller Landwirbeltiere – und ihr Erbgut birgt einige Überraschungen.

**D**as Erbgut ist 30 Mal größer als das des Menschen und mehr als doppelt so groß wie das des bisherigen Rekordhalters: Ein internationales Team um den Evolutionsbiologen Axel Meyer und den Biochemiker Manfred Schartl, von den Universitäten in Konstanz beziehungsweise Würzburg, hat das größte bekannte Genom aller Tiere entschlüsselt: das Erbmaterial des Südamerikanischen Lungenfischs (*Lepidosiren paradoxa*).

„Die Daten werden helfen zu ergründen, wie dem Vorfahren der heutigen Landwirbeltiere die Eroberung des Festlands gelang“, hieß es in einer Mitteilung zur Veröffentlichung der [Studie \(https://www.nature.com/articles/s41586-024-07830-1\)](https://www.nature.com/articles/s41586-024-07830-1) in der Fachzeitschrift „Nature“.

Lungenfische gelten als nächste heute noch lebende Verwandte jener Tiere, die sich vor etwa 420 bis 360 Millionen Jahren auf kräftigen Flossen an Land zogen. Und keine Eile hatten, ins Wasser zurückzukehren – dank ihrer Lungen konnten sie dort überleben. Auf sie gehen alle sogenannten Tetrapoden wie Menschen, andere Säugetiere, Amphibien, Reptilien und Vögel zurück, sprich alle Landwirbeltiere.

Von Lungenfischen existieren heute noch drei Linien: eine in Afrika mit vier Arten, eine in Australien und eine in Südamerika, die unter anderem im Amazonasbecken vorkommt. Insgesamt sind es sechs Arten, die meist in stehenden oder langsam fließenden Gewässern leben, sich karnivor ernähren und als recht träge gelten.

Von der Analyse des Erbguts erhoffen sich die Fachleute Erkenntnisse über die Ursprünge und weitere Entwicklung dieser ungewöhnlichen Tiere. „Die Evolution scheint sie vergessen zu haben“, schreiben die Forscher. Denn diese uralten „lebenden Fossilien“ sähen weitestgehend noch aus wie ihre Vorfahren im späten Devon vor grob 400 Millionen Jahren. Durch Vergleiche der Genomsequenzen lässt sich demnach etwa der Zusammenhang zwischen Flossenstrahlen der Knochenfische und Fingern von Landwirbeltieren belegen.

Dass die Genome der Lungenfische riesig sind, war bereits bekannt, doch die Studie zeigt nun, wie gigantisch sie tatsächlich sein können: Das Erbgut des Südamerikanischen Lungenfischs bestehe aus mehr als 90 Milliarden Basen, schreibt das Team. Es sei damit 30 Mal so groß wie das Genom des Menschen und mehr als doppelt so groß wie das des bisherigen Rekordhalters, des Australischen Lungenfischs (*Neoceratodus forsteri*). „18 der 19 Chromosomen des Südamerikanischen Lungenfischs sind allein jeweils größer als das gesamte menschliche Genom“, wird Scharl in einer Mitteilung zur Studie zitiert.

## Vergleichbar mit Armen

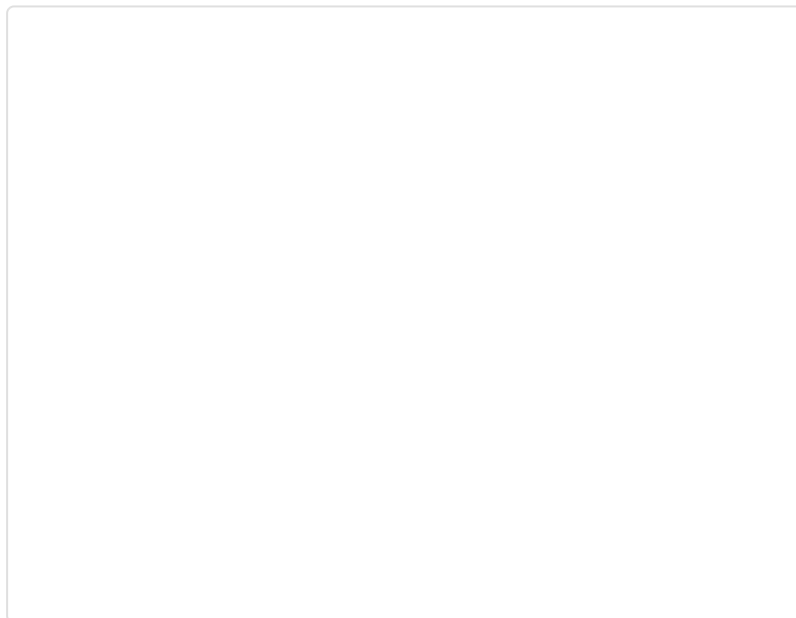
Das liege an sogenannten autonomen Transposons. Diese DNA-Abschnitte „vermehren“ sich und verändern dann ihre Position im Genom. Sie machten mehr als 90 Prozent des Lungenfisch-Genoms aus. Die Expansionsrate beim südamerikanischen Vertreter ist demnach mit Abstand die schnellste bekannte: Alle zehn Millionen Jahre sei sein Erbgut in der Vergangenheit um die Größe des gesamten menschlichen Genoms gewachsen.

„Und es wächst weiter“, berichtet Meyer. „Wir haben Belege dafür gefunden, dass die verantwortlichen Transposons noch immer aktiv sind.“ Die Forscher fanden den Mechanismus für dieses Genomwachstum heraus: Die gigantische Expansion ist zumindest teilweise auf sehr niedrige „piRNA“-Konzentrationen zurückzuführen. Dieser RNA-Typ ist Teil eines molekularen Mechanismus, der die Ausbreitung von Transposons, „springenden Genen“, normalerweise begrenzt. Und auch andere Teile des DNA-Reparatursystems fehlen offenbar oder sind defekt.

Trotzdem sei das Lungenfisch-Genom überraschend stabil. Daher konnte das Forschungsteam nach eigenen Angaben aus den Sequenzen der heute noch lebenden Lungenfisch-Arten die ursprüngliche Architektur des Chromosomensatzes des ersten Vierfüßlers rekonstruieren.

Zudem lassen sich die Genome der verschiedenen Lungenfische vergleichen und so Rückschlüsse dazu ziehen, ob Unterschiede zwischen den noch heute lebenden Exemplaren auf genetische Ursachen zurückgehen. Der Australische Lungenfisch besitzt beispielsweise noch Flossen, deren Knochenbau dem von Armen ähneln und die es seiner Verwandtschaft einst erlaubten, sich an Land zu bewegen. Bei den anderen heutigen Lungenfischvertretern aus Afrika und Südamerika haben sich diese im Laufe der vergangenen rund 100 Millionen Jahre zu eher fadenförmigen Flossen zurückentwickelt.

Anhand der Analyse des Erbguts des Australischen Lungenfischs hatte das Team um Meyer und Scharl schon vor einigen Jahren gezeigt, dass gleiche Gene im Menschen und im Lungenfisch die Entwicklung der Lunge steuern. Die Lunge von Lungenfischen habe entwicklungsgeschichtlich die gleiche Herkunft wie die der Landwirbeltiere, einschließlich des Menschen.



Auch seien Finger, Elle und Speiche in der Flosse des Tiers angelegt, wofür die gleichen Gene wie beim Menschen verantwortlich seien. An der aktuellen Studie arbeiteten auch Wissenschaftlerinnen und Wissenschaftler unter anderem aus Dresden, Hamburg, Schweden, Österreich und Frankreich mit.

© PREMIUM-GRUPPE GmbH 2025

Ein **Axel Springer** Unternehmen

Die WELT als ePaper: Die vollständige Ausgabe steht Ihnen bereits am Vorabend zur Verfügung – so sind Sie immer hochaktuell informiert. Weitere Informationen <https://epaper.welt.de>