# Nur vier Riffe ohne Bleiche

## Great Barrier Reef ist in dramatischem Zustand

Am größten Korallenriff der Welt in Australien droht eine beispiellose Umweltkatastrophe. Wissenschaftler haben dort schockiert die „schlimmste Korallenbleiche der Geschichte“ dokumentiert, wie sie gestern berichteten. „Wir haben 4000 Kilometer in den unberührtesten Regionen des Great Barrier Reefs überflogen und nur vier Riffe gesehen, die keine Korallenbleiche aufwiesen“, berichtete Meeresbiologe Terry Hughes, Leiter des Korallenprogramms des staatlichen Forschungsrats.

Die Wissenschaftler nahmen mehr als 500 einzelne Riffe zwischen Cairns in Nordaustralien und Papua-Neuguinea aus der Luft in Augenschein. Auch die widerstandsfähigsten Korallen seien betroffen gewesen. Die Schäden seien deutlich größer als bei den Korallenbleichen 2002 oder 1998, sagte Hughes. „Sehr besorgniserregend ist, dass wir das südliche Ende der Korallenbleiche bislang nicht entdeckt haben.“ Ursache dürfte das Klimaphänomen El Niño sein, bei dem alle paar Jahre die Wassertemperatur im Pazifik steigt.

Die für das Riff zuständige Meeresparkbehörde hatte erst vergangene Woche ein alarmierendes Korallensterben festgestellt. In der Region bei Cape York im Norden Australiens seien schon die Hälfte aller Korallen abgestorben. dpa

# Erdbeben bedrohen USA

## Menschliches Tun kann ein Auslöser sein

US-Forscher warnen vor der wachsenden Gefahr von Erdbeben, die durch menschliche Aktivitäten verursacht werden. Wissenschaftler der Bundesbehörde US Geological Survey legten jetzt die erste Karte vor, die neben Gefahrenzonen mit natürlichen Erdbeben auch menschengemachte Erschütterungen einbezieht – etwa durch unterirdische Abwasserentsorgung im Zuge des Frackings. Der Studie zufolge sind rund sieben Millionen Menschen in mittleren und östlichen Regionen der USA von stärkeren Erdstößen bedroht, die größtenteils keine natürliche Ursache haben.

Durch die erstmalige Einbeziehung menschengemachter Auslöser sei die Risikoeinschätzung für Beben in Teilen der USA „deutlich gestiegen“, erklärte Mark Petersen, Leiter der Studie. In Staaten wie Oklahoma, Kansas, Texas und Colorado seien in den vergangenen fünf Jahren stärkere Erschütterungen und daraus resultierende Schäden festgestellt worden. Als Hauptursache nennen die Forscher die Entsorgung von Abwässern aus der Öl- und Erdgasförderung in tiefen Bodenschichten. dpa

Er sah schon vor 400 Millionen Jahren so aus wie heute: ein gefleckter Knochenhecht zwischen Wasserpflanzen. DPA

# Lebendes Fossil mit Potenzial

## Forscher analysieren Genom des gefleckten Knochenhechts / Parallelen zum Menschen

**Von Pamela Dörhöfer**

Seine Vorfahren besiedelten bereits die Gewässer unseres Planeten lange bevor die ersten Dinosaurier auf der Bildfläche erschienen. Er überlebte die markanten Landbewohner, die zum Inbegriff der Urzeittiere überhaupt wurden – und dazu noch unzählige andere Arten, die im Laufe der Evolution kamen und gingen. Bis heute hat sich der gefleckte Knochenhecht auf der Erde gehalten; mittlerweile ist er allerdings vom Aussterben bedroht. Beheimatet sind die schlanken, durchschnittlich einen Meter langen Süßwasserfische vor allem im Mississippi und anderen Flüssen in den Südstaaten der USA, sie kommen aber auch in Mittelamerika und Kuba vor.

Die Evolution scheint den gefleckten Knochenfisch vergessen zu haben: Seit mehr als 400 Millionen Jahren hat er sich äußerlich kaum verändert, Charles Darwin nannte solche Arten „lebende Fossilien“. Typisch für Lepisosteus oculatus, so der wissenschaftliche Name, sind die großen, unregelmäßig verteilten dunklen Flecken, das lange, spitze Maul und die harten Schuppen, die den Raubfisch wie einen Panzer umgeben und ihn vor Fressfeinden schützen, aber auch bei schneller Fortbewegung helfen. Forscher fanden heraus, dass diese Schuppen Vorläufer des mineralisierten harten Gewebes in Knochen und Zähnen bei Säugetieren sind und haben beim gefleckten Knochenfisch jetzt auch die dazugehörigen Gene gefunden, wie Axel Meyer, Professor für Zoologie und Evolutionsbiologie an der Universität Konstanz, sagt. Der Genexperte ist einer jener insgesamt 61 Wissenschaftler von 33 Universitäten, die das Genom von Lepisosteus oculatus analysiert haben; ihre Studie wurde in der Fachzeitschrift „Nature Genetics“ veröffentlicht.

Der gefleckte Knochenfisch ist für die Forschung in mehrfacher Hinsicht interessant. So nimmt diese uralte Art in der Evolution der Wirbeltiere eine Schlüsselposition ein: „Vor mehr als 400 Millionen Jahren spaltete sich der Stammbaum der Knochenfische auf“, erklärt Axel Meyer: „Aus dem einen Ast entwickelten sich alle Amphibien, Reptilien, Vögel und Säugetiere einschließlich des Menschen, aus dem anderen entstanden die nahezu 30 000 existierenden Arten von Fischen.“

### Der primitive Süßwasserfisch hat seine Erbanlagen nahezu im Urzustand erhalten

Von fast all seinen Verwandten in Flüssen, Seen und Meeren unterscheidet sich der gefleckte Knochenfisch in einem wesentlichen Punkt: Er gehört zu den wenigen Arten, deren Genom sich noch nahezu im Urzustand bewahrt hat, erläutert der Evolutionsbiologe. Denn die Knochenhechte zweigten sich vom Hauptstamm der Fische ab, bevor es bei den Vorfahren fast aller heutige Fischarten vor etwa 320 Millionen Jahren zu einer Verdoppelung des gesamten Genoms kam.

Als erster Wissenschaftler habe in den 1970er Jahren der japanisch-amerikanische Molekularbiologe Susumo Ohno die These vertreten, dass eine solche Duplikation von Genen die große „Kreativkraft der Evolution“ darstelle, erzählt Axel Meyer: „Er sah sie als wichtiger als die natürliche Auslese an.“ Zwar hätten die Fische seither die Mehrzahl dieser duplizierten Gene wieder verloren, sie verfügten aber bis heute über etwa 30 Prozent Gene mehr als die Menschen, sagt der Wissenschaftler. Allerdings, ergänzt er: „Die Zahl der Gene gibt nicht die Antwort, wie komplex ein Lebewesen ist. Entscheidender als die reine Anzahl ist die Interaktion der Gene.“

Die Tatsache, dass der gefleckte Knochenfisch sich im Laufe der Geschichte kaum verändert hat, ist von großer Bedeutung indes nicht alleine für die Evolutionsbiologie, sondern auch für die medizinische Forschung. Der Grund: Obwohl ihr letzter gemeinsamer Vorfahr bereits vor mehr als 400 Millionen Jahren ausgestorben ist, finden sich im Genom der heute noch lebenden Knochenhechte auch die „homologen“ unduplizierten Gene, wie sie auch bei Homo sapiens vorkommen. Diese Besonderheit unterscheidet diese von der Evolution vergessenen Fische von den allermeisten „Fischmodellen“, die in der Medizin zu Forschungszwecken verwendet werden.

Einer davon ist der Zebrafisch, der unter anderem wegen der Durchsichtigkeit seiner Embryonen ein beliebtes Modell in der Genetik und Evolutionsbiologie ist: „Viele menschliche Gene, die sich nicht in einfacher Kopie im Zebrafisch finden, sind im Knochenhecht präsent“, sagt der Biologe John Postlethwait von der University of Oregon, an der das Knochenhechtgenom-Projekt koordiniert wurde.

Die Wissenschaftler setzen nun darauf, dass es künftig möglich sein wird, im Erbmaterial des gefleckten Knochenhechts Entsprechungen von Genregionen, die beim Menschen mit bestimmtem Krankheiten assoziiert werden, zu identifizieren. Diese Abschnitte könnten dann zu Forschungszwecken ins Genom von Zebrafischen oder anderen Fischen eingefügt werden, wo sie leichter untersucht werden können. „In diesem Sinne ist das Knochenhecht-Genom eine methodische Brücke. Da gibt es tausende potenzieller Verbindungen, die jetzt hergestellt werden können, um das Entstehen von Krankheiten besser zu verstehen“, sagt Ingo Braasch, der die Untersuchungen an Fischgenomik am gefleckten Knochenhecht als Student von Axel Meyer begann und heute Professor an der Michigan State University ist.

In den Fokus der Forschung rücken dabei insbesondere die sogenannten „regulatorischen Elemente“ – Teile des Genoms, die keine Proteine kodieren. Letzteres tun nach Angaben von Axel Meyer nur zwei bis drei Prozent aller Gene: „Ein hoher Prozentsatz sind funktionelle Teile, die sich evolutionär konserviert haben.“ Gerade solche ursprünglichen Regionen im Genom scheinen aber nach neuen Erkenntnissen als Genschalter eine wichtige Rolle zu spielen, sagt der Biologe: „Sie könnten innerhalb des Genoms die Grammatik und Syntax bestimmen. Das zu verstehen, wäre der Heilige Gral der Genomforschung.“

Wissenschaftler gehen deshalb auch davon aus, dass solche Genschalter maßgeblich am Entstehen von Krankheiten beteiligt sind. Und da kommt wieder der gefleckte Knochenhecht ins Spiel: Denn viele dieser so wichtigen ursprünglichen Genregionen sind sowohl bei diesem primitiven Fisch als auch bei Homo sapiens aktiv – damit eröffnet die Entschlüsselung des Knochenhecht-Genoms auch neue Möglichkeiten für die Erforschung Krankheiten bei Menschen.