

Methode zur schnellen Artenaufspaltung in Korallenriffen

Categories : [Anlagen & Komponenten](#), [Im Fokus](#), [Meldungen](#)

Date : 20. Januar 2022

In der Fachzeitschrift Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA gehen Wissenschaftler des Leibniz-Zentrums für Marine Tropenforschung (ZMT) der Frage nach, welche genetischen Mechanismen der rapiden Artenbildung bei Korallenriff-Fischen zugrunde liegen. Der Evolutionsprozess, bei dem Tiere innerhalb eines kurzen Zeitraums verschiedene Arten bilden, spielt sich häufig in neu entstandenen oder geografisch isolierten Lebensräumen wie beispielsweise Inseln ab. Dort treffen die Gründerarten auf unbesetzte Habitate und geringeren Selektionsdruck, wodurch eine Entstehung von Artenvielfalt begünstigt wird. Ein bekanntes Beispiel sind die Darwinfinken der Galapagos-Inseln.

Arten können sich aber auch in komplexen Umgebungen, die nicht isoliert sind, rapide auffächern. Solche Fälle sind jedoch wenig erforscht, obwohl sie oft in tropischen Lebensräumen auftreten, die den größten Teil der Tier- und Pflanzenvielfalt auf der Erde beherbergen.

Die Arbeitsgruppe um Oscar Puebla, Meereswissenschaftler am ZMT und Professor für Fischökologie und -evolution am Institut für Chemie und Biologie des Meeres (ICBM) der Universität Oldenburg, nahm sich die Hamletbarsche vor, um Einblicke in die zugrundeliegenden Mechanismen einer schnellen Artenaufspaltung in Korallenriffen zu bekommen, einem sehr komplexen Lebensraum. Dazu analysierten die Wissenschaftler die Genome von 170 Individuen aus Riffen vor Honduras, Belize und Panama. Hamletbarsche leben in den Korallenriffen der Karibik und kommen dort in zahlreichen Arten mit einer erstaunlichen Vielfalt an Farben und Mustern vor. In den meisten anderen Merkmalen und in Bezug auf Lebensraum und Ernährung ähneln sie sich jedoch sehr. Man nimmt an, dass zumindest einige Arten die Farbmuster anderer Riffische imitieren, um einen größeren Erfolg beim Beutefang zu haben, denn die Beute hält den Hamletbarsch für einen harmlosen Nachbarn und nicht für einen Fressfeind.

„Die Hamletbarsche bieten eine hervorragende Möglichkeit, um die genetischen Triebkräfte einer schnellen Artenaufspaltung zu untersuchen“, erklärt Oscar Puebla. Auf Basis der Genomanalyse fanden die Wissenschaftler heraus, dass die Aufspaltung in 18 Arten wahrscheinlich innerhalb der letzten 10.000 Generationen stattfand, obwohl der Stammbaum der Hamletbarsche rund 26 Millionen Jahre alt ist. Das ist eine Aufspaltungsrate, die zu den schnellsten bei Fischen zählt.

Die Untersuchungen deuten auch darauf hin, dass die hohe Variabilität der Farbmuster durch verschiedene Kombinationen von Allelen in einigen wenigen Genen erzeugt wird, die große Auswirkung auf die Pigmentierung haben. Allele sind Genvarianten, die die Ausprägung eines Merkmals wie eben das Farbmuster steuern. Hamletbarsche können durch Hybridisierung Allele zwischen den Arten austauschen, was die Möglichkeit bietet, eine Vielzahl von Farbmustern zu erzeugen. Eine solche Genomarchitektur ermöglicht eine beschleunigte Artenbildung, die viel länger dauern würde, wenn sie auf neuen Mutationen basierte. Sie scheint im Tierreich sehr verbreitet zu sein.

„Unsere Ergebnisse ermöglichen es, den Prozess der Artenaufspaltung besser zu verstehen. Die Zahl der Arten auf der Erde ist ein dynamisches Gleichgewicht zwischen der Evolution neuer Arten und dem Artensterben. Heutzutage machen wir uns hauptsächlich über den Aspekt des Aussterbens Gedanken, aber auch die Artenentstehung muss berücksichtigt werden.“

- Oscar Puebla