

Evolution

Die langsame, aber einzigartige Entwicklung der Haie

Wissenschaftler des [RIKEN](#)-Zentrums für Biosystemdynamikforschung (BDR) in Japan haben in Zusammenarbeit mit anderen japanischen Instituten und Aquarien erstmals das gesamte Genom zweier Hai-Arten entschlüsselt und die zuvor veröffentlichten Walhai-Genomsequenzen verbessert. Indem sie die Genome analysiert und mit denen anderer Wirbeltierarten verglichen haben, haben sie einen Überblick über ihre einzigartigen Lebensgeschichten und der evolutionären Pfade erstellt.

Fortschritte in der Genomsequenzierung haben es ermöglicht, Genome verschiedener Spezies zu vergleichen, was uns Einblicke in ihre evolutionären Entwicklungen und Eigenschaften gibt. Während Daten für viele Organismen bereits verfügbar sind, wurde die Genomsequenzierung für Haie bisher aufgrund ihrer riesigen Genome behindert, die sogar größer sind, als das menschliche Genom. Eine Ausnahme ist der Elefantenhai, obwohl er streng genommen nicht als echter Hai eingestuft wird.

Haie haben viele einzigartige Eigenschaften, einschließlich ihrer Körperstrukturen, ihrer Fortpflanzungsorgane, ihrer Art der Wahrnehmung und ihrer extremen Langlebigkeit – eine bestimmte Haiart lebt seit mehr als drei Jahrhunderten. Vollständig entschlüsselte Hai-Genome werden eine enorme Hilfe bei der Erforschung der molekularen Grundlagen für diese Eigenschaften sein.

Um dieses Ziel zu erreichen, analysierte ein Forschungsteam unter der Leitung von Shigehiro Kuraku von RIKEN BDR Hai-Genome mithilfe modernster DNA-Sequenzierungstechnologien und vergleichender Bioinformatik, die mit Sequenzen im Gigabasenmaßstab umgehen konnten.

Sie wählten zwei Hauptarten – den Braunhai-Bambushai und den Scyliorhinus torazame. Die Wahl fiel auf diese Arten, weil sie in Aquarien aufgezogen werden können, wodurch es relativ einfach ist, ständig lebende Exemplare zu bekommen. Sie führten auch eine verbesserte Zusammensetzung des Walhai-Genoms durch, das zuvor veröffentlicht worden war.

Eines der Rätsel bezüglich Haie ist, warum ihre Genome so groß sind. Das Team fand heraus, dass die große Genomgröße auf massive Insertionen von sich wiederholenden Elementen (Einbau von zusätzlichen Nukleotiden oder DNA-Sequenzen in eine DNA-Sequenz) zurückzuführen ist. Zur gleichen Zeit haben sich Hai-Genome langsam entwickelt. Dies bedeutet, dass sie viele Stammgenrepertoire behalten haben und im genomischen Sinne als "lebende Fossilien" angesehen werden können.

Das Team fand heraus, dass Haie Gegenstücke zu menschlichen Genen haben, die Wachstum, Fortpflanzung und Homöostase (Gleichgewichtszustände) regulieren, wie Adipositas, Appetit und Schlaf, was darauf hindeutet, dass Elemente unserer molekularen

Maschinerie für grundlegende Physiologie seit mehr als 450 Millionen Jahren existierten, bevor sich Haie von unseren gemeinsamen Vorfahren evolutionär abspalteten.

Die neu entschlüsselten Hai-Genome haben bereits eine Reihe von Einsichten geliefert, einschließlich solcher, die sich auf die visuelle Funktionen beziehen. Die Forscher analysierten die Lichtabsorption von visuellen Pigmenten im Walhai und fanden heraus, dass sein Rhodopsinpigment (Sehpurpur) darauf abgestimmt ist, relativ kurze Wellenlängen von Licht zu erfassen – nahe 480 nm -, die in Tiefseewasser eindringen können.

Dies gilt nicht für den Bambushai. Die Forscher spekulieren, ob die veränderte Rhodopsin-Funktion mit der einzigartigen Lebensweise des Walhais zusammenhängt, der bis in etwa 2000 m Tiefe leben kann, wenn er sich nicht oberflächennah ernährt. Diese Entdeckung wurde durch die Kombination von DNA-Sequenzanalyse und Laborarbeit mit synthetisierten Materialien, jedoch ohne Tierversuche, erreicht.

Das Team zeigte auch, dass alle drei analysierten Haiarten relativ wenige Geruchsrezeptorgene haben. Dies deutet darauf hin, dass sie für die Navigation von anderen Systemen, wie zum Beispiel der Erfassung elektromagnetischer Felder, abhängig sind.

“Unsere Ergebnisse werden eine große Lücke in der Genombiologie von Tieren füllen und uns helfen, mehr über den Stoffwechsel, den Reproduktionszyklus und die Gesundheitsüberwachung von Haien zu erfahren“, sagt Keiichi Sato, Autor und stellvertretender Direktor von Okinawa Churaumi Aquarium. “Ein solches Verständnis sollte zur Erhaltung der Meeresökologie sowie zur nachhaltigen Haltung und Ausstellung in Aquarien beitragen, die es jedem ermöglichen, Biodiversität hautnah zu erleben.

Veröffentlichung: Yuichiro Hara, Kazuaki Yamaguchi, Koh Onimaru, Mitsutaka Kadota, . **Shark genomes provide insights into elasmobranch evolution and the origin of vertebrates.** *Nature Ecology & Evolution*, 2018; DOI: [10.1038/s41559-018-0673-5](https://doi.org/10.1038/s41559-018-0673-5)

Download [PDF](#)

Titelbildunterschrift: Die drei Haiarten, die in der Studie näher untersucht wurden. (Quelle: bearbeitet, s. Veröffentlichung)
