

und andere Anpassungen erfolgt. Die Höhlenformen besitzen z.B. einen sehr viel größeren Bereich mit Geschmacksknospen um das Maul herum (PETERS 1990). Im Großen und Ganzen sind blinde Höhlenfische und die normalen Formen genetisch sehr ähnlich und sie können problemlos Mischlinge bilden.

Die Augen werden bei den blinden Höhlenfischen zunächst weitgehend normal angelegt und beginnen zwei Tage nach der Befruchtung zu verkümmern. Dieser Verlauf hängt damit zusammen, dass die Augenanlage bei Wirbeltieren eine formbildende Funktion bei den ersten Stadien der Kopfausformung hat. Eine zu frühe Störung durch Mutationen führt zu Missbildungen im Kopfbereich.

Die genetischen Ursachen für die Rückbildung der Augen waren bis vor kurzem ziemlich unklar. Es gab zwar Hinweise, dass mehrere Gene betroffen sind und Änderungen im Bereich der Regulationsgene vorliegen (WILKENS 1988), aber es konnten keine Genmutationen sicher identifiziert werden, die für die Augenentwicklung wichtig sind.

Nun konnte eine Forschergruppe zeigen, dass überraschenderweise genetische Änderungen (Mutationen der DNA) nicht ursächlich für den Augenverlust sind, sondern zahlreiche epigenetische Veränderungen (GORE et al. 2018, KOCH 2018). Dabei wird das Erbgut selbst nicht verändert, sondern es werden Gene ein- oder ausgeschaltet, was typischerweise reversibel ist und oft nur einige Generationen anhält (anders als in der Regel bei Mutationen). Epigenetische Änderungen werden durch Umweltfaktoren sozusagen bedarfsgerecht beeinflusst; es handelt sich nicht wie bei den meisten Mutationen um ein Zufallsgeschehen mit gelegentlichen glücklichen Treffern, sondern um eine programmierte Situation. Das Ein- und Ausschalten der Gene erfolgt durch DNA-Methylierung; dabei werden Methylgruppen an DNA-Basen angefügt, was die Inaktivierung der betreffenden Gene bewirkt. Für die Methylierung ist hier das Enzym DNA-Methyltransferase (DNMT3B) zuständig.



Abb.1 Die blinde Form des Höhlensalmers *Astyanax mexicanus* (H. ZELL, CC BY-SA 3.0)

Es stellte sich heraus, dass die Einschränkung der Augenentwicklung bei den *A. mexicanus*-Fischen durch eine epigenetische Stilllegung vieler Gene bewirkt wird. Von diesen Genen werden 26 Gene auch im menschlichen Auge exprimiert (genutzt), und 19 davon sind mit Erkrankungen des menschlichen Auges verbunden. Die Höhlenfische weisen in ihren sich entwickelnden Augen einen höheren Gehalt an DNMT3B auf. Eine Mutation des DNMT3B-Gens beim Zebrafisch führt interessanterweise zu einer höheren Aktivität von Augenogenen und zu größeren Augen. Die Ergebnisse deuten damit insgesamt darauf hin, dass bei den blinden Höhlenfischen eine genetische Veränderung eintrat, die zu erhöhten DNMT3B-Werten führt, was zu einer epigenetischen Unterdrückung vieler Gene für die Augenentwicklung führt. Insgesamt handelt es sich damit um ein Zusammenspiel einer Regulationsmutation, die vielfache epigenetische Änderungen auslöst.

Das Beispiel der blinden Höhlenfische zeigt, dass Veränderungen in der DNA-Methylierung als wichtige molekulare Auslösemechanismen dienen können, die Vielfalt in der Merkmalsausprägung erzeugen. Möglicherweise ist hier eine der Quellen für schnelle Anpassungen zu suchen, denn epigenetisch verursachte Änderungen können – da durch äußere, hier z.B. durch Umweltbedingungen ausgelöst – schnell

eine ganze Population betreffen. Die zeitraubende Fixierung mutierter günstiger Allele (Genausprägungen) entfällt. Und sofern es sich um eine programmierte Situation handelt – optionale Regulierungswege scheinen programmiert zu sein – entfällt auch eine lange Wartezeit auf gelegentlich günstige Mutationen.

[GORE AV, TOMINS KA et al. (2018) An epigenetic mechanism for cavefish eye degeneration. *Nat. Ecol. Evol.* 2, 1155–1160 • JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten – Rudimente Atavismen. *Studium Integrale*. Holzgerlingen • KOCH L (2018) All eyes on rapid adaptive evolution. *Nat. Rev. Genet.* 19, 472 • PETERS N (1990) Regressive und rekonstruktive Evolution bei Höhlenfischen – zwei Formen besonders schnellen phylogenetischen Wandels. *Z. zool. Syst. Evolut.-forsch.* 28, 1–11 • MORAN D, SOFTLEY R & WARRANT EJ (2015) The energetic cost of vision and the evolution of eyeless Mexican cavefish. *Sci. Adv.* 1, e1500363] R. Junker

■ Der Belwal, ein Mischling aus Beluga und Narwal

Im Jahr 1990 wurde in Westgrönland ein ungewöhnlich aussehender Schädel eines Gründelwals (Familie Monodontidae) gefunden und an die Universität Kopenhagen (Dänemark) geschickt, wo er mehrere Jahrzehnte lang aufbewahrt wurde. Aufgrund seines intermediären Schädelbaus wurde angenommen, dass es sich um einen Mischling aus Beluga und Narwal handelt. Erst letztes Jahr wurde der Walschädel genauer untersucht. Die 2019 veröffentlichten



Abb. 1 Narwale (*Monodon monoceros*), die „schwimmenden Einhörner“ in ihrem Lebensraum – arktischen Gewässern. (© Glenn WILLIAMS; mit freundlicher Genehmigung von M. NWEIA.)

DNA-Analysen zeigen, dass es sich um einen männlichen Hybriden der ersten Generation zwischen einem weiblichen Narwal und einem männlichen Beluga handelt (SKOV-RIND et al. 2019). Der Walmischling ist zu 54 Prozent ein Beluga und zu 46 Prozent ein Narwal. Es ist das erste Mal, dass Forscher einen Mischling aus diesen beiden Arten identifiziert haben. Nach der Konvention ist der Name, den solche Hybriden erhalten, eine Kombination der ersten Silbe der väterlichen Linie und derjenigen der mütterlichen Linie, wobei die Silbe der väterlichen Art zuerst kommt. Wir haben es also mit einem *Belwal* zu tun, nicht mit einer *Narluga*.

Der markante weiße Beluga (*Delphinapterus leucas*) und der dunkle gefleckte graue Narwal (*Monodon monoceros*) sind die einzigen lebenden Angehörigen der Monodontidae (Gründelwale). Obwohl sie mit 4–5 Metern Länge ähnlich groß sind und im gleichen Gebiet leben, sind sie verschieden genug, um in zwei unterschiedliche Gattungen eingeteilt zu werden. Insbesondere ihre Ober- und Unterkiefer sowie ihre Zähne sind sehr unterschiedlich. Belugas können bis zu 40 Zähne haben, während in Narwalen – abgesehen vom ungewöhnlichen linken oberen Stoßzahn (Abb. 1) –

keine Zähne gefunden werden. Der Stoßzahn, der überwiegend, aber nicht ausschließlich, bei Männchen vorkommt, ist spiralförmig gewunden und kann bis zu 2,5 Meter lang werden. In seltenen Fällen findet man einen zweiten kürzeren rechten Stoßzahn. Interessanterweise hatte der Hybrid ungewöhnliche Zähne, die horizontal nach außen ragten und eine ähnliche Spiralförmigkeit hatten wie der Stoßzahn des Narwals.

Die Forscher verwenden Analysen stabiler Kohlenstoff- und Stickstoffisotope, um die Nahrungsnische des Hybriden zu untersuchen. Sie fanden einen höheren $\delta^{13}\text{C}$ -Wert als in Belugas und Narwalen, was auf eine Ernährungsstrategie hindeutet, die sich von den beiden Elternarten unterscheidet. Der Mischling besetzt offenbar eine andere Nische. Die Forscher vermuten, dass der Belwal auf dem Meeresboden nach Nahrung sucht, während Narwal und Beluga näher an der Wasseroberfläche jagen.

Beluga und Narwal sollen sich vor etwa 5 Millionen Jahren von einem gemeinsamen Vorfahren abgetrennt haben (SKOV-RIND et al. 2019). Zudem deuteten frühere Genomanalysen darauf hin, dass der genetische Austausch zwischen den beiden Familien vor etwa 1,25 und 1,65 Millionen Jahren abgebrochen wurde. Somit entwickelten sich die beiden Familien seit mehr als einer Million Jahren unabhängig voneinander. In der wissenschaftlichen Gemeinschaft stieß die Hybridisierung auf großes Erstaunen. Nach der Spezies-Definition von Ernst MAYR gehören Organismen, die sich untereinander fortpflanzen können, zur gleichen Spezies; somit müssten Beluga und Narwal zu ein und derselben Art gerechnet werden. Die unerwartete Hybridisierung der beiden Gattungen ist ein bemerkenswerter Beleg dafür, dass die beiden Arten zum gleichen Grundtyp gehören. Es zeigt auch, dass durch die Kombination bereits vorhandener genetischer Informationen neue Varianten, Arten und sogar sehr unterschiedliche Gattungen entstehen können. Dies kann als Evolution interpretiert werden; man muss dann aber davon ausgehen, dass die deutlich unterschiedlichen Ausprägungen des Gebisses beider

Arten bereits im Erbgut des Grundtyps latent vorhanden waren. Wie sich die Unterschiede zwischen den beiden Gattungen ausgeprägt haben, ist bis jetzt ungeklärt. Jedenfalls war der Hybride ein voll funktionsfähiger Organismus und sofort an eine neue ökologische Nische angepasst.

[SKOV-RIND M, CASTRUITA JAS et al. (2019) Hybridization between two high Arctic cetaceans confirmed by genomic analysis. *Sci Rep.* 9(1):7729, doi: 10.1038/s41598-019-44038-0 • SAEY TH (2019) DNA confirms a weird Greenland whale was a narwhal-beluga hybrid. <https://www.sciencenews.org/article/dna-confirms-greenland-whale-narwhal-beluga-hybrid>] P. Borger

■ Hunde haben einen Augenbrauenmuskel, der bei Wölfen nicht vorkommt

Der *New Scientist* berichtete im Juni 2019: „Hunde haben einen speziellen Muskel entwickelt, der es ihnen ermöglicht, Welpenhundeaugen auszubilden“ (PAGE 2019). Mit „Welpenhundeaugen“ ist gemeint, dass Hunde Menschen so ansehen können, dass sie ihre Herzen schmelzen lassen. Das Anheben der Augenbraue kann dem Hund sogar einen etwas traurigen Blick verleihen. Das funktioniert durch einen Muskel, der es dem Hund ermöglicht, seine innere Augenbraue anzuheben, was sein Auge größer erscheinen lässt. Der Welpenhundeaugen-Blick ist zweifelsohne der Grund, warum sich viele Kinder in einen Hund verlieben und immer wieder um einen Hund als Geschenk betteln. Interessant ist, dass es sich bei diesem verführerischen Merkmal um ein spezifisches Hundemerkmal handelt, das bei dem Vorfahren des Hundes, dem Wolf, nicht vorkommt. Es handelt sich also um eine Besonderheit, die erst vor kurzem, nach der Abspaltung der Hunde von Wölfen, entstanden sein muss.

Bei den Wölfen, die ihre Augenbrauen nicht heben können, existiert dieser Muskel nicht. An seiner Stelle befindet sich stattdessen eine kleine Sehne, die teilweise mit einem anderen Muskel verbunden ist. Es wird angenommen, dass die Menschen Hunde bevorzugten, die