

ckelt haben, weil die neuen Funde so sehr den Skeletten heutiger Fledermäuse ähneln (PERKINS 2023).

[JUNKER R (2011) Der Ursprung der Fledermäuse. Teil 1: Fossilien und der Flugapparat. Stud. Integr. J. 18, 17–25 • PERKINS S (2023) Newfound bat skeletons are the oldest on record, <https://www.sciencenews.org/article/new-bat-skeletons-oldest-fossils> • RIETBERGEN TB et al. (2023) The oldest known bat skeletons and their implications for Eocene chiropteran diversification. PLoS ONE 18(4): e0283505 • SIMMONS NB, SEYMOUR KL, HABERSETZER J & GUNNELL GF (2008) Primitive Early Eocene bat from Wyoming and the evolution of flight and echolocation. Nature 451, 818–822] R. Junker

■ Mammuts: Degenerierte Elefanten?

Dinosaurier und Mammuts sind nicht nur interessanter Stoff für Kinofilme und Trivalliteratur – in der naturwissenschaftlichen Forschung nimmt das Interesse an Lebewesen früherer Epochen dank neuer molekularbiologischer Methoden weiter zu. Mittlerweile ist es möglich geworden, aus Fragmenten biologisch relevanter Moleküle wie DNA oder Proteinen aufschlussreiche Informationen über Organismen früherer Zeiten zu gewinnen. Aus Unterschieden im Erbgut prähistorischer und aktuell lebender Organismen hofft man, vergangene Abläufe wie Artenwandel und Aussterben in der

Biologie besser rekonstruieren zu können, weil Veränderungen der DNA sowohl als Motor als auch als Marker der Evolution gelten. Bei bloßer morphologischer Untersuchung von Fossilien erschließen sich diese Aspekte nicht.

Da DNA-Moleküle unter natürlichen Bedingungen langsam zerfallen, können in vielen Fällen nur kleine Fragmente aus Fossilien gewonnen werden. Es ist daher naheliegend, dass vor allem aus Permafrostböden geborgene Tierarten sich für solche Studien als günstig erweisen – die Chancen auf gut erhaltene Erbgutmoleküle sind in solchen Fällen vergleichsweise gut.

Es ist daher nicht überraschend, dass zuletzt einige paläobiologische Studien zu Wollhaarmammuts (*Mammuthus primigenius*, Abb. 1) veröffentlicht wurden. Die Erbgutmoleküle konnten vor allem aus Zahnmaterial erhalten werden – durch Anbohren und anschließendes Extrahieren des erhaltenen Zahnmineral-Pulvers. Das genetische Material wurde sequenziert und mit demjenigen verschiedener heute lebender Elefantenarten verglichen, um Aufschluss über die Anpassung der Wollhaarmammuts an das unwirtliche Klima Sibiriens zu erhalten.

ROGERS und SLATKIN (2017) analysierten zwei vollständige und

gut erhaltene Mammut-Genome, die auf 45.000 radiometrische Jahre (rJ) (Oimjakon, Sibirisches Festland) bzw. 4.300 rJ (Wrangel-Insel) datiert wurden. Die Autoren kamen zu dem Ergebnis, dass vor allem im zweiten, jüngeren Exemplar sich sehr viele schädliche Mutationen angehäuften hatten. Darunter waren Punktmutationen, größere Verluste und Retrogene (aus messenger-RNA umgewandelte DNA-Moleküle, die anschließend ins Erbgut eingeführt wurden). Die daraus resultierenden schädlichen Veränderungen führten unter anderem wohl zu Defekten im Geruchssinn der Tiere und brachten vermutlich eine Population mit Seidenfell hervor. Die Autoren begründeten dies damit, dass das Exemplar von der Wrangel-Insel aus einer sehr kleinen Population stammte, deren Erbgut durch längere Inzucht stark an Qualität verloren hatte.

In einer jüngeren Arbeit (VAN DER VALK et al. 2022) wurden zwei weitere Mammut-Genome aus Sibirien sequenziert und mit mehreren früher analysierten Exemplaren verglichen sowie mit dem Erbgut der beiden Afrikanischen Elefantenarten und dem des Asiatischen Elefanten, der als nächster Verwandter der Wollhaarmammuts gilt. Als häufigste Art der genetischen Veränderung wurde dabei die *Deletion* ermittelt, also der Verlust bestimmter genetischer Abschnitte. Die verlorengegangene genetische Information umfasste ungefähr drei Millionen Basenpaare – ca. 0,1 % des gesamten Mammut-Genoms. Dabei waren z. T. recht große Deletionen von über 10.000 Basenpaaren keine Seltenheit. *Insertionen*, d. h. Einfügungen genetischen Materials, waren wesentlich seltener. Es wurden 44.078 davon identifiziert – die meisten sind relativ kurz. Die Veränderungen betrafen besonders häufig genetische Abschnitte, die nicht für Proteine codierten, sondern regulatorisch fungierten. Allerdings waren auch 87 für Proteine codierende Gene von solchen Veränderungen betroffen.

Laut VAN DER VALK et al. betrafen die Mutationen insbesondere den Fettstoffwechsel, das Fellwachstum,



Abb. 1 Nachbildung eines Wollhaarmammuts im Royal British Columbia Museum in Victoria. (CC0)

die Größe und Form von Haarfollikeln, die Beschaffenheit des Skeletts und der Ohren und die Regulierung der Körpertemperatur. Auch wenn diese Rückschlüsse auf Daten aus Maus-Modellen beruhen, sind sie mit Blick auf einen Wechsel des Habitats von einem subtropischen Klima zu den kalten Bedingungen Sibiriens schlüssig. Zudem ist die Mehrheit der proteincodierenden Gene bei allen Säugetieren sehr ähnlich – sie haben also häufig vergleichbare Funktionen.

Auffällig ist hierbei, dass alle erwähnten Anpassungen aus *Verlust* genetischer Information resultierten. Das deutlich häufigere Vorkommen von Deletionen im Vergleich zu Insertionen zeugt davon, dass das Genom insgesamt *schrumpft*. Diese Tendenz beschränkt sich allerdings in keiner Weise auf Wollhaarmammut. Die Autoren schreiben (VAN DER VALK et al. 2022): „[...] Es gibt viele Fallstudien zu Schicksalen von Varianten, die Assoziationen zwischen Genverlust und unter positiver Selektion befindlichen Phänotypen von Säugetieren aufdeckten.“

Anders ausgedrückt: Die Degeneration ist eine gut belegte Tendenz in der Biologie. Eine allgemeine Höherentwicklung der Lebewesen dagegen, wie sie von Befürwortern der Evolutionslehre behauptet wird, lässt sich aus den Daten der Genetik nicht schlüssig ableiten.

[ROGERS RL & SLATKIN M (2017) Excess of genomic defects in a woolly mammoth on Wrangel island. PLoS Genet 13 (3): e1006601 • VAN DER VALK T et al. (2022) Evolutionary consequences of genomic deletions and insertions in the woolly mammoth genome. iScience 25, 104826] B. Schmidtgall