

Knochenhecht ähnelt laut Innsbrucker Forscherin Säugetieren

Innsbruck (APA) - Ein Forscherteam der Universität Innsbruck konnte nachweisen, dass die Genomorganisation der Knochenhechte mehr Ähnlichkeiten zu Säugetieren aufweist als zu anderen Fischarten. Diese Erkenntnis könnte langfristig eventuell für die Entwicklung neuer Diagnostiken und Therapien für menschliche Krankheiten von Bedeutung sein, erklärte Forschungsleiterin Radka Symonova am Dienstag gegenüber der APA.

Fische seien wichtige Modellorganismen und aus der medizinischen Forschung nicht mehr wegzudenken. Ein beliebter Modellorganismus ist beispielsweise der Zebrafisch. Bisher sei es aufgrund der Genetik jedoch schwierig gewesen, die Ergebnisse auf den Menschen zu übertragen. Die Ähnlichkeit der Genomorganisation des Knochenhechts zu Säugetieren könnte dies nun ändern. Dies sei allerdings noch Zukunftsmusik. „Wir stehen erst ganz am Anfang der Forschungen. Vielleicht ist es in zehn Jahren aber möglich“, blickte Symonova vom Forschungsinstitut für Limnologie in die Zukunft.

Beim Zebrafisch und allen anderen Knochenfischen sei das Erbgut vor hunderten Millionen Jahren verdoppelt worden und liege nun in verschiedenen Linien der Fische wieder unterschiedlich reduziert vor. Der archaische Knochenhecht repräsentiere jedoch eine Fischlinie in der Stammesgeschichte, die sich noch vor der Genomverdopplung von den Knochenfischen abgespalten habe. „Das Genom des Knochenhechts dient daher als wichtiger Bezug für das Verständnis der Evolution jener Gengruppen, die unter anderem auch für menschliche Krankheiten verantwortlich sind und damit als Bindeglied zwischen Knochenfischen und Landwirbeltieren verstanden werden“, so Symonova.

Die Forscherin habe zudem entdeckt, dass der Anteil der Nukleotide G und C auf den Chromosomen des Knochenhechts für Fische äußerst ungewöhnlich sei. „Wir nehmen an, dass sich der Knochenhecht parallel zu jenen Organismen entwickelt hat, von denen in weiterer Folge die Säugetiere abstammen“, meinte die Wissenschaftlerin. Diese Erkenntnis werfe ein ganz neues Licht auf die Genomevolution der Wirbeltiere. Die Forschungsergebnisse wurden im Journal of Experimental Zoology publiziert.