



Epigenetik bei Wildtieren

Unerwartete Erbschaft

Die Vererbung von Merkmalen ist komplexer als bisher vermutet. Die Vielfalt in einer Population wird nicht nur von ihrer Genetik bestimmt, sondern auch der sogenannten Epigenetik. Wildtiere und Menschen schalten bei Bedarf quasi neues Erbgut frei. *Pamela Burger* und *Claudia Bieber* vom Forschungsinstitut für Wildtierkunde und Ökologie der Vetmeduni Wien haben sich damit auseinandergesetzt.

Eine möglichst rasche Anpassung an sich verändernde Umweltbedingungen sichert das Überleben von Wildtierpopulationen. Für solche Anpassungen haben Wildtiere ein Repertoire an biologischen Mechanismen zur Verfügung. Sie verändern je nach Umfeld, in dem sie leben, zum Beispiel ihr Aussehen, unter anderem die Fellfarbe oder Größe der Ohren, oder sie passen ihr Verhalten bei der Futtersuche an. In sehr heißen Lebensräumen haben beispielsweise Fuchsartige große Ohren und lange Beine, der Polarfuchs lebt in der Kälte und hat kleine Ohren und kurze Beine. Je größer die Oberfläche eines Tieres,

umso mehr Körperwärme kann abgegeben werden. In der Wüste ist das lebenswichtig, im hohen Norden eine Lebensbedrohung. Immerhin muss ein Säugetier zur optimalen Funktion immer in einem schmalen Fenster der optimalen Körpertemperatur liegen. Es haben also Anpassungen stattgefunden, die die Wärme der Umgebung berücksichtigen.

Die Grundlagen für Biodiversität und somit zur Anpassungsfähigkeit von Wildtieren finden wir in ihrem Erbmateriale, der sogenannten DNA (Desoxyribonucleinacid, deutsch -säure). Nach der Entdeckung ihres Aufbaus durch Watson & Crick in den 1950er-

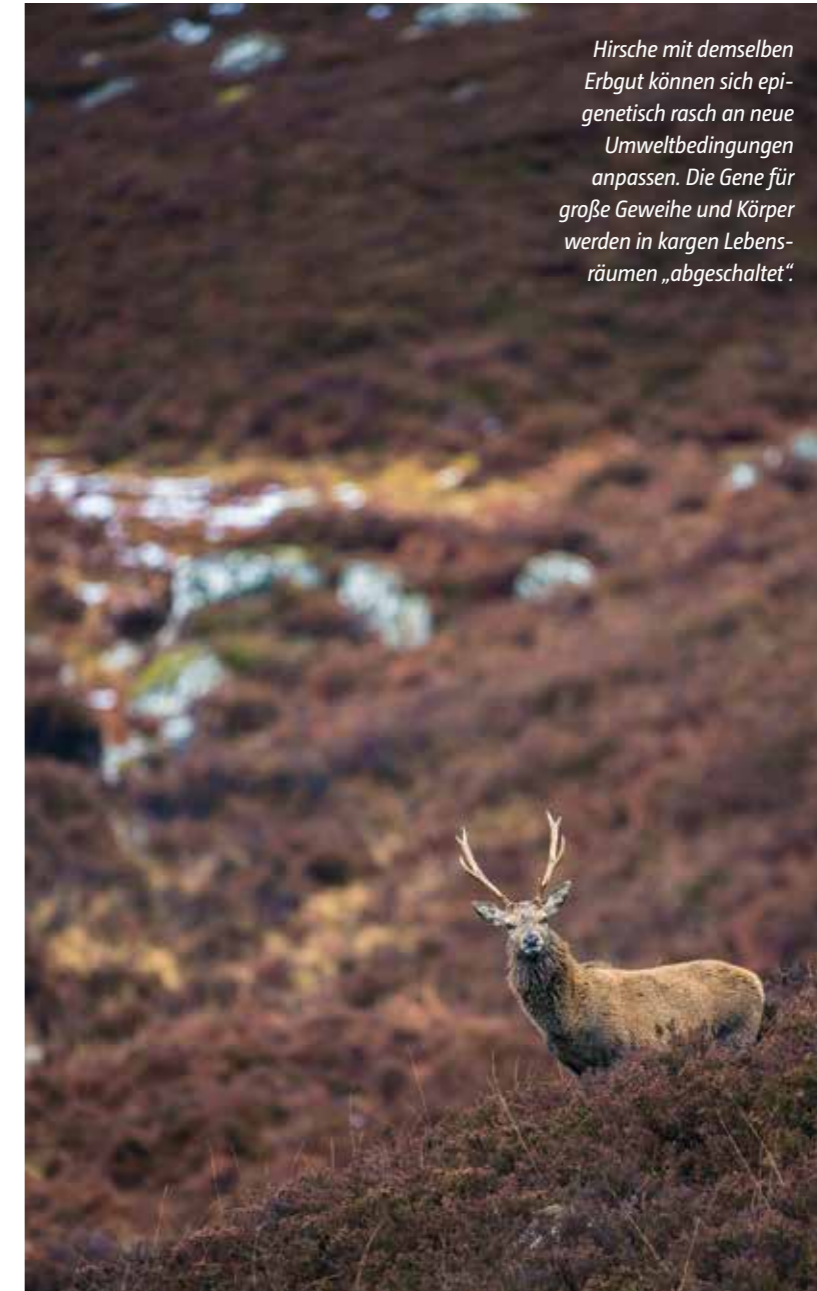
Jahren war sich die Wissenschaft sicher, den Schlüssel für Vererbung von Körpermerkmalen und teilweise auch Verhalten gefunden zu haben. Neue Forschungsergebnisse zeigen jedoch, dass die Vererbung von Merkmalen komplexer ist als bisher vermutet. So wird die Vielfalt in einer Population nicht nur von ihrem Erbgut (DNA), also ihrer Genetik, bestimmt, sondern auch von anderen Faktoren, der sogenannten Epigenetik. Der Wortstamm „Epi“ kommt aus dem Griechischen und bedeutet „darüber hinaus“. Die Epigenetik untersucht demnach alle weiteren nicht die DNA verändernden Faktoren, die nicht die Abfolge ihrer

Sequenz, sondern die Aktivität unserer Gene und somit die Entwicklung der Zellen über einen gewissen Zeitraum bestimmen.

Ablauf bei der Vererbung

Die DNA, also unser Erbgut, besteht aus vier Grundbausteinen: Adenin (A), Thymin (T), Cytosin (C) und Guanin (G). Diese Bausteine können paarweise, als Basenpaare (A-T und C-G), in unterschiedlichen Abfolgen aneinandergereiht werden und bieten einen unerschöpflichen Pool an Kombinationsmöglichkeiten. Immer ein bestimmter Abschnitt der DNA ist für die Ausprägung eines Merkmals verantwortlich, das sogenannte Gen. Die Anzahl dieser Basenpaare und Gene und damit das gesamte Erbgut eines Lebewesens ist so groß, dass die komplette Entschlüsselung, z. B. für die DNA des Menschen, erst 2021 im Rahmen des „Human Genomprojekts“ gelang. Das Ergebnis zeigt, dass wir die genaue Abfolge von etwa drei Milliarden Basenpaaren, die die Grundlage für 19.969 Gene liefern, jetzt exakt kennen.

Unglaublich viel Information ist also in jeder einzelnen Zelle unseres Körpers gespeichert – moderne Speicherplatten fallen da in dem Vergleich Leistung/Größe weit zurück. Was aber bedeutet diese ganze Information für uns? Heute wissen wir, dass nicht alle Information gleichermaßen aktiv ist oder zur Entwicklung beiträgt. Große Teile sind inaktiv, sozusagen ausgeschaltet. Und hier kommt jetzt die Epigenetik ins Spiel. Da Änderung der DNA-Sequenz auf Zufällen in der Abfolge der Basenpaare beruht (z. B. sogenannte Mutationen), sind neue Baupläne relativ selten. Immerhin gibt es viele Kontrollmechanismen, die Fehler ausmerzen. Zu viel hängt für die Gesundheit des Lebewesens davon ab. Eine schnelle Anpassung ist damit schwierig. Lediglich eine Neukombination, indem es zur Paarung, also zur Vermischung von elterlichem Erbgut beim Nachwuchs, kommt, bietet größeren Raum für Veränderungen im Erbgut und damit für Anpassungen an den Lebensraum. Bei kurzfristigen Veränderungen reicht aber auch diese Trickkiste der Evolution, die Zeugung von Nachwuchs, anscheinend nicht aus und hier setzt die Epigenetik an.



Hirsche mit demselben Erbgut können sich epigenetisch rasch an neue Umweltbedingungen anpassen. Die Gene für große Geweihe und Körper werden in kargen Lebensräumen „abgeschaltet“.

Epigenetik und der Mensch

Ein sehr bekanntes Beispiel für die Wirkung der Epigenetik finden wir im Menschen selbst – leider in einer extrem traurigen und belastenden Situation. So wurde die Bevölkerung im „Dutch hunger“ (Deutsch-niederländischer Hunger) unter dem Terror des deutschen Naziregimes im Winter

1944 in eine katastrophale Hungersituation gezwungen. Der Krieg war eigentlich verloren, trotzdem wurden alle Nahrungstransporte in die Niederlande blockiert. Wissenschaftler und Mediziner untersuchten in den folgenden Jahrzehnten die traurige Auswirkung dieser menschenverachtenden Geschehnisse. >>>

Aufgrund von äußeren Einflüssen legen sich bestimmte Moleküle an die Gene, das ist der wichtigste Teil der Epigenetik. Diese Methylierung sorgt dafür, dass sich Individuen mit identischen Genen unterschiedlich entwickeln.



FORSTLER & JÄGER

Mit lebendiger Freude erzählte mir der junge Förster, wie er, verteilt im ganzen Revier, kleinere Feuchtbiootope anlegt und wo er bewusst die forstliche Nutzung aussetzt, um Urwaldzellen zu schaffen. Ich musste schmunzeln. Sein Vorgänger war noch vom alten Schlag, liebte Bagger, große Forstmaschinen und hatte für Belange des Naturschutzes kein wirkliches Verständnis. Jede Zeit hat ihre Leit! Früher war es ganz einfach, alles, was die Forstpartie tat, war automatisch gut für Wald und Wild. Der aufkeimende Naturschutz wurde

Mischung und mancherorts wurde und wird mit dem Fingerzeig auf die Waldentwicklung der Gamswildbestand deutlich reduziert. Das geht meist auch ganz gut. Man braucht nur ein paar motivierte junge Vollstrecker von der Leine zu lassen oder holt sich ein paar gut zahlende Abschussnehmer mit wenig Ahnung und Gespür von der Bejagung dieser Wildart, und schon purzeln die Stücke in Richtung Tal. Man muss sich in geselliger Runde nur in Ruhe die Erzählungen mancher Erlegung anhören und schon schmeckt das frisch gezapfte Bier wie lauwarmer

Jede Zeit hat ihre Leit!

belächelt und viele Forstleute konnten lustige Anekdoten erzählen über die Blümchenzähler und ihre angebliche Weltfremdheit. Die damaligen Generationen waren im Wald eher damit beschäftigt, Forststraßen zu bauen und Holzertesysteme zu entwickeln, als sich um Artenvielfalt zu kümmern. So lag unter dem Bett des Försters eher eine Schachtel mit Sprengmaterial als ein Naturschutzhandbuch. Das hat sich gründlich geändert. Themen des Naturschutzes durchziehen die Forstpartie in Wort und Tat. Es geht vom neuen Großschutzgebiet über Trittssteinbiotope, Totholzanteile bis hin zum Schutz seltener Kleinsäuger. Es könnte einem fast schwindelig werden. Einige haben es auch schon geschafft, mit dem Thema regelmäßige Einnahmen zu erwirtschaften, andere hoffen noch darauf. Und neben fachlichen Aspekten ist der Naturschutz ein wirklich gefälliges Thema im Branchenmarketing. Nur gibt es da eine scharfe Grenze. Man hat ein offenes Herz für manches Getier, doch Jungbäume verbeißen und dazu noch in Rudeln auftreten, das geht gar nicht. Schutzwald und Gams sind hier eine gefährliche

Kamillentee. Ist unser Gams doch ein soziales Wild, und wenn neben dem Druck durch die moderne Freizeitgesellschaft noch der Jagddruck blind erhöht wird und vermehrt die falschen Stücke geschossen werden, tut man der Charakterwildart unserer Alpen nichts Gutes. Da ist dann von der Sensibilität gegenüber Artenschutz nicht mehr viel übrig. Da ist es auch egal, dass unser Gams unzählige Male in Tourismusprospekten, Wappen und Logos vorkommt. Der Gams ist ja mehr als nur eine Wildart, er ist Sinnbild für unsere Alpen.

Jede Zeit hat ihre Leit! Das ist ein alter Spruch und er stimmt. Die Forstleut' vergangener Generationen würden sich in der heutigen Zeit schwertun und den Jungen wird es in einer entfernten Zukunft auch so gehen. Schön wäre es, dass, wenn man dem Forstmann von morgen die Gretchenfrage stellt „Sag, wie hältst du's mit dem Gams?“, man auch so positive und freudige Antworten erhält, wie sie mir der junge Förster gab, als er davon erzählte, wie er Naturschutz in seinem Revier betreibt.

Harald Chapin

Es stellte ich heraus, dass Kinder von Frauen, die diesen Hunger während der Schwangerschaft erlebten, besondere Merkmale zeigten. So hatten die Kinder später als Erwachsene signifikant öfter Übergewicht und Diabetes als ihre Geschwister, in deren Schwangerschaft die Mutter keinen Hunger leiden musste. Wie kann das sein, da das Erbgut, also die DNA, diese Veränderung der verwandten Geschwister nicht erklären konnte? Es zeigte sich, dass die Menschen, die unter diesen Umständen ausgetragen wurden, bestimmte Gene, die für den Stoffwechsel verantwortlich waren, an- bzw. ausgeschaltet hatten. Man kann sich das folgendermaßen vorstellen: Die DNA liefert die Hardware, die Epigenetik die Software. Bestimmte Moleküle – sogenannte Methylgruppen – legen sich dabei an die Gene und beeinflussen ihre Wirkung. Methylierungen an den Genen, das ist der wichtigste Teil der Epigenetik. Diese Methylierung sorgt dafür, dass sich Personen mit identischen Genen unterschiedlich entwickeln. Epigenetik kann also sehr kurzfristig das Erbgut gezielt beeinflussen und so zu Anpassungen führen. Im Falle des oben genannten Beispiels wurden die Nachkommen sozusagen stoffwechseltechnisch auf eine zu erwartende Mangelversorgung ausgerichtet.

Epigenetik und Wildtiere

Studien in verschiedenen Wildtierpopulationen zeigten, dass epigenetische Veränderungen bei der Anpassung an Temperatur und an unterschiedliche Habitats auftraten. Ernährungsdefizite und verschiedene Umweltschadstoffe, vor allem in frühen Entwicklungsphasen, können epigenetische Veränderungen bewirken, die mit einem Krankheitsrisiko einhergehen. Ein Beispiel, wie Ernährung als epigenetischer Faktor wirkt, wurde bei zwei Populationen von Weißwedelhirschen in Mississippi in den USA gezeigt. Während die eine Gruppe ein signifikant geringeres Gewicht und kleinere Geweihe hatte, zeigte die andere Gruppe diese Veränderungen nicht, obwohl keine genetischen Unterschiede gefunden wurden. Über Generationen hinweg lebte die „körperlich kleinere“ Gruppe in einer Region mit geringerem Nahrungsangebot, wobei die Gene für ein größeres Geweih- und Körperwachstum zeitweise „abgeschaltet“ wurden. Dies, da kleinere Weißwedelhirsche in dieser Umwelt mit weniger Futter einen Vorteil hatten. Dieses Ausschalten von Genen verhinderte, dass Hirsche zu groß



Über die Analyse der „epigenetischen Uhr“ im Erbgut kann das Alter von Rehen exakt bestimmt werden – exakter als mit allen anderen Methoden.

wurden und mit dem geringeren Nahrungsangebot nicht mehr zurechtgekommen wären. Hier kommt eine weitere Besonderheit der Epigenetik zum Tragen. Bisher wurde vermutet, dass nur, was in der DNA festgeschrieben steht, von Generation zu Generation vererbt werden kann. Auch die epigenetischen Veränderungen können, wie man heute weiß, an die Nachkommen weitergegeben werden. Diese neue Erkenntnis hat weitreichende Konsequenzen. Nicht nur die „Qualität“ der Gene zählt, sondern auch die Umwelt, in der sich Lebewesen entwickeln – dies über Generationen hinweg. Heute weiß man von Wirkungen über maximal drei Generationen, dann verschwinden die Methylierungen wieder, das System bleibt so flexibel. Epigenetik zeigt uns, dass nicht nur die Umweltbedingungen des einzelnen Individuums eine Rolle spielen, sondern auch die Erfahrungen und Einflüsse der Eltern und Großeltern wichtig für die individuelle Entwicklung sind.

Ebenso können Temperaturveränderungen und Stress epigenetische Mechanismen beeinflussen, die wiederum das soziale Verhalten bei Säugtieren verändern können. Das wurde am Beispiel von Meerschweinchen,

Steppenpavianen und Tüpfelhyänen untersucht. Vergleichbare Studien bei Schalenwild fehlen jedoch bisher.

Altersbestimmung und Epigenetik

Eine der neuesten Entwicklungen im Wildtiermanagement ist die Nutzung von epigenetischer Information für die Altersbestimmung einer Wildpopulation, die sogenannte „epigenetische Uhr“. Dafür wurden in einer Studie die Muster in der DNA-Methylierung bei Rehen bestimmt und mit dem tatsächlichen, also chronologischen, Alter verglichen und eine starke Korrelation festgestellt. Auch bei Schwarzbären, Bergziegen und Weißwedelhirschen konnte kürzlich anhand speziesspezifischer epigenetischer Muster das epigenetische Alter bestimmt werden. Aber was bedeutet das nun tatsächlich? Die Altersbestimmung mittels epigenetischer Uhr birgt eine Vielzahl an Vorteilen gegenüber herkömmlichen Methoden, wie z. B. dem Post-

mortem-Zahnschliff. DNA und damit auch epigenetische Information kann aus den verschiedensten, einfach zu bekommenden Probenmaterialien, wie Haarwurzeln oder Kotproben, gewonnen werden. Das Tier muss dazu nicht getötet werden bzw. Blut- oder Gewebeentnahmen ertragen. Mit auf die Art abgestimmten epigenetischen Marken ist somit ein umfassendes Monitoring der Altersverteilung in einer Wildtierpopulation möglich.

Am FIWI ist die epigenetische Forschung angekommen (Klughammer et al., 2023). In dem vorliegenden Artikel, der das ganze Forschungsfeld natürlich nur anreißen kann, möchten wir darauf aufmerksam machen. Da die Aufarbeitung der Proben im Labor aufwendig ist, benötigen wir hier Fördermittel, die wir im Bereich der Grundlagenforschung beantragen. Wir hoffen, daraus ein tieferes Verständnis der Epigenetik bei Wildtieren zu erhalten und dies zukünftig auch in Managementempfehlungen umsetzen zu können.

Epigenetische Veränderungen wirken nach heutigem Wissensstand über maximal drei Generationen, dann verschwinden die Methylierungen wieder, das System bleibt so flexibel.