



Der Urahn der Eisbären lebte bereits vor 600 000 Jahren

Erbgutanalysen widerlegen die These des überdurchschnittlich anpassungsfähigen Raubtiers

von Axel Janke

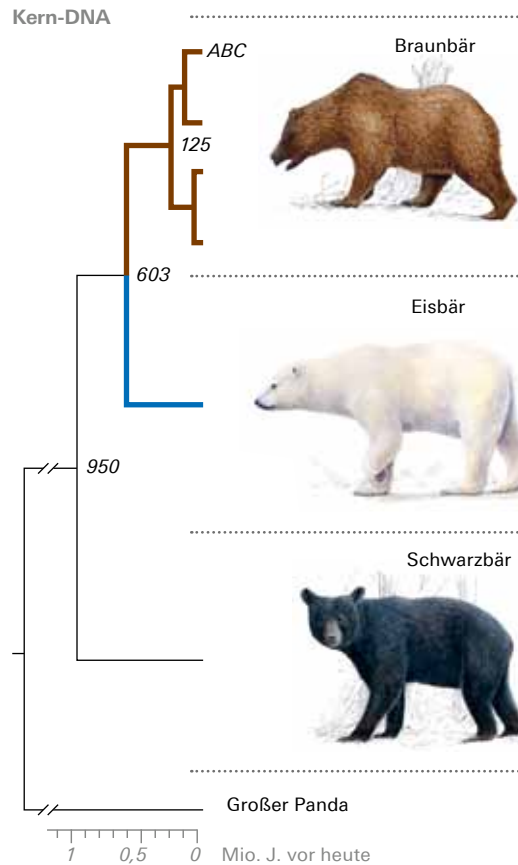
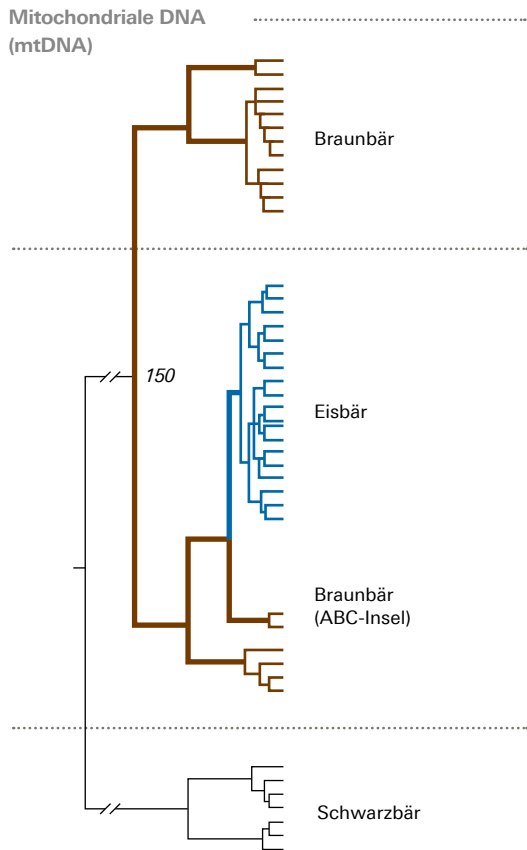
Eis- und Braunbären sind die größten Landraubtiere unserer Zeit und faszinieren den Menschen durch ihre Kraft und Eleganz. Ihre große Ähnlichkeit miteinander lässt auch Laien erkennen, dass diese Bären enge Verwandte sind. Seit wann sie als eigene Arten getrennte Wege gehen, klärten Experten des Senckenberg Biodiversität und Klimaforschungszentrums in einer Studie.



Abb. 1
Den Eisbär, Symbol
der Arktis, gibt es bereits
seit 600 000 Jahren.
Foto: Alan Wilson

Die Evolution des Eisbären ist nur schlecht durch Fossilien dokumentiert. Die weißen Riesen verbringen einen Großteil ihres Lebens auf dem arktischen Eis. Ihre Gebeine verschwinden in den Tiefen des Meers. Statt mit Fossilien zu arbeiten,

rekonstruieren Forscher die Geschichte der Eisbären daher vor allem mithilfe von Erbgutanalysen. Fest steht, dass Eisbären mit Braunbären eng verwandt sind und sich als eigene Art von ihnen abgespalten haben. Nur wann das war, blieb ungeklärt.



Bis vor wenigen Jahren war man davon überzeugt, dass Braunbär und Eisbär sich vor etwa 150 000 Jahren aus einem gemeinsamen Vorfahren entwickelt haben (Lindquist et al. 2010). Die Forscher stützten damals ihre Ergebnisse auf DNA-Analysen aus den Mitochondrien – Zellorganellen, die als Kraftwerke der Zellen bekannt sind. Bei dieser Methode werden Abschnitte dieser sogenannten mtDNA extrahiert und untersucht. Die mtDNA ist in zahlreichen Kopien vorhanden und damit einfach zu isolieren, wodurch diese Methode in den 1990er Jahren zum Standard in der Evolutionsforschung wurde. Die DNA der Mitochondrien hat aber einen entscheidenden Nachteil: Sie überliefert nur die Erbinformationen der Mutter, was wiederum bedeutet, dass die Schlüsse aus den Ergebnissen, nur auf Informationen der mütterlichen Linie der Vorfahren beruhen.

Neue Analyse anhand von Erbgut aus dem Zellkern

Es gab daher berechtigte Zweifel an den bislang publizierten Einschätzungen zur evolutionsgeschichtlichen Trennung von Braunbär und Eisbär. Wissenschaftler des Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrums wollten sich mit dieser nur „halben Wahrheit“ über Eis- und Braunbär nicht zufriedengeben und untersuchten mit weiteren Forschern aus den USA, Schweden und Spanien Bären-DNA aus den Zellkernen. Die DNA stammte von zahlreichen Individuen aus allen Verbreitungsgebieten beider Arten.

Die technisch anspruchsvollere Methode war erfolgreich, denn anhand der Kern-DNA-Analyse von Eis- und Braunbären ist nun endlich belegt, worüber vorher nur spekuliert wurde: In einem Artikel in Science (Hailer et al. 2012) weisen sie nach, dass der Eisbär sich bereits vor ca. 600 000 Jahren vom Braunbär abgespalten hat. Der Mythos vom besonders schnell anpassungsfähigen Eisbär, der sich in nur 150 000 Jahren an einen extremen Lebensraum derart gut angepasst hat, ist widerlegt. Die Untersuchung war zudem eine Pionierleistung, denn sie ist das erste deutsche Genomprojekt eines wildlebenden Säugetiers.

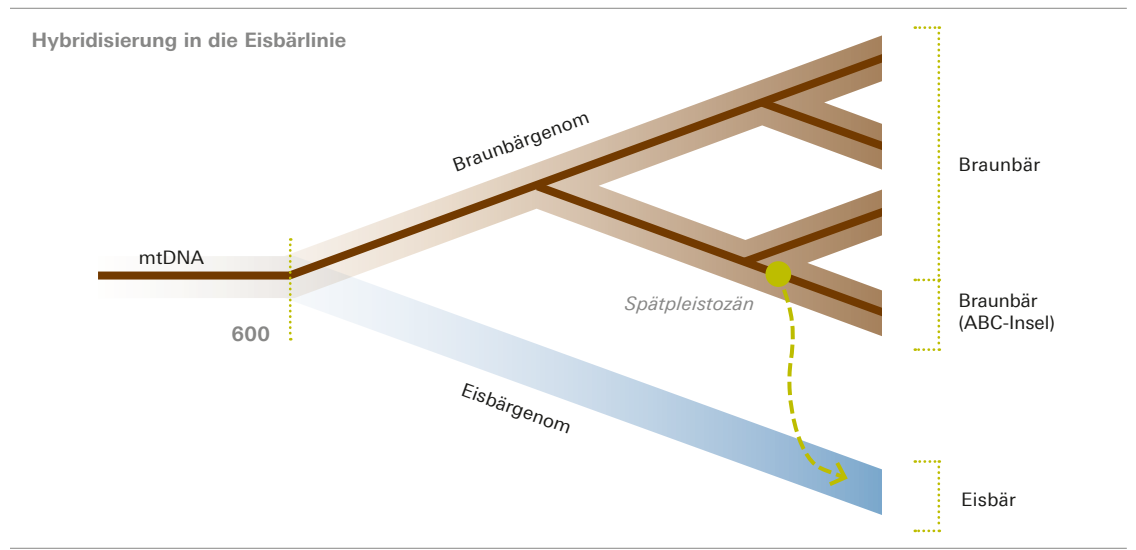
Mütterlich vererbte DNA erwies sich als falsche Spur

Die Autoren der Studie konnten auch erklären, warum frühere Studien ein jüngeres Alter für den Eisbären annahmen. Wie es scheint, haben sich beide Arten im Lauf der Zeit mehrmals miteinander gepaart; ein Vorgang, der auch heute noch in der kanadischen Arktis zu beobachten ist. Es wird vermutet, dass die zunehmend späte Vereisung Eisbären zwingt, länger an Land zu bleiben, womit sich die Wahrscheinlichkeit erhöht, auf paarungswillige Braunbären zu treffen. Diese Mischnachkommen (Hybriden) werden Grolar (Grizzly + Eisbär) oder auch Nanulak (Inuit: Nanuq – Eisbär + Aklak – Braunbär) genannt und sind fertil, können sich also fortpflanzen. Dadurch wurden Teile

▲
Abb. 2/3
Links: Eisbären erscheinen im mitochondrialen (mtDNA) Baum als Teil der Braunbärpopulation, mit einer Aufspaltungszeit vor 150 000 Jahren. „ABC“ zeigt die Verwandtschaft zu den Braunbären auf den ABC-Inseln vor Alaska.

Rechts: Multi-Locus-Genanalysen zeigen die Eisbären als eine separate Art, mit einer Aufspaltungszeit von ca. 600 000 Jahren. „ABC“ – siehe Abb. links. Grafik: Axel Janke

►
 Abb. 4
 Die mtDNA der Braunbären
 gelangte durch Hybridisie-
 rung vor ca. 150 000 Jahren
 in die Eisbärlinie, was die
 abweichenden Ergebnisse
 von mtDNA und nukleären
 Stammbäumen erklärt.
 Grafik: Axel Janke nach
 Hailer et al. 2012



►
 Abb. 5
 Braunbär in Finnland
 Foto: Alexander Kopatz

Der Autor

Prof. Dr. Axel Janke kam 2010 von der Universität Lund (Schweden) an das BiK-F und die Goethe-Universität (Frankfurt). Als Genetiker ist er an der Evolution von Wirbeltieren, insbesondere der von Säugetieren interessiert. Im Jahr 1994 veröffentlichte er die erste phylogenetische Analyse vollständiger mitochondrialer Genome, um die Evolution der Säugetiere zu verstehen. Zur gleichen Fragestellung veröffentlichte er 2007 zusammen mit Björn Hallström die erste phylogenomische Studie, in der 3000 orthologe Gene von 13 Genomen analysiert wurden. Heute studieren er und sein Team um Frank Hailer die Genetik der arktischen Anpassung. Die Analyse genomischer Sequenzen zeigte, dass Eisbären eine alte und separate Bärenlinie sind.



Kontakt: Prof. Dr. Axel Janke, Senckenberg Biodiversität und Klima Forschungszentrum, Senckenberganlage 25, D-60325 Frankfurt a. M.; axel.janke@senckenberg.de

der mitochondrialen Braunbär-DNA an Eisbären vererbt (Abb. 2). Gerade dieses Stück DNA wurde bisher zur evolutionsbiologischen Untersuchung herangezogen – was nur die mütterliche Linie der Vererbung betrachtete und zu Fehleinschätzungen führte.


Genomdaten spiegeln vergangene Klimaschwankungen wider

In den untersuchten DNA-Abschnitten diagnostizierten die Wissenschaftler eine auffällig geringe genetische Variabilität beim Erbgut der Eisbären. Möglicherweise stand der Eisbär im Laufe der letzten 600 000 Jahre wenigstens einmal kurz vor dem Aussterben. Ursache dafür könnten ungünstige klimatische Phasen in dieser Zeit gewesen sein. Nach den Berechnungen der Wissenschaftler trennten sich Braun- und Eisbär vermutlich im Cromer-Interglazial, einer

Zwischeneiszeit 800 000 bis 480 000 Jahre vor heute. Der Eisbär hätte dann drei warme Interglaziale überstanden – eine schwere Herausforderung für die Tiere. Im Eem-Interglazial vor etwa 125 000 Jahren beispielsweise war es sehr viel wärmer als heute. Diese Klimaschwankungen könnten auch eine Erklärung dafür sein, dass sich die Lebensräume von Eisbär und Braunbär überlappten.

Ob der Eisbär auch den derzeitigen Klimawandel überleben wird, ist ungewiss. Zum einen läuft die aktuelle globale Erwärmung vermutlich schneller ab als jemals zuvor in der Evolutionsgeschichte des Eisbären. Zudem ist der negative Einfluss des Menschen durch Rohstoffförderung und Zersiedelung auf den Bären heute viel größer als noch vor 125 000 Jahren. Der Eisbär kann sich nur langsam an eine sich verändernde Umwelt anpassen, der Mensch hat aber die Freiheit, sein Verhalten zu ändern.

Schriften

Hailer F., Kutschera V.E., Hallström, B.M., Klassert, D., Fain, S.R., Leonard, J.A., Arnason, U. & Janke, A. (2012): Nuclear genomic sequences reveal that polar bears are an old and distinct bear lineage. – *Science* 336: 344–347.  Lindqvist, C., Schuster, S.C., Sun, Y., Talbot, S.L., Qi, J., Ratan, A., Tomsho, L.P., Kasson, L., Zeyl, E., Aars, J., Miller, W., Ingólfsson, Ó., Bachmann, L. & Wiig, Ø. (2010). Complete mitochondrial genome of a Pleistocene jawbone unveils the origin of polar bear. – *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 107(11): 5053–5057.