

Springende Gene

22.6.2026 - | Leibniz-Gemeinschaft

Regungslos hängen sie im Baum, essen in Zeitlupe - Faultiere sind die langsamsten aller Säugetiere. Die Ursache für den einzigartigen Stoffwechsel der Tiere fanden Forschende nun in ihrem Genom.

Faultiere sind die langsamsten Säugetiere der Welt. Da sie in dichtem Regenwald leben, ist es schwierig, sie wissenschaftlich zu untersuchen. Ein Forschungsteam hat nun erstmals das Genom des Zweifinger-Faultiers sequenziert und analysiert und dabei genetische Ursachen für ihren langsamen Stoffwechsel aufgedeckt. Das Team entdeckte faultierspezifische „springende Gene“, die seit Millionen von Jahren evolutionär erhalten geblieben sind und mit dem Stoffwechsel in Verbindung stehen. Die in der Fachzeitschrift „BMC Biology“ veröffentlichten Ergebnisse könnten den Weg für weitere Forschungen zu Stoffwechselerkrankungen und zum Alterungsprozess bei anderen Säugetieren, einschließlich des Menschen, ebnen.

Aufbauend auf Arbeiten am Leibniz-Institut für Zoo- und Wildtierforschung (Leibniz-IZW), sequenzierten und analysierten Wissenschaftler:innen des Wellcome Sanger Institute in Cambridge, des Leibniz-IZW, des Hospital Sírio Libanês in São Paulo und ihre Kooperationspartner das Genom eines in menschlicher Obhut lebenden Eigentlichen Zweifinger-Faultiers (*Choloepus didactylus*). Das Team extrahierte DNA aus Gewebeproben, die anschließend am Max-Planck-Institut für molekulare Zellbiologie und Genetik in Dresden sequenziert wurde. Anschließend analysierten die Wissenschaftler:innen das Faultiergenom und verglichen die Sequenz mit den Genomen anderer Säugetiere, darunter eines Ameisenbären und eines Gürteltiers, mithilfe einer als „vergleichende Genomik“ bekannten Technik.

Die Forschenden fanden heraus, dass das Genom des Faultiers mehrere Kopien aktiv „springender Gene“, sogenannte Transposons, enthält. Dabei handelt es sich um DNA-Sequenzen, die sich selbst kopieren und an anderer Stelle im Genom wieder einfügen können. Einige Transposons sind auch im menschlichen Genom noch nachweisbar, diese sind jedoch in der Regel inaktiv, alt und fragmentiert. Aktive Transposons verursachen im Gegensatz dazu Neuankordnungen in den Chromosomen, was beim Menschen zu Krebs führen kann.

Mithilfe der Genomik blickten die Forschenden zudem in die Vergangenheit und zeichneten die Evolution der Faultiere nach. Sie fanden heraus, dass diese „springenden Gene“ beim letzten gemeinsamen Vorfahren der heute noch lebenden Faultierarten vor etwa 30 Millionen Jahren entstanden sind. Die Gene haben sich seitdem erhalten und sind so zu fest verankerten Genombestandteilen geworden, die einzigartig für Faultiere sind. Das Team war überrascht festzustellen, dass viele dieser Gene mit den Mitochondrien – den „energieerzeugenden Kraftwerken“ der Zellen – und Stoffwechselwegen in Verbindung stehen. Da Faultiere einen für Säugetiere einzigartigen Stoffwechsel haben, glauben die Forschenden, dass diese faultierspezifischen Gene mit deren ungewöhnlichen Anpassungen an die Umwelt und der Entwicklung eines extrem langsamen Stoffwechsels zusammenhängen.

Evolutionäre Anpassungen bei den einzigen Höheren Säugetieren, die ihren Ursprung in Südamerika haben

Neben Gürteltieren und Ameisenbären gehören Faultiere zu den Xenarthra (auch Nebengelenktiere genannt), der einzigen Gruppe der Höheren Säugetiere, die ihren Ursprung in Südamerika hat. Xenarthra gibt es seit 65 Millionen Jahren; zu den ausgestorbenen Vorfahren der Faultiere zählen

unter anderem Riesenfaultiere von der Größe eines Elefanten. Heute sind alle Faultiere baumbewohnend und gehören zu zwei Gruppen – den Zweifingerfaultieren und den Dreifingerfaultieren.

Faultiere sind die langsamsten aller Säugetiere. Sie verbringen den Großteil ihrer Zeit regungslos und getarnt in Bäumen. Wenn sie sich zwischen den Ästen bewegen, um Blätter und Früchte zu fressen, geschieht dies für menschliche Maßstäbe in Zeitlupe. Faultiere haben den niedrigsten Stoffwechsel unter den Säugetieren, oft weniger als die Hälfte dessen, was man bei ihrer Körpergröße erwarten würde. Um Energie zu sparen, können sie zwischen der Selbstregulierung ihrer Körpertemperatur und einer Anpassung an die Umgebungstemperatur wechseln. Obwohl sie langsam sind, sind sie gute Schwimmer und legen auf der Suche nach einem Partner manchmal große Entfernungen im Wasser zurück.

Neue Perspektiven für die Erforschung von Stoffwechsel- und altersbedingten Gesundheitszuständen bei Säugetieren

Mit Methoden der Genomik versuchten das Team und dessen Kooperationspartner ein tieferes Verständnis für die ungewöhnliche Biologie von Faultieren zu erlangen. In einem nächsten Schritt können diese Gene mithilfe von Zelllinien, Laborexperimenten und Einzelzellsequenzierungen genauer untersucht werden, um deren Funktion zu bestätigen. Das Team geht davon aus, dass Faultier-Zelllinien ein hervorragendes Modell für die Erforschung von Stoffwechsel- und altersbedingten Gesundheitszuständen bei Säugetieren, einschließlich des Menschen, darstellen könnten.

Dr. Marcela Uliano-Silva, leitende Bioinformatikerin und Mitautorin am Wellcome Sanger Institute, sagt: „Die Evolution hat bereits Milliarden von Experimenten durchgeführt. Durch die Untersuchung ungewöhnlicher Tiere wie der Faultiere entdecken wir manchmal biologische Lösungen, die der Mensch nie entwickelt hat. Mithilfe der Genomik haben wir einen Blick in die Vergangenheit geworfen und ‚springende Gene‘ gefunden, die Faultiere über Millionen von Jahren hinweg bewahrt haben. Diese für Faultiere spezifischen Gene stehen in Verbindung mit Mitochondrien und Stoffwechselwegen, was darauf hindeutet, dass sie mit der Entwicklung ihres extrem langsamen Stoffwechsels zusammenhängen könnten.“

Dr. Pedro Galante, Mitautor der Studie am Hospital Sírio Libanês in São Paulo, Brasilien, sagt: „Viele Erkrankungen des Menschen – darunter Diabetes, altersbedingte Störungen, Neurodegeneration und Muskelschwund – gehen mit Problemen bei der Energieproduktion und der Mitochondrienfunktion einher. Auch wenn weitere Forschung erforderlich ist, könnten Faultierzelllinien ein natürliches Modell bieten, um zu verstehen, wie Organismen mit Energiearmut umgehen und was bei Krankheiten nicht planmäßig verläuft. Langfristig könnte dies Erkenntnisse für die Forschung in den Bereichen Gewebekonservierung, Intensivmedizin, Alterung, Stoffwechselerkrankungen und sogar für Langzeit-Raumflüge liefern.“

Dr. Camila Mazzoni, Mitautorin und Leiterin der Arbeitsgruppe für Evolutions- und Naturschutzgenomik am Leibniz-IZW in Berlin, sagt: „Faultiere haben den langsamsten Stoffwechsel aller Säugetiere, bleiben aber dennoch gesund. Zu verstehen, wie sie dies bewerkstelligen, könnte neue Erkenntnisse darüber liefern, wie Zellen Energie effizient verwalten. Unsere Ergebnisse deuten darauf hin, dass Faultiere möglicherweise genetische ‚Backup-Systeme‘ entwickelt haben, die helfen, ihre ‚entspannten Mitochondrien‘ auszugleichen und ihren einzigartigen Lebensstil zu unterstützen.“

Diese Forschung wurde von Wellcome, dem Forschungs- und Innovationsprogramm „Horizont 2020“ der Europäischen Union und der São Paulo Research Foundation unterstützt.

Publikation

Uliano-Silva M, da Conceição HB, Mercuri RLV, Winkler S, Guardia GDA, Myers E, McCarthy S, Tracey A, Suh A, Blaxter M, Galante PAF, Mazzoni CJ (2026): Elevated retrocopy burden and sloth-specific expansions illuminate mammalian genome evolution. BMC Biology. DOI: 10.1186/s12915-026-02632-5

Weitere Informationen und Kontakt

Pressemitteilung des Leibniz-Instituts für Zoo- und Wildtierforschung (IZW)

<https://www.leibniz-gemeinschaft.de/ueber-uns/neues/forschungsnachrichten/forschungsnachrichten-single/newsdetails/springende-gene-1>