

Genomforschung: Veröffentlichung in Nature

Neuer Stammbaum: Fledermäuse haben ihren Ursprung in Europa

24.9.2026 - Arne Claussen | Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf

Die bislang größte kombinierte Untersuchung von Fledermausgenomen und -fossilien kommt zu dem Ergebnis, dass Fledermäuse höchstwahrscheinlich vor etwa 65 Millionen Jahren in Europa entstanden sind und sich von dort aus über die Welt ausbreiteten. Die Arbeit zeigt zudem, dass sich bereits zu Beginn der Fledermausevolution die Echoortung und die Flugfähigkeit entwickelten. Die nun in der Fachzeitschrift Nature erschienene Studie legt den Grundstein, um die genetischen Grundlagen der außergewöhnlichen Langlebigkeit und Krankheitsresistenz von Fledermäusen zu erforschen. An der Studie arbeiteten 137 Forschende aus 64 Ländern im Rahmen des Bat1K-Konsortiums zusammen. Beteiligt war auch Dr. Francy Johanna Pérez-Llanos vom West German Genome Center (WGGC) an Heinrich-Heine-Universität Düsseldorf (HHU) und am Universitätsklinikum Düsseldorf.

Fledermäuse gehören zu den außergewöhnlichsten Säugetieren der Erde. Nur sie sind unter den Säugetieren zu echtem aktivem Flug fähig. Die meisten Fledermäuse orientieren sich und jagen in völliger Dunkelheit, allein mithilfe von Schallechos. Mit weltweit mehr als 1.500 Arten machen Fledermäuse ein Fünftel aller lebenden Säugetiere aus und spielen eine entscheidende Rolle bei der Erhaltung gesunder Ökosysteme: Sie bestäuben Pflanzen, verbreiten Samen und verzehren große Mengen an Schädlingen. Darüber hinaus weisen viele Fledermausarten eine bemerkenswerte Widerstandsfähigkeit gegen Krankheiten auf und erreichen für ihre Größe ein hohes Lebensalter.

Doch trotz ihrer außergewöhnlichen Biologie und ökologischen Bedeutung benötigte die Wissenschaft Jahrzehnte, um einige der grundlegendsten Fragen zur Fledermausevolution zu beantworten: Woher stammen Fledermäuse? Wie sind ihre Familien miteinander verwandt? Wann entstanden Flugfähigkeit und Echoortung? Und wie entwickelten Fledermäuse die Merkmale, die sie von anderen Säugetieren unterscheiden?

In der nun in Nature erschienenen Studie wurden genomische und fossile Belege kombiniert, um nachzuweisen, dass Fledermäuse – und damit der Flug bei Säugetieren – höchstwahrscheinlich vor etwa 65 Millionen Jahren in Europa entstanden. „Der Ansatz, den wir verwendet haben, um die Evolution fossiler und lebender Arten gemeinsam zu modellieren, kann die älteste Gruppe fossiler Fledermäuse unter Berücksichtigung der genomischen Daten identifizieren und aufdecken, wann und wo Fledermäuse entstanden sind“, sagt Prof. Dr. Liliana M. Dávalos von der Stony Brook University im US-Bundesstaat New York. Sie ist leitende Autorin der nun in Nature erschienenen Studie.

Die Ergebnisse des Bat1K-Konsortiums widerlegen frühere Hypothesen, die von einem asiatischen, afrikanischen oder nordamerikanischen Ursprung ausgingen. Vielmehr breiteten sich die frühesten Nachkommen der Fledermäuse von Europa aus nach Afrika und schufen so einen Knotenpunkt, von dem sie nach Asien, Amerika und Australien gelangten.

Das Bat1K-Forschungsteam stellte die bislang größte Sammlung hochwertiger Fledermausgenome zusammen. Sie umfasst 103 Arten und repräsentiert der derzeit 21 anerkannten

Fledermausfamilien. „Wir haben modernste DNA-Sequenzierung und computergestützte Methoden kombiniert, um diese Genome zu generieren, zu vergleichen und die darin enthaltenen Gene zu identifizieren“, sagt Prof. Dr. Michael Hiller vom Senckenberg Forschungsinstitut und Naturmuseum Frankfurt, ebenfalls leitender Autoren der Studie. Die Forschenden kombinierten darüber hinaus diese Daten mit 44 fossilen Fledermäusen aus aller Welt, um die Evolutionsgeschichte der weltweit einzigen fliegenden Säugetiere zu rekonstruieren.

Beteiligt war das WGGC, ein gemeinsames Netzwerk genomischer Einrichtungen der Universitäten Aachen, Bonn, Düsseldorf und Köln. Das WGGC wird durch die Deutsche Forschungsgemeinschaft unterstützt. Am Düsseldorfer WGGC-Sequenzierungsstandort im „Genomics and Transcriptomics Laboratory“ des Biologisch-Medizinischen Forschungszentrums (BMFZ) war an der Sequenzierung einiger der neuen Fledermausgenome beteiligt.

Dr. Francy Johanna Pérez-Llanos, Projektleiterin für Long-Read-Sequenzierung am WGGC in Düsseldorf, entwickelte das experimentelle Design und die Sequenzierungsstrategie für die anspruchsvollen Proben einer Fledermausgattung. Aufbauend auf sogenannten Hi-C-Daten des Senckenberg Forschungsinstituts kam die Single-Molecule-Real-Time-Sequenzierung des Unternehmens Pacific Biosciences (kurz PacBio) zu Einsatz. Bei diesem Verfahren werden einzelne DNA-Moleküle während des Sequenzierungsprozesses in Echtzeit ausgelesen.

Pérez-Llanos optimierte den gesamten Workflow der PacBio-Long-Read-Ganzgenomsequenzierung, einschließlich Qualitätsbewertung, Probenaufbereitung, Herstellung der DNA-Bibliotheken, Sequenzierung und primärer Datenaufbereitung. Sie leitete den Düsseldorfer Teil der Sequenzierungsexperimente. Die dabei gewonnenen langen, zusammenhängenden DNA-Sequenzen, sogenannte Long Reads, nutzte das internationale Forschungskonsortium für die Assemblierung der entsprechenden Fledermausgenome.

„Hinter den Proben internationaler Genomikprojekte stehen oft aufwendige Feldarbeit, Genehmigungsverfahren, langjährige Probenbetreuung und internationale Logistik. Solches Material ist häufig nur schwer oder gar nicht zu ersetzen. Weist die gewonnene DNA nicht die optimalen Eigenschaften auf, ist deshalb wissenschaftliche und technische Expertise erforderlich, um den Sequenzierungsworkflow an die Probe anzupassen, um dennoch zuverlässige, hochwertige Genomdaten zu erzeugen“, sagt Pérez-Llanos.

„Nach jahrzehntelanger Forschung und widersprüchlichen Ergebnissen verfügen wir endlich einen soliden phylogenetischen Stammbaum, mit dessen Hilfe wir verstehen können, wie sich die einzigartigen Merkmale der Fledermäuse entwickelt haben. Wir verfügen außerdem über die Genome, um die molekularen Grundlagen dieser spektakulären Anpassungen aufzudecken und um die fossilen Fledermäuse im Stammbaum der Säugetiere einzuordnen“, sagt Prof. Dr. Emma Teeling vom University College Dublin, Mitbegründerin und Direktorin von Bat1K sowie leitende Autorin.

Die Arbeit stellt die bislang umfangreichste kombinierte Untersuchung von Fledermausgenomen und Fossilien dar. In den Datensatz gingen Proben ein, die über Jahrzehnte hinweg in aller Welt gesammelt wurden. Dazu gehören Vertreter einiger der seltensten und ungewöhnlichsten Fledermausfamilien, die an entlegenen Orten zu finden sind. Dazu zählen die winzige Schweinsnasenfledermaus (*Craseonycteris thonglongyai*) aus Thailand und Myanmar – die als die kleinsten Säugetiere der Erde gilt –, die Madagassische Haftscheibenfledermaus (*Myzopoda aurita*) und die auf dem Waldboden „laufende“ kleine Neuseelandfledermaus (*Mystacina tuberculata*). Zudem gelang es, das Genom des Fledermausvorfahren zu rekonstruieren und damit zu zeigen, wie das erste Genom eines flugfähigen Säugetiers ausgesehen haben dürfte.

Die Fossilienfunde liefern wichtige Hinweise auf die Frage, wann Fledermäuse erstmals die

Echoortung entwickelten. Dass die fossile Fledermaus *Vielasia* in den ältesten Zweig des Fledermausstammbaums gehört, weist darauf hin, dass die Echoortung bereits vor der Diversifizierung der modernen Fledermäuse existierte. Dies legt nahe, dass zwei der charakteristischen Merkmale der Fledermausbiologie – die Echoortung und der aktive Flug – sich bereits kurz nach der Entstehung der Gruppe entwickelten.

Mit den Ergebnissen des Bat1K-Konsortiums verfügt die Wissenschaftlergemeinschaft über eine genomische Landkarte, die zeigt, wie Säugetiere den aktiven Flug, ein hochentwickeltes Biosonar, eine außergewöhnliche Langlebigkeit und eine ungewöhnliche Krankheitsresistenz entwickelt haben. Auf dieser Grundlage können die genetischen Ursachen von Merkmalen, deren Relevanz weit über Fledermäuse hinausgeht, erforscht werden. Sie können möglicherweise auch die Forschung am Menschen in den Bereichen Altern, Immunität und Krankheitsresistenz bereichern.

Originalpublikation

Ariadna E. Morales et al.; Reference genomes and fossils revise bat family phylogeny and biogeography; Nature (2026)

DOI: 10.1038/s41586-026-11007-3

<https://www.hhu.de/die-hhu/presse-und-marketing/aktuelles/pressemeldungen-der-hhu/news-detailansicht/neuer-stammbaum-der-fledermaeuse-fledermaeuse-haben-ihren-ursprung-in-europa>