

Genetische Studien sollen langfristiges Überleben des Komodowarans (*Varanus komodoensis*) sichern

Kaum jemanden wird die Begegnung mit einem ausgewachsenen Komodowaran gleichgültig lassen. Das Spektrum der Emotionen reicht von Faszination bis zu schierem Entsetzen. Obwohl mit Dinosauriern nicht näher verwandt als Eidechsen oder Schlangen, nähren die machtvollen Echsen offenkundig Visionen einer Äonen währenden Schreckensherrschaft der dominierenden Tiergruppe des Erdmittelalters. Erst Anfang des Jahrhunderts entdeckt, könnte dem Komodowaran allerdings langfristig ein ähnliches Ende beschieden sein, wie den Giganten der Urzeit. Wilderer entziehen ihm in seiner Heimat Indonesien die Nahrungsgrundlage und sein Lebensraum ist an vielen Stellen durch menschliche Eingriffe direkt oder indirekt bedroht. Hinzu kommt ein Aspekt, der bisher wenig Beachtung gefunden hat: die Verarmung des genetischen Repertoires bei isolierten Arten mit geringer Populationsdichte. Wie eine genetische Studie britischer und italienischer Wissenschaftler jetzt gezeigt hat, lässt sich der Niedergang des *Varanus komodoensis* langfristig durchaus verhindern – wenn lokale Schutzmaßnahmen und „Gentests“ Hand in Hand arbeiten.

Text: Dr. Klaus Sparwasser Fotos: Andrea Heumann & Dr. Klaus Sparwasser

Schwarz glänzend taucht der massige Körper aus der morastigen Brühe. Von ausladenden Hornspitzen tropft Schlamm und aus geweiteten Nüstern dringt dumpfes Schnauben. Aufmerksam witternd späht der junge Bulle in das dichte Savannengras. Für Wasserbüffel existieren nur wenige Gefahren in der Inselwelt des Sunda-Archipels, doch die, die es gibt, sind ebenso archaisch und mitleidslos wie die sie umgebende Landschaft.

In Nusa Tenggara, der östlichsten Provinz Indonesiens, die aus Sumbawa, Flores und West-Timor besteht, hausen die letzten Drachen. Die Einheimischen von Komodo, Rinca und Flores nennen sie Ora, Komodo, biawak raksasa, was, wissenschaftlich korrekt, soviel wie Riesenwaran bedeutet, oder buaja darat, Landkrokodil.

Für Wissenschaftler ist der *Varanus komodoensis* der größte noch lebende Vertreter der Familie Varanidae und die Inseln im östlichen Pazifik sind seine letzte Zuflucht.

Zwischen wogenden Grashalmen erscheint der kantige Kopf einer riesigen Echse. Erwachsene Männchen erreichen binnen zehn bis 15 Jahren eine Länge von bis zu drei Metern und ein Gewicht von 70 kg. Vollgefressene Warane überschreiten nicht selten die 100 kg-Marke.

Wachsames Vogelauge taxieren hinter einem Mosaik von Hornplatten die Umgebung. Immer wieder fährt die runde, muskulöse Zunge prüfend in die Luft. Die tief gegabelten, gelben Spitzen transportieren Duftstoffe zu einer Riechgrube im Gaumendach, die noch geringste Molekülmengen wahrnimmt.

Das Jakobsonsche Organ ist neben dem Gesichtssinn der wirkungsvollste Detektor für Fressbares. Komodowarane sind dabei nicht wählerisch. Neben lebender Beute verschlingen sie Aas in allen Stadien der Verwesung.

Zur Zeit der Entstehung der Komodowarane vermutlich im Plio-/Pleistozän besiedelten Zwergelentfanten (*Stegodon*) die Inselgruppe des Archipels. Vermutlich in Koevolution mit ihrer potentiellen Beute entwickelten sich die Warane von Komodo zu ihrer stattlichen Größe.

Die Echse am Wasserloch weiß, dass sie trotz ihrer kraftvollen Muskeln und nadelspitzen Zähnen gegen einen gesunden und wachsamen Büffelbulle kaum eine Chance hat. Doch andere Beute ist rar geworden auf Rinca. Mit ausladenden Pendelbewegungen ihres massigen Schädels folgt sie zügelnd einer vielversprechenderen Spur. Langsam und mit kraftvollen Bewegungen verschwindet die Riesenechse in den nahen Büschen.

Sie wird das Wasserloch immer wieder aufsuchen, je länger die Trockenzeit dauert. Ihre Taktik ist suchen und lauern, wenn es sein muss tagelang. Wie ein totes Stück Holz am Ufer liegend, wird sie warten, bis ihr ein unvorsichtiges Tier zu nahe kommt.

Bei Büffeln zählt nicht sofortiges Töten, sondern der erste erfolgreiche Biss. Im Mundschleim von Komodowaranen siedeln Millionen pathogener Keime, verantwortlich für schlecht heilende Wunden oder einen qualvoll langsamen Tod. Über 50 verschiedene Mikrobenarten wurden bisher nachgewiesen und auch große Tiere sterben schnell an den Folgen septischer Entzündungen.

Doch das Interesse der Echse an Wasserbüffeln ist eher aus der Not geboren. Die längst ausgestorbenen Elefanten sind heute durch die einheimischen Rusa-Hirsche (*Cervus timorensis*) und vom Menschen eingeführte Ziegen, Wildschweine und auf Rinca Wasserbüffel ersetzt. Überall auf den Inseln, selbst auf dem am besten überwachten Komodo, gehen die Zahlen natürlicher Beutetiere durch Wilderei drastisch zurück.

Eine Überwachung durch Beamte des 1980 gegründeten Nationalparks scheint aussichtslos. Bewaffnete Männer mit Hunden kommen nachts mit Booten von Sumbawa herüber und schrecken

vom Gebrauch ihrer Gewehre auch gegen Menschen nicht zurück. Mittlerweile entwickeln sich streunende Jagdhunde, die bei der nächtlichen Hatz verloren gehen, zu einem zusätzlichen Problem. Noch sind die Populationszahlen seit Beginn der Zählungen vor neun Jahren relativ konstant. Die Nationalparkverwaltung geht von rund 1.700 Tieren auf Komodo und 1.300 Exemplaren auf Rinca aus. Gili Motang, ein winziges Eiland im Süden zwischen Flores und Rinca beherbergt etwa 100 Tiere und für die Populationen im Westen und Norden von Flores, die nicht von den Parkgrenzen eingeschlossen werden, liegen keine offiziellen Zahlen vor.

Schätzungen gehen von einem Rückgang der dortigen Waranpopulationen von über 45% während der letzten drei Jahrzehnte durch Wilderei und Habitatverluste aus.

Langfristig könnte die Existenz des Komodowarans tatsächlich bedroht sein. Die Gefahr liegt in der geographischen Isolation einzelner Populationen und der dadurch bedingten Behinderung des Genflusses. Zumal die effektive Populationsgröße, also die Zahl der Tiere, die aktiv zum Genpool der Population beitragen, nach neuesten Berechnungen¹, basierend auf ökologischen, demographischen und Verhaltensannahmen, 3-15-fach geringer ausfällt als direkte Zählungen vermuten lassen.

Wissenschaftler der Zoologischen Gesellschaft von London und der Universität Kent haben kürzlich die genetische Variabilität von *Varanus komodoensis* analysiert und daraus für ein künftiges Schutzmanagement aufschlussreiche Konsequenzen gezogen.

Prinzipiell sind alle biologische Arten durch zwei Faktoren bedroht: der Abnahme der Populationsgröße und den Rückgang der genetischen Vielfalt durch Behinderung des Austauschs mit anderen Populationen.

Crux und Chance liegen dabei nahe beieinander. Ist die Spezies als Ganzes betroffen, stirbt sie möglicherweise aus. Höhere Inzestraten und die damit verbundene Expression rezessiver Gene mindern die Überlebenschancen ganz allgemein. Andererseits beinhaltet das Auseinanderdriften des Genpools einer biologischen Art immer auch die Option der unabhängigen Evolution und damit der Bildung einer neuen Linie – geeignete Umweltbedingungen vorausgesetzt.

Im Falle des Komodowarans ist eher erstere Annahme der Fall und es gilt das Aussterben auch von Teilpopulationen zu verhindern, um im Sinne der darwinschen Fitness eine möglichst hohe genetische Diversität aufrecht zu erhalten.

Nach Meinung der an der Studie beteiligten Forscher berücksichtigen die aktuellen Schutzmaßnahmen für den Komodowaran diesen Aspekt bisher zu wenig.

Auch wenn die offizielle Zählung der Nationalparkverwaltung keinen Rückgang der Populationsdichte konstatiert, scheint der Isolationsfaktor zwischen den Inseln im Verbreitungsgebiet groß genug, um aufgrund des genetischen Inventars distinkte Managementeinheiten, sogenannte MU's (Management Units), mit völlig unterschiedlichen Anforderungen an ihre Überwachung auszumachen.

Voraussetzung für die Schaffung eines differenzierten Schutzmanagements ist die Kenntnis der aktuellen Situation, d.h. welche Population auf welcher Insel die größte genetische Vielfalt aufweist und sich damit unter Berücksichtigung zusätzlicher demographischer und ökologischer Daten als evolutionär signifikante Einheit zu erkennen gibt, der Grundstock quasi für den Fortbestand der Art. Zu anderen erhebt sich natürlich die Frage, ob ein genetischer Abstand zwischen Teilpopulationen bereits besteht und wie häufig ein Austausch von Genen zwischen den Subpopulationen überhaupt noch stattfindet. Und schließlich: wie weit beeinflussen Verlust genetischer Variabilität und inzestuöse Reproduktion die Überlebensfähigkeit des Komodowarans an sich und welche praktischen Konsequenzen können letztlich daraus gezogen werden?

Zur Klärung solch kniffliger Fragestellungen haben Forscher in der Vergangenheit bei Untersuchungen an bedrohten Tierarten vielfach mitochondriale DNA herangezogen. Eine andere Region der Zelle ermöglicht nach Ansicht vieler Experten jedoch präzisere Aussagen. Mittels Untersuchungen an Kern-DNA, die höheren Mutationsraten unterliegt, erzielt man weitaus prägnantere Resultate. Der Focus des wissenschaftlichen Interesses richtet sich dabei auf funktionslose Wiederholsequenzen innerhalb des Genoms, sogenannte repetitive DNA-Sequenzen, auch Microsatelliten-DNA genannt, deren genetische Divergenz oder Nicht-Divergenz eindeutig Prozesse wie Gendrift, Verlust an genetischer Vielfalt, inzestbedingte Genomveränderungen sowie Zeitpunkt und Frequenz populationsdynamischer Bewegungen widerspiegelt.

Vorausgegangene Studien hatten bereits angedeutet, dass rekombinante Unterschiede von elterlichen Allelen auf homologen Chromosomen, die sogenannte Heterozygotie, bei Komodowaranen wesentlich geringer ausgeprägt sind, als bei vergleichbar isolierten Reptiliengruppen oder anderen von Dezimierung oder Aussterben bedrohten Arten von Wirbeltieren. Damit ist das genetische

¹ $N_e = \frac{4N_mN_f}{(N_m + N_f)}$, wobei N_m gleich der Anzahl sich fortpflanzender Männchen und N_f der der Weibchen ist,

bei einem durch Studien (Affenberg, 1981) belegten Geschlechterverhältnis von 4:1.

Potential schon von vornherein erheblich eingeschränkt, um auf potentielle Veränderungen der Lebensbedingungen adäquat reagieren zu können.

Die Forscher analysierten 10 verschiedene Microsatelliten-Loci der Kern-DNA hinsichtlich Vorkommen und Verschiedenheit bestimmter Allele für alle fünf existierenden Populationen des Komodowarans. Insgesamt wurden über einhundert Blut- und Gewebeprobe entnommen.

Vergleiche der Allel-Frequenz-Verteilungen auf Komodo, Rinca, Gili Motang und im Westen und Nordwesten von Flores ergaben hochgradige genetische Unterschiede zwischen den Populationen der einzelnen Inseln.

Die höchste Zahl an eigenen Allelen (ca. 20%) wies Komodo auf, während alle Allele der Gili Motang-Gruppe auch auf Rinca oder Flores vertreten waren. Die Kollektive von Rinca und Flores untereinander teilten rund 77% ihrer Allele. Die genetischen Untersuchungen passen exakt zu den paläogeographischen Ereignissen im indonesischen Raum während der letzten Eiszeit.

Schwankende Meeresspiegel trennten im Pleistozän immer wieder die Inseln des Komodo Nationalparks durch flache Seestraßen oder ließen Landbrücken aus den Fluten auftauchen. Während Flores und Rinca nur während einer Warmperiode mit extrem hohen Meeresspiegeln vor 125.000 Jahren separiert waren und danach bis vor etwa 10.000 Jahren verbunden blieben, verläuft die Entwicklung auf Komodo genau entgegengesetzt.

Landverbindungen von Komodo zu anderen Inseln bestehen nur während der beiden glazialen Maxima vor 140.000 und 18.000 Jahren. Für den Rest der Zeit blieb die Insel samt der auf ihr hausenden Warane von der Außenwelt abgeschnitten. Die geographische Isolation und geringe Genflußraten führten zu der heute beobachteten genetischen Divergenz der Waranpopulationen im Verbreitungsgebiet der Komodoechsen.

Mit mathematischen Modellen simulierten die Wissenschaftler die Genflußraten zwischen den Inseln. Demnach hat zwischen Komodo und dem Rest der Inselgruppe seit dem Ende der letzten Eiszeit keine genetische Vermischung mehr stattgefunden.

Gili Motang, mit der größten verzeichneten Abnahme genetischer Variabilität, kommt bei einer angenommenen Generationszeit von 12 Jahren statistisch auf einen Migranten alle 60 Jahre, während eine höhere Anzahl von Wanderungen zwischen Flores und Rinca bisher offenbar eine substantielle Diversifikation und Verluste an genetischer Vielfalt verhindert hat.

Anzeichen beginnender Diversifikation fanden die Forscher aus Großbritannien und Italien auch auf Flores. Obwohl keine Meerengen Fortpflanzungsbarrieren bilden, scheint die Population im Norden der Insel von ihrer westlichen Schwestergruppe genetisch abzudriften. Der Zeitpunkt der beginnenden Trennung lässt sich auf rund 8.000 Jahre zurückdatieren.

Zur gleichen Zeit begann im Südwesten Indonesiens der moderne Mensch mit Ackerbau und Viehzucht das Land zu erobern. Heute setzt sich die Zerstörung des natürlichen Lebensraumes durch Rodungen und Gewinnung von Tee- und Kaffeeplantagen unvermindert fort. Das Eingreifen des Menschen in ursprüngliche Landschaftsräume behindert den Genfluß zwischen einst genetisch weitgehend durchmischten Populationen.

Ein Verlust der genetischen Variabilität bei gleichzeitiger Abnahme der Populationsgröße führt aber unweigerlich zu einem Verlust an biologischer Fitness, der Fähigkeit also, auf sich verändernde Lebensbedingungen adäquat reagieren zu können.

Für Gili Motang ließen sich keine Hinweise auf eine unabhängige naturgeschichtliche Entwicklung finden. Dennoch ist eine Genflußrate von einem Individuum innerhalb fünf Generationen nach vorherrschender Meinung² viel zu gering, um den Einflüssen von genetischer Drift und geringer Populationsgröße und einem hohen Prozentsatz fixierter rezessiver Allele entgegen wirken zu können. Auch zwischen Komodo und Rinca sowie Flores und Komodo findet mit einem Individuum pro 10 bzw. 8 Generationen eine genetischer Vermischung praktisch nicht mehr statt. Starke Strömungen zwischen den Inseln durch Gezeiten und Austausch der Wassermassen von Indischem Ozean und Pazifik machen erfolgreiche Seereisen von Komodowaranen zu Nachbarinseln zusätzlich mehr als unwahrscheinlich. Doch sind diese Populationen noch groß genug, um eventuelle genetische Defizite auszugleichen.

Für die Echsen auf Gili Motang dürften allerdings schlechte Zeiten anbrechen. Der zunehmende Isolierungsgrad der Waranpopulation wird in Zukunft wahrscheinlich noch wachsen. Potentielle Ressourcen für genetische Erneuerung wie die Westpopulation auf Flores nördlich der expandierenden Küstenstadt Labuan Bajo sind durch Habitatvernichtung selbst unmittelbar vom Niedergang bedroht.

² Nach Wright (1931) entfernt sich eine Subpopulation, wenn eine Fraktion m der N Individuen einer Insel durch Immigranten ersetzt wird, genetisch nicht von ihrer Stammpopulation, es sei denn Nm wird < 1 . Diese sogenannte OMPG-Regel (one migrant per generation) zeigt, dass bereits das geringste Auftreten von Wanderungen den Verlust genetischer Variation ausgleichen können.

Noch liefern die Untersuchungen keine Anhaltspunkte für pathologische Veränderungen oder Störungen im Reproduktionszyklus der Gili Motang-Warane. Trotz des geringen genetischen Inputs und einer hohen Inzestrategie scheinen die rund 100 Reptilien auf der winzigen Insel bisher zu überleben.

Doch stimmt diese Aussage nur, solange konstante Umweltbedingungen vorherrschen. Die Kombination von spärlichem Genfluß, reduzierter genetischer Bandbreite und einer äußerst geringen effektiven Populationsgröße machen Inselformationen sehr viel anfälliger für drastische Umweltveränderungen. Solche sind, ausgelöst zum Beispiel durch vulkanische Aktivitäten in der Region der Kleinen Sunda-Inseln durchaus keine Seltenheit.

Selbst geringfügige demographische Schwankungen oder indirekte menschliche Eingriffe wie durch Dezimierung des Beutespektrums können ohnehin geschwächte Tiergesellschaften schnell an den Rand des Erlöschens bringen.

Die genetischen Analysen der britischen Wissenschaftler schaffen erstmals die wissenschaftliche Basis für ein gezieltes Schutzmanagement, das weit über den reinen Erhalt des Lebensraumes hinausgeht.

Den Populationen von Gili Motang und Flores gebührt derzeit vorrangiges Interesse. Regelmäßig durchgeführte genetische Untersuchungen und kontinuierliche demographische Erhebungen von Populationsdichte, altersspezifischer Überlebensrate und Reproduktivität könnten das Aussterben der Waranpopulationen von Gili Motang und Westflores verhindern.

Ein zunehmender Rückgang der Populationsgröße oder die weitere Abnahme der genetischen Diversität wären erste Anzeichen für nahendes Unheil. In dem Fall könnte die Überlebensfähigkeit der Populationen nur durch künstlich eingebrachte, reproduktiv aktive Individuen stabilisiert werden, die im Falle von Gili Motang dem Genpool von Flores und Rinca entstammen könnten. Managementpläne für Flores sollten den Austausch von Tieren zwischen den bestehenden Populationen und Verbesserungen des Habitatschutzes vorsehen.

Komodo selbst nimmt aufgrund seiner historischen Isolation und der daraus resultierenden ausgeprägten genetischen Divergenz mit einer relativen Vielzahl eigener Allele eine Sonderstellung ein.

Aufgrund der festgestellten Unterschiede bildet die Insel nach Meinung der britischen Forscher eine klar zu unterscheidende Managementeinheit mit evolutionär bedeutendem Charakter. Damit ist die Insel mit der höchsten Populationsdichte an Komodowaranen für deren Erhalt in zweierlei Hinsicht von größtem Wert: einmal als Reservoir der ohnehin eingeschränkten genetischen Vielfalt einer bedrohten Tierart und zum anderen als genetische Referenzquelle für adaptive Veränderungen, die sehr schnell zwischen den Teilpopulationen der einzelnen Inseln auftreten können.

Komodowarane sind heute trotz bestehender Schutzpläne noch immer mittelbar vom Aussterben bedroht und mit dem relativen Schutz des Lebensraumes innerhalb von Nationalparkgrenzen allein ist es nicht getan.

Für den Erhalt einer Art ist ihr genetisches Repertoire von grundsätzlicher Bedeutung. Mit dem Grad der genetischen Diversität steigen und fallen die Aussichten für die Zukunft. Je höher die genetische Vielfalt desto höher die Chancen für ein Überleben.

Nur genetischer Austausch zwischen möglichst vielen Mitgliedern einer Art gewährt ihre biologische Vitalität. Somit ist nicht die absolute Individuenzahl einer Spezies von entscheidender Bedeutung sondern deren Verteilung über den Lebensraum. Im Falle von Inseln kann dies fatale Folgen haben. Eine repräsentative Katalogisierung des genetischen Inventars von Inselformationen mit eher geringer Individuenzahl wird daher für den Einsatz präventiver Maßnahmen zukünftig eminent wichtig sein. Selbst „Wiederbelebungen“ erloschener Inselformationen wie der der Insel Padar zwischen Komodo und Rinca, erscheinen auf der Basis der Forschungsergebnisse realistisch und werden zur Zeit ernsthaft diskutiert.

Im Falle der Insel Komodo bedeutet dies, dass ein Rückgang der Individuenzahl der Kern-Population im Hinblick auf die Erhaltung der genetischen Vielfalt der gesamten Art und der Erhaltung von *Varanus komodoensis* an sich unbedingt zu vermeiden ist, wenn diese einzigartigen Reptilien der Nachwelt erhalten bleiben sollen. Komodo bildet den letzten verbleibenden Gen-Pool mit einer genügend hohen genetischen Verschiedenheit.

Noch deutlicher wird die Bedeutung der genetischen Analysen aber im Hinblick auf kurzfristige Entscheidungsfindungen zum Schutz isolierter Subgruppen, die unmittelbar in ihrer Existenz bedroht sind und letztlich das Gesamtgenom der Art ergänzen.

Der Naturschutz ist vielerorts dabei, sich vom bloßen Bewahren und hilflosen Konstatieren in Richtung eines aktiven Eingreifens auf der Grundlage neuer Erkenntnisse zu wandeln.

Selbstverständlich bildet der Habitatschutz nach wie vor das Fundament für jeden Artenschutz. Doch die molekulargenetischen Untersuchungen haben das Spektrum der Möglichkeiten nun um einen interessanten Bestandteil erweitert.

Microsatelliten-loci-Analyse und DNA-Fingerprinting - Hightech-Methoden für den Artenschutz

Die Gesamtzahl der Gene eines Lebewesens variiert von Art zu Art natürlich sehr stark. Bei Säugetieren bilden schätzungsweise 20.000 bis 100.000 Gene den erblichen Konstruktionsplan für den Zusammenbau des Organismus.

Davon sind 50-60% Einzelkopiesequenzen, d.h. singuläre, klar unterscheidbare Genabschnitte, von denen jeder die Information für ein bestimmtes Protein enthält. Alle Gene reihen sich in festgelegter Folge am komplementären Doppelstrang der DNA als codierte Abfolge von Basenpaaren hintereinander auf.

Doch nur rund 5% der genetischen Bauanleitung werden tatsächlich für die Synthese von Eiweißen genutzt. Der Rest ruht ohne erkennbare Funktion in sogenannten repetitiven Sequenzen. Dies sind Kopien von Genen oder Nukleotid-Sequenzen, die sich oft Hunderte von Malen im Erbgut wiederholen. Fast 30% des menschlichen Genoms bestehen aus solchen Abschnitten, die 20mal und öfter in Tandemanordnung³ hintereinander auftauchen.

Satelliten-DNA nennen Wissenschaftler diese DNA-Bereiche, je nach Länge der repetitiven Nukleotid-Sequenzen Mini- oder Microsatelliten-DNA.

DNA-Abschnitte mit hohen Wiederholungsraten findet man nur in entwicklungsgeschichtlich „modernen“ Zellen, solchen eben, die mit einem Zellkern ausgestattet sind, der die Chromosomen enthält. Dort lagert Satelliten-DNA meist im Bereich der Centromere, die bei der Zellteilung eine zentrale Rolle spielen. Prokaryoten, Bakterien und Blaualgen also, besitzen diese molekularbiologische Spezialausstattung nicht.

Die Methode der Microsatelliten-loci-Analyse nimmt nun genau jene speziellen Genorte mit repetitiven Nukleotid-Sequenzen genauer unter die Lupe. Im Vergleich zu anderen DNA-Abschnitten sind diese Stellen im Erbgut hochvariabel und stellen ein kennzeichnendes Genmuster dar, gleichzusetzen mit einem individuellen genetischen Barcode.

Da Satelliten-DNA den gleichen Mutationsraten wie Einzelkopiesequenzen aber nicht dem direkten Angriff der Selektion unterliegt, eignen sich solche Abschnitte des Erbgutes besonders für evolutionsgenetische Fragestellungen.

Das Verfahren fällt damit unter den etwas schwammigen Begriff des DNA-Fingerprinting. In Laienkreisen und selbst unter Wissenschaftlern werden unter dieser Formel heute auch Verfahren subsumiert, die sich auf Basis der PCR⁴-Methode winzigster DNA-Schnipsel bedienen.

Damit lassen sich aber nur in den seltensten Fälle wirklich individuenbezogene Aussagen treffen. Die klassische Methode des genetischen Fingerabdrucks nutzt zur Analyse des genetischen Inventars nur die polymorphen Wiederholungssequenzen sogenannter VNTR-loci⁵, d.h. die Genorte der Satelliten-DNA in der sich die hochrepetitiven Kopien von Genen oder Nukleotidsequenzen befinden.

Der Vorteil des Verfahrens liegt auf der Hand: ausgewählte Gensequenzen auf fest umrissenen Genloci, die sich unterschiedlich gut für die Untersuchung verschiedener Fragestellungen eignen, liefern ein nahezu unverwechselbares genetisches Profil des untersuchten Organismus.

Nur 10-25% der ermittelten Genmuster stimmen bei zwei unabhängigen Individuen zufällig überein. Ausnahmen sind allenfalls bei extremen Fällen von Inzucht und bei eineiigen Zwillingen zu erwarten. In vielen biologischen Disziplinen gehört die Methode heute zu den Standard-Screening-Verfahren, um die genetische Variabilität von Tieren, Pflanzen und anderen Eukaryoten festzustellen.

Sie kann auch, wie im vorliegenden Falle, im Rahmen populationsgenetischer Untersuchungen wertvolle Hinweise auf Gendrift, Rückgang der genetischen Variabilität und isolationsbedingte inzestuöse Veränderungen des Erbguts innerhalb einer willkürlichen Population von Tieren liefern.

³ Tandemanordnung bedeutet die aufeinanderfolgende Wiederholung von Nukleotiden mit einer bestimmten Basenzahl, ähnlich der Sitzfolge der Fahrer auf einem Tandem, nur dass hier gleich mehrere (genetische) Einheiten hintereinander geschaltet sind.

⁴ Polymerase-Chain-Reaction (die Polymerase-Kettenreaktion, ein Verfahren zur Anreicherung und Vervielfältigung sehr kurzer DNA Bruchstücke, die ansonsten weit unter der molekularbiologischen Nachweisgrenze lägen)

⁵ Variable Number of Tandem Repeats

Bildlegenden

Bild 1: In den Komodo Nationalpark gelangt man nur über das Meer. Charterboote einheimischer Fischer verkehren regelmäßig zwischen den Inseln. Starke Strömungen verhindern einen zu häufigen Umzug von Waranen zwischen den Inseln, obwohl sie bekanntermaßen gute Schwimmer sind.

Bilder 2 +3: Die Hänge des Mt. Ara entsprechen dem typischen Lebensraum des Komodowarans: grasbestandene Hügel mit vereinzelt Lontarpalmen und kühle Monsunwälder in den Taleinschnitten. Hier befindet sich das Reich der Riesenechsen, die täglich auf der Suche nach Fressbarem die Savanne durchstreifen. Ihre Heimgebiete besitzen beachtliche Ausdehnungen, doch ihre Jagdtaktik beruht neben dem aktiven Suchen auch auf dem bewährten „Sit-and-Wait“. Doch wird es zunehmend schwerer für die großen Echsen ausreichend Nahrung zu finden. Beutetiere werden rarer auf den Inseln, zumindest was Rusa-Hirsche und Wildschweine angeht. Deshalb erweitern die Komodos ihr Nahrungsspektrum um Wasserbüffel, Ziegen, – und zumindest theoretisch – Menschen, wenn sie eines habhaft werden können.

Bild 4: Der Charakter der Insel passt zum Erscheinungsbild der Drachen, archaisch und gleichzeitig fremd, ein Relikt vergangener Zeit. Auch wenn Komodowarane nicht näher mit Dinosauriern verwandt sind als der Rest der heute lebenden Echsen und Schlangen, fühlt man sich doch unvermittelt in Landschaften des Jura versetzt.

Bild 5: Symbol für eines der wenigen menschlichen Opfer durch Komodowarane, wenn auch wahrscheinlich erst posthum. Der 74-jährige Schweizer Baron, dessen Kreuz hoch über der Küste von Loh Liang auf dem Weg nach Poreng aus der Savanne ragt, starb wahrscheinlich an Erschöpfung, ehe er ein Opfer der Drachen wurde. Ziemlich sicher sind durch Nachstellungen des Menschen mehr Komodoechsen zu Schaden gekommen als umgekehrt, wenngleich die Dorfbewohner immer wieder über selten verbürgte Unfälle berichten. Komodowarane sind hinsichtlich ihres Speisezettels eben nicht sehr wählerisch und fressen von lebender Beute bis hin zu stinkendem Aas und selbst Artgenossen so ziemlich alles.

Bild 6: Das Camp des Nationalparks auf Rinca. Hier lebt die zweitgrößte Population von Komodowaranen. Zumindest zeitweilig tauschen die Echsen von Rinca noch Gene mit der Nachbarpopulation auf Flores aus, die in ihrem Bestand durch Rückgang der Populationsdichte und Habitatverlust allerdings stark bedroht ist. Von der Nachbarinsel Komodo sind die Rinca-Warane seit vielen Tausend Jahren genetisch isoliert.

Bilder 7 – 9: Der Savannencharakter der Landschaft ist auf Rinca noch ausgeprägter als auf Komodo. Neben den Echsen leben hier Rusa-Hirsche (*Cervus timorensis*), eine der potentiellen Beutearten auf dem Speiseplan des Komodowarans. Doch immer öfter kommen Wilddiebe mit Hunden nachts von Sumbawa über die Meerenge herüber. Der Bestand an Rehen wird zunehmend dezimiert und damit droht auch Gefahr für die Warane, die vom Vorhandensein ausreichender Nahrungsquellen abhängig sind.

Bild 10: Komodowarane sind Opportunisten und lassen keine Gelegenheit verstreichen, bei der ein voller Magen als Belohnung für ausdauerndes Warten winkt. Regelmäßig umstreifen stämmige 3-Meter-Männchen den „Tanzboden“ von Rinca, auf dem Ranger und Besucher ihre Mahlzeiten einnehmen.

Bild 11: Begegnen sich zwei Männchen im gleichen Revier, ist die Rangordnung meist schon vorher festgelegt. Dominanzverhalten äußert sich in steifbeinigem Schreiten, einer aufgeblähten Kehlglocke, und tiefem, grollenden Fauchen. Der Unterlegene macht sich so flach es eben geht. Zum Zeichen der Überlegenheit kratzt der Platzherr, ähnlich wie bei der Paarung zwischen den Geschlechtern, mit den Klauen der vorderen Gliedmaßen über Kopf und Rücken des Opfers und steigt sogar auf - bis der Verlierer das Weite sucht.

Bild 12: Die tief gegabelte Zunge ist ein äußerst sensibler Detektor der Geruchswahrnehmung. Feinste Spuren von Verwesungsgeruch werden über viele Kilometer wahrgenommen. Im Gaumendach sitzt eine geruchsempfindliche Grube, zu der die Zungenspitzen Duftmoleküle transportieren. Ausladenden Pendelbewegungen des Kopfes ermöglichen den Waranen die Geruchsquelle zielstrebig zu orten.

Bild 13: „Sit-and-wait“, die Lauertaktik entlang von Wildwechseln führt meist irgendwann zum Erfolg. Im Spiel von Licht und Schatten im dichten Unterholz ist selbst ein Riese von drei Metern kaum auszumachen.

Bild 14: Freiwillig gehen Komodowarane selten ins Wasser, obwohl man Geschichten hört, dass Warane Meerengen durchschwimmen, um auf der anderen Seite den Ziegen der Insulaner nachzustellen. Auf Rinca sieht man sie dort, wo die Fischer ihre Boote festmachen häufig am Strand auf der Suche nach Fischresten oder Reusen, auf Komodo, wie hier am Strand von Loh Liang, sind solche Bilder eher die Ausnahme.

Bild 15: Auch Warane haben offenbar einen gewissen Sinn für Bequemlichkeit. Die Relling bietet ein ideales Polster für ein Sonnenbad und zudem riecht der alte Kahn ausnehmend nach Fisch.

Bilder 16 + 17: Junge Komodowarane sind im Gegensatz zu den adulten Tieren leuchtend bunt gefärbt und verbringen ihre Jugend vorwiegend auf Bäumen. Dort entgehen sie Nachstellungen durch ihre Eltern. Kannibalismus ist innerhalb der Familie Varanidae weit verbreitet. Beim Schlüpfen von März bis Mai sind die Jungen nur etwa 40 cm lang und benötigen mehrere Jahre bis sie die Zwei-Meter-Grenze überschreiten.