

Wie wird die Körpergröße genetisch reguliert?

27.08.2026, 14:00 | Energie & Umwelt

Pressemitteilung von: *idw - Informationsdienst Wissenschaft*



Die große Variation der Körpergröße zwischen Miniatur- und großwüchsigen Schweinerassen bietet ein besonderes Modell, um die genetischen und molekularen Grundlagen des Wachstums innerhalb einer Spezies zu untersuchen. Ein Forschungsteam um Professorin Dr. Julia Metzger vom Institut für Tiergenomik der TiHo kombinierte dafür aufwendige Untersuchungen an verschiedenen Schweinerassen mit der direkten Analyse von Gewebeproben aus den Wachstumsfugen, modernen Multi-Omics-Technologien und umfassenden bioinformatischen Analysen. So konnten die Forschenden das Wachstum der Tiere mit strukturellen, genetischen und molekularen Veränderungen direkt am Ort des Knochenwachstums verknüpfen.

Die Wachstumsfuge an den Enden der langen Röhrenknochen ist eine schmale Knorpelschicht. Sie wird auch Epiphysenfuge genannt und ist die zentrale Zone des Längenwachstums. Hier teilen und vergrößern sich Knorpelzellen und bilden eine spezialisierte Knorpelmatrix, die im weiteren Verlauf schrittweise durch Knochengewebe ersetzt wird. Solange die Fuge aktiv ist, wird der Knochen länger; mit dem Ende des Wachstums verknöchert sie.

Vier Rassen im direkten Vergleich

Die Forschenden verglichen zwei Minischweinrassen – das Aachener Minischwein und Miniaturschwein Mini-LEWE, mit zwei größeren Rassen, dem Mangalitzka und dem Angler Sattelschwein. Von 22 Ferkeln erhoben sie über die ersten 80 Lebenstage im Wochenrhythmus Körpergewicht, Widerristhöhe und die Dicke des Mittelfußknochens. Alle Tiere wurden unter identischen Haltungs- und Fütterungsbedingungen gehalten, um eine vergleichbare Umwelt zu schaffen.

Das Ergebnis: Die Minischweine zeigten dabei kein grundsätzlich anderes Wachstumsmuster, sondern ein kontinuierliches Wachstum auf niedrigerem Niveau. Auffällig war zudem ein enger Zusammenhang zwischen der Dicke des Röhrenknochens und der Körpergröße beziehungsweise dem Gewicht.

Die Bauteile bleiben gleich – nur kleiner

Unter dem Mikroskop zeigte sich ein bemerkenswerter Befund. Die Wachstumsfugen von Oberschenkel- und Oberarmknochen wiesen bei allen vier Rassen dieselben vier charakteristischen Zonen auf, und auch deren Größenverhältnisse zueinander blieben konstant. Die Wachstumsfuge der Minischweine ist also kein anders gebautes, sondern ein maßstäblich verkleinertes Organ. „Die Wachstumsfuge der Minischweine ist erstaunlich unauffällig gebaut – sie ist einfach insgesamt kleiner. Genau das macht sie zu einem so guten Modell, um die Feinregulation des Knochenwachstums zu untersuchen“, sagt Metzger.

Der Unterschied zeigte sich auf der Ebene der Zellen: Die Zellkerne der Knorpelzellen waren bei den Minischweinen deutlich kleiner als bei den größeren Rassen.

Multi-Omics: mehrere Ebenen des Genoms zusammenführen

Um die genetischen Ursachen zu finden, kombinierte das Team mehrere Datenebenen. Dazu gehörten Ganzgenomsequenzierungen von über hundert Schweinen, die Kartierung zugänglicher regulatorischer Bereiche des Genoms, die dreidimensionale Organisation des Erbguts im Zellkern, die Genaktivität sowie die tatsächlich vorhandenen Proteine in den Wachstumsfugen. Durch diese Kombination konnten die Forschenden genetische Unterschiede nicht nur lokalisieren, sondern zugleich untersuchen, wie sie sich auf die Regulation und Aktivität von Genen in der Wachstumsfuge auswirken.

Ausgangspunkt der Suche waren sogenannte Homozygotieregionen – Erbgutabschnitte, in denen die beiden Chromosomenkopien weitgehend identisch sind. Solche Regionen können genomische Spuren von Zucht und Selektion sichtbar machen und Hinweise auf Erbgutabschnitte liefern, die zur geringeren Körpergröße der Minischweine beitragen können.

Schalter im Genom statt Veränderungen im Bauplan

Ein wesentlicher Befund der Studie war, dass relevante Unterschiede nicht nur innerhalb protein-kodierender Gene zu finden waren. Viele lagen in nicht-kodierenden regulatorischen Bereichen des Genoms. Solche Bereiche können wie molekulare Schalter wirken: Sie bestimmen mit, wann, wo und in welchem Umfang Gene aktiviert werden.

Besonders interessant war eine regulatorische Region in der Umgebung von SDR16C5, MOS und PLAG1. Das Gen PLAG1 ist bereits aus Studien beim Menschen und bei verschiedenen Nutztierarten als wichtiges Gen für die Körpergröße und Wachstum bekannt. Die Ergebnisse der Studie zeigen, wie Veränderungen in regulatorischen Bereichen des Genoms mit der unterschiedlichen Aktivität solcher wachstumsrelevanten Gene in der Wachstumsfuge zusammenhängen können.

Modell für die Humanmedizin

Minischweine sind bereits als Modelltier in der biomedizinischen Forschung etabliert. Die grundlegenden Prozesse des Knochenwachstums und der Verknöcherung (enchondrale Ossifikation) sind zwischen Schwein und Mensch stark konserviert. Die Ergebnisse können deshalb auch dazu beitragen, die molekulare Regulation des Knochenwachstums und mögliche Ursachen von Wachstumsstörungen beim Menschen besser zu verstehen. Gleichzeitig zeigt die Studie, wie sich genetische, epigenetische und funktionelle Daten miteinander verbinden lassen, um die molekularen Grundlagen komplexer Merkmale aufzudecken.

Über die Studie

An der Arbeit waren neben dem Institut für Tiergenomik und dem Anatomischen Institut der TiHo das Max-Planck-Institut für Molekulare Genetik in Berlin, die Freie Universität Berlin, das Helmholtz-Zentrum für Infektionsforschung in Braunschweig, die Technische Universität Braunschweig, die Universität Bern und die Medizinische Universität Innsbruck beteiligt. Gefördert wurde das Projekt von der Deutschen Forschungsgemeinschaft (DFG) – unter anderem im Rahmen der Heisenberg-Professur von Professorin Dr. Julia Metzger.

Originalpublikation

Khavesh, N., Berghöfer, J., Ralph, B., Buschow, R., Cirksena, K., Drögemüller, C., Fatima, A., Grabert, G., Gerold, G., Grahofner, A., Herwig, R., Jung, K., Kacprowski, T., Lo, B.-W., Shiasi Sardoabi, R., Vingron, M., Mundlos, S., Metzger, J. (2026): Integrative multi-omics analysis of growth plate regulation underlying body size in miniature pigs. *Communications Biology* 9:875. <https://doi.org/10.1038/s42003-026-10538-9> (Open Access)

wissenschaftliche Ansprechpartner:

Prof. Dr. Julia Metzger
Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover
Institut für Tiergenomik
Tel.: +49 511 953-8874
julia.metzger@tiho-hannover.de

Originalpublikation:

<https://doi.org/10.1038/s42003-026-10538-9>

Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover

Sonjaron Brethorst (Mitarbeiter in der Presse- und Öffentlichkeitsarbeit)

0511 / 953-8002

sonja.von.brethorst@tiho-hannover.de

News-ID: 1321781 • Views: 88 (Stand: 30.08.2026)

Link zur Pressemitteilung:

<https://www.openpr.de/news/1321781/Wie-wird-die-Koerpergroesse-genetisch-reguliert-idw.html>