

erwartet, dass ähnliche Körperbaupläne und -strukturen durch ähnliche Gene verursacht werden. Mittlerweile wird jedoch zunehmend festgestellt, dass es eine solche Entsprechung nicht gibt: Homologien im morphologischen Bauplan werden oft nicht durch homologe Gene verursacht.

Ein interessantes kürzlich publiziertes Beispiel ist die Bestimmung der Polarität des Embryos. Dabei geht es darum, wie die erste Zelle eines sich entwickelnden Embryos bestimmt, wo sich Kopf und wo Schwanz entwickeln und wo links und rechts ist. Genetische Information liefert die Anweisungen für die Ausrichtung der Körperteile. Interessanterweise wird diese Information von der weiblichen Eizelle weitergegeben. Es hat sich nun herausgestellt, dass diese genetische Information bei verschiedenen Spezies nicht homolog ist – auch nicht bei evolutionär eng verwandten Arten.

Wissenschaftler der Universität von Chicago (USA) bestimmten die genetischen Grundlagen der Kopf-Schwanz-Polarität bei verschiedenen Fliegenarten wie Mottenfliegen (*Clogmia*, *Lutzomyia*), Stechmücken (*Culex*, *Aedes*) und Anopheles-Mücken (*Anopheles*) (YOON et al. 2019). Sie zeigten, dass bei Mottenfliegen ein Gen namens *Zic* die Polarität bestimmt. Beim Stechmücken-Embryo beruht die Polarität auf dem Zinkfinger-Gen *Cuoid*, während das verantwortliche Gen bei den Anopheles-Mücken *dTcf* ist. Diese Polaritätsgene sind nicht evolutionär verwandt. Dies zeigt, dass nicht verwandte Gene in Embryonen verschiedener Fliegenarten eine Schlüsselrolle bei der Etablierung der Kopf-Schwanz-Polarität spielen. Das wirft die Frage auf, wie sie diese Funktion erworben haben. Die Forscher kommen zu dem Schluss, dass Fliegen unabhängig voneinander eine unerwartete Vielfalt an polaritätsbestimmenden Genen evolvierten und dass die Art und Weise, wie sie exprimiert werden, unterschiedliche Rollen in der Entwicklung übernimmt. Über das „Wie“ wird allerdings keine Aussage gemacht.

Es gibt eine seit Langem wachsende Zahl von Beobachtungen, die

nahelegen, dass bei der Ausprägung gleicher Eigenschaften und Merkmale unterschiedliche Gene in verschiedenen Arten genutzt werden können. Der Evolutionsbiologe Günther P. WAGNER von der Princeton University, USA, schrieb 2014, dass klare homologe Merkmale verschiedener Spezies wiederholt aus unterschiedlichen ontogenetischen Entwicklungsmechanismen stammen können. Auch früher unbestrittene homologe Eigenschaften wie z.B. die Körpersegmentierung bei Heuschrecken und Taufiegen sind mit umfangreichen Variationen in Entwicklungswegen und ontogenetischen Bildungsmechanismen verbunden und dabei sind ganz unterschiedliche Entwicklungsgene im Einsatz (WAGNER 2014). Die Kontinuität der morphologischen Merkmale wird demnach nicht durch die Kontinuität der genetischen Information verwirklicht. Aus der Embryogenese ist bekannt, dass eine Reihe von klar homologen Merkmalen aus verschiedenen Zellpopulationen gebildet wird oder verschiedenen Entwicklungswegen folgt, um dieselbe erwachsene Morphologie zu erreichen.

Zusammenfassend lässt sich feststellen, dass zwischen der Morphologie und den zugrundeliegenden Genen erhebliche Unabhängigkeit oder Abkopplung besteht. Mit anderen Worten: *Viele Merkmale, die klassisch als homolog betrachtet wurden, sind auf der genetischen Ebene und in den ontogenetischen Entwicklungswegen nicht homolog.* WAGNER schreibt, dass er dies als „eine ziemlich deprimierende Situation“ empfindet und diskutiert sogar die Vorstellung, dass Homologie eine Illusion sein kann. Nicht auf genetische Homologie zurückführbare homologe Merkmale schaffen eine Illusion der gemeinsamen Abstammung! Eine mögliche Reaktion auf diese Tatsache ist die Erkenntnis, dass die Homologie ein nicht schlüssiges evolutionstheoretisches Konzept ist. WAGNER bevorzugt als zweite Möglichkeit, mit dieser Situation umzugehen, embryologische Ursprünge für die Entwicklungsbasis der Homologie als irrelevant anzusehen (WAGNER 2014, 94). Für WAGNER sind Gene

also keine zuverlässigen Indikatoren für morphologische Homologie, und auch die embryologische Herkunft ist als Indikator für Homologie irrelevant. Der Befund, dass homologe Strukturen ihren Ursprung nicht im gleichen Erbgut haben, widerspricht einem der ältesten „Beweise“ für die Evolution der Lebewesen.

[YOON Y, KLOMP J, MARTIN IM, CRISCIONE F, CALVO E, RIBEIRO J & SCHMIDT-OTT U (2019) Embryo polarity in moth flies and mosquitoes relies on distinct old genes with localized transcript isoforms. *ELife* 2019, Oct 8;8:e46711. <https://elifesciences.org/articles/46711> • WAGNER GP (2014) Homology, genes and evolutionary innovation. Princeton University Press.] P. Borger

■ Gemeine Napfschnecke – Spezialistin für flexibles Kleben

Kleben ist wie z.B. Schrauben oder Schweißen eine Fügetechnik, bei der mehrere Körper miteinander verbunden werden. Nicht nur beim Basteln und Handwerken setzen wir unterschiedlichste Klebstoffe ein, auch bei der industriellen Herstellung von technischen Produkten, von Haushaltsgeräten über Autos bis hin zu Flugzeugen ist Kleben eine häufig eingesetzte Methode, um Teile zu fixieren.

In der Natur gibt es vielfältige Vorbilder für Kleben unter verschiedensten Bedingungen, wobei die in der Natur zu beobachtenden Phänomene in der technischen Nachahmung oft unerreicht sind. Fixierung auf unregelmäßigem, nicht sauberem und von Wasser umgebenem Untergrund mit einem Klebemittel, das auf Wasser basiert und bioabbaubar ist, finden wir beispielsweise bei Muscheln, wie Austern (*Ostreidae*), bei erwachsenen Seepocken (*Balanidae*) und bei Seelilien (*Crinoidae*).

Napfschnecken sind insofern ein interessantes Beispiel, als diese Meeresbewohner sich in je nach Wasserstand (Tide) in zeitweise heftig umtosten Brandungszonen so fest am Fels fixieren, dass potenzielle Fressfeinde ihre vermeintlich leichte Beute nicht einfach vom Untergrund ablösen können. Typischerweise nachts bewegen sich diese Tiere aber auf ihrer Unterlage und weiden dabei

mit ihrer Radula den Algenbewuchs ab. Bisherige Untersuchungen über die zugrunde liegenden Mechanismen zur Fixierung ergaben Hinweise für Ansaugen und Kleben.

KANG et al. (2020) haben jetzt eine Studie an der Gemeinen Napfschnecke (*Patella vulgata*; Abb. 1) veröffentlicht, in der mit einer Vielzahl von Methoden versucht wurde, die erstaunliche Fixierung und Re-Mobilisierung besser zu verstehen. (WEDLICH [2020] hat darüber in Spektrum.de zusammenfassend informiert.)

Die Autoren ließen im Labor *P. vulgata* in standardisiertem Meerwasser auf einer Kunststoffunterlage über einen Drucksensor kriechen und dokumentierten den Druckverlauf bei normaler Bewegung, bei simulierten Attacken und bei Versuchen, die Tiere mechanisch von der Unterlage abzulösen. Bei der ungestörten Bewegung zeigten sich kleine Druckschwankungen um den Nullpunktunterschied von -0,79 bis 1,0 kPa. Werden Tiere attackiert, so weisen sie unter der Fußsohle kurzzeitig einen Unterdruck von ca. -3,7 kPa auf, diese Spitze fällt aber innerhalb weniger Sekunden auf ca. 60 % des Wertes ab. Beim Versuch, Napfschnecken mechanisch von der Unterlage zu lösen wird kurzzeitig ein noch höherer Unterdruck gemessen (bis zu -5,7 kPa), der aber ebenfalls noch vor dem vollständigen Ablösen rasch wieder abfällt. Für die Autoren weisen diese Beobachtungen darauf hin, dass der muskulär – zwischen Fuß und Unterlage – erzeugte Unterdruck keinen wesentlichen Beitrag zur Haftung der Tiere leistet.

KANG et al. haben sich dann den Schleim, den *P. vulgata* durch Drüsen an ihrer Fußsohle absondert, genauer angesehen. Dieser Hafts Schleim stellt ein Hydrogel mit einem Wassergehalt von mehr als 90% dar; der Rest ist eine komplexe und schwer zu analysierende Mischung v.a. aus Peptid- und Zuckerketten. Die Autoren haben den abgesonderten Schleim in drei Kategorien unterteilt: 1. Schleim, der beim Ablösen von fixierten *N. vulgata*-Exemplaren auf der Unterlage zurückbleibt; 2. Schleim, der beim Ablösen an der Fußsohle des Tieres verbleibt und 3. Schleim, der innerhalb von 30 Minuten am gereinigten

Fuß der Napfschnecke neu gebildet wird. Im Gegensatz zu anderen Untersuchungen wurden in dieser Studie die Proben von einzelnen Tieren untersucht und nicht der Schleim von mehreren Tieren für die Analyse vereinigt. Die Schleimproben wurden auf Protein untersucht (Gelelektrophorese). Durch Anwendung verschiedenster – auch molekularbiologischer – Methoden (Transkriptomik, Proteomik) identifizierten KANG et al. 171 Proteinsequenzen in den drei Schleimtypen. Einen Teil dieser Proteine untersuchten sie mit verschiedenen Lektinen auf spezifische Verknüpfungen der Zuckerketten, die Teil dieser Glykoproteine sind. Bei Lektinen handelt es sich um (Glyko-) Proteine, die Zuckerverknüpfungen erkennen und sich daran anlagern; das macht sie zu einem hilfreichen Werkzeug zur Charakterisierung komplexer Zuckerketten. Mit Hilfe der Lektinmarkierung konnten in der Fußsohle der Napfschnecke Drüsen und von diesen abgesonderte Körnchen sichtbar gemacht und dokumentiert werden.

14 der Proteinsequenzen aus dem Schleim von *P. vulgata* haben die Autoren einer detaillierten Analyse unterzogen, indem sie die Sequenzen mit bekannten Daten aus Proteindatenbanken abgeglichen haben. Diese Untersuchung ergab, dass in den Proteinen viele Domänen (Sequenzbereiche) enthalten sind, deren Funktionen bereits bekannt sind. Zu den zugeordneten Funktionen finden sich solche, die auch in bereits bekannten Proteinen als Adhäsive wirken, d.h. Domänen mit Klebewirkung. Andere Domänen können mit weiteren Proteinen wechselwirken, so dass sie mit diesen längere Ketten bilden oder sich mit diesen vernetzen können und damit hochwirksame Bio-Klebstoffe darstellen. Darüber hinaus wurden noch zwei Domänen identifiziert, die bisher nicht im Zusammenhang mit Klebern bei Meereslebewesen bekannt waren. Einer dieser Proteinbausteine kann Fasern bilden, während der andere defensive Aufgaben erfüllen könnte. Dieser Bereich kann Bereiche von Proteinstrukturen und Zuckerketten erkennen und diese auflösen.



Abb. 1 Napfschnecke (*Patella vulgata*). (Foto: Janek PFEIFER, CC BY-SA 3.0)

Die gemeine Napfschnecke scheint also nicht nur über faszinierende Klebstoffe zu verfügen, die ihr erlauben, sich angesichts starker mechanischer Belastung im Meerwasser auf einem Untergrund, der weder eben noch sauber ist, zuverlässig zu fixieren. Sie kann auch auf Wunsch diese Fixierung wieder lösen und mit nur schwacher Adhäsion auf Nahrungssuche gehen und den Untergrund abweiden.

Die Autoren haben mit dieser Arbeit ein Fenster geöffnet, durch das wir diese Klebespezialistin noch intensiver beobachten und ihre erstaunlichen reversiblen Klebetechniken verstehen und vielleicht auch nutzen lernen können.

Während dieser Text verfasst worden ist, haben Wissenschaftler aus klinischen Einrichtungen der Universität Stanford eine Arbeit vorab veröffentlicht, in der sie einen enzymatischen Werkzeugkasten vorstellen, der – vor allem Medizinern – dazu helfen soll, Glykoproteine in Schleim selektiv zu detektieren, sichtbar zu machen und abzubauen (SHON et al. 2020). Die gemeine Napfschnecke, *P. vulgata*, verfügt bereits über einen solchen Werkzeugkoffer.

[KANG V, LINGERER B, WATTIEZ R & FLAMMANG P (2020) Molecular insights into the powerful mucus-based adhesion of limpets (*Patella vulgata* L.) Open Biol. 10:200019, <http://dx.doi.org/10.1098/rsob.20.0019> • SHON DJ, MALAKER SA, PEDRAM K, YANG E, KRISHAN V, DORIGO O & BERTOZZI CR (2020) An enzymatic toolkit for selective proteolysis, detection, and visualization of mucin-domain glycoproteins. Proc. Natl. Acad. Sci. USA; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.2012196117 • WEDLICH S (2020) Die Superkraft der Napfschnecke. Spektrum.de; <https://www.spektrum.de/news/die-superhaftkraft-der-napfschnecke/1752874>] H. Binder