



Eine der Attraktionen bei botanischen Exkursionen im Laubwald des Frühjahrs ist der Blütenbau der Schlüsselblumen (Gattung *Primula*). Selbst viele Naturfreunde wissen nicht, welche interessanten und spannenden Details sich in diesen Blüten verbergen. Der aufmerksame Blick auf die Blüte von oben offenbart, dass es zwei Typen von Blüten gibt, die sich von Pflanze zu Pflanze unterscheiden, aber nicht an ein und derselben Pflanze. Am Eingang des Blütenschlundes sieht man nämlich entweder nur einen „Punkt“ in der Mitte der Röhre oder fünf kleine „Knubbel“. Der „Punkt“ ist die Narbe des Griffels und die „Knubbel“ sind fünf Pollenfächer. Der erste Gedanke angesichts dieser Entdeckung ist meist: Das ist eine zweihäusige Pflanze: Es gibt solche, deren Blüten nur Griffel und andere, deren Blüten nur Staubblätter

besitzen. Doch ein tieferer Blick ins Innere zeigt, dass dem nicht so ist. Alle Blüten haben sowohl Griffel als auch Staubblätter. Die Blüten, bei denen man in der Draufsicht nur die Narbe sieht, besitzen kurze, tiefstehende Staubfäden in der Blütenröhre, und die Blüten, bei denen von oben nur die Pollenfächer zu sehen sind, besitzen einen kurzen Griffel. Dieses Phänomen wird als „Heterostylie“ (Verschiedengriffigkeit) bezeichnet. Man kann sich denken, wofür das gut ist: Durch diese Konstellation soll Selbstbestäubung verhindert werden.

Interessanterweise sind bei der Heterostylie mehrere Merkmale miteinander gekoppelt. Die Pollengröße (groß oder klein) und die Beschaffenheit der Narben (mit kurzen oder langen Auswüchsen) sind auch auffällig verschieden, und in aller Regel treten alle Unterschiede in einem „Gesamtpaket“ auf und werden nicht beliebig kombiniert. Peter BORGER ist dem Phänomen der Heterostylie auf die Spur gegangen und hat festgestellt, dass sich dahinter spannende genetische Grundlagen verbergen, die interessante Aspekte des Erbguts offenbaren, nämlich sogenannte Supergene, und die für eine geplante Konstellation sprechen. Die molekulargenetischen Beobachtungen legen nahe, dass die zugrunde liegende Genetik als Beleg für programmierte Variabilität (Polyvalenz) gewertet werden kann.

Dass es starke Hinweise auf programmierte Vielfalt innerhalb genetischer Arten (Grundtypen) gibt, erläutert auch Nigel CROMPTON im zweiten Teil seiner Serie über Mendel'sche Artbildung. In Darwins Welt werden viele Zufallsmutationen benötigt, die sich allmählich durch Selektion in der Population durchsetzen müssen, um zu neuen Strukturen zu führen. Das ist sehr zeitaufwändig und benötigt ein sehr unwahrscheinliches Zusammenwirken vieler Mutationen. Nach Mendel sind Änderungen dagegen schnell möglich, weil auf bereits angelegte Variationen und Variationsprogramme zurückgegriffen werden kann. Dafür sind mehrere Mechanismen bekannt. Man kann diese Vorgänge so deuten, dass geschaffene Möglichkeiten abgerufen werden. Dieses präexistente Potential ermöglicht eine schlüssige Erklärung für die Entstehung der Arten innerhalb genetischer Familien (Grundtypen) – ohne Mutationen und in kurzer Zeit.

Auf molekularer Ebene zeigt die neuere Forschung immer wieder: Je mehr Details des Erbguts oder auch der Proteine und ihrer Wechselwirkungen untersucht werden, desto mehr Indizien werden entdeckt, die deutlich auf eine geplante Konstellation hinweisen. Allerdings wird immer wieder das Gegenteil behauptet: Es gäbe unverständliche Aspekte des Erbguts, wenn man von Schöpfung ausginge. Ein vielzitiertes Beispiel sind Pseudogene. Der Begriff „pseudo“ stammt aus dem griechischen „pseudein“ = belügen, täuschen. Pseudogene galten lange Zeit als funktionslos gewordene Gene – daher „pseudo“. Daher wurde über 40 Jahre lang die Suche nach Funktionen im Erbgut von Lebewesen vernachlässigt. Mittlerweile hat sich jedoch vielfach gezeigt, dass „Pseudogene“ oft überaus wichtige Funktionen erfüllen, wie man es erwarten würde, wenn eine durchdachte und geplante Situation vorliegt. Boris SCHMIDTGALL und Peter BORGER fassen einige neuere Ergebnisse zusammen und zeigen anhand von Zitaten außerdem, dass die vorschnelle Charakterisierung als „funktionslos“ oder als „DNA-Müll“ den wissenschaftlichen Fortschritt zeitweise gehemmt hat. Aber die Neugier der Forscher ist doch größer.

Dass der „DNA-Müll“ in Wirklichkeit wertvoll ist, konnte mittlerweile auch für DNA-Sequenzen mit häufig sich wiederholenden Strukturmotiven nachgewiesen werden: Es handelt sich um genetische Elemente, die die Information für die korrekte räumliche Anordnung der DNA im Zellkern speichern – eine zusätzliche Informationsebene in der DNA.

In ganz anderer Hinsicht spielen Moleküle des Lebens eine aufsehenerregende Rolle: Schon vor Jahren wurden Reste von Proteinen und Gewebereste in fossilen Dinosaurierknochen nachgewiesen. Nach Altersbestimmungen sind diese Fossilien jedoch viel zu alt, als dass man solche Befunde erwartet hätte. Es schlossen sich eine sehr kritische Diskussion, aber auch zahlreiche neue Untersuchungen an. Harald BINDER zeichnet die Entwicklungen nach und erläutert den aktuellen Stand dieses kontrovers diskutierten Forschungszweigs.

Die aktuelle Ausgabe von *Stodium Integrale Journal* verspricht also eine spannende Lektüre.

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**