

Streiflichter

Mit oder ohne Streifen – Evolution oder präexistente Vielfalt?

Die Buntbarsche (Cichlidae) in den Ostafrikanischen Seen zeigen eine außerordentliche Vielfalt an Merkmalen und Merkmalsausprägungen. Das betrifft zum Beispiel die Ernährungsweisen und entsprechend unterschiedliche Formen des Maules. Manche Arten raspeln mit Spezialwerkzeugen Algen von Steinen ab, andere picken Insekten am Grund, fressen Schuppen anderer Fische oder knacken Schnecken mit einzigartigen Zähnen. Aber auch weitere Merkmale können stark variieren, etwa die Körpergröße und -form, die Flossenform oder Zeichnungen des Körpers, das Sozialverhalten und anderes.

Diese außergewöhnliche Fischgruppe wird seit vielen Jahren intensiv untersucht und ist nicht nur wegen ihrer enormen Vielfalt berühmt geworden, sondern auch weil aufgrund geologischer Indizien angenommen werden muss, dass Hunderte von Arten binnen weniger Tausend Jahre, z. T. sogar binnen Hunderten von Jahren, im Viktoriasee neu entstanden sind (FEHRER 1997, EGLI-ARM 1997). Eine derart

schnelle Artaufspaltung erscheint nur auf der Basis präexistenter Vielfalt möglich.

Zu diesem Aspekt – dass Merkmale latent vorhanden sein können, aber u.U. nicht ausgeprägt werden – hat eine neue Untersuchung jüngst interessante Befunde erbracht (KRATOCHWIL et al. 2018; vgl. GANTE 2018). Dabei geht es um ein häufig auftretendes Merkmal der Körperzeichnung, nämlich die Ausbildung dunkler Längsstreifen (Abb. 1). Es wurde die ungewöhnliche Beobachtung gemacht, dass diese Streifen über einige Generationen verschwinden können, um später wieder aufzutreten, und das Dutzende Male (so Axel MEYER, einer der Autoren in einem Interview). Ist das Evolution, die sich wiederholt? Nach den Befunden, die Wissenschaftler kürzlich im Wissenschaftsmagazin *Science* vorlegten, verhält es sich anders: Wird ein bestimmtes Gen (*agouti-related peptide 2*, *agrp2*) deaktiviert, werden die Streifen ausgebildet. Ist es jedoch eingeschaltet, verschwinden sie. Dieses Gen, das in allen Buntbarscharten vorkommt, fungiert gleichsam als eine Art Schalter. Wenn es aktiv ist, d.h. seine Information abgelesen wird, wird ein Protein gebildet, das die Streifenzeichnung unterdrückt,

sodass keine horizontalen Streifen auftreten. Die Forscher konnten diesen Zusammenhang auch dadurch nachweisen, dass sie das Gen *agrp2* aus dem Erbgut eines normalerweise streifenlosen Buntbarsches heraus schnitten und dann feststellten, dass bei diesem der Längsstreifen auftrat. Die Unterdrückung von *agrp2* geschieht unter natürlichen Verhältnissen durch verschiedene Mutationen. Mit einem einzigen kleinen Schritt kann somit ein latent vorhandenes Muster abgerufen werden. Dieses ist nicht neu evolviert, sondern war zuvor schon angelegt (präexistent). Damit wird auch verständlich, dass dieses Merkmal häufig unabhängig (konvergent) auftritt, und auch, dass es verschwinden und wieder auftauchen kann und auch dass dies in kürzester Zeit erfolgen kann. Der Aufwand dafür ist minimal.

Ein unabhängiges Auftreten ähnlicher Merkmalsausprägungen kommt bei Buntbarschen in verschiedenen Seen in vielen Fällen und bei zahlreichen Merkmalen vor. Die Geschwindigkeit und Häufigkeit, mit der das geschieht, lässt vermuten, dass auch in anderen Fällen die entsprechenden Merkmalsausprägungen präexistent sind. Weitere Untersuchungen dürften hier Klarheit verschaffen.

Aus der Schöpfungsperspektive kann man sagen: Die Vielfalt der Buntbarsche hat vermutlich generell wenig mit Evolution zu tun und viel mit präexistenter Vielfalt. Diese kann durch Ein- und Ausschalten von Regulationsgenen ausgeprägt werden. Mutationen ermöglichen Feinabstimmung oder fungieren als Auslöser für das „Freischalten“ von Modulen, erzeugen aber nicht komplexe Merkmale als solche. Das mehrfache unabhängige Auftreten gleicher Merkmale oder Merkmalsausprägungen in verschiedenen Formen in verschiedenen Seen und das plötzliche Auftreten sind nicht das Ergebnis langwieriger Mutations-/Selektionsprozesse, sondern beruhen eher auf bereits vorhandenen Anlagen. Es ist auch bekannt, dass Mutationen auch „programmiert“ im Einflussbereich bestimmter Gene und nicht stochastisch über das gesamte Genom verteilt sind.



Abb. 1 Ein mit der Genschere Crispr-Cas9 veränderter Fisch der Art *Pundamilia nyererei* aus dem Viktoriasee. Durch die genetische Veränderung zeigt der Fisch horizontale Streifen auf der Flanke. (Copyright: Claudius KRATOCHWIL; mit freundlicher Genehmigung)

Das Beispiel der Buntbarsche wird häufig genutzt, um eine mindestens teilweise Vorhersagbarkeit von Evolution zu begründen. Das Beispiel der Längsstreifen zeigt: Vorhersagen sind möglich, wenn bestimmte Merkmale oder Merkmalsausprägungen bereits vorhanden sind. Eine innovative Evolution ist dagegen nicht vorhersagbar und experimentell auch nicht nachgewiesen.

[EGLI-ARM F (1997) Kann die Reflexionsseismik eine Austrocknungsperiode belegen? Wie sicher sind die zeitlichen Bestimmungen des Trockenfallens der ostafrikanischen Seen? Stud. Integr. J. 4, 51–58 • FEHRER J (1997) Explosive Artbildung bei Buntbarschen in ostafrikanischen Seen. Stud. Integr. J. 4, 51–55 • GANTE HF (2018) How fish get their stripes – again and again. Science 362, 396–397 • KRATOCHWIL CF, LIANG Y et al. (2018) Agouti-related peptide 2 facilitates convergent evolution of stripe patterns across cichlid fish radiations. Science 362, 457–460.] R. Junker

■ Überraschender Fund in Bernstein: Larve eines Fächerflüglers

Wenn Fächerflügler (Strepsiptera) nur entsprechenden Experten bekannt sind, so liegt das nicht nur an ihrer geringen Größe von wenigen Millimetern. Die geschlechtsreifen geflügelten Männchen leben typischerweise nur wenige Stunden, was gerade ausreicht, um der entsprechenden Pheromonspur zu einem Weibchen zu folgen und dieses zu begatten. (Pheromone sind eine Komposition aus verschiedenen flüchtigen Stoffen, die als artspezifische Sexuallockstoffe dienen, damit sich also die entsprechenden Fortpflanzungspartner finden.) Die Flügel dieser parasitisch lebenden Insekten sind vor dem Schlüpfen fächerartig gefaltet, was zur Namensgebung genutzt wurde (Abb. 1).

Die Strepsiptera suchen im ersten Larvenstadium einen Wirt auf (Abb. 2) – typischerweise andere Insekten – bohren sich in dessen Körper und ernähren sich von dessen Lymphe (bei Insekten ist das eine wässrige Flüssigkeit, die im Insektenkörper, wo kein O₂-Transport durch Blut nötig ist, ähnliche Aufgaben wie das Blut im menschlichen Körper

erfüllt). Die weiblichen Fächerflügler weisen einen sehr vereinfachten Körperbau auf. Bei einigen Arten können sie nach mehreren Häutungen die Außenhaut (Kutikula) ihres Wirts durchbohren und diesen verlassen; sie können sich dann aktiv und frei bewegen. Bei den meisten Fächerflüglern aber leben die Weibchen als Endoparasiten dauerhaft in ihrem Wirt und durchbohren dessen Kutikula nur, um ihren Hinterleib zur Begattung nach außen zu strecken. Die Primärlarven, das erste Larvenstadium der Fächerflügler, weisen eine Größe von nur etwa 230 µm auf; ihre Größe ist damit etwa vergleichbar mit der des einzelligen Pantoffeltierchens (*Paramecium*). Diese Merkmale machen die Strepsiptera zu herausfordernden Untersuchungsobjekten und es erstaunt nicht, dass über die wenigen fossilen Funde kontrovers diskutiert wird.

POHL et al. (2018) haben jetzt eine Strepsipterenlarve (Primärlarve) in Bernstein aus Myanmar beschrieben (Abb. 3). Die Fundstätte wird ins frühe Cenoman gestellt (ca. 100 Millionen rad. Jahre). Das Bernsteinstück (26 x 22 x 10 mm) enthält noch 68 weitere tierische Einschlüsse, darunter neun Milben (Acari) und 46 Larven von Fächerkäfern (Ripiphoridae).

Die Autoren konnten die Larve anhand verschiedener Merkmale und durch Vergleich mit heute vorkommenden Larven eindeutig und klar als Fächerflügler identifizieren. Sie heben hervor, dass die fossile Larve aus der Kreide sich nur in wenigen Details von heute lebenden Vertretern der Familie Mengenillidae unterscheiden. POHL et al. interpretieren diesen Befund als Hinweis darauf, dass seit der Kreide praktisch keine nennenswerten Veränderungen abgelaufen sind und diese Kleinstlarven bereits parasitisch lebten und in großer Zahl gezeugt worden sind. Die Autoren vermuten aufgrund der nahezu identischen morphologischen Merkmale eine nahe Verwandtschaft der fossilen Larve zu den rezenten Strepsipteren der Gattung *Eoxenos*.

Damit liegt in der Untersuchung von POHL et al. (2018) ein weiteres Beispiel von Inkluden (Einschlüs-

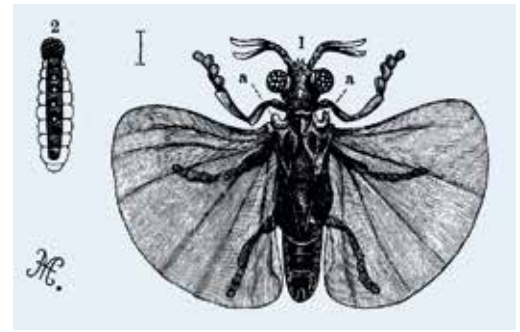


Abb. 1 Fächerflügler. 1 Männchen, 2 Weibchen. Die Tiere gehören verschiedenen Arten an. Die Markierung beträgt etwa 1 mm. (Aus Brehms Tierleben, Insekten; gemeinfrei)



Abb. 2 Drei weibliche Fächerflügler (*Stylops melittae*) parasitieren eine Weidenandbiene (*Andrena vaga*). (Bild: Aiwok, CC BY-SA 3.0)

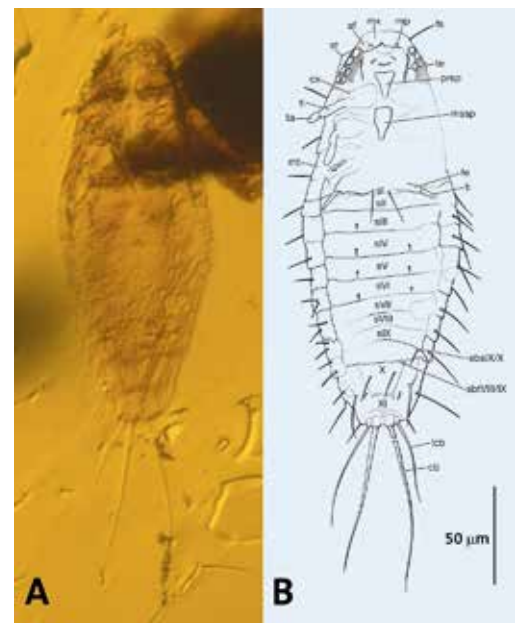


Abb. 3 A Mikroskopische Aufnahme der Larve eines Fächerflüglers, in Bernstein aus Myanmar (Kreide) eingeschlossen; B Zeichnung basierend auf einer fluoreszenzmikroskopischen Aufnahme. (Aus POHL et al. 2018, CC BY 4.0)

sen) vor, die – wie die Autoren ausdrücklich betonen – auffallende Ähnlichkeit mit heutigen Vertretern aufweisen. Hier ist also keine Veränderung erfolgt, es sind keine evolutionären Prozesse abgelaufen. Darüber hinaus weisen die Autoren – quasi im Vorübergehen – darauf hin, dass auch in diesem Inkludenstein durch den „Massenfang“ eine „Moment-