

Selektionsdruck auf, der das kleine Genom erzwingt. Die antarktische Zuckmücke stellt damit ein Beispiel für die enorme Flexibilität von Lebewesen dar und ihr Erbgut könnte sich als gutes Studienobjekt für ein besseres Verständnis der nicht-codierenden DNA-Abschnitte erweisen.

[KELLEY JL, PEYTON JT, FISTON-LAVIER A-S, TEETS NM, YEE M-C, JOHNSTON JS, BUSTAMANTE CD, LEE RE & DENLINGER DL (2014) Compact genome of the antarctic midge is likely an adaption to an extreme environment. Nat. Commun. 5:4611 doi: 10.1038/ncomms5611] H. Binder

■ Mit großen Augen – neue fossile Augenfliegen

Augenfliegen (Pipunculidae) sind durch ihre auffällig großen, fast den gesamten Kopf einnehmenden Augen charakterisiert. Die Weibchen legen

nach dem Paarungsflug ihre Eier als Parasiten (Endoparasiten) in Wirten, meist Zikaden ab. Etwas mehr als 1400 Arten sind beschrieben (etwa 110 davon kommen in Deutschland vor) und weitere ca. 1300 werden – noch nicht wissenschaftlich erfasst – vermutet. Über die Vergangenheit der Augenfliegen weiß man aus der Fossilüberlieferung vergleichsweise wenig. Bisher sind 12 Einschlüsse in Bernstein und 5 Fossilien als Abdrücke (compression fossils) dokumentiert.

Aufgrund genetischer Studien wird das Alter für den Beginn der Entfaltung dieser Familie der Zweiflügler (Diptera) mit ungefähr 70 Millionen Jahren angegeben (WIEGEMANN et al. 2011). Christian KEHLMAIER vom Senckenberg Museum in Dresden hat nun gemeinsam mit Kollegen in zwei Veröffentlichungen

drei fossile Augenfliegen beschreiben. Zwei als Einschlüsse in Baltischem Bernstein erhaltene Formen konnten sie mit computertomographischen Methoden (Micro-CT) sehr genau untersuchen und beschreiben. In einer Pressemitteilung der Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung wird KEHLMAIER mit folgenden Worten zitiert: „Das sind schon ganz besondere Details, die wir an den etwa 40 bis 50 Millionen Jahre alten Tieren zeigen konnten“, um dann fortzufahren: „Die Lebensweise und das Aussehen der Augenfliegen haben sich vor 70 Millionen Jahren entwickelt. Die nun neu beschriebenen fossilen Arten lassen vermuten, dass schon relativ kurz nach der Etablierung der großäugigen Tiere ein reichhaltiges Artenspektrum existiert haben muss, das dem heutigen in keiner Weise nachsteht.“ Befunde dieser Art werden vor allem bei Inklusionen in fossilem Harz regelmäßig angetroffen.

Bei der Interpretation der Fossilfunde im evolutionstheoretischen Deutungsrahmen muss häufig ein schnelles Auftreten angenommen werden, dem nur noch vergleichsweise geringe Änderungen folgten. [ARCHIBALD SB, KEHLMAIER C & MATHEWES RW (2014) Early Eocene big headed flies (Diptera) from the Okanagan Highlands, Western North America. Can. Entomol., doi: 10.4039/tce.2013.79; KEHLMAIER C, DIERICK M & SKEVINGTON JH (2014) Micro-CT studies of amber inclusions reveal internal genital features of big-headed flies, enabling a systematic placement of *Metanephrocerus* Aczél 1948 (Insecta: Diptera: Pipunculidae). Arthropod Systematics & Phylogeny 72, 23-36; WIEGEMANN BM, TRAUTWEIN MD et al. (2011) Episodic radiation in the fly tree of life. Proc. Natl. Acad. Sci. 108, 5690-5695.] H. Binder



Abb. 1 Eine heutige Augenfliege mit den charakteristisch großen Facettenaugen. (© Nikola RAHMÉ, Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung)



Abb. 2 Bisher größte bekannte fossile Augenfliege *Metanephrocerus belgardeae*. (© S. Bruce ARCHIBALD, Senckenberg-Gesellschaft für Naturforschung)

■ Von Anfang bis heute fast unverändert: Programmierter Zellabbau

Die molekularen Bestandteile, die dem programmierten Zellabbau (oder Zelltod, Apoptose) zugrunde liegen, sind zwischen Mensch und Koralle austauschbar. Aus evolutionsbiologischer Perspektive muss ein erstaunliches Ausmaß an evolutionärem Stillstand (Stasis; Konservierung) postuliert werden. Ausgerechnet unter den basalen und damit als

stammesgeschichtlich sehr alt geltenden Vielzellern findet sich das vielseitigste Apoptose-System.

Ein wichtiger formbildender Prozess in der Ontogenese (individuelle Entwicklung von der befruchteten Eizelle bis zum ausgewachsenen Organismus) ist der programmierte Zellabbau, also das physiologische (nicht krankhafte), programmierte Absterben von Zellen (Apoptose). Während es z. B. beim krankhaft bedingten Zelltod in der Regel zu einem unkontrollierten Aufquellen und Zerplatzen der Zelle oder zu einer unkoordinierten Zerstörung von Eiweißen oder Zellorganellen kommt (Nekrose), geschieht die Auflösung der Zellbestandteile und ihr Abbau im Rahmen der Apoptose hochgradig organisiert und physiologisch gesteuert. Apoptose dient damit immer dem Erhalt oder der koordinierten Entwicklung des Organismus. Beispielsweise werden Gewebestrukturen zwischen den ontogenetischen Anlagen von Fingern und Zehen kontrolliert zum Abbau gebracht oder durch die Auflösung der Zellen von Glaskörper und Linse wird die Lichtdurchlässigkeit der Augenlinse ermöglicht. Aber auch im ausgewachsenen Organismus spielt Apoptose eine wichtige Rolle, z. B. in der Kontrolle der Zellzahl und der Größe von Geweben, bei der Entfernung entarteter Zellen oder bei der Rückbildung der Gebärmutter nach der Geburt. Bei der Apoptose werden Nachbarzellen bzw. -gewebe durch austretende Gifte wie im Fall des o.g. krankhaft bedingten Zelltodes nicht geschädigt.

Es ist schon länger bekannt, dass die molekulare Basis der Apoptose hochkonserviert ist, das heißt, sie ist bei sehr verschiedenen Organismengruppen sehr ähnlich, was evolutionstheoretisch so interpretiert wird, dass dieser Mechanismus stammesgeschichtlich sehr früh entstand und anschließend nicht mehr nennenswert verändert wurde. In einer neuen Untersuchung wiesen amerikanische Wissenschaftler (QUISTADA et al. 2014) nach, dass Apoptose auch bei riffbildenden Korallen vorkommt. Diese gelten im Rahmen der Evolutionsanschauung als Repräsentanten einer der ältesten

Tiergruppen. Es zeigte sich, dass alle wesentlichen Komponenten des Apoptose-Programms bei Korallen vorhanden sind und denen des Menschen gleichen. Dabei spielen die Tumornekrosefaktor (TNF)-Superfamilien (TNFRSF/TNFSF) eine zentrale Rolle. Die Wissenschaftler untersuchten 53 Proteine der TNFRSF- und TNFSF-Familien in der riffbildenden Koralle *Acropora digitifera* und stellten große Sequenzähnlichkeiten mit den entsprechenden Proteinen des Menschen fest, besonders bezüglich der aktiven Zentren dieser Eiweiße. Ein Vergleich mit der Taufliege *Drosophila* ergab, dass in dieser Linie im Gegensatz zur Linie zum Menschen wichtige Teile der TNF-Superfamilie fehlen, was evolutionstheoretisch als Verlustentwicklung interpretiert wird. Zuvor war angenommen worden, dass die Zahl der Mitglieder der TNF-Superfamilie nach der Trennung der Linie der Wirbeltiere von der der Wirbellosen zugenommen habe. Nun hat sich herausgestellt, dass im Gegenteil die Korallen das vielseitigste Repertoire der TNF-Superfamilien besitzen.

Die große Ähnlichkeit der molekularen Komponenten des Apoptose-Prozesses bei Korallen und Menschen wurde eindrucksvoll demonstriert durch die Einführung eines menschlichen TNF (HuTNF) in die Korallen. Es zeigte sich, dass es direkt an die Korallen-Zellen bindet, dadurch die Caspase-Aktivität erhöht, was (über eine Kaskade von Prozessen) zur für die Apoptose typischen Bläschenbildung und zum Zellabbau führt. (Caspasen sind Enzyme, die Proteine durch Hydrolyse abbauen und bei der Apoptose eine besondere Rolle spielen.) Umgekehrt führte ein TNF von Korallen (AdTNF1) bei menschlichen Zellen zu einem signifikant häufigeren physiologisch hervorgerufenen Zelltod. TNF von Korallen und Menschen sind also austauschbar.

Beispiele wie der zelluläre Apoptose-Mechanismus zeigen einerseits ein erstaunliches Ausmaß an Konservierung eines zellulären Prozesses und seiner Bestandteile; in evolutionstheoretischer Interpretation muss ein Stillstand bezüglich der Evolution

dieses Mechanismus von mindestens 550 Millionen Jahren angenommen werden. Andererseits werfen sie aber auch die Frage auf, wann und wie ein solcher Mechanismus überhaupt evolutiv entstand. Denn wenn er offenkundig nicht nennenswert veränderbar ist, wie sollen dann hypothetische Vorstufen in irgendeiner Weise funktional und damit existenzfähig sein? Die Daten zeigen einmal mehr: Abruptes Auftreten und dann weitgehend Konstanz eines zentralen biologischen Struktur- und Funktionsgefüges.

[QUISTADA SD, STOTLANDA A et al. (2014) Evolution of TNF-induced apoptosis reveals 550 My of functional conservation. PNAS early ed, doi: 10.1073/pnas.1405912111] R. Junker

■ Ursprung des Mondes: Bestätigung einer Theia-Protoerde-Kollision?

Eine im Juni 2014 veröffentlichte Pressemitteilung der Georg-August-Universität Göttingen lässt durch klare Aussagen aufhorchen: „Mond entstand durch Planetenkollision“ (Titel) und „Wissenschaftler bestätigen Impakthypothese“ (Untertitel). Die Pressemitteilung bezieht sich auf eine kürzlich in *Science* veröffentlichte Studie von HERWARTZ¹ et al. (2014, Zitate unten in Übersetzung), in der erstmals eine minimale Differenz in der Sauerstoff-Isotopenzusammensetzung von Mond- und Erd-Gestein aufgezeigt wird. Dies wertet die Pressestelle der Universität als „sichere“ Bestätigung der Hypothese, nach welcher der Mond aus einer Kollision einer frühen Erde (Protoerde) und eines anderen Planeten bzw. Planetesimals (Theia genannt) entstand.

Für ihre aufwändige Dreifach-Sauerstoffisotopenanalyse untersuchten HERWARTZ et al. lunare Proben der Apollo-Missionen der Jahre 1969–72, terrestrische Proben (Minerale des Erdmantels) und Proben von Meteoriten (Enstatit²-Chondrite³). Als Maß dient das Verhältnis des seltenen Sauerstoffisotops ¹⁷O zum häufigsten Sauerstoffisotop ¹⁶O ($\Delta^{17}\text{O}$). Die Differenz zwischen den untersuchten terrestrischen und lunaren Gesteinen beträgt 12 ± 3 ppm