

chen Wohnung leben? Können aber Tiere ebenfalls solche vernünftigen Entscheidungen treffen? Offenbar ja. Ein Team von Biologen um Nigel FRANKS (University of Bristol, England) testete Schmalbrustameisen, um diese Frage zu beantworten. Schmalbrustameisen eignen sich, da sie kleine bis sehr kleine Kolonien bilden und auch in der Natur häufiger umziehen müssen. Eine komplette Kolonie mit höchstens 300 Arbeiterinnen hat beispielsweise in einer hohlen Eichel oder Walnuß Platz oder lebt in Rinden- oder Steinritzen. Diese Ameisen wurden nun in künstliche Nester mit fünf verschiedenen „Attraktivitätsgraden“ gesetzt. Unattraktiv sind zu flache, helle Nester mit einem weiten Eingang. Bevorzugt sind Dunkelheit, ein schmaler Eingang und eine genügende Deckenhöhe. Mittels Beobachtung wurde ermittelt, wie viele Ameisen sich in einer gewissen Zeit vom Nest entfernen, also wie häufig ein Kundschafter-Verhalten beobachtbar ist. Dabei ergab sich ein eindeutiger Zusammenhang zwischen Nestqualität und Suchverhalten: Wie zu erwarten suchten die Ameisen bei schlechten Nestern häufiger. Trotz eines im Grunde sehr einfachen Versuchsaufbaus konnte so zum ersten Mal gezeigt werden, dass Ameisen kollektiv auf ihre Wohnsituation reagieren und offenkundig eine Kosten/Nutzen-Abwägung durchführen. Suchen verbraucht Zeit und Ressourcen und die jetzige Behausung ist ja vorhanden. Je schlechter aber die Wohnsituation ist, umso größer die Chance, eine bessere Nistmöglichkeit zu finden, welche die bei der Suche verbrauchten Ressourcen wenigstens zum Teil oder darüber hinaus wieder aufwiegt. Die Ameisen sind also in der Lage, ihre jeweilige Wohnsituation einzuschätzen: Sie drückt sich in der Anzahl an suchenden Tieren aus. Dieses Verhalten zeigt außerdem die bemerkenswerte Fähigkeit der Ameisen, mit vorhandenen Ressourcen auch in unserem Sinne ökonomisch (d.h. Abwägung Kosten gegen Nutzen) umzugehen. Bei diesen häufig umziehenden Ameisenarten wäre es ja auch denkbar, dass sie beispielsweise in einem festgelegten Rhythmus

einfach umziehen. Das könnte aber bedeuten, dass sie eine optimale Wohnmöglichkeit „ohne Not“ verlassen. Ein solches Verhalten wäre unökonomisch und tritt offenbar hier nicht auf.

[DORAN C, PEARCE T, CONNOR A, SCHLEGEL T, FRANKLIN E, SENDOVA-FRANKS AB & FRANKS NR (2013) Economic investment by ant colonies in searches for better homes. *Biol Lett* 9: 20130685; vgl. http://www.wissenschaft.de/leben-umwelt/biologie/-/journal_content/56/12054/2260536] N. Winkler

■ Frühe Verschiedenartigkeit

Eine systematische Studie über die Fossilabfolgen verschiedener Organismengruppen zeigt – entgegen evolutionstheoretischen Erwartungen – einen klaren Trend: Das größte Ausmaß der Verschiedenartigkeit (s. Kasten) der untersuchten Gruppen wird frühzeitig erreicht und nimmt im Laufe der Fossilüberlieferung ab.

In Charles DARWINS Hauptwerk *On the origin of species* ist eine einzige Abbildung abgedruckt: Ein Baum mit allmählich zunehmender Verzweigung und zunehmender Verschiedenartigkeit (zum Begriff siehe Kasten). Die aufgezweigten Formen werden also im Laufe der Zeit allmählich unterschiedlicher. Am Anfang sind die Unterschiede zwischen den aufgespaltenen Formen noch gering, doch mit der Zeit nimmt die Verschiedenartigkeit immer mehr zu. Diese Darstellung ist folgerichtig, wenn die Lebewesen durch graduelle Evolution entstanden sind. Die experimentelle Forschung der Evolutionsmechanismen

unterstützt die Erwartung gradueller Veränderungen. Größere sprunghafte Änderungen (wie z. B. vier- statt zweiflügelige Taufiegen) kommen zwar auch vor, ihre Träger sind aber weniger konkurrenzfähig, falls sie überhaupt lebensfähig sind. Neuere Hypothesen, wonach selbst morphologische (die Gestalt, den Bau betreffende) Evolution sprunghaft durch Änderungen in der Verschaltung von (Regulations-)Genen ablaufen könne, sind weitgehend spekulativ, da nicht durch experimentelle Daten gedeckt.

Dementsprechend könnte man erwarten, dass die Fossilüberlieferung von Tier- und Pflanzengruppen einem sich allmählich verzweigenden Baum ähnelt. Doch wie die paläontologische Fachliteratur schon lange zeigt, trifft das nicht zu. Vielmehr scheinen die Stammbäume in gewisser Hinsicht auf dem Kopf zu stehen. Besonders ausgeprägt ist das bei der sogenannten „kambrischen Explosion“ der Fall (VALENTINE 2004, ERWIN & VALENTINE 2013). Nun haben HUGHES et al. (2013) diesen Befund durch eine umfangreiche Studie bestätigt.

Die Autoren führten eine Meta-Analyse von 98 Vielzellergruppen durch und ermittelten das Ausmaß an Verschiedenartigkeit der Gruppen im Laufe der Zeit. Sie stellten fest, dass eine früh etablierte *große Verschiedenartigkeit* das vorherrschende Muster während des gesamten Phanerozoikums (siehe Kasten) ist, d. h. seit Beginn der fossilen Vielzeller-Überlieferung (kambrische Explosion) bis zur Gegenwart. Dabei nimmt die Verschiedenartigkeit nach einem frühen Maximum im Laufe der Zeit wieder ab. Es sei auch kein Trend in den Verschiedenartigkeitsprofilen während dieser gesamten Zeitspanne erkennbar. Ausnahmen von diesem Befund gebe es nur bei Massenaussterbeereignissen sowie bei Formengruppen, die sich erst in jüngerer erdgeschichtlicher Zeit entfaltet haben und gegenwärtig noch existieren.

Dieser Befund steht den evolutionstheoretischen Erwartungen entgegen. Als Erklärung schlagen die Autoren vor, die schnell etablierte große Verschiedenartigkeit sei Folge

Verschiedenartigkeit

Mit Verschiedenartigkeit (disparity) wird die morphologische Variation, also die Unterschiedlichkeit von Bauplänen innerhalb einer größeren Formengruppe bezeichnet, im Gegensatz zur Vielfalt (diversity) innerhalb eines engen Verwandtschaftskreises. Beispielsweise würde man zehn Hunderassen als vielfältig bezeichnen, dagegen zehn sehr verschiedene Säugetierarten (etwa von Fledermaus bis Blauwal) als verschiedenartig.

Phanerozoikum

Das Phanerozoikum umfasst alle geologischen Systeme, die in nennenswertem Umfang Vielzeller-Fossilien bergen, das sind alle Systeme vom Kambrium bis heute. „Phanerozoikum“ bedeutet „das Leben erscheint“ (in fossil erhaltener Form). Mittlerweile sind auch im jüngeren Präkambrium eine Reihe von Vielzellergruppen entdeckt worden; diese zeigen im Großen und Ganzen jedoch wenige Ähnlichkeiten mit den Fossilien seit dem Kambrium.

der Evolution von Schlüsselneheiten. Weniger wahrscheinlich seien dagegen Änderungen, die Umweltbedingungen als Ursache hatten, oder die durch katastrophische Umweltveränderungen eingetreten seien.

Kommentar. Alle genannten Erklärungsversuche sind jedoch ungeeignet, da sie nur als *Begleiterscheinungen* und nicht als *Ursachen* gelten können. Mit dem Nachweis von Begleitumständen ist aber niemals eine kausale Begründung gegeben. Wenn z. B. das Auftreten evolutionärer Neuheiten mit großer Verschiedenartigkeit am Beginn der Entfaltung einhergeht, resultiert daraus keine Erklärung, *woher* diese Neuheiten kommen und wie sie entstanden sind. Vielmehr wird das Ausmaß an Verschiedenartigkeit gerade an der Zahl unterschiedlicher Baupläne gemessen, die in evolutionstheoretischer Perspektive natürlich mit dem Auftreten von Neuheiten korreliert. Darin eine Ursache für das Phänomen der schnell etablierten Verschiedenartigkeit zu sehen, wäre ein Zirkelschluss.

Dass die Verschiedenartigkeit im Laufe der Zeit tendenziell eher abnimmt, könnte – so die Autoren – mit wachsenden Entwicklungszwängen (developmental constraints) zusammenhängen. Das heißt, je mehr die verschiedenen Organe der Lebewesen im Laufe der Zeit miteinander in Wechselwirkung treten, desto weniger konnte das Gesamtgefüge geändert werden. Auch diese Vorstellung ist spekulativ, darüber hinaus wenig plausibel, denn evolutionstheoretisch gesehen müssten vielfach Konstruktionszwänge

wieder aufgebrochen worden sein. Wie dies funktioniert und wie anschließend auf diese Weise immer wieder vergleichsweise schnell eine große Verschiedenartigkeit relativ frühzeitig in der (Fossil-)Geschichte von Organismengruppen etabliert wurde, ist unbekannt. Zudem ist unbekannt, wie komplexere Lebewesen mit deutlich geringeren Konstruktionszwängen existieren könnten.

[ERWIN D & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado; HUGHES M, GERBER S & WILLS MA (2013) Clades reach highest morphological disparity early in their evolution. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 110, 13875-13879; VALENTINE JW (2004) On the origin of phyla. Chicago and London.]
R. Junker

■ Geheimnisvolle DNA – überlagernde Codes im Genom

Die Hinweise mehren sich, dass in der DNA, in der das Genom (gesamtes Erbgut eines Individuums) niedergelegt ist, dem „universellen“ genetischen Code für die Biosynthese von Proteinen verschiedene weitere Codes überlagert sind. Jüngst wurden experimentelle Befunde veröffentlicht, die zeigen, dass die Bindung von bestimmten Proteinen (sog. Transkriptionsfaktoren) an die DNA davon beeinflusst wird, welche Nukleotide in den Codons (Abfolge von drei Nukleobasen [= Triplet], die eine Aminosäure codiert) verwendet werden.¹ Ein und dieselbe DNA-Sequenz wird in diesen Fällen also auf mindestens zwei ganz verschiedene Weisen genutzt.

Nachdem WATSON & CRICK (1953) die Struktur der Doppelhelix für die DNA veröffentlicht hatten, wurde in den folgenden Jahren viel Forschung in die Entschlüsselung des genetischen Codes investiert. Das Schlüsselexperiment gelang Heinrich MATTHAEI im Labor von Marshall NIRENBERG am 27. Mai 1961. Die vollständige Zuordnung der 64 Nukleotidtripletts zu den 20 Aminosäuren, die für Proteine als Baustein verwendet werden, gelang bis 1966 vor allem auch durch die Beiträge aus der Arbeitsgruppe von KHORANA. Die vor allem in den letz-

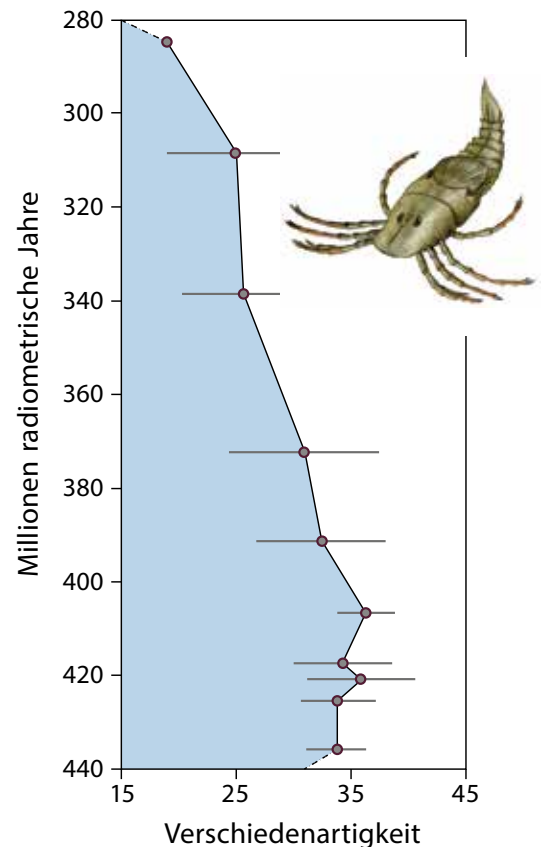


Abb. 1 Ausmaß der Verschiedenartigkeit im Laufe der erdgeschichtlichen Zeit am Beispiel der Styronurina, einer der zwei Unterordnungen aus der Ordnung der Seeskorpione (Eurypterida). Sie gelten als die basalen (ursprünglichen) Eurypteriden. Große Verschiedenartigkeit ist früh etabliert und nimmt dann tendenziell ab. (Nach HUGHES et al. 2013; kleines Bild: *Megarachne servinei* aus dem Oberkarbon, GNU Freie Dokumentations-Lizenz)

ten Jahren mit der Erforschung des menschlichen Genoms gesammelte Erfahrung, dass nur ein vergleichsweise kleiner Teil des Genoms für Proteine codiert, verstärkte die Fragen nach weiteren Funktionen des Genoms.

Inzwischen ist klar, dass manche Proteine spezifisch an DNA binden und dadurch die Verfügbarkeit der dort codierten Information regulieren. Auch die Wechselwirkung von DNA-Sequenzen mit verschiedenen RNA-Molekülen beeinflusst die Aktivität von Genen. WEATERITT & BABU (2013) sind der Meinung, dass die Bindungen von Proteinen und RNA an bestimmte genomische DNA-Sequenzen als unabhängige zusätzliche Codes betrachtet werden können. Beispielsweise untersuchten STERACHIS et al. (2013) die Bindung eines bestimmten Typs von Proteinen, sogenannten Transkriptionsfaktoren, an die DNA des menschlichen Genoms in 81 verschiedenen Zell-