

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-

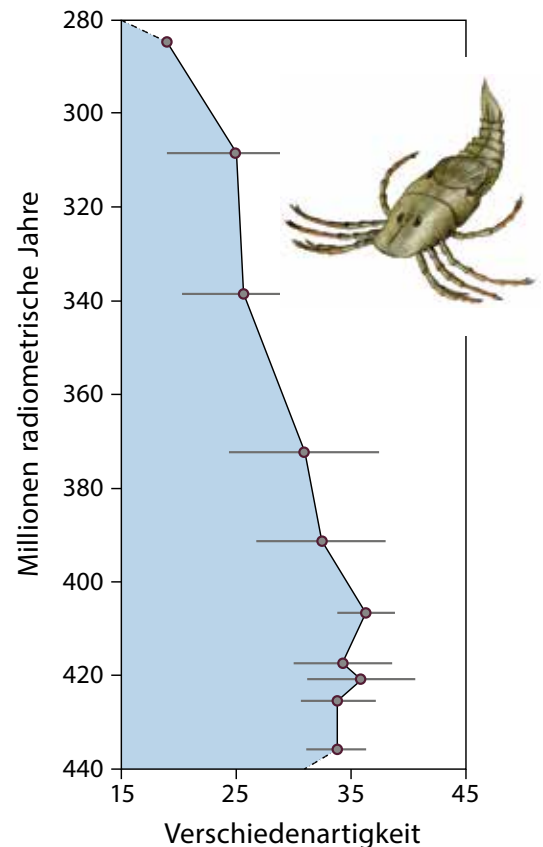


Abb. 1 Ausmaß der Verschiedenartigkeit im Laufe der erdgeschichtlichen Zeit am Beispiel der Styronurina, einer der zwei Unterordnungen aus der Ordnung der Seeskorpione (Eurypterida). Sie gelten als die basalen (ursprünglichen) Eurypteriden. Große Verschiedenartigkeit ist früh etabliert und nimmt dann 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-

typen. Sie konnten zeigen, dass etwa 15% der Codons eines Gens (also den Basentriplets, die sonst für eine Aminosäure codieren) in rund 87% der menschlichen Gene auch in die Bindung mit Transkriptionsfaktoren einbezogen werden. Die Autoren bezeichnen diese Genbereiche als „Duone“ und bringen damit zum Ausdruck, dass sie Information auf zwei Weisen codieren: einmal „klassisch“ für Proteine und zusätzlich durch die Bindung der Transkriptionsfaktoren für Regulation der Gene.

Die Wechselwirkung eines Proteins mit einer DNA-Sequenz, die gleichzeitig ein Protein codiert, stellt besondere Anforderungen an die genutzten Codons und die dadurch festgelegten Aminosäuren. STERACHIS et al. untersuchten die Auswirkung des Austausches einzelner Nukleotide in Duonen auf die Fähigkeit, Transkriptionsfaktoren zu binden. Zunächst stellten sie dazu die bekannten genetischen Varianten zusammen, die mit Krankheiten oder mit einer veränderten Funktion der Duonen in Zusammenhang gebracht werden. Mehr als 17% der Duonen, in denen einzelne Nukleotide ausgetauscht waren, zeigten eine veränderte Bindung der Transkriptionsfaktoren. Der Austausch von synonymen Codons, die also für dieselbe Aminosäure in den Proteinen codieren, führt zwar zum selben funktionsfähigen Protein, jedoch zu einer Veränderung der Bindung der Transkriptionsfaktoren. Dieser Befund deutet darauf hin, dass einige Änderungen in Duonen hauptsächlich ihre Transkriptionsfaktor-Bindung beeinflussen. Änderungen in der DNA-Sequenz können somit offensichtlich auch dann Krankheiten verursachen, wenn sie gar nicht zu Modifikationen in Proteinen führen. Der Austausch einzelner Nukleotide (single nucleotide polymorphism; snp) im Genom kann also auf vielfältige Weise einen Organismus beeinflussen; das gesamte Spektrum von regulatorischen Codes muss somit in Betracht gezogen werden.

Die Erkenntnis, dass im Genom verschiedene Codes enthalten sind und genutzt werden, eröffnet Einblicke in eine „Violdimensionalität“ des Genoms. Diese erst ansatzweise

verstandene Komplexität des Erbguts kann zum Staunen führen und eröffnet völlig neue Fragestellungen. Bisherige Vorstellungen zur Entstehung der im Genom abgespeicherten Information müssen neu überdacht werden, da die DNA-Sequenzen mit einer bisher ungeahnten Vielfalt an Codes abgelesen werden (s. z. B. auch FELLNER et al. 2014).

¹ Aufgrund der Degeneration des genetischen Codes werden dieselben Aminosäuren durch verschiedene Codons codiert. Die Bindung von Transkriptionsfaktoren an die DNA hat aber einen Einfluss auf die Wahl der verwendeten Codons für eine bestimmte Aminosäure. [FELLNER L, BECHTEL N, WITTING MA, SION S, SCHMITT-KOPPLIN P, KEIM D, SCHERER S & NEUHAUS K (2014) Phenotype of *htgA* (*mbiA*), a recently evolved orphan gene *Escherichia coli* and *Shigella*, completely overlapping in antisense to *yaaW*. FEMS Microbiol. Lett. 350, 57-64; TERGACHIS AB, HAUGEN E, SHAFER A, FU W, VERNOT B, REYNOLD A, RAUBITSCHKE A, ZIEGLER S, LEPROUSR EM, AKEY JM & STAMATOYANNOPOULOS JA (2013) Exonic transcription factor binding directs codon choice and affects protein evolution. Science 342, 1367-1372; WEATHERITT RJ & BABU MM (2013) The hidden codes that shape protein evolution. Science 342, 1325-1326; WATSON JD & CRICK FHC (1953) Molecular structure of nucleic acids. Nature 171, 737-738.] H. Binder

■ Bienen im Anflug

Honigbienen sind vermutlich die am besten wissenschaftlich untersuchten Insekten. Das liegt einerseits an ihrem ungeheuren Nutzen für uns Menschen als Honiglieferanten und als Bestäuber unserer Nutzpflanzen. Andererseits sind sie nicht nur als Einzeltiere, sondern auch als „Superorganismus“ faszinierende Studienobjekte. Doch selbst bei einem so intensiv untersuchten Lebewesen kommt es immer wieder zu neuen Entdeckungen. Eine der jüngsten wissenschaftlichen Überraschungen liefert das Navigationsvermögen der Bienen und der dazu verwendete optische Steuerungsmechanismus. Forscher aus Schweden (Emily BAIRD), Deutschland (Norbert BOEDDEKER) und Australien (Michael R. IBBOTSON, Mandyam V. SRINIVASAN) konnten nachweisen, dass Bienen ihre Anfluggeschwindigkeit anhand optischer Eindrücke steuern (BAIRD et al. 2013). Bewegt man sich z. B. fliegend wie die Biene

auf ein Objekt mit einem bestimmten Umfang zu, vergrößert sich der scheinbare Durchmesser des Objektes innerhalb des zur Verfügung stehenden Gesichtsfeldes (Bildfeld) dem Strahlensatz entsprechend. Die Geschwindigkeit der Objektgrößenänderung innerhalb des Gesichtsfeldes korreliert mit der Variation der Annäherungsgeschwindigkeit. Beim gebremsten Anflug beispielsweise verlangsamt sich die Vergrößerung, bis bei Stillstand vor dem Objekt auch die Vergrößerung innerhalb des Gesichtsfeldes zum Stillstand kommt. Über diesen optischen Effekt der prozentualen Größenänderung eines Objektes innerhalb des Gesichtsfeldes steuern Bienen ganz offensichtlich die Geschwindigkeit ihres Anfluges z. B. an eine Blüte.

Um herauszufinden, ob Bienen sich mit Hilfe dieses Effekts an Objekte annähern, benutzten die Forscher eine Spirale, mit der sie ein optisches Täuschungsmanöver durchführten. Dies bildete den Kern des erforderlichen Versuchsaufbaus, um das entscheidende Element der Bienenavigation überprüfen zu können. Eine sich Richtung Krümmungsmaximum drehende schwarze Spirale auf weißem Grund täuscht eine Annäherung an deren Zentrum vor, selbst wenn man den Abstand zur Spirale unverändert beibehält. Dreht sich die Spirale anders herum, ist der Effekt gegenläufig. Es entsteht dann der Eindruck, dass man sich vom Mittelpunkt der Spirale entfernt. In der Mitte sich drehender Spiralen wurde im Versuch attraktives Futter angeboten. Die anfliegenden Bienen konnten so nachweislich manipuliert bzw. eine größere oder geringere Anfluggeschwindigkeit vorgetäuscht werden. Entweder stoppten die Bienen daraufhin ihren Flug weit vor der vermeintlichen Futterquelle oder sie kollidierten kaum gebremst mit der Scheibe. Die Art der Abstandskontrolle bei der Navigation während des Landeanfluges war damit nachgewiesen.

Solche Beispiele animieren Forscher zur Nachahmung in der Technik. Flugzeuge und Helikopter nutzen bisher sehr aufwändige Systeme, um den Landeanflug zu steuern. Hierbei werden vor allem