

nicht vorteilhaft, selbst wenn man zugunsten des evolutionstheoretischen Arguments davon absieht, dass Zebrafische sich vom mutmaßlichen Landwirbeltier-Vorfahren erheblich unterscheiden (s.o.). Die durch die Experimente erfolgten Abwandlungen der Brustflossen würden selbst ohne den oben erwähnten fatalen Kollateralschaden keinerlei Vorteil für einen Fisch bringen. Dafür wären Hand in Hand gehende zahlreiche weitere abgestimmte Änderungen erforderlich, die dem Träger einer solch umgebauten Extremität wenigstens keinen Nachteil bescheren. Mit den so erzeugten „Beinchen“ kann der Fisch nichts anfangen, er stirbt ihretwegen bereits, bevor er diese in irgendeiner Weise nutzen kann.

Auch wenn beim hypothetischen Übergang vom Wasser ans Land nicht alle dafür erforderlichen Umbauten gleichzeitig erfolgen müssen: Eine isolierte Betrachtung von lediglich einzelnen Aspekten wird der biologischen Realität hier wie an vielen anderen Stellen nicht gerecht.

Anmerkungen

- ¹ Hox-Gene sind auch bei der Ausformung der Körperachse wesentlich beteiligt.
- ² Steuerelemente, die gewöhnlich vor dem betreffenden Gen liegen und durch deren Aktivität das betreffende Gen hochreguliert wird, so dass dieses vermehrt exprimiert (abgelesen, genutzt) wird.

Literatur

- FREITAS R, GÓMEZ-MARÍN C, WILSON JM, CASARES F & GÓMEZ-SKARMETA JL (2012) Hoxd13 Contribution to the Evolution of Vertebrate Appendages. *Dev. Cell*, dx.doi.org/10.1016/j.devcel.2012.10.015
- SCHNEIDER I & SHUBIN NH (2012) Making Limbs from Fins. *Dev. Cell*, dx.doi.org/10.1016/j.devcel.2012.11.011
- BOISVERT CA, JOSS JMP & AHLBERG PE (2013) Comparative pelvic development of the axolotl (*Ambystoma mexicanum*) and the Australian lungfish (*Neoceratodus forsteri*): conservation and innovation across the fish-tetrapod transition. *EvoDevo* 2013, 4:3, doi:10.1186/2041-9139-4-3

Genomdaten aus fossilem Pferdeknochen

Das älteste bisher ermittelte komplette Erbgut

Moderne, leistungsfähige Methoden zur DNA-Sequenzierung erleichtern die Gewinnung von Genomdaten. Dies wird in zunehmendem Maße auch in der Paläontologie genutzt, um Informationen über das Erbgut aus Fossilien und damit molekularbiologische Daten aus der Vergangenheit zu erhalten. Die Fossilien, die für die hier vorgestellte Studie genutzt wurden, weisen das bisher höchste radiometrisch bestimmte Alter für erfolgreiche Genomsequenzierung auf. Wie zuverlässig sind diese Informationen und welche Probleme gilt es bei deren Interpretation zu bedenken?

Harald Binder

Im Nordwesten Kanadas (Yukon Territory) war 2003 aus Permafrostboden der fossile Mittelhandknochen eines Pferdes geborgen worden. Zu den geologischen Gegebenheiten der Fundstelle und der Datierung machen ORLANDO et al. (2013) folgende Angaben: Das fossile Knochenfragment stammt aus einer Einheit mit organischen Komponenten, die gemeinsam mit Vulkanasche in Eisschichten abgelagert worden sind. Die Vulkanasche (Gold Run volcanic ash) war radiometrisch auf ein Alter von $735\,000 \pm 88\,000$ Jahren datiert worden. Resteiskeile unter der genannten Schicht belegen eine durchgängige Permafrostsituation seit der Ablagerung, auch wenn Hinweise auf zwischenzeitlich mildere Bedingungen vorliegen. Aufgrund dieser und weiterer Befunde geben die Autoren für das Fossil ein Alter von 560 000 bis 780 000 Jahren an. Morphologische Hinweise unterstützen eine

Einordnung ins Mittlere Pleistozän ebenso wie begleitende Fossilien kleiner Säuger und ein unendliches Radiokarbonalter (^{14}C).

Massenspektrometrische Analysen des fossilen Knochenfragments lieferten Hinweise auf das Eiweiß Kollagen in der Knochenmatrix sowie auf weitere 73 Proteine, darunter Peptide, die aus dem Blut stammen.

Diese Hinweise auf gute Erhaltung von Biomakromolekülen in dem fossilen Pferdeknochen veranlassten ORLANDO et al. (2013), die Probe für die Untersuchung auf fossile DNA zu nutzen. Mit modernen, leistungsfähigen Technologien zur DNA-Sequenzierung wurde das gesamte Erbgut ermittelt und unter Nutzung des Pferde-Referenz-Genoms zusammengestellt. Zu Vergleichszwecken und für phylogenetische Analysen sequenzierten ORLANDO et al. (2013) noch ein weiteres Pferdefossil aus dem Jungpleis-



Abb. 1 Przewalski-Pferde. Das Genom dieser Wildpferde wurde im Zusammenhang mit der hier vorgestellten Studie ermittelt. Das Genom dieser letzten Wildpferdpopulation weist eine auffällig große Variationsbreite auf. (GNU Freie Dokumentationslizenz)

tozän (radiometrisches Alter: 43 000 Jahre), fünf verschiedene heute lebende Pferderassen (*Equus ferus caballus*), ein Przewalski-Pferd (*E. przewalskii*) und einen Afrikanischen Esel (*E. asinus*).

Aufgrund vergleichender Genomstudien kommen die Autoren u. a. zu folgenden Aussagen:

- Die Pferdelineie, von der alle heutigen Pferde, Zebras und Esel abstammen, entstand vor 4,0–4,5 Millionen Jahren (das ist das Doppelte des bisher allgemein akzeptierten Alters für den letzten gemeinsamen Vorfahren der heutigen Pferdeartigen).
- Die Entwicklungslinien von Przewalski- und modernen Pferden haben sich vor 38 000–72 000 Jahren aufgespalten; es gibt keine Hinweise auf spätere Vermischung.
- Przewalski-Pferde weisen eine große genetische Variationsbreite auf, vergleichbar mit der der domestizierten Pferdepopulationen.
- 29 Bereiche im Pferdegenom scheinen durch die Domestikation beeinflusst zu sein.

Auch wenn die phylogenetischen Aspekte der Veröffentlichung von ORLANDO et al. (2013) hier nicht weiter diskutiert werden, so sei doch auf die Diskrepanz zwischen den zeitlichen Vorstellungen zur Entwicklung der Pferdeartigen anhand von morphologischen Merkmalen und derjenigen, die hier aufgrund molekularbiologischer Daten ermittelt wurde. Welchen Daten bzw. deren entsprechende Interpretation soll aus welchen Gründen der Vorzug gegeben werden? Dieser Konflikt scheint derzeit nicht nur bei den Pferdeartigen nicht entscheidbar.

Anmerkungen zu Genomdaten aus Fossilfunden

Bisher waren die ältesten Genomdaten an Bärenfossilien bestimmt worden, für die ein Alter von 110 000 – 130 000 Jahren angegeben wird; für die Fossilien, die für die Genome von Neandertalern oder Denisova-Menschen genutzt wurden, lauten die entsprechenden Altersangaben ca. 48 000 bzw. 30 000 – 48 000 Jahre.

Angeichts der Laborerfahrungen beim Umgang mit DNA und deren chemischer Beständigkeit ist nach wie vor nicht verstanden – im Sinne molekularer Mechanismen, für die empirische Befunde angeführt werden können –, wie DNA-Makromoleküle so lange Zeiträume unter entsprechenden geologischen Bedingungen erhalten bleiben.

ALLENTOFFT et al. (2012) haben an 158 Fossilien der als ausgestorben geltenden neuseeländischen Laufvögel Moa Untersuchungen zur Zerfallsgeschwindigkeit von DNA in Fossilien vorgelegt. Diese Moa-Fossilien aus 3 Fundstellen weisen Radiokarbonalter von ca. 600 bis ca. 7800 Jahren auf. Aufgrund der geologischen Gegebenheiten gehen die Autoren davon aus, dass die Bedingungen in den Fossilagerstätten vergleichbar sind. Sie haben damit erstmals die Gelegenheit, eine erstaunliche Vielzahl von Fossilien mit unterschiedlichen radiometrisch bestimmten Altern zu untersuchen und damit Hinweise auf die Zerfallsgeschwindigkeit (Kinetik) der DNA zu finden.

Für ein DNA-Polymer aus 242 Basenpaaren ermitteln die Autoren auf der Basis der Daten der Moa-Fossilien eine Halbwertszeit von 521 Jahren, was eine Nukleotid-Zerfallsrate von $5,5 \times 10^{-6}$ pro Jahr entspricht. Bei den entsprechenden geologischen Lagerungsbedingungen mit einer Temperatur von 13,1 °C ist diese Rate damit fast 400 mal langsamer als eine vergleichbare im Labor bestimmte Geschwindigkeit für Depurinierung (Abspaltung der Purin-Heterocyclen aus DNA-Molekülen) bei pH 5. Die Autoren diskutieren diese Diskrepanz und unterbreiten Vorschläge, wie der Unterschied zwischen den Zerfallsgeschwindigkeiten verringert werden könnte. Die Bedingungen im Labor sind im Vergleich zu den Gegebenheiten während der Fossilisation und Lagerungen sehr viel besser zu bestimmen und zu kontrollieren. Die Annahmen über die physikalisch-chemischen Randbedingungen und deren Änderungen während langer Zeiten sind dagegen mit großen Unsicherheiten behaftet.

ALLENTOFT et al. (2012) ziehen aus den kinetischen Daten ihrer Untersuchung an den Moa-Fossilien den Schluss, dass in Proben aus tiefgekühlten Lagerstätten auch nach mehr als einer Million Jahren noch sequenzierbare DNA-Fragmente vorhanden sein könnten.

Das von ORLANDO et al. (2013) vorgelegte fossile Pferdegenom passt in diesen von ALLENTOFT et al. (2012) aufgespannten Zeitrahmen (s. MILLAR & LAMBERT 2013). Die oben genannte

Feststellung, dass ein Verständnis der zugrundeliegenden chemischen Prozesse noch aussteht, ist durch weitere Genomdaten aus fossilen Proben nicht einfach vom Tisch zu wischen. Die verfügbaren sehr leistungsfähigen Methoden zur DNA-Sequenzierung lassen zukünftig weitere Untersuchungen dieser Art erwarten, die auch Hinweise liefern könnten zur Lösung der derzeitigen Diskrepanz zwischen chemischer Stabilität von DNA im Labor und wachsender Datenmenge zu Genomsequenzen aus alten Fossilien.

Für ein mechanistisches Verständnis der für die Erhaltung von Biomakromolekülen notwendigen Prozesse sind intensivere Bemühungen notwendig, vergleichbare Abläufe unter Laborbedingungen zu simulieren. Ob sie dazu führen, die Diskrepanz zwischen bisher bekannten Erfahrungen aus dem Labor und den Untersuchungen an Fossilien zu verringern, bleibt abzuwarten.

Literatur

- ALLENTOFT ME, COLLINS M, HARKER D, HAILE J, OSKAM CL, HALE ML, CAMPOS PF, SAMANIENGO JA, GILBERT MTP, WILLERSLEV E, ZHANG G, SCOFIELD RP, HOLDAWAY RN & BUNCE M (2013) The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils. *Proc. R. Soc. B* doi:10.1098/rspb.2012.1745
- MILLAR CD & LAMBERT DM (2013) Towards a million year-old genome. *Nature* doi: 10.1038/nature12263
- ORLANDO L et al. (2013) Recalibrating *Equus* evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature* doi: 10.1038/nature12323

Das Sporangien-Katapult – ein miniaturisierter Schleudermechanismus

Die im Pflanzenreich als relativ ursprünglich geltenden Farne besitzen einen sehr effizienten, biomechanischen Verbreitungsmechanismus für ihre Sporen. Neuere Untersuchungen eröffnen einen detaillierten Einblick in eine ausgeklügelte Sporangien-Schleuder, gegen die mittelalterliche Steinschleudern ausgesprochen primitiv sind.

Winfried Borlinghaus

Die meisten Farne besitzen auf ihrer Blattunterseite deutlich erkennbare bräunliche Flecken (Sori), die sicher jedem aufmerksamen Naturbeobachter schon aufgefallen sind (Abb. 1, 2). Sie können sehr unterschiedliche Formen aufweisen. Bei dem in Deutschland verbreiteten Tüpfelfarn (*Polypodium vulgare*) sind es kreisrunde „Tüpfel“. Betrachtet man diese genauer, erkennt man bei entsprechender Vergrößerung, dass sie aus unzähligen Sporenbehältern bestehen. Diese als Sporangien bezeichneten

Miniatur-Behälter enthalten die der ungeschlechtlichen Fortpflanzung dienenden Sporen der Farne.

Das einzelne Sporangium entpuppt sich unter dem Mikroskop als ausgefeilte Schleudervorrichtung – ein regelrechtes Miniatur-Katapult! Die ausgeklügelte Mechanik sorgt dafür, dass die Sporen des Farns mit hoher Geschwindigkeit weggeschleudert werden. Die Schleuderkraft des miniaturisierten Katapultes bewirkt gemeinsam mit dem Wind eine effiziente Verbreitung der