



Abb.1 Wasserfledermaus *Myotis daubentonii* im Flug. Foto: Guido GERDING, GNU Freie Dokumentationslizenz

nen. Biologen von der Universität von Süddänemark in Odense und der Universität von Pennsylvania in Philadelphia kamen den Fledermäusen nun auf die Schliche (ELEMANS et al. 2011). Sie entdeckten bei Wasserfledermäusen (die knapp über Wasseroberflächen nach Insekten jagen) hochspezialisierte „superschnelle“ Muskeln, deren Tätigkeit die schnellen Laute ermöglicht. Experimente mit isolierten Muskelfaserbündeln des Kehlkopfs von *Myotis daubentonii* zeigten, dass die Kehlkopfmuskeln der Fledermaus sich bis zu 200 Mal pro Sekunde zusammenziehen können. Der Kehlkopfmuskel kann sich damit bis zu zwanzig Mal schneller zusammenziehen als die schnellsten Muskeln des Menschen, die bei der Augenbewegung gebraucht werden (d. h. diese kontrahieren nur 20 mal pro Sekunde).

Außerdem konnten die Forscher zeigen, dass die Leistungsfähigkeit des Kehlkopfmuskels der limitierende Faktor bei der Häufigkeit der Laute ist und nicht die bei Annäherungen an die Beute zunehmende Überlappung von Ruf und Echo.

Die superschnellen Muskeln des Kehlkopfs sind aber auch noch aus einem weiteren Grund interessant. In *Spektrumdirekt* wird Coren ELEMANS mit folgenden Aussagen über den superschnellen Muskeltypus zitiert: „Das ist eine ganz andere

Muskelart als unsere normalen Skelettmuskeln. ... Wir haben etliche Anpassungen auf zellulärer und molekularer Ebene gefunden, zum Beispiel eine stark erhöhte Mitochondrienanzahl und sehr viel mehr sarkoplasmatisches Retikulum, welches Kalzium in und aus der Zelle pumpt.“ Dieser Muskeltypus ist auch bei Klapperschlangen, einigen Fischen und Vögeln bekannt, also bei Arten, die in der Systematik deutlich getrennt stehen. Er müsste also mehrfach unabhängig, konvergent entstanden sein. In allen Fällen spielen die superschnellen Muskeln eine wichtige Rolle bei der akustischen Kommunikation. So zwitschern auch Singvögel mit Hilfe superschneller Stimmuskeln. Beim Europäischen Star (*Sturnus vulgaris*) und beim Zebrafinken (*Taeniopygia guttata*) dauert ein Zyklus von Kontraktion und Entspannung nur 3–4 Millisekunden (ELEMANS et al. 2008). Mit dem Nachweis von superschnellen Muskeln bei Wasserfledermäusen sind nun diese erstmals auch bei Säugetieren beschrieben worden. Ihre Verteilung bei verschiedenen Tieren erfordert eine mehrfach unabhängige Entstehung, was die Existenz dieser besonderen Muskeln noch erstaunlicher macht.

[Anonymus (2011) Fledermäuse orten dank superschneller Muskeln. www.wissenschaft-online.de/artikel/1124502; ELEMANS CEP, MEAD AF, ROME LC & GOLLER F (2008) Superfast Vocal Muscles Control Song Production

in Songbirds. PLoS ONE 3(7): e2581. doi: 10.1371/journal.pone.0002581; ELEMANS CPH, MEAD AF, JAKOBSEN L & RATCLIFFE JM (2011) Superfast Muscles Set Maximum Call Rate in Echolocating Bats. Science 333,1885-1888.]
R. Junker

■ Gelee Royal und die Entwicklung von Bienenköniginnen

Es ist bereits lange bekannt, dass es einen Zusammenhang zwischen der intensiven Verfütterung von Gelee Royal (auch als Weiselfutter-saft oder Bienenköniginnenfuttersaft bezeichnet) an Bienen-Larven und der Entwicklung von Bienenköniginnen anstelle von Arbeiterinnen gibt.

Gelee Royal besteht vor allem aus Wasser und Zuckern, enthält darüber hinaus aber auch eine Fülle verschiedenster weiterer Stoffe wie Proteine, Fettsäuren und Mineralien. In umfangreichen Untersuchungen konnte KAMAKURA (2011) nun zeigen, dass ein Protein, Royalactin, mit einer Masse von 57 kDa (entspricht einem Polypeptid aus ca. 520 Aminosäuren) die dramatischen Veränderungen in der Larvenentwicklung auslöst. Die Königin bei Honigbienen (*Apis mellifera*) weist im Vergleich zu einer Arbeiterin eine verkürzte Entwicklungsdauer, eine deutlich höhere Körpermasse und stark vergrößerte Eierstöcke auf.

Andere Untersuchungen hatten hormonelle Ursachen für die differenzierte Larvenentwicklung bei Bienen in den Fokus gerückt. Es ist daher nahe liegend, dass bei der Regulation der Larvenentwicklung viele Faktoren zu berücksichtigen sind.

Überraschenderweise zeigt Royalactin aber auch vergleichbare Wirkung, wenn es an Larven der Taufliege *Drosophila* verfüttert wird. Dies ermöglicht einerseits aufgrund der umfangreichen Kenntnisse über diese Fliegen viele weitere Untersuchungsmöglichkeiten, andererseits tauchen aber auch spannende Fragen auf (ROBINSON 2011): Warum wirkt dieses Protein, das bei Honigbienen vorkommt, auch bei Fliegen, die zu einer ganz anderen Insektenordnung gehören und sich von den Bienen nach evolutionären Vorstel-



Abb. 1 Stromaufwärts springende Königslachse (*Oncorhynchus tshawytscha*; Public domain)

lungen seit mehr als 300 Millionen Jahren getrennt haben und sich unabhängig entwickeln? Was macht diese Funktion für einen Sinn bei Organismen, die sich nicht als soziale Insekten organisieren und damit auch keine unterschiedlichen Kasten mit entsprechender Arbeitsteilung aufweisen?

Haben Royalactin oder ähnliche Substanzen auch andere Funktionen? Eine Reihe von spannenden Fragen für weitere Forschung.

[KAMAKURA M (2011) Royalactin induces queen differentiation in honeybees. *Nature* 374, 478-483; ROBINSON GE (2011) Royal aspirations. *Nature* 473, 454-455.] H. Binder

■ Schnelle Anpassung bei Königsachsen

Ein großes Anpassungspotential wurde bei Untersuchungen von Königsachsen entdeckt, die einige Flüsse Nordamerikas bevölkern. Für die Lachse (*Oncorhynchus tshawytscha*) sind die Flüsse ein neuer Lebensraum. In den 1960er Jahren wurden sie als Jungfische in einigen Flüssen bei den Großen Seen in Nordamerika ausgesetzt, um andere Fischarten zu vertrei-

ben. Dies gelang mit gutem Erfolg. Die aus Zuchtprogrammen stammenden Fische verwilderten und breiteten sich aus. Aus dem Lake Huron, ihrer neuen Heimat, breiteten sie sich auch in weitere Flüsse aus, in die sie anfangs gar nicht entlassen worden waren, und spalteten sich in mehrere genetisch unterscheidbare Stämme auf. Die Aufspaltungen in die verschiedenen Lachsstämme erfolgten in maximal zehn Generationen (die durchschnittliche Generationsdauer der Lachse beträgt etwas mehr als 3 Jahre). Untersucht wurden Fische in 13 Flüssen und 2 Brutstätten; ihre genetischen Unterschiede wurden in bestimmten DNA-Bereichen, sogenannten Mikrosatelliten ermittelt, die eine relativ hohe Mutationsrate aufweisen. Insgesamt zeigen die untersuchten Sequenzen verschiedener Lachsgruppen sechs verschiedene Muster.

Die Fische wanderten ursprünglich aus ihrer nordpazifischen Heimat zum Laichen an ihre Geburtsstätten in große Flüsse wie den Fraser River und den Yukon. Die Lebensräume in den Flüssen, in die die Lachse eingebracht wurden

bzw. die sie erobert haben, unterscheiden sich untereinander wie auch von ihren angestammten Lebensräumen. Offenbar besaßen die eingeführten Lachse ein entsprechendes Variationspotential, um sich innerhalb weniger Generationen an verschiedene Umwelten so rasch anpassen zu können. Das ist erstaunlich, da die Fische alle Nachkommen von Elterntieren aus einer einzigen Population waren, einem Stamm aus dem Green River im US-Bundesstaat Washington. Bei einer solch rasanten Entwicklung könnten aus den neuen Lachsstämmen auch in kurzer Zeit neue Lachs-Arten entstehen.

[SUK HY, NEFF BD, KWACH LK & MORBEY YE (2011) Evolution of introduced Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) in Lake Huron: emergence of population genetic structure in less than 10 generations. *Ecol. Freshwater Fish*, DOI:10.1111/j.1600-0633.2011.00542.x] R. Junker

■ Zweiflügler: Konvergenzen im Überfluss

Die Zweiflügler (Diptera, Fliegen und Mücken) sind uns vor allem bekannt durch die Stubenfliege (*Musca domestica*), die Taufliege *Drosophila* (sei es als Modellorganismus in vielen Labors