

gulation und Signalübermittlung benutzt (z. B. Ethylen, CO, NO). Ein Charakteristikum von Hormonen ist, dass sie ihre Wirkung im Körper weit entfernt vom Ort ihrer Bildung entfalten. Die auf den ersten Blick einfach erscheinenden, nur 1000 Zellen umfassenden und drei Millimeter kleinen Rädertierchen scheinen in dieser Hinsicht Hormone nicht wirklich zu benötigen.

Egal ob nun Östrogen oder Progesteron die ursprünglichsten Steroidhormone darstellen, es kann in jedem Fall kaum von „primitiven regulatorischen Stoffwechselwegen“ gesprochen werden, wenn man die Funktion von Progesteron in Rädertierchen beschreibt. Und warum sich schon Rädertierchen ein so kompliziertes Liebesleben leisten, ist (noch?) ihr Geheimnis.

Es ist durchaus wahrscheinlich, dass in Zukunft noch weitere Regulationsmechanismen wie hier beschrieben bei vermeintlich primitiven Organismen gefunden werden. Erfahrungsgemäß treten so komplexe Merkmale im phylogenetischen Stammbaum unregelmäßig auf und sind in vielen Arten mosaikmäßig verteilt. Dies legt, wie auch der obige Befund bei Rädertierchen, den Vergleich mit

einem „Baukastensystem“ nahe, aus dem je nach Bedarf Elemente eingesetzt werden. Die Annahme, dass schon sehr früh in der Stammesgeschichte komplexeste Synthesewege durch unbekannte Mechanismen entstanden seien, erscheint komplizierter und hat damit eine vergleichsweise geringere Erklärungskraft.

Anmerkung

¹ Östrogene sind die wichtigsten weiblichen Sexualhormone. Sie gehören zur Klasse der Steroidhormone und werden v.a. in den Eierstöcken, in der Schwangerschaft auch in der Plazenta gebildet.

Literatur

- POINAR GO & RICCI C (1992) Bdelloid rotifers in Dominican amber: Evidence for parthenogenetic continuity. *Experientia* 48, 408–410.
- WILSON GW & SHERMAN PW (2010). Anciently asexual bdelloid rotifers escape lethal fungal parasites by drying up and blowing away. *Science* 327, 574–576.
- STOUT E et al. (2010) Conservation of progesterone hormone function in invertebrate reproduction. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 10.1073/pnas.1006074107.
- THORNTON JW et al. (2003) Resurrecting the ancestral steroid receptor: ancient origin of estrogen signaling. *Science* 301, 1714–1717.

Die Entstehung neuer Enzyme – ganz einfach?

Die evolutionäre Entstehung eines Enzyms mit neuen funktionellen Eigenschaften im pflanzlichen Sekundärstoffwechsel aus einem vorhandenen Enzym des Primärstoffwechsels konnte durch experimentelle und vergleichend-biologische Untersuchungen plausibel gemacht werden. Die experimentell erfolgten Einzelschritt-Änderungen von Aminosäurebausteinen waren jede für sich selektionspositiv. Die hier vorgestellte Entstehung neuer Enzymfunktionen ist jedoch gemessen an den bisher bekannten Variationsmechanismen nicht überraschend und kann als Ausdruck einer bereits angelegten Polyvalenz im Wechselspiel von Genen und der durch sie codierten Proteine interpretiert werden.

Reinhard Junker

Pflanzen sind gegen Fraß nicht wehrlos: So nutzen viele Kreuzblütler wie das Wiesenschaumkraut (*Cardamine pratensis*) oder die viel untersuchte Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) Senfölglykoside, um sich gegen Fraßfeinde (z. B. Raupen) zur Wehr zu setzen. Diese „Senfölbomben“ sind sekundäre Stoffwechselprodukte* und werden bei Beschädigung der Pflanze zur Abwehr gegen den Schädling freigesetzt (vgl. Abb. 1). Forscher des Max-Planck-Instituts für chemische Ökologie in Jena haben nun eine interessante Entdeckung gemacht:

Ein Enzym, das für die Bildung der Senfölglykoside benötigt wird – Methylthioalkylmalat-Synthase (MAM) – ist in seiner Struktur dem Stoffwechselenzym Isopropyl-Malat-Synthase (IPMS) sehr ähnlich (DE KRAKER & GERSHENZON 2011). Die IPMS hat aber eine ganz andere Funktion, sie ist bei der Bildung der Aminosäure Leucin beteiligt und damit Teil des Primär-Stoffwechsels.

Die beiden Enzyme unterscheiden sich in nur zwei bedeutsamen strukturellen Merkmalen: Bei MAM fehlen im Vergleich zur IPMS

Mini-Glossar

Primär- und Sekundärstoffwechsel: Zum Primärstoffwechsel gehören die grundlegenden biochemischen Prozesse, die für die Pflanze lebenswichtig sind, wie Energiestoffwechsel, aufbauende (anabole) und abbauende (katabole) biochemische Reaktionen. Der Sekundärstoffwechsel findet nur in bestimmten Zellen statt, die Produkte werden von der Zelle selbst nicht unbedingt benötigt, kommen aber oft der Pflanze zugute (z. B. Blütenfarb- und Duftstoffe) und werden auch von Menschen genutzt (z. B. als Wirkstoffe in Medikamenten).

Aktives Zentrum: Bereich innerhalb eines Enzyms, an dem die chemische Reaktion stattfindet, die dieses katalysiert.

die letzten 120 Aminosäuren und in seinem aktiven Zentrum* sind zwei Aminosäuren ausgetauscht (vgl. Abb. 2; weitere vorhandene Unterschiede haben offenbar keinen Einfluss auf die Struktur und die Funktion der Enzyme.) Das bei der MAM fehlende letzte Stück hat bei der IPMS die Funktion einer Rückkopplung: Ist genügend Leucin vorhanden, wird die Produktion der IPMS gedrosselt. Fehlt diese 120-Aminosäure-Kette, geht die Produktion unvermindert weiter und kann nicht mehr kontrolliert werden. Das Fehlen dieser Kette hat weiter zur Folge, dass sich das verkürzte IPMS-Enzym anders faltet; die Architektur (Quartärstruktur) ist anders als zuvor. Die Verkürzung der Kette wirkt sich auch auf das aktive Zentrum aus, so dass das verkürzte IPMS größere Moleküle binden kann und nun die Bildung von Vorstufen der Senfölglykoxide anstelle der Bildung von Leucin unterstützt.

Aufgrund dieser Beobachtungen schlagen DE KRAKER & GERSHENZOM (2011) folgendes evolutionäre Szenario vor: Ausgangsstoff für die Entstehung der MAM, also des Enzyms, das bei der Bildung der Senfölglykoside benötigt wird, ist die um 120 Aminosäuren längere IPMS. Deren codierendes Gen wurde zunächst verdoppelt (Gen-Duplikation). Anschließend ging beim Duplikat die 120-Aminosäuren-Kette verloren, was die oben beschriebenen Auswirkungen zur Folge hatte. Die dadurch veränderte Substrataffinität zu größeren Molekülen wurde weiter durch Punktmutationen, die das aktive Zentrum trafen, optimiert, so dass das heute vorliegende MAM entstand.

DE KRAKER & GERSHENZOM (2011) haben dieses hypothetische Szenario in Laborexperimenten nachgestellt und die oben beschriebene Abfolge simuliert. Somit konnten sie zeigen, dass dieser Weg in der Geschichte der Kreuzblütler-artigen Pflanzen (Ordnung Brassicales) so abgelaufen sein könnte. Dies sei

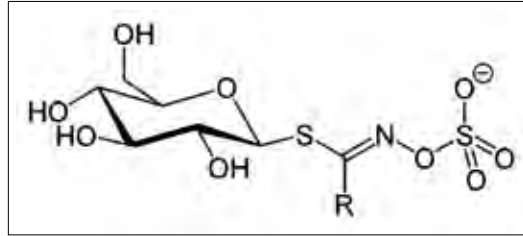


Abb. 1 Ein Glucosinolat, einer der Inhaltsstoffe der Senfölbomben.

ein Beispiel dafür, dass ein Enzym aus dem Primärstoffwechsel für einen anderen Zweck im Sekundärstoffwechsel rekrutiert (sozusagen „zweckentfremdet“) wurde, so die Autoren.

Welche Schlussfolgerungen können aus diesen Beobachtungen und Experimenten gezogen werden?

Zunächst legt diese Untersuchung nahe, dass Enzyme mit neuen Eigenschaften bzw. Fähigkeiten ohne gezielten Eingriff entstehen können. (Die experimentelle Rekonstruktion wurde geplant und geschah gezielt, macht aber plausibel, dass ein evolutiver Vorgang so abgelaufen sein könnte.) Die Entstehung der neuen Funktion kann über Einzelschritte (einzelne Mutationen) nachvollzogen werden, die jeweils selektierbar waren. Es muss nicht angenommen werden, dass mehr als eine Mutation gleichzeitig auftreten musste, um zum nächsten selektierbaren Zustand zu gelangen.

Im Vergleich zur bisher bekannten Variationsfähigkeit der Lebewesen und deren Grenzen ist dieser Vorgang nicht überraschend (vgl. BEHE 2007). Erstaunlich ist aber, dass durch relativ einfache Änderungen – Genduplikation, Verlust, Punktmutation – aus einem Enzym des Primärstoffwechsels ein Enzym des Sekundärstoffwechsels mit einer grundsätzlich anderen Funktion werden kann. Es ist festzuhalten, dass der Ausgangspunkt ein funktionales Enzym war und die neue Funktion im Wesentlichen auf einen Verlust zurückzuführen

Abb. 2 Pflanzen aus der Familie der Kreuzblütler (Brassicaceae), zu denen auch der Kohl gehört, produzieren Glucosinolate, die als Teil von „Senfölbomben“ helfen, Fressfeinde abzuwehren. In das Foto eingefügt ist ein dreidimensionales Modell des Enzyms IPMS, das bei der Bildung der Aminosäure Leucin beteiligt ist. Im Text wird beschrieben, wie durch Verlust von 120 Aminosäuren (hell dargestellt) und zwei Punktmutationen aus dem IPMS das Enzym MAM entstanden sein könnte, das eine Rolle bei der Synthese von Vorstufen von Glucosinolaten spielt. (Weiteres im Text). © A. SCHNEIDER, MPI für chemische Ökologie, Jena; Enzymmodell nach KOON, PNAS 101, 2004.



Es muss nicht angenommen werden, dass mehr als eine Mutation gleichzeitig auftreten musste, um zum nächsten selektierbaren Zustand zu gelangen.

ren ist (die nachfolgenden Punktmutationen im aktiven Zentrum führten lediglich zu dessen Optimierung).

Welche Schlussfolgerungen können nicht gezogen werden?

Inwieweit dieses Beispiel verallgemeinert werden kann, müssen weitere Beispiele zeigen. JUNKER & SCHERER (2006, 144f.) schildern schon länger bekannte Beispiele der Entstehung einer neuen Substratspezifität, bei denen allerdings die neue Funktion relativ ähnlich wie die bisherige bleibt. Eine Verallgemeinerung und Übertragung der von DE KRAKER & GERSHENZOM vorgeschlagenen Mechanismen auf die Entstehung anderer Enzyme ist nur möglich, wenn es sich um Änderungen handelt, bei denen jeder einzelne Schritt selektierbar ist. Die Studie kann die generelle Frage jedoch nicht beantworten, ob auf evolutionem Wege Änderungen von Enzymstruk-

turen und ihren Funktionen möglich sind, die mehr als einen Schritt benötigen, um von einem selektierbaren Zustand zum nächsten zu gelangen.

Schwer zu beurteilen und auf der Basis naturwissenschaftlicher Argumentation vorerst nicht entscheidbar bleibt die Frage, ob es sich bei den dargestellten strukturell-funktionellen Änderungen um einen evolutionär glücklichen Zufallstreffer oder um eine vorprogrammierte Situation handelt. Letztere wäre dann Ausdruck einer angelegten Polyvalenz im Wechselspiel von Genen und der durch sie codierten Proteine im Netzwerk der globalen zellulären Stoffwechselprozesse. Die vorgestellten Befunde erlauben beide Interpretationsmöglichkeiten.

Literatur

- BEHE M (2007) Edge of Evolution. The search for limits of Darwinism. Free Press, New York.
 DE KRAKER JW & GERSHENZON J (2011) From Amino Acid to Glucosinolate Biosynthesis: Protein Sequence Changes in the Evolution of Methylthioalkylmalate Synthase in Arabidopsis. The Plant Cell 23, 38–53.
 JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen.

Eintagsfliege hinterlässt fossile Spuren

Eintagsfliegen treten vergleichsweise früh im Fossilbefund auf. Sie werden als ursprüngliche Fluginsekten angesehen und stellen heute eine Ordnung der Insekten mit weltweit mehr als 2500 bekannten Arten dar (Europa: ca. 300). Hier wird ein fossiler Abdruck eines Insekts vorgestellt, den die Autoren mit guten Gründen den Eintagsfliegen zugeordnet haben. Diese Insektengruppe ist von Beginn ihres fossilen Nachweises als solche erkennbar.

Harald Binder

Fossilien, ausgegrabene Reste und Spuren vergangener Lebewesen, erwecken immer wieder öffentliches Interesse oder sind Objekt der Sammelleidenschaft von Menschen. Die Wahrscheinlichkeit, mit der ein Lebewesen Spuren hinterlässt, die in irgendeiner Art und Weise erhalten bleiben, hängt von unüberschaubar vielen Faktoren ab. Für Lebewesen mit beständigen, mineralisierten Körperbestandteilen würde man eher mit fossiler Erhaltung rechnen als beispielsweise bei Weichtieren. Lebewesen können aber auch indirekte fossile Hinweise hinterlassen, wie z. B. Trittsiegel (von Dinosauriern, aber auch von Menschen) oder Fraßspuren, Koprolithen („Kot-

steine“) und vieles andere mehr. Unter Spurenfossilien (SEILACHER 2007) versteht man eine ganz besondere Klasse von Fossilien, die indirekte Hinweise auf Organismen oder deren Aktivitäten überliefern, die oft nur schwer oder gar nicht einem spezifischen Urheber zugeordnet werden können.

Aus der Wamsutta-Formation (Oberes Karbon) aus dem Südosten von Massachusetts, USA beschreiben KNECHT et al. (2011) in einem roten sehr feinen Sandstein den Abdruck, den eine Eintagsfliege durch die Landung in weichem Schlamm hinterlassen hat (Abb. 1). Sehr gut abgebildet sind die Bauchseite des Insektenkörpers und Eindrü-