

mal mehr führt die Annahme von Evolution in Merkmalswidersprüche.

Vom anderen Ende der Dinosaurier-Zeit stammt ein Fund von *Eodromaeus murphi*, einem zierlichen, etwa 1 m langen, zweibeinigen Dinosaurier (Abb. 1). Er wird von den Beschreibern MARTINEZ et al. (2011) als früher Vertreter der Theropoden betrachtet, gehöre also zur selben Gruppe wie *Linhenykus*, stammt jedoch mit 230 Millionen Jahren aus der Anfangszeit der Dinosaurier. Die neue Gattung wurde in der Obertrias Argentinens im Naturreservat Ischigualasto entdeckt und gehört zu den ältesten Dinosaurierfunden. Aus den Theropoden ausgegliedert wurde hingegen die ähnlich alt datierte Gattung *Eoraptor*, die die Forscher in derselben Fossilagerstätte entdeckt hatten. Sie wird nun aufgrund von Details im Schädelbau zu den Sauropoden, einer anderen Hauptgruppe der Dinosaurier, gestellt (andere Vertreter dieser Gruppe sind pflanzenfressende Giganten wie *Brachiosaurus* und *Apatosaurus*). Außerdem ist in der Obertrias auch die dritte Hauptgruppe der Dinosaurier, die Ornithischier, nachgewiesen (dazu gehört beispielsweise der bekannte *Stegosaurus*). Damit zeigen die Fossilien aus Ischigualasto, dass die frühen Dinosaurier sowohl verbreiteter als auch vielfältiger waren als bisher angenommen. Die großen Dinosaurierlinien starteten gemäß ihrer Fossilüberlieferung nach momentaner Datenlage also gleichzeitig, und zwar mit ihren jeweils typischen Ernährungs- und Fortbewegungsweisen (vgl. auch den Kommentar von BALTER 2011). Seltsamerweise dauerte es dann aber noch 30 Millionen Jahre, bis sie die Fauna dominierten. Die Autoren vermuten, dass die Dinosaurier freiwerdende ökologische Nischen einnahmen und sich nicht in Konkurrenz mit anderen Arten durchsetzten. Doch wäre ein solches ökologisches Szenario auch in einem viel kürzeren Zeitraum plausibel. Dazu würde auch das zwischenzeitliche längere Verschwinden bei praktisch sämtlichen Hauptgruppen der Dinosaurier passen – trotz ökologisch herausra-



Abb. 1 *Eodromaeus murphi*
(Zeichnung: Todd MARSHALL)

gender Stellung und stabiler Skelettelemente (vgl. STEPHAN 2010, 129f., 157f.)

[BALTER M (2011) Pint-sized predator rattles the dinosaur family tree. *Science* 331, 134; MARTINEZ RN, SERENO P, ALCOBER OA, COLOMBI CE, RENNE PR, MONTANEZ IP & CURRIE BS (2011) A basal dinosaur from the dawn of the dinosaur era in southwestern Pangaea. *Science* 331, 206-210; STEPHAN M (2010) Sintflut und Geologie. Holzgerlingen, 3. Aufl.; XU X, SULLIVAN C, PITTMAN M, CHOINIERE JN, HONE D, UPCHURCH P, TAN Q, XIAO D, TAN L & HAN F (2011) A monodactyl nonavian dinosaur and the complex evolution of the alvarezsaurid hand. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 108, 2338-2342]

R. Junker

■ Langzeit-Experiment mit *Drosophila* – weniger Evolution als gedacht

Um genetische Veränderungen im Verlauf vieler Generationen experimentell zu untersuchen ist man auf Organismen angewiesen, die eine kurze Generationszeit aufweisen. Entsprechende Langzeitstudien mit Bakterien und Hefekulturen sind beschrieben. Diese sich asexuell fortpflanzenden Organismen stellen die bisherige empirische Basis für Modelle und Mechanismen von Langzeit-Evolutionsprozessen dar.

BURKE et al. (2010) stellten kürzlich eine Studie mit der Taufliege *Drosophila melanogaster* vor – einem klassischen „Haustier“ der Genetiker. Damit liegt erstmals eine umfangreiche genetische Studie eines Langzeit-Evolutionsex-

periments mit Organismen vor, die sich sexuell fortpflanzen.

Im Labor von M. ROSE werden die kleinen Zweiflügler seit 1991 inzwischen in mehr als 600 Generationen gezüchtet und auf schnellere Entwicklung selektiert. Die gezüchteten Populationen entwickeln sich im Verhältnis zu Tieren der Ausgangs- und Vergleichsgruppe ca. 20 % schneller vom Ei bis zum erwachsenen, fortpflanzungsfähigen Tier. Damit einher geht auch die Entstehung veränderter Phänotypen (äußeres Erscheinungsbild: etwa bezüglich Größe, Lebensdauer etc.).

Für die Untersuchung wurden Daten aus umfangreichen Genomanalysen erzeugt. Es wurden sowohl spezielle Gene analysiert (bezüglich Änderung in der Allelhäufigkeit: allele frequency differentiation) als auch komplette Genomdaten von *Drosophila*-Populationen aus dem Selektionsexperiment herangezogen. (Allele sind Varianten eines Gens.)

Bisher war man meist davon ausgegangen, dass bei sexueller Fortpflanzung wie auch bei der Entwicklung von Bakterienkulturen genetische Veränderungen (Mutationen) in einer Population auftauchen und dann in einem bestimmten Erbgutabschnitt fixiert werden. In ihrer Arbeit suchten BURKE et al. nach positiven (Punkt-)Mutationen, die ein neues Basenpaar und damit einen neuen sog. SNP (Ein-

zelnukleotid-Polymorphismus) erzeugen. Von Polymorphismus spricht man, wenn ein Gen (bzw. ein entsprechendes Merkmal) in mehreren Ausprägungen (Allelen) vorkommt. Mutationen vergrößern also den Polymorphismus. Bei SNPs betrifft der Polymorphismus nur ein einziges Nukleotid (=Einzelbaustein des Erbmoleküls DNA). Neue SNPs sollten sich dann in der Population durchsetzen, d. h. alternative Sequenzen sollten verschwinden und damit die Vielfalt der SNPs verringert werden. Aber genau das wurde nicht gefunden, es konnten also im *Drosophila*-Genom keine Bereiche identifiziert werden, in denen die erwarteten Effekte (geringerer Polymorphismus) auftraten. In dieser Langzeitstudie mit sich sexuell fortpflanzenden Organismen läuft Evolution gemessen an den Erwartungen in viel geringerem Umfang ab.

Die Autoren prüfen und diskutieren verschiedene Erklärungen für diesen Befund, ohne dass sie selbst eine davon beim derzeitigen Kenntnisstand als überzeugend einstufen. Die Laborbeobachtungen zeigen also, dass Selektion die genetische Variation in sich sexuell fortpflanzenden Populationen nicht wie erwartet reduziert. Bisher gilt als Lehrmeinung, dass Selektion, insbesondere wenn sie stark ist, im Laufe der Zeit zu deutlicher Verringerung des Gen-Polymorphismus, also der genetischen Vielfalt führt. Das konnten BURKE et al. (2010) in ihrer Studie mit den Langzeit-Experimenten an *Drosophila* aber gerade nicht belegen. Das bedeutet, dass mit diesen experimentellen Resultaten der Einfluss von Selektion – bei der natürlichen Selektion handelt es sich um einen zentralen Evolutionsmechanismus – nicht bestätigt werden konnte.¹

Da unter natürlichen Bedingungen die Selektionskriterien weniger stark und nicht über viele Generationen gleichbleibend ausgeprägt sind, kann man davon ausgehen, dass der ursprünglich erwartete Effekt unter Freilandbedingungen noch weniger auftritt wird.

Damit ist ein grundlegender bisher angenommener Mechanis-

mus für die Entstehung neuer Arten durch Selektionsprozesse in Frage gestellt. Weitere Forschung sollte dazu beitragen, die Abläufe besser zu verstehen.

[BURKE MK, DUNHAM JP, SHAHRESTANI P, THORNTON KR, ROSE MR & LONG AD (2010) Genome-wide analysis of a long-term evolution experiment with *Drosophila*. *Nature* doi:10.1038/nature09352; auf einer Internetseite sind Äußerungen von an der Untersuchung beteiligten Wissenschaftlern zusammengestellt: Scientists decode genomes of precocious fruit flies. *ScienceDaily* (2010.09.19) <http://www.sciencedaily.com/releases/2010/09/100916162537.htm>] H. Binder

¹ Die Zusammenfassung des Beitrags in *Nature* wurde vom Herausgeber bezeichnenderweise mit dem Titel: „Experimental evolution reveals resistance to change“ veröffentlicht.

■ Hummeln lösen das Problem des Handlungsreisenden

Tiere, die Nahrung aus Reservoirs sammeln, welche sich im Laufe der Zeit wieder auffüllen, besuchen die Nahrungsquellen in vorhersagbaren Sequenzen, die „traplines“ genannt werden, analog zu menschlichen Fallenstellern, die ihre Fallen in einer festen Reihenfolge inspizieren. Dieses Verhalten ist im Tierreich weit verbreitet. Dennoch ist wenig darüber bekannt, wie die Tiere diese spezifischen Reihenfolgen entwickeln. Frühere Experimente hatten ergeben, dass sich z. B. Prachtbienen im Wesentlichen an der Reihenfolge der erstmaligen Entdeckung der Nahrungsquellen orientierten, auch

wenn diese zu suboptimalen Sammelstrecken führte.

Sollen die Wegstrecken verkürzt werden, müssen sich die Sammler mit einer kombinatorischen Optimierungsaufgabe herumschlagen, die als „Problem des Handlungsreisenden“ in der Mathematik bekannt ist. Die optimale Route zu finden, wenn mehrere Orte jeweils nur einmal besucht werden sollen, stellt bei zunehmender Zahl zu besuchender Orte eine Aufgabe dar, die exponentiell an Komplexität zunimmt, so dass die Berechnung der beweiskraft optimalen Lösung auch Supercomputer an ihre Grenzen bringt.

M. LIHOREAU, L. CHITTKA und N. E. RAINE von der Queen Mary und der Royal Holloway University in London untersuchten, in welcher Reihenfolge Hummeln (*Bombus terrestris*, Dunkle Erdhummel) künstliche Blüten besuchen, die nach und nach so verteilt wurden, dass die Hummeln die Sammelstrecke dynamisch entwickeln mussten. Die jeweils neuen Nahrungsquellen wurden schließlich so platziert, dass sie maximal voneinander entfernt waren, und bei Abfliegen in der Reihenfolge des Erscheinens zu einer deutlich suboptimalen, also unnötig langen Flugstrecke führen mussten. Die Experimentatoren stellten den Hummeln nur soviel Nahrung pro Blüte zur Verfügung, dass diese gezwungen waren, während eines Ausflugs alle Blüten zu besuchen, wenn sie ihren



Abb. 1 Gartenhummel *Megabombus hortorum*. (Foto: Fotolia.com)