

Bakterien treten die Kupplung

In Bakterien treibt ein winzig kleiner Motor mit mehreren Hundert Umdrehungen pro Minute eine korkenzieherartig gewundene Welle (Geißel) an. Trotz seiner geringen Größe von wenigen Nanometern erweist sich der Motor als kraftvoller Antrieb, der das Bakterium in flüssiger Umgebung innerhalb einer Sekunde um das fünfzehn- bis zwanzigfache seiner Körperlänge vorwärts katapultiert. Im Vergleich zu modernen U-Booten bewegt sich das Bakterium ungefähr fünfzig mal schneller (BICKEL 2006).

Wie der Antrieb der Bakterien funktioniert, ist schon seit längerem bekannt. Die Entdeckung einer Art Kupplung löste nun das Rätsel, wie die Motorkraft ab- und geschaltet wird.

An der Universität von Indiana in Bloomington (USA) untersuchte ein Team unter der Leitung des Biologen Daniel KEARNS das Phänomen des Biofilms. Darunter versteht man eine strukturierte Anhäufung von vielen Millionen Mikroorganismen, die zusammen eine Art Ökosystem bilden. Die Gemeinschaft in einem Biofilm stellt bei weitem die wichtigste Lebensweise vieler Mikroorganismen dar (SZEZYK & SZEZYK 2003).

Bei ihren Untersuchungen stießen die Forscher in dem Bakterium *Bacillus subtilis* auf ein Gen, das für ein Protein namens EpsE verantwortlich ist (BLAIR et al. 2008). Sie entdeckten dabei eher zufällig, dass bei eingeschaltetem Gen die aktive Bewegung der Bakterien aufhörte. Daraus folgerten die Forscher, dass das Protein EpsE für eine An- und Abkupplung der Antriebswelle vom Bakterienmotor verantwortlich ist.

Die Bakterien treten sozusagen die Kupplung wie der Fahrer eines Autos. Während beim Auto mechanisch über das Pedal die Antriebswelle vom Motor getrennt wird, bildet das Bakterium ein spezielles Protein, um in den Leerlauf zu schalten. Daniel KEARNS kommentierte die Entdeckung mit folgenden Worten: Es ist schon ziemlich cool, dass evolvierende Bakterien und menschliche Ingenieure dasselbe Problem auf ähnliche Weise gelöst haben (ScienceDaily 2008).

Wie bereits David J. DeROSIER vor 10 Jahren bemerkte, ähnelt kein anderer Antrieb in der Natur einem durch Menschen konstruierten Motor derart wie der der Bakterien (DeROSIER 1998). Die neu entdeckte Kupplung verstärkt diesen Eindruck.

Wenn man solche molekularen Maschinen auf einen intelligenten Urheber zurückführt, bekommen diese technisch-konstruktiv wirkenden Befunde einen plausiblen Erklärungsrahmen. Zukünftige Forschung wird zeigen müssen, ob sich die

ursprüngliche Entstehung dieses „designed“ wirkenden Bakterien-Antriebs einer Erklärung durch ungerichtete Makroevolutionsprozesse entzieht.

[BICKEL (2006) Nanomotoren in Natur und Technik. http://www.lehrer-online.de/nanomotoren.php?show_complete_article=1&sid=68246491632555043319956985698610 (Zugriff am 7. 4. 2009); BLAIR et al. (2008) A Molecular Clutch Disables Flagella in the *Bacillus subtilis* Biofilm. *Science* 320, 1636-1638; DeROSIER DJ (1998) The turn of the screw: the bacterial flagellar motor. *Cell* 93, 17; ScienceDaily, Microscopic 'Clutch' Puts Flagellum In Neutral. <http://www.sciencedaily.com/releases/2008/06/080619142109.htm> (Zugriff am 23. 6. 2008); SZEZYK U & R (2003) Biofilme – die etwas andere Lebensweise, *BIOspektrum* 9 (3).] K-U. Kolrep

Alten Krankheiten mit modernen Methoden auf der Spur

Kulturelle Überlieferungen belegen, dass Krankheiten bereits sehr früh in der Geschichte der Menschheit als Begleiterscheinung auftreten. Eine Diagnose an den Überresten früher Menschen ist nur in wenigen Ausnahmefällen möglich. Moderne Methoden der molekularen Paläontologie eröffnen erste Zugänge zu frühen Krankheitsbildern. Im folgenden werden zwei Beispiele aus jüngsten Publikationen referiert, wobei es sehr interessant ist, dass die molekularen Spuren von bakteriellen Infektionen nur minimale genetische Abweichungen von gegenwärtigen Erregern zeigen, was angesichts der bekannten Veränderbarkeit von Mikroorganismen auffällig ist.

Hinweise auf Skorbut an alten Knochen.

Krankheiten, die auch das Skelett in Mitleidenenschaft ziehen und dort krankhafte Veränderungen hervorrufen, können im Sinne einer Paläopathologie auch an Fossilien diagnostisch erfasst werden. Skorbut, eine durch Mangel an Vitamin C verursachte Krankheit (Avitaminose), ist die am längsten bekannte Avitaminose, die vor allem in der frühen Seefahrt aufgetreten ist. Möglicherweise haben auch viele andere Menschen aus älteren Kulturen an Skorbut gelitten, nachdem verschiedene Getreidearten angebaut und weniger wilde Früchte (mit vergleichsweise hohem Gehalt an Vitamin C) verzehrt wurden.

Wie TRAVIS (2008) von einer Tagung berichtet, hat H. KOON aus der Arbeitsgruppe von M. COLLINS (s. BINDER 2007) mit modernen analytischen Methoden Collagen an fossilen Skeletten untersucht. Collagen ist das häufigste Protein im menschlichen Körper und maßgeblich am Aufbau von Knochen beteiligt. Das Protein besteht aus ca. 1000 Aminosäuren, wovon sich drei Polypeptide zu Mikrofasern helixartig verdrehen und durch

Kooperation mit weiteren Mikrofasern die Hauptkomponenten des Bindegewebes und der Knochen darstellen.

Die Anlagerung verschiedener Mikrofasern beruht vor allem auf der Aminosäure Prolin, die teilweise mit einer Hydroxylgruppe (-OH) modifiziert wird. Nun zeigt sich, dass einige Proline regelmäßig hydroxyliert werden, wohingegen andere nur gelegentlich mit einer OH-Gruppe versehen werden.

H. KOON hat nun an Meerschweinchen, die mit einer Vitamin C-armen Diät ernährt wurden, zeigen können, dass Mangel an Vitamin C zu einer signifikant geringeren Hydroxylierung an Prolin in Collagen führt. Erste Studien an Skeletten von dänischen Walfängern aus dem 17. und 18. Jahrhundert zeigen tatsächlich einen geringeren Hydroxylierungsgrad an Prolin. Weitere Studien, auf die man gespannt sein darf, sind im Gange. Fragmente von Collagen wurden auch bereits aus sehr viel älteren Dinosaurier-Fossilien (Untere Kreide) nachgewiesen (BINDER 2007), werden aber derzeit noch kontrovers diskutiert (ASARA & SCHWEITZER 2008, ASARA et al. 2008, BUCKLEY et al. 2008, ORGAN et al. 2008, PREVZNER et al. 2008). In diesen vergleichsweise jungen Proben scheinen die Resultate wirklich belastbar zu sein.

[ASARA JM & SCHWEITZER MH (2008) Response to Comment on: Protein Sequences from *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry. *Science* 319, 33d; ASARA JM, SCHWEITZER MH, CANTLEY LC & COTTRELL JS (2008) Response to Comment on: Protein Sequences from *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry. *Science* 321, 1040c; BINDER H (2007) Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von *Tyrannosaurus rex*. Online-Publikation: <http://www.genesisnet.info> (News vom 22. 5. 2007); BUCKLEY M et al. (2008) Protein Sequences from *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry. *Science* 319, 33c; ORGAN CL, SCHWEITZER MH, ZHENG W, FREIMARK LM, CANTLEY LC & ASARA JM (2008) Molecular phylogenetics of *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex*. *Science* 320, 499; PREVZNER PA & KIM S (2008) Comment on: Protein Sequences from *Mastodon* and *Tyrannosaurus rex* revealed by mass spectrometry. *Science* 321, 1040b; TRAVIS J (2008) Old bones reveal new signs of Scurvy. Meeting-briefs: Third International Symposium on Biomolecular Archeology. *Science* 322, 368-369.]

Tuberkulose im Neolithikum – ältester direkter Nachweis. Tuberkulose gehört zu den großen weltweit verbreiteten Krankheiten. Nach Schätzungen sind ca. 2 Milliarden Menschen, d.h. ca. ein Drittel der Weltbevölkerung mit Tuberkulosebakterien infiziert. Die Erfahrung, dass nur etwa 10% der infizierten Personen auch Krankheitssymptome zeigen, wird üblicherweise als ein Hinweis auf eine lange Koexistenz zwischen dem Menschen als Wirt und bakteriellen Krankheitserregern interpretiert. Tuberkulose wird hauptsächlich durch *Mycobacterium tuberculosis*, aber auch durch andere Vertreter des so genannten *Mycobacterium tuberculosis*-Komplexes ausgelöst.

Im Zusammenhang mit Tuberkulose treten

charakteristische Veränderungen am Skelett und an der Knochenstruktur auf. Solche typischen Merkmale sind auch an fossilen Funden diagnostizierbar. Die bisher ältesten Nachweise, die zusätzlich auch durch DNA-Analysen abgesichert werden konnten, stammen von Fossilien aus dem Neolithikum aus Ägypten (3500-2650 Jahre v. Chr.) und Schweden (3200-2300 Jahre vor Chr.). Anhand von morphologischen Befunden diskutieren KAPPELMAN et al. (2008) anhand von *Homo erectus*-Fossilien aus der Türkei Hinweise auf Tuberkulose vor 490.000-510.000 radiometrischen Jahren.

HERSHKOVITZ et al. (2008) haben jetzt menschliche Fossilien untersucht, die aus einer der ältesten bekannten Siedlung mit Hinweisen auf Ackerbau und Viehzucht stammen (vorkeramisches Neolithikum C): aus Atlit-Yam, heute 300-350 m vor der Küste bei Atlit, ca. 10 km südlich von Haifa in 8-12 m Wassertiefe im östlichen Mittelmeer gelegen. Radiometrische Datierung von Proben (kalibrierte ¹⁴C-Datierung) ergaben ein Alter von 9250-8160 Jahren. Die Fossilien sind in dunklen Ton eingebettet und werden nach der Bergung und vor der analytischen Untersuchung in Frischwassertanks gelagert, um die Salze herauszulösen. Zur Untersuchung herangezogen wurden eine Frau und ein Säugling, die gemeinsam bestattet worden waren und beide paläopathologische Hinweise auf Tuberkulose (die wahrscheinliche Todesursache von Mutter und Kind) zeigen. Anhand von Skelett- und Zahnmerkmalen wurde das Alter des Kindes mit ca. 12 Monaten und das der Mutter mit ca. 25 Jahren bestimmt. Aus Proben aus den Rippen der Frau und den Langknochen des Kindes konnten DNA-Fragmente gefunden werden, die dem *M. tuberculosis*-Komplex zugeordnet werden können.

Darüber hinaus konnten typische Lipidkomponenten (Mykolsäuren sind typische Membranbestandteile von Mycobakterien) bzw. deren Verteilungsmuster (Fingerprint) nachgewiesen werden.

Diese Befunde bestätigen die lange Koexistenz von Pathogen (Krankheitserreger) und Wirt und ebenso, dass das *M. tuberculosis* über diesen Zeitraum seine typische genetische Signatur beibehalten hat. Interessant ist weiterhin, dass – obwohl die Autoren den ausgezeichneten Erhaltungszustand der Fossilien aufgrund günstiger Lagerungsbedingungen betonen – nur DNA-Fragmente der Mycobakterien mit einer Länge von 92-135 bp mit PCR nachgewiesen werden konnten, aber keine von menschlichen Mikrosatelliten-DNA (das sind kurze DNA-Sequenzen von 2-4 bp, die unterschiedlich oft – 10 bis 100 mal – wiederholt werden und in der Sequenzanalyse ein wichtiges Merkmal sind). Damit bestätigen diese Untersuchungen die umfangreichen Vorsichtsmaßnahmen beim Nachweis von menschlicher DNA aus älteren Proben. Die Autoren erklären die Fragmente mikrobieller DNA bei fehlender menschlicher DNA mit dem erhöhten GC-Gehalt der ersteren.

[HERSHKOVITZ I, DONOGHUE HD, MINNIKIN DE, BESRA GS, LEE OY-C, GERNAEY AM, GALILI E, ESHED V, GREENBLATT CL, LEMMA E, BAR-GAL GK & SPIGELMAN M (2008) Detection and Molecular Characterization of 9000-Year-Old *Mycobacterium tuberculosis* from a Neolithic Settlement in the Eastern Mediterranean. PLoS ONE 3(10): e3426. doi:10.1371/journal.pone.0003426; KAPPELMAN J, ALCICEK MC, KAZANCI N, SCHULTZ M, OZKUL M & SEN S (2008) First *Homo erectus* from Turkey and implications for migrations into temperate Eurasia. Am. J. Phys. Anthropol. 135, 110-116.] H. Binder

Spinn-Rad oder Hat die Spinne das Rad erfunden?

Ingo RECHENBERG, Professor für Bionik an der TU Berlin und Wüstenfan, hat bei einem seiner jüngsten Wüstenaufenthalte in der Sahara eine Spinne der Gattung *Cebrennus* (Abb. 1) entdeckt, die sich nicht nur spinnenüblich auf vier Beinpaaren fortbewegt. Diese zur Familie der Riesenkrabbspinnen (Sparassidae) gehörende Art kann ihre Beine radartig formen und dann über den Wüstensand rollen. Dies kann sie nach bisherigen Beobachtungen nicht nur passiv – eine Düne hinab –, sondern sie kann sich auch aktiv radartig „rollend“ fortbewegen. Passive Rollbewegungen waren bereits von der zur selben Familie gehörenden Goldenen Radspinne (*Carparachne aureoflava*) aus der Namib-Wüste (Südwest Afrika) beschrieben. Ob es sich bei der von RECHENBERG gefundenen Spinne um eine neue Spinnenart handelt, ist noch nicht geklärt.

Die Beantwortung der Frage, wer nun das Rad erfunden hat, ist durch diese Entdeckung nicht einfacher geworden, aber es hat sich wieder einmal gezeigt, dass in der Natur faszinierende Erscheinungen auftreten, die für die Ingenieurskunst eine Herausforderung darstellen. Rollende Fortbewegung kann unter bestimmten Randbedingungen eine vergleichsweise energiesparende Fortbewegungsweise sein.

Der Bioniker RECHENBERG denkt bereits über Vehikel, die sich laufend und rollend fortbewegen können, nach, z.B. für den Einsatz auf dem Mars. Wieder einmal wurde in der Natur ein geniales Phänomen entdeckt, das zur Nachahmung herausfordert.

[http://www.pressestelle.tu-berlin.de/newsportal/einblick_fuer_journalisten/wer_hat_das_rad_erfunden/ (dort sind auch weitere Bilder und Videomaterial abgelegt); <http://idw-online.de/pages/de/news287828>] H. Binder

Eine hungrige Gattung

In der letzten Ausgabe von *Studium Integrale Journal* wurde über die Eidechsegattung *Podarcis* (Familie Lacertidae) berichtet (HEILIG 2008). In einer vor wenigen Jahrzehnten auf einer kleinen Insel angesiedelten Population der Ruineneidechsen (*P. sicula*) waren bereits nach wenigen Generationen deutliche Anpassungen an die neue Umgebung beobachtet worden (HERREL et al. 2008).

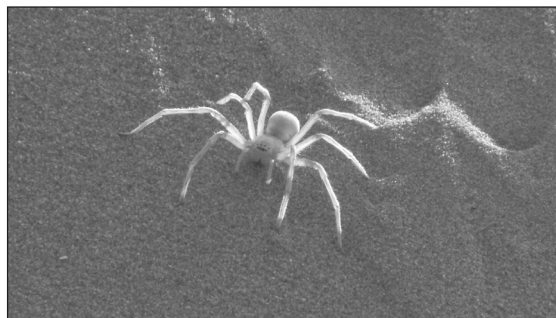


Abb. 1: Die Spinne, die ein Rad schlagen kann: *Cebrennus*. (TU Berlin/Pressestelle, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Aufgrund des neuen vegetarischen Speiseplans wurde eine Veränderung in Beißkraft und Schädelmorphologie etabliert. Eine neu aufgetauchte Struktur im Verdauungstrakt, welche den Weitertransport der schwerverdaulichen pflanzlichen Nahrung verlangsamte, wurde von den Autoren auf Makroevolution (Neukonstruktion) zurückgeführt. HEILIG (2008) diskutiert aber auch Hinweise darauf, dass diese Struktur bereits in der Ausgangspopulation angelegt war und nicht neu entstand. Vergleichbare (homologe?) Strukturen tauchen etwa bei *Podarcis lilfordi* und der Lacertidae-Art *Gallotia galloti* auf (HERREL 2007). Das legt die Schlussfolgerung nahe, dass alle drei Arten auf eine gemeinsame Stammpopulation zurückgehen, in welcher die genetische Information für diese Anpassung an eine bestimmte Ernährungssituation bereits latent enthalten war. Andernfalls müsste man konvergente Evolution annehmen. Nun lieferten CASTILLA et al. (2008) bereits den nächsten Beleg für rasch erfolgende Anpassung mit Bezug zur Ernährung der Gattung *Podarcis*. Ihre Resultate sollen im Folgenden kurz wiedergegeben werden.

Die Spanische Mauereidechse (*Podarcis hispanica*, Abb. 1) ist, wie der Name vermuten lässt, in Spanien häufig anzutreffen und ernährt sich hauptsächlich von Insekten. Auf den spanischen Columbretes-Inseln lebt der endemische (nur dort vorkommende) *Podarcis*-Vertreter *P. atrata*, der längere Zeit als Unterart der Spanischen Mauereidechse (also als *P. hispanica atrata*) betrachtet wurde. Als in der letzten Eiszeit der Meeresspiegel um 120 m sank, fiel der Kanal zwischen Inseln und Festland trocken und *P. atrata* kolonisierte die Inselgruppe. Für die letzten 120 Jahre ist durch Beobachtungen sicher bekannt, dass die Eidechsen auf besagten Inseln mit dem Skorpion *Buthus occitanus* zusammenlebten. Skorpione kommen in trockenen Gegenden, die wenig Nahrung wie etwa Insekten bieten, überdurchschnittlich häufig vor. Auf den genannten Inseln erreichen sie eine Dichte von 0,7 Individuen pro Quadratmeter. Daher schienen die Skorpione eine potentielle Beute für die Eidechsen darzustellen und die Forscher fragten sich, ob *P. atrata* gelernt hätte, Jagd auf die Skorpione zu machen. Hinzu kommt, dass aufgrund der großen Skorpion-Dichte Begegnungen zwischen den beiden Arten in ihren Lebensräumen praktisch unvermeidbar (etwa bei denselben