

vibrieren, ganz ähnlich wie das Holzblättchen einer Klarinette. Auf diese Weise kann der Kolibri lautere Töne hervorbringen, als er es je mit seiner Stimme schaffen würde. Diese außerstimmliche Tonerzeugung beim Anna-Kolibri ist die erste überhaupt bei Vögeln bekannte, aber es ist gut möglich, dass auch andere Kolibri-Arten mit ähnlich geformten Schwanzfedern denselben Mechanismus anwenden. Es war nicht ganz einfach herauszufinden, wie diese Kolibris die Töne erzeugen, aber Hochgeschwindigkeitsaufnahmen brachten die Forscher auf die richtige Spur, dort konnte man das Öffnen und Schließen des Schwanzes nachverfolgen. Nachdem man einigen Kolibris die Schwanzfedern ein wenig gestutzt hatte, waren sie nicht mehr imstande, das Zirpen zu erzeugen. Nach fünf Wochen sind die Schwanzfedern erneuert, die Vögel erleiden also keinen bleibenden Schaden. Des Weiteren konnten die Forscher im Windkanal Töne mit den Schwanzfedern der Kolibris erzeugen, wenn die Windgeschwindigkeit besagte 80 km/h erreichte. Die Forscher möchten nun weitere Kolibris aus derselben Gruppe untersuchen und vermuten nun auch, dass es möglicherweise bei Schnepfen eine ähnliche Lauterzeugung geben könnte. Sturzflug und Schwanzmorphologie seien ko-evolviert, um eine Vielfalt an mechanisch erzeugten Lauten hervorzubringen. Sollte es sich tatsächlich erweisen, dass Schnepfen ebenfalls fähig sind, solche Laute zu erzeugen, wäre das auch ein interessanter Fall von konvergenter Evolution – oder auch nicht.

[WILLIAMS N (2008) Tail spins. Curr. Biol. 18, R143-144] N. Winkler

Invasive Arten als Hotspots der Evolution?

Das Eindringen von neuen Arten in bisher nicht besiedelte Lebensräume bietet einzigartige Gelegenheiten, um die Anpassung dieser Arten an neue Lebensbedingungen zu studieren. FACON und Mitarbeiter (2008) berichten über die Invasion einer Süßwasser-Schnecke (*Melanooides tuberculata*) auf der Insel Martinique. In einer einzigartigen Studie wurden über Jahre alle Süßgewässer der Insel beprobt und insgesamt 17.000 Schnecken gesammelt. Die Schnecken wurden genetisch und morphologisch (den Körperbau betreffend) untersucht und klassifiziert. Es zeigte sich, dass es sieben verschiedene Populationen dieser Schnecken in Martinique gibt. Fünf davon sind auf jeweils ein Einwanderungsereignis zurückzuführen, während zwei Rassen auf Martinique durch Kreuzung der bereits eingewanderten Rassen entstanden sind. Diese neuen Kreuzungen zeigen nun jeweils Eigenschaften, die es so bei ihren Elternarten nicht gegeben hat, z. B. weniger, dafür aber größere Nachkommen. Die Autoren dieser Studie berichten nun, dass die Hauptursache für die genetische Variabi-

lität einer solchen Invasion die verschiedenen Einwanderungsereignisse seien. Die stattgefundenen Kreuzungen hingegen sollen zeigen, dass solche Invasionsereignisse „kreativ“ sind, denn sie bringen Genotypen zusammen, die bisher nicht die Möglichkeit hatten, miteinander zu hybridisieren. Die Nachkommen sind sprunghaft („saltatory“) verschieden von den Elternarten. Dadurch seien Invasionen auch immer Hotspots, die evolutionäre und ökologische Neuheiten hervorbringen. Es bleibt aber festzuhalten, dass trotz aller „Neuigkeiten“ sich die Evolution dieser Süßwasserschnecken natürlich im Bereich der Mikroevolution bewegt. Die Autoren halten beispielsweise selber fest, dass andere Rassen dieser Schnecken extremere morphologische Werte aufweisen als die neuen durch Kreuzung entstandenen. Diese neuen Kreuzungsrassen bilden also nur einen kleinen Ausschnitt der weltweiten Variabilität dieser Schnecken ab. Die Vermischung oder Selektion bereits vorhandener Merkmale invasiver Arten als „evolutionären Hotspot“ zu bezeichnen, scheint daher doch etwas hoch gegriffen.

[FACON B, POINTIER J-P, JARNE P, SARDA V & DAVID P (2008) High genetic variance in life-history strategies within invasive populations by way of multiple introductions. Curr. Biol. 18, 363-367.] N. Winkler

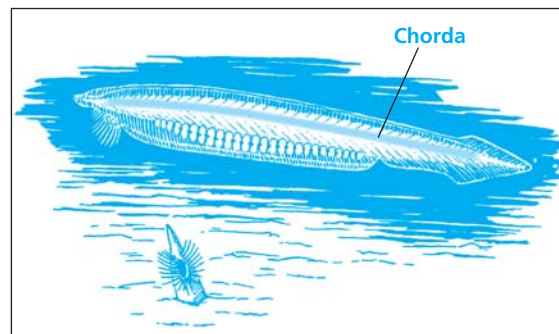


Abb. 1: Das etwa 8 cm lange Lanzettfischchen *Amphioxus*. Die Chorda ist ein elastischer Stützstab oberhalb des Darms, der auch in der Embryonalentwicklung der Wirbeltiere als erstes Stützorgan gebildet wird. Das glashelle Lanzettfischchen lebt im Sand der Meeresküsten (unten). (Nach PORTMANN 1976)

Lanzettfischchen: ebenfalls komplexes Erbgut

Einem unscheinbaren wurmartigen glashellen Geschöpf, das im Sand der Meeresküsten lebt, wird eine besondere Stellung im System der Lebewesen zugebilligt: Das etwa 8 cm lange Lanzettfischchen (*Branchiostoma lanceolatum*; im Englischen nach dem alten Gattungsnamen *Amphioxus* genannt; Abb. 1) wird an die Basis der Chordatiere gestellt, zu denen auch der Mensch gehört, seit man entdeckt hatte, dass es eine Chorda dorsalis als elastischen Stützstab oberhalb des Darms besitzt (s. Abb. 1). Eine Chorda wird auch in der Embryonalentwicklung der Wirbeltiere als erstes Stützorgan gebildet und im Laufe der Ontogenese durch die Wirbelsäule weitgehend ersetzt. Eine direkte Ableitung der Wirbeltiere vom Lanzettfischchen ist jedoch nicht möglich, da diese Form dafür zu spezialisiert ist. Das Lanzettfischchen gehört zu den Schädellosen (Acrania oder Cephalochordata), die zusammen mit den Wirbeltieren (Vertebrata) und

den Manteltieren (Tunicata oder Urochordata) zu den Chordatieren gehören.

Nun hat eine internationale Arbeitsgruppe unter der Leitung von Nicholas PUTNAM vom Joint Genome Institute des US-amerikanischen Energieministeriums in Walnut Creek und Linda HOLLAND von der University of California in San Diego das Genom (Erbgut) des Lanzettfischchens entschlüsselt. Einige Ergebnisse sollen kurz vorgestellt und diskutiert werden.

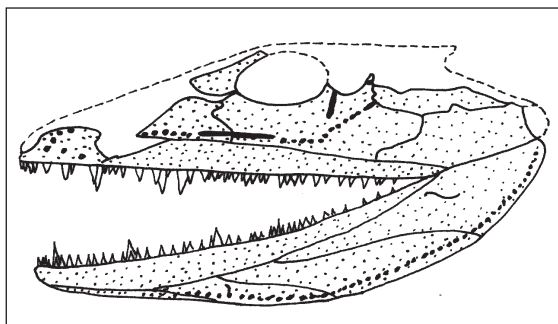
Komplexität des Erbguts. Einmal mehr erweist sich das Erbgut eines vergleichsweise einfach gebauten Organismus als ziemlich komplex. Das 520 Millionen Basenpaare lange Genom enthält mit 21 900 proteincodierenden Abschnitten nicht viel weniger Gene als der Mensch. Auch in den nicht-codierenden Bereichen gibt es zahlreiche Übereinstimmungen. Angesichts der langen evolutionären Trennungszeit von Mensch und Lanzettfischchen findet GEE (2008) in einem Kommentar diese Übereinstimmung „bemerkenswert“. Die großen genetischen Übereinstimmungen machen deutlich, dass die individuelle Entwicklung und die hypothetische Evolution nicht alleine über die Gene verstanden und abgeleitet werden können. Vielmehr sollen bei den Wirbeltieren alte Gene neu kombiniert und ihre Funktion und Steuerung verändert worden sein. Wie das funktionieren kann, ist einer der Gegenstände der neueren Forschungsrichtung „EvoDevo“, die die Entstehung von Neuem in der Evolution vor allem in Prozessen der Ontogenese (Individualentwicklung) sucht (vgl. den Artikel über „Evo-Devo“ in dieser Ausgabe).

Die Daten des Gensatzes von *Amphioxus* legen im Vergleich mit denen der Wirbeltiere nahe, dass sich das Ur-Genom der Wirbeltiere sehr früh, nämlich vor der Trennung der Knorpel- und Knochenfische, zweimal komplett verdoppelt hat. GEE (2008) spricht von einem „genomischen Sturm“. Die dafür erforderlichen Mechanismen liegen im Dunkeln. Wie die Verdopplungen des Erbguts mit dem Neuerwerb von Organen bei den Wirbeltieren verbunden sein könnte, ist ebenso unbekannt. Damit der verdoppelte Gensatz auch für die Ausbildung neu genutzt werden kann, müsste eine umfangreiche Reprogrammierung erfolgen. Mechanismen dafür sind ebenfalls nicht bekannt.

Konflikt Morphologie-Moleküle. Ebenfalls nicht neu ist die Feststellung, dass die verfügbaren Daten zu den Ähnlichkeiten auf genetischer Ebene nicht mit den Merkmalsübereinstimmungen auf anatomischer Ebene übereinstimmen. Die lange Zeit favorisierte Ableitung der Chordatiere von Larven sessiler (festsitzender) Manteltiere ist genetisch nicht nachvollziehbar und wird daher aufgegeben (HOLLAND et al. 2008, 9). Denn die Genomanalyse ergab, dass sich – evolutionstheoretisch betrachtet – die Manteltiere später von den Wirbeltieren getrennt haben müssen als *Branchiostoma*. Als wahrscheinlicher wird jetzt angesehen, dass der hypothetische gemeinsame Vorläufer ein frei lebendes, zweiseitig-symmetrisches wurmartiges Tier war (HOLLAND et al. 2008, 9).

[GEE H (2008) The amphioxus unleashed. *Nature* 453, 999-1000; PUTNAM MH, BUTTS T et al. (2008) The amphioxus genome and the evolution of the chordate karyotype. *Nature* 453, 1064-1071; HOLLAND LZ, ALBALAT R et al. (2008) The amphioxus genome illuminates vertebrate origins and cephalochordate biology. *Genome Research*, doi 10.1101/gr.073676.107] R. Junker

Abb. 1: Rekonstruierter Schädel von *Ventastega curonica*. (Nach AHLBERG et al. 1994)



Ventastega curonica – ein früher Vierbeiner

In den letzten Jahrzehnten wurde eine ganze Reihe von Fossilien des Oberdevons entdeckt, die in den Übergangsbereich Fische–Vierbeiner (Tetrapoden) gestellt werden. Die neuen Funde führten zu einem Paradigmenwechsel bezüglich der Evolution der Vierbeiner-Extremität: Der Übergang von Flossen zu Beinen soll demnach *im Wasser* entstanden sein und nicht erst im Zuge der Eroberung des Landes. Wir hatten in *Studium Integrale Journal* in einer Artikelserie die Gründe für dieses Umdenken dargestellt (JUNKER 2004). Die mittlerweile bekannte Formenvielfalt lässt sich in mancher Hinsicht evolutionär im Sinne stammesgeschichtlicher Abfolgen deuten, da unterschiedliche Merkmalsmosaiken von Fisch- und Vierbeinermerkmalen vorkommen, die teilweise als evolutionäre Abfolgen interpretierbar sind. Andererseits werden die wasserlebenden oberdevonischen Vierbeiner als evolutive Sackgasse angesehen, und die Formenvielfalt zeigt auch widersprüchliche Merkmalskombinationen

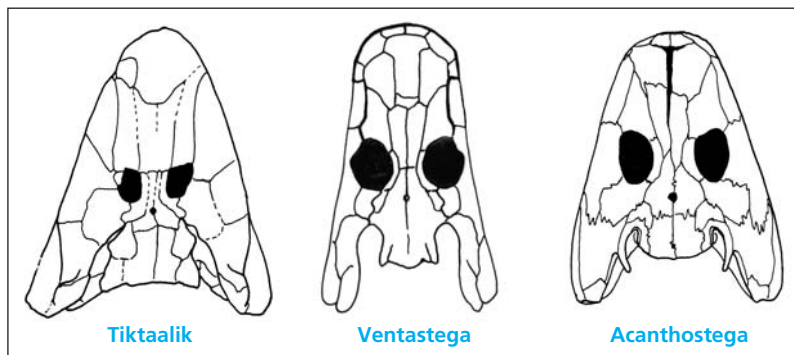


Abb. 2: Schädel von Tiktaalik, Ventastega und Acanthostega von oben. (Nach AHLBERG et al. 2008)