

dener Fall war bei den Blattschneiderameisen entdeckt worden. Diese „züchten“ in Poren auf ihrer Außenhaut Bakterien, die ein Antibiotikum erzeugen. Dieses Antibiotikum tötet spezifisch einen parasitischen Pilz ab, der auf den Futterpilz-Kolonien der Blattschneiderameisen lebt. Unklar bleibt freilich, durch welche Selektionsdrücke während der Stammesgeschichte solche Beziehungen überhaupt entstanden sein könnten.

[WINKLER N (2006) Ameisen – Neue Überraschungen (Teil 1). Stud. Int. J. 13, 38-39; PIRK C (2007) Parasiten – Süßer Käfer. labor&more 3, 54-55; TORTO B, BOUCIAS DG, ARBOGAST RT, TUMLINSON JH, TEAL PEA (2007) Multitrophic interaction facilitates parasite-host relationship between an invasive beetle and the honey bee. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 104, 8374-8378.] N. Winkler

Fliegen fliegen nicht zufällig

Dass eine Fliege gezielt eine Futterquelle oder einen Partner anfliegt, ist nicht weiter verwunderlich. Was aber, wenn man eine Fliege ohne äußere Einflüsse in einer dunklen Kammer ohne weitere Reize fliegen lässt? Eigentlich würde man erwarten, dass sie zufällig „herumeiert“. Ein solches Experiment wurde durchgeführt und die Flugbahn der Fliegen aufgezeichnet und per Computer ausgewertet. Zum Erstaunen der Wissenschaftler stellte sich heraus, dass die Flugbahnen *nicht* zufällig waren. Die Flugbahnen wiesen nichtlineare Komponenten auf, d.h. der Flug wurde von der Fliege in unvorhersagbarer Weise bestimmt, obwohl die Fliegen keinen äußeren Reizen ausgesetzt waren. Das ist insofern erstaunlich, als der gegenwärtige neurowissenschaftliche Konsens postulierte, dass die Quelle für Variabilitäten in Verhaltensmustern das „Rauschen“ sei, welches letztlich dafür sorgt, dass die Variabilität (hier: Flugbahnen) zufällig oder eben stochastisch ist. Bei der Fliege sorgte eine bislang nicht genau identifizierte (innere) Quelle für nichtlineare Abweichungen von rein zufälligen Flugbahnen, welche dadurch völlig unvorhersagbar (chaotisch) wurden. Das heißt, selbst wenn man Tausende von Fliegen beobachtete, könnte man noch nicht einmal im Mittel wahrscheinliche Flugbahnen voraussagen. Warum ist diese Unterscheidung so interessant? Im Falle stochastischer Flugbahnen läge die Quelle im „Außen“, das heißt, dass irgendwelche äußeren Einflüsse als Auslöser in Frage kämen und Verhalten bestimmten. Nichtlineare Flugbahnen zeigen aber, dass es eben nicht der (äußere) Zufall ist, der die Richtung bestimmt, sondern die Flugbahnen von einem „Innen“ bestimmt werden. Das heißt also, dass Entscheidungen selbst einfacher Organismen nicht dem Rauschen (Zufall) unterliegen, sondern kontrolliert werden (wenn auch nichtlinear). Anders ausgedrückt: Gehirne werfen manchmal den Würfel, doch ist dieses Würfeln ein kontrollierter innerer Prozess.

[MAYE A, HSIEH C-H, SUGIHARA G & BREMBS B (2007) Order in Spontaneous Behavior. PLoS ONE 2, e443.] N. Winkler

Räuberischer Pilz in fossilem Harz aus der Kreide

Pilze treten typischerweise als Fäulnisbewohner (Saprophyten) oder als Parasiten auf. Darüber hinaus haben sich manche Pilze auch auf räuberische Strategien verlegt, um ihre Nahrung zu gewinnen. Fünf unterschiedliche Fangmethoden von fleischfressenden Pilzen sind bisher beschrieben. Manche Pilze produzieren ringförmige Zellen, mit denen sie im Boden lebende Fadenwürmer (Nematoden) und andere Kleinlebewesen fangen, andere versuchen es mit klebrigen Auswüchsen.

YANG et al. (2007) haben jüngst anhand von molekularbiologischen Untersuchungen versucht, die verschiedenen Entwicklungsstufen dieser Methoden aufzuzeigen. Die Autoren sehen in der Entwicklung von Fangtechniken einen gelungenen Beweis für adaptive Evolution – wobei die Entstehung neuer Technik mit dem Begriff „Adaption“ (Anpassung) kaum angemessen beschrieben wird. Abschließend verweisen die Autoren auf einen fossilen Befund von JANNON & POINAR (1968), die Pilzhypen (Pilzfäden) in Nematoden, als Inkluden (Einschlüsse) in mexikanischem Bernstein (Miozän/Oligozän; 22,5-26 Millionen Jahre nach radiometrischen Datierungen) beschreiben. YANG et al. 2007 sehen darin einen fossilen Hinweis auf die Zeit, als Pilze ihre Fangmethoden entwickelten, dieser passt allerdings zeitlich nicht mit phylogenetischen Untersuchungen, die auf molekularbiologischen Daten basieren, zusammen.

SCHMIDT et al. (2007) stellten jüngst Pilzhypen in fossilem Harz in direkter Verbindung mit Nematoden vor. Der Bernstein stammt aus fossilreichen Ablagerungen in Archingeay/Les-Nouvillers, Südwest-Frankreich, die aufgrund palynologischer Befunde (Pollenanalysen) dem späten Alb (obere Unterkreide; ca. 100 Millionen Jahre) zugeordnet werden.

Das eingeschlossene Pilzgeflecht (Mycel) besteht aus irregulär verzweigten Fäden (Hyphen). Die Ringe bestehen aus einer einzigen Zelle, im Gegensatz zu Fallen-Stukturen heutiger Pilze, die aus drei Zellen bestehen. Die fossilen Pilzringe weisen einen Innendurchmesser von 8 bis 10 µm auf und können sich offenbar leicht von den Hyphen lösen; im fossilen Harz finden sich auch isolierte Ringe. Diese Ringfallen scheinen klebrig gewesen zu sein, zumindest deuten viele an den Ringen haftende Partikel darauf hin. Vermutlich werden Nematoden, die in diesen Ringen gefangen werden, durch Befall mit Hyphen verdaut. In dem Bernsteinstück finden sich mehrere Nematoden in der Nähe von Pilzringen und sie scheinen aufgrund ihres Außendurchmessers die bevorzugte Beute des Pilzes gewesen zu sein. Damit ist also belegt, dass bereits in der frühen Kreide Bodenpilze mit

komplexen, hocheffizienten Fangsystemen vorhanden waren. Über 200 Pilzarten füllen heute diese ökologische Nische aus. Der fossile räuberische Pilz kann aufgrund seiner morphologischen Merkmale keinem heute vorkommenden Bodenzpilz zugeordnet werden. Fleischfressende Pilze gibt es offensichtlich schon lange als Bodenbewohner und die ökologischen Nischen scheinen im Mesozoikum von anderen, heute nicht bekannten Vertretern besetzt gewesen zu sein.

In Supporting Online Material berichten SCHMIDT et al. (2007), dass in dem fossilen Harzstück außer dem fleischfressenden Pilzmycel noch 79 Gliederfüßer (zumeist bodenbewohnende Arten) und zahlreiche weitere Mikroorganismen, wie Bakterien und Algen als Einschlüsse enthalten sind. Das ursprüngliche Fundstück (40 x 30 x 20 mm) wurde für die Untersuchung in 31 Teile zerlegt, die jeweils gesondert poliert und mikroskopisch untersucht wurden.

Wieder einmal erweisen sich Einschlüsse in fossilem Harz als hochinformativ für Ökosysteme aus vergangener Zeit. In diesem Falle ist belegt, dass hochkomplexe und spezialisierte Lebensweisen von Pilzen sehr früh – und bisher ohne dokumentierte Vorläuferstrukturen auftauchen.

[JANNSSON H-B & POINAR JR GO (1968) Some possible nematophagous fungi. Trans. British Mycol. Soc. 87, 471-474; SCHMIDT AR, DÖRFELT H & PERRICHOT V (2007) Carnivorous fungi from Cretaceous amber. Science 318, 1743; SCHMIDT AR, DÖRFELT H & PERRICHOT V (2007) Supporting Online Material: <http://www.sciencemag.org/cgi/content/full/318/5857/1743/DC1>; YANG Y, YANG E, AN Z & LIU X (2007) Evolution of nematode-trapping cells of predatory fungi of the Orbiliaceae based on evidence from rRNA-encoding DNA and multiprotein sequences. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 104, 8379-8384.] H. Binder

Genomforschung – Wieviel „Schrott“ bleibt übrig? oder: Wie findet man bisher übersehene bedeutsame DNA-Sequenzen?

Der erstaunlich geringe Anteil codierender DNA-Sequenzen am Genom (Erbgut) eines Organismus war für manchen Wissenschaftler in der Vergangenheit Anlass, von „Abfall“ („junk“) zu reden – Anteile des Erbguts, die im Laufe der Evolution angesammelt wurden und überflüssig geworden seien. Diese Deutung war zwar nicht unumstritten, aber doch – vor allem in populären Medien – weit verbreitet. Die Anzeichen dafür mehren sich jedoch, dass immer weitere Teile des Genoms von Bedeutung sind. Aber wie kann man analytisch DNA-Abschnitte, die nicht in Proteine übersetzt werden (Translation), überhaupt erkennen? MCCALLION et al. (2007) haben eine Methode entwickelt, diese im Bereich eines Gens angewendet und dabei überraschende Erfahrungen gemacht.

Die Autoren untersuchten beim Zebrafisch (*Danio rerio*) die Umgebung des Gens *phox2b*. Die-

ses Gen spielt u. a. bei der Entwicklung von Nervenzellen eine Rolle, bei der Stressverarbeitung und im Verdauungssystem. DNA-Fragmente (48 Amplikons) aus diesem Bereich transferierten die Forscher gekoppelt mit dem Gen eines grün fluoreszierenden Proteins (GFP) in Embryonen des Zebrafisches. In dem von ihnen etablierten Testsystem gibt sich ein regulatorischer DNA-Abschnitt dadurch zu erkennen, dass der Embryo GFP produziert und damit grün fluoresziert. In 17 Fällen erhielten MCCALLION et al. fluoreszierende Zebrafisch-Embryonen.

Mit den fünf gebräuchlichsten Programmen zur Genomanalyse konnten nur zwischen 29 und 61% der tatsächlich gefundenen regulatorisch wirksamen DNA-Sequenzen erkannt und prognostiziert werden. Damit ist gezeigt, dass die bisher verfügbaren Computerprogramme weiterentwickelt werden und auf eine solidere experimentelle Basis gestellt werden müssen. Diese Resultate unterstreichen auch den großen Bedarf an weiteren methodischen Zugängen, um bedeutsame DNA-Bereiche zu identifizieren. Durch Anwendung der bereits verfügbaren Techniken auf weitere Genbereiche ist ein erheblicher Kenntniszuwachs über weitere funktionelle Sequenzen zu erwarten.

Sollte ein erheblicher Anteil der im Genom niedergelegten Information bisher unerkannt sein, hätte das auch weitreichende Konsequenzen für die Anwendung molekularbiologischer Daten für die Analyse molekularer Stammbäume. Dann müsste – auch darauf deuten die Autoren hin – bei der Interpretation molekularbiologischer Daten im Sinne phylogenetischer Fragestellungen im Lichte dieser Erkenntnisse sehr viel sorgfältiger vorgegangen werden.

[McGAUGHEY DM, VINTON RM, HUYNH J, AL-SAIF A, BEER MA & MCCALLION AS (2007) Metrics of sequence constraint overlook regulatory sequences in an exhaustive analysis at *phox2b*. Genome Res. (download advance articles 10.12.2007): <http://www.genome.org/cgi/reprint/gr.6929408v1>] H. Binder

Pflanzliche Wiederbesiedlung in der Polarregion

Die Polarregionen bieten unwirtliche Lebensbedingungen und sind daher artenarm. Infolge der Klimaerwärmung und den daraus resultierenden besseren Lebensbedingungen wird die Einwanderung von neuen Pflanzen- und Tierarten erwartet. Welche Faktoren bestimmen die Einwanderung?

Die Inselgruppe um Spitzbergen (= Svalbard-Archipel) eignet sich gut für die Untersuchung der Geschwindigkeit von Migrationsvorgängen (Einwanderungen), da sie während der letzten Eiszeit vor 20 000 Jahren konventioneller Zeitrechnung vollständig von Eis bedeckt war, und sehr wahrscheinlich die gesamte Flora seitdem neu einwanderte. Svalbard liegt nördlich des Polarkreises und weit entfernt von potentiellen Ausgangsregionen