

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 Bodenzugewandert 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