

Abb. 1: *Octopus vulgaris*.
Foto: Christian DREBER



Flügel, Feder). Die heutigen Vertreter weisen eine Körperlänge von 2-6 mm auf. Bisher sind ca. 600 Arten wissenschaftlich beschrieben, vermutet werden aber mehr als 2000 Arten.

Die meisten Fächerflügler leben endoparasitisch (d. h. im Innern ihrer Wirte) in verschiedenen Insekten, häufig Hymenoptera (Ameisen, Wespen, Bienen u.a.) und Orthoptera (Heuschrecken, Grillen, Gottesanbeterinnen u.a.). Typischerweise verbleiben die Weibchen zeitlebens in ihrem Wirt und zeigen nach außen nur ihr Vorderende. Die geschlechtsreifen Männchen fliegen für wenige Stunden und suchen die infizierten Wirte auf, um die Weibchen zu begatten. Dabei orientieren sie sich an von den Weibchen ausgeschütteten Sexuallockstoffen (Pheromonen). Bisher wurden 21 fossile Fächerflügler beschrieben (bis auf eine Ausnahme männliche Exemplare), die meisten davon als Bernsteineinschlüsse.

Den jüngsten Beitrag lieferten POHL et al. (2005). Sie beschreiben ein mit 8 mm auffallend großes Exemplar, das in Baltischen Bernstein eingeschlossen ist. Der als *Protoxenos janzeni* benannte Fächerflügler weist als eine auffällige Besonderheit vollständig ausgebildete Mundwerkzeuge (Labrum, Maxillen, Labrum) auf. Bei den meisten heutigen Arten sind diese entweder nur sehr schwach ausgebildet oder fehlen ganz.

Nach bisherigen Beobachtungen an heute lebenden Exemplaren nehmen die geschlechtsreifen Männchen typischerweise keine Nahrung auf. Sie nutzen die wenigen Stunden ihres Lebens, um geschlechtsreife Weibchen in den befallenen Wirtsorganismen anzufliegen und zu begatten, danach sterben sie.

Könnte der Befund, daß die neuentdeckte fossile Form komplette Mundwerkzeuge besaß, als Hinweis interpretiert werden, daß Parasitismus als abgeleitetes Phänomen verstanden werden kann, daß also die Vorläufer der heutigen Parasiten ursprünglich völlig unabhängig von Wirten lebensfähig und nicht auf deren Stoffwechselprodukte angewiesen waren?

[POHL H, BEITEL RG & KINZELBACH R (2005) Protoxenidae fam. Nov. (Insecta, Strepsiptera) from Baltic amber – a 'missing link' in strepsipteran phylogeny. Zoologica Scripta 34, 57-69.] HB

Kraken mit „Menschenarm“

Der Bau der Gliedmaßen der Landwirbeltiere wird als Paradebeispiel für das Homologie-Argument der Evolutionstheorie verwendet. Schon Charles DARWIN wunderte sich darüber, daß grabende, laufende oder fliegende Wirbeltiere denselben Bauplan im Knochengerüst ihrer Extremitäten verwenden und sah darin einen Beleg für gemeinsame Abstammung. Das Homologie-Argument „lebt“ aber nicht allein von der Ähnlichkeit der Baupläne, sondern beruht auf der Mutmaßung, daß die Ähnlichkeit ausgeprägter sei als die Funktion dies erfordere. Diese Argumentation erweist sich bei genauerer Analyse allerdings als fragwürdig (Diskussion bei JUNKER 2002). Eine Studie an den Bewegungsweisen der Krakenarme macht dies erneut deutlich. Denn Untersuchungen von Binyamin HOCHNER und Mitarbeitern von der Hebrew University in Jerusalem zeigten, daß die Kraken (*Octopus vulgaris*; Abb. 1) ihre langen Greifarme teilweise versteifen, wenn sie ein Stück Beute ins Maul stopfen. Dabei benutzen sie durch die Versteifung den jeweiligen Arm ganz ähnlich wie der Mensch: Nur drei Stellen bleiben gelenkig und beweglich, dem Handgelenk, dem Ellenbogen und dem Schultergelenk vergleichbar. Für die Wissenschaftler zeigt sich damit, daß diese Unterteilung von Gliedmaßen die optimale Lösung für das Heranholen von Objekten ist. Die genaue Auswertung von Filmaufnahmen ergab, daß die Abschnitte zwischen dem vorderen und dem mittleren sowie dem mittleren und dem hinteren Gelenk fast genau gleich lang waren. Damit seien die Arme genauso unterteilt wie die von Wirbeltieren.

Damit liefert die Studie ein Argument dafür, daß der Gliedmaßen-Bauplan der Wirbeltiere alleine funktionell, ohne Rückgriff auf eine hypothetische Stammesgeschichte verstehbar ist. „It is surprising, given the large number of possible ways in which a flexible arm could convey an object to the mouth, that the octopus uses a quasi-articulated structure that resembles the multijointed, articulated limbs of animals with rigid skeletons“ (SUMBRE et al. 2005). Einen Vorteil gegenüber Wirbeltieren haben die Kraken allerdings: Sie können die Geometrie ihres Armes an die jeweilige Situation anpassen und die starren Abschnitte unterschiedlich lang machen.

[JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen; SUMBRE G, FIORITO G, FLASH T & HOCHNER B (2005) Motor control of flexible octopus arms. Nature 433, 595] RJ

Atemberaubende Konvergenz

Das evolutionäre Homologie-Argument wird durch zwei immer wieder nachweisbare Befunde geschwächt: Im vorigen Beitrag über die Krakenarme ging es darum, daß bestimmte Bauplanmuster funktionell verstehbar sind und keine „unnötige“

Ähnlichkeit besitzen, die nur stammesgeschichtlich als historisches Relikt erklärbar wären. Das Homologie-Argument wird zum zweiten dadurch in Frage gestellt, daß Merkmale, die nach üblichen vergleichenden Kriterien als homolog gewertet werden müßten, zwei- oder mehrfach unabhängig entstanden sind. Man spricht in solchen Fällen von Konvergenz. Ein höchst erstaunliches Beispiel dafür liefert der Geruchssinn des Palmendiebs (*Birgus latro*), einer bis 4 kg schweren ausschließlich landlebenden Krabbe. Ihren sonderbaren Namen verdankt sie ihrer Fähigkeit, auf Palmen zu klettern, um Kokosnüsse zu ergattern. Evolutionär soll der Palmendieb von wasserlebenden Krabben abstammen. Die Eroberung des Landes erforderte unter anderem tiefgreifende Veränderungen des Geruchssinnes, da die Anforderungen unter Wasser und an Land sehr verschieden sind. Markus STENSMYR und Bill S. HANSSON untersuchten zusammen mit weiteren Wissenschaftlern das Geruchssystem dieser eindrucksvollen Tiere und stellten dabei fest, daß es dem von Insekten verblüffend ähnlich ist, und zwar sowohl in funktioneller als auch verhaltensbiologischer und morphologischer Hinsicht. Die Autoren bemerken: „The insect nose of the robber crab is a striking example of convergent evolution and nicely illustrates how similar selection pressures result in similar adaptation“ (STENSMYR et al. 2005, 116). Daß gleichsinniger Selektionsdruck für diese beeindruckenden Übereinstimmungen geltend gemacht werden kann, darf bezweifelt werden. Wenn aber solche tiefgreifenden Ähnlichkeiten konvergent entstehen konnten, folgt daraus, daß Ähnlichkeiten – auch wenn sie komplex sind – allgemein nicht zwingend als Hinweise auf gemeinsame Abstammung gewertet werden können – wie im Falle des Palmendiebs.

[STENSMYR MC, ERLAND S, HALLBERG E, ALLÉN R, GREENAWAY P & HANSSON BS (2005) Insect-Like Olfactory Adaptations in the Terrestrial Giant Robber Crab. Curr. Biol. 15, 116-121.] RJ

Nanoarchaea-Winzling mit neuer Überraschung

Einen Winzling mit einem selbst für das Reich der Mikroorganismen extrem geringen Durchmesser von ca. 400 nm (sein Volumen ist damit um den Faktor 100 kleiner als das eines *E. coli*-Bakteriums) haben HUBER et al. (2002) beschrieben. Die Wissenschaftler hatten den „reitenden Urzweig“ – so etwa der deutsche Name von *Nanoarchaeum equitans* – nördlich von Island in einem untermeerischen Vulkangebiet entdeckt. Er lebt dort und auch in den Laborkulturen bei Temperaturen von bis zu 100 °C auf der Oberfläche eines anderen, ebenfalls exotischen Archaeums *Ignicoccus* („Feuerkugel“); unabhängig von diesem Lebewesen konnte *N. equitans* bislang nicht kultiviert werden. WATERS et al. (2003) haben das Erbgut des Winzlings sequenziert und mit 490 885 Basenpaaren das bislang kleinste Genom eines Mikroorganismus analysiert. Sie fan-



Abb. 1: Der Palmendieb *Birgus latro*

den ein ausgesprochen kompaktes Genom, ca. 95% werden vermutlich zur Codierung von Proteinen und stabiler RNA genutzt. Die Autoren schreiben, daß dieser Organismus einen ursprünglichen Vertreter der Archaea mit einem stark reduzierten Genom darstelle.

RANDAU et al. (2005) haben jüngst überraschende Ergebnisse aus weiteren Studien am Genom von *N. equitans* veröffentlicht. Sie suchten nach bisher nicht nachgewiesenen Genen für bestimmte tRNA-Spezies. Diese Moleküle gewährleisteten bei der Translation (Übersetzung der genetischen Information in die jeweiligen Genprodukte, z.B. Proteine) die Anlieferung und den Einbau der jeweils codierten Aminosäure. Bisher waren in *N. equitans* keine tRNA-Gene für Glutaminsäure, Histidin, Tryptophan und das Methionin-Startcodon gefunden worden. Der Organismus benötigt diese tRNA-Moleküle jedoch zum Aufbau von Proteinen. Daher war es eine Herausforderung, zu klären, wie *N. equitans* dieses Problem löst.

Mit Computerunterstützung suchten die Autoren zunächst, ob im Genom Teile der gesuchten Gene enthalten sein könnten. Sie fanden tatsächlich neun Gen-Hälften, diese waren nach dem Anticodon (dieses Triplet ermöglicht den Einbau der Aminosäure an der korrekten Position) geteilt. Die zusammengehörenden Gen-Hälften weisen an den entsprechenden Enden jeweils komplementäre GC-reiche Oligonukleotide mit 12-14 Basen auf. Für tRNA^{His} und tRNA^{Glu} konnte im Experiment gezeigt werden, daß die prognostizierten tRNA-Moleküle tatsächlich gebildet werden.

In Hypothesen zur erstmaligen Entstehung von tRNA wird über Genduplikation oder Verknüpfung von sog. RNA-Haarnadeln (hairpin; wie der Name nahe legt, entsprechend geformte RNA-Moleküle) spekuliert. Demnach sei die RNA durch Zusammenfügung einzelner Bruchstücke entstanden. RANDAU et al. wählten *N. equitans* für Ihre Untersuchung aus, weil der Mikroorganismus häufig als urtümlich betrachtet wird (er wird in den entsprechenden Stammbäumen im Wurzelbereich der Archaea angesiedelt).

RANDAU und Mitarbeiter interpretieren die neuen Befunde in der Weise, daß bei *N. equitans* noch RNA-hairpin vorliege, die zu tRNAs zusammengefügt werden. Die Zusammenfügung der