



Abb. 2: *Beachtlich: Auf demselben Blatt können ganz verschiedene Galltypen ausgebildet werden: neben den zahlreichen Linsengallen findet sich ganz links eine ovale Galle sowie rechts daneben eine unregelmäßig geformte Galle.*

Gallwespen und andere. Die Insekten legen ein Ei ins Blattgewebe. Als Reaktion darauf bildet die Wirtspflanze das Gallgewebe und eine für das jeweilige Insekt spezifische Form der Galle. Auf ein und demselben Blatt können so ganz verschiedene Gallen entstehen (Abb. 2), die detailliert organisiert und auf ihre Funktion optimal zugeschnitten sind. Die dabei entstehenden Gallenformen gehören nicht zum normalen Formenrepertoire der Pflanzen – und das, obwohl eine Übertragung von Erbmateriale des Insekts in das Erbgut des Wirtes nicht nachgewiesen werden konnte. Wie durch die Einflüsse des Gastes der Stoffwechsel und die Formbildung der Wirtspflanze umfunktioniert werden, ist nach wie vor unbekannt.

In einer neueren Studie an Weidengallen zeigten die finnischen Wissenschaftler Tommi NYMAN und Riitta JULKUNEN-TIITTO, daß die chemische Zusammensetzung der Gallen gegenüber dem normalen Weidengewebe stark verändert ist (HACHTEL & BERGER 2001). So ist das Vorkommen phenolischer Verbindungen stark reduziert. Diese Stoffe spielen eine Abwehrrolle und können wachstumshemmend oder giftig für Insekten sein. Die Insekten steuern also auch die chemischen Eigenschaften der Gallen. Für das Wachstum der Larven der Gallerreger ist es sicher günstig, daß der Phenolgehalt vor allem im Innern der Galle gering ist.

Nicht nur die Entstehungsweise der Gallen ist unbekannt, unklar ist aus evolutionstheoretischer Sicht auch, weshalb es überhaupt Gallen gibt. Zum einen ist ein Nutzen für die Pflanze nicht ersichtlich; was hat also dazu geführt, daß die Pflanze ihren Gästen solch passende Wohnstätten „baut“? Zum anderen ist der Weg unklar, der zur Fähigkeit der Gallinsekten führte, Gallen auf dem Wirtsgewebe hervorzurufen. Am plausibelsten ist nach Darstellung von HACHTEL & BERGER (2001) die sogenannte Ernährungshypothese: „Nach ihr sollen Gallerreger die Fähigkeit besitzen, ihren Wirt so zu manipulieren, dass dieser im Gallinnern Gewebe pro-

duziert, welches höhere Gehalte an Nährstoffen bzw. niedrigere Konzentrationen an Abwehrstoffen enthält oder beides, ernährungsphysiologisch also wertvoller ist als andere Pflanzenteile.“ Damit wird jedoch allenfalls eine notwendige, aber bei weitem nicht hinreichende Bedingung für die evolutive Gallbildung beschrieben: Der Nutzen von Gallen für das Insekt ist nachvollziehbar, nicht aber der Weg der evolutionen Entstehung der Gallen. Die Autoren weisen zudem darauf hin, daß die Ernährungshypothese bislang kaum durch Daten gestützt wird. Die erwähnte Studie von NYMAN und JULKUNEN-TIITTO kann nur als Beleg gelten, was die Abwehrstoffe betrifft. Dennoch: Die Ernährungshypothese erklärt nur den Nutzen der fertigen Gallen, nicht aber die Schritte ihrer Entstehung.

Erschwerend kommt aus evolutionstheoretischer Sicht noch hinzu, daß Gallinsekten in mindestens sieben Insektenordnungen vorkommen. Es muß daher angenommen werden, daß Gallbildung ebenfalls mindestens siebenmal unabhängig entstanden ist. Wir treffen hier das verbreitete Phänomen der Konvergenz an: Bestimmte durchaus komplexe Merkmale oder Fähigkeiten finden sich baukastenartig unsystematisch verteilt im Organismenreich.

[HACHTEL W & BERGER S (2001) Schmackhafte Pflanzengallen. Biol. in uns. Zeit 31, 204-205] RJ

Der universelle Code – nahezu

Als ein mögliches Argument für die gemeinsame Abstammung aller Lebewesen von einer Urgemeinschaft wird immer wieder auf die Universalität des genetischen Codes hingewiesen (WOESE 1967). Das heißt die Erbinformation ist in Bakterien auf die gleiche Weise verschlüsselt wie z.B. in Säugetieren. Der genetische Code hat vier Buchstaben (A, C, G und T), die jeweils zu dreien ein sogenanntes Codon bilden. Jedes mögliche Codon steht nun entweder für eine Aminosäure (GGG zum Beispiel für Glycin) oder für den Startpunkt der Proteinkette (ATG) oder für den Endpunkt (hier sind es drei: TGA, TAG und TAA). Es stellte sich aber bald heraus, daß der Code doch nicht ganz so universell ist, wie zuerst angenommen. Es gibt etliche Abweichungen vom sogenannten „Standard-Code“ (FOX 1987). Beispielsweise codiert in einer Hefe namens *Pichia farinosa* CTG nicht für die Aminosäure Leucin, sondern für Serin (SUZUKI *et al.* 2002). Nun wurde kürzlich eine weitere interessante Abweichung entdeckt. In dem Archaeobakterium *Methanosarcina barkeri* bezeichnet das Codon TAG nicht das Ende eines Proteins, sondern wird für eine neue, bislang unbekannte Aminosäure verwendet. Diese neue entdeckte Aminosäure wurde Pyrrolysin getauft (HAO *et al.* 2002; SRINIVASAN *et al.* 2002). Einen ähnlichen Fall hatte man vor mehr als zehn Jahren entdeckt, bei dem das TGA-Stopco-

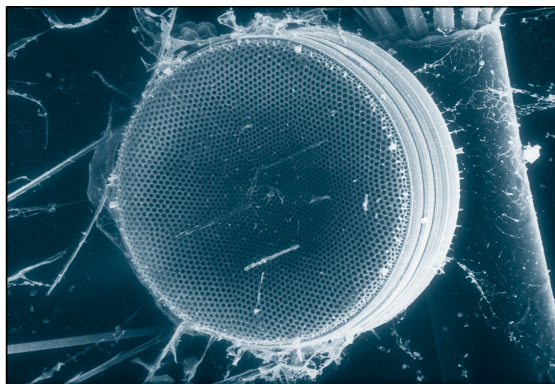
don für die seltene Aminosäure Selenocystein verwendet wird (LEE et al. 1989). Die „Umprogrammierung“ des TAG-Stopcodons auf Selenocystein gibt es sowohl in Bakterien als auch in Menschen, während das neubeschriebene Pyrrolysin bislang nur in Archaea entdeckt wurde. Ob nun Abweichungen vom Standard-Code das Argument einer gemeinsamen Abstammung in Frage stellen ist nicht klar. Schließlich ist es Forschern 1998 gelungen, in Bakterien einzelne Codons des universalen Codes umzuprogrammieren. So codiert AUA beispielsweise für Isoleucin, nach der Umprogrammierung aber für Cystein, eine völlig andere Aminosäure. Überraschenderweise waren die veränderten Bakterien voll lebensfähig (DÖHRING et al. 1998). Man würde intuitiv eher vermuten, daß ein solch drastischer Eingriff, der alle solche Proteine betrifft die Isoleucin (codiert durch AUA) enthalten, stärkere, wenn nicht gar tödliche Auswirkungen auf die Organismen hätte. Weitere Forschungen müssen zeigen, ob alle bekannten Abweichungen vom genetischen Standard-Code im Rahmen einer Evolutionstheorie gedeutet werden können.

[DÖHRING V & MALIERE P (1998) Reassigning cysteine in the genetic code of *Escherichia coli*. Genetics 150, 543-551; FOX DT (1987) Natural variation in the genetic code. Annu. Rev. Genet. 21, 67-91; HAO B, GONG, W, FERGUSON TK, JAMES CM, KRZYCKI JA & CHAN MK (2002) A new UAG-encoded residue in the structure of a methanogen methyltransferase. Science 296, 1462-1466; LEE BJ, WORLAND PJ, DAVIS JN, STADTMAN TC & HATFIELD DL (1989) Identification of a selenocysteyl-tRNA(Ser) in mammalian cells that recognizes the nonsense codon, UGA. J. Biol. Chem. 264, 9724-9727; SRINIVASAN G, JAMES CM & KRZYCKI JA (2002) Pyrrolysine encoded by UAG in Archaea: charging of a UAG-decoding specialized tRNA. Science 296, 1459-1462; SUZUKI C, KASHIWAGI T & HIRAYAMA K (2002) Alternative CUG codon usage (Ser for Leu) in *Pichia farinosa* and the effect of a mutated killer gene in *Saccharomyces cerevisiae*. Protein Eng. 15, 251-255; WOESE CR (1967) The genetic code. Molecular basis for genetic expression. New York.] KV

Dem Schalenbau von Kieselalgen auf der Spur

Kieselalgen (Diatomeen) sind einzellige Mikroalgen, die Silikatschalen aufbauen, in welchen sie leben. Diese Silikatgehäuse weisen artspezifische, filigrane Strukturmerkmale auf. Der biosynthetische Aufbau dieser Silikate erfolgt im Vergleich zur Laborsynthese unter milden physiologischen Bedingungen (bezüglich pH-Wert, Druck und Temperatur). Der Aufbau der auffälligen Strukturen erfolgt unter maßgeblicher Beteiligung von Proteinen, die aufgrund ihrer Funktion als *Silaffine* (Silikatliebend, -anziehend) bezeichnet werden.

Zur Untersuchung der spezifischen Wechselwirkung zwischen Silaffinen und Silikat haben KRÖGER et al. (1999; 2000) Verfahren entwickelt, um die Proteine aus Diatomeen zu isolieren. In ersten Versuchen wurden durch Einsatz von wasserfreier Fluorwasserstoffsäure (HF) Peptide mit niedrigem



Exemplare der Kieselalgen *Thalassiosira* (Mitte) und *Corethron* (rechts).

Foto: R. M. CRAWFORD, Alfred-Wegener-Institut, Bremerhaven

Molekulargewicht aus Diatomeenschalen isoliert, die als Silaffine charakterisiert werden konnten. Bei Zugabe dieser Peptide zu Kieselsäurelösungen (H_2SiO_3) erhält man Silikatkügelchen, die sich allerdings in Form, Größe und auch hinsichtlich der Bildungsbedingungen und -geschwindigkeit von denjenigen unterscheiden, die die Gehäuse von Kieselalgen aufbauen.

Durch Optimierungen der Extraktionsmethoden konnten schließlich mit Polyaminen modifizierte Silaffine gewonnen werden. Beim herkömmlichen Extraktionsverfahren gehen diese Modifikationen verloren. Die unter physiologischen Bedingungen positiv geladenen Amingruppen stellen die Keimbildungsstellen dar und die Polyamine steuern möglicherweise auch die Größe der Silikatteilchen.

In ihrer jüngsten Arbeit haben KRÖGER et al. (2002) die Methoden derart optimiert, daß es gelang, Silaffine mit Polyaminen in ihrer natürlichen phosphorylierten Form zu gewinnen. Sie extrahierten die Kieselskelette von *Cylindrotheca fusiformis* mit Ammoniumfluorid (NH_4F) unter leicht sauren Bedingungen (pH 5), dadurch werden die Silikate durch Komplexbildung gelöst. Die so erhaltenen Peptide zeigten ein höheres Molekulargewicht als die mit herkömmlichen Methoden gewonnenen. Nach Behandlung dieser massereichen Silaffine mit wasserfreier HF waren sie hinsichtlich ihrer physikalischen Eigenschaften mit den bereits bekannten identisch. Die Analyse ergab, daß etwa acht Phosphatgruppen pro Peptid vorhanden sind; 11 der 15 Aminosäuren sind modifiziert: alle 7 Serine sind phosphoryliert, die Polyamine (teilweise phosphoryliert) sind an Lysinmoleküle gebunden.

Die mit den herkömmlichen Methoden isolierten Silaffine konnten im Experiment nur bei Zugabe von Phosphatpuffer Silikate aus Kieselsäurelösungen ausfällen. Die positiv geladenen Polyamine und die negativ geladenen Phosphatgruppen ermöglichen als sogenannte Zwitterionen eine komplexe zwischenmolekulare Wechselwirkung und Zusammenlagerung. Eine Zusammenlagerung zwischen mehreren Silaffinzwitterionen konnte mit Hilfe von spektroskopischen Methoden dokumentiert werden. Diese Komplexe scheinen