

Nur von *Formica subintegra*, einer Ameisenart, die andere Ameisen versklavt, sind C12 -C16 Aldehyde bekannt, die in vergleichbarer Weise wirksam sind. Die langkettigen Alkohole und Aldehyde von *I. eumerus* verursachen auch noch nach 50 Tagen aggressives Verhalten unter den Ameisen. Mit der Sekretion dieses Chemikaliencocktails kann die Schlupfwespe 80% der Individuen einer Ameisenkolonie erfolgreich ablenken. Eine vergleichbare Wirksamkeit von Ausscheidungsprodukten ist nicht bekannt.

THOMAS et al. erhoffen sich von diesen Ergebnissen Impulse zur Entwicklung von Alternativen zum Einsatz von Gift- und Abwehrstoffen zur Kontrolle von schädlichen Ameisen.

Die Ergebnisse zeigen aber auch, mit welchem Aufwand einschließlich dem Einsatz chemischer Kampfstoffe unter Insekten verschiedene Arten einander ausnützen.

[THOMAS JA, KNAPP JJ, AKINO T, GERTY S, WAKAMURA S, SIMCOX DJ, WARDLAW JC & ELMES GW (2002) Parasitoid secretion provoke ant warfare. *Nature* 417, 505. Im Internet mit Abbildungen: http://news.nationalgeographic.com/news/2002/05/0530_020530_ants.html] HB

Schnelle Entstehung geographischer Unterschiede bei Fruchtfliegen

Die Fruchtfliege *Drosophila subobscura* ist in der Alten Welt beheimatet und besiedelt unterschiedliche Höhenstufen. Mit der Höhe steigen allmählich das Körpergewicht und die Flügellänge der Fliegen an (geographischer Klin). Vor zwei Jahrzehnten wurde *D. subobscura* in der Neuen Welt eingeführt. In den dort sich ausbreitenden nordamerikanischen Populationen wurde nach zehn Jahren noch kein Unterschied in der Flügellänge festgestellt, nach zwei Dekaden aber war ein Klin evolviert und hatte sich stark dem geographischen Klin angenähert, der in der Heimat der Fliege verwirklicht ist. Darüber berichten Raymond B. HUEY und Mitarbeiter vom Zoologischen Department der University of Washington. Die Autoren stufen diese Entwicklung als auffällige Konvergenz und als „vorhersagbare Evolution“ ein, wenn auch der Weg, auf dem der geographische Klin erreicht wurde, verschieden war. Der Klin habe sich extrem schnell eingestellt. Lediglich die Änderungen der Schnabellängen der Darwinfinken infolge extremer Trockenheit im Jahr 1978 habe sich unter den bekannten Fällen noch schneller abgespielt.

[HUEY RB, GILCHRIST GW, CARLSON ML, BERRIGAN D & SERRA L (2000) Rapid evolution of a geographic cline in size in an introduced fly. *Science* 287, 308-309.] RJ

Diploides Endosperm bei ursprünglichen Blütenpflanzen

Bei Nacktsamigen Blütenpflanzen (Gymnospermen) wird der heranwachsende Embryo gewöhnlich von einem haploiden Gewebe ernährt (primäres Endosperm). Es geht auf die bei der Reduktionsteilung in den Samenanlagen entstehenden haploiden Zellen des weiblichen Gametophyten zurück.

Bei den Bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) hingegen entsteht das Endosperm durch den sehr merkwürdigen Vorgang einer doppelten Befruchtung. Das heißt, neben der Zygotenbildung durch Befruchtung der Eizelle durch eine Spermazelle erfolgt eine weitere Befruchtung innerhalb des hier als Embryosack bezeichneten weiblichen Gametophyten. Dabei verschmelzen zunächst zwei haploide Kerne (Polkerne) zu einem diploiden Kern, und dieser wiederum verschmilzt mit dem Kern einer zweiten Spermazelle zu einem triploiden Kern, aus dem sich dann das triploide Endosperm entwickelt.

Lange Zeit nahm man an, die beiden geschilderten Modelle „einfache Befruchtung – haploides Endosperm“ und „doppelte Befruchtung – triploides Endosperm“ würden einen grundsätzlichen Unterschied zwischen Gymnospermen und Angiospermen ausmachen. Inzwischen weiß man, daß das nicht so streng gilt. So fand FRIEDMAN (1990; 1994) heraus, daß bei den nacktsamigen Gattungen *Gnetum* und *Ephedra* doppelte Befruchtung vorkommt, wenn auch ohne Bildung eines Endosperms. Aktuell berichten nun WILLIAMS & FRIEDMAN (2002) über den Nachweis von diploidem statt triploidem Endosperm bei der Teichrosen-Art *Nuphar polysepalum*. Dieser Befund ist insofern bemerkenswert, als die Teichrosen, Seerosen und ihre Verwandten seit einiger Zeit als besonders ursprünglich angesehen werden. In ihren Baumerkmalen weichen sie von den übrigen Blütenpflanzen ab und werden in neueren „molekularbiologischen Stammbäumen“ gewöhnlich als Schwestergruppe zu allen übrigen Ein- und Zweikeimblättrigen Bedecktsamern dargestellt.

Die durchgeführten Untersuchungen sind sehr aufwendig, was auch erklärt, weshalb insgesamt zur Frage der Endospermentwicklung vergleichsweise wenige Ergebnisse vorliegen. Bei *Nuphar* ist der reife Embryosack nur vierkernig und weicht damit vom achtkernigen Standardtyp ab. Dies wiederum bedingt, daß nur ein Polkern vorhanden ist und entsprechend als Ergebnis der doppelten Befruchtung auch nur ein diploides Endosperm entstehen kann.

Die Autoren untersuchten ausgewählte Vertreter der als ursprünglich angesehenen Pflanzengruppe um die Nymphaeales (inkl. *Amborella* und dem sog. ITA Clade) und fanden vierkernige Embryosäcke (und damit sehr wahrscheinlich

diploides Endosperm) bei folgenden Gattungen: *Nuphar*, *Nymphaea* und *Cabomba* (Nymphaeales), *Schisandra* (Schisandraceae) und *Illicium* (Illiciaceae). So könnte man das Ergebnis auf den einfachen Nenner bringen: Nacktsamer haben ein haploides Endosperm, ursprüngliche Bedecktsamer ein diploides und fortgeschrittene Bedecktsamer ein triploides Endosperm.

Doch ganz so einfach ist es nicht. Dafür gibt es mehrere Gründe. Zunächst ist festzustellen, daß es eine Frage der Interpretation ist und kein Beweis, wenn man abweichende Gruppen mit ursprünglichen Gruppen gleichsetzt. Dafür haben deren Vertreter durchaus auch als fortschrittlich geltende Merkmale. Im übrigen sind Abweichungen vom Normaltyp der Embryosack- (und Endosperm-) entwicklung schon länger bekannt. Sie betreffen immerhin ein Drittel aller Angiospermen. So ist etwa bei *Lilium* das Endosperm pentaploid, und der vierkernige Embryosacktyp hat als alternative Möglichkeit der Entwicklung unter dem Namen *Oenothera*-Typ längst Einzug in die Lehrbücher gehalten. Dazu kommt nun, daß die ebenfalls zu der genannten Pflanzengruppe gerechnete *Amborella*, die in letzter Zeit von mehreren Autoren als die Urangiosperme schlechthin angesehen wurde, nicht den vierkernigen, sondern den achtkernigen Typ aufweist. Dadurch ergibt sich die für Evolutionsüberlegungen immer schwierige Situation der Konvergenz: Entweder entstand der achtkernige Embryosack und damit das triploide Endosperm (mindestens) zweimal unabhängig von einer diploiden Ausgangssituation, oder es ist sogar so, daß das diploide Endosperm den sekundären Zustand darstellt, der sich (mindestens) zweimal von einer triploiden Ausgangssituation entwickelte.

[FRIEDMAN WE (1990) Double fertilization in *Ephedra*, a nonflowering seed plant: its bearing on the origin of angiosperms. *Science* 247, 951-954; FRIEDMAN WE (1994) The evolution of embryogeny in seed plants and the developmental origin and early history of endosperm. *Amer. J. Bot.* 81, 1468-1486; WILLIAMS JH & FRIEDMAN WE (2002) Identification of diploid endosperm in an early angiosperm lineage. *Nature* 415, 522-526.] HK

RNA-Fragmente in alten Salzvorkommen

Berichte über das Vorkommen von Mikroorganismen in geologisch alten Salzkristallen reichen bis in die erste Hälfte des 20. Jahrhunderts zurück. Seit den 1960-er Jahren werden immer wieder Publikationen vorgelegt, in denen der Nachweis einer Reaktivierung von Mikroben behauptet wird. Diese Arbeiten werden aufgrund der z. T. hohen Alter der Salzproben häufig in Frage gestellt (BINDER 2001). In einer jüngst erschienenen Arbeit wird versucht, die geologische Zuordnung der Proben abzusichern und durch den Nachweis mikrobieller DNA einen indirekten Nachweis für das Vorkommen von Mikroorganismen in diesen alten Proben zu führen.

Für diese neuen Untersuchungen über Mikroorganismen in alten Salzvorkommen benutzten FISH et al. (2002) Salz-Einkristalle mit vielen Flüssigkeitseinschlüssen. Durch die Verwendung vergleichsweise kleiner Proben kann die Gefahr verringert werden, daß umkristallisiertes Salz, genetisches Material oder Mikroorganismen, die nicht mit dem Kristallisationsvorgang in Zusammenhang stehen, die Analyse verfälschen. Hätten nachfolgende Prozesse, z. B. Umkristallisation die ursprünglichen Salzkristalle verändert, dann wären sie jünger, als sie durch die umgebende Matrix erscheinen. Die geringe Probengröße verringert aber auch die Aussicht, Mikroben reaktivieren zu können.

Durch ein Verfahren, bei dem mittels Laserlicht kleinste Proben aus einer Matrix abgetrennt und diese dann massenspektrometrisch untersucht werden („laser-ablation microprobe-inductively coupled plasma mass spectrometry“) haben die Autoren nachgewiesen, daß die im Kristall eingeschlossene Salzlösung in ihrer chemischen Zusammensetzung die ursprüngliche Salzlösung repräsentiert, aus der das Salz auskristallisiert ist (Mutterlauge). Damit sind die den Salzkristallen zugeordneten geologischen Epochen besser abgesichert.

Nach DNA-Isolierung und entsprechender Vermehrung durch PCR wurde gezielt nach 16S rDNA gesucht. Aufgrund der großen Kopienzahl für ribosomale RNA ist die Erfolgsaussicht, rDNA zu finden verhältnismäßig groß. Außerdem sind bereits viele 16S rDNA-Sequenzen von Mikroben untersucht und in Datenbanken abgelegt, sie werden u.a. zur Typisierung herangezogen. Zwei Proben, eine aus dem Mittleren Miozän und eine aus der Oberen Kreide, ergaben positive Resultate, während eine Probe aus dem Oberen Silur negativ war. Die Größe der DNA-Fragmente betrug 700-1000 Basenpaare. Eine analytische Untersuchung der DNA durch Verdauung mit Endonukleasen und anschließender Sequenzierung der fluoreszenzmarkierten Enden (terminal restriction fragment polymorphism; t-RFLP) mit nachfolgendem Sequenzvergleich mit 16S rDNA-Sequenzen aus Datenbanken ergab, daß die gefundenen DNA-Fragmente auf verschiedene Mikroorganismen zurückzuführen sind.

Nach Klonierung und Sequenzierung konnten durch Sequenzvergleich in einer Probe Hinweise auf Haloarchaea gefunden werden, die übrigen Sequenzen zeigten große Ähnlichkeit zu β -Proteobakterien (*Aquabacterium commune* 98,4-99,0% Übereinstimmung in der Gensequenz), γ -Proteobakterien (*Pseudomonas fluorescens*, *Stenomonas maltophilia* 98,5-99,8% und *Acinetobacter*-Arten 89,6-99,5%). Diese Bakterien kommen in den unterschiedlichsten natürlichen Umgebungen vor. FISH et al. schließen daraus, daß diese verwandten, aber geographisch spezialisierten Organismen