

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

wahrscheinlich seit Jahrmillionen getrennt sind, aber dennoch sehr ähnliche 16S rRNA aufweisen. Diese Überlegung stütze das Argument, daß molekulare Uhren in bestimmten phylogenetischen Linien langsam laufen können.

FISH et al. legen sich nicht fest, ob die nachgewiesene DNA nun aus dem Salz oder den wäßrigen Einschlüssen stammt. Ebenso wenig konnten sie Hinweise finden, die zeigen, ob es sich um DNA aus intakten Zellen oder um freie DNA aus lysierten Zellen handelt.

Mit dieser Untersuchung liegt ein weiterer experimenteller Befund vor, daß Nukleinsäuremoleküle und möglicherweise auch Mikroorganismen über geologische Zeiträume konserviert werden können. Der geringe Unterschied zwischen DNA-Sequenzen aus geologischen Proben und heute bekannten Mikroorganismen (dies war bereits früher Anlaß zu Kritik, s. BINDER 2001) steht im Widerspruch zu den langen Zeiträumen, die den Proben zugeordnet werden. Sollten die untersuchten Proben tatsächlich viele Millionen Jahre alt sein, bleibt nach wie vor unklar, durch welche Prozesse die Nukleinsäure-Moleküle oder gar reaktivierbare Mikroorganismen erhalten geblieben sind.

[BINDER H (2001) Dornröschenschlaf bei Mikroorganismen? Stud. Int. J. 8, 51-55; FISH SA, SHEPHERD TJ, MCGENITY TJ & GRANT WD (2002) Recovery of 16S ribosomal RNA gene fragments from ancient halite. Nature 417, 432-436.] HB

Fundamentreste des Herodespalastes und die Ausdehnung des antiken Jerusalem

Bei Grabungsarbeiten in Jerusalem sind Archäologen der israelischen Altertumsbehörde (IAA) auf Mauerreste gestoßen, die sie aufgrund von Lageangaben des jüdischen Historikers Josephus mit großer Wahrscheinlichkeit als Grundmauern des Palastes Herodes identifizieren. Die parallel verlaufenden anderthalb bis zweieinhalb Meter dicken Mauern aus dem ersten vorchristlichen und ersten nachchristlichen Jahrhundert befinden sich sechs bis acht Meter unter einem Gefängnis aus der türkischen Zeit. Da sie direkt an den Felsen anschließen, vermuten die Wissenschaftler, daß es sich um eine Art Terrasse zur Einebnung des Geländes gehandelt hat, auf der dann der eigentliche Palast errichtet wurde.

Die Mauerreste wurden nahe des Jaffa-Tores und unmittelbar südlich der Zitadelle in der Altstadt von Jerusalem gefunden. Ganz in der Nähe stießen die Forscher auf weitere Mauern aus frühe-

ren Zeiten. Eine davon war Teil einer Struktur aus der Hasmonäerzeit (141-63 v.Chr.) und enthielt einen in der Herodianischen Periode (37-70 v.Chr.) eingearbeiteten Drainagekanal. Auch die Größe dieser Rinne läßt auf ein repräsentatives Gebäude in der Nähe schließen.

Wissenschaftlich ungleich bedeutsamer als das Fundament des Herodespalastes sind die ältesten Mauerreste, die in die Zeit des Südreiches Juda im siebenten und sechsten Jahrhundert v.Chr. datiert werden. Ausgräber John SELIGMAN merkt dazu an: „Wenn dies [d.h. diese Datierung, U.Z.] zutrifft, dann könnte der Fund eine unserer wichtigsten Fragen über die Größe des antiken Jerusalem zwischen den Ansichten der ‚Minimalisten‘ und der ‚Maximalisten‘ entscheiden.“ Während die ausgesprochen bibelkritischen „Minimalisten“ unter den Altertumsforschern eine Ausdehnung annehmen, die die antike Stadt auf das heutige jüdische Viertel beschränkt, vermuten die „Maximalisten“, daß die Mauern der alten Stadt den westlichen Hügel bis zum heutigen Jaffa-Tor umfaßten, in dessen Nähe die Mauerreste gefunden wurden. Erwiese sich ihre zeitliche Einordnung als zutreffend, dann hätten die „Maximalisten“ tatsächlich ein wichtiges Argument auf ihrer Seite.

Warum kommt der Ausdehnung Jerusalems in der Königezeit eine solche Bedeutung zu? Einer der führenden „Minimalisten“, der dänische Alttestamentler Niels Peter LEMCHE argumentiert aufgrund des nach seiner Ansicht begrenzten Stadtgebietes von etwa vier Hektar, daß in ihren Mauern höchstens 2000 Einwohner mit vielleicht 300 wehrfähigen Männern im Alter zwischen 17 und 45 Jahren gelebt haben könnten. Ein Imperium, wie es das Alte Testament der Herrschaft Davids und Salomos zuschreibt, hätte sich mit einer solchen Streitmacht schwerlich beherrschen lassen, weshalb der biblische Bericht als historisch obsolet abzutun sei.

Es ist freilich anzumerken, daß der Umfang der Stadt in der Zeit dieser Herrscher im 10. Jahrhundert v.Chr. nicht unbedingt der Ausdehnung im 7./8. Jahrhundert entsprochen haben muß. Nach einer, allerdings sehr umstrittenen, Theorie sollte eine Stadt Jerusalem zur Zeit Davids und Salomos sogar überhaupt nicht existiert haben. Der weitere Verlauf des Mauerrestes kann bedauerlicherweise nicht erforscht werden, da er unter der heutigen Polizeistation der Altstadt verläuft.

[SUDILOVSKY J (2001) Palatial Discovery. Walls may have been part of Herod's palace. Biblical Archaeological Review 27:6, 18.] UZ