

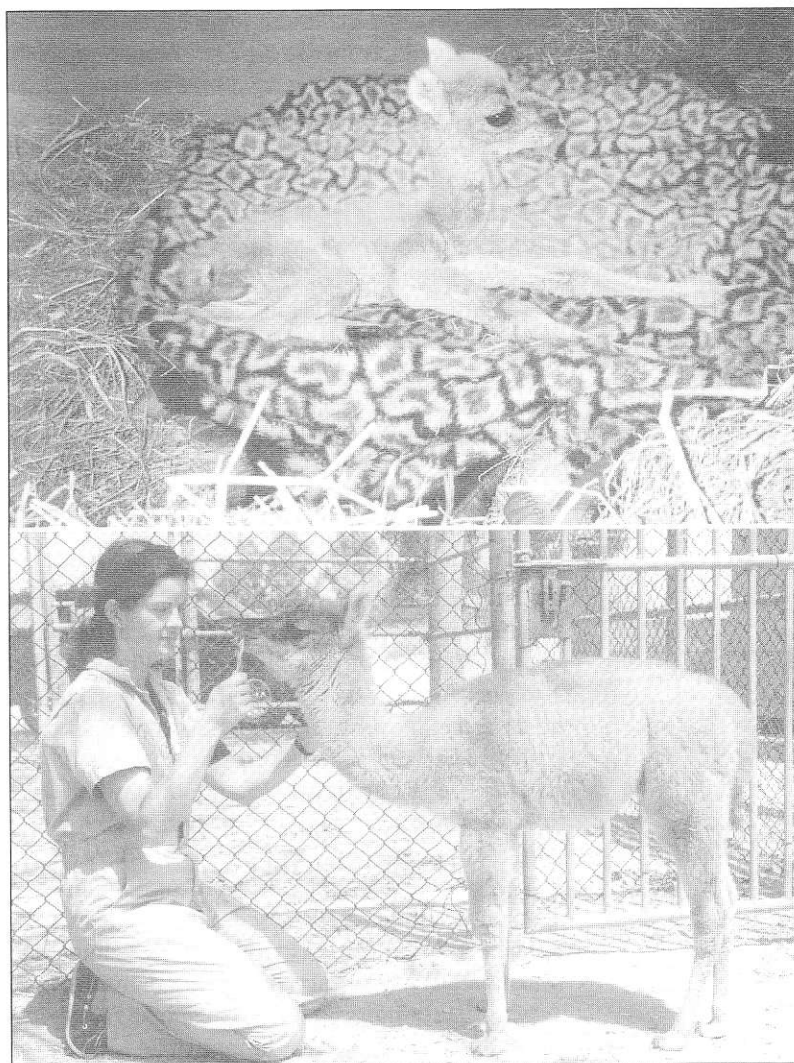
Molekulare Stammbäume und Fossilien

Angesichts der Schwierigkeiten, anhand von Fossilien hypothetische evolutionäre Abläufe zu rekonstruieren, verlagern sich die Hoffnungen seit einiger Zeit auf molekularbiologische Untersuchungen. Aus dem Vergleich von Abfolgen der Einzelbausteine von Proteinen und der DNS (Sequenzanalyse) wurde das Konzept einer molekularen Uhr entwickelt. Unter bestimmten evolutionstheoretischen Annahmen kann an der Uhr derjenige Zeitpunkt abgelesen werden, zu dem der letzte gemeinsame Vorfahre von zwei oder mehreren Arten, deren Molekülsequenzen miteinander verglichen werden, gelebt hat.

Statt der erhofften Erhellung phylogenetischer Abläufe können solche Analysen allerdings neue Probleme verursachen. So weisen Abschätzungen anhand von molekularen Uhren immer wieder auf viel frühere Zeitpunkte der Auseinanderentwicklung hin, als sie durch Fossilfunde nahegelegt werden. Dies könnte durch Lücken der fossilen Überlieferung erklärt werden. Dieser Erklärungsversuch kann mit statistischen Studien auf seine Plausibilität getestet werden. FOOTE et al. (1999) wendeten zu dieser Frage am Beispiel der eutherischen Säugetiere mathematische Modelle an und kamen zum Ergebnis, daß es unwahrscheinlich ist, daß viele der modernen Säugetier-Ordnungen viel früher entstanden sind als zum Zeitpunkt ihrer fossilen Dokumentation. Die Diskrepanz zwischen fossilen und molekularen Daten kann somit in diesem Fall wohl kaum durch die Lückenhaftigkeit des Fossilberichts erklärt werden. [FOOTE M, HUNTER JP, JANIS CM, SEPKOSKI JJ Jr. (1999) Evolutionary and preservational constraints on origins of biologic groups: divergence times of Eutherian mammals. *Science* 283, 1310-1314.] RJ

Zirpen von Heuschrecken uralt

Schon im unteren Tertiär (55 Millionen Jahre) war das Zirpen von Heuschrecken zu vernehmen, wie Fossilfunde aus Dänemark zeigen. Manche Überreste sind so gut erhalten, daß man sogar anatomische Details erkennen kann. Bei den männlichen Exemplaren der Laubheuschrecke *Pseudotettigonia amoena* finden sich an der Unterseite des Vorderflügels kleine Noppen. Diese Noppen streichen über eine hervorstehende Ader des Hinterflügels und erzeugen so ein lautstarkes Zirpen, wenn der Flügel anfängt zu schwingen. Für hohe Frequenzen ist ein sogenannter Spiegel vorhanden, ein dünnhäutiger Teil des Flügels, der von kräftigen Adern umrahmt ist. Noppen wie Spiegel sind auf der linken Seite stärker ausgeprägt und zeigen, daß auch damals schon – wie heute – die Heuschrecken mit links zirpten. Vermutlich um 7 kHz dürfte der



Ton der fossilen Schrecke betragen haben. Leider sind die Hörorgane, die sich auf den Vorderbeinen befinden, nicht fossilisiert, aber die Forscher gehen von einem guten Hörvermögen aus. [RUST J, STUMPFNER A & GOTTFELD J (1999) Singing and hearing in a Tertiary bushcricket. *Nature* 399, 650] KN

Mischling aus Dromedar und Lama – die Cameliden: ein Grundtyp

Die Familie der Kamelartigen (Camelidae) aus der Ordnung der Paarhufer setzt sich aus zwei heute lebenden Gattungen zusammen, *Camelus* (mit den beiden Arten Kamel und Dromedar) und *Lama*. Die Gattung *Camelus* ist heute auf die Alte Welt beschränkt, während die kleineren Lamas (vier Arten) nur in der Neuen Welt verbreitet sind. Aufgrund molekulargenetischer Studien an mitochondrialer DNA (mtDNA) soll die Trennung der beiden Gattungen 11 Millionen Jahre zurückliegen. Die beiden Gattungen sind an deutlich verschiedene Umweltbedingungen angepasst. So besitzen die Lamas beispielsweise ein dichtes fein-

Abb. 1: Mischling aus Dromedar und Lama: Oben: ein Tag alt, unten: 4 Monate alt, mit Dr. SKIDMORE, Direktorin des Sheikh Mohammed bin Rashid al Maktouais Camel Reproduction Laboratory in Dubai, U. A. E. Abdruck mit freundlicher Genehmigung von Prof. W. R. ALLEN.

wolliges Fell, das sie für das kalte Klima der Anden geeignet macht, während die Kamele weniger dicht behaart sind und mit extremen Tag-Nacht-Temperaturunterschieden zurechtkommen können.

Trotz der enormen Zeitspanne einer genetischen Isolation gelangen erstmals Kreuzungen zwischen beiden Gattungen. J. A. SKIDMORE vom Camel Reproduction Center in Dubai und Mitarbeitern gelang bei 50 Versuchen einer künstlichen Besamung von weiblichen Dromedaren (*Camelus dromedarius*) mit Samen vom Lama (*Lama guanicoe*) die Geburt eines Mischlings; eine weitere Trächtigkeit endete am 260. Tag. Die umgekehrte Kreuzung wurde 34mal versucht; hier gelangen zwei Geburten (davon eine Frühgeburt); vier weitere Trächtigkeiten brachen vorzeitig ab. Die Mischlinge waren in ihrem Aussehen intermediär zwischen Kamel und Lama; DNA-Analysen bestätigten, daß es sich um Mischlinge handelte. Ob die Mischlinge fruchtbar sind, konnte nicht geprüft werden, wird aber von den Wissenschaftlern als sehr unwahrscheinlich angesehen. Innerhalb der beiden Gattungen sind Mischlinge schon länger bekannt.

Nach der Grundtyp-Charakterisierung von SCHERER (1993) gehören die Kamelartigen damit definitionsgemäß zu einem Grundtyp. SKIDMORE et al. (1999) stellen mit Erstaunen fest, daß sich trotz der deutlichen Unterschiede in der Gestalt, in der Physiologie und im Verhalten, die sich unter den sehr verschiedenen Umweltbedingungen herausgespezialisiert haben, die Fortpflanzungsbiologie nur geringfügig verändert hat, so daß Mischlinge erzeugt werden konnten. Als bedeutsam sehen sie dabei die Konstanz der Chromosomenzahl an ($2n = 74$). Beide Befunde zusammen lassen sich im Rahmen der Hypothese polyvanter Grundtyp-Stammformen deuten, d. h. die Vorläuferformen waren nicht primitiv, sondern genetisch vielseitig.

[SCHERER S (1993) Basic Types of Life. In: SCHERER S (Hg) Typen des Lebens. Berlin, S. 11-30; SKIDMORE JA, BILLAH M, BINNS M, SHORT RV & ALLEN WR (1999) Hybridizing Old and New World camelids; *Camelus dromedarius* x *Lama guanicoe*. Proc. R. Soc. Lond. B 266, 649-656.] RJ

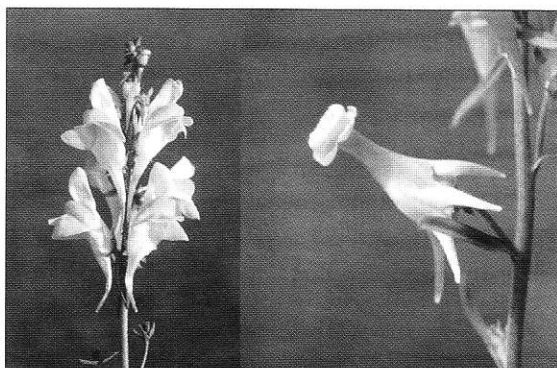


Abb. 1: Mutierte (rechts) und normale Blüten des Leinkrauts *Linaria vulgaris*.
(© Arne ANDERBERG, Naturhistorisches Reichsmuseum Stockholm)

Nur ein Stammvater für Darwinfinken

Die Darwin-Finken wurden von DARWIN selbst während seiner Weltreise auf den Galapagos-Inseln gesammelt. Es handelt sich um 14 Arten, von denen 13 auf den Galapagos-Inseln selbst und eine auf der Cocos-Insel vorkommt. Obwohl schon Generationen von Forschern diese Finken untersucht haben, waren ihre phylogenetischen Beziehungen zueinander unklar. Z. T. wurde sogar vermutet, die Darwinfinken stammen von verschiedenen Finken ab, die auf das Galapagos-Archipel verschlagen wurden. Zwei molekulare Stammbäume, einer vom Cytochrom b, der andere von der sogenannten „control region“, wurden aus der DNA der Mitochondrien konstruiert. Diese Daten zeigten, daß die Galapagos-Finken monophyletisch sind, also auf eine einzige Art zurückgehen. Interessanterweise paßt die bisherige traditionelle Einordnung nur zum Teil zu den molekularen Daten. Bisher werden Grundfinken und Baumfinken unterschieden. Beide Gruppen sind aber, was ihr Cytochrom b und die „control region“ angeht, polymorph wie ihre vermuteten Vorfahren. Es hat also noch keine Verteilung von bestimmten Allelen auf die beiden Teilpopulationen gegeben. Damit scheinen alle Galapagos-Finken sehr eng miteinander verwandt zu sein. [SATO A, O'HUIGIN C, FIGUEROA F, GRANT PR, GRANT BR, TICHY H & KLEIN J (1999) Phylogeny of Darwin's finches as revealed by mtDNA sequences. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96, 5101-5106.] KV

Kleine Ursache – große Wirkung

Schon vor über 250 Jahren wurde eine bemerkenswerte und in vielen Lehrbüchern und Museen dargestellte Mutation des Leinkrauts (*Linaria vulgaris*) vom Altmeister der Botanik, Carl von LINNÉ, beschrieben: Es handelt sich um die sog. Peloria-Mutante, bei der die Blüten radiärsymmetrisch sind; normalerweise sind die Blüten bilateralsymmetrisch (s. Abb. 1). Der Unterschied ist so erheblich, daß LINNÉ für die Mutante zunächst eine eigene Gattung errichtete: *Peloria radiata*. Er erkannte aber bald, daß sie zu *Linaria* gehört. Alle fünf Blütenblätter der Mutante ähneln dem ventralen („bauchseitigen“) Blütenblatt der Wildform, alle haben eine kleine Ausbuchtung mit einer organfarbenen Lippe und einen Sporn an der Basis. Entsprechend sind fünf Staubblätter ausgebildet, die alle dem ventralen Staubblatt der Wildform ähneln (die Wildform hat unterschiedlich ausgebildete Staubblätter). Ontogenetische Studien von CUBAS et al. (1999) zeigten, daß die frühe Blütenentwicklung bei Wildform und Mutante identisch ist; Unterschiede treten jedoch auf, wenn die Staubblatt- und Blütenblatt-Primordien (Anlagen) gebildet werden. Beim Wildtyp verlangsamt sich die Bil-