

besser wird Licht im Wasser absorbiert und desto weniger gut können sich die Buntbarsche gegenseitig sehen.

SEEHAUSEN et al. (1997) haben die Artenvielfalt und die Farbenpracht der Buntbarsche an verschiedenen stark eutrophierten Stellen des Viktoriasees untersucht. Es zeigte sich, daß die Intensität der Färbung der Fische mit abnehmender Lichtdurchlässigkeit des Wassers abnimmt (Abb. 1). Die roten Männchen sind dann weniger rot und die blauen weniger blau. Dies hängt wahrscheinlich damit zusammen, daß die Weibchen die Farben ihrer Männchen nicht mehr gut genug sehen können, wenn das Wasser trüber wird. Dadurch kommt es vermehrt zu Paarungen mit einem Männchen der „falschen“ Art, und der Selektionsdruck auf ausgeprägte Färbung fällt weg. Das Endresultat ist eine dramatische Abnahme der Artenvielfalt in solcherart verschmutzten Gewässern innerhalb von wenigen Jahren.

Es wäre interessant zu sehen, ob dieser Prozeß reversibel ist: Kann aus den neu entstandenen Populationen bei geänderten Umweltbedingungen wiederum eine neue Artenvielfalt in kurzer Zeit entstehen? Dies wäre ein experimentelles Indiz dafür, daß ein verborgenes Variationspotential von polyvalenten Stammformen (vgl. JUNKER & SCHERER

1998, S. 285-294) eine explosive Artbildung zur Folge haben kann. Weil in diesen Fällen durch Mutationen keine neuartige genetische Information entstehen muß, könnte man sich extrem schnelle Artbildungsprozesse innerhalb vergleichsweise weniger Generationen gut vorstellen.

Siegfried Scherer

Literatur

- EGLI-ARM F (1997) Kann die Reflexionsseismik eine Austrocknung belegen? Stud. Int. J. 4, 55-58.
 FEHRER J (1997) Explosive Artbildung bei Buntbarschen der ostafrikanischen Seen. Stud. Int. J. 4, 51-55.
 JUNKER R & SCHERER S (1998) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen.
 SCHERER S (Hg., 1993) Typen des Lebens. Berlin.
 SEEHAUSEN O, VAN ALPHEN JJM & WITTE F (1997) Cichlid fish diversity threatened by eutrophication that curbs sexual selection. Science 277, 1808-1811.
 TURNER GF (1998) Explosive speciation in African cichlid fishes. In: MAGURRAN AE & MAY RM (eds) Evolution of biological diversity. Oxford.
 VAN OPPEN MJH, TURNER GF, ROBINSON CRR, DEUTSCH JC, GENNER MJ & HEWITT GM (1998) Assortative mating among rock-dwelling cichlid fishes supports high estimates of species richness from lake Malawi. Mol. Ecol. 7, 991-1001.

Neue Ähnlichkeiten zwischen Nilpferden, Kühen und Walen

Eine provozierende Interpretation der makroevolutiven Ähnlichkeitsvergleiche der letzten Jahre besagt, daß Walartige und Paarhufer einen gemeinsamen Vorfahren besitzen sollen, den alle anderen Säugetiere nicht hatten. Dies wird von morphologischen und molekularen Studien gestützt und gilt damit als eines der besten Beispiele für übereinstimmende Ergebnisse zwischen morphologischen und molekularbiologischen Abschätzungen in der postulierten Säugetiermakroevolution (MILINKOVITCH et al. 1997). Provozierend daran ist, daß beispielsweise Kühe mit den Walen enger verwandt sein sollen als mit den Pferden (vgl. Abb. 1, oben). Daraus ergeben sich widersprüchliche Merkmalsverteilungen, die durch Konvergenzen erzeugt worden sein sollen.

Kürzlich setzte ein Team von japanischen Wissenschaftlern dieser Entwicklung die vorläufige Krone auf: Sie sehen in den von ihnen beobachteten Verteilungsmustern bestimmter Retroposons¹ Hinweise darauf, daß die Wale, Wiederkäuer und Nilpferde einen gemeinsamen Vorfahren besaßen,

den sie *nicht* mit anderen Paarhufern (Schweine und Kamele) teilen (SHIMAMURA et al. 1997). Die Kuh scheint demnach also sogar enger mit dem Wal verwandt zu sein als mit dem Schwein (vgl. Abb. 1, unten). Noch erstaunlicher ist, daß auch das Nilpferd den Walen und Kühen näherstehen soll als den Schweinen, obwohl Generationen von Systematikern Nilpferde und Schweine aufgrund morphologischer Gemeinsamkeiten in der Unterordnung der Suiformes zusammengefaßt hatten.

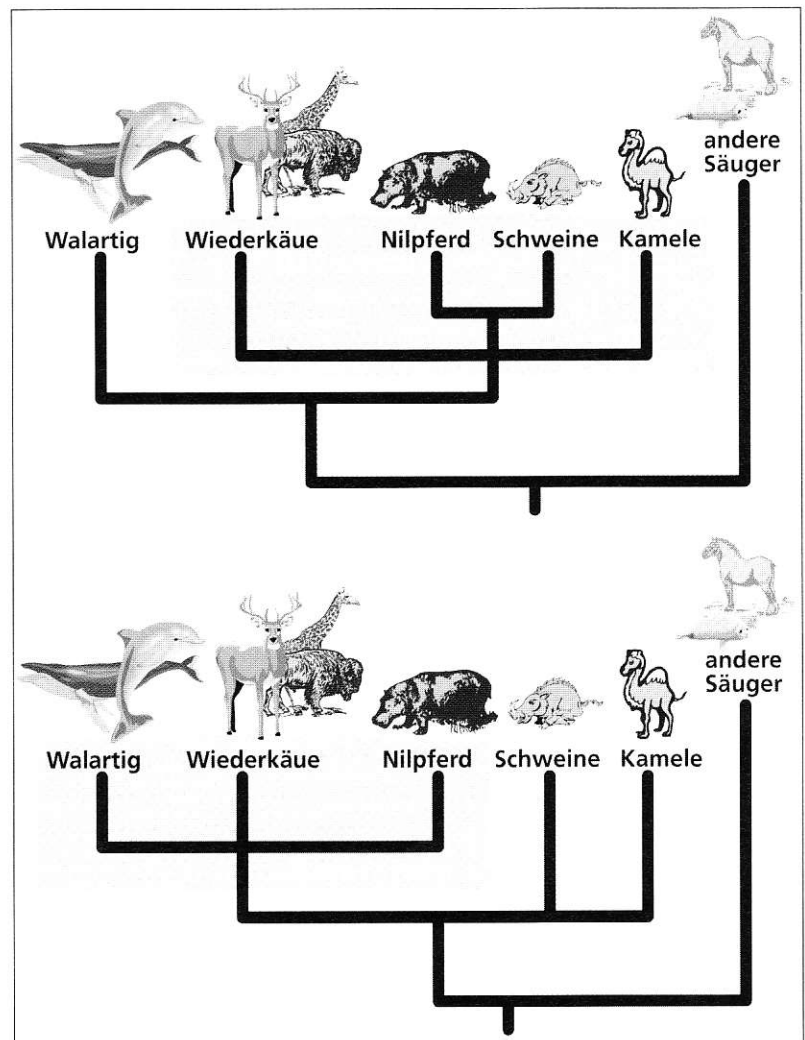
Wie kommen SHIMAMURA und sein Team zu solch unerwarteten Schlußfolgerungen? Sie suchten im Erbgut von Walen nach kurzen, über das Genom verteilten, sich wiederholenden Sequenzen (kurz SINES für **s**hort **i**nterspersed **e**lements) und fanden deren zwei Familien, die vorher noch nicht bekannt waren. Um zu sehen, ob diese Sequenzen auch in anderen Paarhufern vorkommen, fertigten sie entsprechende DNA-Sonden an, die auf einer Membran dann ein Signal erzeugen, wenn dort eine Gensequenz vorliegt, an die diese spezifische Sonde binden kann. Nachdem auf der Membran das ganze

Erbgut von verschiedenen Paarhufern wie Kuh, Nilpferd, Kamel und Schwein neben dem von verschiedenen anderen Säugetieren aufgetragen worden war, wurden Sonden zugegeben, die spezifisch an die gesuchten SINES binden. Nach dem Abwaschen der überschüssigen Sonden, die nirgendwo binden konnten, war die Überraschung groß, als Wiederkäuer und Nilpferde ebenso positiv waren wie die Wale, obwohl alle anderen untersuchten Paarhufer (z.B. Schweine) und weitere Säugetiere die entsprechenden Sequenzen nicht zu besitzen schienen. Auf den ersten Blick scheint dies zu bestätigen, daß Nilpferde den Walen und Kühen näherstehen als den Schweinen (vgl. Abb. 1, unten). Bevor jedoch Schlußfolgerungen solcher Tragweite gezogen werden, müssen alternative Erklärungen für die beobachtete Verteilung ausgeschlossen werden. Hier nun liegt der entscheidende Punkt.

Was sagt das bisher Beobachtete im Detail aus?

Zunächst nur, daß die zwei neu isolierten SINES mit den Namen CHR-1 und CHR-2 irgendwo im Genom von Nilpferden, Wiederkäuern und Walen, nicht aber im Genom der Nilpferden und Wiederkäuern ähnlichen Kamele, Schweine und anderer Säugetiere vorkommen. Damit ist aber beispielsweise noch nicht ausgeschlossen, daß ein Virus mit CHR-1/2 im Genom die entsprechenden Gruppen befallen hat (lange nachdem sie schon so lebten, wie heute) und die CHR-Sequenzen irgendwo im Genom abgesetzt hat. Da Viren nicht nur den Wirt wechseln (SUBBARAO et al. 1998), sondern auch genetische Information im Genom ihrer Wirte hinterlassen können, ist dies nicht grundsätzlich auszuschließen. Alternativ könnten die Familien, die keine CHR-Sequenzen tragen, diese verloren haben.

Um Spekulationen dieser Art auszuschließen, verwendeten SHIMAMURA und Mitarbeiter eine genauere Methode: Sie wollten wissen, wie die Umgebung der CHR-Sequenzen in den einzelnen Fällen aussieht. Nur so kann man nämlich erkennen, ob diese SINES jeweils an ganz verschiedenen Stellen eingebaut wurden bzw. ob an den entsprechenden Stellen in den anderen Familien ein paar DNA-Basen fehlen, die durch unsauberes Ausschneiden verloren gegangen sein könnten. Dazu mußten Genorte gefunden werden, an denen CHRs eingefügt worden waren. Dies gelang auf zwei Wegen. Zum einen gab es in den weltweiten Gen-datenbanken ähnliche Sequenzen mit Kopien von CHRs. Zum anderen können die CHRs im Genom der Wale gesucht werden. Um nun festzustellen, ob ein Vertreter einer anderen Familie an der gleichen Stelle (Genort) ebenfalls eine CHR-Kopie trägt, muß lediglich der entsprechende Teil dieses Gens (Intron) über PCR vermehrt werden. Nach dem Vervielfältigen dieser Sequenz kann (mit Hilfe der obigen Sonden oder durch Sequenzieren) festgestellt werden, ob hier CHR-Sequenzen vorliegen oder nicht.



Was ergab nun die Analyse der Umgebung der CHR-Sequenzen? In sechs der neun veröffentlichten Fälle ist ein eher „konventionelles“ Ähnlichkeitsmuster zu sehen (z.B. Wale untereinander näher verwandt als mit allen anderen usw.). In drei Fällen, die alle die ca. 100 Basenpaare lange CHR-1-Sequenz betreffen, wird die oben erwähnte unerwartete Ähnlichkeitsverteilung bestätigt: Alle Wale, Kühe, Schafe, Giraffen, Hirsche und Nilpferde tragen CHR-1 an den Genorten *Gm5*, *aaa228* und *aaa792*. In Schwein und Kamel kommt CHR-1 an diesen Genorten dagegen nicht vor.

Was bedeuten diese Befunde? SINES sind Retroposons, also Sequenzen, die in Genomen verbreitet werden, indem eine RNA-Kopie von ihnen wieder in DNA umgeschrieben und ins Genom integriert wird.² Wenn eine solche Kopie nun früher einmal in einer bestimmten Population an einer bestimmten Stelle im Genom eingebaut wurde, dann tragen alle Nachfahren dieser Population dieses Retroposon an der gleichen Stelle (sofern es nicht wieder verloren ging). Geht man nun davon aus, daß jedes neue Retroposon an jeder beliebigen Stelle im Genom eingebaut werden kann, dann ist die Wahrscheinlichkeit, bei zwei unabhängigen Kopiervorgängen die gleiche Stelle zu treffen, sehr klein. Das

Abb. 1: Oben: Dieser Stammbaum ergibt sich aus neueren morphologischen und molekularen Ähnlichkeitsvergleichen von bestimmten Merkmalen. (Nach MILINKOVITCH & THEWISSEN 1997)

Unten: Dieser Stammbaum ergibt sich, wenn die von SHIMAMURA et al. (1997) beobachteten Retroposon-Verteilungen nicht durch Einbau an spezifischen Stellen, sondern durch zufälligen Einbau und Abstammung verursacht wurden.