

In zwei Kurzmitteilungen wurden nun Resultate vorgelegt, welche diese Forderungen berücksichtigen (HÖSS et al. 1994; HAGELBERG et al. 1994). In beiden Arbeiten wurden Mammuts untersucht. HÖSS et al. extrahierten DNA aus Weichteilen von sibirischen Mammuts aus dem Pleistozän, welchen ein Alter zwischen 9.700 und mehr als 50.000 Jahre zugeordnet wird. Von 5 Mammuts wurden insgesamt 15 Nukleinsäure-Proben extrahiert (Mehrfachproben bei einzelnen Individuen). Durch enzymatische Vervielfältigung eines Fragments mit 93 Basenpaaren aus mitochondrialer 16S rRNA gelang die Vermehrung von 7 Proben aus 4 Individuen. Verschiedene Proben eines Individuums ergaben identische Sequenzen. Die Mammuts unterscheiden sich untereinander durch 0-5 Substitutionen und im Vergleich mit einem afrikanischen und einem indischen Elefanten (welche im Vergleich miteinander 2 Substitutionen aufweisen) durch 0-4 Substitutionen. Auch Vergleiche mit anderen Huftieren (Kuh und Pferd) wurden angestellt. In einer zweiten Arbeit (HAGELBERG et al. 1994) wurde DNA aus den Knochen von zwei Wollhaarmammuts (zugeordnetes Alter: 47.000 Jahre) untersucht. Erfolgreich konnte mit PCR-Technik ein Abschnitt des mitochondrialen Cytochrom b Gens (Basen 96-378) vermehrt und sequenziert werden. Die Sequenzen wurden zu phylogenetischen Betrachtungen mit denen von 6 asiatischen und 9 afrikanischen Elefanten verglichen. Vorläufige Untersuchungen zur Phylogenie dieser Individuen auf der Basis der Sequenzdaten zeigen,

daß die Mammuts in die Gruppe der Elefantenartigen fallen. Ähnliche Analysen mittels Radioimmunoassay hatten bereits früher zum selben Resultat geführt. Die bisher zur Verfügung stehenden Daten reichen nach Aussage der Autoren noch nicht für eine befriedigende Auflösung der evolutionären Verwandtschaftsbeziehungen innerhalb der Gruppe der Elefantenartigen aus.

Mit diesen Untersuchungen konnte die Bedeutung der PCR-Technik für die molekulare Archäologie erneut demonstriert und die Überzeugungskraft ihrer Aussagen gestärkt werden. Es wäre zu wünschen, daß auch die Untersuchungen an älteren Organismen aus Bernstein nach ähnlichen Kriterien durchgeführt werden. Eine Entscheidung, ob die untersuchte 'alte' DNA wirklich das ihr zugesprochene Alter aufweist, kann aufgrund solcher Untersuchungen jedoch nicht getroffen werden.

Harald Binder

Literatur

- BINDER H (1994) Kontroverse Diskussion um alte DNA. *Stud. Int. J.* 1, 33.
 LINDAHL T (1993a) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709-715.
 LINDAHL T (1993b) Recovery of antediluvian DNA. *Nature* 365, 700.
 HÖSS H, PÄÄBO S & VERESHCHAGIN NK (1994) Mammoth DNA sequences. *Nature* 370, 333.
 HAGELBERG E, THOMAS MG, COOK CE jr., SHER AV, BARYSHNI-

STREIFLICHTER

Die Bedeutung von Leitgefäßen für den Sprung ans Land

Der Übergang vom Wasser ans Land gilt als sehr schwieriger Schritt im evolutionären Szenario – bei Tieren wie bei Pflanzen. Computersimulationen haben gezeigt, daß Wasserleitgefäße bereits bei nur wenige Millimeter großen Landpflanzen mit schlanken Achsen verwirklicht gewesen sein mußten, damit die Wasserversorgung des Pflanzenkörpers auf dem Land sichergestellt werden konnte. Parenchymatisches (unspezialisiertes) Gewebe ermöglicht nur einen sehr begrenzten Wassertransport. Dies entspricht der Tatsache, daß der Abstand zwischen Leitgefäßen in Blättern allgemein weniger als 1 mm beträgt. Die Modellrechnungen machen das frühe Auftreten von Wasserleitsystemen in Landpflanzen verständlich, da mit Beginn der Existenz von Landpflanzen ein mehr oder weniger spezialisiertes Leitgewebe offenbar bereits

ausgebildet gewesen sein muß. In Wasserbiotopen besteht dafür keine Notwendigkeit, und Leitgefäße sind bei Algen unbekannt. Die Problematik einer evolutiven Entstehung von Gefäßpflanzen aus Wasser- oder Bodenalgen (hierzu gibt es konkurrierende Theorien) wird dadurch verschärft. [ROTH A, MOSBRUGGER V & NEUGEBAUER HJ (1994) *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B* 345, 137-152] RJ

Molekulare und klassische Taxonomie bei Pflanzen

Mitochondriales Erbmateriale erweist eine engere Verwandtschaft der Bärlappgewächse zu den Moosen als zu den Farnen und Schachtelhalmen. Darauf weisen Sequenzdaten der Untereinheit III der Cytochrom-c-Oxidase-Sequenzen (coxIII) hin. Dazu kommt der gemeinsame Besitz eines bestimmten homologen Introns durch Moose und Bärlappe, das