

Kontroverse Diskussion um alte DNA

Erste Untersuchungen von alter DNA aus Organismen, welche schon vor langer Zeit gestorben sind, wurden vor 10 Jahren (HIGUCHI et al. 1984) veröffentlicht. In jüngster Zeit wurden aufsehenerregende Arbeiten über die Sequenzierung genetischen Materials von Fossilien publiziert, denen ein sehr hohes Alter zugesprochen wird. Die Entdeckung und Entwicklung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR: polymerase chain reaction) hatte der molekularen Paläontologie einen gewaltigen Impuls verliehen. Es handelt sich dabei um ein Kopierverfahren für DNA, das es ermöglicht, im Extremfall ein DNA-Molekül innerhalb von Stunden millionenfach zu vervielfältigen. Die Reihe von Publikationen über alte DNA erreichte ihren vorläufigen Höhepunkt in einem Bericht über die DNA-Sequenz (Fragmente von 315 bzw. 226 Basenpaaren) eines in Bernstein erhaltenen Rüsselkäfers, dessen Alter mit 120–135 Millionen Jahren angegeben wird (CANO et al. 1993).

Verschiedene Wissenschaftler kritisieren den Versuch, immer noch ältere Nucleinsäurestrukturen aufzuklären mit dem Hinweis auf Befunde aus der genetischen Forschung und vielfältige Fehlerquellen. So weiß man aus der Mutageneseforschung um die begrenzte Stabilität der DNA. Die DNA-Kette wird durch Hydrolyse- und Oxidationsprozesse sowie durch nichtenzymatische Methylierung zerstört – auch in lebenden Zellen, wo jedoch ein aufwendiges Reparatursystem auftretende Schädigungen ausbessert (LINDAHL 1993). Enzymatische Prozesse und Mikroorganismen zerstören ebenfalls die genetische Information abgestorbener Zellen sehr effektiv. Geochemische Untersuchungen über die Lebensdauer organischer Makromoleküle schränken die Wahrscheinlichkeit der Existenz von Millionen Jahre alter DNA ein. Ein Problem, das nicht ernst genug genommen werden kann, liegt in der faszinierenden Möglichkeit der oben skizzierten PCR-Technik begründet. Durch die Möglichkeit, ein DNA-Molekül

millionenfach zu kopieren, besteht die Gefahr der Kontamination der untersuchten Proben durch externe, d.h. nicht ursprünglich von der Probe stammenden DNA-Fragmenten. Man muß aus diesem Grund bei derartigen Untersuchungen sehr genau prüfen, ob die gefundene Sequenz wirklich auf genetischem Material vom untersuchten Objekt beruht.

Sollten DNA-Fragmente tatsächlich wie behauptet lange Zeiträume von vielen Millionen Jahren unverändert überstehen, müssen irgendwelche Schutzmechanismen postuliert werden. Man spekuliert darüber, daß Bernstein im Hinblick auf Konservierung der DNA eine sehr geeignete Matrix für Fossilien darstellt. Diese Vermutung beruht aber vor allem darauf, daß die bislang ältesten erfolgreichen Untersuchungen an Bernsteinpräparaten vorgenommen worden sind. Kenntnisse über zugrundeliegende Mechanismen stehen noch aus.

Beim bisherigen Kenntnisstand scheint die Diskussion offen zu sein (LEWIN 1994). Möglicherweise bietet die hier vorliegende Situation aber auch Anlaß, die den Fossilien zugeordneten Alter nochmals zu überprüfen.

Harald Binder, Konstanz

Literatur

- CANO RJ, POINAR HN, PIENIAZEK NJ, ACRA A, POINAR GO (1993) Amplification and sequencing of DNA from a 120–135-million-year-old weevil. *Nature* 363, 536–538.
- HIGUCHI R, BOWMAN B, FREIBERGER M, RYDER OA, WILSON AC (1984) DNA sequences from the Quagga, an extinct member of the horse family. *Nature* 312, 282–284.
- LEWIN R (1994) Fact, fiction and fossil DNA. *New Scientist*, Jan., 38–41.
- LINDAHL T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* 362, 709–715.

Evolvierten Fledermäuse zweimal?

Fledermäuse sind als aktive Flieger ungewöhnliche Säugetiere und haben auch die menschliche Phantasie beflügelt. Gemessen an der Zahl von 950 Fledermausarten handelt es sich um eine sehr erfolgreiche Säugergruppe. Fossil sind sie ab dem Eozän überliefert (Abb. 1); evolutionäre Vorstufen sind unbekannt. Die bestens erhaltenen ältesten Vertreter besaßen ein Sonarsystem, das heutigen Formen gleicht.

Die Fledermäuse werden in zwei Untergruppen eingeteilt, die Megachiroptera und Microchiroptera (Groß- und Kleinfledermäuse). Angesichts der Komplexität und Homologie des Flugapparates und der mit ihm verbundenen Organe und Verhaltensweisen liegt unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen die Annahme nahe, daß die Fledermäuse monophyletisch sind, d. h. auf eine einzige bereits geflügelte Stamm-

Abb. 1:
Leislers Fledermaus
(*Nyctalus leisleri*), eine
Kleinfledermaus (oben) und
Palaeochiropteryx aus der
Grube Messel (unten).



form zurückgehen. Dies ist überraschenderweise jedoch umstritten. Grund dafür ist der Befund, daß die Gehirnorganisation der beiden Untergruppen sehr verschieden ist – so verschieden, daß PETTIGREW (1986) in der phylogenetischen Rekonstruktion der Gehirnorganisation mehr Gewicht gibt als dem Flugapparat. Denn die Merkmale des Gehirns der Megachiropteren gleichen denen der Primaten und Flattermakis (Dermoptera) in zahlreichen Details, während die Mikrochiropteren darin den übrigen Säugetieren entsprechen. Danach wären die Primaten mit den Flattermakis und den Großfledermäusen als monophyletisch zu betrachten („flying primate hypothesis“), während die Kleinfledermäuse konvergent entstanden wären. Der unabhängigen Evolution der Fledertiere stehen jedoch neben dem im großen und ganzen gleichartig gebauten Flugapparat weitere exklusive Gemeinsamkeiten der Klein- und Großfledermäuse im postcraniellen Skelett- und Muskelsystem entgegen. Dagegen spricht die Position der Penis-Eichel wiederum für PETTIGREWS flying primate-Hypothese.

Molekulare Daten tragen nicht zur Klärung der widersprechenden phylogenetischen Beziehung bei, sondern verwirren eher. Beispielsweise können aufgrund von Hämoglobinsequenzen zwar die Großfledermäuse nach der Bewertung von BAKER et al. (1991) mit einigen Kleinfledermäusen zusammengefaßt werden, andere Microchiropteren fallen jedoch in andere Cluster, so daß nach diesen Daten nicht einmal die Kleinfledermäuse in eine monophyletische Gruppe gestellt werden können.

Wie immer die Bewertung der Merkmalsverteilungen der Fledermäuse vorgenommen wird, muß doch in jedem Fall mit einem erheblichen Umfang von Konvergenzen gerechnet werden – eine Situation, vor der die phylogenetisch orientierten Systematiker oft stehen. Hier handelt es sich um einen besonders gravierenden Fall. Konvergenzen könnten somit wichtige Anknüpfungspunkte für eine nicht-evolutionär orientierte Systematik bieten. Wenn postulierte evolutionäre Kanalisierungen und Umbauvorgänge nicht berücksichtigt werden müssen, ist der Weg frei,

die Merkmalsverteilungen nach einem Baukastensystem zu verstehen, in dem jede Kombination möglich ist, die zu lebensfähigen Organismen führt.

Reinhard Junker, Baiersbronn

Literatur

- PETTIGREW (1986) Flying primates? Megabats have the advanced pathway from eye to midbrain. *Science* 231, 1304–1306.
BAKER RL, NOVACEK MJ & SIMMONS NB (1991) On the monophyly of bats. *Syst. Zool.* 40, 216–231.

Weitere Literaturhinweise bei:

- GARNER P (1993) Did Bats Evolve Twice? Origins – *Journal of the Biblical Creation Society* 6(16), 28–22.