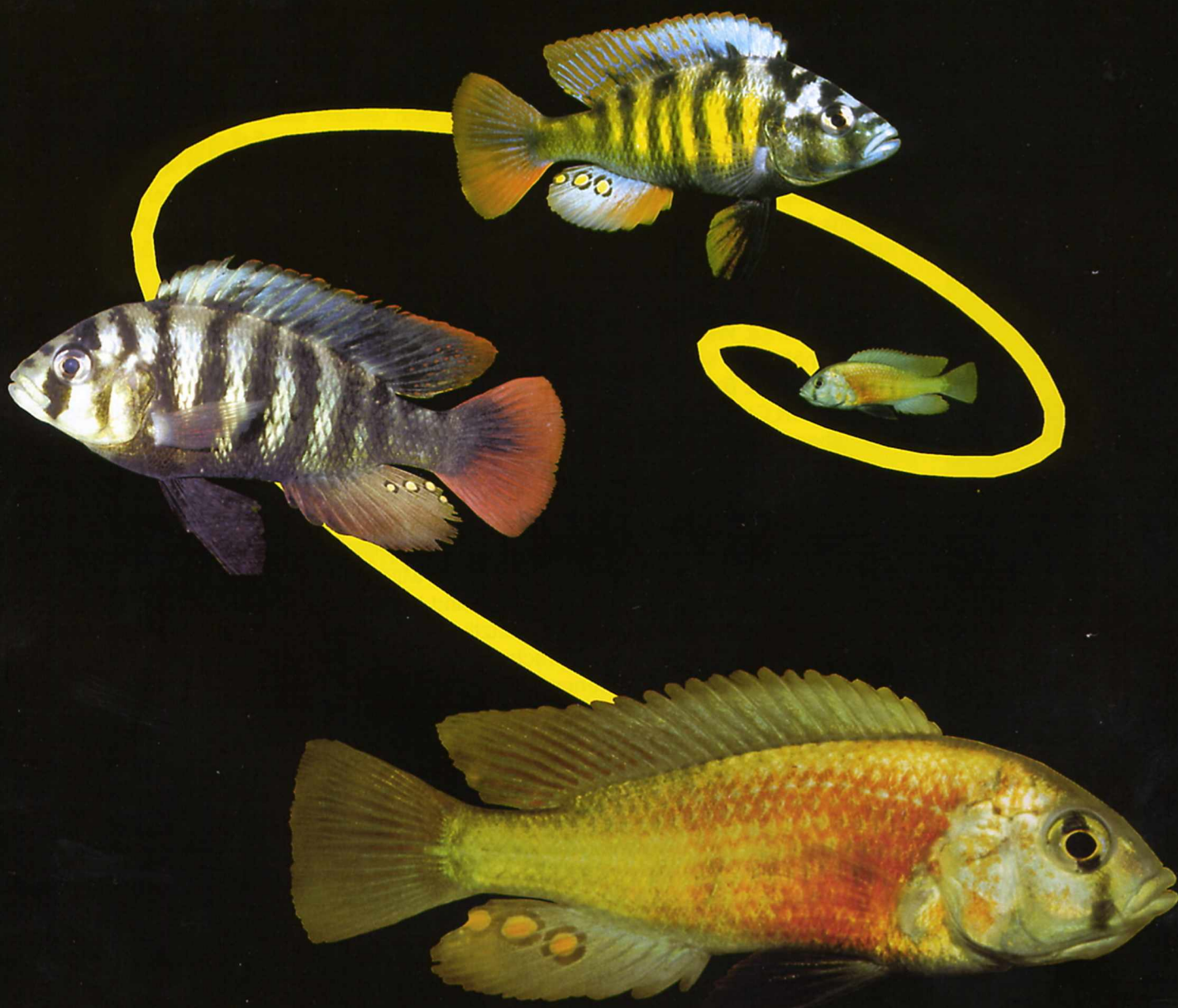


bioskop

Zeitschrift der Vereinigung Österreichischer Biologen



ABA
ÖSTERREICHISCHER BIOLOGEN-VEREIN



Evolution auf dem Prüfstand

D wie Darwin und DNA



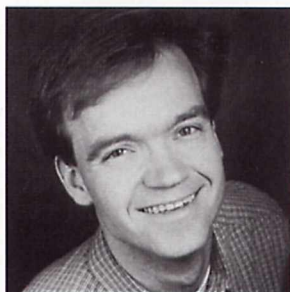
Franz Wuketits



Walter Salzburger



Hubert Salzburger



Dirk Albach



Anita Brandstätter



Rouven Schipflinger

Die Landung der „Beagle“ auf den Galapagos-Inseln verlief friedlich und ohne weltpolitischen Aufsehen, und doch war sie der Auslöser für eine Revolution, die ein über Jahrhunderte gefestigtes Weltbild auf den Kopf stellte. Die eigentliche Revolution ging nicht von Darwin als Mensch aus, sondern von seiner Denk- und Arbeitsweise. Wer sich den offensichtlichen Fakten nicht verschließen konnte und wollte, musste umdenken, und zwar am besten gleich um 180 Grad.

Darwinismus wurde zum kategorischen Imperativ einer neuen Generation von Forschern und Wissenschaftlern; und selbst jene seiner Thesen, die in der Folge widerlegt werden konnten, vermochten seiner Autorität keinen Abbruch zu tun. Trotz seiner revolutionären Denkweise blieb Darwin ein Kind seiner Zeit; sein Glaube setzte ihm Grenzen, die selbst er nicht zu überschreiten wagte. Seine Vorstellung von der Evolution als gestaltende Kraft musste zwangsläufig seinem deterministischen Weltbild Tribut zollen: Alle Denkmodelle sind erlaubt, solange sie der Kontinuität einer fortschrittlichen Höherentwicklung des Lebens bis hin zum Homo sapiens als Krone der Schöpfung nicht widersprechen. Nichtsdestotrotz war seine Lehre von der Entstehung der Arten revolutionär.

Revolution und Evolution weisen Parallelen auf:

Parallele Nr. 1: *Beide fressen nicht selten ihre eigenen Kinder.*

Parallele Nr. 2: *Weder Verlauf noch Ausgang sind voraussehbar oder berechenbar.*

Darwin hätte aus seiner Sicht wohl hinzugefügt:

Parallele Nr. 3: *Beide verfolgen ein bestimmtes Ziel.*

Und hier irrt Charles. Für eine Revolution mag das zutreffen, zumindest sind die Betreiber derselben davon überzeugt. Die Evolution dagegen hat uns in dieser Hinsicht eines Besseren belehrt: Evolution hat kein Ziel und verfolgt daher auch keines.

Einen Gutteil dieser Erkenntnis verdanken wir einer technischen Revolution in Form einer Maschine mit der Bezeichnung PCR. Sie ermöglicht die Analyse der DNA in einem Ausmaß, die die Evolutionsforschung in eine neue Dimension katapultierte.

Evolution ist ein Prozess, der um seiner selbst willen abläuft. Dieser „Weg“ ist das eigentliche Ziel. Geschwindigkeit und Richtung sind Variable, die auch mit den Mitteln unserer hochentwickelten Datenverarbeitung letztlich nicht berechenbar sind. Somit müsste der Begriff Evolution im deutschen Sprachgebrauch neu definiert werden, denn „Entwicklung“ heißt eigentlich etwas Gegebenes mit einem Anfang und einem Ende „ent“-wickeln. Man denkt dabei unwillkürlich an die immer noch in Lehrbüchern auftauchende Entwicklungsspirale des Lebens. Die Spirale aber ist berechenbar, wie im entsprechenden Artikel dargestellt wird.

Ich selbst habe bei der Gestaltung der Titelseite die Spirale ins Spiel gebracht. Bevor man mich dafür steinigt, sei darauf hingewiesen, dass sie durch den Wortlaut im Titel in Frage gestellt wird. Auch Provokation heiligt die Mittel.

Zugegeben: Evolution schreitet unaufhaltsam und unberechenbar voran. Bedeutet das unter Umständen nicht doch vielleicht, dass das Ziel der Evolution Fortschritt heißt?

Das wäre sicher auch im Sinne Darwins. Da aber die Richtung eine der Variablen ist, kann es auch ein „Rückschritt“ werden. Auch die zweite Variable, die Geschwindigkeit, passt nicht in die Vorstellung von einer konstanten Spiralbeschleunigung, sondern verhält sich eher wie die unberechenbaren Bocksprünge eines Widders oder der Zickzack-Flucht eines aufgescheuchten Feldhasen.

Unter diesen Aspekten bleibt die Evolutionsforschung eine spannende Wissenschaft, die noch ein gehöriges Arsenal an Überraschungen bereithält.

Hubert Salzburger



Fortschritt per Zufall 4

Franz. M. Wuketits

Die Buntbarsche Ostafrikas 7

Walter Salzburger

Versuchslabore der Evolution 11

Hubert Salzburger

Ähnlichkeit und Abstammung 14

Dirk Albach

Mitochondriale DNA des Menschen 17

Anita Brandstätter

Spiralen in Natur und Technik 19

Rouven Schipflinger

News & Infos 21

Helmut Ulf Jost

Exkursionsbericht „Südalpen“ 22

Hubert Salzburger

Naturkatastrophe Mensch 6

Richard Kiridus-Göller

► Titelbild

Seite 1
Bildkomposition „Evolution auf dem Prüfstand“
(H.Salzburger)
Seite 24: „Evolutionlabor Tanganjika-See“
(W.Salzburger, E.Schraml)

► Fotoindex • Illustrationen

Ausschnitte & Bearbeitungen:
Erwin Schraml: S. 8, 9
Anita Brandstätter: S. 17
Internet: S. 10, 14, 19, 20
Karikatur aus Gary Larsons „Die Frühgeschichte der
Anderen Seite“: S. 5
Hubert Salzburger: S. 20, 22 (1)

► Impressum

Das **bioskop** ist das parteifreie und konfessionsunabhängige Magazin der Vereinigung Österreichischer Biologen ABA (Austrian Biologist Association).
Das **bioskop** erscheint viermal im Jahr.

Präsident der ABA

Mag. Helmut Ulf Jost
Fuchgrabengasse 25
8160 Weiz
Helmut.Jost@stmk.gv.at

Redaktion

Dr. Thomas Berti, 6405 Oberhofen 59
Dr. Hans Hofer, Herzog-Sigmund-Straße 7, 6176 Völs,
Dr. Richard Kiridus-Göller, Chimanistr 5, 1190 Wien
HOL Hubert Salzburger, Fachental 84, 6233 Kramsach

Koordination und Kontakt

Dr. Hans Hofer
Herzog-Sigmund-Straße 7
6176 Völs
Tel. + 43 (0) 512/ 304134
Hans.Hofer@uibk.ac.at

Dr. Richard Kiridus-Göller

www.bioskop.at
<http://members.vienna.bioware>

Beirat

Univ.-Prof. Georg Gärtner, Universität Innsbruck
Dr. Susanne Gruber, WU Wien
Univ.-Prof. Bernd Löttsch, Naturhistorisches Museum Wien
Univ.-Prof. Tichy, Universität Salzburg
Univ.-Prof. Horst Werner, IDN Salzburg
Univ.-Prof. Franz M. Wuketits, Universität Wien

Anzeigenverwaltung

Mag. Rudolf Lehner
Keplerstrasse 21
A-4800 Altnang-Puchheim
r.lehner@asn-linz.ac.at

Layout und Satz

Hubert Salzburger, Fachental 84, 6233 Kramsach
H.Salzburger@aon.at

Beleuchtungsstudio

Ritzer Druck, Kitzbühel.

Druck Auflage
Ritzer Druck, Kitzbühel 900

Gedruckt auf chlorfrei gebleichtem Papier.





Evolution - Fortschritt per Zufall?

Im Zusammenhang mit Evolution wird oft automatisch an „Fortschritt“ und „Höherentwicklung“ gedacht. Einer tief in unserer Geistesgeschichte verwurzelten Tradition gemäß liegt die Vorstellung nahe, dass sich Evolution langsam, in kleinen Schritten abspielt, zu immer „höheren“ Lebensformen führt und schließlich in unserer eigenen Spezies ihren Gipfelpunkt gefunden hat. Diese Vorstellung ist nicht mehr haltbar. Evolution ist sozusagen ein Zickzackweg, dem keine Absichten und Ziele zugrunde liegen. Eine wichtige Rolle spielt dabei der Zufall. Der „Pfeil“ der Evolution, so es ihn geben sollte, fliegt allerdings nirgendwohin.

Franz M. Wuketits

Eine verlockende Idee

Für uns Menschen scheint es, wie einmal der amerikanische Paläontologe SIMPSON (1949) bemerkte, unmöglich zu sein, über Geschichte (Natur- und Kulturgeschichte) nachzudenken, ohne sogleich an Fortschritt erinnert zu werden. Alles strebt scheinbar „nach oben“, wird besser und komplexer, und die Idee einer Höherentwicklung drängt sich geradezu auf. Diese Idee ist mit unserer Geistesgeschichte eng verbunden. Sie war eines der zentralen Elemente der Aufklärungsphilosophie, deren Vertreter von der „Verbesserungsfähigkeit“ des Menschen und seiner Situation überzeugt waren. Als der Evolutionsgedanke geboren wurde, wurde sie zeitlich erweitert und in die Geschichte des Lebens auf der Erde zurückprojiziert. Diejenigen, die an den Fortschritt im Bereich des gesellschaftlichen und kulturellen Lebens glaubten, fanden so die naturhistorische Grundlage für ihre Überzeugung. Ich habe die Idee des Fortschritts an anderer Stelle (WUKETITS 1998) bereits als Illusion zurückgewiesen, und zwar sowohl für die soziale und kulturelle Entwicklung des Menschen, als auch für die Evolution des Lebenden im

Allgemeinen. Hier beschränke ich mich auf Letztere. Dabei scheint es zunächst durchaus Indikatoren für eine progressive, fortschrittlich verlaufende Evolution zu geben. Jedenfalls hat der Fortschrittsgedanke in der Geschichte der Evolutionstheorie verschiedene Gesichter und ist unter anderem mit folgenden Vorstellungen verbunden (vgl. NITETZKI 1988, WUKETITS 1998):

- Das Leben hat sich in der Evolution allmählich auf der ganzen Erde ausgebreitet, hat alle Lebensräume erobert und eine enorme Artenvielfalt entwickelt.
- Evolution bedeutet eine Zunahme der Komplexität. Eine Spinne ist komplexer als ein Bakterium, ein Vogel wieder komplexer als eine Spinne usw.
- Die Evolution führt zu immer besseren Anpassungen. Sie spielt sich langsam, graduell ab und bringt eine fortgesetzte Verbesserung von Organen und Leistungen mit sich.
- Es gibt zwar keinen universellen Fortschritt in der Evolution, aber zumindest einige Stammeslinien haben sich progressiv entwickelt, und in der Stammesgeschichte vieler Organismengruppen lassen sich bestimmte Trends erkennen (berühmtestes Beispiel: „Pferdereihe“).
- Der „Pfeil der Evolution“ weist zum Menschen, unsere Spezies ist ihr notwendiges Endziel.

Das sind verlockende Vorstellungen. Denkt man aber über die Evolution genauer nach, dann sieht man bald, dass sie sich etwas anders abspielt.

Zum „Wesen“ der Evolution

Worum geht es in der Natur, im Leben? Alle Lebewesen haben offensichtlich ein Problem zu lösen, nämlich, sich erfolgreich fortzupflanzen. Dazu benötigen sie natürlich Ressourcen, Raum und Nahrung, die sie sich sichern müssen; und sie brauchen wirksame Strategien, um sich gegenüber ihren Konkurrenten zu behaupten. Der größte Konkurrent ist bekanntlich der Artgenosse, daher wetteifern Individuen einer Art

miteinander stets um den Erfolg. Erfolg - das bedeutet immer bloß, die eigenen Gene in die nächste Generation zu befördern, sich also (erfolgreich) fortzupflanzen. Genau das ist auch gemeint, wenn in der Evolutionsbiologie vom „Überleben“ die Rede ist. DARWIN hat richtig gesehen, dass in der differentiellen Reproduktion, in der unterschiedlichen Fortpflanzungsfähigkeit, ein Schlüssel zum Verständnis des Lebens, der Evolution liegt.

Nach heutiger, auf DARWIN'S Theorie basierender Auffassung beruht die Evolution auf zwei voneinander unabhängigen Faktoren oder Faktorenkomplexen (siehe z. B. auch WUKETITS 2000):

- der zufälligen und ungerichteten Produktion von erblicher Variation (vor allem, wie wir heute wissen, durch die Neuordnung der Gene in jeder Generation, bei jedem Individuum);
- der natürlichen Auslese oder Selektion, die aus der Fülle zufällig entstandener Varianten diejenigen fördert, die für die jeweiligen Lebensumstände relativ besser geeignet sind als andere.

Das (genetische) Überleben gelingt dem jeweils Tauglichsten, und das ist stets jenes Individuum einer Art, das beispielsweise ein wenig schneller laufen kann als seine Artgenossen, sich etwas besser vor Feinden zu schützen in der Lage ist, seinen Artgenossen das Futter vor der Nase wegfrisst usw. So kommt es im Laufe der Zeit gleichsam zu einer „Merkmalsverschiebung“ zugunsten der Tauglichsten und damit zu evolutiven Veränderungen.

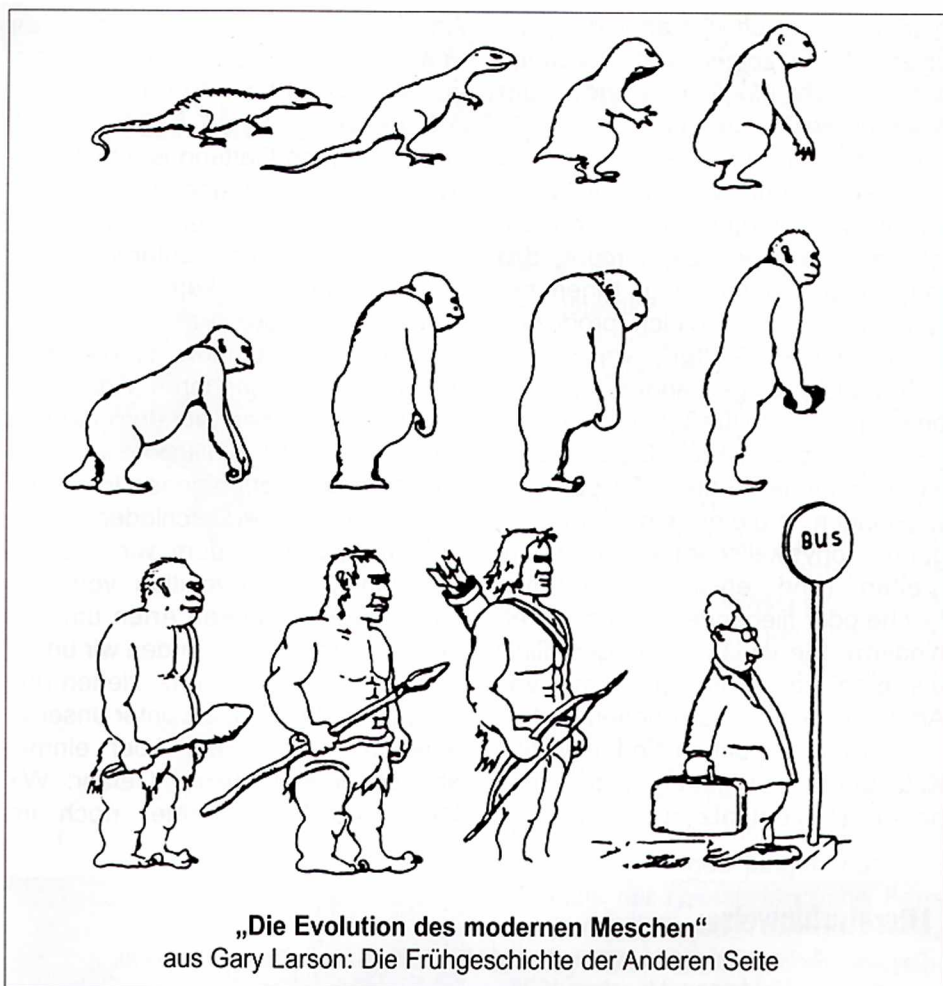
Dabei war DARWIN selbst noch - wir dürfen das nicht übersehen - von der Idee der Höherentwicklung beseelt, so, als ob er nicht willens gewesen wäre, seine eigene Theorie konsequent zu Ende zu denken. Aber selbstverständlich war auch DARWIN ein Kind seiner vom Fortschritts-glauben beeinflussten Zeit.

Zum „Wesen“ der Evolution gehört natürlich die Entstehung und Entwicklung von unzähligen Millionen verschiedener Pflanzen- und Tierarten, von denen die meisten inzwischen

längst ausgestorben sind. Sie alle waren - und sind - unterschiedliche Antworten auf die immer gleiche Frage: Wie ist es überhaupt möglich zu leben? Es gibt also, wie DAWKINS (1998) sagt, viele Millionen Möglichkeiten, das Leben zu fristen. Ein Igel tut das auf seine, eine Elster auf ihre Weise, und die gleichen ökologischen Herausforderungen haben Zebras anders beantwortet als Strauße.

Es geht ausschließlich darum, sich sozusagen irgendwie zu bewähren - aber nur auf Zeit, versteht sich, weil in der Evolution keine Art für die Ewigkeit geschaffen ist. Die Evolution folgt keinen Absichten oder Plänen, vielleicht nicht alles (wie im Lotto) ist möglich, aber jedenfalls sehr vieles. Allerdings wird sie von einigen fundamentalen Naturgesetzen eingeengt, denn es muss ja beispielsweise Gründe dafür geben, dass Insekten nie drei Meter Körperhöhe erreichen, Fische nicht würfelförmig gebaut sind und Nashörner nicht fliegen können (vgl. WUKETITS 2002).

Für unser Thema entscheidend ist, dass man nicht sagen kann, irgendeine Organismenart sei „besser“ als eine andere. Natürlich ist die Idee, dass in der Evolution aus „primitiven“ Arten „hochentwickelte“ hervorgehen, verlockend. Und in gewissem Sinne stimmt das auch; der relativ komplexe Bauplan der Insekten ist aus einem einfacheren Bauplan wurmförmiger Organismen hervorgegangen, und die Säugetiere und Vögel stammen von (einfacheren) Reptilien ab. Jedoch erfolgt eine Zunahme der Komplexität in der Evolution nicht durchgehend und zwingend (siehe auch GOULD 1997), sonst dürfte es heute nur noch komplexe Organismenarten - eigentlich bloß den Menschen - geben, da alle anderen verdrängt worden wären. Indes gibt es in praktisch jeder Tierklasse Formen, die einen ursprünglicheren Bauplan beibehalten haben. Sonst gäbe es beispielsweise unter den Säugetieren keine Eierleger mehr. Und Plagegeister wie Wanzen, Flöhe, Läuse, Zecken, Fliegen - ganz zu schweigen von (krankheitserregenden) Mikroorganismen - müssten längst von „hochentwickelten“ Wesen verdrängt worden sein. Aber dem ist eben nicht so.



Kann Zufall zu Fortschritt führen?

Die Anziehungskraft der Idee vom evolutiven Fortschritt wird nicht zuletzt dadurch bezeugt, dass selbst ein so scharfsinniger Evolutionstheoretiker wie Julian HUXLEY - ein Enkel des großen Mitstreiters Darwins, Thomas H. HUXLEY - der Meinung war, der Mensch sei die letzte Stufe des biologischen Fortschritts und daher verpflichtet, die anderen Lebewesen zu bewahren (vgl. dazu HUXLEY 1947). Viele andere Namen ließen sich anführen. Will man aber in die Evolution nichts „hineinlegen“, dann wird zuzugeben sein, dass die Idee vom evolutiven Fortschritt - so verlockend sie (auch aus psychologischen Gründen) sein mag - eine Illusion war.

Wie gesagt, die Evolution kennt keine Pläne und Absichten, und keine bestimmte Organismenart war je vorgesehen. (Das betrifft unsere Art genauso.) Selbstverständlich ist jedes einzelne Lebewesen ein Beispiel für Ordnung: Alle Strukturen sind minutiös aufeinander abgestimmt, stehen zueinander in Wechselbeziehung und formen zusammen ein harmonisches Ganzes. Jede einzelne Struktur, man nehme, was man

will - einen Schmetterlingsflügel, eine Fischflosse, eine Vogelfeder -, ist wiederum hochgradig geordnet. Und das soll allein möglich sein durch die zufällige, ungerichtete Erzeugung von Variation und eine gewissermaßen kurzsichtig operierende Selektion (die stets nur fördert, was ins jeweilige Bühnenbild der Evolution passt)?

Ja, sicher. Man denke beispielsweise an einen Schneesturm, der zwei oder drei Tage lang dauert. Nachdem sich schließlich der Himmel lichtet, sieht man, wie sich, Sanddünen ähnlich, unterschiedlich hohe und breite Schneewächten gebildet haben. Es gibt einige praktisch schneefreie Plätze, an anderen Plätzen wurde der Schnee haushoch aufgetürmt. Welche Absicht steckte dahinter? Natürlich keine (außer, man glaubt an Götter des Windes, die bestimmte Absichten hegen). Einfache physikalische Überlegungen genügen, um verständlich zu machen, dass der Schnee gleichsam zwangsweise sanddünenförmig angeordnet wurde (so wie das eben auch für Sanddünen nach einem Wüstensturm gilt oder wie sich der Lavastrom bei einem Vulkanausbruch seine Wege bahnt). Natürlich ist jeder Organismus viel komplexer als eine An-

häufung von Schnee, aber das Beispiel soll nur zeigen, dass Ordnung ohne Absicht möglich ist und in der Natur überall vorkommt.

Die Evolution des Lebens ist, wie bereits bemerkt wurde, ein Zickzackweg, der nirgendwohin führt. Sie ist ein großartiges Experiment, das fortgesetzt Neues erzeugt. Einem riesigen Lotteriespiel gleich produziert sie unzählige „Treffer“, von denen sich manche länger, andere nur kurz bewähren. („Volltreffer mit Dauergarantie“ gibt es keine.) Die Evolution ist eine lange Kette zufälliger Verwicklungen, in die nur einige grundlegende (physikalische) Gesetze eingreifen (und etwa würfelförmige Fische oder fliegende Nashörner verhindern). Sie verläuft nicht geradlinig als eine konstante Zunahme von Arten. In den verschiedenen erdgeschichtlichen Epochen sind gewaltige Katastrophen aufgetreten, die einen hohen Prozentsatz der jeweiligen

Arten vernichtet haben, während es in anderen Epochen zu einer geradezu explosionsartigen Entwicklung von Arten kam.

Unsere eigene Gattung ist noch relativ jungen Datums, und es kann sein, dass sie nicht mehr sehr lang existieren wird. In unserer anthropozentrischen Überheblichkeit neigen wir Menschen zu der Auffassung, dass wir in der Evolution vorgesehen waren und die anderen Arten nur Durchgangsstadien „auf dem Weg zu uns“ seien. Diese Illusion ist nicht zuletzt in unserem eigenen Interesse schleunigst zu verabschieden. Denn in dem Maße, in dem wir uns als Gipfelpunkt der Evolution verherrlichen und die anderen Arten um uns herum zerstören, gefährden wir unsere eigene Weiterexistenz, ziehen uns gleichsam den Teppich unter unseren eigenen Füßen weg. Aber einmal abgesehen von dieser Gefahr: Wir Menschen leben immer noch im

Zeitalter der Bakterien oder im Zeitalter der Insekten und sind eher eine Randerscheinung der Evolution als deren Gipfel. Millionen von Organismenarten zeigen uns, dass sie auch ohne Beethovens Symphonien und den Wiener Stephansdom ganz gut auskommen. Zwar mögen wir (worüber man allerdings streiten kann) in der von uns selbst geschaffenen Welt - in unserer Welt der Kultur - vorübergehend einige „Fortschritte“ erzielt haben, aber die spielen in der Gesamtbilanz der Evolution keine Rolle. Blattschneiderameisen wird es vielleicht noch geben, wenn wir von der Bühne der Evolution längst Abschied genommen haben. Denn in der Evolution sind die Sieger von heute stets die Verlierer von morgen.

Literaturhinweise:

- DAWKINS, R.: *Und es entsprang ein Fluß in Eden. Das Uhrwerk der Evolution.* Goldmann, München 1998.
- GOULD, S. J.: *Life's Grandeur. The Spread of Excellence from Plato to Darwin.* Vintage, London 1997.
- HUXLEY, J.: *Man in the Modern World.* Chatto & Windus, London 1947.
- NITETZKI, M. (Hrsg.): *Evolutionary Progress.* The University of Chicago Press, Chicago/London 1988.
- SIMPSON, G. G.: *The Meaning of Evolution.* Yale University Press, New Haven 1949.
- WUKETITS, F. M.: *Naturkatastrophe Mensch. Evolution ohne Fortschritt.* Patmos, Düsseldorf 1998 Dt. Taschenbuch Verlag, München 2001.)
- WUKETITS, F. M.: *Evolution. Die Entwicklung des Lebens.* C. H. Beck, München 2000.
- WUKETITS, F. M.: *Auf dem schmalen Grat des Lebens: Evolution - Zufall und Notwendigkeit.* Nova Acta Leopoldina NF 86, Nr. 324 (2002) 129-142.



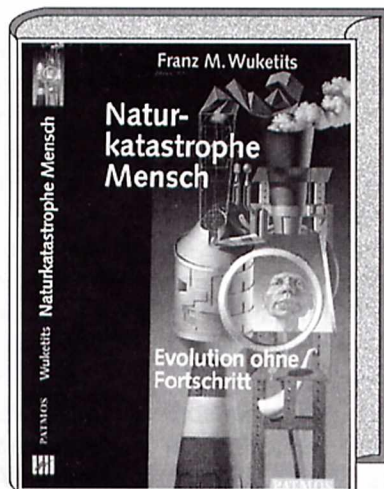
Autor & Kontakt

Univ.-Prof. Dr. Franz M. Wuketits
Institut für Wissenschaftstheorie
Universität Wien
Sensengasse 8
1090 Wien
franz.wuketits@univie.ac.at

Franz M. Wuketits

Naturkatastrophe Mensch : Evolution ohne Fortschritt

Patmos-Verlag, Düsseldorf, 1998
ISBN 3-491-72386-8



F. M. Wuketits entlarvt die Vorstellung, dass die Evolution ein Prozess des Fortschritts sei, der auf den Menschen als die Krone der Schöpfung ausgerichtet ist und im Menschen ihre Vollendung findet, als Illusion. Die als Fortschritt empfundenen Grenzverschiebungen der menschlichen Existenz sind technische Äußerlichkeiten. Die Erwartungen und Hoffnungen auf den „neuen Menschen“ bleiben enttäuscht.

Wenn die Idee der Evolution zumeist durch Stammbaum-Modelle mit vielen nach oben weisenden Ästen veranschaulicht wird und diese Darstellungen der Fortschritts-Idee gleichen, so ist darauf hinzuweisen, dass Äste auch abbrechen können. Leben ist ein Werden und Vergehen, das Sterben eine Grundvoraussetzung von Evolution. Bloß sagt Homo „sapiens“ (debilis ?) am Ast, auf dem er sitzt.

Der Mensch ist mit einem Gehirn ausgestattet, das erheblich destruktive Potenziale in sich trägt. Die technische Evolution, die dem Menschen ungeahnte Möglichkeiten eröffnet hat, birgt auch die Möglichkeit von Katastrophen ungeahnten Ausmaßes in sich. Dazu gehören Kriegsführung wie auch Vernichtung ökologischer Systeme, auf die Homo sapiens angewiesen ist.

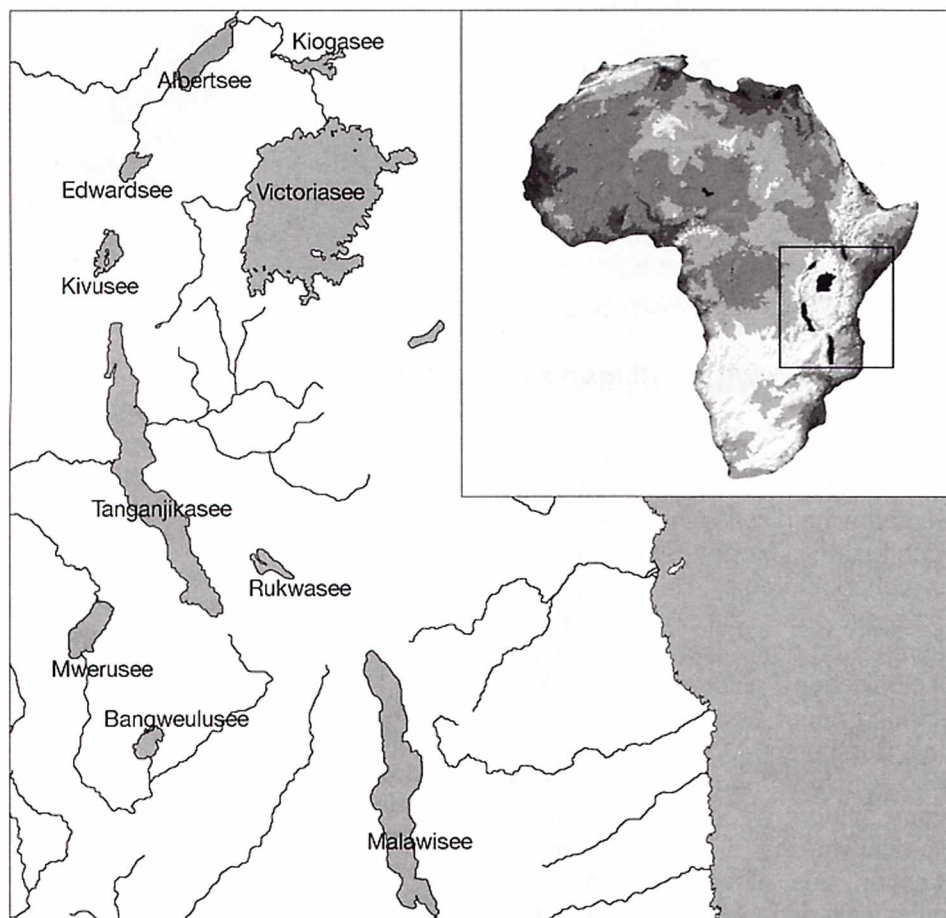
Gewiss: „Leben ist lernen“, im Sinne von Konrad Lorenz; aber eine für eine sehr kurze Gegenwart bedeutsame Wissensvermehrung ist als Wegwerfwissen „Informationsmüll“. So ist der „kulturelle Wärmetod“ der abendländischen Zivilisation keine bloß morbide Grundhaltung von Fortschrittsgegnern, sondern ein unter Fortschreibung der Gegenwart sehr wahrscheinliches Ereignis.

Gegenüber allen Theorien der organischen und der kulturellen Evolution, die mit einer gesetzmäßig bestimmten Entwicklung rechnen, steht die in diesem Buch vertretene Auffassung einer offenen Evolution, mit der sich auch die Verteidigung einer offenen Gesellschaft in Einklang bringen lässt.

Dr. Richard Kiridus-Göller

Weltmeister in Artenstehung

Die Buntbarsche Ostafrikas



Die Seen des ostafrikanischen Grabenbruches haben sich als außergewöhnliche Freilandlabore für Evolutionsforscher einen Namen gemacht. Wie im Zeitraffer kann man hier die Entstehung neuer Arten beobachten und mit Hilfe der DNA-Analyse phylogenetische Stammbäume der verschiedenen Artenschwärme erstellen.

Walter Salzburger

„Diese Musungus sind vielleicht Idioten“, sagt ein kleiner Junge, „die schneiden von den Fischen nur ein bisschen von der Schwanzflosse ab, und den restlichen, schmackhaften Teil schenken sie uns“. Musungu ist übrigens die Bezeichnung für Menschen weißer Hautfarbe in Bemba, einer der vielen Sprachen in Ostafrika. Es gibt tatsächlich einen guten Grund, warum wir „Weißen“ an einem Dorf am südwestlichen Ufer des Tanganjika-Sees anlegen, einer

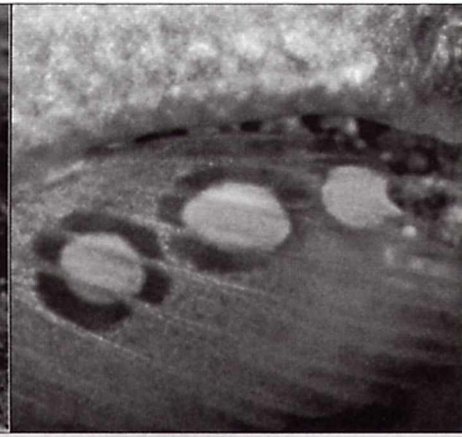
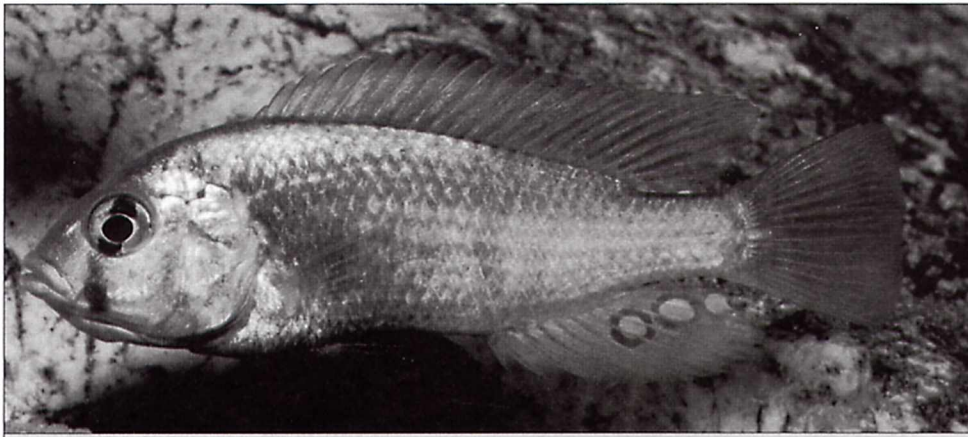
ganzen Reihe von Fischen nachstellen, und ein Stückchen der Flossen in Alkohol konservieren, um uns gleichzeitig über die Kommentare einer ganzen Kinderschar zu amüsieren. Ruben Shapola, einer der erfahrensten Taucher und Bootsführer des Fisheries Department in Sambia, übersetzt uns das freundlicherweise – nicht ohne dabei selber zu grinsen. Der gute Grund unserer Expeditionen zu den ostafrikanischen Seen ist die unvergleichliche Vielfalt an Buntbarschen in diesen Gewässern – und, weil wir es uns zur Aufgabe gemacht haben, die Evolution dieser Tiere zu erforschen. Die Flossenstücke brauchen wir, weil wir für unsere Forschungsarbeit moderne molekularbiologische Methoden anwenden. Die DNA, die wir aus den wenige Millimeter großen Gewebeproben extrahieren können, reicht dafür aus. Die „Ausbeute“ jeder Expedition wird wie schon erwähnt in Alkohol konserviert und als unscheinbares Paket per Luftfracht nach Europa transportiert.

Die großen Seen in Ostafrika . .

Der ostafrikanische Grabenbruch ist das gigantische Produkt des Auseinanderdriftens der zentral- und der ostafrikanischen Platte und zieht sich in mehreren Verzweigungen vom Roten Meer bis zur Straße von Mozambique zwischen Afrika und Madagaskar¹. Vor rund 20 Millionen Jahren begannen entstehende Gräben sich mit Wasser zu füllen. Gespeist vom mächtigen Kongo entstand so vor rund 12 Millionen Jahren der zweitälteste und mit 1.450 Metern zweittiefste See der Erde (beides hinter dem Baikalsee in Sibirien), der Tanganjika-See. Der Malawi-See ist mit seinen zwei bis vier Millionen Jahren um einiges jünger, hat aber ebenfalls die typisch längliche Form eines Grabensees; im Gegensatz zum größten afrikanischen Binnengewässer, dem Viktoria-See. Dieser ist nämlich rundlich und mit maximal 80 Metern extrem flach, was dazu führte, dass der See vor rund 15.000 Jahren – also während der letzten Eiszeit – komplett austrocknete². Mit nur etwa 750.000 Jahren ist der Viktoria-See auch verhältnismäßig jung.

. . und ihre Buntbarsch-Faunen

Trotz des so geringen Alters beherrscht der Viktoria-See nicht weniger als 500 endemische Buntbarscharten. Im Malawi-See sind es sogar an die 1.000 endemische Arten³. Aufgrund der Artenfülle ist es kaum verwunderlich, dass seit der wissenschaftlichen Entdeckung der Seen vor rund 150 Jahren ein großes biologisches Interesse an den Buntbarsch-Faunen besteht. Keine andere rezente Gruppe von Wirbeltieren hat derart viele Arten hervorgebracht wie die Buntbarsche in Ostafrika. Buntbarsche gibt es übrigens nicht nur in Afrika, sondern auch in Süd- und Mittelamerika, in Madagaskar und in Indien, was darauf schließen lässt, dass die Gruppe bereits vor der Aufspaltung des Superkontinents Gondwana vor mehr als 100 Millionen Jahren existierte⁴.



Viele Männchen (und in manchen Arten auch die Weibchen) der maulbrütenden Haplochromis-Buntbarsche haben auffällig gefärbte Flecken auf ihrer Afterflosse, die sogenannten Eiflecken („egg-spots“). Diese Ei-Atrappen sind den wirklichen Eiern der jeweiligen Art in Größe, Form und Farbe täuschend ähnlich. Die Weibchen werden

Das Einzigartige der sogenannten Buntbarsch-Artenschwärme („species flocks“) der großen ostafrikanischen Seen sind ihre unglaubliche ökologische und morphologische Vielfalt sowie ihre Verhaltensweisen. Praktisch jede erdenklich mögliche ökologische Nische ist mit einer hochspezialisierten Art besetzt.

Es gibt Algen- und Aufwuchsfresser, deren Bezahlung jeweils auf eine bestimmte Pflanzennahrung spezialisiert ist, es finden sich Insektenfresser mit eher schnabelförmigen Mäulern, Freiwasser-Buntbarsche, die sich von Plankton ernähren oder anderen Fischen nachstellen, oder die bizarr anmutenden Schuppenfresser, die sich von den Schuppen anderer Fische ernähren. Die haben dann ein nach links oder ein nach rechts ausgerichtetes Maul und ahmen im Sinne einer echten Mimikry friedfertige Fische nach, um sich ihrem Schuppenschmaus unbemerkt nähern zu können⁴.

Auch die Verhaltensweisen sind hochkomplex. Viele Buntbarsche sind sogenannte Maulbrüter, wobei Weibchen und manchmal auch Männchen den Nachwuchs im eigenen Maul umsorgen bis der Dottervorrat aufgebraucht ist. Andere Arten sind Substratbrüter, heften ihre Eier am Untergrund fest und bewachen und säubern sie. Einige *Neolamprologus*-Arten aus dem Tanganjika-See organisieren sich in großen Familienstrukturen, wobei die Jungfische aus vorhergehenden Gelegen maßgeblich an der Brutpflege beteiligt sind, die Eier durch Ablutschen säubern und das Revier verteidigen.

Evolutionsmodell Buntbarsche

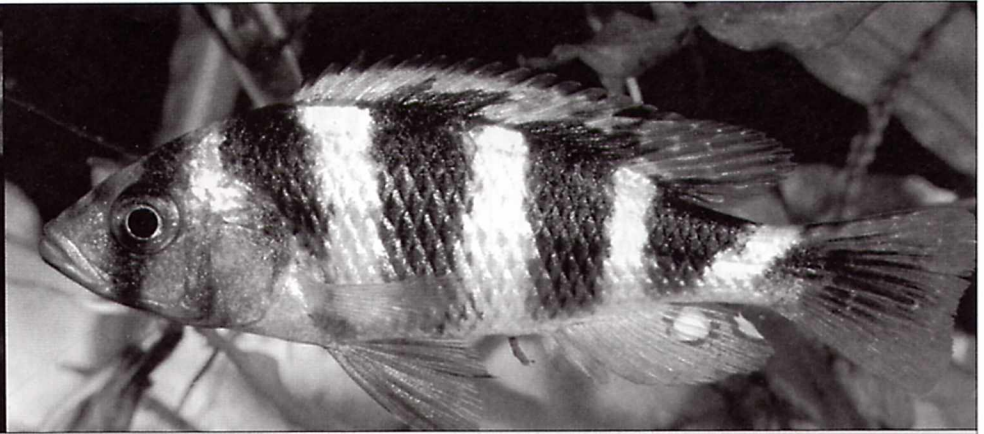
Aufgrund ihrer Diversität und der unglaublichen Geschwindigkeit der Artbildungsprozesse gelten die Buntbarsche (*Cichliden*) als eines der wichtigsten Modell-Systeme der Evolutionsbiologie. Besonders die Prozesse, die zur Artaufspaltung führen, und das Zusammenspiel von ökologischen Faktoren und der Entstehung neuer Arten werden anhand des Buntbarsch-Modells untersucht. Man spricht von adaptiver Radiation, wenn aufgrund von ökologischer Spezialisierung auf bestimmte Nischen aus einer Ausgangspopulation viele neue Arten entstehen. Die Darwin-Finken der Galapagos-Inseln mit ihren hochspezialisierten Schnäbeln sind (neben den Buntbarschen Ostafrikas) das berühmteste Beispiel einer adaptiven Radiation.

Wie bei den Galapagos-Finken nimmt man auch bei den *Cichliden* an, dass dem Apparat zur Nahrungsaufnahme eine wichtige Rolle bei der ökologischen Spezialisierung zukommt. Buntbarsche besitzen nämlich einen zweiten Kieferapparat im Schlundbereich, der – völlig unabhängig vom eigentlichen Kiefer – zu einem Spezialwerkzeug umfunktioniert werden kann^{4,5}. Algenfresser haben vielfach eine Schlundkieferplatte mit sehr feinen Zähnen, während die Schneckenfresser große massive Zähne aufweisen, mit deren Hilfe Schneckenhäuser durch Aufeinanderpressen der Schlundkieferplatten aufgebrochen werden können. Die Kieferkonstruktion der *Cichliden* ist äußerst variabel und ermöglicht eine schnelle Anpassung an neue ökologische Gegebenheiten. Das alleine erklärt die Vielfalt jedoch nicht,

besonders wenn es um die namensgebende Färbung der Buntbarsche geht. Vielfach dürfte die Färbung (besonders die der Männchen) ein wichtiges Merkmal bei der Paarung sein. Die Weibchen vieler Arten bevorzugen nämlich bestimmte Farbmuster der Männchen und pflanzen sich vornehmlich mit Männchen dieser Farbmorphe fort. Aufgrund dieser sexuellen Selektion können nicht nur Artbarrieren aufrechterhalten werden, sondern es können auch sehr schnell neue Arten entstehen, wenn sich die Präferenzen von Weibchen ändern und neue Farbmorphen entstehen. Schließlich dürfte den Buntbarschen auch das ausgeklügelte Brutpflege-Verhalten einen gewissen Vorteil verschaffen.

Molekulare Evolution

Die Rekonstruktion von Evolutionsprozessen stellt eine große Herausforderung für uns Wissenschaftler dar. Bis vor kurzem war man ausschließlich auf morphologische Merkmale angewiesen, um Verwandtschaftsbeziehungen entschlüsseln zu können. Das funktionierte auch sehr gut in Gruppen, wo viele morphologische Merkmale und Merkmalsübergänge untersucht werden konnten. Nicht so bei den Buntbarschen. Die enorme Diversität und Artenfülle dieser Fische, zusammen mit den extrem kurzen Zeiträumen ihrer Artaufspaltung, machen die Rekonstruktion ihres Stammbaumes auf Basis morphologischer Daten praktisch unmöglich. Stammbäume (Phylogenien) auf morphologischer Basis können außerdem nicht zur zeitlichen Datierung von Aufspal-



... durch Eifleckchen stimuliert. Den Atrappen kommt aber auch eine andere Funktion zu: Vielfach versuchen die Weibchen die vermeintlichen Eier in ihr Maul aufzunehmen, um sie so wie die echten Eier zu bebrüten. Und dabei kommt es zur Befruchtung der bereits im Maul befindlichen wirklichen Eier.

tungsereignissen verwendet werden und sie sind fehleranfällig aufgrund von Merkmalssprüngen, Konvergenz und Subjektivität.

Erst mit der Entwicklung neuartiger molekularbiologischer Verfahren, im besonderen mit der Erfindung der Polymerase-Kettenreaktion (PCR; siehe bioskop 1 / 2001) zur Vervielfältigung von genau definierten DNA-Abschnitten in vitro in den 1980ern, wurden die Evolutionsbiologen und Systematiker mit den entsprechenden Methoden und Werkzeugen ausgestattet, die heute im Bereich der molekularen Phylogenetik zum Standard gehören. Man verwendet nun DNA-Abschnitte von mehreren hundert bis einigen tausend Basenpaaren (jedes Basenpaar der DNA entspricht somit einem Merkmal) zur Stammbaumrekonstruktion.

Die DNA-Replikation in einem Organismus ist zwar höchst genau, mit einer bestimmten Häufigkeit kommt es im Verlauf der Zeit allerdings zu Fehlern (Mutationen). Und wenn solche Fehler in der Keimbahn passieren, dann werden sie auch auf alle Nachkommen weitervererbt. Aufgrund der Ähnlichkeiten in den DNA-Sequenzen lassen sich somit genaue Stammbäume von Organismengruppen rekonstruieren – unter Verwendung von genauen mathematischen Algorithmen und entsprechenden Computern zur Analyse. Da die einzelnen Genabschnitte normalerweise mit einer bestimmten Rate Mutationen akkumulieren („molecular clock“: molekulare Uhr), kann man auch eine zeitliche Eichung der molekularen Evolution erreichen.

Phylogenetik der Buntbarsche

In einer groß angelegten Studie unter der Leitung von Christian STURMBAUER, Professor für Zoologie an der Universität Graz, haben wir die Evolution aller wichtigen Buntbarsch-Linien im Tanganjika-See rekonstruiert⁶. Dafür haben wir von rund 40 Arten ein Stück von jeweils mehr als 2.400 Basen der mitochondrialen DNA sequenziert. Mitochondrien, die „Kraftwerke“ der eukaryoten Zelle, haben den Vorteil, dass sie in großer Zahl in der Zelle vorliegen (nicht nur in zweifacher, diploider Ausführung wie die Kern-DNA) und ihre DNA daher leicht isoliert werden kann. Weiters werden die Mitochondrien nur mütterlich vererbt, sodass es zu keiner Rekombination zwischen Eltern-Linien kommt. Für unsere Analysen aber ausschlaggebend ist die um bis zu zehnmals schnellere Mutationsrate in der mitochondrialen DNA im Vergleich zur Kern-DNA, was uns die Aufklärung der besonders schnell ablaufenden Artbildungsprozesse in Buntbarschen ermöglicht. Unsere Daten ergaben, dass mehrere Linien von Buntbarschen den Tanganjika-See nach seiner Entstehung besiedelt haben. Im See kam es dann zur Radiation von zwei getrennten Linien, den substratbrütenden *Lamprologini* und einer Linie von Maulbrütern, die sich auf die unterschiedlichsten ökologischen Nischen spezialisiert haben. Innerhalb dieser Maulbrüter finden sich auch die *Haplochrominen*, die mit knapp 2.000 Arten die artenreichste Gruppe der Buntbarsche darstellt. Fast alle davon leben aber außerhalb des Tanganjika-Sees (die gesamten Artenschwärme aus den Seen

Viktoria und Malawi zählen zu den *Haplochromini*). Das heißt, dass die *Haplochromini* zwar im Tanganjika-See entstanden sind, dann aber den See verlassen, viele Flüsse und Seen Ostafrikas neu besiedelt und sich dort weiterentwickelt haben.

Erst kürzlich konnten wir mittels molekularer Daten zeigen, dass die vielen hundert *Haplochrominen*-Arten der Viktoria-See-Region in nur rund 100.000 Jahren entstanden sind⁷, der absolute Weltrekord in Artbildung. Besonders bemerkenswert ist, dass sich all diese Arten auf eine im benachbarten Kivu-See lebende Linie zurückführen lassen. Der sehr tiefe und daher wohl auf Klimaschwankungen stabiler reagierende Kivu-See dürfte – wie auch der Tanganjika-See – als evolutionäres Reservoir gedient haben. Obwohl im Kivu-See nur 16 Buntbarsch-Arten leben, sind diese genetisch genau so unterschiedlich wie alle 500 Arten im Viktoria-See. Auch das kennen wir vom Tanganjika-See: In diesem alten See kann die innerartliche genetische Diversität größer sein als die gesamte Diversität der Viktoria-See Fauna⁸. Damit sind die Buntbarsche ein gutes Beispiel dafür, dass die genetische Diversität nicht notwendigerweise mit morphologischer Diversität gleichzusetzen ist.

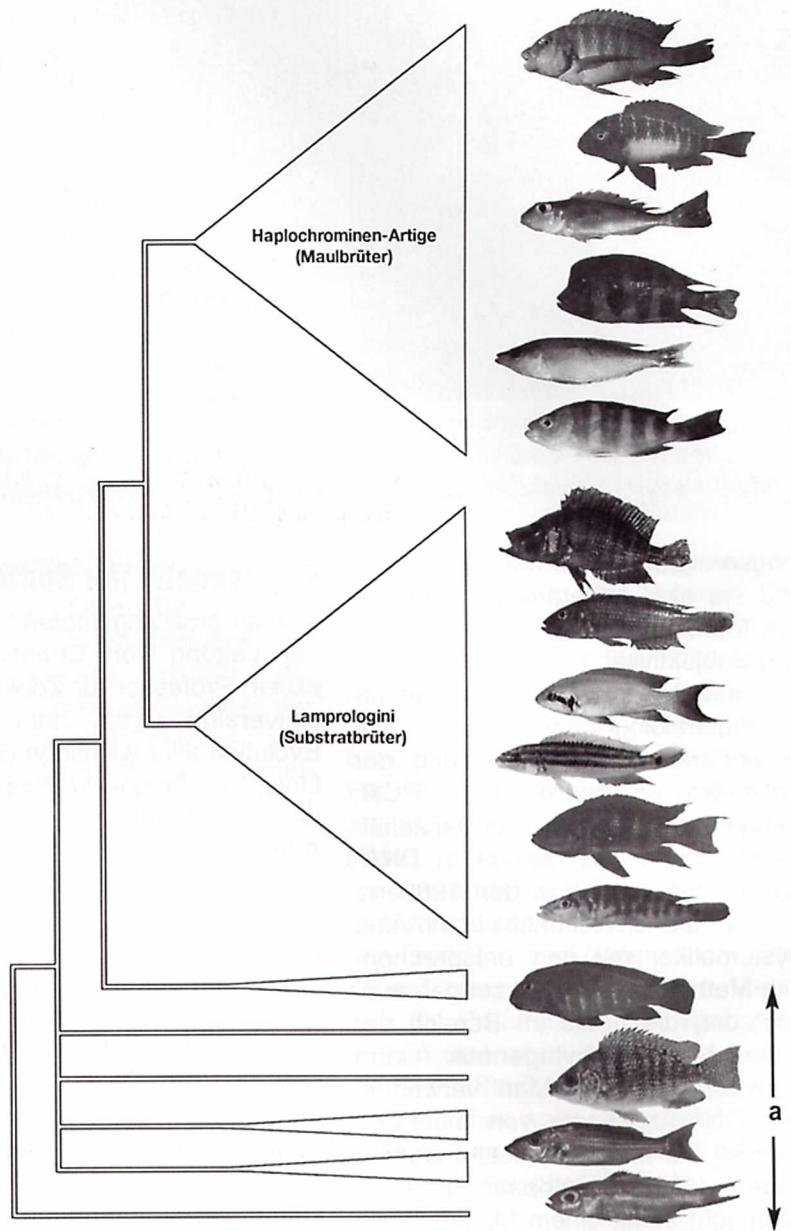
Das Viktoria-See Drama

Leider ist die Buntbarsch-Fauna des Viktoria-Sees auch stark gefährdet. Mitte der 1950er Jahre wurde der bis zu zwei Meter lange Nil-Barsch eingesetzt, um den Fischerei-Ertrag zu erhöhen. Dies hatte nicht nur zur Folge, dass dieser räuberische Fisch den Buntbarschen direkt nachstellte. Diese großen, fettreichen Fische

konnten nicht mehr wie die viel kleineren Buntbarsche in der Sonne getrocknet werden, sondern mussten zur Konservierung geräuchert werden. Das hatte wiederum zur Folge, dass verstärkt die Wälder abgeholzt wurden, was zur Überdüngung des Sees beitrug. Auch das hatte negative Auswirkungen auf die Vielfalt der Buntbarsche, weil in dem trüben Wasser viele Buntbarsche die sich ansonsten farblich deutlich absetzen den Artgenossen nicht mehr erkennen konnten und es zu Hybridisierungen kam⁹. Die ebenfalls eingeschleppte Wasser-Hyazinthe, die in Quadratkilometer großen Teppichen den See überwucherte, trug das Übrige zu einem der größten anthropogen bedingten Massensterben von Wirbeltier-Arten in den letzten Jahrzehnten bei. Man nimmt an, dass etwa 200 Arten von Viktoria-Buntbarschen bereits ausgestorben sind.



Ökologische Zeitbombe Nilbarsch



Der Stammbaum der Tanganjika-Buntbarsche: Im Tanganjika-See leben einige alte Linien, die es nirgendwo sonst noch gibt (a). Innerhalb des Sees haben zwei Radiationen stattgefunden, die der substratbrütenden Lamprologini und die der Maulbrüter. Innerhalb dieser Haplochrominen-Artigen finden sich auch die Vorfahren der Buntbarsche des Malawi- und Viktoriasees.

Literaturhinweise:

- 1) BEADLE, L. *The Inland Waters of Tropical Africa* (Longman, London, 1974).
- 2) JOHNSON, T. C. et al. *Late Pleistocene Desiccation of Lake Victoria and Rapid Evolution of Cichlid Fishes*. *Science* 273, 1091-3 (1996).
- 3) TURNER, G. F., SEEHAUSEN, O., KNIGHT, M. E., ALLENDER, C. J. & ROBINSON, R. L. *How many species of cichlid fishes are there in African lakes?* *Mol Ecol* 10, 793-806 (2001).
- 4) STIASSNY, M. L. J. & MEYER, A. *Buntbarsche - Meister der Anpassung*. *Spektrum der Wissenschaft* Juni, 36-43 (1999).
- 5) FRYER, G. & ILES, T. D. *The cichlid fishes of the Great Lakes of Africa: Their biology and Evolution* (Oliver & Boyd, Edinburgh, 1972).
- 6) SALZBURGER, W., MEYER, A., BARIC, S., VERHEYEN, E. & STURMBAUER, C. *Phylogeny of the Lake Tanganyika cichlid species flock and its relationship to the Central and East African haplochromine cichlid fish faunas*. *Syst Biol* 51, 113-35 (2002).
- 7) VERHEYEN, E., SALZBURGER, W., SNOEKS, J. & MEYER, A. *Origin of the superstock of cichlid fishes from lake victoria, East Africa*. *Science* 300, 325-9 (2003).
- 8) STURMBAUER, C. & MEYER, A. *Genetic divergence, speciation and morphological stasis in a lineage of African cichlid fishes*. *Nature* 358, 578-81 (1992).
- 9) SEEHAUSEN, O., VAN ALPHEN, J. J. M. & WITTE, F. *Cichlid fish diversity threatened by eutrophication that curbs sexual selection*. *Science* 277, 1808-1811 (1997).
- 10) GOLDSCHMIDT, T.: *Darwin's Dreampond. Drama in Lake Victoria* (MIT Press, Cambridge, 1996)



Autor & Kontakt

Dr. Walter Salzburger
Lehrstuhl Evolutionsbiologie
(Prof. Axel Meyer)
Universität Konstanz
78457 Konstanz
Deutschland

E-mail:
Walter.Salzburger@uni-konstanz.de

Kanarische Inseln

Versuchslabor der Evolution

Spätestens seit der Erforschung der Galapagos-Inseln durch Darwin weiß man um die Bedeutung von Inseln für die Evolutionsforschung. Sehr treffend charakterisiert diese Tatsache die italienische Bezeichnung für Insel: „isola“ - davon abgeleitet: Isolation. Das Beispiel der Kanarischen Inseln zeigt, welche Rolle die Isolation vom Festland für die Entstehung neuer Arten spielt.

Hubert Salzburger

Die „Inseln der Hunde“

Ihren jetzigen Namen verdanken die Kanarischen Inseln König Juba von Numidien, der um Christi Geburt Expeditionsschiffe dorthin aussandte. Man brachte dem König bei der Rückkehr als Geschenk ein Paar der dort freilebenden riesigen Hunde mit. Sehr viel später kam Alexander von Humboldt bei einem Besuch der Inseln ins Schwärmen: „Gleichsam an der Pforte der Tropen und doch nur wenige Tagesreisen von Spanien gelegen, hat Teneriffa schon ein gut Theil der Herrlichkeit aufzuweisen, mit der die Natur die Länder zwischen den Wendekreisen ausgestattet. Im Pflanzenreich treten bereits mehrere der schönsten und großartigsten Gestalten auf...“

Im November des Jahres 1866 besteigt Ernst Haeckel unter schwierigsten Bedingungen den Pico del Teide (3.717 m) auf Teneriffa und bezeichnet dieses Erlebnis als einen der unvergesslichsten Eindrücke seines Lebens.

Im Nordwesten Afrikas gelegen - die kürzeste Entfernung zur Küste beträgt 94 km - zählt die Inselgruppe als autonome Region Spaniens zur Europäischen Union. Sie umfasst die Hauptinseln Tenerife, Gran Canaria, La Palma, El Hierro, La Gomera, Lanzarote und Fuerteventura. Sie alle sind rein ozeanisch-vulkanischen Ursprungs. Die Vulkane sind zwar zur Zeit untätig, gelten aber nicht gänzlich als erloschen.

Inseln des „Ewigen Frühlings“

Die Entfernung zum Festland, eine Vielzahl von Biotopen durch das unterschiedliche Alter der einzelnen Inselbereiche und ein ausgesprochen günstiges Klima waren die Startbedingungen für die Entwicklung von Leben auf den Kanarischen Inseln.

Die pflanzliche Besiedelung mit Pioniervegetation erfolgte über den Luftweg. Die Distanz zum Kontinent ist für Sporen und leichte Flugsamen kein unüberwindbares Hindernis, größere und flugunfähige Samen konnten sich des Transportmittels Vogel bedienen. In historischer Zeit wurde auch der Mensch zum Prägefaktor der Inselvegetation, indem er Nutzpflanzen aus den verschiedensten Weltgegenden auf die Inseln brachte und sie dort kultivierte.

Zonale Gliederung

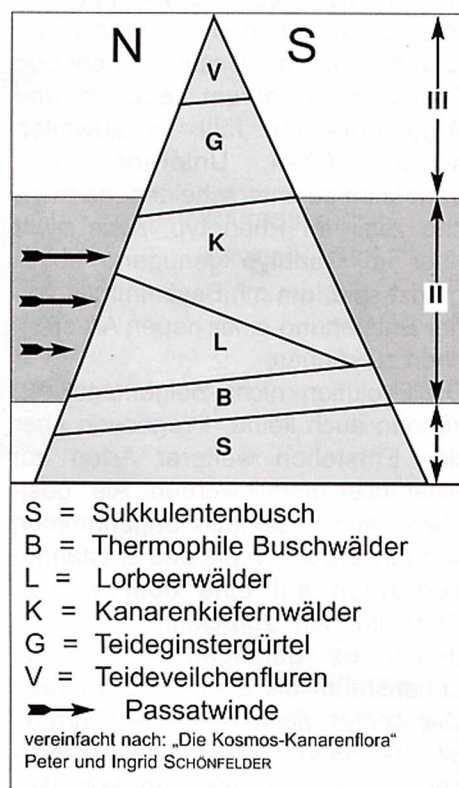
Klimatisch bedingt und auch zum Teil vom Menschen beeinflusst entwickelten sich die typischen Vegetationszonen der Kanarischen Inseln.

Grundlegend haben sich drei markante Zonen ausgebildet:

- 1) Die infracanarische Stufe liegt unterhalb der Wolkenzone (I) und ist trocken und heiß. Ihr zugeordnet werden die Küstenvegetation und der Sukkulentenbusch.
- 2) Die durch den Passat bedingte Wolkenstufe (II) ist feucht-warm und lässt sich in die thermocanarische Zone mit Lorbeer- und Baumheidebuschwäldern und in die mesocanarische Zone mit einem breiten Gürtel an Kanarenkiefern gliedern.
- 3) Die über den Wolken liegende supracanarische Stufe (III) ist trocken, aber merklich kühler. Hier trifft man auf die artenarme Teideginstervegetation und im Gipfelbereich des Pico del Teide auf die noch artenärmeren Teideveilchenfluren.

Klima und Topographie schaffen somit eine Vielzahl an Biotopen mit unterschiedlichen Biofaktoren.

Während auf dem Festland der Besiedelungsdruck durch die Artenvielfalt bald dazu führt, dass angepasste Arten die anderen verdrängen



und diesen somit von vornherein die Möglichkeit nehmen, sich evolutiv zu behaupten lernen, bieten Inseln Neuankömmlingen genug Zeit und Raum, um sich eigenständig entwickeln und neue Arten ausbilden zu können.

Adaptive Radiation

Beispiele wie die Darwinfinken auf den Galapagos-Inseln oder die Buntbarsche der ostafrikanischen Seen zeigen, dass Evolution unter günstigen Bedingungen sehr rasch ablaufen kann. Weiters zeigt sich, dass Gattungen mit hoher phänotypischer Plastizität besonders geeignet sind, in relativ kurzer Zeit lokal beschränkt neue Arten zu bilden. Neben diesem genetischen Faktor spielt auch die Umwelt bei der spezifischen Artabgrenzung eine entscheidende Rolle. Trotz hoher Mutationsraten und ökologischer Divergenzen bleiben aber wesentliche Grundmuster des morphologischen Bauplans erhalten.

Diesen Vorgang bezeichnet man als adaptive Radiation: Artbildung infolge der Anpassung an den Lebensraum. Man ist als kurzlebiger Mensch geneigt, die gegenwärtige Bestandsaufnahme als eine Art Resümee seiner Hypothesen und Theorien zu betrachten. In Wirklichkeit ist der

Forscher bestenfalls ein zufällig vorbeikommender und kurz verweilender Beobachter von permanent ablaufenden Evolutionsprozessen. Tatsächlich spielt sich die Artbildung vor seinen Augen - wenn auch für ihn im extremen Zeitlupentempo - ständig und unaufhaltsam ab. Besonders bei den Gattungen *Aeonium*, *Echium* und *Argyranthemum* fällt es zuweilen schwer, Arten, Unterarten und Varietäten zu unterscheiden, da manche zwar im Phänotyp, noch nicht aber im Genotyp genügend abgegrenzt sind, um mit Bestimmtheit von der Entstehung einer neuen Art sprechen zu können.

Da Evolution nicht zielgerichtet ist, können auch keine Prognosen über das Entstehen weiterer Arten auf einer Insel erstellt werden. Als gesichert kann bestenfalls angenommen werden, dass sich die neu entstandenen Arten auf eine oder wenige Stammformen zurückführen lassen, denen es gelungen ist, diesen Lebensraum als erste zu besiedeln. Die später eintreffende Konkurrenz ist chancenlos, wenn bereits sämtliche vorhandene Nischen von den Abkömmlingen der Pionierart besetzt sind und diese durch ihre optimale Anpassung an den Standort jedem Eindringling überlegen sind.

Inseln der Endemiten

Etwa 30 % der ca. 2.100 Arten und Unterarten der kanarischen Flora sind Endemiten - Arten, die nirgendwo sonst auf der Welt anzutreffen sind. Der Endemismus ist sogar so weit ausgeprägt, dass eine Reihe von Arten nur auf einer einzigen Insel des gesamten Archipels zu finden sind. Das Zierliche *Aeonium* (*Aeonium decorum*) zum Beispiel kommt nur auf Gomera vor. Hauptursache für das Auftreten von derart vielen Endemiten ist die bereits angesprochene adaptive Radiation, die auf den Inseln ungehindert ablaufen konnte. Es gibt daneben aber auch Endemiten, deren Phänotypus sich im

Laufe der Entwicklung kaum oder nur geringfügig verändert hat. Diese Endemiten haben ihre Sippschaft in der ursprünglichen Heimat auf den benachbarten Kontinenten verlassen und als Emigranten im Verlaufe ihrer Insel-Kolonisation sozusagen „alle Brücken hinter sich abgebrochen“. Sie konnten in ihrer neuen Heimat überleben, während die Verwandten auf dem Festland wegen eines radikalen Klimawechsels zum Aussterben verurteilt waren. So trifft man die engsten Verwandten der Kanarische Kiefer (*Pinus canariensis*) erst weit entfernt im Himalaja.

„Äonische Inseln“

Aus der Vielfalt der endemischen Arten sticht die zur Familie der Dickblattgewächse (*Crassulaceae*) zählende Gattung *Aeonium* besonders ins Auge. Aeonien haben wie kaum eine andere Gruppe eine bemerkenswerte Anzahl von Arten und Unterarten hervorgebracht. Hinzu kommt noch, dass sie mit der Gattung *Greenovia* Bastarde bilden können.

Diese Vielfalt lässt darauf schließen, dass *Aeonium* zu den ersten Pionieren gehört, die die Kanarischen Inseln ab dem Zeitpunkt ihres Entstehens vor ca. 20 Millionen Jahren besiedelten. Man nimmt an, dass der „Prototyp“ der Aeonien im ehemaligen Bereich der Thetys beheimatet war und schließlich den bereits erwähnten klimatischen Veränderungen auf dem afrikanischen Kontinent zum Opfer fiel. Die Nachkommen wurden durch die Versteppung und Austrocknung Nordafrikas getrennt. Während sich in Ostafrika nur zwei Arten (*Aeonium stuessyi* und *leucoplepharum*) entwickelten, zählt man auf den Kanarischen Inseln über 40 verschiedene Arten, so dass man als Botaniker fast geneigt ist, von den „Äonischen Inseln“ zu sprechen. Noch sind längst nicht alle Arten endgültig beschrieben und bestimmt, die

„Neulinge“ werden vorläufig noch mit einem provisorischen Namen und durch den Suffix „*sp.nov.ined.*“, „*ssp.nov.ined.*“ bzw. „*var.nov.ined.*“ ausgewiesen.

Teneriffa beherbergt - bedingt durch die große Anzahl an topographischen, geologischen und mikroklimatischen Nischen - die größte Vielfalt an *Aeonium*-Arten: Von den 12 verschiedenen Aeonien kommen 10 ausschließlich auf dieser Insel vor. Aeonien sind an der Küste und im anschließenden Sukkulentenbusch mit seinem heiß-trockenen Klima ebenso anzutreffen wie in den schattigen, feuchtschwülen Lorbeerwäldern. Sie besiedeln offene Lavaformationen, kommen in feuchten Schluchten zurecht und leben bei Bedarf sogar als Epiphyten. *Aeonium smithii* steigt als einzige Art aus der Kiefernwaldstufe hinauf in eine Höhe von 2.000 m.

Aeonien treten entweder als perenne Stauden oder verholzende Büsche in Erscheinung. Typisch sind die Blattrosetten, in deren Bauplan sehr oft die „Goldene Spirale“ (siehe S. 19) zu erkennen ist. Die Blätter sind dick und fleischig und dienen als Speicherorgan. Die in der Regel weißen oder gelben Blüten sind sternförmig mit sieben bis zahlreichen Kronblättern. Einige Arten blühen ein einziges Mal bevor sie absterben, bei anderen vertrocknet nur der Blütenschaft, die Pflanze wächst vegetativ weiter, eine vegetative Vermehrung ist übrigens auch mit Hilfe von Ausläufern möglich.

Selektionsfaktor Mensch

Aeonien sind gleichermaßen wie die Orchideen zur Zucht geeignet, da sie stark hybridisieren. Leider führt Profitdenken im Handel auch in diesem Bereich dazu, dass unkontrolliert und in Massen gezüchtet wird und degenerierte Hybride auf den Markt kommen, die das erste Pflegejahr oft nicht überstehen.

Literaturhinweise:

- SCHÖNFELDER, P. und I.: *Die Kosmos-Kanarenflora*. Kosmos-Naturführer, Stuttgart, 1997
 KUNKEL, G.: *Die Kanarischen Inseln und ihre Pflanzenwelt*. Stuttgart, Jena, New York 1993
 LÜPNITZ, D.: *Kanarische Inseln: Florenvielfalt auf engem Raum*. Palmengarten Sonderheft 23, Frankfurt 19950



Autor & Kontakt

HOL Hubert Salzburger
 bioskop - Redaktion
 Fachental 84
 6233 Kramsach
redak.bioskop@aon.at

**Abwandlung des morphologischen Bauplanes (adaptive Radiation)
am Beispiel der Gattung „Aeonium“**

Keilblättriges Aeonium (*Ae. cuneatum*)



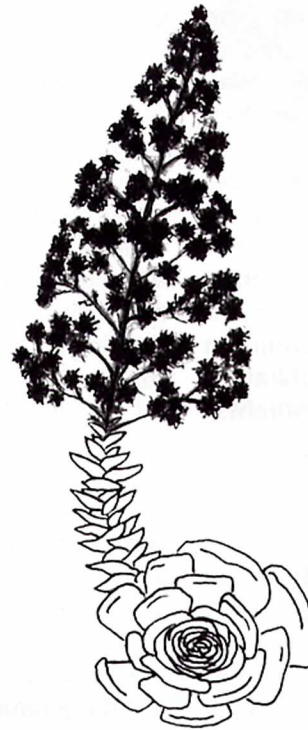
Blütenstand:
• kegelförmig
• dichtblütig

Stengel:
• locker beblättert

Blattrosette:
• becherförmig
• dem Boden auf-sitzend

Standort: • feucht - schattig
• Gebüsche
• Tenerife-Endemit; im Lorbeergürtel

Kanaren- Aeonium (*Ae. canariense*)



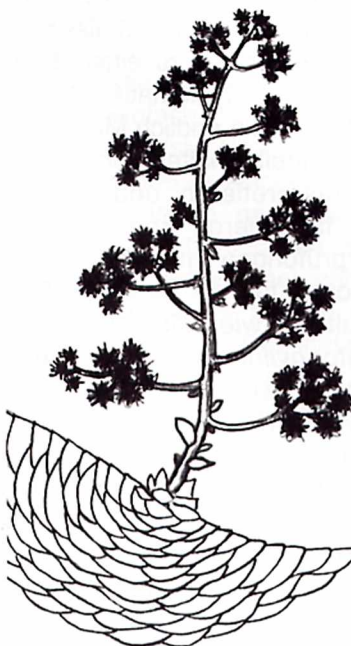
Blütenstand:
• kegelförmig
• lockerblütig

Stengel:
• dicht beblättert

Blattrosette:
• schüsselförmig
• dem Boden auf-sitzend

Standort: • trocken
• Felsen
• Tenerife-Endemit, nicht im Lorbeergürtel

Tellerförmiges Aeonium (*Ae. tabulaeforme*)



Blütenstand:
• walzenförmig
• lockerblütig

Stengel:
• locker beblättert

Blattrosette:
• tellerförmig
• dem Boden dicht angeschmiegt

Standort: • feucht - schattig
• Felsspalten
• Teneriffa-Endemit

Stadt- Aeonium (*Ae. urbicum*)



Blütenstand:
• kuppelartig
• dichtblütig

Blattrosette:
• halskrausenartig
• vom Boden abge-setzt

Stamm:
• blattlos
• dick

Standort: • trocken - sonnig
• Felsen, Mauern, Hausdächer
• Kanarenendemit

Ähnlichkeit und Abstammung

DNA-Untersuchungen inspirieren (nicht nur) die Evolutionsbiologie

„DNA challenges Darwin“ (DNA stellt Darwin auf die Probe) - so titelte die indische Zeitung „Indian Express“ am 26.11.1998. Was sogar auch dem amerikanischen TIME Magazine eine Titelgeschichte wert war, war ein Meilenstein der botanischen Systematik. Mit Hilfe des Vergleichs von DNA-Sequenzen sind Botaniker der natürlichen Entwicklung der Blütenpflanzen ein großes Stück näher gekommen und haben eine neue Klassifikation der Blütenpflanzen veröffentlicht.

Dirk Albach

Klassifikation und Evolution

Nicht mehr die teils subjektive Meinung eines Botanikers, welche Merkmale für die Verwandtschaft entscheidend sind, sondern unabhängig testbare Daten sind Grundlage der Klassifikation der Blütenpflanzen geworden. In vorevolutiver Zeit war der Sinn einer Klassifikation die schnelle Benennung einer Pflanze und ihr Auffinden in der Klassifikation. Linné hatte vor genau 250 Jahren als erster eine Klassifikation der Blütenpflanzen mit binären Namen (d. h. Gattungs- und Artnamen) vorgeschlagen, basierend auf der Anzahl der Blütenorgane. Der Zweck der Klassifikation und der Systematik änderte sich schlagartig mit dem Aufkommen des evolutiven Gedankens. Ziel ist es seitdem, das natürliche System zu entwickeln, den Plan des Schöpfers, wie Darwin es nannte, das es uns erlaubt, aus der Klassifikation die Abstammung eines Organismus zu erkennen. Doch wie kann man zwischen Abstammung und reiner Ähnlichkeit unterscheiden? Schon Linné wusste, dass amerikanische Kakteen und afrikanische Euphorbien nur aufgrund paralleler Entwicklung der Sukkulenz ähnlich aussahen. Seine Suche nach stabileren Merkmalen zur Klassifikation in der Zahl der Blütenorgane war daher schon der erste Versuch, Ähnlichkeit von Verwandtschaft zu unterscheiden. Doch auch Blüten sind Organe, die der Selektion unterliegen und potenti-

ell parallele Entwicklungen zeigen können. Die Vermehrung der Staubblätter in den Pinselfrüchten (z.B. Mimosen, Kapernstrauch, Weiden) ist hier nur ein Beispiel. Auf der Suche nach Merkmalen, die die Abstammung verraten, sind die Botaniker daher immer weiter ins Innere der Pflanze vorgedrungen. Embryologie war schon von Darwin in seinem Werk von der Abstammung der Arten als ein Gebiet genannt worden, das nur mit Hilfe der Evolution zu erklären sei. Doch auch in der Embryologie kommen Parallel-Entwicklungen vor. Vor allem seit den sechziger Jahren des 20. Jahrhunderts wurden daher makromolekulare Merkmale für die Bestimmung der Abstammung verwendet. Technische Neuerungen ermöglichten es Biochemikern, die Sekundärstoffe der Pflanzen schneller und genauer zu bestimmen.



PCR - Maschine

Die PCR-Revolution

Die wahre Revolution setzte jedoch erst ein, als in den 80er-Jahren die routinemäßige Sequenzierung von DNA möglich wurde. Die Entwicklung der Polymerase Chain Reaction (PCR) und neue Sequenziermethoden erlaubten es nun, statt in sechs Monaten ein Gen zu sequenzieren, selbiges für dutzende DNA-Regionen parallel in einigen Tagen zu ermöglichen. DNA hat theoretisch den Vorteil, dass Selektion einen verschwindend geringen Einfluss darauf hat, welches Basenpaar an welcher Position zu finden ist. Dies gilt insbe-

sondere für nicht-codierende DNA und die dritte Position eines Codons. Durch die Entwicklung leistungsfähigerer Computer und entsprechender Computeralgorithmen zur Analyse der DNA-Daten wurde damit das Feld der molekularen Systematik geschaffen. Das wichtigste Gen der frühen Phase der molekularen Systematik war das der Ribulose-1,5-bisphosphat Carboxylase (rbcL), an dem schon viele Molekularbiologen geforscht hatten, die jetzt mit der Unterstützung der Systematiker im Gegenzug hofften, mehr über dieses für die Photosynthese entscheidende Gen zu erfahren.

Auf Initiative von Dr. Douglas SOLTIS von der Washington State University publizierten 43 Wissenschaftler gemeinsam ihre rbcL-Sequenzdaten und den daraus sich ergebenden Stammbaum der Blütenpflanzen (CHASE et al., 1993).

Der Stammbaum enthielt allgemein anerkannte Verwandtschaftsverhältnisse, Verwandtschaftsverhältnisse, die umstritten waren, und vollkommen neue Verwandtschaftsverhältnisse. Zu letzteren gehört die Position vom Hornblatt (*Ceratophyllum*) an der Basis der Blütenpflanzen oder die enge Verwandtschaft der Platane mit dem Lotos. Die Ergebnisse dieser Analysen führten zu einer Belebung der ganzen Systematik. Schließlich hatte man nun endlich Merkmale, die man schnell erhalten konnte, objektiv interpretieren und verifizieren bzw. falsifizieren konnte. Parallele Überprüfungen mit anderen DNA-Regionen führten dazu, dass einige Resultate wie die Position von *Ceratophyllum* revidiert wurden, andere wie die der engen Verwandtschaft von Platane und Lotos dagegen weiter bestätigt wurden. Basierend auf diesen Erkenntnissen erschien eine neue Klassifikation der Blütenpflanzen, die erstmals nicht von einem einzelnen Botaniker veröffentlicht wurde, sondern von einer Gruppe, die sich „Angiosperm Phylogeny Group“ nennt und sich aus Wissenschaftlern aus Großbritannien, USA, Schweden und Südafrika zusammensetzt.

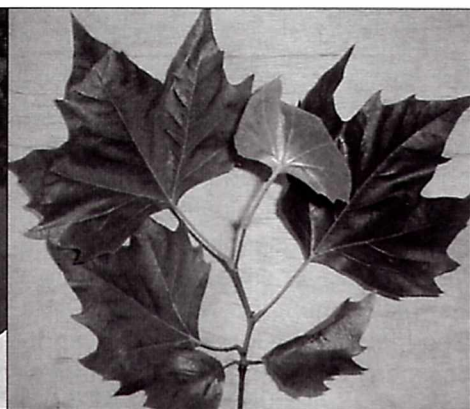
Gerade die breite internationale Basis der Gruppe scheint der neuen Klassifikation (Angiosperm Phylogeny Group, 1998, 2003) zu einer universellen Akzeptanz zu verhelfen.

Botanik am Wendepunkt?

Was bedeutet die neue Klassifikation für die Botanik? Die neue Klassifikation hat in vielen Bereichen der Botanik zu einem Umdenken geführt. Merkmale, die früher als unwichtig galten, erhielten neue Bedeutung. Dazu gehört vor allem die Gestalt der Pollen und die Entwicklung des Endosperms. Arten, die früher nicht einmal viele Spezialisten kannten, wurden zu beliebten Forschungsobjekten. So geht man heute davon aus, dass die ursprünglichste noch lebende Blütenpflanze *Amborella trichopoda* von Neukaledonien ist. Merkmale, die früher als evolutionär instabil galten und bei denen man daher davon ausging, dass sie auf relativ wenig genetischen Änderungen beruhen, erwiesen sich als evolutionär komplex. Ein großes Forschungsprojekt der Japaner, in dem versucht wurde, stickstoff-fixierenden Reis gentechnisch herzustellen, wurde eingestellt, nachdem deutlich wurde, dass alle stickstoff-fixierenden Pflanzen eng miteinander verwandt sind. Andererseits erwiesen sich Merkmale, die früher als komplex galten, als evolutionär plastisch. So sind die verschiedenen Fallentypen der fleischfressenden Pflanzen (Klebfallen, Gleitfallen) mehrfach unabhängig entstanden. Damit wird immer deutlicher, dass oberflächliche Ähnlichkeit nicht einfach mit Abstammung gleichzusetzen ist. Das bedeutet, dass man gerade in solchen Fällen genauer hinschauen muss um zu erkennen, dass oberflächlich ähnliche Merkmale vielfach bei näherer Betrachtung gar nicht ähnlich sind. Aufgerüttelt durch die Resultate der DNA-Sequenzierung werden daher zum Beispiel die Unterschiede zwischen den Seerosen und dem Lotos sogar im Aufbau der Schwimmblätter deutlicher hervorgehoben.

DNA-Analyse grenzt Arten ab

Die wahre Revolution der Systematik findet jedoch derzeit auf dem Artniveau statt. Die Sequenzierung von DNA-Regionen mit höherer Substitutionsrate (Substitutionsrate = Mutationsrate – DNA-Reparaturrate) lassen sich dafür verwenden, die



DNA-Daten bestätigten die enge Verwandtschaft zwischen Lotus und Platane

Verwandtschaftsbeziehungen zwischen nahe verwandten Arten oder auch innerhalb einer Art zu untersuchen. Sollten sich keine DNA-Regionen mit entsprechend hoher Substitutionsrate einfach finden lassen, werden auch genetische Fingerprints benutzt, wie sie in der Pflanzenzucht und auch in der Kriminalistik angewendet werden. Von der neuen Familienklassifikation abwärts werden die Klassifikationen einzelner Familien und Gattungen überprüft und gegebenenfalls in der Hoffnung revidiert, dem natürlichen System der Arten näher zu kommen. Dabei ist jedoch die Analyse der DNA-Daten schwieriger als auf der Familien-Ebene, weil verschiedene biologische Mechanismen dazu führen können, dass die Abstammungsverhältnisse einzelner DNA-Regionen nicht mit dem Abstammungsverhältnis der Art übereinstimmen.

Forschung an Hybriden

Hybridisierung zweier Arten führt zum Beispiel dazu, dass zwei DNA-Regionen innerhalb einer Hybrid-Art zwei unterschiedliche Abstammungsverhältnisse erkennen lassen. Doch gerade hier findet derzeit ein Großteil der Forschung statt. Während die Erforschung von Hybridisierung früher meist auf experimentelle Untersuchungen künstlicher Hybride, Spekulationen und zufällige Beobachtungen angewiesen war, stehen jetzt die Mittel zur Verfügung, Hybridisierungen in der freien Natur nachzuvollziehen.

So war es amerikanischen Forschern um Dr. Loren RIESEBERG möglich, die angenommenen Hybrid-Verhältnisse einiger amerikanischer Sonnenblumen-Arten zu bestätigen und dann sogar experimentell im Gewächshaus diese Arten aus den Elternarten zu resynthetisieren. Die Möglichkeit,

Hybridarten mehrfach zu züchten, ist jedoch nicht auf Gewächshäuser beschränkt. Durch die Erkenntnisse aus der Erforschung der DNA geht man heute davon aus, dass Hybridarten nicht überleben können, wenn sie nur einmal entstehen. Die Bocksbart-Arten *Tragopogon dubius*, *T. porrifolius* und *T. pratensis* sind dabei das wohl best untersuchte Beispiel. Alle drei Arten kommen in Europa mehr oder weniger ökologisch und geographisch getrennt vor. Ende des 19. Jahrhunderts sind jedoch alle drei Arten in den Nordwesten der USA eingeschleppt worden und fingen an sich miteinander zu kreuzen. Dabei entstanden zwei neue Arten, *Tragopogon mirus* (*T. dubius* x *T. porrifolius*) und *T. miscellus* (*T. dubius* x *T. pratensis*). Durch detaillierte Untersuchungen konnten Dr. Pamela und Dr. Douglas SOLTIS nachweisen, dass die Arten Dutzende Male innerhalb eines Radius von 20 km entstanden sind. Die Individuen der neuen Arten unterscheiden sich morphologisch nicht, sind jedoch deutlich von ihren Eltern unterschieden. Dies ist nur im Fall von *T. miscellus* eingeschränkt, bei der sich die Individuen leicht unterscheiden je nachdem, welche Elternart den Pollen stellt und welche die Eizelle.

Diese Erkenntnisse über die Hybridisierung sind in vielen Bereichen wichtig. So kann die Hybridisierung eingeschleppter Arten mit verwandten heimischen Arten dazu führen, dass die Hybriden die heimische Art ersetzen und so im Extremfall zum Aussterben der heimischen Art führen. Besonders wichtig ist das auch bei der Bewertung von Hybridisierungsmöglichkeiten gentechnisch veränderter Arten mit ihren wilden Verwandten.

Forschungsobjekt Ehrenpreis

Neben der Erforschung von Hybriden bieten auf DNA-Untersuchung basierende Verwandtschaftshypothesen noch eine Vielzahl anderer Forschungsmöglichkeiten. Mein eigenes Forschungsgebiet, die Gattung *Veronica* (Ehrenpreis), kann dafür als Beispiel dienen. Wir haben auf DNA-Sequenzen basierende Verwandtschaftshypothesen mit der bestehenden Klassifikation verglichen und große Unterschiede festgestellt. Anscheinend sind die bisher benutzten Merkmale, die Blütenstandsmorphologie und die Lebensdauer der Pflanzen, in der Evolution mehrfach parallel entstanden. Einjährige Arten sind sich durch die Reduktion der vegetativen Organe so ähnlich, dass frühere Botaniker daraus eine Verwandtschaft annahmen. Andere Merkmale wie die Anzahl der Chromosomen, die Struktur der Samenoberfläche oder das Vorkommen bestimmter Sekundärstoffe stimmen dagegen sehr viel besser mit den DNA-Daten überein. Dabei taucht aber eins der wichtigsten und am weitesten verbreiteten Probleme der heutigen Evolutionsbiologie auf. Während wir innerhalb von fünf Jahren in der Lage waren für die Hälfte der 250 nordhemisphärischen *Veronica*-Arten DNA zu sequenzieren, sind entsprechende Daten für Samenstruktur und Phytochemie nur für derzeit ca. 50 Arten vorhanden. Für die Evolutionsbiologie sind aber nicht nur die in der Evolution stabilen Merkmale interessant, wichtig ist auch das Auffinden labilerer Merkmale. Gerade der mehrfach unabhängige Wechsel von Mehrjährigkeit zu Einjährigkeit (d.h. der Abschluss des Lebenszyklus von der Samenkeimung bis zur Fruchtreife innerhalb eines Jahres) ermöglicht die Ursachen und Folgen dieses Lebensform-Wechsels zu untersuchen. Welche Merkmale sind mit die-

sem Wechsel korreliert? Welches sind die Voraussetzungen für diesen Wechsel. Viele Hypothesen über die Entstehung einjähriger Pflanzen kursieren seit Jahrzehnten in der Literatur. So wurde zum Beispiel seit dreißig Jahren behauptet, einjährige Pflanzen hätten weniger DNA pro Zelle als mehrjährige Pflanzen. Vergleichende Untersuchungen an nahe verwandten Schwestergruppen bei *Veronica*, bei denen eine mehrjährig und die andere einjährig ist,



Gamander-Ehrenpreis (*V. chamaedrys*)

ergaben jedoch, dass solch eine Korrelation nicht zutrifft. Vielmehr ist es bei *Veronica* so, dass die Arten ein kleineres Genom haben, die sich selbst bestäuben. Da viele einjährige Pflanzen selbstbestäubend sind, mehrjährige dagegen größtenteils fremdbestäubt, ist der wahre Zusammenhang möglicherweise lange versteckt geblieben.

Wie schon oben bei den ersten Analysen von DNA-Sequenzdaten erwähnt, erkennt man auch hier, dass die Evolutionsbiologie heutzutage durch die Verwendung von molekularbiologischen Methoden und Daten eng mit der Genetik verbunden ist. So ist auch die Sequenzierung des Genoms der Ackerschmalwand (*Arabidopsis thaliana*), wenngleich erst drei Viertel bekannt sind (BENNETT et al., 2003) sowohl für die Genetiker als auch für die

Evolutionenbiologen ein Meilenstein. Hier hat man ein Modellsystem, bei dem ein großer Teil der Gene und ihre Funktion bekannt sind. Von diesem ausgehend ist es möglich, die Funktion dieser Gene in anderen Blütenpflanzen zu untersuchen und auch hier zu testen, ob ein ähnliches Merkmal durch Abstammung den gleichen genetischen Steuerungsmodus besitzt oder ob es eine parallele Entwicklung auf Grund einer anderen genetischen Ursache ist.

Revolution der Evolutionstheorie

Die Evolutionsbiologie ist, wie dieser Artikel verdeutlichen soll, durch die Untersuchung von DNA eine viel breitere Wissenschaft geworden. Viele Bereiche der Evolutionsbiologie – gerade der Mikroevolution, d.h. der innerartlichen Evolution – habe ich hier nicht einmal erwähnen können. Das Arsenal ihrer Methoden ist breiter. Methoden der DNA-Untersuchungen, zellbiologische und phytochemische Methoden, verschiedenste Mikroskopiertechniken und eine Reihe von Methoden der Beobachtung und Datensammlung im Freiland gehören dazu.

Evolutionenbiologen unterscheiden sich damit von anderen Biologen in ihrer organismischen Sichtweise, bei der der Organismus in seiner Ganzheit betrachtet wird. Letztendlich ist die Evolutionsbiologie durch die neuen Methoden wissenschaftlicher geworden, weil ihre Hypothesen jetzt überprüfbar, verifizierbar oder falsifizierbar sind. Abstammung ist damit über den beobachtbaren Zeitraum hinaus beweisbar geworden und unterscheidet sich damit von allen anderen Theorien über die Abstammung. Die zu Beginn zitierte Schlagzeile sollte daher eher heißen: „DNA supports Darwin“ (DNA unterstützt Darwin).

Literatur

- Angiosperm Phylogeny Group (1998). *Annals of the Missouri Botanical Garden* 85: 531-553.
Angiosperm Phylogeny Group (2003). *Botanical Journal of the Linnean Society* 141: 399-436.
BENNETT, M. D., LEITCH, J., PRICE H.J., & JOHNSTON, J.S. (2003). *Annals of Botany* 91: 547-557.
CHASE, M. W., SOLTIS D.E. und 41 weitere Autoren (1993). *Annals of the Missouri Botanical Garden* 80: 528-580.



Autor & Kontakt

Dr. Dirk Albach
Institut f. Botanik
Universität Wien
Rennweg 14
1030 Wien
albach@gmx.net

DIE MITOCHONDRIALE DNA DES MENSCHEN

Molekulargenetik in Evolutionsforschung und Forensik

Das menschliche Erbgut ist entscheidend. Nun lässt sich aber die genetische Anlage eines jeden Menschen nicht nur für die Jetztzeit bestimmen, sondern sie kann auch über Zehntausende von Jahren zurückverfolgt werden.

Anita Brandstätter

Beginnend mit den Publikationen von Prof. Alec JEFFREYS aus dem Jahre 1985 über die Anwendung von Minisatelliten bei Abstammungsfragen und in der kriminalistischen Spurensuche entwickelte sich die forensische DNA-Analyse zu einem wichtigen Arbeitsgebiet in der modernen gerichtsmedizinischen Analytik. Das „DNA-Fingerprinting“ bezieht sich dabei in erster Linie auf die Typisierung von hochpolymorphen Markern (STRs – Short Tandem Repeats) der nuklearen DNA zur Feststellung von nahen Verwandtschaftsverhältnissen (Vaterschaftstests) und zur Untersuchung von biologischen Spuren an Tatorten mit dem Ziel der Täterermittlung. Die durch das DNA-Fingerprinting erhaltenen Merkmalsmuster sind in der Regel für jeden Menschen einzigartig (mit Ausnahme von eineiigen Zwillingen) und stellen

damit ein sehr aussagekräftiges Werkzeug zur Identifikation von potentiellen Spurenverursachern dar. Zur Rekonstruktion von evolutionären Stammbäumen hingegen eignen sich genetische Marker besser, die sich nicht nach den Mendelschen Regeln vererben (Y-chromosomale Marker und die mitochondriale DNA).

Mitochondrien sind Zellorganellen, welche über eines von der Zellkern-DNA unabhängiges und autonom replizierendes Genom, die mitochondriale DNA (mtDNA), verfügen. Die mtDNA des Menschen ist ein ringförmiges Doppelstrangmolekül, welches ca. 16.600 Basen umfasst und in einigen hundert bis zu wenigen tausend Kopien in jeder Zelle aller menschlichen Gewebe vorkommt. Die doppelte Membranhülle der Mitochondrien schützt die mtDNA, deren Ringförmigkeit und deren relativ kleine Genomgröße verleihen ihr besondere Stabilität, und durch ihre hohe Kopienzahl im Vergleich zur nuklearen DNA gewinnt die mtDNA für die Forensik zusätzlich an Bedeutung. Dank dieser Eigenschaften wird die Analyse der mtDNA erheblich sensibler als die konventionelle STR-Analyse und führt in der Regel sogar bei geringsten Spuren-mengen oder bei stark degradierter DNA noch zu wertvollen Ergebnissen. Die Analyse der mitochondrialen DNA ist z.B. das Mittel der Wahl bei der

Typisierung von wurzellosen Haaren und bei der Identifizierung von Skeletten nach längerer Bodenliegezeit.

Für Evolutionsforscher ist die Vererbung der mtDNA von besonderer Bedeutung: durch den mäter-

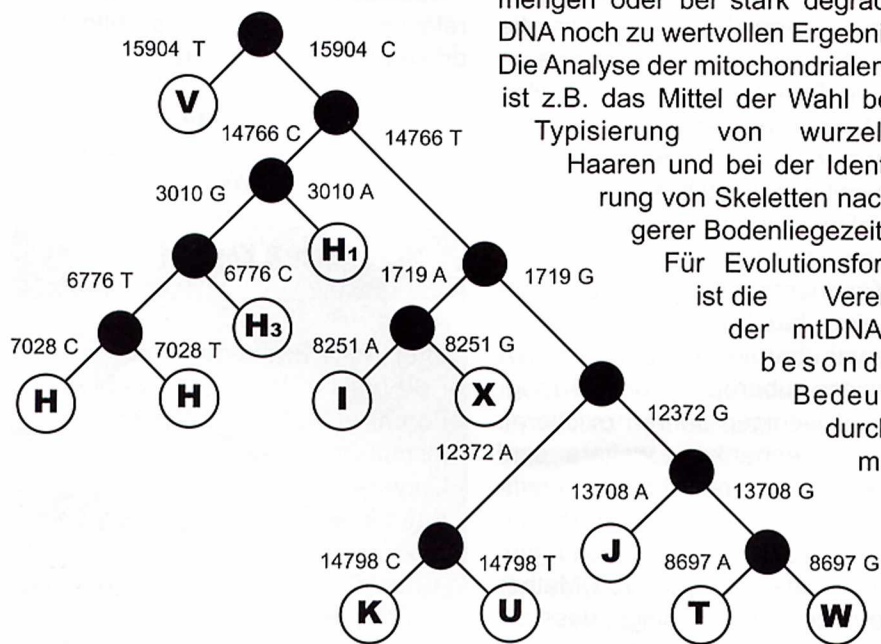
nen Erbgang bleibt das Genom in der mütterlichen Linie bis auf einige Mutationen konstant und kann somit sowohl für anthropologische Fragestellungen als auch für phylogenetische Analysen verwendet werden.

Eva und ihre Töchter

Die Erforschung der humanen mtDNA bestärkte die Vermutung, die Wurzeln des Menschen seien in Afrika zu suchen. Was Archäologen, Anthropologen und Ethnologen schon lange postulierten, gilt nun als Gewissheit: Die moderne Weltbevölkerung entwickelte sich aus einer einzigen Auswanderungswelle aus Afrika, die vor etwa 52.000 Jahren stattgefunden haben muss. Alle älteren Menschenformen, die bereits vor dieser Zeit Afrika verlassen hatten und als fossile Reste in verschiedenen Teilen der Welt nachweisbar sind, starben den Genanalysen zufolge wieder aus. Das bedeutet, dass die moderne Weltbevölkerung eine sehr junge, einheitliche Gruppe bildet, die in kurzer Zeit die Erde besiedelte.

Innerhalb kürzester Zeit wurde auch Europa besiedelt: von sieben Frauen stammen 99% aller Europäer ab, das ergaben mtDNA-Analysen an Tausenden von heute lebenden Europäern, und genetische Untersuchungen von human-subfossilen Überresten vervollständigten dieses Bild. Damit das Ganze nicht allzu theoretisch klingt, gab Bryan SYKES, ein renommierter Genetiker, in seinem Buch „Die sieben Töchter Evas“ den Frauen blumige Namen. Unsere Vergangenheit heißt seitdem: Tara, Helena, Katrine, Ursula, Valda, Xenia oder Jasmine. (siehe Abb. Entscheidungsbaum)

An diesem Punkt dockt nun die Forensik an die molekulare Evolutionsforschung an: Am Institut für Gerichtsmedizin der Universität Innsbruck wurde ein Verfahren entwickelt, mit dem jeder Europäer binnen eines Tages seiner mitochondrialen Urmutter, im Fachjargon seiner



Entscheidungsbaum: Der binäre Entscheidungsbaum ermöglicht eine einfache Zuordnung einer Probe zur ihrer mitochondrialen Haplogruppe (Urmutter). Die Großbuchstaben stehen für die Namen der 7 Urmütter, die Zahlen geben die Positionen der bestimmenden Basen an.

mitochondrialen Haplogruppe, zugeordnet werden kann. Dieses Verfahren beruht auf der gleichzeitigen Analyse von 16 Markern im kodierenden Bereich der mtDNA, den so genannten SNPs. SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) sind biallelische Marker, deren Allele sich nicht wie bei den STR-Systemen in den Fragmentlängen, sondern in einer Basenposition unterscheiden. Im Gegensatz zur autosomalen chromosomalen DNA gibt es auf der mitochondrialen DNA keinen heterozygoten Zustand, und deshalb ist immer nur eines der beiden möglichen Allele vorhanden. Zur Darstellung von SNPs gibt es verschiedene Untersuchungsmethoden. Eine davon (und die in diesem Verfahren verwendete) ist das Minisequencing, bei dem SNPs durch Multiplex-Amplifikation und der Single Base Extension Reaktion mit abschließender Analyse auf Geräten, die auf Fluoreszenz-Detektion basieren, darstellbar sind. Die Merkmalskombination der 16 Marker definiert dann die mitochondriale Haplogruppe einer unbekannten Probe. Dadurch können Tatverdächtige von weiteren Untersuchungen ausgeschlossen werden (wenn sie einer anderen Haplogruppe als die der Spur zugehörig sind), bzw. lassen sich damit Spuren in einem großen Fall mit sehr vielen biologischen Spuren (z.B. Haare in einem PKW) in die mitochondrialen Haplogruppen aufteilen. Das hat zur Folge, dass nur noch eine kleine Anzahl an Spuren (die in ihrer mütterlichen Linie mit dem potentiellen Spurenversucher übereinstimmen) aufwendigeren DNA-Analysen unterzogen werden müssten. Dieses „Schnappschuss“-Verfahren gewährt also einen Einblick in die evolutionäre Vergangenheit biologischen Materials unbekannter Herkunft, und ermöglicht dadurch einen raschen Ein- bzw. Ausschluss von Proben von weiteren Untersuchungen.

EMPOP - Europäische Datenbank

Obwohl sich alle Europäer auf sieben „Töchter Evas“ zurückführen lassen, sind doch nicht alle Söhne und Töchter einer imaginären Urmutter auf mitochondrialer Ebene komplett identisch, sie sind sich lediglich ähnlich. Im Bereich einer nicht kodierenden, ca. 1.100 bp langen Region, der so genannten Kontrollregion, befin-

den sich zwei hypervariable Regionen (HV-I und HV-II) in denen sich unverwandte Individuen im Schnitt an ca. 8 Basenpositionen unterscheiden. Über die mütterliche Linie verwandte Personen hingegen gleichen sich in ihrem HV-I/HV-II Profil aufs Haar, und damit ist eine zweifelsfreie Identifizierung eines Individuums anhand eines mitochondrialen Profils nicht möglich. Doch auch hier verschafft die besondere Biologie der mitochondrialen DNA Abhilfe: die humane mtDNA (im Besonderen die Kontrollregion) weist eine 10-fach höhere Mutationsrate als die nukleare DNA auf, und da kann es schon einmal vorkommen, dass sich die Großmutter von ihrer Enkelin in ihrem HV-I/HV-II Profil an einer Basenposition unterscheidet. Die meisten mitochondrialen HV-I/HV-II Profile Europas sind sehr selten bis einzigartig, was die mitochondriale Kontrollregion zu einem der aussagekräftigsten singulären forensischen Markern macht. Nur ungefähr 7% der Europäer teilen sich einen bestimmten Profiltyp. Wenn nun also ein mtDNA Profil einer Tatortspur mit dem mitochondrialen Profil eines Tatverdächtigen zu 100% übereinstimmt, wäre es sehr wichtig zu wissen, ob es sich hierbei um ein sehr seltenes oder ein eher häufiges Profil handelt, um weitere Aussagen über die mögliche Täterschaft des Verdächtigen treffen zu können. Strafverteidiger und Richter könnten berechtigterweise fragen, ob man überhaupt eine Aussage über die Häufigkeit eines mitochondrialen Profils in Europa treffen kann. Man kann. Und zwar durch den direkten Abgleich des in Frage stehenden Profils mit einer mtDNA Datenbank, die Profile vieler unverwandter Personen aus allen Teilen des betreffenden Kontinents beinhaltet. Dadurch wird eine biostatistische Aussage über zwei übereinstimmende mtDNA Ergebnisse überhaupt erst ermöglicht. Seit wenigen Jahren existieren mtDNA Datenbanken, weiters sind eine Fülle von populationsspezifischen Daten in den Fachjournalen publiziert. Jüngste Untersuchungen von einer Arbeitsgruppe von Mathematikern ergaben allerdings, dass ein nicht unwesentlicher Teil der darin zur Verfügung stehenden Datensätze fehlerhaft sind. Ein Großteil der widersprüchlichen Profile lässt sich auf Tippfehler bei der Übertragung

der Daten in Ergebnis-Tabellen und diesen in die Datenbanken zurückführen. Eine zweite Fehlerquelle stellt die traditionelle Analyse der mitochondrialen DNA selbst dar, die aus einer Vielzahl von manuellen Schritten besteht und deshalb die Gefahr der Verwechslung von Proben in sich birgt. Seit 1999 beschäftigt sich das Institut für Gerichtsmedizin der Uni Innsbruck im Rahmen eines weltweiten Projektes mit der Aufgabe, eine mitochondriale DNA-Datenbank aufzubauen, deren zu Grunde liegendes Konzept diese Fehler vermeiden kann. Das Konzept dieser Internet-Datenbank „EMPOP“ beinhaltet die elektronische Verarbeitung der Laboranalyse-Ergebnisse bis hin zum Import der Profile (zur Vermeidung von Tippfehlern), eine qualitative Beurteilung der Analyse-Ergebnisse mittels eines Software-Algorithmus, und eine intensive Überprüfung der computerunterstützten Auswertung. Zusätzlich werden alle mtDNA-Profile vor ihrem Import einem phylogenetischen Plausibilitäts-Check unterworfen. Falls es dennoch Rückfragen oder Zweifel an der Authentizität eines Haplotyps gibt, so stehen die Rohdaten aller in EMPOP befindlichen Profile zur erneuten Begutachtung zur Verfügung. Durch dieses rigorose Qualitätsmanagement wird EMPOP zu einem technischen Hilfswerk, das es Rechtsmedizinern erlaubt, vor Gericht vertretbare biostatistische Aussagen über die relative Häufigkeit eines mitochondrialen Profils zu treffen.



Autor & Kontakt

Autor:

Mag. Anita Brandstätter
FB Forschungsschwerpunkte in
Forensischer Molekularbiologie
Institut für Gerichtsmedizin,
Universität Innsbruck
anita.brandstaetter@uibk.ac.at

Kontakt:

Ao.Univ.Prof.Mag.Dr. Walther Parson
Leiter d. Fachbereichs
Forensische Molekularbiologie
Institut für Gerichtsmedizin
Universität Innsbruck
Müllerstr. 44, A – 6020 Innsbruck
walther.parson@uibk.ac.at

Spiralen sind eine Grundform der Natur, die man auch in der Technik häufig wiederfindet! Gerade in der Baukunst verschiedenster Orte und Epochen ist sie allgegenwärtig. Die junge Wissenschaft Bionik (von BIOlogie und TechNIK) hat erst begonnen, ihre Prinzipien in der Natur zu erforschen und für die Technik nutzbar zu machen. Die Spirale ist der Drehmoment des Lebens. Wir tun gut daran, von diesem Dreh zu lernen!

Rouven Schipflinger

Spiralen

sind ebene Kurven, die aus unendlich vielen Windungen um einen festen Punkt bestehen und aus höchstens zwei Ästen zusammengesetzt sind, bei denen der Abstand vom Mittelpunkt (Radius) streng monoton vom Drehwinkel (Polarwinkel) abhängt. Der große griechische Mathematiker Archimedes (287 - 212 v. Chr.) hat aus den Beobachtungen von Schneckenhäusern, aufgewickelten Schiffstauen und Kopfstücken ionischer Säulen die einfachste so genannte „Archimedische Spirale“ mit konstantem Windungsabstand erstmals beschrieben. Er ließ sich auch als einer der ersten von der Natur zum Bau der „Archimedischen Schraube“ inspirieren, die zum Anheben von Wasser verwendet wird. Auch das Universalgenie Leonardo da Vinci (1452 - 1519), der Pionier der Bionik, war von der Spirale fasziniert und entwickelte

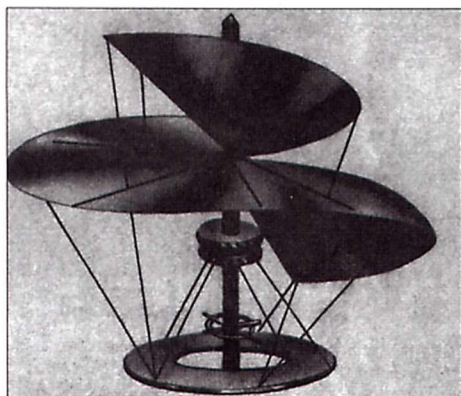


Bild 1: Die Flugspirale von Leonardo da Vinci (1483)

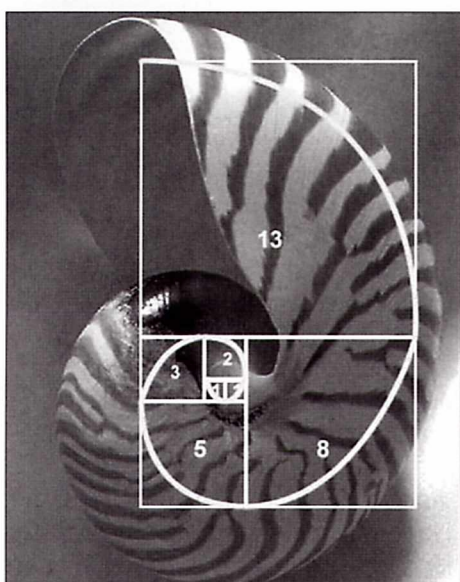


Bild 2: Die Schale des Perlbootes *Nautilus pompilius* (Nautiloidea) zeigt als lebendes Fossil die Jahrmillionen alte Logarithmische (Goldene) Spirale.

erstmal das Helikopter-Prinzip mit der Konstruktionszeichnung einer Spiralschraube, für die er auch den Wortstamm für den heutigen Begriff „Helikopter“ erfand (gr. „*hélix*“ = Spirale und „*pterón*“ = Flügel). Allgegenwärtig

in der Natur

ist die von Albrecht Dürer als „Ewige Linie“ oder von Jacob Bernoulli als „*spira mirabilis*“ bezeichnete logarithmische oder gleichwinkelige Spirale, deren Polarwinkel logarithmisch vom Radius abhängt, weshalb hier der Windungsabstand monoton zunimmt. Man erhält sie, wenn man die geraden Linien von Kegel durch Kurven ersetzt. Sie wird auch als „Goldene Spirale“ bezeichnet, weil sich in ihr die Proportionen des in Natur und Kunst allgegenwärtigen „Goldenen Schnittes“ widerspiegeln. Ihr Wachstum lässt sich durch Quadrate ausdrücken, deren Seitenlänge sich aus der Summe der beiden nächstkleineren Quadrate ergibt (Bild 2). Schließlich bestätigen sie als selbstähnliche Spiralen das Naturprinzip der Selbstähnlichkeit (Fraktaltheorie), da die Form der Kurve in jedem Teilstück gleich ist. Vergrößert man beispielsweise den Spiralabschnitt aus Quadrat 3 bis auf die Größe von

Quadrat 13, stimmen beide Krümmungen genau überein (Bild 2). Logarithmische Spiralen finden sich vom Wachstum von Bakterienkulturen bis zum Spiralwirbel von Galaxien. Der Biologe D'Arcy Mac THOMPSON hat auf die Häufigkeit der logarithmischen Spirale in der Natur hingewiesen, die für ihn den geometrischen Idealismus darstellt. Die Häufigkeit kommt schon in der Sprache der Biologen zum Ausdruck. Man findet den Wortteil „*spir-*“, „*spiro-*“ (v. gr. „*speira*“ = Windung) etwa bei den *Spirillen* (Bakterien mit helikaler Zellform), den *Spirochäten* (spirillenförmige Bakterien mit spezieller Bewegung, u.a. in der Mund- und Darmflora des Menschen), die Korkzieheralge *Spirulina* (Gattung der Blaualgen mit spiralig gewundenen Fäden, die schon von den Azteken als Gemüse verspeist wurden), *Spirotricha* (artenreiche Ordnung der Wimpertierchen mit rechtsläufiger Membranellenspirale zum Mundfeld, z. B. Trompetentierchen), *Spirorbis* und *Spirographis*. Heute sieht man den Grund für ihr häufiges Auftreten in der Nützlichkeit für das Wachstum, da sie wie Kegel ohne Formveränderung wachsen können, indem am Ende einfach Material hinzugefügt wird, das noch dazu proportional der schon vorhandenen Menge ist (VOGEL 2000). Das Spiralwachstum ist etwa bei Mineralen häufig. Beim Spiralwuchs (=Drehwuchs) verlaufen die Holzfasern vieler Nadelhölzer linksgewunden, von Apfelbaum und Rosskastanie rechtsgewunden schraubig zur Stamm-

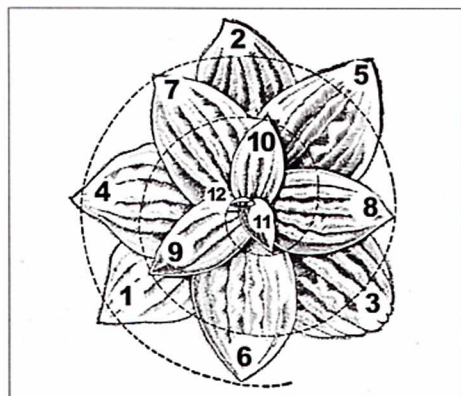


Bild 3: Blattrosette vom Mittleren Wegerich (*Plantago media*)



Abb. 4: Samenspiralen bei der Sonnenblume (*Helianthus annuus*)



Abb. 5: Spiralhorn beim „big-horn-sheep“, USA



Abb. 6: Architektonische Spirale bei Pieter v. Brueghel: Turmbau zu Babel

achse. Bei vielen Pflanzen findet man auch eine Spiralanordnung der Blätter (Bild 3). Auch hier gehen Forscher heute davon aus, dass diese Anordnung einfach die effektivste Art zu wachsen darstellt. Das entstehende Blattmuster ist das Resultat eines Wechselspiels von anregenden und hemmenden Einflüssen, das jedem ihrer Blätter ausreichend Licht und Platz gewährleistet. Die Spiralfurchung, ein ursprünglicher Furchungstyp, bei dem die Blastomeren spiralförmig angeordnet werden, findet man bei Gliederfüßern, Weichtieren, Ringelwürmern, Schnurwürmern und Plattwürmern, die zu den Spiraliern zusammengefasst werden. Schließlich lassen sich in vielen Hörnern (Nashorn, Dickhornschaf), fast allen Schalen (Kammerlinge, Weichtiere) und etlichen Pflanzenstrukturen (Blüten, Zapfen, Blatt- und Aststellungen) Spiralen entdecken. Wenn man Spiralen in Natur

und Technik

miteinander vergleicht, kommt man zu erstaunlichen Analogien, die jedoch selten auf die gleichen funktionellen Ursachen zurückzuführen sind. Besonders häufig finden wir Spiralformen in der Architektur. Pieter Bruegel der Ältere (um 1525 - 1569) malte 1563 den Turmbau zu Babel spiralförmig (Bild 6). Der spanische Architekt Antoni Gaudí (1852 - 1926), der die Natur als Ideenlieferant in seine erdverbundenen Bauten einbe-

zog, hat die Spirale häufig in seinen Turmkonstruktionen eingebaut. Für einen Nachfolger, den Wiener Friedensreich Hundertwasser (1928 - 2000), wurde die Spirale sogar zum Markenzeichen. Für ihn ist „die Spirale nie vollkommen oder vollendet und repräsentiert sowohl das Leben als auch den Tod“. Mit der „Hundertwasserspirale“ im Taufenster der 1988 renovierten katholischen Kirche von Bärnbach (Steiermark) hat er der alten Interpretation der Spirale als Symbol des Lebens in endloser Ausdehnung und Zusammenziehung Ausdruck verliehen.

Ein modernes bionisches Beispiel für funktionelle Formgestaltung nach natürlichem Vorbild ist die Elementarschule Valley Wind in Missouri (USA), die der Spiralform der Nautilus-Schale nachempfunden wurde (NACHTIGALL & BLÜCHEL 2000). Die gekammerten Schalen der einzelligen Kammerlinge (Foraminiferen) erinnern an eine Wendeltreppe. Beim Anblick der 1499 in der Grazer Burg erbauten gotischen Doppelwendeltreppe fiel mir spontan die Doppelhelix der DNA ein. Für den befreundeten Architekten Peter H. SCHMITZ ist sie „beeindruckend, weil in dieser Naturgesetzlichkeit die Dimension Zeit einen festen Platz als immanente Ereignisvariable inne zu haben scheint“. Ein schöner Gedanke. Im Pflanzenreich sind es die spiralförmigen Haftorgane von Rankern, Schlingern und Kletterern,

die an die aufgewickelte Telefonschnur erinnern. Beiden liegt das Prinzip der Elastizität zugrunde. Im Tierreich haben Spiralen wie der Elefantenrüssel und Chamäleonsschwanz oft eine Greiffunktion, während sie in der Technik bei Schriftrollen und Frischhaltefolien zum Aufbewahren dienen. Die Tigerkrallen können ähnlich wie Pflanzendornen vielleicht bionischen Eispickeln und Lasthaken zum „Durchbruch“ verhelfen. Man stelle sich vor, einen bewegten 200 kg schweren Kartoffelsack mit den Fingernägeln zu heben. Solch einer Belastung müssen die Krallen eines Tigers mit 200 kp Gewicht standhalten, der sich auf dem Rücken eines Büffels festkrallt. Mit der CAO-Methode (Computer Aided Optimization), die schon heute zur Gestaltoptimierung von technischen Bauteilen eingesetzt wird, wurde die logarithmische Spirale der natürlichen Tigerkrallen als Optimalform in Sinne des Grundsatzes gleicher Spannung errechnet (MATTHECK 1992). Auch die Dornen von Pflanzen haben ähnliche Formen. Vielleicht sind die Eispickel und Lasthaken der Zukunft ja den logarithmischen Spiralen der Natur nachempfunden.

Bisher aber können Spiralen in Natur und Technik nur verglichen werden. So etwa die Faschingströte und der Schmetterlingsrüssel.

Literatur:

MATTHECK, Klaus (1992): *Design in der Natur – Der Baum als Lehrmeister*. Rombach Verlag, Freiburg.
NACHTIGALL, Werner & BLÜCHEL, Kurt (2000): *Das große Buch der Bionik – Neue Technologien nach dem Vorbild der Natur*. DVA, Stuttgart, München.
VOGEL, Steven (2000): *Von Grashalmen und Hochhäusern*. Wiley-VCH Verlag, Weinheim.
Internet: Schulprojekte zur Bionik unter <http://lautaro.bionik.tu-berlin.de/muenster/>



Autor & Kontakt

MMag. Rouven Schipflinger
AHS-Lehrer am BORG Lauterach
Spezialgebiete: Bionik, Ökotoxikologie
Funkenbühl 8
6900 Bregenz
E-Mail: rouven.schipflinger@schule.at

Liebe Kolleginnen und Kollegen!

Herbstzeit – Erntezeit. Vorstufe zur Diapause? Ganz im Gegenteil. Wir bestehen zu einem sehr großen Anteil aus Lehrern, die gerade jetzt nach dem Schulbeginn an alles andere als an Diapause denken. Erntezeit dennoch: Wir wollen von den BiologInnen, die noch nicht der ABA angehören, möglichst viele als Mitglieder „ernten“, und zwar besonders auch diejenigen, die sich gerade in Ausbildung befinden. Wir waren bisher weder auf den Universitäten noch in den Pädagogischen Akademien besonders präsent. Dies soll sich durch eine Offensive zur Mitgliederwerbung in diesen Bereichen ändern. Und dazu brauchen wir Ihre Mitarbeit in ganz Österreich: Wer aktiv am politischen Gewicht unseres Vereines mitarbeiten möchte, melde sich bitte bei mir – Sie bekommen Probehefte, Leitbild, Statuten und Informationen, um junge KollegInnen ansprechen zu können.

Wie dringend wir eine deutlich höhere Mitgliederzahl und damit Durchsetzungskraft benötigen, haben wir anhand der Stundenkürzungen erlebt. Der Mitgliedsbeitrag allein reicht für einen Verein wie die ABA nicht aus – wenn wir etwas verändern wollen, brauchen wir in ganz Öster-

reich aktive Mitglieder, die potentielle Mitglieder aktivieren! Daher mein dringender Appell: Machen Sie mit und beteiligen Sie sich am Aufbau Ihrer eigenen Vertretung!

Als zusätzliches Service zur Mitgliedschaft erhalten Sie 25% Ermäßigung auf alle Veranstaltungen des:

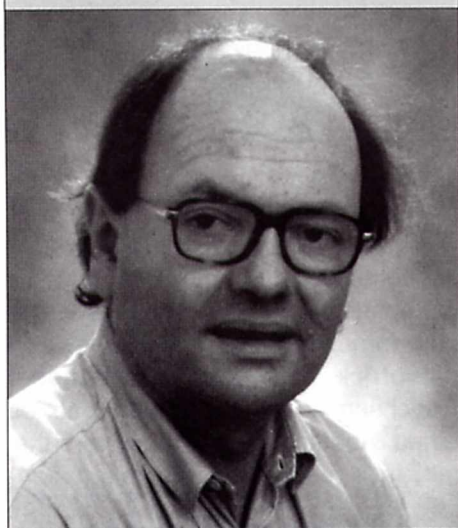
- UmweltBildungsZentrums Uwe Kozina, Tel.: 0699 10033067, uwe.kozina@gmx.at
- Firma Landscape Werner Kammel Tel.: 0664/2220941 werner.kammel@utanet.at
- Ermäßigter Eintritt in den Tierpark Herberstein folgt in Bälde.

Vereinsintern hat eine Veränderung stattgefunden: In der Generalversammlung am 22. März in Stubenberg am See wurde ein neuer stellvertretender Präsident gewählt:

Andreas Kaufmann wurde durch **Oswald Hopfensperger** abgelöst, vielen bekannt durch seine langjährige Tätigkeit im Verein, u. a. als Rechnungsprüfer, vor allem aber durch seine interessanten Exkursionen. Ossi ist für eine sehr große Anzahl von neuen Mitgliedern verantwortlich. Wir freuen uns sehr, dass er als eines der aktivsten Vereinsmitglieder bereit ist, im Vorstand diese Funktion zu übernehmen.

Wir stellen vor:

Mag. Oswald Hopfensperger
geb. 8.4.1956
Lehrer am BG/BRG Kufstein
Am Rain 8
6372 Oberndorf
Tel. 0676 / 33 28 020
e-mail:
hopo@utanet.at



Mit herzlichen Grüßen
Ihr Präsident
Helmut Ulf Jost
Tel.: 0676 65 34 284
helmut.jost@stmk.gv.at

Vorankündigungen für 2004



termine

ABA-Tirol:

12./13. Juni: Biologentreffen auf der Guffert-Hütte im Rofengebirge /Tirol

Ltg.: Mag. Oswald Hopfensperger

15.-18. Juli: Sommerexkursion: Niederösterreich von oben bis unten

- Wachauer Trockenrasen
- Biologische Besonderheiten des Kamptales
- Besuch des Krahuletz-Museums

Ltg. Prof. Mag. Hans Sohm

Nähere Auskünfte und Anmeldungen bei
Oswald Hopfensperger (siehe oben)

aba Tirol: 10.-12 Juli 2003 Exkursion zu den Endemiten der Südalpen



Silene elisabetha

Unter der fachkundigen Leitung von Univ.Do. Dr. Georg Gärtner vom Bot.Institut der Universität Innsbruck startete Donnerstag Früh unsere 20köpfige, von Ossi Hopfensberger zusammengewürfelte Gruppe von Innsbruck in Richtung Gardasee. Gleichsam zum Aufwärmen gab es einen Abstecher zum Tartscherbühel mit einer ausgeprägten Trockenrasenvegetation und einen Besuch des Botanischen Gartens von Schloss Trauttmansdorff bei Meran.

Eigentliches Fahrtziel des Tages war jedoch Nago bei Torbole am Gardasee, wo wir für 2 Nächte in einem gemütlichen Hotel Quartier bezogen. Der zweite Tag stand ganz im Zeichen der Südalpenflora. Dr. Gärtner bereitete uns schon während der Anfahrt zum Monte Tremalzo auf die zu erwartenden Besonderheiten der Ganztagesexkursion vor. Das Rifugio Garda in 1700 m Seehöhe war unser Ausgangspunkt für den mehrstündigen Fußmarsch durch die Vegetationszonen des Mte. Tremalzo. Der Wanderweg verlief auf einer alten Militärstraße mit zahlreichen Tunneln und führte durch südalpine Strahlen-ginsterheiden (*Genista radiata*), für deren Hauptblüte wir zu unserem Leidwesen um etwa 3 Wochen zu spät dran waren, auch die Kerzen des Gelben Enzians (*Gentiana lutea*) waren bereits beim Abblühen. Der erste Endemit, der uns für einige Zeit verweilen ließ, war bald entdeckt: die Elisabethen-Lichtnelke (*Silene elisabetha*), deren karminrote, etwa 4 cm durchmessende Blütenkrone sich deutlich von ihrer Umgebung abhob. Dazu gesellten sich bald noch die weißblühende Monte-Baldo-Segge

(*Carex baldensis*), Einseles Akelei (*Aquilegia einseleana*) und Dubys Veilchen (*Viola dubyana*).

Aus Felsspalten und von Absätzen lugten die hellblauen Köpfchen der Schopfigen Teufelskralle (*Physoplexis comosa*); treffender erschien uns wohl der Beinamen Rapunzel.

Der Felsen-Seidelbast (*Daphne petraea*) zeigte sich nur mehr im Blättergewand. Einen eigenartig würzigen Duft verströmten beim Zerreiben die Blätter des Glänzenden Laserkrautes (*Laserpitium nitidum*). Da es schon spät geworden war, mussten wir den Abstieg durch den Buchenwald beschleunigen, auch wenn uns da und dort noch einige „Gustostückerln“ wie Alpen-Veilchen (*Cyclamen purpurascens*), Steinbeere (*Rubus saxatilis*) und Feuerlilie (*Lilium bulbiferum*) am Wegesrand zum Stocken brachten.

Nach dem Abendessen ging das Botanisieren weiter: anhand von erlesenen Kostproben wurde bis spät in die Nacht über Jahrgang und Standort verschiedener Rebsorten (*Vitis vinifera*) diskutiert und fachgesimpelt.

Hubert Salzburger

FREUNDE DES NATURHISTORISCHEN MUSEUMS WIEN

Die Freunde des Naturhistorischen Museums sind seit 78 Jahren ein verlässlicher Partner des NHM. Ankäufe von wissenschaftlichen Sammlungen zählen ebenso zu unserem Programm wie die Finanzierung von populären und wissenschaftlichen Druckwerken. Fundraising ist uns ebenso wichtig wie die Publikumsbetreuung: kostenloser Eintritt ins Museum, Teilnahme an Exkursionen und Veranstaltungen und regelmäßige Information. Unsere 2.300 Mitglieder informieren wir über unsere Medien (Monatsprogramm, Vierteljahreszeitung, Homepage) über Veranstaltungen und Vorgänge am Museum. Erweitern Sie Ihren und unseren Aktionsradius und schließen Sie sich uns an.



Der Flugsaurier *Rhamphorhynchus*, ausgestellt im Saal 8



Eine Beitrittserklärung finden Sie auf unserer Homepage:

<http://freunde.nhm-wien.ac.at>

Oder wenden Sie sich direkt an unsere Schriftführerin:
vera.hammer@nhm-wien.ac.at

☐ **ordentliches Mitglied + bioskop Abonnement** (Jahresbeitrag 25,-); für Studenten: 10,-
☐ **förderndes Mitglied + bioskop Abonnement** (Jahresbeitrag ab 37,-)

[illegible]

PLZ

Ort

Bundesland

E-Mail

—@a

| |

Schulanschrift

Sektion (AHS, BHS ...)

Unterschrift

Mag. Irmgard Reidinger-Vollath, Rebengasse 10, 7350 Oberpullendorf

Bank Burgenland, Kontonummer: 916 146 16400, Bankleitzahl: 51000

Ich erkläre mich einverstanden, dass meine Daten vereinsintern EDV-mäßig verarbeitet werden.

Age Group	Percentage
18-24	12%
25-34	28%
35-44	22%
45-54	18%
55-64	15%
65-74	10%
75-84	8%
85+	5%

PLZ

Ort

Unterschrift

Mag. Irmgard Reidinger-Vollath, Rebengasse 10, 7350 Oberpullendorf

Bank Burgenland, Kontonummer: 916 146 16400, Bankleitzahl: 51000

bioskop 23

Die Felsküsten-Region des Tanganjikasees ist besonders artenreich



P.b.b.

ZOBODAT - www.zobodat.at

Zoologisch-Botanische Datenbank/Zoological-Botanical Database

Digitale Literatur/Digital Literature

Zeitschrift/Journal: [Bioskop](#)

Jahr/Year: 2003

Band/Volume: [2003_3](#)

Autor(en)/Author(s): Diverse Autoren

Artikel/Article: [Evolution auf dem Prüfstand 1](#)