

Verwandtschaft der Quastenflosser

Nicht erst seit der Entdeckung von *Latimeria chalumnae* 1938 (Abb. 1) sind die Verwandtschaftsverhältnisse der Quastenflosser umstritten [1]. Das Beispiel dieses „lebenden Fossils“ zeigt auch, daß den Problemen der Merkmalsbewertung in der modernen Kladiistik heute bei der molekularbiologischen Analyse ebensolche Probleme durch den Einsatz verschiedener Rechenprogramme gegenüberstehen.

Spektakuläre Filmaufnahmen, die dem Verhaltensforscher Hans Fricke in einem Tauchboot vor den Komoren erstmals im natürlichen Lebensraum

Kurzberichte aus der Wissenschaft



Abb. 1. Sonderbriefmarke der Republik Südafrika (1989) zur Erinnerung an die Entdeckung des Quastenflossers durch Marjorie Courtenay-Latimer und J. L. B. Smith im Jahr 1938.

des Crossopterygiers gelangen, sorgten kürzlich erneut für ein Aufleben der Diskussion. Mit langsamen Bewegungen ihrer quastigen Flossen paddelte *Latimeria* gleichsam im Vierfüßergang durch die Meerestiefen des Indischen Ozeans. Diese Flossenbewegung könnte einst der frühesten Verwandtschaft der Quastenflosser den Schritt an Land erleichtert haben [2]. Crossopterygier gelten als jene Gruppe, deren Ahnen im Devon vor rund 350 Millionen Jahren der Landgang gelang. Aus dieser Gruppe, so die bisherige Überzeugung, sind sämtliche Landwirbeltiere (Tetrapoden) entstanden. Nach der Darstellung des amerikanischen Paläontologen Alfred S. Romer hatten sich Quastenflosser einst erfolgreich ihrer Flossen bedient, um an Land zu robben. Heute noch auf den Kontinenten der Südhalbkugel lebende tropische Lungenfische dagegen, die ebenfalls als mögliche Ahnen der Tetrapoden betrachtet wurden, erwarben lediglich die Fähigkeit, im Schlamm periodisch schrumpfender Gewässer Trockenheit zu überstehen.

Zwei molekularbiologische Untersuchungen greifen diesen Streit um den Landgang wieder auf (Abb. 2). Die beiden Molekulargenetiker Axel Meyer (Department of Ecology and Evolution, University of Stony Brook, New York) und der (kürzlich verstorbene) Biochemiker Allan C. Wilson (University of California, Berkeley) waren 1990 mittels Vergleich der DNA aus Mitochondrien (mtDNA) zu dem Ergebnis gelangt, daß Lungenfische (Dipnoi) stammesgeschichtlich näher mit den Landwirbeltieren verwandt sind als Quastenflosser [3, 4]. Sollte diese Hypothese richtig sein und die direkten Vorfahren von *Latimeria* nicht zugleich auch die Ahnen der Tetrapoden, dann wäre das Kapitel Landgang in den gängigen Zoologielehrbüchern Makulatur. Nachdem Meyer und Wilson darüber erstmals auf der Tagung der Deutschen Zoologischen Gesellschaft im Juni 1990

in Frankfurt berichtet hatten [3], erschienen die Befunde in ausführlicher Darstellung bereits im November 1990 [4]. Um so mehr erstaunt, daß das Forscherteam vom Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried bei ihrer Interpretation der Quastenflosser-Verwandtschaft diese Ergebnisse gänzlich ignorierte und den Ursprung der Tetrapoden erneut den Crossopterygiern zuordnet [5]. Die Darstellung von Thomas Gorr, Traute Kleinschmidt (MPI für Biochemie) und Hans Fricke (MPI für Verhaltensphysiologie, Seewiesen) stützt eine direkte Blutsverwandtschaft zwischen dem Quastenflosser *Latimeria* und den Landwirbeltieren. Vergleicht man die Aminosäuresequenz der Hämoglobine, so standen an der Wurzel aller Landwirbeltiere die Quastenflosser, und nicht etwa Lungenfische. *Latimeria* wäre demnach tatsächlich der nächste lebende Verwandte der Tetrapoden, ein Grund mehr, die letzten, vom Aussterben bedrohten Exemplare vor den Komoren zu retten. Für die abweichenden Ergebnisse beider Arbeitsgruppen sind mehr als die unterschiedlichen biochemischen Methoden verantwortlich. Meyer und Wilson benutzten insgesamt 85 verschiedene Nucleotide der mtDNA, die die „Bauanleitung“ für bestimmte ribosomale RNA und für das Enzym Cytochrom b enthalten. Die entsprechenden Sequen-

zen von Lungenfischen, von *Latimeria* und einem Fisch wurden mit der Basensequenz aus dem mitochondrialen Genom eines Frosches verglichen. Danach schließen sie die Möglichkeit aus, daß sich Landwirbeltiere aus Quastenflossern entwickelt haben könnten. Morphologische Merkmale, die bisher für ein Schwestergruppen-Verhältnis zwischen Tetrapoden und Crossopterygiern gesprochen haben, seien demnach durch konvergente Evolution (dem ständigen Stolperstein der konventionellen Verwandtschaftsforschung) entstanden. Bereits die gemeinsamen Ahnen der Lungenfische und Landwirbeltiere hätten dagegen übereinstimmende morphologische Merkmale besessen, die sie für den Landgang präadaptierten.

Innerhalb der Crossopterygier werden sowohl die Coelacanthier (Hohlstachler) als auch die ausgestorbenen Rhipidistier vereint. Seit langem weiß man, daß *Latimeria chalumnae* zum stammesgeschichtlich eher unbedeutenden Zweig der Hohlstachler gehört, während die längst ausgestorbenen Rhipidistier bislang als direkte Vorfahren aller landlebenden Tetrapoden geführt wurden. Diese stehen allenfalls noch den Morphologen, nicht aber den Molekularbiologen für Untersuchungen zur Verfügung. Auch Gorr und Kleinschmidt [5] konnten daher nur die Glo-

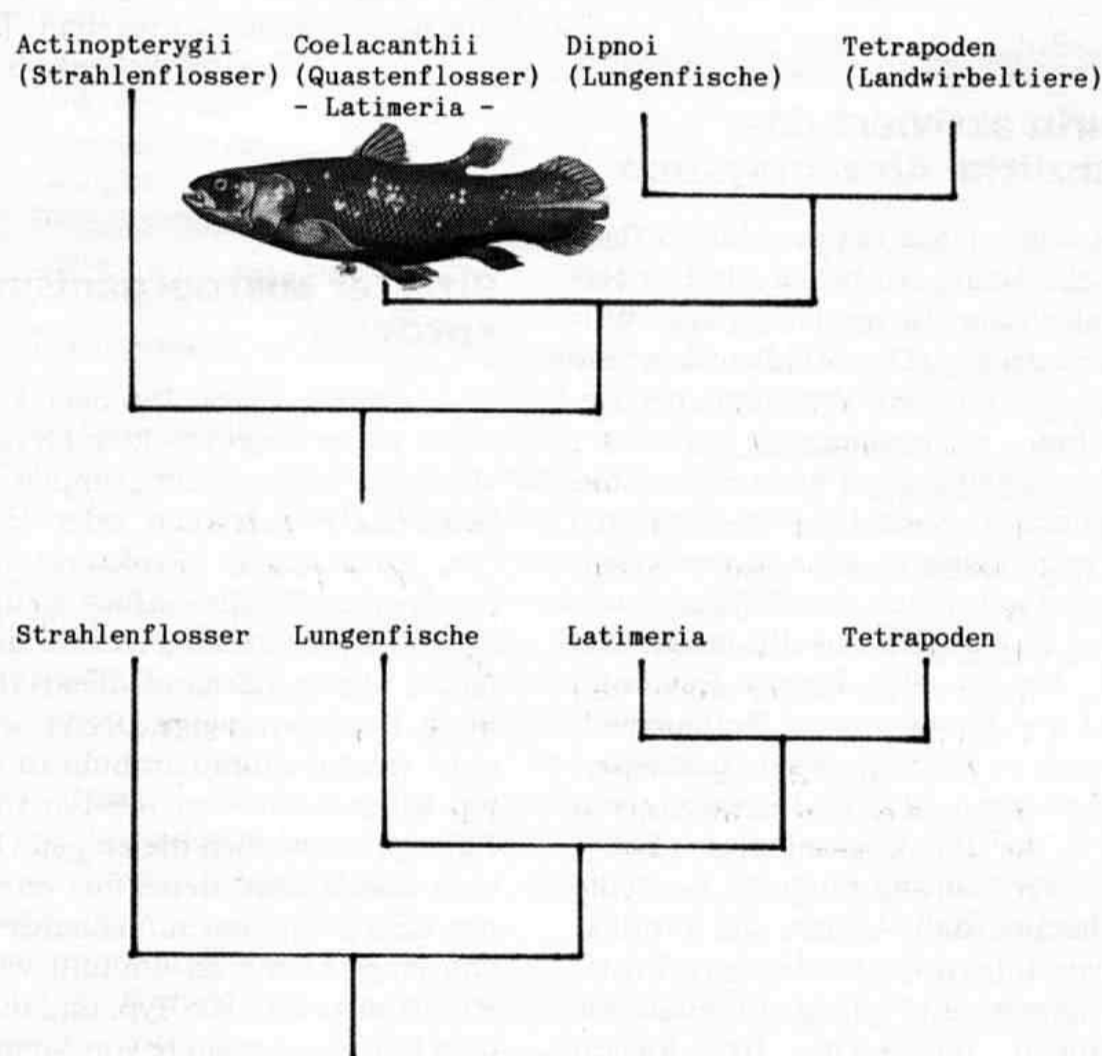


Abb. 2. Phylogenetische Verwandtschaft des Quastenflossers *Latimeria* und Abstammung der Landwirbeltiere. a: Nach Analyse der mtDNA [4] und der Kombination aus mtDNA- und Hämoglobin-Daten [6]. — b: Nach Analyse der α - und β -Hämoglobinsequenzen [5].

binsequenzen von *Latimeria* mit jenen von Fischen, Lungenfischen und Amphibien als nächstverwandte Landwirbeltiere vergleichen. Die Primärstruktur von Hämoglobin wird seit 25 Jahren genutzt, um stammesgeschichtliche Verzweigungen zu rekonstruieren. Kurioserweise fanden Gorr und Kleinschmidt, daß die Blutproteine (143 Aminosäuren der α -Kette, 147 der β -Kette) aller untersuchten Knochenfische eher jenen von Kaulquappen ähneln als dem Hämoglobin erwachsener Amphibien. Ihren Befunden nach unterscheiden sich südamerikanische Lungenfische der Gattung *Lepidosiren* mit nur 39 Prozent Übereinstimmung der Hämoglobine mehr als deutlich von jungen Amphibien und damit Tetrapoden. Die Globinsequenz des einzig überlebenden Quastenflossers deutet also an, daß tatsächlich *Latimeria* der nächste Verwandte aller vierfüßigen Landwirbeltiere ist. Gegen dieses Ergebnis sprechen nicht nur die informationsreicheren und unkomplizierteren, weil direkt an der Erbsubstanz ermittelten mtDNA-Daten, sondern auch anatomische Befunde, die bereits 1981 publiziert wurden; darauf wies der britische Paläontologe und Quastenflosser-Experte Peter Forey (National History Museum, London) hin [6]. Er hat zudem die molekularbiologischen Daten sowohl der mtDNA-Studie von Meyer und Wilson als auch die Aminosäuresequenz aus der Arbeit von Gorr, Kleinschmidt und Fricke in einer einzigen Merkmalsanalyse zusammengefaßt und fand die Lungenfische erneut als die Schwestergruppe aller Landwirbeltiere. In mehreren unabhängigen Stellungnahmen wurde dann insbesondere die statistische Behandlung der für α - und β -Ketten recht unterschiedlichen Hämoglobindaten in der Arbeit von Gorr und Kleinschmidt kritisiert [7]. Während die Daten der β -Hämoglobinkette tatsächlich eine Schwestergruppenbeziehung von Quastenflossern zu Amphibienlarven nahelegen, spricht die Untersuchung der α -Kette dafür, daß die nächsten Verwandten der Kaulquappen unter den Fischen (Teleostei) zu suchen sind.

Selbst die Autoren eines der Computerprogramme, die Gorr und Kleinschmidt bei ihrer Analyse benutzten, rieten erzeugten Verzweigungsschemas als Repräsentation der Stammesgeschichte ab, sie halten die Ergebnisse für einen Artefakt der Informatik und nicht für tatsächliche phylogenetische Rekonstruktion. So hat der von Gorr und Kleinschmidt eingesetzte maximale Sparsamkeits-Algorithmus den nicht

unerheblichen Nachteil, daß stets lange stammesgeschichtliche Zweige mit langen und kurze mit kurzen Stammlinien zusammenfallen. Daß die β -Hämoglobinkette von *Latimeria* der von Kaulquappen am ähnlichsten ist, könnte eher darin begründet sein, daß beide unabhängig voneinander sehr langsam evolviert sind, und nicht, weil beide Taxa nahe verwandt sind. Auch mit anderen Computerprogrammen und unter Verwendung der von Gorr und Kleinschmidt publizierten Daten ließ sich in keinem Rechengang eine nahe Verwandtschaft von Quastenflosser- und Amphibienlarvenhämoglobin finden.

Das Beispiel dieser Debatte weist darauf hin, wie vorsichtig der Einsatz von Computerprogrammen bewertet werden muß; die Ergebnisse zur stammesgeschichtlichen Verwandtschaft scheinen derzeit oft genug davon abhängig zu sein, wer welches Programm für welche Fragestellung eingesetzt hat. Immerhin ist damit die Diskussion über den devonischen Landgang wieder in Bewegung geraten, ähnlich wie dies kürzlich auch die Neubewertung der ersten fossilen Amphibien erbrachte [8]. Es bleibt vorerst noch abzuwarten, wessen Ahnen — Quastenflosser oder Lungenfisch — einst tatsächlich den entscheidenden „Flossenschritt“ taten. [(1) P. L. Forey, *Nature* 336, 727 (1988). — (2) H. Fricke u. Mitarb., *Nature* 329, 331 (1987). — (3) A. Meyer, A. C. Wilson, *Verh. Dt. Zool. Ges.* 83, 511 (1990). — (4) A. Meyer, A. C. Wilson, *J. Mol. Evol.* 31, 359 (1990). — (5) T. Gorr, T. Kleinschmidt, H. Fricke, *Nature* 351, 394 (1991). — (6) *Nature* 351, 4347 (1991). — (7) *Nature* 353, 217 (1991). — (8) *Naturw. Rdsch.* 44, 360 (1991).]

Matthias Glaubrecht, Hamburg

Antikörper verhindern Virusreplikation in Neuronen

Antikörper sind im Blutstrom zirkulierende Eiweißkörper, die Infektionen bekämpfen, indem sie sich selektiv an körperfremde Substanzen anlagern und damit deren Beweise zerstören. Antikörper auch Viren, bevor sie in Körperzellen eindringen können. Hat ein Virus aber erst einmal erfolgreich Eintritt in eine Zelle gefunden, ist es vor dem Zugriff durch Antikörper in Sicherheit. Dies war zumindest bis heute die gängige Vorstellung der Immunologen.