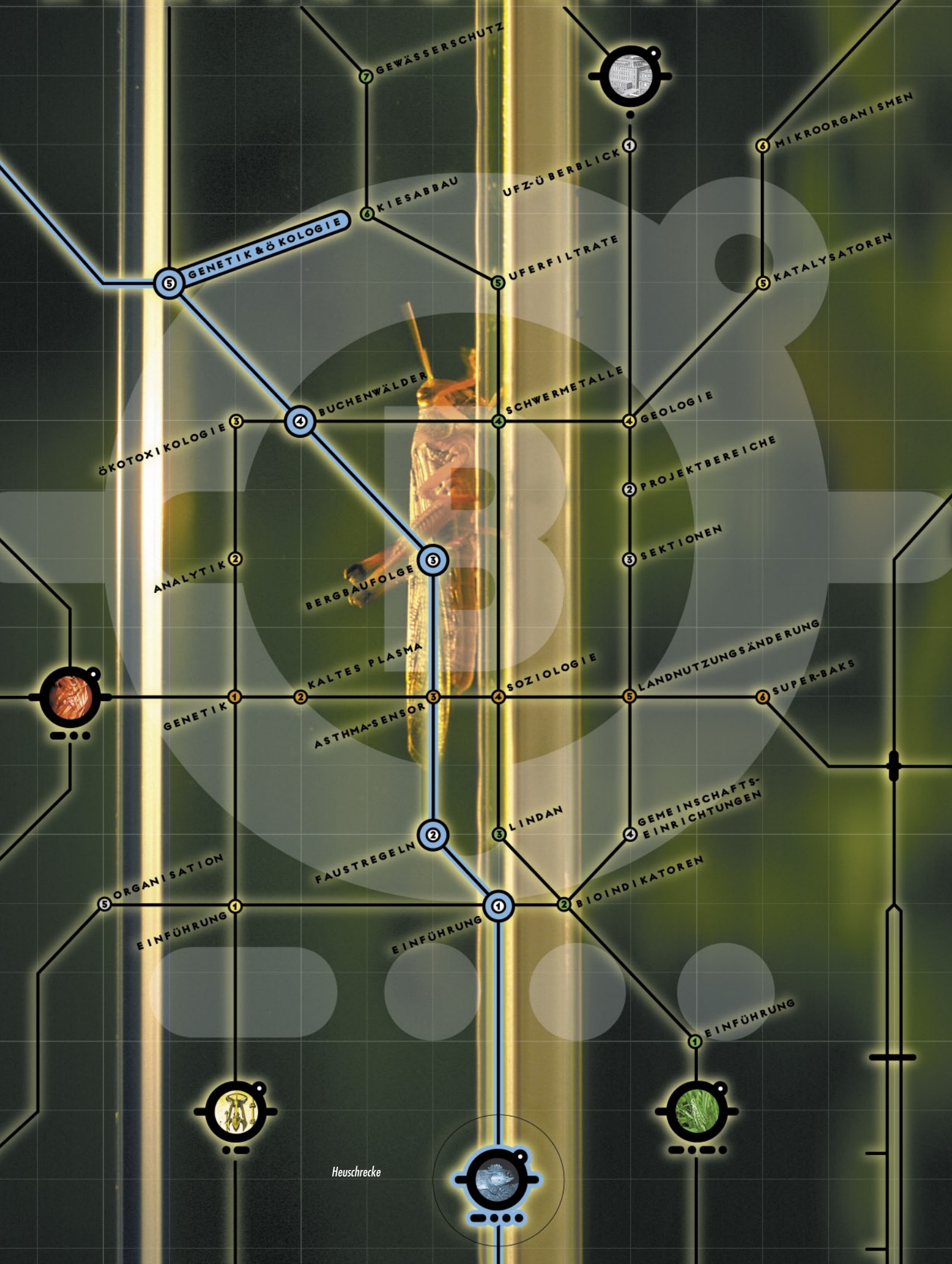


# B I O D I V E R S I T Ä T



Heuschrecke

# »GENETISCHER FINGER- ABDRUCK« UND CO. – ANTWORTEN AUF OFFENE FRAGEN IN DER ÖKOLOGIE?

Walter Durka und Roland Brandl

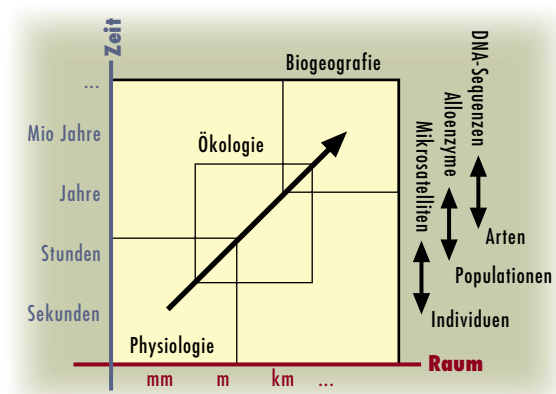
Im Zusammenhang mit Kriminalfällen ist der »Genetische Fingerabdruck« aus den Schlagzeilen der Zeitungen bekannt. Ein Haar, ein paar Hautschuppen oder ein Tropfen Blut enthält genügend Erbsubstanz zur Identifizierung einzelner Personen. Auch die ökologische Forschung bedient sich zunehmend molekular-biologischer Methoden (Avice 1994). In vielen Bereichen der Ökologie treten vermehrt Fragen auf, die mit herkömmlichen Mitteln nicht beantwortet werden können. Wie sind die Verwandtschaftsbeziehungen in einer Gruppe sozial lebender Organismen? Welchen Einfluss hat Inzucht in kleinen Populationen? Wie lange schon fressen Insekten auf einer Pflanzengruppe? Die Mehrzahl ökologischer Methoden erlauben nur bedingt einen Blick in die Vergangenheit. Doch ohne Berücksichtigung der Vergangenheit bleibt das Verständnis ökologischer Systeme unvollständig.

Die Geschichte eines Organismus hinterlässt Spuren in seiner Erbsubstanz DNA (Desoxyribonucleinsäuren). Diese Spuren bestehen aus Mutationen, zufälligen Veränderungen im Erbgut, die von Generation zu Generation weitergegeben werden und sich so über die Zeit im Erbgut anhäufen. Über diese Mutationen lässt sich die Geschichte zurückverfolgen. Die Untersuchung der DNA öffnet damit ein Fenster in die Vergangenheit. Das Problem ist nur, dass die Spuren der jüngeren Vergangenheit manchmal die Spuren weiter zurückliegender Ereignisse überdecken: eine neue Mutation »überschreibt« mitunter eine alte. Im Erbgut eines Organismus gibt es aber Abschnitte, in denen sich Mutationen unterschiedlich schnell anhäufen, so dass

man das Fenster wählen kann, das für die anstehenden Fragen den besten Blick verspricht. In manchen Abschnitten des Erbgutes akkumulieren Mutationen sehr schnell. Das sind vor allem funktionslose Abschnitte, die nicht in Produkte – wie z.B. Enzyme – übersetzt werden. Das führt bereits nach kurzer Zeit zu erheblichen Unterschieden selbst zwischen nah verwandten Individuen. So kann die Geschichte der Individuen, ihre Genealogie, erschlossen werden. Auf Abschnitten des Erbgutes, die in Produkte mit wichtigen Funktionen übersetzt werden, häufen sich dagegen Mutationen viel langsamer an. Manche Mutationen verändern das Produkt und damit auch dessen Funktion. Die Mehrzahl dieser Veränderungen führen zu einer Verschlechterung der Funktion, so dass die Träger dieser Mutation durch die Selektion ausgemerzt werden. Abschnitte im Erbgut, die die Informationen für Funktionen im Organismus tragen, erlauben damit einen Blick in die tiefere Vergangenheit.

Ökologie ist die Untersuchung der Verbreitung und Dichte der Organismen in Raum und Zeit. Raum und Zeit haben beide eine Skala, reichen also von klein nach groß (Bild 1). Jeder biologische Prozess betrifft einen eigenen Bereich auf dieser Skala. In Biochemie und Physiologie werden Prozesse auf kleinster und kleiner Skala untersucht. Ökologische Prozesse bewegen sich auf größerer Skala, wohingegen die Biogeografie Prozesse auf großen Raum- und Zeitskalen untersucht (Bild 1). Die einzelnen molekularbiologischen Methoden, die in der Ökologie zur Anwendung kommen, können Prozessen unterschiedlicher Skalen zugeordnet werden. Mikrosatelliten erlauben die Untersuchung von Prozessen auf sehr kleinen Skalen. Die Entziffer-

*Bild 1: Biologische Prozesse laufen auf einer für sie typischen zeitlichen Skala ab. Je nach Dimension der Skala kümmern sich unterschiedliche Fachrichtungen um diese Prozesse. Die Skala des zu untersuchenden Prozesses bestimmt dann auch letztlich die Wahl der molekularen Methode.*



rung des genetischen Codes ermöglicht mitunter die Aufdeckung von biogeografischen Prozessen. Die in Bild 1 aufgeführten drei Methoden sind nur Beispiele für eine Vielzahl von Möglichkeiten (Caetano-Anollés & Gresshoff 1997).

Im folgenden werden drei Fallstudien vorgestellt, die ökologische Fragen auf ganz unterschiedlichen zeitlichen und räumlichen Skalen mit molekularen Methoden bearbeiten. Sie verdeutlichen, welche Möglichkeiten sich für die ökologische Forschung durch den Schlußschluss mit Genetik und Molekularbiologie ergeben.

### *Beispiel 1: Reproduktionserfolg einzelner Individuen*

Für viele Fragen in der Ökologie ist Information über die Eltern der Individuen in einer Population unabdingbar. Gehen die Jungtiere in einer Hirschkolonie alle auf den Platzhirsch zurück? Wie häufig kommen auch unterlegene Individuen zum Zug? Selbst aufwendigste und mühevollste Felduntersuchungen helfen hier nicht weiter. Eine beobachtete Population beweist noch lange nicht, ob dies auch zu einer Befruchtung und letztlich zu Jungtieren führt. Die gängige Theorie geht zwar davon aus, dass soziale Dominanz automatisch zu reproduktivem Erfolg führt, bewiesen ist dies aber noch lange nicht. Kennt man den Genotyp – die genetische Ausstattung – eines potenziellen Elters, kann über den Genotyp eines Individuums auf dessen Abstammung geschlossen werden. Man benötigt dazu Abschnitte des Erbgutes zur Charakterisierung des Genotyps, die so variabel sind, dass die meisten Individuen in ihrem Genotyp unterschiedlich sind. Dazu werden vor allem repetitive Abschnitte im Erbgut herangezogen. Das sind Abschnitte, auf denen DNA-Sequenzen mehrmals wiederholt – eben repetitiv – hintereinander vorkommen. Die Wortschöpfung »genetischer Fingerabdruck« bezieht sich auf derartige repetitive Abschnitte im Erbgut, da mit ihnen wie mit einem Fingerabdruck selbst nah verwandte Individuen erkannt werden können.

Zu diesen Abschnitten im Erbgut – auch Genorte genannt – gehören die *Mikrosatelliten*, Wiederholungen kurzer Abfolgen von wenigen Basen. Genorte können unterschiedlich ausgeprägt sein; im Fall der Mikrosatelliten unterscheiden sie sich vor allem in der Anzahl der Wiederholungen. Mikrosatelliten haben zwei Vorteile: (1) Über das gesamte

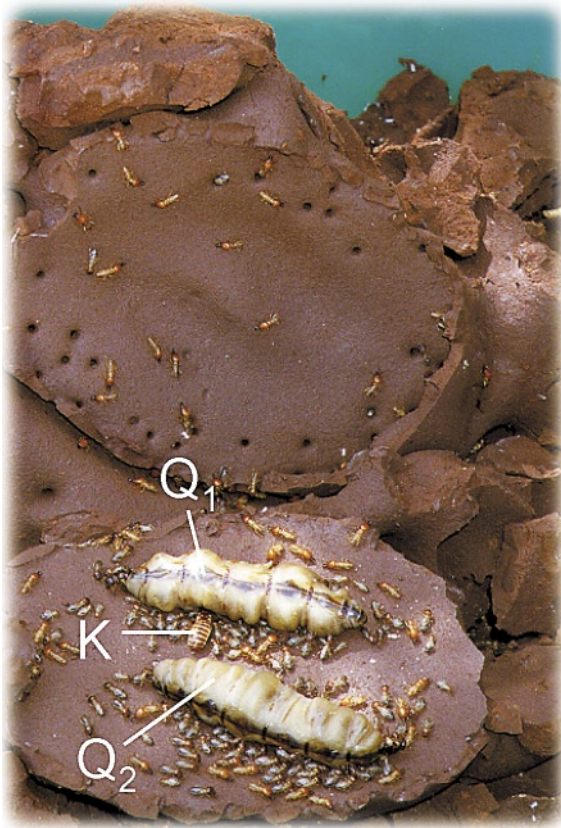
Erbgut verteilt gibt es eine Vielzahl von diesen Genorten. Reicht ein Genort für die Fragestellung nicht aus, lassen sich weitere Genorte finden. (2) Bereits einzelne Genorte haben mitunter viele Ausprägungen, sogenannte Allele, so dass die meisten Individuen in einer Population zwei unterschiedliche Allele tragen. Man beachte, dass sich bei den meisten Organismen das Erbgut aus zwei Sätzen zusammensetzt: je ein Satz von der mütterlichen und der väterlichen Linie. Man bezeichnet Individuen mit zwei unterschiedlichen Allelen auf einem Genort als heterozygot bezüglich dieses Genortes.

Termiten sind eusozial. Ähnlich wie Ameisen oder Bienen leben in einem Staat eine oder mehrere Königinnen. Aber im Gegensatz zu Ameisen und Bienen leben im Staat auch ein oder mehrere Männchen, die sogenannten Könige. Die Königinnen legen täglich mehrere tausend Eier und produzieren so die vielen sterilen Individuen, die die tägliche Arbeit im Staat verrichten. Einmal im Jahr werden geflügelte Geschlechtstiere produziert, die in einem Hochzeitsflug die Kolonie verlassen und neue Kolonien gründen. Bild 2a zeigt einen Hügel der in Kenia sehr häufigen höheren Termiten *Macrotermes michaelseni*. In diesem Staat leben als Arbeiter und Soldaten über eine Million steriler Individuen. Die Geschlechtstiere sind in einer eigens angelegten Kammer eingeschlossen, die von ihnen nicht verlassen werden kann. Bild 2b zeigt eine derartige Kammer im geöffneten Zustand. In diesem Falle lebten in der Kammer zwei Königinnen. Königinnen können bis über 20 Gramm schwer werden.

Biologen haben sich seit jeher gefragt, ob beide Königinnen im Staat überhaupt zur Produktion der sterilen Individuen beitragen. Zwar legen beide Königinnen Eier, doch

**Bild 2a: Termitenhügel (Foto: M. Kaib, Universität Bayreuth)**





**Bild 2b:** Geöffnete Königinnenzelle der Termiten *Macrotermes michaelseni*. In der Königinnenzelle finden sich in diesem Fall zwei Königinnen (Q) und ein König (K), die zu groß sind, um die Zelle über die gut erkennbaren Löcher zu verlassen. Die Versorgung erfolgt durch die viel kleineren sterilen Individuen, die über die Löcher ungehindert in die Königinnenzelle gelangen können. (Foto: M. Kaib, Universität Bayreuth)

das ist kein Beweis. Es könnte ja sein, dass die Arbeiter letztlich nur die Nachkommen einer Königin hochziehen. Gerade bei Termiten ist die direkte Beobachtung nahezu unmöglich. Jeder Eingriff in den abgeschlossenen Staat stört das Sozialleben. Mit Hilfe von Mikrosatelliten konnte diese bisher nicht zu klärende Frage nach dem Reproduktionsgeschehen in Kolonien mit mehreren Königinnen nun eindeutig beantwortet werden: beide Königinnen sind in der Produktion der sterilen Individuen gleichberechtigt. Für diese Antwort wurden in Zusammenarbeit mit der Arbeitsgruppe um Dr. M. Kaib (Universität Bayreuth) und Dr. R.N.K. Bagine (National Museums of Kenya und Kenya Wildlife Service) in Kenia Termitenhügel aufgegraben und aus den Hügel die Kammer mit den Geschlechtstieren geborgen. Neben den Geschlechtstieren wurde auch eine ausreichende Zahl von Arbeitern und Soldaten gesammelt. Dann wurde der Genotyp der Königinnen anhand mehrerer Genorte von Mikrosatelliten bestimmt, so dass jede Königin durch eine spezifische Kombination an Allelen cha-

rakterisiert werden konnte. So war es möglich, jedes sterile Individuum nach Bestimmung dessen Genotyps einer Königin zuzuordnen. Es ergab sich, dass sowohl Arbeiter als auch Soldaten etwa je zur Hälfte von einer der beiden Königinnen abstammten. Beide Königinnen produzieren also in ähnlichen Anteilen Nachkommen.

### *Beispiel 2: Genetische Vielfalt und Samenertrag in kleinen Populationen*

Viele der bei uns gefährdeten Pflanzen- und Tierarten leben entweder aus natürlichen Gründen oder auf Grund menschlicher Einflüsse in kleinen und isolierten Populationen. Wichtig ist das Verständnis der Prozesse, die letztlich das Überleben solcher Populationen bestimmen. Kennt man diese Prozesse, sind effektive Schutzmaßnahmen möglich. Eine zentrale Rolle spielt hier die Fortpflanzungsrate. Wird diese zu gering, kann das zum Aussterben der Population führen. Eine Ursache für eine Verringerung der Fortpflanzungsrate von Pflanzen liegt im Samenansatz. Bei kleinen, zudem häufig auch isolierten Populationen gibt es zwei Prozesse, die zu einem verringerten Samen-ertrag führen können:

1. *Bestäubermangel:* In kleinen Populationen reicht die Anzahl der vorhandenen Pflanzen nicht aus, um Bestäuber (vor allem Bienen, Hummeln) in genügender Anzahl anzulocken. Es werden weniger Blüten bestäubt und daher weniger Samen ausgebildet.
2. *Genetische Verarmung:* In kleinen Populationen kommt es durch Inzucht und Zufallseffekte zum Verlust an genetischer Vielfalt. Dabei können sich zudem ungünstige Erbeigenschaften als »genetische Last« im Erbgut etablieren. Das verringert mitunter den Samenertrag oder die Lebensfähigkeit der Samen oder der gekeimten Individuen.

Je nach wirkendem Mechanismus ergeben sich unterschiedliche Schutzstrategien. Ist der geringe Samenertrag auf Bestäubermangel zurückzuführen, beruht der Effekt auf der Individuenzahl in der Population. Prinzipiell kann jede einzelne Population für sich überleben, solange sichergestellt ist, dass genügend Bestäuber verfügbar sind. Spielt jedoch genetische Verarmung eine Rolle, muss als Gegenmaßnahme zusätzlich der Austausch von Samen und Pollen zwischen den Populationen angestrebt werden, also eine Vernetzung der Habitate.



Der Zusammenhang von Populationsgröße, genetischer Vielfalt und Samenertrag soll an zwei Pflanzenarten der Trockenrasen im Mitteldeutschen Trockengebiet westlich von Halle/Saale verdeutlicht werden. In Zusammenarbeit mit der Universität Göttingen (Th. Becker) und der Universität Halle (G. Weiß) wird die Populationsbiologie des Stengellosen Tragant (*Astragalus exscapus*) und der Schmalblütigen Träubelhyazinthe (*Muscari tenuiflorum*) in Hinsicht auf Reproduktion, Populationsgröße, Isolation der Populationen und genetischer Verarmung untersucht (Bild 3). Beim Stengellosen Tragant hat Deutschland sogar eine große Verantwortung für den Erhalt der Art. Die Vorkommen in Sachsen-Anhalt und Thüringen sind die einzigen in Deutschland und bilden einen erheblichen Teil des weltweiten Vorkommens.

Die genetische Vielfalt wurde durch *Allozyme* bestimmt. Dabei werden nicht direkt Genorte untersucht, sondern deren Produkte, meist Enzyme. Durch Mutationen entstehen Produkte mit veränderter Ladung, die zu Unterschieden in der Wanderungsgeschwindigkeit dieser Produkte im elektrischen Feld führen. Dadurch können im Labor die Allele unterschieden werden. Da Enzyme eine Funktion im Organismus haben, zeigen Genorte von Allozymen meist erheblich weniger Allele als Mikrosatelliten. Bild 4 zeigt ein Beispiel für unterschiedliche Allele auf einem Allozym-Genort. Hat ein Individuen auf einem Genort zwei unterschiedliche Allele, ergeben sich in der Laboranalyse mehre-

Bild 3a, b: Zwei gefährdete Pflanzenarten der Trockenrasen im mitteldeutschen Trockengebiet. Stengelloser Tragant (*Astragalus exscapus*, oben) und Schmalblütige Träubelhyazinthe (*Muscari tenuiflorum*, unten).

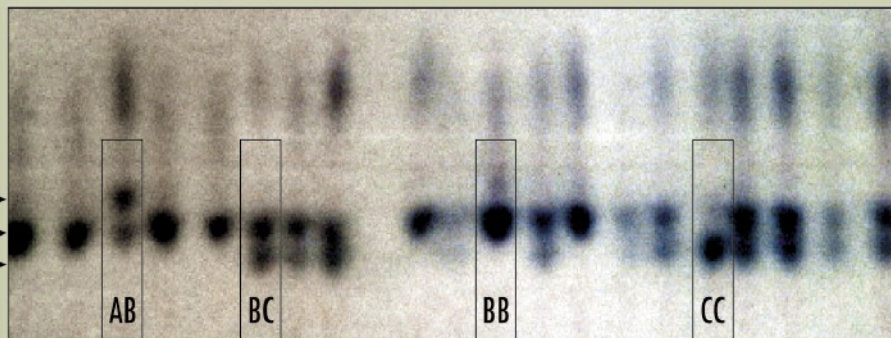
(Fotos: Walter Durka)

Bild 4: Beispiel für eine typische Allozymanalyse (Locus PGM-2). Man beachte, dass das Allozymmuster von heterozygoten Individuen (»AB«, »BC«) mehrere Banden zeigt.

Allele:

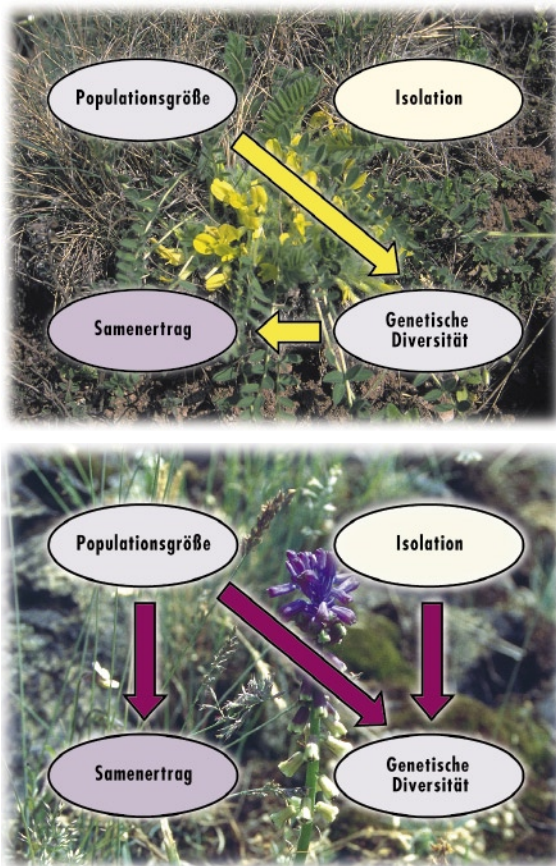
A →  
B →  
C →

Genotyp:



re Banden. Der Anteil dieser heterozygoten Individuen über möglichst viele Genorte ist ein gutes Maß für die genetische Vielfalt in einer Population.

Bei beiden Arten ergeben sich aus den Untersuchungen gänzlich unterschiedliche Zusammenhänge zwischen genetischer Vielfalt und Eigenschaften der Population. Bei der Träubelhyazinthe nahm der Samenertrag pro Pflanze mit fallender Populationsgröße stark ab. Die genetische Vielfalt wurde stark vom Isolationsgrad beeinflusst, weniger aber von der Populationsgröße. Der Samenertrag zeigte keinen Zusammenhang mit der genetischen Vielfalt. Somit



**Bild 5:** Die Wirkungspfade, die den Samenertrag und damit die Überlebensfähigkeit beeinflussen, unterscheiden sich mitunter zwischen Arten. Während beim Stengellosen Tragant (oben) Inzuchteffekte in kleinen Populationen eine Rolle spielen, dominiert bei der Schmalblütigen Träubelhyazinthe (unten) ein direkter Effekt der Populationsgröße, möglicherweise wegen Mangels an Bestäubern.

bestimmt bei der Träubelhyazinthe wohl ein Prozess den Samenertrag, der direkt mit der Populationsgröße zusammenhängt (Bild 5). Die Träubelhyazinthe wird von Hummeln und Bienen bestäubt, so dass der erwähnte Mangel an Bestäubern eine mögliche Ursache ist. Jedoch gibt es noch keine vergleichenden Beobachtungen über die Be-

stäuberichte an den untersuchten Standorten. Beim Stengellosen Tragant zeigte sich ebenfalls eine Tendenz zu verringertem Samenertrag bei kleinen Populationen, jedoch besteht zudem ein Zusammenhang zwischen Samenertrag und genetischer Vielfalt (Bild 5). Hier wirkt sich also eher der Inzuchteffekt negativ aus, als dass Bestäuber fehlen.

Neben der hier gezeigten Beziehung zwischen genetischer Vielfalt und Populationsgröße hat genetische Vielfalt aber noch eine andere wichtige Bedeutung. Sie sichert die langfristige Fähigkeit, sich Umweltveränderungen anzupassen. Mutationen und die daraus entstehenden Allele haben nicht nur negative Einflüsse. Allele unterscheiden sich in ihrer Funktion, so dass je nach Umweltbedingung einmal das Produkt des einen Allels, dann wieder das Produkt des anderen Allels einen besseren Anpassungswert hat. In genetisch variablen Arten gibt es damit mit höherer Wahrscheinlichkeit Individuen, die sich auf Grund ihrer variablen Allelkombinationen auf den Genorten des Erbgutes unter veränderten Bedingungen behaupten können. Somit ist der Erhalt und Schutz der genetischen Variabilität auch eine Voraussetzung für die Sicherung der langfristigen Anpassungsfähigkeit der Arten (Durka 2000).

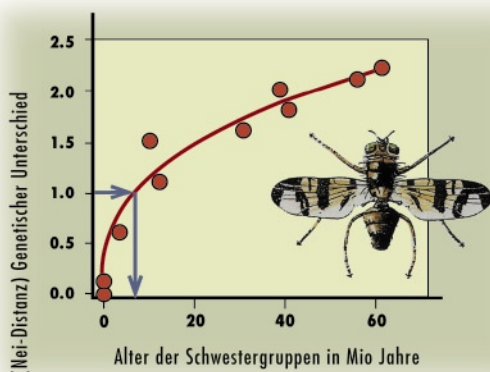
### Beispiel 3: Biodiversität, Evolution und molekulare Uhren

Die Artenzahlen pflanzenfressender Insekten geht in die Millionen. Ohne ein Verständnis der Ursachen für diese schier unendliche Vielfalt ist kein Verständnis der Vielfalt des Lebens – auch Biodiversität genannt – möglich. Pflanzenfressende Insekten sind meist sehr wählerisch und fressen nur eine oder wenige Pflanzenarten. Daraus hat man auf eine enge gemeinsame Evolution von pflanzenfressenden Insekten und ihren Wirtspflanzen geschlossen, so dass selbst über lange evolutionsbiologische Zeiträume hinweg einzelne Insektengruppen die Muster der Artbildung ihrer Wirtspflanzen nachzeichnen sollten. Dieses Szenario der *Kospeziation* macht zwei Aussagen:

1. Der Stammbaum einer betrachteten Pflanzengruppe und einer daran fressenden Insektengruppe sollte ähnlich sein.
2. Das Alter von Schwestergruppen bei Pflanzen und den entsprechenden Insektengruppen sollte etwa gleich sein. Unter Schwestergruppen versteht man Gruppen, die auf eine gemeinsame Artbildung zurückgehen.

Aus morphologischen und entwicklungsgeschichtlichen Merkmalen kann man einen Stammbaum ableiten, der das relative Alter einzelner Ereignisse in der Geschichte der betrachteten Gruppen anzeigt. Ein Stammbaum erlaubt nur Aussagen darüber, ob ein Ereignis jünger oder älter als ein anderes Ereignis ist. Das absolute Alter bleibt im Dunkeln. Hier können Stammbäume helfen, die auf molekularen Merkmalen beruhen, da man mit Hilfe *molekularer Uhren* die absolute Zeitachse dieser Stammbäume ableiten kann. Mit der Zeit häufen sich im Erbgut der Arten zunehmend Mutationen an, so dass die Unterschiede zwischen zwei Arten bzw. Artengruppen zwangsläufig immer größer werden. Das Problem ist, wie dieser zunehmende Unterschied im Erbgut in eine Schätzung der abgelaufenen Zeit umgewandelt werden kann. Hier helfen Fossilfunde, mit denen die molekulare Uhr geeicht werden kann. Bild 6 zeigt eine solche Eichung. Dabei wurde der Unterschied im Allozymmuster von verschiedenen Schwestergruppen (allesamt Insekten, die an Disteln fressen), deren Alter anhand von Fossilfunden geschätzt werden kann, gegen die absolute Zeit aufgetragen. Es ergibt sich eine klare Zunahme des genetischen Unterschieds zwischen Schwestergruppen mit der Zeit. Allerdings verläuft diese Entwicklung nicht linear, sondern flacht ab. Der Grund liegt in der Methode. Allozyme werden – wie schon erwähnt – durch unterschiedliche Wandergeschwindigkeit im elektrischen Feld erkannt (Bild 4). Mit zunehmendem Unterschied kann es aber vorkommen, dass zwei unterschiedliche Allele dennoch gleiche

**Bild 6:** Eichung einer molekularen Uhr für verschiedene an Disteln lebende Insektengruppen (z.B. Rüsselkäfer, Bohrflyen). Jeder Punkt bezeichnet Schwestergruppen mit bekanntem phylogenetischen Alter. Der genetische Unterschied wurde mit Hilfe von Allozymen bestimmt. Die blauen Pfeile zeigen eine Anwendung der Eichung (rote Kurve). Für eine Schwestergruppe unbekanntes Alters wurde der genetische Unterschied bestimmt. Dadurch kann dann das etwaige Alter der Schwestergruppe geschätzt werden, im vorliegenden Fall etwa 5 bis 10 Millionen Jahre.



Wandergeschwindigkeit zeigen und so nicht als unterschiedlich erkannt werden.

Beachtet man diese Beschränkung, kann die Kurve in Bild 6 zur Schätzung des Alters von Schwestergruppen genutzt werden, für die keine Fossilfunde vorliegen. Als Beispiel mögen die Rüsselkäfergattungen *Rhinocyllus* und *Bangasternus* dienen, die beide an Disteln fressen. Auf Grund von biologischen und morphologischen Eigenschaften ist klar, dass beide Käfergattungen Schwestergruppen sind. *Rhinocyllus* frisst an den Carduinae, *Bangasternus* aber an einer anderen Distelgruppe, den Centaureinae. Zu den Carduinae gehören die landläufig als Disteln bezeichneten Arten, wie z.B. die Nickende Distel oder die Gewöhnliche Kratzdistel (Bild 7a, b). Zu den Centaureinae gehören z.B. die Flockenblumen (Bild 7c). Beide Distelgruppen sind auf Grund vielfältiger Hinweise ebenfalls als Schwestergruppen anzusehen. Deshalb lag der Schluss nahe, dass die beiden Pflanzengruppen und Käfergattungen auf ein gemeinsames Artbildungsereignis zurückgehen. Fossilfunde belegen, dass der gemeinsame Ursprung der eigentlichen Disteln und Flockenblumen auf etwa 25 Millionen Jahre festgelegt werden kann. Aber wie alt sind die beiden Käfergruppen? Hier gibt es keine verlässlichen Fossilfunde.

**Bild 7a**





*Bild 7a, b, c: Beispiele für Arten der Distelgruppe der Carduinae (7a, b) und Centaureinae (7c). Beide Gruppen gelten als Schwestergruppen. In den Blütenköpfen der Carduinae lebt unter anderem die Rüsslkäfergattung Rhynocillus, in den Köpfen der Carduinae die nah verwandte Gattung Bangasterinus. (Fotos: Stefan Klotz, Walter Durka, UFZ)*

Der genetische Abstand zwischen beiden Käfergruppen – entsprechend der auch in Bild 6 benutzten Methode – hat etwa den Wert 1. Trägt man nun diesen Wert auf der Ordinate von Bild 6 ab (blaue Pfeile), kann man über die Kurve das zugehörige evolutionsbiologische Alter der beiden Käfergruppen schätzen. In diesem Fall ergeben sich weniger als 10 Millionen Jahre. Die molekulare Uhr hat damit eine klare Botschaft: die beiden Käfergattungen sind erheblich

jünger als die zugehörigen Pflanzengruppen. Die Auftrennung der Arten erfolgte also unabhängig von der Auftrennung der Wirtspflanze. Damit muss man Kospeziation als Ursache für die Übereinstimmung der Verwandtschaftsverhältnisse von Wirtspflanzen und phytophagen Insekten zumindest für diesen Fall ausschließen.

Durch die Anwendung der molekularen Uhr kann der Ökologe untersuchen, in welcher zeitlichen Dimension Organismen miteinander interagieren. Das Spektrum reicht von Viren und ihren Wirten bis hin zu Blütenpflanzen und deren Fressfeinden oder Bestäubern. Mit der molekularen Uhr können auch Daten aus der Paläontologie überprüft bzw. bewertet werden. Fossilfunde deuten z.B. darauf hin, dass die Blütenpflanzen in der Kreide (140-65 Mio Jahre) häufig und artenreich waren. Molekulare Uhren jedoch legen den Ursprung der Blütenpflanzen bis in das Trias zurück (225-195 Mio Jahre; Brandl et al. 1992). Dies ist ein eindeutiger Hinweis, dass der Ursprung einer Tier- oder Pflanzengruppe und deren Diversifizierung nichts miteinander zu tun haben müssen.

### *Fenster in die Zukunft?*

Die drei vorgestellten Beispiele sollten zeigen, welche Möglichkeiten sich aus molekularbiologischen Methoden für den Ökologen ergeben. Dabei hängt die Wahl der Methode entscheidend von der Skala des zu untersuchenden ökologischen Prozesses ab (Bild 1): je nach Methode wird ein anderes Fenster in die Vergangenheit geöffnet. Allerdings brauchen Ökologen nicht nur ein Fenster in die Vergangenheit, sondern auch ein Fenster in die Zukunft. Die immer stärker werdenden Eingriffe des Menschen in die Natur erfordern, dass die Folgen unseres Handelns in irgendeiner Form abgeschätzt werden. Zwar können wir aus der Vergangenheit lernen, doch für einen Blick in die Zukunft helfen uns molekulare Methoden nur bedingt. Hier sind Methoden nötig, mit denen der Anpassungswert einer Art an neue Umweltbedingungen abgeschätzt werden kann. Dies kann vor allem die quantitative Genetik, bei der nicht das Erbgut direkt im Mittelpunkt des Interesses steht, sondern die Merkmale und Leistungen des Organismus, die vom Erbgut bestimmt werden.

#### **Literatur**

Awise, J.C. (1994): Molecular markers, natural history and evolution. Chapman & Hall, New York.



Brandl, R., Mann, W. & Sprinzel, M. (1992): Estimation of the monocot-dicot age through tRNA sequences from the chloroplast. *Proceedings of the Royal Society, Series B* 249: 13 - 17.

Durka, W. 2000. Die Bedeutung der populationsgenetischen Struktur für den Artenschutz am Beispiel der Stromtalart *Corrigiola litoralis* L. *Schriftenreihe für Vegetationskunde* 32: 61-71.

Caetano-Anollés, G. & P. M. Gresshoff, editors. 1997. *DNA Markers. Protocols, applications, and overviews*. Wiley-VCH, New York.

## *English Abstract*

### *Using molecular genetics to tackle unsolved ecological questions*

Walter Durka and Roland Brandl

»Genetic fingerprinting« is now a familiar concept thanks to reports of criminal cases in the media. A hair, a tiny piece of skin or just a drop of blood all contain enough genetic material to identify a single human being. Ecological research is also making greater usage of methods from molecular biology (Avice 1994). Questions are increasingly arising in very different areas of ecological research which can no longer be answered using conventional means. How are the members of a group of social organisms related? What impact does inbreeding have on small populations? How long have insects been feeding on the same group of plants? The majority of ecological methods only allow a limited look at the past. Yet without properly considering the past, our understanding of ecological systems will not be complete.

Three examples of current ecological work are given to highlight the use of different types of molecular markers. The choice of markers depends on the spatial and temporal scale of the ecological question. (1) Using microsatellites, we analysed the skew in the production of steriles between multiple queens in the African termite *Macrotermes michaelseni*. It was unequivocally shown that both queens contribute more or less equally to the offspring. (2) Allozymes were used to measure genetic diversity in isolated plant populations. In *Muscari tenuiflorum*, reproductive fitness depends on non-genetic effects of population size, whereas in *Astragalus exscapus* it depends on genetic diversity. The first example may be due to pollinator deficiencies, the latter to inbreeding depression. (3) Finally, a molecular clock constructed from allozyme data was used to compare the evolutionary divergence time of phytophagous beetles and their host plants. The divergence of beetle lineages is much younger than the divergence of the hosts. Thus, cospeciation is not an appropriate explanation of the diversification in these groups of plants and beetles.