

JOURNAL STUDIUM INTEGRALE

Silberschwärter



Widersprüchliche
Zahnevolution



Waren die Tage
vorzeiten kürzer?



Fledermäuse imitieren
Bienen und Hornissen

Eine Verteidigung der theistischen Grundlegung objektiver Moral

NEU

Ist ohne Gott alles erlaubt?

Markus Widenmeyer

Moral ohne Gott?

Eine Verteidigung der theistischen Grundlegung objektiver Moral

SCM Hänssler, Reihe Studium Integrale, Hardcover, Format 16,5 x 24, 167 Seiten, 4 Tafeln

ISBN: 978-3-7751-6169-5

14,95 EUR [D] / 15,40 EUR [A] / 22,50 CHF

Erhältlich im Buchhandel
oder direkt unter
www.wort-und-wissen.org

Erstauflage 2022

„Ohne Gott ist alles erlaubt.“

Üblicherweise gilt der Atheismus als unvereinbar mit einer objektiven Moral.

Moral wäre ein Produkt der Evolution oder Ausdruck menschlicher Interessen. Zwischen Nächstenliebe und Grausamkeit bestünde kein objektiver moralischer Unterschied.

Jedoch vertreten seit einigen Jahrzehnten auch immer mehr atheistische und agnostische Philosophen einen moralischen Realismus: Es gibt objektive Moral, die unabhängig vom Menschen und von der Natur existiert, hier aber auch gleichzeitig ohne Gott gedacht wird. Moral hätte einen nichtgeistigen Ursprung.

Neben kurzen Betrachtungen anderer nichttheistischer Moralkonzepte ist der Schwerpunkt dieses Buches die Auseinandersetzung mit diesem nichttheistischen moralischen Realismus. Es zeigt sich insbesondere, dass Moral aus einer Reihe von Gründen einen geistigen, intelligiblen Ursprung haben muss.

Im Gegenzug wird daher eine theistische Grundlegung objektiver Moral vorgeschlagen und gegen verschiedene Einwände verteidigt.



Erhältlich auch bei: Studiengemeinschaft Wort und Wissen e. V.

Rosenbergweg 29 • 72270 Baiersbronn

Tel. (0 74 42) 8 10 06 • Fax (0 74 42) 8 10 08 • E-Mail sg@wort-und-wissen.de



Editorial



Vor einem halben Jahrhundert galten sie noch als selten: Merkmale verschiedener Arten, die als „konvergent“ gedeutet werden. Unter Konvergenz versteht man im Rahmen der Evolutionsbiologie das unabhängige Auftreten ähnlich gestalteter Merkmale oder ähnlicher Eigenschaften von Lebewesen. Ein viel zitiertes Beispiel ist die Torpedoform vieler Wasserlebewesen. Normalerweise werden Ähnlichkeiten evolutionstheoretisch aber als Hinweis auf gemeinsame Abstammung gewertet. Darauf beruht nicht nur der „Ähnlichkeitsbeweis“ der Evolution, sondern auch das Aufstellen von Stammbäumen. Konvergente Ähnlichkeiten bilden diesbezüglich also eine Ausnahme.

Die Logik hinter dieser Deutung sind die Vorstellungen über den mutmaßlichen Evolutionsprozess: Zufällige Mutationen und Auslese der Bestangepassten als Kernstück von Evolutionstheorien beinhalten keinerlei Zielorientierung bei der Evolution der Lebewesen. Und ohne Zielorientierung ist nicht zu erwarten, dass man auf unabhängigen Wegen immer wieder am selben „Ziel“ – hier an einer ähnlichen Konstruktion – ankommt. Also schlussfolgert man normalerweise, dass ähnliche Merkmale auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen, der dieses Merkmal bereits besaß und es an seine Nachkommen vererbte. Man spricht in diesem Fällen von Homologien bzw. homologen Merkmalen.

Im Laufe der Zeit hat sich das Bild von der Seltenheit von Konvergenzen jedoch mehr und mehr verändert. Immer häufiger stellte sich heraus, dass auch relativ komplexe Merkmale wie z. B. anspruchsvolle Sinnesleistungen – etwa verschiedene Augentypen – so unsystematisch unter den Gruppen der Lebewesen verteilt sind, dass man nicht umhin kommt, eine mehrfach unabhängige Entstehung anzunehmen. Mit dem Aufkommen molekularer Stammbäume verlängerte sich die Liste der morphologischen (den Körperbau betreffenden) Konvergenzen weiter. Denn molekulare Stammbäume widersprachen nicht selten den klassischen, auf dem Körperbau beruhenden Stammbäumen – mit der Folge, dass nicht selten Konvergenzen angenommen werden mussten, wo man sich bislang sicher war, homologe Merkmale mit gemeinsamer Abstammungsgeschichte vor sich zu haben. Mittlerweile stellt sich die Frage, welche Merkmale denn eigentlich nicht konvergent im vermeintlichen Stammbaum der Lebewesen auftreten.

Diese Situation hat weitreichende Folgen für das Evolutionsparadigma. Wenn selbst sicher geglaubte Homologien sich als Konvergenzen herausstellen können, können Homologien auch nicht als sichere Belege für eine gemeinsame Abstammung gelten. Und wenn Konvergenzen häufig sind, stellt sich neu die Frage nach den Mechanismen, die zu einem verbreiteten Auftreten von Konvergenzen führen. Manche Biologen machen einfach den Bock zum Gärtner und behaupten, es sei eben der Weg der Evolution, viele Konvergenzen hervorzubringen. Doch damit wird nichts erklärt; es handelt sich um eine bloße, unbegründete Behauptung über einen evolutionstheoretisch unerwarteten systematischen Befund. Der bekannte Paläontologe Simon CONWAY MORRIS forderte zur Erklärung der häufigen Konvergenzen nichts Geringeres als einen „Einstein“ in der Biologie.

Aus der Schöpfungsperspektive sind Konvergenzen dagegen unproblematisch. Das hängt damit zusammen, dass ein Schöpfer frei und fähig ist, Lebewesen mit unterschiedlichsten Merkmalskombinationen zu erschaffen. Evolution dagegen ist an einen natürlichen Prozess gebunden. Dieser lässt Konvergenzen mindestens von komplexeren Merkmalen statistisch eben nicht erwarten.

Ein faszinierendes Beispiel von Konvergenzen behandelt Benjamin SCHOLL in dieser Ausgabe. Es geht um Zahnmerkmale von fossilen Säugetieren und Reptilien, insbesondere um Stoßzähne, wie sie besonders bei den ausgestorbenen Mammuts bekannt sind. Vor dem Hintergrund des Gesagten wird es nicht überraschen, dass auch hier mehrfache Konvergenz angenommen werden muss, und das nicht nur bei Stoßzähnen, sondern auch bei vielen anderen Zahnmerkmalen innerhalb der Säugetiere. Einmal mehr: Konvergenz ist nicht die Ausnahme. Vielleicht lesen Sie den Beitrag vor dem Hintergrund der geschilderten Entwicklungen mit anderen Augen.

Unter der Annahme von Planung ist ein weiteres hochinteressantes Phänomen in der Biologie gut zu verstehen: Redundanz ermöglicht das Ausgleichen eventuell auftretender Fehler, so dass gleichsam bei eventuell auftretenden Schäden vorgesorgt ist. Dies ist ein Aspekt von Zukunftsorientierung, die auch hier in evolutionären Prozessen nicht vorausgesetzt werden kann. In den letzten Jahren wurden überraschende Hinweise auf genetische Redundanz entdeckt, über die Peter BORGER berichtet. Es hat sich dabei herausgestellt, dass einzelne Gene nicht unabhängig und linear arbeiten, sondern in komplexen, kooperierenden Netzwerken, was ein klares Indiz für Planung ist.

Indizien für Planung kann man auch in programmierter Variabilität innerhalb von Grundtypen erkennen. Ein beeindruckendes Beispiel präsentiert Nigel CROMPTON: die ungewöhnlichen Silberschwert-Pflanzen auf Hawaii, die auf dieser Inselgruppe eine beachtliche Formenvielfalt ausgebildet haben.

Eine Lektüre mit vielen spannenden Entdeckungen wünscht Ihnen

■ IMPRESSUM

Herausgeber

Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Rosenbergweg 29, D-72270 Baisersbronn,
Tel. (0 74 42) 8 10 06, Fax (0 74 42) 8 10 08
E-Mail: sg@wort-und-wissen.de

Redaktion

Dr. Harald Binder, Konstanz
Dr. Martin Ernst, Kirchzarten
Dr. Reinhard Junker, Baisersbronn

Korrespondenzadresse

Dr. Reinhard Junker, Rosenbergweg 29,
D-72270 Baisersbronn

Design

DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

Produktion

Dönges - Gutenbergdruckhaus & Medien,
GmbH & Co. KG, Dillenburg

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen

Die Zeitschrift erscheint zweimal jährlich.
Jahresbezugspreis € 15,00; für Studenten
€ 10,00; Preise inkl. Versandkosten und
MwSt. Auslandspreise auf Anfrage.
Einzelhefte: € 8,50 (inkl. Versandkosten).
Bestellungen richten Sie an den Herausgeber.
Das Abonnement kann zum Jahresende
gekündigt werden. Die Kündigung
muss schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

Die Verantwortung für den Inhalt tragen
die jeweiligen Autoren. Der Herausgeber
und die Redaktion identifizieren sich nicht
zwangsläufig mit allen Details der Darlegungen.

■ TITELBILD

Das Haleakala-Silberschwert *Argyroxiphium sandwicense subsp. macrocephalum* auf Ost-Maui (Hawaii). Die Silberschwerter haben eine ungewöhnliche Radiation auf den Hawaii-Inseln erlebt. Nigel Crompton erläutert ab S. 80, wie dies mit bereits angelegten Programmen zusammenhängen könnte. (robnow, Adobe Stock)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt



■ THEMEN

B. Scholl	Widersprüchliche Zahnevolution. Ausgestorbene Reptilien und Säugetiere widersetzen sich Stammbaumrekonstruktionen	72
N. Crompton	Die Radiation der Silberschwert-Gruppe. 1. Indizien für präexistente genetische Programme	80
P. Borger	Über den Entwurf des Lebens: Genetische Redundanz	90

■ REZENSION

M. Kotulla	Die Natur der Geschichte. Die Entdeckung der geologischen Tiefenzeit und die Geschichtskonzeptionen zwischen Aufklärung und Moderne (David Schulz)	132
------------	--	-----



■ KURZBEITRÄGE

H. Binder	Spinnen – Hören mit akustischer Antenne	99
R. Junker	Verwandlungskünstler: Die Raupen des Birken-spanners	101
R. Junker	Ein Update zur „kam-brischen Explosion“	103
M. Kotulla	Waren die Tage vorzeiten kürzer?	107
B. Schmidtgall	Staubkörner als Lebens-fabriken – Ursprung des Lebens doch außerhalb der Erde?	110
M. Brandt	<i>Homo erectus</i> mit modern menschlichem Hörvermögen	113
H. Ullrich	Perfekte Augen	115
P. Trüb	Überraschende erste Beobachtungen des James-Webb-Teleskops	120

■ STREIFLICHTER

Orang-Utans scheitern an der Herstellung und Nutzung eigener Steinwerkzeuge	122
Fledermäuse imitieren das Summen gereizter Hornissen und Bienen	123
Gehör bei Schmetterlingen neunmal unabhängig entstanden	124
Evolution „täuschte“ Wissenschaftler über 100 Jahre lang	124
„Homo“ luzonensis 2.o?	126
Viele Saurier waren „gleichwarm“ – Die völlig unsystematische Verteilung der Endothermie	127
Hotspot für Mutationen macht Wiedererwerb einer Geißel möglich	128
Kollektives Verhalten ordovizischer Trilobiten	129
Schnelle Anpassung von Darwinfinken	130

Widersprüchliche Zahnevolution

Ausgestorbene Reptilien und Säugetiere widersetzen sich Stammbaumrekonstruktionen

Wenn man an die Tiere der letzten „Eiszeit“ denkt, fallen einem sicherlich schnell die Säbelzahnkatzen mit ihren langen Säbelzähnen sowie die Mammuts mit ihren gewaltigen Stoßzähnen ein. Doch ausgerechnet solche markanten Zahnmerkmale bei diesen und anderen Tiergruppen erfordern im evolutionären Rahmen die Annahme einer erstaunlichen Vielzahl von Parallelentwicklungen bei Stammbaumrekonstruktionen.

Benjamin Scholl

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Introbild Viele Zahnmerkmale bei ausgestorbenen Reptilien und Säugetieren (wie Säbelzähne bei der Säbelzahnkatze *Smilodon* und anderen Raubtieren oder Stoßzähne beim Mammut und anderen Synapsiden) sind aus Evolutionsperspektive als konvergente Entwicklungen anzusehen und widersetzen sich einer widerspruchsfreien Stammbaumrekonstruktion. (Collage: B. SCHOLL)

Die ausgestorbenen „Zwei-Hundezähner“

Die Dicynodontia* („Zwei-Hundezähner“) waren eine Gruppe pflanzenfressender Synapsiden* und gelten aus evolutionärer Perspektive als Verwandte der Vorfahren der heutigen Säugetiere. Die Dicynodontia lebten weltweit verbreitet vom mittleren Perm bis zur späten Trias (ca. 270 bis 201 Millionen radiometrische Jahre: MrJ).

Ihre Besonderheiten waren bei den meisten Arten ein zahnloses Maul mit einem Hornschnabel und zwei von oben herabwachsende lange Stoß- oder Eckzähne, die ihnen den Namen „Zwei-Hundezähner“ eingebracht haben. Je nach Lebensbedingungen waren sie kleine Höhlenbewohner wie *Diictodon* (im mittleren Perm, ca. 270 bis 260 MrJ) oder sogar wahre Giganten wie *Lisowicia* mit bis zu 4,50 Metern Länge und 9 Tonnen Gewicht (in der Trias, ca. 252 bis 201 MrJ).



Abb. 1 Oben: Der kleine höhlenbewohnende *Diictodon* aus dem Perm als Rekonstruktion aus dem Staatlichen Museum für Naturkunde Karlsruhe. Die Eckzähne sind besonders gut erkennbar. Unten: Der 4,5 Meter lange *Lisowicia* aus der Trias in Polen in einer Rekonstruktion. (Wikimedia: Viliam Simko, CC BY-SA 4.0; Nobu Tamura, CC BY-SA 4.0)

Definition von Stoßzähnen

Die Wirbeltier-Paläontologin Megan WHITNEY und ihre Kollegen (2021) stellten sich die Frage, ob die Zähne dieser vielgestaltigen Dicynodontia tatsächlich echte Stoßzähne im eigentlichen Sinn sind. Echte Stoßzähne sind sonst eigentlich nur bei heutigen Säugetieren wie Elefanten, Schliefern, Narwalen, Walrossen, Flusspferden und Schweinen vorhanden. Allerdings unterscheiden sich bei Säugetieren die jeweilige Zahngruppe (Eckzähne bzw. Schneidezähne), die Stoßzähne ausbildet, sowie deren Funktion.

Die riesigen Stoßzähne der Elefanten und Mammuts sind verlängerte Schneidezähne und können bei heutigen Elefanten ca. 3,50 m lang und über 100 kg schwer werden. Die mutmaßlich mit Elefanten verwandten Klippschliefer (vgl. FOLEY et al. 2016) haben ebenfalls Stoßzähne, weil bei ihnen die oberen Schneidezähne permanent wachsen (WHITNEY et al. 2021). Der Narwal hingegen besitzt einen einzigen verlängerten Eckzahn (meist der linke), der über 2,50 m lang werden kann. Die Funktion dieses gewaltigen Zahns wird noch diskutiert; er könnte aber der Sensorik dienen (BINDER 2006). Beim Walross sind es zwei verlängerte Eckzähne mit bis zu 1 m Länge, die zum Imponieren, Kämpfen, Eisaufhacken und sogar Vorwärtsziehen auf dem Eis benutzt werden. Das Flusspferd wiederum hat Eck- und Schneidezähne, die lebenslang wachsen, wobei die unteren Schneidezähne als Stoßzähne am massivsten gebaut sind und bis zu 70 cm lang werden können. Bei Warzenschweinen sind die oberen Eckzähne mit 30 cm Länge die größten Zähne, während die unteren Eckzähne kleiner, aber schärfer sind. Bei Wild- und Hausschweinen ist es bezüglich des Größenverhältnisses genau umgekehrt wie beim Warzenschwein.

Kompakt

Zahnmerkmale werden in der evolutionären Stammbaumrekonstruktion oft als Einordnungskriterium für Fossilien von Säugetieren verwendet. Nach einer neuen Studie von WILLIAMS et al. (2021) sollen sich echte Stoßzähne überraschenderweise nicht nur innerhalb der modernen Säugetiere (wie z. B. bei Elefanten), sondern auch innerhalb der ausgestorbenen Dicynodontia* („Zwei-Hunde-Zähler“) mehrfach unabhängig (konvergent*) entwickelt haben. Die namensgebenden und typischen „Stoßzähne“ der Dicynodontia sind demnach keine einheitlichen echten Stoßzähne, sondern ganz verschiedene Zahnformen, die eine vielfache parallele Entstehung erfordern. Doch auch viele andere Zahnmerkmale innerhalb der Säugetiere sowie der mutmaßlichen Vorfahren des Menschen machen in einem evolutionären Kontext eine Annahme vielfacher Konvergenzen notwendig. Diese Tatsache bringt für die Anwendbarkeit eines der Hauptargumente von DARWIN, dass man aus Ähnlichkeit auf gemeinsame evolutionäre Abstammung schließen könne, massive Schwierigkeiten mit sich.

Allerdings ist der Begriff „Stoßzahn“ bisher in der Fachliteratur nicht so klar definiert und so legte das Forscherteam um WHITNEY (2021) für Stoßzähne folgende Kriterien fest: 1. aus dem Maul herausragend; 2. lebenslang wachsend; 3. nicht fest im Kieferknochen, sondern mit Bändern (ligamentär) verankert (= Gomphosis*); und 4. nicht komplett mit hartem Zahnschmelz, sondern primär mit Dentin überzogen, welches erneuerbar ist. Unter Beachtung dieser Kriterien wurden Dünnschnitte von neunzehn verschiedenen Zähnen von zehn Dicynodontia-Arten untersucht.

Konvergente Evolution von echten Stoßzähnen bei Dicynodontia

Das Ergebnis ihrer Untersuchung überraschte WHITNEY und Kollegen (2021), da nicht alle Dicynodontia-Arten Stoßzähne im eigentlichen Sinne besaßen. Die mit Mikroskop untersuchten Feinstrukturen der Zähne unterschieden sich zwischen den Untergruppen.



Abb. 2 Stoßzähne beim (im Uhrzeigersinn) Afrikanischen Elefanten, Klippschliefer, Narwal, Pazifischen Walross, Flusspferd, Warzenschwein und Wildschwein. (v. l.: Wikimedia: Schuyler Shepherd, CC BY 2.5; Bernard Dupont, CC BY-SA 2.0; Pierre Mistrot, CC BY 3.0; BS Thurner Hof, CC BY-SA 3.0; Mikael Tham, CC BY 3.0)

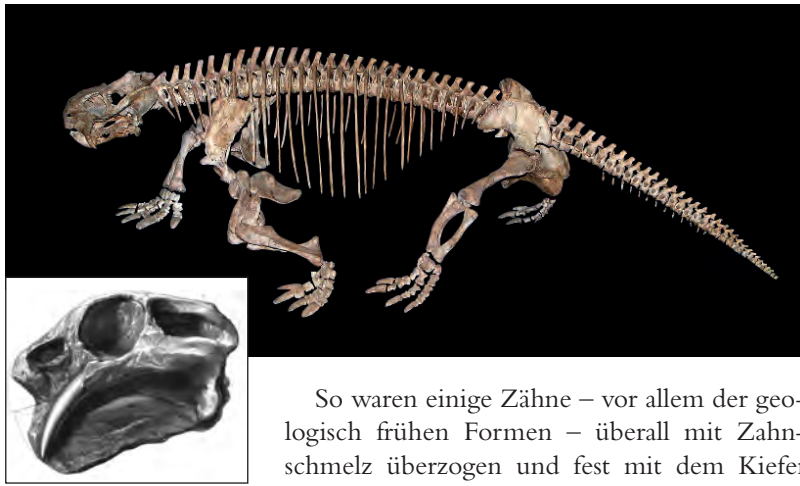


Abb. 3 Der Schädel von *Dicynodon lacerticeps* mit den gewaltigen oberen Eckzähnen als Skizze. Oben: Skelett von *Tetragnathus* mit seinen Stoßzähnen am Oberkiefer aus dem Staatlichen Museum für Naturkunde Karlsruhe. (Wikimedia: H. Zell, CC BY-SA 3.0)

So waren einige Zähne – vor allem der geologisch frühen Formen – überall mit Zahnschmelz überzogen und fest mit dem Kiefer verbunden. Diese großen Zähne wiesen ein von Stoßzähnen abweichendes Wachstumsmuster auf und waren daher keine echten Stoßzähne, sondern werden von den Autoren als „caniniform“ bezeichnet.

Andere, geologisch jüngere Formen dagegen hatten nicht überall Zahnschmelz und besaßen mit Bändern befestigte Zähne. Diese Dicynodontia besaßen nach WHITNEY et al. (2021) daher echte Stoßzähne – und zwar die ältesten, die fossil bekannt sind. Ein solches Ergebnis hatten die Forscher nicht vorhergesehen, da sie davon ausgegangen waren, dass die Stoßzähne ab einem bestimmten Punkt evolutionär entstanden seien und sich anschließend in den Dicynodontia durchgesetzt hätten. Dies scheint aber über-

„Deshalb fand ich es ziemlich schockierend, als wir Indizien für eine konvergente Entwicklung fanden.“

haupt nicht der Fall gewesen zu sein: „Der Übergang vom Eckzahn zum Stoßzahn folgte innerhalb der Dicynodontia nicht den Verwandtschaftslinien. [...] Demnach haben sich echte Stoßzähne mehrfach parallel bei verschiedenen Linien der Dicynodontia entwickelt“ (PODBREGAR 2021). Eine dauerhafte Gomphosis (Bänderaufhängung) ist mindestens bei *Pristerodon* und am Knotenpunkt zwischen den Gruppen der Endothiodontia und der Therochelonia unabhängig entstanden, wobei WHITNEY et al. (2021) wegen der geringen Stichprobe noch weitere Entstehungspunkte vermuten. Die echten Stoßzähne hingegen sind mindestens viermal unabhängig entstanden, nämlich bei *Dicynodontoides*, einigen unbenannten Dicynodontoidae sowie bei *Dolichuranus* und *Lystrosaurus*.

Studienautorin Megan WITHNEY kommentierte die unerwarteten Ergebnisse folgendermaßen: „Ich hatte erwartet, dass es einen Punkt in dieser Familie gab, ab dem alle Dicynodontia begannen, Stoßzähne auszubilden [...]. Deshalb fand ich es ziemlich schockierend, als wir Indizien für eine konvergente* Entwicklung fanden“ (bei PODBREGAR 2021). Dies scheint aber kein Einzelfall in der vermuteten Evolutionsgeschichte der Stoßzähne gewesen zu sein: „Schließlich ist für mehrere Arten abgeleiteter Rüsseltiere¹ ein unabhängiger Verlust von Zahnschmelz dokumentiert, der zu den nur aus Dentin bestehenden Stoßzähnen der modernen *Elephas* [inkl. Asiatischem Elefant] und *Loxodonta* [inkl. Afrikanischem Elefant] führte“ (WHITNEY et al. 2021). Schlussendlich konstatieren die Autoren: „In jedem Fall haben Dicynodontia und Rüsseltiere unabhängig voneinander mehrfach Stoßzähne entwickelt, und zwar bei abgeleiteten Mitgliedern ihrer jeweiligen Kladen“.

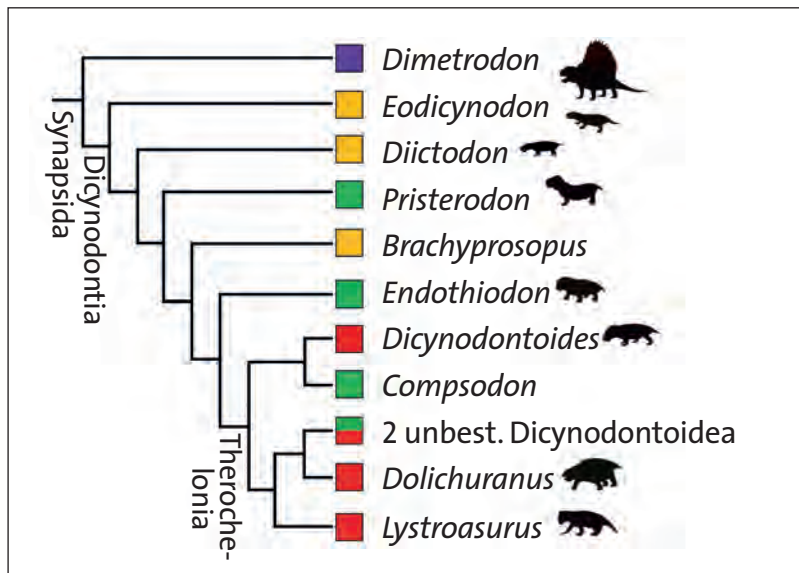
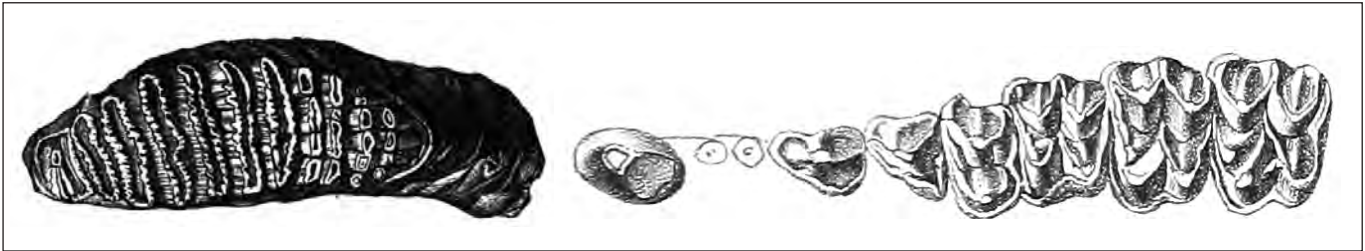


Abb. 4 Eine vermutete evolutionäre Systematik der Dicynodontia mit vier eingeteilten unterschiedlichen Entwicklungspfaden der Zähne:

1) **lila**: ist der plesiomorphe* (ursprüngliche) synapside Zahnzustand mit häufigem Austausch („frequent replacement“), ankylosiertem* Ansatz und einer vollständigen Schmelzbedeckung. 2) **orange**: ähnelt Entwicklungspfad 1) mit der Ausnahme, dass der Zahnwechsel deutlich weniger häufig ist. 3) **grün**: ein schmelzbedeckter Eckzahn, bei dem die ankylosierte Befestigung durch eine permanente Gomphosis (Bänderaufhängung) ersetzt wird, aber die Häufigkeit des Austauschs ist reduziert. 4) **rot**: der echte Stoßzahn, bei dem kein Zahnschmelz vorhanden ist, der Zahn in einer permanenten Gomphosis aufgehängt ist und kontinuierlich Dentin abgelagert wird. „In einem phylogenetischen* Kontext zeigen diese Entwicklungswege die mehrfache, unabhängige Erlangung einer permanenten Gomphosis und eines ständig wachsenden Stoßzahns“ (WHITNEY et al. 2021). (Eigene Darstellung nach: WHITNEY et al. 2021, Fig. 3; Silhouetten: Wikimedia: Max Bellomio, CC BY-SA 4.0; Dmitri Bogdanow, CC BY-SA 3.0; Slate Weasel CC0; Nobu Tamura, CC BY 2.5 bzw. CC BY 3.0, Дибл, CC BY-SA 3.0)

Konvergente Zahnmerkmale bei fossilen Säugetieren in Hülle und Fülle

Auch WERDELIN und SANDERS (2010, 223) weisen darauf hin, dass es „eine Herausforderung“ darstellt, zu erkennen, „ob ein Merkmal der Zahnform die Funktion oder die Phylogenie widerspiegelt“. Dies gilt insbesondere, wenn die Verwandtschaftszuordnungen nicht ganz klar sind und auch noch hauptsächlich auf Zahnmerkmalen beruhen. Untersucht man die ähnlichen Zahnmerkmale und die Abstammungsverhältnisse genauer, dann zeigt sich oft, dass es sich um eine Homoplasie (also Konvergenz) handeln muss, „bei der zwei Taxa unabhängig



voneinander eine gleiche oder gleichartige Zahnmorphologie entwickelten“ (ebd.). Die Zahnmerkmale spiegeln also oft kurzfristige ökologische Anpassungen der speziellen Art an die jeweilige Nahrung wider und erlauben aufgrund der Vielgestaltigkeit dann keine Stammbaumrekonstruktionen. Im Gegensatz zu Konvergenzen auf höherer Komplexitätsebene ist aber zu erwähnen, dass nach WERDELIN & SANDERS (2010, 223) bereits kleine genetische Änderungen die Zahnstruktur deutlich verändern können.²

Solche Konvergenzen bei Zahnmerkmalen beschränken sich also nicht nur auf die bisher

diskutierten Stoßzähne, sondern treten vielfältig bei heute lebenden und ausgestorbenen Säugetieren bei ganz verschiedenen Zahnformen auf.

Zum Beispiel haben sich ständig wachsende und selbstschärfende Schneidezähne nach WERDELIN & SANDERS (2010, 225) „unabhängig voneinander in so unterschiedlichen Taxa“ wie Beuteltieren (Abb. 6b), ausgestorbenen Südamerikanischen Huftieren (Abb. 6e) und Amblypoden (Abb. 6f) entwickelt. Auch die Schliefer (Abb. 6i), die bis auf die Busch-, Baum- und Klippschliefer ausgestorben sind, sowie einige Primaten haben dieses Merkmal. THENIUS (1969, 2) führt weiterhin als Gruppen mit echten konvergenten Nagezähnen heutige Nagetiere und ausgestorbene Hasenartige sowie die ausgestorbene Säugetiergruppe der Tillodontia

Abb. 5 Links: Lophodonte Backenzahn eines Asiatischen Elefanten mit zwei kammartigen Schmelzleisten. Rechts: Selenodonte Zähne mit halbmondförmigem Schmelz von einem Paarhufer aus dem Eozän. Beide Merkmale treten häufig konvergent bei Säugetiergruppen auf.

Konvergente Zahnevolution bei Säugetieren ist eher die Regel als die Ausnahme.

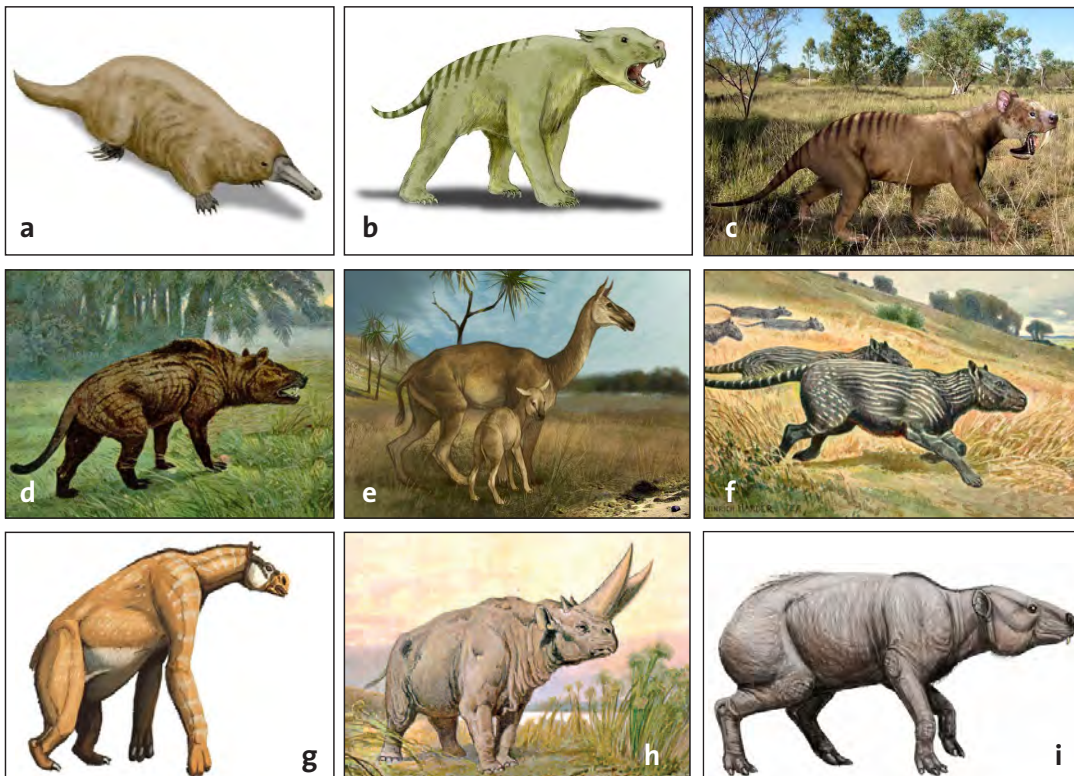


Abb. 6 Rekonstruierte ausgestorbene Säugetiere, die verschiedene Merkmale konvergenter Zahnevolutionen aufweisen sollen (s. o.). **a** Das Kloakentier *Steropodon* besaß im Gegensatz zu heutigen Kloakentieren Backenzähne und gilt als ausgestorbener Vorfahre des heutigen Schnabeltieres. **b** Der ausgestorbene Beutellöwe *Thylacoleo* hatte eine große Bissstärke und war ein Beuteltier, **c** ebenso wie die Beutelhyaäne *Thylacosmilus*. **d** Auch das „Urraubtier“ *Hyaenodon* aus der Gruppe der Hyaenodonta war ein Fleischfresser. Die anderen abgebildeten Tiere waren Pflanzenfresser: **e** Es gab über 280 Gattungen von Südamerikanischen Huftieren, eins davon war das kamelartige *Macrauchenia*. **f** *Phenacodus* stammt aus der eventuell zur Gruppe der Unpaarhufer gehörenden Familie der ausgestorbenen Phenacodontidae und wurde früher dem Sammeltaxon Stammhuftiere (Amblypoda) zugeordnet. **g** *Chalicotherium*, auch Krallentier genannt, gehörte zur ausgestorbenen Familie der Chalicotherien aus der Gruppe der Unpaarhufer. **h** *Arsinoitherium* zählte zu den nashornähnlichen Embrithopoden, die mutmaßlich mit Seekühen und Rüsseltieren verwandt waren. **i** *Titanohyrax* war ein riesiger ausgestorbener Verwandter der heutigen Klippschliefer, die ebenfalls zur erweiterten Verwandtschaft von Rüsseltieren und Seekühen zählen sollen. (Wikimedia: Nobu Tamura, CC BY 3.0; Rom-diz, CCo; Ollga, CC BY 3.0; DiBgd CC BY-SA 3.0 bzw. CC BY-SA 4.0)

aus der entfernteren Verwandtschaft der Beuteltiere (Cimolesta) an. Bei heutigen Schliefern und Primaten sowie ausgestorbenen Multituberculata stuft THENIUS (1969, 2) das Gebiss als konvergentes „nagezahnähnliches Vordergebiß“ ein.

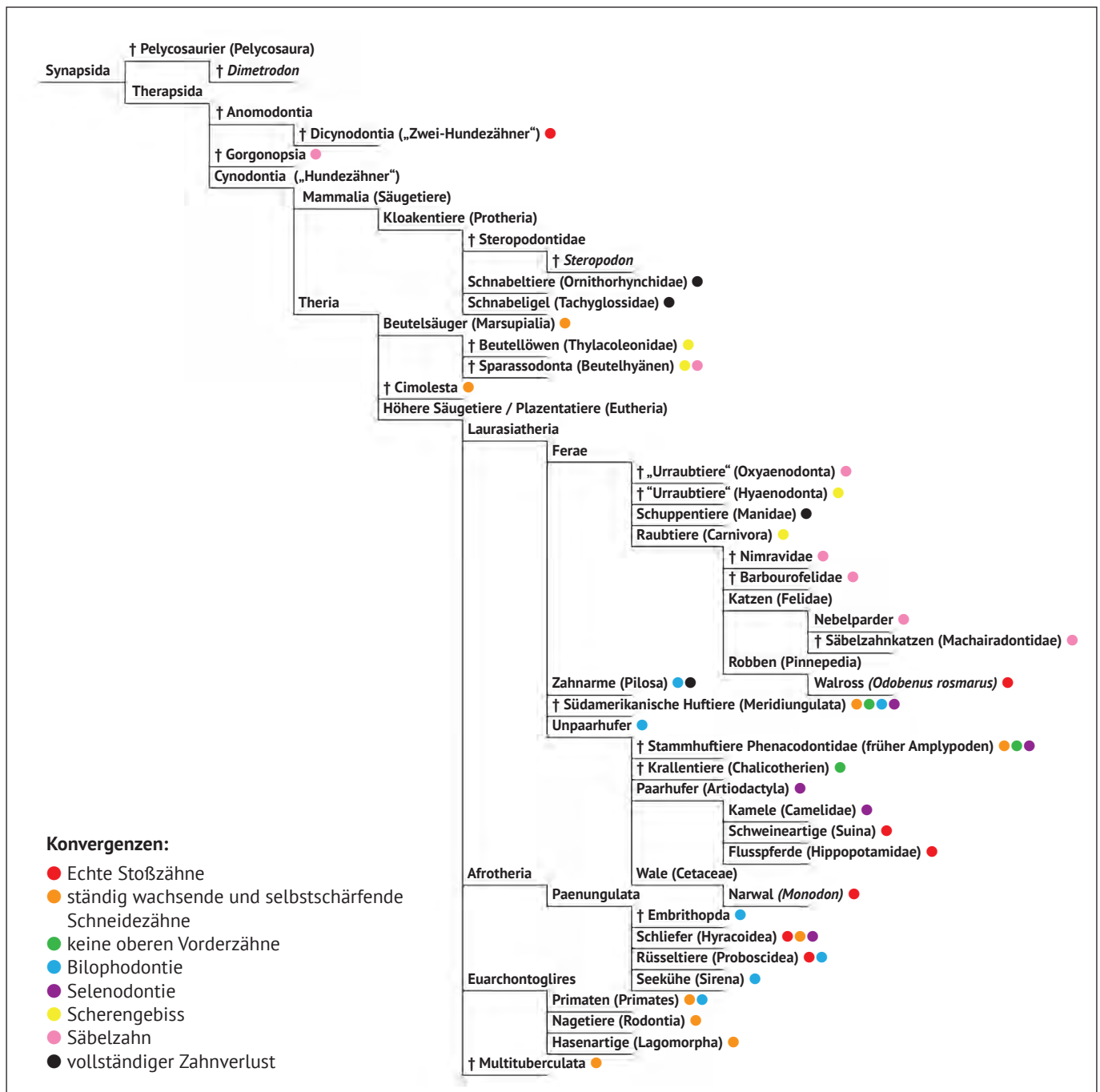
Wieder andere Säugetiere haben nach WERDELIN & SANDERS (2010, 225) gar keine oberen Vorderzähne, wie einige ausgestorbene Südamerikanische Huftiere (Abb. 6e), Amblypoden (Abb. 6f) und Chalicotherien (Abb. 6g). Weiter stellen die beiden Autoren fest: „Andere [Zahn-] Formen entwickelten sich immer und immer wieder unabhängig voneinander“.

Eine konvergente Zahnevolution bei Säugetieren ist also eher die Regel als die Ausnahme und widerspricht sich fast schon systematisch einer widerspruchsfreien Stammbaumrekon-

struktion. So kommen zum Beispiel bilophodonte* Zähne bei „einer Vielzahl fossiler Säugetiere“ vor (ebd.). Bei bilophodonten Zähnen sind die Höcker zu zwei kammartigen Schmelzleisten verbunden (Abb. 5). Man findet sie bei fossilen Embrithopoden (Abb. 6h), welche nasenhornähnliche Tiere waren, Rüsseltieren und Seekühen bis hin zu einigen Südamerikanischen Huftieren (Abb. 6e), Unpaarhufern, Zahnarmen (dazu gehören Ameisenbären und Faultiere) sowie Primaten.

Auch die Selenodontie* ist ein Merkmal, das vielfach unabhängig entstanden sein soll. Selenodontie bezeichnet die Merkmalsausprägung bei Backenzähnen, deren Höcker durch den häufigen Gebrauch den Schmelz in Halbmondform ausbilden. Selenodontie kommt typischerweise bei heutigen Paarhufern vor (Abb. 5). Sie

Abb. 7 Überblickartige Darstellung einiger Taxa (Gruppen) von Synapsiden mit im Text beschriebenen ausgewählten konvergenten Zahnmerkmalen (orientiert an einer möglichen systematischen Einordnung nach FOLEY et al. 2016). Die Zahnmerkmale widersetzen sich deutlich einer klaren evolutionären Einordnung.



trat aber auch bei fossilen Wiederkäuern wie Kamelen sowie Schliefern (Abb. 6i), ausgestorbenen Phenacodontidae aus der Gruppe der Stammhuftiere (Abb. 6f) und Südamerikanischen Huftieren (Abb. 6e) auf.

Weiter schreiben WERDELIN und SANDERS (2010, 225): „Am anderen Ende des Spektrums hatten Beutelhüyen [Abb. 6c, aber auch Beutellöwen Abb. 6b], Urraubtiere [Abb. 6d] und fossile Raubtiere alle ein Scherengebiss*; wenn auch aus anderen Zähnen geformt.“

Und wieder andere Säuger wie Schuppentiere, sowie Zahnarme, zu denen Ameisenbären und Faultiere gehören, und fossile Kloakentiere (Abb. 6a), von denen heute nur noch Schnabeltiere und Schnabeligel leben, haben ihre Zähne „im Laufe der Evolution vollständig verloren“ (ebd.).

Ein weiteres Beispiel konvergenter Zahnmerkmale der Säugetiere sind die sogenannten Säbelzähne. Nach THENIUS (1969, 2) sind auch Säbelzähne, die durch die Säbelzahnkatze *Smilodon* (Abb. 8a) aus der Familie der Katzen (Felidae) weltberühmt wurden, kein exklusives Merkmal der Säbelzahnkatzen (Machairodontinae, Abb. 8a). Säbelzähntypen finden sich ebenfalls bei der heutigen Großkatze Nebelparder (Abb. 8b). Auch *Hoplophoneus*, welcher zur Gruppe der ausgestorbenen Nimravidae (Abb. 8c) gehörte, und die Beutelhüye *Thylacosmilus* (Abb. 6c) aus der Beuteltiergruppe der Sparassodonta (Abb. 6c) besaßen solche Zähne. ANTÓN (2013, 5f, 9) weist darauf hin, dass Raubtiere mit Säbelzähnen nicht nur verlängerte obere Eckzähne besitzen, sondern auch andere Schädel- und Skelettanpassungen hinsichtlich Bändern und Muskeln benötigen, die es ihnen erlauben, die Kiefer zum Zubeißen mit den Säbelzähnen weit genug zu öffnen. ANTÓN (2013, 7) führt außerdem noch Barbourofelidae, Machaeroidinae aus der „Urraubtier“-Gruppe Oxyaenodonta, sowie die Synapsiden Gorgonopsia als konvergente fossile Gruppen mit Säbelzähnen auf. Für die Systematik ist nach VAUGHAN et al. (2013, 287) wichtig zu bedenken, dass die systemati-

Glossar

Ankylose: Fusion der Zähne am Kieferknochen, weil die Zahnwurzel an den alveolären Knochen fusioniert ist.

Bilophodontie: Bei bilophodonten Zähnen sind die Höcker zu zwei kammartigen Schmelzleisten verbunden.

Dicynodontia: („Zwei-Hundezähner“) waren eine Gruppe pflanzenfressender Synapsiden und gelten aus evolutionärer Perspektive als Verwandte der Vorfahren der heutigen Säugetiere.

Gomphosis: Die Zähne sind nicht fest im Kieferknochen, sondern mit Bändern (ligamentär) verankert.

Konvergenz: Ähnliche Merkmale wurden in der postulierten Evolutionsgeschichte unabhängig voneinander entwickelt.

Phylogenie: Die Phylogenie beschäftigt sich mit der Einteilung von Verwandtschaftsgruppen auf allen Ebenen der biologischen Systematik aus evolutionärer Perspektive.

plesiomorph: Evolutionstheoretische

Deutung eines Merkmals als ursprünglich statt als abgeleitet.

Scherengebiss: Beim Scherengebiss laufen die Zähne nicht direkt aufeinander zu, sondern knapp aneinander vorbei.

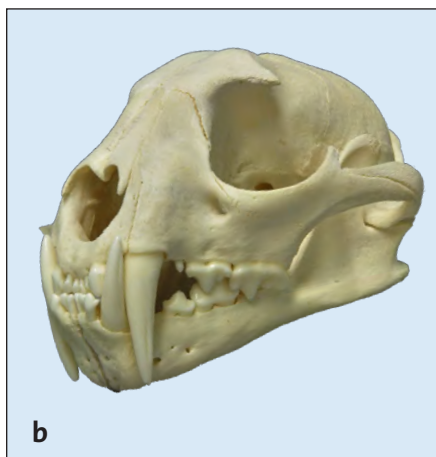
Selenodontie: Bezeichnet die Merkmalsausprägung bei Backenzähnen, deren Höcker durch den häufigen Gebrauch den Schmelz in Halbmondform ausbilden.

Synapsiden: Die Synapsiden haben als gemeinsames Merkmal ein einzelnes Schädelfenster in der hinteren Schädelseitenwand (Temporalfenster). In der klassischen Sichtweise gelten sie als eine Reptiliengruppe, aus denen heraus sich die Säugetiere entwickelt haben sollen. In der neueren Systematik versteht man sie als eine der beiden Hauptgruppen aller Nabeltiere (Amnioten) und stellt sie der Gruppe der Sauropsiden gegenüber, welche u. a. die heutigen Reptilien und die Dinosaurier sowie die heutigen Vögel enthält.

schen Beziehungen von Nimravidae und Barbourofelidae zueinander und zu den Raubtieren bzw. ihren Untergruppen (Hunde- und Katzenartige) ungeklärt und noch „Gegenstand erheblicher Diskussionen“ sind.

Säugetiere zeichnen sich also nicht nur durch eine Vielfalt von interessanten ausgestorbenen Tiergruppen aus, sondern auch durch eine völlig unüberschaubare Vielfalt an konvergenten Zahnformen. Da Zähne aber oft phylogenetische Bestimmungsmerkmale darstellen, und man von vielen fossilen Arten oft nicht viel mehr als ein paar Zähne und wenige sonstige Knochenteile findet, ist die Aufgabe der Rekonstruktion eines evolutionär stimmigen Stammbaums eine schwierige bis unlösbare Herausforderung. ULLRICH (2013; 2015) hat zu recht darauf hingewiesen, dass dieses Problem nicht auflösbarer Stammbaumrekonstruktionen bei den heutigen Säugetierordnungen generell

Abb. 8 Konvergente Säbelzähne bei nicht näher verwandten Beutegreifern. **a** Die Säbelzahnkatze *Smilodon* aus der Familie der Katzen. **b** Heute noch lebende Großkatze namens Nebelparder. **c** *Hoplophoneus* aus der ausgestorbenen Raubtierfamilie der Nimravidae. (nach Wikimédia: Wallace63, CC BY-SA 3.0; Klaus Rassinger & Gerhard Cammerer, CC BY-SA 3.0; H. Zell, CC BY-SA 3.0)



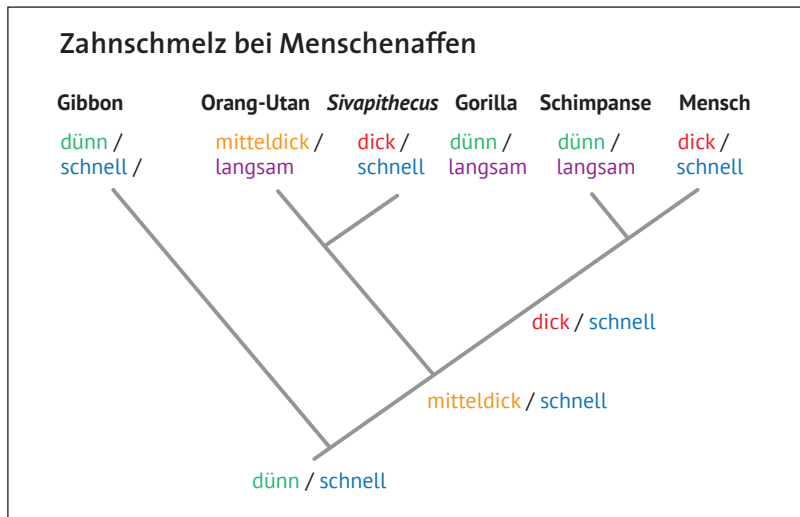


Abb. 9 Darstellung der konvergenten Zahnschmelz-Merkmale bei Menschenaffen und Menschen. Die Begriffe „schnell“ und „langsam“ bezeichnen unterschiedliche Bildungsgeschwindigkeiten, während „dünn“, „mitteldick“ und „dick“ die Zahnschmelzdicke bezeichnet. Unten sind die vermuteten ursprünglichen Merkmale nach MARTIN (1985) dargestellt. Die Systematik wurde aber der heutigen Systematik der Menschenaffen angepasst, die aufgrund molekularer (und nicht morphologischer) Merkmale den Schimpansen zu den Menschen und nicht zu den Gorillas gruppiert (vgl. ALMÉCIA et al. 2021). (Nach HARTWIG-SCHERER 1989, 39, verändert).

besteht. Deren aktuelle Stammbäume basieren vor allem auf molekulargenetischen Vergleichen, und widersprechen in vielerlei Hinsicht den vorher etablierten morphologischen Stammbäumen, die auf Körpermerkmalen beruhen. Doch selbst unter verschiedenen neueren molekularen Stammbäumen von Säugetieren bestehen Widersprüche und nicht klar auflösende Positionen (vgl. z.B. FOLEY et al. 2016, LIU et al. 2017, ESSELSTYN et al. 2017, UPHAM et al. 2019 sowie ZACHOS 2020). Zusätzlich müssen viele Konvergenzen im Körperbau angenommen werden (ULLRICH 2013; 2015).

Konvergente Zahnevolution auch bei Menschenaffen und Menschen

HARTWIG-SCHERER hatte schon im Jahr 1989 auf Grundlage einer Arbeit von MARTIN (1985) darauf hingewiesen, dass es auch in der Schmelzstruktur der Menschenaffen und des Menschen gemäß evolutionärer Deutung zu mehreren Konvergenzen gekommen sein dürfte (HARTWIG-SCHERER 1989, 39). So müsste nach der aktuell vertretenen Systematik der Menschenaffen (Abb. 9) der dünne Zahnschmelz unabhängig bei den Gibbons (Kleinen Menschenaffen) sowie den Gorillas und auch noch den Schimpansen entstanden sein. Der langsam wachsende Zahnschmelz hätte sich ebenfalls unabhängig beim Orang-Utan, beim Gorilla und wiederum beim Schimpansen entwickelt. *Sivapithecus*, der trotz vieler unterschiedlicher systematischer Zuschreibungen (ebd., 47) wohl am ehesten in die Orang-Utan-Verwandtschaft einzuordnen ist, hätte nach dieser Ansicht ebenfalls neben *Homo* die vermutete ursprüngliche Merkmals-

kombination von dickem und schnell wachsenden Zahnschmelz beibehalten.

Auch für *Australopithecus* wird bereits seit 1970 von JOLLY (bei HARTWIG-SCHERER 1989, 38f) eine parallel entwickelte Verbreiterung der Backenzähne (Molaren) zum Menschen diskutiert. So sehen WARD und PILBEAM (1983; ebd.) ebenfalls eine große Rolle der Parallelentwicklungen in der menschlichen Evolutionsgeschichte von Kiefer- und Zahnmerkmalen: „Beides – der Fossilbericht und die Molekularbiologie – unterstützen die Möglichkeit von ziemlich umfangreicher paralleler Evolution in der Phylogenie der Menschenaffen [...]. Wir schlussfolgern, dass dicker Zahnschmelz, gedrehte Eckzähne, robuster Oberkiefer und vielleicht megadonte [im Verhältnis zur Körpergröße große] Backenzähne nicht unbedingt geteilte abgeleitete Merkmale sind, die die Ramamorphen [Sivapithecinen] und die frühen Hominiden [Menschen-vorfahren] miteinander verbinden; stattdessen können sie ebenso einfach als das Ergebnis von paralleler Evolution aufgezeigt werden.“³

Beides – der Fossilbericht und die Molekularbiologie – unterstützen die Möglichkeit von ziemlich umfangreicher paralleler Evolution in der Evolutionsgeschichte der Menschenaffen.

Diese wenigen Beispiele zeigen, dass eine evolutionäre Deutung auch in der vermuteten Evolution des Menschen mehrere parallele Entwicklungen der Zahnmerkmale nötig machen würde, und warnen zugleich vor einer vorschnellen systematischen Zuordnung auf der Grundlage von Zahnmerkmalen.

Diskussion

WHITNEY et al. (2021) haben nachgewiesen, dass sich die Verankerung und der Dentinüberzug von Stoßzähnen aus evolutionärer Perspektive einige Male unabhängig voneinander bei den Dicynodontia entwickelt haben müssen. Ähnliches gilt für die Stoßzähne innerhalb der Rüsseltiere und der Säugetiere ganz allgemein. Auch bei vielen anderen Gruppen von Säugetieren gibt es Zahnmerkmale wie z.B. Nagezähne und Säbelzähne, die Konvergenzen und keine gemeinsamen Abstammungsmerkmale darstellen. Solche Konvergenzen scheinen auch beim Zahnschmelz und weiteren Zahnmerkmalen in der angeblichen Evolutionsgeschichte des Menschen aufgetreten zu sein.

Immerhin einen möglichen Evolutionsweg für die Stoßzähne innerhalb der Dicynodontia

wollen WHITNEY et al. (2021) ausgemacht haben und vermuten vereinfacht gesagt, „dass sich die echten Stoßzähne aus ursprünglich bei Jungtieren vorkommenden Zahnformen entwickelt haben“ (PODBREGAR 2021).

Sollte dies tatsächlich der Fall sein, bliebe aber dennoch ein ganz prinzipielles Problem der evolutionären Perspektive bestehen: Abgestufte Ähnlichkeiten im Körperbau der Lebewesen (Homologien) werden als ein Hauptargument für eine DARWIN'sche Evolution aller Lebewesen aus einem gemeinsamen Vorfahren über Jahrtausende gedeutet. Wenn nun aber schon innerhalb einer klar definierten Gruppe – wie der Klade der Dicynodontia oder der Klade der Rüsseltiere – ein gruppentypisches Merkmal wie die Stoßzähne nicht einheitlich evolvierte, sondern nur ein gemeinsames evolutionäres Merkmal vortäuscht (also konvergent ist), weckt das Zweifel am evolutionären Ähnlichkeitsargument im Maßstab der Makroevolution generell. Warum sollten Ähnlichkeiten bei solchen Gruppen von Lebewesen, bei denen keine direkte gemeinsame Abstammung nachgewiesen wurde, dann überhaupt als Verwandtschaftsargument gedeutet werden? Immerhin könnte man sie ja jederzeit im Sinne des evolutionären Paradigmas auch einfach als „Konvergenzen“ für die Stammbaumrekonstruktion ignorieren.

Dabei ist zu bemerken, dass solche Konvergenzen kein Einzelfall sind, sondern mit erstaunlicher Regelmäßigkeit bei allen Versuchen von Stammbaumrekonstruktionen auftreten (vgl. JUNKER 2016).

Alternativ könnte man ständig auftretende Konvergenzen und nicht widerspruchsfrei auflösbare Stammbaumrekonstruktionen aber auch als Hinweise auf separat erschaffene Grundtypen deuten. Diesen Grundtypen hätte Gott dann bei der Erschaffung mosaikartig verteilte Merkmale entsprechend der Erfordernisse ihrer Lebensbedingungen zugeteilt, die dann teilweise im Laufe der Mikroevolution auch reduziert wurden oder verloren gingen. Dies könnte ebenso für Stoßzähne bei verschiedenen Säugetierfamilien und bei den Dicynodontia gelten. Allerdings besteht auch aus Grundtyp-Perspektive noch Forschungsbedarf, ob man die Dicynodontia eher einem oder mehreren ausgestorbenen Grundtypen zuordnen sollte.

Anmerkungen

¹ Die Rüsseltiere sind eine Säugetierordnung inklusive heutiger Elefanten.

² „In fact, recent advances in evolutionary developmental biology show just how little genetic change is needed to radically alter tooth form. A few drops of signaling protein may be all it takes to grow whole new cusps on teeth developed in petri dishes.“

³ „Both the fossil record and molecular biology support the possibility of fairly extensive parallel evolution in hominoid phylogeny [...]. We conclude that thick enamel, rotated canines, robust maxillae and perhaps megadont molars are not necessarily shared derived features linking the ramamorphs and early hominids, but can just as easily be shown to be result of parallel evolution.“ (WARD & PILBEAM 1983 bei HARTWIG-SCHERER 1989, 39)

Literatur

- ALMÉCJA S et al. (2021) Fossil apes and human evolution. *Science* 372, eabb4363.
- ANTÓN M (2013) Sabertooth (Life of the Past). Indiana University Press.
- BINDER H (2006) Narwale mit hochempfindlichem Stoßzahn. *Stud. Integr. J.* 13, 45–52.
- BURGIN CJ, COLELLA JP, KAHN PL & UPHAM NS (2018) How many species of mammals are there? *J. Mammal.* 99, 1–14.
- ESSELSTYN JA, OLIVEROS CH, SWANSON MT & FAIRCLOTH BC (2017) Investigating Difficult Nodes in the Placental Mammal Tree with Expanded Taxon Sampling and Thousands of Ultraconserved Elements. *Genome Biol. Evol.* 9, 2308–2321.
- FOLEY NM, SPRINGER MS & TEELING EC (2016) Mammal madness: is the mammal tree of life not yet resolved? *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B* 371, 20150140.
- HARTWIG-SCHERER S (1989) Ramapithecus. Vorfahr des Menschen? *Studium Integrale*. Berlin.
- JUNKER R (2016) Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil. *Stud. Integr. J.* 23, 4–12.
- LIU L et al. (2017) Trans-KPg radiation of placental mammals. *PNAS* 114, E7282–E7290.
- PODBREGAR N (2021) Warum nur Säugetiere Stoßzähne haben. Fossile Säugetiervorgänger verraten Entwicklung der ersten Stoßzähne. *scinexx.de* vom 28.10.2021, <https://www.scinexx.de/news/biowissen/warum-nur-saeugetiere-stosszaehne-haben/>.
- THENIUS E (1969) Phylogenie der Mammalia. Stammesgeschichte der Säugetiere (einschließlich der Hominiden). Walter de Gruyter & Co.
- ULLRICH H (2013) Moleküle und Anatomie im Konflikt? Die Systematik der Säugetiere. *Stud. Integr. J.* 20, 119–121.
- ULLRICH H (2015) Wann entstanden die modernen Säugetiere? Einsichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen. *Stud. Integr. J.* 22, 23–29.
- UPHAM NS, ESSELSTYN JA & JETZ W (2019) Inferring the mammal tree: Species-level sets of phylogenies for questions in ecology, evolution, and conservation. *PLOS Biology*, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3000494>.
- VAUGHAN TA, RYAN JM & CZAPLEWSKI NJ (2013) *Mammalogy*. 6. Ed. Jones & Barlett Learning.
- WERDELIN L & SANDERS WJ (Ed.) (2010) *Cenozoic Mammals of Africa*. First Edition. University of California Press.
- WHITNEY MR, ANGIELCZYK KD, PEECOCK BR & SIDOR CA (2021) The evolution of the synapsid tusk: insights from dicynodont therapsid tusk histology. *Proceedings of the Royal Society B*, <https://doi.org/10.1098/rspb.2021.1670>.
- ZACHOS FE (2020) Mammalian Phylogenetics: A Short Overview of Recent Advances. In: HACKLÄNDER K & ZACHOS FE (Ed.) *Mammals of Europe - Past, Present, and Future*, 31–48, https://link.springer.com/referenceworkentry/10.1007/978-3-030-00281-7_6.

Anschrift des Verfassers:

Benjamin Scholl, SG Wort und Wissen,
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;
E-Mail: benjamin.scholl@wort-und-wissen.de

Die Radiation der Silberschwert-Gruppe

1. Indizien für präexistente genetische Programme

Zur Silberschwert-Gruppe gehören 33 Pflanzenarten, die nur auf den Hawaii-Inseln vorkommen. Es handelt sich um Korbblütler, die eine spektakuläre Radiation von Bäumen, Sträuchern, Zwergsträuchern, Polster-, Matten- und Lianenpflanzen durchlaufen haben. Trotz der unterschiedlichen Wuchsformen können die verschiedenen Arten fruchtbare Mischlinge bilden. Woher kommt diese Vielfalt innerhalb dieser Gruppe? Vieles spricht dafür, dass die unterschiedlichen Merkmalsausprägungen und verschiedenen Wuchsformen auf bereits existierende genetische Programme im Erbgut zurückgehen.

Nigel Crompton

Einleitung

Hawaii ist ein wunderschöner Archipel, einer der isoliertesten Orte der Welt, verloren inmitten des riesigen Pazifischen Ozeans, aber mit einer großen Fülle endemischer* Pflanzen- und Tierarten (vgl. Abb. 1). Nur durch die noch abgelegene Osterinsel in den Schatten gestellt, könnte dieser Archipel als das Ende der Erde betrachtet werden.

Die hawaiianische Inselkette ist vulkanischen Ursprungs. Dies spürt man heute noch, und der Vulkanismus wird immer wieder in den Nachrichten erwähnt (Abb. 2). Üblicherweise wer-

den Inseln am Rande der kontinentalen Kruste gebildet. Diese Kruste ist einzigartig auf unserem Planeten. Sie ist weniger dicht als die ozeanische Kruste und schwimmt daher auf ihr. Hawaii aber ist anders entstanden. Tief unter der Erdoberfläche interagiert Wasser bei enormen Temperaturen und Drücken mit den Gesteinen, ähnlich wie Salz mit Eis, und bringt diese zum Schmelzen. Da die Dichte dieser halbfesten Gesteine geringer ist, werden sie zwangsläufig immer weiter nach oben gedrückt, bis sie nahe der Oberfläche abkühlen und dort riesige Magmakammern und Gebirgsketten bilden. Oder sie laufen bis an der Oberfläche aus und bilden dort

Introbild Das Haleakala-Silberschwert (*Argyroxiphium sandwicense* subsp. *macrocephalum*); es kommt nur auf Maui in Höhenlagen zwischen 2100 und 3100 Metern vor. (Neil, Adobe-Stock)

Massen von Lavaströmen und abgelegenen ozeanischen Inseln. Einmal an der Oberfläche angekommen, kühlt die Lava schnell ab und die Pflanzenwelt fasst rasch Fuß.

Lange vor der Ankunft des Menschen hatten Pflanzen und verschiedene Tiere ihren Weg in den Hawaii-Archipel gefunden und die kahle Lava in ein wunderschönes Inselparadies verwandelt. Viele Pionierarten stellten sich als Einwanderer aus fernen kontinentalen Heimatländern heraus. Einige wenige haben außergewöhnliche Veränderungen durchgemacht; dabei wurde das latente genetische Potenzial in ihren Chromosomen abgerufen und eine Fülle neuer Arten entstand. Man spricht in solchen Fällen von „adaptiven Radiationen“ (CROMPTON 2019b; 2020a). Hawaii ist eine Schatzkammer solcher adaptiver Radiationen, die sowohl Pflanzen als auch Tiere einschließt. Eine der spektakulärsten Radiationen ist die Silberschwert-Gruppe, die von einem Paar kalifornischer Tarweeds ausging, deren Samen die Inseln erreichten (Abb. 3 zeigt ein Beispiel einer Tarweed-Art). Die Nachkommen hybridisierten* und brachten im Laufe der Zeit eine Fülle phänotypisch außerordentlich vielfältiger, aber genetisch durchweg sehr eng verwandter Nachkommen hervor.

Asteraceae, die Familie der Silberschwert-Gruppe

Die Silberschwert-Gruppe (engl. „Silversword alliance“) ist eine Gruppe von etwa 33 Arten, die sich auf die drei Gattungen, *Dubautia*, *Wilke-*



Abb. 3 *Anisocarpus scabridus*, eine nordkalifornische Tarweed-Art aus der Tribus Madieae (s. Abb. 8). Man nimmt an, dass die Silberschwert-Allianz aus einer allopolyploiden Hybride zwischen *Anisocarpus scabridus* und der ähnlich aussehenden kalifornischen Tarweed-Art *Carlquistia murii* hervorgegangen ist. (© Julie A. KIERSTEAD, CC-BY-NC 4.0)

Kompakt

Die Silberschwert-Gruppe (engl. „silversword alliance“) ist ein spektakuläres Beispiel für eine adaptive Radiation* von Pflanzen auf dem Hawaii-Archipel. Zu ihren 33 Arten gehören Bäume, Lianen, Sträucher, Polsterpflanzen und Rosettenpflanzen. Diese extreme phänotypische* Vielfalt ist jedoch mit einer minimalen genetischen Vielfalt und mit einer Fülle von Hybriden* verbunden. Die Radiation begann vermutlich, als die Samen von zwei kalifornischen „Tarweeds“* (Gattung *Madia* und nahe Verwandte) vom pazifischen Goldregenpfeifer nach Hawaii transportiert wurden. Dort hybridisierten die daraus hervorgegangenen Pflanzen, und in den Nachkommen wurden genetische Programme aktiviert, die verschiedene Abstammungslinien und eine Fülle von Nachkommenarten hervorbrachten. Verschiedene Eigenschaften und Merkmalsausprägungen* der Pflanzen werden untersucht, um festzustellen, welches Modell überzeugendere Erklärungen für den Ursprung dieser Arten liefert: das traditionelle Evolutionsmodell, das auf Genduplikation bzw. Polyploidisierung* und dem Auftreten mehrerer vorteilhafter Mutationen beruht, oder das Mendel'sche Modell, das auf präexistierenden genetischen Programmen gründet. Im ersten Teil werden die Vererbung von Merkmalsausprägungen und der Grad der Heterozygotie der Silberschwert-Gruppen untersucht. Die vorliegenden Daten lassen sich demnach besser durch das Mendel'sche Modell interpretieren.



Abb. 1 Kalalau-Tal, Kaua'i, Nordwest-Hawai'i. (Foto: Nigel CROMPTON)

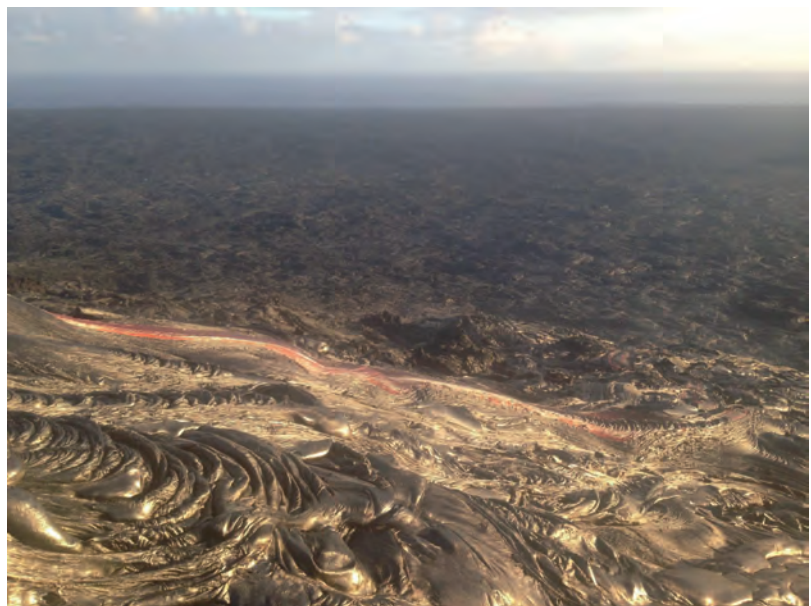


Abb. 2 Frische Lava im Zusammenhang mit dem Ausbruch des Vulkangrabs am Kilauea-Vulkan 2018 in Südost-Hawaii, dem größten Ausbruch seit mindestens 200 Jahren. Nach einem mäßig starken Erdbeben stürzte der alte Gipfel ein, und an der Flanke kam es zu einem Spaltenausbruch. Fast ein Kubikkilometer Lava wurde schließlich entlang der östlichen Bruchzone umverteilt und neues Land an der Südostküste Hawaiis hinzugefügt (NEAL et al. 2019). (Foto: Nigel CROMPTON)



Abb. 4 Links: Das Ahinahina, Mauna-Kea-Silberschwert (*Argyroxiphium sandwicense* subsp. *sandwicense*), in der Nähe des Mauna-Kea-Besucherzentrums, Big Island (auf ca. 2800 Metern Höhe). Zwei Pflanzen haben ein Wachstum mit einem Blütenstand begonnen und stehen kurz vor der Blüte. Richtung Süden zeichnet sich die Silhouette des etwas weniger hohen Mauna Loa in 20 km Entfernung im Hintergrund ab – einer Entfernung, die etwa dem halben Durchmesser von Big Island entspricht, der größten der Inseln, die mehr Land umfasst als alle anderen Inseln zusammen. Es gibt zu wenig Platz auf den Inseln, um die Ausbreitung der Silberschwert-Arten durch Mutation vernünftig zu erklären. Es ist aber kein Problem, wenn die genetische Information bereits im Erbgut der Pionier-Tarweeds vorhanden war. (Foto: Eve Keren MACLEAN, mit freundlicher Genehmigung)

Rechts: Teil des Blütenstandes von *Argyroxiphium sandwicense* subsp. *sandwicense* auf Big Island. Eine große blühende Pflanze kann so hoch wie ein Mensch sein. (Robert W. COFFEN, AdobeStock)



Abb. 5 *Dubautia scabra* am Kilauea Iki Kraterweg, Kilauea, Big Island. Verschiedene Pflanzenarten fungieren als Pioniere, die auf frischer Lava wachsen. Die einheimischen Hawaiianer bezeichnen die *Dubautia*-Arten üblicherweise als Na'ena'e, gelegentlich aber auch als Kupapoa. (Foto: Nigel CROMPTON)

sia und *Argyroxiphium* verteilen und auf den Hawaii-Inseln endemisch* ist (Abb. 4–6). Sie ist ein auffälliges Beispiel für eine Gruppe von Pflanzen, die eine außergewöhnliche phänotypische*Vielfalt aufweisen, zugleich aber genetisch so nah beieinander liegen, dass viele ihrer Arten Hybriden* bilden. Die Silberschwert-Gruppe gehört zu der größten bekannten Pflanzenfami-



lie, den Korbblütlern (Asteraceae), mit 32.913 benannten Arten in 1.911 Gattungen. Insgesamt umfassen die bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) etwa 369.000 bekannte Arten, sodass die zweikeimblättrige Familie Asteraceae fast 10 % davon ausmacht. Die einzige andere Familie mit vergleichbarer Größe, die einkeimblättrigen Orchidaceae, umfasst 28.000 benannte Arten, weist jedoch viel mehr Hybriden auf. Trotz der großen Anzahl von Arten erklärt MENDEL'S (1866) Gesetz der exponentiellen Kombinationen der Merkmalsausprägungen* leicht, wie diese Fülle entstehen konnte. Eine Familie von Organismen, die nur 16 bivalente (d. h. mit jeweils zwei Merkmalsausprägungen) Merkmale* besitzt, hat das Potenzial, mehr als 65.000 Arten hervorzubringen. Eine Familie mit 20 bivalenten phänotypischen Merkmalen kann sogar mehr als eine Million verschiedene Arten hervorbringen (CROMPTON 2019a; b).

Die Familie Asteraceae (auch als Compositae bezeichnet) war bisher in 13 Unterfamilien unterteilt. Ein neuerer „Supertree“, der auf molekularen Sequenzierungsdaten basiert, ist in 43 Kladen unterteilt (FUNK et al. 2009). Sind einige dieser taxonomischen Gruppen Grundtypen oder genetische Familien? Viele Gattungen und Tribus* der Asteraceae können aufgrund der Hybridisierungsfähigkeit ihrer Arten eindeutigen Grundtypen zugeordnet werden. Die nachfolgenden Ausführungen konzentrieren sich auf die Untertribus der Madiinae und speziell auf einige Merkmale der kalifornischen Tarweeds –

vor allem aber geht es um die außergewöhnliche Gruppe der Silberschwerter und ihre bemerkenswerte adaptive Radiation.

Obwohl es sich nicht um ein exklusives Merkmal handelt, kann man Asteraceen gut an ihrem Blütenstand erkennen, der als Körbchen oder Kopf bezeichnet wird. Entsprechend wird die Familie ja auch Korbblütler genannt. Das Körbchen ist keine einzelne Blüte, sondern ein Blütenstand aus vielen winzigen Blüten, den Einzelblüten (vgl. Abb. 7). Die Körbchen können ihrerseits wieder zu zusammengesetzten Blütenständen (Köpfchenständen) vereinigt sein. In der Unterfamilie Asteroideae (oder Tubuliflorae), zu der die Silberschwert-Verwandtschaft gehört, befinden sich in der Mitte des Körbchens mehrere bis viele Röhrenblüten und bilden dort eine zentrale Scheibe (Beispiel in Abb. 7). In den meisten Fällen werden die Röhrenblüten aber noch von einem peripheren Ring von Zungenblüten umgeben, wie man es von Gänseblümchen, Margerite oder Sonnenblume kennt. Bei den Zungenblüten ist eines der fünf Kronblätter stark vergrößert und bildet die Zunge. Bei den Madiinae sind die Zungenblüten – soweit vorhanden – dreizipflig. Pflanzen ohne die zentrale Scheibe, deren Körbchen nur aus Zungenblüten (auch Strahlenblüten genannt) bestehen, bilden die Unterfamilie Cichorioideae (oder Liguliflorae). Ein bekanntes heimisches Beispiel ist der Löwenzahn (*Taraxacum*).

Die Blüten der Asteraceae sind auch deshalb ungewöhnlich, weil sie keinen Kelch mit Kelchblättern haben, stattdessen können sie einen Pappus* (eine Gruppe von Haaren, Schuppen, Grannen oder Borsten) besitzen, der zur Reifezeit gewöhnlich als Schirmchen ausgebildet ist und als Flugorgan dient. Darüber hinaus verschmelzen die Staubbeutel (aber nicht ihre Fäden) zu einem engen Schlauch (Antherenröhre), der den Griffel umhüllt, durch den der Pollen nach oben befördert wird (vgl. Abb. 7). Röhren- und Zungenblüten können zu einsamigen Früchten reifen, die als Achänen bezeichnet werden. Die Pustelblume des Löwenzahns besteht aus kugelförmig angeordneten Achänen, jede mit einem markanten Pappus, der eine Art „Fallschirm“ bildet.

Taxonomie der Asteraceae

Wie unterscheiden Spezialisten in einer riesigen Familie wie den Asteraceae oder ihrer Unterfamilie Asteroideae die einzelnen Linien? Studien zu DNA-Sequenzen – nicht aber zu den Blütenmerkmalen – deuten darauf hin, dass die Asteroideae in drei Supertribus aufgeteilt werden sollten: Helianthodae, Asterodae und



Abb. 6 *Wilkesia gymnoxiphium* in der Nähe des Randbereichs des Waimea Canyon, Kaua'i. (KarLM, CC BY-SA 3.0)

Die Aufspaltung auf der Basis von DNA-Sequenzen wird nicht durch morphologische Merkmale gestützt.

Senecionodae (ROBINSON 2004). Trotz dieser eindeutigen DNA-Trichotomie sind charakteristische morphologische* Merkmale (Apomorphien), die diese Aufspaltung unterstützen, schwer zu finden. Beispielsweise produzieren viele Helianthodae-Arten Phytomelanin in ihren Achänenzellwänden (wodurch sie sowohl gegen Insekten als auch gegen Austrocknung resistent sind), aber bei Weitem nicht alle Arten. Dies weist auf ein verbreitetes Problem der vergleichenden DNA-Sequenzierung hin, das mit einer überzogenen Gewichtung von Zahlen zu tun hat, wie z. B. die Anzahl von Merkmalsüber-



Abb. 7 Körbchen von *Dubautia arborea*. Die violetten Antherenröhren sind sehr gut zu erkennen. Sie umschließen den gelben Griffel, dessen zwei Narbenäste an der Spitze aus der Röhre herausragen. Während des Wachstums der Narbe wird der Blütenstaub an der Innenseite der Antherenröhre von kleinen Seitenhärchen des Griffels aufgenommen und hochtransportiert und dadurch langsam und dosiert der Umwelt präsentiert. Zungenblüten fehlen bei dieser Art. (Foto: Gerald D. Carr, mit freundlicher Genehmigung)

Mendel'sche Artbildung, präexistente genetische Programme und *cis*-Evolution

MENDELS Gesetz der exponentiellen Kombinationen von Merkmalsausprägungen* erklärt, wie eine große Anzahl von phänotypischen* Variationen innerhalb genetischer Familien entstehen bzw. zur Ausprägung kommen kann (CROMPTON 2019b). Wenn unterschiedliche Kombinationen von Merkmalsausprägungen in den Nachkommen fixiert werden, kann daraus eine Fülle von neuen Arten und Gattungen entstehen. Die für diese (neuen) Arten notwendige Information ist bereits vorhanden, befindet sich (z. T. latent, unterdrückt) im Erbgut der Arten und kann durch Verlust der Heterozygotie (also Verlust der Mischerbigkeit und damit Entwicklung zur Reinerbigkeit) und Transposition (springende Gene) ausgeprägt werden. Man kann von prä-

existenten genetischen Programmen sprechen.

Neue Kombinationen von homozygoten (reinerbigen) Merkmalen können erhalten bleiben und fixiert werden, wenn eine Fortpflanzungs-isolation* auftritt, wenn also Träger verschiedener Merkmalskombinationen nicht (mehr) miteinander hybridisieren*. Durch Selektion werden die geeignetsten dieser Merkmalskombinationen begünstigt, sie werden durch Selektion aber nicht erzeugt.

Neue Kombinationen von Merkmalsausprägungen spiegeln die Ausprägung zuvor schon latent vorhandener Information wider. Die Summe aller dieser Kombinationen stellt die Grenzen dar, innerhalb derer eine genetische Familie sich durch Ausprägung der angeleg-

ten Möglichkeiten entfalten kann. Diese intrafamiliäre Evolution (*cis*-Evolution) erzeugt einen separaten Abstammungsbaum des Lebens.

Cis-Evolution äußert sich durch vielfältige Aufspaltung innerhalb genetischer Familien, wodurch die latente genetische Information in verschiedensten Kombinationen ausgeprägt wird. Solche Vorgänge werden auch als *adaptive Radiation* bezeichnet. Zufällige Mutationen können zwar einen zusätzlichen Beitrag zur phänotypischen Vielfalt der Arten leisten, erweisen sich jedoch weder als notwendig noch förderlich, um die umfangreichen Merkmalsunterschiede hervorzu-bringen, die man innerhalb der genetischen Familien beobachten kann.

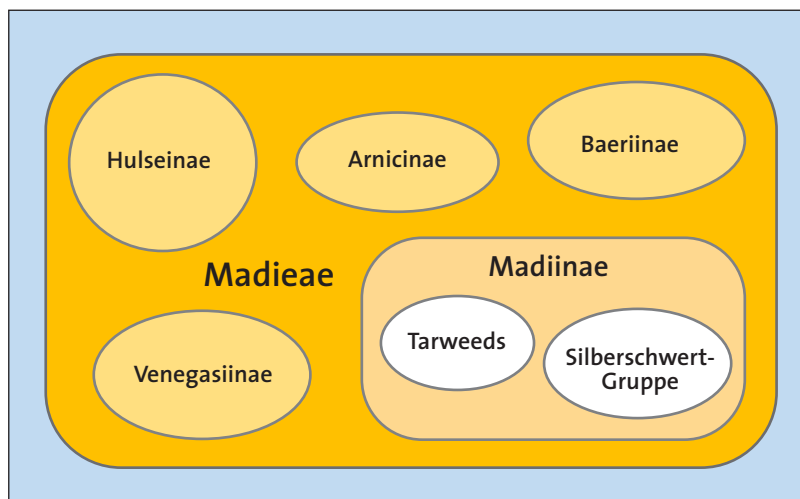
einstimmungen. Das Problem liegt hier in der modellbasierten, algorithmischen Zwangsläufigkeit. Die Algorithmen, die beim Sequenzvergleich verschiedener Arten zum Einsatz kommen, führen immer zu irgendeiner Phylogenie, aber diese wird oft nur schwach durch gemeinsame phänotypische Merkmale gestützt. Anders ausgedrückt: Die Verwandtschaftsbeziehungen, die sich aus Sequenzvergleichen ergeben, stimmen oft nicht mit morphologisch begründeten Verwandtschaftsbeziehungen überein. Aus evolutionstheoretischer Sicht resultiert daraus ein besonders schwer lösbares Problem.

Die netzartige Natur der Artbildung aufgrund von Hybridbildung kann von solchen Algorithmen oft nicht erfasst werden, da sie darauf ausgelegt sind, gabelig verzweigte Phylogenien zu erstellen. Wenn zudem eine Pflanze aus einem nicht verwandten Taxon stammen würde, würden solche Algorithmen sie dennoch (vermutlich peripher) in der Phylogenie lokalisieren, weil irgendeine Platzierung unvermeidlich ist. Ob diese modellbasierten Algorithmen also die tatsächlichen Details der Radiation enthüllen oder nur statistische Näherungen sind, ist

schwer zu sagen. Idealerweise sollten Sequenzdaten vieler Gene akribisch verglichen werden. Wenn DNA-Sequenzdaten darauf hinweisen, dass eine Gruppe auf dieser Basis zwar existiert, es aber unmöglich ist, ihren Arten gemeinsame (auslesbare) Merkmale (Apomorphien) zuzuordnen, liegt es nahe, dass natürliche Selektion nicht der Mechanismus ist, der hinter der Existenz der betreffenden Gruppe steht. Wahrscheinlicher ist der Verlust der Heterozygotie (Mendel'sche Artbildung) für den Ursprung der Gruppe verantwortlich, gerade weil dieser Vorgang zu abgrenzbaren Gruppen führt, dabei aber keine natürliche Selektion erfordert (vgl. Kasten „Mendel'sche Artbildung“).

Die Tribus der Madieae umfasst fünf Untertribus (Madiinae, Arnicinae, Baeriinae, Hulseinae, Venegasiinae), von denen die größte, die Madiinae, zwei Kladen (Zweige) umfasst, die kontinentalen Tarweeds von Kalifornien und die Silberschwert-Gruppe von Hawaii (Abb. 8). Gibt es neben der DNA-Sequenz auch phänotypische Merkmale, die anzeigen, ob eine Art der Madieae zu den Madiinae gehört? Gegenwärtig sind keine eindeutigen derartigen Merkmale bekannt, sondern nur ein anerkannter Satz von gemeinsamen Merkmalen, die aber nicht bei jeder Art der Madiinae vorkommen. Dazu gehören gemeinsame chemische Sekrete und gemeinsame Blütenkopfstrukturen, wie z. B. das Vorhandensein oder Fehlen von Spreublättern (= schuppenförmige Tragblätter der Einzelblüten). Der Begriff „Teer“ („tar“) stammt von einer klebrigen, drüsigen, chemisch vielseitigen Flüssigkeit, die aus kleinen Drüsen freigesetzt wird (CARLQUIST 2003, Kap. 5). Diese Drüsen sind modifizierte Trichome (Haare). Die Madiinae haben besonders ausgeprägte „Teer“-Sekrete. Alle ihre Röhrenblüten haben Spreublätter und sie haben ausgeprägte Trichome sowie andere mikroskopische Merkmale. Es gibt zwei

Abb. 8 Die systematische Position der Silberschwert-Gruppe innerhalb der Tribus der Madieae.



Trichomformen: uniserat – eine einzige Zellsäule, meist zur Gewährleistung eines UV-Schutzes, und biserat-drüsig – zwei oder mehr Zellsäulen, die meist eine teerartige Substanz aussondern, um Pflanzenfresser abzuwehren.

Tarweed-Kräuter haben Zungenblüten mit jeweils einem blattartigen Hüllblatt und periphere Röhrenblüten (das sind diejenigen, die den äußersten Ring der Röhrenblüten bilden) mit jeweils einem spelzenförmigen Spreublatt*; ein Pappus fehlt gewöhnlich. Die Madiinae bestehen aus zwei Kladen (Tarweeds und die Silberschwert-Gruppe), die sich durch ihre geographische Lage – Kalifornien versus Hawaii – und auch beim Blick durch eine Lupe unterscheiden. Die kalifornischen Tarweeds haben bei den Röhrenblüten spitz zulaufende Griffel. Dagegen haben die Mitglieder der Silberschwert-Gruppe bei den Röhrenblüten spatelförmige Griffel (CARLQUIST 1959; BALDWIN 2003a). Ein Merkmal, das die Kladen unterscheidet, aber im Feld zur Unterscheidung nicht praktikabel ist, sind Unterschiede in den Holzfasern. Tarweeds haben monomorphe* libriforme* Holzfasern, während Mitglieder der Silberschwert-Gruppe dimorphe* libriforme Fasern besitzen (d. h. zwei Typen: kurz, breit und mehrschichtig versus länger, schmal und weniger organisiert; CARLQUIST 2003).

Artenvielfalt innerhalb der Silberschwert-Gruppe

Die Silberschwert-Gruppe ist eine bekannte und intensiv untersuchte adaptive Radiation von Korbblütlern auf einer abgelegenen Inselgruppe. Es handelt sich um eine junge spektakuläre Radiation von Bäumen, Sträuchern, Zwergsträuchern, Polster-, Matten- und Lianenpflanzen, die in der Lage sind, reichlich fruchtbare Hybriden zu bilden. Die Mitgliedsarten sind auf den gesamten hawaiianischen Inseln zu finden und gedeihen in einem breiten Spektrum von Lebensräumen, einige in relativ trockenen Lebensräumen, andere in sehr feuchten (das ganze Jahr über) und wieder andere in

hochgelegenen, kargen Lavafeldern. Diese umfangreiche Gruppe phänotypisch differenzierter Arten ging offenbar aus einer anzestralen* Hybride hervor. Auf der Grundlage morphologischer Kriterien und in jüngerer Zeit auf der Grundlage von DNA-Sequenzierungsstudien war es möglich, Vorfahren der Silberschwert-Gruppe sicher unter den kalifornischen Tarweed-Kräutern zu identifizieren (BALDWIN 2003b).

Die Untertribus Madiinae (vgl. Abb. 8) umfasst die anzestralen Tarweed-Arten, 89 Arten in 21 Gattungen, und die davon abstammende Silberschwert-Gruppe, 33 Arten in 3 Gattungen. Die Tarweed-Arten sind von beiden die ältere Gruppe sonnenblumenähnlicher Pflanzen (vgl. Abb. 3) und untereinander relativ ähnlich, weniger auffällig und kleinwüchsiger. Sie sind immer noch, wenn auch selten, in der Lage, Hybriden zu bilden. Man findet sie in der Florenprovinz Kalifornien, einem „mediterranen“ Lebensraum, mit trockenen Sommern und feuchtkühleren Wintern. Es handelt sich meist um einjährige, kurzlebige Pflanzen. Zu den Tarweed-Arten gehören gelb und weiß blühende Pflanzen wie *Madia* (*Madia*), Spikeweed (*Centromadia*), Tidy-tips (*Layia*) (Abb. 9) und Eyelash-weed (*Blepharipappus*). Sie sind gut geeignet, um an den saisonal trockenen Standorten der Florenprovinz Kalifornien zu überleben, wo die Trockenheit 4–8 Monate lang anhalten kann. Viele Abstammungslinien und Hybriden wurden untersucht, und es zeigte sich, dass die Evolution innerhalb dieser Untertribus weniger gabelig als vielmehr vernetzt ist (Abb. 10).

Wie ist es möglich, dass eine solche Fülle an phänotypisch vielfältigen Inselarten aus derart bescheidenen kontinentalen Vorfahren entstanden ist? Das ist eine Frage, die Botaniker fasziniert hat. Sie hat Anlass zu einer Fülle von Spekulationen und Untersuchungen gegeben (CARLQUIST et al. 2003 geben einen ausgezeichneten Überblick). Die Ergebnisse unterstützen nachdrücklich ein Verständnis der Evolution auf der Grundlage der Mendel'schen Artenbildung. Integraler Bestandteil dieses Verständnisses ist die Idee, dass die für die Artbildung erforderli-

Abb. 9 Blüten der Tarweed-Arten (von links): *Centromadia fitchii* am Table Rock (Jackson County, Oregon), *Layia glandulosa* auf 1.700 m Höhe zwischen Paradise und Swall Meadows, Kalifornien, in der östlichen Sierra Nevada und *Madia elegans* in den Santa Monica Mountains in Südkalifornien. (Quellen v. l.: Dcrjsr, CC BY 4.0, Noah ELHARDT, CC BY-SA 2.5; Dianne FRISTROM, CC BY-SA 3.0)



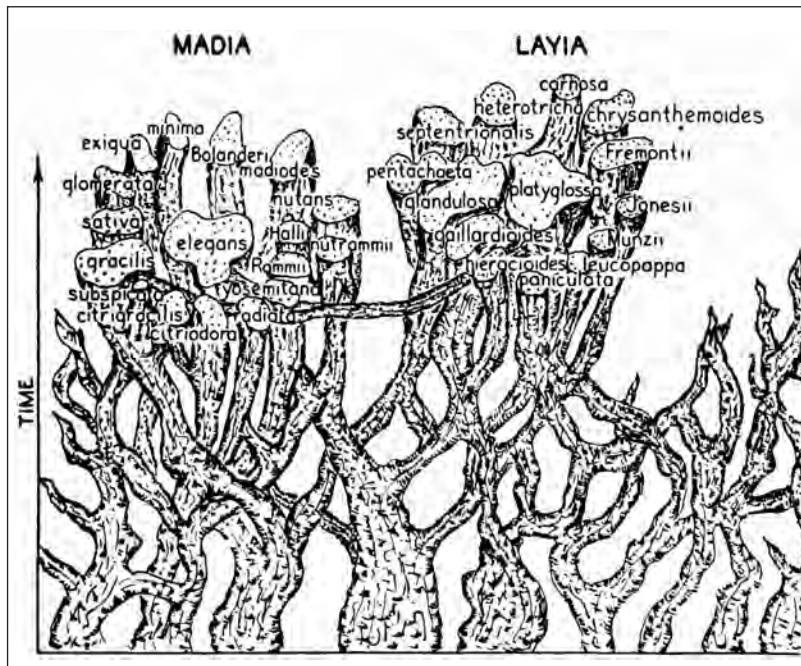


Abb. 10 Vernetzte Evolution innerhalb der Madiinae. (Aus CLAUSEN 1951)

Abb. 11 Die Iliou, *Wilkesia gymnoxiphium*. Diese Pflanze ist an den roten Hängen des Waimea Canyon, Kaua'i, sehr auffällig. Die Pflanzen sind nicht in Blüte, und typischerweise bilden sie nur einmal Blüten (monokarpisch). Oberhalb der weit über dem Boden befindlichen Blattrosetten bilden sich hoch aufragende Gesamt-Blütenstände, wenn die Pflanzen die Blühzeit erreichen. (Foto: Nigel CROMPTON)



Die für die Artbildung erforderliche genetische Information ist im Erbgut bereits vorhanden.

duum ausgeprägt und dann in allen seinen Nachkommen fixiert wird. Ein klassisches Beispiel dafür ist das Auftreten von epigäischem (oberirdischem) Holz bei allen Arten der Silberschwert-Gruppe, als krautige Tarweed-Vorfahren miteinander hybridisierten und die Hawaii-Inseln besiedelten. Manche Merkmalsausprägungen werden nur in einer einzigen Linie beobachtet. Beispiele hierfür sind parallele Blattnerven in der Gattung *Wilkesia* und die Zungenblüten in der Gattung *Argyroxiphium*.

Mutation, Transposition und meiotische Fixierung (Entstehung von Reinerbigkeit) können zum Verlust von Merkmalsausprägungen führen. Durch Hybridisierungsereignisse können in einer Abstammungslinie durch meiotische Fixierung verlorene vergangene Merkmalsausprägungen wiederhergestellt werden (das wird als Reversion bezeichnet). Es kommt vor, dass Merkmalsausprägungen in mehr als einer unabhängigen Abstammungslinie aufgrund der wiederkehrenden, aber unabhängigen Aktivierung eines latenten genetischen Programms auftreten. Zwei Beispiele sind das unabhängige Auftreten von Rosettenblättern in der *Wilkesia*- und *Argyroxiphium*-Gruppe (siehe Abb. 4 und 11) und das unabhängige Auftreten von weißen Körbchen in der *Wilkesia*-Gruppe und bei *Dubautia scabra* (siehe Abb. 5).

Dies bringt uns zu einer wichtigen Nebenbemerkung. Das Erscheinen von Rosettenblättern in der Silberschwert-Gruppe ist wahrscheinlich auf die Aktivierung eines komplexen genetischen Programms zurückzuführen. Das Erscheinen weißer Körbchen ist jedoch ein Beweis für das Fehlen von Pflanzenpigmenten, wahrscheinlich das Ergebnis einer Mutation. Sind Mutationen also doch auch vorteilhaft? Die hauptsächliche Folge von Mutationen ist der Verlust oder die Schädigung von genetischen Programmen, d. h. die Erosion von Merkmalsinformationen (BEHE 2019). Jeder Fachmann auf dem Gebiet der Mutationsforschung wird bestätigen, dass Mutationen genau das bewirken. Dieser hauptsächlichen Folge von Mutationen stehen nur selten vorteilhafte Mutationen gegenüber. Die Behebung von Verlusten oder Schäden an genetischen Programmen durch Mutationen erfordert höchst unwahrscheinliche Rückmutationen, die aber immer noch um Größenordnungen wahrscheinlicher sind als Mutationen zur Entstehung neuartiger Merkmale oder neuartiger (nicht-trivialer) Arten. Mutationen werden von den meisten Evolutionstheoretikern als Quelle phänotypischer

Komplexität und Schönheit in der Natur betrachtet. Es wird jedoch beobachtet, dass Mutationen in überwältigender Mehrheit schädlich und nur als Nebeneffekt, und auch dann nur selten, vorteilhaft sein können. Nicht-triviale Merkmale resultieren dagegen aus komplexen genetischen Programmen.

Phänotypische Merkmalsausprägungen der Silberschwert-Gruppe

Die Mitglieder der Silberschwert-Gruppe zeigen eine Vielzahl von alternativen Eigenschaften. Eine Auswahl davon ist in Tab. 1 aufgelistet. „Geografisches Gebiet“ bezieht sich auf die Insel, auf der die Arten vorkommen, gelegentlich zwei oder mehr. Beim „Karyotyp“ geht es um die Chromosomenzahl, bei „Ökozone“ um die vorherrschende Lebensgemeinschaft, in der die Physiologie einer Spezies ihr Gedeihen ermöglicht. „Pflanzenhabitus“ bezieht sich auf die Wuchsform einer Pflanze, z. B. Baum, Strauch, Rosettenpflanze, Liane (verholzte Kletterpflanze); „Verzweigungstyp“ auf die Position entlang des Hauptstammes, wobei sich „kaudal“ auf den Hauptstamm im Allgemeinen bezieht. „Form der Äste“ betrifft sowohl die Dichte als auch die Länge der Äste. Bei der Blattform geht es sowohl um die Form des Blattes als auch um weitere Details wie z. B. Blattdicke oder Ausbildung des Blattrandes. Der „Blattzustand“ bezieht sich sowohl auf die Blattdichte als auch auf die Blattgröße. „Pflanzenhaare“ bezieht sich auf die Trichom-Dichte; kahl (ohne Haare), flaumhaarig oder dicht behaart. Bei „Blühverhalten“ geht es darum, wie oft eine Art während ihres Lebens Blüten produziert und Achänen bildet; monokarpisch bedeutet einmal, polykarpisch bedeutet mehr als einmal. Die Kopfgröße spiegelt die Anzahl der Blüten je Körbchen wider. Die „Farbe des Körbchens“ bezieht sich auf die Far-

be der Strukturen des Körbchens: Involucrum (Hüllblätter), Corolla (Blütenkrone), Antherenröhre und Griffel. Der „Köpfchenstand-Typ“ bezieht sich auf die Anordnung der Körbchen im gesamten Blütenstand. Der „Köpfchenstand-Status“ schließlich bezieht sich sowohl auf die Dichte der Köpfchenstände als auch auf ihre Größe.

Die Silberschwert-Gruppe kann anhand dieser Merkmale in acht Gruppen und vier Kladen untergliedert werden (detaillierte Auflistung im Online-Zusatzmaterial). Die einzelnen Arten der acht Gruppen werden durch ihre einzigartigen Kombinationen von Merkmalsausprägungen definiert. Es handelt sich dabei um die Eigenschaften, die in Tab. 1 aufgelistet sind. Obwohl diese Anzahl begrenzt ist, ist die Kombination von Merkmalsausprägungen dennoch einzigartig für jede Art. Die Merkmalsausprägungen helfen jedoch nicht nur bei der Unterscheidung von Arten, sondern verleihen den Arten auch ihre Einzigartigkeit.

Präexistente Merkmalsausprägungen

Eine Pflanze ist (wie jeder Organismus) die Summe ihrer Merkmale. Jedes Merkmal wiederum hat eine Reihe von alternativen Ausprägungen, die als Merkmalsausprägungen bezeichnet werden und die sich von Art zu Art unterscheiden. Arten innerhalb einer Familie werden durch die einzigartige Kombination von Merkmalsausprägungen definiert, die sie besitzen.

Man kann davon ausgehen, dass diese Merkmalsausprägungen als präexistente genetische Programme (teils latent) in der Silberschwert-Gruppe codiert waren. Bei der Meiose* werden die Merkmalsausprägungen aufgespalten. Dabei können einige davon verloren gehen, aber durch Hybridisierung auch wiederhergestellt werden. Solche Vorgänge kann man als *cis*-Evolution bezeichnen (vgl. Kasten). Die resultieren-

Tab. 1 Alternative Merkmalsausprägungen

1. **Geografisches Gebiet:** Kaua'i, O'ahu, Maui, Hawai'i, Osten, Westen
2. **Karyotyp/Ökozone:** Chromosomenzahl / trocken, nass, Moor, alpin
3. **Pflanzenhabitus:** Baum, Strauch, Rosettenpflanze, Polsterpflanze, kriechend, Liane
4. **Verzweigungstyp:** basal, kaudal, terminal (am oberen Ende), kriechend, kurz
5. **Form / Länge der Äste:** spärlich, dicht / kurz, mittel, lang
6. **Blattform / Ausprägung:** breit, lanzettlich, schwertförmig / nicht sukkulent, sukkulent, gezackt
7. **Blattzustand / Blattgröße:** spärlich, dicht / winzig, schmal
8. **Pflanzenhaare:** kahl, flaumhaarig, stärker behaart
9. **Blühverhalten:** monokarp (einmalige Blütenbildung), polykarp (mehrmalige Blütenbildung)
10. **Farbe / Größe Körbchen:** weiß, gelb, violett / klein, mittel, groß
11. **Köpfchenstand-Typ:** Schirmtraube, zweifache Traube, dichasial, Scheinquirl, Typ dreifache Traube, Rispe, polychasiale Zyme, Dolde
12. **Köpfchenstand-Status / Größe:** einfach, spärlich, dicht / klein, mittel, groß

Glossar

Adaptive Radiation: Entstehung vieler unterschiedlich angepasster Arten aus einer Stammform.

Antherenröhre: Zu einer schmalen Röhre verwachsene Staubbeutel; die Staubfäden bleiben dabei jedoch frei.

anzestral: Einen stammesgeschichtlichen Vorläufer betreffend

Art (im Mendel'schen Sinne): Gruppe, die sich reinerbig durch eine einzigartige Kombination von Merkmalsausprägungen auszeichnet.

Braktee: Hochblatt, Blatt im Bereich des Blütenstandes

dimorph: Es kommen zwei gestaltliche Ausprägungen vor.

endemisch: In einem begrenzten Gebiet vorkommend

Fortpflanzungsisolation: Trennung von Populationen und Unterdrückung eines Genaustauschs.

Genom: Gesamtheit des Erbguts eines Individuums.

Gesetz der exponentiellen Kombination von Merkmalsausprägungen: Mit der linearen Zunahme der Anzahl der Merkmale steigt die Anzahl der Merkmalskombinationen exponentiell.

heterozygot: Mischerbig; zwei Allele desselben Gens eines Individuums sind verschieden

Hybride: Mischling.

libriform: Länglich und dickwandig, mit verschmälertem Ende.

Meiose: Reifeteilung, Bildung der Geschlechtszellen.

Merkmal: Bestimmtes Kennzeichen des Phänotyps, entspricht einem Gen (oder mehreren). Beispiel: Das Merkmal „Blü-

tenfarbe“ (nicht: die tatsächlich ausgeprägte Farbe selbst).

Merkmalsausprägung: Spezifische phänotypische Ausprägung eines Merkmals, oft entsprechend einem bestimmten → Allel eines Gens. Beispiel: Verschiedene Farben einer Blüte.

modal: Kombination von Merkmalen, die bei einer Art am häufigsten vorkommt.

monomorph: Es kommt nur eine gestaltliche Ausprägung vor.

morphologisch: Die äußere Gestalt betreffend.

Pappus: Gruppe von Haaren, Schuppen, Grannen oder Borsten

phänotypisch: Äußere Erscheinungsform (→ Morphologie, Anatomie, Physiologie) betreffend.

Polyploidie: Vervielfachung (meist Verdopplung) des gesamten Erbguts.

Radiation: → adaptive Radiation

rRNA: Ribosomale RNA

Spreublatt: Stark reduziertes → Tragblatt, in dessen Achsel die Einzelblüten eines Blütenkörbchens sitzen (auch Palea genannt)

Tarweeds: Der Begriff „Tarweeds“ könnte zwar als „Teerkräuter“ übersetzt werden; im Deutschen wird dieser Begriff aber bereits für einige Sommerwurz-Arten (Gattung *Orobanche*) verwendet. Daher wird im Text die Bezeichnung „Tarweeds“ genutzt.

Tragblatt: Ein Blatt, das in seiner Blattachsel einen Seitenspross trägt.

Tribus: Taxonomische Kategorie zwischen Gattung und Familie

Turgor: Druck der Zellflüssigkeit

tationen basiert, die aber von negativen Mutationen begleitet werden. Eine Fülle von vitalen Arten, die manchmal gemeinsame Merkmale aufweisen, ist ein allgemeines Kennzeichen adaptiver Radiationen (CROMPTON 2019b; 2020b). Besonders bekannt ist diese Situation bei den Buntbarschen der großen Seen Afrikas (JOYCE et al. 2005). Sie wurde auch intensiv an karibischen *Anolis*-Eidechsen untersucht, wo die Merkmalsverteilungen einem gleichförmigen Muster folgen, das auf allen vier großen Karibik-Inseln beobachtet wurde (BERNER & SALZBURGER 2015).

Eine weitere wertvolle Einsicht bezieht sich darauf, wie sich Arten im Laufe der Zeit in Bezug auf ihr Potenzial für phänotypische Variation verändern können. Dieses Potenzial wird als Heterozygotie*-Wert abgeschätzt. Er ist ein indirektes Maß für die genetische Vielfalt und wird durch das Ausmaß alternativer Merkmalsausprägungen bei den Arten innerhalb einer Gruppe bestimmt. Jede Gruppe hat eine „typische“ oder modale* Kombination von Merkmalsausprägungen, die ihre Mitglieder normalerweise aufweisen. Wenn eine Gruppe eine geringe Heterozygotie aufweist, weisen die betreffenden Arten eine entsprechend geringe Abweichung von dieser modalen Kombination der Merkmalsausprägungen auf. Wenn eine Gruppe jedoch eine große Heterozygotie aufweist, werden die betreffenden Arten eine signifikante Abweichung von dieser Kombination der Merkmalsausprägungen aufweisen.

Wenn die adaptive Radiation in der Silberschwert-Gruppe aus Mendel'scher Artbildung resultiert, wird die Heterozygotie mit der Zeit abnehmen (CROMPTON 2019b; 2020a). Alte, basale, noch allelreiche Arten werden höhere Werte haben, rezente Arten (Kronenarten) dagegen niedrigere (nach wiederholter Fortpflanzungsisolation und Allelfixierung).

Tab. 2 zeigt, dass Klade Wilkesia auf Kaua'i (Abb. 12) die größte Heterozygotie (Wert 8,2) und Klade *Argyroxiphium* auf Maui (Introbild) und Hawaii (Big Island, Abb. 4) die geringste Heterozygotie (Wert 2,7) aufweist. Dies bestätigt, dass die adaptive Radiation auf Kaua'i (der ältesten Insel) mit Arten begann, die ein signifi-

Je älter die Klade, desto größer die Mischerbigkeit – eine Bestätigung von Mendels Modell.

den Nachkommen weisen eine gesunde Vitalität und eine beträchtliche Vielfalt auf. Dagegen soll eine Folge mehrerer vorteilhafter Mutationen als *trans*-Evolution bezeichnet werden. Das Mutationsgeschehen hat jedoch zur Folge, dass Merkmalsausprägungen oft von nachteiligen Mutationen begleitet werden (die durch Selektion schließlich eliminiert werden). Daraus folgt die Vorhersage, dass die Nachkommen durch *trans*-Evolution Defekte und eine verminderte Vitalität aufweisen.

Die in der Silberschwert-Gruppe beobachtete Artenvielfalt erfüllt die Vorhersagen der *cis*-Evolution und der Mendel'schen Artbildung trotz gelegentlichen Auftretens von Missbildungen weit besser als die Vorhersagen der *trans*-Evolution, die auf mehreren vorteilhaften Mu-

Wilkesia	8,2 (= 41/5)
Dubautia K+	4,2 (= 59/14)
Dubautia OMH	4,2 (= 50/12)
Argyroxiphium	2,7 (= 16/6)

Tab. 2 Heterozygotie-Werte der vier Kladen = Anzahl der Abweichungen von der normalen Ausprägung der Merkmale in einer Klade im Verhältnis zur Gesamtzahl der Arten der Kladen.

kantes Potenzial für phänotypische Variation hatten (hochgradig heterozygot). Seither ist die Radiation bis nach Maui und Hawaii (die jüngsten Inseln) fortgeschritten, und neuere Arten zeigen ein vermindertes Potenzial für phänotypische Variation (wenig heterozygot). Dieser Rückgang der Heterozygotie ist zu erwarten, wenn der genetische Mechanismus, der die Artbildung verursacht, in der von MENDEL beschriebenen Form als Folge der Meiose erfolgt (CROMPTON 2019b; 2020a). Wenn Arten dagegen durch mehrere vorteilhafte Mutationen entstanden sind, würden im Laufe der Zeit immer mehr Arten durch immer mehr Mutationsereignisse entstehen. Je größer die Zahl der Mutationsereignisse ist, desto größer ist die zu erwartende Heterozygotie. Es ist klar zu sehen, dass die Beobachtungen zur Diversität diejenige Form der Artbildung unterstützen, die sich aus den Mendel'schen Mechanismen ergibt, und nicht die andere Form, die aus mehreren vorteilhaften Mutationen resultiert.

Fazit und Ausblick

Die bisher vorgestellten Daten zur Formenvielfalt der Silberschwerter legt eine Artbildung nach dem Mendel'schen Modell nahe. Das bedeutet, dass sie auf präexistenten Variationsprogrammen beruht. Im zweiten Teil in der nächsten Ausgabe von *Studium Integrale Journal* wird ein Überblick über Hybriden unter den Silberschwertern gegeben und es wird diskutiert, welche Schlussfolgerungen aus ihren Merkmalen in Bezug auf die Entstehungsweise der Silberschwert-Arten gezogen werden können. Außerdem geht es auf Spurensuche, wie die Artbildung dieser formenreichen Gruppe begonnen hat und wie ihre Radiation verlaufen sein könnte.

Literatur

- BALDWIN BG (2003a) Natural history of the continental tarweeds and the Hawaiian Silversword Alliance (Asteraceae-Madiinae). In: CARLQUIST S, BALDWIN BG & CARR GD (eds) *Tarweeds and Silverswords: evolution of the Madiinae (Asteraceae)*. Missouri Botanical Garden Press; St. Louis, Missouri, USA, pp 1–16.
- BALDWIN BG (2003b) A phylogenetic perspective on the origin and evolution of Madiinae. In: CARLQUIST S, BALDWIN BG & CARR GD (eds) *Tarweeds and Silverswords: evolution of the Madiinae (Asteraceae)*. Missouri Botanical Garden Press; St. Louis, Missouri, USA, pp 1–16.
- BEHE M (2019) *Darwin Devolves*. Harper Collins, New York.
- BERNER D & SALZBURGER W (2015) The genomics of organismal diversification by adaptive radiations. *Trends Genet.* 31, 491–499.
- CARLQUIST S (1959) Studies on Madiinae: anatomy, cytology, and evolutionary relationships. *Aliso* 4, 171–236.



Abb. 12 *Wilkesia*-Feld am Kukui-Pfad, Waimea Canyon. (Foto: Nigel CROMPTON)

- CARLQUIST S (2003) Wood anatomy of Madiinae in relation to ecological diversification. In: CARLQUIST S, BALDWIN BG & CARR GD (eds) *Tarweeds and Silverswords: evolution of the Madiinae (Asteraceae)*. Missouri Botanical Garden Press; St. Louis, Missouri, USA, pp 129–144.
- CARLQUIST S, BALDWIN BG & CARR GD (eds, 2003) *Tarweeds and Silverswords: evolution of the Madiinae (Asteraceae)*. Missouri Botanical Garden Press; St. Louis, Missouri, USA.
- CLAUSEN J (1951) *Stages in the evolution of plant species*. Cornell University Press, Ithaca, New York.
- CROMPTON N (2019a) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? *Stud. Integr. J.* 26, 86–92.
- CROMPTON N (2019b) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. Special Paper, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-3_mendel.pdf.
- CROMPTON N (2020a) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 2. Latente Information und präexistente genetische Programme. *Stud. Integr. J.* 27, 12–19.
- CROMPTON N (2020b) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 3. Fortpflanzungsisolierung und adaptive Radiationen. *Stud. Integr. J.* 27, 78–87.
- FUNK VA, SUSANNA A, STEUSSY TF & ROBINSON H (2009) Classification of Compositae. In: FUNK VA, SUSANNA A, STEUSSY TF & BAYER R (eds) *Systematics, evolution and biogeography of the Compositae*. Int. Assoc. Plant Taxon., Vienna, pp 171–189.
- JOYCE DA, LUNT DH, BILLS R, TURNER GF, KATONGO C, DUFTNER N, STURMBAUER C & SEEHAUSEN O (2005) An extant cichlid fish radiation emerged in an extinct Pleistocene lake. *Nature* 435, 90–94.
- MAYR E (1942) *Systematics and the origin of species*. Columbia University, New York.
- MENDEL JG (1866) Versuche ueber Pflanzenhybriden. *Verh. Naturforsch. Verein Brünn* 4, 3–47.
- NEAL CA, BRANTLEY SR et al. (2019) The 2018 rift eruption and summit collapse of Kilauea Volcano. *Science* 363, 367–373.
- ROBINSON H (2004) New supertribes, Helianthodae and Senecionodae, for the subfamily Asteroideae (Asteraceae). *Phytologia* 86, 116–120.

Anschrift des Verfassers:

Nigel Crompton, SG Wort und Wissen,
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;
E-Mail: nigel.crompton@cornerstone.edu

Eine ausführlichere Version dieses Artikels findet sich unter https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-21-3_silberschwert.pdf



Über den Entwurf des Lebens: Genetische Redundanz

Lebende Systeme zeichnen sich durch eine Robustheit aus, die es ihnen ermöglicht, Störungen auszugleichen. Seit etwa 20 Jahren ist bekannt, dass durch sogenannte genetische Redundanz eventuelle Fehler leicht verkraftet werden (Fehlertoleranz). Es stellt sich heraus, dass Gene nicht „egoistisch“ und linear arbeiten, sondern in kooperierenden genetischen Netzwerken, in denen es keinen Selektionsdruck auf einzelne Gene gibt. Diese Netzwerkkonstruktionen sind ein großes Problem für die Selektionshypothese der Evolutionstheorie, werden aber auf der Grundlage eines intelligenten Designs erwartet.

Peter Borger

Eine unerwartete Entdeckung

Die Entdeckung der wichtigsten Prozesse der Molekularbiologie in der zweiten Hälfte des 20. Jahrhunderts ebnete den Weg für ein gründlicheres Verständnis der Komplexität des Lebens. Einer der Schwerpunkte war die Entwicklung fortgeschrittener Technologien zur Aufklärung der Funktion von Proteinen. Eine dieser Technologien führt zu einem sog. *Knockout**, einer Labormaus, in der man die Ausprägung eines bestimmten Gens verhindert, damit das entsprechende Protein nicht mehr gebildet werden kann (BEVAN 2010). Theoretisch könnte der Phänotyp* einer Maus, der ein bestimmtes Gen fehlt, aufgrund einer dadurch verursachten Veränderung wesentliche Informationen über die Funktion dieses Gens liefern. Denn der entsprechende Phänotyp sollte einen Mangel aufweisen, aus dem die Funktion des ausgeschalteten Gens erschlossen werden kann.

Um solche *Knockout*-Mäuse zu erzeugen, setzen Molekularbiologen zunächst einen sog.

Marker* in das betreffende Gen einer embryonalen Stammzelle. Der Marker hat zwei Funktionen. Erstens wird die Nukleotidsequenz des Gens durch den Marker unterbrochen, sodass kein funktionelles Protein mehr erzeugt werden kann. Zweitens weist der Marker darauf hin, welcher Teil der Nachkommen *Knockouts* sind, da er von den Forschern in diesen Nachkommen nachgewiesen werden kann.

Dann wird der Zellkern der manipulierten embryonalen Stammzelle in die Eizelle einer Maus injiziert, die entstandene Zygote zurück in die Gebärmutter transplantiert und auf die Nachkommen der pseudoschwangeren Maus gewartet. Der Nachwuchs wird dann anhand des genetischen Markers ausgewählt. Das Gen, dessen Funktion die Forscher herausfinden wollen, ist in diesen Organismen also unterbrochen und damit funktionslos. Diese Mäuse sind aber noch keine *Knockouts*, denn bei ihnen ist nur *ein* Gen unterbrochen. Wie in allen sich sexuell vermehrenden Organismen kommen auch bei Mäusen die Gene paarweise vor, da sie

Introbild Eine der großen Überraschungen der modernen funktionellen Genomik ist der so genannte *Knockout* ohne Phänotyp, bei dem genetische Information entfernt wird, ohne dass der Phänotyp des Organismus beeinträchtigt wird. Unabhängig davon, ob das Gen vorhanden ist oder nicht, unterscheiden sich Geschwister nicht. Unglaubliche 10–15 % der Gene eines Labororganismus zeigen nach ihrer Entfernung keinen veränderten Phänotyp. (Pakhnyushchy, AdobeStock)

von beiden Elternteilen je eine Kopie bekommen. Um einen richtigen *Knockout* zu erzeugen, müssen jedoch beide Gene inaktiviert werden. Von den ersten Nachkommen braucht man nur ein Männchen und ein Weibchen zu kreuzen, die beide den Marker aufweisen, um einen vollständigen *Knockout* zu erhalten. Falls man die zwei markierten Geschwister kreuzt, wird gemäß MENDELS Gesetzen ein Viertel der Nachkommen tatsächlich zwei unterbrochene Gene haben. Diese Mäuse, die das zugehörige Protein überhaupt nicht mehr synthetisieren können, sind die *Knockouts* (Abb. 1).

Heutzutage gibt es für fast alle menschlichen Gene, die auch in Mäusen vorkommen, einen Maus-*Knockout*, bei dem das entsprechende Gen fehlt. Es gibt kommerzielle Anbieter, bei denen man jeden beliebigen *Knockout* bestellen kann. Tausende und Abertausende von *Knockouts* haben unser Wissen über die Funktionsweise des Genoms* um ein Vielfaches erweitert.

Die Untersuchung der *Knockouts* erbrachte aber auch eine Überraschung: *Knockouts* ohne veränderten Phänotyp. Sie weisen trotz des ausgeschalteten Gens nach der Geburt keine auffälligen Merkmale (Defizite) auf. Sollten sämtliche Gene eine messbare Fitness und einen selektierbaren Wert haben, so müssten alle *Knockouts* einen messbar veränderten Phänotyp besitzen. Viele *Knockouts* treten aber ohne phänotypische Anomalien auf, zeigen keine offensichtlichen Fitness-Effekte oder zeigen diese erst nach der Inaktivierung weiterer Gene. Die *Knockouts* ohne veränderten Phänotyp zeigen, dass es Gene gibt, die ohne Weiteres ausgeschaltet werden

Kompakt

In der funktionellen Genomik wird die Funktion von Genen mit Hilfe von Gen-Knockouts erforscht. Dabei wird in sogenannten Modellorganismen ein Gen technisch inaktiviert. Die Idee ist, dass das Ausschalten des Gens dazu führt, dass der entsprechende Phänotyp* Defekte aufweist und es auf diese Weise Aufschluss über die Funktion des Gens gibt. Die Funktion vieler Gene lässt sich jedoch nicht aufklären, da die Ausschaltung der Gene oft keine direkten Auswirkungen auf den Phänotyp hat.

Seit dieses Phänomen Anfang der 1990er-Jahre zum ersten Mal beobachtet wurde, stießen diese so genannten „Knockouts ohne Phänotyp“ auf große Skepsis. Doch die funktionelle Genomik des späten 20. und frühen 21. Jahrhunderts hat uns zwei wichtige Lektionen gelehrt. Erstens können zwei oder mehr Gene, die untereinander nicht ähnlich sind, einander oft ersetzen. Zweitens gibt es Gene im Genom*, deren Inaktivierung im Labor keine offensichtlichen negativen Auswirkungen und keinen messbaren Einfluss auf die Fitness des Organismus hat. Die Gene sind redundant. Genetische Redundanz, eine der großen Überraschungen der modernen Biologie, kann somit als Zustand definiert werden, in dem die Inaktivierung eines Gens bezüglich der Selektion neutral ist.

Der *Knockout* ohne Auswirkungen auf den Phänotyp (engl: *no-phenotype knockout*) ist nicht nur eine Kuriosität aus dem Labor. Genetische Varianten der freien Wildbahn, die als homozygote „Loss-of-Function“ (HLOF)-Varianten bekannt sind, sind von erheblichem wissenschaftlichem und klinischem Interesse, da sie als „natürliche *Knockouts*“ bezeichnet werden können. Solche natürlichen *Knockouts* stellen die konventionelle evolutionstheoretische Interpretation in Frage, dass genetische Information das Ergebnis natürlicher Selektion ist.

können, ohne Auswirkungen oder mit nur sehr geringen Effekten auf den Phänotyp. Zahlreiche Gene scheinen sogar keine einzige messbare Funktion zu haben.

Die Gene, deren Funktion man nicht experimentell feststellen kann, werden redundante Gene genannt. Die Entdeckung der genetischen Redundanz war eine der größten Überraschungen der modernen Biologie. Redun-

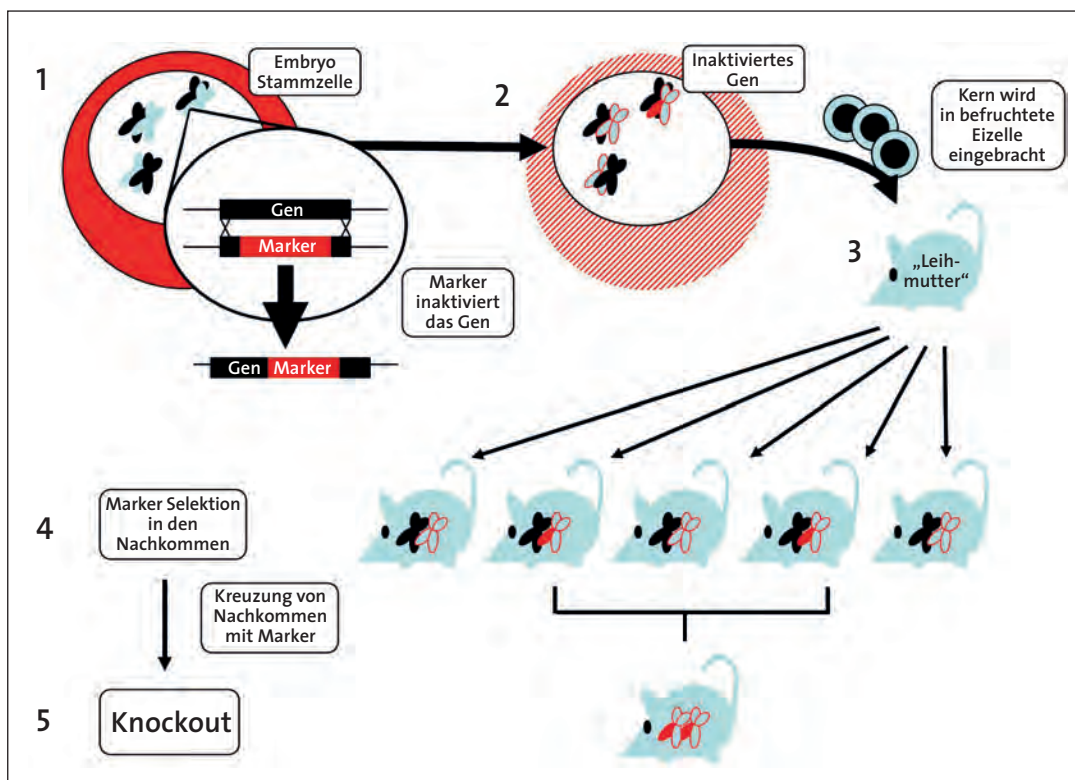


Abb. 1 Schematische Darstellung der Herstellung eines *Knockouts*. Um ein bestimmtes Gen in einer Maus auszuschalten, wird ein genetischer Marker so konzipiert, dass er in das betreffende Gen in einer embryonalen Stammzelle integriert werden kann (1). Danach wird der Zellkern dieser Stammzelle in Eizellen eingebracht (2), die dann in eine pseudoträchtige Maus übertragen werden (3). Mehrere der Neugeborenen werden Träger des unterbrochenen Gens sein (4). Durch Kreuzung dieser Träger, die mit Hilfe des Markers ausgewählt werden können, wird sichergestellt, dass die zweite Generation *Knockouts* hervorbringt, bei denen beide Gene unterbrochen sind (5).

Redundanz ist ein Ingenieursprinzip, wobei zusätzliche, funktional vergleichbare technische Systeme mit eingebaut werden.

danz ist ein Ingenieursprinzip, wobei zusätzliche, funktional gleiche oder vergleichbare technische Systeme mit eingebaut werden, auch wenn diese für einen störungsfreien Betrieb im Normalfall nicht direkt benötigt werden.

Acht genetische Schalter

Eines der faszinierendsten Beispiele von genetischer Redundanz findet sich in der *SRC*-Familie der *Tyrosin-Kinasen*, einer Gruppe von acht Genen, die für sog. Kernrezeptoren codieren – molekulare Schalter, die die Entwicklung und Vermehrung der Zellen regulieren. Vier verwandte Mitglieder der Familie heißen *SRC*, *YES*, *FYN* und *FGR*, während die anderen Mitglieder als *BLK*, *HCK*, *LCK* und *LYN* bezeichnet werden. Auf molekularer Ebene übertragen sie eine Phosphatgruppe auf die Aminosäure Tyrosin, aber nur, wenn diese in einer bestimmten Kombination mit anderen Aminosäuren in einem Protein vorhanden ist. Das Ergebnis dieser Übertragung ist, dass das Protein aktiviert wird, um danach selbst als Schalter zu fungieren. Im evolutionären Erklärungsrahmen vermutet man, dass die acht unterschiedlichen Gene, die für die acht Tyrosin-Kinasen codieren, durch Genduplikationen entstanden sind (TOBY & SPRING 1998).

Die acht *SRC*-Gene codieren also für informationsübertragende Proteine, welche das Innere der Zelle über ihre Umwelt informieren. Wird ein Kernrezeptor von einem Hormon aktiviert, dann wird eine der Aminosäuren (Tyrosin) des Rezeptors kurzfristig phosphoryliert und daraufhin sofort wieder entphosphoryliert. Dieses sehr flüchtige Signal reicht, um das Zellteilungsprogramm im Zellkern zu aktivieren. Es wird aber danach sofort wieder abgeschaltet. Würde es zu lange aktiv bleiben, so wäre das Zellvermehrungsprogramm permanent aktiviert. Darum ist es vorhersehbar, dass Mitglieder der *SRC*-Familie zu den gefährlichsten Genen gehören, die wir aus der Krebsforschung kennen. Denn unkontrollierte Vermehrung bedeutet Krebs. Diese Gene sind häufig die molekulargenetische Ursache von Leukämien und Tumoren, da sie bereits infolge nur einer einzigen Mutation, die das Protein verändert, eine gestörte Zellteilung hervorrufen können. Sogar einzelne Punktmutationen, die zur Folge haben, dass jeweils nur eine einzige falsche Aminosäure eingebaut wird, können tödlich sein. Mutierte *SRC*-Proteine sind darum so gefährlich, weil sie

immer wieder eine Flut falscher Informationen weitergeben und dadurch dann die Zellvermehrung immer weiter ankurbeln. Das Resultat ist Krebs. Was alles noch weiter verschlimmert, ist eine Häufung solcher Mutationen. Eine einzige Mutation reicht aus, um Krebs zu verursachen, da der Ein-Schalter nicht durch den Aus-Schalter – das normal funktionierende (d. h. nicht mutierte Gen) – kompensiert werden kann.¹

Um die Funktionen der *SRC*-Familie besser zu verstehen, wurden *Knockouts* für alle acht Gene angefertigt. Nur fünf wiesen einen auffälligen Phänotyp aus; die restlichen zeigten keine Abnormitäten. Die betreffenden *Knockouts* entwickelten keine Tumore und hatten keine auffälligen Zellteilungsstörungen. Das unerwartete Ausbleiben von Folgen und die daher mutmaßliche Redundanz wirft eine grundlegende Herkunftsfrage auf. Wenn diese Genfamilie auf Genduplikationen zurückgeht, wie haben sie sich dann durch Mutationen differenziert, ohne Krebs auszulösen? Offensichtlich haben die Gene neue Funktionen übernommen, ohne dass Mutationen Krebs auslösen – aber wie? Die Existenz der *SRC*-Genfamilie wird in der Literatur wie folgt erklärt:

„Viele, vielleicht alle proteinschädigenden Punktmutationen, die man in der redundanten, genetischen Familie der *SRC*-ähnlichen Proteine antrifft, führen gleichfalls zu Phänotypen, die nicht lebensfähig sind und den Organismus töten. Darum kann die genetische Redundanz durch eine Anhäufung von Punktmutationen nicht verschwinden“ (TOBY & SPRING 1998).

Da nach diesem Szenario alle Mutationen tödlich sind, müssen die *SRC*-Gene für immer im Genom verbleiben. Mutationen, die sofort zum Tod führen, werfen daher eine interessante Frage nach dem Ursprung der betreffenden Gene auf. Wenn Mutationen in *SRC*-Genen wirklich potenziell so schädlich sind, dass jede Mutation Krebs auslöst, wie konnte dann diese erweiterte Genfamilie durch Genduplikation entstanden sein und sich anschließend durch Mutationen überhaupt erst diversifizieren? Nach der ersten Verdopplung durfte sich keines der Gene verändern, weil das einen nicht lebensfähigen Phänotyp hervorrufen und den Organismus durch Krebs töten würde. Es musste also ständig gegen aminosäureverändernde Mutationen in den *SRC*-Genen selektiert worden sein. Das Gleiche gilt für alle weiteren Genduplikationen. Neue Genkopien dürfen nur an

¹ Da wir von allen Genen zwei Kopien haben (das eine stammt vom Vater, das andere von der Mutter), reicht ein funktionierendes Gen oft aus, um eine normale Funktion zu gewährleisten. Bei dominanten Gain-of-Function-Mutationen, wie der *SRC*-Genfamilie, ist dies jedoch nicht der Fall.

neutralen Stellen mutieren, die keine Aminosäure im Protein ersetzen, da der Organismus an Tumoren sterben würde. Eine permanente reinigende Auslese (engl: purifying selection) müsste stattfinden, um zu verhindern, dass Änderungen der Proteine sich etablieren. Wir müssten daher aktuell immer noch acht identische Proteine antreffen, was den biologischen Tatsachen aber nicht entspricht: Proteine der SRC-Familie unterscheiden sich deutlich voneinander.

Natürliche *Knockouts*: Die natürliche Auslese ausgeknockt

1964 gewann der finnische Skilangläufer Eero Maentyranta zwei Goldmedaillen bei den Olympischen Winterspielen in Innsbruck. Wie es sich für einen Olympioniken gehört, war sein Erfolg über 15 und 30 km von Kontroversen begleitet. Tests ergaben, dass er 15 % mehr rote Blutkörperchen hatte als normale Probanden, und Maentyranta wurde beschuldigt, seine roten Blutkörperchen durch Doping erhöht zu haben. Es konnte jedoch keine Spur von Blutdoping gefunden werden.

Damals wusste niemand davon, aber die moderne Biologie zeigte, dass Maentyranta ein mutiertes EPO-Gen hatte, das für Erythropoietin codiert, einen Botenstoff, der das Knochenmark anregt, die Produktion roter Blutkörperchen zu erhöhen. Im Normalfall bindet sich dazu EPO an den EPO-Rezeptor, das Protein, das die biologische Wirkung des Botenstoffs EPO vermittelt. Nach der Bindung von EPO erzeugt der EPO-Rezeptor zwei entgegengesetzte Signale: eines, das die Zellen des Knochenmarks anregt, rote Blutkörperchen zu bilden (der An-Schalter), und eines, das die Produktion roter Blutkörperchen reduziert (der Aus-Schalter). Dieser selbstregulierende Mechanismus sorgt für eine ausgewogene Produktion roter Blutkörperchen. Im Jahr 1993 stellte sich heraus, dass der Olympiasieger eine Mutation hatte, die den Aus-Schalter ausschaltete (DE LA CHAPELLE et al. 1993). Der EPO-Rezeptor des finnischen Sportlers erzeugte ein normales Aktivierungssignal, aber nicht das Inaktivierungssignal. Menschen können mit einem EPO-Rezeptor, bei dem nur der An-Schalter funktioniert, gute Leistungen erbringen. Ein Teil der Funktionalität ist also verzichtbar; der *Knockout* ist verkraftbar.

Mit der Zeit wurden weitere Gene entdeckt, deren Verlust verkraftbar ist. So zeigte sich, dass der Mensch auf das muskelfaserproduzierende *ACTN3*-Gen verzichten kann (NORTH et al. 1999). Außerdem können Menschen ohne das *CCR5*-Gen, das für die Caspase-12 codiert (WATERSON et al. 2005) existieren; dieses Gen

darf fehlen (GALVANI & NOVEMBRE 2005). Ebenso gibt es Menschen, die einige der *GST*-Gene entbehren können, die an der Entgiftung der im Zigarettenrauch enthaltenen polyzyklischen aromatischen Kohlenwasserstoffe beteiligt sind (VAN DIEMEN 2008). Für alle diese Gene wurden in völlig gesunden Teilpopulationen von Menschen natürliche *Knockouts* gefunden (BORGER 2017). Eine große Überraschung.

Fasziniert von der Vorstellung, dass es in der menschlichen Bevölkerung völlig gesunde natürliche *Knockouts* gibt, begann eine australische Forschergruppe um Daniel MACARTHUR, menschliche Genome zu untersuchen, um sog. homozygote „Loss-of-Function“ (HLOF)-Varianten zu finden. Solche Genvarianten können als natürliche *Knockouts* angesehen werden. Nachdem sie Genome von 185 Menschen gescannt hatten, fanden sie heraus, dass der durchschnittliche gesunde Mensch etwa 100 defekte Gene trägt, die meisten davon in heterozygotem* Zustand, wo das intakte Gen in der Regel das defekte Gen „ausgleichen“ kann. 20 davon sind jedoch in homozygotem* Zustand vorhanden (MACARTHUR et al. 2012). Dies zeigt, dass in jedem Individuum der menschlichen Population ein natürlicher *Knockout* für 20 Gene vorliegt und somit der Bauplan von 20 Proteinen fehlt! Die Forscher wiesen auch nach, dass mehrere der fehlenden Gene eine Rolle im Geruchssinn spielen. Andere waren Mitglieder von sich funktionell überschneidenden Genfamilien, was darauf hindeutet, dass die inaktivierten Gene verloren gehen konnten, weil an anderer Stelle im Genom ein Ersatz vorhanden war. Unter den insgesamt ca. 100 defekten Genen sind 24, von denen bekannt ist, dass sie an schwerwiegenden Krankheiten beteiligt sind, darunter *Osteogenesis imperfecta* (sog. Glasknochenkrankheit) und Harlekin-Ichthyose (sehr seltene Hauterkrankung); außerdem 21 krankheitsverursachende Gene, die jedoch alle nur in einer Kopie bei den betroffenen Personen vorhanden waren (KAISER 2014).

Die meisten der natürlichen *Knockouts* wurden bei weniger als 2 % der Population gefunden. Wie die im Labor erzeugten *Knockouts* bei Mäusen wurden viele menschliche *Knockouts* nicht mit Krankheiten in Verbindung gebracht, was bedeutet, dass die natürliche Auslese nicht in der Lage ist, solche schwächenden Mutationen zu entfernen. Kürzlich wurde der Katalog der bekannten menschlichen HLOF-Mutationen durch die Verwendung von 1432 Ganz-Exom-Sequenzen* aus fünf europäischen Populationen erweitert; nach strenger Filterung wurden insgesamt 173 HLOF-Mutationen identifiziert, von denen 76 (44 %) zuvor nicht beobachtet worden waren (KAISER et al. 2015). Das *Exome Aggregation Consortium* (ExAC), das

die größte Datenbank für Variationen in menschlichen proteincodierenden Regionen erstellt hat, hat Sequenzdaten von mehr als 60.000 Personen zusammengetragen, einschließlich aller vorhandenen Genvarianten in vielen unterschiedlichen menschlichen Populationen. Diese Datenbank ermöglicht die Festlegung objektiver Pathogenitätskriterien für Sequenzvarianten und somit die Identifizierung von Genen, die einer starken Selektion gegen verschiedene Mutationsklassen unterliegen. In diesem enormen Datensatz wurden nur 3230 pathogene Genvarianten der etwa 20.000 menschlichen proteincodierenden Gene identifiziert (LEK et al. 2016). Mit anderen Worten: Obwohl ein großer Teil der proteincodierenden Gene im menschlichen Genom bei einem oder mehreren Individuen inaktiv ist, erzeugt dies trotzdem keine genetischen Erkrankungen oder Fehlbildungen.

Genetische Redundanz ist die Regel, nicht die Ausnahme

Im Säugetiergenom werden acht verschiedene Histon-H1-Proteine von ebenso vielen Histon-H1-Genen codiert. Sie spielen eine Rolle in der Strukturierung der Chromosomen. Wissenschaftler des Albert Einstein College of Medicine in New York wollten wissen, wozu diese Proteine benötigt werden und schalteten die acht Gene, die für diese Proteine codieren, nacheinander in Mäusen aus (FAN et al. 2001). Es zeigte sich, dass Mäuse, in denen das Histon H1o entfernt worden war, völlig normal waren. Erstaunlicherweise konnte man problemlos sogar zwei dieser Gene aus dem Genom entfernen, ohne dass dies Folgen für die Mäuse hatte. Man staunte darüber, dass kein einziges Tier – sogenannte *Double-Knockouts* – einen auffallenden Phänotyp aufwies.

Auch Pflanzen zeigen ein solches Über-Design. Mit diesem Begriff ist gemeint, dass es Gene zu geben scheint, die verzichtbar sind, möglicherweise aber als Redundanzen fungieren. Bei der Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) hat man für fast alle Gene *Knockouts* kreiert. Eine Gruppe von Botanikern meldete, dass nur in weniger als 2% der fast zweihundert von ihnen gezeugten *Knockouts* eindeutig wahrnehmbare Änderungen im Phänotyp aufgetreten seien. Die meisten *Knockouts* waren einfach nicht zu unterscheiden von Pflanzen, bei denen das Gen noch normal funktionierte. Der übergroße Teil der Gene von *Arabidopsis* ist somit anscheinend redundant (BOUCHÉ & BOUCHEZ 2001). Dies ist ebenso die Quintessenz des Genomprojekts des Rundwürmchens *Caenorhabditis elegans*: Nahezu 90% aller *Knockouts* hatten über-

raschenderweise keinen nachweislich veränderten Phänotyp (CONANT & WAGNER 2004).

Knockout-Experimente haben deutlich gemacht, dass genetische Redundanz ein Hauptmerkmal aller untersuchten Lebensformen ist.

Eine ähnliche, fast vollständige Redundanz findet sich in Bakterien. In *Bacillus subtilis* sind nur 270 von den 4.100 Genen essenziell (KOBAYASHI et al. 2003), und in *Escherichia coli* sind es nur 303 von 4.300 Genen (BABA et al. 2006). Die einzelnen Gene der Bakterien können nahezu alle problemlos beseitigt werden, solange die essenziellen Gene des Genoms vorhanden bleiben. Es wird angenommen, dass die meisten *Knockouts* ohne Phänotyp-Veränderung nicht einmal gemeldet werden. PEARSON (2002) schreibt (in Übersetzung):

„[Das sind] viele dieser Dinge, von denen man nichts hört. *Knockouts* ohne Phänotyp-Veränderung sind negative Ergebnisse, und als solche werden sie normalerweise nicht in wissenschaftlichen Fachzeitschriften veröffentlicht, weil sie keinen Nachrichtenwert haben. Um diesem Problem zu begegnen, gibt es in der Zeitschrift *Molecular and Cellular Biology* seit 1999 einen Abschnitt über *Knockout*-Mäuse und andere mutierte Mäuse, die völlig normal erscheinen.“

Knockout-Experimente haben deutlich gemacht, dass genetische Redundanz ein Hauptmerkmal aller untersuchten Lebensformen ist. Der redundante Charakter der Gene bedeutet selbstverständlich nicht, dass sie keine biologischen Funktionen haben. Es bedeutet nur, dass diese Funktionen experimentell nicht mit der *Knockout*-Technik festgestellt werden können. Wenn Gene entfernt werden können, ohne dass dies dem Organismus Probleme bereitet, wäre es weit hergeholt zu behaupten, dass die natürliche Selektion die treibende Kraft war, die diese Gene geformt hat.

Ein Problem für die Evolutionstheorie

Wie kann genetische Redundanz im Genom stabil erhalten bleiben? Wie haben Organismen Gene entwickelt, die offensichtlich nicht der natürlichen Selektion unterliegen? Könnte genetische Redundanz von Genduplikationen (Verdopplungen) herrühren? Das einflussreiche Buch „*Evolution by Gene Duplication*“ von Susumo OHNO aus dem Jahr 1970 befasst sich mit dieser Idee (OHNO 1970; Abb. 2). Manchmal wird bei Zellteilungen ein Gen oder ein längerer Abschnitt biologischer Information dupliziert. Wenn die Duplikation in Keimbahnzellen

stattfindet und damit vererbbar wird, kann das gleiche Gen zweimal im Genom der Nachkommen vorhanden sein – ein genetisches Backup. OHNO argumentiert, dass Gen- und Genomverdopplungen die Hauptantriebskräfte für die zunehmende Komplexität der Lebewesen im Laufe der Darwin'schen Evolution sind. Er schlägt vor, dass Duplikationen von genetischem Material genetische Redundanzen schaffen, die dann Mutationen anhäufen und neue biologische Funktionen übernehmen können. Duplizierte DNA-Elemente unterliegen nicht der natürlichen Selektion und können frei in neue Gene umwandelt werden, so die Argumentation. Man geht davon aus, dass sich ein dupliziertes Gen im Laufe der Zeit aufgrund von Mutationen in den regulatorischen und codierenden Segmenten des Duplikats in seinen Ausprägungen (Expression) oder in seiner Funktion vom Ursprungsgen unterscheiden kann. Vorteilhafte Duplikate werden von der natürlichen Selektion sicherlich bevorzugt. Gleichzeitig schützt die genetische Redundanz alte Funktionen, wenn neue entstehen, und verringert so die Letalität von Mutationen. OHNO schätzt, dass für jedes neue Gen, das durch Duplikation entsteht, etwa zehn redundante Kopien zu den funktionslosen DNA-Basensequenzen hinzukommen müssen (OHNO 1973). Die Diversifizierung von dupliziertem genetischem Material ist heute die akzeptierte evolutionäre Standardvorstellung darüber, wie Genome an Information gewinnen. OHNOs Idee der Evolution durch Duplikation liefert auch eine Erklärung für die *Knockouts* ohne Phänotypveränderungen: Wenn sich Gene relativ häufig duplizieren, ist es plausibel, dass in den meisten Genomen ein gewisses Maß an Redundanz zu erwarten ist, da Duplikate einen Organismus mit Ersatzgenen versorgen. Wenn eines verloren geht oder inaktiviert wird, übernimmt das andere die Funktion. Die Theorie von OHNO sagt also einen Zusammenhang zwischen genetischer Redundanz und Genduplikation voraus.

Biologen haben diese Frage anhand der zahlreichen genetischen Daten von *Saccharomyces cerevisiae*, der gewöhnlichen Bäckerhefe, untersucht. Erstaunliche 60 % der Gene von *Saccharomyces* konnten inaktiviert werden, ohne dass ein veränderter Phänotyp auftrat (nicht-essenzielle Gene, vermutlich redundante Gene). 1999 berichteten WINZELER und Mitarbeiter in der Zeitschrift *Science* jedoch, dass nur 9 % der nicht-essenziellen Gene von *Saccharomyces* Sequenzähnlichkeiten mit anderen Genen im Hefegenom aufweisen und somit nur diese 9 % das Ergebnis von Duplikationsereignissen sein könnten (WINZELER et al. 1999). Die meisten nicht-essenziellen Gene von *Saccharomyces* sind also nicht mit anderen Genen im Hefegenom

Glossar

Evolvierbarkeit: Die Fähigkeit eines biologischen Systems, phänotypische Variationen hervorzubringen, die sowohl vererbbar als auch adaptiv (angepasst) sind.

Ganz-Exom-Sequenzen: Alle Sequenzen eines Genoms, die die proteincodierende genetische Information enthalten und in mRNA abgeschrieben werden.

Genom: Das komplette Erbgut eines Individuums

heterozygot: Ein Organismus ist heterozygot für ein Merkmal, wenn zwei unterschiedliche Kopien (Allele) eines bestimmten Gens auf den beiden Chromosomen vorliegen.

homozygot: Es liegen zwei gleiche Kopien (Allele) eines bestimmten Gens auf den beiden Chromosomen vor.

Knockout: Modellorganismus (z. B. eine

Labormaus), in der man ein bestimmtes Gen komplett inaktiviert, damit das entsprechende Protein nicht mehr gebildet werden kann.

Marker: Eindeutiges genetisches Merkmal, das man auf einfache Weise wiederfinden und während des Experiments verfolgen kann.

Neutrales Netzwerk: Netzwerk, das aus mehreren redundanten Komponenten besteht, die sich gegenseitig kompensieren können.

paraloges Gen: Ein Gen, dessen Ursprung in einer genetischen Duplikation vermutet wird.

Phänotyp: Das Erscheinungsbild, sämtliche äußeren Merkmale eines Organismus.

verwandt (wobei die Ähnlichkeit der Sequenzen bestimmt und diese als ein Maß der Verwandtschaft interpretiert wird), was darauf schließen lässt, dass sie nicht durch genetische Duplikationen entstanden sind.

Im Jahr 2000 bestätigte Andreas WAGNER die Ergebnisse von WINZELER (1999), dass es nicht wahrscheinlich ist, dass funktionsschwache oder funktionslose Gene sog. *paralogs* Gene innerhalb des Hefegenoms haben, also Gene, deren Ursprung in einer genetischen Duplikation vermutet wird. WAGNER kam zum Schluss, dass die mit genetischer Redundanz verbundene Robustheit nicht durch Genduplikation verursacht worden sein kann, sondern eher auf die Wechselwirkungen zwischen nicht verwandten

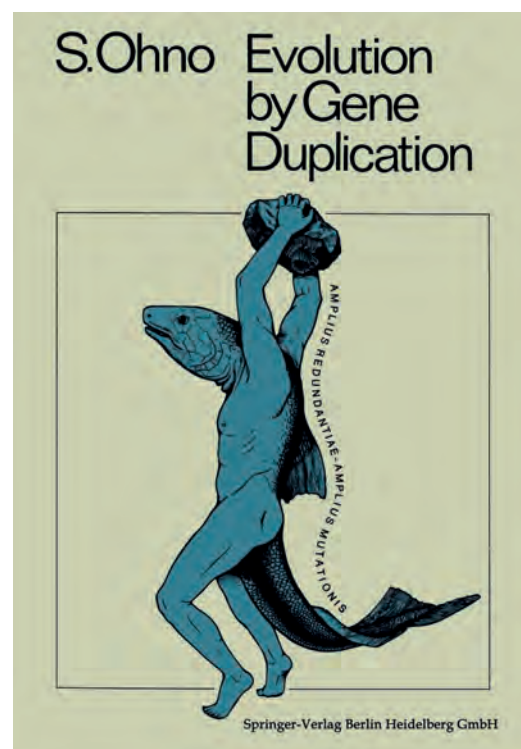


Abb. 2 Das einflussreiche Buch „Evolution by Gene Duplication“ von Susumu OHNO aus dem Jahr 1970 schien eine Erklärung für genetische Redundanz zu liefern: Redundanz durch Gen-Verdopplung (Duplikation). Anfang 2000 wurde jedoch nachgewiesen, dass genetische Redundanz nicht durch Genduplikationen erklärt werden kann.

Genen zurückzuführen ist (WAGNER 2000). Neuere Studien haben gezeigt, dass kooperierende Netzwerke von nicht verwandten Genen wesentlich mehr zur Robustheit beitragen als die Anzahl der Genkopien eines homologen Gens (KITAMI & NADEAU 2002). Wir sind gezwungen, den Schluss zu ziehen, dass der erwartete Zusammenhang zwischen genetischer Redundanz und Genduplikation nicht gegeben ist. OHNOS interessante Idee der Evolution durch Genduplikation hat sich daher nicht bestätigt.

Redundante Gene mutieren nicht schneller als andere Gene

Wenn die Evolution von proteincodierenden Genen hauptsächlich auf (nahezu) neutrale Mutationen zurückzuführen wäre, dann sollten Mutationen in Genen, die der reinigenden Selektion weniger ausgesetzt sind, häufiger erhalten bleiben, da sie nicht selektiv ausgemerzt werden. Solche nicht-essenziellen Gene sollten sich leichter und schneller verändern können. Dieses Argument, das bereits vor über 30 Jahren vorgebracht wurde, ist für viele theoretische Anwendungen der Evolutionstheorie von grundlegender Bedeutung, doch trotz intensiver wissenschaftlicher Untersuchungen konnte diese Vorhersage nicht wirklich bestätigt werden. Im Gegensatz dazu hat eine systematische Analyse von Mäusegenen gezeigt, dass sich essenzielle Gene nicht langsamer verändern als nicht-essenzielle (HURST & SMITH 1999). Ebenso können *E. coli*-Proteine, die in riesigen redundanten Netzwerken arbeiten, genauso viele Mutationen tolerieren wie einzigartige Single-Copy-Proteine (HAHN et al. 2004), und Wissen-

schaftler, die das Genom von Mensch und Schimpanse verglichen, fanden heraus, dass nicht-funktionale Pseudogene, die als Redundanzen betrachtet werden können, einen ähnlichen Prozentsatz an Nukleotidsubstitutionen aufweisen wie essenzielle proteincodierende Gene (NACHMAN & CROWEL 2000). In Bezug auf die Anhäufung von Mutationen gibt es also eine deutliche Diskrepanz zwischen Theorie und Beobachtung.

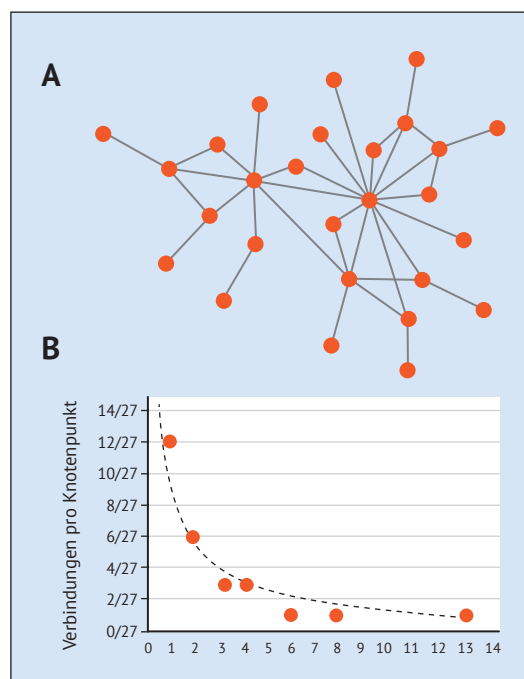
Die Nichtlinearität der Biologie

Genetische Redundanz lässt sich begreifen, wenn man die Nichtlinearität biochemischer Systeme versteht. Es ist paradox, dass einerseits die umfangreichen Darstellungen biochemischer Reaktionen Hunderte von gekoppelten und vernetzten Reaktionen zeigen, während andererseits Doktoranden stillschweigend ermutigt werden, in Begriffen von linearer Ursache und Wirkung zu denken. Das lineare Ursache-Wirkungs-Denken der antiken griechischen Philosophie wurde von den europäischen Gelehrten des 19. Jahrhunderts übernommen und beeinflusst noch immer viele Wissenschaftsbereiche. Im Bereich der Systembiologie hat man jedoch festgestellt, dass die genetische Redundanz und die biologische Robustheit nicht in linearen Begriffen einer einzigen Kausalität zu verstehen sind, bei der A zu B führt, B zu C, C zu D, usw. Biologische Systeme funktionieren nicht auf diese Weise. Biologische Systeme sind als skalenfreie Netzwerke konzipiert (Abb. 3) (ALBERT 2005). In einem skalenfreien Netzwerk folgt die Verteilung der Knotenverknüpfungen einem Potenzgesetz, d. h. es enthält viele Knoten mit einer geringen Anzahl von Verknüpfungen, wenige Knoten mit vielen Verknüpfungen und sehr wenige Knoten mit einer hohen Anzahl von Verknüpfungen.

Genetische Redundanz hängt mit der Nichtlinearität biochemischer Systeme zusammen.

Gene arbeiten fast nie allein, sondern sie kooperieren in Netzwerken mit unglaublicher Pufferkapazität, die durch redundante Elemente erzeugt wird. In einem einfachen nichtlinearen biologischen System mit den Knoten A bis E kann A zwar B verursachen, aber A verursacht auch D unabhängig von B und C (Abb. 4). Dieses sehr einfache Netz mit nur fünf Knoten zeigt die Robustheit aufgrund der Redundanz von B und C. Wenn A die Verbindung zu D nicht herstellen kann, gibt es immer noch B und C, die die Verbindung herstellen können. In

Abb. 3 Beispiel für ein kleines skalenfreies Netzwerk (A). Von den 27 Knoten stellen nur wenige die meisten Verbindungen her. Wenn man die relative Anzahl der Verbindungen pro Knoten gegen die Anzahl der Knoten mit einer bestimmten Anzahl von Verbindungen aufträgt, erhält man eine Potenzgesetzbeziehung (B). (Nach BARABÁSI & OLTVAI 2004)

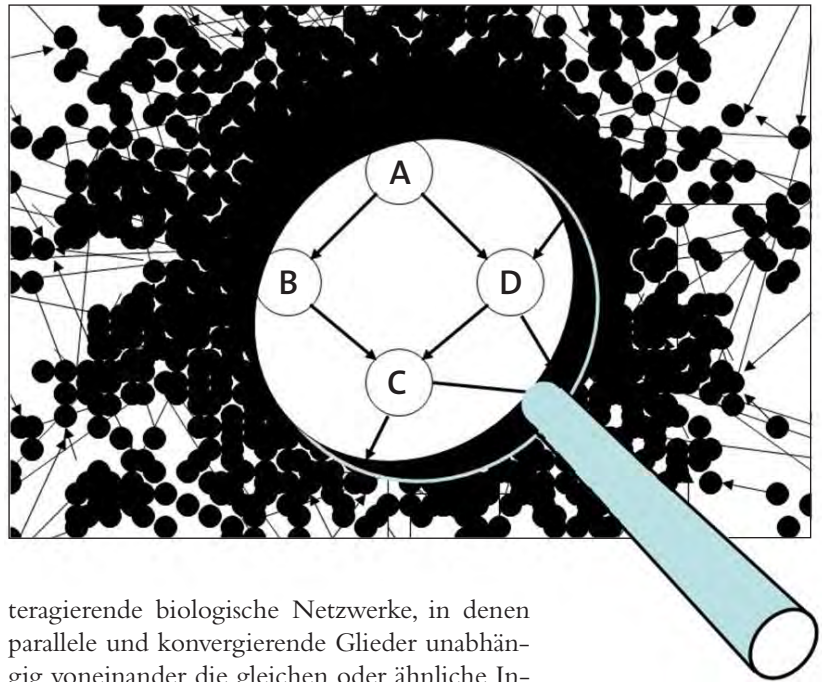


ausgedehnten Netzwerken, die aus Hunderten von miteinander verbundenen Proteinen bestehen können, sind Puffer eingebaut, sodass das Netzwerk (oder Teile davon) nicht durch eine Mutation inaktiviert wird und wichtige Signalwege dadurch nicht sofort stillgelegt werden. Ein Netzwerk aus kooperierenden Proteinen, die ihre Funktionen gegenseitig ersetzen oder umgehen können, macht ein biologisches System robust. Es ist unklar, wie die Selektion auf einzelne Knoten in einem skalenfreien, redundanten System wirken könnte.

Komplexe technische Systeme beruhen auf skalenfreien Netzwerken, die kleine Ausfälle verkraften können, um größere Ausfälle zu verhindern. Gene, die in skalenfreien Netzwerken zusammenarbeiten, bieten lebenden Systemen ein Anti-Chaos-Modul, das für Stabilität und Robustheit erforderlich ist. Genetische Netzwerke dienen normalerweise zur Stabilisierung und Feinabstimmung der komplexen Regulierungsmechanismen lebender Systeme. Sie kontrollieren die Homöostase, regulieren die Aufrechterhaltung von Genomen und liefern regulatorische Rückkopplung auf die Genexpression. Eine Überschneidung der Funktionen von Proteinen sorgt auch dafür, dass eine Zelle nicht nur mit „an“ oder „aus“ auf einen bestimmten biochemischen Prozess reagieren muss, sondern irgendwo dazwischen agieren kann.

Komplexe technische Systeme beruhen auf skalenfreien Netzwerken, die kleine Ausfälle verkraften können, um größere Ausfälle zu verhindern.

Die meisten Gene im Genom sind an regulatorischen Netzen beteiligt, die Informationen erkennen und verarbeiten, damit die Zelle über ihre Umgebung informiert ist. Die Proteine, die in diesen Netzen operieren, kommen als große Genfamilien mit sich überschneidenden Funktionen vor. In einer Kaskade von Aktivierungen und Inaktivierungen von Signalproteinen werden Informationen über äußere Vorgänge zum Zellkern transportiert, damit dieser angemessen reagieren kann. Fällt eine der Interaktionen aus, so wird das Gleichgewicht des Lebens nicht sofort gestört. Die in genetischen Netzwerken vorhandene Pufferkapazität sorgt auch für die Robustheit, die es lebenden Systemen ermöglicht, sich in der Zeit fortzupflanzen. In einem linearen System würde eine einzige schädliche Mutation das System als Ganzes sofort lahmlegen: Die Stärke einer Kette wird durch ihr schwächstes Glied bestimmt. Viele interagierende und miteinander verwobene Knoten erzeugen dagegen robuste genetische Netzwerke und gewährleisten eine genetische Redundanz. In-



teragierende biologische Netzwerke, in denen parallele und konvergierende Glieder unabhängig voneinander die gleichen oder ähnliche Informationen übermitteln, versagen fast nie. Robustheit ist daher eng mit Fitness verbunden. Jüngste Studien deuten darauf hin, dass sie auch eine entscheidende Rolle bei der Entwicklung neuer Arten spielen kann. Eine zunehmende Robustheit, so wird vorgeschlagen, kann zum Entstehen von Evolvierbarkeit* führen, wenn bei der Artbildung ein neutrales Netzwerk* zur Verfügung steht (WHITACRE & BENDER 2010). Die natürliche Auslese spielt dann so gut wie keine Rolle mehr: Neue Arten ergeben sich von selbst aus dem vorhandenen Erbgut. Und das ist ein klares Indiz dafür, dass Genome so konzipiert sind, dass sie neue Arten hervorbringen können.

Abb. 4 Die Lupe zoomt auf 4 Knoten (A, B, C, D) eines komplexen biologischen Netzwerks. In diesem Netzwerk kann A über zwei verschiedene Wege D erreichen, über B oder über C. Wenn B inaktiviert ist, kann D immer noch über C erreicht werden. Um die Robustheit lebender Organismen zu gewährleisten, sind biologische Systeme mit Redundanzen wie dieser konstruiert, was ein klares Zeichen für die Prinzipien der Ingenieurskunst ist.

Ingenieurtechnisches Merkmal

Genetische Redundanz ist eine ingenieurtechnische Eigenschaft von Genomen und stellt eine eindeutige Herausforderung für das Standardparadigma der Evolution dar, da sie die Bedeutung des Darwin'schen Selektionsmechanismus als wichtige Kraft in der Entstehung von genetischer Information in Frage stellt. Es ist auch wichtig zu erkennen, dass überflüssige Gene nicht über Millionen von Jahren im Genom vorhanden gewesen sein können, da die natürliche Selektion, eine konservative Kraft, ihre Zerstörung durch negative Mutationen nicht verhindern kann. Mainstream-Biologen, die im darwinistischen Rahmen ausgebildet sind, haben große Mühe, die Existenz von Genen ohne natürliche Selektion zu verstehen. Dies geht aus einer Aussage von Mario CAPPECCHI, einem Pionier in der Entwicklung der *Knockout*-Technologie, hervor, die er vor einigen Jahren in *Nature* veröffentlichte (zit. nach PEARSON 2002, in Übersetzung):

„Ich glaube nicht, dass es eine einzige [Knock-out-]Maus gibt, die keinen [veränderten] Phänotyp aufweist. Wir stellen einfach nicht die richtigen Fragen.“

Eine der richtigen Fragen, die gestellt werden müssen, lautet: Ist das evolutionäre Paradigma korrekt? Meine Antwort darauf lautet: Nein, es hat sich in dem hier betrachteten Zusammenhang nicht bewährt. Die Selektion kann nicht erklären, was die moderne Biologie über Genome enthüllt hat. Robustheit durch genetische Redundanz ist das, was man erwarten würde, wenn das Leben das Produkt eines intelligenten, vorausschauenden Designers wäre.

Literatur

- AKIYAMA M, CROOKE E & KORNBERG A (1992) The Polyphosphate Kinase Gene of *Escherichia coli*. *J. Biol. Chem.* 267, 22556–22561.
- ALBERT R (2005) Scale-free networks in cell biology. *J. Cell Sci.* 118, 4947–4957.
- BABA T, ARA T et al. (2006) Construction of *Escherichia coli* K-12 in-frame, single-gene knockout mutants: the Keio collection. *Mol. Syst. Biol.* 2:2006.0008.
- BARABÁSI A-L & OLTVAI ZN (2004) Network biology: understanding the cell's functional organization. *Nat. Rev. Genet.* 5, 101–113.
- BEVAN MJ (2010) The earliest knockouts. *J. Immunol.* 184, 4585–4586.
- BORGER P (2017) Natural Knockouts: Natural Selection Knocked Out. *Biology (Basel)* 6, 43.
- BOUCHÉ N & BOUCHEZ D (2001) *Arabidopsis* gene knockout: phenotypes wanted. *Curr. Opin. Plant. Biol.* 4, 111–117.
- CONANT GC & WAGNER A (2004) Duplicate genes and robustness to transient gene knock-downs in *Caenorhabditis elegans*. *Proc. Biol. Sci.* 27, 89–96.
- DE LA CHAPELLE A, SISTONEN P, LEHVASLAIHO H, IKKALA E & JUVONEN E (1993) Familial erythrocytosis genetically linked to erythropoietin receptor gene. *Lancet* 341, 82–84.
- Exome Aggregation Consortium, The Broad Institute (Zugriff: Juni 2022); <https://gnomad.broadinstitute.org/>
- FAN Y, SIROTKIN A, RUSSELL RG, AYALLA J & SCOUTLCHI AI (2001) Individual somatic H1 subtypes are dispensable for mouse development even in mice lacking the H1(0) replacement subtype. *Mol. Cell. Biol.* 21, 7933–7943.
- GALVANI AP & NOVEMBRE J (2005) The evolutionary history of the CCR5-Delta32 HIV-resistance mutation. *Microbes Infect.* 7, 302–309.
- HAHN MW, CONANT GC & WAGNER A (2004) Molecular evolution in large genetic networks: does connectivity equal constraint? *J. Mol. Biol.* 58, 203–211.
- HURST LD & SMITH NGC (1999) Do essential genes evolve slowly? *Curr. Biol.* 9, 747–750.
- KAISER J (2014) The hunt for missing genes. *Science* 344, 687–689.
- KAISER VB, SVINTI V et al. (2015) Homozygous loss-of-function variants in European cosmopolitan and isolate populations. *Hum. Mol. Genet.* 24, 5464–5474.
- KITAMI T & NADEAU JH (2002) Biochemical networking contributes more to genetic buffering in human and mouse metabolic pathways than does gene duplication. *Nat. Genet.* 32, 191–194.
- KOBAYASHI K et al. (2003) Essential *Bacillus subtilis* genes. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 100, 4678–4683.
- LEK M, KARCZEWSKI KJ et al. (2016) Analysis of protein-coding genetic variation in 60,706 humans. *Nature* 536, 285–291.
- MACARTHUR DG, BALASUBRAMANIAN S et al. (2012) A systematic survey of loss-of-function variants in human protein-coding gene. *Science* 335, 823–828.
- NACHMAN MW & CROWELL SL (2000) Estimate of the mutation rate per nucleotide in humans. *Genetics* 156, 297–304.
- NORTH KN, YANG N et al. (1999) A common non-sense mutation results in alpha-actinin 3 deficiency in the general population: Evidence for genetic redundancy in humans. *Nat. Genet.* 21, 353–354.
- OHNO S (1970) *Evolution by Gene Duplication*. Springer, New York.
- OHNO S (1973) Evolutional reason for having so much junk DNA. In: PFEIFFER RA (ed) *Modern Aspects of Cytogenetics: Constitutive Heterochromatin in Man*. F.K. Schattauer Verlag, Stuttgart, pp. 169–173.
- PEARSON H (2002) Surviving a knockout blow. *Nature* 415, 8–9.
- TOBY JG & SPRING J (1998) Genetic redundancy in vertebrates: polyploidy and persistence of genes encoding multidomain proteins. *Trends Genet.* 14, 46–49.
- VAN DIEMEN C (2008) *Genetics of Lung Function Decline and COPD development*, Ph.D. dissertation, Gildeprint Enschede, Netherlands, p. 127.
- WAGNER A (2000) Robustness against mutations in genetic networks of yeast. *Nat. Genet.* 24, 355–361.
- WATERSON RH, LANDER ES & WILSON RK (2005) The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium, Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437, 69–87.
- WHITACRE J & BENDER A (2010) Degeneracy: a design principle for achieving robustness and Evolvability. *J. Theor. Biol.* 263, 143–153.
- WINZELER EA et al. (1999) Functional characterization of the *S. cerevisiae* genome by gene deletion and parallel analysis. *Science* 285, 901–906.

Anschrift des Verfassers:

*Dr. Peter Borger, Rosenbergweg 29, 72270 Baidersbronn
E-Mail: peter.borger@wort-und-wissen.de*

Spinnen – Hören mit akustischer Antenne

Bei „Gehör“ denken wir an Ohren, wie wir sie selbst besitzen und die wir im Biologieunterricht näher betrachten. Die entsprechenden Organe sind bei vielen Insekten deutlich anders beschaffen und auch ihre Lage ist oft überraschend: Sie hören sozusagen mit den Beinen. Nun wurde eine ausgefallene Methode des Hörens bei Spinnen entdeckt: Hören durch „Outsourcing“ der Schallaufnahme.

Harald Binder

Hören ist eine Sinnesleistung, die es Lebewesen erlaubt, Bewegungen der sie umgebenden Luft oder Veränderungen des Luftdrucks wahrzunehmen und sich auf diese Weise unter Zuhilfenahme weiterer Sinnesleistungen wie z. B. Sehen und Riechen in ihrer Umwelt zu orientieren. Von vielen Tieren und auch dem Menschen ist uns das Ohr in seinem Aufbau bekannt. Dort werden Luftdruckschwankungen bzw. Schallwellen über Ohrmuschel und Gehörgang an das Trommelfell weitergeleitet. Von da aus werden sie im Mittelohr mechanisch über die Gehörknöchelchen Hammer, Amboss und Steigbügel über das ovale Fenster zum Innenohr auf die Hörschnecke und auf die darin befindlichen Sinneszellen übertragen. Diese wandeln die mechanischen Reize in Nervensignale um, welche über den Hörnerv an das zentrale Nervensystem übertragen werden, wo diese Information dann verarbeitet wird.

Dieser komplexe Aufbau mit dem koordinierten und fein abgestimmten Zusammenspiel unterschiedlichster Komponenten erfordert einen bestimmten Raumbedarf und ist nicht be-

liebig miniaturisierbar. Manche Insekten wie z. B. Heuschrecken, Wanzen und Schmetterlinge weisen in ihren Beinschienen sogenannte Tympanalorgane auf, eine Art Trommelfell, dessen Schwingungen direkt auf Sinneszellen übertragen werden. Andere Insekten wie z. B. Mücken nehmen mit ihren Fühlern Luftschwingungen auf und können so die Frequenz des Flügelschlags eines potenziellen Fortpflanzungspartners hören.

Für die Springspinne *Phidippus audax* konnten SHAMBLE et al. (2016) zeigen, dass diese Tiere, die eigentlich für ihre visuelle Leistungsfähigkeit bekannt sind, mit Sinneshaaren an ihren Beinen Schallwellen aus größerer Entfernung (3 m) wahrnehmen können und entsprechende Nervenimpulse messbar sind.

Eine neu entdeckte Methode für das Hören

Einer weiteren Möglichkeit von Spinnen, Schallwellen wahrzunehmen, kamen ZHOU & MILES (2017) auf die Spur, als sie feststellten,

Abb. 1 Netz einer Radnetzspinne. Ein solches Netz nutzt die Brücken(kreuz)-spinne *L. sclopetarius* als externes Trommelfell. (Foto: Winfried BORLINGHAUS)

dass Fäden aus Spinnenseide, die von einem Lautsprecher beschallt wurden, entsprechend der von der Schallquelle ausgesandten Frequenz zu schwingen begannen. Die Spinnenseide des Abseilfadens einer Gartenkreuzspinne (*Araneus diademata*) mit einem Durchmesser von $0,5\ \mu\text{m}$ nahm praktisch über die gesamte gemessene Länge von 8 mm die Schwingungen im Frequenzbereich des Flügelschlags von Insekten (100–700 Hz) bis zum Gesang von Singvögeln (2–10 kHz) auf. Die Schwingungen des Seidenfadens folgten also unmittelbar der Bewegung der Moleküle der Luft. Dabei war die Schwingung des Fadens am stärksten, wenn der Schall senkrecht auf den Faden traf; treffen die Schallwellen flacher auf den Faden, dann wird die entsprechende Reaktion zunehmend geringer.

Die Autoren verstanden diese Beobachtungen als Hinweis darauf, dass Spinnenseide möglicherweise zur akustischen Wahrnehmung genutzt werden könnte. Sie haben ihre Untersuchungen ausgedehnt und weiterentwickelt und ihre aktuellen Befunde sowie ihre Interpretation veröffentlicht (ZHOU et al. 2022). Die Forscher sammelten Brücken(kreuz)spinnen (*Larinioides sclopetarius*, Abb. 2) und ließen diese Radnetzspinnen im Labor in Holzrahmen (30 x 30 cm) ihre Radnetze bauen. Diese Radnetze – mit der Spinne im Zentrum (Nabe) – wurden in einem echoarmen, schallisolierten Raum mit einem Lautsprecher aus 3 m Entfernung mit unterschiedlichen Frequenzen beschallt. Das Verhalten der Spinne unmittelbar nach Beginn der Beschallung wurde mit einer Videokamera dokumentiert; die Schwingungen des Netzes mit einer speziellen Kamera (Laser-Vibrometer) und der Schallpegel (Lautstärke) am Netz gemessen. Die Spinnen reagierten mit variablem Verhalten deutlich erkennbar bei hohen (1000 Hz) und tiefen Tönen (200 Hz) sowie bei höherem Schallpegel (88 dB; entspricht etwa einem Handschleifgerät und wird von Mensch-

nen als unangenehm empfunden) mit höherer Wahrscheinlichkeit als bei niedrigerem (68 dB; entspricht etwa einem Staubsauger). Ohne Beschallung zeigten die Tiere keine Reaktion. Stellt man die Lautsprecher nicht senkrecht zur Netzfläche, sondern in einem Winkel von ca. 45° auf, so richten sich die Spinnen in Richtung der Schallquelle aus, sie können diese also identifizieren. ZHOU et al. (2022) schließen aus diesen Beobachtungen, dass die Spinnen in ihrem Netz sowohl Fressfeinde wie Vögel und Frösche wie auch potenzielle Beute wie z. B. Grillen aus einer Entfernung von mehr als 10 m akustisch wahrnehmen können.

Spinnennetze empfindlicher als Trommelfelle

Messungen der physikalischen Eigenschaften der Netze (ohne Spinne) ergaben, dass die Netze im Bereich von 100 bis 1000 Hz die Bewegung der Luftteilchen mit hoher Genauigkeit und sehr effizient wiedergeben. Diese Wiedergabe ist nach Aussage der Autoren besser als bei allen bisher untersuchten Trommelfellen. Sitzt die Spinne im Zentrum ihres Netzes, dann ist dort hingegen fast keine Schwingungsbewegung mehr festzustellen. Die mechanische Spannung im Netz kann die Spinne jedoch mit den spannungsempfindlichen lyraförmigen Organen¹ in ihren Beinen wahrnehmen. Die Spinnen hören mit Hilfe ihres Netzes auch dann, wenn mit einem kleinen Lautsprecher nur ein kleiner Bereich des Netzes beschallt wird, in dem die Spinne gar nicht direkt einbezogen ist.

Erstmals wurde bei einem Lebewesen ein Hör„organ“, das nicht aus Zellen besteht, außerhalb des Körpers entdeckt.

Mit diesen Untersuchungen ist erstmals gezeigt, dass die Brücken(kreuz)spinne (*L. sclopetarius*) mit ihrem Radnetz ein Hör„organ“ besitzt, das nicht aus Zellen besteht, sich außerhalb des Körpers des Organismus befindet und um das Vielfache größer ist als das Tier selbst. Dabei scheint die nachweisbare Leistungsfähigkeit im Vergleich mit dem Trommelfell anderer Organismen extrem gut zu sein. Erstmals ist damit eine Sinnesleistung bei einem Lebewesen nachgewiesen, deren Sensor außerhalb des Körpers des Individuums liegt, von diesem selbst aus Biomaterialien gebaut, leicht repariert und angepasst werden kann. Durch Veränderung der Spannung der Spiralfäden kann die Spinne z. B. das Hintergrundgeräusch des Windes herausfiltern oder zumindest dämpfen.

Abb. 2 Weibchen der Brückenkreuzspinne *Larinioides sclopetarius*. (Foto: Dariusz KOWALCZYK, CC BY-SA 4.0)



Fazit

Diese Spinnen nutzen also für die Aufnahme von Schall ihre für Luftbewegungen sehr empfindlichen Seidenfäden. Mit dem Bau des Netzes, das sie zum Hören nutzen, erstellen sie einen Teil des Hörsinnesorgans (den Empfänger). Wenn *L. sclopetarius* ihr Radnetz zum Hören nutzt, dann ist das damit vergleichbar, dass wir Menschen Radioteleskope zur Detektion elektromagnetischer Strahlung aus dem All benutzen – ein Vergleich, den auch die Autoren ziehen. Wir Menschen nutzen zum Bau solcher Anlagen die Ergebnisse langjähriger Grundlagenforschung und unser technisches Knowhow. Man kann daher nur zustimmen, wenn ZHOU et al. das Spinnennetz, das als Teil des Hörorgans genutzt wird, als ein „Wunder der Bioarchitek-

tur“² bezeichnen. Könnte das als Hinweis auf einen Architekten verstanden werden?

Anmerkungen

- ¹ Sinnesorgan bei Spinnen an deren Beinen, die in ihrer Form an ein altes Musikinstrument, die Lyra (Leier), erinnert.
- ² „Spider webs are marvels of bioarchitecture ...“.

Literatur

- SHAMBLE PS, MENDA G et al. (2016) Airborne acoustic perception by a jumping spider. *Curr. Biol.* 26, 2913-2920.
- ZHOU J & MILES RN (2017) Sensing fluctuating airflow with spider silk. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 114, 12120-12125.
- ZHOU J, LAI J, MENDA G et al. (2022) Outsourced hearing in an orb-weaving spider that uses its web as an auditory sensor. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 119, e2122789119.

Verwandlungskünstler: Die Raupen des Birkenspanners

Die Raupen des bekannten Birkenspanners können sich durch ein „ausgeklügeltes System“ (EACOCK et al. 2019, 5) tarnen, indem sie sich farblich auf verschiedene Weise an den Untergrund anpassen. Sie nutzen dazu eine visuelle Wahrnehmung außerhalb der Augen: Sie können mit ihrer Haut Farben sehen. Diese plastische Fähigkeit – Reaktionsmöglichkeiten auf unterschiedliche Umweltreize – ist anspruchsvoll und stellt ein klares Design-Indiz dar.

Reinhard Junker

Der Birkenspanner (*Biston betularia*) ist einer der bekanntesten Organismen im Zusammenhang mit Evolution und wird häufig als Paradebeispiel für das Wirken von Mutation und Selektion angeführt. Die ausgewachsenen Falter kommen in heller und dunkler Form vor, die an unterschiedlich gefärbte Aufenthaltsorte des Falters angepasst sind. Seit einigen Jahren ist bekannt, dass ein springendes Gen (Transposon) die Ursache für den Farbwechsel ist (VAN'T HOF et al. 2016) und keine evolutionären Veränderungen stattgefunden haben.

Kaum bekannt ist hingegen, dass auch die Raupen des Birkenspanners gut im Tarnen sind – und zwar sehr viel flexibler und anpassungsfähiger als die Falter. Die dahinterstehenden Mechanismen sind erstaunlich und ermöglichen eine beeindruckende Form von Plastizität. Unter diesem Begriff werden Fähigkeiten von Organismen gefasst, je nach Umweltbedingungen unterschiedliche Phänotypen auszubilden, also Unterschiede z.B. im Aussehen, im Verhalten

oder in der Physiologie – und das ohne Änderung des Erbguts. Bekannte plastische Eigenschaften beim Menschen sind die Verdickung der Hornhaut bei mechanischer Beanspruchung oder die Erhöhung der Anzahl der roten Blutkörperchen bei längerem Aufenthalt in dünnerer Luft.

Plastische Fähigkeiten beruhen auf Variationsprogrammen, die nach Bedarf abgerufen werden können. Plastische Merkmale sind somit sehr viel anspruchsvoller als fixe Merkmale (wie z. B. beim Menschen die Augenfarbe).

Die Raupen des Birkenspanners

Was ist das Besondere an diesen Raupen? Eine Forschergruppe konnte an ihnen erstmals bei einem Gliederfüßer nachweisen, dass sie in der Lage sind, mit ihrer Haut die Farbe ihrer Umgebung zu erkennen (EACOCK et al. 2019). Diese Fähigkeit nutzen sie, um sich farblich an die



Abb. 1 Birkenspannerrau-
pen in unterschiedlicher
Tarnung. (Noor MAF; CC BY
2.5)

Zweige anzupassen, auf denen sie sich aufhalten. Zudem ahmen sie die Form der Zweige nach (Abb. 1). Die Raupen sind dann kaum von einem Zweig unterscheidbar. Die Farbumstellung dauert allerdings einige Stunden. Doch die Raupen können noch mehr. Sie wissen sich damit zu helfen, dass sie aktiv Umgebungen aufsuchen, deren Farbe zu ihrer aktuellen Hautfarbe passt. Die Forscher fanden außerdem heraus, dass Gene, die für das Sehen erforderlich sind, nicht nur in den Augen der Raupen, sondern auch in ihrer Haut exprimiert wurden (zur Ausprägung kommen), und zwar auf dem ganzen Körper.

Birkenspannerrau- pen können mit der Haut „sehen“.

Die Fähigkeit der optischen Wahrnehmung durch die Haut wiesen die Forscher dadurch nach, dass sie den Raupen gleichsam die Augen verbanden, indem sie die Augenzellen (Ocellen) unter Zuhilfenahme eines Mikroskops mit schwarzer Acrylfarbe übermalten. Für die Farbe des Untergrunds, auf dem die Raupen platziert wurden, wählten die Forscher braun, grün, schwarz und weiß; außerdem variierten sie die Leuchtkraft der Farben. So konnten sie nachweisen, dass die Augen nicht benötigt werden, um die Farbe des Untergrundes festzustellen, denn die Farbanpassung erfolgte auch mit den blinden Augen. Die Lichtwahrnehmung erfolgt also außerhalb der Augen; man spricht von extraokularer Photorezeption. Die Forscher vermuten, dass diese Fähigkeit der Wahrnehmung durch die Haut erforderlich ist, weil die Augen der Raupen von *B. betularia* aufgrund ihrer abgewinkelten Zweighaltung während des Tages zu weit von den Zweigen entfernt sind. In dieser Position sowie während des Fressens an Blättern empfangen die Photorezeptoren auf

der Raupenhaut möglicherweise genauere Farb- und Musterinformationen über den ruhenden Zweig als die Ocellen. Die Identität und genaue Lage der extraokularen Photorezeptoren konnten allerdings noch nicht bestimmt werden. Die Autoren vermuten, dass sie mehr oder weniger gleichmäßig in einer Schicht der larvalen Oberhaut verteilt sind.

Diskussion

Werfen wir die Frage auf, ob die Befunde an den Raupen des Birkenspanners eher eine natürlich-evolutive oder eine kreative Entstehung der extraokularen Photorezeptoren nahelegen. Die Autoren schreiben: „Die detaillierte und zusammengesetzte Natur des Farbmusters der Raupe lässt auf eine komplexe Signalverarbeitungskaskade schließen, die die Produktion mehrerer Pigmente in verschiedenen Zelltypen initiiert, steuert und koordiniert“ (EACOCK et al. 2019, 5). Allein dieser Befund spricht dafür, dass es sich bei dieser besonderen Form der Wahrnehmung um eine programmierte biologische Funktion handelt. Er ist aber nur ein Teil einer plastischen Reaktion, die sowohl das Aussehen (farbliche Anpassung) als auch das Verhalten der Raupen umfasst (sie suchen Stellen auf, die ihrer momentanen Färbung entsprechen). Für diese plastische Reaktion muss wie in allen Fällen dieser Art 1. der optische Reiz gemessen werden, 2. der Istwert (vorhandene Farbe) mit einem Sollwert (passende Farbe) verglichen werden und 3. eine Reaktion erfolgen (Änderung der Hautfarbe). Außerdem benötigt das gesamte System eine Führungsgröße, wonach der Sollwert festgelegt wird. Alle Komponenten werden gleichzeitig benötigt und es handelt sich bei allen um anspruchsvolle Fähigkeiten.

Für sich alleine genommen ist Konkurrenz kein ursächlicher Faktor für die Entstehung evolutiver Neuheiten.

Der Farbwechsel bei diesen Raupen ist eine sogenannte kontinuierliche Reaktionsnorm. Das heißt, die Farbänderungen, die aufgrund der Farbhinweise der Zweige in der unmittelbaren Umgebung der Raupen eintreten, sind stufenlos möglich. Plastische Reaktionen können auch diskontinuierlich sein, z. B. bei Frühjahrs- und Sommerformen von Faltern wie beim einheimischen Landkärtchen. Plastische Reaktionen sind aufgrund ihrer nichtreduzierbaren Konstellation ein klares Design-Indiz.

EACOCK et al. (2019, 5) schreiben am Schluss ihres Artikels von einem „ausgeklügelten System der extraokularen Photorezeption und

phänotypischen Plastizität“. Das ist eine offenkundig zutreffende Beschreibung. Dagegen ist ihre Behauptung, dass dieses System durch ein evolutionäres Wettrüsten zwischen Räuber und Beute angetrieben worden sei, durch keinerlei Befunde belegt. Die Idee eines evolutionären Wettrüstens ist als evolutionstheoretisches Konzept ein reines Gedankenmodell ohne empirische Stütze, wenn es wie in diesem Fall um die Entstehung neuer komplexer Systeme geht. Im Gegenteil: In seinem Buch „The edge of evolution“ zeigt Michael BEHE anhand empirischer Studien, dass Konkurrenzsituationen eher zu einer Art „Grabenkrieg“ führen, der tendenziell zu Verlusten führt, und nicht zu einem Wettrüsten (BEHE 2007). Konkurrenz an sich ist demnach kein ursächlicher Faktor für die Entstehung evolutiver Neuheiten.

Ein letzter Aspekt: EACOCK et al. (2019, 5) merken an, dass sich die Strategie, sich in visuell heterogenen Umgebungen auf passenden Hin-

tergründen auszuruhen, auch bei Plattfischen, Molchlarven und Salamandern entwickelt habe, die ebenfalls zu Farbwechseln fähig sind. Unter Voraussetzung von Evolution hätten wir es also wie bei vielen anderen komplexen Fähigkeiten mit konvergenter Entstehung zu tun: Ähnliche Strukturen oder Mechanismen treten ohne verwandtschaftliche Beziehungen auf. Mutmaßliche Konvergenzen komplex-funktionaler Systeme können plausibler als klares Design-Indiz aufgefasst werden.

Literatur

- BEHE M (2007) The edge of evolution. New York.
EACOCK A, ROWLAND HM, VAN'T HOF AE, YUNG CJ, EDMONDS N & SACCHERI IJ (2019) Adaptive colour change and background choice behaviour in peppered moth caterpillars is mediated by extraocular photoreception. *Comm. Biol.* 2:286.
VAN'T HOF AE, CAMPAGNE P et al. (2016) The industrial melanism mutation in British peppered moths is a transposable element. *Nature* 534, 102–105.

Ein Update zur „kambrischen Explosion“

Die „kambrische Explosion“ der Lebewesen gilt als markanteste Diskontinuität (Sprung) in der Fossilabfolge der Lebewesen. Eine aktuelle Übersichtsarbeit bestätigt die „explosive“ Natur: Der Fossilbericht zeigt keine allmählich zunehmende Verschiedenartigkeit, sondern ein früh etabliertes Maximum an vielen verschiedenen Körperbauplänen. Natürliche Ursachen sind nach wie vor ungeklärt. In einer anderen aktuellen Studie wird gezeigt: Genetische Module, die bereits vor der „Explosion“ in einfacheren Lebewesen existiert haben müssten, scheinen frei kombinierbar gewesen zu sein. Beide Befunde sind evolutionstheoretisch nicht zu erwarten, können aber als Indizien für einen Schöpfungsursprung gewertet werden.

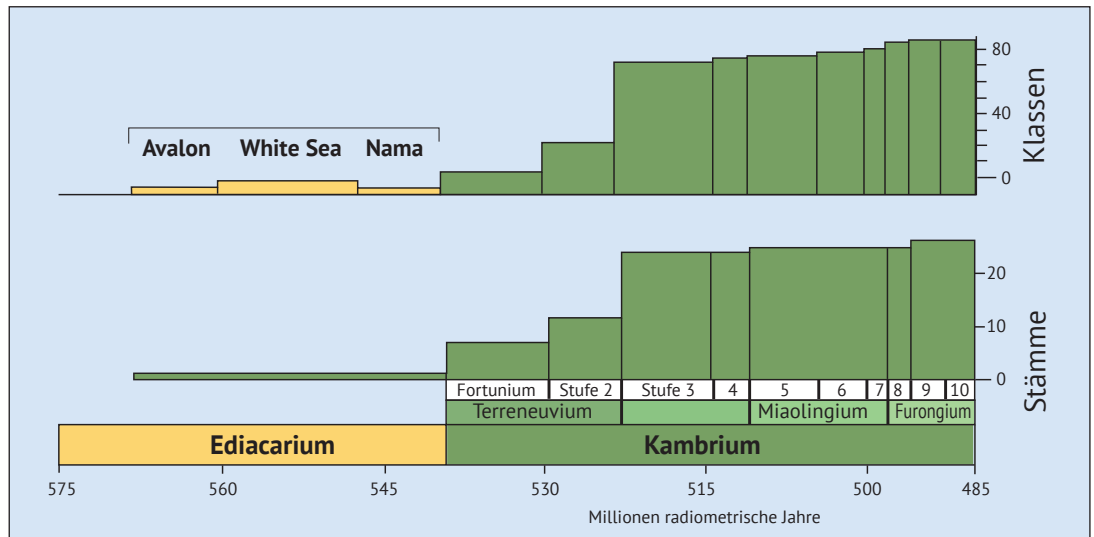
Reinhard Junker

Bereits Charles DARWIN war es klar: Die Abfolgen von Fossilgemeinschaften in den Sedimentgesteinen sind ausgesprochen diskontinuierlich, d. h. sie treten sprunghaft auf. Er erkannte dies als ernsthaftes Problem für seine Evolutionstheorie. Evolution verläuft nach DARWIN'S Theorie graduell. Müsste man dagegen eine sprunghafte Evolution annehmen, könnte man die Sprünge stattdessen auch als Indiz für Schöpfung werten: Gruppen von Lebewesen sind von Beginn an voneinander abgrenzbar.

An dieser Situation hat sich bis heute im Wesentlichen nichts geändert. Es wurden zwar manche Fossilien entdeckt, die als Übergangsformen deutbar sind, aber das große Gesamtbild zeigt nach wie vor *systematische* Diskontinuitäten; das wird allgemein kaum bestritten.

Die auffälligste Diskontinuität zeigt sich im unteren Teil des Kambriums (vgl. JUNKER 2014). Verschiedenste Tierstämme sind fossil erstmals im ersten Drittel des Kambriums nachgewiesen worden, und das in großer Vielfalt und Verschiedenartigkeit. Dieser paläontologische Befund wird meist als „kambrische Explosion“ bezeichnet (ERWIN & VALENTINE 2013; vgl. Abb. 1). Zu den kambrischen Tierstämmen gehören solche mit grundverschiedenen Bauplänen wie z. B. Schwämme (Porifera), Hohltiere (Coelenterata), Ringelwürmer (Annelida), Armfüßer (Brachiopoda), Gliederfüßer (Arthropoda, z. B. Trilobiten), Weichtiere (Mollusca), Stachelhäuter (Echinodermata) und auch Chordatiere (Chordata; darunter auch kieferlose Fische).

Abb. 1 Anzahlen von Tierklassen und Tierstämmen im Ediacarium und Kambrium. Die Ediacara-Fossilien lassen sich in drei Gruppen unterteilen; sie lassen sich aber kaum den Tierstämmen zuordnen, die ab dem Kambrium fossil überliefert sind. (Nach ERWIN 2020)



Immer wieder werden Versuche unternommen, die kambrische Explosion zu „entschärfen“.

Dass dieser Befund diametral evolutionstheoretischen Erwartungen und Vorhersagen widerspricht, muss kaum hervorgehoben werden. Daher ist es nicht überraschend, dass immer wieder Versuche unternommen werden, die „Explosion“ zu „entschärfen“ und aufzuzeigen, dass der Fossilbefund in einem evolutionären Szenario erklärbar sei. Vor allem wird argumentiert, dass es fossile Hinweise auf eine längere vorkambrische Evolution gebe; somit erscheine die kambrische Vielfalt der Baupläne doch nicht so plötzlich im Fossilbericht.



Abb. 2 *Yilingia spiciformis*, ein wurmartiges Fossil (rechts) mit einer Spur (links), etwa 20 mm breit, aus ~550 Millionen radiometrische Jahre altem Gestein im Gebiet des Yangtze Gorges in Südchina. (Zhe Chen/Nanjing Institute of Geology and Palaeontology, and Shuhai Xiao/Virginia Tech)

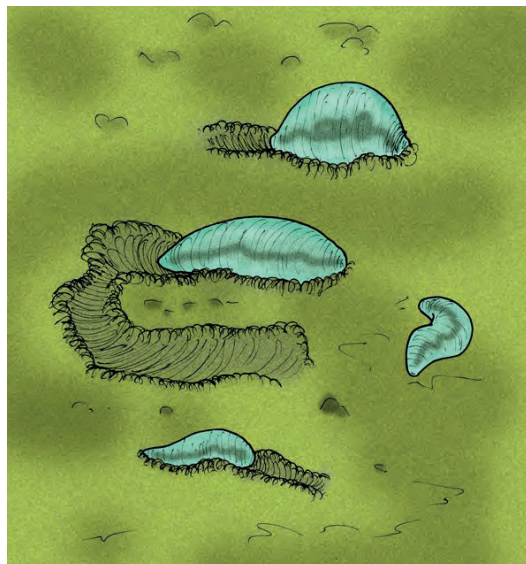


Abb. 3 Rekonstruktion von *Icaria wariootia* aus dem Ediacarium von Südastralien. (Apokryltaros, CC BY-SA 4.0)

Tatsächlich ist eine große Anzahl vorkambrischer Fossilien aus dem Ediacarium bekannt (vgl. Abb. 1). Wenn diese als Vorläufer kambrischer Formen gedeutet werden könnten, würde der Zeitraum für eine evolutive Entwicklung der kambrischen Baupläne somit deutlich verlängert. Die Ediacara-Fauna ist in ihrer Natur allerdings umstritten. Nur wenige Formen werden überhaupt als mögliche Vorläufer kambrischer Arten diskutiert. So wurde teilweise vorgeschlagen, *Dickinsonia* als Rippenqualle oder als Plattentier (Placozoa) zu interpretieren, *Haootia* als Nesseltier, *Kimberella* als Weichtier oder *Yilingia* als Ringelwurm oder Gliederfüßer. WARSON (2020) lässt einige dieser Formen Revue passieren, beispielsweise *Yilingia spiciformis* (Abb. 2). Dieses Tier konnte auf dem Meeresboden wandern, sein Körper war aus Segmenten aufgebaut, besaß einen klaren Vorder- und Hinterteil und einen spiegelsymmetrischen Körper – einige wesentliche Tiermerkmale. Bei *Icaria wariootia* (Abb. 3) gibt es Hinweise darauf, dass ein Maul und ein Verdauungstrakt ausgebildet waren. ZHANG & SHU (2021, 643) weisen allerdings darauf hin, dass Ähnlichkeiten einzelner Arten der Ediacara-Fauna mit bekannten Tierstämmen eher allgemeiner Art seien und daher nicht als gemeinsame diagnostische Merkmale geeignet seien. Diese Formen ließen sich nur schwer mit heutigen Tierstämmen in Verbindung bringen, und es sei schwierig, Nachkommen für sie in kambrischen Faunen (Tierwelt in einem Gebiet) zu finden. Diese Schwierigkeit der Identifikation von Tieren der Ediacara-Fauna als Vorfahren von kambrischen Stämmen wurde auch von vielen anderen Autoren bestätigt (vgl. JUNKER 2014, 6).

Aber selbst wenn einige präkambrische Fossilien mit Formen der kambrischen Explosion theoretisch in Verbindung gebracht werden könnten, würde dies nichts am großen Bild ändern. Im Vergleich zur vorkambrischen Fauna ist die Fossilvielfalt des Unterkambriums im-

mens, weitgehend andersartig und von deutlich größerer Verschiedenartigkeit. Denn es treten ja nicht nur einige wenige Tierstämme plötzlich im Kambrium in Erscheinung, sondern circa 30 Stämme, deren Herkunft man jeweils erklären müsste (JUNKER 2014, 6). Ein aktuelles Bild zeichnen ZHANG & SHU (2021) in einer Überblicksarbeit. Die Autoren halten den Begriff „Explosion“ wegen der deutlichen Unterschiede zu adaptiven Radiationen in den nachfolgenden geologischen Perioden für angebracht (S. 642). Besonders bemerkenswert sind folgende Befunde:

- Die meisten Äste auf der Ebene der Tierstämme erreichten ihre maximale morphologische Breite (Verschiedenartigkeit) in einem Zeitintervall nahe ihres ersten Auftauchens im Fossilbericht im frühen Kambrium; Ausnahmen bilden allerdings vor allem die Gliedertiere und Chordatiere (641, 649). Diesen Befund nennt auch ERWIN (2020) als eine von drei entscheidenden Beobachtungen im Zusammenhang mit dem Wechsel vom Ediacarium zum Kambrium.
- Die meisten heute vorkommenden Tierstämme tauchten in den ersten 20 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) des Kambriums zum ersten Mal in der Fossilgeschichte auf. Die meisten kambrischen Fossilien lassen sich problemlos in eine Stamm- oder Kronengruppe eines heute vorkommenden Tierstammes einordnen (644).
- Sowohl die skelettierte als auch die weichteilige Fauna enthielt aber auch eine Reihe von „seltsamen“ Formen, deren Morphologie sich nicht ohne Weiteres in lebende Tierstämme oder Tierklassen einordnen lässt (647). Das heißt: Die Formenvielfalt ganz verschiedenartiger Baupläne war daher größer als heute (vgl. ERWIN 2020, der diesen Befund ebenfalls hervorhebt).
- Es ist seit Langem bekannt und bestätigt sich weiterhin, dass es weder unter den Fossilfunden ein morphologisches Kontinuum über ein breites Spektrum von Körperbauplänen gibt, noch dass sich die Stämme in ihrer frühen Fossilgeschichte ähnlicher sind (649).
- Fossile Belege deuten auch darauf hin, dass die meisten Körperbaupläne von Vielzellern nach 560 MrJ erschienen. Die maximale Dauer der kambrischen Explosion beträgt somit etwa 40 MrJ. Für Gliederfüßer veranschlagen DALEY et al. (2018) wegen des Fehlens passender Fossilien in fossilführenden Ediacara-Schichten weniger als 30 MrJ. Im Großen und Ganzen der evolutionär interpretierten Erdgeschichte sind auch 40 MrJ eine sehr kurze Zeitspanne, die nur etwa 1 % der Geschichte des Lebens nach dem Evolutionsmodell ausmacht (652). Ein Großteil der „Explosion“ der Verschiedenartigkeit ereig-

nete sich allerdings in nur 5 bis 10 MrJ (s. Zusammenstellung und Diskussion bei JUNKER 2014, 8).

- Die meisten Ediacara-Fossilien sind schwer in eine bekannte Tiergruppe einzuordnen. Die meisten Ediacara-Forscher neigen dazu, Ediacara-Formen als eine Art „Wundertüte“ unterschiedlicher, sonst unbekannter Lebensformen zu betrachten (643).
- Mehrere Indizien sprechen dafür, dass es sich bei der kambrischen Explosion aus evolutionärer Perspektive um ein echtes Ereignis handelt und nicht um ein Artefakt eines unvollkommenen Fossilnachweises (646f.).

Der Blick auf das große Ganze macht deutlich, dass die Metapher „Explosion“ gerechtfertigt ist.

Der Blick auf dieses große Ganze macht deutlich, dass die Metapher „Explosion“ gerechtfertigt ist. Insbesondere ist das frühe Erreichen der maximalen morphologischen Breite (Verschiedenartigkeit) im Kambrium diametral evolutionstheoretischen Vorhersagen entgegengesetzt. Der Gesamtbefund ist und bleibt aus evolutionstheoretischer Sicht rätselhaft.

Ursachen der „Explosion“

ZHANG & SHU (2021) befassen sich auch mit den zahlreichen Versuchen, natürliche Ursachen für die kambrische Explosion aufzudecken. Es werden intrinsische (z. B. genetische) und extrinsische (z. B. ökologische) Ursachen diskutiert. Für die Autoren handelt es sich aber durchweg lediglich um *Voraussetzungen* für Veränderungen, nicht um Erklärungen. So könne die „Explosion“ zwar nicht ohne molekulare und entwicklungsgenetische Aspekte verstanden werden; aber das Entwicklungssystem allein reiche nicht aus, um die kambrische Explosion zu erklären. Genauso begründet ein zeitliches Zusammenfallen des Auftretens neuer Baupläne mit ökologischen Veränderungen keine Kausalität. Das ist verständlich: Ökologische Prozesse an sich haben keine verändernde Kraft an Erbgut und Bauplänen von Lebewesen. Zudem passt keine der vorgeschlagenen ökologischen Hypothesen zu den geologischen, paläontologischen und molekularen Daten. Bestimmte ökologische Faktoren waren während der kambrischen Explosion nicht einzigartig, sondern auch in anderen Zeiten vorhanden; daher können sie nicht erklären, warum die „Explosion“ gerade im Unterkambrium stattfand (654). Die Autoren kommen zum Schluss, dass keine einfache, einzelne Ursache das gesamte Phänomen erklären kann (654, 641).

Vergleichende Studien und der letzte gemeinsame Vorfahr

Setzt man eine Evolution aller Lebewesen als gegeben voraus, kann man auf der Basis von vergleichenden Untersuchungen und unter Berücksichtigung des Fossilbefundes Rückschlüsse auf die genetische und morphologische Ausstattung hypothetischer Vorfahren ziehen. Nach einer neueren Studie von ERWIN (2020) offenbart dieser Ansatz mehrere allgemeine Muster in der mutmaßlichen Evolution des regulatorischen Genoms der Vielzeller (Metazoa). Demnach sei ein Großteil des entwicklungsbiologischen „Werkzeugkastens“ der vielzelligen Tiere vor fast einer Milliarde radiometrischer Jahre mit der Entstehung und frühen Entwicklung der sogenannten Holozoa entstanden. Unter den Holozoa („Gesamttiere“) versteht man diejenige rein hypothetische (!) Gruppe von Organismen, die die vielzelligen Tiere und ihre engsten einzelligen Verwandten umfasst (vgl. Abb. 4). Deren „Werkzeugkasten“ soll einen komplexen Lebenszyklus mit mehreren Zelltypen ermöglichen haben.

Ein Großteil des entwicklungsbiologischen „Werkzeugkastens“ der vielzelligen Tiere soll beim gemeinsamen Vorfahren vorhanden gewesen sein.

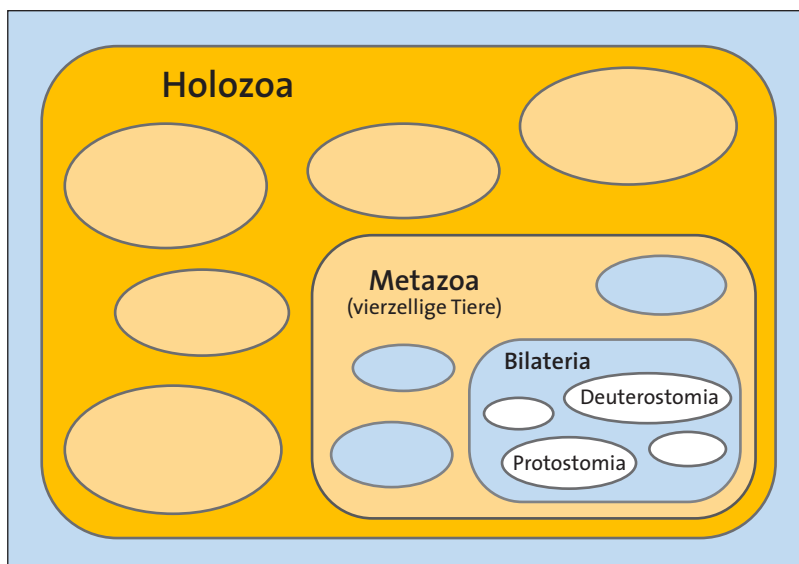


Abb.4 Schematische Darstellung der im Text genannten systematischen Gruppen. Nicht beschriftete Ovale stehen jeweils für verschiedene Untergruppen. Holozoa („Gesamttiere“) sind die rein hypothetische (!) Gruppe von Organismen, die die vielzelligen Tiere und ihre engsten einzelligen Verwandten umfasst. „Bilateria“ bedeutet „Zweiseitientiere“. Zu den Protostomia („Urmundtiere“) gehören z. B. die Häutungstiere (Ecdysozoa), die Lophotrochozoen (z. B. Weichtiere) und die Plattwurmartigen (Platyzoa), zu den Deuterostomia („Neumundtiere“) zählen vor allem die Rückensaitentiere (Chordatiere, darunter auch die Wirbeltiere) und die Stachelhäuter.

Die Bezeichnung „Urmundtiere“ rührt daher, dass bei diesen Tieren die erste embryonale Anlage einer Körperöffnung beim ausgewachsenen Tier zum Mund bzw. Maul wird. Bei den „Neumundtieren“ wird die erste Öffnung zum After, während sich der Mund erst später in der Entwicklung bildet.

Außerdem haben nach ERWIN (2020) vergleichende Studien von Holozoa-Gruppen gezeigt, dass das Ausmaß des regulatorischen Genoms des letzten gemeinsamen Vorfahren der Vielzeller weitaus größer hätte sein müssen, als noch vor einem Jahrzehnt angenommen wurde. Woher diese regulatorische Vielfalt beim letzten gemeinsamen Vorfahr der Metazoa evolutionär hätte kommen können, bleibt aber ein großes Rätsel (vgl. JUNKER 2014, 25, 27). Dagegen sei ERWIN (2020) zufolge der evolutionstheoretische gemeinsame Vorfahr der beiden Hauptgruppen der vielzelligen Tiere, der Proto- und Deuterostomie („Urmund“- und „Neumundtiere“; vgl. Abb. 4), morphologisch (vom Körperbau) weniger komplex gewesen, als in der Vergangenheit behauptet wurde. Daraus müsse man zwangsläufig schließen, dass eine mehrfach unabhängige umfangreiche Kooptation (Übernahme) von regulatorischen Modulen in den verschiedenen Gruppen der Bilateria (Zweiseitentiere, zu denen u. a. die Protostomie und Deuterostomie gehören; vgl. Abb. 4) angenommen werden.

Die letzte Schlussfolgerung lässt besonders aufhorchen. Denn es stellt sich unwillkürlich die Frage, wie ganze regulatorische Module gleichsam „neu verbaut“ werden konnten, und das auch noch mehrfach unabhängig. Ein solcher Vorgang würde aufwendige Abstimmungen erfordern. Solche Prozesse sind evolutionstheoretisch jedoch nicht zu erwarten, weil sie offensichtlich teleologischer Art sind, also ein anvisiertes Ziel voraussetzen. Ein Einbau von Modulen erfordert vorbereitete Konstellationen. Die vergleichenden Studien sprechen für eine (mindestens teilweise) freie Verfügbarkeit von regulatorischen Modulen. Aber nur ein Schöpfer ist frei; Evolution ist dagegen an natürliche Prozesse gebunden, die auch experimentell belegbar sein sollten.

Literatur

- DALEY AC, ANTCLIFFE JB, DRAGE HB & PATES S (2018) Early fossil record of Euarthropoda and the Cambrian Explosion. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 115, 5323–5331.
- ERWIN DH (2020) The origin of animal body plans: a view from fossil evidence and the regulatory genome. *Development* 147, dev182899.
- ERWIN DH & VALENTINE JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado.
- JUNKER R (2014) Zur neueren Diskussion über die kambrische Explosion. W+W Special Paper B-14-1, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-14-1_kambrische_explosion.pdf.
- WATSON T (2020) The bizarre species that are rewriting animal evolution. *Nature* 586, 662–665.
- ZHANG X & SHU D (2021) Current understanding on the Cambrian Explosion: questions and answers. *Paläont. Z.* 95, 641–660.



Waren die Tage vorzeiten kürzer?

In der Epoche der Späten Kreide soll der Tag etwa 23,5 Stunden gedauert haben, in der Epoche des Mittleren Devon etwa 22 Stunden. Dies entspricht einer Anzahl von 372 bzw. 400 Tagen pro Jahr. Diese und weitere von fossilen Organismen abgeleitete Größen stimmen unter Zugrundelegung der radiometrischen Alterswerte der geologischen Zeitskala mit einer theoretischen Rückrechnung einer Abnahme der Drehgeschwindigkeit der Erde überein. – Bei näherer Betrachtung stellen sich die sogenannten Bioarchive aber nicht als Rosetta-Steine heraus. Ihre Verwendung als paläontologische Chronometer schlägt fehl. Sie bilden keine Methode, die geologische Langzeit bzw. die radiometrischen Alter unabhängig zu bestätigen.

Michael Kotulla

Einleitung

Eine Pressemitteilung der *American Geophysical Union (AGU)* vom 9. März 2020 trägt die Überschrift (in Übersetzung): *Uralte Muschelschale zeigt, dass die Tage vor 70 Millionen Jahren eine halbe Stunde kürzer waren.* Und weiter: „Die Erde drehte sich am Ende der Zeit der Dinosaurier schneller als heute: 372 Mal im Jahr verglichen mit derzeit 365 Mal – nach einer neuen Studie über fossile Weichtierschalen der Späten Kreide*. Dies bedeutet, dass ein Tag nur 23 und eine halbe Stunde dauerte (...).“ Die Mitteilung entfaltet die gewünschte Wirkung: Zahlreiche Medien in den USA und im Ausland berichten über die Arbeit und die Ergebnisse von DE WINTER et al. (2020). So auch in Deutschland:

- „Tage der Dinosaurier waren 30 Minuten kürzer – Erde drehte sich vor 70 Millionen Jahren noch 372 Mal im Jahr um sich selbst“ (PODBREGAR 2020; scinexx.de).
- „Dinosaurier hatten 372-Tage-Jahr“ (DÖNGES 2020; spektrum.de).
- „Muschel-Analyse – Tage waren früher kürzer“ (Deutschlandfunk Nova 2020; deutschlandfunknova.de).

- „Schnellere Erdrotation – Zu Dino-Zeiten waren Tage eine halbe Stunde kürzer“ (SEIDLER 2020; spiegel.de/wissenschaft).
- „Erdrotation – Für Dinosaurier waren die Tage kürzer“ (SCHLUMM 2020; derstandard.de).
- „Als das Jahr noch 372 Tage hatte“ (LOSSAU 2021; welt.de/wissenschaft).

Allen aufgeführten Online-Artikeln ist gemein, dass ihre Überschriften aus faktischen Aussagen bestehen, also einer Wiedergabe von Tatsachen: „So war es gewesen.“ Dies setzt sich auch durchweg in den Textteilen fort.

Studie: Rudist mit 372 täglichen Laminen pro Jahr

DE WINTER et al. (2020) präsentieren eine Studie über die chemische Variabilität einer Muschelschale der ausgestorbenen Ordnung der Rudisten. Die untersuchte Schale von *Torreites sanchezi* stammt aus dem Oman (Campanium, Oberkreide; vgl. Abb. 1 und 2). Danach werden hochauflösende Spurenelement-Aufzeichnungen im Mikrometer-Bereich mit Isotopen-Aufzeichnungen im Submillimeter-Bereich kom-

Abb. 1 Kolonie hochwachsender, oberkreidischer Rudisten. Rudisten sind eine ungewöhnliche Gruppe von Muscheln; hier mit einer kelchförmigen unteren Klappe und einer oberen Klappe, die als Deckel fungiert. Einzelexemplare bis 30 cm hoch. Fundort: nahe Saiwan, Oman; ausgestellt im Hessischen Landesmuseum Darmstadt. Foto: M. KOTULLA.



Abb. 2 Muschel-Exemplar der Rudisten-Gattung *Torreites*. Ausschnitt aus Abb. 1.

binert, um tägliche und saisonale Periodizitäten des Schalenwachstums in Beziehung zu setzen. Eine Kombination aus visueller Lagenzählung, Spektralanalyse* der chemischen Zyklizität und chemischer Lagenzählung zeige – so die Autoren –, dass der Rudist 372 tägliche Laminen* pro Jahr bildete (entspricht einer Tageslänge von 23,5 Stunden). Dies demonstrierte, dass die Länge des Tages seit der Späten Kreide zugenommen habe, wie es von astronomischen Modellen vorausgesagt werde.

Dass fossile Organismen als Geochronometer verwendet werden, geht zurück bis auf WELLS (1963).

Paläontologische Chronometer?

Die Arbeiten zum periodischen Wachstum fossiler Organismen stammen hauptsächlich aus den 1960er- und 1970er-Jahren. Die untersuchten Organismengruppen umfassen unter den Wirbellosen Korallen, Muscheln, Brachiopoden und Cephalopoden und unter den Algen sogenannte Stromatolithen. Organismen dieser Gruppen bildeten Hartteile in einem marinen oder zumindest subaquatischen* Lebensraum. Diese Hartteile besitzen Strukturen, z. B. einen schichtigen Aufbau oder an ihrer Außenseite Linien, Streifen oder Bänderungen, die als Abbild von Wachstumsperioden betrachtet werden (Abb. 3). Hinsichtlich der Interpretation von Periodizitäten wird häufig auf rezente, heute lebende Organismen verwiesen.

WELLS (1963) präsentierte der Wissenschaftsgemeinschaft erstmals einen Zusammenhang von Wachstumslinien mitteldevonischer und oberkarbonischer rugoser Korallen (Abb. 3), Isotopenalter der Geophysiker und astronomische Schätzungen zur Anzahl der Tage in der geologischen Vergangenheit (Abb. 4). Danach stimmen die an den Korallen ermittelten „Tage pro Jahr“ – Mitteldevon 400, Oberkarbon 385–

390 – mit den astronomischen Rückrechnungen überein. Diese Resultate implizieren, so WELLS (1963), „dass im Verlauf der Zeit die Anzahl der Tage seit dem Devon abgenommen habe – so wie es Astronomen postulierten – und daher die Isotopenalter der Geophysiker gut mit den astronomischen Schätzungen über das Alter der Erde übereinstimmen“.

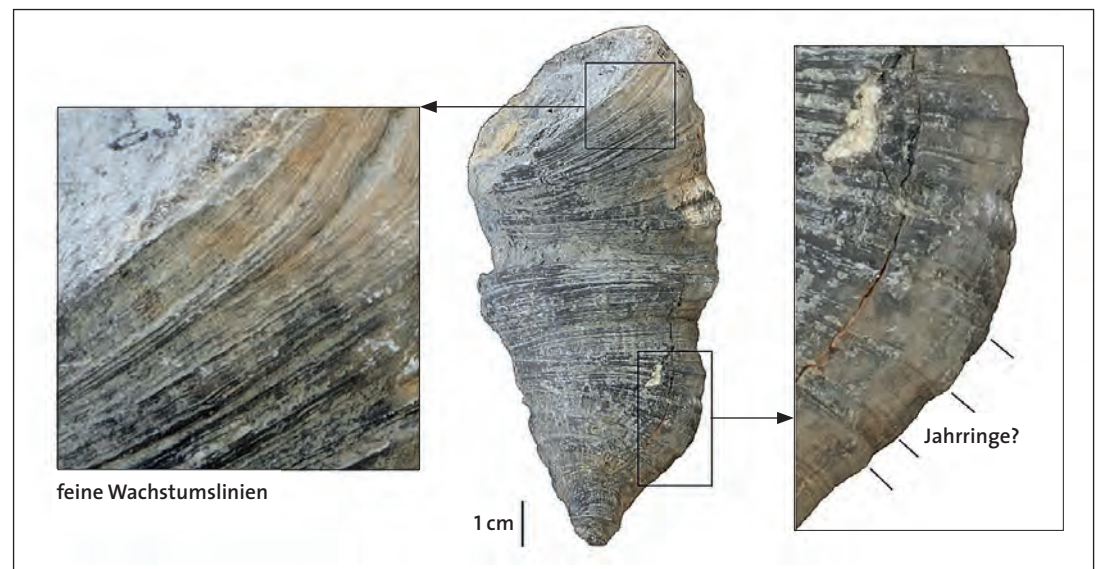
WELLS (1963) konnte allerdings nicht aufzeigen, dass seine Abgrenzungen von „jährlichen Wachstumsinkrementen“* tatsächlich auch Jahren entsprechen. So sind seine Daten und Ergebnisse eigentlich wertlos. Dennoch wurden sie und insbesondere seine Idee von zahlreichen Wissenschaftlern aufgegriffen.

In den Folgejahren bis etwa 1976 sind weitere paläontologische Arbeiten mit gleicher oder ähnlicher Aufgabenstellung veröffentlicht worden: Ermittlungen der täglichen Wachstumsinkremente pro Jahr oder der täglichen Wachstumsinkremente pro (synodischem) Monat oder der täglichen Wachstumsinkremente pro 14-tägigem Gezeitenrhythmus – jeweils im Verlauf der geologischen Zeit. Gegenstand der Untersuchungen waren neben Korallen hauptsächlich Muscheln. Allerdings konnte in keinem Fall der Nachweis erbracht werden, dass es sich tatsächlich und ausschließlich um tägliche Wachstumsinkremente handelte und ihre Bildung kontinuierlich erfolgte, also beispielsweise ohne Unterbrechung.

Weder in der Arbeit von WELLS (1963) noch in den Folgearbeiten von beispielsweise PANNELLA (1972, 1975) oder SCRUTTON (1965, 1970, 1978) ist schließlich ein Nachweis darüber erbracht worden, dass die Tage vorzeiten kürzer als heute waren bzw. dass die Anzahl der Tage pro Jahr höher als heute war. Mit vorzeiten ist die stratigraphische Spanne von Kambrium bis Quartär (Phanerozoikum) gemeint.

DE WINTER et al. (2020) liefern – vier Jahrzehnte danach – eine Studie über eine oberkre-

Abb. 3 Wachstumsinkremente eines Exemplars der rugosen Koralle *Heliophyllum halli* (Mitteldevon, New York). WELLS (1963) zählte u. a. an solchen Spezies feine Wachstumslinien (Abb. links) und größere Ringbildungen (Abb. rechts) ab. Erstere Bildungen interpretierte er als tägliche, Letztere als jährliche Wachstumsinkremente. Allerdings konnte er beispielsweise nicht nachweisen, dass seine Abgrenzungen von „jährlichen Wachstumsinkrementen“ (seine Figure 2) tatsächlich auch Jahren entsprachen. Fotos: Digital Encyclopedia of Ancient Life (DEAL), Creative Commons CC-BY-NC-SA 4.0; <https://www.digitalatlasofancientlife.org/learn/cnidaria/anthozoa/rugosa/>



tazische Rudistenschale (*T. sanchezi*), an welcher sie 372 tägliche Laminen pro Jahr bestimmten (s. o.). Die Zahl 372 wird nicht in der Überschrift, aber im Abstract des Fachartikels aufgeführt. Erst auf Seite 13 (von 21) erfährt der Leser, dass es sich um ein gekürztes Ergebnis handelt. Das vollständige Ergebnis lautet $372 \pm 8,4$ Tage. Unter Berücksichtigung der angegebenen Unsicherheit (8,4 Tage) ist das ausgewiesene Ergebnis von dem heutigen Wert von 365,25 Tagen pro Jahr nicht unterscheidbar. Dies gilt entsprechend für die ausgewiesene Länge des campanischen Tages von 23 Stunden und 31 Minuten, wenn die Unsicherheit (relativ 2,3 %) berücksichtigt wird. Insofern ist mit dem einen Exemplar von *T. sanchezi* nicht der Nachweis darüber erbracht worden, dass die Tage im Campanium (Oberkreide) kürzer waren. Diesbezügliche Tatsachenaussagen (s. o.) sind irreführend.

Umfangreiche Analyse

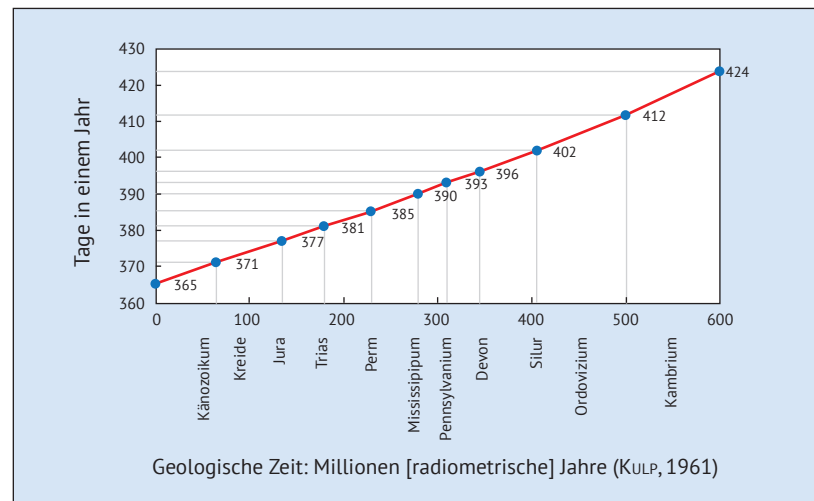
Eine umfangreiche Analyse zu dieser Thematik liefert der Verfasser im Rahmen eines W+W Special Paper mit dem Titel *Wachstum fossiler Organismen, Erdrotation und Geochronologie: Waren die Tage vorzeiten kürzer?* (KOTULLA 2022). Insbesondere werden aufgrund des umfangreichen zur Verfügung gestellten Datenmaterials die Ergebnisse von DE WINTER et al. (2020) untersucht und bewertet.

Eine geniale Idee

WELLS (1963) stellte fest, dass es keine Möglichkeiten gibt, „absolute, auf Radioaktivität basierende Altersbestimmungen“ durch unabhängige Methoden zu bestätigen oder zurückzuweisen – also zu falsifizieren. Dies nennt er das „Problem der Geochronometrie“.

Bislang gelang es nicht, fossile Organismen als Geochronometer zu verwenden.

Zur Lösung des Problems konstruiert er eine Beziehung zwischen der Anzahl der Tage pro Jahr und geologischer Zeit (seine Fig. 1, Abb. 4). Bei der Anzahl der Tage pro Jahr handelt es sich um eine astronomische Zeit-Deduktion*, eine theoretische Rückrechnung auf der Grundlage einer empirisch ermittelten Abbremsung der Erdrotation (2 ms/100 a). Bei den Alterswerten der geologischen Zeit handelt es sich um geophysikalische Zeit-Deduktionen, die auf aktuellen Beobachtungen zur Radioaktivität beruhen. Kann die Anzahl der Tage pro Jahr auf unabhängige Weise ermittelt werden und stimmt sie mit den astronomischen Rückrechnungen zur jeweiligen geologischen Zeit überein, dann sind



beide Methoden der Zeit-Deduktion in Harmonie. Das wollte WELLS (1963) mit den „paläontologischen Chronometern“ zeigen. – Eine geniale Idee.

Bislang sind allerdings alle Versuche gescheitert, mit paläontologischem Datenmaterial die radiometrische Datierung (bzw. geologische Zeitskala) oder die astronomische Theorie zu verifizieren bzw. zu validieren.

Literatur

- DE WINTER NJ, GODERIS S, VAN MALDEREN SJM, SINNE-SAEL M, VANSTEENBERGE S, SNOECK C, BELZA J, VAN-HAECKE F & CLAEYS P (2020) Subdaily-scale chemical variability in a *Torreites sanchezi* rudist shell: Implications for rudist paleobiology and the Cretaceous day-night cycle. *Paleoceanography and Paleoclimatology* 35, e2019PA003723, doi.org/10.1029/2019PA003723.
- KOTULLA M (2022) Wachstum fossiler Organismen, Erdrotation und Geochronologie: Waren die Tage vorzeiten kürzer? W+W Special Paper G-22-1, Baiersbronn. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Tage_vorzeiten_kuerzer.pdf.
- PANNELLA G (1972) Paleontological evidence on the Earth's rotational history since early Precambrian. *Astrophysics and Space Science* 16, 212–237.
- SCRUTTON CT (1965) Periodicity in Devonian coral growth. *Palaeontology* 7, 552–558.
- WELLS JW (1963) Coral growth and geochronometry. *Nature* 197, 948–950.

Weitere Literatur in KOTULLA (2022).

Glossar

Deduktion: Ableitung, Schlussfolgerung.
Kreide: Geologische(s) System bzw. Periode der internationalen chronostratigraphischen Tabelle (etwa 145–66 Millionen radiometrische Jahre vor heute); Adjektiv: kretazisch.
Laminen: feine Schichtlagen des Skeletts.
marin: Das Meer betreffend; bezieht sich auf im (oder durch das) Meer (verursachte) ablaufende Prozesse und Bildungen.
Rosetta-Stein: Bruchstück einer ägyptischen Stele mit drei untereinander stehenden Schriftblöcken (Hieroglyphen, Ägyptisch-demotisch, Altgriechisch). Der sinngemäß gleichlautende Text

trug maßgeblich zur Entschlüsselung der ägyptischen Hieroglyphen bei. Im übertragenen Sinn: Schlüssel oder dergleichen.

Spektralanalyse: Stochastische Methode zur Untersuchung von Wertereihen und/oder von in Zeitreihen überführten Wertereihen auf das Vorhandensein von Zyklen (Periodizitäten).

subaquatisch: allgemein unter Wasser ablaufende Prozesse oder dort entstandene Bildungen (marine und nicht-marine Bereiche).

Wachstumsinkrement: Zuwachs; schrittweise Erhöhung einer Größe (hier Skelett des Organismus).

Staubkörner als Lebensfabriken – Ursprung des Lebens doch außerhalb der Erde?

In der Lebensursprungsforschung scheint es im Trend zu liegen, kosmische Szenarien für die Entstehung des Lebens zu befürworten. Ein möglicher Grund dafür sind zahlreiche Misserfolge der klassischen Hypothesen für einen irdischen Ursprung des Lebens. Die Forschungsgruppe um KRASNOKUTSKI präsentierte kürzlich einen neuen Vorschlag zur Lösung des Problems der Bildung kleiner Peptide als Vorstufen von Proteinen.

Boris Schmidtgaß

Ende der bisherigen Präbiotik-Forschung?

Nachdem Stanley MILLER in den 1950er-Jahren seine erste Arbeit zur Ursuppenchemie veröffentlicht hatte, herrschte auf dem Gebiet der Lebensursprungsforschung große Euphorie. Sowohl Wissenschaftler als auch Medien sprachen von einem entscheidenden Durchbruch. MILLER selbst gab die gewagte Vorhersage ab, dass die Frage nach dem Ursprung des Lebens in 25 Jahren endgültig geklärt sein dürfte – und zwar im Sinne des Naturalismus, wonach Leben alleine durch physikalisch-chemische Gesetzmäßigkeiten entstanden sein soll. Es folgte eine Flut an Hypothesen über mögliche Szenarien, wie ohne schöpferischen Input erste Zellen auf der Erde entstanden sein könnten. Doch alle experimentellen Ergebnisse widerlegten die empirisch testbaren Hypothesen und entlarvten sie als Sackgassen. Alles sprach klar gegen die Möglichkeit der Entstehung erster Zellen durch eine lange Verkettung ungesteuerter chemischer

Vorgänge. Die ursprünglichen Erwartungen wurden nicht bestätigt und in der Folge stellte sich zunehmend Ernüchterung, wenn nicht gar Frustration, ein.

MILLER gestand gegen Ende seiner Laufbahn in den 1990er-Jahren, dass alle bisherigen Modelle zum Ursprung des Lebens „Kopfgeburten“ seien und keineswegs brauchbare Erklärungen für den Anfang organismischen Lebens auf unserem Planeten (HORGAN 2000). Auch der US-amerikanische Biochemiker Frank HAROLD äußerte sich ungeachtet seines klaren Bekenntnisses zur Darwin'schen Lehre sehr kritisch zur Frage der Lebensentstehung (HAROLD 2014, 165): „Bisher scheinen wir der Erleuchtung kaum näher gekommen zu sein als A. I. Oparin oder J. B. S. Haldane.“ Die von ihm zitierten Wissenschaftler waren Pioniere auf diesem Gebiet in den 1920er-Jahren. Und Hans R. KRICHELDORF, Professor für Makromolekulare Chemie an der Universität Hamburg, resümiert seine Schlussfolgerung wie folgt (KRICHELDORF 2019, 239): „Die zahlreichen Kenntnislücken, Nega-

tivergebnisse und Gegenargumente [...] machen es beim augenblicklichen Kenntnisstand schwer, aus distanzierter, wissenschaftlicher Sicht die ehemalige Existenz einer zu Leben führenden chemischen Evolution zu akzeptieren.“

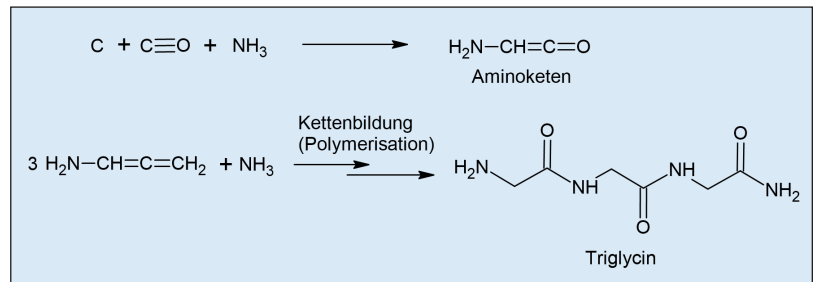
Es deutet also einiges darauf hin, dass die Zeit der klassischen präbiotischen Experimente wie dem Miller-Versuch bald vorbei sein könnte. Da liegt es nahe, nach gänzlich anderen Ansätzen zu suchen. Eine naheliegende Möglichkeit besteht darin, einen anderen Ort für die ersten Schritte zu den Molekülen des Lebens zu wählen. Tatsächlich melden sich in den letzten Jahren vermehrt Forscher zu Wort, die die Entstehung solcher Moleküle auf andere Himmelskörper als die Erde verschieben möchten. GREAVES et al. (2020a) veröffentlichten eine medial Aufsehen erregende Arbeit, in der sie behaupteten, das ausschließlich biologisch entstehende Phosphin auf der Venus nachgewiesen zu haben. Doch nach vehementer Kritik formulierten sie ihre Schlussfolgerung viel vorsichtiger und bezeichneten ihre Ergebnisse als vorläufig (GREAVES et al. 2020b).

Die Ära der klassischen präbiotischen Chemie könnte bald vorbei sein. Die Suche nach gänzlich anderen Ansätzen hat schon begonnen.

Allgemein wird angenommen, dass die Entstehung organischer Moleküle auf verschiedenen Weltraumkörpern wie Meteoriten oder Staubkörnern eine Selbstverständlichkeit sei (HERBST & VAN DISHOCK 2009; PIZZARELLO & CRONIN 1998). Und zuletzt gab eine wissenschaftliche Gruppe an, sogar Proteine in Meteoriten nachgewiesen zu haben. Bei näherer Betrachtung hat sich diese Behauptung aber als mangelhaft begründet erwiesen (SCHMIDTGALL 2021). Das Bemühen, Auswege aus der Sackgasse zu finden, resultiert offenbar nicht nur in neuen, unorthodoxen Ansätzen, sondern auch in einer verstärkten Tendenz zur Spekulation.

Experiment von KRASNOKUTSKI et al.: Bildung von Peptiden im Weltall?

Ein weiteres aktuelles Beispiel für den Trend, die Wiege des Lebens außerhalb der Erde zu suchen, ist die diesjährige Veröffentlichung von KRASNOKUTSKI et al., derzufolge auf Weltraum-Staub gebildete kleine Protein-Fragmente (Peptide) zur Entstehung erster Organismen beigetragen haben könnten (KRASNOKUTSKI et al. 2022). Als Grundlage für ihre These führt die Gruppe eine chemische Reaktion an, die in bestimmten Bereichen des Weltraums häufig stattfinden soll:



Die Autoren begründen ihre These zum einen mit dem im Weltall nachweislich häufigen Vorkommen der drei Ausgangsstoffe Kohlenstoff (C, in atomarer Form), Kohlenmonoxid (CO) und Ammoniak (NH₃) – selbst in kalten Bereichen des Universums. Zum anderen konnten sie anhand quantenchemischer Berechnungen zeigen, dass diese Reaktionen recht leicht ablaufen. Vom theoretischen Standpunkt her scheint dieses Konzept eine gute Lösung für das Problem der Bildung von Peptidbindungen zu sein. In wässriger Lösung lassen sich Aminosäuren nämlich nur schwer zu Ketten verbinden – wegen der deutlich stärker begünstigten Rückreaktion (also der Auflösung der Peptide), was für Szenarien der präbiotischen Chemie immer ein ernstes Problem ist.

KRASNOKUTSKI et. al. stellten aufbauend auf dieser Reaktion folgendes Szenario auf: In kalten Bereichen des Universums, wo eine Entstehung von Himmelskörpern durch Verdichtung der Materie noch nicht stattgefunden hat, entsteht das Aminoketen. Dieses wird von Staubkörnern aufgenommen und in wärmere Bereiche transportiert, wo die Verkettungsreaktion zum Polyglycin stattfinden kann. Schließlich gelangt das entstandene Peptid auf die Erde und kann zur schrittweisen Bildung erster Organismen beitragen.

Um ihre Hypothese zu bestätigen, führten die Autoren so etwas wie einen modernen Miller-Versuch durch. Sie ließen die drei Ausgangsstoffe (C, CO und NH₃) in einer geschlossenen Hochvakuumapparatur bei sehr niedrigen Temperaturen (nahe dem absoluten Nullpunkt) zur Reaktion kommen. Anschließend wärmten sie die Apparatur langsam auf, sodass die Kettenbildung stattfinden konnte. Das Ergebnis dieses Simulationsexperiments waren tatsächlich miteinander über Peptidbindungen verknüpfte Aminosäuren – allerdings ausschließlich Glycin. Mit Hilfe verschiedener spektroskopischer Methoden konnten die Experimentatoren die Moleküle nachweisen.

Die Autoren schlussfolgerten aus ihren Ergebnissen, dass die Chemie selbst unter Weltraumbedingungen noch viel weiter in Richtung dessen ginge, was für die Entstehung von Leben notwendig sei, als bisher angenommen, und dass diese Ergebnisse die „Möglichkeiten einer evolutionären Chemie und Biologie er-

Abb. 1 Der Reaktionsverlauf ausgehend von atomarem Kohlenstoff (C), Kohlenmonoxid und Ammoniak über Aminoketen bis hin zum Triglycin (oder Polyglycin bei mehr als drei Aminoketen-Molekülen).

Geschulten Chemikern dürfte klar sein, dass KRASNOKUTSKIS Ansatz für die Entstehung der 20 natürlichen Aminosäuren untauglich ist.

weitem“. Auch einige populärwissenschaftliche Zeitschriften kommentierten diese Publikation in gewohnt optimistischer Heureka-Rhetorik. In einem Artikel des scinexx-Wissenschaftsmagazins heißt es: „Selbst auf Staubkörnern im interstellaren Raum können demnach entscheidende Lebensbausteine entstanden sein“ (PODBREGAR 2022).

Diskussion

Wie aber passt diese Euphorie zu den Forschungsergebnissen? Während die Proteine von Lebewesen aus einem Reichtum von 20 verschiedenen Aminosäuren bestehen und nicht selten Längen von über 1000 Aminosäuren erreichen, erhielt die Forschungsgruppe nur sehr kurze Peptide aus 3-4 Glycin-Einheiten. Für biologische Funktionen sind solche Moleküle nicht relevant. Zudem dürfte es für geschulte Chemiker offenkundig sein, dass die von KRASNOKUTSKI vorgeschlagene Chemie für die Entstehung der in Lebewesen vorkommenden 20 Aminosäuren in keiner Weise geeignet ist. Sollten nämlich Aminosäuren mit komplexeren Seitengruppen unter den experimentellen Bedingungen vorliegen, würden sie sofort mit dem hochreaktiven Aminoketen chemische Reaktionen eingehen und ein Gemisch verschiedener Reaktionsprodukte ergeben, die für das Leben abträglich sind (z. B. nicht nur lineare, sondern auch 3-dimensional quervernetzte Peptide).

Es ist wohl auch grundsätzlich nicht zu erwarten, dass das Weltall nennenswert komplexe organische Moleküle liefern kann, da die harte Strahlung verschiedener Sterne sehr zuverlässig größere organische Moleküle zerstört. Zudem stellt unter üblicherweise skizzierten kosmischen Bedingungen die extrem geringe lokale Konzentration der betrachteten Komponenten für weitere Reaktionsschritte ein schwerwiegendes Problem dar. Dementsprechend ist die nüchterne Einschätzung von KRICHELDORF deutlich realistischer (2019, 239): „Die von Radikalen und aggressiven Ionen dominierte Chemie des Weltalls sowie Folgereaktionen in Asteroiden, Kometen und Meteoriten sind einer chemischen Evolution hin zu lebenden Organismen diametral entgegengesetzt.“

Außerdem haben die Autoren das Problem der Knüpfung von Peptidbindungen keineswegs gelöst, da die kleinen Peptide nach ihrer Ankunft auf der Erde miteinander über Peptidbindungen verknüpft werden müssten, um weitere Schritte in Richtung Leben gehen zu können. Da diese Verknüpfungen unter gewöhnlichen Ursuppen-Bedingungen stattfinden müssten, wäre man erneut bei den alten Problemen, die sich einer Lösung nach wie vor hartnäckig verweigern.

Fazit

Damit folgt auch die Arbeit von KRASNOKUTSKI et al. dem bisher gewohnten Muster im Bereich der Lebensursprungsforschung: Ergebnisse, die nicht einmal ansatzweise geeignet sind, als Indizien für mögliche „Schritte zum Leben“ zu gelten, werden trotz der bisher äußerst unbefriedigenden Resultate dennoch rhetorisch als signifikante Fortschritte dargestellt. Widersprüche und gravierende Mängel der jeweiligen Modelle werden dagegen kaum oder viel später thematisiert. Dagegen bezeugen auch die Ergebnisse des hier besprochenen Experiments, dass der Materie keinerlei Tendenz zur Selbstorganisation in Richtung Leben innewohnt.

Literatur

- GREAVES JS, RICHARDS AMS, BAINS W, RIMMER PB et al. (2020a) Phosphine gas in the cloud decks of Venus. *Nat. Astron.* 5, 655–664.
- GREAVES JS, RICHARDS AMS, BAINS W, & RIMMER PB (2020b) Re-analysis of Phosphine in Venus' Clouds. *arXiv* 2010.14305.
- HAROLD F (2014) In search of cell history: the evolution of life's building blocks. The university of chicago press, Chicago.
- HERBST E & VAN DISHOCK EF (2009) Complex Organic Interstellar Molecules. *Annu. Rev.Astron. Astrophys.* 47, 427–480.
- HORGAN J (2000) An den Grenzen des Wissens – Siegeszug und Dilemma der Naturwissenschaften. Fischer.
- KRASNOKUTSKI SA, CHUANG K-J et al. (2022) A pathway to peptides in space through the condensation of atomic carbon. *Nat. Astron.* 6, 381–386.
- KRICHELDORF HR (2019) Leben durch chemische Evolution? Eine kritische Bestandsaufnahme von Experimenten und Hypothesen. Springer Spektrum, Berlin.
- PIZZARELLO S & CRONIN JR (1998) Alanine enantiomers in the Murchison meteorite. *Nature* 394, 236.
- PODBREGAR N (2022) Lebensbausteine aus dem Welt-raum, scinexx-Wissenschaftsmagazin, <https://www.scinexx.de/dossier/lebensbausteine-aus-dem-welt-raum/>
- SCHMIDTGALL B (2021) Leben auf der Venus - doch nur eine leere Sensationsmeldung? Genesisnet, https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n287.php.info.

Homo erectus mit modern menschlichem Hörvermögen

Die Cochlea (Hörschnecke) des Innenohres ist ein zentrales Organ für das Hören des Menschen. Erstmalig wurde dieses Organ bei zwei asiatischen *Homo-erectus*-Schädeln ausführlich untersucht. URCIUOLI et al. (2022) schließen vom Volumen der Cochlea auf einen modern-menschlichen Hörbereich wahrscheinlich bei der gesamten Spezies *Homo erectus*. Dieses Ergebnis deckt sich mit anderen Erkenntnissen, nach denen *Homo erectus* der früheste fossil nachgewiesene echte Mensch mit typischen Eigenschaften des modernen Menschen war.

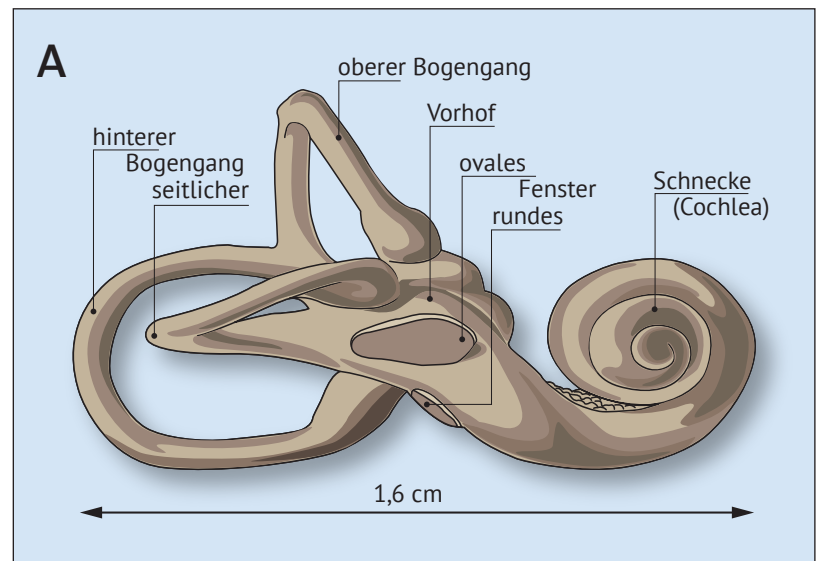
Michael Brandt

Einleitung

Ein zentrales Organ für das Hören des Menschen ist die Cochlea. Die Cochlea – auch Hörschnecke genannt – ist Bestandteil des Innenohres und nimmt eine wichtige Rolle im Hörvorgang ein. Sie beherbergt unter anderem das Corti-Organ, den eigentlichen Sitz des Gehörsinns.

Die Cochlea ist Teil des knöchernen Labyrinthes des Innenohres, welches in der Felsenbeinpyramide im Schläfenbein gelegen ist. Zum knöchernen Labyrinth gehören außer der Cochlea noch der Vorhof (Vestibulum labyrinthi) und drei Bogengänge (Canales semicirculares). Das Labyrinth ist mit dem Hohlraum des Mittelohres (Paukenhöhle), in dem sich die drei Gehörknöchelchen befinden, durch zwei Fenster verbunden. In der Abb. 1 ist das knöcherne Labyrinth im Schädel dargestellt.

Die Cochlea ist ein knöcherner, etwa 35 mm langer Gang, der ähnlich wie ein Schneckenhaus 2,5-fach um eine horizontal liegende Knochenachse gewunden ist. Das runde Fenster bildet das Ende der Paukentreppe (Scala tympani) der Hörschnecke. Es ist durch eine Mem-



bran verschlossen und dient der Verstärkung der Schallwellen. Über dem runden Fenster liegt ein zweites ovales Fenster. Es befindet sich am Anfang der Paukentreppe. Im ovalen Fenster ist der Steigbügel, eines der drei Gehörknöchelchen, beweglich verankert. Hier werden die Schwingungen, die über die drei beweglich miteinander verbundenen Gehörknöchelchen

Abb. 1 Das knöcherne Labyrinth (A) mit seinen drei Bestandteilen und zwei Fenstern und (B) seiner Lage im Schädel. Grafiken: Johannes WEISS.

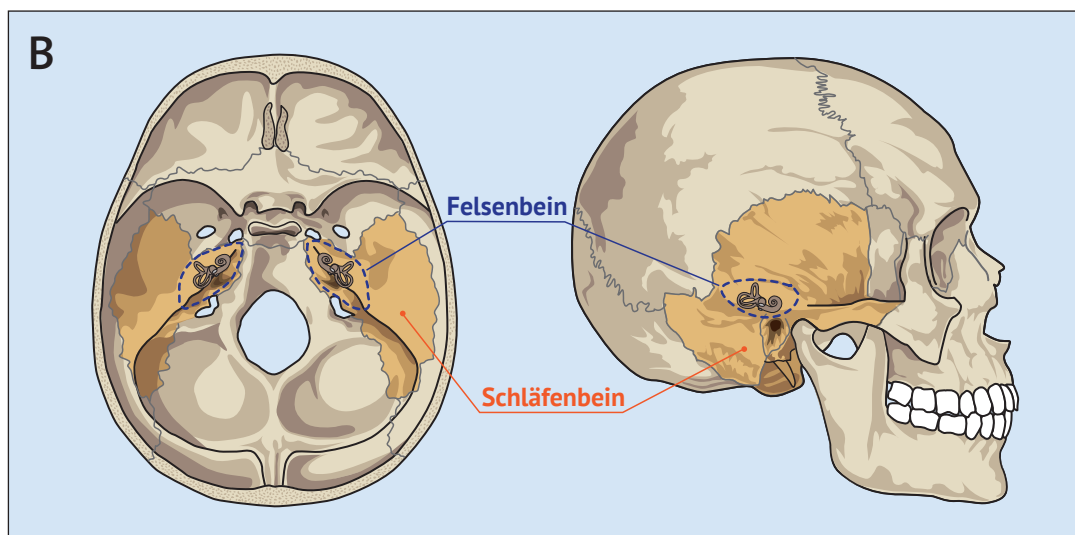




Abb. 2 Der *Homo-erectus*-Schädel Sangiran 2 aus Java (Indonesien). (Wikimedia: Gerbil, CC BY-SA 3.0, bearbeitet von Johannes Weiss)

Hammer, Amboss und Steigbügel weitergeleitet werden, auf die Flüssigkeit in der Hörschnecke übertragen.

Das knöcherne Labyrinth früher menschlicher und nichtmenschlicher Homininen¹ ist in zahlreichen Studien untersucht worden. Diese haben gezeigt, dass die Morphologie (Form und Größe) der Bogengänge für die Taxonomie der Homininen, für Erkenntnisse über die globale Ausbreitung des modernen Menschen von Afrika aus und für Abstammungsrekonstruktionen nützlich ist. Die Beziehung der Cochlea-Morphologie zur Hörfähigkeit bei fossilen Menschen wurde auch in vielen weiteren Studien untersucht. Die Hörschnecke der Neandertaler und des modernen Menschen verfügen über viele gemeinsame Merkmale. Beide weisen eine lange erste Krümmung des spiralförmigen Rohres, ein großes Volumen und eine verdickte Windung auf. Diese drei Merkmale werden als fortschrittlich gegenüber den frühen nichtmenschlichen Homininen und dem Schimpanse angesehen. Von einem ähnlich großen Cochlea-Volumen wird auf eine ähnliche Hörfähigkeit und von der Morphologie des Außen- und Mittelohres auf eine ähnliche Schallleistungsübertragung und Schallbandbreite beim modernen Menschen und Neandertaler geschlossen (URCIUOLI et al. 2022).

Von *Homo erectus* liegen zwar Untersuchungen über das knöcherne Labyrinth vor (SPOOR & ZONNEVELD 1994, WU et al. 2014, WU & ZHANG 2016), speziell die Form der Cochlea ist bei diesen Frühmenschen aber weitestgehend unerforscht. URCIUOLI et al. (2022) sind dieses Forschungsdefizit angegangen. Die Forscher haben die Morphologie der Cochlea der zwei indonesischen *Homo-erectus*-Individuen Sangiran 2 (S2, Abb. 2) und Sangiran 4 (S4) mit der von Australopithecinen, Menschen des Mittel- und Spätpleistozäns und heutigen Menschen verglichen. Dabei wurden lineare Messungen und multimetrische Analysen angewendet.

Ergebnisse und Schlussfolgerungen

URCIUOLI et al. (2022) kamen zu dem Ergebnis, dass die beiden asiatischen *Homo-erectus*-Funde eine mosaikartige Morphologie aufweisen. Es finden sich bei ihnen „ursprüngliche“ (australopithecine) Merkmale wie ein schimpansenähnlich runder Querschnitt der Cochlea und eine geringe Cochlea-Dicke, kombiniert mit „fortschrittlichen“ Merkmalen späterer Menschen wie eine voluminöse und lange Cochlea.

Zwischen den beiden untersuchten Individuen S2 und S4 ergaben sich aber auch deutliche Unterschiede, insbesondere ein größeres Volumen der Cochlea von S4 gegenüber dem anderen Individuum. S4 wird damit als „fortschrittlicher“ als S2 eingestuft. Die Autoren deuten diese Unterschiedlichkeit aber am ehesten als Variation innerhalb der Art.

URCIUOLI et al. (2022) schließen auf der Basis von Untersuchungen des modernen Menschen von dem großen Volumen der Cochlea von S4 auf eine erhöhte Sensitivität auf niedrige akustische Frequenzen wie beim modernen Menschen. S4 und vielleicht auch die Spezies *Homo erectus* insgesamt waren nach URCIUOLI et al. (2022) die frühesten Homininen mit einem modern-menschlichen Hörbereich. Es muss an dieser Stelle allerdings kritisch angemerkt werden, dass der Schluss von einem osteologischen Merkmal (Knochenbau) der Cochlea auf die Hörfähigkeit ein gehörig spekulatives Moment beinhaltet.

Die Cochlea der Australopithecinen ist hingegen „ursprünglich“ strukturiert. Die beiden untersuchten in die Gattung *Homo* gestellten Funde SK 27 und SK 847 besaßen zwar etwas „fortschrittlichere“ Merkmale gegenüber den Australopithecinen; das von URCIUOLI et al. (2022) als funktionell entscheidend gedeutete Cochlea-Volumen ist bei ihnen jedoch nichtmenschlich klein. Diese beiden zur Gattung Mensch zugeordneten Funde hätten demnach keine menschliche Hörfähigkeit besessen. Dieser Sachverhalt wäre dann ein Widerspruch zur Grundtypenbiologie der Schöpfungslehre, wonach alle Formen der Gattung *Homo* echte Menschen waren, die gegen andere Homininen abgegrenzt sind. Der Widerspruch löst sich bei näherer taxonomischer Betrachtung aber auf, denn SK 27 und SK 847 weisen Ähnlichkeiten mit „*Homo*“ *habilis* auf (HENKE & ROTHE 1994). Die Vertreter dieses Taxons waren entgegen ihrer Gattungsbezeichnung keine Menschen, sondern Australopithecinen und damit großaffenähnliche Wesen (siehe BRANDT 2017).

***Homo erectus* weist eine eindeutig menschenähnliche Lebensstrategie auf.**

URCIUOLI et al. (2022) resümieren am Schluss ihrer Arbeit, dass in Übereinstimmung mit früheren Schlussfolgerungen zu den Neandertalern der *Homo erectus* mehr modern menschlich in Bezug auf seine Hörfähigkeiten gewesen sein könnte als seine homininen Vorläufer einschließlich früher „*Homo*“-Vertreter. Diese Fähigkeit steht in Übereinstimmung mit anderen archäologischen Indizien zum Verhalten und Körperbau. Diese weisen darauf hin, dass *Homo erectus* der erste Hominine war, der eine eindeutig menschenähnliche Lebensstrategie aufweist. Die Einschätzung von URCIUOLI et al. (2022) deckt sich mit den Erkenntnissen im Rahmen der Grundtypenbiologie der Schöpfungslehre, nach der *Homo erectus* der früheste fossil nachgewiesene echte Mensch mit typischen Eigenschaften des modernen Menschen war. Dagegen waren andere dem frühen *Homo* zugeordnete Fossilien und die Australopithecinen großaffenähnliche Wesen.

Anmerkungen

¹ Nach allgemeiner heutiger evolutionstheoretischer Vorstellung haben Mensch und Schimpanse einen gemeinsamen großaffenähnlichen Vorfahren. Alle lebenden und fossilen Menschen einschließlich ihrer im Evolutionsmodell vermuteten Vorläufer nach der Abspaltung von diesem großaffenähnlichen Vorfahren bezeichnet man als Homininen.

Literatur

- BRANDT M (2017) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. In: Brandt M: Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special, S. 81–90.
- HENKE W & H ROTHE (1994) Paläoanthropologie. Berlin.
- SPOOR F & F ZONNEVELD (1994) The bony labyrinth in *Homo erectus*: A preliminary report. Cour. Forsch.-Inst. Senck 171, 251–256.
- URCIUOLI A et al. (2022) Cochlear morphology of Indonesian *Homo erectus* from Sangiran. J. Hum. Evol. 165, 103163.
- WU X-J et al. (2014) Temporal labyrinths of eastern Eurasian Pleistocene humans. PNAS 111, 10509–10513.
- WU X & Y ZHANG (2016) The temporal bony labyrinthine morphology of Lantian *Homo erectus* from Gongwandling, Shaanxi province. Acta Anthropol. Sin. 35, 14–23.

Perfekte Augen

Vom Ausbügeln der Evolution und dem Kopfstand der Biologen

In den letzten Jahren wurde vermehrt thematisiert, dass die Augen der Wirbeltiere und insbesondere ihre Netzhaut keine Fehlkonstruktionen sind. Diese Einsicht fällt vielen Evolutionsbiologen nicht leicht, weil damit eines ihrer beliebtesten Argumente gegen die Existenz eines intelligenten Schöpfers aufgegeben werden musste. Eine aktuelle Darstellung bestätigt die neue Sicht.

Henrik Ullrich

„Das Auge von Menschen und anderen Wirbeltieren ist von Anatomen ab und an scherzhaft als Fehlkonstruktion bezeichnet worden: Denn aus entwicklungsbiologischen Gründen ist unser Sehorgan falsch herum gebaut, also invertiert. ... Das Gegenteil ist allerdings der Fall: Tatsächlich verbessert der Retinaaufbau das Bild sogar, berichten Amichai LABIN vom Technion im israelischen Haifa und seine Kollegen“ (OSTERKAMP 2014).

Dieses erstaunliche Zitat aus *spektrum.de* dokumentiert eine 180°-Wende in der Beurteilung der Netzhaut (Retina) des Wirbeltierauges: Statt Fehlkonstruktion nun optimal gebaut. Die erwähnten Forscher LABIN & RIBAK konnten 2010 zum einen zeigen, dass die von FRANZE et al. (2007) beschriebenen Zellfortsätze der Müllerzellen das Licht nahezu verlustfrei durch die Netzhaut ähnlich wie Glasfaserkabel leiten können. Zum anderen konnten sie auch nach-

weisen, dass die Fortsätze der Müllerzellen durch ihren trichterartigen Aufbau an der Außenseite der Netzhaut (Einfallseite des Lichtes) zusätzlich auch dafür sorgen, dass die diskreten Unterschiede der Lichtbrechung (chromatische Aberration) nicht zu einer Verschlechterung der Bildqualität führen (vgl. dazu ULLRICH 2008; 2010; 2014 und s. u.).

In dem angesehenen Magazin *Current Biology* wird nun erneut von Tim BADEN und Dan ERIC NILSSON das Wirbeltierauge, konkret der Aufbau der Netzhaut, unter der Fragestellung „Ist unsere Retina wirklich verkehrt herum?“ diskutiert (BADEN & NILSSON 2022). Ihre Auswertung der Fakten ist eindeutig, aber ihre Begründungen für die vorgefundene Perfektion eine Flucht vor dem Offensichtlichen:

„Letztendlich haben Wirbeltiere und Kopffüßer sehr unterschiedliche Wege eingeschlagen, um Augen und das Sehvermögen zu erlan-

gen. Die Photorezeptoren der Netzhaut richteten sich in entgegengesetzte Richtungen aus, was zu unterschiedlichen Vorteilen und Herausforderungen führte. *Merkmale, die vielleicht ungünstig erscheinen, wurden mit der Effizienz und dem Einfallsreichtum der Evolution ausgeglichen.* Die gute Raumausnutzung in kleinen Augen mag dazu beigetragen haben, dass die frühen Wirbeltiere so effizienter waren, als sie es mit einer umgedrehten Netzhaut gewesen wären. Grundsätzlich kann man nicht sagen, dass eine der beiden Netzhautausrichtungen der anderen überlegen ist. *Es ist die Vorstellung vom richtigen oder falschen Weg, die versagt. Unsere Netzhaut ist nicht verkehrt herum, außer vielleicht, wenn wir auf dem Kopf stehen*“ (Hervorhebungen hinzugefügt).

„Unsere Netzhaut ist nicht verkehrt herum, außer vielleicht, wenn wir auf dem Kopf stehen.“

Ein notwendiger geschichtlicher Rückblick

Dass Augen der Wirbeltiere generell und der Aufbau der Netzhaut als Fehlkonstruktionen bewertet wurden, ist eine unmittelbare und zwingende Schlussfolgerung aus dem Evolutionsparadigma. Bereits 1874 wies Charles DARWIN auf diese Konsequenz seiner Theorie hin: „Wir haben keinen Grund, absolute Perfektion bei Strukturen zu erwarten, welche die sexuelle Selektion schön formte, ebenso wenig bei Strukturen, welche durch die natürliche Selektion für ihre normale Funktion gestaltet wurden, ..., zum Beispiel in jenem wundersamen Organ, dem Auge. Und wir wissen, was HELMHOLTZ, die größte Autorität in Europa zu diesem Thema, über das Auge gesagt hat, ...“ (DARWIN 1874, 441).

Der berühmte Berliner Physiologe Hermann Ludwig Ferdinand VON HELMHOLTZ (1821–1874) wollte die Zweckmäßigkeit und Fehlerhaftigkeit des Auges in einen kausalen Zusammenhang „mit den grossen und kühnen Gedanken in Beziehung setzen, welche neuerdings Darwin über die Art der fortschreitenden Vervollkommnung der organischen Geschlechter in unsere Wissenschaft geworfen hat“ (VON HELMHOLTZ 1865, 27). Bekannt wurde sein „Sündenregister“ des Auges (Tab. 1), in dem er zahlreiche vermeintliche Konstruktionsfehler, u.a. den blinden Fleck der Netzhaut, aufführte. Daraus resultierte für ihn folgendes Urteil über den Schöpfer des Auges:

„Wenn mir nun ein Optiker ein Instrument verkaufen wollte, welches die letztgenannten

Fehler hätte, so ist es nicht zu viel gesagt, dass ich mich vollkommen berechtigt glauben würde, die härtesten Ausdrücke über die Nachlässigkeit seiner Arbeit zu gebrauchen, und ihm sein Instrument mit Protest zurückzugeben“ (VON HELMHOLTZ 1865, 22–23).

- Individuelle Mängel der Akkommodationsbreite (Kurz- / Weitsichtigkeit)
- Sphärische und chromatische Aberration
- Astigmatismus (Stabsichtigkeit)
- inhomogene Lichtpunktdarstellung („Stern“) durch strahlige Faserzüge und Flecken der Linse
- Trübheit der Linse und der Hornhaut
- Fluoreszenz der Linse (UV)
- Glaskörperverunreinigungen
- Blinder Fleck
- Gefäße vor der Netzhaut
- Fovea centralis nicht empfindlich für schwaches Licht
- Ungleichheit des Feldes der Netzhaut

Tab. 1 Sündenregister des Auges nach VON HELMHOLTZ

Wie ein roter Faden zieht sich dieser von DARWIN und VON HELMHOLTZ begründete Argumentationsstrang des fehlkonstruierten Auges durch die evolutionsbiologische Literatur der letzten anderthalb Jahrhunderte. Selbst im Jahr 2010, als bereits durch die deskriptiv und analytisch arbeitende Biologie alle o.g. Konstruktionsfehler des „Sündenregisters“ eine anatomisch und physiologisch sinnvolle Erklärung gefunden hatten und sich damit als Ausdruck unseres bisherigen Unwissens darstellten, zählt Richard DAWKINS die Wirbeltieraugen immer noch zu den eindrucksvollsten Beispielen für Fehlkonstruktionen:

„Es ist nicht nur eine schlechte Konstruktion, es ist die Konstruktion eines völligen Idioten“ (DAWKINS 2010, 399).

Weil dieses krasse Fehlurteil bis heute noch in vielen populärwissenschaftlichen Darstellungen und in Schulmaterial zu finden ist, darf man den Beitrag von BADEN und NILSSON in *Current Biology* als einen erneuten und sehr zu lobenden Versuch werten, den Mythos der Fehlkonstruktion von Wirbeltieraugen zu entzaubern.

Die Mängelliste des Auges ist nicht mehr existent

Die Biologie als Wissenschaft vom Leben ist angesichts der nicht wegzudiskutierenden Zweckmäßigkeit der Konstruktionen des Lebens

grundsätzlich darauf angewiesen, die Organismen methodisch so zu untersuchen, als seien sie geschaffen worden. Das räumt indirekt sogar Richard DAWKINS ein, wenn er Biologie definiert als „das Studium komplizierter Dinge, die so aussehen, als seien sie zu einem Zweck entworfen worden“ (DAWKINS 1987, 13). Generationen von Naturwissenschaftlern haben in den letzten 160 Jahren dazu beigetragen, die scheinbar zwecklosen und angeblich nur durch eine evolutionäre Vergangenheit verstehbaren Konstruktionsfehler bei Wirbeltieraugen als anatomisch, physiologisch und ontogenetisch perfekte Konstruktionen unabhängig von einer hypothetischen evolutionären Geschichte zu verstehen. Zu diesem Urteil kommen auch BADEN und NILSSON:

„Bezüglich ihrer Leistungsfähigkeit sind die Wirbeltieraugen nahezu perfekt.“

Und: „Es ist klar, dass in diesen kleinsten, perfekt funktionierenden Wirbeltieraugen die umgekehrte Netzhaut eine effiziente Nutzung jedes Kubikmikrometers der intraokularen Fläche ermöglicht hat.“

Die Unterschiede zwischen den Augentypen können eine überlegene oder unterlegene Konstruktion nicht begründen.

Die Autoren verweisen auf zahlreiche alte und neue Befunde, die das Wirbeltierauge in besonderer Weise auszeichnen und die sich beim Linsenauge der Kopffüßer anders darstellen. Letztere verfügen über eine sogenannte everse Netzhaut (siehe Abb. 2), was entsprechende Konsequenzen für anatomische und physiologische Gegebenheiten hat (z. B. die Position der Sinneszellen zum Gehirn nachgeschalteten Neuronen für die Signalverarbeitung). Diese Unterschiede können jedoch eine bessere oder schlechtere bzw. überlegene oder unterlegene Konstruktion nicht begründen. Sie

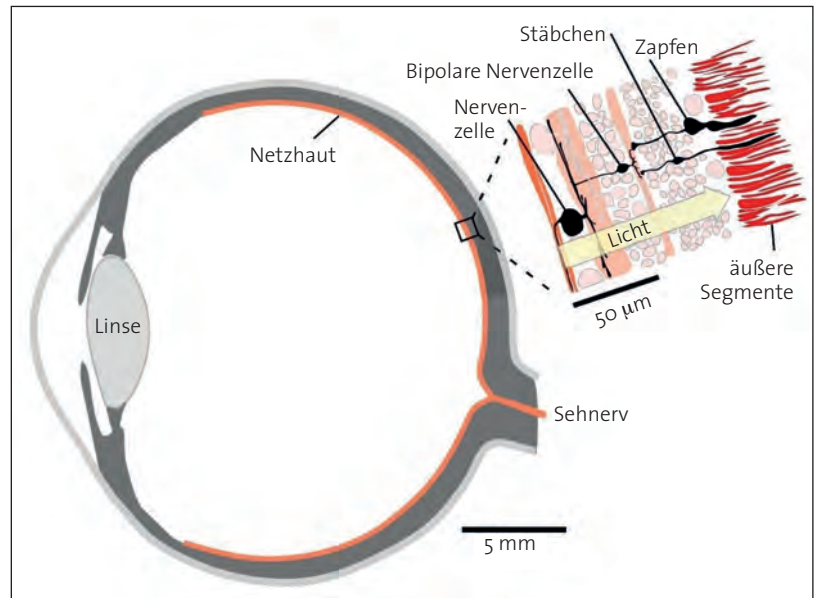


Abb. 1 Längsschnitt durch das menschliche Auge und die Netzhaut. Die lichtempfindlichen äußeren Segmente der Stäbchen- und Zapfenphotorezeptoren (dunkelrot) sind dem Licht abgewandt (inverser Aufbau der Netzhaut, nach BADEN & NILSSON 2022).

sind schlicht und einfach Ausdruck einer optimalen oder perfekten anatomisch-funktionalen Einpassung der Merkmalskomplexe in die Lebensumwelt der jeweiligen Arten. Zu den besonderen Eigenschaften der Wirbeltieraugen zählen Tim BADEN und Dan Eric NILSSON:

- den ontogenetischen Bildungsprozess der Netzhaut aus einer Ausstülpung des embryonal angelegten Gehirns und
- die Maximierung des Abstandes der Netzhaut von der Eintrittsstelle des Lichts in das Auge durch die Linse, den Glaskörper und die den Sinneszellen vorgelagerten Neuronen, was aus optischen Erwägungen zu einer besseren räumlichen Auflösung des Lichts beiträgt.
- Außerdem ermöglichen die den Sinneszellen vorgelagerten Neuronen zusätzlich eine raumsparende, unmittelbar primäre und extrem schnelle Signalverarbeitung und regulatorische Verschaltung der Sinneszellen, wodurch ein hoher Anteil an redundanten (nicht notwendigen) Informationen herausgefiltert wird.
- Die den Sinneszellen vorgelagerten Neuronen verfügen darüber hinaus in ihren Zellkörpern über lipidartige Tröpfchen, welche das Far-

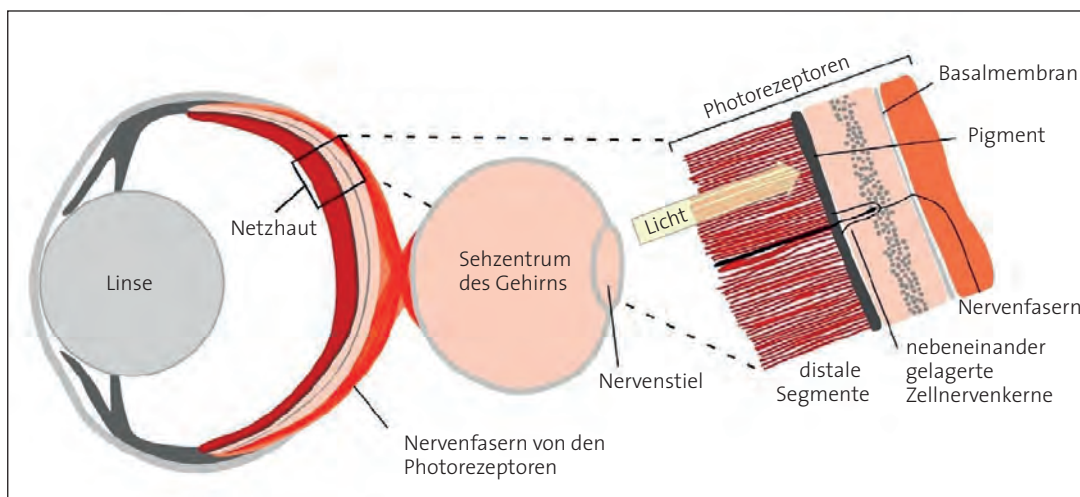


Abb. 2 Längsschnitt durch das Auge, die Netzhaut und den für das Sehen verantwortlichen Gehirnlappen eines Tintenfisches: Die lichtempfindlichen äußeren Segmente der Photorezeptoren (dunkelrot) sind dem Licht zugewandt (everser Aufbau der Netzhaut, nach BADEN & NILSSON 2022).

bensehen verbessern, und zeigen Ballungen von Mitochondrien, die neben der Energiebereitstellung zur Fokussierung des Lichts bis in die äußeren Bereiche der Sinneszellenleisten beitragen.

- Der nur bei Wirbeltieraugen vorhandene sogenannte blinde Fleck nimmt bei Menschen nur 1% der Oberfläche der gesamten Netzhaut ein. Er liegt außerdem in dem Bereich, in dem sich die Sichtfelder des binokularen (zweiäugigen) Sehens überlagern, sodass das Gehirn die „fehlende“ Information aus dem anderen Auge ergänzen kann.

Es verwundert, dass die Autoren nicht auf die bahnbrechenden Erkenntnisse von FRANZE et al. (2007) und LABIN & RIBAK (2010) verweisen, welche die Fortsätze spezieller Neuronen (Müllerzellen) als Lichtleitkabel identifizierten, die das Licht nahezu verlustfrei von der Oberfläche der Netzhaut bis zu den Sinneszellen führen. Die Konfiguration der Fortsätze ermöglicht zusätzlich eine Korrektur der chromatischen Aberration durch die Lichtbrechung von Hornhaut und Linse (Brechungsunterschiede unterschiedlicher Wellenlängen des Lichts führen zu Unschärfe des Bildes).

Ebenso fehlt eine Erwähnung des genialen Sachverhaltes, dass bei dämmerungs- bis nachtaktiven Säugetieren (zum Beispiel der Katze) die Stäbchen-Photorezeptoren des Auges eine invertierte Zellkern-Architektur (Verteilung des Heterochromatin und des Euchromatin) aufweisen, während die Stäbchen der tagaktiven Säuger (wie die des Javaneraffen-Makaken) eine konventionelle Kernarchitektur zeigen (SOLOVEI et al. 2009). Diese invertierte Architektur optimiert das Nachtsichtvermögen (vgl. dazu ULLRICH 2010).

Vom Ausbügeln der Evolution

Während sich die beschreibend und analytisch arbeitende Biologie sehr erfolgreich darum bemüht, Strukturen und Funktionsweisen von Organen aufzuklären, ist es die Aufgabe des historisch-rekonstruktiven Forschungsansatzes der Evolutionsbiologie, deren Entstehungsweise nachzuzeichnen (historische Evolutionsforschung) und zu erklären (kausale Evolutionsforschung).

Während hinsichtlich des makroskopischen und mikroskopischen Aufbaus des Auges sowie seiner Funktionen enorme Erkenntniszugewinne im Vergleich zum Wissensstand zu Zeiten von DARWIN und VON HELMHOLTZ zu verzeichnen sind, kann Gleiches aus dem Blickwinkel der Evolutionsbiologie nicht gesagt werden. Das Gegenteil ist der Fall. Evolutionstheorien für das Auge müssen nun nicht nur dessen Entstehung, sondern auch – im Gegensatz zu DARWINs theoretischem Ansatz – die vorgefundene Perfektion in Form und Funktion erklären. BADEN und NILSSON vermeiden es, auf diese qualitativ neuen Anforderungen evolutionstheoretischer Modellierungen konkret einzugehen. Sie verharren in der Darstellung klassischer Entstehungsgeschichten, ohne sich der Herausforderung einer Klärung der kausalen Mechanismen, die eine solche Entstehungsgeschichte erst möglich machen, zu stellen.

Als Beispiel dieser Erzählung, deren kausale Begründung völlig im Dunkeln bleibt, mag folgendes Zitat dienen (vgl. dazu auch die Erklärung zu Abb. 3): „In der Evolutionsgeschichte der Sinnesstrukturen ist es fast unvermeidlich, dass das Kleine dem Großen vorausgeht. Die alten Vorläufer der Wirbeltieraugen aus der Zeit vor dem Kambrium waren zunächst Ansamm-

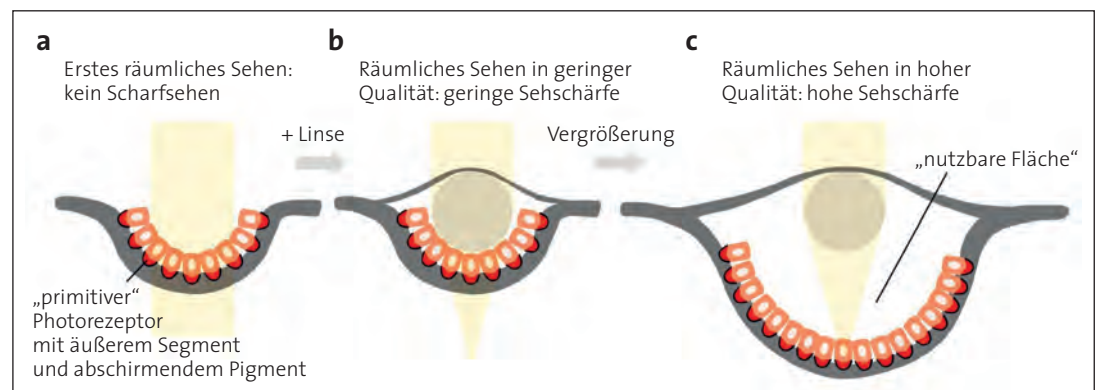


Abb. 3 Entwicklung eines Auges mit einer „umgekehrten“ Netzhaut (nach BADEN & NILSSON 2022):

„(a) Ein Fleck aus pigmentgeschützten ‚primitiven‘ Photorezeptoren beginnt sich zu einem Augenbecher zu wölben, der erste Ansätze von räumlichem Sehen ermöglicht. Die lichtempfindlichen Teile der Photorezeptoren sind dem Licht abgewandt.

(b) Das Hinzufügen einer sphärischen Linse unmittelbar über der Augenmuschel ermöglicht räumliches Sehen mit geringer Auflösung; das Auge bleibt jedoch stark unterfokussiert.

(c) Die allmähliche Vergrößerung des Auges entfernt die Linse von den Photorezeptoren, wodurch sich die Bildauflösung verbessert. Schließlich wird das Auge scharf gestellt. Zu diesem Zeitpunkt bietet das Auge viel ‚leeren‘ Raum zwischen der Linse und den Photorezeptoren. Dieser Raum könnte durch die Hinzufügung von Neuronen, die das von den Photorezeptoren aufgenommene Bild lokal vorverarbeiten, sinnvoll ergänzt werden.“

Auch hier wird nur ein hypothetisches Szenario aus sehr groben Schritten entworfen, ohne die bedingenden kausalen Ursachen anzusprechen.

lungen von abgeschirmten Photorezeptoren, die sich schließlich zu augenmuschelförmigen Gebilden zusammenschlossen, [...]. Dann kamen nach und nach primitive Linsen hinzu. In diesen frühen Augen gab es keinen Glaskörperraum, der die Linse und die Netzhaut trennte. [...] Angesichts grundlegender optischer Prinzipien war jeder zusätzliche Raum, der durch die allmähliche Entfernung der Photorezeptoren von der Linse entstand, für die Neuronen ein wirklicher Gewinn.“

Weder über die molekulargenetischen Grundlagen noch über die formenden Tendenzen der einzelnen Entwicklungsschritte legen die Autoren Rechenschaft ab.

Hier wird offensichtlich nichts erklärt. Es wird eine hypothetische Geschichte darüber erzählt, welche evolutionären Einzelschritte die Augenentwicklung durchlief und welche der Natur innewohnenden Tendenzen diesen Wandel ermöglichten. Doch weder über die molekulargenetischen Grundlagen noch über die formenden „unvermeidlichen“ Tendenzen der einzelnen Entwicklungsschritte legen die Autoren Rechenschaft ab. In der evolutionsbiologischen Fachliteratur gibt es keine kausalen Erklärungen dafür, dass das „Kleine dem Großen vorausgeht“ oder wie sich Ansammlungen von Photorezeptoren in augenmuschelförmigen Gebilden „zusammenschlossen“, wie primitive Linsen hinzukamen oder wie der zusätzliche Raum „entstand“ und für die Neuronen ein „wirklicher Gewinn“ wurde.

Schlussbetrachtung

Erstaunlich und außergewöhnlich gut konstruierte Augen sind bereits bei fossil erhaltenen Organismen in frühen kambrischen Gesteinschichten (mehr als 500 Millionen radiometrische Jahre) nachgewiesen (LAMB et al. 2007, NILSSON 2021). Augen waren und sind – nach

allem, was wir bis heute wissen – schon immer in jeder Hinsicht für den jeweiligen Zweck perfekt. Mit den Möglichkeiten des naturwissenschaftlichen Forschens konnten in ihnen weder „Narben“ der Evolution gefunden noch ihre evolutionären Entstehungswege widerspruchsfrei nachgezeichnet noch eine Erklärung der Entstehungsweisen geboten werden.

Wenn sich ein Naturgegenstand wie das Auge so beharrlich einer evolutionstheoretischen Erklärung entzieht, ist es mehr als gerechtfertigt, nach alternativen Deutungen zu suchen. Die Annahme eines allmächtigen Schöpfers, der ein geniales Design hervorbringt, ist deshalb keine Flucht vor den wissenschaftlichen Daten, sondern eine aus ihnen resultierende logische und plausible Konsequenz.

Literatur

- BADEN T & NILSSON DE (2022) Is our retina really upside down? *Curr. Biol.* 32, R295–R310.
- DARWIN C (1874) *The Descent of Man, and Selection in Relation to Sex*. 2nd ed. London: John Murray.
- DAWKINS R (1987) *Der blinde Uhrmacher*. Ein neues Plädoyer für den Darwinismus. München.
- DAWKINS R (2010) *Die Schöpfungslüge*–Warum Darwin recht hat. Berlin: Ullstein.
- FRANZE K et al. (2007) Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8287–8292.
- LABIN AM & RIBAK EN (2010) Retinal glial cells enhance human vision acuity. *Phys. Rev. Lett.* 104, 158102.
- LAMB et al. (2007) Evolution of the vertebrate eye: Opsins, photoreceptors, retina and eye cup. *Nat. Rev. Neurosci.* 8, 960–976.
- NILSSON DE (2021) The diversity of eyes and vision. *Annu. Rev. Vis. Sci.* 7, 19–41.
- OSTERKAMP J (2014) Lichtleiter-Schichtdienst im Auge. www.spektrum.de/news/lichtleiter-schichtdienst-im-auge/1299836.
- SOLOVEI I et al. (2009) Nuclear architecture of rod photoreceptor cells adapts to vision in mammalian evolution. *Cell* 137, 356–368.
- ULLRICH H, WINKLER N & JUNKER R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Stud. Integr. J.* 13, 3–14.
- ULLRICH H (2008) „Augenblicke“ – raffiniertes Design der Linsenaugen. *Stud. Integr. J.* 15, 32–35.
- ULLRICH H (2010) Intelligente Konstruktion für eine optimierte Nachtsicht. *Stud. Integr. J.* 17, 29–32.
- ULLRICH H (2014) „Fehlkonstruktion Auge“: Am Ende nur ein Scherz? *Stud. Integr. J.* 21, 114–115.
- VON HELMHOLTZ LF (1865) *Populäre wissenschaftliche Vorträge*. Erstes Heft. Braunschweig, Vieweg und Sohn.

Überraschende erste Beobachtungen des James-Webb-Teleskops

Mitte Juli wurden die ersten Aufnahmen des James-Webb-Teleskops veröffentlicht, deren Qualität selbst die Fachleute ins Schwärmen brachte. Inzwischen liegen auch einige vorläufige Analysen dieser Daten vor. Vor allem die Eigenschaften extrem weit entfernter Galaxien bringen einige Überraschungen mit sich. Wie in der Kosmologie üblich, werden deren Entstehung und Entwicklung im Rahmen des Urknallmodells gedeutet. Die Präsenz sehr weit entfernter massiver Galaxien stellt aber gerade dieses Modell in Frage (MENCI et al. 2022).

Peter Trüb

Hohe Erwartungen an das neue Infrarot-Teleskop

Am Weihnachtstag 2021 startete eine Ariane-Rakete vom Raumfahrtzentrum Guayana mit dem James-Webb-Teleskop (JWST) an Bord. An diesem Infrarot-Teleskop, das als Nachfolger des sehr erfolgreichen Hubble-Space-Teleskops gilt, haben die amerikanische, die kanadische und die europäische Weltraumagentur (NASA, CSA, ESA) mehr als 25 Jahre lang gearbeitet. 15 Jahre Startverzögerung und Mehrkosten in Milliardenhöhe zeugen von einem schwierigen Projektverlauf. Deshalb waren alle Beteiligten erleichtert, dass der Start und der Transport zum 1,5 Millionen Kilometer von der Erde entfernten Zielort reibungslos verliefen. Nach Entfaltung und Ausrichtung des Teleskops sorgte im Juni 2022 ein unerwartet starker Einschlag eines Mikrometeoriten nochmals für Aufregung. Erfreulicherweise stellte sich heraus, dass der Schaden keine signifikante Einschränkung für die Leistung des Teleskops darstellt.

Das neue Teleskop ist in der Lage, Daten über bislang nicht beobachtbare Regionen des Kosmos zu liefern.

Mitte Juli wurden die ersten Aufnahmen des JWST der Öffentlichkeit vorgestellt. Mit diesen sowohl für Laien als auch für Experten beeindruckenden Bildern bewiesen die Wissenschaftler, dass das neue Teleskop in der Lage ist, Daten über bislang nicht beobachtbare Regionen des Kosmos zu liefern. Dazu gehören beispielsweise extrem weit entfernte Galaxien, die Atmosphären von Exoplaneten oder hinter Gas- und Staubwolken verborgene Sterne innerhalb der Milchstraße. Durch das Studium dieser Gebiete sucht man nach Antworten auf offene Fragen bezüglich der Entstehung von Planeten, Sternen, Galaxien und Schwarzen Löchern. Wenn die Mission wie geplant verläuft, soll das JWST mindestens bis 2031 in der Lage sein, diesen Fragen nachzugehen.

Einen Forschungsschwerpunkt des JWST bildet das Studium der am weitesten entfernten Galaxien. Da sich das Universum immer weiter ausdehnt, hat das Licht dieser Objekte eine größere Wellenlänge und ist rötlicher als bei nahe gelegenen Galaxien. Deshalb arbeitet das JWST im Gegensatz zum Hubble-Space-Teleskop nicht im Bereich des sichtbaren Lichts, sondern im Infrarotbereich, was von der Erde aus nur eingeschränkt möglich wäre. Mit Hilfe des Lichtspektrums einer Galaxie kann bestimmt werden, wie stark ihr Licht rotverschoben ist, und daraus lässt sich unter Voraussetzung eines kosmologischen Modells ihre Entfernung ableiten. Da das Licht eine endliche Geschwindigkeit hat, sehen wir nach dem Urknallmodell weit entfernte Galaxien in einem jungen Alter. Von den am weitesten entfernten Galaxien denkt man, dass wir sie in einem Zustand von nur einigen Hundert Millionen Jahren nach dem Urknall sehen. Um mehr über ihre Entstehung zu erfahren, sucht man nach immer weiter entfernten Galaxien.

Erste Studien zu weit entfernten Galaxien

Das erste veröffentlichte Bild des JWST gibt Hinweise auf die Frage, ob weit entfernte Galaxien anders aussehen als nahe gelegene. Abb. 1 zeigt den Galaxienhaufen SMACS 0723 vor im Hintergrund liegenden, noch weiter entfernten Galaxien. Um diese sichtbar zu machen, hat man den gezeigten Himmelsausschnitt während 12,5 Stunden belichtet. Bilder mit noch längeren Belichtungszeiten werden mit Sicherheit folgen. Doch bereits aus den ersten Bildern und Spektren ergaben sich interessante Erkenntnisse. Ein in der Zeitschrift *Nature* veröffentlichter Artikel nennt vier Einsichten, welche sich aus vorläufigen Untersuchungen ergeben (WITZE 2022). Diese Analysen wurden innerhalb lediglich zweier Wochen nach Veröffentlichung der Daten durchgeführt, wurden noch nicht begut-

achtet und müssen deshalb als sehr vorläufig betrachtet werden.

Einsicht 1: Eine Studie zur Leuchtkraft weit entfernter Galaxien bekräftigt frühere Resultate, die mit einer hohen Anzahl an Galaxien im frühen Universum gerechnet haben (DONNAN et al. 2022). Die Entdeckung einer Galaxie, die bereits 230 Millionen Jahre nach dem Urknall existiert haben soll (Rotverschiebung $z \approx 16.7$), ist laut Aussagen der Autoren konsistent mit dem kosmologischen Standardmodell.

Einsicht 2: Eine andere Untersuchung, welche nach möglichst weit entfernten Galaxien suchte, fand 88 Galaxien-Kandidaten in einem Rotverschiebungsfenster von $11 \leq z \leq 20$ (YAN et al. 2022). Würden sich die Kandidaten mit der höchsten Rotverschiebung bestätigen, hätten diese bereits 180 Millionen Jahre nach dem Urknall existiert. Die Autoren schreiben, dass weder die hohe Anzahl noch die hohe Rotverschiebung aufgrund der bisher favorisierten Vorhersagen erwartet worden sind.

Einsicht 3: Mehrere erste Analysen zeigen, dass frühe Galaxien deutlichere Strukturen aufweisen, als man dies aufgrund von Messungen mit dem Hubble-Space-Teleskop erwartet hatte. FERREIRA et al. (2022) entdeckten bei Rotverschiebungen $1.5 \leq z \leq 6$ zehn Mal mehr Spiralgalaxien als mit dem Hubble-Space-Teleskop. LABBE et al. (2022) berichten, dass in sehr weit entfernten Galaxien ($z \approx 10$) mehr als tausend Mal mehr Masse in Form von Sternen vorliegt als erwartet. Sie schließen, dass die Entstehung von Galaxien bereits „extrem früh“ begonnen haben muss. TRUMP et al. (2022) finden erstaunlich kleine Unterschiede im Sauerstoffgehalt junger ($z > 5$) und alter ($z \approx 2$) Galaxien. Ein Autor bemerkt, dass sich Astronomen neue Gedanken über die Schnelligkeit der Sternentstehung machen müssen.

Einsicht 4: Frühe Galaxien erscheinen in den neuen Messungen des JWST kleiner als in früheren Aufnahmen mit dem Hubble-Space-Teleskop (SUESS et al. 2022). Was unspektakulär klingt, zieht viele langgehegte Vorstellungen über das Wachstum von Galaxien in Zweifel. Beispielsweise könnten weit entfernte Galaxien nicht wesentlich kleiner sein als nahe gelegene Galaxien. Die Autoren schreiben, dass sich Galaxien weniger stark entwickelt haben als bisher angenommen.

Fazit

Insgesamt bestätigen die ersten Beobachtungen des James-Webb-Teleskops, dass es Unterschiede in den Eigenschaften zwischen nahen und weit entfernten Galaxien gibt. Allerdings sind diese weniger signifikant als erwartet und Galaxien müssten tendenziell früher entstanden sein.



Abb. 1 Das von Joe Biden enthüllte erste Bild des James-Webb-Teleskops zeigt den Galaxienhaufen SMACS 0723 in der Bildmitte (NASA, ESA, CSA, and STScI). Im Hintergrund sind viele extrem weit entfernte Galaxien mit ihrem rötlichen Licht zu sehen. Ihre Anzahl, Struktur und chemische Zusammensetzung haben viele Astronomen überrascht.

Einige Astronomen äußern sich so, dass die neuen Resultate in Frage stellen, wie gefestigt das aktuelle Verständnis der Entwicklung von Galaxien ist (SUESS et al. 2022). Eine andere Gruppe schreibt, dass einige Ergebnisse generell schwierig mit dem Urknallmodell vereinbar sind (MENCI et al. 2022).

Literatur

- DONNAN CT, MCLEOD DJ et al. (2022) The evolution of the galaxy UV luminosity function at redshifts $z \sim 8$ –15 from deep JWST and ground-based near-infrared imaging. doi:10.48550/arXiv.2207.12356.
- FERREIRA L, ADAMS N et al. (2022) Panic! At the Disks: First Rest-frame Optical Observations of Galaxy Structure at $z > 3$ with JWST in the SMACS 0723 Field. arXiv. doi:10.48550/arXiv.2207.09428.
- LABBE I, VAN DOKKUM P et al. (2022) A very early onset of massive galaxy formation. arXiv. doi:10.48550/arXiv.2207.12446.
- MENCI N, CASTELLANO M et al. (2022) High-Redshift Galaxies from Early JWST Observations: Constraints on Dark Energy Models. arXiv. doi:10.48550/arXiv.2208.11471.
- SUESS KA, BEZANSON R et al. (2022) Rest-frame near-infrared sizes of galaxies at cosmic noon: objects in JWST's mirror are smaller than they appeared. arXiv. doi:10.48550/arXiv.2207.10655.
- TRUMP JR, HARO PA et al. (2022) The Physical Conditions of Emission-Line Galaxies at Cosmic Dawn from JWST/NIRSpec Spectroscopy in the SMACS 0723 Early Release Observations. arXiv. doi:10.48550/arXiv.2207.12388.
- WITZE A (2022) Four revelations from the Webb telescope about distant galaxies. *Nature* 608, 18–19. doi:10.1038/d41586-022-02056-5.
- YAN H, MA Z et al. (2022) First Batch of Candidate Galaxies at Redshifts 11 to 20 Revealed by the James Webb Space Telescope Early Release Observations. doi:10.48550/arXiv.2207.11558.

■ Orang-Utans scheitern an der Herstellung und Nutzung eigener Steinwerkzeuge

Orang-Utans nutzen in freier Wildbahn zwar Pflanzenmaterial, aber keine Steine als Werkzeuge – im Gegensatz zu Schimpansen, Kapuzineraffen und Langschwanzmakaken. Ganz allgemein gilt aber nach wie vor: „Es gibt jedoch keine Berichte über die Herstellung von Steinwerkzeugen (bei der ein Steinwerkzeug für den späteren Gebrauch hergestellt wird) bei wildlebenden Primaten“ (MOTES-RODRIGO et al. 2022). Die wenigen menschlich aufgezogenen (kultivierten) Menschenaffen, die bisher Steinwerkzeuge herstellen und auch zum Schneiden benutzen konnten, hatten für das Herstellen von Steinwerkzeugen intensives menschliches Training erhalten. MOTES-RODRIGO et al. (2022) halten es aber für möglich, dass stark menschlich kultivierte Menschenaffen „kognitiv“ nicht „repräsentativ“ für ihre wilden Artgenossen sowie für den postulierten letzten gemeinsamen Vorfahr von Mensch und Schimpanse sein könnten. Daher haben diese Forscher das Steinwerkzeugverhalten bei fünf nicht menschlich kultivierten (d. h. naiven) und mit Steinen ungeübten Orang-Utans aus zwei Zoos untersucht.



Abb. 1 Nicht menschlich kultivierte Orang-Utans können zwar Holzwerkzeuge, aber keine selbst hergestellten Steinwerkzeuge nutzen.

Im Zoo Kristiansand (Norwegen) stattete man zwei Männchen mit Hammer, Steinkern und zwei verschlossenen Boxen mit Nahrung aus (eine Box mit einem Seil und eine mit einer Silikonmembran verschlossen). Anschließend stellte man ihnen auch von Menschen hergestellte Steinsplitter zur Verfügung und lenkte ihre Aufmerksamkeit auf die Steinmaterialien (mittels Tauschbelohnungen für Steinsplitter und mittels auf den Steinkern geklebter Splitter, die sich beim Schlagen lösen sollten). Und tatsächlich öffnete der junge Loui (7 Jahre alt) die Silikonmembran der einen Box, indem er ein einziges Mal einen vom Menschen hergestellten Steinsplitter in den Mund nahm und damit erfolgreich die Silikonmembran durchstieß. Beide Orang-Utans schlugen auch mit den Objekten auf die Wand und den Boden des Geheges. Bei Loui lösten sich dabei einmalig beim Schlagen mit dem Steinkern drei scharfe Steinsplitter, die dieser weder als Werkzeug noch als Tauschobjekt gegen Trauben benutzte. Die Splitter waren zwischen 1,9 g und 0,3 g schwer – der größte hatte eine Schlagplattform und der kleinste einen Schlagpunkt.

Drei Weibchen aus dem Zoo Atherstone (UK) wurde mindestens 27-mal die Herstellung von Steinsplittern sowie das Aufschneiden der Futterbox mit Belohnung durch einen menschlichen Trainer vorgebracht. Dann bekamen die Orang-Utans Hammer, Steinkern, die beiden Boxen mit Belohnung und später auch bereits fertige Steinsplitter zur Verfügung gestellt. Aber nur das junge Weibchen Molly führte überhaupt Schlagbewegungen mit Objekten gegen den Boden, die Wand oder andere Objekte aus (nach der menschlichen Demonstration sogar drei Mal mit dem Hammer auf den Steinkern). Aber nur bei einem Schlag mit dem Hammer aus Beton gegen Wand oder Boden lösten sich aus diesem sechs Betonstücke; dieseleckte Molly aber nur ab und benutzte sie nicht zum Schneiden, ob-

wohl manche davon scharf genug waren.

Diese Ergebnisse zeigen, dass es den nicht menschlich kultivierten Orang-Utans trotz Lenkung der Aufmerksamkeit oder sogar menschlicher Demonstration nicht gelungen ist, Steinwerkzeuge herzustellen und diese anschließend als Schneidewerkzeuge zu nutzen – im Gegensatz zu Kapuzineraffen oder dem menschlich kultivierten Orang-Utan Abang (vgl. SCHOLL 2022). Immerhin zeigten die Orang-Utans erfolgreichere Ansätze im Umgang mit Steinen als nicht kultivierte Schimpansen, die in vergleichbaren Experimenten völlig scheiterten (vgl. SCHOLL 2022). Damit erhärten sich die Zweifel, dass die morphologisch (vom Körperbau her) in vielerlei Hinsicht den Menschenaffen nahestehenden Australopithecinen ein solches Verhalten in einer angeblichen Evolutionsgeschichte des Menschen hätten entwickeln können. Außerdem sind Kapuzineraffen den Menschen im Steinwerkzeugnutzungsverhalten ähnlicher als Menschenaffen, sofern diese nicht intensiv menschlich kultiviert wurden. Dies überrascht, da Kapuzineraffen angeblich ca. 50 MrJ (Mio. radiometrische Jahre) Evolutionsgeschichte vom Menschen trennen sollen, während es beim Orang-Utan nur ca. 13 MrJ und bei Schimpansen sogar nur 5 bis 7 MrJ sein sollen. Diese Befunde sind evolutionär herausfordernd und erfordern spekulative Annahmen wie Parallelevolution oder die fiktive Annahme eines ursprünglichen, aber sehr intelligenten Primatenvorfahrens. Ein Schöpfungsmodell, demzufolge Mensch einerseits und verschiedene Grundtypen von Affen und Menschenaffen andererseits getrennt erschaffen wurden, hat diese Probleme hingegen nicht.

[MOTES-RODRIGO A et al. (2022) Experimental investigation of orangutans' lithic percussive and sharp stone tool behaviours. *PLoS ONE* 17 (2): e0263343, doi: 10.1371/journal.pone.0263343 • SCHOLL B (2022) Schimpansen leben außerhalb der Steinzeit. Überraschende Neuigkeiten aus der Verhaltensforschung. *Stud. Integr. J.* 29, 12–19] B. Scholl

■ Fledermäuse imitieren das Summen gereizter Hornissen und Bienen

Fledermäuse (Microchiroptera) bilden gemeinsam mit den größeren Flughunden (Megachiroptera) die Ordnung der Fledertiere (Chiroptera). Unter den Säugetieren weist allein diese Gruppe von Lebewesen die Fähigkeit zum aktiven Fliegen auf. Fledermäuse können wir typischerweise in der Dämmerung oder bei Nacht bei ihren spektakulären Flugmanövern beobachten. Neben ihrer Flugfähigkeit sind sie auch für die Echoortung bekannt. Dazu stoßen sie Laute im Ultraschallbereich aus, deren Reflexion sie differenziert wahrnehmen und aus deren entsprechenden Daten sie ein dynamisches „Abbild“ ihrer Umgebung erstellen. Nun wurde erstmals darüber berichtet, dass die bereits bekannten, für Menschen hörbaren Laute von Fledermäusen zur trickreichen Kommunikation verwendet werden.

Bei Untersuchungen von bestimmten Fledermäusen, dem Großen Mausohr (*Myotis myotis*), bemerkten Forscher, dass die Tiere unter Stress hörbare Geräusche ausstrahlen. Wenn die Fledermäuse von ihrem Ruheplatz entnommen, dokumentiert und beringt werden, dann geben sie Laute von sich, die an das Summen von Fluginsekten erinnern. ANCILLOTTO et al. (2022) konnten durch akustische Analysen zeigen, dass die Summgeräusche von *M. myotis* auffällige Ähnlichkeit aufweisen mit dem Summen gereizter Hornissen (*Vespa crabro*) und Honigbienen (*Apis mellifera*). Die Autoren spielten Aufnahmen der verschiedenen Summgeräusche mehreren erwachsenen Schleiereulen (*Tyto alba*) und Waldkäuzen (*Strix aluco*) vor und beobachteten ihre Reaktion. Schleiereule und Waldkauz sind die hauptsächlichen Fressfeinde von Fledermäusen wie z. B. des Großen Mausohrs. Wenn Eulen in ihrem natürlichen Lebensraum Ruheplätze in Baum- oder Felshöhlen suchen, werden sie mit Hornissen und Wildbienen konfrontiert und machen unangenehme Erfahrungen mit den wehrhaften Insekten.



Abb. 1 Das große Mausohr (*Myotis myotis*) im Flug. (slowmotiongli, AdobeStock)

Die untersuchten acht Schleiereulen und acht Waldkäuze stammen aus der Wildtier-Auffangstation in Rom. Jeweils vier Tiere waren bei der Einlieferung in die Auffangstation flugunfähige Jungtiere und die jeweils anderen vier kamen als erwachsene Tiere in die Auffangstation; bei den Ersteren gehen die Autoren davon aus, dass sie noch keine Begegnung mit den Insekten hatten, während sie diese Erfahrung bei den älteren Tieren annahmen.

Bei den akustischen Experimenten wurden den Eulen Summgeräusche von Bienen, Hornissen und *M. myotis* vorgespielt. Als Kontrolle dienten die Aufnahmen von sozialen Kommunikationsrufen der Europäischen Bulldoggfledermaus (*Tadarida teniotis*), einer Fledermaus, die ebenfalls auf dem Speisezettel der Eulen steht. Während sich die Tiere meist von der akustischen Quelle entfernten, wenn die Summgeräusche zu hören waren, näherten sie sich dieser und inspizierten sie, wenn die Rufe von *T. teniotis* erschallten. Dabei waren die Reaktionen der erfahrenen Fressfeinde signifikant eindeutiger als die der unerfahrenen.

Nach ANCILLOTTO et al. (2022) ist dies die erste Dokumentation von akustischer Imitation bei Säugetieren. Bei dieser als Mimikry bezeichneten Nachahmung dienen Stechimmen als Modelle (Vorbilder), die von den Fledermäusen (Mimeten) nachgeahmt werden; Letztere irritieren die Eulen, ihre Fressfeinde (Signalempfänger).

Diese erstaunliche und faszinierende Beobachtung wirft eine Reihe von Fragen auf: Wie funktioniert bei *M. myotis* die Auswahl des nachahmenswerten Modells? Wie hat die Fledermaus, die normalerweise nicht in diesem akustischen Bereich kommuniziert, die anatomischen Voraussetzungen erlangt, um die Stechimmen imitieren zu können? Auf diese und weitere Fragen kann nun durch weitere Forschungen nach Antworten gesucht werden. Die erstaunliche Erweiterung des akustischen Äußerungspotenzials von *M. myotis* und dessen Wirksamkeit bei den Eulen legen eine Absicht oder Zielorientierung nahe, die nicht von den Fledermäusen selbst zu erwarten ist. In der abschließenden Bemerkung von ANCILLOTTO et al. (2022) über eine „Signal-Evolution bei der Kommunikation zwischen verschiedenen Arten“¹ wird zum ersten und einzigen Mal der Begriff „Evolution“ gebraucht, der in diesem Zusammenhang als häufig benutztes Stereotyp nichts erklärt.

[ANCILLOTTO L, PAFUNDI D, CAPPÀ F, CHAVEM G, GAMBA M, CERVO R & RUSSO D (2022) Bats mimic hymenopteran insect sounds to deter predators. Curr. Biol. 32, R408–R409.]
H. Binder

¹ „opening new avenues for further research on the ecological interactions that lead to signal evolution in animal interspecific communication.“

■ Gehör bei Schmetterlingen neunmal unabhängig entstanden

In der Biologie hat es sich längst eingebürgert, die empirischen Daten ausschließlich aus evolutionärer Perspektive zu deuten. Das Evolutionsparadigma steht fest. So werden Daten, die aus Vergleichen von Lebewesen gewonnen werden, in evolutionäre Stammbäume „übersetzt“, seien es Daten über Körperbaupläne oder – seit einigen Jahrzehnten bevorzugt – molekulare Daten. Mit Hilfe von Algorithmen lassen sich aus einer großen Datenfülle von DNA-Sequenzen Ähnlichkeitsbäume konstruieren, die gewöhnlich als Stammbäume interpretiert werden. Wenn geeignete Fossilfunde vorliegen und datiert werden können, können mit ihrer Hilfe Gabelungspunkte im Stammbaum und damit das Auftreten von Schlüsselmerkmalen auch zeitlich bestimmt werden. Solche Deutungen und zeitlichen Bestimmungen stehen und fallen allerdings mit der Richtigkeit des zugrundeliegenden Evolutionsparadigmas und ergeben sich nicht aus den Daten selbst.

Einen umfangreichen Vergleich von DNA-Daten führte vor einigen Jahren eine Forschergruppe an der Insektenordnung der Schmetterlinge (Lepidoptera) durch (KAWAHARA et al. 2019). Ziel war es, gängige Hypothesen zur Coevolution von Schmetterlingen und den bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen) zu testen. Die Angiospermen bilden den Hauptteil der heutigen Pflanzenwelt. Die Forscher untersuchten 2.098 proteinkodierende Gene aus 186 Arten, die fast alle Überfamilien der Lepidoptera repräsentieren. Unter Zuhilfenahme von Fossilien wurde ein Ursprung der Lepidoptera im späten Karbon (ca. 300 Millionen Jahre) ermittelt. Ihren charakteristischen röhrenförmigen Rüssel erwarben die Schmetterlinge demnach in der mittleren Trias (ca. 241 Millionen Jahre). Ihre hauptsächlichste Aufspaltung verlief etwa parallel zur Radiation der bedecktsamigen Blütenpflanzen.

Einige Parallelen der ermittelten Zeitpunkte des Auftretens bestimm-



Abb. 1 Hörorgane der Nachtfalter reagieren auf Ultraschalllaute. (Bild: AdobeStock, Мария Быкова)

ter Merkmale der Schmetterlinge (ebenfalls aus vergleichenden Daten bestimmt) zum Auftreten der Angiospermen können als Bestätigung bisheriger Evolutionshypothesen einer Coevolution gewertet werden. So passt das ermittelte Auftreten des gemeinsamen Vorfahren der nektarsaugenden Lepidoptera in der mittleren Trias zu den geschätzten Zeiträumen des ersten Auftretens der Kronengruppen der Blütenpflanzen.

Die (indirekte) Datierung des gemeinsamen Vorfahren auf 300 Millionen Jahre ist dagegen überraschend. Denn die ältesten bisher bekannten Fossilien von Schmetterlingen werden auf 201 Millionen Jahre datiert (KAWAHARA et al. 2019, 22658). Somit liegt unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen eine erhebliche Lücke in der Fossilüberlieferung vor.

Nicht bestätigt hat sich hingegen die Hypothese, dass die Entstehung der Hörfähigkeit von Nachtfaltern eine Schutzreaktion auf die Evolution der Fledermäuse sei, die mit Echoortung Jagd auf Nachtfalter machen. Denn aus den Daten der Forscher geht hervor, dass „Ohren“ (sog. Tympanalorgane) bei Schmetterlingen viermal unabhängig etwa 30 Millionen Jahre vor dem fossil dokumentierten Auftreten der Fledermäuse entstanden sind. Wozu sie ihr Gehör gebraucht haben, ist für die Forscher aber unklar. Die Verteilung aller hörfähigen Falter im gesamten System der Schmetterlinge macht sogar die Annahme einer insgesamt neunmaligen unabhängigen Entstehung der Hörfähigkeit

erforderlich. Dieser Befund steht quer zu evolutionstheoretischen Modellen, denn das Hören ist eine ausgesprochen anspruchsvolle Fähigkeit: Schon für deren einmalige Entstehung liegt keine tragfähige Hypothese vor, geschweige denn für eine vielfache Entstehung, die evolutionär ohne jede Zielvorgabe gedacht werden muss. Dennoch bleibt es dabei: Auch wenn einzelne Evolutionshypothesen falsifiziert werden und gewichtige Daten einer Evolution widersprechen, bleibt Evolution als Rahmenparadigma unangestastet.

[KAWAHARA AY, PLOTKIN D et al. (2019) Phylogenomics reveals the evolutionary timing and pattern of butterflies and moths. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 116, 22657–22663.] R. Junker

■ Evolution „täuschte“ Wissenschaftler über 100 Jahre lang

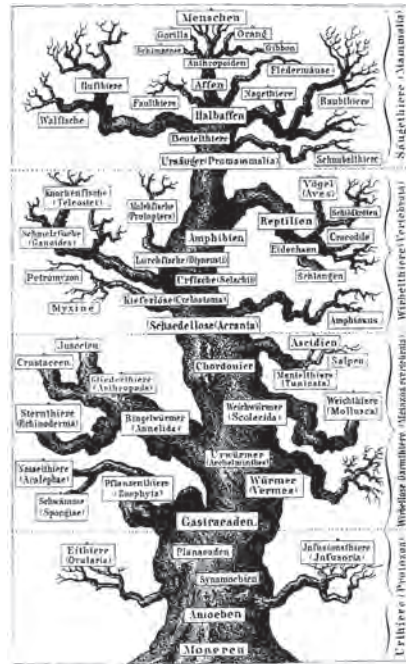
Schon zur Zeit DARWINS war der Stammbaum aller Lebewesen das Herz der Evolutionslehre. Das einzige Schaubild, das in DARWINS „Origin of Species“ enthalten war, stellt das Prinzip der gemeinsamen Abstammung von Lebewesen schematisch dar. Aufgestellt wurden Stammbäume anhand von gestaltlichen Ähnlichkeiten (Morphologie) der Lebewesen. Dabei wird der Grad der Ähnlichkeiten als Grad der stammesgeschichtlichen Verwandtschaft interpretiert. Anhand solcher intuitiv leicht erfassbaren Schaubilder konnte die Evolutionslehre den Menschen vermittelt werden. Evo-

lution wurde so zum nicht mehr hinterfragten Kerninhalt des Biologiestudiums an vielen Universitäten rund um die Welt.

Doch inzwischen wendet sich das Blatt und es sieht so aus, als ob „jahrhundertlange wissenschaftliche Arbeiten revidiert werden müssen“ (University of Bath 2022). Stammbäume werden seit einigen Jahrzehnten zunehmend durch den Vergleich genetischer Daten oder Aminosäureabfolgen in Proteinen verschiedener Lebewesen aufgestellt. Entgegen der voraussagenden Annahme von Ernst MAYR, dem „Darwin des 20. Jahrhunderts“, ergeben sich jedoch in weiten Teilen völlig andere Abstammungszusammenhänge, wenn molekulare Daten anstelle gestaltlicher Merkmale für das Aufstellen von Stammbäumen verwendet werden.

Dem Vergleich der beiden Methoden widmete eine Gruppe britischer Evolutionsbiologen um Jack OYSON eine Studie. Sie verglichen 48 evolutionäre Stammbäume, die jeweils anhand von morphologischen und molekularen Daten aufgestellt wurden. Dabei zeigten sich große Unterschiede zwischen den molekularen und morphologischen Stammbäumen. Um nur zwei von vielen Beispielen zu nennen: Raubtiere (Carnivora) und Schuppentiere (Pholidota) sind nach morphologischen Kriterien stammesgeschichtlich sehr weit voneinander entfernt, aber nach molekularen Kriterien sehr nah verwandt. Das Umgekehrte gilt für Insektenfresser (Eulityphla) und Tenrekartige (Afrosoricida). Diese Diskrepanzen sind nicht neu, scheinen aber riesige Ausmaße zu haben: „Beispielsweise haben phylogenetische Analysen von Plazenta-säugetieren die Abfolge der tiefen Verzweigungen, die traditionell durch die Morphologie gestützt wurden, drastisch verändert“ (OYSON et al. 2022).

In der Studie wurde zudem geprüft, inwiefern die etablierten Abstammungsverhältnisse mit der biogeographischen Verteilung der Lebewesen übereinstimmen. Die Annahme ist hier, dass eine nahe Verwandtschaft verschiedener Arten auch mit einer geringen Entfernung



der jeweiligen Habitate einhergeht. Es ergab sich, dass die molekularen Stammbäume etwas besser zur biogeographischen Verteilung passten als die morphologischen. Der Unterschied war dabei nicht groß: Im Vergleich zu zufälligen Verteilungen der Lebewesen ist diejenige nach morphologischen Stammbaumkriterien um 54 % besser, diejenige nach molekularen Daten um 65 %. Die Forschungsgruppe fand allerdings auch Familien, für deren Stammbäume die morphologischen Daten besser zur biogeographischen Verteilung passen: Hunde (*Canidae*), Eichhörnchen (*Sciuridae*), Fledermäuse (*Chiroptera*) und Kängurus (*Macropodidae*).

Es blieb nicht unerwähnt, dass molekulare Stammbäume wesentlich häufiger „Homologieprobleme“ aufweisen, d. h. es ergeben sich bei sehr weit voneinander entfernten Organismen unerwartet stark ausgeprägte Ähnlichkeiten. Dieser Sachverhalt wird inzwischen damit erklärt, dass die Evolution auf rätselhafte Weise in voneinander unabhängigen Abläufen wiederholt zu den gleichen biologischen Bauplänen und Organen gelangt. Auch wenn das mit einer richtungs- und ziellos verlaufenden Evolution in keiner Weise zusammenpasst, wird es inzwischen für ein häufiges Phänomen gehalten.

Der an der Arbeit beteiligte Matthew A. WILLS äußerte sich dazu wie

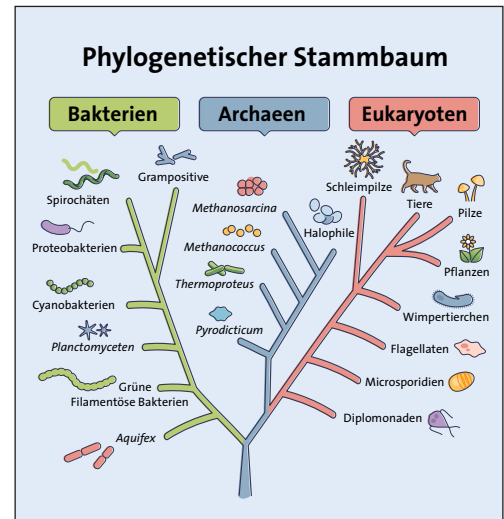


Abb. 1 Phylogenetische Stammbäume sind ein Kerninhalt des heutigen Biologiestudiums. Links: Stammbaum des Lebens nach Ernst HAECKEL, rechts: derzeit akzeptierter evolutionärer Stammbaum aller Lebewesen. (VectorMine, AdobeStock)

folgt: „Neuerdings sehen wir anhand der molekularen Daten, dass konvergente Evolution ständig geschieht. Dinge, von denen wir dachten, sie seien nah verwandt, sind offenbar auf dem Stammbaum des Lebens weit voneinander entfernt“ (University of Bath 2022).

Es findet also eine Neuinterpretation alter Daten in großem Maßstab statt, und das, was früher einmal als eine „Homologie“ (also als Merkmal gemeinsamer Abstammung) galt, wird jetzt oft als „Konvergenz“ angesehen. Dabei legen die Forscher eine überraschende Sicherheit an den Tag – ähnlich wie frühere Generationen in Bezug auf vermeintliche „Homologien“. WILLS sagte dazu: „Das bedeutet, dass konvergente Evolution uns verschaukelt hat – selbst die schlauesten Biologen und Anatomen – über 100 Jahre lang“ (University of Bath 2022).

Dabei ist den Autoren der Studie durchaus bewusst, dass auch molekulare Stammbäume alles andere als sicher sind: „In gleicher Weise gibt es Konflikte zwischen Stammbäumen, die auf molekularen Daten beruhen, insbesondere wenn sie von unterschiedlichen genetischen Einheiten hergeleitet werden“ (OYSON et al. 2022).

Eine evolutionäre Systematik der Lebewesen scheint in immer weitere Ferne zu rücken, je mehr geforscht wird. Ausgehend vom Grundtypenmodell der Schöpfungslehre würden

sich viele der angeführten Widersprüche dagegen auflösen, weil in diesem Rahmen von einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen ausgegangen werden kann.

[OYSON JW et al. (2022) Molecular phylogenies map to biogeography better than morphological ones. *Commun. Biol.* 5, 521, <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03482-x> • University of Bath (2022) Study suggests that most of our evolutionary trees could be wrong. Pressemitteilung, <https://phys.org/news/2022-06-evolutionary-trees-wrong.html>] B. Schmidtgall

■ „Homo“ luzonensis 2.o?

Im Jahr 2019 war anhand von nur 13 fossilen Zahn- und Knochenfunden von der philippinischen Insel Luzon die neue Menschenart *Homo luzonensis* vorgestellt worden. Die ca. 67.000 rJ (radiometrische Jahre) alten Fossilien besitzen einen einzigartigen Merkmalsmix aus menschenähnlichen und einzigartigen Zahnmerkmalen und vor allem *Australopithecus*-ähnlichen Hand- und Fußknochen. Daher hatte SCHOLL (2021) die Zuordnung zur Gattung *Homo* als voreilig kritisiert.

Mit einer neuen Studie von ZANOLLI und Kollegen (2022) sollte nun die Abstammung von „Homo“ *luzonensis* anhand der Zahnstruktur der Vor- und Backenzähne mithilfe

von μ CT (Mikro-Computertomografie) untersucht werden. Bereits in der Aufzählung ihres Vergleichsmaterials fällt auf, dass die von SCHOLL (2021) kritisierte mangelnde Repräsentation von Vergleichsarten für *luzonensis* auch auf die neue Studie zutrifft. *Australopithecus* sowie andere ausgestorbene und lebende Großaffengattungen wurden komplett ignoriert; ZANOLLI et al. (2022) verwendeten nur fünf (!) Vergleichsarten: den angeblichen „Homo“ *habilis* (inkl. *rudolfensis*; vgl. BRANDT 2017, 83–92) sowie die echten Menschen *Homo erectus* (inkl. *ergaster*), *H. floresiensis*, Neandertaler (inkl. *H. heidelbergensis*) und *H. sapiens*.

ZANOLLI et al. (2022) untersuchten verschiedene Zahnmerkmale. Von vier Messungen des Zahnschmelzes (ebd., Fig. 2) fällt *Homo luzonensis* nur einmal aus dem Bereich des modernen Menschen heraus (und damit weniger häufig als „Homo“ *habilis*). Außerdem errechneten die Autoren Prokrustus-Analysen (Formenvergleiche) für die Umrisse der Zahnkronen. Nur der erste Vorbackenzahn (P3) und der dritte Backenzahn (M3) lagen in bzw. am Rand des Variationsbereiches von *Homo erectus*, während die anderen drei Vor-/Backenzähne einzigartig waren. Beim multimetrischen Vergleich des inneren

Schmelz-Dentin-Überganges (ebd., Fig. 4–5) ähnelten vier Messwerte *Homo erectus* und fünf waren einzigartig. Der Vergleich hinsichtlich der Wurzeln und Pulpahöhlen ist methodisch problematisch, da deren Vielfalt bei den Vergleichsarten zu groß war und zu wenig Vergleichsarten mit einbezogen waren, wobei sogar „Homo“ *habilis* fehlte. Insgesamt sahen ZANOLLI et al. (2022) aber die größte Ähnlichkeit der äußeren und inneren Zahnmorphologie (inkl. Pulpahöhlen) von *luzonensis* mit *Homo erectus* und nicht mit „Homo“ *habilis*, der diesbezüglich „*Australopithecus*-ähnliche Merkmale“ aufwies.

Allerdings bleiben wesentliche Gründe bestehen, die gegen eine Zuordnung von *luzonensis* zur Gattung *Homo* und gegen die daraus abgeleitete Hypothese der Abstammung von *Homo erectus* sprechen (vgl. SCHOLL 2021): Erstens ist das Fundmaterial von *luzonensis* viel zu fragmentarisch und es fehlen genetische Informationen. Zweitens sind die wenigen Knochenfunde des Körperskeletts am ähnlichsten zu „Homo“ *habilis* oder *Australopithecus* – wie auch ZANOLLI et al. (2022) anerkennen. Drittens besteht ein großer Mangel an Vergleichsarten. COLLARD & WOOD (2015; bei BRANDT 2017, 85) hatten für die Zugehörigkeit einer Art zur Gattung *Homo* festgelegt, dass diese in Bezug auf sechs Kriterien (z. B. Entwicklungsdauer) *Homo sapiens* ähnlicher sein muss als *Australopithecus*. Von diesen Kriterien liegen bei *luzonensis* nur von der Zahn- und Kiefermorphologie einige verwertbare Daten vor. Da aber auch kein Vergleich der Zähne mit *Australopithecus* stattfand und von „Homo“ *habilis* gar kein vergleichbares Material der inneren Zahnstruktur der oberen Zähne vorliegt, kann dementsprechend keine gut begründete Aussage über die Zugehörigkeit von *luzonensis* zur Gattung *Homo* getroffen werden. Und viertens ist selbst das vorgestellte Zahnmaterial nur teilweise *Homo erectus* und noch weniger *Homo sapiens* ähnlich.

So hält auch MUIR (2020) „zukünftige Kritik an dieser Benen-

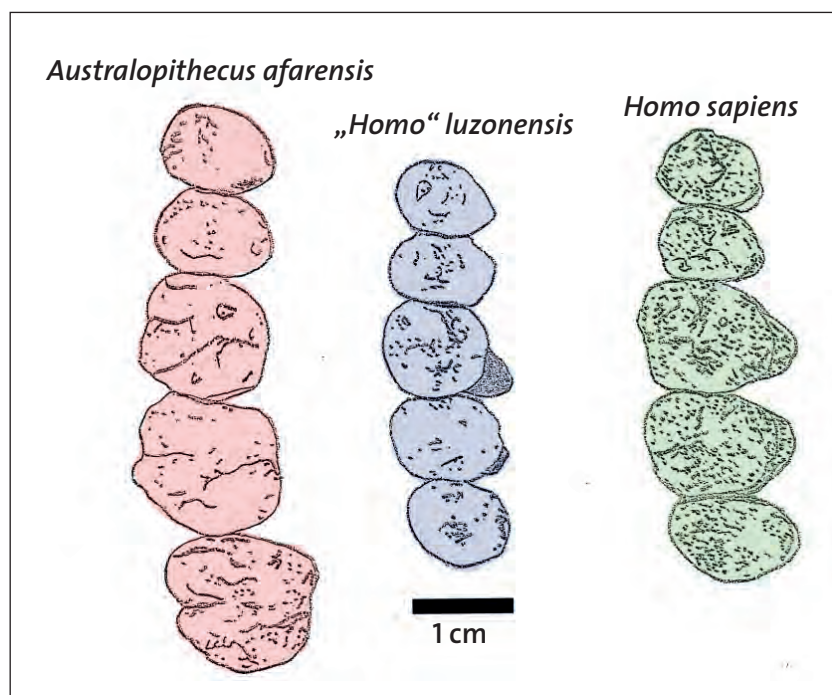


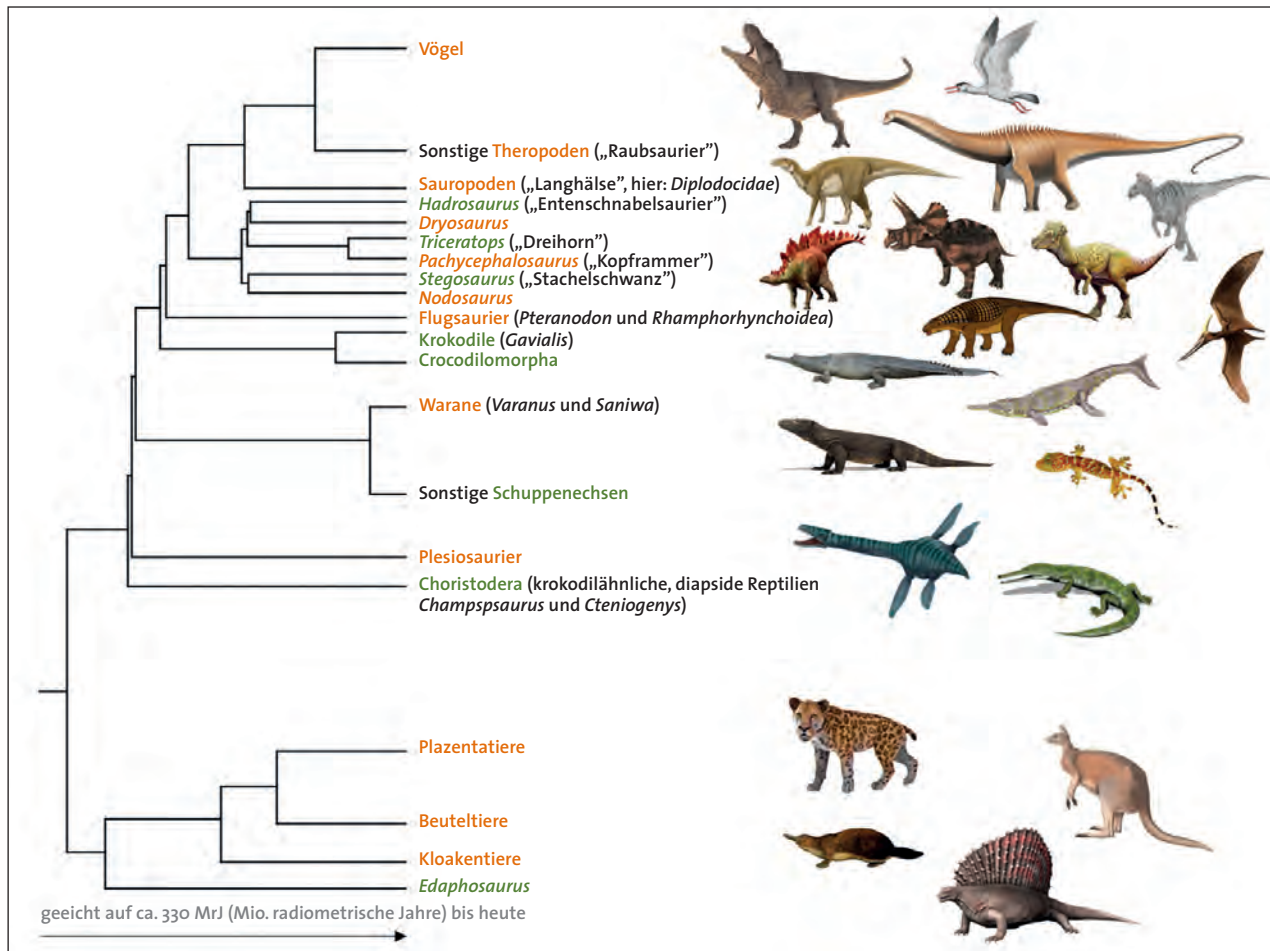
Abb. 1 Aufsicht auf die Vor-/Backenzähne von *Australopithecus afarensis*, „Homo“ *luzonensis* und *Homo sapiens*. (SCHOLL 2021 nach DÉTROIT et al. 2019)

nung“ von „*Homo*“ *luzonensis* für „wahrscheinlich“. Sie vermutet „strukturelle und menschliche Faktoren“ als Gründe für die vor-schnelle Benennung einer neuen *Homo*-Art: Das „Erschaffen“ und Publizieren einer neuen Art in einem renommierten Journal und die folgende mediale Berichterstat-tung stelle genau den „entscheidenden Moment“ in der Paläoan-thropologie dar, um Aufmerksam-

keit zu gewinnen und an Förder-gelder und Festanstellungen zu kommen.

Da nun aber die aktuelle fachli-che Datenlage noch keine begrün-dete Zuordnung von *luzonensis* zur Gattung *Homo* (bzw. zum erschaffe-nen Grundtyp des echten Men-schen) zulässt, muss man wohl vor-erst die Entdeckung neuer Funde abwarten.

[BRANDT M (2017) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. SCM Hänsler • MUIR B (2020) Let's Talk about Species, Baby! Taxonomy and Species Concepts in the Con-text of *Homo luzonensis*. Am. J. Undergrad. Res. 10, 77–87 • SCHOLL B (2021) *Homo luzo-nensis*: Trotz seines Gattungsnamens wahr-scheinlich kein Mensch. W+W Special Paper B-21-1. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-21-1_luzonensis.pdf • ZANOLLI C et al. (2022) Further analyses of the structural organization of *Homo luzo-nensis* teeth: Evolutionary implications. J. Hum. Evol. 163, 103124] B. Scholl



■ Viele Saurier waren „gleichwarm“

Die völlig unsystematische Verteilung der Endothermie

Warum starben die Dinosaurier eig-entlich am Ende der Kreide aus? Eine häufig genannte Antwort – ne-ben verschiedenen anderen – lautet: Weil sie die Körpertemperatur nicht eigenständig erzeugen konnten und deshalb mit veränderten Umweltbe-dingungen nicht so gut zurecht kamen wie endotherme („gleichwar-me“) Säugetiere und Vögel. Um-

Abb. 1 Endothermie ist innerhalb der Wirbeltiere unsystematisch verbreitet, was aus evolu-tionärer Perspektive eine häufige Annahme von Konvergenzen notwendig macht. Die Farbe **Orange** entspricht Endothermie und **Grün** entspricht Ektothermie. (Eigene Darstellung nach WIE-MANN et al. 2022, Fig. 2; Wikimedia: Nobu Tamura, CC BY 2.5, CC BY 3.0, CC BY-SA 4.0; Fred Wierum, Audrey.m.horn, Foolp, TORLEY, Петр Меньшиков, Jonathan Chen, CC BY-SA 4.0; Dmitry Bogdanov, Conty, CC BY 3.0; Greverod, CC BY-SA 3.0; DataBase Center for Life Science (DBCLS), CC BY 4.0; JAH, FAL; Pixabay)

gangssprachlich bezeichnet man endotherm auch als „gleichwarm“ und ektotherm als „wechselwarm“, doch ist nicht die Änderung der Körpertemperatur an sich das Ent-scheidende, sondern die Herkunft der Körperwärme. Diese kommt bei ektothermen Tieren hauptsächlich von außen („ekto“) und bei endo-thermen Tieren aus dem Stoffwech-

sel des eigenen Körpers (von innen: „endo“). Die Wissenschaftler WIE-MANN et al. (2022) widersprechen dem Szenario der aufgrund von Ek-tothermie aussterbenden Dinosauri-er aufgrund ihrer Forschungsergeb-nisse in der Fachzeitschrift *Nature* aber vehement.

WIEMANN et al. (2022) haben auf-grund von Korrelationen von Stoff-

wechselndprodukten mit Körperwärme ein neues Modell zur Bestimmung der Endothermie anhand von Lipoxidationsendprodukten in Knochen entwickelt (dieses Modell setzt allerdings mehrere Interpretationsschritte von den reinen Messdaten bis zu den Schlussfolgerungen voraus). Solche Stoffe entstehen – vereinfacht gesagt – bei der Zellatmung in Mitochondrien beim Abbau von Fetten und Zucker und lassen sich in Protein-Fossilisierungsprodukten mittels Spektrometrie in Knochen nachweisen. Ein erhöhter Stoffwechsel hängt mit der dauerhaften Versorgung des Körpers mit Körperwärme (Endothermie) zusammen, da beim Zuckerabbau der Zellatmung auch Wärme erzeugt wird. Dementsprechend haben endotherme Tiere einen deutlich höheren Energiebedarf als ektotherme Tiere, besitzen dafür aber einen aktiveren Lebensstil – insbesondere bei kühleren Temperaturen.

WIEMANN et al. (2022) kommen nun zu dem Ergebnis, dass eine ganze Reihe von Dinosauriern und Flugsauriern sowie die Plesiosaurier doch endotherm waren – womit ihr Aussterben nicht an ihrer Körpertemperatur gelegen haben kann. Zu den endothermen Dinosauriern gehörten die massigen Sauropoden wie *Diplodocus*, aber auch gefürchtete Räuber wie Allosaurier und die Theropoden (z. B. *Deinonychus* und der berühmte *Tyrannosaurus*, wobei Letzterer wohl eine relativ geringe eigene Körpertemperatur besaß).

Innerhalb der Gruppe der Vogelbeckensaurier ist das Bild uneinheitlich. Beispielsweise waren Stegosaurier und Triceratopsier ektotherm; Pachycephalosaurier und Nodosaurier jedoch endotherm.

WIEMANN et al. (2022) schließen aus diesen Befunden, dass Endothermie mindestens vier Mal konvergent (unabhängig) bei verschiedenen Wirbeltiergruppen auftrat: bei Säugetieren, bei Waranen, wasserlebenden Plesiosauriern und in den Ornithodira (Flugsaurier sowie Dinosaurier und Vögel). Es sei angemerkt, dass Stoffwechsel und Herzkreislaufsystem bei Komodowaranen tatsächlich säugetierähnlich sind (vgl. LIND et al. 2019); allerdings

bezeichnen sie GRIGG et al. (2021) trotzdem als „ektotherm“.

Doch selbst bei den Ornithodira stellt die Endothermie kein Merkmal dar, das allen Gruppenmitgliedern gemeinsam ist. Aus evolutionärer Perspektive muss man daher innerhalb dieser Gruppe mindestens dreimalig einen konvergenten Verlust der Endothermie annehmen: bei Stegosaurus, Triceratops und den Entenschnabelsauriern (WIEMANN et al. 2022, Fig. 2). Alternativ müsste man innerhalb der Ornithodira eine mehrmalige konvergente Entstehung der Endothermie bei Flugsauriern, Nodosauriern, Pachycephalosauriern, Sauropoden und Theropoden und Vögeln postulieren.

Damit treten nicht nur – wie bereits bekannt war – bei Vögeln und Säugetieren Endothermie-Stoffwechselsysteme konvergent auf, sondern auch bei einigen weiteren Gruppen innerhalb der Wirbeltiere. Dieser Befund bringt die Autoren schließlich dazu, mehrere verschiedene Evolutionsszenarien der Endothermie durchzuspielen (vgl. ebd., Suppl. Data 1.14).

Entgegen üblicher evolutionärer Deutungen sprechen solche Ähnlichkeiten in Körperbauplan und -funktion gerade nicht für eine gemeinsame Abstammung, sondern sie müssen völlig unabhängig voneinander entstanden sein. Das gilt auch für viele andere Merkmale im System der Lebewesen. Im Gegensatz zu evolutionären Modellen haben Schöpfungsmodelle solche Probleme mit unzähligen Konvergenzen nicht. Dies liegt an der Voraussetzung eines weisen Schöpfers, der Merkmale entsprechend eines Baukastensystems bei der Erschaffung verschiedener Tiere frei je nach ökologischen Notwendigkeiten verteilen kann.

[GRIGG G et al. (2021) Whole-body endothermy: ancient, homologous and widespread among the ancestors of mammals, birds and crocodylians. Biol. Rev., doi: 10.1111/brv.12822 • LIND AL et al. (2019) Genome of the Komodo dragon reveals adaptations in the cardiovascular and chemosensory systems of monitor lizards. Nat. Ecol. Evol. 3, 1241–1252, <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0945-8> • WIEMANN J et al. (2022) Fossil biomolecules reveal an avian metabolism in the ancestral dinosaur. Nature, <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04770-6>] B. Scholl

■ Hotspot für Mutationen macht Wiedererwerb einer Geißel möglich

Es gibt viele Beispiele dafür, dass genetische Veränderungen, die zu angepassten neuen Ausprägungen (Phänotypen) führen, nicht völlig zufällig sind (BORGER 2019). Am besten untersucht sind Mikroben, die unter starker Selektion kultiviert wurden und dann oft schnell und unabhängig voneinander ähnliche neue Phänotypen annahmen (FONG 2005). Das bekannteste Beispiel ist das Auftreten von *E.-coli*-Bakterien, die Citrat als Kohlenstoffquelle nutzen können, während dies ihren Vorfahren nicht möglich war (BLOUNT et al. 2008). Dies wurde als ultimativer Beweis für die darwinistische Evolution gepriesen. Später wurde nachgewiesen, dass Citrat-verwendende *E.-coli*-Stämme in nur 12 bis 100 Generationen entstehen können, wenn eine hochintensive Selektion unter Mangelbedingungen durchgeführt wird (Van HOFWEGEN 2016). Außerdem zeigte sich, dass dieselben Loci (Genorte) beteiligt waren und dass die Umstrukturierung der DNA durch die gleiche Klasse von Mutationen erfolgte, die zuvor identifiziert wurden. Die Evolution wiederholt sich und scheint vorprogrammiert zu sein. Trotz häufiger Beobachtungen von wiederholten Ereignissen dieser Art fehlte bislang ein detailliertes Verständnis der zugrunde liegenden Genetik.

In einer aktuellen Studie wurde ein weiteres bemerkenswertes Beispiel für wiederholbare genetische Veränderungen beim Bodenbakterium *Pseudomonas fluorescens* festgestellt (HORTON 2021). Zur Fortbewegung ist diese Mikrobe mit einer motorisierten Geißel, einer Art Außenbordpropeller, ausgestattet. Es gibt aber auch unbewegliche Varianten von *P. fluorescens* ohne Geißel. In einer Umgebung, in der es reichlich Nahrung oder keine Fressfeinde gibt, stellt der Verlust der Geißel keinen Fitnessnachteil dar. Vielmehr könnte der Aufwand, diese komplizierte Struktur zu bilden, in solchen Umgebungen ein Nachteil sein. Eine faszinierende Beobachtung bei *P. fluorescens* ist, dass Populationen ohne Geißel

ßeln diese leicht wieder erwerben können. Wie ist es möglich, dass eine so komplexe Struktur wie das Flagellum fast nach Belieben verloren und wiedergewonnen werden kann?

In der Studie wurden zwei Stämme von *P. fluorescens*, bekannt als AR2 und Pf0-2x, verwendet, um die Mechanismen zu ermitteln, die für das beobachtete wiederholte erneute Auftreten von Geißeln verantwortlich sind. Beide unbeweglichen Stämme sind genetisch betrachtet ähnliche Varianten des Bakteriums, die unter starker Selektion die Geißel-vermittelte Beweglichkeit schnell wiedergewinnen können. Und dies geschieht unabhängig voneinander in verschiedenen Kulturen.

Die Studie zeigte, dass die gezüchteten AR2-Linien die Beweglichkeit durch eine vielfach wiederholbare Mutation desselben Nukleotids erlangten: In über 95 % der Stämme war das genau gleiche Nukleotid beteiligt. Die Beweglichkeit von Pf0-2x hingegen entwickelte sich über eine Reihe von Mutationen im gleichen *ntrB*-Locus (Genbereich für den Stickstoffregulationsweg, *ntr*). Die betreffende Position bei AR2 ist somit ein Hotspot; d. h. hier treten besonders häufig Mutationen auf. Die Forscher stellten fest, dass sechs stille Nukleotide in der lokalen Region um den Hotspot im *ntrB*-Gen von AR2 für den Hotspot erforderlich sind. Sie werden „still“ genannt, weil sie an dritter Stelle im Triplet-Code stehen und bei der Translation des entsprechenden Gens dieselbe Aminosäure ins Protein eingefügt wird, es wird also das gleiche Polypeptid synthetisiert. Dies ist der Fall, weil aufgrund der Redundanz des genetischen Codes in diesen Fällen die dritte Position keinen Einfluss auf die codierte Aminosäure hat. Wenn aber diese stillen Nukleotide so verändert wurden, dass sie mit der Sequenz von Pf0-2x übereinstimmen, verschwand der Hotspot, d. h. es traten an dieser Position keine Mutationen mehr auf.

Bei AR2 wird der bewegliche Phänotyp in unabhängigen Linien durch eine wiederholbare de-novo-Mutation im *ntrB*-Locus erreicht. Die parallele Entstehung der glei-

chen *ntrB*-Mutanten ist bemerkenswert, da in allen Fällen derselbe Locus betroffen ist, während die Pf0-2x-Linien ihre Beweglichkeit durch Mutationen in der gesamten *ntr*-Regulationshierarchie entwickeln (HORTON 2021).

Die Autoren der Studie bezeichnen die Mutation bei AR2 als einen „deterministischen Hotspot für Mutationen“. Sie kommen zum Schluss, dass ihre „... Arbeit eine Schlüsselrolle für stille genetische Variationen bei der Bestimmung von Anpassungsergebnissen aufzeigt. Hotspots für Mutationen können evolutionäre Ergebnisse bestimmen und die Evolution wiederholbar machen.“

Obwohl die Autoren belegen, dass die Sequenz und Identität der Nukleotide der DNA von größter Bedeutung sind, haben sie den zugrundeliegenden molekularbiologischen Mechanismus nicht wirklich erklärt. Ihre Daten deuten darauf hin, dass es zusätzliche codierte Information im genetischen (oder: Protein-) Code gibt, die bestimmen, wo Mutationen auftreten. Aber wie kommen sie zustande und warum an dieser Position?

Sicher ist jedenfalls, dass Organismen mit solchen Sequenz-determinierten Hotspots nicht auf zufällige Mutationen warten müssen. Sie können sofort reagieren und sich anpassen. Das hat weitreichende Konsequenzen. Genetische Mechanismen, die praktisch nutzbare Variationen hervorrufen – und dieses Beispiel bei *Pseudomonas* ist nur ein weiteres von vielen –, reduzieren die Rolle der natürlichen Selektion in diesem Zusammenhang dramatisch.

[BLOUNT ZD, BORLAND CZ & LENSKE RE (2008) Historical contingency and the evolution of a key innovation in an experimental population of *Escherichia coli*. PNAS 105, 7899–7906 • BORGER P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Stud. Integr. J. 26, 77–85 • FONG SS, JOYCE AR & PALSSON BØ (2005) Parallel adaptive evolution cultures of *Escherichia coli* lead to convergent growth phenotypes with different gene expression states. Genome Res. 15, 1365–1372 • HORTON JS et al. (2021) A mutational hotspot that determines highly repeatable evolution can be built and broken by silent genetic changes. Nat. Commun. 12, 6092 • VAN HOFWEGEN D et al. (2016) Rapid Evolution of Citrate Utilization by *Escherichia coli* by Direct Selection Requires *citT* and *dctA*. J. Bacteriol. 198, 1022–1034] P. Borger



Abb. 1 Zwei Schlangen hauptsächlich von Individuen des blinden Trilobiten *Ampyx priscus*. Fezouata-Formation, Marokko (Unterordovizium). Maßstabsleiste: 1 cm. Fotos/Credit: VANNIER et al. (2019), ihre Figure 2 (Ausschnitte a/e) in *Scientific Reports*; CC BY 4.0.

■ Kollektives Verhalten ordovizischer Trilobiten

Trilobiten der Art *Ampyx priscus* sind fossil hintereinander aufgereiht erhalten. Offenbar sind sie bei ihrer „Wanderung“ plötzlich verschüttet worden – so plötzlich, dass sie sich nicht einmal haben schützend einrollen können (Abb. 1). Solche linearen Cluster aus dem Unterordovizium der Fezouata-Formation in Marokko sind mehrfach bekannt. Sie lassen auf ein kollektives Verhalten schließen.

VANNIER et al. (2019), die diese linearen Trilobiten-Cluster beschreiben, vermuten, dass die langen vorstehenden Stacheln möglicherweise dazu verwendet wurden, die Formation einer einzelnen Reihe zu unterstützen und aufrecht zu halten: durch physische Kontakte, möglicherweise in Verbindung mit mechanischen Rezeptoren und/oder einer chemischen Kommunikation. Das Gruppenverhalten könne eine

Reaktion auf Umweltstress gewesen sein oder in Verbindung mit der Fortpflanzung gestanden haben, zum Beispiel ein Abwandern geschlechtsreifer Artgenossen zu Laichplätzen. Kollektives Verhalten trete auch bei [heutigen] marinen Krebstieren wie Langusten (*Palinurus*) auf, die in Kolonnen Massenmigrationen vollziehen, entweder als mögliche Reaktion auf sturmbedingte Umweltstörungen oder um Laichgründe zu erreichen.

Interessant ist die Grundaussage der Autoren zur „Entstehung“ bzw. „Entwicklung“ solch eines Verhaltens: „Obwohl sich kollektives und soziales Verhalten durch natürliche Selektion über Millionen von Jahren entwickelt hat, ist seine Herkunft und seine Anfangsgeschichte weitgehend unbekannt geblieben.“ Woher aber wissen die Autoren, dass sich „kollektives und soziales Verhalten durch natürliche Selektion über Millionen von Jahren entwickelt hat“? Dies wird nicht beantwortet, sondern nur einfach in den Raum gestellt. Evolutionstheoretisch wird schließlich angenommen – da solch ein Verhalten für unterordovizische Trilobiten und sogar für unterkambrische garnelenartige, zweischalige Gliederfüßer überliefert ist (Chengjiang-Lagerstätte, China; Hou et al. 2008) –, dass es sich „möglicherweise durch natürliche Selektion während der kambrischen Radiation entwickelte“ und „umfassender während des Großen Ordovizischen Biodiversifikationsereignisses entfaltete.“ Das aber sind alles Spekulationen, die auf einer Sichtweise einer Theorie der biologischen Evolution gründen. Die fossile Überlieferung erzählt diese Geschichte nicht.

Des Weiteren ist die Erhaltung der Trilobiten-Reihen bemerkenswert. Sowohl das Substrat (die untere Schicht) als auch die überdeckende (obere) Schicht sind Ereignislagen. VANNIER et al. (2019) interpretieren diese wenige Zentimeter mächtigen Siltstein-Lagen als „distale Tempestite“, also als küstenfernere Sturmablagerungen. Ob einzelne Stürme die Ablagerungen verursacht haben, ist nicht bekannt. Jedenfalls handelt es sich um rasch entstandene Ablagerungen, um

Schüttungsereignisse, möglicherweise im Sekunden- oder Minutenbereich, in einem sich absenkenden Sedimentationsraum. Die Sedimentationsunterbrechung mag nur relativ kurz gewesen sein, denn das Substrat, über das sich die Trilobiten hinweg bewegten, ist nur oberflächlich und nicht tiefgreifend verwühlt. Die Trilobiten sind plötzlich an Ort und Stelle eingebettet worden. Sie hatten keine Chance zu entkommen; sie hatten nicht einmal die Zeit, sich einzurollen. VANNIER et al. (2019) ziehen auch in Erwägung, dass die Trilobiten vor Verschüttung vergiftet worden sein könnten (Waserschernismus).

[HOU X-G, SIVETER DJ, ALDRIDGE RJ & SIVETER DJ (2008) Collective behavior in an Early Cambrian arthropod. *Science* 322, 224. • VANNIER J, VIDAL M et al. (2019) Collective behaviour in 480-million-year-old trilobite arthropods from Morocco. *Scientific Reports* 9:1494; <https://doi.org/10.1038/s41598-019-51012-3>] M. Kotulla

■ Schnelle Anpassung von Darwinfinken

Der Galápagos-Archipel ist eine kleine Gruppe von Vulkaninseln etwa 1000 Kilometer westlich der südamerikanischen Küste. Auf den verschiedenen Inseln gibt es mehrere finkenähnliche Vogelarten, die bei näherer Betrachtung alle zur glei-

chen Gattungsgruppe gehören, den Geospizini. Diese auch als Darwinfinken bekannte Gruppe ist vielleicht das bekannteste Beispiel für die dort anzutreffende Vielfalt. DARWIN war zwar der erste, der diese Vögel entdeckte, als er die Inseln 1835 besuchte, hat ihnen aber keine besondere Aufmerksamkeit gewidmet. Bis heute sind 18 Arten beschrieben worden, sodass fast jede Insel ihre eigene Art hat. Man nimmt an, dass ihr Vorfahr der blauschwarze Grasfink (*Volatinia jacarina*) ist (Abb. 1), der an der Pazifikküste Südamerikas verbreitet ist, oder dass ihr Vorfahr wenigstens mit ihm verwandt ist. Wegen der Aufspaltung in die heutigen Darwinfinken ist der Name des Galápagos-Archipels gleichsam zum Synonym für Evolution geworden.

Da die meisten Inseln des Archipels sich vor weniger als 2 Millionen radiometrischen Jahren gebildet haben, verlief die Evolution der Finken auch unter evolutionären Annahmen sehr rasch. Die Finken des Galápagos-Archipels sind wahrscheinlich auch das bekannteste Beispiel für „Evolution in Aktion“, denn auch heute noch unterliegen Finkenpopulationen saisonalen oder jährlichen Veränderungen der Schnabelgröße und -form. Nach einer Dürre auf einer kleinen Insel des Archipels schrumpfte die durchschnittliche Schnabelgröße einer



Abb. 1 Ein Weibchen des Grasfinken *Volatinia jacarina*. (Dario Sanches, CC BY-SA 2.0)

Art in nur einer Generation. Der Grund für diese Veränderung war, dass Finken mit kräftigeren, kürzeren Schnäbeln, die besser Samen knacken können, häufiger überlebten als Finken mit dünneren, spitzeren Schnäbeln. Im Jahr 2016 fand ein Forscherteam der schwedischen Universität Uppsala heraus, dass die schnellen adaptiven Veränderungen der Schnabelgröße mit dem *MGA2*-Gen zusammenhängen (LAMICHHANEY et al. 2016). Zuvor hatten sie bereits das *Alx1*-Gen untersucht, ein Entwicklungsgen (Homeobox-Gen), das in zwei Varianten (Allelen) vorliegt. Die eine ist mit spitzen Schnäbeln verbunden – das ist die Stammform. Die andere Variante ist mit stumpfen Schnäbeln assoziiert (LAMICHHANEY et al. 2015).

Die letztgenannte Studie zeigte auch, dass sich die Darwinfinken ausgiebig untereinander kreuzen (LAMICHHANEY et al. 2015), was zeigt, dass wir es mit einem einzigen Grundtypen zu tun haben. Es handelt sich um Arten und Gattungen innerhalb eines Grundtyps. Die beobachteten raschen Anpassungen zusammen mit der vorhandenen Fähigkeit zur Kreuzung untereinander deuten auf bereits vorhandene genetische Mechanismen als Ursache für dieses Lehrbuchbeispiel der Evolution hin.

In einer aktuellen Studie untersuchte dieselbe schwedische Forschungsgruppe nun die relative Bedeutung von neuen Mutationen, bereits vorhandenen Varianten und Introgression bei diesen Anpassungsprozessen (RUBIN et al. 2022). Introgression ist die Übertragung von Genen einer Art in den Genpool einer anderen Art. Mithilfe moderner DNA-Sequenzierungstechnologie untersuchten sie die genomische Architektur, die der phänotypischen Vielfalt (Vielfalt im Erscheinungsbild) der Finken zugrunde liegt. Sie fanden heraus, dass neue Mutationen keine wichtige Rolle spielten. Vielmehr identi-

fizierten sie 28 genetische Loci (Genorte), die bei den kleinen, mittleren und großen Grundfinken (*Geospiza*) einen engen Zusammenhang mit der Schnabel- und Körpergröße aufweisen. Interessanterweise repräsentieren diese Loci – wie die Autoren es nennen – „ursprüngliche Haplotyp-Blöcke, deren Ursprung vor den Artbildungsprozessen während der Darwinfinken-Radiation [Artauffächerung] liegt“.

Diese Blöcke, die als komplette Einheiten vererbt werden, enthalten die Gene, die das Wachstum und die Entwicklung der Schnäbel regulieren und kontrollieren. Die Autoren kommen zu dem Schluss, dass diese „ursprünglichen Haplotypen genetische Module für die Selektion darstellen und als Schlüsselfaktoren für die ungewöhnliche phänotypische Vielfalt der Darwinfinken fungieren. Solche ursprünglichen Haplotyp-Blöcke können entscheidend dafür sein, wie sich Arten an die Variabilität und den Wandel der Umwelt anpassen.“ Sie schreiben weiter, dass „diese genetischen Module in den letzten Millionen Jahren wiederverwendet wurden, durch Genfluss ausgetauscht wurden und zur raschen phänotypischen Entwicklung und Artbildung bei Darwinfinken beigetragen haben“. Offensichtlich ist die beobachtete Evolution der Darwinfinken kein Zufallsprozess, sondern wird durch spezifische genetische Programme moduliert.

Da diese genetischen Module als einzelne Einheiten, die für die Gene der Schnabelentwicklung codieren, vererbt werden, ähneln sie sehr stark Supergenen. Da die Genorte eines Supergens auf den Chromosomen sehr nahe beieinander liegen, werden sie auch bei der sexuellen Neukombination in der Regel gemeinsam vererbt. Sie stellen eine gemeinsame genetische Architektur für komplexe Merkmale dar und sind häufig an Entwicklungsvorgängen

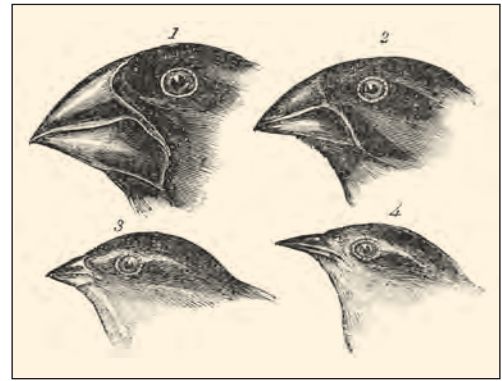


Abb. 2 Darwinfinken mit unterschiedlich kräftigen Schnäbeln: 1 *Geospiza magnirostris*, 2 *Geospiza fortis*, 3 *Geospiza parvula*, 4 *Certhidea olivacea*. (Aus: Darwin's finches or Galapagos finches. Darwin, 1845, gemeinfrei)

beteiligt (JAY et al. 2018). Genau das beobachten wir bei den Darwinfinken: Form und Größe der Schnäbel ändern sich fast saisonal. Die Genome der Finken sind darauf vorbereitet, sich sofort an nasse und trockene Perioden anzupassen.

Eine genauere Prüfung der genetischen Grundlage bestimmter komplexer Merkmale zeigt, dass häufig Supergene zugrunde liegen. In den Genomen von Honigbienen, Singvögeln und Zebrafischen finden wir Supergene, die für schnelle Variation verantwortlich sind (PENNISI 2017). Offensichtlich sind Supergene ein allgemeines genetisches Prinzip, das die rasche Entstehung von Varianten und Arten ermöglicht, ohne dass neue genetische Information benötigt wird. Für eine solcherart modulierte Evolution sind nicht Millionen von Jahren erforderlich. Bei den Finken reicht eine einzige Generation aus.

[JAY P, WHIBLEY A, FRÉZAL L et al. (2018) Supergene Evolution Triggered by the Introgression of a Chromosomal Inversion. *Curr. Biol.* 28, 1839–1845.e3 • LAMICHHANEY S, HAN F et al. (2016) A beak size locus in Darwin's finches facilitated character displacement during a drought. *Science* 352, 470–474 • LAMICHHANEY S, BERGLUND J et al. (2015) Evolution of Darwin's finches and their beaks revealed by genome sequencing. *Nature* 518, 371–375 • PENNISI E (2017) 'Supergenes' drive evolution. *Science* 357, 1083 • RUBIN C-J, ENBODY ED et al. (2022) Rapid adaptive radiation of Darwin's finches depends on ancestral genetic modules. *Sci. Adv.*, <https://www.science.org/doi/10.1126/sciadv.abm5982>] *P. Borger*



David Schulz: *Die Natur der Geschichte. Die Entdeckung der geologischen Tiefenzeit und die Geschichtskonzeptionen zwischen Aufklärung und Moderne*. Berlin/Boston: De Gruyter, 2020.

Tiefenzeit, *deep time*, ist eine moderne Metapher¹ für „geologische Zeit“ und für [mutmaßlich] unvorstellbar lange vergangene Zeiträume auf der Erde: Jahrmillionen oder Jahrmilliarden.

In *Die Natur der Geschichte* macht David SCHULZ geltend, dass sich die „Entdeckung der geologischen Tiefenzeit“ zwischen 1750 und 1800 vollzog, zur Zeit der Spätaufklärung. Seine Hauptthese² ist, dass in dieser Periode geologische Zeit- und Entwicklungskonzepte maßgeblichen Einfluss auf menschliche Geschichtsentwürfe hatten. Geologische Modelle, Konzepte, Begriffe, Methoden und Konventionen seien von der Geschichtswissenschaft übernommen worden. Damit hätten die Erdwissenschaften entscheidend zur Entstehung des modernen historischen Denkens beigetragen. Mit einer „Verzeitlichung der Natur“ sei eine „Naturalisierung der Geschichte“ einhergegangen.

Ein Teilergebnis der Forschungsarbeit von SCHULZ ist, dass durch die geologische Tiefenzeit die biblische Schöpfung und die biblische Chronologie grundlegend in Frage gestellt wurden und schließlich ihre Verbindlichkeit einbüßten. Dies wird als Delegitimierung bezeichnet; sie erfasst im Weiteren die gesamte, bis dahin weitverbreitete und quasi-gültige „religiöse Ordnung der Geschichte“, die *historica sacra*. Mit dem Verlust des Wahrheitsanspruchs, so die Diskussion, habe auch der göttliche Heilsplan seine Verbindlichkeit verloren. Die biblischen Zeitschranken seien insbesondere von den Theologen selbst geöffnet worden (S. 85); geologisches Wissen sei zur theologischen Lehrmeinung avanciert (S. 81).

Übersicht über die Dissertationsschrift

Der Schwerpunkt der Dissertationsschrift liegt insbesondere auf der Geschichtswissenschaft. Die Fragestellung, die das „Spannungsverhältnis von ‚Geschichte‘ und ‚Natur‘“ betrachtet, ist interdisziplinär. Die Schrift ist übersichtlich gegliedert. In der Einführung (Teil I) wird als Folge der „Entdeckung der geologischen Tiefenzeit“ eine „Marginalisierung des Menschen“ – in Verbindung mit einer Marginalisierung der Menschheitsgeschichte –

herausgestellt. Der Hauptteil (II), der Analyseteil, ist mit *Die Naturalisierung der Geschichte in der Spätaufklärung* überschrieben und besteht aus fünf Kapiteln. Der Autor arbeitet sukzessive „die Bedeutung der Geologie für die Geschichte“ heraus, indem er u. a. die Aufnahme des „erdhistorischen Revolutionsbegriffs“ aufzeigt (1), darlegt, dass die „geologische Tiefenzeit“ entscheidend zur Delegitimierung (s. o.) des biblischen Zeit- und Ordnungssystems beitrug (2) und damit einhergehend als ein wesentliches Element die „Entstehung der Geschichtsphilosophie“ mitprägte (3). Schließlich wird „die Bedeutung der Erdgeschichte bei der Entstehung der Weltgeschichtsschreibung“ behandelt (4). Das letzte Kapitel thematisiert die Entwicklungen im 19. Jahrhundert im Kontext des Historismus (5). Die Überschrift der Schlussbetrachtung (III) weist auf die bedeutende Rolle der Geologie hin: *Sind Steine die besseren Historiker? Die Geologie als Quelle moderner Zeitkonzepte*.

Die Analyse in Kapitel 3 und 4 des Hauptteils erfolgt in der Hauptsache durch Einzelinterpretationen von Geschichtsentwürfen: Bei den ausgewählten Geschichtsphilosophen handelt es sich um Voltaire, Herder, von Irwing, Meiners und Vierthaler; bei den ‚Weltgeschichtsschreibern‘ um Leibniz, Schlözer, von Mumelter, Beck, von Müller und Schlosser. In Kapitel 3 werden auch die Zeit- und Entwicklungskonzepte von drei Erdwissenschaftlern analysiert, die Einfluss im deutschen Sprachraum gehabt hätten: von Justi, Föchsel und Buffon. Bemerkenswert ist, dass methodisch – untersuchungsleitend – zu einzelnen Kapiteln oder Themenbereichen einzelne Hypothesen formuliert werden.

Kommentar

Meine Kommentare beziehen auf einzelne Aspekte, die in der Hauptsache das Geologische betreffen. Meines Erachtens – als Leser, nicht als Kenner der Geschichtswissenschaft, – kann David SCHULZ seine Hauptthese, die sich im Wesentlichen auf den deutschsprachigen Raum beschränkt, gut begründen. Unklar bleibt allerdings, welche Reichweite, Durchdringung und Akzeptanz „geologische Zeit- und Entwicklungskonzepte“ in der 2. Hälfte des 18. Jahrhunderts in der akademischen Welt und breiten Öffentlichkeit besaßen. Handelt es sich beispielsweise um Ideen und Entwürfe, die von einigen wenigen oder einer Mehrheit von Geologen bzw. Naturforschern verbreitet bzw. unterstützt wurden? BUCKLAND (1836, 13) zufolge gilt erst für die 1830er-Jahre, dass „alle Beobachter sich jetzt einig sind, dass sehr lange Zeiträume verstrichen sind.“ Das mag sich nicht nur auf Großbritannien beziehen. So ist denkbar, dass eher Ersteres zutrifft. Demzufolge hätten die Geschichtsschreiber der Spätaufklärung früh einzelne langzeitliche Vorstellungen – als Gegenentwürfe zur biblischen Schöpfung und Chronologie – rezipiert und verbreitet.

Ebenfalls unklar ist, in welchem Umfang sich „geologische Zeit- und Entwicklungskonzepte“ in dieser Periode „durchsetzten“. Auf S. 71 heißt es: „(...) die hier diskutierten Beispiele belegen, dass sich auch unter Theologen zwischen 1750 und 1800 die geologischen Darstellungen zur Urzeit der Erde durchsetzten (...)“. Unter den Beispielen sind zwei Theologen, LESS (1779) und GEDDES (1792), ein Schotte. Dazu können noch JERUSALEM (1768; und weitere), ROSENMÜLLER (1776, 1782), SACK (1785) und POTT (1799) gerechnet werden, die weiter unten (S. 75–83) besprochen werden. Dort heißt es dann (S. 81): „Sack belegt mit seiner Schrift *Geologie oder Betrachtung der Erde*, dass sich im letzten Drittel des 18. Jahrhunderts die Ansicht von dem hohen Alter der Erde auch unter Theologen durchgesetzt hatte.“ Das „Durchsetzen“ impliziert eine große, mehrheitliche Verbreitung bzw. Durchdringung unter Theologen noch vor Beginn des 19. Jahrhunderts. Dies könnte m. E. frühestens zur Mitte des 19. Jahrhunderts eingetreten sein, nachdem Harmonisierungsversuche von Genesis und Geologie populär geworden waren. Die von SCHULZ aufgeführten bzw. diskutierten Theologen sind sicherlich als exemplarisch aufzufassen, also mehr als Einzelfälle, dennoch kann der Kreis der Rezipienten insgesamt noch nicht so groß gewesen sein. So bespricht ROSENMÜLLER (1782) in seiner Vorrede die aus seiner Sicht wesentlichen neuen Publikationen zur Schöpfungsgeschichte der vergangenen sechs Jahre, nämlich (nur) JERUSALEM und LESS (s. o.). Des Weiteren weisen die Betrachtungen der diskutierten Theologen zur Schöpfungsgeschichte und Kosmogonie eine außerordentliche inhaltliche Bandbreite auf; sie sind insbesondere von Spekulationen erfüllt und einer Art Pionierstadium zuzurechnen. Dazu zählen auch erste Harmonisierungsversuche (Kosmogonie/Geologie – Genesis). LESS (1779, 188) zum Beispiel spekuliert – ebenso wie KANT (1755) – über bewohnte Planeten des Sonnensystems im Tatsachen-Modus: „Alle diese Weltkörper [alle von unserer Sonne erleuchteten, MK] sind eben sowohl mit Lebenden, Empfindenden und Vernünftigen Geschöpfen besetzt, als unsere Erde.“

Handelt es sich um eine „Entdeckung der Tiefenzeit“ oder um eine „Erfindung der Tiefenzeit“?

Für SCHULZ scheint Tiefenzeit „wahr“. Der Geschichtsschreibung der Spätaufklärung komme das Verdienst zu, geologisches Wissen popularisiert zu haben (S. 301). Handelt es sich hier aber um Wissen oder um (Re-)konstruktionen, Interpretationen oder Spekulationen? Begriffe wie „Evidenz“ und „Empirie“ scheinen punktuell gezielt gesetzt, beispielsweise „empirisch validiertes

Wissen“ (S. 58) oder „die empirischen Zeitmodelle der Geologie“ (S. 94). Zeit werde durch Materie dokumentiert (S. 284), durch die Anordnung von Steinen und Schichten (S. 287); dadurch werde die Erdgeschichte „im Prinzip empirisch zugänglich“ (S. 284, RAHDEN 2010 zitierend). Wie verhält es sich mit der Zeitdauer? Marie-Pierre AUBRY (2009, 93), eine Protagonistin des Tiefenzeit-Konzepts, schreibt: „An sich gibt uns eine Diskordanz oder ein anderes Merkmal der Gesteine *a priori* keinen intuitiven Sinn für die Zeitdauer.“ Folglich muss gefragt werden: Sind die geologischen Langzeit-Vorstellungen der 2. Hälfte des 18. Jahrhunderts falsifiziert worden? Wenn nein, waren sie überhaupt falsifizierbar? Wie ist die „geologische Tiefenzeit“ legitimiert worden, damit sie die *historia sacra* delegitimieren konnte? Handelt es sich um eine „Entdeckung der Tiefenzeit“ oder um eine „Erfindung der Tiefenzeit“? Für SCHULZ’ wissenschaftshistorische Analyse könnte all dies aber ohne Belang sein. Ob „wahr“ oder „unwahr“, Tatsache ist, dass lange Zeitskalen von der Geschichtswissenschaft übernommen wurden. LOTZE (1968, 7) formuliert: „Sie [Die Geologie, MK] geht davon aus, dass das heutige Erscheinungsbild der Erde das Ergebnis einer langen und wechselvollen Entwicklung ist (...)“ (Hervorhebung hinzugefügt). SCHULZ schreibt zwar von *Zeitkonzepten*, scheint aber fundamentale Annahmen auszublenden. Überhaupt fehlt m. E. die Einbeziehung einer „Theorie der Geowissenschaft“ (ENGELHARDT & ZIMMERMANN 1982), um das „geologische Wissen“ der damaligen Zeit besser einordnen und beurteilen zu können.

Da Tiefenzeit wahrscheinlich das wichtigste Element der Dissertationsschrift ist und prominent im Untertitel auftritt, wäre eine tiefere, unabhängige Analyse der Idee bzw. des Konzepts der Tiefenzeit möglicherweise ein Zugewinn gewesen. So aber scheint der Autor Tiefenzeit bzw. geologische, langzeitliche Entwürfe ebenso kritiklos akzeptiert und übernommen zu haben wie seinerzeit Theologen, Philosophen oder Historiker.

Michael Kotulla

Anmerkungen

- ¹ Ein von MCPHEE (1983, 127) Anfang der 1980er-Jahre geprägter Begriff.
- ² Die hier als Buch vorliegende Studie wurde von David SCHULZ 2017 als Dissertation an der Philosophischen Fakultät der Universität Tübingen eingereicht.

Literatur

- AUBRY M-P (2009) Thinking of deep time. *Stratigraphy* 6, 93–99.
 BUCKLAND W (1836) *Geology and Mineralogy Considered with Reference to Natural Theology*. Vol. 1, London.
 ENGELHARDT W FRH V & ZIMMERMANN J (1982) *Theorie der Geowissenschaft*. Paderborn.
 LOTZE F (1968) *Geologie*. Sammlung Göschen Band 13/13a, Berlin.

