30. Jahrgang | Heft 1

Mai 2023

JOURNAL STUDIUM INTEGRALE

Waren Neandertaler Menschen wie wir?

Multiversum, Zufall oder Variablen?

Sich selbst einbohrende Samen

Größte Blüte in Bernstein

Eine Verteidigung der theistischen Grundlegung objektiver Moral

Erstauflage 2022

Ist ohne Gott alles erlaubt?

„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.

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] / 20,00 CHF

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

Welt ohne Gott?

Eine kritische Analyse des Naturalismus

Nach der heute weit verbreiteten naturalistischen Weltsicht ist die Welt von selbst aus einem nichtgeistigen, nichtrationalen Zustand heraus entstanden und damit ohne Gott erklärbar. Die Würde, Freiheit und Wahrheitsfähigkeit des Menschen würden damit hinfällig. Ohne Wahrheitsfähigkeit ist aber Wissenschaft eine bloße Illusion.

Die wesentlichen Merkmale der Welt bleiben im Rahmen des Naturalismus radikal unerklärt – die hochgradige, mathematische Ordnung des Universums sowie Geist und Bewusstsein. Stattdessen muss der Naturalist von einer praktisch unbegrenzten, magisch anmutenden Schöpferkraft der Materie ausgehen, die die entscheidende Voraussetzung für eine rationale Weltsicht ausblendet: Gott.

Markus Widenmeyer
Welt ohne Gott? *3. überarbeitete und verbesserte Auflage 2017*
SCM Hänssler, Reihe Studium Integrale, Hardcover, Format 16,5 x 24, 235 S., ISBN: 978-3-7751-5619-6; 19,95 EUR [D] / 20,70 EUR [A] / 27,00 CHF

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

Unverkennbar hält die große Mehrheit der Wissenschaftler nach wie vor an der Evolutionslehre fest, obwohl sie sich in vielen Bereichen als untaugliches Erklärungskonzept erwiesen hat, das wiederholt und nachhaltig an der Wirklichkeit gescheitert ist. An evolutionär motivierten Fehleinschätzungen fehlt es nicht. Eine der bekanntesten ist die Aussage des berühmten Evolutionsbiologen Ernst Mayr, man brauche in stammesgeschichtlich weit voneinander entfernten Lebewesen nicht nach homologen Genen zu suchen. Ähnlich gelagert ist die Hypothese, dass weit über 90 % der menschlichen Erbsubstanz funktionsloser Schrott sei, weil im Laufe der Evolution Gene immer wieder funktionslos würden. Die großen Projekte der Molekularbiologie und Genetik wie ENCODE (Encyclopedia of DNA Elements) oder GTEx (Genotype Tissue Expression) haben das genaue Gegenteil zu Tage gefördert: Über 90 % der menschlichen DNA sind funktional. Es ist inzwischen zudem keine Seltenheit, dass Evolutionsforscher an verschiedenen Fronten der Lebenswissenschaften von „unerwarteten Entdeckungen" sprechen, weil diese nicht zu bisherigen evolutionären Erklärungen passen. In der vorliegenden Ausgabe des *Studium Integrale Journal* sind einige Artikel diesem zunehmend deutlicher werdenden Sachverhalt gewidmet, wobei zugleich aufgezeigt wird, dass die Befunde aus der Perspektive der Schöpfungslehre besser zu verstehen sind.

Benjamin Scholl veranschaulicht in zwei Beiträgen, dass die bisher übliche Deutung der frühen Menschheitsgeschichte aus evolutionstheoretischer Perspektive Sicht mit vielen neueren Befunden im Konflikt steht. So ist die Sichtweise, dass Neandertaler modernen Menschen unterlegen waren und damit nicht voll menschlich gewesen seien, unter Evolutionsbiologen und vor allem in populären Medien und Schulbüchern weit verbreitet. Inzwischen sorgt die Befundlage aber für ein Umdenken unter vielen Evolutionsbiologen. Es gibt eine Fülle an Belegen dafür, dass Neandertaler von modernen Menschen hinsichtlich ihrer kognitiven und technischen Fähigkeiten nicht zu unterscheiden waren. Ob Hochleistungsspeere, Höhlenmalereien, kunstfertig gestaltete Schmuckstücke und Werkzeuge, fürsorgliche Krankenpflege, aufwendige Bestattungen oder auch die Herstellung anspruchsvoller Klebstoffe – die Befunde zeugen davon, dass Neandertaler uns ebenbürtige Menschen waren.

Auch in anderen Bereichen der biologischen Forschung erweisen sich Darwin'sche Erklärungsmuster als defizitär. In der zweiten Folge von Nigel Cromptons Serie zu den Silberschwertern wird deutlich, dass die Mechanismen der Artbildung nicht gut zu neodarwinistischen Vorstellungen passen, sondern viel besser durch die Mendel'sche Biologie zu verstehen sind. Die relativ plötzlich eintretende Bildung neuer, gestaltlich deutlich unterschiedlicher Arten dieser auf Hawaii vorkommenden Korbblütler bei auffallend ähnlichem Erbgut spricht für die Ausprägung bereits vorhandener Programme und nicht für Mutation und Selektion als Ursachen der Artbildung.

Neben dem Mendel'schen Mechanismus sind erst in den letzten Jahrzehnten weitere „völlig unerwartete" Quellen der Variation auf genetischer Ebene ausgemacht worden. Galt der Birkenspanner mit seiner wechselnden Pigmentierung als „Lehrbuchbeispiel" der Evolutionslehre, ist vor einigen Jahren aufgeklärt worden, dass es sich um einen programmierten Mechanismus der Umlagerung genetischer Elemente handelt. Peter Borger beschreibt diese Einrichtung in den Zellen aller Lebewesen als „genetisches System der Datenkomprimierung" – etwas, das überdeutlich nach genialer Planung und nicht nach Zufall und Notwendigkeit aussieht. Ähnlich ist der von Harald Binder diskutierte Befund zu werten, dass die Genome selbst sehr verschiedenartiger Lebewesen auffallend ähnliche genetische Module aufweisen und auch noch die Anordnung der Gene oft auffallend ähnlich ist. Auch hier drängt sich Schöpfung als Erklärung der Beschaffenheit genetischer Strukturen auf, während solche Strukturen durch ziellose evolutionäre Prozesse nicht zu erwarten sind. Dieses Problem zeigt sich auch immer deutlicher im Bereich der Lebensursprungsforschung. Wie aus dem Beitrag von Boris Schmidtgall zur RNA-Protein-Welt hervorgeht, wird die Einordnung chemischer Vorgänge als „plausible Wege zu molekularen Bausteinen des Lebens" zunehmend willkürlich und realitätsfern vorgenommen, da evolutionäre Erklärungen für die Entstehung der Bausteine des Lebens weiterhin fehlen.

Unabhängig davon, wohin die Mehrheitsmeinung in der Wissenschaft tendiert, freuen wir uns einmal mehr, Ihnen in dieser Ausgabe einige staunenswerte Entdeckungen aus der Schöpfung Gottes zu präsentieren.

Eine aufschlussreiche Lektüre wünscht Ihnen

Ihre Redaktion **STUDIUM INTEGRALE JOURNAL**

IMPRESSUM

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

Redaktion
Dr. Reinhard Junker
Dr. Boris Schmidtgall
Benjamin Scholl

Korrespondenzadresse
Dr. Reinhard Junker, Rosenbergweg 29,
D-72270 Baiersbronn

Design
DESIGNBYTHOLEN
Regine Tholen AGD, Langgöns

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

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen
Die Zeitschrift erscheint zweimal jährlich. Jahresbezugspreis € 16,00; für Studenten € 11,00; Preise inkl. Versandkosten und MwSt. Auslandspreise auf Anfrage. Einzelhefte: € 9,00 (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

Rekonstruktion eines Neandertalers. Immer mehr archäologische Befunde bestätigen, dass Neandertaler Menschen wie wir waren.
(Bild: Pressebilder Neanderthal Museum, Mettmann, CC BY-SA 4.0, https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=94895245)

ISSN 0948–6135

Inhalt

THEMEN

B. Scholl — Waren Neandertaler Menschen wie wir? Ein archäologischer Überblick — 4

N. Crompton — Die Radiation der Silberschwert-Gruppe. 2. Hybriden und die Geschichte der Silberschwerter — 13

P. Borger — Über den Entwurf des Lebens: Mobile genetische Elemente. Genetische Quellen der Anpassungsfähigkeit — 22

J. Göcking — Multiversum, verborgene Variablen oder Zufall? Welche Interpretation der Quantenmechanik beschreibt die Wirklichkeit? — 31

KOMMENTAR

R. Junker — Innovative Evolution ohne Erklärung — 68

KURZBEITRÄGE

R. Junker	Die Schöpfung als Vorbild: sich selbst einbohrende Samen	38
B. Scholl	Betrieben Neandertaler Gesundheitsfürsorge?	40
M. Widenmeyer	Ist ohne Gott alles erlaubt? Ein Argument für die Existenz Gottes aus der Moral	44
P. Korevaar	Asteroiden mit unerwarteten Ringen. Hinweise auf Kurzzeitphänomene im Sonnensystem	48
H. Binder	Auffällig ähnliche Muster in Chromosomen verschiedener Lebewesen	51
B. Schmidtgall	RNA-Protein-Welt: Fortschritt oder Flucht nach vorn?	54

STREIFLICHTER

Verholzung krautiger Pflanzen auf Inseln – mindestens 175 Mal	59
Artbildung ohne ökologische Unterschiede	60
Beobachtungen bei Schimpansen widersprechen „Savannen-Hypothese“	61
Größte Blüte in Bernstein neu bestimmt	61
Faltblätter im Paläozoikum	62
Flugsaurier ähnlich wie Vögel entstanden?	63
Moderne Algen sind älter als die Kambrische Explosion	65
Kambrische Explosion: Alge statt Moostierchen	66
Doch keine Biomoleküle in der Venusatmosphäre?	67

Waren Neandertaler Menschen wie wir?

Ein archäologischer Überblick

In der Diskussion unter Evolutionsbiologen, ob Neandertaler „Menschen wie wir" waren, wendet sich das Blatt. Immer mehr archäologische Befunde hinsichtlich Ernährungsstrategien, Werkzeug- und Waffentechnik sowie Kunst und Kultur unterstützen die Sicht, dass Neandertaler vollwertige Menschen waren.

Benjamin Scholl

Abb. 1 Immer mehr archäologische Indizien zeigen, dass Neandertaler (hier in Rekonstruktion) Fähigkeiten wie wir besaßen. (Adobe Stock, Sunshower Shots)

Einleitung

Anlässlich der Vergabe des Nobelpreises für Medizin und Physiologie 2022 für den Paläogenetiker Svante Pääbo, der am Max-Planck-Institut in Leipzig über die Genetik von Neandertalern forscht, wurde ein Beitrag in *Spektrum der Wissenschaft* unter dem Titel veröffentlicht: „Neandertaler. Menschen wie wir" (Frayer & Radovčić 2022b). Die Autoren (S. 78) liefern im Untertitel ihres Artikels einen treffenden Einstieg zur diesbezüglichen Diskussion und verdeutlichen so die frühere, primär evolutionär begründete Sichtweise auf den Neandertaler: „Primitiv und grobschlächtig seien sie gewesen: So lautete lange die Lehrmeinung über Neandertaler. Inzwischen ist diese These nicht mehr haltbar. Vor allem Überreste aus Kroatien zeigen, dass die Frühmenschen mehr mit *Homo sapiens* gemeinsam hatten als bisher angenommen."

Die Neandertaler besiedelten Frayer & Radovčić (2022a) zufolge Eurasien von 350.000 bis 30.000 rJ (radiometrischen Jahren) vor heute (nach anderen Autoren ca. 200.000–40.000 rJ). Allerdings bildeten sich die typischen Neandertaler-Merkmale erst seit ca. 190.000 rJ zunehmend bei fossilen Menschen heraus – z.T. als Anpassungen an kältere Klimate (Condemi & Savatier 2020, 64f; 98–107). Insgesamt sind Neandertaler den heutigen Menschen deutlich ähnlicher als ursprünglich gedacht (Frayer & Radovčić 2022a). Viele morphologische (körperliche) Merkmale, die einst als neandertalertypisch galten, gehören zur Merkmalsvielfalt des modernen Menschen, und auch bei Neandertalern kommen „einige moderne" Merkmale vor (ebd.; vgl. Scholl 2023a; Brandt 2020, 216–230; Condemi & Savatier 2020, 239–253).

Dennoch halten manche Evolutionsbiologen daran fest, dass die Neandertaler immer noch

„weniger menschlich“ als die modernen Menschen gewesen seien. Eine ganze Reihe von Studien zeigt jedoch, dass Neandertaler komplexe Ernährungsstrategien, innovative Werkzeug- und Waffentechniken und auch Kunst und Kultur besaßen.

Kompakt

Vielfältige archäologische Indizien zeigen, dass Neandertaler Menschen wie wir waren – eine Einschätzung, die immer mehr Evolutionsbiologen teilen. Die Neandertaler hatten vielfältige Ernährungsstrategien, z. B. koordinierte Groß- und Kleinwildjagd, Fischerei, Ernährung mit Getreide und Kochen von Pflanzen. Sie besaßen anspruchsvolle Techniken: Sie bauten tödlich wirksame Speere, lehrten ihre Kinder komplexe Steinwerkzeugtechniken und stellten verschiedene Klebermischungen, Schnüre und wohl auch Kleidung her. Sie verfügten über Kunst und Kultur (Höhlenmalerei, Körperbemalung und Schmuckherstellung) und hatten ein symbolisches Denken, das sich in Ritzmustern und numerischen Darstellungen niederschlug. Entgegen evolutionärer Kritik beherrschten sie diese Fähigkeiten schon lange vor der Ankunft moderner Menschen in Europa und waren diesen nicht unterlegen. Obwohl Fragen über ihr Aussterben offen bleiben, verschwanden Neandertaler nie ganz, da sie mit den Neuankömmlingen Nachkommen hatten – und das sind wir Menschen heute.

Ernährungsstrategien

Evolutionsbiologen diskutieren schon seit Langem die Frage, ob der Neandertaler ein aktiver Jäger war – das Fehlen von Daten hinderte Prähistoriker allerdings nie am Aufstellen „gewagter Thesen“ z. B. über eine Ernährung als opportunistischer Aasfresser (Condemi & Savatier 2020, 111–115). Mittlerweile wurde aber bewiesen, dass Neandertaler aktive Jäger waren (S. 117f). Diese Erkenntnis gab es eigentlich schon seit 1948, war aber von den Wissenschaftlern „einfach vergessen worden“[1] (S. 118–120): Reste eines Speers zwischen den Rippen eines *ausgewachsenen* Waldelefanten (*Elephas antiquus*; Schulterhöhe > 4 m) bei Lehringen zeigen, dass dieser von einem erfahrenen Jäger getötet wurde (vgl. ebd.; Adam 1951, 83). Es handelt sich um eine regelmäßig aus hartem Eibenholz gearbeitete Stoßlanze mit Schwerpunkt in der Mitte, deren Spitze über dem Feuer gehärtet worden war.

Die Neandertaler erbeuteten Großwild wie Auerochsen und Bisons auch dadurch, dass sie es zu Absturzstellen hetzten (z. B. in La Borde oder Coudoulous). Dies erfordert Intelligenz und Teamfähigkeit (vgl. Condemi & Savatier 2020, 130f). Auch frühe Neandertaler in Biache-Saint-Vaast vor ca. 200.000 rJ waren Großwildjäger, die gefährliche Tiere wie Auerochsen, Prärienashörner und sogar riesige Höhlenbären jagten (S. 121f). Schnittspuren an Bärenknochen sprechen dafür, dass Neandertaler deren Pelz wahrscheinlich als Decken, Bekleidung und Schuhwerk verwendeten (S. 142f).

Als „versierte Großwildjäger“, die „in einer Vielzahl von Umgebungen überlebten“, waren Neandertaler hinsichtlich Jagdwaffen und -strategien modernen Menschen nicht unterlegen (Villa & Roebroeks 2014, 1+4). Sie jagten auch schnelles Kleinwild wie Vögel und Kaninchen. Außerdem strukturierten sie ihren Wohnbereich. Roebroeks et al. (2021, 9f) vermuten sogar, dass die länger andauernde Anwesenheit der Neandertaler in Neumark-Nord (Sachsen-Anhalt) vor ca. 125.000 rJ durch Großwildjagd und Feuer eine Veränderung der ganzen Landschaft (von Wald zu offener Vegetation) verursacht hatte.

Obwohl Neandertaler häufig als reine „Fleischfresser“ dargestellt werden, nutzten sie ein vielfältiges Nahrungsangebot (vgl. Frayer & Radovčić 2022a). Küstenbewohner verspeisten Muscheln und Krabben sowie andere Meeresfrüchte, aber auch Robben und Haie (Condemi & Savatier 2020, 143–149). Andernorts wurde der Verzehr von Pilzen und Pflanzen wie Weizen, Gerste, Dattelpalmen, Pistazien, Seerosen und Heilpflanzen (z. B. an Werkzeugen oder im Zahnstein) nachgewiesen. Neandertaler haben einen Großteil ihrer pflanzlichen Nahrung sowie Fleisch und Fisch gekocht, gebraten oder getrocknet. Zum Feueranzünden nutzten findige Neandertaler teilweise Manganoxid an Holzspänen (ebd.).

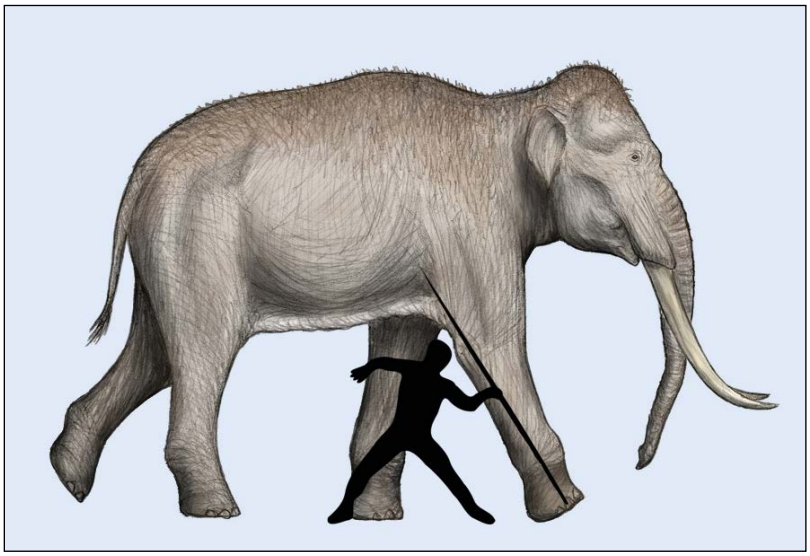


Abb. 2 Rekonstruktion eines Waldelefanten mit der Silhouette eines Neandertaler-Jägers im ungefähren Größenverhältnis. (nach Wikimedia: DFoidl, CC BY 3.0)

Werkzeuge und Waffen

Condemi & Savatier (2020, 16) schreiben: „Die Faustkeile der Neandertaler sind besonders formvollendet. Wegen seiner allseitigen Symmetrie gilt der Faustkeil als erstes archäologisches Zeugnis für den Sinn des Menschen für Ästhetik.“ Faustkeile sind zwar seit mindestens ca. 1,8 MrJ belegt, erreichen aber bei Heidelber-

ger Menschen und Neandertalern ein besonders anspruchsvolles technisches Niveau (S. 53; vgl. Beyene et al. 2013; Scholl 2022). Zudem hatten Neandertaler spezielle Knochenwerkzeuge („lissors"), um damit Leder zu bearbeiten, und nutzten Faser-Technologie zur Herstellung von Schnüren (Frayer & Radovčić 2022a).

Neandertaler verwendeten sogar Birkenpech bzw. Birkenteer als Vielzweck-Kleber seit ca. 200.000 rJ in Campitello (Italien) und in Deutschland in Königsaue und in Inden/Altdorf. Außerdem mischten sie weitere Klebstoffe: Kiefernharz mit Bienenwachs vor ca. 50.000 rJ sowie Erdpech (Bitumen) mit Quarz und Gips vor ca. 70.000 rJ in Syrien. Damit konnten sie Pfeil- und Speerspitzen anbringen oder Behältnisse abdichten (Boëda et al. 2008; Mazza et al. 2006, 1310+1315; Pawlik & Thissen 2011, 1699; Schmidt et al. 2019, 17707; Niekus et al. 2019, 22082; Degano et al. 2019, 1+21f).

Fossile Speere sind in Deutschland (Schöningen) und England (Clacton-on-Sea) seit mindestens 300.000 bzw. 400.000 rJ nachgewiesen – also bereits zur Zeit der Vorfahren der Neandertaler (vgl. Brandt 2016a; Milks et al. 2019, 2; Condemi & Savatier 2020, 124ff). Brandt hatte im Jahr 2016(a) über die genialen Wurfspeere auf Olympia-Niveau (!) von Schöningen in Mitteldeutschland berichtet. Sie wurden bei Bedarf mit Steinwerkzeugen nachgeschärft (Venditti et al. 2022, 1). Außerdem wurde in Schöningen noch ein 300.000 rJ alter Wurfstock zur Jagd auf Vögel oder zum Treiben von Wildpferden gefunden, der Einschlagsnarben vom Auftreffen mit hoher Geschwindigkeit von 30 m/s besitzt (Universität Tübingen 2020).

Der ca. 400.000 rJ alte Eibenspeer aus Clacton-on-the-Sea (England) ist nach Milks et al. (2019, 2) noch älter. Die Forscher wiederholten Experimente mit dem Speer „Schöningen 2" und schätzten, dass er auf 15–20 Meter tödlich war (S. 1f+8). Die Autoren betrachten solche Waffen als entscheidenden Marker für Kognition, Sprache, Unterrichten, Gruppengröße und sonstiges Sozialverhalten. Die weite Verbreitung von Fernwaffen bei frühen Menschen zeigt sich außerdem bei einem Skelett aus Tourville-la-Rivière mit typischen Speerwerfer-Traumata vor ca. 243.000–191.000 rJ (MIS 7) sowie bei ca. 500.000 rJ alten steinernen Speerspitzen (Kathu Pan 1) aus Südafrika (ebd.; Wilkins et al. 2012, 19f; vgl. Lisiecki & Raymo 2005).

Kunst und Kultur

Mittlerweile wird in der Regel anerkannt, dass Neandertaler zu symbolischen Äußerungen wie Körperverzierung („body art") und Kunst in der Lage waren (Frayer & Radovčić 2022a). So sehen Villa & Roebroeks (2014, 3) u. a. folgende Hinweise für kognitive Fähigkeiten beim Neandertaler, die „keine signifikanten Unterschiede" zu entsprechenden Funden gleich alter moderner Menschen aufweisen: die Verwendung der Farbstoffe Ocker und Mangan, bemalte Muscheln und Schmuckgegenstände.

Von besonderer Bedeutung ist, dass Neandertaler bereits vor ca. 64.000 rJ – also wahrscheinlich lange vor der Ankunft der modernen Menschen in Europa (vgl. Scholl 2023a) – an drei verschiedenen Orten in Spanien Höhlenmalerei praktizierten (Hoffmann et al. 2018b, 912f). Die Neandertaler verwendeten rote und schwarze Pigmente und zeichneten „Punkte, Linien, Scheiben und Handabdrücke" sowie eine Art Leiter oder Hashtag. Hoffmann et al. schließen aufgrund der benötigten Lichtquelle, der Platzierung und der nötigen Vorbereitung der Farbe auf „vorsätzliche" und „symbolische" Handlungen. „Die Neandertaler verfügten also über ein viel reicheres symbolisches Verhalten als bisher angenommen" (S. 914). Außerdem

Abb. 3 Links: Fundsituation des neu entdeckten Wurfstocks von Schöningen. Rechts der „Clacton Spear". (Wikimedia, CC BY-SA 4.0: A. Gonschior, Niedersächsisches Landesamt für Denkmalpflege; Geni)

Abb. 4 *Homo erectus* hinterließ auf Trinil eine Muschel vor ca. 0,5 MrJ mit einem eingravierten Muster, das absichtlich erzeugt wurde. (Wikimedia: Henk Caspers/Naturalis Biodiversity Center, CC BY-SA 3.0; rote Linien: eigene Darstellung)

wurden in Cueva de los Aviones (Spanien) vor 115.000–120.000 rJ mit Löchern versehene Muscheln zusammen mit komplexen roten und gelben Pigmentmischungen gefunden (Hoffmann et al. 2018a, 1). Werden ähnliche, aber jüngere Funde aus Südafrika als Belege symbolischen Verhaltens bei modernen Menschen gedeutet, muss dies auch für Neandertaler und wahrscheinlich auch dessen Vorfahren gelten (ebd.). So hinterließ bereits *Homo erectus* auf der Insel Trinil (Java) auf einer 430.000–540.000 rJ alten Muschel (*Pseudopon*) ein absichtlich und mit guter Hand-Augen-Koordination erzeugtes Ritzmuster mit 13 Kerben (Joordens et al. 2015, 228f). Auch die frühen Neandertaler in Maastricht-Belvédère hatten sich wohl schon vor ca. 250.000 rJ mit rotem Ocker bemalt (Condemi & Savatier 2020, 193f).

Hoffmann et al. (2018a, 4) schlussfolgern aus den archäologischen Indizien: Es „besteht kein Zweifel daran, dass Neandertaler und frühe moderne Menschen das symbolische Denken teilten und dass, soweit wir aus der materiellen Kultur schließen können, Neandertaler und frühe moderne Menschen kognitiv nicht voneinander zu unterscheiden waren."

Neandertaler und frühe moderne Menschen waren kognitiv nicht voneinander zu unterscheiden.

Frayer & Radovčić (2022a) zufolge haben Forscher „viele solcher Beispiele für die Kreativität der Neandertaler gefunden." So wurden in Deutschland in der Einhornhöhle (Harz) von Leder et al. (2021, 1) geometrische Muster auf einem ca. 51.000 rJ alten Riesenhirschknochen entdeckt. Sechs parallele Linien von oben treffen sich ungefähr in Form von rechten Winkeln mit vier nahezu parallelen Linien von unten (s. Abb. 5D). Die Herstellungszeit liegt laut Experimenten bei ca. 1,5 Stunden. Leder et al. (2021) schlussfolgern, dass „die Neandertaler eine konzeptionelle Vorstellungskraft besaßen", um einzelne Linien zu einem Muster zu kombinieren. Sehr wahrscheinlich wollten sie symbolische Informationen damit vermitteln (S. 7, vgl. De Lazaro 2021).

D'Errico et al. (2018, 1) vermuten sogar, dass die neun Kerben eines 72.000–60.000 rJ alten Hyänenknochens aus Les Pradelles (Frankreich) numerische Werte (Zahlen) repräsentieren könnten. D'Errico begründet dies damit, dass die Schnitttiefe und Form der Kerben für eine bewusste Herstellung in einem einzigen Arbeitsprozess sprechen (Barras 2021; vgl. D'Errico et al. 2018, 5+7). Dieser Knochen sollte also „Informationseinheiten" übermitteln – ebenso wie ein ca. 42.500 rJ alter Pavianknochen von *Homo sapiens* aus der Border Cave (Südafrika). Experimentelle Versuche widerlegen, dass diese Kerben von Les Pradelles nur eine Musterverzierung gewesen seien – im Gegensatz zum Kerbenmuster auf dem Rabenknochen von Zaskalnaya VI von der Krim (s. Abb. 5A-C).

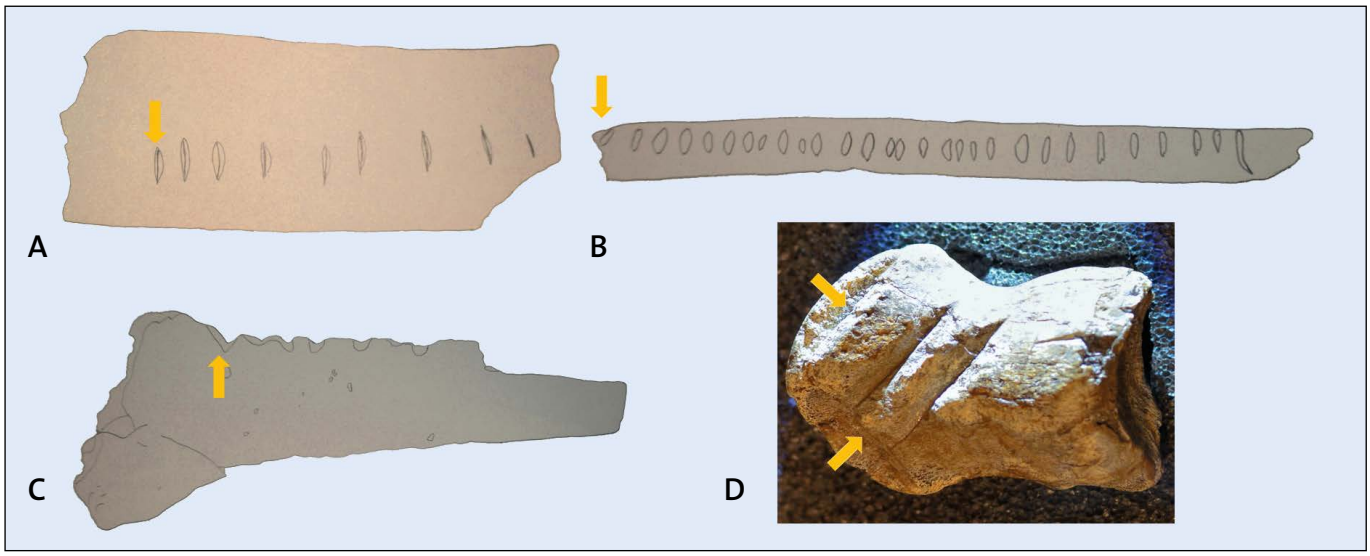


Abb. 5 Skizze des Hyänenknochens aus Les Pradelles: Die neun Kerben dienten einem Neandertaler wahrscheinlich zur Übermittlung numerischer Information (A) – ebenso wie bei einem Pavianknochen aus der Border Cave von *Homo sapiens* (B). Der Rabenknochen von der Krim stellt wohl ein Muster eines Neandertalers dar (C) – wie auch ein Riesenhirschknochen aus der Einhornhöhle (D). (Eigene Skizzen nach D'Errico et al. 2018; Majkic et al. 2017; Wikimedia: Axel Hindemith, CC BY-cA 3.0)

Die Widerlegung der evolutionär motivierten Kritik

Doch natürlich gab es auch evolutionär motivierte Kritik: Neandertaler hätten komplexere Verhaltensweisen nur von modernen Menschen übernommen, oder geologische Prozesse hätten vielleicht Funde von modernen Menschen und Neandertalern vermischt. Diese Kritik wird allerdings dadurch widerlegt, dass Neandertaler schon lange vor der Ankunft moderner Menschen in Krapina (Kroatien) ab 130.000 rJ eine Reihe besonders aufschlussreicher Artefakte hinterlassen haben. Dort wurden bei Grabungen von 1899 bis 1905 viele Tierknochen, über 800 Steinwerkzeuge, eine Herdstelle und 1100 Knochenreste von Neandertalern gefunden (Frayer & Radovčić 2022a+b; Radovčić et al. 2015).

Radovčić et al. (2015, 1) beschreiben neun „ungewöhnliche" Seeadler-Knochen unter den archivierten Funden. Die Entfernung der harten Oberschicht der Adlerkrallen („carapace") sowie Schnittspuren weisen auf eine absichtliche Bearbeitung mit dem Ziel der Herstellung einer Kette oder eines Armbandes hin. Geglättete Oberflächen sprechen für den Kontakt mit einer Schnur. Die Knochen stammen von mindestens drei Adlerindividuen, was wiederum auf eine spezialisierte Jagdstrategie der Neandertaler hinweist (vgl. ebd.; Frayer & Radovčić 2022a). Wissenschaftler sprechen Knochenfunden von Greifvögeln im Kontext menschlicher Hinterlassenschaften aus der späten Altsteinzeit häufig eine symbolische Bedeutung zu (ebd.). Somit weisen Radovčić et al. (2015, 11) den Neandertalern aufgrund des Schmucks mit Adlerkrallen vor ca. 120.000 rJ eine „kulturelle Raffinesse" sowie eine „symbolische Kultur" zu und vermuten einen zeremoniellen Kontext. Auch Neandertaler vor 44.000 rJ sammelten wohl Greifvogel-Federn in der Fumane Cave in Italien: Dies sind Hinweise auf „eine symbolisch-ornamentale Sprache, Ausdruck einer fortgeschrittenen Denkfähigkeit" (Condemi & Savatier 2020, 189f+192f).

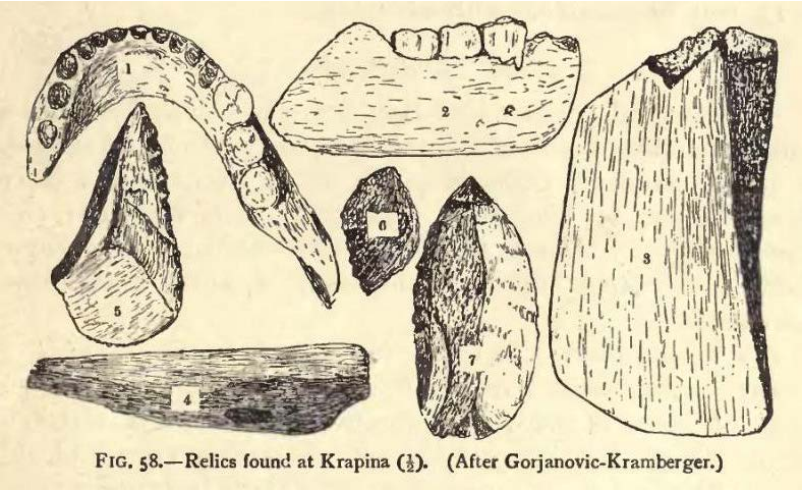


Fig. 58.—Relics found at Krapina (½). (After Gorjanovic-Kramberger.)

Abb. 6 Funde von Neandertalern in Krapina: Unterkiefer und Werkzeuge. (Robert Mu, CC0)

Wissenschaftler weisen den Neandertalern aufgrund des Schmucks mit Adlerkrallen vor ca. 120.000 rJ eine „kulturelle Raffinesse" sowie eine „symbolische Kultur" zu.

Ein weiterer Hinweis für symbolisches Verhalten der Neandertaler ist ein Stein aus Krapina mit eingeschlossenen sichtbaren Pflanzenfossilien, der von einem nahestehenden Felsen im Norden stammen könnte. Wahrscheinlich ist es ein *Manuport*, also ein gesammeltes „ästhetisch ansprechendes Objekt" (Frayer & Radovčić 2022a), da auch frühe Neandertaler in Markkleeberg (Sachsen) vor 280.000 rJ Feuersteine mit Seeigel-Fossilien sammelten.[2] Ein weiteres Manuport ist wahrscheinlich das Fragment eines Tintenfischfossils (*Orthoceras sp.*) vor 200.000–300.000 rJ aus Erfoud (Marokko), das der Form eines männlichen Gliedes entspricht (Bednarik 2002). Auch die Umlagerung von über 400 Stalagmiten-Stücken zu sechs Steinkreisen/-haufen inklusive Feuerstellen vor 176.500 rJ tief in der Höhle von Bruniquel (Frankreich) deuten Forscher als „intentionale Konstruktion" mit wahrscheinlich symbolischem/rituellem Verhalten (Jaubert et al. 2016).

Ein dritter Hinweis für symbolisches Verhalten bei Neandertalern aus Krapina ist ein „ziemlich gruseliger": Ein Schädel (Krapina 3) weist 35 meist parallele Streifen über der Stirn auf, die wohl nach dem Tod zugefügt worden sind. Frayer & Radovčić (2022a) vermuten aufgrund der Art der ca. 130.000 rJ alten Schnittspuren, dass sie wahrscheinlich auf „eine Art rituelles Verhalten" hindeuten, „sei es die zeremonielle Bearbeitung der Überreste eines geliebten Menschen, numerische Aufzeichnungen oder Kritzeleien."

Trotz dieser spektakulären Funde bejahen Frayer & Radovčić (2022a) nur zögerlich, dass die Neandertaler wahrscheinlich über Sprache verfügten. Als Indizien für Sprache werden von vielen Archäologen Körperschmuck und Symbolik betrachtet (ebd.). Weitere Hinweise sind der Bau von Zungenbein und Innenohr sowie das Vorhandensein des für Sprache relevanten FOXP2-Gens bei Neandertalern (ebd.; vgl. Brandt 2016b; 2022; Condemi & Savatier 2020, 180–184). Außerdem wird von der „Händigkeit", d. h. der Verteilung von Links- und Rechtshändern, auf eine asymmetrische Aufgabenspezialisierung der beiden Gehirnhälften (Hemisphären) geschlossen, die mit Sprache in Zusammenhang steht (Frayer &

Radovčić 2022a; 2022b). Zahnrillen in typischen Winkeln beim Festhalten von Gegenständen wie Schnüren mit den Zähnen sprechen für ein ziemlich typisch menschliches Verhältnis von neun Rechts- zu zwei Linkshändern in Krapina (ebd.). Auch Condemi & Savatier (2020, 180–185) kommen aufgrund „starker Indizien" (wie der Weitervermittlung der Moustérien-Steinwerkzeugtechnik) zu dem Schluss: „Für uns steht fest: Die Neandertaler konnten sprechen, sie hatten alle anatomischen, symbolbildenden und kognitiven Fähigkeiten dafür."

Offene Fragen

Trotz aller Belege für eine menschliche Intelligenz bleiben viele Fragen über die Neandertaler offen, vor allen zum Aussterben und weshalb die Zahl an Hinweisen auf Kunst und Kultur über die gesamte Zeitspanne gering ist.

Eine mögliche Antwort auf die zweite Frage ist, dass es gar nicht so viele Neandertaler gab, die etwas hätten hinterlassen können. „Eigentlich hätten Neandertaler nicht überleben dürfen", weil gerade einmal 10.000 bis 70.000 von ihnen im Gebiet von Portugal bis Zentralsibirien und Nahem Osten zeitgleich gelebt haben sollen (Condemi & Savatier 2020, 156–167+175). Dafür sprechen auch genetische Daten sowie Besiedlungsmuster, da verschiedene Gruppen wohl über große Distanzen in Verbindungen standen (ebd.).[3] Die Autoren (S. 169+231f; vgl. Brandt 2019, 398ff) vergleichen die Situation mit einfachen Werkzeugkulturen heutiger Völker: Geringere Bevölkerungszahlen können nämlich den Verlust an Innovationsfähigkeit begünstigen. So kam es bei den Tasmaniern zu einer beträchtlichen Vereinfachung der Werkzeugkultur, nachdem Tasmanien von Australien vor 10.000 rJ durch den Anstieg des Meeresspiegels abgeschnitten worden war. Das Wissen um Knochen-Harpunen und -Angelhaken, Bumerang und Bekleidung ging verloren, sodass nur „24 verschiedene, allesamt sehr schlichte Werkzeuge" übrig blieben (ebd.). Die Forscher vermuten, dass die Neandertalerkulturen nur deshalb überdauern konnten, weil sie ihre spezialisierten Techniken bewahrten, ähnlich wie die Kultur der Inuit (S. 176). Somit waren Neandertaler „zweifellos mit manchen Kulturen" des heutigen Menschen vergleichbar (S. 179+214f). Im Gegensatz zu Condemi & Savatier (2020, 261f) sind Villa & Roebroeks (2014, 4f) aufgrund des nachgewiesenen Wechsels von Werkzeugkulturen aber nicht der Meinung, dass sich die Neandertaler-Steinwerkzeugtechnik im Vergleich mit dem damaligen *Homo sapiens* kaum verändert habe.[4] Denn es gibt keine signifikanten Unterschiede zwischen Neandertalern und modernen Menschen hinsichtlich Material-Transportstrecken als Hinweis auf die unterschiedlichen Größen sozialer Netzwerke. Auch die Klingenherstellung unterscheidet sich zwar nach Häufigkeit, nicht aber nach Kognition oder technischer Kompetenz (S. 6).

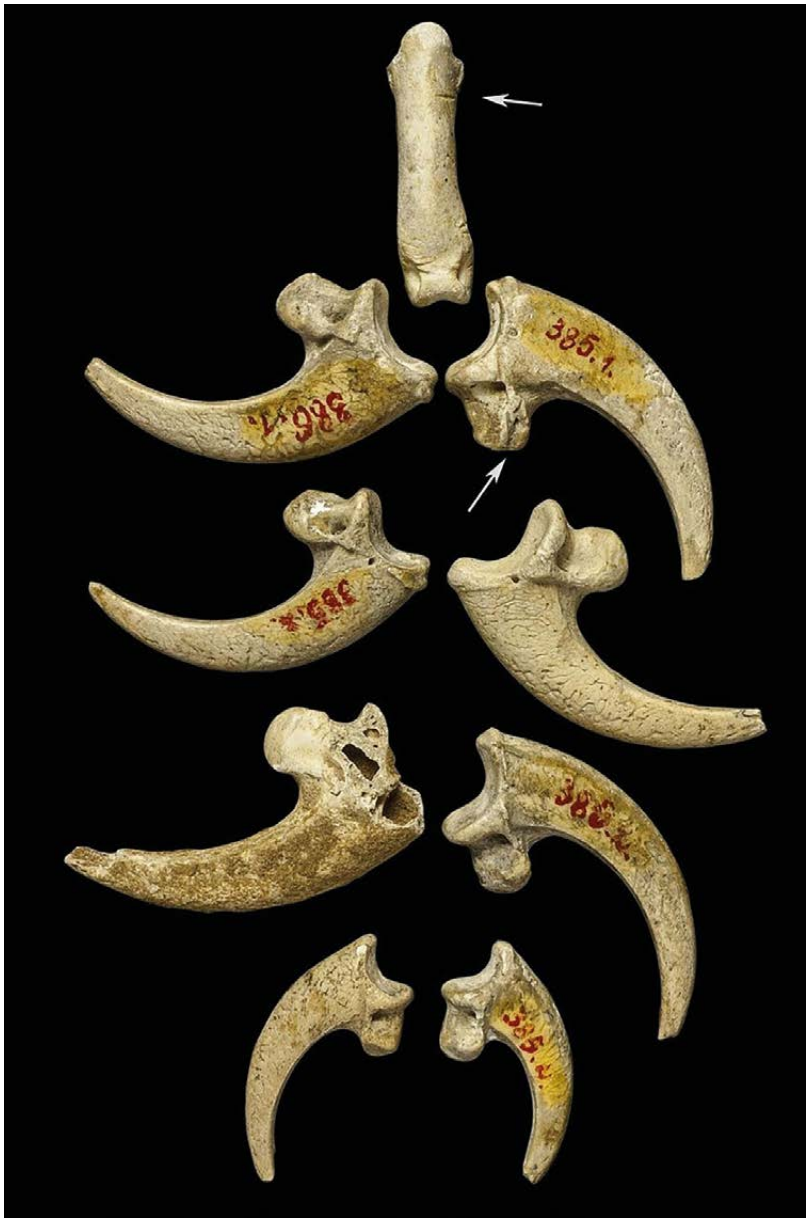


Abb. 7 Diese Adlerkrallen waren wohl von Neandertalern in Krapina (Kroatien) als Kette verwendet worden. (Wikimedia: Luka Mjeda, Zagreb, nach: Radovcic et al. 2015, CC BY 4.0)

Aber wieso starben die Neandertaler dann aus? Condemi & Savatier (2020, 204–238) diskutieren verschiedene Theorien. Schlussendlich sehen sie in einer kulturellen Konservativität und der geringen Bevölkerungsanzahl wesentliche Ursachen, auch wenn wohl eher die Konkurrenz mit *Homo sapiens* als die direkte gewaltsame Konfrontation zum Problem geworden ist (S. 206f+212). Schließlich finden sich nur bei einer Heidelberger-Frau (Sima de los Huesos) und zwei Neandertalern (Shanidar 3 und St. Césaire 1) Hinweise auf einen Mord bzw. Gewalteinwirkung (S. 219f).[5] Vielfältige

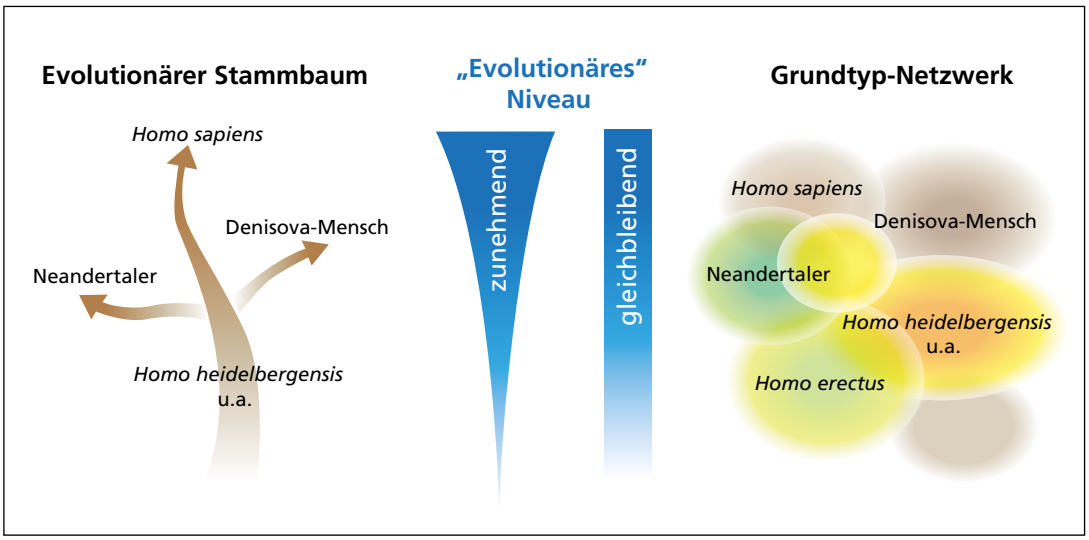


Abb. 8 Verwandtschaftsverhältnisse des Menschen nach dem phylogenetischen Modell (links) und dem Grundtypmodell. (Aus Brandt 2018)

kulturelle Techniken sowie eine große Anzahl an Individuen der modernen Menschen könnten die Neandertaler-Kulturen in Bedrängnis gebracht haben. Die Autoren verweisen auf die gewaltigen Umwälzungen beim Kontakt heutiger traditioneller Gesellschaften mit der „westlichen Kultur“. Dies betrifft zum Beispiel die Inuit, deren ausgeklügelte traditionelle Techniken aber mitnichten als primitiv zu betrachten sind (S. 215f+227f). Ähnlich argumentieren auch Villa und Roebroeks (2014, 6f): Da Neandertaler modernen Menschen technologisch und kognitiv nicht unterlegen waren, könnte Kreuzung und Assimilation für das Verschwinden der typischen Neandertaler verantwortlich sein. Dies würde bedeuten, dass Neandertaler schlichtweg in der einwandernden und eventuell zahlenmäßig überlegenen Population des *Homo sapiens* aufgegangen sind. So war es auch bei der neolithischen (jungsteinzeitlichen) Revolution vor ca. 9.500 rJ, bei welcher Bauern aus dem Nahen Osten die ansässigen Jäger- und Sammlergesellschaften langfristig assimilierten (ebd.). Es gab also wahrscheinlich ein komplexes Zusammenspiel aus kulturellen und potenziell auch ökologischen Gründen, die zum Verschwinden der Neandertaler geführt haben.

Aber gab es auch biologische Ursachen für das Aussterben? Konkrete Hinweise auf eine Dezimierung der Neandertaler durch Krankheiten der Neuankömmlinge gibt es nicht (Condemi & Savatier 2020, 217–221). Allerdings gab es kleinere biologische Unterschiede zwischen Neandertaler und *Homo sapiens* (z. B. größeres Gehirnvolumen, evtl. teilweise geringere Hirndurchblutung; S. 224–226). Ihre Auswirkungen auf die Intelligenz bleiben aber spekulativ: „Die angeblichen kognitiven Unterschiede zwischen *H. sapiens* und Neandertaler sind nicht bewiesen und ihre etwaigen Auswirkungen nicht erkennbar“ (S. 236f, vgl. 225–228).

Oder waren Neandertaler-Männer vielleicht weniger geeignet zur Zeugung von Nachkommen, zum Beispiel weil sie eine zu kurze Kindheit hatten? Zahnschmelz-Analysen bei Neandertalerkindern – wie auch bei *Homo erectus* – sprechen hingegen für eine frühe, aber dennoch typisch menschliche Entwicklung, selbst wenn Neandertaler mit 11,5 bzw. 12,5 Jahren in die Pubertät gekommen sind (vgl. Frayer & Radovčić 2022a; Scholl 2023b, 9f; Sawyer & Deak 2008, 160).

Die Idee der verminderten Zeugungsfähigkeit männlicher Neandertaler findet sich schon bei Mendez et al. (2016, 728), die herausfanden, dass es das Neandertaler-Y-Chromosom von El Sidrón (Spanien, unkalibriert 49.000 rJ) so nicht bei heutigen Menschen gibt. Sie spekulierten daher über reduzierte Fruchtbarkeit oder Lebensfähigkeit von Neandertaler-Mensch-Hybriden (S. 728+732). Petr et al. (2020) hatten Y-Chromosomen von drei späten Neandertalern (vor ca. 39.000–45.000 rJ) und zwei Denisova-Männern mit modernen Menschen verglichen. Aus ihren Ergebnissen leiteten sie allerdings ab, dass die Y-Chromosomen der modernen Menschen diejenigen der späten Neandertaler komplett verdrängt hätten – vermeintlich durch ein Einkreuzungsergebnis vor 100.000–370.000 rJ. Während das Y-Chromosom nur über die Väter vererbt wird, gilt dies für die mitochondriale DNA (mtDNA) für die mütterliche Linie. So besaß auch ein Neandertaler-Oberschenkelknochen aus Hohlenstein-Stadel vor ca. 100.000 rJ eine mtDNA, die der des frühen Menschen sehr ähnelte – mehr als anderen Neandertalern, Denisova-Menschen oder den Heidelberger Menschen aus Sima de los Huesos (Gibbons 2017). Manche Wissenschaftler vermuten, dies könnte das Erbe einer Vermischung mit modernen Menschen vor mehr als 220.000 rJ im Nahen Osten sein. Vielleicht ersetzte somit das Erbgut moderner Menschen Teile des Neandertaler-Erbgutes, das aufgrund der klei-

nen Populationen zur Akkumulation nachteiliger Mutationen neigte – insbesondere bei den Geschlechtschromosomen (Gibbons 2020)? Doch alternativ könnte die mtDNA auch von einem noch älteren gemeinsamen Vorfahren von Neandertaler und modernem Menschen geerbt worden sein (ebd.).

Auf jeden Fall ist weitere Forschung vonnöten, um die äußerst komplexe genetische Vermischungsgeschichte der verschiedenen Menschenformen weiter zu erhellen. Schließlich genügen solche Spekulationen nicht, um Neandertalern ihre vollwertige Menschlichkeit abzuerkennen (vgl. Binder & Borger 2022; Scholl 2022; 2023a).

Fazit

Frayer & Radovčić (2022a) schlussfolgern: „In Anbetracht der offensichtlichen kognitiven Ähnlichkeiten zwischen Neandertalern und frühen modernen Menschen sollte es uns vielleicht nicht überraschen, dass die beiden Gruppen einander als Menschen ansahen und Gene austauschten, wenn sie einander begegneten." Vielfältige morphologische und auch genetische Hinweise auf eine Vermischung von Mensch und Neandertaler finden sich bei Brandt (2020, 216–230) und Scholl (2023a), die zeigen, dass auch heutige Menschen einen gewissen Anteil an Neandertaler-Genvarianten in sich tragen.

Es ist daher kein Wunder, wenn immer mehr Beweise „die Wissenschaftler dazu zwingen, ihre Vorstellung von diesen lange [Zeit] vernachlässigten Mitgliedern der menschlichen Familie zu überdenken" (Frayer & Radovčić 2022a). So schlussfolgern auch Villa und Roebroeks (2014, 7): „Wir haben keine Daten gefunden, die die angebliche technologische, soziale und kognitive Unterlegenheit der Neandertaler im Vergleich zu ihren […] Zeitgenossen [dem *Homo sapiens*] belegen". Und bei Frayer & Radovčić (2022b, 78) heißt es zusammenfassend, „dass Neandertaler kognitiv ebenso fortgeschritten waren wie anatomisch moderne Menschen, ein ästhetisches Empfinden besaßen und Dinge mit einer symbolischen Bedeutung belegten. […] Die Neandertaler dürften wohl ebenfalls über die Fähigkeit zu sprechen verfügt haben." Sie waren zwar „nicht exakt so wie wir. Aber wir haben sehr viel mit ihnen gemeinsam" (S. 83).

Diese Ergebnisse lassen sich – trotz aller offenen Fragen – sehr gut mit dem Grundtypmodell der Schöpfungslehre erklären: Gott erschuf den Grundtyp Mensch mit einer anfänglich breit angelegten genetischen und morphologischen Vielfalt, der sich mit der Zeit hinsichtlich Genetik, aber auch Kultur unterschiedlich an verschiedenste Lebensräume anpasste. Aber alle Menschenformen blieben immer „Menschen wie wir" und konnten miteinander Kinder bekommen – egal ob Neandertaler oder *Homo erectus*.

Anmerkungen

1 Im Februar 2023 wurde die systematische Jagd auf bis zu 13 Tonnen schwere Waldelefanten durch Neandertaler vor ca. 125.000 rJ belegt – alleine das standardisierte Fleischablösen dauerte mit 25 Leuten wohl 3–5 Tage (Starkovich 2023).

2 Vgl. Staatliches Archäologiemuseum Sachsen, https://www.smac.sachsen.de/dauerausstellung-highlights.html, aufgerufen am 11.01.2023.

3 Brandt (2020) weist darauf hin, dass die Menge an Steinwerkzeugen und Fossilien sowie Demographie-Modelle für eine Dauer der Altsteinzeit von wenigen Tausend statt Millionen Jahren sprechen.

4 „Somit sind das Tempo der Veränderungen und die Entwicklungsmuster des europäischen Oberpleistozäns [des Neandertalers], welches regionale Differenzierung, kulturelle Traditionen und technologische Veränderungen im Laufe der Zeit zeigen, mit dem vergleichbar, was aus Afrika [von *Homo sapiens*] bekannt ist."

5 Sala et al. (2015, 7, Tabl. S1) ergänzen zusätzlich zu diesen drei Neandertalern noch drei andere Menschen als Gewaltopfer aus dem Pleistozän. Damit haben maximal 1,5 % von über 300 bekannten Neandertaler-Individuen (Henke & Rothe 1999, 244) gewaltbedingte Traumata. Fibiger et al. (2023, v. a. Fig. 4) trugen über 180 Fälle von gewaltbedingten Verletzungen des *Homo sapiens* in Nordwest-Europa in der Jungsteinzeit zusammen – inklusive kollektiver Massaker an Männern, Frauen und Kindern. Üblicherweise sind bei mindestens 10 % der Skelette einer Gemeinschaft Traumata nachweisbar (S. 2). Aus der Mittelsteinzeit sind übrigens 77 Individuen mit Gewalteinwirkungen feststellbar, also grob 4 % – auch wenn die Zahlen methodisch nicht gut vergleichbar sind (S. 2).

Literatur (Auswahl)

Adam KD (1951) Der Waldelefant von Lehringen – eine Jagdbeute des diluvialen Menschen. Quartär *5*, 79–92.

Bailey SE & Hublin JJ (2006) Dental remains from the Grotte du Renne at Arcy-sur-Cure (Yonne). J. Hum. Evol. *50*, 485–508.

Barras C (2021) Ursprung der Zahlen. Die Rechenkünste der Neandertaler. *spektrum.de*, vom 20.10.2021, https://www.spektrum.de/news/ursprung-der-zahlen-konnten-schon-neandertaler-rechnen/1883230.

Bednarik RG (2002) An Acheulian palaeoartmanuport from Morocco. Rock Art Res. *19*, 137–139.

Beyene Y et al. (2013) The characteristics and chronology of the earliest Acheulean at Konso, Ethiopia. PNAS *110*, 1584–1591.

Binder H & Borger P (2022) Nobelpreis für Forschungen über das Erbgut aus menschlichen Fossilien. https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n306.php

Boëda E et al. (2008) New evidence for significant use of bitumen in Middle Palaeolithic technical systems at Umm el Tlel (Syria) around 70,000 BP. Paéorient. *34*, 67–83.

Brandt M (2016a) Frühmenschen mit modern-menschlichen Fähigkeiten. Paradigmenwechsel in der Ursprungsforschung des Menschen. Stud. Integr. J. *23*, 68–74.

Brandt M (2016b) Urmensch *Homo erectus* konnte doch sprechen. Stud. Integr. J. *23*, 97–100.

Brandt M (2018) Merkmalsnetz statt Stammbaum. Neues Vernetzungsmodell in der Paläanthropologie ähnelt Verwandtschaftsverhältnissen im Grundtyp Mensch. Stud. Integr. J. *25*, 51–55.

Brandt M (2019) Vergessene Archäologie. Steinwerkzeuge fast so alt wie Dinosaurier. 2. erw. Aufl. Holzgerlingen.

Brandt M (2020) Wie alt ist die Menschheit? 6. erw. Aufl. Holzgerlingen.

Brandt M (2022) *Homo erectus* mit modern menschlichem Hörvermögen. Stud. Integr. J. *29*, 113f.

Condemi S & Savatier F (2020) Der Neandertaler, unser Bruder. German Edition. Kindle-Version. München.

D'Errico F et al. (2018) From number sense to number symbols. An archaeological perspective. Phil. Trans. R. Soc. B *373*, 20160518.

De Lazaro E (2021) 51,000-Year-Old Engraved Bone is Neanderthal Artwork, Researchers Say. *Sci News* vom 07.07.2021, http://www.sci-news.com/archaeology/einhornhohle-engraved-giant-deer-phalanx-09836.html.

Degano I et al. (2019) Hafting of Middle Paleolithic tools in Latium (central Italy): New data from Fossellone and Sant'Agostino caves. PLoS One *14*, e0213473.

Fibiger L et al. (2023) Conflict, violence, and warfare among early farmers in Northwestern Europe. PNAS *20*, e2209481119.

Frayer DW & Radovčić D (2022a) Rockshelter Discoveries Show Neandertals Were a Lot like Us. *Scientific American*, vom 01.02.2022, https://www.scientificamerican.com/article/rockshelter-discoveries-show-neandertals-were-a-lot-like-us/.

Frayer DW & Radovčić D (2022b) Neandertaler. Menschen wie wir. Spektrum der Wissenschaft 11.22, 78–83, spektrum.de/artikel/2057463.

Gibbons A (2017) Neandertals and modern humans started mating early. *Science News* vom 04.07.2017, doi: 10.1126/science.aan7057.

Gibbons A (2020) *Homo sapiens'* Y chromosome spread through Neanderthal populations after early mating. *Science News* vom 20.10.2020, doi: 10.1126/science.abe9570.

Henke W & Rothe H (1999) Stammesgeschichte des Menschen. Eine Einführung. Berlin, Heidelberg.

Higham T et al. (2010) Chronology of the Grotte du Renne (France) and implications for the context of ornaments and human remains within the Châtelperronian. PNAS *107*, 20234–20239.

Hoffmann DL et al. (2018a) Symbolic use of marine shells and mineral pigments by Iberian Neandertals 115,000 years ago. Sci. Adv. *4*, eaar5255.

Hoffmann DL et al. (2018b) U-Th dating of carbonate crusts reveals Neandertal origin of Iberian cave art. Science *359*, 912–915.

Jaubert J et al. (2016) Early Neanderthal constructions deep in Bruniquel Cave in southwestern France. Nature *534*, 111–114.

Joordens JTC et al. (2015) *Homo erectus* at Trinil on Java used shells for tool production and engraving. Nature *518*, 228–231.

Leder D, Hermann R, Russo G & Terberger T (2021) A 51,000-year-old engraved bone reveals Neanderthals' capacity for symbolic behaviour. Nat. Ecol. Evol. *5*, 1273–1282.

Lisiecki LE & Raymo ME (2005) A Pliocene-Pleistocene stack of 57 globally distributed benthic δ18O records. Paleoceanography *20*, doi:10.1029/2004PA001071.

Majkic A et al. (2017) A decorated raven bone from the Zaskalnaya VI (Kolosovskaya) Neanderthal site, Crimea. PLoS ONE *12*, e0173435.

Mazza PPA et al. (2006) A new Palaeolithic discovery: tar-hafted stone tools in a European Mid-Pleistocene bone-bearing bed. J. Archaeol. Sci. *33*, 1310–1318.

Mendez FL et al. (2016) The Divergence of Neandertal and Modern Human Y Chromosomes. Am. J. Hum. Genet. *98*, 728–734.

Milks A, Parker D, Pope M (2019) External ballistics of pleistocene hand-thrown spears: experimental performance data and implications for human evolution. Sci. Rep. *9*, 820, https://doi.org/10.1038/s41598-018-37904-w.

Niekus MJLT et al. (2019) Middle Paleolithic complex technology and a Neandertal tar-backed tool from the Dutch North Sea. PNAS *116*, 22081–22087.

Pawlik A & Thissen JP (2011) Hafted armatures and multi-component tool design at the Micoquian site of Inden-Altdorf, Germany. J. Archaeol. Sci. *38*, 1699–1708.

Petr M et al. (2020) The evolutionary history of Neanderthal and Denisovan Y chromosomes. Science *369*, 1653–1656.

Radovčić D, Sršen AO, Radovčić J & Frayer DW (2015) Evidence for Neandertal Jewelry: Modified White-Tailed Eagle Claws at Krapina. PLoS ONE *10*, e0119802, doi:10.1371/journal.pone.0119802.

Roebroeks W et al. (2021) Landscape modification by Last Interglacial Neanderthals. Sci. Adv. *7*, 51.

Sala N et al. (2015) Lethal Interpersonal Violence in the Middle Pleistocene. PLoS ONE *10*, e0126589, https://doi.org/10.1371/journal.pone.0126589.

Sawyer GJ & Deak V (2008) Der lange Weg zum Menschen. Lebensbilder aus 7 Millionen Jahren Evolution. Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg.

Schmidt P et al. (2019) Birch tar production does not prove Neanderthal behavioral complexity. PNAS *116*, 17707–17711.

Scholl B (2022) Schlaue schwäbische Neandertaler. Die Funde aus der Schwäbischen Alb belegen die Intelligenz des Neandertalers. Stud. Integr. J. *29*, 37–40.

Scholl B (2023a) Banyoles-Unterkiefer: Kein Neandertaler und doch nicht der älteste moderne Mensch in Europa? *Genesisnet.info News*, https://www.genesis-net.info/schoepfung_evolution/n314.

Scholl B (2023b) Hatte *Homo erectus* eine verkürzte Kindheit ähnlich derjenigen der Menschenaffen? W+W Special Paper B-22-3, https://www.wort-und-wissen.org/artikel/homo-erectus-individualentwicklung/.

Starkovich BM (2023) Perception versus reality: Implications of elephant hunting by Neanderthals. Sci. Adv. *9*, doi: 10.1126/sciadv.adg6072.

Universität Tübingen (2020) 300,000-year-old throwing stick documents the evolution of hunting. Homo heidelbergensis used wooden weapons to hunt water-birds and horses. Pressemitteilung vom 20.04.2020, https://uni-tuebingen.de/en/university/news-and-publications/newsfullview-news/article/300000-year-old-throwing-stick-documents-the-evolution-of-hunting/.

Venditti F et al. (2022) Using microartifacts to infer Middle Pleistocene lifeways at Schöningen, Germany. Sci. Rep. *12*, 21148, https://doi.org/10.1038/s41598-022-24769-3.

Villa P & Roebroeks W (2014) Neandertal Demise: An Archaeological Analysis of the Modern Human Superiority Complex. PLoS ONE *9*, e96424, doi:10.1371/journal.pone.0096424.

Wilkins J et al. (2012) Evidence for early hafted hunting technology. Science *338*, 942–946.

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

2. Hybriden und die Geschichte der Silberschwerter

Anhand der Pflanzen der Silberschwert-Gruppe auf den Hawaii-Inseln lässt sich gut nachvollziehen, wie sich neue Arten bilden. Die Befunde lassen sich viel besser als Mendel'sche Artbildung im Sinne des Grundtypen-Konzepts statt als neodarwinistische Evolution deuten.

Nigel Crompton

Introbild Silberschwert-Pflanze in der Mitte des Haleakala-Kraters auf der Insel Maui, Hawaii. (Jürgen Wallstabe, AdobeStock)

Im ersten Teil (Stud. Integr. J. *29*, 80–89) wurde die vielgestaltige Silberschwert-Gruppe aus der Familie der Korbblütler (Asteraceae) vorgestellt. Diese Pflanzen kommen auf den Hawaii-Inseln vor. Es handelt sich um etwa 33 Arten, die sich auf die drei Gattungen *Dubautia* (vgl. Abb. 6), *Wilkesia* (vgl. Abb. 10) und *Argyroxiphium* (vgl. Abb. 5) verteilen. Ihren Namen verdankt diese Pflanzengruppe den schwertförmigen Blättern der *Argyroxiphium*-Arten. Es wurden Daten zusammengetragen, die darauf hindeuten, dass die Vielfalt innerhalb der Silberschwerter auf präexistente Variation zurückgeht, die durch Mendel'sche Artbildung* zur Ausprägung gekommen ist. In diesem zweiten Teil 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.

Kompakt

Die Silberschwert-Gruppe auf dem Hawaii-Archipel umfasst 33 Arten, zu denen Bäume, Lianen, Sträucher, Polsterpflanzen und Rosettenpflanzen gehören. Trotz dieser enormen phänotypischen* Vielfalt ist innerhalb dieser Gruppe eine Fülle von Hybriden* bekannt. Die Silberschwert-Gruppe gehört daher zu einem Grundtyp, zu dem auch noch viele Arten der kalifornischen „Tarweeds"* zu rechnen sind. Die Radiation* der Gruppe erfolgte vermutlich ausgehend von Samen zweier kalifornischer Tarweed-Arten, die mutmaßlich vom pazifischen Goldregenpfeifer nach Hawaii transportiert wurden. Die daraus hervorgegangenen Pflanzen hybridisierten und in den Nachkommen wurden genetische Programme aktiviert, durch die die verschiedenen Wuchsformen hervorgebracht wurden.

Eine Reihe von Befunden spricht dafür, dass die Artaufspaltung innerhalb der Silberschwert-Gruppe gemäß der Mendel'schen Artbildung* erfolgte, die auf präexistenten genetischen Programmen beruht – und nicht neodarwinistisch durch Ansammeln vorteilhafter Mutationen. Hinweise für Mendel'sche Artbildung sind: die Ähnlichkeit von Hybriden mit dritten Arten, die gute Unterscheidbarkeit von Arten (die auf neuartige Kombinationen von präexistenten genetischen Programmen zurückgeführt werden kann), teils große morphologische und ökologische Divergenz (Unterschiedlichkeit) trotz geringer genetischer Divergenz und Artbildung auf kleinen Arealen.

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

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Hybridisierung in der Silberschwert-Gruppe

Evolutionstheoretisch wird üblicherweise angenommen, dass neue biologische Arten dadurch entstehen, dass sich in geographisch getrennten Populationen einer Art schrittweise verschiedene vorteilhafte Mutationen anhäufen und so eine allmähliche Auseinanderentwicklung erfolgt. Dieser Vorgang verläuft eigentlich über große Zeiträume, weil vorteilhafte Mutationen selten sind und viele Generationen in der Population erforderlich sind, dass sie fixiert werden können. Nach dem auf Gregor Mendel zurückgehenden Konzept speist sich Artbildung hingegen nicht aus Mutationen, sondern aus der Aktivierung alternativer Kombinationen von Merkmalen*. Diese sind im Erbgut in Form von *präexistenten* (schon vorhandenen) *genetischen Programmen* codiert und werden an die Nachkommen weitergegeben, die vielfältiger, aber genetisch spezialisierter werden (Crompton 2019; 2020). Nur wenn diese neuen Arten geographisch, ökologisch oder genetisch isoliert werden, sinkt mit zunehmender Anzahl von Generationen die Wahrscheinlichkeit, dass anfangs noch kreuzbare Arten immer noch hybridisieren. Da die Unterschiede zwischen den Arten anfangs schon angelegt sind und sich nicht neu etablieren müssen, kann der Prozess der Artbildung nach diesem Konzept schnell erfolgen, sogar binnen weniger Generationen.

Unter den Mitgliedern der Silberschwert-Gruppe sind viele Hybriden* bekannt (Abb. 2).

Innerhalb der Madiinae, zu denen neben den Silberschwertern auch die kalifornischen Tarweeds* gehören (vgl. Teil 1), gibt es viele natürliche und künstliche Hybriden. Carr (2003) berichtet von 51 natürlichen interspezifischen und intergenerischen Madiinae-Hybriden – unter ihnen 41 aus der Silberschwert-Gruppe. Dies entspricht durchschnittlich 1,24 Hybriden je Art der Silberschwert-Abkömmlinge (41/33), aber nur 0,11 Hybriden je Tarweed-Vorfahren-Arten (10/89) (Crompton 2021).

Es ist auch aufschlussreich, Unterschiede im Verhältnis von natürlichen Hybriden und Anzahl der Arten (Hybriden/Arten) zwischen den vier von Landis et al. (2018) anerkannten Kladen der Silberschwert-Gruppe zu beachten: Die *Wilkesia*-Gruppe hatte 0,6 Hybriden/Arten (3/5), die *Dubautia* Kaua'i+-Gruppe 2,8 Hybriden/Arten (22/8), die *Dubautia* OMH-Gruppe 4,1 Hybriden/Arten (41/10) und die *Argyroxiphium*-Gruppe 3,2 Hybriden/Arten (16/5). Diese Zahlen offenbaren eine Tendenz: Die Arten älteren Ursprungs (*Wilkesia*, *Dubautia* Kaua'i+) weisen nur halb so viele Hybriden/Arten auf wie die Arten jüngeren Ursprungs (*Dubautia* OMH, *Argyroxiphium*): 1,9 gegenüber 3,8. Dies spiegelt einen allgemeinen Trend wider: Je älter eine Art ist, desto größer ist ihre Fortpflanzungsisolation*. Ein Befund, der sich auch in der etwa zehnfachen Differenz der gemeldeten Hybridisierungsraten zwischen der Silberschwert-Gruppe und ihren kontinentalen Tarweed-Vorfahren widerspiegelt.

Die fünf Arten der Silberschwert-Gruppe, die auf mehr als einer Insel vorkommen, weisen durchschnittlich sogar 5,8 natürliche Hybriden/Arten auf. Dies ist ein hoher Wert, der auf eine Herkunft in jüngerer Zeit hindeutet. Es zeigt sich, dass nicht die Anzahl der Silberschwert-Arten je Insel der entscheidende Faktor für die Anzahl der Hybriden ist, sondern ihr Alter (Crompton 2021). Die Arten werden mit zunehmendem Alter immer mehr reproduktiv isoliert. Hybriden werden mit größerer Wahrscheinlichkeit zwischen Arten jüngeren Ursprungs beobachtet.

Die Arten werden mit zunehmendem Alter immer mehr reproduktiv isoliert.

Diese Beobachtung wirft Licht auf einen der genetischen Mechanismen, die hinter der adaptiven Radiation der Silberschwert-Gruppe stehen. Die Mendel'sche Artbildung beruht einerseits auf der Meiose*, durch die eine Fülle von Phänotypen mit unterschiedlichen Kombinationen von Merkmalsausprägungen hervorgebracht werden kann. Dies kann ein einfaches Beispiel aus Gregor Mendels Erbsenzucht (1866, 9f.) verdeutlichen (Abb. 1): Kreuzt man

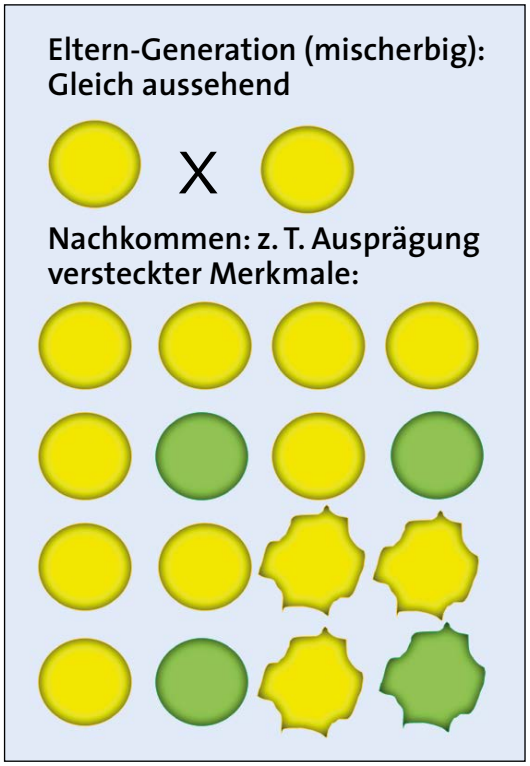


Abb. 1 Kreuzt man hinsichtlich Farbe und Form mischerbige Erbsenpflanzen, bilden sich durch Rekombination verschiedene Kombinationen bei den Nachkommen heraus.

zwei Erbsenpflanzen mit gelben und runden Erbsen, die aber mischerbig (heterozygot) sind, so bilden sich bei den Nachkommen *neue Merkmalskombinationen* heraus: Es gibt zwar weiterhin viele Pflanzen mit gelben und runden Erbsen (die jeweils dominanten Merkmale), aber auch einige mit gelben und eckigen, einige mit grünen und runden, und sogar wenige mit grünen und eckigen Erbsen. Züchtet man diese vier Gruppen von Erbsenpflanzen reinerbig (homozygot) weiter, erhält man vier Erbsen-*Sorten* – in der Natur würde man dann von *Arten* sprechen, die sich in ihrer Merkmalskombination reinerbig unterscheiden. (Dies ist ein stark vereinfachtes Beispiel. Normalerweise unterscheiden sich die Arten durch mehr als nur ein Merkmal.)

Andererseits erfolgt Mendel'sche Artbildung durch Fortpflanzungsisolation, wodurch diese Phänotypen fixiert (reinerbig) werden und somit das erneute Vermischen neu entstandener Arten verhindert wird. Wenn die Mendel'sche Artbildung der Mechanismus hinter der adaptiven Radiation ist, dann ist zu erwarten, dass alte, basale Arten weniger Hybridisierung zeigen, rezente Kronenarten* dagegen mehr. Und genau das wird beobachtet.

Hybriden und der Ursprung der Arten

Hybriden weisen auf eine taxonomische* Verwandtschaft hin und sind deutliche Belege für gemeinsame Abstammung. Liefern sie Hinweise darauf, dass mehrere vorteilhafte Mutationen oder präexistente genetische Programme die Grundlage für diese exzessive adaptive Radiation sind? Abb. 2 zeigt ein Kreuzungs-Polygon von 28 Mitgliedsarten der Silberschwert-Gruppe. Es bestätigt, dass alle Arten der drei hawaiianischen Silberschwert-Gattungen innerhalb der Gruppe trotz ihrer großen phänotypischen* Divergenz genetisch sehr eng miteinander verwandt sind und zum selben Grundtyp* gehören. Carr (2003b) beschreibt sogar neun Drei-Arten-Hybriden.

Die drei Gattungen der Silberschwert-Gruppe sind auch in der Lage, mit acht Tarweed-Gattungen zu hybridisieren (Carr 2003b). Sechs weitere Tarweed-Gattungen sind ebenfalls durch Hybridisierung verbunden, jedoch nicht mit der Silberschwert-Gruppe. Es ist vernünftig anzunehmen, dass mindestens die gesamte Untertribus Madieae zu einer einzigen genetischen Familie gehören könnte.

Die wohl bekannteste Hybride aus der Silberschwert-Gruppe findet sich im Haleakala-Nationalpark, Ost-Maui (Abb. 4). Die Kreuzung zwischen *Argyroxiphium sandwicense macrocephalum* (das „Wahrzeichen" der Silberschwerter, siehe Abb. 5) und *Dubautia menziesii* (siehe Abb. 6) ist deshalb so außergewöhnlich, weil die Eltern morphologisch so unterschiedlich sind. Dennoch gibt es bei beiden Arten häufig natürliche Hybriden; sie sind in den hochalpinen, öden, erodierten Lavaböden auf dem Haleakala-Gipfel endemisch*. Überraschenderweise un-

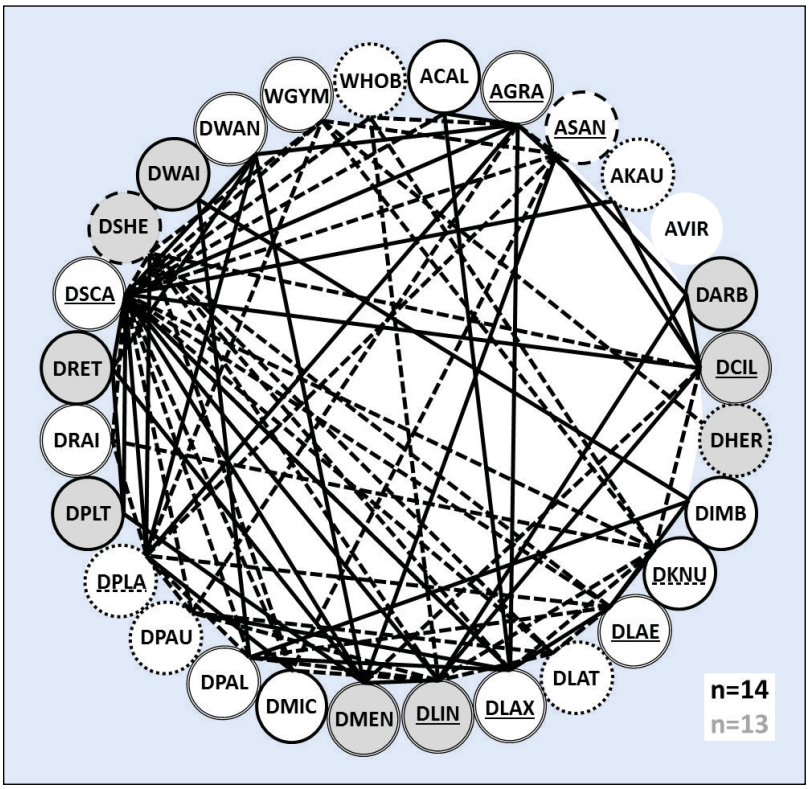


Abb. 2 Kreuzungs-Polygon von 28 Arten der Silberschwert-Gruppe (Abkürzungen siehe Online-Zusatzmaterial). Durchgezogene Linien zeigen natürlich vorkommende Hybriden an, gestrichelte Linien künstliche Hybriden. Weiße Kreise stehen für Arten mit 14 Chromosomen, schattierte für Arten mit 13 Chromosomen. Unterstrichene Arten haben zwei Unterarten, gestrichelt unterstrichene Arten haben drei Unterarten. Die Häufigkeit wird durch die Darstellung der Kreisperipherie angezeigt: durchgezogene Linie: selten; gestrichelte Linie: gefährdet; gepunktete Linie: sehr gefährdet; fehlende Linie: ausgestorben; Doppellinien: Arten, die nicht als bedroht gemeldet werden. (Nach Friar & Robichaux 2003 und Wagner et al. 1999)

Abb. 3 Schwarm natürlicher interspezifischer Hybriden bei *Dubautia*-Arten an einem Standort in der Waipahoehoe-Schlucht, Kohala-Halbinsel, Hawaii (Big Island), an dem die beiden betroffenen Arten vorkommen. Ein Trieb von *D. arborea* ist in der linken Ecke zu sehen, ein Trieb von *D. ciliolata* in der rechten Ecke. Triebe, die für jedes der 12 rekombinierten Individuen repräsentativ sind, überbrücken die morphologische Lücke zwischen den Elternarten. Nummeriert man die Triebe von links nach rechts mit 1–14, so ist Trieb 5 bemerkenswert ähnlich wie eine dritte Art namens *D. menziesii*. (Abbildung von Gerald D. Carr, mit freundlicher Genehmigung)

Abb. 4 Hybride aus *Argyroxiphium sandwicense* (Abb. 5) und *Dubautia menziesii* (Abb. 6). Die Hybride wird speziell gezüchtet und den Besuchern in der Besucherstation des Hauptsitzes des Parks (auf ca. 2.100 Metern Höhe, Haleakala-Nationalpark, Maui) gezeigt. (Foto: Nigel Crompton)

Abb. 5 Das Silberschwert oder Ahinahina *(Argyroxiphium sandwicense)* in der Nähe des Besucherzentrums des Haleakala-Gipfels (Höhe: ca. 3.000 Meter) auf Maui. (Foto: Nigel Crompton)

terscheiden sich auch die Karyotypen (Chromosomensätze) der Elternarten. *A. sandwicense* hat 14 Chromosomen, *D. menziesii* jedoch nur 13. Trotzdem sind die Hybriden teilweise fruchtbar (ca. 5% Samenansatz) und Rückkreuzungen bilden nicht selten einen Hybridschwarm.

Manche Silberschwert-Arten ähneln bemerkenswerterweise Hybriden aus zwei anderen Arten. So ist die vorherrschende Morphologie der Hybriden aus *D. arborea* und *D. ciliata* im Wesentlichen identisch mit *D. menziesii*, die nur auf Maui zu finden ist (siehe Abb. 6). Die Hybriden sind voll fruchtbar und produzieren ein Spektrum oder einen „Schwarm" von Hybriden (siehe Abb. 3). Die Ähnlichkeit von Hybriden mit dritten Arten spricht dafür, dass Arten durch gemeinsame Nutzung, Rekombination und Fixierung bereits existierender Allele* entstehen. Dies wiederum weist auf präexistente Variation hin und liefert eine starke Bestätigung dafür, dass die Mendel'sche Artbildung ein plausibler Mechanismus für adaptive Radiationen* ist und dass sie für die zahlreichen phänotypisch unterschiedlichen Arten in der Phylogenie der Silberschwert-Gruppe verantwortlich ist. Es ist unwahrscheinlich, dass mehrere vorteilhafte Mutationen eine Hybrid-ähnliche Art hervorbringen.

Abb. 6 *Dubautia menziesii* in der Besucherstation des Hauptsitzes des Parks (auf ca. 2.100 Meter Höhe), Haleakala-Nationalpark, Maui. (Foto: Nigel Crompton)

Wie die Silberschwert-Gruppe begann

Als die ersten Tarweeds die Hawaii-Inseln besiedelten und es zur adaptiven Radiation kam, führte eine Kaskade genetischer Ereignisse zu einer bemerkenswerten Folge von Artbildungsereignissen. Studien zur molekularen Phylogenie haben dazu beigetragen, diese faszinierende Geschichte von Insel zu Insel zurückzuverfolgen. Es handelt sich um ein eindrucksvolles und

lehrreiches Beispiel für Artbildung und die dahinter stehenden Mechanismen. Bemerkenswert ist die Feststellung, dass sich Mutationsereignisse während der Radiation der Silberschwert-Gruppe als unbedeutend für die Artbildung erweisen. Mutationsereignisse scheinen die genetischen Mechanismen nur zu begleiten, die für die Artbildung verantwortlich sind, aber nicht ursächlich zu sein. Dennoch sind Mutationsereignisse und Chromosomenaberrationen (Abweichungen der Chromosomenanzahl) nützlich als Marker, anhand derer Abfolgen wichtiger Ereignisse erschlossen werden können. So kann man erschließen, dass die Erstbesiedlung der Hawaii-Inseln wahrscheinlich durch ein Tarweed-Paar erfolgte, dessen klebrige Achänen (Früchte) auf Vogelfedern transportiert wurden (Baldwin et al. 1991). Der Überträger könnte sehr gut der Pazifische Goldregenpfeifer *(Pluvialis fulva)* gewesen sein (Abb. 7), der ausgedehnte Züge zwischen dem hawaiianischen Archipel und Alaska durchführt. Dieser bescheidene Anfang führte zur Silberschwert-Radiation. Das heutige Fehlen von Tarweed-Kräutern auf Hawaii lässt vermuten, dass sie von den heimischen Arten mit der Zeit verdrängt wurden.

Karyotypstudien hinsichtlich Anzahl und Bau der Chromosomen zeigen, dass zu Beginn der Radiation der Neuankömmlinge mit ziemlicher Sicherheit *Tetraploidie* (Verdopplung des Chromosomensatzes) beteiligt war, insbesondere *Allopolyploidie*, was auf die Verschmelzung zweier Arten zurückzuführen ist. Denn die Mitglieder der Silberschwert-Gruppe weisen im Vergleich zu den Tarweed-Kräutern die doppelte Anzahl von Chromosomen auf. Diese Hypothese wurde durch Proteinstudien von Witter (1988) bestätigt, durch die er eine polyploide Genexpression der Silberschwert-Gruppe bei Isoenzymen* von vier Genen zeigen konnte. Dadurch gelang es auch, die Ursprungsart mithilfe homöotischer* *ASAP*-Gene einzugrenzen. Das sind Gene, die bei der Entwicklung der Blütenorgane eine wichtige Rolle spielen. Demnach entstand die ursprüngliche allopolyploide Hybride wahrscheinlich durch Hybridisierung von *Anisocarpus scabridus* (mit 7 Chromosomen) und *Carlquistia muirii* (mit 8 Chromosomen) oder zweier ähnlicher Arten. Die ursprüngliche allopolyploide Hybride besaß somit wahrscheinlich 15 (7 + 8) Chromosomen. Somit muss sich ein Dysploidie*-Ereignis im Zusammenhang mit der Hybride oder ihren frühen Nachkommen ereignet haben, sodass die Anzahl der Chromosomen von 15 auf 14 reduziert wurde, die alle heutigen Arten aufweisen außer einigen Arten der Dubautia-OMH-Klade mit nur 13 Chromosomen (Crompton 2021). Dieser Chromosomverlust könnte die Aufhebung der Blockierung (bzw. die Aktivierung) des „Holzmoduls" verursacht haben. Alle Arten in der Silberschwert-Gruppe zeigen Verholzung – anders als die Tarweeds. Barrier et al. (1999) kommen zum Schluss, dass die Rekombination bereits existierender Gene und nicht die Mutation duplizierter Gene den Beginn und die anschließende Radiation der Silberschwert-Gruppe ermöglichte.

Die Rekombination bereits existierender Gene und nicht die Mutation duplizierter Gene ermöglichte den Beginn und die anschließende Radiation der Silberschwert-Gruppe.

Die Allopolyploidie hat aufgrund der Vereinigung mehrerer Chromosomensätze das Potenzial, signifikante phänotypische Neuheiten zu erzeugen, da zuvor verlorengegangene Heterozygotie (Mischerbigkeit) wiederhergestellt werden kann. Allopolyploidie bringt allerdings auch die Gefahr zusätzlich latenter (versteckter) Mutationen mit sich, was unvorteilhaft ist, weil ihre Expression (Übersetzung in Proteine) in Hybridnachkommen die Ausprägung schädlicher Phänotypen fördert.

Abb. 7 Der pazifische Goldregenpfeifer (*Pluvialis fulva*) in seinem Wintergefieder (links) (Honolulu, O'ahu). Der pazifische Goldregenpfeifer brütet im Sommer in Alaska, ausgestattet mit seinem auffälligen Brutgefieder (rechts). Er überwintert jedoch auf Inseln im gesamten Pazifik und wandert u. a. entlang der nordamerikanischen Pazifikküste, wo er das Potenzial hat, zufällig Tarweeds-Achänen zu sammeln. (Foto links: Nigel Crompton; rechts: © Alnus, CC BY-SA 3.0)

Abb. 8 *Dubautia scabra* am Kilauea-Iki-Kraterweg, Kilauea, Big Island. Verschiedene Pflanzenarten fungieren als Pioniere, die auf frischer Lava wachsen. (Foto: Nigel Crompton)

Die Radiation der Silberschwert-Gruppe

Aufgrund des Fehlens von Fossilien kann die Geschichte der Silberschwert-Gruppe nur indirekt erforscht werden. Sequenzierungsstudien von rDNA* ermöglichten auf indirektem Wege die Rekonstruktion einer wahrscheinlichen Phylogenie für die Silberschwert-Gruppe (Baldwin & Robichaux 1995; Baldwin & Sanderson 1998, Abb. 9). Acht Untergruppen wurden erkannt und mit einer Entfaltung der adaptiven Radiation entlang der vier großen Inselgruppen in Verbindung gebracht. Die meisten Arten in der Silberschwert-Gruppe beschränken sich geographisch auf einzelne Inseln und viele Arten auf bestimmte Orte auf diesen Inseln. Da die Standorte somit oft nur kleine Gebiete sind, bieten sie nur wenige Möglichkeiten für die Ansammlung von vielfachen, seltenen, vorteilhaften mutierten Formen sowie für die anschließende Selektion von vorteilhaften Merkmalen. Dies spricht gegen Mutationen als Entstehungsmechanismus. Präexistente genetische Programme benötigen dagegen keine größeren Areale. Sie liefern eine schlüssige Erklärung für das Auftreten lebenstüchtiger neuer Merkmalsausprägungen, Merkmale und Arten selbst in Situationen mit begrenztem geographischem Gebiet.

Die Radiation der Silberschwerter ist durch umfangreiche Hybridisierung gekennzeichnet und daher eher netzartig als baumförmig.

Die Radiation der Silberschwerter ist durch umfangreiche Hybridisierung und somit durch Genaustausch zwischen unterschiedlich alten Linien gekennzeichnet. Sie ist daher eher netzartig als baumförmig, weshalb man bei der Auswertung der rDNA-Sequenzen Vorsicht walten lassen muss. Unter Berücksichtigung dieses Vorbehalts bietet die rDNA-Phylogenie auf der Grundlage von Baldwin & Sanderson (1998) und Landis et al. (2018) dennoch einen ausgezeichneten Rahmen, mit dem eine Abfolge von Artbildungsereignissen postuliert werden kann. Die auf dieser Basis erstellte Phylogenie stimmt weitgehend mit den Karyotypstudien überein.

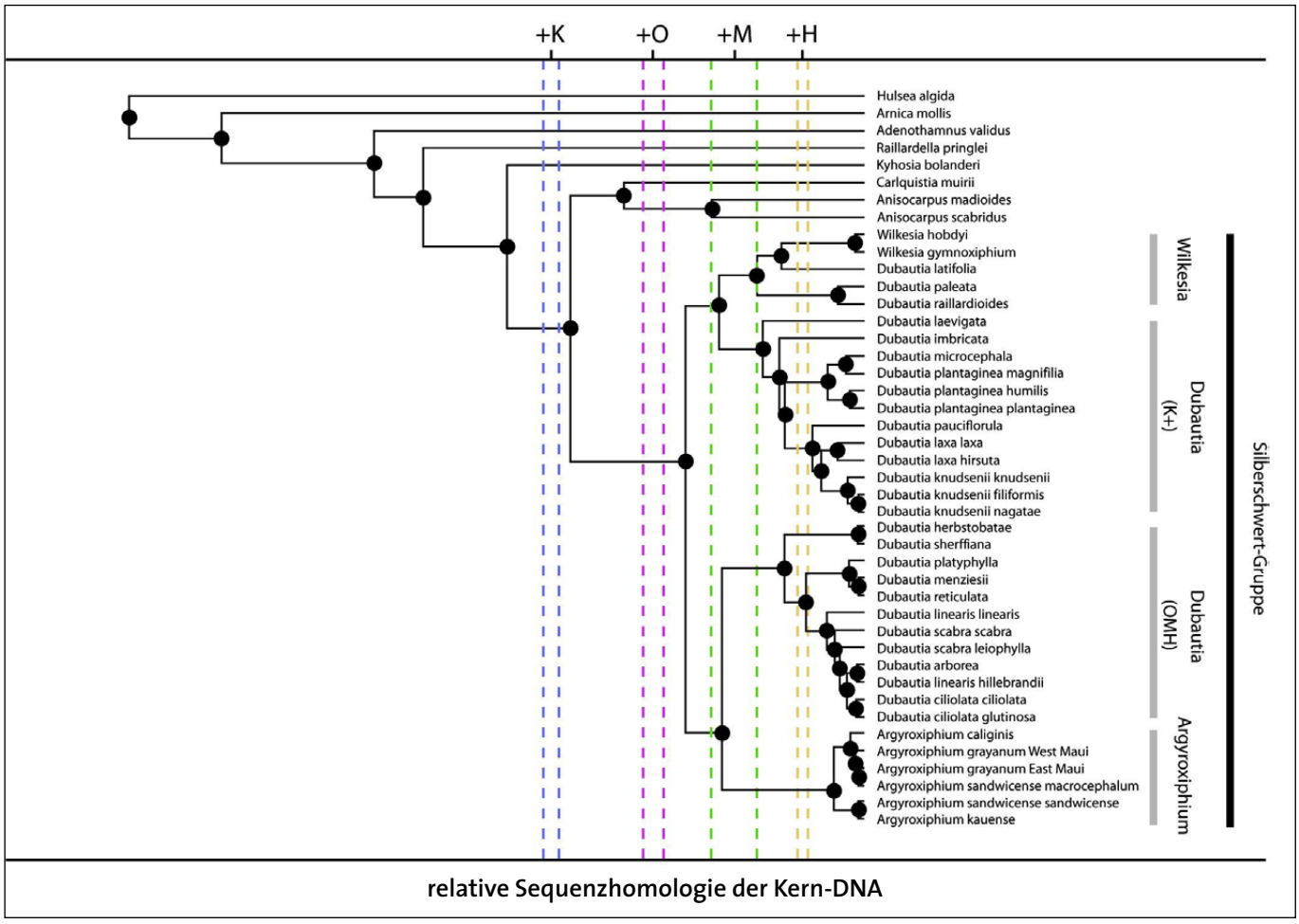


Abb. 9 Phylogenie der Silberschwert-Gruppe auf der Basis von rDNA-Sequenz-Daten. (+K = Kauai, +O = Oahu, +M = Maui, +H = Hawaii/ Big Island). Für weitere Details siehe Text.

Diese weisen vier Untergruppen (Kladen) aus, zwei, die mehr „basal“ (Klade Wilkesia und Klade Dubautia K+) und zwei, die mehr „apikal“ (an der Spitze; Klade Dubautia OMH und Klade Argyroxiphium) sind. Sie spiegeln den Fortschritt der Radiation von den ältesten zu den jüngsten Inseln wider.

Bemerkenswert ist der Befund, dass es kaum möglich ist, den Kladen spezielle gemeinsame Merkmale zuzuordnen. Ihre gemeinsamen Merkmale erscheinen willkürlich verteilt, was – entsprechend Mendel'scher Artbildung – auf eine signifikante Heterozygotie (Mischerbigkeit) zu Beginn der Radiation hindeutet.

Allgemeine Aspekte der Radiation der Silberschwert-Gruppe

Die umfangreiche Phylogenie über die Evolution der Silberschwert-Gruppe gibt wenige Hinweise darauf, dass die Arten auf den verschiedenen Inseln allmählich zu anderen Arten mutiert sind. Alle Arten sind gut abgrenzbar und recht unterschiedlich. Auf der Basis einer *trans*-Evolution (also dem neodarwinistischen Standard) ist zu erwarten, dass neuartige Merkmale und Arten allmählich durch zahlreiche Mutationen in Erscheinung kommen. Da Mutationen jedoch typischerweise nachteilig sind, würden wir vernünftigerweise erwarten, dass dies vor allem zu Arten mit beeinträchtigten oder benachteiligten Phänotypen führt. Tatsächlich wird jedoch beobachtet, dass jede Insel vitale, gut unterscheidbare Arten mit einzigartigen Kombinationen von Merkmalsausprägungen beherbergt. Diese Beobachtung widerspricht dem wichtigen Grundsatz der Evolution durch Mutation, der besagt, dass „sie nie einen Sprung machen kann, sondern mit den kürzesten und langsamsten Schritten vorankommen muss“ (Darwin 1859). Beobachtet wird jedoch das, was für die *cis*-Evolution auf der Grundlage der Mendel'schen Artbildung vorhergesagt wird. Es traten abrupt neuartige Kombinationen von präexistenten genetischen Programmen auf, die zu zahlreichen unterschiedlichen und lebensfähigen Arten geführt haben (Crompton 2019).

Bemerkenswert sind weiterhin molekulare Studien zur Chloroplasten-DNA und Mikrosatelliten-DNA in den vier Unterarten von *Dubautia laxa*. Studien von McGlaughlin & Friar (2011) zeigen, dass der Grad der genetischen Divergenz (Unterschiedlichkeit) zwischen den Schwestertaxa (nächstverwandten Arten) gering ist, obwohl die morphologische und ökologische Divergenz groß ist. Dies ist nicht zu erwarten, wenn die Divergenz durch eine allmähliche Anhäufung von zahlreichen nützlichen Mutationen bedingt ist, aber es ist eine natürliche Folge der Mendel'schen Artbildung. Sequenzdaten aus mehreren Untersuchungen verschiedener Gene weisen eine Fülle von Konflikten zwischen verschiedenen Sequenzbäumen auf. Auch dies wäre nicht zu erwarten, wenn die Divergenz aus der allmählichen Anhäufung mehrerer vorteilhafter Mutationen resultiert. Vielmehr ergibt sich dieser Befund aus einem freien Austausch gemeinsamer Allele, wie er bei der Mendel'schen Artbildung auftritt.

Abb. 10 Die Iliau, *Wilkesia gymnoxiphium*. Diese Pflanze ist an den roten Hängen des Waimea Canyon, Kaua'i sehr auffällig. Die Pflanzen sind nicht in Blüte und blühen und fruchten typischerweise nur einmal in ihrem Lebenszyklus. (Foto: Nigel Crompton)

Wie bereits erwähnt, brachte wahrscheinlich der pazifische Goldregenpfeifer Achänen von *Anisocarpus scabridus* und *Carlquistia muirii* (oder von nahen Verwandten) nach Hawaii mit. Die beiden Arten bildeten Hybriden mit einem bedeutenden phänotypischen* Potenzial in Form von latenten genetischen Programmen. Bei einer frühen Hybride wurde vermutlich ein latentes genetisches Programm für die Ausbildung von Holz in den oberirdischen Teilen aktiviert. Dieser Vorgang war möglicherweise mit dem Verlust eines Chromosoms verbunden (Carlquist 2003; s. o., Dysploidie). Dies führte zur Entstehung von Pflanzen, die im Aussehen *D. laxa* ähneln. Es wird vermutet, dass sich diese frühen Ereignisse auf Kaua'i, der ältesten Insel des Hawaii-Archipels, abgespielt haben (Landis et al. 2018).

Bei einer frühen Hybride wurde vermutlich ein latentes genetisches Programm für die Ausbildung von Holz in den oberirdischen Teilen aktiviert.

Auffallend ist die geringe Anzahl von Ausbreitungsereignissen zwischen den Inseln, die in der Silberschwert-Gruppe rekonstruiert wurden. Die Ausbreitung von Insel zu Insel ging mit der Besiedlung und Radiation von Arten auf den Hawaii-Inseln einher. Dennoch kommen nur fünf Arten auf mehr als einer Insel vor. Die geringe Zahl an Ausbreitungsereignissen von Insel zu Insel spricht dafür, dass die Inseln relativ jung sind. Es wäre sonst zu erwarten, dass es während Jahrmillionen eine Fülle von Ausbreitungsereignissen zwischen den Inseln gegeben hätte.

Silberschwert-Gruppe und Schöpfung

Wenn nach dem biblischen Verständnis der biologischen Vielfalt die Pflanzen und Tiere nach ihren Arten (hebr. mîn) geschaffen wurden, dann kann dies so verstanden werden, dass sie in taxonomischen Gruppen wie den Grundtypen, d. h. genetischen Familien, geschaffen wurden. Diese werden wahrscheinlich eine Fülle von Individuen mit großer genetischer Vielfalt umfasst haben, die kreuzbar waren. Einige erschaffene Arten werden sich zu großen Familien entwickelt haben, deren Mitglieder durch Bildung von Hybriden netzartig miteinander verbunden waren (und z. T. noch sind). Die Hybridisierung wäre normal gewesen, bis Mechanismen der Fortpflanzungsisolation die Kreuzungen zwischen den Arten einschränkten und zur Bildung getrennter Gruppen und Arten innerhalb dieser Familien führten. Die natürliche Auslese hätte die Arten begünstigt, die wir aus der Fossilüberlieferung kennen oder die heute noch existieren. Das durch den biblischen Schöpfungsbericht motivierte Grundtypen-Modell passt gut zur adaptiven Radiation der Silberschwert-Gruppe. Es gibt starke Indizien dafür, dass ihre adaptive Radiation innerhalb der genetischen Familien nach den Mendel'schen Prinzipien und durch sein allzu oft missachtetes Gesetz der exponentiellen Kombination von Merkmalsausprägungen* vollständig verstanden werden kann (Mendel 1866; Crompton 2019; 2020).

Schlussfolgerungen

Die Silberschwert-Gruppe ist eine bemerkenswerte adaptive Radiation von 33 Arten von Korbblütlern (Asteraceae) auf dem hawaiianischen Archipel. Die große Anzahl von Hybriden innerhalb der Silberschwert-Gruppe und auch Hybriden mit verschiedenen Tarweeds zeigen, dass sie zu einem einzigen Grundtyp bzw. zu einer genetischen Familie gehört. Die Gruppe bietet eine reizvolle und natürliche Möglichkeit, verschiedene Modelle der Artbildung innerhalb einer Familie zu vergleichen. Hierbei stehen sich hauptsächlich zwei Modelle gegenüber: das *neodarwinistische Modell* der Artbildung, bei dem neue Merkmalsausprägungen und neue Merkmale durch Genduplikation bzw. Polyploidisierung* und das Auftreten mehrerer vorteilhafter Mutation entstehen und sich dadurch neue Arten und neue genetische Familien bilden, und das *Mendel'sche Modell* der Artbildung, bei dem präexistente genetische Programme aktiviert werden. Dadurch entstehen neue Merkmalskombinationen und somit neue Arten innerhalb genetischer Familien. Es hat sich gezeigt, dass komplexe Merkmale bei minimaler nachteiliger Funktionalität immer noch gut angepasst sind und dass der Verlust von Funktionsmerkmalen hauptsächlich aus Mutationen resultierte. Nicht Genduplikation, wohl aber Polyploidisierung (Chromosomensatz-Vervielfachung) fördert die Artbildung, wenn sie zusätzliche präexistente genetische Programme mit sich bringt. Die vielfältigen Arten der Silberschwert-Gruppe waren von Anfang an trotz des abrupten Auftretens der verschiedenen Merkmalsausprägungen vital und voll funktionsfähig. Die älteren Arten weisen eine größere Heterozygotie (Mischerbigkeit) auf, die jüngeren eine geringere. Darüber hinaus nahm die Fähigkeit zur Hybridisierung mit dem Alter der Art ab. Alle diese Beobachtungen favorisieren das Mendel'sche Modell gegenüber dem neodarwinistischen Modell.

Die Silberschwert-Gruppe bietet somit überwältigende Unterstützung für die Mendel'sche Artbildung als genetischen Mechanismus hinter ihrer adaptiven Radiation und ist typisch für adaptive Radiation im Allgemeinen. Mutationen spielen dabei prinzipiell eine geringfügige und vor allem schädliche Rolle (vgl. Crompton 2019).

Die in der Silberschwert-Gruppe beobachtete adaptive Radiation hat nach der Ankunft und der erfolgreichen Hybridisierung der ersten Pionierarten eine gewisse Zeit benötigt, bis die vielen heutigen, über die verschiedenen Inseln verteilten Arten entstanden sind. Landis et al. (2018) bearbeiten die Frage nach der dafür notwendigen Anzahl von Pflanzengenerationen mit modernen statistischen Methoden und mit einem Modell, das auf der üblichen Datierung mittels des konstanten radioaktiven Zerfalls beruht. Sie schätzen, dass sich die heutigen Kronenarten* mit einer Rate von etwa einer Art je Million (radiometrische) Jahre diversifiziert haben. Diese Schätzung basiert auf dem Auftreten mehrerer vorteilhafter Mutationen und auf weiteren zusätzlichen Annahmen. Ein auf Mutationen basierendes Modell erfordert eine große Anzahl seltener zufälliger Ereignisse, um neuartige Merkmale und Arten hervorzubringen. Diese sind extrem unwahrscheinlich und erfordern daher riesige Zeiträume.

Die umfangreichen zur Verfügung stehenden Daten deuten jedoch darauf hin, dass sich die Phylogenie der Silberschwert-Gruppe am besten durch ein anderes Modell erklären lässt: nicht durch mehrere vorteilhafte Mutationen, sondern durch *präexistente genetische Programme*. Die Mendel'sche Artbildung, die auf dem Verlust der Heterozygotie und dem Auftreten von Fortpflanzungsisolation beruht, führte demnach zu dieser adaptiven Radiation der Silberschwert-Gruppe, die heute auf den hawaiianischen Inseln beobachtet wird. Dieser wirkungsvolle Mechanismus der Artbildung ist demnach gleichzeitig bei verschiedenen Tochterlinien aufgetreten. Das Mendel'sche (1866) Gesetz der exponentiellen Merkmalskombinationen* besagt, dass dieser Artbildungsmechanismus in weniger als zehn Generationen zu einer umfangreichen Artenvielfalt führen kann. Allerdings müssen die alternativen Allele in den resultierenden Arten anschließend fixiert werden, was eine Fortpflanzungsisolation erfordert, was nach Laborstudien und Computermodellen bis zu zehn weitere Generationen erfordert (Crompton 2019). Die durchschnittliche Generationszeit dieser Pflanzen beträgt etwa fünf Jahre, sodass zwanzig Generationen etwa 100 Jahre ausmachen.

Darüber hinaus ist die große Anzahl von Hybriden, die innerhalb der Silberschwert-Gruppe beobachtet werden, ein starkes Argument für eine jüngere Radiation. Wären die Inseln Millionen Jahre alt, würden die dort existierenden Arten Hunderttausende, ja sogar Millionen von Generationen hinter sich gebracht haben, und eine Hybridisierung zwischen derart alten, voneinander abweichenden Arten würde mit jeder Generation immer unwahrscheinlicher. Dennoch bilden die Arten alle leicht Hybriden. Dies unterstützt die Interpretation, dass die Radiation der Silberschwert-Gruppe und damit auch die Inseln relativ jung sind. Für die adaptive Radiation der Silberschwert-Gruppe werden keine Millionen von Jahren benötigt. Sie brauchte höchstens Jahrhunderte. Die reizvolle, wenn auch leider allzu zerbrechliche biologische Vielfalt auf Hawaii ist ganz klar mit einem jungen Alter des Archipels vereinbar.

Glossar

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

Allel: Zustandsform eines bestimmten Gens. Bei → Heterozygotie liegen zwei verschiedene Allele eines Gens vor.

Dysploidie: Chromosomverlust nach Polyploidisierung.

endemisch: in einem begrenzten Gebiet vorkommend.

Fortpflanzungsisolation: Trennung von Populationen und Unterdrückung eines Genaustauschs.

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

Grundtyp: Ein Grundtyp umfasst alle biologischen Arten, die direkt oder indirekt miteinander kreuzbar sind, wobei der Mischling nicht fruchtbar sein muss.

heterozygot: mischerbig; zwei Allele desselben Gens eines Individuums sind verschieden.

homöotisch: „gleichmachend"; Gene, deren Mutationen zur teilweisen oder vollständigen Umwandlung von Strukturen führen.

Hybride: Mischling.

Isoenzyme: Proteine verschiedener Aminosäuresequenz, aber mit gleicher Funktion.

Kronenart: Eine am oberen Ende des Stammbaums stehende (d. h. jüngste) Art.

Meiose: Reifeteilung, Bildung der Geschlechtszellen.

Mendel'sche Artbildung: Artbildung, die einerseits auf → Meiose beruht, durch die eine Fülle von Phänotypen mit unterschiedlichen Kombinationen von Merkmalsausprägungen hervorgebracht werden kann, und andererseits durch Fortpflanzungsisolation erfolgt, wodurch diese Phänotypen fixiert werden. Die Vielfalt der Phänotypen beruht nach diesem Konzept auf präexistenter Variation wie z. B. Mischerbigkeit, Epistasis (Form der Genunterdrückung) oder springenden Genen (transponierbare Elemente).

Merkmal: Bestimmtes Kennzeichen des Phänotyps, entspricht einem Gen (oder mehreren). Beispiel: Das Merkmal „Blütenfarbe" (nicht: die tatsächlich ausgeprägte Farbe selbst).

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

phänotypisch: äußere Erscheinungsform (Morphologie, Anatomie, Physiologie) betreffend.

Polyploidie: Vervielfachung (meist Verdopplung) des gesamten Erbguts.

Radiation: → adaptive Radiation.

rDNA: ribosomale DNA.

Tarweeds: Arten der Madiinae, die auf dem amerikanischen Festland vorkommen. Madiinae auf Hawaii gehören zur Silberschwert-Gruppe.

taxonomisch: die Klassifikation bzw. Ordnung der Lebewesen betreffend.

Tribus: taxonomische Kategorie zwischen Gattung und Familie.

Literatur

Baldwin BG, Kyhos DW, Dvorako J & Carr GD (1991) Chloroplast DNA evidence for a North American origin of the Hawaiian Silversword Alliance (Asteraceae). Proc. Natl. Acad. Sci. USA *88*, 1840–1843.

Baldwin BG & Robichaux RH (1995) Historical biogeography and ecology of the Hawaiian Silversword Alliance (Asteraceae). New molecular phylogenetic perspectives. In: Wagner WL & Funk VA (eds) Hawaiian biogeography: evolution on a hot spot archipelago. Smithsonian Institution Press, Washington, D.C., pp 259–287.

Baldwin BG & Sanderson MJ (1998) Age and rate of diversification of the Hawaiian Silversword Alliance (Compositae). Proc. Natl. Acad. Sci. USA *95*, 9402–9406.

Barrier M, Baldwin BG, Robichaux RH & Purugganan MD (1999) Interspecific hybrid ancestry of a plant adaptive radiation: allopolyploidy of the Hawaiian Silversword Alliance (Asteraceae) inferred from floral homeotic gene duplications. Mol. Biol. Evol. *16*, 1105–1113.

Carlquist S (2003) Wood anatomy of Madiianae 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.

Carr GD (2003b) Hybridization in 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 79–104.

Crompton N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. Internetartikel, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-3_mendel.pdf.

Crompton N (2020) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 2. Latente Information und präexistente genetische Programme. Stud. Integr. J. *27*, 12–19.

Crompton N (2021) Die Radiation der Silberschwert-Gruppe (Familie Asteraceae) von Hawaii und die Rolle der Polyploidie. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-21-3_silberschwert.pdf.

Darwin C (1859) On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life. John Murray, London.

Friar EA & Robichaux RH (2003) Conservation Genetics of the Silversword Alliance. 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 183–192.

Landis MJ, Freyman WA & Baldwin BG (2018) Retracing the Hawaiian Silversword radiation despite phylogenetic, biogeographic, and paleogeographic uncertainly. bioRxiv preprint vom 17.04.2018; doi: http://dx.doi.org/10.1101/301887.

McGlaughlin ME & Friar EA (2011) Evolutionary diversification and geographical isolation in *Dubautia laxa* (Asteraceae), a widespread member of the Hawaiian Silversword Alliance. Ann. Bot. *107*, 357–370.

Mendel JG (1866) Versuche ueber Pflanzenhybriden. Verh. Naturforsch. Vereins Bruenn *4*, 3–47.

Wagner WL, Bruegmann MM, Herbst DM & Lau QC (1999) Hawaiian vascular plants at risk. Occasional Papers of the Bishop Museum. *60*, 1–58.

Witter MS (1988) Duplicate expression of biochemical gene markers in the Hawaiian Silversword Alliance (Madiinae: Compositae). Biochem. Syst. Ecol. *16*, 381–392.

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

Über den Entwurf des Lebens: Mobile genetische Elemente

Genetische Quellen der Anpassungsfähigkeit

Die DNA aller Organismen enthält eine große Anzahl genetischer Elemente, die heute als transponierbare und transponierte Elemente (TEs) bezeichnet werden. Einst als egoistische DNA interpretiert, stellen diese Elemente nach einer wachsenden Anzahl von Studien wichtige strukturelle und regulatorische Elemente des Genoms dar. Barbara McClintocks 80 Jahre alte Vorstellung von Transposons als „Kontrollelementen" des Genoms hat sich zweifelsfrei bestätigt.

Peter Borger

Introbild Dunkle und helle Varianten des Birkenspanners *(Biston betularia)*. Die Unterschiede werden durch ein springendes Gen verursacht. (ireddingo1, AdobeStock)

Variation und ihre Ursachen

Die Vielzahl von Varianten innerhalb von Arten veranlasste Darwin dazu, seine berühmte Evolutionshypothese aufzustellen. Obschon Darwin vermutete, dass Variation von natürlichen Gesetzen bestimmt würde, schrieb er 1859, dass es akzeptabel sei, Variation als *eine Folge des Zufalls* zu betrachten – ihre Ursache und Ursprung wären demnach unbekannt (Darwin 1859). Im Jahr 1871 schrieb er sogar, dass die „Geburt von Arten, wie auch die von Individuen … Teil derselben Aneinanderreihung von Ereignissen [ist], die leider nicht durch unser Gehirn als die Folge eines blinden Zufallsprozesses akzeptiert werden will" (Darwin 1871). Bis heute werden Variationen bei Lebewesen mehrheitlich als Folge zufälliger Mutationen aufgefasst. Im Folgenden soll jedoch gezeigt werden, dass unsere Intuition auf die richtige Spur führt: Die Erzeugung von neuen Variationen in den Nachkommen von Organismen wird durch Eigenschaften ihres Erbguts ermöglicht, d. h. die Variationen sind im Genom der Eltern angelegt und vererbbar, genauso wie Augen, Ohren, Organe usw.

Die Variation, die Mendel an Erbsen untersuchte, wobei ihm die Entdeckung mehrerer grundlegender Vererbungsgesetze gelang, beruht auf unterschiedlichen Allelen. Eines der sieben Merkmale, die Mendel bei Erbsen beschrieb, nannte er den *I-Locus*. Dies bezog sich auf die Farbe der Samen. In Mendels Jargon stand „I" für Dominanz (gelb); „i" für Rezessivität (grün).

Die Pflanzen mit „I“ hatten gelbe Samen, Pflanzen ohne „I“ grüne. Mehr als 150 Jahre danach wurde entdeckt, wie Mendels Gelb-Grün-System auf molekularer Ebene funktioniert. Die Farbe wird durch das *stay-green-Gen* (abgekürzt: *STG*) bestimmt, das für ein Protein codiert, das an der Wiederaufnahme von grünen Pigmenten während der Alterung beteiligt ist. Das rezessive Merkmal „i“ ist die mutierte Form des *STG*-Gens; eine inaktive Variante, die keine Pigmente wieder aufnehmen kann, sodass die Samen ihre grüne Farbe beibehalten. Mendel beschrieb hier die Auswirkungen von nicht-essentiellen oder redundanten Genen (Borger 2022). Dominanz bedeutet, dass mindestens ein redundantes (oder nicht-essentielles) Gen funktionsfähig ist; Rezessivität bedeutet, dass beide Kopien der redundanten (oder nicht-essentiellen) Gene außer Betrieb sind. In diesem Fall entsteht die Variation durch den Verlust von Information. Bei Buntbarschen (*Cichlidae*) und Silberschwertern (*Argyroxiphium*) können auch noch zusätzliche Mechanismen wirken, die von Evolutionstheoretikern als *standing variation* bezeichnet werden und auf bereits im Genom vorhandener genetischer Information beruhen (Borger 2021, Crompton 2022).

Es sind Eigenschaften des Genoms selbst, die Variation, Anpassung und sogar die Entstehung neuer Arten ermöglichen.

Der als „Lehrbuchbeispiel“ für Evolution bekannte Birkenspanner (*Biston betularia*, s. Introbild) besitzt typischerweise eine hell gesprenkelte Färbung. Vor einigen Jahren fanden Forscher aber heraus, dass die seit etwa 1819 beobachtete dunkle Variante durch einen im Genom vorhandenen genetischen Mechanismus entsteht. Die stärkere Pigmentierung wird durch ein Transposon★ verursacht, wenn es sich im *Carbonaria*-Locus★ einnistet (Van‘t Hof et al. 2016). Ein Transposon ist ein genetisches Element (DNA-Sequenz), das sich im Genom umlagern und auf diese Weise andere genetische Varianten erzeugen kann. In diesem Fall wird die Variation durch einen Mechanismus verursacht, der die genetische Information anders anordnet und reguliert, also Ausprägungen bereits vorhandener Informationen steuert.

Die gebogene Schnauze der Bullterrier ist in nur wenigen Generationen entstanden (Abb. 1), denn Fotos von ca. 1930 zeigen, dass die Schnauzen dieser Hunde damals noch gerade waren. Dieser Sachverhalt wird durch sich wiederholende DNA-Elemente (sog. *tandem-repeats*) erklärt, deren Anzahl sich sehr leicht vermehrt oder verringert (Garner & Fondon 2004). *Tandem-repeats* sind über das gesamte Genom verteilt und befinden sich sowohl außerhalb als auch innerhalb des codierenden Teils eines Gens. Die Studie zeigte, dass die Zahl der vorhandenen *Tandem-repeats* große Auswirkungen auf die Gestalt von Hunden haben kann. Bullterrier aus dem Jahr 1930 hatten ein DNA-Element mehr im *Runx-2*-Gen als ihre heutigen Nachkommen mit gebogenen Schnauzen.

Kompakt

In der biologischen Fachliteratur werden im Zusammenhang mit Anpassung und Artbildung zunehmend die Begriffe „fast“, „superfast“, „rapid“ und „speedy“ verwendet. Dies zeigt, dass Anpassung, aber auch Artbildung, auffällig schnell erfolgen. Das deutet darauf hin, dass programmierte Merkmale von Lebewesen ausgeprägt werden. Zum besseren Verständnis braucht es Klarheit darüber, wie Variation entsteht. Zufallsmutationen alleine sind nicht ausreichend. Die Erforschung und detaillierte Analyse von Tausenden von Genomen ermöglichten eine Vorstellung davon, wie solche superschnellen Prozesse möglich sind. Die DNA aller Organismen enthält eine große Anzahl genetischer Elemente, die heute als transponierbare und transponierte Elemente (TEs) bezeichnet werden. Die einfachsten sind bakterielle IS-Elemente (Insertionssequenzen, DNA-Transposons), die komplexesten sogenannte endogene Retroviren (ERV) und die „long interspersed nuclear elements“ (LINE). Einst als egoistische DNA interpretiert, stellen diese Elemente gemäß einer wachsenden Anzahl von Studien wichtige strukturelle und regulatorische Elemente des Genoms dar. Über Genverdopplungen und -verluste bestimmen sie die Größe und Struktur der Genome* und spielen eine entscheidende Rolle in der Steuerung der Gen-Expression*. Letzteres, weil diese Elemente mit Sequenzen gekoppelt sind, die als Bindungsstellen für Transkriptionsfaktoren fungieren. Das sind DNA-Sequenzen, die die Expression benachbarter Gene regulieren. Zwei Gruppen von Transposons können unterschieden werden: solche, die sich über ein DNA-Zwischenprodukt in einem Cut-Paste-Mechanismus bewegen (DNA-Transposons), und retrotransponierbare Elemente (Retrotransposons), die sich über einen Copy-Paste-Mechanismus bewegen, bei dem ein RNA-Zwischenprodukt beteiligt ist. Barbara McClintocks 80 Jahre alte Vorstellung von Transposons als „Kontrollelementen“ des Genoms hat sich zweifelsfrei bestätigt.

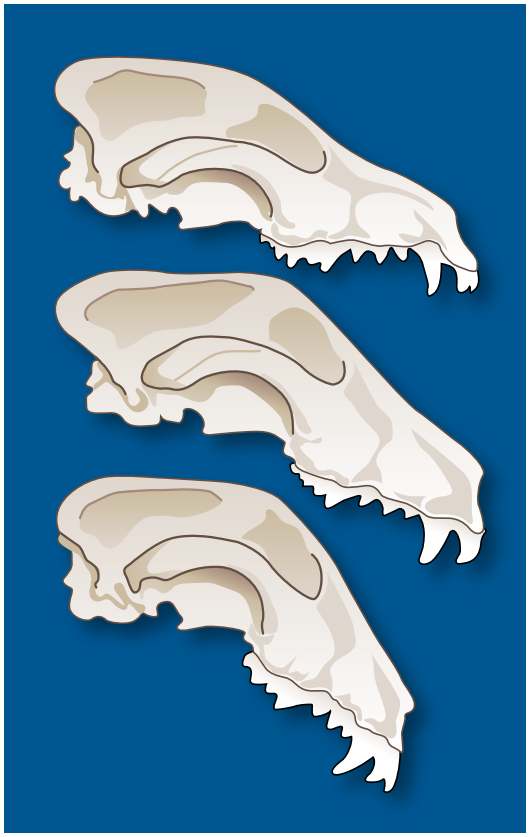


Abb. 1 In nur wenigen Generationen wurde das gerade Gesicht des Bullterriers gebogen. Diese Veränderung der Schädelform wurde von 1930 bis in die 1970er-Jahre durch Züchtung erreicht. In unserem heutigen genetischen Zeitalter wurde entdeckt, dass diese Veränderung mit der Verdopplung eines kleinen genetischen Elements und gleitenden DNA-Polymerasen zusammenhängt (wie im Text erläutert). (Bild: Johannes Weiss nach Garner & Fondon 2004)

Mit einem Stern★ versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

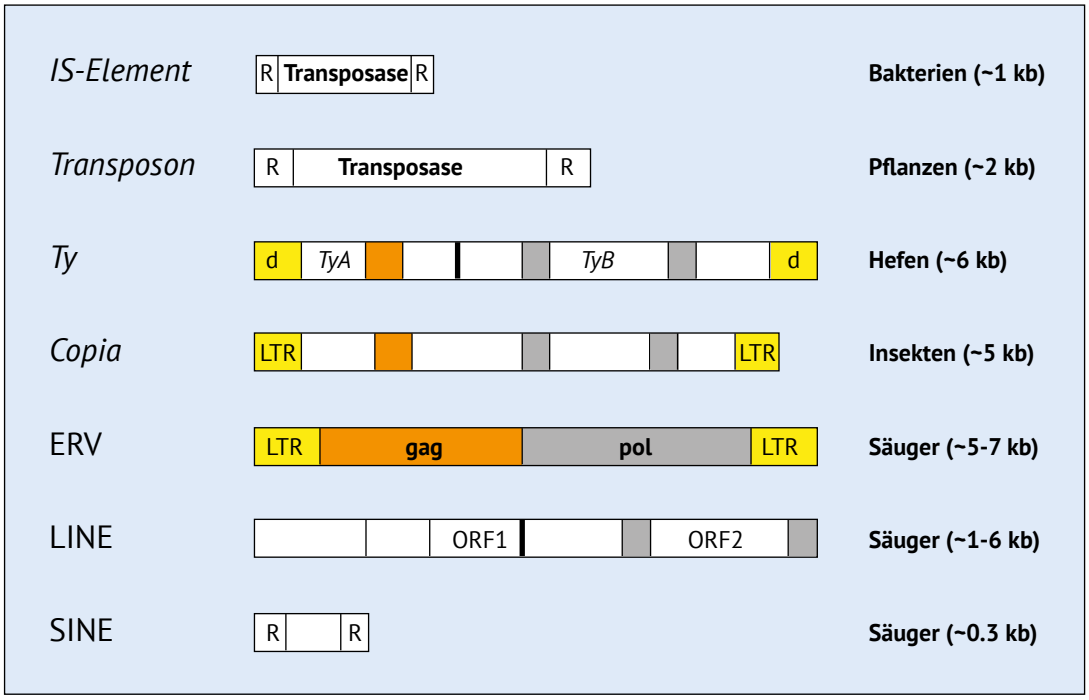


Abb. 2 Unterschiedliche Arten von Variation induzierenden genetischen Elementen (VIGEs) finden sich im ganzen System der Lebewesen, von Bakterien bis zu Säugetieren. In Hefen, Insekten und Säugetieren beobachten wir ähnliche Designs, die jedoch unabhängige Ursprünge haben. Homologe Sequenzen sind durch dieselbe Farbe gekennzeichnet.

Diese und viele andere Beispiele zeigen, dass Anpassungen und Veränderungen sehr schnell erfolgen können, weil keine neuen Gene benötigt werden. Es sind Eigenschaften des Genoms selbst, die Variation, Anpassung und sogar die Entstehung neuer Arten ermöglichen. Wie dies funktioniert, wird erst seit Kurzem verstanden.

TE als Variation-Induzierende Genetische Elemente (VIGE)

Es gibt Mechanismen im Genom, die es den Organismen ermöglichen, sich sehr schnell anzupassen und zu verändern. Die Nobelpreisträgerin (1984) Barbara McClintock war die erste, die darauf hinwies, dass springende genetische Elemente in Mais vorkommen und dort bei Einfügen an eine andere Position in der DNA neue Phänotypen* zur Ausprägung bringen können (McClintock 1950). Sie machte Anspielungen, dass Transposons als genetische Schalter fungieren könnten. Die Genome aller Organismen weisen tatsächlich springende genetische Elemente (Transposons) und andere regulatorische Sequenzen auf (Abb. 2), die lange als Junk-DNA, d. h. als Überbleibsel des evolutionären Prozesses und/oder Invasionen von Viren interpretiert wurden (Orgel & Crick 1980). Um die komplexen Mechanismen zur Erzeugung von Variation durch Transposons zu verstehen, fangen wir mit den Prokaryonten* (Bakterien) an.

In bakteriellen Genomen findet man die sogenannten Insertion-Sequence-(IS)-Elemente, DNA-Transposons, die sich von einer Stelle im Genom zu einer anderen verlagern können. Bakterien besitzen ein Gen, das für das Enzym *Transposase* codiert, welches die Transposition bewirkt. Dies geschieht in erster Linie durch einen „Cut-Paste"-Mechanismus*, der zu Änderungen in der Struktur und dem Zusammenhang des Genoms führt. Das bekannte Langzeit-Evolutionsexperiment mit dem Darmbakterium *Escherichia coli* brachte u. a. den Befund, dass veränderte Phänotypen* hauptsächlich auf die Verdopplung und Transposition (Umlagerung) von IS-Elementen zurückzuführen sind (Papadopoulos et al. 1999). Mittels IS-Elementen wurden Gene ein- und ausgeschaltet, regulatorische Sequenzen neu verschaltet oder an andere Stellen eingefügt, was die beobachtete Variation bewirkte. Die Aktivität der IS-Elemente ermöglicht die Überwindung von Stresssituationen, indem sie kryptische (inaktive) Operons* aktivieren, die es dem Organismus ermöglichen, auf eine andere Nahrungsquelle auszuweichen. IS-Elemente bewirken dies auf eine regulierte Weise, indem sie in hungernden Zellen häufiger transponieren als in wachsenden Zellen. In mindestens einem Fall aktivierten IS-Elemente ein kryptisches Operon nur dann, wenn das Substrat für dieses Operon in der Umgebung vorhanden war (Hall 1999). Offenbar erzeugen IS-Elemente gezielt eine für den Organismus nützliche Variation. Sie stellen einen Mechanismus zur gezielten Erzeugung von Variation dar. IS-Elemente sind *Variation induzierende genetische Elemente* (kurz: VIGE).

In den komplexeren Eukaryonten* sind ebenfalls mehrere Klassen mobiler genetischer Elemente nachgewiesen worden, die als VIGE eingestuft werden können. In der Literatur wer-

den sie heute als *transponierbare und transponierte Elemente* (kurz: TE★) bezeichnet. Es gibt einfache DNA-Transposons, die den IS-Elementen von Bakterien ähneln, jedoch auch komplexere Retrotransposons★ wie die *long interspersed nuclear elements* (LINE★) und die *endogenen Retroviren* (ERV★). Sie verfügen über mehr Gene, die sie für ihren Copy-Paste-Mechanismus der genomischen Transposition benötigen. In den Hefen sind die bekanntesten Transposons die *Ty-Elemente*, in den Insekten sind es die *Copia-, Gypsy-* und *P-Elemente*. Und in den Pflanzen beobachtet man die *Cin-* und *Mu-Elemente*. Tatsache ist, dass alle Genome unzählige Kopien von TE (VIGE) enthalten. Diese Elemente wurden wie die Transposons lange Zeit als Junk-DNA betrachtet.

Alle bekannten eukaryotischen Retroelemente unterscheiden sich stark von ihren prokaryotischen Entsprechungen, was gegen evolutionäre Verwandtschaft spricht.

Der Name „endogenes Retrovirus" rührt von der Vorstellung her, es handle sich um Überbleibsel früherer Invasionen von Viren. Die Sichtweise, es handele sich um egoistische DNA, wurde in letzter Zeit stark in Frage gestellt. Genetiker betrachten TE zunehmend als einen wichtigen funktionalen und regulatorischen Teil des Genoms, und man hat eine positivere, sogar symbiotische Rolle für mobile genetische Elemente vorgeschlagen (Faulkner et al. 2009; Upton et al. 2011). Obwohl ihre Rolle in biologischen Prozessen nahezu unbegrenzt zu sein scheint, dienen sie auch bei Eukaryoten vorwiegend der genetischen Variation. Alle bekannten eukaryotischen Retroelemente unterscheiden sich stark von ihren prokaryotischen Entsprechungen (Wells & Feschotte 2020), was gegen evolutionäre Verwandtschaft spricht.

TE (VIGE) in Menschen

Mehrere Klassen von TE (oder VIGE) machen mehr als ein Drittel des menschlichen Genoms aus. Sie können in zwei verschiedene Gruppen unterteilt werden, die DNA- und die RNA-Transposons (Abb. 3). Am besten untersucht sind die RNA-Transposons: ERV und LINE, zwei völlig unterschiedliche Klassen von Retrotransposons★. Beide Elemente werden über sehr komplexe, aber ähnliche Wege als Transposons wirksam. ERV und LINE werden zunächst wie echte Gene in RNA-Moleküle umgeschrieben. Aber im Unterschied zu Protein-codierenden Genen verwenden sie dazu einen anderen Typ von RNA-Polymerase (Typ II statt I). Die RNA wird dann aus dem Zellkern in das Zytosol★ transportiert, wo sie durch die Wirkung eines Enzyms (Reverse Transkriptase), das sie selbst codiert, in ein doppelsträngiges RNA-DNA-Hybrid umgewandelt wird. Dieses Hybridmolekül gelangt dann zurück in den Zellkern und wird an einer anderen Stelle wieder in das Genom eingefügt. Das Ergebnis dieses Copy-Paste-Mechanismus sind zwei identische Kopien an verschiedenen Stellen im Genom. Wenn dies in den Keimbahnzellen, in Spermien oder Eizellen geschieht, wird es zu einer stabil vererbbaren Variation. Im menschlichen Genom wurden mehr als 300.000 Sequenzen gefunden, die als ERVs klassifiziert werden können, etwa 8 Prozent der gesamten menschlichen DNA. Ungefähr 500.000 LINE machen weitere 17 Prozent aus (Belshaw et al. 2004).

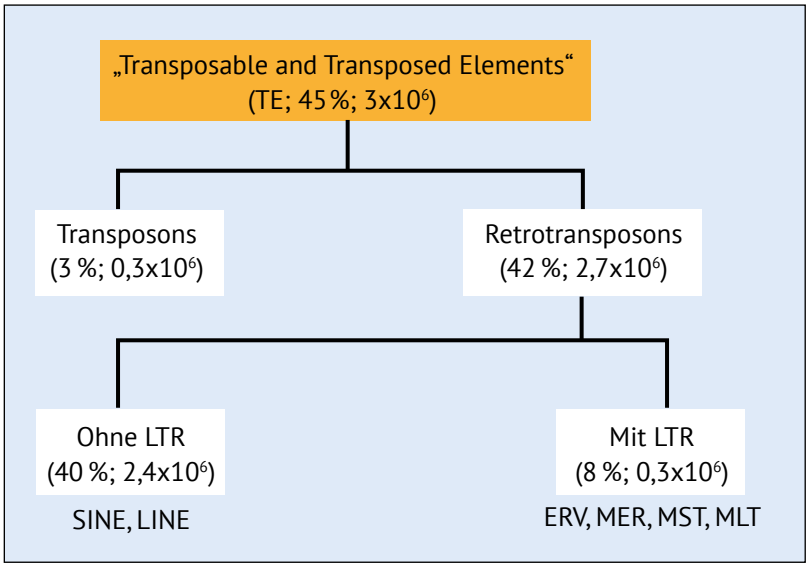


Abb. 3 Klassifizierung von Transposons. Transposons werden in DNA-Transposons (links) und RNA-Transposons (rechts) unterteilt. Die letztere Gruppe wird wiederum nach ihrer genetischen Struktur unterteilt, d. h. danach, ob sie ein Long Terminal Repeat (LTR) besitzen oder nicht. Die verschiedenen Arten von Transposons, die im menschlichen Genom vorkommen, ihre prozentualen Anteile und ihre geschätzte Anzahl sind angegeben.

Short interspersed elements (SINE) bilden eine weitere Klasse von TE (VIGE). SINE sind durch RNA-Polymerase III (Pol III) transkribierte (übersetzte) Retrotransposons, die nicht über eine eigene Reverse Transkriptase verfügen, sondern nur durch die enzymatische Aktivität von LINE mobilisiert werden können. Sie sind in der Regel 85–500 Nukleotide lang. Eine Million SINEs machen weitere 11 Prozent des menschlichen Genoms aus. Die beim Menschen am häufigsten vorkommenden SINE sind die so genannten *Alu-Elemente*, sich wiederholende Einheiten von nur drei Nukleotiden★ (Elbarbary et al. 2016).

Schließlich gibt es noch die oben erwähnten *Tandem-repeats* (TR). Es handelt sich um kurze repetitive (sich wiederholende) Sequenzen, die nicht aktiv transponieren können und in der Regel fester Bestandteil der codierenden Region von Proteinen sind – oft ein DNA-Abschnitt, der für Glycin (GGC), Prolin (CCG) oder Alanin (GCC) codiert. Die TR

Abb. 4 Die Genome der Kreuzblütler (Brassicaceae) bestehen zum größten Teil aus transponierbaren und transponierten Elementen. Deren Aktivität hat in hohem Maße zu den verschiedenen Formen der Kohlsorten beigetragen. (Adobe Stock)

können durch „gleitende DNA-Polymerasen" während der DNA-Replikation leicht verkürzt oder verlängert werden. Das heißt, die DNA-Polymerasen rücken ein Triplett vor oder zurück. Die bereits erwähnte gebogene Schnauze des Bullterriers ist ein Beispiel für Veränderungen, die von TR hervorgerufen werden können.

TE (VIGE) als genetische Kontroll-Elemente (Promotoren, Enhancer)

Im menschlichen Genom ist derzeit nur die mobile Aktivität der LINE-1 (und der damit verbundenen SINE) nachgewiesen. Sie vervielfältigen sich während der Zellteilung und produzieren dann 100–1000 neue Kopien. Dennoch fungieren nachweislich Tausende ERV, LINE und SINE als regulatorische Elemente der Genexpression, da sie reich an Transkriptionsfaktor-Bindungsstellen* sind. Faulkner et al. (2009) haben nachgewiesen, dass sie als alternative Promotoren* und Enhancer* fungieren: 30 Prozent der RNA-Transkripte von Menschen beginnen innerhalb repetitiver Elemente (Faulkner 2009). Enhancer befinden sich auf dem DNA-Strang vor oder nach dem codierenden Teil des Gens, das sie kontrollieren, meistens weit entfernt davon (nicht selten mehrere 100.000 bp* vom Gen entfernt). Durch die räumliche Anordnung der DNA im Chromatin* kommen die Enhancer–Sequenzen der codierenden Sequenz dennoch sehr nahe und bieten die richtigen Bindungsstellen für die bereits erwähnten Transkriptionsfaktoren*, die bei der Aktivierung der Transkription des Gens helfen. Eine revolutionäre Studie, publiziert im Jahr 2016, legt nahe, dass solche Wechselwirkungen zwischen entfernten Regionen bewirken, dass verschiedene Gene zusammen in kooperierenden genetischen Netzwerken exprimiert werden können (Corradin et al. 2016). Möglicherweise werden diese höheren dreidimensionalen genomischen Strukturen, die Falten und Überkreuzungen, von repetitiven DNA-Sequenzen gebildet (Isochoren). Auch die SINE und ERV unterstützen die Expression von Genen und genetischen Netzwerken. Die oben erwähnten Alu-Elemente finden sich in den Introns*, in den Promotoren und im codierenden Teil von Genen. Auf diese Weise beeinflussen SINE die Expression von Genen. Alu-Elemente sind auch häufig die Auslöser von Rekombinationen und Duplikationen (Lönnig & Saedler 2002; Elbarbary et al. 2016). Die Auswirkungen, die TE (VIGE) auf biologische Prozesse (Genexpression, Rekombination des Genoms usw.) haben, werden oft als Variation eingeordnet.

TE (VIGE) und die Epigenetik

TE haben sich auch als ein Schlüssel zum Verständnis der individuellen Entwicklung (Ontogenese) mehrzelliger Organismen erwiesen. Bekanntlich gehen alle Zellen von Mehrzellern aus einer einzigen befruchteten Eizelle (Zygote) hervor und haben daher alle die gleiche genetische Grundausstattung. Dennoch machen nicht alle Zellen von den gleichen genetischen Programmen Gebrauch. Das ist der Grund für die Unterschiede zwischen Leberzellen, Nierenzellen oder Neuronen. Die Gesamtheit der biologischen Prozesse, die die Zugänglichkeit zu den richtigen Programmen im Genom regeln, wird als Epigenetik bezeichnet. TE spielen eine wichtige Rolle in der Epigenetik, indem sie durch ihre Aktivität und Präsenz in der DNA den Zugang zu den richtigen Programmen steuern. Sie tun dies, indem sie durch „Öffnen oder Schließen" des Chromatins* Gene mehr oder weniger für die Transkription zugänglich machen (Eu- und Heterochromatin). Auf diese Weise reguliert LINE-1 die globale Zugänglichkeit von Chromatin im frühen Mausembryo unmittelbar nach der Befruchtung (Jachowicz et al. 2017). Dies ist wichtig, weil die normale epigenetische Kontrolle in den ersten 48 Stunden kaum vorhanden ist. Huda & Jordan (2009) beschreiben verschiedene Funktionen von TE in epigenetischen Kontrollprozessen. Sie zeigen, wie TE-Sequenzen Transkriptions-Startstellen in die richtige Position bringen, um die Transkription nahe gelegener Gene einzuleiten. Als Enhancer können sie epigenetische Modifikationen der Histone* bewirken, wodurch das Chromatin für die Transkriptionsmaschinerie besser zugänglich wird. Tatsächlich verfügen stark und breit exprimierte Gene über mehr SINE, während schwach exprimierte Gene häufig von LINEs umgeben sind. Da-

rüber hinaus fungieren TE als sog. Randelemente (engl: *boundary elements*), also als DNA-Sequenzen, die als Puffer zwischen aktiven und inaktiven Chromatinen fungieren. Man vermutet, dass sie damit die Ausbreitung epigenetischer Signale verhindern und die Chromatine im richtigen Zustand halten (Huda & Jordan 2009). Das Genom ist also nicht voller egoistischer DNA, sondern voller Kontrollelemente, deren Aktivität und Position im Genom den genetischen Output und damit auch Variation bestimmen.

Wie Barbara McClintock herausfand, haben Pflanzen viele aktive TE, die sich stark auf den Phänotyp auswirken. Man denke nur an all die Kohlsorten, die gezüchtet wurden (Abb. 4). Pflanzen sind überhaupt hinsichtlich mobiler genetischer Elemente viel besser untersucht. Es gibt eine klare Verbindung zwischen mobilen genetischen Elementen, der lokalen Chromatin-Umgebung und der epigenetischen Regulation der Genexpression. In Pflanzen führt die neue Eingliederung von mobilen Elementen oft zur Bildung von Heterochromatin, einer verdichteten DNA-Struktur, die die Gene unzugänglich macht (und damit inaktiviert). Zum Beispiel haben einige *Arabidopsis*-Pflanzen (Acker-Schmalwand) ein mobiles Element stromabwärts des *BONSAI*-Gens, was die Ausbreitung der DNA-Methylierung verursacht, wodurch ein Zwerg-Phänotyp induziert wird. Die durch Transposons vermittelte epigenetische Variation wird durch Umweltveränderungen ausgelöst, wodurch Pflanzen sich schnell an verschiedene geografische Regionen anpassen können.

Basierend auf der Präsenz, Position und Art von mobilen Elementen gibt es unterschiedliche Varianten von Sojabohnen und Mais, die zu einer frühen oder späten Blüte führen. Sojabohnen und Mais sind ursprünglich tropische Pflanzen, dennoch gedeihen sie auch als Kulturpflanzen in höheren Breitengraden, wo die Tage länger sind. Die Anpassung der Blüten- und Samenbildung an längere Tage geht ebenfalls auf den Einschub eines Transposons zurück, der eine epigenetische Umprogrammierung verursacht. In Mais reguliert ein Transposon stromaufwärts des *ZmCCT*-Gens die Lichtempfindlichkeit. Der Urform des Mais, der nur in den Tropen gedeihenden Teosinte, fehlt das Transposon an dieser Stelle und sie bildet in der gemäßigten Zone keine Blüten aus. Die Einfügung des Transposons demonstriert, dass mobile Elemente es dem Mais ermöglichten, sich auch in gemäßigten Zonen zu verbreiten. Ein ähnlicher Mechanismus wurde für Sojabohnen beschrieben (Wei & Cao 2016).

Die mobilen Elemente, die die epigenetischen Schalter umstellen und so neue epigenetische Regulierungsmuster erzeugen, sind die Ursache für vererbbare Anpassungen, Varietäten und Raritäten.

Manche Pflanzen besitzen sogar temperatursensitive Transposons. Ein gut dokumentiertes Beispiel ist *Onsen*. Wird dieses Transposon neben ein bestimmtes Gen eingefügt, wird das Gen erst bei etwas höheren Temperaturen exprimiert. Die Pflanzen, die *Onsen* im Genom besitzen, können sich schnell an eine sich erwärmende Umgebung anpassen. In einer Zeit, in der die Medien fast täglich den Klimawandel und die mutmaßlichen Herausforderungen für die Organismen thematisieren, zeigt das *Onsen*-Gen, dass die Pflanzen bereits vorbereitet sind. Mit einem aktiven *Onsen*-Gen können sie sich in nur wenigen Generationen dauerhaft an die höheren Temperaturen anpassen (Ohama et al. 2017). Anpassung erfolgt hier also nicht sehr langsam gemäß den Vorstellungen des Neodarwinismus. Die mobilen Elemente, die die epigenetischen Schalter umstellen und so neue epigenetische Regulierungsmuster erzeugen, sind die Ursache für viele neue vererbbare Anpassungen, Varietäten und Raritäten.

TE (VIGE) in Lernprozessen

Die Rolle der TE bei der Genregulation ist nahezu unerschöpflich. Überall, wo TE im Detail untersucht werden, entdeckt man neue Funktionen. Eine der wichtigen Funktionen der LINE ist die Steuerung des Aufbaus und der Feinabstimmung der neuronalen Netzwerke im Gehirn (Upton et al. 2015; Corradin et al. 2016; Jönsson et al. 2019). Das Säugetier-Gehirn ist ein äußerst komplexes Organ, das über tausend verschiedene Arten von Neuronen mit einer Vielzahl von Funktionen verfügt. Entgegen der gängigen Lehrmeinung, dass jede Zelle in unserem Körper die gleiche DNA hat, sind die meisten Hippocampuszellen des Gehirns genetisch unterschiedlich. Erst kürzlich fand man heraus, dass die Transposition von LINE-1 die DNA dieser Gehirnzellen gezielt verändert. Auch eine Gruppe von Forschern des renommierten amerikanischen Salk Instituts zeigten, wie LINE-1 Teile der DNA, einschließlich protein-codierender Gene, zielgenau ausschneidet und dadurch Variation in den Neuronen hervorruft. Sie vermuten, dass diese Mechanismen die Expression von Genen beeinflussen, die für das sich entwickelnde Gehirn entscheidend sind (Upton et al. 2015; Corradin et al. 2016; Jönsson et al. 2019).

Transponierbare Elemente fungieren gleichsam als System zur Datenkomprimierung.

Für viele der durch Transposons veränderten Gene wurde bereits nachgewiesen, dass sie bei einer Vielzahl von Verhaltensweisen und Lernprozessen eine Schlüsselrolle spielen. Künstlich herbeigeführte Veränderungen in diesen Genen, die die Wirkung von LINE nachahmen, führten zu Verhaltensänderungen (Treiber & Waddell 2020). Die Erkenntnisse können zu einer Erklärung beitragen, welche Prozesse bei unseren einzigartigen Gedanken und Empfindungen ablaufen und warum auch eineiige Zwillinge so verschieden sein können.

Diese neuen Funktionen von LINE waren völlig unerwartet. Dennoch benötigt das Genom einen Mechanismus, um die enorme Variation von Neuronen zu bewirken. Denn der Hippocampus besteht aus Milliarden differenzierter Neuronen, die sich fast alle voneinander unterscheiden. Das enorme Ausmaß der erforderlichen Variation kann unmöglich in Genomsequenzen codiert werden, da das Erbgut dann viel zu groß wäre. Würden alle Informationen zur Bildung der Millionen unterschiedlichen Neuronen in der DNA-Sequenz im Zellkern gespeichert, müsste dieser völlig überdimensioniert werden, um als Datenverarbeitungssystem funktionieren zu können. TE fungieren sozusagen als System zur Datenkomprimierung.

Gesteuert und überwacht

Ursprünglich ging man davon aus, dass bakterielle IS-Elemente keine oder nur eine geringe Sequenzspezifität aufweisen, was bedeutet, dass der Ort der Integration in der Regel nicht festgelegt ist (von einigen wenigen Ausnahmen abgesehen). Eine Überprüfung der öffentlichen Datenbanken ergab jedoch, dass mehrere IS-Elemente einen subtilen, noch nicht vollständig verstandenen Mechanismus bei der Auswahl des Ziels anwenden (Siguier et al. 2014). Dass es gezielte Mutationen durch Transposons gibt, ist inzwischen unbestritten. Ein interessantes Beispiel ist die Einfügung des IS-5-Transposons an einer bestimmten Stelle stromaufwärts des Glycerin-Operons glpFK in *E. coli*. Die Insertion aktiviert spezifisch die Expression des GlpFK-Operons, was die Verwendung von Glycerin als Kohlenstoffquelle ermöglicht (Saier & Zhang 2015). Da Bakterien jedoch nur über ein kreisförmiges Chromosom verfügen und sich fast unbegrenzt teilen können, sind eine sequenzabhängige Einfügung und eine strenge Kontrolle über ihre Aktivität möglicherweise nicht erforderlich: In einer Population von Milliarden von Mikroorganismen können alle möglichen chromosomalen Umlagerungen allein aufgrund stochastischer Prozesse auftreten.

Bei Organismen, die sich langsamer vermehren, sind weitere Aspekte zu beachten. Jedes Mal, wenn aufgrund von Umweltveränderungen adaptive Veränderungen erforderlich sind, kann dies nicht dem blinden Zufall und der Selektion überlassen werden. Die Organismen würden an der Herausforderung scheitern, lange bevor die ersten Mutationen selektiert werden könnten. Auch wenn es aufgrund der geringen Datenmenge an Details mangelt, ist klar, dass die TE im Gehirn, die bei Lernprozessen helfen, nicht einfach unkontrolliert umherhüpfen können. Tatsächlich wird ihre Aktivität im Genom selbst reguliert, in der Regel durch DNA-Methylierung und/oder den neulich entdeckten *piwi-RNA-pathway*★ (Wang & Lin 2021). Auch die Tatsache, dass man die Mobilität der LINE beeinflussen kann, zeigt, dass ihre Aktivität sequenzspezifisch ist (An et al. 2006). Heute gibt es für sequenzspezifische Transposons viele Anzeichen. Das R2O1 ist ein LINE, das in einer spezifischen Stelle der 28S ribosomalen DNA bei einer Vielzahl von Tieren gefunden wird. Von Evolutionstheoretikern wird dies als „Beweis" für eine gemeinsame Abstammung interpretiert. Dass diese Schlussfolgerung nicht zwingend ist, zeigt die Tatsache, dass aus Medeka-Fischen (*Oryzias latipes*) isoliertes R2O1 auch spezifisch in die Zielsequenz von Zebrafischen integrierte. Und das nicht nur in Fischen, sondern auch in die gleiche Zielsequenz, die in der DNA des Menschen vorhanden ist (Su et al. 2019). Die Integration ist also nicht zufällig, sondern sequenzspezifisch, und eignet sich somit nicht als Indiz für gemeinsame Abstammung. Es ist inzwischen gut etabliert, dass die LINE-1-Integration im Genom des Menschen bevorzugt an der sogenannten Konsensus-Spaltstelle für das Endonuklease-Enzym erfolgt, die durch einen kurzen Abschnitt von

Mensch	AGACATGCATTT**AAGAAGGTTCA**<HS6>**AAGAAGGTTCA**GCAGAGTGTGGTGAA
Schimpanse	AGACATGCATTT**AAGAAGGTTCA**----------GCAGAGTGTGGTGAA
Gorilla	AGACATGCATTT**AAGAAGGTTCA**<HS6>**AAGAAGGTTCA**GCAGAGTGTGGTGAA
Orang-Utan	AGACATGCATTT**AAGAAGGTTCA**<HS6>**AAGAAGGTTCA**GCAGAGTGTGGTGAA
Graukehl-Nachtaffe	AGACATG**G**ATTT**AAGAAGGTTCA**----------GCAGAGTGTGGTGAA

Abb. 5 Das genetische Alu-Element HS6 ist beim Menschen, Gorilla und Orang-Utan vorhanden, nicht aber beim Schimpansen und Graukehl-Nachtaffen. Es gibt auch keinen Hinweis darauf, dass an dieser Stelle im Schimpansengenom jemals ein Alu HS6 vorhanden war. Diese Ergebnisse legen nahe, dass die Integration und Exzision (Ausschneiden) dieser genetischen Elemente sehr präzise erfolgt. (Nach Hedges et al. 1999)

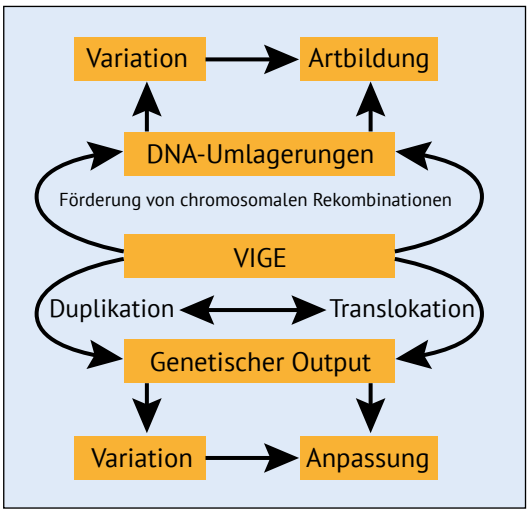


Abb. 6 Schematische Darstellung der zentralen Rolle, die VIGEs bei der Entstehung von Variation, Anpassungen und Artbildung spielen können. VIGEs können aufgrund von Positionseffekten den Output von (morpho-)genetischen Algorithmen direkt modulieren; sie fungieren dann als genetische Schalter. VIGEs, die sich auf verschiedenen Chromosomen befinden, können durch chromosomale Translokationen und andere größere strukturelle DNA-Umlagerungen eine Kreuzungsbarriere erzeugen und so die Artbildung vorantreiben.

sieben Basenpaaren in der DNA-Sequenz (5'-TTTTT/AA-3') bestimmt wird (Miller et al. 2021). Auch lokale genomische Merkmale wie z. B. bestimmte Chromatinstrukturen sind Hotspots für die Integration von transponierbaren Elementen (Sultana et al. 2017). Die Aktivität des SINE namens Alu-HS6 scheint ebenfalls kontrollierten Mechanismen zu unterliegen, da es im Genom von Mensch, Gorilla und Orang-Utan auf denselben Positionen zu finden ist, nicht aber im Genom von Schimpansen (Abb. 5). Diese unerwartete Beobachtung veranlasste die Forscher, die Möglichkeit in Betracht zu ziehen, dass das Alu-HS6-Element ganz gezielt aus dem Schimpansengenom entfernt wurde (Hedges et al. 1999). Wie bei allen streng kontrollierten genetischen Prozessen sind Dysfunktionen und Krankheiten Folgen von Störungen und Zufallsintegrationen. Eine unkontrollierte Transposonaktivität beeinflusst und fördert tatsächlich den Prozess des Alterns und altersbedingte Krankheiten (Gorbunova et al. 2021). In einem biblischen Rahmen könnte eine entfesselte Aktivität von Transposons also erklären, was nach dem Sündenfall geschah, warum wir altern und schließlich sterben.

Zum Schluss

In der Biologie muss heute bezüglich der Quellen für Variabilität umgedacht werden: Vererbbare Variation ist größtenteils nicht „*eine Folge des Zufalls*", sondern auf TE (VIGE) zurückzuführen, die in allen erforschten Genomen reichlich vorhanden sind. Nicht nur Variation, sondern auch Anpassungen und sogar Artbildung gehen demnach maßgeblich auf im Genom vorhandene Elemente und entsprechende (programmierte) Mechanismen zurück (Abb. 6). Aufgrund ihres redundanten Charakters (es gibt Tausende von ihnen) wurden TE oft voreilig als funktionslos abgetan. Es wurde argumentiert, dass es so viele von ihnen gäbe, dass bei Weitem nicht alle eine Funktion haben könnten. Doch sollte bedacht werden, dass die Erzeugung von Variation in den Nachkommen eine Eigenschaft ist,

Glossar

bp: Basenpaare.

Carbonaria-Element: Transposon, das sich seit etwa 1819 in dem *Carbonaria*-Locus des Birkenspanners befindet.

Chromatin: Chromatin ist das Material, aus dem Chromosomen bestehen. Es ist ein Komplex aus DNA und speziellen Proteinen, meist Histonen.

„Copy-Paste"-Mechanismus: Transpositionsmechanismus, bei dem das Transposon über eine RNA kopiert und an anderer Stelle im Genom eingefügt wird. Dies führt zu einem Zuwachs an DNA.

„Cut-Paste"-Mechanismus: Mechanismus der Transposition, bei dem das Transposon von der DNA ausgeschnitten und an anderer Stelle eingefügt wird. Kein Nettogewinn an DNA.

Enhancer: DNA-Sequenzen, die mit Promotoren vergleichbar sind, aber im Gegensatz zu diesen nicht unmittelbar stromaufwärts der proteinkodierenden Sequenz liegen, sondern in einem gewissen Abstand.

Eukaryont (Plural: -en): Organismus mit echtem Zellkern (und mit Zellorganellen).

Expression (Gene): Ausprägen/Verwirklichen eines Gens im Erscheinungsbild (Phänotyp) eines Lebewesens.

exprimieren: Ablesen und Umsetzung (Nutzen) von Genen.

Fitness: „Angepasstheit". Häufig benutzte Synonyme sind Anpassungs- bzw. Adaptationswert, relative Überlebensrate oder Eignung.

Genom: Das gesamte Erbgut eines Individuums.

Histone: Proteine, die die Verpackung der DNA bilden.

Intron: Nicht codierender Abschnitt der DNA innerhalb eines Gens.

IS-Element: kurze DNA-Abschnitte (typischerweise in Mikroorganismen), die im Genom mobil sind und sich in die DNA einfügen können.

Locus (Plural: Loci): In der Genetik die physische Position eines Gens im Genom.

Nukleotide: Baustein der DNA (DNA-Buchstabe).

Operon: eine Reihe von genetischen Anweisungen („Programm") in Bakterien für beispielsweise die Nahrungsverdauung.

Phänotyp: das Erscheinungsbild, das sämtliche Merkmale eines Organismus umfasst.

piwi-RNA-pathway: Netzwerk aus RNA-bindenden PIWI-Proteinen und kleinen nichtcodierenden RNAs, den so genannten PIWI-interacting RNAs (piRNAs), die zusammen die Transposon-Aktivität unterdrücken.

Prokaryont (Plural: -en): (Mikro-)Organismen ohne Zellkern (und ohne Zellorganellen).

Promoter: eine Nukleotid-Sequenz, die die regulierte Expression eines Gens ermöglicht.

Retrotransposon: Eine DNA-Sequenz, die sich im Genom über einen Copy-Paste-Mechanismus vermehrt.

TE (kurz für engl. transposable and transposed elements): DNA-Sequenzen, die sich unabhängig von der DNA der Wirtszelle in Genomen replizieren können.

Transkript: Produkt, das nach dem Ablesen der DNA entsteht, ein RNA-Molekül.

Transkriptionsfaktor: (Komplex von) Proteinen (und manchmal auch RNA), der das Abschreiben (Transkription) eines Gens initiiert, indem er an DNA bindet und einen Ansatzpunkt für die RNA-Polymerase bildet.

Transkriptionsfaktor-Bindungsstelle: Sequenz in einem DNA-Abschnitt (oder in einem Gen) für die Andockung eines Transkriptionsfaktors, damit die Transkription vorbereitet oder initiiert wird.

Transposon (Plural: Transposons, oder: Transposonen): Genetisches Element (DNA-Sequenz), das sich im Genom umlagern und somit neue genetische Zusammenhänge erzeugen kann.

Zytosol: flüssiger Bestandteil des Zellplasmas.

ein funktionales Merkmal, das diffus über das gesamte Genom verteilt ist – und als solches war es sehr schwer zu lokalisieren.

Heute können wir aus den beschriebenen Befunden schlussfolgern: Die Geschöpfe wurden mit einer Genetik ausgestattet, die die Variation von innen heraus selbst generiert. Diese Erkenntnis hat weitreichende Auswirkungen auf die Darwin'sche Evolutionslehre: Es gibt keine relevante externe natürliche Ursache für den hypothetischen Evolutionsprozess einer Höherentwicklung. Darwin lag diesbezüglich falsch. Variation, Adaptionen und sogar Arten entstehen in einem Prozess, der nicht durch neue genetische Information, sondern eine gesteuerte Aktivität von Transposons verursacht wird.

Literatur

An W, Han JS, Wheelan SJ et al. (2006) Active retrotransposition by a synthetic L1 element in mice. Proc. Natl. Acad. Sci. *103*, 18662–18667.

Belshaw R, Pereira V, Katzourakis A et al. (2004) Long-term reinfection of the human genome by endogenous retroviruses. Proc. Natl. Acad. Sci. *101*, 4894–4899.

Borger P (2021) Standing variation: Das Rätsel der Buntbarsche gelöst? Stud. Integr. J. *28*, 63.

Borger P (2022) Über den Entwurf des Lebens: Genetische Redundanz. Stud. Integr. J. *29*, 90–99.

Corradin O, Cohen AJ, Luppino JM et al. (2016) Modeling disease risk through analysis of physical interactions between genetic variants within chromatin regulatory circuitry. Nat. Genet. *48*, 1313–1320.

Crompton N (2022) Die Radiation der Silberschwert-Gruppe. Indizien für präexistente genetische Programme. Stud. Integr. J. *29*, 80–89.

Darwin C (1859) The Origin of Species by means of Natural Selection or The Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life. First published by John Murray, London.

Darwin C (1871) The Descent of Man. First published by John Murray, London.

Elbarbary RA, Lucas BA & Maquat LE (2016) Retrotransposons as regulators of gene expression. Science *351*, aac7247.

Faulkner GJ & Carninci P (2009) Altruistic functions for selfish DNA. Cell Cycle *8*, 2895–2900.

Faulkner GJ, Kimura Y, Daubet CO et al. (2009) The regulated retrotransposon transcriptome of mammalian cells. Nature Genetics *41*, 563–571.

Garner JW & Fondon HR (2004) Molecular origins of rapid and continuous morphological evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. *101*, 18058–18063.

Gorbunova V, Seluanov A, Mita P et al. (2021) The role of retrotransposable elements in aging and age associated diseases. Nature *596*, 43–53.

Hall BG (1999) Transposable elements as activators of cryptic genes in *E. coli*. Genetica *107*, 181–187.

Hedges DJ, Callinan PA, Cordaux R et al. (1999) Differential Alu mobilization and polymorphism among the human and chimpanzee lineages. Genome Res. *14*, 1068–1075.

Huda H & Jordan IK (2009) Epigenetic regulation of mammalian genomes by transposable elements. Ann. NY Acad. Sci. *1178*, 276–284.

Jachowicz JW, Bing X, Pontabry J et al. (2017) LINE-1 activation after fertilization regulates global chromatin accessibility in the early mouse embryo. Nat. Genet. *49*, 1502–1510.

Jönsson ME, Brattås PL, Gustafsson C et al. (2019) Activation of neuronal genes via LINE-1 elements upon global DNA demethylation in human neural progenitors. Nat: Commun: 10.3182.

Lönnig WE & Saedler H (2002) Chromosome rearrangements and transposable elements. Annu. Rev. Genet. *36*, 389–410.

McClintock B (1950) The origin and behavior of mutable loci in maize . Proc. Natl. Acad. Sci. *36*, 344–355.

Miller I, Totrov M, Korotchkina L et al. (2021) Structural dissection of sequence recognition and catalytic mechanism of human LINE-1 endonuclease. Nucleic Acids Res. *49*, 11350–11366.

Ohama N, Sato H, Shinozaki K et al. (2017) Transcriptional Regulatory Network of Plant Heat Stress Response. Trends Plant Sci. *22*, 53–65.

Orgel LE, Crick FHC (1980) Selbstsüchtige DNA: Der ultimative Parasit. Nature *284*, 604–607.

Papadopoulos D, Schneider D, Meier-Eiss J et al. (1999) Genomic evolution during a 10,000-generation experiment with bacteria. Proc. Natl. Acad. Sci. *96*, 3807–3812.

Saier MH Jr & Zhang Z (2015) Control of Transposon-Mediated Directed Mutation by the Escherichia coli Phosphoenolpyruvate: Sugar Phosphotransferase System. J. Mol. Microbiol. Biotechnol. *25*, 226–233.

Siguier P, Gourbeyre E & Chandler M (2014) Bacterial insertion sequences: their genomic impact and diversity. FEMS Microbiol Rev *38*, 865–891.

Su Y, Nichuguti N, Kuroki-Kami A & Fujiwara H (2019) Sequence-specific retrotransposition of 28S rDNA-specific LINE R2Ol in human cells. RNA *25*, 1432–1438.

Sultana T, Zamborlini A, Cristofari G & Lesage P (2017) Integration site selection by retroviruses and transposable elements in eukaryotes. Nat Rev Genet *18*, 292–308.

Treiber CD & Waddell S (2020) Transposon expression in the *Drosophila* brain is driven by neighboring genes and diversifies the neural transcriptome. Genome Res. *30*, 1559–1569.

Upton KR, Baillie JK & Faulkner GJ (2011) Is somatic retrotransposition a parasitic or symbiotic phenomenon? Mob. Genet. Elements *1*, 279–282.

Upton KR, Gerhardt DJ, Jesuadian JS et al. (2015) Ubiquitous L1 mosaicism in hippocampal neurons. Cell 161, 228–239.

Van't Hof AE, Campagne P, Rigden DJ et al. (2016) The industrial melanism mutation in British peppered moths is a transposable element. Nature *534*, 102–105.

Wang C & Lin H (2021) Roles of piRNAs in transposon and pseudogene regulation of germline mRNAs and lncRNAs. Genome Biology 22:27.

Wei L & Cao X (2016) The effect of transposable elements on phenotypic variation: insights from plants to humans. Sci. China Life Sci. *59*, 24–37.

Wells JN & Feschotte C (2020) A Field Guide to Eukaryotic Transposable Elements. Annu. Rev. Genet.*54*, 539–561.

Anschrift des Verfassers:
Dr. Peter Borger, SG Wort und Wissen,
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn;
E-Mail: peter.borger@wort-und-wissen.de

Tetiana, AdobeStock

PHYSIK

Multiversum, verborgene Variablen oder Zufall?

Welche Interpretation der Quantenmechanik beschreibt die Wirklichkeit?

Die Quantenmechanik gilt als eine der am besten bestätigten Theorien. Dennoch bringt sie Wissenschaftler immer wieder ins Grübeln. Auch fast 100 Jahre nach ihrer Formulierung herrscht noch Uneinigkeit darüber, wie ihre Aussagen zu interpretieren sind. Es gibt viele Interpretationen, die alle im Einklang mit den wissenschaftlichen Daten sind. Diese Vielzahl an gleichwertigen Interpretationen derselben Theorie führt uns zu einer überraschenden Analogie mit Weltanschauungen.

Josua Göcking

Einleitung

Zum Ende des 19. Jahrhunderts waren viele Wissenschaftler der Meinung, dass die offenen Fragen der Physik bald gelöst wären. Die Physik sei bald abgeschlossen. Aus diesem Grund wurde Max Planck von einem Physikstudium abgeraten (Planck 1943).

Heute wissen wir, dass dies weit von der Wahrheit entfernt war. Das 20. Jahrhundert begann mit einer regelrechten Explosion neuer Entdeckungen und daraus resultierender Teilgebiete innerhalb der Physik. Auf der einen Seite revolutionierte Albert Einsteins spezielle Relativitätstheorie 1905 unser Verständnis von Raum und Zeit (Einstein 1905). Später entwickelte Einstein die allgemeinere Form der Relativitätstheorie, welche die Gravitation einschließt (Einstein 1915). Auf der anderen Seite begründete eben jener Max Planck mit seiner Beschreibung der Schwarzkörperstrahlung die Quantenmechanik (Planck 1901). Das Schwarzkörperproblem war eine der offenen Fragen der Physik. Ein Schwarzkörper ist ein idealisiertes Konstrukt, das jede auf ihn eintreffende Strahlung absorbiert. Nach den Gesetzen der Strahlungslehre bedeutet dies, dass er alle Strahlung, die er aufgrund seiner Temperatur produziert, aussendet. Unsere Sonne kann z. B. näherungsweise als ein solcher Schwarzkörper angesehen werden.

Versucht man mit den klassischen Strahlungsgesetzen zu berechnen, welche Intensität das ausgesendete Licht des Schwarzkörpers bei einer gegebenen Temperatur und Frequenz hat, erhält man als Ergebnis, dass sie zu hohen (ultravioletten) Frequenzen hin gegen unendlich strebt. Eine solche Lösung ergibt nicht nur physikalisch keinen Sinn, sondern widerspricht

Kompakt

Das Doppelspaltexperiment zeigt, dass Quantenobjekte sowohl Wellen- als auch Teilcheneigenschaften besitzen (Welle-Teilchen-Dualismus). Außerdem hat die Art der Messung einen Einfluss auf den Ausgang des Experiments (Messproblem). Mathematisch lassen sich diese Beobachtungen durch verschiedene Ansätze beschreiben, z. B. durch das Schrödingerbild, das Heisenbergbild und die Feynman'sche Pfadintegralformulierung. Nach dem Schrödingerbild sind die Quantenobjekte in einer Überlagerung mehrerer Zustände und werden erst durch die Messung auf einen Zustand festgelegt. Mit welcher Wahrscheinlichkeit sie in einem gegebenen Zustand gemessen werden, lässt sich aus Schrödingers Wellengleichung bestimmen. Die Interpretation dieser Gleichungen wird kontrovers diskutiert und es stellte sich heraus, dass sie unterschiedlich interpretiert werden können. Am geläufigsten ist die Kopenhagener Deutung, welche besagt, dass die Natur sich tatsächlich so verhält. Das Messproblem zeigt demnach die Grenze dessen, was die Wissenschaft beschreiben kann. Die De-Broglie-Bohm-Theorie geht davon aus, dass es zusätzlich verborgene Variablen gibt, die den Zustand der Teilchen festlegen. Diese bewegen sich auf einer durch die Schrödingergleichung gegebenen Pilotwelle. In der Viele-Welten-Theorie wird nach einer Messung jeder Zustand angenommen, nur nicht im selben Universum. Jede Messung bedingt hier die Erzeugung vieler neuer Welten, in denen je einer der möglichen Zustände angenommen wurde. Trotz ihrer großen Unterschiede können alle diese Deutungen das Doppelspaltexperiment schlüssig erklären. Analog dazu lassen sich auch viele Naturphänomene sowohl unter Voraussetzung einer naturalistischen Evolution als auch einer übernatürlichen Schöpfung deuten.

auch den Messergebnissen. Schließlich strahlt ein Ofen oder eine Glühbirne nicht in großem Maße ultraviolettes Licht aus. Auch hat das Lichtspektrum der Sonne einen vergleichsweise geringen UV-Anteil. Dieses Problem war als „Ultraviolett-Katastrophe" bekannt. Planck konnte es lösen, indem er eine Hilfskonstante einführte, heute bekannt als das Planck'sche Wirkungsquantum. Ursprünglich hatte er vor, dieses am Ende seiner Berechnungen in einer Grenzwertberechnung gegen null gehen zu lassen. Jedoch bekam er mit den Messergebnissen übereinstimmende Ergebnisse nur mit einem nicht verschwindenden Wirkungsquantum. Dies bedeutet, dass Energie nicht in beliebiger Größe auftritt, sondern in gequantelten Paketen fester Größe. Aus dieser Erkenntnis bildete sich der Begriff der Quantenmechanik.

Mehr noch als die Relativitätstheorie hat diese neue Theorie die Vorstellungskraft und das Verständnis der Wissenschaftler auf eine harte Probe gestellt. Weitere Entdeckungen, wie z. B. der Fotoeffekt, zeigten, dass Licht nicht nur, wie bislang angenommen, als eine Welle agiert, sondern auch Eigenschaften von Teilchen aufweist. Dies hatte Newton bereits vermutet. Umgekehrt konnte gezeigt werden, dass zuvor als reine Teilchen angesehene Objekte wie z. B. Elektronen auch eine Wellennatur aufweisen.

Mehr noch als die Relativitätstheorie hat die Quantentheorie die Vorstellungskraft und das Verständnis der Wissenschaftler auf eine harte Probe gestellt.

Noch merkwürdiger wurde dieser Sachverhalt, als man feststellte, dass die Messung selbst einen Einfluss darauf hat, ob sich das gemessene Objekt wie ein Teilchen oder wie eine Welle verhält. Besonders einfach lässt sich dieses Phänomen, das die wesentlichen Aussagen der Quantenmechanik beinhaltet, am Doppelspaltexperiment darstellen.

Das Doppelspaltexperiment

Der Aufbau des Doppelspaltexperiments besteht aus zwei Wänden: Die vordere Wand ist mit zwei Spalten versehen. Die hintere Wand gleicht einem Schirm, der eintreffende Objekte absorbiert. Ein solcher Versuchsaufbau ist interessant, weil Teilchen- und Wellenobjekte sich hier unterschiedlich verhalten. Er kann verwendet werden, um festzustellen, ob sich Objekte wie z. B. Licht wie eine Welle oder ein Teilchen verhalten.

Bei teilchenartigen Objekten ist das Verhalten simpel: Die Teilchen, die nicht an der vorderen Wand abprallen, werden eine der beiden Spalten passieren und demnach auch im Bereich um diese beiden Spalten auf der hinteren Wand ankommen (vgl. Abb. 1).

Bei wellenartigen Teilchen ist das Verhalten komplizierter: Eine Welle wird sich, nachdem sie den Doppelspalt passiert hat, in zwei Wellen (eine pro Spalt) aufteilen. Hinter dem Doppelspalt treffen diese wieder aufeinander. Dabei können im Prinzip zwei Effekte auftreten: Zum einen kann ein Wellental auf ein Wellental bzw. ein Wellenberg auf einen Wellenberg treffen. Zum anderen kann ein Wellenberg auf ein Wellental bzw. ein Wellental auf einen Wellenberg treffen. Das Resultat ist die Summe der Amplituden der aufeinander treffenden Wellen. Das heißt, in ersterem Fall wird sich die Amplitude verdoppeln, während die Amplituden sich im letzteren Fall gegenseitig auslöschen. Dies hat ein Muster mit einem großen Maximum in der Mitte, gefolgt von kleineren Maxima nach außen hin zur Folge. Man nennt diesen Effekt Interferenz und das entstehende Muster ein Interferenzmuster (vgl. Abb. 1).

Wir führen dieses Experiment nun beispielsweise mit Photonen oder Elektronen durch. Es ergibt sich in beiden Fällen ein Interferenzmuster. Problem gelöst, es handelt sich um Wellen, möchte man meinen. Doch dreht man die Intensität der Strahlung herunter, fällt auf, dass immer einzelne Punkte am Schirm detektiert werden, was wiederum auf eine Teilchennatur hindeutet. Dies erscheint widersprüchlich. Wie kann ein Objekt gleichzeitig als Teilchen und als Welle agieren? Es ist, als ob das Teilchen durch beide Spalten gehen würde, mit sich selbst in-

terferieren und dann am Schirm auftreffen würde. Die Frage ist, was genau am Doppelspalt passiert. Daher positionieren wir jetzt einen Detektor bei der vorderen Wand, der prüft, durch welchen Spalt das Teilchen geht. Und hier wird es seltsam: Wenn wir messen, durch welchen Spalt das Objekt geht, wissen wir, dass es nur durch den einen oder den anderen Spalt geht. Gleichzeitig erscheint auf dem Schirm kein Interferenzmuster mehr, sondern das Muster, das im Falle von Teilchen zu erwarten gewesen wäre. In anderen Worten: Durch das Messen, durch welchen Spalt das Objekt geht, haben wir den Ausgang des Experiments verändert, als wüssten die Objekte, dass wir sie beobachten und würden sich daher anders verhalten. Dieser Effekt wird als das Messproblem bezeichnet.

Mathematische Beschreibung

Auch wenn die neuen Erkenntnisse sehr merkwürdig waren und, wie wir später sehen werden, bis heute keine zufriedenstellende Interpretation gefunden wurde, war eine mathematische Beschreibung relativ schnell entdeckt: 1925/26 konnten Erwin Schrödinger in seiner Wellenmechanik (Schrödinger 1926) und Werner Heisenberg mit seiner Matrizenmechanik (Heisenberg 1925) unabhängig voneinander eine passende Beschreibung der Effekte finden. Schrödinger stellte die nach ihm benannte Wellengleichung auf, welche das Wellenverhalten von Quantenobjekten zu jedem Zeitpunkt beschreiben kann. Jedoch musste eine Deutung gefunden werden, was diese Welle physikalisch beschreibt. Max Born deutete es so, dass das Betragsquadrat der Wellenfunktion die Wahrscheinlichkeit angibt, ein Teilchen in einem bestimmten Zustand vorzufinden.

Die Quantenmechanik funktioniert demnach so, dass Quantenobjekte sich in einem Überlagerungszustand (Superposition) mehrerer verschiedener Zustände befinden können. Bei einer Messung wird das Objekt aber immer in einem einzigen Zustand vorgefunden. Die Wellenfunktion ist ein Maß für die Wahrscheinlichkeit, ein Quantenobjekt zu einem bestimmten Zeitpunkt in einem bestimmten Zustand vorzufinden. Da eine Messung die Superposition aufhebt, wird dies als Kollaps der Wellenfunktion bezeichnet.

Mit dieser Beschreibung ist es möglich, das Verhalten auf mikroskopischer Ebene zu beschreiben. Doch ist dies nicht komplett möglich: Es können nur noch Wahrscheinlichkeiten angegeben werden, ob etwas passiert oder nicht. In der klassischen Physik, also der Physik ohne Quantenmechanik, ist es so, dass, wenn man die Anfangsbedingungen eines Objektes und die wirkenden Kräfte kennt, man deren Verhalten absolut und zu jedem Zeitpunkt vorhersagen kann. Dies ist in der Quantenmechanik nicht mehr möglich. Die Quantenmechanik ist daher nicht deterministisch. Eine der Fragen, die sich stellt, ist, ob dies bedeutet, dass die Quantenmechanik eine unvollständige Theorie ist oder ob die Natur sich tatsächlich so verhält und die Prozesse auf fundamentaler Ebene dem Zufall überlassen sind.

Bevor wir dieser Frage nachgehen, sei noch erwähnt, dass es verschiedene mathematische Beschreibungen der Quantenmechanik gibt. Neben dem beschriebenen Schrödingerbild gibt es das Heisenbergbild, das ähnlich ist und durch eine mathematische Transformation ins Schrödingerbild überführt werden kann. Darüber hinaus entwickelte Richard Feynman in seiner Doktorarbeit die sogenannte Pfadintegralformulierung der Quantenmechanik (Feynman 1948). In der klassischen Physik (Physik ohne Quantenmechanik) ist es so, dass ein Objekt den Weg wählt, auf dem die Wirkung (definiert als Energie mal Zeit) minimiert wird. In Feynmans Pfadintegralformalismus trägt jeder mög-

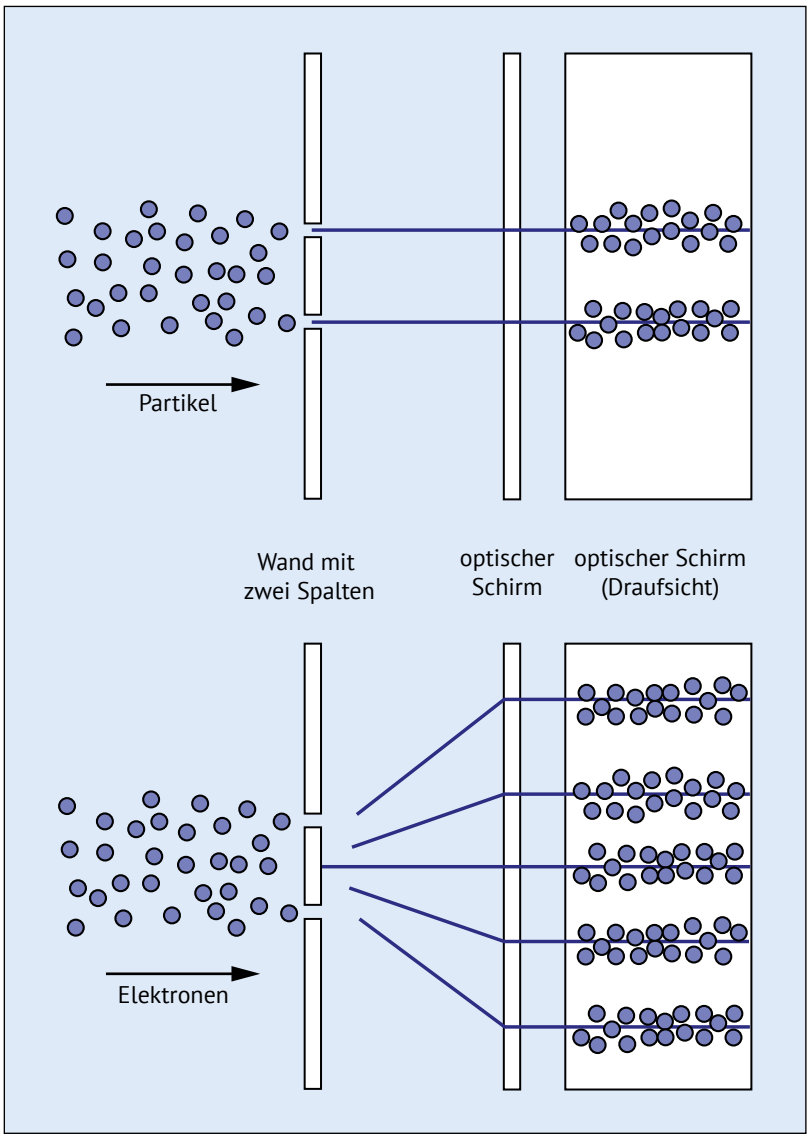


Abb. 1 Der Doppelspaltversuch: Die bei Teilchen zu erwartende Verteilung am Schirm (oben) und das tatsächlich auftretende Interferenzmuster (unten). (Wikimedia Commons, CC0)

liche Pfad, den ein Objekt wählen kann, zur Gesamtwahrscheinlichkeit bei, dass es sich von A nach B begeben wird. Je kleiner die Wirkung des jeweiligen Pfades von A nach B, desto höher ist der Beitrag zur Gesamtwahrscheinlichkeit.

Auch diese Formulierung ist äquivalent zu den anderen Beschreibungen und kann aus diesen hergeleitet werden.

Verschiedene Interpretationen

Seit ihrer Formulierung wurde die Quantenmechanik kontrovers diskutiert. Ihr Nutzen war unbestreitbar. Noch heute gilt sie als eine der am besten bestätigten Theorien. Doch viele ihrer Aussagen wie z. B. der Indeterminismus waren und sind vielen Wissenschaftlern ein Dorn im Auge. So auch für Albert Einstein, der mit den Worten „Gott würfelt nicht" seinen Unmut über die auf Wahrscheinlichkeiten basierende Quantenmechanik ausdrücken wollte (Einstein & Born 1972). Nachdem eine mathematische Beschreibung der Quantenmechanik gefunden wurde, kam man zum eigentlichen Problem, diese Erkenntnisse angemessen zu interpretieren. Auf diesem Gebiet wurde bis heute kein abschließendes Ergebnis erreicht. Das liegt auch daran, dass sich aus jeder der unterschiedlichen Interpretationen dieselben Vorhersagen bestimmen lassen und die „richtige" Interpretation sich daher nur bedingt experimentell überprüfen lässt.

Im Folgenden werden die geläufigsten Interpretationen kurz beschrieben.

Die Kopenhagener Deutung

Die erste, unter dem Namen Kopenhagener Deutung bekannt gewordene Interpretation entstand bereits 1927 und wurde zunächst von Niels Bohr und Werner Heisenberg formuliert (s. Abb. 2). Im Prinzip besagt sie, dass die Phänomene der Quantenmechanik nicht auf eine Unvollständigkeit der Theorie hindeuten, sondern in der Natur so vorhanden sind. Sie zeigen also auf, wo die Grenzen der Wissenschaft liegen: Real ist nur das, was gemessen wird. Über Geschehnisse, die zwischen den Messungen auftreten, kann keine Aussage gemacht werden, ohne sich in Widersprüchen zu verfangen. Dies zeigt sich z. B. am zuvor beschriebenen Doppelspalt: Betrachtet man, was vor der Messung am Schirm passiert, ist zu erwarten, dass etwa eine Hälfte der am Schirm auftreffenden Objekte durch den ersten Spalt und die andere Hälfte durch den zweiten Spalt geht. Summiert man die daraus zu erwartenden Verteilungen auf, erhält man ein Muster, das nicht dem Interferenzmuster entspricht (vgl. Heisenberg 1979).

Abb. 2 Die Väter der Kopenhagener Interpretation: Niels Bohr (links im Gespräch mit Albert Einstein) und Werner Heisenberg (rechts). (Wikimedia Commons, CC0)

In der Naturwissenschaft wird aus etwas Objektivem, das unabhängig von dem Beobachter einfach ist, etwas Subjektives, was jenseits unserer Messungen keine klar definierbare Realität besitzt.

Was zwischen den Messungen geschieht, kann also nicht beantwortet werden. Die Quantenmechanik liefert mit der Wellenfunktion zwar ein Werkzeug, um zu beschreiben, was passieren könnte. Daraus kann man die Wahrscheinlichkeit bestimmen, was zukünftige Messungen ergeben werden. Aber als real kann nur das gelten, was gemessen wird. Somit wird in der Naturwissenschaft aus etwas Objektivem, das unabhängig von dem Beobachter einfach ist, etwas Subjektives, was jenseits unserer Messungen keine klar definierbare Realität besitzt.

Diese Interpretation gilt in der Physik als der Standard. Dies liegt insbesondere daran, dass sie pragmatisch ist und nach dem Prinzip „das ist halt so" argumentiert. Dies ist hilfreich, um sich auf das wissenschaftliche Arbeiten zu fokussieren, ohne sich in endlosen philosophischen Fragestellungen zu verlieren. Diese Betrachtung der Theorie der Quantenmechanik als Werkzeug ohne tiefere Realität ist dem Instrumentalismus zuzuordnen. Im Kontrast dazu steht der wissenschaftliche Realismus, der annimmt, dass die Wirklichkeit so aussieht, wie es unsere bestätigten Theorien vorhersagen.

Nichtsdestotrotz kann die Kopenhagener Deutung auch als eine reale Beschreibung der Wirklichkeit betrachtet werden.

Dennoch sind viele Wissenschaftler mit dieser Interpretation und vor allem dem daraus folgenden Indeterminismus unzufrieden, was auch daran liegt, dass bis zum Aufkommen der Quantenmechanik jede Theorie deterministische

Vorhersagen machte. Daher haben sie im Laufe der Zeit alternative Interpretationsmöglichkeiten entwickelt.

Verborgene-Variablen-Theorien

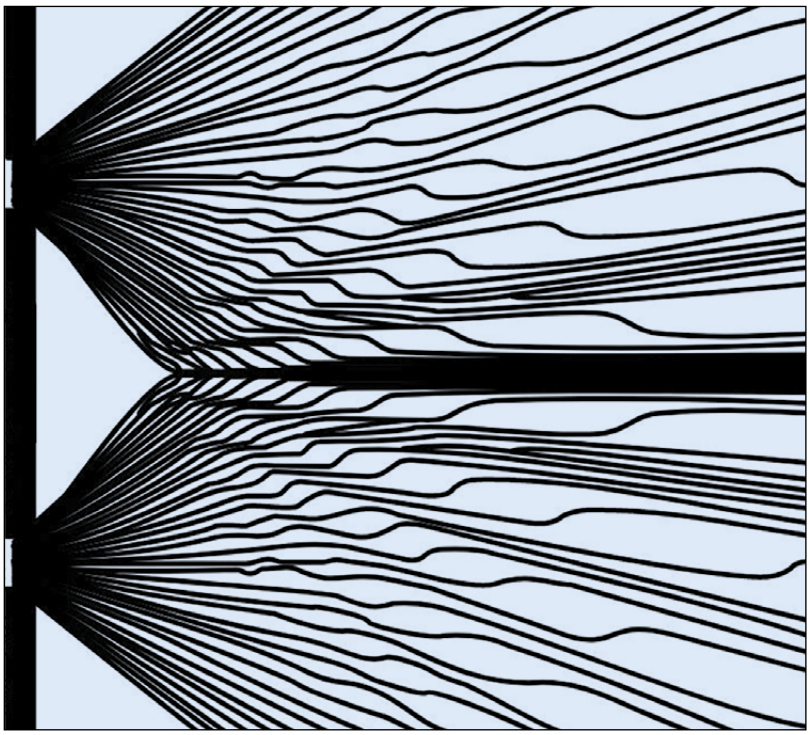
Verborgene-Variablen-Theorien sind ein Überbegriff für Interpretationen der Quantenmechanik, die davon ausgehen, dass die Quantenmechanik keine vollständige Theorie ist und noch weitere (verborgene) Variablen existieren, die das System determinieren. Verwendet eine solche Theorie lokale verborgene Variablen, so würde sie die sogenannten Bell'schen Ungleichungen erfüllen (Shimony 2004). Es konnte jedoch experimentell bestätigt werden, dass diese Ungleichungen nicht erfüllt sind (Aspect 1999). Damit werden Theorien mit verborgenen Variablen stark eingeschränkt.

De-Broglie-Bohm-Theorie. Die bekannteste nicht-lokale und damit von diesen Einschränkungen nicht betroffene Theorie mit verborgenen Variablen ist die De-Broglie-Bohm-Theorie (vgl. Abb. 3). Sie besagt, dass die Schrödingergleichung nicht das gesamte System beschreibt. Nach dieser Theorie hat jedes Teilchen einen wohldefinierten Ort und eine wohldefinierte Geschwindigkeit, die durch eine sogenannte Führungsgleichung festgelegt werden. Die Wellenfunktion agiert dann als eine die Teilchenbewegung führende Welle (Pilotwelle). Da die Führungsgleichungen aus einer Differentialgleichung der Wellengleichung bestimmt werden, müssen zur genauen Beschreibung Anfangsbedingungen gefunden werden. Da diese nicht bestimmt werden können, kommt es zum scheinbaren Indeterminismus der Quantenmechanik (Dürr, Goldstein & Zanghí 1992).

Viele-Welten-Interpretation

Am bekanntesten dürfte die Viele-Welten-Interpretation sein. Diese umgeht das Problem des Indeterminismus und des Messproblems, indem sie davon ausgeht, dass die Schrödingergleichung sich zur Beschreibung von jeglichen abgeschlossenen Systemen eignet (Tegmark 2009). D. h. zu jedem Zeitpunkt, auch bei einer Messung, lässt sich das System mit der Schrödingergleichung vollständig beschreiben. Im Umkehrschluss bedeutet dies, dass es zu keinem Kollaps der Wellenfunktion kommen kann und stattdessen nach einer Messung eines Superpositionszustandes alle Zustände angenommen werden, jedoch in unterschiedlichen Universen (vgl. Abb. 4).

Bei jedem Messvorgang entsteht für jeden möglichen Ausgang ein neuer Zweig eines Universums, in dem genau dieser Ausgang eingetroffen ist.



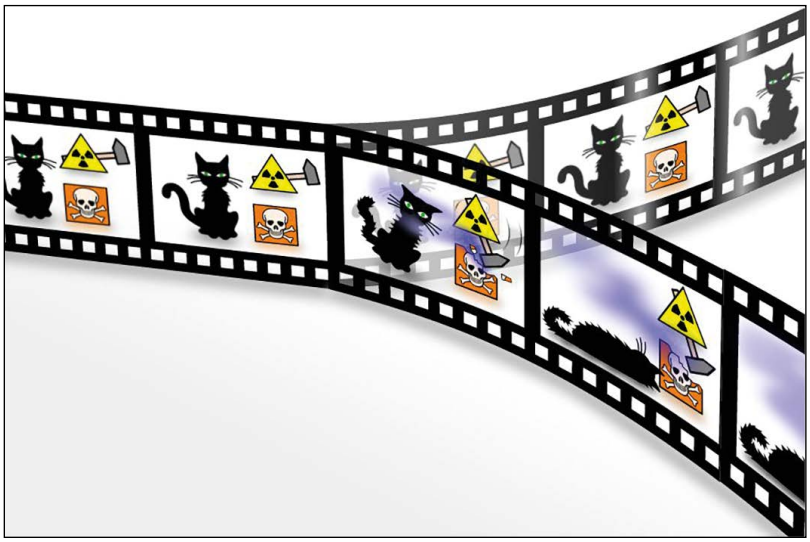
Die Vorstellung mehrerer Universen, in denen das eigene Ich nochmals existiert und einen anderen Weg eingeschlagen hat, ist für viele sehr interessant.

Abb. 3 Der Doppelspaltversuch nach der De-Broglie-Bohm-Theorie: Die Teilchen bewegen sich auf festen Trajektorien, die durch die interferierende Pilotwelle gegeben sind. (Wikimedia Commons, CC0)

Diese Idee eines Multiversums hat inzwischen die Popkultur erreicht und findet sich in vielen Büchern und Filmen. Die Vorstellung mehrerer Universen, in denen das eigene Ich nochmals existiert und einen anderen Weg eingeschlagen hat, ist für viele sehr interessant. Ob die Realität wirklich so aussieht, ist ob der schieren Anzahl an denkbaren Universen, die sich in den meisten Fällen wie ein Ei dem anderen gleichen, jedoch fraglich.

Dies ist nur ein Überblick über die vielen Interpretationen der Quantenmechanik, die seit

Abb. 4 Das bekannte Gedankenexperiment zu Schrödingers Katze in der Viele-Welten-Interpretation: Beide Zustände (die Katze lebt und die Katze ist tot) werden realisiert, jedoch in unterschiedlichen Welten. (Christian Schirm, CC0 1.0)



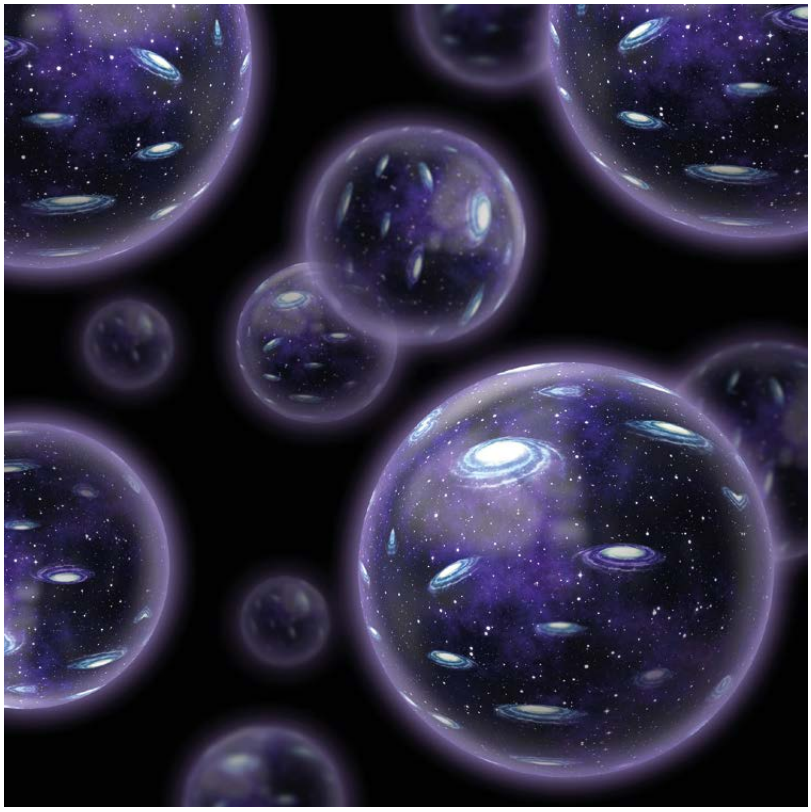


Abb. 5 Auf wissenschaftlichem Wege kann man nicht herausfinden, ob die Viele-Welten-Theorie (Symbolbild) oder andere Interpretationen der Quantenmechanik stimmen oder nicht. (Adobe Stock)

ihrer Formulierung entwickelt wurden. Sie alle sind in der Lage, die Ergebnisse der Quantenmechanik zu reproduzieren. Das bedeutet, dass man nicht auf wissenschaftlichem Wege herausfinden kann, welches die richtige Interpretation ist. Möglicherweise wird es an einem zukünftigen Zeitpunkt möglich sein, mit genaueren Messmethoden die eine oder andere Interpretation auszuschließen. Jedoch ist es durchaus möglich, dass in der Zwischenzeit weitere Interpretationen gefunden werden. Vermutlich wird man nie in der Lage sein, allein mit wissenschaftlichen Methoden zu entscheiden, welche Interpretation die richtige ist. Dies zeigt die Grenzen der Wissenschaft auf: Wenn es um die Interpretation wissenschaftlicher Erkenntnisse geht, kann die wissenschaftliche Methode nur bedingt Antworten liefern. Man muss sich hier anderer Mittel bedienen. Und selbst wenn man zu einer vernünftigen Interpretation kommt, die im Einklang mit den Messdaten ist, heißt dies noch lange nicht, dass es die richtige ist. Es könnte eine weitere Interpretation geben, die die Messdaten genauso gut oder sogar genauer beschreibt.

Selbst wenn man zu einer vernünftigen Interpretation kommt, die im Einklang mit den Messdaten ist, heißt dies noch lange nicht, dass es die richtige ist.

Eine weitere Sache fällt bei der Betrachtung dieser unterschiedlichen Interpretationen auf: Obwohl die Aussagen der Quantenmechanik, wie man es auch an der Kopenhagener Deutung sieht, nicht deterministisch wirken, ermöglichen die meisten alternativen Interpretationen ein deterministisches Weltbild. Viele Interpretationen sind bemüht, ein solches Weltbild zu erhalten. In einem deterministischen Weltbild ist alles vorherbestimmt, sogar die Prozesse im menschlichen Gehirn. Freier Wille (im Sinne einer echten libertarischen Freiheit) ist dieser Anschauung zufolge nicht gegeben.

Des Weiteren resultiert aus der Viele-Welten-Interpretation eine Anschauung, der zufolge jeder einzelne Mensch nichts Besonderes wäre, sondern nur eine von unzähligen anderen Varianten „seines" Lebens und im Grunde nur eine beliebig kurze Episode eines gigantischen Kopierprozesses. Getroffene Entscheidungen würden nichts Anerkennungswürdiges darstellen, da es reiner Zufall wäre, dass „man" sich in einem Universum vorfände, in welchem „man" diese Entscheidungen getroffen hätte. Mehr noch: Die personale Identität des menschlichen Subjekts – dass ich derselbe bin, durch die Zeit hindurch und damit durch sehr viele Ereignisse meines Lebens – wird hier fragwürdig.

Diese Interpretationen entstammen offensichtlich einem fatalistischen Weltbild, das zudem die objektive personale Identität des Ichs, wie sie unserem natürlichen Selbstverständnis entspricht, in Frage stellt. Dieses folgt nicht aus den wissenschaftlichen Daten, schließlich ist ja auch die Kopenhagener Deutung im Einklang mit diesen Daten. Sie entstammen eher aus der persönlichen Weltanschauung derer, die diese Theorien postulierten.

Der Vollständigkeit halber sei gesagt, dass es einige Interpretationen neben der Kopenhagener Deutung gibt, die einem indeterministischen Weltbild nicht widersprechen. Das *Free Will Theorem* von John Conway z. B. geht sogar so weit, unter gewissen Voraussetzungen den Teilchen ein Maß an freiem Willen zuzuordnen (Conway & Kochen 2006).

Verschiedene Weltanschauungen

Dieser Sachverhalt von unterschiedlichen, empirisch gleichwertigen Interpretationen einer Theorie lässt sich nicht nur auf einzelne wissenschaftliche Theorien anwenden, sondern auch auf die Deutung der Wissenschaft als Ganzes. Man spricht hier häufig von unterschiedlichen Weltanschauungen. Ersetzt man nämlich in unseren Betrachtungen die Erkenntnisse und Interpretationen der Quantenmechanik durch diejenigen der gesamten Wissenschaft, erhält man im Wesentlichen dieselbe Aussage: Auf der einen Seite stehen die wissenschaftlichen Fakten (also die reinen Messda-

ten), die innerhalb ihrer jeweiligen Unsicherheiten unumstößlich sind. Auf der anderen Seite gibt es eine Interpretation dieser Fakten. Diese kann stark von der eigenen Weltanschauung geprägt sein. Je mehr Relevanz diese Fakten für die entscheidenden Fragestellungen unserer Weltanschauungen haben, desto mehr ist dies der Fall. Insofern ist es wenig verwunderlich, dass sich, wie bereits festgestellt, eine fatalistische und deterministische Weltanschauung in den meisten Theorien wiederfindet, wenn man bedenkt, dass viele Wissenschaftler eine solche Weltanschauung teilen. Es sind jedoch weniger die wissenschaftlichen Fakten, die zu einer solchen Weltanschauung führen, sondern es ist vielmehr das Vorhandensein einer solchen Weltanschauung bei Forschern, das zu einer solchen Interpretation der Fakten führt. Die Vielfältigkeit unterschiedlicher Interpretationen der Quantenmechanik stellt somit eine Analogie zur Vielfältigkeit unterschiedlicher Weltanschauungen dar, die im Einklang mit den wissenschaftlichen Daten sind.

Es sind weniger die wissenschaftlichen Fakten, die zu einer solchen Weltanschauung führen, sondern vielmehr die Weltanschauung, die zu einer bestimmten Interpretation der Fakten führt.

Im Umkehrschluss bedeutet dies, dass es möglich sein sollte, Interpretationen der wissenschaftlichen Fakten zu finden, die im Einklang mit anderen Weltanschauungen sind. Auch ist zu erwarten, dass die richtige Weltanschauung zu einer Deutung der Fakten führt, die über die derzeitigen Theorien hinausgeht und weitere (empirisch gehaltvolle) Aussagen macht, anhand derer sie bestätigt werden kann.

Der Grund dafür, dass die Kopenhagener Deutung nach wie vor als Standard gilt, liegt darin, dass keine der alternativen Interpretationen einen Mehrwert in wissenschaftlichen Belangen liefert. Genauso kann von alternativen Theorien nicht erwartet werden, dass sie die bestehenden Theorien ersetzen, solange sie nicht mehr zutreffende Vorhersagen als diese machen, welche dann experimentell überprüft werden können.

Zusammenfassend zeigt dieser Sachverhalt der unterschiedlichen, empirisch gleichwertigen Interpretationen der Quantenmechanik erneut, dass es in der Wissenschaft mehrere Wege gibt, die Fakten zu interpretieren. Die Vorherrschaft einer Interpretation bedeutet nicht notwendigerweise, dass diese, geschweige denn das ihr zugrundeliegende Weltbild, die richtige ist. Genauso wie es unmöglich ist, auf wissenschaftlichem Wege eine eindeutige Interpretation der Quantenmechanik zu finden, ist es rein wissenschaftlich unmöglich die Weltanschauung einer geschaffenen bzw. einer zufällig entstandenen Welt zu widerlegen. Dies liegt jenseits der Grenzen der Wissenschaft. Es ist lediglich möglich, eine vorläufige, der Gesamtheit der Befunde am besten gerecht werdende Interpretation zu wählen.

Literatur

Aspect A (1999) Bell's inequality test: more ideal than ever. Nature *398*, 189–190. doi:10.1038/18296.

Conway J & Kochen S (2006) The Free Will Theorem, Found. Phys. *36*, 1441–1473. doi:10.1007/s10701-006-9068-6.

Dürr D, Goldstein S & Zanghí N (1992) Quantum equilibrium and the origin of absolute uncertainty. J. Stat. Phys. *67*, 843–907, doi:1007/BF01049004.

Einstein A (1905) Zur Elektrodynamik bewegter Körper. Annalen der Physik und Chemie, *17*, 891–921.

Einstein A (1915) Erklärung der Perihelbewegung des Merkur aus der allgemeinen Relativitätstheorie, Sitzungsberichte der Preußischen Akademie der Wissenschaften, 831–839.

Einstein A & Born M (1972) Briefwechsel 1916–1955. Rowohlt Taschenbuchverlag, Reinbek bei Hamburg, 97f.

Feynman R (1948) Space-time approach to non-relativistic quantum mechanics. Rev. Mod. Phys. *20*, 367–387.

Heisenberg W (1925) Über quantentheoretische Umdeutung kinematischer und mechanischer Beziehungen. Zeitschrift für Physik *33*, 879–893. doi:10.1007/BF01328377.

Heisenberg W (1979) Quantentheorie und Philosophie. Reclam, S. 55–56.

Planck M (1901) Ueber das Gesetz der Energieverteilung im Normalspectrum. Annalen der Physik *309*, 3, 553–563. doi:10.1002/andp.19013090310.

Planck M (1943) Wege zur Physikalischen Erkenntnis, Reden und Vorträge, *1*. Leipzig, S. Hirzel.

Schrödinger E (1926) Quantisierung als Eigenwertproblem. Annalen der Physik *79*, 361, 489; *80*, 437 und *81*, 109.

Shimony A (2004) Bell's Theorem. In: Zalta EN: The Stanford Encyclopedia of Philosophy, Stanford.

Struyve W (2004) The De Broglie-Bohm pilot-wave interpretation of quantum theory. arXiv:quant-ph/0506243.

Tegmark M (2009) Many Worlds in Context. arXiv:0905.2182.

Anschrift des Verfassers:
Josua Göcking,
Rosenbergweg 29, 72270 Baiersbronn
E-Mail: Josua.Goecking@sci-faith.de

Die Schöpfung als Vorbild: sich selbst einbohrende Samen

Einige nicht miteinander verwandte Pflanzen besitzen eine erstaunliche Vorrichtung für eine Selbsteinpflanzung ihrer Samen. Der dafür erforderliche ausgeklügelte Bau von Grannen, Fruchtschnäbeln oder ähnlichen Einrichtungen muss mehrfach unabhängig entstanden sein. Nun haben Forscher einmal mehr die Schöpfung als Inspiration für eine technische Anwendung genommen und ebenfalls Gebilde konstruiert, die sich selbst ins Erdreich schrauben können.

Reinhard Junker

Abb. 1 Blüten des Reiherschnabels *(Erodium cicutarium)*. (Foto: R. Junker)

Auf Pionierböden, an Wegrändern oder in Weinbergen ist hin und wieder ein unscheinbares Pflänzchen mit hübschen rosa oder lila Blüten zu finden: der Reiherschnabel (*Erodium cicutarium*; Abb. 1). Als Pionier ist er kurzlebig und wird schnell von einer nachfolgenden Vegetation verdrängt. Seinen Namen verdankt der Reiherschnabel seiner Frucht, deren oberer Teil bei der Reife schnabelartig verlängert ist (Abb. 2). Der Reiherschnabel ist nächst verwandt mit dem Storchschnabel *(Geranium)*, hat aber gefiederte statt handförmig geteilte Blätter.

Abb. 2 Bei der Samenreife ist der obere Teil der Frucht zu einem langgestreckten, 5-teilgen Fruchtschnabel herangewachsen. (Foto: R. Junker)

Versteckt hinter den Kelchblättern befinden sich die Teilfrüchte, die im unteren Teil jeweils einen einzigen Samen umschließen. Wenn die Frucht reift, lösen sich die Teilfrüchte vom Fruchtboden ab und die unteren Teile ihrer Schnäbel beginnen sich zu spiralisieren. In diesen Abschnitten sind Cellulosefasern in verschiedenen Richtungen angeordnet; beim Austrocknen entstehen dadurch Spannungen, die zur Spiralisierung führen. Dabei kann sich dieser Teil des Schnabels bis zu 10-mal um sich selbst drehen (Abb. 3). Das obere Ende spiralisiert sich jedoch nicht, sondern krümmt sich nur leicht sichelförmig. Irgendwann lösen sich die Teilfrüchte dann als ganze und werden bis zu 0,5 m weit fortgeschleudert. Schließlich verhaken sie sich mit dem nicht spiralisierten Ende irgendwo und bleiben hängen (vgl. Evangelista et al. 2011). Bei feuchter Luft oder bei Benetzung (Regen) entrollt sich die Spirale wieder und wird kerzengerade. Bei Feuchtigkeit ist auch die Erde feucht genug, sodass sich der sa-

mentragende Abschnitt der Teilfrüchte beim Entspiralisieren leicht in den Boden hineinbohren kann. Der Reiherschnabel pflanzt sich also selbst in den Boden! Gegen die Bohrrichtung gerichtete borstige Härchen verbessern die Verankerung. Die nur leicht gebogene Griffelspitze dient als Widerlager. Es ist also wichtig, dass der obere Teil des Griffels relativ gerade bleibt. Den Vorgang der mehrfachen Drehbewegung kann man sehr leicht in einem kleinen Experiment nachahmen, indem man eine reife Teilfrucht am samentragenden Ende mit viel Wasser zwischen Daumen und Zeigefinger einklemmt.[1]

Die Idee der Selbsteinpflanzung ist unter den bedecktsamigen Blütenpflanzen mehrfach verwirklicht.

Interessanterweise ist die Idee der Selbsteinpflanzung mittels teilweise spiralisiertem Fruchtschnabel – oder teilweise spiralisierter Granne bei Gräsern – unter den bedecktsamigen Blütenpflanzen sogar mehrfach verwirklicht. Dasselbe Prinzip findet sich z. B. auch bei wildwachsenden Arten des Hafers (Abb. 4) oder in extremer Ausprägung beim Federgras (Abb. 5) – eines von ungezählten Beispielen für die Existenz eines frei in der Natur verteilten Baukastensystems.

Soweit ist das alles schon lange bekannt. Neuerdings haben nun aber findige Bioniker ein Auge auf die Reiherschnabelfrucht geworfen, um sich die darin verwirklichte Idee für die Aussaat von Pflanzen zunutze zu machen. Der Wissenschaftszweig der Bionik verbindet Biologie mit Technik. Es geht dabei um das Nachmachen von Konstruktionen der Lebewesen in der menschengemachten Technik. Was hat nun die spiralisierte, mit einem Samen beladene Reiherschnabelfrucht die Techniker gelehrt?

Hintergrund ist zum Beispiel das Problem der Aufforstung größerer Flächen, insbesondere in unwegsamem Gelände. Man kann zwar aus der Luft Samen ausstreuen (z. B. von der Kiefer), aber der Keimerfolg ist gering, da die meisten Samen auf der Erde liegenbleiben, wo sie durch das Ultraviolett des Sonnenlichts geschädigt oder von Vögeln gefressen werden. Unter diesen Umständen wäre es praktisch, wenn die ausgestreuten Samen rasch in den Boden eindringen könnten. Und hier kommt die Reiherschnabel-Frucht ins Spiel. Ein chinesisch-amerikanisches Forscherteam (Luo et al. 2023) ließ sich von der Reiherschnabel-Art *Erodium gruinum* inspirieren, um eine Selbsteinbohr-Einrichtung nachzubauen. Anders als beim natürlichen Vorbild bauten sie nicht nur *einen* Fortsatz, der sich bei Feuchtigkeit spiralförmig aufspreizt, sondern gleich drei davon. In kontrollierten Studien lag die Erfolgsquote des Eindringens in den Boden bei sehr guten 80 Prozent – deutlich höher als beim natürlichen Vorbild. Hier haben es die Bioniker geschafft, die Leistungsfähigkeit des natürlichen Vorbilds in einem für sie relevanten Parameter zu übertreffen. Dazu war natürlich ein enormer Einsatz an Planung und Steuerung bei der Herstellung erforderlich – mehr noch: Das verwendete Material haben sie nicht selbst hergestellt, sondern sie nutzten Eichenholz aus der Natur. Die Forscher weichten zunächst dünne Eichenholzstreifen durch Kochen mit Lauge und Natriumsulfit auf. Anschließend formten sie die Streifen, indem sie sie auf eine Schablone legten und die Holzfasern auf der Ober- und Unterseite unterschiedlich verformten, sodass sie sich beim Austrocknen einrollen und bei Befeuchtung wieder entrollen. Im Laufe der Zeit verformt sich der Samenträger zu einer Oberfläche, die wie eine Bohrkrone aussieht.

Abb. 3 Eine der fünf Teilfrüchte des Reiherschnabels hat sich im unteren Teil bereits von der Mittelsäule (= Fruchtachse) gelöst. Der samentragenden Basis (rechts) folgt ein spiralisierter unterer und ein nicht spiralisierter oberer Teil des Fruchtschnabels. Zum Schluss löst sich die Teilfrucht komplett und wird bis zu 0,5 m weit fortgeschleudert. (Foto: R. Junker)

Abb. 4 Reife Früchte mit teilweise spiralisierten und abgeknickten Grannen des Flug-Hafers *(Avena fatua)*. (Kostka Martin, CC0 1.0)

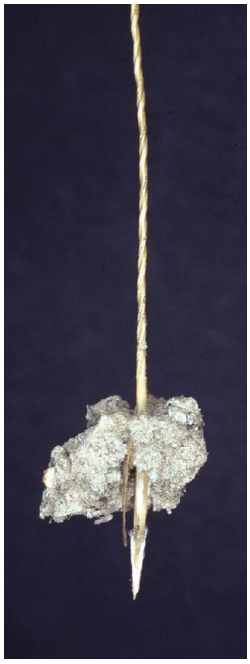


Abb. 5 Unterer Teil der spiralisierten Granne des Federgrases. Das spitze Ende mit der Frucht und dem eingeschlossenen Samen steckte in der Erde (hier grau), die durch Ziehen an der Granne herausgerissen wurde. (Foto: R. Wiskin)

Abb. 6 Künstliche Selbsteinbohr-Einrichtung mit ausgekeimtem Samen, von der Forschergruppe um Luo (2023) entwickelt und hergestellt. (Foto: Carnegie Mellon University, mit freundlicher Genehmigung von Lining Yao)

Das verwendete Material haben die Forscher nicht selbst hergestellt, sondern sie nutzten Eichenholz aus der Natur.

Die Forscher ließen sich dabei von folgenden „Design-Kriterien" leiten: 1. Ihr Produkt sollte sowohl auf ebenem als auch auf unwegsamem Gelände robust funktionieren. 2. Die Gesamtgröße und andere geometrische Faktoren sollten so einstellbar sein, dass sie eine Vielzahl von Samen von Kulturpflanzen und einheimischen Pflanzen aufnehmen können. 3. Die verwendeten Materialien sollten biologisch abbaubar sein. Und 4. sollte der Herstellungsprozess einfach und zugänglich sein.

Die künstlich hergestellten spiralisierten Grannen können mit unterschiedlicher Fracht versehen werden: Den Samen können auch eine Düngemittelschicht und nützliche Pilze beigegeben werden, was die Überlebenschancen weiter erhöht, oder sie können mit nützlichen Symbionten wie speziellen Pilzen oder Fadenwürmern beladen werden.

Ob die künstlich hergestellten Grannen als wirksames Instrument für Landbewirtschafter eingesetzt werden können, steht allerdings noch nicht fest. Denn die Herstellung erfolgt bisher mühsam per Hand und müsste automatisiert werden, um effizient zu sein. Noch besser wäre es, einen Selbstaufbaumechanismus zur Verfügung zu haben. Das allerdings ist den genial designten lebendigen Vorbildern vorbehalten und daran wird sich auch in Zukunft sehr wahrscheinlich nichts ändern.

Anmerkung

1 Anschauliche Darstellungen des gesamten Vorgangs der Einbohrung der Samen in den Boden findet man z. B. in einer Zeitraffer-Aufnahme unter https://en.wikipedia.org/wiki/File:Redstem-Filaree-Seed-Drills-into-Soil.webm oder unter https://www.youtube.com/watch?v=TOJG5mF6OLs.

Literatur

Evangelista D, Hotton S & Dumais J (2011) The mechanics of explosive dispersal and self-burial in the seeds of the filaree, *Erodium cicutarium* (Geraniaceae). J. Exp. Biol. *214*, 521–529.

Luo D et al. (2023) Autonomous self-burying seed carriers for aerial seeding. Nature *614*, 463–470.

Betrieben Neandertaler Gesundheitsfürsorge?

Spikins und Kollegen (2018) untersuchten archäologische Hinweise, die zeigen, wie weit verbreitet eine typisch menschliche gesundheitliche Versorgung von Gruppenmitgliedern bei Neandertalern war. Es gibt fossile Hinweise auf bei Neandertalern verheilte Verletzungen, welche mit Sicherheit nur dank einer Versorgung durch Gruppenmitglieder überstanden werden konnten. Auch die Praxis der Bestattung unter Neandertalern ist mittlerweile gut belegt und liefert starke Indizien für eine Fürsorge im Leben wie im Tod.

Benjamin Scholl

Einleitung

Die Frage nach der Gesundheitsfürsorge der Neandertaler im Umgang miteinander war und ist unter Wissenschaftlern stark von evolutionären Deutungen beeinflusst (vgl. Spikins et al. 2018). Allerdings nimmt in jüngerer Zeit die Zahl der Forscher zu, die einige Genesungen von erkrankten oder verletzten Neandertalern als Hinweise auf soziale Fürsorge unter diesen frühen Menschen und damit als „aktive Pflege" ansehen (ebd.). Mit solchen Neandertaler-Fos-

silien haben sich Spikins et al. (2018) genauer beschäftigt und dabei viele Fälle von Gesundheitsfürsorge bei Neandertalern nachgewiesen.

Beispiele für Gesundheitsfürsorge bei Neandertalern

Ein berühmtes Beispiel für Gesundheitsfürsorge ist der Neandertaler Shanidar 1 aus dem Irak (Spikins et al. 2018; vgl. Pomeroy et al. 2020). Dieser Neandertaler überlebte bis ins hohe Alter trotz massiver Einschränkungen hinsichtlich Fortbewegung, Beweglichkeit der Hand und Wahrnehmungsfähigkeit infolge massiver Verletzungen. Diese Umstände machten eine tägliche Versorgung des Individuums notwendig (Spikins et al. 2018). Spikins et al. (2018, 386) führen weiter aus: „[V]iele andere Neandertaler zeigen Anzeichen für eine Erholung von schweren Verletzungen" (vgl. Sala et al. 2015, Table S1). Besonders eindrucksvoll ist die Tatsache, dass Verletzungen an Fossilfunden von Neandertalern über die ganze Zeitepoche dieser Frühmenschen (ca. 300.000 bis 30.000 rJ; rJ = radiometrische Jahre) nachgewiesen werden können (Spikins et al. 2018).

Das Überleben von Traumata bei Neandertaler-Fossilien findet sich über ihre ganze Existenzdauer. Bei dokumentierten Fällen sozialer Fürsorge bei schweren Erkrankungen handelt es sich also nicht um Einzelfälle.

Tatsächlich konnte bei vielen Neandertalern nachgewiesen werden, dass sie schwere Erkrankungen oder Verletzungen überlebt haben (Spikins et al. 2018, 388): La Ferrassie 1 und 2 sowie Tabun 1 erholten sich von Brüchen der Beinknochen. Shanidar 3 überlebte einen Bruch bzw. eine Verstauchung des rechten Fußes mit der Folge einer Arthrose (degenerativer Gelenkverschleiß) sowie einer Verletzung der neunten Rippe durch ein Projektil eines menschlichen Angriffs (vgl. ebd.; Pomeroy et al. 2020). Neandertaler 1 (Feldhofer), Krapina 180 und La Quina 5 haben Armverletzungen überstanden, die wohl ihr Überleben ohne fremde Hilfe unmöglich machten. Kiik-Koba litt unter einer Versteifung der Wirbelsäule, und La Chapelle aux Saints 1 hatte schwere Osteoarthritis – beides schränkte sicherlich die Beweglichkeit ein. St. Césaire 1 und Krapina 37 überlebten Schädelbrüche. Aubesier 11 und Guttari 1 litten nicht nur unter Zahnlosigkeit, sondern auch an schweren Entzündungen. Beides machte wahrscheinlich die Hilfe anderer Neandertaler bei der Lebensbewältigung erforderlich.

Ein besonders eindrückliches Beispiel für einen Pflegebedürften ist La Chapelle-aux-

Abb. 1 Spikins und Kollegen (2018) konnten zeigen, dass Neandertaler in der Gesundheitsfürsorge unter Gruppenmitgliedern tätig waren. Dieser rekonstruierte Neandertaler in einem Arztkittel würde heute wahrscheinlich nicht sonderlich auffallen. (bearbeitet nach Adobe Stock)

Abb. 2 Die beiden Neandertaler La Ferassie 1 und La Chapelle aux Saints 1 mussten jeweils von ihrer Gruppe aufgrund schwerer gesundheitlicher Probleme lange intensiv gepflegt worden sein. (Fotos: Markus Sujata; Christian Dreber)

Saints 1 (Spikins et al. 2018, 389f). Der zahnlose Neandertaler litt an verschiedenen schwerwiegenden Erkrankungen (z. B. starke Knochenentzündung, Kiefergelenksarthrose und weitere Entzündungsprozesse). Da er mit seinen Erkrankungen lange Zeit überlebte, muss er wohl gut von seiner Gruppe versorgt worden sein – was Hygiene, Nahrungsversorgung, Umlagerung und Fieberkontrolle betraf. Und das, obwohl der Gruppe sicherlich bewusst war, dass er keinen großen Beitrag zum Überleben der Gruppe leisten konnte – insbesondere in seinem letzten Lebensjahr. Außerdem wurde er nach seinem Tod „sorgfältig" und mühevoll begraben (ebd., 389f; vgl. Condemi & Savatier 2020, 198f; Rendu et al. 2013).

Auch der Neandertaler La Ferassie 1 war bereits früher einmal von einer Fraktur am großen Rollhügel des rechten Oberschenkelknochens genesen und hatte wohl damals schon Pflege erhalten. Später stand es aber noch ernster um ihn: Er hatte nach konservativer Schätzung mehrere Abszesse in Zahn- und Kieferregion sowie weitere Erkrankungen (z. B. eine Entzündung der Knochenhaut an mehreren Knochen). Somit war er in den letzten ca. 2–14 Lebensmonaten in allen Alltagsbereichen schwer eingeschränkt, sodass er von den Gruppen völlig abhängig war und vielfältig gepflegt werden musste. Auch er wurde begraben (Spikins et al. 2018, 390; vgl. Balzeau et al. 2020, 7).

Schlussfolgerungen zum Pflegeverhalten der Neandertaler

Den Autoren um Spikins zufolge spricht eine so intensive Pflege wie bei den beiden letztgenannten Neandertalern dagegen, dass man hier aus purer Nutzenmaximierung ein Gruppenmitglied deshalb gepflegt hätte, weil es aus evolutionärer Perspektive „nützlich" für die Gruppe war (ebd., 390). „Ihre Fürsorge konnte kein anderes Ziel haben, als praktische und emotionale Unterstützung zu leisten, um den Übergang zum Sterben zu erleichtern." (ebd.) Somit handelt es sich um einen Nachweis für echten Altruismus (Hilfe ohne Gegenleistung) bei Neandertalern – eine Verhaltensweise, die bei Affen äußerst selten und bei heutigen Menschen äußerst häufig und typisch ist (vgl. Scholl 2018).

Spikins et al. (2018, 393) sehen weitere Belege bei den hohen Heilungsraten bei Neandertalern. Sie setzten wohl auch Zahnstocher bei Zahnentzündung sowie ggf. pflanzliche Medizin ein. Pappelreste zwischen den Zähnen des Neandertalers von El Sidrón, der einen Zahnabszess hatte, könnten ein Hinweis auf den Gebrauch von Schmerzmitteln (Salicylsäurederivate) sein (ebd.). Auch gefundene Reste von

Die Fürsorge der Neandertaler „konnte kein anderes Ziel haben, als praktische und emotionale Unterstützung zu leisten, um den Übergang zum Sterben zu erleichtern".

Teer oder Ocker könnten eventuell medizinisch gebraucht worden sein (ebd.). Insgesamt sehen die Autoren somit starke Belege dafür, „dass Menschen mit Verletzungen und Beeinträchtigungen unterstützt und versorgt wurden, oft mit erheblichem Aufwand, Geschick und Wissen." (S. 394) Neandertaler kooperierten hinsichtlich Nahrungsbeschaffung, Jagd, Kinderbetreuung und Gesundheitsfürsorge. Dies spricht für feste soziale Bindungen und gegenseitige Opferbereitschaft (S. 395).

Neandertaler kümmerten sich auch um ihre Kinder, da sie verstorbene Säuglinge nicht einfach „entsorgten", sondern bestatteten (Spikins et al. 2018, 396). Es gibt mehrere Beispiele für Bestattung von Kindern und Säuglingen; darauf weisen die (entsprechende) Körperstellung, ausgehobene Gräber, Steinplatten sowie wahrscheinliche Grabbeigaben – wie ein Hirsch-Unterkiefer oder ein Feuerstein – hin (z. B. Amud, La Ferassie, Dederiyeh-Höhle; ebd.; vgl. Balzeau et al. 2020, 1).

Auch erwachsene Neandertaler wurden mit „komplexen und vielfältigen Bestattungspraktiken" beigesetzt. Des Öfteren wurden die Verstorbenen dabei bewusst auf oder unter Steinplatten platziert (Spikins et al. 2018, 396; vgl. Carbonell & Mosquera 2006, 158f; Sawyer & Deak 2008, 164; Rendu et al. 2013). Je nach Autoren ist von ca. 12, 30 oder 40 absichtlichen Bestattungen die Rede (ebd. sowie Willems 2014). Weitere Beispiele für wahrscheinliche Grabbeigaben oder „Weihgaben" sind Steinwerkzeuge (bei der Mehrzahl der Leichen) z. T. von hoher Qualität, Ziegenhörner (Teschik-Tasch), Stoßzähne aus Elfenbein (Le Roc-de-Marsal) und sogar roter Ocker (La Chapelle-aux-Saints) sowie der kunstvoll gefertigte Acheuléen-Faustkeil namens „Excalibur" des noch älteren Heidelberger Menschen (Sima de los Huesos) als Zeichen einer „Beerdigungs-Zeremonie" (Carbonell & Mosquera 2006, 158f; Condemi & Savatier 2020, 186f). Es wurde sogar eine Beigabe Blumen in Shanidar diskutiert (vgl. ebd.; Sawyer & Deak 2008, 164), für die Pomeroy et al. (2020) durch eine weitere belegte Beerdigung in unmittelbarer Nähe „starke Belege" gefunden haben.

Interessanterweise wird auch eine Bearbeitung der Knochen verstorbener (aber nicht getöteter) Neandertaler sowie Kannibalismus, der ebenso von *Homo sapiens* an manchen Orten praktiziert wurde, als ein Hinweis auf ein sym-

bolisches, rituelles Verhalten gedeutet (Radovčić et al. 2015; Sala et al. 2015, 2; Condemi & Savatier 2020, 201f, 236f; Frayer und Radovčić 2022).

Insgesamt schlussfolgern Condemi & Savatier (2020, 198f): „Wer noch daran zweifelt, dass die kognitiven Fähigkeiten des Neandertalers denen des *Sapiens* [modernen Menschen] ähnelten, den wird die Betrachtung des Bereichs der Bestattungen vollends überzeugen. Allgemein gesprochen, können die für einen Toten dargebrachten Gesten nichts anderes als in hohem Maße symbolisch sein. [...] Diese Gesten ergeben nur Sinn, wenn es eine kollektive Vorstellung gibt, die die Bemühungen rechtfertigt, dem Verstorbenen Ehrerbietung und Zuneigung zu erweisen und ihm auf seinem Weg ins Jenseits zu helfen. In Europa beginnt das Phänomen der Neandertalerbestattungen etwa 10.000 Jahre vor jeglichem Kontakt mit dem *H. sapiens*, vor etwa 50.000 [radiometrischen] Jahren."

Die Bestattungsrituale der Neandertaler sind in hohem Maße symbolisch und sprechen für eine kollektive Jenseits-Vorstellung.

Spikins et al. (2018, 397) kommen zu dem Ergebnis, dass Gesundheitsfürsorge und Bestattungen bei Neandertalern typisch sowie „organisiert, sachkundig und fürsorglich" waren. Sie schlussfolgern, dass Neandertaler mit uns heutigen Menschen das typische Mitgefühl und die Hilfsbereitschaft beim Leiden und Sterben nahestehender Menschen teilen.

Gegenseitige Fürsorge bei noch früheren Menschenformen

Interessant ist, dass Zusammenarbeit und die gegenseitige Fürsorge in der Gruppe sogar bei noch älteren Menschenformen nachgewiesen werden können. Seit ca. 1,3 MrJ (Millionen radiometrische Jahre) ist die gemeinsame Nahrungsbeschaffung durch eine kollektive, risikoreiche Jagd beim früheren *Homo erectus* belegt (Spikins et al. 2018, 394; vgl. Condemi & Savatier 2020, 152f). Ein *Homo erectus/ergaster* aus Olduvai (Tansania) wurde schon vor 1,6 MrJ „trotz starker Schmerzen und Bewusstlosigkeit aufgrund von Hypervitaminose A (Vitamin-A-Vergiftung) mehrere Wochen lang versorgt und vor Raubtieren geschützt" (vgl. Spikins et al. 2018, 394). Und wahrscheinlich kümmerte sich *Homo erectus* aus Dmanisi schon vor ca. 1,8 MrJ um ein zahnloses Gruppenmitglied (vgl. Scholl 2022). Aus der Zeit vor ca. 400.000 rJ gibt es

Abb. 3 Dieser zahnlose *Homo erectus* aus Dmanisi wurde wohl von seiner Gruppe versorgt. (Eigenes Foto)

gute Belege für das Praktizieren von Pflege bei Heidelberger Menschen aus Sima de los Huesos in Spanien: Es gab ein Kind mit Kraniosynostose (frühzeitiger Verschluss der Wachstumsfugen mit Schädeldeformation), das viele Jahre lang unterstützt wurde, ebenso wie einen älteren Mann, der aufgrund seiner degenerierten Hüfte nur unter großen Schmerzen und Schwierigkeiten gehen konnte (Spikins et al, 2018, 394).

Fazit aus Schöpfungsperspektive

Insgesamt zeigen diese Befunde von Spikins et al. (2018), dass Neandertaler (und auch schon frühere Menschenformen) sich fürsorglich um verletzte oder erkrankte Gruppenmitglieder kümmerten, wie dies bei heutigen Menschen typisch ist. Sie hatten sicherlich Mitgefühl füreinander, was über bloßen Eigennutz weit hinausging, und sie konnten sachkundige Pflege sowie rituelle Bestattungen Verstorbener durchführen. Vergleicht man dieses Verhalten mit heutigen Affen (vgl. Scholl 2018) wird klar, dass eine gewaltige verhaltensbiologische Kluft zwischen Menschenaffen und Menschen klafft – auch bei den frühesten Menschenformen.

Während evolutionäre Modelle die Herkunft dieser typisch menschlichen Verhaltensweisen nicht schlüssig erklären können, liefert das Schöpfungsmodell des erschaffenen Grundtyps Mensch im Bild eines intelligenten Schöpfers schlüssige Antworten über den Menschen als Beziehungswesen, der von Anfang an zu Liebe, Mitgefühl und Pflege fähig war (vgl. Scholl 2018; 2022).

Eine ausführlichere Version dieses Artikels findet sich hier: https://www.wort-und-wissen.org/artikel/fuersorge-neandertaler/.

Literatur

Balzeau A et al. (2020) Pluridisciplinary evidence for burial for the La Ferrassie 8 Neandertal child. Sci. Rep. *10*, 21230.

Carbonell E & Mosquera M (2006) The emergence of a symbolic behaviour: the sepulchral pit of Sima de los Huesos, Sierra de Atapuerca, Burgos, Spain. C. R. Palevol. *5*, 155–160.

Condemi S & Savatier F (2020) Der Neandertaler, unser Bruder (Beck Paperback) (German Edition) C.H. Beck. Kindle-Version.

Frayer DW & Radovčić D (2022) Rockshelter Discoveries Show Neandertals Were a Lot like Us. Scientific American, veröffentlicht am 01.02.2022, https://www.scientificamerican.com/article/rockshelter-discoveries-show-neandertals-were-a-lot-like-us/.

Pomeroy E et al. (2020) New Neanderthal remains associated with the 'flower burial' at Shanidar Cave. Antiquity *94*, 11–26.

Radovčić D, Sršen AO, Radovčić J & Frayer DW (2015) Evidence for Neandertal Jewelry: Modified White-Tailed Eagle Claws at Krapina. PLoS ONE *10*, e0119802, doi:10.1371/journal.pone.0119802.

Rendu W et al. (2013) Evidence supporting an intentional Neandertal burial at La Chapelle-aux-Saints. PNAS *111*, 81–86.

Sala N et al. (2015) Lethal Interpersonal Violence in the Middle Pleistocene. PLoS ONE *10*, e0126589, https://doi.org/10.1371/journal.pone.0126589.

Sawyer GJ & Deak V (2008) Der lange Weg zum Menschen. Lebensbilder aus 7 Millionen Jahren Evolution. Spektrum Akademischer Verlag Heidelberg.

Scholl B (2018) Affe = Mensch? Ein Überblick über verhaltensbiologische Unterschiede zwischen Affen und Menschen. W+W Special Paper B-18-1, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-18-1_affe-mensch.pdf.

Scholl B (2022) Homininen-Schädel: „Stolpersteine" des Grundtypmodells? Eine schöpfungstheoretische Deutung der Funde von Dmanisi. W+W Special Paper B-22-1, https://www.wort-und-wissen.org/artikel/homininen-schaedel/.

Scholl B (2023) Hatte *Homo erectus* eine verkürzte Kindheit ähnlich derjenigen der Menschenaffen? W+W Special Paper B-22-3 (in Vorbereitung).

Spikins P, Needham A, Tilley L & Hitchens G (2018) Calculated or caring? Neanderthal healthcare in social context. World Archaeology *50*, 384–403.

Willems W (2014) Neandertaler bestatteten ihre Toten – doch warum? welt.de, veröffentlicht am 19.01.2014, https://www.welt.de/wissenschaft/article123994995/Neandertaler-bestatteten-ihre-Toten-doch-warum.html.

Ist ohne Gott alles erlaubt?

Ein Argument für die Existenz Gottes aus der Moral

Ohne Gott ist alles erlaubt, sagen die einen. Andere widersprechen energisch. Was stimmt? Und was ist mit diesem Satz überhaupt gemeint? Was ist die letzte Grundlage von Moral? Und kann man aus unserer Erfahrung, dass es gut und schlecht, richtig und falsch gibt, auf die Existenz Gottes schließen?

Markus Widenmeyer

„Wenn es keinen Gott gibt, ist alles erlaubt", schrieb sinngemäß Dostojewski.[1] Dieser Satz leuchtet vielen Menschen intuitiv ein, sowohl Theisten als auch Atheisten. Dennoch ist er alles andere als konsensfähig. So sagte der atheistische Philosoph Herbert Schnädelbach: „Ein Kollege hat angeregt, diesen Satz auf die Liste der dümmsten philosophischen Sprüche zu setzen. Und zwar ganz oben. Er ist wirklich absurd. Denn das Dumme ist, selbst wenn es Gott nicht geben sollte, darf ich nicht bei Rot über die Ampel fahren, Steuern hinterziehen oder meine Frau schlagen […]."[2]

Ist Moral ein Produkt der Menschheit?

Aber hat Schnädelbach wirklich das getroffen, was Dostojewski meinte? Das Problem ist, dass Wörter wie „dürfen" oder „sollen" vieldeutig sind. Warum „darf" ich z. B. nicht über die rote Ampel fahren? Eine mögliche Antwort ist, dass eine staatliche Übermacht Regeln erlassen hat und gleichzeitig die Macht besitzt, ihre Untertanen dazu zu bringen, diese Regeln (im Großen und Ganzen) einzuhalten.

Jedoch kann das, was in einer bestimmten kulturellen Epoche erlaubt oder verboten ist, wohl kaum bestimmend dafür sein, was *wirklich* moralisch erlaubt, geboten oder verboten ist. So war es im alten Rom erlaubt, Sklaven zu halten, die praktisch keine Rechte hatten. Der Familienvater, der „pater familias", hatte damals unter bestimmten Umständen das Recht, über Leben und Tod seiner Frau und seiner Kinder zu bestimmen – und über das seiner Sklaven sowieso. Es wurde zwar versucht, die Auffassung, dass die Gesellschaft in irgendeiner Weise Ursprung der Moral ist, zu verfeinern (wie z. B. in den ver-

schiedenen Ausprägungen der *Diskursethik*).[3] Solche Ansätze greifen aber dann doch wieder unterschwellig auf universelle (allgemeingültige) Normen zurück, die kein Produkt des Menschen sein können – oder der eigentliche moralische und verbindliche Charakter wird nicht greifbar.

Moralische Prinzipien gelten prinzipiell unabhängig davon, was Menschen meinen, fühlen oder denken. In dieser Hinsicht ähneln sie Naturgesetzen.

Dies stellt somit einen wesentlichen Gesichtspunkt wirklicher Moral dar, den man „Objektivität" nennen kann: Moralische Prinzipien gelten prinzipiell unabhängig davon, was Menschen meinen, fühlen oder denken und unabhängig von den gesellschaftlichen Gegebenheiten. In dieser Hinsicht ähneln sie Naturgesetzen. Auch die Schwerkraft wirkt unerbittlich auf uns, egal was wir Menschen über sie denken.

Ist Moral ein Naturprodukt?

Wenn Moral kein eigentliches Produkt der Menschheit ist, kann man fragen: Könnte sie ihren Ursprung in der Natur und z. B. einer mutmaßlichen Evolutionsgeschichte haben? Wohl kaum. Ein wichtiger Punkt ist nämlich, dass die Natur und natürliche Prozesse nicht *normativ* (d. h. als Richtschnur oder Norm dienend) sind, d. h. sie drücken kein Sollen aus. Naturwissenschaftliche Erkenntnisse können aussagen, was (unter definierten Umständen) der Fall *ist*, aber niemals, was der Fall *sein soll*. Andernfalls erliegt man einem *naturalistischen Fehlschluss*, also vereinfacht gesagt, dem ungültigen Schluss von einem bloßen Sein auf ein Sollen („Sein-Sollen-Fehlschluss").[4] So können Biologen beispielsweise vielleicht sagen, welche Eigenschaften einer Art für ihr Überleben notwendig oder förderlich sind. Oder Verhaltensbiologen können etwas dazu sagen, was der Vorteil davon ist, wenn Menschen bestimmte moralische *Überzeugungen* haben und danach handeln (wenn man davon absieht, dass Überzeugungen als solche nichts Physisches sein dürften). Aber Biologen können nicht zeigen, dass das Überleben einer Art etwas wirklich *objektiv Gutes* ist. Und sie können nicht zeigen, dass die moralischen Überzeugungen, die wir Menschen haben, wirklich *gerechtfertigt* und *wahr* sind. Es gibt also gute Gründe dafür, dass weder der Mensch noch die Natur die Quelle einer solchen objektiven, universell geltenden Moral sein können.

Bild: AdobeStock

Das sehen auch immer mehr Philosophen so. Zum Beispiel schreibt Eve-Marie Engels (2002, 345): „Eine evolutionäre Ethik kann nicht die Funktion einer normativen Ethik oder Metaethik erfüllen."[5]

Moralischer Realismus

Manche schließen aus der Problematik, die sich aus dem Spannungsfeld „Evolution und Ethik" ergibt, dass es objektive Moral schlicht nicht gibt. So schreiben zum Beispiel Edward O. Wilson und Michael Ruse (1986): „Menschen funktionieren besser, wenn sie von ihren Genen dahingehend betrogen werden zu glauben, dass es eine objektive Moral gibt." Dann wäre in der Tat im Sinne Dostojewskis „alles erlaubt", weil Moral dann sozusagen nur (für subjektive Zwecke) *nützlich,* aber nie *wahr* wäre.

Damit wollen sich aber heute auch viele atheistisch oder agnostisch gesonnene Philosophen nicht abfinden. So schreibt David Enoch (2007, 21): „Es gibt nichtnatürliche, nicht auf etwas anderes zurückführbare normative Wahrheiten, unabhängig davon, wie wir auf sie reagieren, vollkommen universell und objektiv, die wir, wenn wir erfolgreich nach ihnen suchen, viel eher entdecken als erzeugen oder konstruieren."

Und der atheistische Philosoph Walter Sinnott-Armstrong (2009, 92–93) schreibt: „Als der T-rex [sic!] herrschte, gab es noch keine Personen, die vergewaltigen oder vergewaltigt werden könnten, aber es war dennoch wahr, dass Personen keine anderen Personen vergewaltigen dürfen. Ein solches moralisches Prinzip kann wahr sein auch zu Zeiten, wo niemand da ist, den es betreffen könnte."

Man nennt diese Auffassung, die übrigens heute zu den weit verbreiteten Auffassungen der philosophischen Ethik zählt, „moralischer Realismus“ (vgl. Brandhorst 2017), weil sie von einer objektiven Moral als einer Realität „da draußen“ ausgeht. Für die meisten zeitgenössischen moralischen Realisten hat objektive Moral ihren Ursprung aber nicht in Gott. So bezeichnet z. B. der moralische Realist (und Atheist) Erik Wielenberg (2014, 36) seine Auffassung ausdrücklich als „gottlosen moralischen Realismus“. Was ist dann der Grund und Ursprung der Moral? Nichttheistische moralische Realisten postulieren hierfür typischerweise ewig und notwendig existierende transzendente Objekte, völlig entrückt von Raum und Zeit, und entsprechend völlig unabhängig von allen anderen Dingen existierend. Man nennt solche Objekte in der Philosophie auch oft „abstrakte“ oder „platonische Objekte“ (siehe z. B. Johnson 2021, 13). Anders als Gott sind diese transzendenten Objekte aber nichtgeistig bzw. nichtpersonal: Sie können nicht sehen, denken, fühlen, wollen, sie verfügen über keine Logik und Sprache.

Aber diese Sicht leidet an mindestens zwei gewaltigen Schwierigkeiten. Die erste (und in der Fachliteratur vielfach angesprochene) Schwierigkeit ist erkenntnistheoretischer Art: Wenn moralische Tatsachen ihre Quelle in solchen transzendenten Objekten hätten, ist nicht zu erkennen, wie wir Menschen von ihnen wissen könnten. Diese transzendenten Objekte sind ja völlig von unserer Welt geschieden. Und anders als Gott verfügen sie nicht über Intelligenz, Sprache und Logik, sodass sie auch nicht mit uns kommunizieren könnten. In einem nicht-theistischen Kontext müsste man annehmen, dass unsere menschlichen moralischen Überzeugungen nicht von diesen transzendenten Objekten informiert wurden, sondern doch wieder ein Produkt eines blinden, unpersönlichen und natürlichen Evolutionsprozesses wären. Sie wären dann tatsächlich eine Illusion (Johnson 2015, 367).

Moral hat ihren Grund in etwas Personalem

Die zweite Schwierigkeit ist ontologischer Art: Wesentliche Merkmale des Moralischen deuten darauf hin, dass Moral einen geistigen Ursprung hat. Stellen wir uns vor, es gäbe jene transzendenten Objekte, die dann die gesamte moralische Information dieser Welt (also welche Dinge erlaubt, geboten oder verboten sind) in irgendeiner Form beinhalten müssten. Darin müsste dann auch weitreichende Information über diejenigen Dinge enthalten sein, die moralisch relevant sind; das sind z. B. Lügen, Liebe, Hilfsbereitschaft, Hass, Gerechtigkeit, menschliche Beziehungen, Großzügigkeit oder Morde aus Habsucht. Es erscheint aber absurd anzunehmen, dass „blinde“, unpersönliche, nichtgeistige Objekte solche Informationen besitzen könnten – und das grund- und ursachenlos und von Ewigkeit her, sozusagen vor Grundlegung der Welt.[6] Dabei müssten die dort abgebildeten Sachverhalte in sich sinnvoll sein und auch genau auf diejenigen in der später entstehenden Welt passen und Mark Linville (2021, 180) fragt hier zurecht: „Haben wir die kosmische Lotterie gewonnen?“

Weiterhin haben moralische Tatsachen typischerweise einen direkten oder indirekten Bezug auf Personen und soziale Zusammenhänge. Wäre die Grundlage der Moral aber etwas Unpersönliches, dann wäre dies ein seltsamer und höchst unwahrscheinlicher Zufall. Denn warum sind dann ausgerechnet Dinge (bzw. *Entitäten*) wie Lügen, Aufrichtigkeit, selbstloses Helfen oder Mord aus Habsucht moralisch relevant, nicht aber z. B. das Haben der Masse 12 kg, die Eigenschaft aus 17 Teilen zu bestehen, die Zahl 53 oder Neutronensterne? Der stark personale und soziale Charakter des Moralischen spricht unmittelbar dafür, dass Moral ihren Ursprung in (mindestens) einer Person hat, nicht in irgendwelchen blinden, unpersönlichen Objekten.

Der stark personale und soziale Charakter des Moralischen spricht unmittelbar dafür, dass Moral ihren Ursprung in einer Person hat, nicht in irgendwelchen blinden, unpersönlichen Objekten.

Dazu kommt, dass das Moralische eine Autorität ausdrückt – und zwar eine absolute, maximal denkbare Autorität. Denn für unser Handeln sollen im Konfliktfall moralische Gründe immer über anderweitige Gründe (wie Eigennutz) den Ausschlag geben – wenn wir denn wirklich nach dem handeln wollen, was moralisch *richtig* ist. Es ist aber höchst unklar, wie blinde, unpersönliche Objekte eine solche Autorität darstellen könnten und wie sie unserem Handeln wirklich Orientierung geben könnten. Unpersönliche Objekte sind, anders als Personen, stets *gleichgültig* gegenüber dem, was Personen tun und lassen.

Wir sind also berechtigt zu sagen: Wenn es objektive Moral gibt, dann gibt es auch einen personalen übermenschlichen und übernatürlichen und damit göttlichen Ursprung dieser Moral, denn weder die Menschheit noch die Natur und auch nicht abstrakte Objekte sind

gute Kandidaten für diesen Ursprung. Aber gibt es objektive Moral?

Auch wenn das heute viele (auch atheistische) Philosophen bejahen, leugnen es auch viele Menschen (darunter auch nicht wenige Philosophen). Nur kann man vermutlich kaum jemanden finden, der dies konsequent durchhält. Angesichts vieler Gräueltaten der Menschheitsgeschichte – denken wir z. B. nur an Grausamkeiten zum Vergnügen, wie sie u. a. in den KZs der Nazis verübt wurden – nehmen doch wohl fast alle Menschen wahr, dass es nicht nur eine Frage des Geschmacks oder eine kulturelle Eigenheit ist, diese Dinge wirklich als moralisch abscheulich anzusehen (z. B. Copan 2013, 145). Sie sind vielmehr *wirklich und objektiv* moralisch abscheulich. Sie wären auch dann moralisch abscheulich, wenn man alle Menschen durch eine spezielle Droge dazu bringen könnte, sie plötzlich als moralisch richtig anzusehen. Dieser objektive Aspekt von Moral, den wir in manchen Situationen wahrnehmen, ist somit völlig unabhängig von der subjektiven persönlichen oder gesellschaftlich geprägten Wahrnehmung.

Spätestens wenn Menschen sich selbst als Opfer von Unrecht sehen, lassen sie die These, objektive Moral sei eine Illusion, rasch fallen. Moralisch empörte Menschen gehen in der Regel fest davon aus, dass sie *zu Recht* empört sind, weil sie z. B. *tatsächlich falsch* behandelt wurden. Außerdem gehen sie normalerweise davon aus, dass jeder, der rational und unvoreingenommen ist, zum selben Ergebnis kommen sollte wie sie.

Damit können wir unseren Schluss ziehen:

1. Wenn es objektive Moral gibt, dann muss es auch eine personale übernatürliche und übermenschliche, d. h. göttliche Ursache geben.
2. Es gibt objektive Moral.

Konklusion: Es existiert eine personale göttliche Ursache.

Diese Thematik wird vertieft in dem Buch „Moral ohne Gott?“ (Widenmeyer 2022).

Glossar

Agnostiker halten die Existenz göttlicher Wesen für nicht geklärt oder nicht klärbar.

Atheisten glauben nicht an die Existenz göttlicher Wesen.

Theisten glauben an einen einzigen Schöpfergott (Monotheismus).

Anmerkungen

1 Siehe auch: Baggini (2011, 181) Ist ohne Gott alles erlaubt? In: Die großen Fragen der Ethik, https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-642-36371-9_19 (abgerufen am 03.02.2023).

2 Herbert Schnädelbach, zitiert nach https://www.deutschlandfunk.de/moral-ist-alles-erlaubt-wenn-es-keinen-gott-gibt-100.html (abgerufen am 25.01.2023).

3 Eine kritische Würdigung z. B. in Widenmeyer (2022), Kapitel 4, Abschnitt 4.

4 Es gibt unterschiedliche Verständnisse, wann man einen naturalistischen Fehlschluss begeht, z. B. wenn man einen genuin moralischen Ausdruck wie „gut“ überhaupt zu definieren vorgibt oder wenn man „gut“ als eine natürliche Eigenschaft auffasst (siehe z. B. Schaber [2002], S. 437 f.).

5 Die Metaethik behandelt grundsätzliche, vorgelagerte Fragen der Ethik wie z. B. nach dem Ursprung der Moral oder nach den Bedingungen für die objektive Gültigkeit moralischer Normen, während die normative Ethik konkrete ethische Fragen zu beantworten versucht wie z. B. „Ist Abtreibung in jedem Falle moralisch falsch?“.

6 Eine ausführliche Diskussion der Gründe, warum Moral einen geistigen bzw. personalen Ursprung haben muss, findet sich in Widenmeyer (2022), Abschnitt 5.3.

Literatur (Auswahl)

Brandhorst M (2017) Ethik: Normativer Realismus. Information Philosophie *4*, 22–35.

Copan P (2013) Argumente, denen zufolge religiöse Überzeugungen falsch sind. In: Irlenborn B & Koritensky A (Hg.) Analytische Religionsphilosophie, WBG Darmstadt, S. 144–154.

Engels EM (2002) Evolutionäre Ethik. In: Düwell M, Hübenthal C & Werner MH (Hrsg.) Handbuch Ethik. J.B. Metzler. Weimar, S. 341–346.

Enoch D (2007) An Outline of an Argument for Robust Metanormative Realism. In: Shafer-Landau R (ed.) Oxford Studies in Metaethics Volume 2. Oxford University Press. Oxford, pp. 21–50.

Johnson AL (2015) Debunking Nontheistic Moral Realism: A Critique of Erik Wielenberg's Attempt to Deflect the Lucky Coincidence Objection. Philosophia Christi *17*, 353–367.

Johnson AL (2021) Introduction. In: Craig WL, Wielenberg E & Johnson AL (ed.) A Debate on God and Morality - What is the Best Account of Objective Moral Values and Duties? Routledge. Tayler & Francis Group. New York, pp. 2–27.

Linville MD (2021) Darwin, Duties, and the Demiurge. In: Craig WL, Wielenberg E & Johnson AL (ed.) A Debate on God and Morality - What is the Best Account of Objective Moral Values and Duties? Routledge. Tayler & Francis Group. New York, pp. 166–184.

Ruse M & Wilson EO (1986) Moral Philosophy as Applied Science. Philosophy *61*, 173–192.

Schaber P (2002) Naturalistischer Fehlschluss. In: Düwell M, Hübenthal C & Werner MH (Hrsg.) Handbuch Ethik. J.B. Metzler. Weimar, S. 437–440.

Sinnott-Armstrong W (2009) Morality Without God. Oxford University Press. Oxford.

Widenmeyer M (2022) Moral ohne Gott? Eine Verteidigung der theistischen Grundlegung objektiver Moral. SCM Hänssler. Holzgerlingen.

Wielenberg E (2014) Robust Ethics. The Metaphysics and Epistemology of Godless Normative Realism. Oxford.

Asteroiden mit unerwarteten Ringen

Hinweise auf Kurzzeitphänomene im Sonnensystem

Unser Sonnensystem mit seinen Planeten, Monden, Asteroiden und Kometen ist immer wieder gut für Überraschungen. Und das, obwohl es seit Jahrzehnten sowohl von der Erde aus als auch mit Hilfe vieler Raumsonden intensiv erforscht wird. Oder vielleicht gerade deswegen? Von keinem anderen Teil des Universums liegen so detaillierte Beobachtungen vor. Passt ein Befund nicht zu den gängigen Vorstellungen über Entstehung und Beschaffenheit des Sonnensystems, spricht man von einer Anomalie. Astronomen versuchen, solche Anomalien durch Modellanpassungen zu erklären. Dies gelingt nicht immer. Ein besonders brisanter Fall ist der völlig unerwartete Befund, dass einige Asteroiden Ringe besitzen.

Peter Korevaar

Abb. 1 Künstlerische Darstellung vom Zwergplaneten Quaoar mit seinem Ring. (© ESA, CC BY-SA 3.0 IGO)

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Wer kennt ihn nicht: Den Saturn, den 6. Planeten in unserem Sonnensystem mit seinem eindrucksvollen Ringsystem (Abb. 2). Die Saturnringe sind sehr gut erforscht. Dennoch können die Astronomen nicht eindeutig die Fragen beantworten, wie alt die Ringe sind, woher sie stammen und wie lange es sie noch geben wird. Die Gezeitenwirkung* von Saturn sorgt dafür, dass Objekte, die dem Saturn zu nahekommen, auseinandergerissen werden. Insbesondere gilt dies für Objekte, die keine eigene Festigkeit aufweisen und nur durch die Eigengravitation zusammengehalten werden. Da die Saturnringe großenteils aus Wassereis bestehen, ist diese Erklärung für die Entstehung der Ringe plausibel, womit aber noch nicht die Frage beantwortet ist, woher die Eisbrocken kamen, die dann von Saturn zu Ringen umgewandelt wurden. Falls es sich um eingefangene Eisasteroiden handelt, ist es merkwürdig, dass Jupiter kein ähnliches Ringsystem besitzt, obwohl die Anziehungskraft von Jupiter deutlich größer ist als die des Saturns und obwohl Jupiter sich viel näher am Asteroidengürtel befindet.

Die Gasplaneten Jupiter, Uranus und Neptun besitzen ebenfalls Ringsysteme, diese sind jedoch im Vergleich zum Ringsystem von Saturn kaum ausgeprägt und nur mit Hilfe von leistungsstarken Teleskopen oder Raumsonden beobachtbar. Diese Ringsysteme bestehen nicht aus Wassereis, sondern aus dunklen Gesteinsbrocken. Es wird davon ausgegangen, dass es sich in allen drei Fällen um eingefangene Asteroiden handelt, die durch die Gezeitenwirkung zerkleinert wurden.

Ringe um Asteroiden

Dass die Gesteinsplaneten Merkur, Venus, Erde und Mars kein Ringsystem besitzen, erklärt man gemeinhin dadurch, dass ihre Schwerkraft zu gering ist, um Objekte einzufangen. Und falls das doch geschieht, wie bei den beiden

Mars-Monden Phobos und Deimos, befinden sich diese dann zu weit vom Planeten entfernt, sodass die Gezeitenwirkung nicht ausreicht, um sie auseinanderzureißen und dadurch einen Ring zu bilden.

Bis 2013 war man überzeugt: Die Gesteinsplaneten, Monde und Asteroiden können keine Ringe haben.

Bis 2013 schien damit alles zu den Ringsystemen gesagt zu sein. Dann entdeckte man, dass der Asteroid Chariklo (Abb. 3) zwei dicht nebeneinander liegende Ringe besitzt (Braga-Ribas et al. 2014) – mit Breiten von ca. 7 km bzw. ca. 3 km und mit Radien von 391 km bzw. 405 km. Damit hatte niemand gerechnet, da man wie oben erklärt, bis dahin generell davon ausging, dass nur große Planeten in der Lage sein sollten, Ringe zu bilden und stabil um sich zu halten. Chariklo hat einen Durchmesser von nur 248 km und die beiden Ringe befinden sich nahe der Roche-Grenze*. Innerhalb dieser Grenze ist die Gezeitenwirkung des zentralen Objektes stärker als die Eigengravitationswirkung von Satelliten. Dreht loses Material um das zentrale Objekt, wird es innerhalb der Roche-Grenze ringförmig um das zentrale Objekt verschmiert; außerhalb der Roche-Grenze klumpt es aufgrund der Eigengravitation zusammen. Hat das Material zusätzlich eine eigene Festigkeit, kann es auch innerhalb der Roche-Grenze zusammenbleiben.

Entdeckt haben die Wissenschaftler die Ringe nicht direkt, denn selbst die leistungsfähigsten Teleskope können sie in der großen Entfernung nicht optisch erfassen. Stattdessen nahmen sie Sternbedeckungen zu Hilfe: Dabei wurden mit Teleskopen die Helligkeitsschwankungen von Sternen erfasst, während Chariklo an ihnen vorbeizog.

Aus Spektralanalysen während der Sternbedeckung wird abgeleitet, dass die Ringe von Chariklo zumindest teilweise aus Wassereis bestehen, genau wie die Saturnringe. Die Ringe von Chariklo sind allerdings nicht stabil. Durch Kollisionen der Ringtrümmer untereinander diffundieren die Ringe auf einer Zeitskala von einigen Tausend Jahren. Eine längere Lebensdauer wäre nur möglich, wenn ein weiteres Objekt in größerer Entfernung um Chariklo mit einer Masse vergleichbar zur Gesamtmasse der Ringe kreiste. Ein solches Objekt ist aber bislang nicht beobachtet worden. Verschiedene Entstehungsszenarien für die Ringe werden diskutiert, die mit Einschlägen auf Chariklo zusammenhängen. Solche Einschläge müssen mit einer Geschwindigkeit von weniger als 0,1 km/s erfolgt sein, da das Auswurfmaterial aufgrund der geringen Anziehungskraft von Chariklo sonst entweichen würde, statt einen Ring zu bilden.

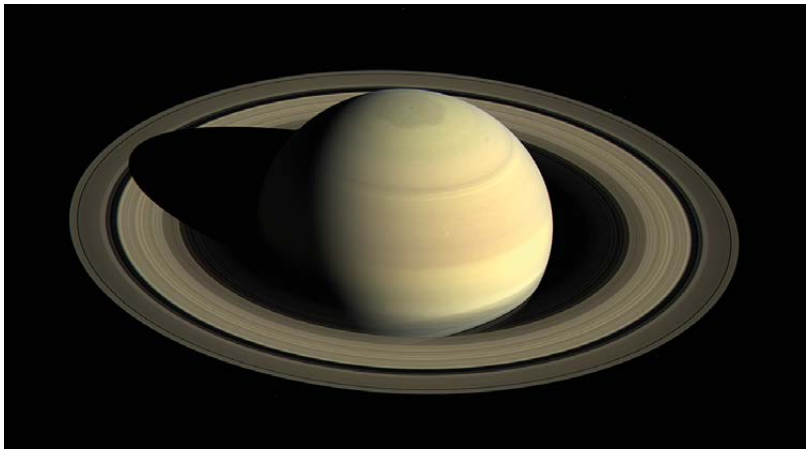


Abb. 2 Darstellung des Saturns mit seinen Ringen. (NASA/JPL-Caltech/SSI, CC0)

Es blieb aber nicht bei diesem einen Fund. Ein Jahr später stellte man fest, dass der Asteroid Chiron mit hoher Wahrscheinlichkeit ebenfalls einen Ring besitzt (Ortiz et al. 2015). Chiron ist etwas kleiner als Chariklo. Chiron und Chariklo gehören beide zu einer speziellen Gruppe von Asteroiden, den Zentauren, die sich zwischen Saturn und Neptun bewegen. Chariklo und Chiron sind die beiden bislang größten dieser Zentauren. Der Ring von Chiron ist den Ringen von Chariklo sehr ähnlich: Er besteht teilweise aus Wassereis und befindet sich nahe der Roche-Grenze. Folglich gehen die Astronomen davon aus, dass die Ringsysteme auf ähnliche Art entstanden sind.

Innerhalb weniger Jahre wurden vier kleine Objekte im Sonnensystem entdeckt, die von einem oder mehreren Ringen umgeben sind.

Aber damit nicht genug: Auch Haumea, ein Zwergplanet im Kuiper-Gürtel* jenseits der Neptunbahn, hat einen Ring (Ortiz et al. 2017). Haumea (Abb. 4) ist auch sonst ein besonderes Objekt: Er ist länglich statt rund, dreht in nur 4 Stunden um seine eigene Achse, und wird von zwei kleinen Monden begleitet. Der Ring befindet sich deutlich innerhalb der Roche-Grenze. Haumea ist ca. zehnmal größer als Chariklo und Chiron.

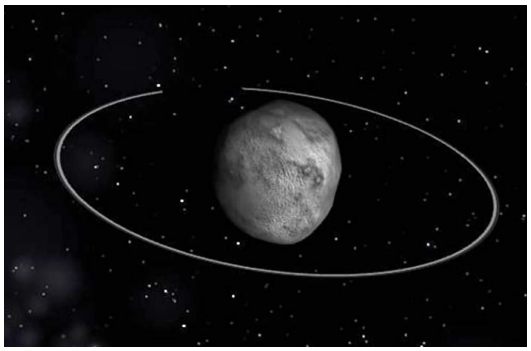


Abb. 3 Künstlerische Darstellung des Asteroiden Chariklo mit Ring. (Lucas0231, GPLv2)

Abb. 4 Künstlerische Darstellung des Asteroiden Haumea mit Ring. (Kevin Gill, CC BY 2.0)

Überraschung bei Quaoar

Und nun wurde eine erstaunliche neue Entdeckung gemacht: Quaoar, ein weiteres Objekt im Kuiper-Gürtel, besitzt ebenfalls einen Ring (Morgado et al. 2023).

Ebenso wie bei Chariklo und Chiron führten Analysen von Sternbedeckungen zur Entdeckung des Ringes. Die Berechnungen des Teams um Morgado zeigten, dass der Ring den Himmelskörper weit außerhalb der Roche-Grenze umkreist. Dieser Befund kam für die Astronomen völlig überraschend. Denn in dieser Entfernung sollte sich nach gängigem Verständnis das Material zu einem Mond zusammenklumpen, statt einen Ring zu bilden. Die Roche-Grenze von Quaoar wird auf ca. 1800 km geschätzt, der Ring befindet sich in ca. 4100 km Entfernung. Quaoar selbst hat einen Radius von ca. 550 km (Abb. 1). Folglich befindet sich der Ring ca. 7,4 Quaoar-Radien vom Zentrum von Quaoar entfernt. Außerdem besitzt Quaoar einen Mond, Weywot, der den Himmelskörper in einer Entfernung von ca. 24 Quaoar-Radien umkreist. Ring und Mond befinden sich in einer Ebene. Die Astronomen gehen davon aus, dass beide gleichzeitig entstanden sind.

Der Ring von Quaoar widersetzt sich den bisherigen Erklärungsversuchen, weil sein Radius dafür mehr als doppelt so groß ist.

In ihrer Publikation diskutieren die Autoren um Morgado mögliche Erklärungsansätze, die vor allem darauf abzielen zu erklären, wie ein Ring lange Zeit überdauern kann, obwohl es sich grundsätzlich um ein vorübergehendes Phänomen handeln soll. Dieser Erklärungsnotstand entsteht dadurch, dass das Sonnensystem nach gängigem Verständnis mehrere Milliarden Jahre alt sei. Die erste Möglichkeit ist, dass es sich um Trümmer einer Kollision handelt. Dies halten die Autoren allerdings für sehr unwahrscheinlich. Denn es würde nur wenige Jahrzehnte dauern, bis sich das Material wieder zusammenfindet. Als zweite Möglichkeit wird diskutiert, dass das Ringmaterial elastisch ist, wodurch die Partikel bei Kollisionen nicht zusammenkleben, sondern voneinander abprallen. Auch dies scheint ziemlich unwahrscheinlich, da weder Steine noch Wassereis – aus dem Ringe normalerweise bestehen – diese Eigenschaft besitzen. Eine dritte Möglichkeit ist, dass der Mond Weywot das Zusammenklumpen des Ringmaterials durch gravitative Störungen verhindert. Diese Erklärung halten die Autoren für plausibel, räumen aber auch ein, dass weitere Beobachtungen und theoretische Untersuchungen notwendig sind, um diese Erklärung zu bestätigen. Ein weiterer Befund könnte relevant sein: Der Ring befindet sich in einer solchen Entfernung, dass die Umlaufzeit der Ringteile eine 3:1-Resonanz mit der Rotation von Quaoar hat. Dies ist ebenso der Fall bei den Ringen von Chariklo und Haumea. Weitere theoretische Untersuchungen sollen helfen zu verstehen, ob und wie dieser Befund eine Rolle bei der Stabilisierung des Ringsystems spielt. Insgesamt erhoffen sich die Astronomen von Entdeckungen von Ringsystemen um Asteroiden bessere Einsichten über die Bildung von Ringen allgemein, inklusive der bekannten Saturnringe.

Glossar

Gezeitenwirkung: Die Gezeitenwirkung von Himmelskörpern wird durch ihre Gravitationskraft auf nahegelegene Objekte verursacht. Wenn beispielsweise ein Planet und sein Mond sich nahe genug kommen, übt der Planet eine unterschiedliche Gravitationskraft auf den näheren und den entfernteren Teil des Mondes aus. Dies führt zu einem Kräfteunterschied, der den Mond – je nach eigener Festigkeit des Mondmaterials – verformen und sogar auseinander ziehen kann.

Roche-Grenze: Die Roche-Grenze ist die kritische Entfernung zwischen zwei Himmelskörpern, bei der die Gezeitenkräfte des größeren Himmelskörpers so stark werden, dass sie den kleineren Himmelskörper auseinanderreißen können. Die Roche-Grenze hängt von der Masse und der Dichte beider Himmelskörper ab. Wenn der Abstand zwischen den Himmelskörpern kleiner als die Roche-Grenze ist, übt der größere Himmelskörper eine stärkere Gezeitenkraft auf den kleineren Himmelskörper aus als die Eigengravitationskraft des kleineren Himmelskörpers und zerreißt den kleineren Himmelskörper, wenn die eigene Festigkeit des kleineren Himmelskörpers zu gering ist.

Kuiper-Gürtel: Der Kuiper-Gürtel ist eine Region in unserem Sonnensystem, die sich jenseits der Umlaufbahn des Planeten Neptun befindet und sich etwa von 30 bis 50 Astronomischen Einheiten von der Sonne entfernt erstreckt. Eine Astronomische Einheit entspricht der durchschnittlichen Entfernung zwischen der Erde und der Sonne (ungefähr 150 Millionen Kilometer). Es handelt sich um eine Ansammlung von Objekten, die hauptsächlich aus Gestein und Eis bestehen und als „Transneptunische Objekte" (TNOs) bezeichnet werden. Ein bekanntes Beispiel für ein TNO ist der Zwergplanet Pluto. Bis heute sind mehr als 3.000 Objekte im Kuiper-Gürtel entdeckt worden, die eine Größe von mindestens 100 Kilometern haben. Es wird jedoch angenommen, dass es in dieser Region des Sonnensystems viele weitere Objekte gibt, die noch nicht entdeckt wurden und kleiner als 100 Kilometer sind.

Es ist auffallend, dass immer wieder Entdeckungen im Sonnensystem gemacht werden, die gängige Entstehungstheorien in Frage stellen bzw. von ihnen nicht vorhergesagt wurden. Die Existenz von Ringen um Asteroiden war schon unerwartet, ein Ring weit außerhalb der Roche-Grenze noch viel mehr. Insbesondere machen die kurzen Zeitskalen den Astronomen zu schaffen. Wenn die Ringsysteme nur einige Jahrtausende jung wären, würden die Befunde viel besser zu den theoretischen Vorstellungen von Entstehung und Lebensdauer solcher Ringe passen. Gemeinhin geht man von wesentlich längeren Zeitskalen aus. Hier liegt also ein klarer Hinweis vor, dass entweder das ganze Sonnensystem deutlich jünger ist als gedacht oder dass es in jüngster Vergangenheit ein katastrophales Ereignis im Sonnensystem gab, das diese Ringsysteme verursachte.

Literatur

Braga-Ribas F et. al. (2014) A ring system detected around the Centaur (10199) Chariklo. Nature *508*, 72–75.

Morgado BE et. al. (2023) A dense ring of the trans-Neptunian object Quaoar outside its Roche limit. Nature *614*, 239–243.

Ortiz JL et. al. (2015) Possible ring material around centaur (2060) Chiron. Astron. Astroph. *576*, A18.

Ortiz JL et. al. (2017) The size, shape, density and ring of the dwarf planet Haumea from a stellar occultation. Nature *550*, 219–223.

Auffällig ähnliche Muster in Chromosomen verschiedener Lebewesen

Untersuchungen von Chromosomen zeigen schon lange, dass bei ihrem Aufbau zusammenhängende Abschnitte als Blöcke Verwendung finden, die bei verschiedenen Organismen wie Bausteine weit verbreitet sind. Eine systematische Studie hat nun bestätigt, dass dies auch für Lebewesen gilt, deren Baupläne sehr unterschiedlich sind. Wie kann man das Zusammenspiel dieser Module im Gesamtkontext des Erbguts verstehen? Passt das zu etablierten Evolutionsvorstellungen oder ist ein zugrundeliegendes Konzept eine bessere Erklärung?

Harald Binder

Ein wichtiger Schritt beim Versuch, neue Erkenntnisse im Verständnis der Natur zu gewinnen, ist die Suche nach auffälligen Strukturmerkmalen. Solche Merkmale in der äußeren Erscheinungsform von Lebewesen oder in ihren molekularbiologischen Strukturen kann man zu Vergleichen heranziehen; so ermöglichen sie ein systematisches Verständnis der Gegebenheiten der Lebenswelt.

Bei der Untersuchung von Chromosomen haben modulartige Bereiche Aufmerksamkeit erregt. Die heute verfügbaren Methoden der Erforschung des kompletten Erbguts von Lebewesen (Genomanalyse) eröffnen Möglichkeiten, die enorm wachsenden Datenmengen aus den DNA-Sequenzierungen durch Vergleiche verschiedener Organismen zu erforschen und daraus neue Erkenntnisse zu gewinnen. Basierend auf sehr großen Computerkapazitäten stellt die Bioinformatik unterschiedlichste Ansätze bereit, entsprechend ausgewählte Datensätze auf bestimmte Besonderheiten hin zu untersuchen. Bei Untersuchungen von Chromosomen war schon lange aufgefallen, dass bestimmte Abschnitte immer im Verbund auf einem Chromosom vorkommen. Renwick (1971) hatte dafür in einem Überblicksartikel über die Kartierung der menschlichen Chromosomen den Begriff „Syntänie“ (auch Syntenie) geprägt. Mit der Verknüpfung der beiden griechischen Wörter (*syn* = zusammen und *tainia* = Band) bringt der Autor zum Ausdruck, dass bestimmte Einheiten wie an einem Band verknüpft zusammen in einem Chromosom vorkommen. Die Abfolge der einzelnen Gene innerhalb dieser Chromosomenabschnitte wird dabei nicht beachtet, sie kann unterschiedlich sein.

Ein internationales Team von Wissenschaftlern hat den modularen Aufbau der Chromosomen in verschiedenen Organismen nun in einer ersten systematischen Untersuchung erforscht (Simakov et al. 2022). Dazu haben die Forscher zunächst die Genomsequenz sowie ihre Verteilung auf die Chromosomen beim Süßwasserpolypen *Hydra vulgaris* (Modellorganismus für Nesseltiere) bestimmt. Die gewonnenen Daten wurden mit denjenigen des Lanzettfischchens *Brachiostoma floridae*, der Kammmuschel *Patinopecten yessoensis*, der Meeresqualle *Rhopilema esculentum* und dem Süßwasserschwamm *Ephy-*

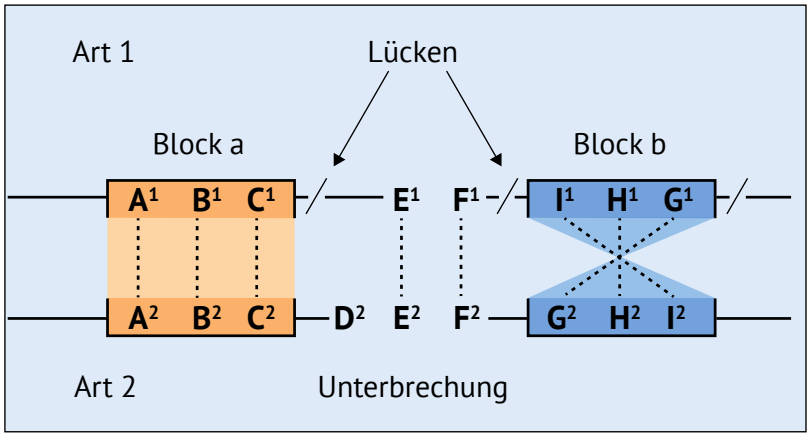


Abb. 1 Syntänie anhand eines formalen Beispiels graphisch dargestellt: Die Abfolge der Gene (durch Buchstabenfolge dargestellt) in den Chromosomen der beiden Arten (1 und 2) zeigt zwei wiedererkennbare Blöcke, wobei innerhalb der farblich gekennzeichneten Abschnitte die Reihenfolge der Gene verändert sein kann. (Nach Dang Liu, Martin Hunt & Isheng J Tsai, https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)

datia muelleri verglichen. Mit diesen Vertretern der Zweiseitentiere[1] (Bilateria), Nesseltiere (Cnidaria) und Schwämme (Porifera) sehen die Autoren das gesamte Tierreich (Metazoa) repräsentiert (unter Zugrundelegung evolutionärer Vorstellungen).

Bei der Untersuchung fanden Simakov et al. 29 Gruppen von Genen, die sie in Chromosomen der verschiedenen Tiere nachweisen konnten. Die Reihenfolge der einzelnen Gene innerhalb der Gruppen unterscheidet sich jedoch stark. Daneben gibt es eine Vielzahl von Genen, die sich unabhängig von diesen modulartigen Gengruppen auf den Chromosomen verteilen (zwischen 29 % bei Kammmuschel/Meeresqualle und 43 % bei Lanzettfischchen/Süßwasserschwamm).

Die Autoren formalisieren ihre Befunde, indem sie diese in algebraische Operationen übersetzen. Das nutzen sie zur Demonstration von drei verschiedenen Mechanismen, die zeigen sollen, wie die gefundene Verteilung der Gengruppen auf den Chromosomen der jeweiligen Organismen im Verlauf der angenommenen Evolution abgelaufen sein könnte.

Dabei legen Simakov et al. evolutionäre Vorstellungen zugrunde. Diese führen sie ein, indem sie ihre Befunde aus den vergleichenden Genomanalysen mit einem Stammbaum koppeln. Dadurch erhalten die an Proben aus rezenten Organismen gewonnenen Genomdaten eine theoretische historische Dimension (diese steckt *nicht* in den Informationen aus den Genomen). Bei der Konstruktion von Stammbäumen fließen neben Daten, die zum Vergleich herangezogen werden, auch Denkkonzepte ein, wie z. B. dass alle Lebewesen letztlich auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehen und durch natürliche Prozesse aus diesem hervorgegangen sind. Dieser Gedanke ist zwar weitgehend etabliert, aber er stellt eine Hypothese dar, die letztlich auf naturalistischen Überlegungen basiert.

Die Autoren kommen durch dieses Vorgehen zu Aussagen wie: „… die Syntänien (...) bei vielen verschiedenen Tieren sind bemerkenswert ähnlich, sogar nach einer halben Milliarde von Jahren unabhängiger Entwicklung …“.[2]

Bei der Konstruktion von Stammbäumen fließen neben Daten, die zum Vergleich herangezogen werden, auch Denkkonzepte ein.

Auch in den Genomdaten von Kragengeißeltierchen (Choanoflagellaten) – diese werden oft als älteste lebende Verwandte der Metazoa (Vielzellige Tiere) angesehen – und einzelligen Fischparasiten (Ichthyosporea) fanden die Autoren Hinweise auf 16 der nachgewiesenen 29 Gengruppen. Sie interpretieren dies als Beleg für die Erhaltung dieser Gengruppen seit mehr als 800 Millionen Jahren ablaufender Evolution (also seit präkambrischen Zeiten [Proterozoikum]). Es sei darauf hingewiesen, dass auch diese Interpretation Makroevolution als historische Tatsache voraussetzt. Zwar gibt es möglicherweise Hinweise auf fossile Verwandte der Ichthyosporea aus dem Präkambrium (Strother et al. 2021), aber es existieren aus dieser Zeit keine Fossilien für Kragengeißeltierchen – das älteste mögliche Fossil stammt aus der Kreide (vor ca. 90–100 Millionen radiometrischen Jahren; vgl. Fonseca et al. 2023).[3]

Diskussion

Die von Simakov et al. (2022) vorgestellten Befunde zeigen, dass eine erstaunlich große Anzahl von Genen auf den Chromosomen unterschiedlichster Tiere in Gengruppen gekoppelt ist und in den untersuchten Spezies vorkommt. Eine Ursache dafür ist bisher nicht bekannt und erfordert weitere Forschung. Die Autoren spekulieren, dass Regulationsmechanismen eine Rolle gespielt haben könnten. Aus evolutionärer Perspektive ist dieses Ausmaß an Konservierung in der Verteilung der Gene auf die Chromosomen erstaunlich und verschärft die Frage, wie sich die angenommene Entfaltung der Lebewesen und deren Vielfalt im Genom widerspiegeln.

Die in der Fachpublikation und vor allem in den populären Veröffentlichungen angesprochenen hohen Alter sind nicht in den Genomdaten enthalten, sie stecken in den damit gekoppelten Stammbäumen und ihrer zeitlichen Dimensionierung.

Modulare Strukturen werden gemeinhin als Hinweis auf ein zugrundeliegendes gedankliches Konzept angesehen.

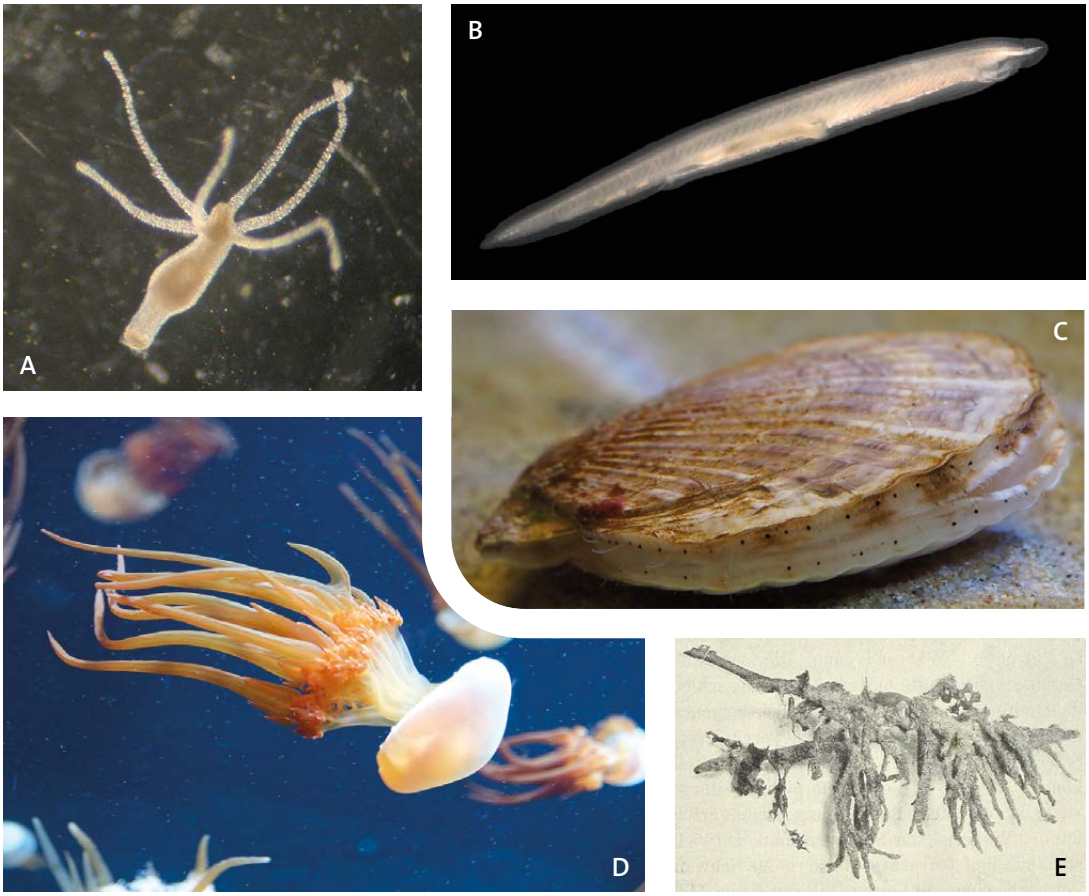


Abb. 2 Die abgebildeten Tiere sollen eine Vorstellung von den Tieren vermitteln, deren Chromosomen von Simakov et al. (2022) hinsichtlich der Verteilung der Gene untersucht wurden: **A** Süßwasserpolyp (*Hydra vulgaris*), **B** Lanzettfischchen (*Branchiostoma lanceolatum*), **C** Kammmuschel (*Patinopecten/Mizuhopecten yessoensis*), **D** Meeresqualle (*Rhopilema esculentum*) und **E** Süßwasserschwamm (*Ephydatia muelleri*). (Wikimedia: Corvana, CC BY-SA 3.0; © Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0; harum.koh, CC BY-SA 2.0; Bill Abbott - aDSC_0786 on Flickr, CC BY-SA 2.0; flickr, CC0 1.0)

Die Gengruppen (Syntänien) erinnern stark an *Module* – ein Begriff, den die Autoren selbst nicht verwenden, der aber in den populären Darstellungen der hier vorgestellten Arbeit genutzt wird. Das Auftreten solcher Baugruppen ist von evolutionären Standpunkten aus eigentlich nicht zu erwarten. Modulare Strukturen werden gemeinhin eher als Hinweis auf ein zugrundeliegendes gedankliches Konzept angesehen. So ist das Programmieren in Modulen mit dem Ziel der Wiederverwendbarkeit in zukünftigen Programmen ein typisches Vorgehen in der Informatik.[4]

Die von Simakov et al. (2022) veröffentlichten Befunde zeigen, dass wir bei der Fülle der verfügbaren genetischen Daten noch einen großen Forschungsbedarf haben, um ein besseres Verständnis der Zusammenhänge zu erreichen; in diesem konkreten Fall geht es darum, besser zu verstehen, warum bestimmte Gene auf den Chromosomen typischerweise in Gruppen angeordnet sind. Gleichzeitig passen die nachgewiesenen Syntänien nicht zu einer Interpretation aus der Perspektive der Evolutionslehre, da sie auf einen zugrundeliegenden Plan hinweisen, den es nach dem Denkansatz der Evolution nicht geben sollte.

Anmerkungen

1 Bilateria: Tiere, die einen zweiseitig (bilateral) symmetrischen Körperbau aufweisen, d. h. ihr Körper hat – bei äußerlicher Betrachtung – eine (einzige) Spiegelebene.

2 „… the syntenies (…) of many diverse animals are remarkably similar even after half a billion years of independent evolution … .“

3 „Knowledge on the evolution of choanoflagellates is key for the understanding of the ancestry of animals, and although molecular clock evidence suggests the appearance of choanoflagellates by late Neoproterozoic, no specimens of choanoflagellates are known to occur in the fossil record. [...] While the study of modern choanoflagellates holds the promise of illuminating the cellular foundations of animal origins […], this discovery may bring new light into the reconstruction of the development and evolution of choanoflagellates, whose first specimens evolved over 600 million years ago“ (Fonseca et al. 2023).

4 „In object-oriented systems, assessing *reusability* plays a key role in reducing a cost and improving the quality of the software. Object-oriented programming helps in achieving the concept of reusability through different types of inheritance programs, which further help in developing *reusable software modules*“ (Goel & Bhatia [2013], Hervorhebungen hinzugefügt).

Literatur

Fonseca C et al. (2023) First putative occurrence in the fossil record of choanoflagellates, the sister group of Metazoa. Sci. Rep. 13, 1242, https://doi.org/10.1038/s41598-022-26972-8.

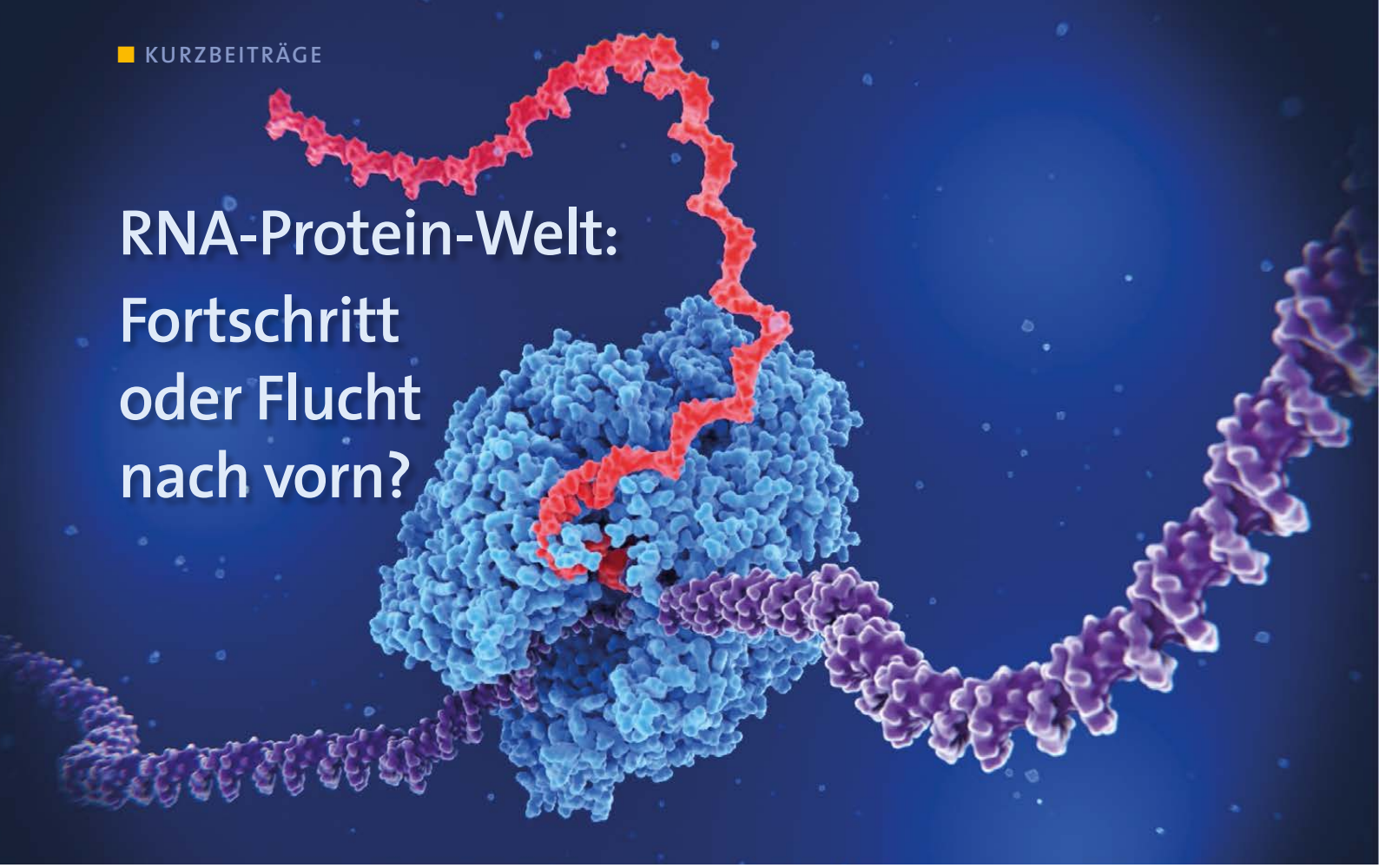
Goel BM & Bhatia PK (2013) Analysis of reusability of object-oriented systems using object-oriented metrics. ACM SIGSOFT Software Engineering Notes 38, 1–5, https://doi.org/10.1145/2492248.2492264.

Renwick HJ (1971) The mapping of the human chromosomes. Ann. Rev. Genet. *5*, 81–120.

Simakov O et al. (2022) Deeply conserved synteny and the evolution of metazoan chromosomes. Sci. Adv. *8*, eabi5884.

Strother PK et al. (2021) A possible billion-year-old holozoan with differentiated multicellularity. Curr. Biol. *31*, 2658-2665, https://doi.org/10.1016/j.cub.2021.03.051.

RNA-Protein-Welt: Fortschritt oder Flucht nach vorn?



Das RNA-Welt-Modell für den Ursprung des Lebens ist ungeachtet seiner breiten Akzeptanz in der Fachwelt nicht unumstritten. Obwohl bisher kein plausibler Erklärungsansatz für die Entstehung einer hypothetischen RNA-Welt vorliegt, hat die Forschungsgruppe um Thomas Carell bereits einen weiteren Schritt zur nächsten Stufe der behaupteten Höherentwicklung vorgeschlagen: die RNA-Protein-Welt. Ist dieser zweite Schritt experimentell besser begründet als der erste?

Boris Schmidtgall

Abb. 1 Modell der RNA-Synthese durch das Enzym RNA-Polymerase II in der Zelle. (Juan Gärtner, AdobeStock)

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Die Grundlage des Lebens auf der molekularen Ebene sind drei Typen von Kettenmolekülen (Polymere): Desoxyribonukleinsäuren (DNA), Ribonukleinsäuren (RNA) und Proteine. Diese Makromoleküle bestehen aus strukturell einheitlich aufgebauten Kettengliedern (Monomere) und ergänzen sich hinsichtlich ihrer biochemischen Funktionen, weswegen sie auch als „zelluläre Trinität" bezeichnet werden. Während in der DNA genetische Information gespeichert ist, sind die meisten Proteine Katalysatoren, d. h. sie beschleunigen biochemische Reaktionen und ermöglichen so den Betrieb der Zelle. RNA-Moleküle (vgl. Abb. 2) stellen eine Art Schnittstelle zwischen der Welt des Erbguts (DNA) und der Welt der Proteine dar. Sie können sowohl als Informationsspeicher als auch als Katalysatoren fungieren – wenn auch zweiteres nur in sehr beschränktem Ausmaß.

Bezüglich der Entstehung eines ersten lebenden Systems stellt sich aus naturalistischer Perspektive die Frage, welches von den drei Makromolekülen zuerst da war, da eine gleichzeitige Entstehung der Moleküle der zellulären Trinität einhellig als extrem unwahrscheinlich eingeschätzt wird. Im Verlauf der zurückliegenden 100 Jahre Abiogeneseforschung* sind hauptsächlich zwei Varianten vorgeschlagen worden: Frühe Forscher wie Oparin sprachen sich für Proteine als erste Bausteine des Lebens aus (Oparin 1938), während das Modell der „RNA-Welt" vor allem ab Ende des 20. Jahrhunderts vermehrt befürwortet wurde (Gilbert 1986), wonach die RNA das erste Makromolekül war. Dabei verstanden es die Befürworter der jeweiligen Hypothesen stets sehr gut, die gravierenden Schwächen der konkurrierenden Modelle aufzudecken.

Shapiro (2007) verglich die Möglichkeit der Lebensentstehung gemäß dem Modell der RNA-Welt mit einem erfolgreich absolvierten 18-Loch-Kurs eines Golfballs – allein durch die Wirkung von Naturgewalten und ohne Beteiligung eines Golfspielers. Überzeugende Argumente gegen die „Proteinwelt" stellte Orgel (2007) in seiner letzten Veröffentlichung zusammen. Er zeigte auf, dass die Entstehung auch nur sehr kleiner katalytisch wirksamer Proteine auf

einer Urerde chemisch unplausibel ist. Modelle, denen zufolge DNA am Beginn der Lebensentstehung stand, wurden gar nicht erst aufgestellt, da die DNA kaum katalytische Eigenschaften aufweist, sodass ein Stoffwechsel in einer reinen „DNA-Welt" unmöglich wäre – das Ganze wäre biochemisch tot.

Trotz fortgesetzter und zum Teil vehementer Kritik hat sich die RNA-Welt-Hypothese (RWH) als das am häufigsten befürwortete Modell etabliert. Die RWH besagt, dass die ersten primitiven Vorläufer von Zellen aus RNA-Molekülen bestanden. Üblicherweise wird argumentiert, dass RNA-Moleküle sowohl katalytisch wirksam sein als auch genetische Information speichern und übertragen können, also zugleich für Stoffwechsel und Vererbung taugen. Sie sollen sich gut als Ausgangsmaterial für die Entstehung erster biochemischer Funktionseinheiten eignen – im Unterschied zu Desoxyribonukleinsäuren (DNA) und Proteinen, die entweder Informationsträger oder Katalysatoren sind und damit nicht über beide für das Leben essenziellen Eigenschaften verfügen.

Zu den Hauptproblemen der RWH zählt allerdings die ausgeprägte Labilität sowohl der Einzelbausteine als auch des Kettenmoleküls gegenüber Wasser. Selbst wenn solche Moleküle entstünden, würden sie schnell wieder zerfallen (Benner 2012). Darüber hinaus gibt es keine auch nur ansatzweise plausible Erklärung dafür, wie die Vervielfältigung (Replikation) der RNA ohne Proteine stattgefunden haben soll (Schmidtgall 2013). Demnach ist nicht einmal der erste nennenswerte Schritt zum Leben, die Entstehung einer RNA-Welt, gut begründet. Dennoch hat eine Münchner Forschungsgruppe um Thomas Carell kürzlich in einer Veröffentlichung dargelegt, wie der darauf folgende Schritt, nämlich die Kombination und Zusammenwirkung von RNA und Proteinen, stattgefunden haben könnte (Müller et al. 2022).

Kurze Zusammenfassung des Konzepts von Carell et al.

Für die Bildung von Proteinen ist die Knüpfung von Peptidbindungen zwischen Aminosäuren erforderlich. Um zu veranschaulichen, dass dieser Vorgang angeknüpft an die RNA verlaufen kann, stellte die Forschungsgruppe um Carell durch chemische Synthese zwei Sätze komplementärer* kurzer RNA-Moleküle her, die an jeweils einem Ende strukturell abgewandelte RNA-Bausteine (nichtkanonische Nukleotide*) enthielten (Müller et al. 2022). An diesen nichtkanonischen Nukleotiden wurden mithilfe einer aufwändigen chemischen Prozedur schrittweise in zyklischen Reaktionsabläufen kurze Oligopeptide* synthetisiert (Abb. 3). Erfolgreich waren die Peptidkupplungen nur bei Verwendung von 1. *vollständig* komplementären RNA-Strängen, 2. Kupplungsreagenzien (Aktivatoren) und 3. Reinigungsschritten zwischen den Reaktionen – neben einigen anderen Bedingungen, auf die im Weiteren näher eingegangen werden soll. Ein Kernproblem war die schnelle Spaltung der RNA-Moleküle bei den gewählten Bedingungen. Um dieses und andere Probleme zu lösen, machten die Experimentatoren Gebrauch von chemischen Synthesestrategien.

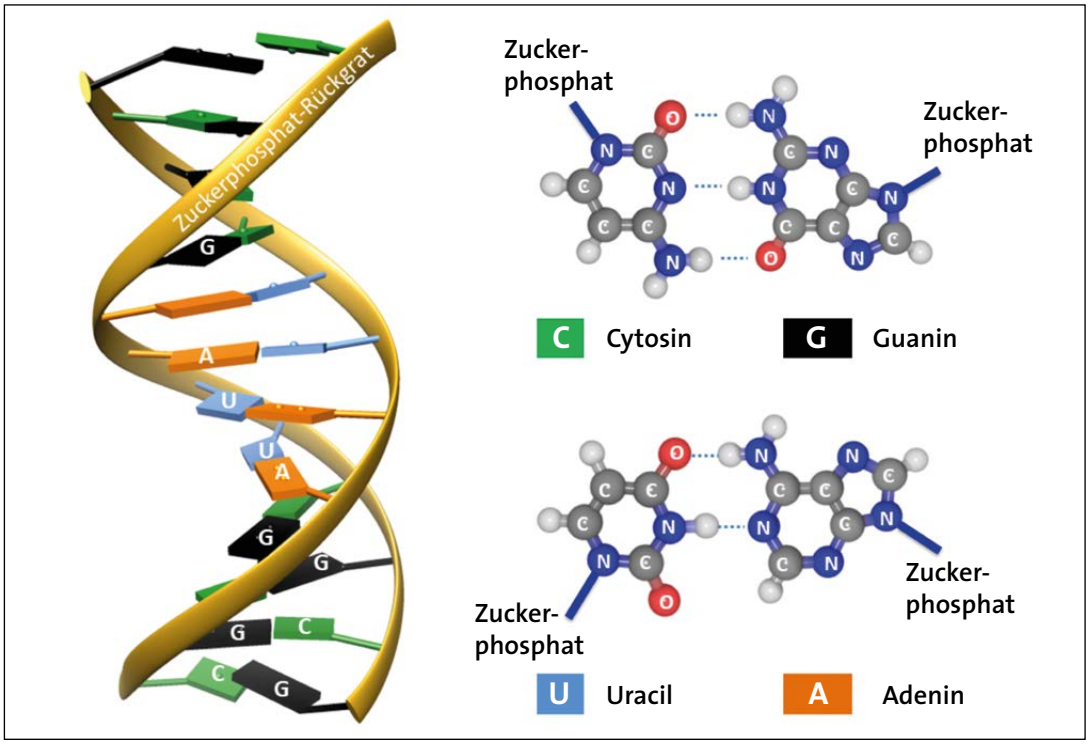


Abb. 2 Struktur der RNA-Doppelhelix und der vier kanonischen Nukleobasen.

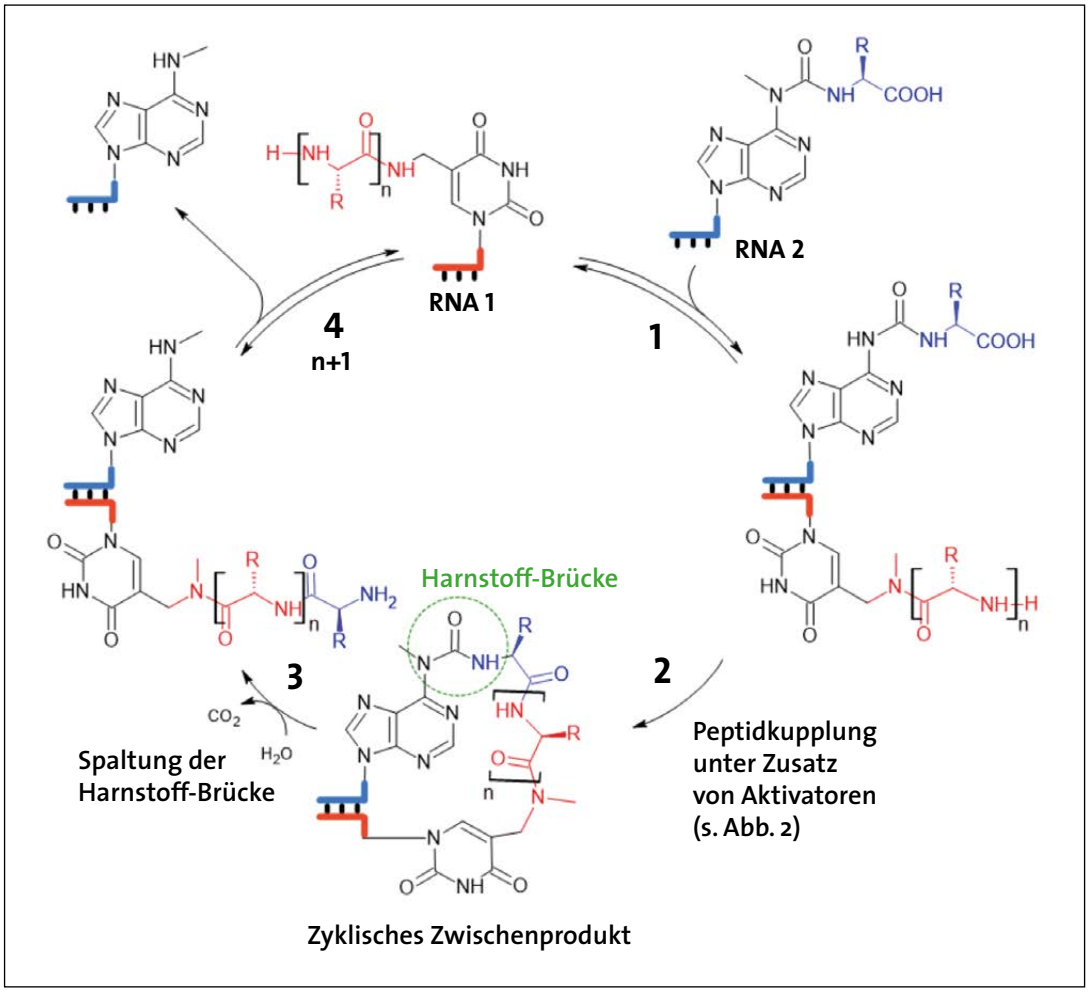


Abb. 3 Schematische Darstellung der zyklischen Peptidsynthese an RNA-Molekülen nach Müller et al. (2022). Schritt 1: Annealing* von RNA 1 und RNA 2, außerdem werden die zu kuppelnden Aminosäuren in räumliche Nähe gebracht; Schritt 2: Peptidkupplung unter Einsatz von Aktivatoren; Schritt 3: Spaltung der Harnstoff-Brücke; Schritt 4: Dissoziation von RNA 1 und RNA 2, die Peptideinheit ist nun um eine Aminosäure verlängert (n+1).

Ein Kernproblem war die schnelle Spaltung der RNA-Moleküle durch Reaktion mit Wasser.

Prämissen und Logik des Konzepts von Carell et al.

Carell et al. nehmen an, dass es sich bei nichtkanonischen Nukleotiden um „molekulare Fossilien" aus der frühesten Phase der Evolution des Lebens handeln könnte. Dies leiten sie daraus ab, dass der Vergleich von Erbgutmolekülen verschiedener Lebewesen angeblich eine Rekonstruktion ihrer Abstammungsgeschichte ermöglicht. Damit setzen sie allerdings die gemeinsame Abstammung aller Lebewesen als Tatsache bereits voraus. Unvoreingenommen betrachtet ergibt der Vergleich verschiedener Makromoleküle der Lebewesen jedoch z. T. recht verschiedene Stammbäume der Organismen und eignet sich nicht gut, um die Geschichte der Lebewesen zu rekonstruieren (University of Bath 2022; Miller 2012; Oyson et al. 2022).

Des Weiteren sind die Autoren davon überzeugt, dass der Materie eine intrinsische Tendenz zur eigenständigen Höherentwicklung (Zunahme an funktionaler Komplexität) innewohnt. So wird die wesentliche Aussage der RWH einleitend wie folgt beschrieben: „Sie [die Hypothese] besagt, dass Leben aus *zunehmend* komplexen selbstreplizierenden RNA-Molekülen evolviert ist." Und an einer anderen Stelle heißt es: „In dieser RNA-Welt könnten molekulare Bausteine co-evolviert sein, um höhere Effizienz hinsichtlich der Translation* und Replikation zu erlangen." Abgesehen davon, dass Materie von sich aus keine Ziele wie etwa eine „höhere Effizienz" verfolgt, gibt es keinerlei Indizien dafür, dass der Materie eine Tendenz zur Höherentwicklung innewohnt. Die Überzeugung, dass es sich so verhält, ist experimentell ebenso wenig gestützt wie die Anfang des 19. Jahrhunderts noch populäre Annahme einer *vis vitalis* – einer mysteriösen Lebenskraft, die zur Entstehung organischer Moleküle unverzichtbar sei. Bei allen bisher in der Fachliteratur angeführten Beispielen für angebliche „Höherentwicklung" molekularer Systeme handelt es sich um intelligent geplante und sorgfältig ausgeführte chemische Synthesen – nicht aber um spontane mehrstufige Vorgänge, bei denen ohne menschliche Eingriffe eine signifikant wachsende funktionale Komplexität molekularer Systeme beobachtbar wäre.

Carell et al. verleihen jedoch mit ihrer Begriffswahl der Materie wiederholt die Attribute

eines willensbegabten Schöpfers. Hier sind einige Beispiele:

„Die entdeckte Chemie *erschafft* komplexe, mit Peptiden dekorierte RNA-Chimärenmoleküle."

„Die Frage wie und wann RNA *lernte*, die Peptidsynthese zu *instruieren* …"

„Es ist denkbar, dass einige dieser Strukturen irgendwann *lernten*, Aminosäuren durch Adenylierung zu aktivieren … "

Aufschlussreich ist auch die Art und Weise, wie die Autoren die Fragestellung der Arbeit formulieren: „Wie gelangte das Ganze zum nächsten Stadium, wo Proteine Katalysatoren des Lebens wurden?" Damit ist ein Infragestellen der Grundannahme, dass Leben aus toter Materie entstanden sein soll, *a priori* ausgeschlossen. Zugelassen wird nur eine Diskussion darüber, wie sich die Lebensentstehung kraft rein materieller Prozesse ereignet haben könnte.

Bei allen bisher in der Fachliteratur angeführten Beispielen für angebliche „Höherentwicklung" molekularer Systeme handelt es sich um intelligent geplante und sorgfältig ausgeführte chemische Synthesen.

Beurteilung der experimentellen Vorgehensweise von Carell et al.

Wie bereits beschrieben, standen RNA-Moleküle im Mittelpunkt der experimentellen Arbeit von Carell und Kollegen. Diese Moleküle wurden von den Autoren der Arbeit anhand von automatisierter Festphasensynthese hergestellt – einem hochoptimierten, computergesteuerten Syntheseverfahren, bei dem der Ausschluss von Sauerstoff und Wasser in der Syntheseführung unverzichtbar ist. Die für die Synthese erforderlichen kanonischen Bausteine (Nukleotide) wurden bei kommerziellen Anbietern in Reinform käuflich erworben. Nichtkanonische Nukleotide stellten Carell et al. mittels eines sechsstufigen Syntheseverfahrens her. Dabei kamen ausgefeilte Schutzgruppen-Strategien*, technisch anspruchsvolle chemische Trennverfahren zur Reinigung der Reaktionsprodukte und hochreine, von Wasser befreite organische Lösungsmittel zum Einsatz. Solche Synthesen haben nichts mit „präbiotischer Chemie"* zu tun.

Bei den Kupplungsreaktionen zur Synthese von Peptiden war aufgrund der ausgeprägten Reaktionsträgheit der Carboxylgruppe chemische Aktivierung erforderlich. Dazu wurden verschiedene, kommerziell erhältliche Aktivatoren eingesetzt (EDC, Sulfo-NHS, DMTMMCl, MeNC, DTT, s. Abb. 4). Solche Verbindungen sind als „chemische Werkzeuge" für die Peptidsynthese entwickelt worden. Von diesen Molekülen kann einzig das Cyanamid als der strukturell einfachste Aktivator als potenziell „präbiotisch" eingestuft werden.

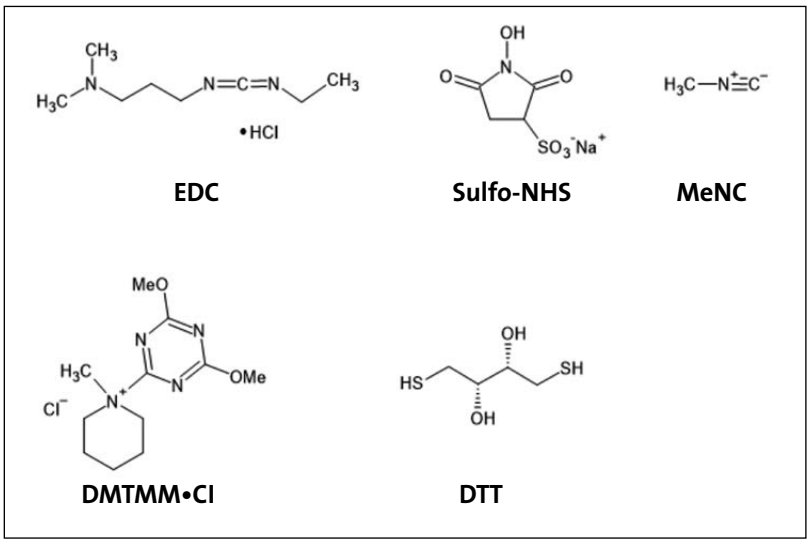


Abb. 4 Strukturformeln der in den Peptidkupplungen eingesetzten Aktivatoren (Kupplungsreagenzien) (nach Müller 2022).

Zudem zeigt sich wiederholt, dass die Reaktionsführungen mit einem hohen Maß an Planung und Optimierung erfolgten. Die verwendeten Oligonukleotide mussten als *vollständig* komplementäre Paare hergestellt werden, damit die mit ihnen durchgeführten Peptidkupplungen gelangen. Im Fall von einzelnen Fehlpaarungen war die Reaktion dagegen wesentlich weniger effizient. Bei natürlichen Vorgängen ist es jedoch aufgrund chemischer Gesetzmäßigkeiten nicht zu erwarten, dass von selbst ganze Sätze *vollständig* komplementärer Oligonukleotide entstehen. Hinzu kommt, dass die Reaktionsparameter der Kupplung genau eingestellt werden mussten (pH-Wert, Temperatur). Das Annealing* (Doppelhelixbildung) der RNA-Moleküle erforderte eine anfängliche Temperatur von 95 °C – ein Wert, bei dem die RNA-Moleküle alles andere als lange haltbar sind, weil sie durch Reaktionen mit Wasser zu Strangbrüchen und anderen Spaltungsreaktionen neigen. Um dieses Problem zu lösen, wurden die RNA-Moleküle mit Schutzgruppen an der 2'-Position versehen (2'-OMe). Eine solche Schutzgruppe würde die RNA aber ihrer katalytischen Eigenschaften berauben, was für die RWH von zentraler Bedeutung ist.

Schließlich bereitete auch die Spaltung der im zweiten Schritt gebildeten zyklischen Verbindung Probleme (Harnstoff-Brücke, s. Abb. 3), da hierbei als Nebenprodukt ein Hydantoin anstelle eines Peptids gebildet wurde. Dieses Problem wurde dadurch gelöst, dass der pH-Wert bei der Spaltung auf 4 (sauer) herabgesetzt wurde. Demnach müsste für eine sequenzielle Synthese von Proteinen an RNA der pH-Wert periodisch mit den richtigen Zeitabständen zwi-

Glossar

Abiogeneseforschung: Forschung nach den chemischen Ursachen der Entstehung erster Organismen.

Annealing: Bildung einer Doppelhelix aus zwei Nukleinsäure-Strängen.

komplementär: sich ergänzend; bei Nukleinsäuren ist damit gemeint, dass bei Bildung einer Doppelhelix aus zwei RNA- bzw. zwei DNA-Strängen alle Nukleobasen zueinander passen (A=T, C≡G).

Nichtkanonische Nukleotide: Nukleotide, die eine andere Struktur aufweisen als die vier Standardbausteine A, C, G, U (RNA) bzw. A, C, G, T (DNA).

Oligopeptide: Kurze, aus einigen Aminosäuren bestehende Kettenmoleküle.

Präbiotische Chemie: Chemische Vorgänge vor dem Vorhandensein von Organismen.

Schutzgruppen-Strategie: Molekulare Schutzgruppen dienen dem Schutz bestimmter chemischer Funktionalitäten vor Reaktionen. Sie können mit Kappen/Helmen verglichen werden. Für das gezielte Anbringen und Entfernen solcher Gruppen ist vertiefte Kenntnis der organischen Synthesechemie erforderlich.

Translation: Übertragung der Information von der RNA zu Proteinen während der Proteinbiosynthese (Bildung von Proteinen durch Verkettung von Aminosäuren entsprechend der genetischen Information der RNA).

schen 6 (Kupplung) und 4 (Spaltung) schwanken – ein völlig unrealistisches Szenario. Solche Problemlösungsstrategien können sicherlich von intelligenten Chemikern zum Einsatz gebracht werden – nicht jedoch von natürlichen Vorgängen.

Interpretation der Ergebnisse

Von besonderem Interesse für Lebensursprungsmodelle wäre eine Synthese vor allem dann, wenn sie ohne Aufreinigung von Zwischenprodukten verlaufen könnte. Carell et al. erreichten ohne Aufreinigung maximal drei Peptidkupplungen in Folge (d. h. eine Aminosäurekette mit nur vier Gliedern) mit einer Gesamtausbeute von 10 %, was ein sehr bescheidenes Ergebnis ist. Für die Entstehung katalytisch aktiver Proteine sind Aminosäuresequenzen mit mindestens vierzig Kettengliedern erforderlich. Damit sind die Ergebnisse dieser Synthese *trotz* gekonnter Reaktionsführung sehr weit davon entfernt, die erstmalige Entstehung von funktionalen Proteinen zu erklären.

Die Autoren gehen davon aus, dass „das gleichzeitige Vorhandensein von Funktionalitäten der RNA und von Aminosäuren sicherlich die Chance erhöht, katalytisch kompetente Strukturen zu erhalten". Die Laborexperimente zeigen jedoch: 1. Vollständig komplementäre RNA – wie längere RNA-Oligomere überhaupt – sind durch ungesteuerte und wenig spezifische Reaktionen nicht zu erwarten. 2. Aminosäuren müssen – sofern sie in entsprechender Vielfalt und Reinheit vorliegen – durch komplexe Reaktionsschritte mit dem richtigen RNA-Baustein verknüpft werden. 3. Die gewünschte Peptidbildung muss durch einen Reaktionszyklus erfolgen, bei dem die Randbedingungen für die verschiedenen Schritte genau eingestellt sein müssen. Das Resultat der von Müller et al. (2022) gewählten und vorgestellten Synthesestrategie ist für die Synthese von Peptiden weniger als unbefriedigend.

Trotz gekonnter Reaktionsführung eignen sich die Ergebnisse nicht dazu, die erstmalige Entstehung von funktionalen Proteinen zu erklären.

Fazit

Hinsichtlich ihrer Prämissen, der Logik der Reaktionsplanung bezüglich der RWH und der aus den Resultaten gezogenen Schlussfolgerungen weist die Arbeit zahlreiche Widersprüche auf. Aber das scheint in der Fachwelt offenbar unproblematisch zu sein, solange das naturalistisch-evolutionäre Narrativ nicht in Frage gestellt wird. Wozu der richtige Gebrauch von Prämissen, Logik und Schlussfolgerungen im Bereich der Lebensursprungsforschung führen würde, hat einmal der US-amerikanische Chemiker Steven Benner in folgenden Worten ausgedrückt (Benner 2018): „Eine inakzeptable Schlussfolgerung resultiert hier durch die Kraft der Logik ausgehend von anscheinend annehmbaren Voraussetzungen." Die „annehmbaren Voraussetzungen" sind die bekannten chemischen Vorgänge und Gesetzmäßigkeiten unter natürlichen Bedingungen und die „inakzeptable Schlussfolgerung" ist die Unmöglichkeit der schrittweisen Entstehung lebender Zellen.

Literatur

Benner SA et al. (2012) Asphalt, Water, and the Prebiotic Synthesis of Ribose, Ribonucleosides, and RNA. Acc. Chem. Res. *45*, 2025–2034.

Benner SA (2018) Prebiotic plausibility and networks of paradox-resolving independent models. Nat. Comm. *9*, 5173.

Gilbert W (1986) The RNA World. Nature *319*, 618.

Miller AF (2012) Superoxide dismutases: Ancient enzymes and new insights. Febs Letters *586*, 585–595.

Müller F et al. (2022) A prebiotically plausible scenario of an RNA-peptide world. Nature *605*, 279–284.

Oparin AI (1949/1938) Die Entstehung des Lebens auf der Erde. Leipzig.

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.

Schmidtgall B (2013) Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme? Stud. Integr. J. *20*, 48–51.

Shapiro R (2007) A simpler origin for life. Scientific American *296*, 23–31.

University of Bath (2022) Study suggests that most of our evolutionary trees could be wrong. Pressemitteilung vom 01.06.2022, https://phys.org/news/2022-06-evolutionary-trees-wrong.html.

Streiflichter

Verholzung krautiger Pflanzen auf Inseln – mindestens 175 Mal

Lebewesen auf Inseln unterscheiden sich häufig von verwandten Formen des Festlands und weisen häufig typische Merkmale auf. Beispielsweise sind Vögel auffällig oft flugunfähig. Sie können sich wegen des geringeren Feinddrucks den „teuren" Betrieb des Fliegens sparen. Tiere auf Inseln sind oft besonders groß oder besonders klein. Auch bei Pflanzen sind charakteristische Inselmerkmale bekannt: Die Abwesenheit vieler Pflanzenfresser korreliert zum Beispiel damit, dass Schutzstrukturen wie Dornen und Stacheln verloren gehen und dass geringere Mengen an Abwehrstoffen produziert werden. Der Mangel an speziellen Bestäubern hat dazu geführt, dass die Blüten tendenziell kleiner, unauffälliger und leichter zugänglich werden, wodurch sie von einer größeren Zahl von Bestäuber-Arten besucht werden können (Baeckens & van Damme 2020).

Eines der typischsten Merkmale von Inselpflanzen ist aber die Verholzung krautiger Pflanzen, die bereits Charles Darwin bekannt war. Ein Beispiel sind die Silberschwert-Pflanzen auf Hawaii (vgl. Crompton 2022). Die Fähigkeit zur Verholzung ist erstaunlich, denn die Bildung von Holz ist keine Kleinigkeit. Für holzige Pflanzen ist die Einlagerung von Lignin in die Zellwände charakteristisch. Lignin ist eine Gruppe komplizierter Makromoleküle und wird in einer Matrix zwischen Cellulosefasern eingelagert, die als weiterer Bestandteil mengenmäßig knapp die Hälfte des Holzes ausmachen. Eine dritte Komponente ist Hemicellulose; dazu kommen noch weitere Bestandteile in geringen Mengen.

Eine Gruppe von Wissenschaftlern hat jüngst in einer aufwändigen Studie nach den Ursachen geforscht, die Verholzung von Inselpflanzen begünstigen (Zizka et al. 2022). Dabei haben sie knapp 1.100 verholzende Inselarten auf 375 Inseln identifiziert, die zu 31 Archipelen gehören. Sie gehören zu 32 verschiedenen Familien (vgl. Fig. S1) und sammeln sich insbesondere in sechs Familien von Bedecktsamern (Angiospermen). Diese sind aber so unsystematisch verteilt, dass mindestens 175 unabhängige evolutionäre Übergänge angenommen werden müssen, die von krautigen zu holzigen Formen geführt haben. Wie ist es möglich, dass ein so komplexes Merkmal wie die Bildung von Holz so oft entstehen konnte?

Eine Zuordnung einer Pflanze zur Gruppe der krautigen oder verholzenden Arten ist zwar nicht immer eindeutig möglich, Zizka et al. (2022) berücksichtigten jedoch nur Inselarten mit einem ausgeprägten Holzzylinder, der sich zu den oberen Stammteilen hin erstreckt (Sträucher, Bäume und Lianen), während Arten, die nur einen holzigen Stängelansatz haben, ausgeschlossen wurden. Außerdem gingen nur Formen ein, die sich gemäß der verfügbaren phylogenetischen Literatur aus einem krautigen Vorfahren auf einer Insel entwickelt haben.

Der mindestens 175-fache unabhängige Erwerb eines komplexen Merkmals kann nicht durch Zufallsmutation und Auslese erfolgt sein. Die Autoren verweisen darauf, dass die Angiospermen (in evolutionstheoretischer Sicht) von holzigen Vorfahren abstammen und nach gängiger Sicht die krautigen Formen die Fähigkeit zur Holzbildung verloren haben. Inselverholzung stufen sie daher als Rückentwicklung (Reversion) ein. Aber kann die Fähigkeit zu verholzen erhalten bleiben, wenn die Selektion zu ihrem Erhalt über viele Millionen Jahre wegfällt und so Mutationen die Intaktheit der entsprechenden, selektiv nicht mehr begünstigten Genabschnitte bedrohen? Der vorliegende Befund legt eher nahe, dass die betreffenden Arten eine Art „Holzmodul" besitzen, das unter bestimmten Umweltbedingungen gleichsam freigeschaltet werden kann. Dies wäre ein interessantes Beispiel einer Programmierung, die als schöpfungsgemäße Ausstattung interpretiert werden könnte (Crompton 2020). Bei der krautigen Kreuzblütler-Gattung *Arabidopsis* (Schmalwand) wurde tatsächlich nachgewiesen, dass ein Holzmodul vorhanden ist und aktiviert werden kann. Wenn nämlich zwei sogenannte Suppressor-Gene ausgeschaltet werden, können sich ihre Nachkommen in einen Strauch wie eine Azalee verwandeln (Melzer et al. 2008; Abb. 1).

Hier wären weitere Kenntnisse über die genetischen Grundlagen der Verholzung wichtig, doch diese waren nicht Gegenstand der Untersuchung. Die Forscher untersuchten nur, ob es einen statistisch nachweisbaren Zusammenhang mit Verholzung und bestimmten Umweltbe-

Abb. 1 Links: Polsterartige Formen des Pflanzenwuchses einer soc1-3- und ful-2-Mutante von *Arabidopsis thaliana* nach 8 Monaten Wachstum unter Kurztagbedingungen. Insert: Habitus der Pflanze nach wenigen kurzen Tagen. Weißer Balken: 10 cm. Rechts: Normaler krautiger Habitus von *Arabidopsis thaliana*. (Links aus: Melzer et al. 2008, Abdruck mit freundlicher Genehmigung; rechts: Stefan.lefnaer, CC BY-SA 4.0)

dingungen gibt. Sie konnten zeigen, dass verstärkte Trockenheit, das Fehlen von Fressfeinden, stabile klimatische Bedingungen und Abgeschiedenheit eine Rolle spielen. Der Nachweis von begünstigenden Umweltfaktoren liefert jedoch keine Erklärung für die evolutionäre Entstehung der Verholzung.

[Baeckens S & van Damme R (2020) The island syndrome. Curr. Biol. *30*, R338–R339 • Crompton N (2020) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 2. Latente Information und präexistente genetische Programme. Stud. Integr. J. *27*, 12–19 • Crompton N (2022) Die Radiation der Silberschwert-Gruppe. 1. Indizien für präexistente genetische Programme. Stud. Integr. J. *29*, 80–89 • Melzer S et al. (2008) Flowering-time genes modulate meristem determinacy and growth form in *Arabidopsis thaliana*. Nature Genet. *40*, 1489–1492 • Zizka A, Onstein RE et al. (2022) The evolution of insular woodiness. PNAS *119*, e2208629119] *R. Junker*

Artbildung ohne ökologische Unterschiede

Über viele Jahrzehnte war es eine kaum angefochtene Lehrmeinung: Artbildung – die Aufspaltung einer Art in Tochterarten – erfordert in der Regel unterschiedliche ökologische Bedingungen, unter denen die geographisch getrennten Populationen leben. Dies bewirke unterschiedliche Selektionsbedingungen, sodass verschiedene genetische Varianten selektiv bevorzugt werden. Das wiederum fördere die Auseinanderentwicklung und verhindere irgendwann auch ein Vermischen durch Kreuzungen beim späteren Aufeinandertreffen der entstandenen Schwesterarten. Theoretisch ist das einleuchtend und so beschrieb es bereits Charles Darwin.

Nun haben zwei Forscher diese theoretische Vorstellung empirisch genauer überprüft. Sie werteten mithilfe statistischer Modelle Daten von Merkmalen von über 1000 Paaren von Schwesterarten von Vögeln, Säugetieren und Amphibien aus, um die Merkmalsdivergenz im Laufe der Zeit zu modellieren (Anderson & Weir 2022). Unter Schwesternarten versteht man nächstverwandte Biospezies, also Artenpaare, die sich normalerweise nicht vermischen, also reproduktiv isoliert sind, obwohl sie im Erscheinungsbild oft recht ähnlich sind. Ein bekanntes Beispiel aus Mitteleuropa sind Grünspecht und Grauspecht (Abb. 1). Bei ihren Analysen berücksichtigten Anderson & Weir bei Säugetieren und Amphibien unter anderem Klimapräferenzen, Körpergröße, -gewicht und -form, bei Vögeln zusätzlich Schnabelmerkmale und Gesangsvariationen.

Überraschenderweise fanden die Forscher aber nur wenige Beispiele für eine Anpassung unter verschiedenen ökologischen Bedingungen. Vielmehr sprechen die Daten eher dafür, dass der Prozess der Artaufspaltung und die Bildung von Schwesterarten in den meisten Fällen unter ähnlichem Selektionsdruck erfolgten. Die getrennt entwickelten Arten weisen oft sehr ähnliche biologische Anpassungen auf. Dies widerspricht der klassischen Auffassung, wonach unterschiedliche Anpassung eine wichtige Triebkraft für die frühen Stadien der Artbildung ist. Neue Arten entstehen also trotz geringer gestaltlicher und ökologischer Unterschiede – entscheidend ist vor allem die räumliche Trennung. Erst nach der Artaufspaltung etablieren sich demnach unter Umständen auch ökologische Unterschiede und Merkmalsänderungen.

Was aber führt dann zur Arttrennung? Hier wird in einer Meldung auf *wissenschaft.de* auf unterschiedliche zufällige Mutationen verwiesen, die in den getrennten Populationen auftreten. Aber ist auch das nur evolutionstheoretisch motivierte Lehrmeinung oder gibt es empirische Belege dafür, dass zufällige Mutationen den Hauptmotor der Artbildung darstellen? Das war nicht Gegenstand der Untersuchung von Anderson & Weir (2022); sie gehen auf die Rolle von Mutationen nicht ein. Möglicherweise liefert stattdessen die Mendel'sche Artbildung den Schlüssel zum Verständnis (Crompton 2019). Demnach beruht die Vielfalt, die heute bei verschiedenen Arten desselben Grundtyps (gemeinsame Schöpfungseinheiten nach 1. Mose 1, 11.21.25) beobachtbar ist, im Wesentlichen auf bereits vorhandener genetischer Vielfalt und vorhandenen genetischen Programmen. Dies könnte eine Basis für Arttrennung sein, ohne dass die ökologischen Randbedingungen nennenswert verschieden sind. Bei der *Verteilung vorhandener Varianten* könnte der Zufall hingegen eine nennenswerte Rolle spielen. Also: zufällige Mutationen oder zufällige Verteilung vorhandener Variation? Für eine Antwort auf diese Frage sind entsprechende gezielte Untersuchungen erforderlich. Immerhin ist eine Reihe von Beispielen schneller Veränderungen bekannt wie z. B. bei den Buntbarschen der großen ostafrikanischen Seen oder den *Anolis*-Eidechsen auf den karibischen Inseln, deren Geschwindig-

Abb. 1 Grauspecht (*Picus canus*, links) und Grünspecht (*Picus viridis*) als Beispiel für Schwesterarten. (links: Dion Art, CC BY-SA 4.0; rechts: Hans-Jörg Hellwig, CC BY-SA 3.0)

keit nur auf der Basis vorhandener genetischer Variation möglich ist, während die Fixierung von zufälligen Mutationen in Populationen als ausschließliche Basis zur Bildung von Arten mit unterschiedlichen Merkmalen in der Regel ausgesprochen zeitraubend wäre.

[Anderson SAS & Weir JT (2022) The role of divergent ecological adaptation during allopatric speciation in vertebrates. Science *378*, 1214–1218; doi:10.1126/science.abo7719 • Crompton N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. W+W Special Paper B-19-3, https://www.wort-und-wissen.org/artikel/mendelsche-artbildung-und-die-entstehung-der-arten/] *R. Junker*

Beobachtungen bei Schimpansen widersprechen „Savannen-Hypothese"

Eine Studie von Drummond-Clarke et al. (2022, 1) ist dem Ziel gewidmet, anhand der Beobachtung heute lebender Schimpansen die Plausibilität der berühmten „Savannen-Hypothese" zu prüfen, die sich bis heute in Fachliteratur und Schulbüchern findet.

Die bekannte „Savannen-Hypothese" besagt, dass sich im späten Miozän bis Pliozän (ca. 10 bis 2,5 MrJ [Mio. radiometrische Jahre]) die Wälder in Afrika zurückgezogen haben sollen, was die Homininen (vermeintliche Vormenschen seit Abspaltung der Schimpansen-Linie) dazu gebracht hätte, sich viel häufiger zweibeinig fortzubewegen (Drummond-Clarke et al. 2022, 1). Auf diese Weise sei schrittweise der zweibeinige menschliche Gang entstanden.

Drummond-Clarke et al. (2022) halten zu Beginn ihres Artikels erst einmal fest, dass keine direkten fossilen Belege für die Savannen-Hypothese existieren, und dass es Schwierigkeiten dabei gibt, „die Beziehung zwischen Verhalten und Lebensraum allein aus der Morphologie [Körperbau] zu rekonstruieren". Daher halten sie verhaltensbiologische Studien bei Schimpansen als den nächstverwandten lebenden Arten für den entscheidenden „Schlüssel" zum Verständnis der Evolution des aufrechten Ganges (S. 1).

Die Wissenschaftler unternahmen einen Test dieser Hypothese, indem sie das Verhalten einer Schimpansen-Gruppe untersuchten, die sich erst seit 2018 in der Issa-Talregion (im Westen Tansanias) angesiedelt hatte. Diese Region enthält ein sogenanntes Savannen-Mosaik aus offenem *woodland* und kleinen geschlossenen Waldregionen *(forest)*. Die Landschaft soll darin dem Lebensraum der frühen Homininen wie *Orrorin*, *Ardipithecus ramidus* und *Australopithecus afarensis* vergleichbar gewesen sein – wie auch die Ernährungsweise (S. 1f+5).

Die Forscher konnten ca. 13.700 Beobachtungen von 13 erwachsenen Schimpansen aufzeichnen (S. 3). Dabei fanden sie heraus, dass die Schimpansen sich in offener Vegetation „signifikant" häufiger am Boden fortbewegten als in geschlossener Vegetation (82 % vs. 61 % der Fortbewegung). Die Sensation war, dass Zweibeinigkeit hauptsächlich in Bäumen (zu 86 %) – also beim Klettern – aber nur zu 14 % am Boden auftrat. Insgesamt waren die Schimpansen in Issa nur in 0,77 % der Zeit mit zweibeinigem Stehen oder Gehen beschäftigt. Davon machte das zweibeinige Gehen wiederum nur ein Viertel der Fälle aus, weshalb sich die Schimpansen insgesamt nur in ca. 0,2 % der Zeit zweibeinig fortbewegten.

Dies widerspricht den Erwartungen der Savannen-Hypothese, wie auch die Autoren konstatieren (S. 5): „Unsere Ergebnisse stellen die seit Langem bestehende Assoziation zwischen zunehmender Terrestrialität [Leben am Boden] und der Evolution des Zweibeinertums als Fortbewegungsverhalten bei frühen Homininen in Frage. […] Issa-Schimpansen blieben in hohem Maße baumbewohnend und nutzten in offener Vegetation nicht mehr Zweibeinigkeit […]."Dementsprechend hat sich die Zweibeinigkeit der Homininen nicht in der Savanne entwickelt – die Autoren vermuten stattdessen eine Entstehung in den Bäumen (S. 4). Es sei außerdem angemerkt, dass beim balancierenden Stehen oder Laufen in Bäumen ganz andere biomechanische Ansprüche und Selektionsdrücke im Detail angenommen werden müssen als beim ausdauernden, schreitenden menschlichen Gang am Boden.

Abb. 1 Die Savannen-Hypothese besagt, dass durch einen klimabedingten Rückgang der Wälder Homininen (wie z. B. *Australopithecus*) dazu gezwungen gewesen sein könnten, den aufrechten Gang zu entwickeln. Dies widerspricht empirischen Befunden bei heute lebenden Schimpansen. (Symbolbild; Camera-man)

Überaus bemerkenswert ist die Einschätzung von Drummond-Clarke et al. (2022, 5) über die Unsicherheiten in der vermeintlichen Evolution des aufrechten Ganges: „Unklar bleibt jedoch, welche Art von Selektionsdruck auf die Homininen aufgrund dieses Übergangs in offene Lebensräume wirkte, da die gegensätzlichen Signale von Terrestrialität und Arborealität [Baumleben] viel Unsicherheit darüber lassen, wie genau die Homininen diese Lebensräume nutzten […]. Mit anderen Worten, die bloße Anwesenheit von Homininen sagt nichts darüber aus, wie sie in ihren Paläohabitaten [Lebensräumen] interagierten."

Die tatsächlichen Beobachtungen bei Schimpansen sprechen somit gegen die von vielen Evolutionsbiologen favorisierte – aber spekulative – Savannen-Hypothese zum Erwerb des aufrechten Ganges. Damit bleibt die Entstehung des ausdauernd schreitenden Ganges bei echten Menschen, wie er fossil seit *Homo erectus* nachweisbar ist, weiterhin ungeklärt. So konstatiert auch Vieweg (2022) zum vorliegenden Artikel: „Nach wie vor bleibt [es] ein Rätsel, warum die Vorfahren des Menschen schließlich eine aufrechte Fortbewegungsweise annahmen."

[Drummond-Clarke RC et al. (2022) Wild chimpanzee behavior suggests that a savanna-mosaic habitat did not support the emergence of hominin terrestrial bipedalism. Aci. Adv. *8*, eadd9752, doi: 10.1126/sciadv.add9752 • Vieweg M (2022) Aufrechter Gang: Fragliche Ursprungs-Annahme. https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/aufrechter-gang-fragliche-ursprungs-annahme/] *B. Scholl*

Größte Blüte in Bernstein neu bestimmt

Blüten werden – wie Pflanzenteile überhaupt – selten als Einschlüsse in Bernstein gefunden. In nicht vorsortierten Proben wurden in baltischem Bernstein bei den Inklusen nur 1–3 % eingeschlossene Pflanzenreste gefunden. Die bisher dokumentierten Inklusen sind auffallend klein, in der Regel kleiner als 10 mm. In zwei Publikationen in der zweiten Hälfte des 19. Jahrhunderts wurde eine auffällig große Blüte in baltischem Bernstein als *Stewartia kowalewskii* kurz beschrieben und der Familie der Teestrauchgewächse (Theaceae) zugeordnet. Das Präparat (X4088) wird in der Bundesanstalt für Geowissenschaften und Rohstoffe (BGR) in Berlin-Spandau gelagert. Diese Blüte ist mit 28 mm bis heute die größte, die als Inkluse in fossilem Harz gefunden wurde. Bis heute wurde sie zwar immer wieder erwähnt, aber noch nie detailliert beschrieben.

Sadowski & Hofmann (2023) haben jüngst das alte Präparat dokumentiert und bearbeitet, die eingeschlossene Blüte charakterisiert und Pollen aus dem Präparat isoliert und charakterisiert. Sie kommen aufgrund ihrer Analyse zu dem Ergebnis, dass es sich bei der Inkluse um die Blüte einer anderen Familie innerhalb der Heidekrautartigen (Ericales) handelt, nämlich der Symplocaceae (kein deutscher Name). Daher wurde die fossile Pflanze von den Autorinnen in *Symplocos kowalewskii* umbenannt. Die in baltischem Bernstein erhaltene Blüte weist ebenso wie die Pollenkörner eine große Ähnlichkeit zu heute in Asien vorkommenden Symplocaceae auf. Von der Gattung *Symplocos* sind heute je nach Bearbeiter bis zu über 300 Arten in Amerika, Süd- und Ostasien sowie Australien beschrieben (Fritsch et al. 2008).

Der Fundort des Bernsteins mit der *S. kowalewskii*-Blüte ist in der Literatur nicht genannt. Sadowski & Hofmann (2023) gehen davon aus, dass er wie die meisten aus den klassischen Sammlungen aus der „Blauen Erde" der Halbinsel Samland (bei Kaliningrad; bis 1946 Königsberg) stammt. Das Sediment der „Blauen Erde" wird ins späte Eozän gestellt und wurde anhand radiometrischer Datierungen (K-Ar) mit ca. 37,8 bis 33,9 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) angegeben (Ritzkowski 1997). Sadowski & Hofmann (2023) stellen bereits beschriebene Fossilien aus der Familie Symplocaceae zusammen. Bei den ältesten handelt es sich um Pollen der Familie Symplocaceae aus der Kreide (Maastrichtium, ca. 72,1–66 MrJ), diese werden aber kontrovers diskutiert. Sicher zuzuordnende Früchte sind aus dem frühen Eozän (ca. 56–47,8 MrJ; vgl. Miller et al. 2020) bekannt, sowie weitere Früchte der Gattung *Symplocos* aus dem unteren Eozän in Frankreich.

Die von den Autorinnen zusammengestellten Merkmale dieser fossilen *Symplocos*-Art und deren umfangreiche und differenzierte Vergleiche mit anderen fossilen und rezenten Arten erlaubten weitreichende Einsichten hinsichtlich paläoökologischer und paläogeographischer Gegebenheiten im Eozän. So ist es sehr wahrscheinlich, dass *Symplocos*-Arten wesentlicher Bestandteil feuchter und warmer bis subtropischer Mischwälder waren. *Symplocos kowalewskii* könnte im Baltikum aber auch Bestandteil von Sumpflandschaften mit Koniferen *(Quasisequoia)* gewesen sein.

Diese Untersuchung zeigt zum wiederholten Mal, dass die Extraktion von Pollen aus Bernstein und deren Bestimmung (Palynologie) einen großen Beitrag zur Erkenntnisgewinnung über vergangene Ökosysteme liefern kann. Sadowski & Hofmann (2023) weisen aber auch darauf hin, dass wir bisher noch wenig darüber wissen, wie die Inklusen – vor allem Pflanzenteile – überhaupt von Harz eingeschlossen werden können. Angesichts der für Harze typischen Eigenschaften bei Oberflächenspannung und Viskosität müssen außergewöhnliche Umstände bei der Einbettung einer so großen Blüte in Harz geherrscht haben.

[Fritsch PW, Kelly LM, Wang Y, Almenda F & Kriebel R (2008) Revised intrafamilial classification of Symplocaceae based on phylogenetic data from DNA sequences and morphology. Taxon *57*, 823–852. • Miller KG et al. (2020) Cenozoic sea-level and cryospheric evolution from deep-sea geochemical and continental margin records. Sci. Adv. *6*, doi: 10.1126/sciadv.aaz1346 • Ritzkowski S (1997) K-Ar-Altersbestimmung der bernsteinführenden Sedimente des Samlandes (Paläogen, Bezirk Kaliningrad). Metalla *66*, 19–23 • Sadowski E-M & Hofmann C-C (2023) The largest amber – preserved flower revisited. Sci. Rep. 13:17, https://doi.org/10.1038/s41598-022-24549-z] *H. Binder*

Abb. 1 Die auffällig große Blüte von *Symplocos kowalewskii* als Inkluse in baltischem Bernstein aus dem späten Eozän und Blüten der heutig bekannten Art *Symplocos myrtacea* („Japanische Saphirbeere"). (Sadowski & Hofmann (2023), CC BY 4.0, http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/; 阿橋 HQ, CC BY-SA 2.0)

Faltblätter im Paläozoikum

Nicht nur Tiere und der Mensch können sich bewegen, auch Pflanzen sind dazu in der Lage, wenn auch in bescheidenem Umfang. Jedem aufmerksamen Naturbeobachter fällt auf, dass die Blüten vieler Pflanzen nachts und bei kühler Witterung schließen, um bei Wärme und Sonne wieder zu öffnen. Die Blüten mancher Pflanzenarten können dem Lauf der Sonne folgen. Eher selten ist zu beobachten, dass

Pflanzen ihre Blätter zusammenfalten – ganz akkurat entlang einer Falzkante wie bei einem Faltblatt. Schön zu sehen ist das beim heimischen Wald-Sauerklee *(Oxalis acetosella)*, dessen dreiteilige kleeartige Blätter etwa ab März auf moosigen Stellen bevorzugt im Nadelwald austreiben. Die zart gebauten Blätter sind kaum gegen Verdunstung geschützt und klappen daher bei Kälte, oder wenn Sonnenlicht auf sie fällt, nach unten zusammen (Abb. 1). Dies wird durch Gelenkpolster ermöglicht, die durch Veränderungen des Saftdrucks (Turgors) im Gewebe die Bewegungen einleiten. Der Saftdruck stellt somit – zusätzlich zum längerfristigen, einseitigen Wachstum – eine Erklärung für Bewegungen bei Pflanzen dar.

Diese simpel anmutende Fähigkeit ist durchaus anspruchsvoll, denn sie benötigt einen Regelkreis. Dazu sind erforderlich: 1. Messung (Temperatur, Luftfeuchtigkeit), 2. Vergleich (passt die Blattstellung zu den aktuellen Umweltbedingungen?), 3. Nachführung (Zusammen- oder Aufklappen) und 4. Vorgabe von umweltabhängigen Sollwerten: Um effektiv Photosynthese betreiben zu können, sollten die Teilblättchen ausgebreitet sein; bei zu großer Wärme muss jedoch die Verdunstung herabgesetzt werden. Keine dieser vier Voraussetzungen darf fehlen, damit der Regelkreis funktioniert.

Bewegungen, die dem Tag-Nacht-Rhythmus folgen, werden unter dem Begriff *Nyktinastie* („Bewegung bei Nacht") zusammengefasst. Der Nutzen dieser Fähigkeit ist nicht umfassend geklärt: Diskutiert werden Reduktion der nächtlichen Wärmeabgabe, Verdunstungsschutz (wie beim Sauerklee), weniger Angriffsmöglichkeiten für nächtliche Fressfeinde oder weniger Deckung für Pflanzenschädlinge, die dadurch leichter von nachtaktiven Raubtieren erbeutet werden können.

Kürzlich gelang Paläontologen der erste fossile Nachweis für *Nyktinastie* bei Blättern (Feng et al. 2023). Den Blattbewegungen kamen sie interessanterweise aufgrund eines symmetrischen Musters von Insektenfraßschäden auf die Schliche (Abb. 2). Ein solches symmetrisches Muster ist nur dann plausibel zu erklären, wenn man annimmt, dass die Teilblättchen zusammengelegt waren, während Insekten daran fraßen und dabei in beide „Schichten" Löcher nagten. Der Mechanismus, der die Blattbewegungen verursacht hat, kann aus den Fossilfunden aber nicht erschlossen werden.

Die Forscher zeigten sich über die Funde überrascht (Vieweg 2023), denn die Pflanzen, die zur Gattung *Gigantonoclea* gestellt werden, stammen mit 259–252 Millionen radiometrischen Jahren aus dem Oberperm, also dem obersten Teil des Paläozoikums (sog. Erdaltertum) und gehören zu den Gigantopteriden, einer ausgestorbenen Gruppe der Gymnospermen (Nacktsamer). Eine solche Fähigkeit zu den anspruchsvollen Blattbewegungen hatten sie bei Pflanzen dieses Alters und dieser Pflanzengruppe nicht erwartet. Bisher war diese Fähigkeit nur bei heutigen Angiospermen (bedecktsamigen Blütenpflanzen) bekannt (s. o.). Daraus folgt, dass diese anspruchsvolle Fähigkeit unabhängig bei verschiedenen Pflanzenlinien auftritt, denn die Gigantopteriden sind systematisch weit entfernt von den Angiospermen (Feng et al. 2023, 4). Evolutionstheoretisch wird das als Konvergenz gedeutet; aus der Perspektive der Schöpfung kann es als Ausdruck freier Verwendbarkeit von Merkmalen bzw. Bauplanmodulen interpretiert werden (Baukastensystem). Die Fähigkeit der Nyktinastie reiht sich damit in die immer länger werdende Liste von Konvergenzen ein – also Ähnlichkeiten, die nicht durch gemeinsame Abstammung erklärt werden können.

Abb. 1 Wald-Sauerklee mit zusammengeklappten Blättern. (Foto: R. Junker)

[Feng Z et al. (2023) Specialized herbivory in fossil leaves reveals convergent origins of nyctinasty. Curr. Biol. *33*, 1; doi:10.1016/j.cub.2022.12.043 • Vieweg M (2023) Urzeitlicher Blatt-Schlaf im Spiegel von Fraßspuren. https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/urzeitlicher-blatt-schlaf-im-spiegel-von-frassspuren/] *R. Junker*

Flugsaurier ähnlich wie Vögel entstanden?

In der Fossilüberlieferung tauchen Flugsaurier (Pterosauria) in Schichten der oberen Trias abrupt auf; die ältesten Funde werden auf 228 Mil-

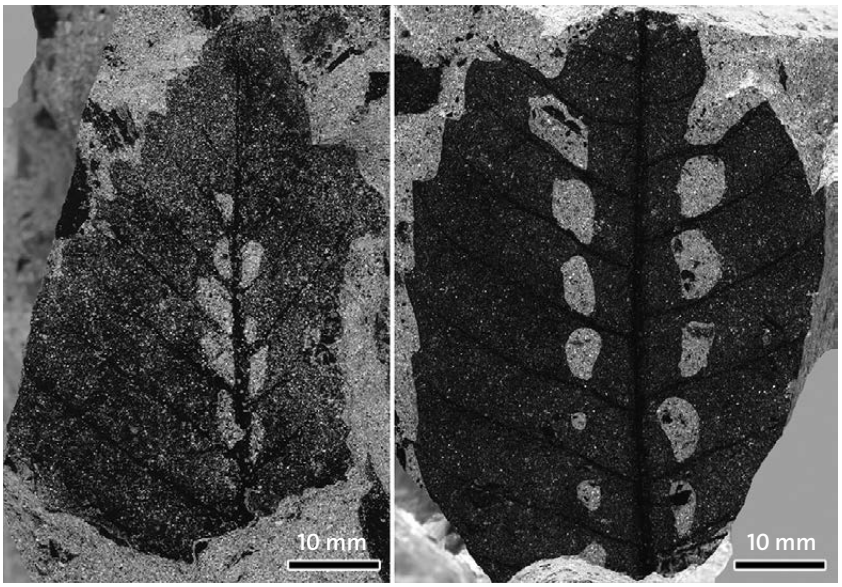


Abb. 2 Blätter von *Gigantonoclea* mit symmetrischen Fraßspuren, die darauf schließen lassen, dass die Blätter während des Fraßes an der Mittelrippe zusammengefaltet waren. (Aus Feng et al. 2023, mit freundlicher Genehmigung)

lionen radiometrische Jahre (MrJ) datiert. Es gibt eine große Lücke im Körperbau zwischen ihnen und ihren nächsten mutmaßlichen Verwandten. Die Flugsaurier sind von Beginn ihrer Fossilüberlieferung an stark spezialisiert (Foffa et al. 2022). Ihr Körperbau ist sehr deutlich anders als der von allen anderen Reptilien. Bereits die frühesten Flugsaurier waren geografisch weit verbreitet und ökologisch vielfältig (Britt et al. 2018). Ihr Ursprung ist daher aus evolutionärer Perspektive ein „ungelöstes Rätsel" (Ezcurra et al. 2020).

Vom Körperbau her am nächsten an die Flugsaurier heran kommen die Lagerpetidae aus der Obertrias, die sich ausschließlich als Läufer fortbewegten. Zusammen mit den Pterosauria werden die Lagerpetidae in die Pterosauromorpha gestellt. Zu den Pterosauromorpha gehört die bereits 1907 beschriebene, nur knapp 20 cm große Echse *Scleromochlus taylori* aus der Obertrias (230 MrJ; Abb. 1). Sie war als Schlüsseltaxon vorgeschlagen worden, das eng mit den Flugsauriern verwandt sein soll. Ihre Stellung im mutmaßlichen Stammbaum war bisher wegen schlechter Erhaltung aber umstritten.

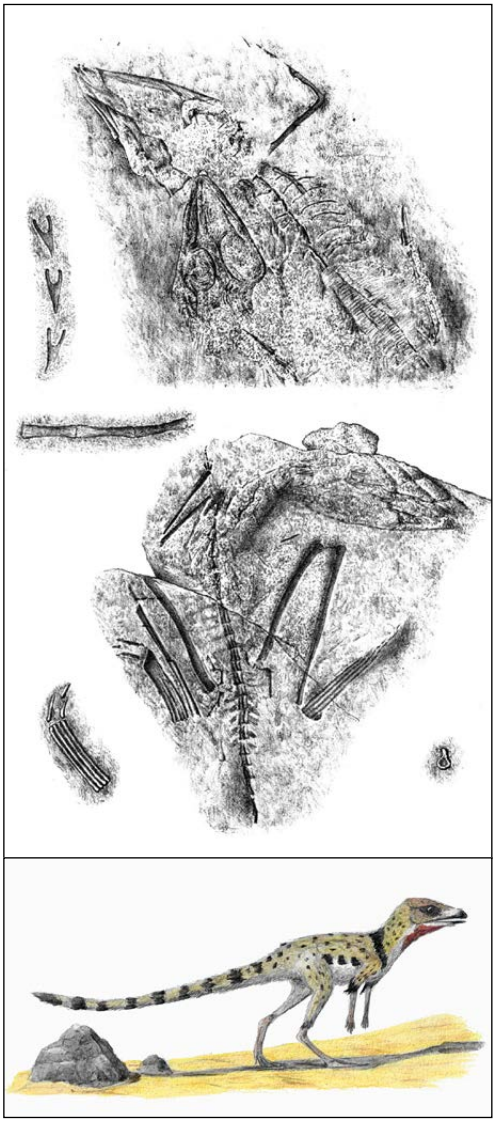


Abb. 1 *Scleromochlus*, Fossilfund aus dem Jahr 1907, und Rekonstruktion in Anlehnung an Foffa (2022). (El fosilmaníaco, CC BY-SA 4.0)

Mittlerweile stehen den Forschern neue Techniken für die Untersuchung von Fossilien zur Verfügung. Mithilfe hochauflösender computertomografischer Scans konnte kürzlich eine erste genaue Rekonstruktion des gesamten Skeletts von *Scleromochlus* erstellt werden, was eine Neubeschreibung ermöglichte (Foffa et al. 2022). Die neuen Befunde stützen die Deutung, dass es sich um eine bodenlebende, teilweise zweibeinig laufende Echse handelt, die eine verwandtschaftliche Nähe zu den Lagerpetiden aufweist und nahe dem Ursprung der Pterosauromorpha zu stellen ist, so Foffa et al. (2022). Die Ergebnisse unterstützen nach ihrer Einschätzung die Hypothese, dass sich die Flugsaurier aus kleinen, wahrscheinlich fakultativ zweibeinig laufenden Vorfahren entwickelt haben.

Aber was verbindet *Scleromochlus* konkret mit Flugsauriern? Der Schädel war relativ lang und weist eine gewisse Nähe zu den langgestreckten Schädeln der Flugsaurier auf. Weitere Merkmale wie z. B. Teile des Oberschenkelknochens sind typisch für die nächstverwandten Lagerpetidae; und die meisten phylogenetischen Analysen stellen *Scleromochlus* zu den Lagerpetidae (Foffa et al. 2022, 316). Foffa et al. stellen jedoch fest, dass bei *Scleromochlus* keine Merkmale ausgeprägt waren, die ein Fliegen, ein Klettern auf Bäumen oder ein Springen ermöglichten. Die Vorderextremitäten waren relativ kurz. Stattdessen war *Scleromochlus* vermutlich als Zehengänger ein sich vier- oder zweibeinig fortbewegender Bodenläufer. Anatomisch ist *Scleromochlus* insgesamt sehr weit von Flugsauriern entfernt. Die anatomischen Gemeinsamkeiten mit Flugsauriern sind für die sehr spezifische Lebensweise der Flugsaurier unbedeutend, und *Scleromochlus* besaß außerdem auch einzigartige Merkmale. Die Art der Fortbewegung auf dem Boden bleibt zudem nach wie vor unsicher, was mit seinem ungewöhnlichen Bauplan zusammenhängen dürfte (Foffa et al. 2022, 317). Mit einer fliegenden Lebensweise hat *Scleromochlus* aber nichts zu tun. Die anatomischen Verbindungen zu den Flugsauriern sind somit insgesamt spärlich.

Angesichts dieses Befundes ist es umso erstaunlicher, wie die Arbeit von Foffa et al. in den Wissenschaftsnachrichten popularisiert wird. „Pterosaurier entstanden wohl ähnlich wie Vögel" titelte *spektrum.de* und schrieb (Fischer 2022): „Nun zeigt der Körperbau eines frühen Verwandten, dass ihre Evolution möglicherweise bekannten Pfaden folgte." Die Tatsache, dass eine kleine Echse, die sich vermutlich fakultativ auch zweibeinig fortbewegen konnte, in wenigen Merkmalen Anklänge an Flugsaurier aufweist, beweist hinsichtlich der Entstehungsweise von Flugsauriern nichts. Dennoch werden darauf aufbauend weitere Spekulationen in den Raum gestellt: „Womöglich entstanden die Pterosaurier also ganz ähnlich wie moderne Vögel aus schnellen zweibeinigen Läufern, die die Vordergliedmaßen zum Flattern nutzen konnten." Das sind bloße Mutmaßungen ohne Datengrundlage – und nebenbei wird hier eine gängige, aber dennoch fragwürdige Hypothese (die Entstehung der Vögel ausgehend von zweibeinig laufenden Dinosauriern; vgl. Junker 2017) wie ein Faktum („bekannte Pfade") ins Spiel gebracht.

[Britt BB, Vecchia FMD et al. (2018) Caelestiventus hanseni gen. et sp. nov. extends the desert-dwelling pterosaur record back 65 million years. Nat. Ecol. Evol. *2*, 1386–1392 • Ezcurra MD & Nesbitt SJ (2020) Enigmatic dinosaur precursors bridge the gap to the origin of Pterosauria. Nature *588*, 445–449 • Fischer L (2022) https://www.spektrum.de/news/pterosaurier-fliegende-echsen-entstanden-wohl-aehnlich-wie-voegel/2064024 • Foffa D, Dunne EM et al. (2022) *Scleromochlus* and the early evolution of Pterosauromorpha. Nature *610*, 313–318 • Junker R (2017) Dino-Federvieh – Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf] *R. Junker*

Moderne Algen sind älter als die Kambrische Explosion

Im *Studium Integrale Journal* wurde immer wieder von der sogenannten Kambrischen Explosion berichtet, bei der vor über 500 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) Fossilien der meisten heute bekannten Tierstämme plötzlich und ohne Vorläufer in den Gesteinsschichten auftauchen. Eine neuentdeckte Alge aus China ist jedoch noch etwas älter und besitzt dennoch moderne Merkmale heutiger Algen – und das sogar auf zellulärer Ebene. Somit hätte sich die Alge trotz 541 MrJ vermeintlicher Evolutionsgeschichte kaum verändert und stellt daher ein „lebendes Fossil" dar.

Unter dem Titel „Fossile Alge mit modernen Merkmalen" wies Bernhard (2022) auf *wissenschaft.de* auf eine neu entdeckte Algenart hin, die von Chai und Kollegen (2022) beschrieben worden war. Chai et al. (2022) stellten die extrem gut erhaltene, kugelförmige Alge aus der Ediacara-Formation Dengying in Südchina vor, die auf mindestens 541 MrJ datiert wird. Mittels röntgen- und elektronenmikroskopischen Untersuchungen gelang den Wissenschaftlern ein Blick in das Innere der winzigen Alge, die einen Durchmesser von nur 0,5 mm besitzt. Aufgrund innerer Baumerkmale (wie einem charakteristischen Mark aus ineinander verschlungenen dünnen intrazellulären Strängen, die man Siphons nennt) schlossen Chai et al. (2022, 3) auf eine Zugehörigkeit der fossilen Alge zur modernen Gattung *Codium* aus der heutigen Grünalgen-Familie Codiaceae: „Unsere Fossilien sind sowohl in der äußeren als auch in der inneren Struktur praktisch nicht von modernen *Codium*-Vertretern zu unterscheiden." Allerdings entschieden sich die Autoren (2022, 1) dennoch für die Aufstellung einer neuen Algen-Gattung namens *Protocodium*: „Die deutlich geringere Größe im Vergleich zu den heute lebenden Arten veranlasst uns jedoch [die neue Art] *Protocodium sinense* […] aufzustellen." Phylomorphologische Untersuchungen deuten darauf hin, dass die neu entdeckte Alge *Protocodium* eine Stammgruppe der modernen Gattung *Codium* darstellt, weil „die Morphologie von *Protocodium* im Allgemeinen mit dem Rest der Gattung und insbesondere mit der *C. minus*-Untergruppe übereinstimmt" (ebd., 4). Doch was bedeutet es, wenn äußere und innere Struktur von vorkambrischen Algen denen der heutigen Algen auf erstaunliche Art und Weise ähneln?

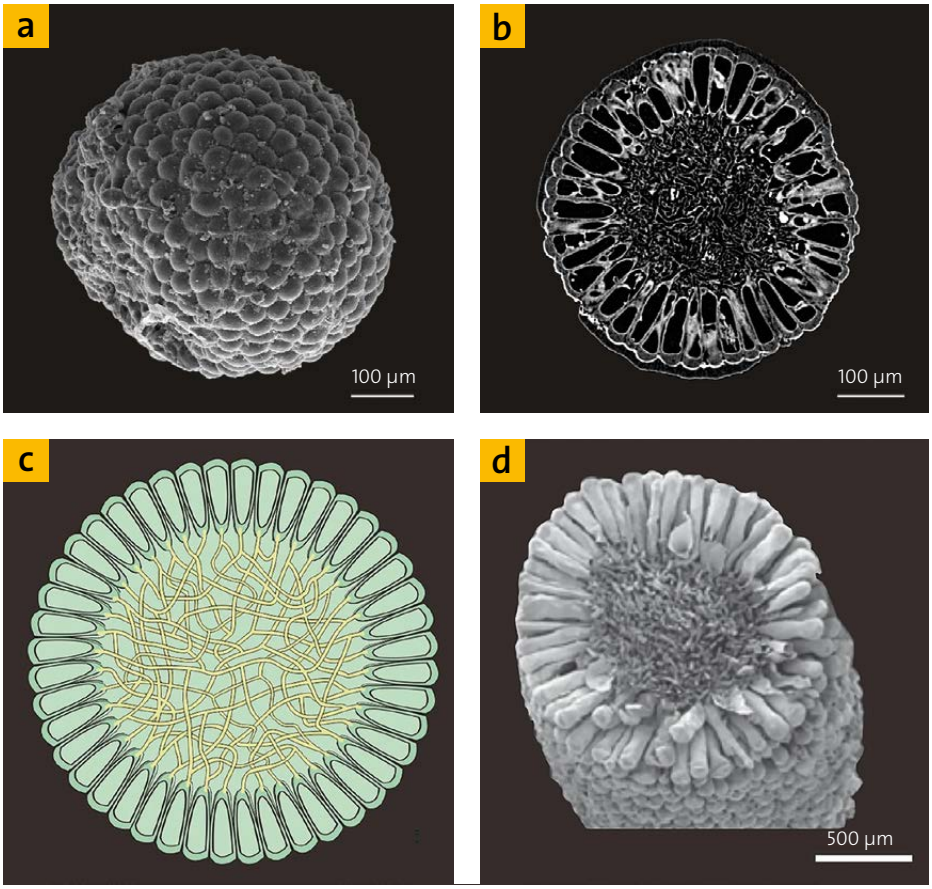


Abb. 1 Anatomie der neuentdeckten fossilen Alge *Protocodium sinense* (541 MrJ) mit modernen Algenmerkmalen als elektronenmikroskopisches (**a**) bzw. Micro-CT-Bild (**b**) und in der schematischen Rekonstruktion (**c**) im Vergleich mit einer heutigen *Codium*-Alge (**d**) unter dem Elektronenmikroskop. (Beschriftung geändert nach © Chia et al. 2022 in BMC Biology. Springer Nature; Fig. 2a+b, Fig. 3e+f; CC-BY-4.0, http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Für die Wissenschaftler ist es unerwartet, dass die „stammesgeschichtliche Gruppe *Codium*" bereits im Ediacarium vor dem Kambrium vorhanden war, was einen revidierten Zeitplan der Evolutionsgeschichte der Algen „erzwingt" (Chai et al. 2022, 7). Die auf Grundlage heutiger molekularer Vergleichsdaten erstellten „molekularen Uhren" mit der höchsten Altersabschätzung hätten das Alter der Algengattung von *Codium* nämlich immer noch um 100 MrJ jünger eingestuft (ebd.). Dies zeigt, wie unsicher das Rückrechnen mittels molekularer Uhren unter Voraussetzung des evolutionären Paradigmas sein kann.

Noch wichtiger aus Schöpfungsperspektive ist aber die folgende, etwas kompliziert formulierte Feststellung der Autoren (2022, 8): „Schließlich kann *Protocodium* als klares Beispiel für die extreme Langlebigkeit eines Eukaryonten-Zellplans mit moderater phänotypischer Differenzierung dienen." Das heißt, dass der Bauplan über mindestens 540 MrJ praktisch unverändert geblieben ist, wie Cédric Aria, Mitautor der Studie, auf *wissenschaft.de* zitiert wird (Bernhard 2022).

Das heißt also: Die Algengruppe trat mit perfekt designtem Bauplan und großer Überlebensfähigkeit fossil auf, und ist auch heute noch weltweit in den Meeren verbreitet (vgl. Bernhard 2022). Das wirft die Fragen auf: Wieso sollten dieselben Umweltbedingungen in den Weltmeeren in einer vermeintlichen Evolutionsgeschichte von über 540 MrJ Dauer einerseits zu einer Evo-

lution von winzigen, mehrzelligen Vorfahren zu Fischen und Lurchen bis hin zu Menschen geführt haben, während andererseits die Evolution der *Codium*-Gruppe über eine halbe Milliarde Jahre quasi stehen geblieben ist? Und woher kam eigentlich eine „von Anfang an" perfekt angepasste *Protocodium*-Alge, wenn sie nicht von einem Schöpfer gezielt erschaffen worden ist?

[Bernard E (2022) Fossile Alge mit modernen Merkmalen. wissenschaft.de, vom 23.09.2022, https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/fossile-alge-mit-modernen-merkmalen/ • Chai S, Aria C & Hua H (2022) A stem group *Codium* alga from the latest Ediacaran of South China provides taxonomic insight into the early diversification of the plant kingdom. BMC Biol. *20*, 199, https://doi.org/10.1186/s12915-022-01394-0] *B. Scholl*

Kambrische Explosion: Alge statt Moostierchen

Moostierchen (Bryozoa) leben in kleinen zentimetergroßen Kolonien auf hartem Untergrund und die einzelnen Tiere (sogenannte Zooiden) sind meist nur etwa 1 mm groß. Die Zooiden bestehen aus einem Weichkörper (Mund mit Tentakeln zum Filtrieren von Nahrung, Mitteldarm, Enddarm und After) und meist einer schützenden Schale; es gibt aber auch schalenlose Arten.

Vor knapp zwei Jahren wurden die Moostierchen der Gattung *Protomelission* dem „explosiven" Kambrium-Club hinzugefügt (Zhang et al. 2021; vgl. Junker 2022). Die winzigen Organismen bestehen aus sekundär phosphatierten Einheiten, die um einen zentralen Hohlraum herum angeordnet sind und eine Haltevorrichtung und eine aufrechte Achse bilden (Yang et al. 2023).

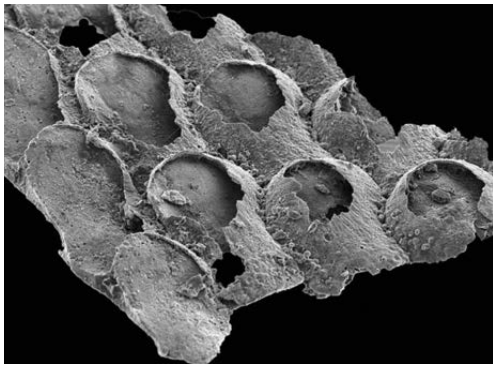


Abb. 1 Mikrofossil eines *Protomelission*-Fundes aus Australien. (Aus Zhang et al. 2021, CC-BY 4.0)

Die geologische Formation des Kambriums ist vor allem durch die sogenannte „kambrische Explosion" bekannt: Binnen kurzer Zeit (gemessen an evolutionstheoretischen Vorstellungen) treten im unteren Teil des Kambriums fast alle Tierstämme, die Hartteile besitzen, ziemlich abrupt fossil in Erscheinung. Über den vermeintlich sicheren erstmaligen Nachweis auch von Moostierchen im Kambrium haben wir in *Studium Integrale Journal* berichtet (Junker 2022). Nach Untersuchungen weiterer Fossilfunde (Yang et al. 2023) müssen die Moostierchen diese illustre Runde allerdings wahrscheinlich schon wieder verlassen – jedenfalls vorläufig.

Die Forscher um Yang (2023) haben weitere fossile Exemplare von *Protomelission gatehousei* in der unterkambrischen Xioashiba-Lagerstätte in China gefunden. Diese besitzen einen keulenförmigen Thallus (Vegetationskörper) aus kastenförmigen Kammern um einen zentralen Hohlraum und einer basalen Haltevorrichtung, die in einigen Fällen an einer Tierschale befestigt ist. Anders als bei bisherigen Funden dieser Gattung konnten bei den neuen Funden auch Weichteile, nämlich dünnwandige Gewebe, mithilfe von leistungsstarken Mikroskopen und Fluoreszenzfotografie untersucht werden. Dabei entdeckten die Forscher statt der erwarteten Tentakel einfache, blattähnliche dreieckige Strukturen und schlossen daraus, dass es sich um pflanzliche Überreste handelt. Die Forscher ordnen die *Protomelission*-Fossilien nun in eine Gruppe von Grünalgen ein, den Dasycladales. Die Ordnung Dasycladales hat somit ca. 521 bis 514 MrJ (Millionen radiometrische Jahre) überstanden und kommt auch heute noch in Form von zwei Familien von Grünalgen vor (Scholl berichtet in dieser Ausgabe auf S. 65 sogar über eine noch ältere und bis heute existente Familie von Grünalgen). Die Zuordnung zu den Dasycladales deutet – so die Autoren – darauf hin, dass benthische Algen (am Boden lebende Formen) eine größere Rolle in kambrischen Gemeinschaften spielten, als bisher angenommen wurde. Wenn die Rekonstruktion zuvor tatsächlich fehlerhaft war, wäre das insofern erstaunlich, als Zhang et al. (2021) sogar Merkmale verschiedener Untergruppen der Bryozoen an *Protomelission* gefunden zu haben glaubten.

Vielleicht ist aber das letzte Wort noch nicht gesprochen. Yang et al. (2023) sind jedenfalls – anders als die populäre Wissenschaftspresse – mit ihren Schlussfolgerungen vorsichtig. Das Fossil zeige (nur), dass Merkmale, die zur Zuordnung von *Protomelission* zu den Bryozoen verwendet wurden, nicht ausschließlich diese Gruppe charakterisieren – eine Zugehörigkeit zu den Bryozoen könne bestenfalls als vorläufig angesehen werden. Eine Reihe weiterer kambrischer Fossilien weise ebenfalls Merkmale auf, die mit einer Zugehörigkeit zu den Bryozoen in Einklang gebracht werden könnten, was aber auf der Grundlage des derzeit verfügbaren Materials nicht sicher entschieden werden könne.

Dagegen ist die Kommentierung im Online-Wissenschaftsmagazin *scinexx.de* völlig überzogen, wenn behauptet wird, dass die verschiedenen Tiergruppen damals womöglich „doch nicht so plötzlich" entstanden seien wie bisher angenommen (Manz 2023). Tatsächlich ändert sich am Gesamtbild der kambrischen Fossildokumentation durch die neuen Befunde nichts Wesentliches. Schließlich war angesichts der fossilen Überlieferung vielfältiger komplexer Formen von Bryozoen im unteren Ordovizium und aufgrund von molekularen Daten (molekulare Uhr) ohnehin angenommen worden, dass die Moostierchen auch im Kambrium existiert haben sollten (Zhang et al. 2021, 251); dies macht es weiterhin wahrscheinlich, dass alle Tierstämme im Kambrium existierten.

[Junker R (2022) Moostierchen – willkommen im „explosiven" Kambrium-Club. Stud. Integr. J. *29*, 56–57 • Manz A (2023) Älteste Moostierchen der Welt waren gar keine. https://www.scinexx.de/news/biowissen/aelteste-moostierchen-der-welt-waren-gar-keine/ • Yang J, Lan T, Zhang X et al. (2023) *Protomelission* is an early dasyclad alga and not a Cambrian bryozoan. Nature *615*, 468–471 (2023). doi:10.1038/s41586-023-05775-5 • Zhang Z, Zhang Z, Ma J et al. (2021) Fossil evidence unveils an early Cambrian origin for Bryozoa. Nature *599*, 251–255, doi: 10.1038/s41586-021-04033-w] *R. Junker*

Doch keine Biomoleküle in der Venusatmosphäre

Spekulationen über die Existenz außerirdischen Lebens gibt es schon seit dem 19. Jahrhundert. Neben William Thomson, auch bekannt als Lord Kelvin, befürwortete auch der schwedische Chemiker Svante Arrhenius mit der Panspermie-Hypothese eine außerirdische Herkunft des Lebens. Im 20. Jahrhundert argumentierten neben anderen Alexander I. Oparin oder Francis Crick ebenfalls für „Infektionstheorien", d. h. den Import von Organismen von anderen Himmelskörpern. Ausgelöst wurden diese Spekulationen durch die Experimente von Louis Pasteur, der im Jahr 1862 auf elegante Weise gezeigt hatte, dass Leben nur von Leben kommt.

Obwohl es bis heute weder Belege noch brauchbare Indizien für Lebewesen auf anderen Himmelskörpern gibt, werden viele Anstrengungen unternommen, Hinweise auf außerirdisches Leben zu erhalten. Aus diesem Bemühen ist die noch recht junge Disziplin „Astrobiologie" hervorgegangen. Große Bedeutung hat die Suche nach Signalen aus dem All, die mithilfe von Teleskopen oder Raumsonden betrieben wird. Noch größer ist allerdings die Hoffnung, auf deutlichere Spuren wie Biomarker zu stoßen, d. h. Moleküle, die eindeutig für das Vorhandensein von Organismen sprechen.

Das Ausmaß dieser Hoffnung wurde deutlich, als im Herbst 2020 gemeldet wurde, dass auf der Venus Phosphin (PH_3) nachgewiesen worden sei – ein Gas, das auf unserem Planeten nur aus biologischen Vorgängen hervorgeht. Obwohl die Autoren der Originalarbeit um Jane S. Greaves (2020a) bei ihren Schlussfolgerungen sehr zurückhaltend waren, folgte in den Medien eine Flut an Meldungen, auf der Venus seien Hinweise auf Leben erhalten worden. Schlagzeilen wie „Hinweise auf Leben in der Venusatmosphäre versetzen Forschern einen Schock" (stern.de) waren ungeachtet der äußerst dünnen Befundlage keine Seltenheit.

Die Kritik ließ jedoch nicht lange auf sich warten, denn das oxidationsempfindliche Phosphin dürfte in der an Schwefelsäure reichen und sehr heißen Venusatmosphäre sehr schnell abgebaut werden. Das erfordert eine schnelle Nachbildung des Gases durch einen chemischen oder biologischen Vorgang. Nach Einwänden von Encrenaz et al. (2020) und Villanueva et al. (2021) sah sich die Forschungsgruppe um Greaves zu einer Überprüfung ihrer Datenauswertung veranlasst (Schmidtgall 2021). Die Kritik fokussierte sich zum einen auf die Störung des Phosphin-Signals durch Schwefeldioxid, das ein sehr ähnliches Signal ergibt, und zum anderen auf Schwierigkeiten bei der anspruchsvollen Dateninterpretation.

In der darauf folgenden Veröffentlichung räumten Greaves et al. Fehler in der Datenverarbeitung und -interpretation in der zuvor publizierten Arbeit ein (Greaves 2020b). Eine Rücknahme der ersten Veröffentlichung erfolgte aber nicht. Die Wissenschaftszeitschrift *Nature* nahm dagegen die angebliche Entdeckung in einem Kommentar gegen Kritik in Schutz (Witze 2020).

Inzwischen sind weitere Untersuchungen erfolgt. Eine Gruppe der NASA verwendete hierzu ein Teleskop, das auf einem Flugzeug montiert war. Dies bietet gegenüber auf der Erde stationierten Teleskopen den Vorteil, dass störende Signale der Erdatmosphäre ausgeschlossen werden können, sodass präzisere Messungen möglich sind. Im Rahmen des SOFIA-Projekts (Stratospheric Observatory for Infrared Astronomy) wurden im Verlauf von drei Flügen Daten bezüglich der Venusatmosphäre in einer Höhe zwischen 72 und 112 km gesammelt. Ausgehend von ihren Ergebnissen schlussfolgerten die Forscher, dass in der Venusatmosphäre eindeutig kein Phosphin vorhanden ist (Bandari 2022).

Auch wenn Greaves et al. (2021) weiterhin daran festhalten, Phosphin in der Venusatmosphäre nachgewiesen zu haben, ist die wissenschaftliche Erkenntnis bis heute, dass Leben auf der Erde einzigartig ist. Das passt nicht zu der evolutionstheoretischen Erwartung, dass die Entstehung von Leben durch rein physikalisch-chemische Prozesse irgendwann auch auf anderen Himmelskörpern stattgefunden haben müsste.

[Bandari A (2022) No Phosphine on Venus, According to SOFIA, https://blogs.nasa.gov/sofia/2022/11/29/no-phosphine-on-venus-according-to-sofia/ • Encrenaz T et al. (2020) A stringent upper limit of the PH3 abundance at the cloud top of Venus. Astronomy & Astrophysics *643*, L5 • Greaves JS et al. (2020a) Phosphine gas in the cloud decks of Venus. Nature Astronomy, https://doi.org/10.1038/s41550-020-1174-4 • Greaves JS et al. (2020b) Re-analysis of Phosphine in Venus' Clouds. arXiv:2011.08176 • Greaves JS et al. (2021) Reply to: No evidence of phosphine in the atmosphere of Venus from independent analyses. Nature Astronomy *5*, 636–639 • Schmidtgall B (2021) Leben auf der Venus – doch nur eine leere Sensationsmeldung? https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n287.php • Villanueva GL et al. (2021) No evidence of phosphine in the atmosphere of Venus by independent analyses. Nature Astronomy *5*, 631–635; • Witze A (2020) Prospects for life on venus fade – but aren't dead yet. Nature *587*, 532]

B. Schmidtgall

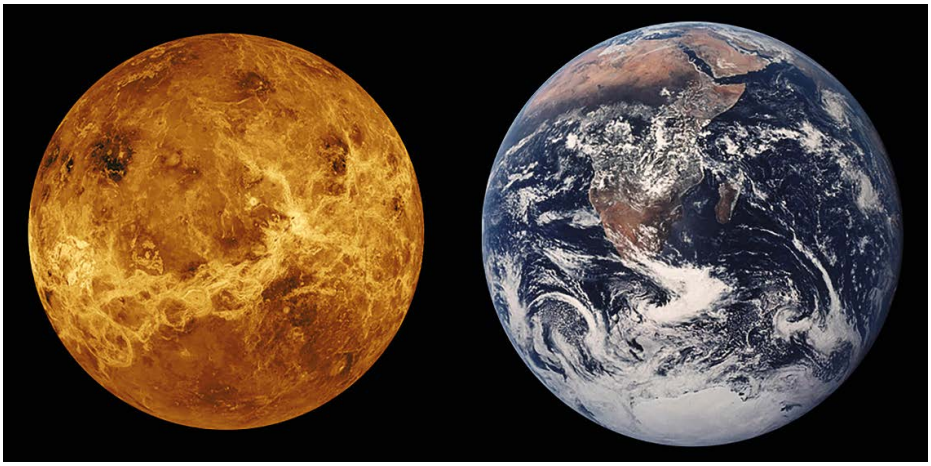


Abb. 1 Erde und Venus im Vergleich: Bei beiden Himmelskörpern handelt es sich um Gesteinsplaneten von ähnlicher Größe. Der wesentliche Unterschied ist jedoch die Atmosphäre der Planeten. Während die Erdatmosphäre ideale Lebensbedingungen ermöglicht, ist diejenige der Venus sehr lebensfeindlich. (NASA, CC0)

Kommentar

Innovative Evolution ohne Erklärung

Ein bemerkenswerter Online-Beitrag des britischen *The Guardian* thematisiert eine Kontroverse von Evolutionsbiologen, die eigentlich längst beigelegt sein sollte: Gibt es überhaupt eine einheitliche Erklärung für Evolution?

Reinhard Junker

„So seltsam es klingt, aber die Wissenschaftler kennen noch immer keine Antworten auf einige der grundlegenden Fragen zur Entwicklung des Lebens auf der Erde." Man könnte denken, dass ein Kreationist diesen Satz geschrieben habe. Doch weit gefehlt! Tatsächlich handelt es sich um den ersten Satz eines Ende Juni 2022 veröffentlichten Beitrags im britischen *The Guardian* mit der Überschrift „Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?" (Buranyi, 2022; Zitate daraus in eigener deutscher Übersetzung). Ganz ähnlich titelte schon im Jahr 2014 eine Autorengruppe in der renommierten Wissenschaftszeitschrift *Nature* (Laland et al. 2014). Eigentlich also nichts Neues, aber die Sache ist viel zu wenig bekannt.

Kritisiert wird nichts Geringeres als die auf Charles Darwin zurückgehende Standardvorstellung, wonach Evolution durch Anhäufung winziger Vorteile ablaufe. Eine wachsende Zahl von Wissenschaftlern halte diese Vorstellung, wie sie typischerweise in Lehrbüchern vermittelt wird, für „absurd grob und irreführend". Deutlich werde dies beispielsweise bei Hypothesen zur Evolution von Augen. Die Erklärung würde nicht am Anfang, sondern „mitten in der Geschichte" anfangen: Die Existenz von lichtempfindlichen Zellen, Linsen oder Iris würde als gegeben vorausgesetzt, ohne zu erklären, woher sie überhaupt stammen (vgl. Ullrich et al. 2006; s. Abb. 1). Armin Moczek, Biologe an der Indiana University, moniert weiter, dass auch nicht angemessen erklärt werde, wie die empfindlichen und leicht zerstörbaren Komponenten zusammengefügt wurden, um ein vollständiges Organ zu bilden. Und es seien nicht nur die Augen, mit denen sich die traditionelle Theorie herumschlägt: Das erste Auge, der erste Flügel, die erste Plazenta – wie sind sie entstanden?

Abb. 1 Die Iris unseres Auges hat die Funktion einer Blende und benötigt für ihre Funktion einen ausgefeilten Bau. Evolutionstheorien müssten ihre Entstehung von Grund auf erklären. Eine gültige Erklärung darf nicht erst bei einem Stadium beginnen, wo die Funktion bereits gewährleistet ist. Darauf weisen auch kritische Evolutionsbiologen hin. (Bild: Jevgenij, Adobe Stock)

Das Überleben der am besten Angepassten durch natürliche Selektion – das berühmte *survival of the fittest* – erkläre vielleicht Optimierung von Organen, nicht aber deren erstmaliges Erscheinen – das *arrival*. Und natürlich kommt es erst einmal auf das *arrival* an. Viele Evolutionsbiologen halten diese Frage tatsächlich für ungeklärt – und zwar allgemein im Hinblick auf die Entstehung von Organen. Das Wirken der natürlichen Selektion und das Auftreten von Mutationen werden zwar genauso wenig bestritten wie die Rolle des Zufalls, wohl aber, dass diese Faktoren die Entstehung evolutionärer Neuheiten – also sozusagen das „Eigentliche" – erklären (vgl. Buranyi 2022). Es brauche eine Erweiterung der Standard-Evolutionstheorie – eine Erweiterte Evolutionäre Synthese (EES). Dies ist auch insofern bemerkenswert, als Darwin in seinem Hauptwerk *On the Origin of Species* schrieb, dass seine gesamte Theorie des Lebens „völlig zusammenbrechen" würde, wenn neben der natürlichen Auslese noch eine andere Kraft die Unterschiede zwischen den Lebewesen erklären könnte. Genau das wird seit Jahrzehnten kontrovers diskutiert. Für eine Reihe von Forschern ist natürliche Auslese nicht die „allmächtige Kraft", die Evolution vorantreibt.

Allerdings ist nach wie vor die Mehrheit der Biologen von dieser weitreichenden Kritik ganz und gar nicht begeistert und sieht die Notwendigkeit einer Erweiterung nicht. Manche verlassen den Boden einer sachlichen Kontroverse und kanzeln die Dissidenten als „fehlgeleitete Karrieristen" ab. Man solle dem nicht so viel Aufmerksamkeit schenken. Es fällt auf: Auch innerhalb der Evolutionsbiologie gibt es „Gute" und „Böse", und Abweichler riskieren, geächtet zu werden. Buranyi (2022) schrieb sogar: „Jeder, der sich nicht der modernen Synthese anschloss, wurde ausgegrenzt." Und: „Wo sich früher die Christen beklagt hatten, dass Darwins Theorie das Leben sinnlos mache, erheben nun die Darwinisten denselben Vorwurf gegen Wissenschaftler, die Darwin widersprechen." Solche Vorgehensweisen sind typisch für religiöse Systeme, nicht aber für Wissenschaft.

„Der Traum ist geplatzt“

Es steht tatsächlich mehr auf dem Spiel, als man zunächst denken könnte. Denn die vorgeschlagenen Erweiterungen einer EES lassen sich weder untereinander noch mit „natürlicher Selektion“ zu einer einheitlichen Theorie zusammenfassen. Die EES ist ein Sammelsurium verschiedener evolutionstheoretischer Ideen, deren Erklärungskraft zudem fragwürdig ist (Junker & Widenmeyer 2021). Der Traum ist geplatzt, meint *The Guardian* – und zwar der Traum von einer vereinheitlichenden Theorie, die es den Biologen ermöglichen würde, „sich der Physik und der Chemie im Club der strengen, mechanistischen Wissenschaften anzuschließen, die das Universum auf eine Reihe elementarer Regeln reduzieren“. Dieses Ziel verfolgte bereits Charles Darwin ausdrücklich (vgl. Pulte 2009, 142) und meinte, es mit „seiner Theorie“ von der natürlichen Auslese erreicht zu haben. Dabei schien beim 100-jährigen Jubiläum seines Buches *On the Origin of Species* im Jahr 1959 noch alles klar zu sein.

Wenn fraglich ist, ob eine Evolution von Neuheiten in der Biologie experimentell nachvollziehbar ist, ist damit auch in Frage gestellt, ob Neuheiten überhaupt evolutiv entstehen können.

Doch danach wurde im Verlauf der Jahrzehnte immer deutlicher, dass das Ziel einer einheitlichen evolutionstheoretischen Erklärung in Wirklichkeit unerreichbar sein könnte. Dies ahnte offenbar der Evolutionsbiologe Günter P. Wagner bereits um die Jahrtausendwende, als er schrieb, „bei der Suche nach Erklärungen für evolutionäre Innovationen könnte es absolute Grenzen für das geben, was experimentell bewiesen werden kann“ (Wagner 2001, 305). Und zusammen mit zwei weiteren Kollegen stellte er fest: „Ebenso liegen evolutionäre Innovationen außerhalb des Rahmens aktueller Forschungsprogramme“ (Wagner et al. 2000, 822). Der Biochemiker Ford Doolittle versucht aus der Not eine Tugend zu machen: In der „postmodernen Ära der Wissenschaft“ gebe es eben keinen Platz für eine einheitliche Evolutionstheorie. Und der Bioinformatiker Eugene Koonin wird in *The Guardian* mit der Aussage zitiert, dass man sich daran gewöhnen sollte, dass die verschiedenen Evolutionstheorien nicht zusammenpassen. Die Vereinheitlichung sei eine Fata Morgana, die es gar nicht geben könne. Aber warum ist das so? Eine Begründung dafür sucht man im Artikel des *The Guardian* vergeblich.

Die hier vorgestellten Befunde decken sich erstaunlicherweise ziemlich gut mit den Aussagen des Biochemikers und bekannten Intelligent-Design-Vertreters Michael Behe (2019, 115-137). Er kommt zu dem Schluss, „dass die Vorschläge, die unter dem Dach der EES versammelt sind, nicht einmal versuchen, die komplexen funktionalen Strukturen des Lebens zu erklären“ (S. 116). Zum Beispiel wagen es EES-Vertreter laut Behe nicht, konkrete überprüfbare Hypothesen zur Entstehung neuer Master-Gene, Genschalter oder gar genregulatorischer Netzwerke überhaupt aufzustellen – geschweige denn experimentell zu überprüfen (S. 121f). Verschiedene EES-Ansätze (z. B. Entwicklungsbiologie und -plastizität, mathematische Modellierungen der Bioökonomie/-informatik oder Neutrale Theorie) beantworten dementsprechend die Frage gar nicht, wie komplexe zweckmäßige Systeme oder wie molekulare Maschinen entstanden sind. Deren Existenz wird einfach vorausgesetzt bzw. implizit doch von der ursprünglich kritisierten Synthetischen Evolutionstheorie erwartet (vgl. S. 113; 130f.; 136).

Konsequenzen

Wenn fraglich ist, ob eine Evolution von Neuheiten in der Biologie experimentell nachvollziehbar ist, ist damit auch in Frage gestellt, dass es überhaupt eine evolutive Erklärung für Innovationen gibt – und folglich auch, ob Neuheiten überhaupt evolutiv entstehen können (vgl. Junker & Widenmeyer 2021). Evolutionsbiologen sehen das natürlich nicht so, denn für sie ist es auch ohne Beweise klar, dass Evolution stattgefunden hat. Aber möglicherweise wird der Abschied von einer einheitlichen Erklärung bereits eingeläutet. Dagegen bietet die Schöpfungslehre eine solche einheitliche Erklärung: Bisher konnte für keinen organisierten, funktionalen Gegenstand empirisch gezeigt werden, dass er (ausgehend von plausiblen Anfangsbedingungen) mittels geistloser Prozesse entsteht. Vielmehr sind typischerweise Zielsetzung, Planung und Intelligenz unverzichtbar.

Literatur

Behe MJ (2019) Darwin Devolves. The New Science About DNA That Challenges Evolution. New York. Kindle-Version.

Buranyi S (2022) Do we need a new theory of evolution? The Guardian, https://www.theguardian.com/science/2022/jun/28/do-we-need-a-new-theory-of-evolution.

Junker R & Widenmeyer M (2021) Gibt es eine naturwissenschaftliche Evolutionstheorie? In: Junker R & Widenmeyer M (Hrsg.) Schöpfung ohne Schöpfer? Studium Integrale. Holzgerlingen, S. 35–64.

Laland K et al. (2014) Does evolutionary theory need a rethink? Yes, urgently. Nature *514*, 161–164.

Pulte H (2009) Darwin und die exakten Wissenschaften. Eine vergleichende wissenschaftstheoretische Untersuchung zur Physik mit einem Ausblick auf die Mathematik. In: Engels E-M (Hg.) Charles Darwin und seine Wirkung. Frankfurt/M: Suhrkamp, S. 139–177.

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. Stud. Integr. J. *13*, 3–14.

Wagner GP (2001) What is the promise of Developmental Evolution? Part II: A Causal Explanation of Evolutionary Innovations May Be Impossible. J. Exp. Zool. *291*, 305–309.

Wagner GP, Chiu CH & Laubichler M (2000) Developmental Evolution as a Mechanistic Science: The Inference from Developmental Mechanisms to Evolutionary Processes. Amer. Zool. *40*, 819–831; Zitat S. 822.

ISSN 0948-6135