

JOURNAL STUDIUM INTEGRALE



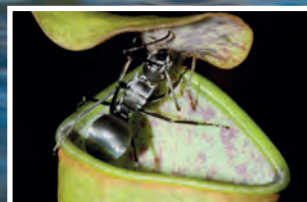
Segler unter den Vögeln



Der Mondkalender
von Bilzingsleben



Ist der Rachen eine
Fehlkonstruktion?



Evolution einer
neuen Funktion?

Der vermessene Kosmos

3. überarbeitete und erweiterte Auflage

Ursprungsfragen kritisch betrachtet

Raumsonden und Weltraumteleskope haben in den letzten Jahrzehnten zu bemerkenswerten Umwälzungen der Weltraumerkundung geführt. Zum einen stößt der Alleinerklärungsanspruch der Naturwissenschaft an seine Grenzen, zum anderen führt die Komplexheit der neuen Fragestellungen in eine Art Erklärungsnotstand. Die Zeit einfacher Antworten auf Ursprungsfragen ist vorbei. Etablierte Antworten sind ins Wanken geraten.

Das vorliegende Buch bilanziert den Status quo auf der Basis gesicherter Daten. Mit dem Einblick in naturwissenschaftliches Arbeiten – dem Gewinnen von Daten bis zur Nachweisgrenze unserer Instrumente und der Interpretation dieser Daten mit Hilfe neu entwickelter Modelle – soll gleichzeitig auch ein Gespür für die Vieldeutigkeit der aktuellen „Fakten“-Lage geliefert werden. Dazu trägt nicht zuletzt die Dunkle Komponente im Weltraum bei. Weltraumerkundung gehört zu den größten Abenteuern menschlichen Geistes.

Am Ende wird kein neues „Modell der Weltentstehung“ entwickelt, sondern ein Interpretationskorridor diskutiert, der die astrophysikalischen Erkenntnisse mit dem Genesisbericht zu verbinden sucht.



Alfred Krabbe, Norbert Pailer

Der vermessene Kosmos

Ursprungsfragen kritisch betrachtet

3. überarbeitete und stark erweiterte Auflage 2023

SCM Hänssler, Holzgerlingen, Hardcover 170 x 240, 290 Seiten, durchgehend vierfarbig, 220 Abb., ISBN: 978-3-7751-6186-2; 25,00 EUR [D] / 25,75 EUR [A] / 33,80 CHF

Über die Autoren

Mit offenem Visier stellen sich zwei ausgewiesene Astrophysiker der Aufgabe, ihre Glaubensbezüge aus Gottes Wort in direkte Beziehung zu ihrer Forschung zu setzen, weil sich das nicht trennen lässt. Ihr Bekenntnis lässt sich so zusammenfassen: Der Blick zum Himmel war ihrem Glauben zuträglicher als ihrem Wissen.

Mehr Infos zum Buch:



Dr. Norbert Pailer studierte Kernphysik an der Universität Heidelberg und promovierte am Max-Planck-Institut in Astrophysik. Er arbeitete als Research Associate an der Washington University in St. Louis und war anschließend Programmleiter für Wissenschaftliche Raumfahrt bei Airbus.



Dr. Alfred Krabbe studierte Physik und Astronomie in Münster und Heidelberg und promovierte am Max-Planck-Institut für Astronomie. Er ist Professor an der Universität Stuttgart und arbeitet im Bereich astronomische Infrarotspektroskopie und Weltraummissionen. Er ist Leiter des Deutschen SOFIA Institutes.



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

Peter-Stein-Straße 4 • 72250 Freudenstadt

Tel. 07441 / 5202705 • E-Mail sg@wort-und-wissen.de

Editorial



Einer der stärksten Triebe aller Lebewesen ist unbezweifelbar der Überlebenswille. Das gilt selbstverständlich auch für den Menschen. Davon zeugt nicht nur die in Sagen und Mythen häufig vorkommende Suche nach Unsterblichkeit, sondern dies zeigen auch zahlreiche ausgefallene Bemühungen, das Rätsel der Langlebigkeit bestimmter Lebewesen zu lösen. Gegenwärtige Bemühungen sind vor allem auf dem Gebiet der Genetik angesiedelt. Die Genome besonders langlebiger Organismen werden nach besonderen Abschnitten untersucht, die die Langlebigkeit fördern. Solche Genome werden im Rahmen der Langlebigkeitsforschung als „Methusalem-Genome“ bezeichnet – nach dem gemäß der Bibel langlebigsten Menschen der Geschichte, der dem biblischen Bericht zufolge 969 Jahre alt wurde.

Biologische Tatsachen legen dabei nahe, dass diese Lebenserwartung keineswegs abwegig ist. Es sind inzwischen einige Lebewesen bekannt, die im Verhältnis zu vergleichbaren Arten erstaunlich langlebig sind: z. B. der Grönlandwal (geschätzt 200 Jahre), die Galapagos-Riesenschildkröte (ca. 175 Jahre), der Nacktmull (ca. 30 Jahre) und die Brandtfledermaus (ca. 40 Jahre). Wie aktuell üblich, wurden die Genome der Lebewesen zwecks Erklärung der Langlebigkeit untersucht und mit anderen verglichen. Dabei wurde bisher allgemein festgestellt, dass langlebige Organismen z. B. ungewöhnliche Muster in Genen für das Immunsystem, Tumorunterdrückende Systeme und Resistenz gegen oxidativen Stress bzw. für die Reparatur der DNA aufweisen.

Kürzlich wurde das Genom des außerordentlich langlebigen Grönlandhais beschrieben (SAHM et al. 2024, preprint, <https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2024.09.09.611499v1>). Seine Lebenserwartung wurde mithilfe von radiometrischen Messungen auf ungefähr 400 Jahre geschätzt. Das Genom des Grönlandhais ist mit 6,45 Gigabyte das bisher größte unter den Hai-Genomen und weist besonders viele Genkopien auf (70 % des Erbguts). Besonders häufig liegen Kopien von Genen vor, die für die DNA-Reparatur und das Unterdrücken der Tumorentwicklung zuständig sind. Die Autoren verglichen das Genom des Grönlandhais mit den Genomen anderer Haiarten und stellten besonders viele Ähnlichkeiten zum Erbgut des Weißen Hais fest, der allerdings mit 70 Jahren eine deutlich geringere Lebenserwartung hat – möglicherweise liegt das daran, dass in seinem Erbgut keine Kopien von Genen für die Genomstabilität vorliegen.

Beim Versuch einer Erklärung für das Zustandekommen der Langlebigkeit des Grönlandhais ergab sich aus der Perspektive der Evolutionslehre allerdings ein Paradox: Die Entstehung der vielen Genkopien soll das Resultat der Aktivität von Retrotransposons (RT) sein, die jedoch dafür bekannt sind, Doppelstrangbrüche im Erbgut zu verursachen – eine besonders gefährliche Art von Schäden. Als vage Hypothese wurde daher vorgeschlagen, dass die Evolution von RT und Reparaturgenen „verwoben“ gewesen sein soll, was nicht weiter konkretisiert wurde. Aus dieser Perspektive bleibt der Ursprung der Langlebigkeit unerklärt. Festzuhalten bleibt lediglich, dass es sich bei der Langlebigkeit um ein *komplexes*, von mehreren Genen bedingtes Merkmal handelt.

Um nach schlüssigen Erklärungen für den Ursprung komplexer Merkmale in der Biologie zu suchen, ist es erforderlich, die Mechanismen von Umstrukturierungen des Erbguts zu verstehen. Peter BORGER beschreibt in seinem Beitrag Vorgänge der genetischen Variation, die sich interessanterweise ganz anders darstellen, als bisher im Rahmen der Mutations-Selektions-Hypothese gemäß Darwin'scher Lesart angenommen wurde.

Ein besonders eindruckliches Beispiel für die Variation eines komplexen äußeren Erscheinungsbildes (Phänotyps) sind die Flügelmuster von Schmetterlingen. Nigel CROMPTON und Reinhard JUNKER zeigen anhand von genetischen Vererbungsmechanismen, dass die beobachtbare Variation auf vorhandenen Programmen beruht, die abgerufen werden können – und nicht das Resultat des ungesteuerten Wechselspiels aus Mutation und Selektion ist.

Ein weiteres hochgradig komplexes biologisches Merkmal ist die Selbstreparatur der Zelle. Wie aus dem Artikel von Boris SCHMIDTGALL hervorgeht, ist sie unverzichtbar für die Lebensfähigkeit eines Organismus. Diese zweite Folge über „Reparaturmechanismen in der Zelle“ zeigt auf, dass nicht nur die DNA, sondern auch die Proteine einer ständigen und äußerst effizienten Reparatur bedürfen.

Ein weiteres anspruchsvolles Merkmal von Lebewesen ist die Intelligenz. Generell wird im Rahmen der Paläoanthropologie angenommen, dass die kognitiven Fähigkeiten früher Menschenformen weniger entwickelt waren als diejenigen moderner Menschen. Michael BRANDT und Benjamin SCHOLL begründen die Deutung eines Artefakts mit Ritzmuster als Mondkalender des *Homo erectus*. Doch auch frühe Steinwerkzeugfunde und Holz Waffen aus Schöningen belegen, dass Frühmenschen schon immer vergleichbar intelligent waren wie der moderne Mensch.

Mit weiteren Artikeln zu Themen aus biblischer Archäologie, Biologie und Genetik wünschen wir Ihnen eine aufschlussreiche Lektüre.

■ IMPRESSUM

Herausgeber

Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Peter-Stein-Str. 4, D-72250 Freudenstadt,
Tel. (0 74 41) 520 2705
E-Mail: sg@wort-und-wissen.de

Redaktion

Dr. Reinhard Junker, Baiersbronn
Dr. Boris Schmidtgall, Lossburg
Benjamin Scholl, Chemnitz

Korrespondenzadresse

Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.,
Peter-Stein-Str. 4, D-72250 Freudenstadt

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

Ein Pelikan im Segelflug in Westaustralien.
Bei segelnden Vögeln ist eine spezielle,
aber bei verschiedenen Arten gleichartige
Kopplung von Atmung und Fortbewegung
vorhanden. Diese soll siebenmal unabhängig
entstanden sein (vgl. den Beitrag auf
S. 132). (JASON, Adobe Stock)

ISSN 0948-6135

■ Inhalt

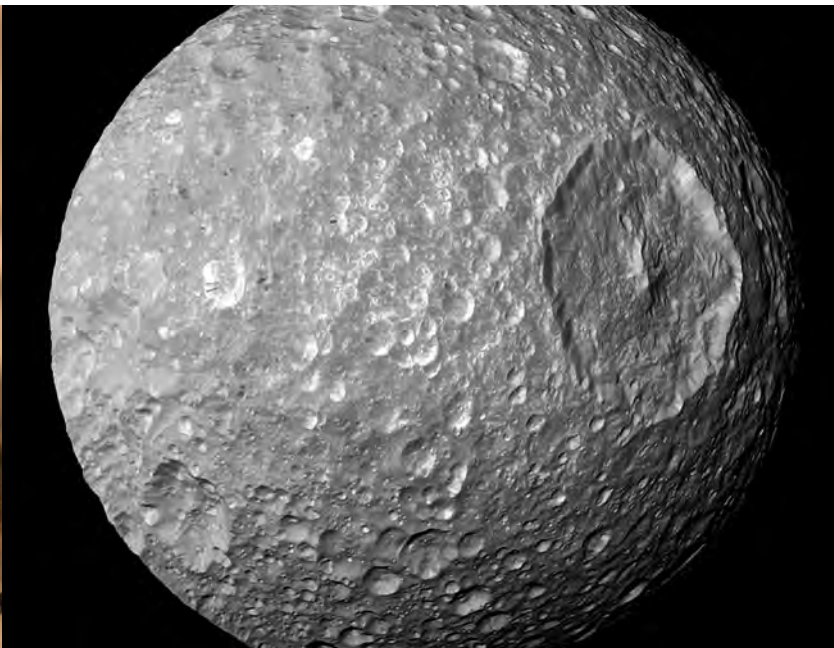


■ THEMEN

M. Brandt & B. Scholl	Der Mondkalender des <i>Homo erectus</i> von Bilzingsleben. Frühmensch war geistig hochstehend	76
N. Crompton & R. Junker	Schmetterlinge und Mendel'sche Artbildung. Vielfalt durch Variationsprogramme bei den „Jezebels“	83
B. Schmidtgall	Reparaturmechanismen in der Zelle. 2. Proteine – die „rostende“ Maschinerie des Lebens	92
L. Sáenz	Die Illusion des Alters. Die Rolle sumerisch-akkadischer Übersetzungen in der alttestamentlichen Forschung	101

■ REZENSION

R. Junker	Evolution „on purpose“. Teleonomy in living systems. (Corning PA et al.)	143
-----------	---	-----



■ KURZBEITRÄGE

R. Junker	Ameisen-Chirurgen. Ameisen retten Artgenossen das Leben mit Antibiotika und Amputation	109
K. Bauer	Ist der menschliche Rachen eine Fehlkonstruktion?	112
H.-U. Katzenmaier	Die Fingerabdrücke: Gottes Identifikationsplan. Erkenntnisse aus der Haut- leistenforschung	116
M. Brandt	Intelligenter Frühmensch. <i>Homo erectus</i> mit ausge- klügelter Steinwerkzeug- präparationstechnik	120
B. Scholl	Die Störartigen. Ein Missgeschick enthüllte einen „uralten“ Grundtyp	124
P. Borger	Transposons: Konzipiert, um rasche Anpassungen der DNA zu bewirken?	128

■ STREIFLICHTER

Segler unter den Vögeln mit spezieller Anatomie	132
Kannenpflanze: Evolution einer neuen Funktion?	133
Ein Pilz wie Dr. Jekyll und Mr. Hyde	134
Explosive Fruchtwände beim Schaumkraut	135
Der Evolution auf die Sprünge helfen	136
Wie die DNA ständig entknotet wird	137
Frühmensch <i>Homo heidelbergensis</i> mit hochentwickelter Holzbearbeitungstechnik	138
Oktokorallen: Plötzliches Auftauchen der Biolumineszenz im Kambrium?	139
Der Mechanismus von Antikythera belegt kulturelle Degeneration	140
Junger Ozean unter der Oberfläche des Saturnmondes Mimas	141

Der Mondkalender des *Homo erectus* von Bilzingsleben

Frühmensch war geistig hochstehend

Nach evolutionären Vorstellungen waren die Frühmenschen im Vergleich zu den heute lebenden Menschen weniger entwickelt. Von besonderem Interesse ist hierbei ein Knochenfragment aus Bilzingsleben, das als ein von *Homo erectus* hergestellter Mondkalender beschrieben worden ist. In diesem Beitrag wird die spannende Beweisführung nachgezeichnet. Die Schlussfolgerung: Der Frühmensch *Homo erectus* war dem heutigen Menschen geistig ebenbürtig.

Michael Brandt & Benjamin Scholl

IntroBild Zwei rekonstruierte Silhouetten von *Homo erectus* vor einer Mondlandschaft. (SCHOLL nach Pixabay/Wikimedia: Werner Ustorf, <https://www.flickr.com/photos/phancurio/49140656728/>, CC BY-SA 2.0; Mauricio Antón, published with Alan Turner - Africa – the Evolution of a Continent and its Large Mammal Fauna, CC BY 4.0)

Einleitung

Der archäologische Fundplatz Steinrinne bei Bilzingsleben in Thüringen mit einem Alter von ca. 370.000 radiometrischen Jahren wird seit Jahrzehnten erforscht. Dort wurden zahlreiche Hinterlassenschaften des Menschen geborgen.

Doch es gibt auch Forscher, die einen wesentlichen Einfluss des Menschen auf die Funde bestreiten und behaupten, dass die Steinrinne bei Bilzingsleben gar kein von Menschen bewohnter Platz war und die Funde nur zusammengeschwemmt seien. BRANDT & SCHOLL (2024) und SCHOLL (2024) diskutieren diese Behauptungen. Ein Einfluss des Menschen auf den Fundplatz Bilzingsleben ist klar nachweisbar und nur ein kleiner Teil der vielen Hinterlassenschaften des Menschen war verlagert.

Der spektakulärste Fund von Bilzingsleben ist ein Beinknochenstück von einem Waldelefanten mit einer ganzen Anzahl regelhaft eingravierter gerader Linien (Abb. 1).

Sind diese Einritzungen absichtlich erfolgt und wenn ja, welche Bedeutung haben sie? Welche Schlüsse können von dem Ritzmuster auf die technischen und kognitiven Fähigkeiten des Herstellers gezogen werden? Auf diese Fragen wird im Folgenden eingegangen.

Intentionalität der Gravuren und Ablehnung als Mondkalender

Ursula und Dietrich MANIA präsentierten im Jahr 1988 erstmalig der internationalen Forschergemeinschaft den Elefantenbeinknochen aus Bilzingsleben mit Gravierungen (Artefakt 1) zusam-



Abb. 1 Span eines Elefantenbeinknochens mit aufgefächert eingravierten Linien (Objekt Nr. 208, 33 oder Artefakt 1 der Bilzingsleben-Sammlung). (Aus BEDNARIK 2014, CC BY 3.0 Deed, <https://creativecommons.org/licenses/by/3.0/>)

men mit drei weiteren Knochen, die Einritzungen aufweisen.

Der Elefantenknochen wurde zwischen Arbeitsplätzen der zentralen Wohnstrukturen einer Siedlungsfläche in der sogenannten Steinrinne bei Bilzingsleben gefunden. Brüche an einer Längskante und an einem Ende zeigen, dass der Knochen als Perkussionswerkzeug, d. h. zum Schlagen, benutzt wurde. Das andere nicht beschädigte Ende des Knochens weist eine durch Werkzeugnutzung abgerundete Zuspitzung auf. Die schmale längliche Seitenfläche des Knochens zeigt eine Folge von eingeritzten geraden Linien. Diese Folge beginnt auf dem zugespitzten Ende mit einer Gruppe von sieben divergierenden Linien, daran grenzt eine zentrale Sequenz bestehend aus 14 einzelnen geraden Linien in regelmäßigen Abständen. Diese Linienfolge ist fächerförmig angeordnet. Die Autoren rekonstruierten die fehlenden Linien auf dem abgebrochenen Ende des Knochens, indem sie die Gruppe der sieben divergierenden Linien des intakten Knochenendes auf das fehlende Ende symmetrisch spiegelten.

Im Rahmen ihrer Publikation luden MANIA & MANIA (1988) eine Reihe internationaler Forscher zu einer kritischen Diskussion ein. Keiner von ihnen bezweifelte, dass die Gravierungen auf dem Knochen absichtlich eingeritzt waren. Allerdings änderte einer der Teilnehmer dieser Debatte seine Position, weil er erkannt hatte, dass er durch die Anerkennung der Bilzingslebener Gravierungen seiner eigenen These, nach der der Neandertaler keine Sprache gehabt hätte und deshalb nicht zum Menschen gehöre, widersprach (BEDNARIK 1993). Nebenbei bemerkt ist diese These nicht ansatzweise von Daten gedeckt (vgl. z. B. BRANDT 2016; SCHOLL 2022; 2023).

Robert BEDNARIK, ein australischer Spezialist für Paläokunst, machte die internationale Fachwelt schon frühzeitig immer wieder auf die Bedeutung von Eingravierungen (wie z. B. Artefakt 1) für die Beurteilung der kognitiven Fähigkeiten des frühen Menschen aufmerksam (BEDNARIK 1992; 1993; 1995; 1997). Allerdings blieben diese Hinweise für die allgemeine Sicht

der Archäologen auf den frühen Menschen, der weiterhin als geistig deutlich tiefer stehend gegenüber dem späteren modernen Menschen betrachtet wurde, folgenlos. BEDNARIK (1993, 549) begründet diesen Sachverhalt wie folgt: „Während der genaue physische Entwicklungsstatus der Bilzingslebener Hominiden weiterhin Gegenstand internationaler Debatten bleiben wird ..., über einen Punkt besteht Einigkeit: Gravierungen, wie sie an etlichen Artefakten erscheinen, sind *unvereinbar mit der allgemeinen Vorstellung der Geisteswelt des späten Homo erectus*“ (Hervorhebung nicht im Original).

2003 schlug SCHÖSSLER erstmals vor, dass es sich bei Ritzmuster auf dem Elefantenknochen um einen Mondkalender handeln könnte – eine Sensation!

2004 wurde dann in populären Medien mehrfach über den Elefantenknochen von Bilzingsleben berichtet. Seine Deutung als Mondkalender löste Verwunderung, Ungläubigkeit und auch Kopfschütteln aus. Der Grund für diese Reaktionen lag daran, dass der Frühmensch von Bilzingsleben, *Homo erectus*, bislang als zu wenig intelligent galt (SCHOLL 2024).

Kompakt

Der spektakulärste Fund vom thüringischen Fundplatz Bilzingsleben mit einem radiometrischen Alter von 370.000 Jahren ist ein Elefantenknochenstück mit einer ganzen Anzahl regelhafter, gerader eingeritzter Linien. 2003 wurde von SCHÖSSLER vorgeschlagen, dass es sich bei dem Ritzmuster auf dem Elefantenknochen um einen *synodischen Mondkalender* oder *Lunarkalender* handelt. Der Lunarkalender richtet sich ausschließlich nach den Mondphasen.

SCHMIDT-KALER (2012) weist auf mehrere Tatsachen hin, die gegen einen Lunarkalender sprechen, und deutet stattdessen das Ritzmuster auf dem Knochenstück als einen *siderischen Mondkalender*, der sich nach dem Umlauf des Mondes um die Erde richtet. Die Basis dafür ist eine andere Rekonstruktion der Zahl der fehlenden Ritzlinien unter Berücksichtigung der Liniensymmetrie. Die sich daraus ergebende ursprüngliche Gesamtzahl von 27 Linien auf dem Knochenstück repräsentiert nach SCHMIDT-KALER (2012) den 27-tägigen Verlauf des Mondes am Fixsternhimmel.

Die menschlichen Knochenüberreste von Bilzingsleben können mit guter Begründung einem späten *Homo erectus* und damit der fossil frühesten unbestrittenen Menschenform zugeordnet werden. Die Fähigkeit zur Herstellung eines siderischen Mondkalenders lässt nur den Schluss zu, dass *Homo erectus* ein kognitiv und technisch dem *Homo sapiens* gleichwertiger Mensch war. Dieser Befund unterstützt das Grundtypmodell der Schöpfungslehre, nach dem der Mensch von Anfang an ein voll entwickelter Mensch war.

Der Archäologe Clemens PASDA ignorierte samt Kollegen in der Folgezeit nicht nur die Deutung des Ritzmusters auf dem Elefantenbeinknochen als Mondkalender, sondern auch jeden absichtlichen Charakter der Einritzungen (MÜLLER & PASDA 2011; LIEBERMANN & PASDA 2014). Forscher wie STEGUWEIT (2003) konnten aber alle Zweifel an der Intentionalität der Gravur ausräumen (BRANDT & SCHOLL 2024; SCHOLL 2024). Ist das absichtlich gravierte Artefakt 1 aber tatsächlich ein Mondkalender? Diese Frage wird im Folgenden diskutiert.

Rekonstruktion der ursprünglichen Einritzungen des Mondkalenders – 28 oder 27 Linien?

Der Hobby-Astronom Klaus SCHÖSSLER deutete im Jahr 2003 zum ersten Mal das Ritzmuster auf dem Artefakt 1 von Bilzingsleben und kam zu der Vermutung, dass es sich um einen Mondkalender handelt – genauer um einen Lunarkalender, der auch *synodischer Mondkalender* genannt wird. Der synodische Monat umfasst die Zeit von Neumond bis Neumond und schwankt um den Durchschnittswert von 29,53 Tagen.

Neben dem synodischen Mondkalender gibt es noch den *siderischen Mondkalender*. Der siderische Monat umfasst die Umlaufzeit des Mondes um die Erde vor dem Fixsternhimmel und beträgt 27,32 Tage.

Nach SCHÖSSLER (2003) steht das Ritzmuster auf dem Elefantenknochen mit dem wechselnden Bild des Mondes und seinem monatlich wiederkehrenden Wandel im Zusammenhang. Er meint, dass die Mondsichel zunächst sehr schräg nach rechts geneigt ist, sich mit zunehmendem Mond dann stetig aufrichtet, und sich bei abnehmendem Mond dann zunehmend schräg nach links neigt.

Entscheidend für die Deutung des Ritzmusters auf Artefakt 1 als synodischer Mondkalender ist der Umstand, dass SCHÖSSLER seine Interpretation auf der Basis der Rekonstruktion des Ritzmusters von MANIA & MANIA (1988) mit ursprünglich insgesamt 28 Linien vornahm.

Die Deutung des Ritzmusters als synodischer Mondkalender von SCHÖSSLER (2003) basiert auf der Ergänzung der 21 vorhandenen Linien auf insgesamt 28.

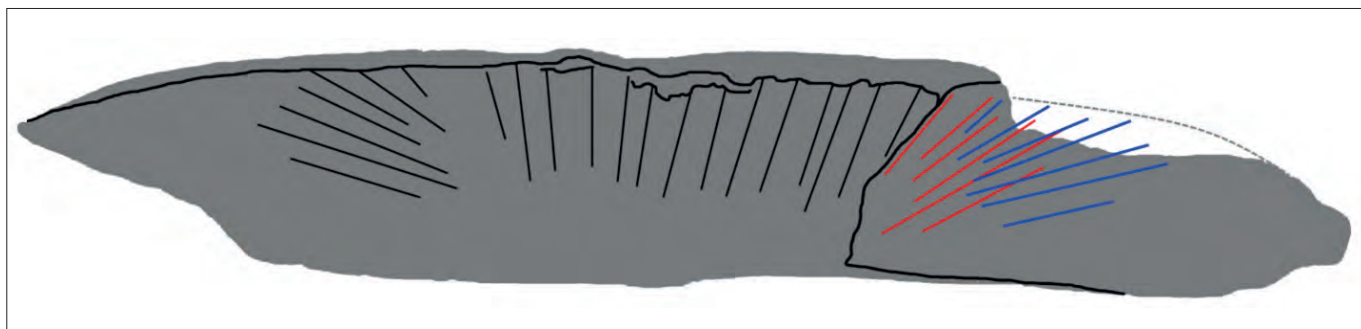
Der Astronom SCHMIDT-KALER hinterfragt diese Deutung des Ritzmusters auf dem Elefantenbeinknochen und legt eine etwas andere Interpretation in zwei Arbeiten mit ähnlichem Inhalt vor (SCHMIDT-KALER 2011; 2012). Theodor SCHMIDT-KALER (1930–2017) war ordentlicher Professor und Direktor des *Astronomischen Instituts in Bochum* und Präsident der *Astronomischen Gesellschaft*.

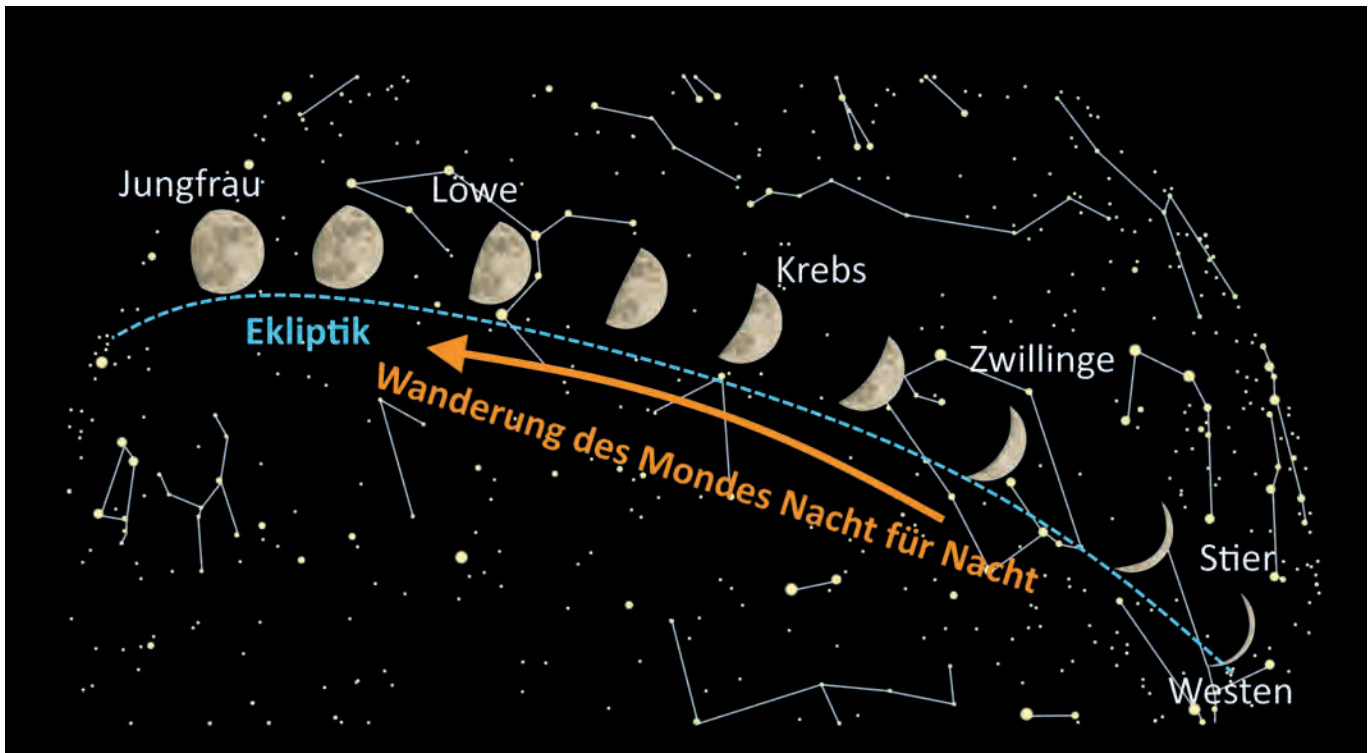
Der Hauptkritikpunkt von SCHMIDT-KALER (2012) an SCHÖSSLERS (2003) Interpretation betrifft die Grundannahme, nämlich eine stetig zunehmende bzw. abnehmende Aufrichtung der Mondsichel im Verlauf des synodischen Monats. Dies entspricht nämlich nicht den Beobachtungen. Weiterhin kritisiert er das Fehlen einer Deutung der Position und Richtung der Striche der 13 Tage um den Vollmond, das Fehlen der Sichtbarkeit des Mondes an einigen Tagen des Lunarmonats und die häufig notwendigen Korrekturen des Kalenders, die sich mit der Zeit ergeben würden. Trotz dieser Kritik gebührt nach SCHMIDT-KALER (2012, 18) SCHÖSSLER das Verdienst „als erster auf den Mond als Objekt des durch Striche chiffrierten Artefakts A1 hingewiesen zu haben.“

SCHMIDT-KALER (2012) schlägt eine etwas andere Interpretation auf der Basis einer alternativen Rekonstruktion des Ritzmusters vor. Er kritisiert an der Rekonstruktion der Ritzlinien von MANIA & MANIA (1988) die Nichtbeachtung der Liniensymmetrie, wobei Linie 14 die zentrale Linie ist. Die Folge war eine um einen Zähler zu hohe Zahl an ergänzten Linien. Statt nach MANIA & MANIA (1988) *sieben* ergänzt

Bei dem Rekonstruktionsversuch der fehlenden Linien von MANIA & MANIA wurde nach SCHMIDT-KALER die Symmetrie der zentralen Linien nicht beachtet.

Abb. 2 Der Mondkalender von Bilzingsleben. Die schwarzen Linien sind auf dem Knochen erhalten (schematisiert). Die blauen Linien sind die Rekonstruktion von MANIA & MANIA (1988), auf der SCHÖSSLERS (2003) Deutung basiert, während die roten Linien die Rekonstruktion von SCHMIDT-KALER (2012) darstellt. (SCHOLL nach SCHMIDT-KALER 2012)





SCHMIDT-KALER nur *sechs* Striche auf dem abgebrochenen Knochenstück und erhält dadurch 27 statt 28 zu deutende Linien auf dem Elefantenknochen.

Die letzte sichtbare Linie 21 gehört damit nicht zu der Gruppe von zentralen Linien, sondern sie ist die erste Linie des zu rekonstruierenden Strichfächers aus sieben Linien auf der rechten Seite. Von der Symmetrie ausgehend erwartet man nach SCHMIDT-KALER (2012) spiegelsymmetrisch zum Fächer links (1–7) einen wegen der Neigung der zentralen Linie 14 um 13° gegen die Senkrechte zur Ober- und Unterkante des Knochens steiler aufgestellten Fächer rechts (21–27).

In Abb. 2 sind die beiden Rekonstruktionen der fehlenden Linien auf dem Elefantenknochen von Bilzingsleben dargestellt.

Welche Bedeutung hatte das Ritzmuster mit 27 Linien für den frühen Menschen von Bilzingsleben?

Siderischer Mondkalender und seine Herstellung

SCHMIDT-KALER (2012, 22) fragt nach dem Naturphänomen in der Umwelt der Menschen aus Bilzingsleben, welches aus 27 zeitlichen Abschnitten oder Teilen bestanden haben könnte, und hat eine eindeutige Antwort: „Es ist alleine der Lauf des Mondes. Allerdings sind nicht die Phasen des Mondes ausschlaggebend, sondern die 27 Tag für Tag aufeinanderfolgenden Stationen, die altbekannten 27 ‚Häuser‘ des siderischen Monats!“

Der Lauf des Mondes durch den Fixsternhimmel (Tierkreisbilder) kann die 27 Einritzungen auf dem Elefantenknochen sehr plausibel erklären.

Im siderischen Monat durchwandert der Mond während einer Periode von 27 Tagen Tag für Tag jeweils eine neue Station am Fixsternhimmel (durch die 12 Tierkreisbilder). Dabei zeigt sich der Mond jeden Tag nahe bei einem anderen hellen oder markanten Fixstern („Haus“, z. B. bei α Tauri (Aldebaran, ein Stern im Sternbild Stier), α Ori (Beteigeuze, ein Stern, der die östliche Schulter des Sternbildes Orion bildet), α und β Gem (Castor und Pollux, die beiden Hauptsterne im Sternbild Zwillinge), α Leo (Regulus, der Hauptstern im Sternbild Löwe) usw.

Auf dem Elefantenknochen von Bilzingsleben sind die 27 Tage des siderischen Mondes ohne Unterbrechung eingeritzt. Im Rahmen dieser Interpretation sind auch die drei unterschiedlich ausgerichteten Teile des Ritzmusters gut zu erklären. Die rechte Gruppe mit den sieben divergierenden Linien erklärt sich dadurch, dass die junge zunehmende Mondsichel Stück für Stück jeden Abend weiter nach Osten (also nach links) und höher wandert (Abb. 2 und 3). Die spiegelbildliche linke Gruppe erklärt sich analog durch die Position der alten abnehmenden Mondsichel, die jeden Morgen ein Stück tiefer und weiter nach Osten rückt. Strich 14, der die Mitte des Mondkalenders bildet, entspricht dem Vollmond. Die übrigen 13 Positionen in der Mitte (sechs Striche jeweils links und rechts von Strich 14) erklären sich durch die Wanderung des Mon-

Abb. 3 Wanderung des Mondes durch den Fixsternhimmel (symbolische Darstellung). Jede Nacht wandert der Mond ein kleines Stück von West nach Ost. Im siderischen Monat durchläuft der Mond in 27,3 Tagen den Fixsternhimmel von Sternbild zu Sternbild durch den Tierkreis. In jeder Nacht begegnet er so anderen Sternen. Der Mond bewegt sich etwa in der gleichen Ebene um die Erde wie die Erde um die Sonne (Ekliptik). (SCHOLL nach <https://www.ardalpha.de/wissen/weltall/astrologie/sterngucker/bewegung-mond-ost-west-siderische-umlaufzeit-himmel-sternebilder-100.html>: BR, erstellt mit Sky Observer)

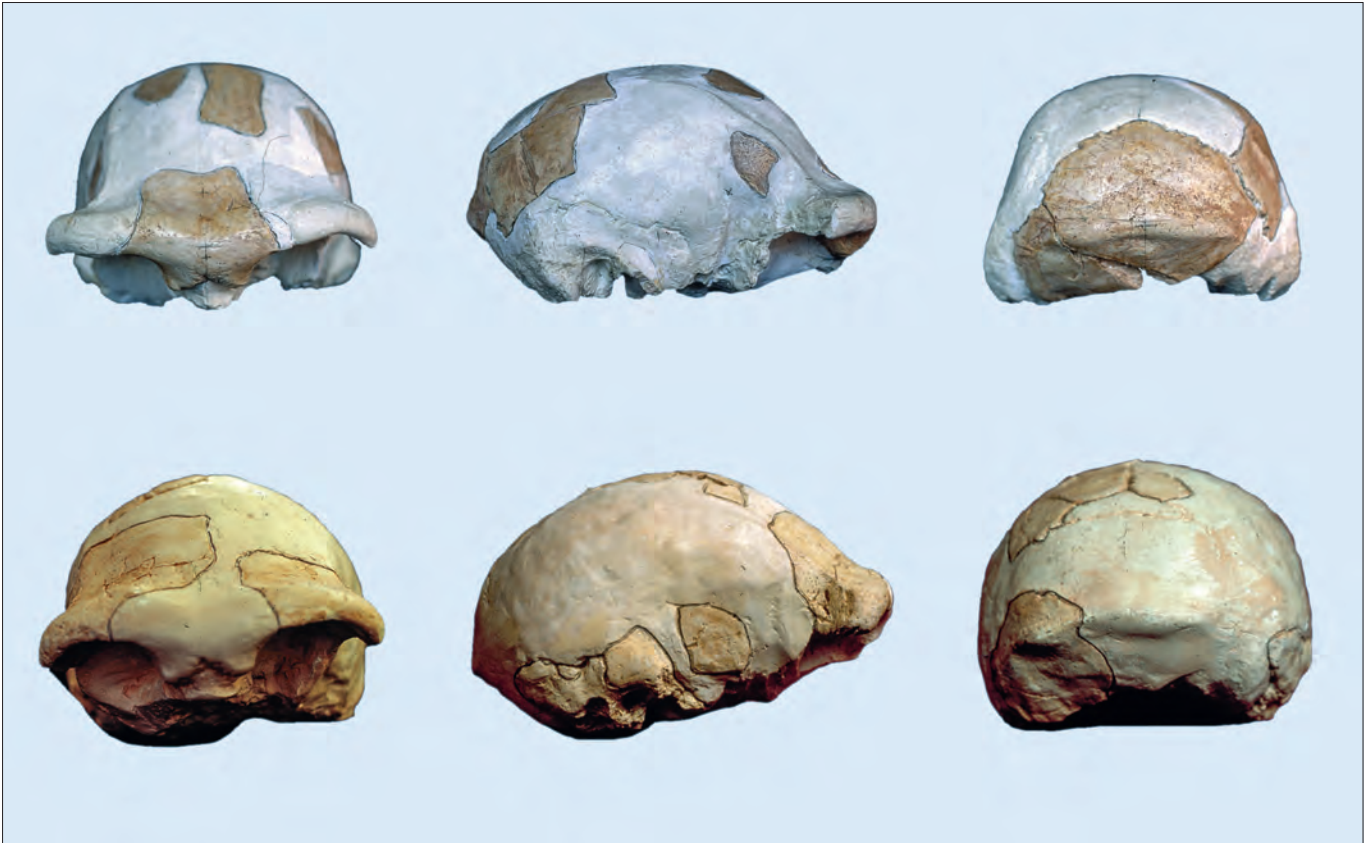


Abb. 4 Rekonstruktion der Schädel Bilzingsleben I (oben) und II (unten) in der Ansicht (v.l.n.r) von vorn, seitlich und hinten. Die beiden Individuen haben die größte morphologische Ähnlichkeit mit den *Homo-erectus*-Funden Olduvai Hominid 9, *Sinanthropus* III und *Pithecanthropus* VIII. (Aus VLČEK et al. 2002, Abdruck mit freundlicher Genehmigung von Dietrich MANIA)

des am Fixsternhimmel um den Vollmond herum.

SCHMIDT-KALER (2012) hält für die Anbringung dieser 13 Positionen eine Orientierung an der Stellung des Sternbildes Große Bärin für möglich (welches das ganze Jahr sichtbar ist), das damit als eine Art „Uhr“ fungiert. Der Hersteller des Mondkalenders konnte aber auch ohne jede „Uhr“ diese Positionen auf dem Knochen eingravieren. Er musste nur mit der zuletzt eingritzten Linie die Mondposition am Fixsternhimmel („Haus“) des Vorabends anvisieren und daneben die neue Linie in Richtung des Mondes einritzen (SCHMIDT-KALER 2012).

Ein weiterer Hinweis für die tatsächliche Darstellung des siderischen Monats auf dem Elefantenknochen ist die vom Frühmenschen gewählte schmale Knochenseite für die Gravur, denn das auf dem Knochen abzubildende Himmelsband und die schmale Seite des Knochens stimmen flächengeometrisch überein.

Wozu brauchten die Menschen in Bilzingsleben einen Mondkalender? SCHMIDT-KALER (2012) vermutet, dass der Mondkalender im Rahmen der Jagd verwendet wurde. Mit dem siderischen Kalender hatten die Bilzingslebener einen zuverlässigen Kalender auf den Tag genau für 27 Tage. Der von SCHÖSSLER vorgeschlagene Lunarkalender liefert dagegen in 30 Tagen nur drei auf den Tag genau feststellbare Termine, Halbmond und Vollmond, und wäre damit nicht ausreichend als Terminkalender (SCHMIDT-KALER 2014).

Doch welcher Frühmensch besiedelte Bilzingsleben?

Homo erectus besiedelte Bilzingsleben

In Bilzingsleben wurden zahlreiche isolierte Schädelfragmente, ein Unterkiefer und isolierte Zähne von Menschen gefunden. Aus den Schädelresten hat Emanuel VLČEK u. a. zwei Individuen zusammengesetzt (MANIA & MANIA 2011; Abb. 4). Die Knochenüberreste der Bilzingslebener zeigen typische Merkmale des *Homo erectus*. Dazu gehören beispielsweise eine über die Nasenwurzel durchgehende dicke Überaugenwulst, ein abgeknicktes Hinterhaupt, die größte Schädelbreite in den unteren Partien und eine *Torus angularis*, eine Wulst am Hinterkopf. Auch die erhebliche Knochendicke und das geschätzte Schädelvolumen von ca. 1000 cm³ (1100 cm³ nach MANIA 2019) sprechen dafür, dass der frühe Mensch von Bilzingsleben ein *Homo erectus* war (MANIA & MANIA 2011).

Vergleichende Untersuchungen von VLČEK haben die größte morphologische Ähnlichkeit bis Übereinstimmung der Bilzingsleben-Individuen I und II mit *Homo-erectus*-Funden aus Afrika und Asien ergeben: Olduvai Hominid 9 aus der Olduvai-Schlucht in Tansania, *Sinanthropus* III aus Choukoutien in China und *Pithecanthropus* VIII von Sangiran auf Java. Dabei ist hervorzuheben, dass die größte morphologi-

sche Übereinstimmung mit dem Schädel Olduvai Hominid 9 gegeben ist, der mit einem radiometrischen Alter von ca. 1,4 Millionen Jahren¹ rund 1 Million rJ älter als die Überreste der Bilzingslebener ist (MANIA & MANIA 2011).

Dagegen unterscheiden sich die Bilzingslebener deutlich von den archaischen *Homo-sapiens*-Formen und frühen Neandertalern (MANIA & MANIA 2011).

Die Zuweisung der menschlichen Knochenüberreste von Bilzingsleben zum (späten) *Homo erectus* ist gut begründet.

Welche Schlüsse können vom Mondkalender auf die geistigen Fähigkeiten der frühen Menschen von Bilzingsleben und damit auf *Homo erectus* gezogen werden?

Mondkalender und geistige Fähigkeiten des *Homo erectus*

THIEME (2007, 227–228) zitiert Dietrich MANIA zum eingravierten Artefakt 1: „Hier liegt eine der ältesten optisch wirksamen Darstellungen eines Gedankens vor. Das geschieht quasi symbolisch. Sie verrät uns Befähigung zum abstrakten Denken und zur Sprache in dieser frühen Zeit.“

FELIKS (2011, 76) schreibt zum Linienmuster des Elefantenknochens, dass es deutlich mache, „dass *Homo erectus* die Verbindung zwischen einem physischen Objekt und einer grafischen Darstellung einer bestimmten Eigenschaft dieses Objekts, nämlich seiner Geradheit, verstand. Es verhält sich analog in der Sprache zu einem gesprochenen Wort oder einem grafischen Symbol, das zur Darstellung eines Objekts, einer Person oder einer Idee verwendet wird.“

Und zu den duplizierten eingravierten Motiven auf den Knochen von Bilzingsleben stellt FELIKS (2011, 78; vgl. SCHOLL 2024) fest, dass sie „Markenzeichen der Sprache“ sind. „Motive, die mit einem so hohen Maß an Präzision und subtilen Variationen dupliziert werden wie die in Bilzingsleben gefundenen, sind wahrscheinlich nicht nur ein Hinweis auf die Sprache selbst, sondern auf eine hochentwickelte Sprache.“

Während die bisher zitierten Autoren „nur“ auf die Tatsache eingehen, dass die Einritzungen auf den Artefakten von Bilzingsleben absichtliche Muster darstellen, zieht SCHMIDT-KALER

(2012) seine Schlüsse auf die geistigen Fähigkeiten von *Homo erectus* von der Deutung des Ritzmusters auf dem Elefantenknochen als siderischen Mondkalender.

Voraussetzung für das Anbringen einer Gravur zur Herstellung eines Mondkalenders ist nach SCHMIDT-KALER (2012) (zumindest) ein abstrakter Begriff, über den *Homo erectus* von Bilzingsleben verfügt haben musste. Denn ein Mensch kann zwar auf den Mond wie auf ein Beutetier mit der ausgestreckten Hand zeigen, nicht aber auf den „Monat“, den der Mond am Fixsternhimmel (Tierkreiszeichen) in 27 Tagen durchmisst. „Mit dem ersten abstrakten Begriff“, so SCHMIDT-KALER (2012, 26), „ist der *Homo erectus* recht eigentlich zum *Homo sapiens* [dem „verständigen Menschen“] geworden.“

Aber nicht nur der Mondkalender, sondern auch andere Hinterlassenschaften des *Homo erectus* von Bilzingsleben weisen auf einen vollentwickelten, kognitiv und technisch dem *Homo sapiens* gleichwertigen Menschen hin. So konnte die Großwildjagd in Bilzingsleben nur von einer größeren Gruppe durchgeführt werden. Diese musste gemeinsam die Jagd planen, durchführen und nachbereiten. Dazu waren zahlreiche Gerätschaften erforderlich, zu der auch qualitativ hochwertige Waffen gehörten, wie sie auch die frühen Menschen in Schöningen benutzten (SCHOLL 2024). Ohne abstraktes Denken und ohne eine hochentwickelte Sprache war dies nicht möglich.

Der rekonstruierte Kontext der Fundstelle Bilzingsleben ergibt insgesamt das Bild „eines in sozialer Gemeinschaft lebenden und kulturfähigen Wesens, dessen Intelligenzpotenziale offenbar an die unsrigen heranreichen“, so die Friedrich-Schiller-Universität Jena in einer Pressemitteilung mit Dietrich MANIA als Ansprechpartner am 08.02.2000.²

Wir können somit gut begründet feststellen, dass *Homo erectus* bezüglich seiner technischen und geistigen Fähigkeiten dem *Homo sapiens* gleichwertig war.

Homo erectus war bezüglich seiner geistigen Fähigkeiten *Homo sapiens* gleichwertig.

Fazit

Der spektakulärste Fund vom Fundplatz Bilzingsleben mit einem radiometrischen Alter von 370.000 Jahren ist ein Elefantenknochenstück mit einer ganzen Anzahl regelhaft eingritzter gerader Linien.

¹ <https://humanorigins.si.edu/evidence/human-fossils/fossils/oh-9> (aufgerufen am 9.2.2024).

² <https://idw-online.de/de/news?print=1&id=17833> (aufgerufen am 17.2.2000).

2003 wurde von SCHÖSSLER vorgeschlagen, dass es sich bei diesem eingravierten Knochen um einen synodischen Mondkalender oder Lunarkalender handelt. Der Lunarkalender richtet sich ausschließlich nach den Mondphasen.

Gegen diese Interpretation sprechen nach SCHMIDT-KALER (2012) mehrere Tatsachen, u. a. erfolgt während der Wanderung des Mondes – entgegen der Grundannahme – keine *stetige* Änderung der Ausrichtung der Mondsichel.

SCHMIDT-KALER (2012) deutet das Ritzmuster zwar auch als einen Mondkalender, aber nicht als einen synodischen, sondern als einen siderischen. Diese Interpretation ist sehr plausibel. Die Basis dafür ist eine andere Rekonstruktion der Zahl der fehlenden Ritzlinien auf dem abgebrochenen Stück des Knochens unter Berücksichtigung der Symmetrie der vorhandenen mittleren Linien. Die sich daraus ergebende Gesamtzahl von 27 Linien repräsentiert nach SCHMIDT-KALER (2012) den 27-tägigen Verlauf des Mondes am Fixsternhimmel.

Die menschlichen Knochenüberreste von Bilzingsleben können begründet einem späten *Homo erectus* und damit der fossil frühesten unbestrittenen Menschenform zugeordnet werden.

Die Fähigkeit zur Herstellung eines siderischen Mondkalenders lässt nur den Schluss zu, dass *Homo erectus* ein kognitiv und technisch dem *Homo sapiens* gleichwertiger Mensch war.

Dieser Befund unterstützt das Grundtypmodell der Schöpfungslehre, demzufolge der Mensch von Anfang an ein vollentwickelter Mensch war.

Literatur

BEDNARIK RG (1992) Palaeoart and archaeological myths. *Cambridge Archaeological Journal* 2, 27–57.

BEDNARIK RG (1993) Die Bilzingslebener Gravierungen im Lichte altpaläolithischer Beweise kognitiver Fähigkeit. *Ethnogr.-Archäol. Z.* 34, 549–553.

BEDNARIK RG (1995) Concept-mediated marking in the Lower Palaeolithic. *Curr. Anthropol.* 36, 605–634.

BEDNARIK RG (1997) The global evidence of early human symboling behaviour. *Human Evolution* 12, 147–168.

BEDNARIK RG (2014) Pleistocene Paleart of Europe. *Arts* 3, 245–278.

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

BRANDT M & SCHOLL B (2024) Frühmenschen intelligent wie moderne Menschen. Der Mondkalender des *Homo erectus* von Bilzingsleben. *W+W-Special Paper* B-24-1.

FELIKS J (2011) The graphics of Bilzingsleben: Sophistication and subtlety in the mind of *Homo erectus*. <https://public.websites.umich.edu/~feliks/graphics-of-bilzingsleben/full-text.html/index.html> (aufgerufen am 27.2.2024).

LIEBERMANN C & PASDA C (2014) Silexfunde aus dem Mittelpleistozän von Bilzingsleben (Lkr. Sömmerda). *Arch. Korrb.* 44, 443–462.

MANIA D (2019) Am Anfang war die Jagd. *Præhistoria Thuringica* 15, 11–133.

MANIA D & MANIA U (1988) Deliberate engravings on bone artefacts of *Homo erectus*. Comments by BAHN PE, BEDNARIK RG, DAVIDSON I, DAVIS W, GALLUS A & HALVERSON J, reply by MANIA D & MANIA U. Further comments by HABGOOD PJ, MANIA D, MANIA U & BEDNARIK RG. *Rock Art Res.* 5, 91–107, 139–144.

MANIA D & MANIA U (2011) Der fossile Mensch von Bilzingsleben. Mit einem Beitrag von VLČEK E. *Præhistoria Thuringica* 13, 50–71.

MÜLLER W & PASDA C (2011) Site formation and faunal remains of the Middle Pleistocene site Bilzingsleben. *Quartär* 58, 25–49.

SCHMIDT-KALER T (2011) Ein Vorläuferstadium des Zählens und Abstrahierens bei *Homo erectus*: Die Knochen-Artefakte von Bilzingsleben gedeutet als der Menschheit früheste Aufzeichnungen von Mondbeobachtungen. *Quanten Bit AG Schmidt-Kaler, further publication*, <https://www.quantenbit.physik.uni-mainz.de/3161-2/> (aufgerufen am 27.2.2024).

SCHMIDT-KALER T (2012) Ein Vorläuferstadium des Zählens und Abstrahierens bei „*Homo erectus*“. Die Knochen-Artefakte von Bilzingsleben gedeutet als der Menschheit früheste Aufzeichnungen von Mondbeobachtungen. *Nordrhein-Westfälische Akademie der Wissenschaften und Künste (Hg.) Naturwissenschaften und Medizin. Vorträge – NM 479*, https://www.quantenbit.physik.uni-mainz.de/files/2020/03/77389-SCHMIDT-KALER_Gesamt.pdf.

SCHMIDT-KALER T (2014) Ein zweiter siderischer Mondkalender aus dem Paläolithikum. *Quanten Bit AG Schmidt-Kaler, further publication*, <https://www.quantenbit.physik.uni-mainz.de/3161-2/> (aufgerufen am 27.2.2024).

SCHOLL B (2022) Schlaue schwäbische Neandertaler. *Stud. Integr. J.* 29, 37–40.

SCHOLL B (2023) Waren Neandertaler Menschen wie wir? Ein archäologischer Überblick. *Stud. Integr. J.* 30, 4–12.

SCHOLL B (2024) Wie intelligent war der Frühmensch? Spurensuche zum Mondkalender von Bilzingsleben. *W+W-Onlineartikel (in Vorbereitung)*, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/>.

SCHÖSSLER K (2003) Versuch der Deutung des Strichmusters auf dem Knochenartefakt Bilzingsleben Nr. 208, 33 – Mondkalender? *Præhistoria Thuringica* 9, 29–34.

STEGUWEIT L (2003) Gebrauchsspuren an den Artefakten der Hominidenfundstelle Bilzingsleben (Thüringen). In: CONARD JN, UERPMANN HP, FLOSS H & BOLUS M (Hrsg.). *Tübinger Arbeiten zur Urgeschichte 2*. Verlag Marie Leidorf GmbH, Rahden/Westf., <https://www.academia.edu/8966607/> (aufgerufen am 27.2.2024).

THIEME H (2007) Der große Wurf von Schöningen: Das neue Bild zur Kultur des frühen Menschen. In: THIEME H (Hg.) *Die Schöninger Speere: Mensch und Jagd vor 400 000 Jahren*. Stuttgart, S. 224–228.

VLČEK E, MANIA D & MANIA U (2002) Der fossile Mensch von Bilzingsleben. *Beiträge zur Ur- und Frühgeschichte Mitteleuropas* 35. Weisbach.

E-Mail-Adressen der Verfasser:

Michael Brandt: michael-brandt@t-online.de

Benjamin Scholl: benjamin.scholl@wort-und-wissen.de

Schmetterlinge und Mendel'sche Artbildung

Vielfalt durch Variationsprogramme bei den „Jezebels“



Schmetterlinge üben auf den Menschen eine große Faszination aus. Ihre oft wunderschönen und vielfältig gemusterten Flügel – aus winzigen Schuppen wie ein Mosaik gestaltet – wirken wie Kunstwerke. Woher kommt die Vielfalt dieser Muster? Befunde am Beispiel der in West-Neuguinea vorkommenden farbenfrohen Gattung *Delias*, den „Jezebels“, deuten auf die Existenz latenter* Variationsprogramme hin.

Nigel Crompton & Reinhard Junker

Einführung

Zweifellos sind die Flügel der Schmetterlinge das, was sie so charakteristisch und für Menschen attraktiv macht (Abb. 1). Wie alle Insekten haben sie drei Körperabschnitte: Kopf, Thorax (Rumpf) und Abdomen (Hinterleib). Der Kopf hat ein Paar hervorstehender, kugelförmiger Facettenaugen, die oft gefärbt sind und den Schmetterlingen ein Sichtfeld von fast 360° bieten. Zwischen den Augen befindet sich ein Paar segmentierter Fühler, die willentlich bewegt werden können und auf Sexuallockstoffe, Nektar und Futterpflanzen reagieren. An der Basis der Fühler befinden sich *Johnston-Organ*e, die für die Orientierung und das Gleichgewicht im Flug wichtig sind (SANE et al. 2007). An der Vor-

derseite des Kopfes ist ein Paar meist kurzer Fortsätze, die *Palpen*, die zum Geruchssinn beitragen. Alle Schmetterlinge haben einen Rüssel, der aus zwei C-förmigen Röhren, den *Galeae*, besteht, die sich zu einer Saugröhre ausrichten. Diese ist oft aufgerollt, wenn sie nicht benutzt wird, und erstaunlich komplex (KRENN 2010). Der Thorax trägt die Flügel und Beine. Er verfügt über Muskeln, die je nach Art zwischen 2 und 20 Mal pro Sekunde mit den Flügeln schlagen können. Es gibt drei Beinpaare, wobei die Vorderbeine der bürstenfüßigen Schmetterlinge, insbesondere bei den Männchen, verkürzt sind (Abb. 2), sodass der Eindruck entsteht, dass es nur zwei Beinpaare sind. An den Beinen befinden sich Sensoren, die Vibrationen und verschiedene Geruchssignale registrieren. Der

Introbild Der prächtig gemusterte *Delias descombesi* („Rotpunkt-Jezebel“). (Dr. Raju_Kasambe, CC BY-SA 4.0)

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Kompakt

Schmetterlinge sind bewundernswerte Tiere von großer Schönheit: Sie sind zart und zerbrechlich, aber dennoch kunstvoll dekoriert. Die Ordnung der Schmetterlinge umfasst nach momentaner Kenntnis sechs oder sieben grundsätzlich unabhängige Kladen*. Die Ergebnisse eines kürzlich durchgeführten Genomprojekts, bei dem die DNA aller Schmetterlingsarten in Nordamerika (über 800 Arten) sequenziert wurde, unterstützen die Idee von sechs genetischen Familien. Hybridisierungsdaten* und kladistische* Studien sprechen dafür, dass sie in mindestens 37 Grundtypen aufgeteilt werden können.

Es wurden zwei Mechanismen vorgeschlagen, um die große Artenvielfalt in diesen genetischen Familien und Grundtypen zu begründen. Der derzeit am häufigsten beschriebene Mechanismus ist die Mutation. Der zweite Mechanismus wurde erstmals von Gregor MENDEL, dem Vater der Genetik (Vererbungslehre), beschrieben und beinhaltet Meiose und reproduktive Isolation. Diese beiden Mechanismen werden in diesem Artikel bei der Untersuchung einer der bemerkenswertesten adaptiven Radiationen (Artaufspaltung) von Schmetterlingen, der Gattung Jezebel (*Delias*) aus Neuguinea, diskutiert und verglichen. Viele Daten unterstützen MENDELS Ideen und erklären erfolgreich die Entstehung neuer Schmetterlingsarten innerhalb von Grundtypen. Nur wenig spricht für einen nennenswerten Beitrag von Mutationen.



Abb. 1 Oben: Perlmutterfalter (*Argynnis adippe*) im hinteren Großen Walsertal. (Foto: R. Junker)
Unten: Admiral (*Vanessa atalanta*). Der Name des Falters rührt daher, dass seine Farben – schwarz mit weiß und rot – den Farben früherer Admiralsuniformen entsprechen. (Foto: Adobe Stock)

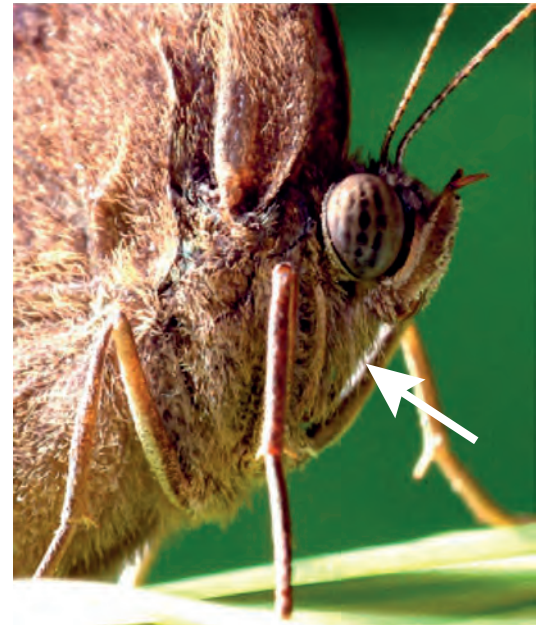


Abb. 2 Reduzierte Vorderbeine von *Bicyclus anynana* (Nymphalidae), siehe weißer Pfeil. (Aus WOLFE et al. 2011, CC BY 3.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/3.0/>)

Hinterleib hat an den Seiten eine Reihe von Öffnungen, die der Atmung dienen. Er beherbergt auch die Verdauungs- und Fortpflanzungsorgane und ist oft farblich an die Flügel angepasst.

Taxonomie der Schmetterlinge

Schmetterlinge gehören zur großen Klasse der Insekten, den Hexapoda. Sie weisen einen vierstufigen Lebenszyklus auf: Ei, Larve, Puppe und *Imago* (= Erwachsenenstadium), der in der Fachsprache als holometaboler Lebenszyklus bezeichnet wird („holometabol“ bedeutet „sich vollständig verwandelnd“).

Auf der taxonomischen* Ebene der Ordnung werden die Schmetterlinge als Lepidoptera zusammengefasst, die schuppenflügeligen Insekten. Diese Ordnung umfasst mehr als 180.000 benannte Arten von Nachtfaltern und Schmetterlingen (bzw. Tagfaltern). Die beiden Gruppen lassen sich dadurch unterscheiden, dass Nachtfalter typischerweise fadenförmige (lineare) oder fiederartige Fühler, einen kurzen, dicken Körper und die Tendenz haben, ihre Flügel flach über den Rücken zu falten. Schmetterlinge hingegen haben kopf- bzw. keulenförmige Fühler, einen langen, dünnen Körper und besitzen die Tendenz, ihre Flügel aufrecht über den Rücken zu falten. Wie so oft in der Biologie gibt es auch hier Ausnahmen. Die Taxonomie der Schmetterlinge befindet sich erneut in Entwicklung wegen der Flut neuer Sequenzdaten (LI et al. 2019).

Eine der zwei Überfamilien der Schmetterlinge sind die sog. Echten Schmetterlinge (Papilionoidea) mit sechs Familien: den Papilionidae (Ritterfalter, 3 Unterfamilien), den Hesperidae (Dickkopffalter, 9 Unterfamilien), den Pieridae (Weißlinge und Verwandte, 4 Unterfamilien), den Nymphalidae (Edelfalter, 12 Unterfamilien), den Lycaenidae (Bläulinge, 7 Unterfamilien) und den Riodinidae (Würfelfalter, 2 Unterfamilien). Das sind insgesamt 37 Unterfamilien, die sich auf etwa 19.000 Arten verteilen. Manchmal wird auch die zweite, kleine, in Südamerika heimische Überfamilie Hedyloidea (Schmetterlings-Nachtfalter, nur ca. 40 Arten) mit einer einzigen Familie, den Hedyliidae, zu den Echten Schmetterlingen gerechnet.

Die Familien der Schmetterlinge

Von besonderem Interesse ist die Frage, wie viele grundlegende Taxa (genetische Familien) die Schmetterlinge umfassen. Kürzlich wurden umfangreiche Studien unter Verwendung von Sequenzierungsdaten durchgeführt, um die Beziehungen zwischen allen 496 europäischen Schmetterlingsarten (WIEMERS et al. 2020) und allen 845 nordamerikanischen Schmetterlingsarten aus den Vereinigten Staaten und Kanada (ZHANG et al. 2019) zu analysieren. Die ZHANG-Studie ist außergewöhnlich, weil die gesamten Genome* aller 845 Arten sequenziert wurden. Beide Studien führten zu „zeitkalibrierten“ phylogenetischen (stammesgeschichtlichen) Bäumen, die auf Sequenzähnlichkeiten basieren und eine radiometrische Datierung voraussetzen. Obwohl sie unabhängig voneinander durchgeführt und Schmetterlinge aus verschiedenen Kontinenten untersucht wurden, stimmen die Ergebnisse in einer „augenfälligen Divergenzsequenz“ (d. h. Abfolge der Abspaltungseignisse) der sechs untersuchten Familien vorzüglich überein. Dass in beiden Studien wiederholt und in gleicher Weise deutliche Unterschiede in der Sequenz zwischen den betreffenden Kladen verzeichnet wurden, spricht stark für die Unabhängigkeit der sechs Familien.

Genomische Daten bestätigen die Existenz von sechs grundlegenden Schmetterlingsfamilien.

Die genomischen Daten bestätigen also eindeutig, dass Schmetterlinge aus sechs grundlegend verschiedenen Familien bestehen (die Hedyliidae könnten eine siebte sein). Die Zugehörigkeit der Schmetterlinge zu sechs Familien ist seit Langem bekannt. Die beiden

umfangreichen Genomstudien unterscheiden sich jedoch deutlich, wenn es um die Aufteilung der Familien in Unterfamilien und Triben (Gattungsgruppen) geht. Dies deutet darauf hin, dass diese niedrigeren taxonomischen Ebenen eher zufällige genetische Diversifizierungsereignisse widerspiegeln als grundlegende taxonomische Kladen (CROMPTON et al. 2024). Dies führt zu der Frage, wie viele Grundtypen (taxonomische Schöpfungskategorie) von Schmetterlingen es gibt. Grundtypen werden auf der Grundlage der Fähigkeit der Arten innerhalb einer Klade definiert, Hybriden (Mischlinge) zu bilden. Es ist nicht ungewöhnlich, dass ein Grundtyp einer Familien- oder Unterfamilienklade entspricht. Obwohl die Hybridisierung wahrscheinlich das beste Einschlusskriterium in der Taxonomie ist, ist ihr Fehlen ein schlechtes Ausschlusskriterium. Denn die Artbildung erfordert in der Regel eine reproduktive Isolation, die eine Hybridisierung zwischen Schwesterarten innerhalb einer Gruppe oft schwierig oder sogar unmöglich macht. Morphologische Ähnlichkeit und gemeinsame Merkmale sind alternative, aber unzuverlässige Ersatzkriterien für Hybridisierung. DNA-Sequenzdaten sind statistisch zuverlässiger, aber sie sind kein eindeutiger Beweis, da ähnliche Sequenzdaten nicht sicher auf eine Abstammungsverwandtschaft hinweisen. Obwohl noch viel Forschungsarbeit erforderlich ist, könnten die 37 Unterfamilien der Schmetterlinge ggf. 37 Grundtypen widerspiegeln, wenn Hybridisierung zur Bestimmung taxonomischer Kladen verwendet wird (CROMPTON et al. 2024).

Mendel'sche Artbildung und die Schmetterlinge

Wie sind die Tausenden von heute beobachteten Arten innerhalb der Papilionoidea und anderer höherer Taxa entstanden? Entwickelten sich die neuen Arten, wie es die populärste wissenschaftliche These nahelegt, durch eine Vielzahl vorteilhafter Mutationen, die sich über lange Zeiträume allmählich ansammelten, oder war die genetische Vielfalt bereits von Anfang an in den Schmetterlingsgenomen codiert? Gibt es Belege dafür, dass Artbildung durch Ausprägung eines latenten (verborgenen), bereits angelegten phänotypischen* Potenzials erfolgte? Letztere Vorstellung wurde von Gregor MENDEL vertreten und wird hier daher als Mendel'sche Artbildung bezeichnet. Diese Form der Artbildung beruht auf den Vererbungsprozessen, die MENDEL (1866) in seiner berühmten Veröffentlichung über Hybriden von Gartenerbsen beschrieben hat.

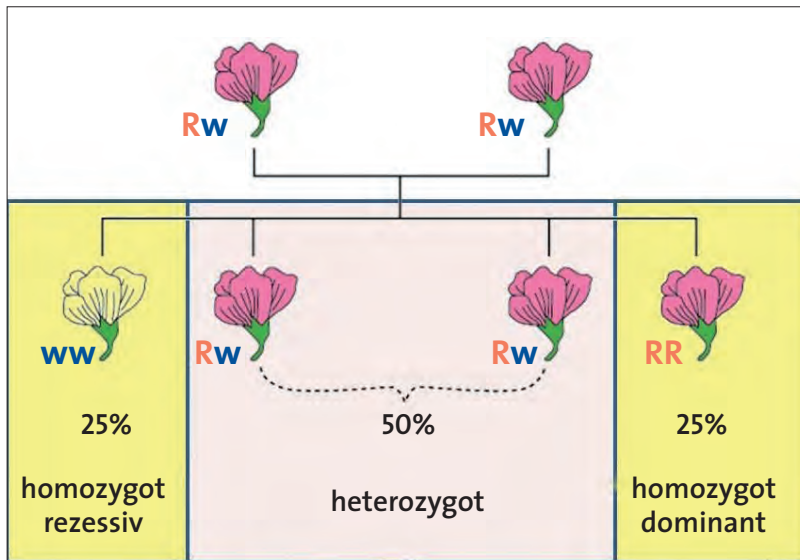


Abb. 3 Kreuzung führt bei heterozygoten Merkmalen zu Nachkommen, die zu 50 % homozygot sind.

Seine These lautet, in der Sprache der heutigen Wissenschaft formuliert: Ausgangspunkt ist, dass jedes Merkmal* im Erbgut zwei Merkmalsausprägungen* aufweisen kann (zwei verschiedene Allele* im heterozygoten* Organismus). Mit linear steigender Anzahl der Merkmale nimmt die Anzahl der möglichen Merkmalskombinationen (Phänotypen) exponentiell zu. Mehrmals nutzte MENDEL den Ausdruck „Combinationsreihe“. 10 Merkmale können zu mehr als 1000 verschiedenen Merkmalskombinationen führen, 20 Merkmale zu mehr als 1.000.000 Merkmalskombinationen. Da sich diese Merkmalskombinationen („Artphänotypen“) bei 10 bzw. 20 verschiedenen Merkmalen stark unterscheiden, werden einzelne Merkmalskombinationen als eigene Arten oder Gattungen definiert. Der Ausgangspunkt für diese Fülle von Phänotypen ist die Rekombination, d. h. die Umstellung und Neukombination der genetischen Programme, die die Merkmalsausprägungen codieren, während der Meiose und der anschließenden Verschmelzung von Samen- und Eizelle.

Obwohl die Rekombination theoretisch eine exponentielle Anzahl von Phänotypen (Kombinationen von Merkmalsausprägungen) hervorbringen kann, wird in der Natur in der Regel nur eine begrenzte Anzahl von Abstammungslinien hervorgebracht. Warum ist das so? Im einfachsten Fall hat eine ursprüngliche Art die Anzahl „n“ heterozygote Merkmale. Jedes Merkmal hat zwei Merkmalsausprägungen: eine dominante* und eine rezessive*. Bei dem Heterozygoten ist nur die dominante Merkmalsausprägung zu sehen. Wenn sich diese Art „selbst kreuzt“, kommt es zu einer zufälligen Verteilung der Allele, die zu diesen Merkmalsausprägungen führen. Infolgedessen bleibt die Hälfte der Merkmale heterozygot. Die andere Hälfte der Merkmale wird jedoch homozygot* „fixiert“; ein Viertel homozygot dominant und ein Vier-

tel homozygot rezessiv (Abb. 3). Die Meiose hat also in diesen Fällen die potenzielle Vielfalt, die Heterozygotie, buchstäblich halbiert (wie bereits von MENDEL 1866 beschrieben). Wenn sich die Nachkommen aufgrund der reproduktiven Isolation nur selbst kreuzen können, halbiert jede nachfolgende Generation die verbleibende Vielfalt, und es entsteht rasch eine begrenzte Anzahl phänotypisch statischer (homogener) Individuen (Populationen), siehe dazu Abb. 4, oberer Teil. Die Abstammungslinien bilden einzigartige und isolierte Phänotypen aus. Diese exponentiell abnehmende Einschränkung der Vielfalt kann bis zu einem gewissen Grad durch Hybridisierung ausgeglichen werden, solange verschiedene Teilpopulationen noch miteinander kreuzen. Merkmalsausprägungen, die einst für eine Linie verloren gingen (durch Fixierung), können so wieder zugänglich gemacht werden, und es steht wieder eine stark erhöhte phänotypische Vielfalt zur Verfügung (siehe Abb. 4, unterer Teil).

In der Natur herrscht ein Gleichgewicht zwischen den drei Prozessen *Rekombination*, *reproduktive Isolation* und *Hybridisierung*. Dies führt (neben epigenetischen Mechanismen zur Erzeugung von Variation) im Wesentlichen zu der Artenvielfalt, die heute in den Familien der Organismen zu beobachten ist. Auf elegante Weise kann so erklärt werden, warum Artengruppen in der freien Natur eine so große Vielfalt an Farben oder Mustern aufweisen, obwohl die einzelnen Arten im Vergleich zueinander keine besonderen Selektionsvorteile zu haben scheinen.

Neue Arten entstehen also hauptsächlich deshalb, weil die notwendige genetische Information *bereits* vorhanden ist; diese latenten* Phänotypen warten nur darauf, sich zu entfalten. Mutationen spielen nur eine untergeordnete Rolle. Dies ist ein sehr wichtiger Unterschied zwischen Mendel'scher und Darwin'scher Artbildung. Er ist der Grund, warum Arten von ihrem Anfang an fruchtbar und lebensfähig erscheinen. Die Alternative, dass in der Regel eine große Anzahl von Mutationen erforderlich ist, um eine phänotypische Veränderung herbeizuführen, würde die Fitness der Organismen immer wieder beeinträchtigen und zumindest vorübergehend das Gleichgewicht in den Ökosystemen stark stören. Experimentelle Arbeiten zeigen, dass Mutationen in der Regel zu unvollkommenen oder fehlerhaften Merkmalsausprägungen führen (vgl. BEHE 2019), indem sie vorhandene Merkmale schädigen oder in unangemessener Weise aktivieren (z. B. beeinträchtigte Farbe oder Organe an falschen Stellen). Einige Mutationen können unter begrenzten, in der Regel anormalen Umständen von Vorteil sein (z. B. das erhöhte

Überleben von Sichelzellenanämie-Heterozygoten in malarieverseuchten Regionen). Es liegt jedoch auf der Hand, dass lebensfähige und vitale neue Arten mit neuartigen Merkmalskombinationen am ehesten aus voll funktionsfähigen phänotypischen Programmen entstehen, die bereits in den Genomen vorhanden sind.

Die Flügelmuster von Schmetterlingen bieten eine hervorragende Möglichkeit, die oben beschriebenen allgemeinen Grundsätze der Mendel'schen Artbildung zu überprüfen. Dies liegt daran, dass eine Reihe von Schmetterlingsgattungen mit vielfältigen Flügelmustern eine hohe Artenzahl aufweist. Für diesen Zweck eignen sich „Jezebels“ aus Australien und Südasien, Pieriden der Gattung *Delias*, sehr gut. Die Pieriden-Falter sind eine Familie mit etwa 1.160 Arten, die sich auf etwa 80 Gattungen verteilen. Die Pierinae sind die größte Unterfamilie mit fast 880 Arten in 56 Gattungen; viele von ihnen haben überwiegend weiße Flügel, darunter die Weißlinge, die Aurorafalter und die farbenfrohe Gruppe der „Jezebels“ (*Delias*).

Die adaptive Radiation der Gattung Jezebel in West-Neuguinea (Papua)

Von den etwa 250 Arten der *Delias*-Schmetterlinge kommt etwa die Hälfte in West-Neuguinea vor. Die meisten von ihnen sind endemisch* in diesem Gebiet, das sich über eine Region erstreckt, die etwa 15 % größer ist als Deutschland. Mehr als 80 % der Pieriden-Arten West-Neuguineas gehören zur Gattung *Delias*. Diese haben auf der Insel eine bedeutende adaptive Radiation* durchlaufen, vor allem in den Bergregionen. Anhand der *Delias*-Schmetterlinge lässt sich untersuchen, ob die Mendel'sche Rekombination eine vernünftige Erklärung für den Ursprung der biologischen Variation ist oder ob die Ansammlung von vorteilhaften Mutationen, die anschließend entsprechend der Darwin'schen Selektion ausgelesen werden, tatsächlich eine bessere Alternative darstellt. Darwin wusste übrigens wenig darüber, woher die phänotypische Variation kommt.

Die 118 papuanischen *Delias*-Arten werden in 17 Artengruppen eingeteilt, die oft mit geografischen Standorten verbunden sind. Die Gattung *Delias* ist ein geeignetes Untersuchungsfeld für Fragen der Artbildung, weil sie so viele Artengruppen umfasst. Von großer praktischer Bedeutung ist, dass *Delias*-Schmetterlinge zwar die üblichen schwarz-weißen Flügelmuster der Pieriden aufweisen, aber auch auffällige, leuchtend bunte, charakteristische Flügelmuster auf

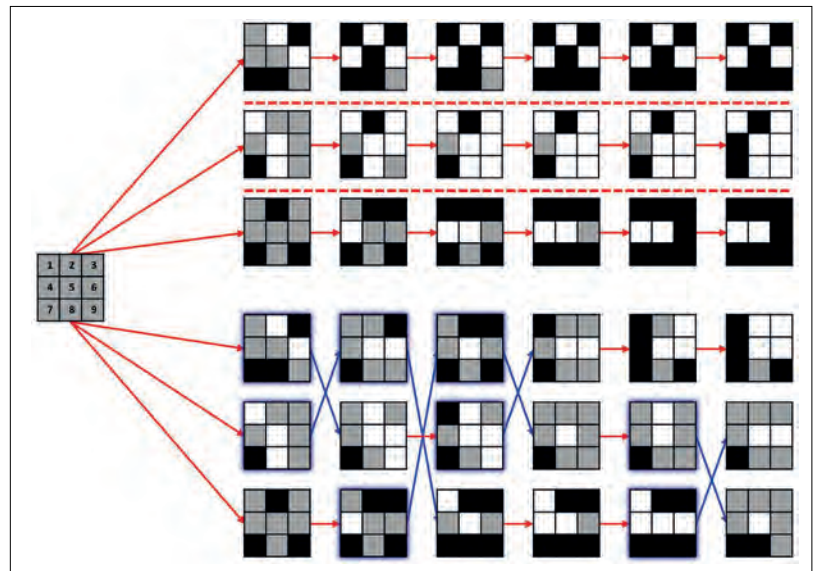


Abb. 4 Die Auswirkungen der meiotischen Rekombination auf einen panheterozygoten Organismus mit 9 Genen im Verlauf von sechs aufeinanderfolgenden Generationen (F1–F6). Heterozygote Gene (het.) sind grau dargestellt, homozygote dominante Gene (hom-d.) schwarz, homozygote rezessive Gene (hom-r.) weiß. Bei reproduktiver Isolation (rot gestrichelte Linien) sind nur Selbstkreuzungen möglich, sodass nach jeder Generation (Meiose) aus heterozygoten Genen 25 % hom-d., 50 % het., 25 % hom-r. werden.

Obere Hälfte: Drei Linien mit reproduktiver Isolation (rot gestrichelte Linien). Nach sechs Generationen sind alle drei Linien vollständig homozygot und haben sich zu drei separaten, fixierten Arten entwickelt. Das Gen 7 wurde in allen drei Linien in der ersten Generation (F1) fixiert.

Untere Hälfte: Dieselben drei Linien bei F1 wie die oberen drei, aber mit der Möglichkeit, gelegentlich zu hybridisieren (die Hybridisierungsraten wurden in diesem Beispiel einer Wahrscheinlichkeit von 25 % zwischen zwei beliebigen Linien bei jeder Generation gewählt). Wenn eine Hybridisierung (= blaue Pfeile) stattfindet, kann folgendes eintreten: hom. Gen × gleiches hom. Gen führt zu keiner Veränderung der Nachkommenschaft; hom. Gen × anderes hom. Gen führt zu het. Nachkommenschaft; hom. Gen × het. Gen führt zu 50 % hom. Gen, 50 % het. Gen; het. Gen × het. Gen führt zu 25 % hom-d., 50 % hetero., 25 % hom-r. Nach sechs Generationen sind 13 von insgesamt 27 Genen (insgesamt 9 Gene in allen 3 Linien) noch heterozygot. Die Gene 5 und 7 wurden in allen Linien in der F3 bzw. F1 fixiert. (Dieser „9-Gen“-Organismus sollte besser als „9-Merkmale“-Organismus bezeichnet werden, weil in der Regel mehr als ein Gen an der Ausprägung der Merkmalsausprägungen eines Merkmals beteiligt ist (= Polygenie)).

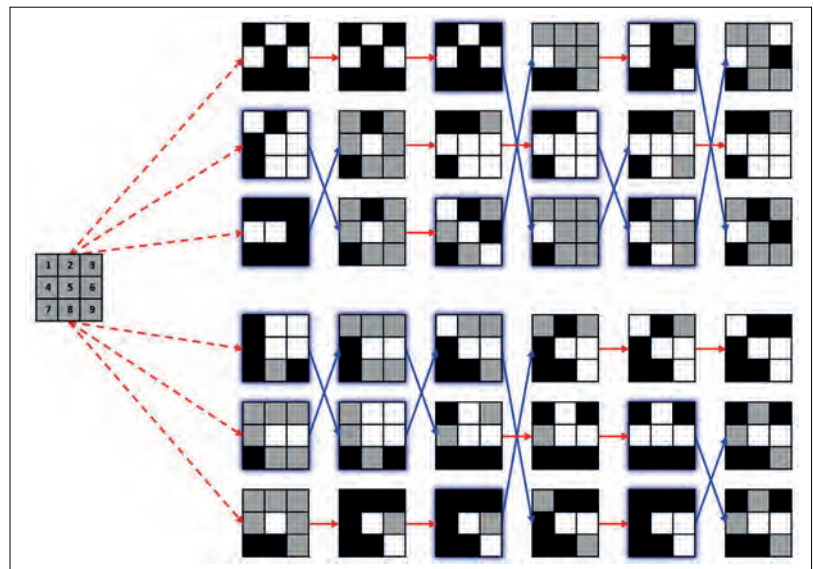


Abb. 5 Für die allgemeinen Einzelheiten der Abbildung siehe Abb. 4. Es werden die Generationen F6–F11 gezeigt.

Oberer Teil: Ursprünglich handelte es sich um drei getrennte, reproduktiv isolierte Abstammungslinien. Solange die reproduktive Isolation aufrechterhalten wurde, blieb das kombinierte Potenzial an Vielfalt der drei Linien erhalten. Dann wird Hybridisierung (blaue Pfeile) ermöglicht. Die Heterozygotie (grau) nimmt sofort zu, und bereits in der F11-Generation sind 11 von 27 Genen heterozygot (= 0,407). Neue Kombinationen von dominanten und rezessiven Merkmalsausprägungen (= neue Arten) sind entstanden. Die Gene 4 wurden in allen Linien in der F8 (und F1) fixiert.

Unterer Teil: Die drei nicht reproduktiv isolierten Linien hybridisieren wie vorher. In der F11-Generation sind nur 6 von 27 Genen heterozygot (= 0,222). Wie bei Abb. 4 ist der Verlust der Heterozygotie innerhalb dieser Gruppe und der Verlust der phänotypischen Variation unaufhaltsam. Die Gene 3, 6 und 8 waren in allen Linien bei F11, F9 und F8 fixiert.

der Unterseite der Flügel (Abb. 6), die die Grundlage für eine robuste, eindeutige und genaue Auswertung bilden.

Der Mendel'sche Mechanismus besagt, dass durch die Nutzung *latenter genetischer Programme*, die als Folge von Rekombination und Hybridisierung zum Vorschein kommen, rezessive Merkmalsausprägungen und sogar latente Eigenschaften ausgeprägt werden können und neue Arten auftreten. Dies wird in Abb. 4 dargestellt (ausführlicher in CROMPTON 2019; 2020a; b). In der einfachsten Form kann man es so beschreiben: Der zufällige Verlust von Heterozygotie führt zu neuen Arten, die als einzigartige Kombinationen von dominanten und rezessiven homozygoten Merkmalsausprägungen definiert sind. Zwar können sowohl Mutations- als auch Mendel'sche Mechanismen zu bisher nicht dagewesenen Merkmalsausprägungen führen, aber Mutationen, die den Phänotyp verändern, beruhen in der Regel auf Schädigung oder Verlust genetischer Informationen. Dagegen sind meiotische Rekombination und Hybridisierung nur selten mit einer solchen Schädigung oder einem Verlust der genetischen Information verbunden; vielmehr erhalten sie die Vitalität und Lebensfähigkeit.

Die Mendel'sche Artbildung benötigt eine reproduktive Isolation, die sicherstellt, dass die Arten getrennt und somit intakt bleiben. Wenn sich Arten überlappen und häufig Hybridisierung stattfindet, kommt es zum Verlust rezessiver Merkmalsausprägungen (aufgrund der Dominanz des anderen Allels) und sogar zum Verlust von Arten durch genetische Vermischung (TODESCO et al. 2016). Wenn die reproduktive Isolation nicht vollständig ist, sodass sporadisch zwischenartliche Hybridisierung vorkommt, kann dies je nach dem Spektrum der in den einzelnen Linien vorhandenen Merkmalsausprägungen zu einem erheblichen Anstieg der Heterozygotie führen. Unter günstigen Umständen könnte dies durch erneute Homozygotie in den nachfolgenden Generationen sogar zum plötzlichen Sichtbarwerden neuer (latenter) Merkmale und einer erheblichen Anzahl neuer Arten führen. In der Natur wird dies als adaptive Radiation bezeichnet (CROMPTON et al. 2024). Abb. 5 veranschaulicht dies. Sie zeigt, was mit den Abstammungslinien geschieht, wenn sporadische Hybridisierung in beiden Gruppen möglich ist.

Wenn Hybridisierungen immer wieder stattfinden können, ist ein sehr langsamer, aber unaufhaltsamer Verlust an Heterozygotie zu beobachten, wie in den unteren drei Linien (Abb. 5, untere Hälfte) zu sehen ist. Folgt jedoch auf eine Periode der reproduktiven Isolation später wieder die Möglichkeit zur Hybridisierung, so ist ein plötzlicher und signifikanter Anstieg der

Heterozygotie zu beobachten wie bei den oberen drei Linien (Abb. 5, obere Hälfte). Dies ist darauf zurückzuführen, dass insgesamt in den Linien, die reproduktiv isoliert sind, die genetische Information nicht verloren geht, sondern erhalten bleibt. Wenn die Hybridisierung in diesen Linien wieder aufgenommen wird, werden alle Informationen über die Merkmalsausprägungen zwischen den Linien ausgetauscht und es entstehen neue Kombinationen von Merkmalsausprägungen (Arten). Je nachdem, wie viel Information über die Merkmalsausprägungen insgesamt in der Gruppe der zuvor isolierten Linien vorhanden war, bestimmt dies, wie viele neue Arten potenziell entstehen können.

An diesem theoretischen Beispiel wird deutlich, wie *adaptive Radiationen* (mehrfache Art-aufspaltungsereignisse) in der freien Natur entstehen. Abhängig von der gesamten Information über die Merkmalsausprägungen, die bereits vorhanden sind, haben adaptive Radiationen das genetische Potenzial, viele neue Arten hervorbringen oder nur einige wenige. Dies ist gut dokumentiert. Auf Hawaii haben einige Radiationen, wie z. B. die Kleidervögel, zu einer Fülle neuer Arten geführt, andere, wie z. B. die Drosseln, dagegen nur zu einigen wenigen (CLEMENTS et al. 2022). Dies spiegelt nicht die unterschiedlichen Mutationsraten zwischen den beiden Artengruppen wider, sondern Unterschiede in der Menge der bereits vorhandenen genetischen Information, die erhalten geblieben ist und nun abgerufen werden kann.

Die beiden Modelle im Test bei der Gattung *Delias*

Die beiden Mechanismen – Artbildung durch Anhäufung von Mutationen (DARWIN) oder auf der Basis von präexistenter Variation (MENDEL) – können bei einer der bemerkenswertesten adaptiven Radiationen von Schmetterlingen, der oben genannten Gattung Jezebel (*Delias*) aus Neuguinea, diskutiert und verglichen werden. Anhand von drei Bereichen von Indizien kann man anhand der farbenfroheren und unterschiedlichen Flügelunterseiten (Abb. 6) testen, ob die Vielfalt eher durch präexistente Variation oder auf die allmähliche Ansammlung vieler Mutationen zurückgeht.

1. Vitalität (Lebensfähigkeit) der einzelnen Arten: Vitale Arten sind aus Perspektive der Evolutionsbiologie nicht unbedingt zu erwarten. Nützliche Mutationen sind sehr selten, schädliche Mutationen sind die Regel. Merkmalsausprägungen, die mit komplexen geneti-

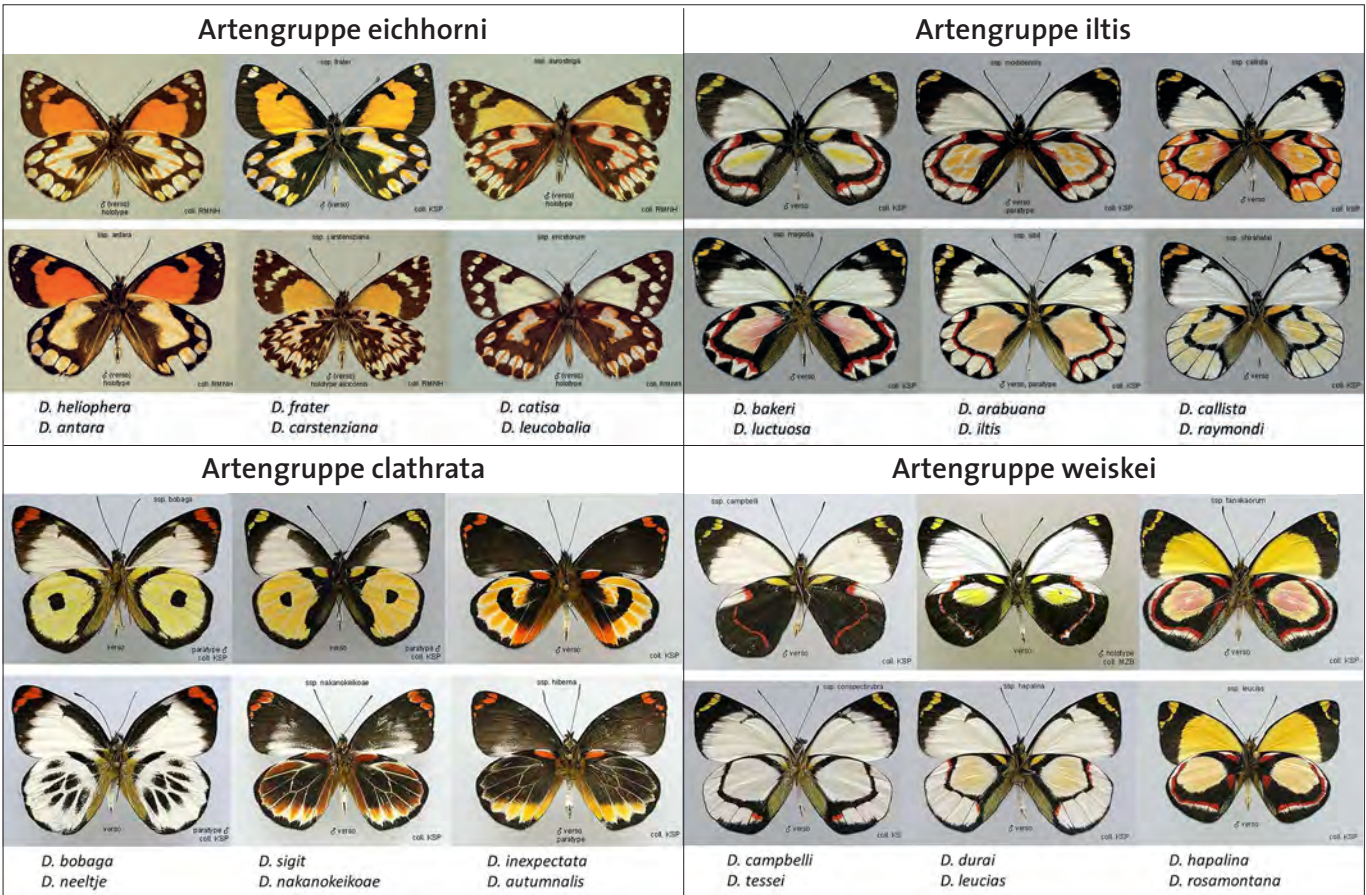
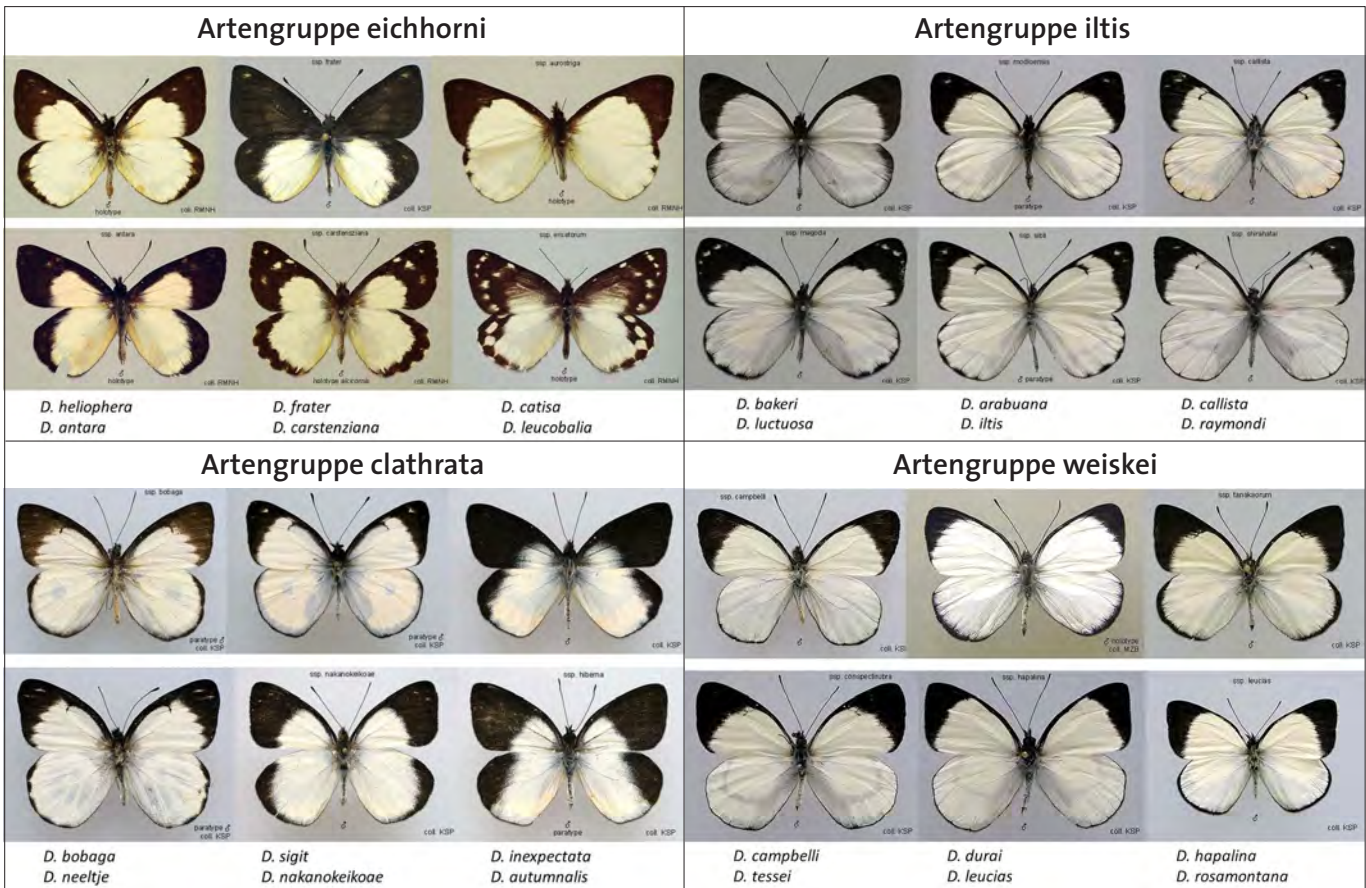


Abb. 6 oben: Die Flügelunterseiten von jeweils sechs ausgewählten Vertretern von vier der zwölf Artengruppen der Gattung *Delias*. Von links oben nach rechts unten: Artengruppen eichhorni, iltis, clathrata und weiskei. Ein auffälliger Aspekt der adaptiven Radiation in der Gattung *Delias* sind *wiederholte Merkmalsausprägungen*. Die große Anzahl eng verwandter Arten ermöglicht es, das wiederholte Auftreten von Merkmalen der Unterseiten der Flügel im Detail zu untersuchen. Farbmerkmalsausprägungen erscheinen und verschwinden in vielen *Delias*-Artengruppen (z. B. hier in allen vier). Ein zentrales Donut-Muster auf dem Hinterflügel sieht man bei den Artengruppen iltis, clathrata und weiskei. Eine periphere Fleckenreihe auf den Hinterflügeln ist bei den Artengruppen eichhorni, iltis und weiskei ausgebildet. Einen „Hockeyschläger“ auf den Vorderflügeln erkennt man bei allen vier Artengruppen, besonders bei der Artengruppe clathrata. (Aus Papua Insects Foundation, papua-insects.nl, mit freundl. Genehmigung)

Abb. 7 unten: Die weniger farbenfrohen Oberseiten von Flügeln von *Delias*-Schmetterlingen der in Abb. 6 dargestellten Artengruppen. (Aus Papua Insects Foundation papua-insects.nl, mit freundl. Genehmigung)



Glossar

<p>adaptive Radiation: Die Auffächerung einer Organismengruppe von einer Stammform ausgehend in Untergruppen</p> <p>Allel: Ausprägung eines bestimmten Gens</p> <p>dominant: Eine → Merkmalsausprägung, die im → heterozygoten Zustand ein → rezessives → Allel unterdrückt</p> <p>endemisch: Ein Organismus, der nur in einem bestimmten Gebiet vorkommt.</p> <p>Genom: Das komplette Erbgut einer Art</p> <p>Hybride: Mischling aus zwei verschiedenen Arten</p> <p>heterozygot: Ein Gen liegt in verschiedenen → Allelen vor, die zu unterschiedlichen → Merkmalsausprägungen führen.</p> <p>homozygot: Ein Gen liegt in zwei gleichen → Allelen vor.</p> <p>Klade: geschlossene, monophyletische Abstammungsgemeinschaft (d. h. sie wird evolutionstheoretisch als von ei-</p>	<p>nem einzigen Vorfahren abstammend interpretiert)</p> <p>latent: verborgen; angelegt, aber nicht ausgeprägt</p> <p>Merkmal: Element des Phänotyps, das in alternativen Formen auftritt, die als → Merkmalsausprägungen bezeichnet werden</p> <p>Merkmalsausprägung: Eine der alternativen Ausprägungen eines Merkmals, die zusammen den Phänotyp ergeben.</p> <p>Phänotyp: äußeres Erscheinungsbild von Lebewesen</p> <p>rezessiv: Allel, das im → heterozygoten Zustand von einem → dominanten → Allel unterdrückt wird.</p> <p>Taxon (pl. Taxa): Taxonomische Einheit, größere Gruppe von Lebewesen, kann unterschiedliches taxonomisches Niveau sein</p> <p>Taxonomie: Lehre von der Ordnung der Lebewesen</p>
---	--

schen Programmen verbunden sind, können selbst durch einfache Mutationen zufällig inaktiviert werden. Demgegenüber würde ihr erstmaliges Auftreten eine große Anzahl von positiven Mutationen erfordern. Rein statistisch gesehen würde eine große Anzahl vorteilhafter Mutationen mit der gleichzeitigen Produktion von *viel mehr* nachteiligen Mutationen einhergehen. Das würde vermutlich zu Kollateralschäden führen, auch wenn viele schädliche Mutationen durch Selektion aus der Population entfernt werden. Wenn mehrere vorteilhafte Mutationen für neuartige Merkmalsausprägungen und die Artbildung verantwortlich sind, sollten Hinweise auf solche Kollateralschäden weit verbreitet sein. Je mehr dynamische, gesunde Arten in Familien beobachtet werden, desto unwahrscheinlicher ist es, dass die Variation in dieser Gruppe durch mehrfache vorteilhafte Mutationen entstanden ist, und desto wahrscheinlicher ist es, dass die Variation als Ergebnis *bereits existierender genetischer Programme* entstanden ist, die voll funktionsfähige Merkmalsausprägungen codieren.

Bei den *Delias*-Arten hat sich gezeigt, dass sie alle vital sind (CROMPTON 2023). Es werden viele komplexe Flügelmuster beobachtet, die die verschiedenen komplexen genetischen Programme widerspiegeln, die für ihre Entstehung erforderlich sind. Es gibt jedoch keine signifikanten Hinweise auf eine teilweise oder eingeschränkte Vitalität der Arten.

Vitalität aller Arten und gleichartige Fitness deuten auf präexistente Variation hin.

2. Vergleichbare Fitness: Es wird evolutionstheoretisch vorausgesagt, dass die Anhäufung mehrerer vorteilhafter Mutationen in der Natur progressiv (allmählich angehäuft) verläuft und somit eine Grundlage für die Selektion der Fittesten (= Bestangepassten) bietet. Es sollte somit Anzeichen für eine Verbesserung in den Artengruppen geben, idealerweise von weniger fitten zu fitteren Phänotypen. Die Mendel'sche Artbildung aber wird voraussichtlich zu einer mehr oder weniger vergleichbaren Fitness der Phänotypen führen, da dieser Mechanismus der Artbildung keine Selektion auf Fitness erfordert, sondern auf präexistenten Merkmalsausprägungen beruht.

Eine Untersuchung der *Delias*-Artengruppen zeigt erhebliche Unterschiede in den Mustern, von denen einige deutlich komplexer oder intensiver gefärbt sind als andere. Allerdings ist mit keinem dieser Muster ein einheitlicher Fitnessfortschritt verbunden (CROMPTON 2023). Die Muster scheinen alle gleichmäßig tauglich (fit) zu sein. Das bestätigt die Annahme, dass die genetische Information, die für die verschiedenen Muster erforderlich ist, bereits bei den Vorfahren der Schmetterlingsarten vorhanden war (teilweise latent) und dass sie bei den Arten aktiviert wurde, bei denen sie heute zu sehen ist.

3. Wiederholt auftretende Merkmalsausprägungen: Die Mendel'sche Artbildung erfolgt durch Nutzung vorhandener genetischer Programme, die im Genom verborgen sind. Es sollte daher Hinweise auf phänotypische Merkmalsausprägungen geben, die in unabhängigen Artengruppen getrennt auftreten. Dieser Nachweis ist besonders überzeugend, wenn die wiederkehrenden Merkmalsausprägungen durch *komplexe* genetische Programme erzeugt werden. Dies liegt daran, dass komplexe Merkmalsausprägungen leicht auftreten, wenn die genetische Information bereits vorhanden ist, aber sehr unwahrscheinlich sind, wenn mehrere vorteilhafte Mutationen erforderlich sind. Je häufiger komplexe, wiederkehrende Merkmalsausprägungen beobachtet werden, desto unwahrscheinlicher ist es, dass sie durch mehrfache vorteilhafte Mutationen entstanden sind.

Wiederholte Merkmalsausprägungen sind tatsächlich ein unmittelbar auffälliger Aspekt der adaptiven Radiation in der Gattung *Delias* (CROMPTON 2023). Merkmalsausprägungen, die wiederholt auftreten, sind z. B. ein zentrales Donut-Muster der Hinterflügel, eine Reihe von Flecken an der Peripherie der Hinterflügel oder ein Hockeyschläger-Muster auf den Vorderflügeln (vgl. Abb. 6). Es ist *sehr unwahrscheinlich*, dass solche ähnlichen Merkmalsausprägungen unabhängig voneinander durch eine Anhäufung von

vorteilhaften Mutationen (die jedes Mal eine Selektion erfordern) in jeder Artengruppe entstanden sind. Viel wahrscheinlicher ist es, dass die genetischen Programme, die diese Eigenschaften hervorbringen, bereits in den Vorfahren der Schmetterlingsarten – latent – vorhanden waren und in den Arten aktiviert wurden, bei denen sie heute zu finden sind.

Wiederholte Merkmalsausprägungen sind ein starkes Indiz für präexistente Programme.

Die in dieser Abhandlung erwähnten Merkmalsausprägungen beziehen sich nur auf die Männchen der verschiedenen Arten. Viele Jezebel-Arten sind jedoch *dimorph* (in zwei Ausprägungen bei Männchen und Weibchen vorkommend), und es ist nicht ungewöhnlich, dass ein Geschlecht ein Merkmal aufweist, das das andere nicht hat. Diese Beispiele sind wichtig, weil sie zeigen, dass Merkmalsausprägungen leicht in einem latenten Zustand bei einem Geschlecht erhalten bleiben, obwohl sie nur bei dem anderen Geschlecht ausgeprägt sind.

Die Schlussfolgerungen, die aus der robusten Vitalität (1.), der vergleichbaren Fitness (2.) und den sich wiederholenden Merkmalen (3.) der *Delias*-Arten gezogen werden, können in ähnlicher Weise bei jeder der zahlreichen adaptiven Radiationen in der Natur getroffen werden, z. B. bei den Silberschwerter-Pflanzen, Lobelien und Kleidervögeln auf Hawaii, den Buntbarschen, Saumfingerechsen (*Anolis*) usw. (CROMPTON et al. 2024): Wenn in der Natur bei eng verwandten Arten (genetischen Familien oder Grundtypen) eine große Vielfalt zu beobachten ist, so ist dies das Ergebnis von Meiose und Hybridisierung, bei der bereits vorhandene genetische Programme rekombiniert werden (bestehende Variation). Dies ist eine logische Konsequenz der Erkenntnisse von MENDEL und den darauf aufbauenden Schlussfolgerungen. Der Beitrag von Mutationen hingegen besteht überwiegend in der Zersetzung genetischer Information. Die Degeneration von Merkmalen ist eine logische Konsequenz dieses fragwürdigen, wenn auch von der Wissenschaft favorisierten Mechanismus.

Dieser Artikel ist eine Zusammenfassung des Special Papers: CROMPTON N (2023) Schmetterlinge und Mendel'sche Artbildung. W+W Special Paper B-23-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schmetterlinge-mendelsche-artbildung/>.

Literatur

- BEHE MJ (2019) Darwin Devolves. The New Science about DNA that challenges Evolution. New York: HarperOne.
- CLEMENTS JF et al. (2022). The eBird/Clements checklist of Birds of the World: v2022.
- CROMPTON N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? Stud. Integr. J. 26, 86–92.
- CROMPTON N (2020a) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 2. Latente Information und präexistente genetische Programme. Stud. Integr. J. 27, 12–19.
- CROMPTON N (2020b) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 3. Fortpflanzungsisolierung und adaptive Radiationen. Stud. Integr. J. 27, 78–87.
- CROMPTON N (2023) Schmetterlinge und Mendel'sche Artbildung. W+W Special Paper B-23-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schmetterlinge-mendelsche-artbildung/>
- CROMPTON NEA, SPRAGUE T, TRUMAN R & JUNKER R (2024) Mendelian speciation: part 4 – Adaptive radiations. J. Creation 38, 104–111.
- FICARROTTA V et al. (2022) A genetic switch for male UV iridescence in an incipient species pair of sulphur butterflies. PNAS 119, e2109255118.
- KRENN HW (2010) Feeding mechanisms of adult Lepidoptera: Structure, function, and evolution of the mouthparts. Annu. Rev. Entomol. 55, 307–327.
- LI W et al. (2019) Genomes of skipper butterflies reveal extensive convergence of wing patterns. PNAS 116, 6232–6237.
- MENDEL G (1866) Versuche über Pflanzenhybriden. Verh. Naturforsch. Vereins Brünn 4, 3–47.
- SANE SP, DIEUDONNE A, WILLIS MA & DANIEL TL (2007) Antennal mechanosensors mediate flight control in moths. Science 315, 863–866.
- TODESCO M et al. (2016) Hybridization and extinction. Evolutionary Applications 9, 892–908.
- WIEMERS M et al. (2020) A complete time-calibrated multigene phylogeny of the European butterflies. ZooKeys 938, 97–124.
- WOLFE JM, OLIVER JC & MONTEIRO A (2011) Evolutionary reduction of the first thoracic limb in butterflies. J. Insect Sci. 11, 66.
- ZHANG J et al. (2019) Genomics of a full continent. BioRxiv, <https://doi.org/10.1101/829887>.

E-Mail-Adressen der Verfasser:

Nigel Crompton: nigel.crompton@cornerstone.edu

Reinhard Junker: reinhard.junker@wort-und-wissen.de

Reparatur- mechanismen in der Zelle

2. Proteine – die „rostende“ Maschinerie des Lebens



Proteine sind die vielfältigste und größte Klasse der molekularen Bausteine des Lebens. Zugleich sind sie sehr anfällig für diverse Schäden – vor allem durch *reaktive Spezies* (reaktionsfreudige und damit gefährliche Moleküle), die infolge von chemischen Reaktionen des Sauerstoffs in der Zelle gebildet werden. Ist eine schrittweise evolutionäre Entstehung von Systemen zur Vorbeugung und Reparatur von Schäden an Proteinen plausibel oder handelt es sich dabei um ein Schöpfungsindiz?

Boris Schmidtgall

Introbild Der biologische Alterungsvorgang wird als das Resultat aufsummierter Schäden an biologisch relevanten Molekülen aufgefasst. Dabei spielen u. a. reaktive Sauerstoffspezies eine wesentliche Rolle, deren schädliche Wirkung ohne äußerst komplexe Reparaturmechanismen innerhalb kürzester Zeit tödlich wäre. (Adobe Stock)

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt (s. S. 96).

Einleitung

„Wer rastet, der rostet“ – dieser allgemein bekannte Ausspruch besagt, dass Bewegungsmangel abträglich für die Gesundheit eines Menschen ist. Das ist allerdings nur eine „halbe Wahrheit“, da alle Lebewesen altern. Eine gesunde Lebensweise kann diesen Prozess höchstens etwas verlangsamen. Der biologische Alterungsvorgang wird als das Resultat aufsummierter Schäden an Proteinen und Erbgutmolekülen aufgefasst (KRISKO & RADMAN 2019). Die Folge ist eine zunehmend fragile Konsistenz und ineffiziente Funktionsweise unseres Körpers – es kommt zum Verfall, ähnlich wie bei rostendem Metall. Eine Schlüsselrolle spielt dabei molekularer Sauerstoff (O_2): Die „Chemie des Todes“ wird ausgerechnet durch denje-

nigen Stoff maßgeblich verursacht, auf den wir am wenigsten verzichten können. Besonders anfällig für Reaktionen mit den „reaktiven Spezies“ – den Produkten chemischer Reaktionen des Sauerstoffs in der Zelle – sind Proteine.

Die „Chemie des Todes“ wird ausgerechnet durch denjenigen Stoff verursacht, auf den wir am wenigsten verzichten können: molekularen Sauerstoff (O_2).

Nachdem es in der ersten Folge um Schäden und Reparaturvorgänge an Erbgutmolekülen (DNA/RNA) ging (SCHMIDTGALL 2024), sollen in dieser Folge die Proteine hinsichtlich ihrer Anfälligkeit für Schäden und deren Reparatur näher betrachtet werden.

Eigenschaften von Proteinen

Proteine sind für den Aufbau und die Funktionsweise der Zelle unverzichtbare kettenförmige Makromoleküle. Strukturproteine sind ein wesentlicher Bestandteil des „Zellgerüsts“ und eine Vielzahl katalytisch* aktiver Proteine reguliert den Stoffwechsel und Energiehaushalt der Zelle. Die Proteine aller Lebewesen bestehen aus einem Satz von zwanzig kanonischen Aminosäuren (Abb. 1) – abgesehen von einigen abgeleiteten oder in Spuren Mengen vorkommenden nichtkanonischen Aminosäuren. Die chemischen und physikalischen Eigenschaften der Aminosäuren sind sehr vielfältig und werden durch die jeweilige Seitengruppe definiert. Es gibt wasserliebende, fettliebende und elektrisch geladene Aminosäure-Seitengruppen, die sich auch in der Größe zum Teil deutlich unterscheiden. Die Vielfalt der chemischen Eigenschaften dieser Bausteine ermöglicht den Zusammenbau sehr unterschiedlicher Proteine – hinsichtlich ihrer Größe, Flexibilität, 3D-Struktur, Wasserlöslichkeit und der chemischen Reaktivität. Man spricht in diesem Zusammenhang davon, dass das natürliche Aminosäurealphabet einen sehr großen *chemischen Raum* abdeckt, was für die große Vielfalt an Funktionen der Proteine in Organismen nötig ist (ILLARDO et al. 2019).

Entscheidend für die Eigenschaften und Funktionen von Proteinen sind die Art und Reihenfolge der Aminosäuren: die *Aminosäuresequenz*. Die Sequenz bestimmt die dreidimensionale Faltung, die von vielen Proteinen nach ihrer Synthese angenommen wird – und damit ihre biochemische Funktion. Da die zelluläre

Kompakt

Aufgrund ihrer vielseitigen Einsatzbereiche im Organismus sind Proteine chemisch sehr divers. Das macht sie allerdings auch anfällig für chemische Reaktionen, die ihre Funktion beeinträchtigen oder gänzlich verhindern. Die häufigste Ursache von Schäden an Proteinen sind chemische Reaktionen mit „reaktiven Spezies“ – reaktionsfreudigen Molekülen, die allesamt infolge von chemischen Reaktionen des Sauerstoffs in der Zelle entstehen. Proteine, die durch solche Reaktionen verändert werden, neigen stark dazu, ihre funktionsfähige 3D-Form zu verlieren und wasserunlösliche Oberflächen offenzulegen. Schäden am *Proteom* (Gesamtheit der Proteine eines Organismus) führen zur mangelhaften Funktionsweise von Stoffwechselwegen, der Erhöhung der Mutationsrate und der Bildung schädlicher Protein-Ablagerungen. Um zu überleben, müssen alle Zellen über hochgradig effiziente und mehrschichtige Systeme aus Vorbeugung und Reparatur von Schäden am Proteom sowie Abbau irreparabel deformierter Proteine und daraus resultierender Plaques aufweisen. Eine schrittweise Entstehung solcher Systeme ist nicht plausibel, da vier Komponenten der Reparatur gleichzeitig benötigt werden; das Fehlen einer dieser Komponenten würde vom Organismus wegen der hohen Rate an Schäden an Proteinen nicht verkraftet. Insgesamt scheint die „Qualitätskontrolle“ von Proteinen in Organismen ein weiteres deutliches Schöpfungsindiz zu sein.

Umgebung eine wässrige Lösung ist, befinden sich bei allen Proteinen mit stabiler Faltung fast nur wasserliebende Aminosäurereste an der äußeren Oberfläche (Abb. 2). So wird eine gute Wasserlöslichkeit gewährleistet und die Gefahr des Verklumpens der Proteine (Bildung von *Plaques*) minimiert.

Ursachen und Folgen von Schäden an Proteinen

Wie fast alle biologisch relevanten Moleküle sind Proteine thermodynamisch* labil, aber kinetisch* eher robust. Bei Proteinen ist insbesondere die dreidimensionale Struktur von spontanen Veränderungen betroffen. Dies be-

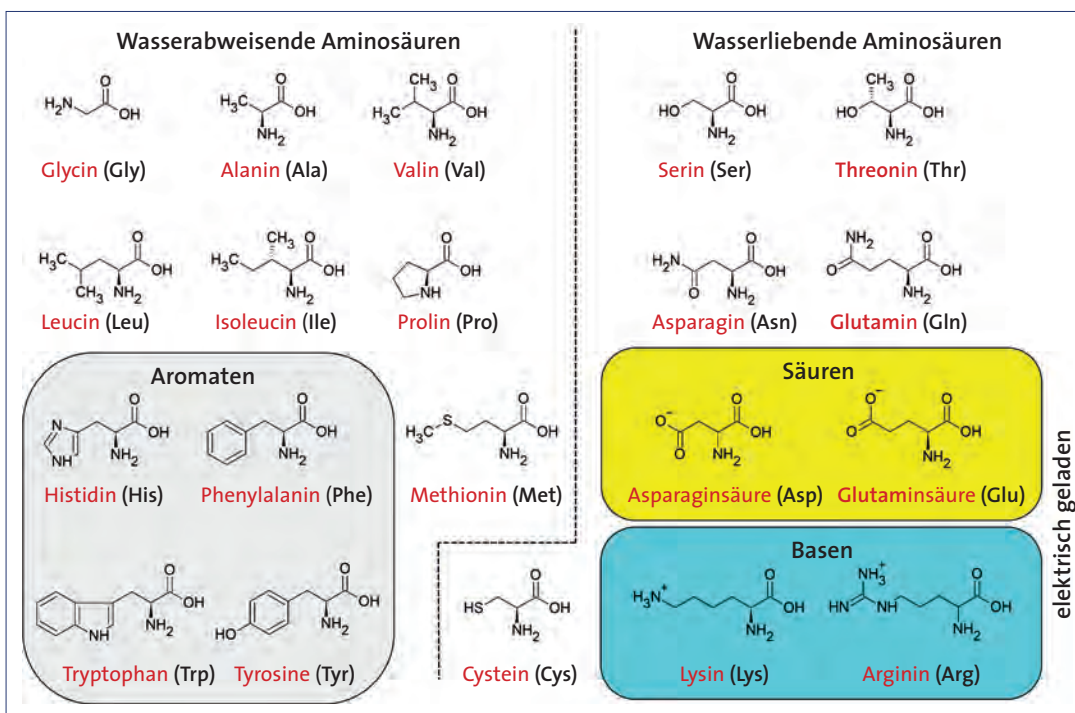
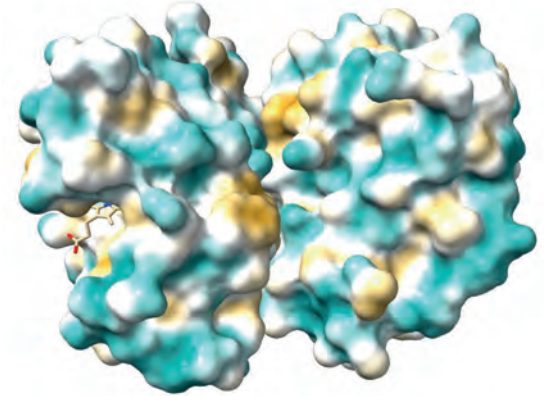


Abb. 1 Strichformeln der zwanzig kanonischen Aminosäuren und Einteilung hinsichtlich einiger wichtiger chemischer Eigenschaften.

Abb. 2 Links: Modell der dreidimensionalen Struktur des humanen Hämoglobins (jeweils zwei gleiche Untereinheiten), das für den O₂-Transport im Blut zuständig ist. Das Rückgrat der Proteineinheiten ist in Form einer vereinfachten Helix dargestellt. Rechts: Errechnete Hydrophilie (Software: ChimeraX) der Oberfläche der Hämoglobin-Proteinuntereinheiten (türkis: hydrophil; gelb: hydrophob). Daraus geht deutlich hervor, dass wasserliebende (hydrophile) Aminosäuren auf der Oberfläche stark überwiegen. Das ist für die Wasserlöslichkeit der Proteine unverzichtbar. (Abb. wurde anhand der Daten von TAKAHASHI et al. (2024) erstellt, PDB-Code: 8wj2).



deutet, dass sie dazu neigen, ihre funktions-tüchtige 3D-Form (Faltung) unumkehrbar zu verlieren – ein Vorgang, der auch als „Denaturierung“ bezeichnet wird. Fehlerhafte Faltungen von Proteinen können entweder genetisch bedingt sein oder durch chemische Reaktionen der Proteine zustande kommen. In vielen Fällen genügt die Änderung einer einzigen Aminosäure innerhalb einer Abfolge von Hunderten Aminosäuren für eine deutliche Beeinträchtigung der Eigenschaften eines Proteins. Das ist der Grund für die Schädlichkeit vieler Mutationen (Erbgutänderungen) im Genom. Ähnlich empfindlich reagieren Proteine auf Änderungen ihrer Struktur durch chemische Reaktionen, da diese häufig auch Änderungen der physikalischen (Löslichkeit, Gestalt, Flexibilität) und chemischen (Reaktivität) Eigenschaften des Proteins bewirken.

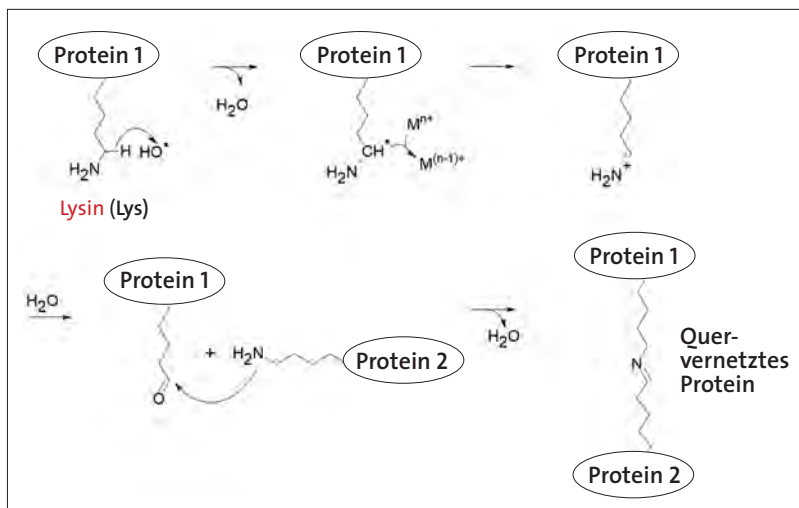
In vielen Fällen genügt die Änderung einer einzigen Aminosäure für eine deutliche Beeinträchtigung der Eigenschaften eines Proteins.

Hinsichtlich ihrer chemischen Reaktivität unterscheiden sich Proteine recht deutlich von Erbgutmolekülen (DNA und RNA). Im Gegensatz zu Nukleinsäuren sind Spaltung durch Wasser (*Hydrolyse*) oder durch UV-Licht aus-

gelöste Reaktionen keine relevante Ursache von Schäden bei Proteinen. Dafür sind sie aber deutlich anfälliger für Elektronenübertragungs-Reaktionen (*Redoxreaktionen*) und die Bildung von *Addukten* (mindestens 2 Moleküle verbinden sich durch chemische Reaktion) mit einer Vielzahl reaktiver Verbindungen. Der Umstand, dass das Aminosäurealphabet einen großen chemischen Raum abdeckt, hat zur Folge, dass Proteine mit einer deutlich größeren Zahl chemischer Verbindungen Reaktionen eingehen können als Erbgutmoleküle.

Die Hauptursache spontaner Strukturveränderungen von Proteinen sind chemische Reaktionen mit sogenannten *reaktiven Spezies*, die allesamt Folgeprodukte von Reaktionen des Sauerstoffs in der Zelle sind. Neben den bereits in der ersten Folge (SCHMIDTGALL 2024) beschriebenen reaktiven Sauerstoff-Spezies (reactive oxygen species, *ROS*), entstehen in der Zelle als Folge chemischer Reaktionen des Sauerstoffs auch reaktive Stickstoff-Spezies (reactive nitrogen species, *RNS*), reaktive Kohlenstoffspezies (reactive carbon species, *RCS*) und reaktive Halogenspezies (reactive halogen species, *RHS*). Die *ROS* weisen ähnlich wie die *RHS* eine hohe Reaktivität auf und reagieren folglich mit einer Vielzahl verschiedener Komponenten der Zelle. Dagegen sind *RNS* und *RCS* weniger reaktiv und gehen eher spezifische Reaktionen ein, d. h. mit bestimmten chemischen Verbindungen und Funktionalitäten bzw. Untereinheiten von Proteinen (KEHM et al. 2021; AKAGAWA 2020). Details der Reaktionen reaktiver Spezies und ihrer Auswirkungen sind im Kasten „Bildung von reaktiven Spezies und ihre Reaktionen mit Proteinen“ angeführt.

Abb. 3 Reaktionsschema der metallkatalysierten Desaminierung von Proteinen mit nachfolgender Quervernetzungsreaktion.



Folgen von Strukturveränderungen bei Proteinen

Die Folgen von Mutationen bzw. Strukturänderungen durch chemische Reaktionen sind fehlerhafte Faltungen der Proteine (*Denaturierung*), die ihre Funktion beeinträchtigen bzw. gänzlich verunmöglichen. Die Denaturierung hat zur

Folge, dass fettliebende Oberflächen am Protein teilweise exponiert werden, wodurch es zum Verklumpen (*Aggregation*) der Proteine unter Bildung toxischer Ablagerungen (*Plaques*) in der Zelle kommen kann. Die Plaquebildung resultiert in den meisten Fällen durch unspezifische Interaktionen fehlerhaft gefalteter Proteine und durchläuft verschiedene Stadien (AJMAL 2023). Sind Proteine strukturell verändert, tendieren sie dazu, zunächst kleinere Protein-Oligomere zu bilden. Dieser Vorgang ist umkehrbar und wird als „Nukleationsphase“ bezeichnet, d. h. es bilden sich langsam kleine Kristallisationskeime, die zur Entstehung größerer Oligomere führen können. Sind solche größeren Partikel einmal entstanden, können daraus schnell fadenförmige Proteinaggregate (Amyloid-Fibrillen) hervorgehen. Der letzte Vorgang ist in vielen Fällen thermodynamisch begünstigt und daher nicht umkehrbar (PHILO & ARAKAWA 2009). Außerdem sind fibrilläre Proteinaggregate nur schwer durch die zelleigenen Mechanismen abbaubar.

Die Bildung von Protein-Ablagerungen ist nicht umkehrbar und entstandene Plaques sind schwer abbaubar. Sie verursachen viele neurodegenerative Erkrankungen.

Fehlfaltungen von Proteinen können aufgrund der netzwerkartigen Organisation des Proteoms viele andere Proteine in ihrer Funktion beeinträchtigen (POWERS et al. 2009). In solchen Fällen spricht man von einer Störung der Protein-Homöostase – dem funktionsfähigen Gleichgewichtszustand der Gesamtheit der Proteine. Bei Menschen rühren viele neurodegenerative Erkrankungen wie Parkinson, Alzheimer oder Chorea Huntington von der Bildung von Protein-Ablagerungen als Folge fehlerhafter Proteinfaltung.

Prionen sind ein weiteres bekanntes Beispiel für fehlerhaft gefaltete Proteine. Durch Interaktion mit anderen Proteinen verursachen Prionen auch bei anderen Proteinen Fehlfaltungen und können so bei Tieren und Menschen Hirnerkrankungen auslösen (AJMAL 2023) wie z. B. BSE („Rinderwahn“). Darüber hinaus können Beeinträchtigungen des Proteoms auch Proteine betreffen, die für die Synthese des Erbguts zuständig sind. Fehlfaltungen der DNA-Replikase führen zu erhöhten Mutationsraten, die wiederum eine Zunahme fehlerhaft gefalteter Proteine auslösen, sodass die Qualität des Proteoms umso schneller abnimmt (KRISKO & RADMAN 2019). So kommt es zu einem beschleunigten „Teufelskreis“ des Verfalls, der schließlich den programmierten Zelltod (*Apoptose*) auslöst. Infolgedessen liegt die An-

Bildung von reaktiven Spezies und ihre Reaktionen mit Proteinen

ROS: Die Entstehung reaktiver Sauerstoff-Verbindungen ist bereits früher ausführlich dargestellt worden (SCHMIDTGALL 2022). Dabei ist nicht der Sauerstoff selbst für Zellen schädlich – sondern seine Reaktionsprodukte, die vor allem in Mitochondrien gebildet werden. Am reaktivsten ist das Hydroxylradikal (OH \cdot), weniger reaktiv sind das Superoxidradikal (O $_2^{\cdot-}$) und Wasserstoffperoxid (HOOH). Weitere relevante ROS entstehen durch Reaktionen von Hydroxylradikalen mit Fettsäuren oder Alkoholen. Sie werden als Lipoxyl- oder Alkoxyl-Radikale (RO) bezeichnet. Hydroxyl- und Alkoxyl-Radikale reagieren mit vielen verschiedenen Untereinheiten von Proteinen. Die am häufigsten auftretende Reaktion ist die Metall-katalysierte Desaminierung von Lysin unter Beteiligung von Hydroxylradikalen (AKAGAWA 2020) (Abb. 3).

Das dabei gebildete Produkt (Aldehyd) kann in weiteren Reaktionen zur Quervernetzung der Proteinstruktur führen. Superoxidradikale reagieren kaum mit Proteinen, dafür aber sehr schnell mit Eisen-Schwefel-Clustern – wichtigen Funktionseinheiten in Proteinen der Atmungskette bei Säugetieren sowie in Proteinen der Photosynthese bei Pflanzen und Mikroorganismen (ANDRES et al. 2020). Bei *E. coli*-Bakterien wurde eine sehr schnelle Reaktion (10 6 –10 7 M $^{-1}$ s $^{-1}$) von Superoxiden mit Eisen-Schwefel-Clustern gemessen (DJAMAN 2004). Ausgehend von dieser Reaktionsgeschwindigkeit wurde die Halbwertszeit (T $_{1/2}$) aller Eisen-Schwefel-Cluster in *E. coli* unter aeroben Bedingungen (d. h. unter Anwesenheit von Sauerstoff) auf ca. 40 Minuten errechnet. Wasserstoffperoxid kann Reaktionen mit Proteinuntereinheiten eingehen, die Schwefel enthalten. So können z. B. zwei Cystein-Reste durch Einwirken von H $_2$ O $_2$ eine Disulfidbrücke ausbilden – ein wichtiger Mechanismus der Quervernetzung von Proteinen. Zudem reagieren Thiolgruppen des Cysteins mit ROS häufig (umkehrbar) zu Sulfensäure und darauf folgend (nicht umkehrbar) zu Sulfin- bzw. Sulfonsäure (EZRATY et al. 2017). Darüber hinaus ist auch für H $_2$ O $_2$ gezeigt worden, dass es selektiv das Eisen-Schwefel-Cluster N1b der Atmungskette schädigt – allerdings nur bei erhöhter Konzentration (STROTMANN et al. 2023).

RNS: Bei höheren Lebewesen ist das Nitrosyl-Radikal (NO) ein wichtiges Bo-

tenmolekül. Es ist beteiligt am Vorgang der Erweiterung von Blutgefäßen und aktiviert das Enzym Guanylat-Cyclase, welches das sekundäre Botenmolekül cGMP erzeugt – ein wichtiger Vorgang in der Reizweiterleitung. Das Nitrosyl-Radikal wird durch das Enzym Nitrosyl-Synthase aus der Aminosäure Arginin generiert. Abgesehen von seiner unverzichtbaren Funktion als Botenmolekül hat das Nitrosyl-Radikal aber auch eine Schattenseite: Es reagiert mit dem Superoxid-Radikal (O $_2^{\cdot-}$) zu verschiedenen RNS, darunter Peroxynitrit (ONOO $^-$), Stickstoffdioxid (NO $_2$) und Distickstofftrioxid (N $_2$ O $_3$) (KEHM et al. 2021; AKAGAWA 2020). Peroxynitrit liegt unter physiologischen Bedingungen zum Teil in der protonierten Form (hier: Anlagerung von Wasserstoffkernen) vor (ONOOH), die ein sehr labiles (T $_{1/2}$ = 0,6 s) und reaktionsfreudiges Molekül darstellt. Es reagiert mit der Aminosäure Cystein zur entsprechenden Sulfensäure und nitriert Tyrosin und Hämoglobin (RADI 2018). Peroxynitrit schädigt überdies auch Eisen-Schwefel-Cluster (DJAMAN et al. 2004). Distickstofftrioxid (N $_2$ O $_3$) ist ebenfalls ein kurzlebige Molekül. Es nitrosyliert (d. h. kovalenter Einbau einer Stickstoffmonoxid (NO)-Einheit) sowohl die Thiolgruppe von Cystein als auch verschiedene Aminogruppen unter Bildung stabiler und krebserregender Nitrosamine (MÖLLER & VITTURI 2024).

RCS: ROS gehen Reaktionen mit verschiedenen in Zellen vorhandenen organischen Verbindungen wie Zuckern, Fetten oder Polyphenolen ein. Daraus entstehen reaktive Verbindungen wie Acrolein, Malondialdehyde (MDA), 4-Hydroxy-2-Nonenal (4-HNE), Glyoxal oder ortho-Chinone, die als reaktive Kohlenstoffverbindungen (RCS) bezeichnet werden. Diese Verbindungen können eine Vielzahl verschiedener Addukte mit Aminogruppen und Thiolgruppen an Proteinen bilden. In den meisten Fällen sind die gebildeten strukturellen Abwandlungen nicht umkehrbar.

RHS: Die Bildung von reaktiven Halogen-Spezies, den Hypohalogen-Säuren HOCl, HOBr und HOI, erfolgt hauptsächlich durch Oxidation von Halogenid-Ionen durch das Enzym Myeloperoxidase, das bei höheren Organismen eine wichtige Rolle in der Vernichtung von Krankheitserregern spielt (KLEBANOFF 2005). Die Reaktivität von RHS ist derjenigen von Wasserstoffperoxid vergleichbar.

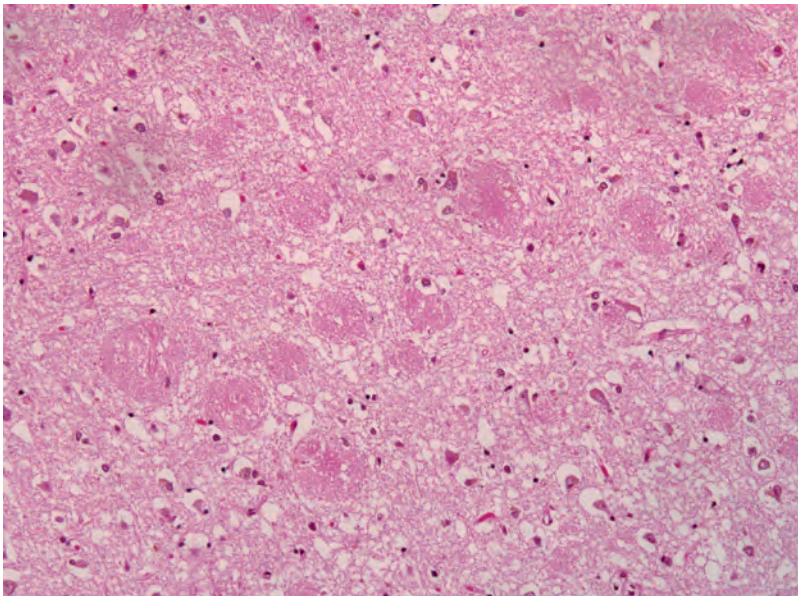


Abb. 4 Schnitt durch das Hirngewebe eines Alzheimer-Patienten. Mit Hilfe der Hämatoxylin-Eosin-Färbung sind die Plaques als rundliche stärker rötliche Flecken sichtbar gemacht worden. (Jensflorian, CC BY-SA 3.0)

nahme nahe, dass Schäden an Proteinen insgesamt mehr Gewicht haben als Schäden an allen anderen Arten biologisch relevanter Moleküle (KRISKO & RADMAN 2019).

Das Schicksal der meisten Proteine unter typischen zellulären Bedingungen ist „bösaartig, brutal und kurz“.

Das Ausmaß der spontanen Strukturänderungen von Proteinen ist nicht unerheblich. Bei Säugetieren werden pro Stunde ca. 1–2 % der Proteine infolge von spontan eintretenden Schäden durch die dafür zuständige zelluläre Maschinerie abgebaut (GOLDBERG 2003). GOLDBERG beschreibt die Bedingungen im zellulären Milieu eines Säugetiers als „denaturierend“ und schlussfolgert, dass das Schicksal eines typischen Proteins unter diesen Bedingungen „bösaartig, brutal und kurz“ sei (GOLDBERG 2003). Aber auch bei anderen Lebewesen dürften die *Standardbedingungen* in der Zelle nicht viel milder sein. Unter „Stressbedingungen“ wie einer erhöhten Temperatur, stark vom neutralen Bereich abweichendem pH-Wert, erhöhter Lichtintensität oder dem Vorliegen reaktiver Chemikalien kommt Denaturierung aber noch bedeutend häufiger vor. Es ist daher absolut unverzichtbar, dass Zellen aller Domänen des Lebens mit einer großen Vielfalt an Schutz- und Reparaturmechanismen gegen die Denaturierung und Aggregation von Proteinen ausgestattet sind.

Glossar

Katalyse: Beschleunigung chemischer Reaktionen

kinetisch robust: Ein Molekül, das sehr langsam eine chemische Reaktion eingeht.

thermodynamisch labil: Ein energiereiches Molekül. Energiereiche Moleküle sind generell labil.

Maßnahmen gegen Schäden an Proteinen

Vorbeugung vor Protein-Fehlfaltungen

Antioxidativ wirksame, kleine Moleküle (Glutathion und Vitamine) stellen neben ROS-abbauenden Enzymen wie Superoxid-Dismutasen und Katalasen eine wichtige Komponente in der Vorbeugung von Schäden durch reaktive Spezies dar (SCHMIDTGALL 2022). Bakterien weisen ein sensorisches System auf (*SoxR*), welches die Detektion organischer Moleküle ermöglicht, die die Bildung von reaktiven Spezies fördern (ebd.). Es deutet alles darauf hin, dass selbst die einfachsten Organismen hochgradig effiziente und vielschichtige molekulare Systeme zur Abwehr von oxidativem Stress aufweisen. Simpleren Versionen davon sind nicht bekannt. Daher müssen Hypothesen über den Ursprung erster Organismen der Komplexität dieser Systeme Rechnung tragen.

Zusätzlich zu den beschriebenen Reparaturmechanismen gibt es auch noch kleinere, antioxidativ wirksame Moleküle, die ein Wasserstoff bzw. ein Elektron auf die reaktiven Spezies übertragen können, die infolgedessen weniger reaktiv werden.

Da reaktive Spezies auch unter erhöhter Lichtintensität erzeugt werden, brauchen Pflanzen weitere chemische Verbindungen zur Neutralisierung reaktiver Spezies: Besonders wichtig ist die Schutzfunktion von Vitamin C für den Photosyntheseapparat von Pflanzen. Vitamin C wird in Pflanzen gezielt in die Chloroplasten importiert und dort angereichert, um ROS zu neutralisieren und so die Proteine des Photosyntheseapparats zu schützen (LI et al. 2020). Zudem kommen in Pflanzen viele Stoffe mit antioxidativer Wirkung als *Sekundärmetaboliten* (spezielle Stoffwechselprodukte) vor. Aufgrund der großen Fülle an Beispielen seien hier nur einige wenige angeführt: Kurkumin, ein Inhaltsstoff der Kurkumapflanze und beliebtes Gewürz, wird auch als gelber Farbstoff E-100 in der Nahrungsmittelindustrie verwendet. Er ist bekannt für seine hemmende Wirksamkeit gegen die Proteinaggregation und wurde als Wirkstoff in der Behandlung von Alzheimer vorgeschlagen (PAL 2023). Eine verbreitet vorkommende Klasse antioxidativ wirksamer Moleküle sind Polyphenole. Dazu zählen Inhaltsstoffe von Zimt (Coumarine, Zimtsäure) oder Wein (Resveratrol, Tanninsäure) (CHARLTON et al. 2023).

Die Tatsache, dass Lichteinfall immer auch zur Bildung reaktiver Spezies führt, hat Implikationen für naturalistische Ursprungsmodelle. Aus evolutionstheoretischer Perspektive muss erklärt werden, wie ein schrittweiser Aufbau von hochkomplexen Photosyntheseapparaten

zeitgleich und von Anfang an mit entsprechend effizienten und ebenfalls hochkomplexen Schutzsystemen erfolgte.

Evolutionäre Modelle der Entstehung der Photosynthese müssen die zeitgleiche Entstehung hocheffizienter Schutzsysteme erklären.

Eine weitere unverzichtbare Ressource zur Vorbeugung von Schäden am Proteom sind Polyphosphate (polyP) – unterschiedlich lange Kettenmoleküle zu drei bis eintausend Phosphateinheiten (vgl. SCHMIDTGALL 2022). Lange Zeit galten sie als „geheimnisvoll“ und unverstanden. Seit den Arbeiten von Arthur KORNBERG (AKIYAMA et al. 1992) ist im Verlauf von 30 Jahren eine erstaunliche Vielfalt an Funktionen dieser Polymere entdeckt worden (GUAN & JAKOB 2024). Bei Bakterien sind polyP unter anderem beteiligt an verschiedenen Arten von Stressantworten (bei Hitze, Oxidation, UV-Licht, Mangelernährung), Resistenz gegen Antibiotika und der Aufrechterhaltung der Stabilität des Genoms. Bei Menschen spielen polyP u. a. in der Blutgerinnung und der Funktion von Mitochondrien wichtige Rollen. Allgemein scheint eine der wichtigsten Funktionen von polyP das Verhindern der Proteinaggregation zu sein. Es konnte anhand der Lactat-Dehydrogenase gezeigt werden, dass in Gegen-

wart einer erhöhten Konzentration von polyP (1 mM) selbst bei 85 °C die vollständige Denaturierung der Proteine verhindert wird (YOO et al. 2018). Die Proteine nehmen stattdessen eine Art β -Faltblatt-Struktur an, die nach Sinken der Temperatur durch Chaperone (Faltungsproteine) wieder in den funktionsfähigen Zustand überführt werden kann (zu PolyP-Schutzmechanismen: s. SCHMIDTGALL 2022). Ein weiterer faszinierender Aspekt bezüglich polyP ist auch die Fähigkeit, Vorstufen von Amyloid-Fibrillen aufzulösen und so die Bildung unlöslicher Protein-Plaques zu verhindern (YOO et al. 2018).

Bis heute sind viele Details bezüglich polyP ungeklärt, wobei laut GUAN & JAKOB (2024) „die zugrundeliegenden regulatorischen Mechanismen hochgradig komplex sind und sich je nach Organismus stark unterscheiden, insbesondere zwischen Eukaryoten und Prokaryoten“. Häufig wird allein aufgrund der baulichen Einfachheit von polyP davon ausgegangen, dass es sich um ein Molekül handelt, das bereits in einem sehr frühen Stadium der angenommenen Evolution in Organismen vorhanden war und die Funktion „primitiver Chaperone“ innehatte (GRAY et al. 2014). Allerdings gibt es keinen Organismus, in dem die Synthese und der Abbau von polyP nicht von einem komplexen Ensemble verschiedener Enzyme reguliert werden. Daher muss aus evolutionärer Perspektive plausibel erklärt werden, wie diese unverzichtbare Schutzeinrichtung schrittweise entstanden sein

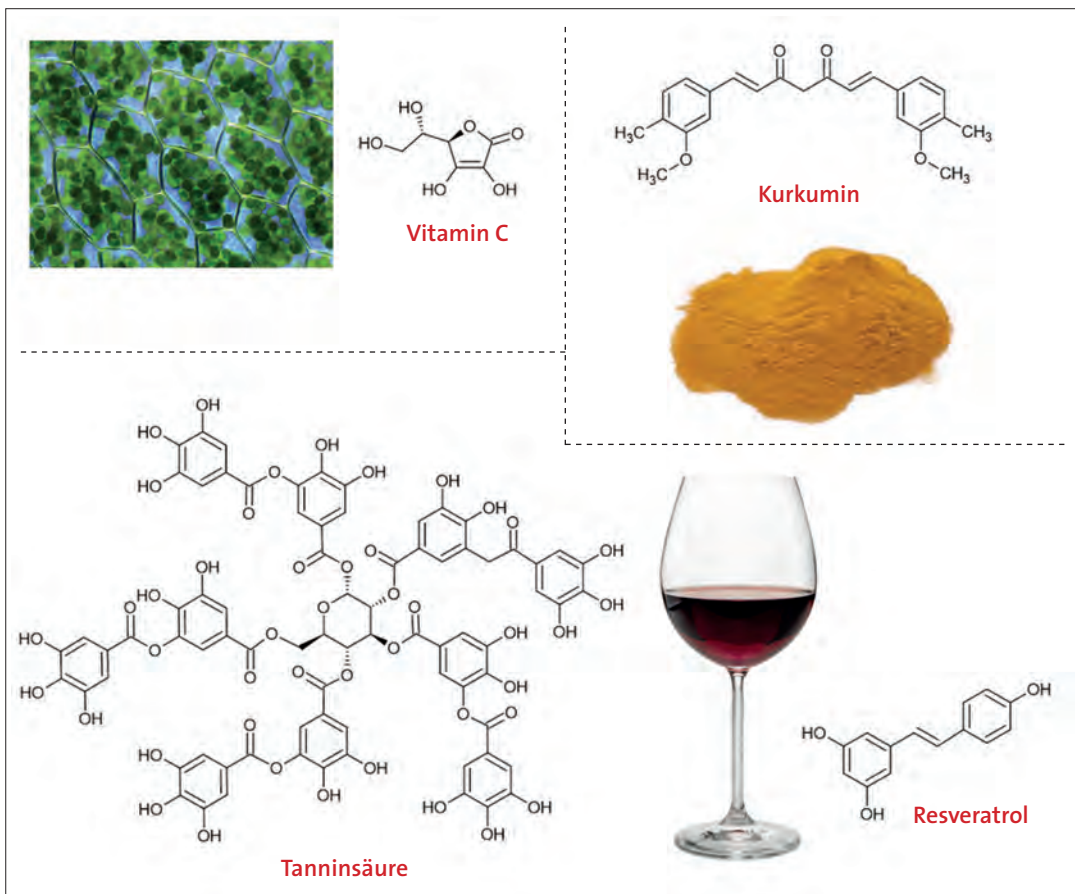


Abb. 5 Strichformeln einiger natürlich vorkommender Antioxidantien. Vitamin C wird in vielen Pflanzen in den Chloroplasten angereichert. Kurkumin, der Inhaltsstoff der Kurkumapflanze, findet als Gewürz und als Therapeutikum gegen Alzheimer Verwendung. Im Wein sind zahlreiche Antioxidantien enthalten, darunter die besonders wirksamen Stoffe Tanninsäure und Resveratrol. (Kristian Peters - Fabelfroh, CC BY-SA 3.0; BroviPL, Public Domain; Adobe Stock)

soll. Es ist dabei auch zu berücksichtigen, dass hohe Konzentrationen von polyP giftig sind (DESFOUGÈRES et al. 2020).

Alle bisher diskutierten Maßnahmen dienen der *Vorbeugung* von Schäden an Proteinen. Sie können jedoch bereits entstandene Fehlfaltungen nicht wieder rückgängig machen. In solchen Fällen gibt es in Zellen zwei prinzipielle Vorgehensweisen: 1. Das Protein wird abgebaut – der „Nachschub“ erfolgt beständig über die Proteinbiosynthese. 2. Das Protein wird durch andere Proteine (Chaperone) erneut in die intakte Form gebracht.

Abbau fehlerhafter Proteine. Schon vor 50 Jahren ist nachgewiesen worden, dass Zellen denaturierte Proteine selektiv durch enzymatische Hydrolyse abbauen (GOLDBERG 1972). Sowohl in Eukaryoten als auch in Bakterien werden Proteine nur dann schnell abgebaut, wenn eine signifikante Störung ihrer korrekten Faltung gegeben ist. In Eukaryoten werden ca. 30 % aller neu synthetisierten Proteine wieder abgebaut, weil sie nicht die richtige Faltung annehmen (GOLDBERG 2003). Das hängt wahrscheinlich damit zusammen, dass Eukaryoten z. T. wesentlich komplexer gebaute Proteine aufweisen, deren Faltung entsprechend aufwändiger und fehleranfälliger ist.

Der Abbau von Proteinen erfolgt grundsätzlich unter Energieverbrauch (mittels der Zellenergiegewährung ATP) und betrifft Proteine, die entweder generell kurzlebig oder irreparabel beschädigt sind. In Eukaryoten werden Proteine, die abgebaut werden sollen, vorher mit einer Ubiquitin-Einheit versehen, sodass intakte Proteine von defekten *unterschieden* werden können. Das Ubiquitin ist ein kleines Protein (76 Aminosäuren), das hauptsächlich der Markierung defekter Proteine dient. Das Anbringen der Ubiquitin-Gruppe ist ein Vorgang, der durch Ubiquitin-Ligasen katalysiert wird und unter ATP-Verbrauch abläuft. Bei Säugetieren gibt es Hunderte verschiedene Ubiquitin-Ligasen, die für das Erkennen und Markieren beschädigter Proteine zuständig sind. Bei einigen Prokaryoten gibt es mit „Pup“ ebenfalls ein Protein, das der Kennzeichnung zum Abbau bestimmter Proteine dient, wobei die Abbauwege von Proteinen in Eukaryoten und Prokaryoten sehr unterschiedlich sind (SCHRADER et al. 2009).

Bei Eukaryoten wird die große Mehrheit der beschädigten Proteine (80 %) durch das 26S *Proteasom* abgebaut (SCHRADER et al. 2009; COLLINS & GOLDBERG 2017). Es handelt sich dabei um einen sehr großen Enzymkomplex mit 33 Untereinheiten und einer Masse von ca. 2,5 Tausend kDa¹, der

aus einem zylinderförmigen Kernteil (20S) und zwei regulatorischen Partikeln (19S) besteht. Im inneren Teil des Proteasoms (20S) wird ein Protein zu kleinen Peptiden von zwei bis zehn Aminosäuren Länge gespalten. Die anschließende Spaltung zu Aminosäuren wird von Peptidasen im Cytosol (flüssiger Bestandteil des Zellplasmas) bewerkstelligt. Das Proteasom ist eine derart effektive molekulare Maschine, dass es einer strengen Kontrolle bedarf, um unselektive Proteinspaltung zu vermeiden (REICHMANN et al. 2018). Ebenso würden Proteasen, die z. B. beim Abbau der zu verdauenden Proteine aus Nahrungsmitteln zum Einsatz kommen, schnell zu einer Spaltung *aller* Proteine in der Zelle führen. Das daraus resultierende Problem für die Evolutionslehre bringt GOLDBERG auf den Punkt (2003): „Das fundamentale Problem, das die Evolution lösen musste, war die Notwendigkeit, Zellen mit der Fähigkeit auszustatten, fehlgefaltete und beschädigte Proteine zu zerstören, ohne dabei unselektiv wichtige Zellbestandteile zu beschädigen.“ Es überrascht daher nicht, dass die Aktivität des Proteasoms von einer Vielzahl post-synthetischer Mechanismen reguliert wird (COLLINS & GOLDBERG 2017). In Bakterien wird die Spaltung beschädigter Proteine durch einige ATP-abhängige Proteasen (Clp-Proteasen) bewerkstelligt, die als *AAA+-Proteine* klassifiziert werden. Diese Proteine weisen ein ähnliches Strukturmotiv wie das Proteasom der Eukaryoten auf und sind auch eher komplexe Proteine, wenn auch deutlich kleiner als das Proteasom. Gemäß SERAPHIM & HOURY (2020) fungieren sie als „molekulare Maschinen, die die chemische Energie von ATP nutzen, um mechanische Arbeit auszuführen“. Auch für diese unverzichtbaren Enzyme sind keine einfacheren Vorläufer bekannt, weswegen auch hier hinsichtlich der evolutionären Entstehung Erklärungsbedarf besteht.

Reparatur fehlerhaft gefalteter Proteine.

Reparable Fehlfaltungen bei Proteinen können durch Chaperone behoben werden. Bei Chaperonen handelt es sich um Proteine, die fehlerhaft gefaltete Proteine erkennen und durch Binden an diese eine Aggregation verhindern. Darüber hinaus sind viele Chaperone dazu in der Lage, die funktionale Form des gebundenen Proteins durch Beschleunigung der Faltung wiederherzustellen. Es gibt eine sehr große Vielfalt an Chaperonen. Sie können sowohl monofunktional als auch multifunktional sein, ATP-abhängig oder -unabhängig. Aufgrund dieser unüberschaubaren Fülle sollen hier anhand einiger Beispiele Prinzipien der Funktionsweise dieser Proteine veranschaulicht werden. Eine wichtige Schutzfunktion in *E.-coli*-Bakterien erfüllt das *Hsp33* (heat shock protein 33). Mit einer Masse von 33 kDa ist es ein großes Protein, für das

¹ kiloDalton; ein Dalton = ca. 1/12 der Masse eines ¹²C-Atoms.

bisher nur unter Stressbedingungen eine Funktion bekannt ist (REICHMANN et al. 2018). Mit einer Einheit aus vier Cysteinen, die ein Zink-Ion binden, weist Hsp33 ein Strukturmotiv auf, das eine elegante Funktion als Chaperon ermöglicht. Sobald sich verstärkte oxidative Belastung einstellt, werden die vier Cystein-Einheiten oxidiert, sodass sich zwei Disulfid-Brücken ausbilden, wobei das Zinkion freigesetzt wird. Infolgedessen kommt es zu einer globalen Umstellung der 3D-Form, die das Binden fehlgefalteter Proteine durch einen freigelegten *Linker* (ein kurzer Aminosäureabschnitt im Protein, der zwei Proteinstrukturen verbindet) ermöglicht. Eine ähnliche Funktionsweise – wegen des gleichen Strukturmotivs bei z. T. deutlich andersartiger Aminosäuresequenz – ist für das *Get3-Protein* aus Hefezellen nachgewiesen worden. Besonders interessant ist dabei, dass die Chaperone auch für das Abklingen der Stresssituation bestens konstruiert sind. Sie entlassen die fehlgefalteten Proteine erst dann, wenn sowohl ATP als auch *Foldasen* (d. h. ATP-abhängige Chaperone) vorliegen, die eine Rückfaltung des geschädigten Proteins ermöglichen (REICHMANN et al. 2018). Die Autoren sprechen von einem „sorgfältig orchestrierten“ Loslösungsvorgang. Es konnte überdies experimentell gezeigt werden, dass sowohl Hsp33 für *E. coli* als auch Get3 für Hefen unverzichtbare Schutzvorrichtungen darstellen, ohne die die Organismen deutlich weniger resistent gegen oxidativen Stress sind.

Die Funktionsweise von Chaperonen ist vom Binden über die Rückfaltung bis hin zur Loslösung eines beschädigten Proteins „sorgfältig orchestriert“.

Ein weiteres Beispiel für Chaperone, die ebenfalls ohne ATP-Verbrauch auskommen, sind *intrinsisch unstrukturierte Chaperone*, die beim Binden fehlgefalteter Proteine eine wohlgeordnete Struktur annehmen und so via Entropietransfer die Ent- und Rückfaltung des anderen Proteins fördern (TOMPA & CSERMELY 2004). Solchen Proteinen wurden früher unter dem Begriff „Holdasen“ lediglich passive Rollen i. S. der Verhinderung von Aggregation zugeschrieben. Es konnte jedoch gezeigt werden, dass sie ebenfalls aktiv an der Rückfaltung beschädigter Proteine beteiligt sind. Ein Beispiel hierfür sind kleine Hitzeschockproteine (*sHsps*), für die ein enges Zusammenspiel mit ATP-abhängigen Foldasen nachgewiesen werden konnte (MOGK & BUKAU 2017). Man könnte hinsichtlich dieser kleinen Proteine auch von co-Katalysatoren der Rückfaltung sprechen, da ihr Fehlen den Rückfaltungsvorgang signifikant verlangsamt (MOGK & BUKAU 2017).

Die entscheidende Rolle in der Faltungskorrektur von Proteinen kommt allerdings den ATP-abhängigen Chaperonen zu. Insgesamt gibt es sechs verschiedene Familien von ATP-abhängigen Chaperonen in Organismen (BINDER & PEDLEY 2023). Zu den bekanntesten Beispielen zählen *Hsp70* („DnaK“ in Bakterien) und *Hsp90*, die offenbar im Zusammenspiel die Reparatur fehlgefalteter Proteine bewältigen. Es handelt sich auch bei diesen Proteinen um relativ große Exemplare (70 bzw. 90 kDa), die in allen Domänen des Lebens – abgesehen von Archaea, in denen es andere Chaperone gibt – verbreitet vorkommen (BINDER & PEDLEY 2023; LEMMENS et al. 2018). Beide Proteine sind ausgesprochen multifunktional und sind ebenfalls zu den ATP-betriebenen „Maschinen“ der Zelle zu zählen. In menschlichen Zellen ist Hsp70 für das Erkennen und Binden fehlgefalteter Proteine, den Rückfaltungsvorgang oder die Unterstützung des Proteinabbaus zuständig. Hsp90 ist ebenfalls an der Rückfaltung deformierter Proteine sowie am Zusammenbau von Multiproteinkomplexen beteiligt.

Lange Zeit wurde geglaubt, dass es unmöglich sei, Protein-Aggregate zu lösen. Erst in den zurückliegenden dreißig Jahren wurden als „Disaggregasen“ bezeichnete Chaperone (Hsp104) erforscht, die sogar diesen Vorgang ermöglichen. Im Zusammenspiel mit anderen Proteinen und unter Verbrauch von ATP lösen diese Proteinkomplexe selbst hartnäckige Protein-Plaques auf (DOYLE & WICKNER 2009). Dass solche anspruchsvollen molekularen Vorrichtungen auch in Mikroorganismen (Bakterien und Hefen) vorliegen, lässt darauf schließen, dass sie für das längere Überleben von Lebewesen unverzichtbar sind.

Entstehung von Protein-Reparatursystemen durch Evolution?

Evolutionäre Hypothesen zur Entstehung von Vorrichtungen gegen oxidativen Stress bzw. zum Schutz vor Protein-Fehlfaltung fokussieren sich vorwiegend auf einzelne Proteine und die Konstruktion theoretischer Stammbäume anhand von Vergleichen der zugrundeliegenden genetischen Information in verschiedenen Organismen (CHEN et al. 2006). Solche Versuche sind allerdings nicht geeignet, die Entstehung *ganzheitlicher* molekularer Systeme der „Qualitätskontrolle“ von Proteinen zu erklären. Nach allem, was bisher bekannt ist, sind alle Organismen auf das Vorhandensein von Radikalfängern (kleine Moleküle, Enzyme), Chaperonen (PolyP, Hsps), Proteasomen (bzw. Proteasen bei Bakterien) und Disaggregasen angewiesen. Ohne die

vorbeugend wirksamen kleinen Moleküle bzw. ROS-abbauenden Enzyme wäre das System schnell überlastet und ohne die Reparaturvorrichtungen könnten entstandene Schäden bzw. Protein-Plaques nicht behoben werden.

Alle Komponenten der Schadensvorbeugung und Qualitätskontrolle des Proteoms müssen von Anfang an in Organismen vorgelegen haben.

Das beschriebene Ausmaß der regelmäßig eintretenden spontanen Fehlfaltungen von Proteinen erfordert eine hochgradig effiziente Schadensvorbeugung und „Qualitätskontrolle“ hinsichtlich des Proteoms *von Anfang an*. In einem Evolutionsszenario hätten die ersten Bakterien ein unvollständiges oder ineffizientes System der Schadensvorbeugung bzw. Qualitätskontrolle und wären damit sicherlich nicht überlebensfähig. Wie wichtig solche Systeme auch in Bakterien sind, zeigt sich beispielsweise daran, dass die für Proteine funktionell wichtigen Eisen-Schwefel-Cluster in *E.-coli*-Bakterien unter aeroben Bedingungen eine Halbwertszeit ($T_{1/2}$) von nur ca. 40 Minuten haben (s. Kasten).

Das Zustandekommen solcher komplexen Reparatursysteme wird nicht einmal ansatzweise durch schrittweise Evolution erklärt. Die ausgeprägte Vernetzung der großen und sehr komplex gebauten Reparaturenzyme und ihr Angewiesensein auf Energie in Form von ATP legen vielmehr einen ganzheitlichen, intelligent geplanten Entwurf nahe – ein klares Schöpfungsindiz.

Literatur

AJMAL MR (2023) Protein Misfolding and Aggregation in Proteinopathies: Causes, Mechanism and Cellular Response. *Diseases* 11, 30.

AKAGAWA M (2020) Protein carbonylation: molecular mechanisms, biological implications, and analytical approaches. *Free Radical Research* 55, 307–320.

AKIYAMA M, CROOKE E & KORNBERG A (1992) The Polyphosphate Kinase Gene of *Escherichia coli*. *J. Biol. Chem.* 267, 22556–22561.

ANDRÉS et al. (2020) Superoxide Anion Chemistry – its role at the core of the innate immunity. *Int. J. Mol. Sci.* 24, 1841.

BINDER MJ & PEDLEY AM (2023) The roles of molecular chaperones in regulating cell metabolism. *FEBS Lett.* 597, 1681–1701.

CHARLTON NC et al. (2023) Structural features of small molecule antioxidants and strategic modifications to improve potential bioactivity. *Molecules* 28, 1057.

CHEN B et al. (2006) Comparative genomics and evolution of the Hsp90 family of genes across all kingdoms of organisms. *BMC Genomics* 7, 156.

COLLINS GA & GOLDBERG AL (2017) The logic of the 26S proteasome. *Cell* 169, 792–806.

DESFOUGÈRES Y, SAIARDI A & AZEVEDO C (2020) Inorganic polyphosphate in mammals: where's Wally? *Biochem. Soc. Trans.* 48, 95–101.

DJAMAN O et al. (2004) Repair of oxidized iron-sulfur clusters in *Escherichia coli*. *J. Biol. Chem.* 279, 44590–44599.

EZRATY B et al. (2017) Oxidative stress, protein damage and repair in bacteria. *Nat. Rev. Microbiol.* 15, 385–396.

DOYLE SM & WICKNER S (2009) Hsp 104 and ClpB: protein disaggregating machines. *Trends Biochem. Sci.* 34, 40–48.

GOLDBERG AL (1972) Degradation of abnormal proteins in *Escherichia coli*. *PNAS USA* 69, 422–426.

GOLDBERG AL (2003) Protein degradation and protection against misfolded or damaged proteins, *Nature* 426, 895–899.

GRAY MJ et al. (2014) Polyphosphate is a primordial chaperone. *Mol. Cell.* 53, 689–699.

GUAN J & JAKOB U (2024) The protein scaffolding functions of polyphosphate. *J. Mol. Biol.* 436, 168504, im Druck.

ILLARDO M et al. (2019) Adaptive properties of the genetically encoded amino acid alphabet are inherited from its subsets. *Sci. Rep.* 9, 12468.

KEHM R. et al. (2021) Protein oxidation – Formation mechanisms, detection and relevance as biomarkers in human diseases. *Redox Biol.* 42, 101901.

KLEBANOFF SJ (2005) Myeloperoxidase: friend and foe. *J. Leukoc. Biol.* 77, 598–625.

KRISKO A & RADMAN M (2019) Protein damage, ageing and age-related diseases. *Open Biol.* 9, 180249.

LEMMENS L et al. (2018) Heat shock response in archaea. *Emerging Topics in Life Sci.* 2, 581–593.

LI Y et al. (2020) Benefiting others and self: Production of vitamins in plants. *J. Integr. Plant Biol.* 63, 210–227.

MOCK A & BUKAU B (2017) Role of sHsps in organizing cytosolic protein aggregation and disaggregation. *Cell Stress and Chaperones* 22, 493–502.

MÖLLER MN & VITTURI DA (2024) Chemical biology of dinitrogen trioxide. *Red. Biochem. Chem.* 8, 100026.

PAL C (2023) Small-molecules against oxidative stress mediated neurodegenerative diseases. *Chem. Biol. Lett.* 10, 626.

PHILO JS & ARAKAWA T (2009) Mechanisms of Protein Aggregation. *Curr. Pharm. Biotechnol.* 10, 348–351.

POWERS ET et al. (2009) Approaches to diseases of proteostasis deficiency 78, 959–991.

RADI R (2018) Oxygen radicals, nitric oxide, and peroxynitrite: redox pathways in molecular medicine. *PNAS USA*, 115, 5839–5848.

REICHMANN D, VOTH W & JAKOB U (2018) Maintaining a Healthy Proteome during Oxidative Stress. *Molecular Cell* 69, 203–213.

SCHMIDTGALL B (2022) Die Sauerstoffkatastrophe 3. Biologische Schutzvorrichtungen gegen oxidativen Stress. *Stud. Integr. J.* 29, 27–35.

SCHMIDTGALL B (2024) Reparaturmechanismen in der Zelle. 1. Nukleinsäuren – ein fragiler Informationsspeicher. *Stud. Integr. J.* 31, 29–38.

SCHRADER EK, HARSTAD KG & MATOUSCHEK A (2009) Targeting proteins for degradation. *Nat. Chem. Biol.* 5, 815–822.

SERAPHIM TV & HOURLY WA (2020) AAA+ proteins. *Curr. Biol.* 30, R237–R262.

STROTMANN L et al. (2023) H₂O₂ selectively damages the binuclear iron-sulfur cluster N1b of respiratory complex I. *Sci. Rep.* 13, 7652.

TAKAHASHI K et al. (2024) The unique allosteric property of crocodilian haemoglobin elucidated by cryo-EM, *Nat. Commun.* 15, 6505.

TOMPA P & CSERMELY P (2004) The role of structural disorder in the function of RNA and protein chaperones. *FASEB J.* 18, 1169–1175.

YOO N et al. (2018) Polyphosphate stabilizes protein unfolding intermediates as soluble amyloid-like oligomers. *J. Mol. Biol.* 430, 4195–4208.

E-Mail-Adresse des Verfassers:
boris.schmidtgall@wort-und-wissen.de

Die Illusion des Alters

Die Rolle sumerisch-akkadischer Übersetzungen in der alttestamentlichen Forschung



Im alten Mesopotamien war das Alter von Texten entscheidend für die Autorität eines Wissensgebiets. Im 1. Jahrtausend v. Chr. versuchten Gelehrte, die Wahrsagekunst durch Übersetzungen ins altherwürdige Sumerische alt aussehen zu lassen, was jedoch nur teilweise gelang. Dies wirft die Frage auf, ob alttestamentliche Texte durch spätere Redaktionen ebenfalls alt aussehen könnten, ohne dass wir es heute bemerken würden.

Luis Sáenz

Einleitung

Die folgenden Zeilen aus dem mesopotamischen diagnostischen Handbuch aus der neubabylonischen Zeit (etwa Mitte des 6. Jh. v. Chr.) beschreiben die aussichtslose Diagnose eines Kranken:

Tukumbe Lu Tura

§ 4

7 tukum-be₂ igi-ni maah a-ab-suḫ-suḫ-a
u₃ šu-be₂ su-ni maḫ-bi ma-tag-tag-ge₂₀
lu₂-tu-ra-bi nu-ti-e

8 šumma ināšu mādiš uballaš u qassu
zumuršu mādiš ulappat marša šū ul iballuṭ

„Wenn seine Augen stark hervortreten und seine Hand seinen Körper häufig berührt, wird dieser Kranke nicht genesen.“

Die Diagnose ist eindeutig. Der Kranke hat keine Hoffnung mehr. Interessanter aber als die Diagnose sind die sprachwissenschaftlichen Aspekte, die Übersetzung und die möglichen Auswirkungen auf die Erforschung des Alten Testaments.

Um diese Aspekte zu verstehen, werden zunächst einige Fachbegriffe und Konventionen der Assyriologie und der Keilschrift eingeführt. Anschließend werden Vorzeichen der mesopotamischen Wahrsagekunst betrachtet – der Schwerpunkt liegt dabei auf den Vorzeichen, bei denen versucht wurde, mit Akkadisch das im 1. Jt. v. Chr. bereits tote Sumerisch nachzuahmen, um dem Text Würde und Alter zu verleihen. Sprachwissenschaftliche Auffälligkeiten verraten aber, dass die Verfasser dieser Texte kei-

Introbild AI-generiertes Bild eines akkadischen Sterndeuters vor dem Sternenhimmel. Akkadische Wahrsager versuchten, ihren akkadischen astronomischen Omina (= Omen) größere Bedeutung zu verleihen, indem sie diese ins ältere Sumerisch übersetzten. (SCHOLL nach Adobe Stock)

Kompakt

Dieser Artikel untersucht die zweisprachigen Vorzeichen (Wahrsage-Literatur) aus dem alten Mesopotamien, die eine Übersetzung vom Akkadischen ins Sumerische darstellen. Ein zentraler Aspekt ist die linguistische Analyse dieser Übersetzungen, um zu verstehen, wie und warum akkadische Texte ins Sumerische übersetzt wurden, obwohl Sumerisch zu dieser Zeit bereits als gesprochene Sprache ausgestorben war. Es wird diskutiert, welche Bedeutung diese Übersetzungen für die Bibelkritik haben. Denn häufig wird behauptet, dass Texte des Alten Testaments erst spät entstanden und damit keine verlässlichen Zeugnisse seien. Die mesopotamische Übersetzungstradition zeigt jedoch, dass sprachliche Auffälligkeiten stets Hinweise auf die tatsächliche Entstehungszeit eines Textes liefern können. Vermeintliche Spätdatierungen biblischer Texte müssten also sprachwissenschaftlich gut begründet werden.



Abb. 1 Die sogenannte Venustafel von Ammišaduqa stammt aus der Bibliothek von Aššurbanipal in Ninive (7. Jahrhundert v. Chr.) und befindet sich heute im Britischen Museum (K 160). Diese Tafel ist Teil der Serie astrologischer Omina (siehe „Serialisierung mesopotamischer Omina“) und enthält Vorhersagen, die sich auf den Planeten Venus beziehen. Die Omina geben Auskünfte über zukünftige Ernten, Wetterverhältnisse, Nahrung usw. Die Venustafel wird ursprünglich mit König Ammišaduqa (ca. 1646–1626 v. Chr.) in Verbindung gebracht, da ein Omen auf sein achttes Regierungsjahr hinweist. (Wikimedia: Fæ, CC BY-SA 3.0)

ne sumerischen Muttersprachler waren. Da künstlich als alt dargestellte Texte entlarvt werden können, muss die Hypothese einer späten Textentstehung also stets durch sprachliche Belege nachgewiesen werden.

Keilschrift

Im Alten Orient wurde eine Schrift durch Eindrücke mit einem Griffel auf noch feuchten Tontafeln entwickelt. Diese Schrift ist heute als Keilschrift bekannt. Sie wurde vermutlich von den Sumerern in der zweiten Hälfte des 4. Jt. v. Chr. im südlichen Mesopotamien (dem heutigen Süd-Irak) erfunden und stellt eines der frühesten Schriftsysteme dar (KREBERNIK 2002, 1). Von einem System aus Bildzeichen (*Piktogrammen*) entwickelte sie sich zu einem gemischten

System aus Schriftzeichen (*Logogrammen*), Silbenzeichen (*Phonogrammen*) und Klassifikatoren, also Zeichen, die ein Bedeutungsfeld für Sachen oder Personen angeben. Dieses Schriftsystem war bis zum 1. Jh. n. Chr. in Gebrauch, wobei die jüngste bekannte Keilschrifttafel auf das Jahr 75 n. Chr. datiert ist (SACHS 1976). Die Keilschrift verbreitete sich im gesamten Alten Vorderen Orient (auch in anderen Sprachen), was dazu führte, dass man Texte in Keilschrift unter anderem in den Gebieten der heutigen Länder Türkei, Ägypten, Irak, Iran und Israel findet.

Eine der Eigenschaften der Keilschrift ist die Mehrdeutigkeit. Das heißt, dass ein Zeichen mehrere Lautwerte haben kann. Die korrekte Wahl hängt vom Kontext ab. Das Zeichen A (𐎠) zum Beispiel kann als Lautwert „a, ea, duru₅, ebir₃“ usw. haben – insgesamt hat es bis zu 24 Lautwerte (siehe *electronic Babylonian Library*, sign A).

Es kann auch mehrere Zeichen für denselben Lautwert geben. Um sie zu unterscheiden, werden tiefgestellte Ziffern verwendet:

Zeichen	Zeichenname	Lautwert
𐎠	A	a
𐎠 ₂	A ₂	a ₂
𐎠 ₃	PI	a ₃
𐎠*	AM ₃	a ₄
𐎠 ₅	AK	a ₅
<	U	a ₆
𐎠 ₇	HA	a ₇

Umschrift

In der eingangs zitierten Passage handelt es sich um eine Umschrift in lateinischer Schrift aus dem keilschriftlichen Text. Die Zeile 7 ist auf Sumerisch und Zeile 8 auf Akkadisch geschrieben. Um sie formell zu unterscheiden, ist es in der Assyriologie üblich, für das Sumerische eine normale Schriftvariante oder eine serifenlose Schrift zu verwenden, während für das Akkadische eine Kursivschrift genutzt wird. Logogramme werden mit Kapitälchen bzw. Großbuchstaben geschrieben und Klassifikatoren hochgestellt (siehe das Beispiel im Abschnitt Mesopotamische Omina). Im Originaltext in Keilschrift ist die Einrückung der akkadischen Zeile das einzige Merkmal, welches das Sumerische vom Akkadischen unterscheidet.

Sumerische Sprache

Das alte Mesopotamien war zwar ein Ort der Mehrsprachigkeit, allerdings waren dort zwei Sprachen besonders dominant: Sumerisch im Süden und Akkadisch im Norden. Sumerisch ist eine isolierte Sprache, was bedeutet, dass sie mit keiner anderen bekannten Sprache verwandt ist. Es gilt als wahrscheinlich, dass die Sprache der ersten Texte aus der zweiten Hälfte des 4. Jt. v. Chr. bis zum 3. Jt. v. Chr. Sumerisch ist, allerdings lassen sich hinter den Logogrammen nicht eindeutig sumerische Wörter identifizieren. Mit Sicherheit ist Sumerisch in Texten ab dem 28. Jahrhundert v. Chr. nachweisbar (SALLABERGER 2004, 108f) und bis zum Ende der Keilschriftkultur um die Zeitenwende belegt. Allerdings hörte das Sumerische etwa in der zweiten Hälfte des 2. Jt. v. Chr. allmählich auf, eine gesprochene Sprache zu sein, wurde durch das Akkadische ersetzt und entwickelte sich zu einer liturgischen bzw. Gelehrten-Sprache (MAUL 1997, 253).

Was die Sprachtypologie betrifft, ist das Sumerische eine *agglutinierende* Sprache. Das bedeutet, dass grammatikalische Funktionen – wie Person, Zeit, Kasus usw. – durch das Anfügen von Vor- und Nachsilben (Präfixen und Suffixen) ausgedrückt werden, ähnlich wie im Türkischen, Finnischen oder Quechua (Südamerika).

Akkadische Sprache

Die zweite Sprache von Interesse ist das Akkadische, eine semitische Sprache, die ihren Ursprung im nördlichen Mesopotamien hat. Als Mitglied der semitischen Sprachfamilie ist sie mit Arabisch, Aramäisch und Hebräisch verwandt und beinhaltet die beiden Dialekte Assyrisch und Babylonisch. Im Gegensatz zum Sumerischen ist das Akkadische, was die Sprachtypologie betrifft, eine *flektierende* Sprache¹, ähnlich dem Deutschen und anderen indoeuropäischen Sprachen. In semitischen Sprachen betrifft die Flexion jedoch vor allem das Verb. Akkadisch ist erstmals um das 26. Jahrhundert v. Chr. belegt (STRECK 2021, 66), etwa zu der Zeit, als das Sumerische aufhörte, eine lebendige Sprache zu sein. Es blieb bis zum Ende der Keilschriftkultur in Gebrauch, wobei die jüngste bekannte Keilschrifttafel (datiert auf das Jahr 75 n. Chr.) auf Akkadisch verfasst wurde. Obwohl es noch umstritten ist, wird allgemein angenommen, dass das Akkadische bis Mitte des 5. Jahrhunderts v. Chr. allmählich durch das Aramäische als gesprochene Sprache ersetzt wurde,

während es als Schrift- und Gelehrtensprache fortbestand (HACKL 2021, 1461). Während dieser Zeit wurde die Keilschrift auch schrittweise durch die aramäische Schrift ersetzt.

Sumerisch-Akkadische Sprachkontakte

Die sehr unterschiedlichen Sprachen Sumerisch und Akkadisch standen jedoch im regen Kontakt – seit den Anfängen der schriftlichen Überlieferung und sicherlich auch davor. Bereits in den ersten sumerischen Texten, den Verwaltungstexten, kann man akkadische Namen finden (KREBERNIK 2002, 1f, Anm. 1). Zur Zeit des Königs Sargon von Akkad (2356–2300 v. Chr. nach der mittleren Chronologie) tauchen die ersten Texte in akkadischer Sprache in Keilschrift auf (STRECK 2021, 66). In dieser Zeit begann jedoch ein langsamer Sterbeprozess des Sumerischen, der zur Folge hatte, dass die Sprache um 1800 v. Chr. zur Zeit der altbabylonischen Periode bereits als tot galt, obwohl sie insbesondere von akkadischen Gelehrten noch benutzt wurde.

Übersetzungen im Alten Mesopotamien

Als das Sumerische langsam zu verschwinden begann, tauchten die ersten zweisprachigen Texte auf (GEORGE 2009, 110f). Diese Übersetzungen sind Ergebnisse von Schulausbildung bzw. wissenschaftlichen Aktivitäten. Bereits in dieser Zeit finden wir das Konzept einer vollständigen Übersetzbarkeit zwischen Sumerisch und Akkadisch. Außerdem gibt es sumerische Texte, die versuchen, die akkadische Grammatik zu imitieren (GEORGE 2009, 107). Andrew GEORGE (2009, 111) legt daher nahe, dass die übersetzerischen Aktivitäten in dieser Periode den Eindruck erwecken, babylonische Gelehrte würden glauben, es gebe keinen sumerischen Text ohne eine akkadische Version. Das hatte zur Folge, dass ein Großteil der literarischen Werke sowohl in einer sumerischen als auch in einer akkadischen oder in einer zweisprachigen Version vorlag. Eine auffällige Ausnahme bildet jedoch die Wahrsagekunstliteratur, deren schriftliche Zeugnisse nur im Akkadischen überliefert sind.

Abgesehen von Wahrsageliteratur lag ein Großteil der literarischen Werke sowohl in Sumerisch als auch in Akkadisch vor.

¹ D. i. eine Sprache mit Wortstammänderungen.

Wahrsagekunst im Alten Mesopotamien

Über die Ursprünge der mesopotamischen Wahrsagekunst (*Divination*) lässt sich nur spekulieren. Generell liegt ihr jedoch die Idee zugrunde, dass alle Wesen und das gesamte Geschehen in der Welt dem göttlichen Willen unterworfen sind. Die mesopotamische Wahrsagekunst kann also als die Praxis der Erkennung des göttlichen Willens und der Vorhersage zukünftiger Ereignisse, die mit dieser Erkennung verbunden sind, verstanden werden (MAUL 2006).

Daher entwickelten mesopotamische Gelehrte verschiedene und zahlreiche Techniken zur Divination und produzierten gleichzeitig eine reiche schriftliche Tradition in diesem Bereich (MAUL 1997, 265). Die schriftliche Überlieferung der mesopotamischen Wahrsagekunst reicht bis zu zweitausend Jahre v. Chr. zurück, stammt aus der altbabylonischen Zeit und ist *ausschließlich* auf Akkadisch verfasst. Ein Großteil der erhaltenen Texte stammt jedoch aus dem 1. Jt. v. Chr. (KOCH 2015, 59).

Vor der akkadischen Verschriftlichung der Divination ist jedoch anzunehmen, dass eine mündliche Überlieferung existierte. Es gibt Hinweise darauf, dass die Divination auch in sumerischer Sprache praktiziert wurde, allerdings sind keine Divinationstexte in Sumerisch bekannt. Ob andere Sprachen für die Wahrsagekunst ebenfalls eine Rolle spielten, lässt sich nicht belegen.

Mesopotamische Omina

Die mesopotamische Wahrsagekunst besteht aus Vorzeichen, also *Omina* (Einzahl: *Omen*). Aus sprachwissenschaftlicher Sicht ist ein Omen die



Abb. 2 Der Konsul Publius Decius Mus (3. / 4. Jh. v. Chr.) befragt die Haruspizien, die in der Leber eines Stiers nach der Antwort der Götter suchen. So stellte sich der niederländische Künstler Peter Paul RUBENS in seinem Werk „Das Deuten der Omen“ (1616/1617 n. Chr.) das Wahrsagen in der Antike vor. Obwohl Wahrsagen im Juden- und Christentum aufgrund des biblischen Gebots verboten ist (z. B. 3. Mose 19,31), ist es in historischer Zeit in quasi allen Gesellschaften praktiziert worden. (Public Domain)

kleinste bedeutungstragende Einheit im Divinationsverfahren. Es handelt sich um einen Bedingungssatz, der ein als günstig oder ungünstig interpretiertes Naturzeichen und dessen mögliche Folgen in der Zukunft oder Gegenwart beschreibt. Das Omen folgt immer einem bestimmten Muster:

»Wenn X, (dann) Y.«

Dieses Muster besteht aus drei Elementen:

- 1) Die Einführungsartikel *wenn*,
- 2) X: eine *Protase* (Vordersatz) und
- 3) Y: eine *Apodose* (Hintersatz).

Die Protase stellt die Bedingung dar, also die Voraussetzung eines Falles, während die Apodose die Folge bzw. die Interpretation der Voraussetzung ist. Als Beispiel ein astrologisches Omen, das auf Akkadisch verfasst wurde (für Details: siehe Online-Material A1):

BPO 2 XVII (REINER 1981, 76f)
 8 DIŠ^{mul}UGA^{mušen} MUL.BI ma-diš SA₅
 BURU₁₄ ŠE.ĜEŠ.I₃ SI.SA₂

„Wenn [Einführungsartikel] die Vordersterne vom (Sternbild) „Rabe“ sehr rot sind [Protase], wird die Ernte von Sesam in Ordnung sein [Apodose].“

Eine solche Struktur ist nicht exklusiv für die Ominalliteratur, sondern findet sich auch in der Rechtsliteratur, wie im *Codex Hammurapi* (18. Jh. v. Chr.). Dies ist wahrscheinlich auf den Bedarf an Gesetzmäßigkeit im Genre der Omina zurückzuführen, für den diese Struktur besonders geeignet ist (MAUL 2003, 46).

Serialisierung mesopotamischer Omina

Omina wurden von den mesopotamischen Gelehrten systematisch in Serien geordnet und nach Kategorien sortiert (zur Serialisierung siehe MAUL 2003 und KOCH 2015). Für den vorliegenden Artikel relevant sind (siehe Online-Material A2):

1. Die Serie der *astrologischen Omina* beschäftigt sich mit Sternen, Planeten, Mond, Sonne sowie Wind- und Wetterphänomenen. Sie liefern Prognosen, die sich hauptsächlich auf das Gemeinwesen, den König, die Kriegsführung und die Ernteaussichten beziehen. Ihre Verwendung ist in der altbabylonischen Zeit nur spärlich belegt; im 1. Jt. v. Chr. wurden sie standardisiert und zu einer Serie zusammengefasst.

2. Die *terrestrischen Omina* beziehen sich auf die menschliche Umwelt und alltägliche Phänomene – wie das Verhalten von Tieren und Menschen, auffällige Erscheinungen im und am Haus sowie außergewöhnliche Merkmale in

der Pflanzenwelt. Die Mehrheit dieser Omina behandelt private Angelegenheiten und bezieht sich oft auf die Person, die das auffällige Phänomen beobachtet, sowie auf ihre unmittelbare Umgebung. Die ersten schriftlichen Zeugnisse dieser Omina stammen aus der altbabylonischen Zeit; Mitte des 7. Jahrhunderts v. Chr. wurde dann eine standardisierte Version erstellt.

3. *Diagnostische Omina* konzentrieren sich auf die Symptome eines Kranken und auffällige Erscheinungen, die auf dem Weg zum Kranken auftreten. Sie sollen der Diagnose von Krankheiten, der Prognose des Krankheitsverlaufs und der Identifizierung der Krankheitsursachen dienen. Die ersten schriftlichen Zeugnisse dieser Omina stammen aus der altbabylonischen Zeit. Ende des 2. Jt. v. Chr. ordnete sie dann der Gelehrte Esagil-kīn-apli im Auftrag des babylonischen Königs Adad-apla-iddina.

Wahrsagekunst auf Sumerisch

Wie bereits erwähnt, ist die mesopotamische Divinationsliteratur ausschließlich in Akkadisch überliefert. Studien haben nämlich gezeigt, dass – obwohl Begriffe und insbesondere Berufsbezeichnungen in Sumerisch belegt sind (FALKENSTEIN 1966; RICHARDSON 2006; RÖMER 1986) – keine divinatorischen Texte auf Sumerisch existieren.

Erst im 1. Jt. n. Chr. tauchten die ersten sumerischen Omina mit einer akkadischen Übersetzung auf – also über 1000 Jahre, nachdem die ersten Omina auf Akkadisch niedergeschrieben worden waren. Diese Omina waren bereits im Jahr 1976 bekannt (HUNGER 1976, 90). Da die mesopotamische Wahrsagungsliteratur jedoch ausschließlich auf Akkadisch überliefert ist, wurde das Thema der sumerischen bzw. sumerisch-akkadischen Omina bisher nur am Rande in Fußnoten und kleinen Kommentaren erwähnt.

Diese Omina bilden das Thema meiner Dissertation (SAENZ, in Vorbereitung). Das Ziel der Arbeit ist es, eine erste vollständige Edition aller bisher bekannten sumerischen bzw. sumerisch-akkadischen Omina zu erstellen, um sie innerhalb der mesopotamischen Divination zu verorten und ihre Beziehung zu anderen Texten zu untersuchen. Zu diesem Zweck habe ich eine philologische Edition erarbeitet. Dabei stellte sich heraus, dass sich diese Omina in vier Gruppen unterteilen lassen, die sich gleichzeitig in den oben beschriebenen Serien verorten lassen (mehr dazu im Online-Material A3):

1. *Das zweisprachige Omenkompendium*: Es handelt sich um einen Text mit 18 sumerisch-akkadischen astrologischen Omina über Sternbilder.

2. *Tukumbe Gugal*: Dieser Text mit zehn Omina handelt vom Kaufverhalten des Königs, das



Abb. 3 Oberes Ende der Stele des Codex Hammurapi (links: König Hammurapi, rechts: der Gott Šamaš). Die Keilschriftzeichen unten haben eine Form und Schreibrichtung, die zur Zeit Hammurapis (1792–1750 v. Chr.) archaisch waren. Hammurapi versuchte so, sich in eine alte Tradition einzufügen. (Wikimedia: Mbzt, CC BY 3.0)

entweder als positiv oder negativ betrachtet wird.

3. *Tukumbe Lu Ušase Iĝen*: Die Anzahl der Omina dieses Textes über das Verhalten eines Mannes beim Schlafen ist unklar.

4. *Tukumbe Lu Tura*: Auch hier ist die Anzahl der Omina dieses Textes über diagnostische Omina, die einen tödlichen Ausgang vorhersagen, nicht bekannt.

Sumerische Übersetzungen von Omina

Wie bereits erwähnt, sind die sumerischen Übersetzungen der Omina die Ergebnisse von Schulausbildung und wissenschaftlichen Aktivitäten. Zur Zeit der Entstehung dieser Omina war das Sumerische jedoch bereits seit über 1000 Jahren ausgestorben. Daher hinterließen die langen Zeiträume ihre Spuren in den produzierten sumerischen Texten. Schauen wir uns einige Fälle an:

Sumerische Syntax

In allen sumerischen Omina ist zu beobachten, dass sich die Syntax vollständig der akkadischen angeglichen hat. Dies lässt sich am in der Einleitung erwähnten Omen namens *Tukumbe Lu Tura* deutlich erkennen – dabei ist die Satzstellung in der Übersetzung auffällig: Die obere Zeile ist die Übersetzung ins Sumerische und die untere entstammt der Akkadischen Sprache:

tukum-be ₂	igi-ni	maḥ a-ab-suḥ-suḥ-a	u ₃	šu-be ₂	su-ni	maḥ-bi
šumma	ināšu	mādiš uballaš		u	qassu zumuršu	mādiš
ma-tag-tag-ge ₂₀	lu ₂ -tu-ra-bi	nu-ti-e				
ulappat	marša šū	ul iballuṭ				

In diesem und allen anderen Omina ist erkennbar, dass die Wörter im Sumerischen und Akkadischen dieselbe syntaktische Position im Satz einnehmen. Das bedeutet, dass ein sumerisches Substantiv durch ein akkadisches Substantiv ersetzt wird, ein sumerisches Verb durch ein akkadisches Verb, ein sumerisches Adverb durch ein akkadisches Adverb und so weiter, wobei die Position im Satz immer gleich bleibt. Die akkadische Satzstruktur ist dabei maßgebend. Dies verdeutlicht, wie künstlich die sumerische Syntax in diesen Omina gestaltet ist.

Sumerische Verben

In den sumerischen Omina sind die Verben schwierig zu erklären. In einem sumerischen Omen aus dem zweisprachigen Omenkompendium finden wir den folgenden Fall:

§2 UD ^{mul}uga^{mušen} mul-be₂ lul-aš al-gun₃-gun₃ buru₁₄ še-ĝeš-i₃ si-sa₂
^{mul}eribu^{mušen} kakkabišu₂ mādiš sāmu ebur ŠE.ĜEŠ.I₃ iššir

„Wenn die Sterne des (Sternbilds) „Raben“ sehr rot sind, wird die Samenrente in Ordnung sein.“

Die Verbform si-sa₂ am Ende des Omens wird mit dem akkadischen *iššir* übersetzt, was so viel wie „es wird in Ordnung sein“ bedeutet. Während das Akkadische klar interpretierbar ist, fehlen der sumerischen Verbform si-sa₂ jegliche Hinweise auf Person, Anzahl, Zeit, Modus usw. Sie stellt praktisch nur eine reine Verbalwurzel dar.

Im Korpus der Verhaltensomina über den König (*Tukumbe Gugal*) finden wir den folgenden interessanten Fall:

§ 3 tukum-be₂ gu₂-gal an-bar sa₁₀-sa₁₀-da lugal ma-da-be₂ nig₂-gig
 dingir-uru^{ki}-na-ni u₄-šu₂-uš-e mu-un-gu₇-gu₇
 šumma LUGAL parzillu₄ išām LUGAL KUR šāšu ikkib DINGIR URU-šu
 umišamma ikkal

„Wenn ein König Eisen kauft, wird dieser König des Landes das Verbotene seines Stadtgottes täglich essen.“

Das sumerische Verb sa₁₀-sa₁₀-da wird mit dem akkadischen *išām* übersetzt, was „er (der König) kauft“ bedeutet. Problematisch ist jedoch, dass die sumerische Verbform eigentlich ein Partizip ist, während in der akkadischen Version eine finite Verbform verwendet wird. Nach den Regeln der sumerischen Grammatik wäre hier eine finite Verbform zu erwarten.

Auch in dem in der Einleitung erwähnten Omen (*Tukumbe Lu Tura*) ist eine Verbform schwer zu erklären (s. Online-Material A4).

Neuschöpfung

Es gibt Fälle, in denen neue Wörter erschaffen wurden. Bei einer bisher unerwähnten Tafel (SA-

ENZ, in Vorbereitung) handelt es sich um einen Kommentar, in dem versucht wird, astrologische Omina mit sumerischen Entsprechungen zu versehen. Dort finden wir folgende Entsprechung:

K 2286 Vs. 8'-9'
 8' DIŠ miš₂-ĥu₃ lu₂ ^{mul}r ag₂-a[n-na ...]
 9' mišĥu ša₂ ^dšalbata[nu ...]

Dieses Omen ist nicht vollständig erhalten. Dennoch kann man erkennen, dass das Wort miš₂-ĥu₃ mit *mišĥu* gleichgesetzt wird, was auf eine Art himmlische Lichterscheinung wie einen Meteor² oder eine Lichtspiegelung (REINER & PINGREE 1981, 19) hindeutet. Auffällig ist jedoch, dass *mišĥu* nur im Akkadischen bekannt ist und keine sumerische Entsprechung hat. Das bedeutet, dass miš₂-ĥu₃ für diesen Text erfunden wurde. Auffällig ist auch, dass es phonetisch dem Akkadischen sehr nahesteht und eigentlich mit den Zeichen MEŠ und U geschrieben wird. Der Lautwert miš₂ von MEŠ ist nicht weiter problematisch, aber der Lautwert ĥu₃ von U ist sehr selten und anscheinend nur im 1. Jt. belegt (siehe Abschnitt Keilschrift). Die Gelehrten versuchten also, eine Art sumerische Wortherkunft zu erschaffen, indem sie das akkadische Wort durch eine ungewöhnliche Schreibung sumerisch aussehen ließen. Ein weiteres Beispiel findet sich im Online-Material A5.

Diese einzelnen Beispiele zeigen eindeutig, dass diese Übersetzungen zwar das Resultat akademischer Bemühungen sind, aber dennoch nicht immer erfolgreich waren.

Die „Rückübersetzungen“ von akkadischen Omina ins Sumerische erzeugten kein nach unseren Verstandnis korrektes Sumerisch.

Warum wird übersetzt?

Alle diese Omina-Texte stammen aus dem 1. Jt. v. Chr. Diese Zeugnisse deuten auf einen akademischen Trend in dieser Zeit hin. Daher ist es von besonderem Interesse, warum die Gelehrten sich damals dem Unterfangen widmeten, akkadische Omina ins Sumerische zu übertragen.

Sumerisches Prestige

Andrew GEORGE (2009, 107) hat auf die Frage nach dem Zweck der Übersetzungen ins Sumerische geantwortet, dass eine sumerische Version eines akkadischen Textes das Prestige erhöht, welches der alten Sprache, in diesem Fall dem Sumerischen, zugeschrieben wird. Dabei galt

² VON SODEN 623, unter dem Wort *mašāĥu*; OPPENHEIM & RAINER et al. M/1, 354, unter dem Wort *mašāĥu*.

das Sumerische als Sprache der Liturgie und des Kultes – dem Göttlichen näher als das Akkadische. Schon in der altbabylonischen Zeit galt Sumerisch als Sprache der Gelehrsamkeit. Aus dieser Epoche stammen die ersten Belege für zweisprachige Texte. Wenn man akkadische Omina mit einer sumerischen Version versieht, erhalten sie das Prestige des Sumerischen. Sie werden in eine althergebrachte Tradition eingebettet und somit wird ihre Natur als göttliche Offenbarung verstärkt. Das impliziert auch, dass diese Divinationsverfahren (astrologische, terrestrische und medizinische Omina) als genauso würdig oder sogar würdiger als alle anderen Divinationsverfahren angesehen werden sollen, wie beispielsweise die *Hepatoskopie* (Leberschau), für die es anscheinend keine sumerische Vorlage gibt. Bei der vermeintlichen „Rückübersetzung“ von akkadischen Omina ins Sumerische handelt es sich also um eine nachträgliche Autoritätszuschreibung (siehe Online-Material A6).

Vollumfängliche Übersetzbarkeit

Mesopotamische Gelehrte strebten, beginnend mit der altbabylonischen Zeit – zu einem Zeitpunkt, als das Sumerische bereits als gesprochene Sprache ausgestorben war – nach einer vollständigen sprachlichen Entsprechung zwischen dem Sumerischen und Akkadischen. Die sumerisch-akkadische Symbiose wurde derart intensiviert, dass beide Sprachen als vollständig in die jeweils andere übersetzbar betrachtet wurden. Im 1. Jt. v. Chr. wurden sie daher als zwei Manifestationen einer einzigen Sprache gesehen, vergleichbar mit den zwei Seiten einer Münze. Die Botschaften der Götter manifestieren dieselbe Sprache, nur in zwei unterschiedlichen Codierungen – trotz manch künstlich wirkender Verbalformen.

Im 1. Jahrtausend v. Chr. wurden Sumerisch und Akkadisch als zwei Manifestationen einer einzigen Sprache gesehen.

Kampf um die Vorherrschaft?

Stefan MAUL (2013) veranschaulicht im Kapitel „Der Aufstieg der Babylonischen Sternkunde“ aus seinem Werk „Die Wahrsagekunst im Alten Orient“ überzeugend, dass die astrologische Divination aufgrund der himmlischen Zeichen, die bei klarem Himmel stets und überall sichtbar sind, zu einem führenden Mittel der Vorhersage wurde. Im 1. Jt. v. Chr., in der Zeit, in der die zweisprachigen Omina entstanden sind, dominierte die Hepatoskopie (Leberschau) als wichtigeres Divinationsverfahren. Doch in die-

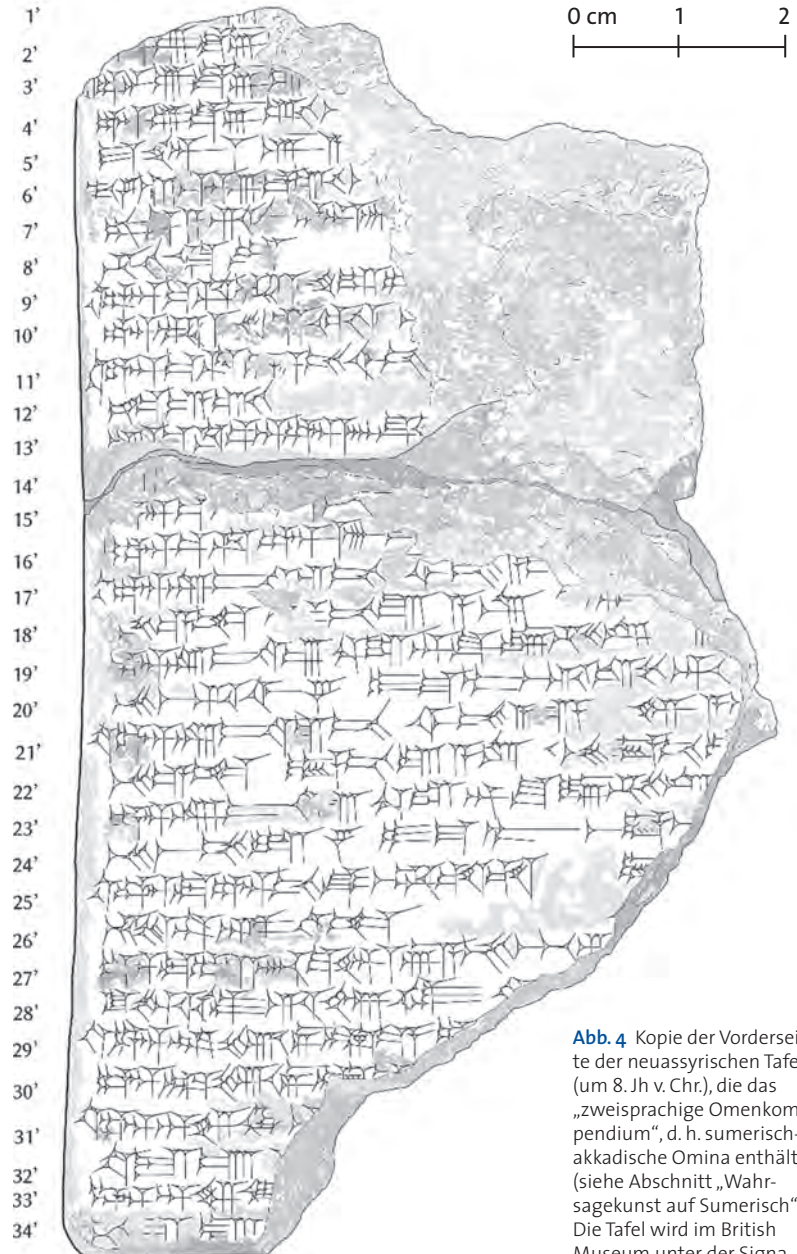


Abb. 4 Kopie der Vorderseite der neuassyrischen Tafel (um 8. Jh v. Chr.), die das „zweisprachige Omenkompendium“, d. h. sumerisch-akkadische Omina enthält (siehe Abschnitt „Wahrsagekunst auf Sumerisch“). Die Tafel wird im British Museum unter der Signaturnummer K 2241 aufbewahrt. Ein Foto von der Tafel ist abrufbar auf: https://www.britishmuseum.org/collection/object/W_K-2241. (Kopie Luis SAENZ)

ser Epoche gewinnt die Astrologie als ergänzende Methode zur Hepatoskopie allmählich an Bedeutung und etabliert sich schließlich als das vorrangige Divinationsverfahren.

Die astrologischen zweisprachigen Omina als Verankerung in einer hypothetischen älteren sumerischen Tradition könnten somit zu einem der Schauplätze geworden sein, auf denen der Kampf um die Vorherrschaft der Divinationsverfahren ausgetragen wurde, um zu entscheiden, wer Macht und Einfluss am Königshof besitzt.

Abb. 5 Tonlebern aus dem 19. bis 18. Jh. v. Chr. aus Mari (Syrien) zum Zweck der Hieroskopie. (nach Wikimedia: Jastrow (2005), Gemeinfrei)



Fazit

Wie gezeigt wurde, sind die Verbalformen in den vom Akkadischen ins Sumerische übersetzten Omina äußerst problematisch und lassen sich nur mit großer Mühe erklären. Substantive und Adverbien werden eigens erfunden, und die Syntax des Sumerischen wird dem Akkadischen nachgebildet. Diese Beispiele zeigen, dass die genaue Kenntnis von Grammatik und Formlehre hierbei nicht im Vordergrund stand. Stattdessen ging es darum, einen Text als sumerisch und damit als alt erscheinen zu lassen. Diese Erscheinungen lassen sich übrigens nicht nur in diesen Omina beobachten, sondern auch in der gesamten zweisprachigen Literatur Mesopotamiens.

Gleichzeitig zeigt sich, dass es eine große Herausforderung darstellt, einen Text zu produzieren, der alt erscheinen soll. Die zweisprachigen Omina verdeutlichen, dass die Kenntnisse einer Sprache, die nicht mehr gesprochen wird, mit der Zeit nachlassen können und dass die Tendenz besteht, dass sich die tote Sprache der gesprochenen Sprache anpasst. Man kann also nicht einfach so das Alter eines Textes verfälschen – auch nicht im Altertum.

Es ist kaum möglich, einen Text so zu produzieren, dass er deutlich älter erscheinen soll, als er ist – auch im Altertum war das schwierig.

Diese Erkenntnis ist von besonderer Bedeutung für die biblischen Texte und die Bibelkritik, insbesondere im Hinblick auf die sowohl in säkularen als auch in theologischen Kreisen weit verbreitete Meinung, dass mehrere Bücher des Alten Testaments erst später in der Zeit um das babylonische Exil (7. bis 6. Jh. v. Chr.) oder gar erst in hellenistischer Zeit (ab 323 v. Chr.) entstanden seien (diese Thematik diskutiert z. B. KITCHEN 1965). Die zweisprachigen Omina zeigen nun aber beispielhaft, dass es ein sehr schwieriges Unterfangen ist, einen Text authentisch alt wirken zu lassen. Grammatik, Satzstellung und grammatikalische Kategorien sowie Verbformen müssen korrekt sein. Der Nachweis, dass ein Text als solches nicht authentisch alt ist, sollte daher sprachwissenschaftlich konkret demonstriert werden. Dies verlangt den Vertretern der Spätdatierung biblischer Bücher ab, ihre Thesen auch sprachwissenschaftlich gründlich zu untermauern. Allerdings ist dabei zu beachten, dass spätere Revisionsprozesse bzw. sprachliche Aktualisierungen einen tatsächlich alten Text punktuell jünger erscheinen lassen können – was dieses Thema so überaus komplex macht und somit zu weiteren, vertiefenden Studien einlädt.

Weitere Infos im Online-Material unter www.sijournal.de/jg31/heft2/illusion-alter.pdf.

Literatur

- electronic Babylonian Library*: Fragmentarium: eBL, <https://www.ebl.lmu.de/fragmentarium> (Zugriff am 14/06/2024).
- FALKENSTEIN A (1966) «Wahrsagung» in der sumerischen Überlieferung. *La Divination En Mésopotamie Ancienne et Dans Les Régions Voisines*, 45–68.
- GEORGE, A. R. (2009). *Babylonian Literary Texts in the Schoyen Collection*. Vol. 10. CDL.
- HACKL J (2021) The Death of Akkadian as a Written and Spoken Language. In: *History of the Akkadian Language*. Vol. 2. Brill, pp. 1459–1477.
- HUNGER H (1976) Spätbabylonische Texte aus Uruk. Teil I. Vol. 9. Gebr. Mann Verlag.
- KITCHEN KA (1965) The Aramaic of Daniel. In: WISEMAN DJ et al. (eds.) *Notes on Some Problems in the Book of Daniel*. Tyndale, pp. 31–79.
- KOCH US (2015) Mesopotamian divination texts: Conversing with the gods; sources from the first millennium BCE. Ugarit-Verl.
- KREBERNIK, M (2002). Zur Struktur und Geschichte des älteren sumerischen Onomastikons. In: STRECK MP (ed.) *Altorientalische und semitische Onomastik*. Ugarit-Verl., pp. 1–74.
- MAUL SM (1997) Küchensumerisch oder hohe Kunst der Exegese? Überlegungen zur Bewertung akkadischer Interlinearübersetzungen von Emesal-Texten. In: PONGRATZ-LEISTEN B, KÜHNE H & XELLA P (eds.) *Ana šadī Labnāni lū allik*. Neukirchener Verlag, S. 253–267, <http://archiv.ub.uni-heidelberg.de/propylaeumdok/volltexte/2011/1061>.
- MAUL SM (2003) Omina und Orakel. A. Mesopotamien. *Reallexikon der Assyriologie* 10, 45–48.
- MAUL SM (2006) Divination: I. Mesopotamien. In: *Der Neue Pauly*. Brill, <https://referenceworks.brill.com/display/entries/NPOG/e321630.xml#d30521412e252>.
- MAUL SM (2013) Die Wahrsagekunst im Alten Orient. Zeichen des Himmels und der Erde. Beck.
- OPPENHEIM AL, REINER E et al. (eds.) (1956ff): *The Assyrian Dictionary of the University of Chicago*. Chicago.
- REINER E & PINGREE D (1981) *Babylonian Planetary Omens: Part Two. Enūma Anu Enlil, Tablets 50–51*. Ugarit-Verl.
- RICHARDSON SFC (2006) On Seeing and Believing: Liver Divination and the Era of Warring States (II). In: GUINAN AK et al. (eds.) *If a Man Builds a Joyful House: Assyriological Studies in Honor of Erle Verdun Leichty*. Brill, pp. 225–266.
- RÖMER WHP (1986) Zukunftsdeutungen in sumerischen Texten. In: O. KAISER (Ed.), *Religiöse Texte. Deutungen der Zukunft in Briefen, Orakeln und Omina*: Vol. II/1. Gütersloher Verlagshaus Mohn, S. 17–55.
- SACHS AJ (1976) The latest datable cuneiform tablets. In: EICHLER BL (ed.) *Kramer Anniversary Volume. Cuneiform studies in honor of Samuel Noah Kramer*. Vol. 25. Neukirchener Verlag, pp. 379–398.
- SAENZ SANTOS LD (in Vorbereitung) *Sumerische und sumerisch-akkadische Omina aus dem 1. Jt. v. Chr.* Dissertation. Universität Heidelberg.
- SALLABERGER W (2004) Das Ende des Sumerischen: Tod und Nachleben einer altmesopotamischen Sprache. In: SCHRIJVER P & MUMM PA (eds.) *Sprachtod und Sprachgeburt*. Band 2. Hempen Verlag, S. 108–140.
- STRECK MP (2021) Akkadian and Cuneiform. In: *History of the Akkadian Language*. Vol. 1. Brill, pp. 6–74.
- VON SODEN W (1965/1972/1981/1985) *Akkadisches Handwörterbuch*, 1–3. 2., um Hinweise auf die Nachträge vermehrte Aufl. Unter Mitarbeit von Werner Mayer. Wiesbaden: AnOr 33 (Roma).

E-Mail-Adresse des Verfassers: luissaenzs@gmail.com

Kurzbeiträge



Ameisen-Chirurgen

Ameisen retten Artgenossen das Leben mit Antibiotika und Amputation

Es ist schon lange bekannt, dass Ameisen viele erstaunliche Verhaltensweisen besitzen. Besonders bemerkenswert ist aber die Fürsorge für verletzte Tiere. Nun hat eine Forschergruppe nachgewiesen, dass manche Ameisen verletzte Artgenossen sogar durch Behandlung mit Antibiotika bzw. durch Amputation von Beinen vor dem Tod durch Infektionen retten. Ein solches Verhalten war bisher nur beim Menschen bekannt.

Reinhard Junker

In den letzten Jahren wurden immer wieder überraschende Fähigkeiten von Ameisen entdeckt, die ein großes Ausmaß an Einsicht, Verständnis und strategischem Handeln erfordern. Beispielsweise züchten Ameisen der Art *Pholidris nagasau* epiphytische Pflanzen (diese leben auf anderen Pflanzen), indem sie Samen des Epiphyten *Squamellaria* in Risse und Spalten von Baumrinden platzieren und die heranwachsenden Pflänzchen mit ihren Ausscheidungen düngen (CHOMICKI & RENNER 2016; BRAUN 2017a). Die kampfeslustigen Ameisen der afrikanischen Art *Megaponera analis* (Abb. 1) versorgen ihre bei Raubzügen durch Termiten verletzten Artgenossen: Große Ameisen transportieren sie zurück zum Nest (Abb. 2), wo sie sich regenerieren können. Im Nest lecken Ameisen die Wunden bis zu 180 Minuten lang intensiv ab, was die Überlebensrate stark erhöht (FRANK et al. 2017; 2018; BRAUN 2017b; 2018). Rund einem Fünftel der Ameisensoldaten fehlen nach solchen Verletzungen ein oder zwei Beine; den-

noch können die Tiere nach entsprechender Versorgung wieder einsatzfähig gemacht werden. Ohne Versorgung würde ein Großteil der verletzten Ameisen sterben. Doch wie genau die Versorgung funktioniert, war bislang unklar.

Introbild Florida-Holzameise *Camponotus floridanus*. (© Bart Zijlstra, Universität Würzburg, mit freundlicher Genehmigung)

Abb. 1 *Megaponera*-Arbeitern beim Transport von Termiten. (Erik Frank, ETF89, CC BY-SA 4.0)





Abb. 2 Eine verletzte Ameise wird zum Nest zurück getragen. (Erik Frank, ETF8g, CC BY-SA 4.0)

Behandlung mit Antibiotika

Mittlerweile konnte das Team um Erik FRANK (2023; 2024) von der Universität Würzburg weitere Details aufklären und bemerkenswerte Fähigkeiten und Verhaltensweisen nachweisen, durch die Ameisen nach Verletzungen ausreichend wiederhergestellt werden können. In einem ersten Schritt nahmen die Forscher Bein-Amputationen vor und behandelten die Wundstelle mit Erde aus ihrer natürlichen Umgebung. Dabei stellten sie fest, dass die Tiere nicht ihren Wunden selbst erliegen, sondern einer Infektion mit Bakterien aus dem Bodensatz, die durch die Wunde in ihren Körper eindringen. Als Verursacher wurde das Bakterium *Pseudomonas aeruginosa* identifiziert, das auch bei Menschen häufig für Wundinfektionen verantwortlich ist.

Im Folgenden konnten die Forscher zeigen, dass *Megaponera analis* feststellen kann, ob Wunden infiziert sind – die Tiere behandeln die Wunden dann entsprechend (FRANK et al. 2023). Durch das Auftragen eines Sekrets aus verschiedenen antimikrobiellen Verbindungen und Proteinen auf infizierte Wunden reduzieren die Arbeiterinnen die Sterblichkeit der infizierten Individuen um 90 % (Abb. 3). Das Sekret entnehmen die „Krankenschwestern“ aus

Abb. 3 *Megaponera analis*-Ameise bei der Versorgung der Wunde eines verletzten Artgenossen im Nest. (Erik Frank, ETF8g, CC BY-SA 4.0)



der seitlich am dritten Brustsegment liegenden Metapleuraldrüse, entweder aus ihrer eigenen Drüse oder aus der des Patienten. Chemische Analysen ergaben, dass eine Wundinfektion mit spezifischen Veränderungen des Kohlenwasserstoffprofils der Cuticula (ihres Außenskeletts) einhergeht. Wahrscheinlich können die „Lazarett-Arbeiterinnen“ das Kohlenwasserstoffprofil in der Cuticula ihres Gegenübers analysieren. Dies ermöglicht den Ameisen, den Infektionszustand verletzter Individuen zu diagnostizieren und eine geeignete antimikrobielle Behandlung durchzuführen.

Durch die Antibiotika-Behandlung wird die Sterblichkeit der infizierten Ameisen um 90% reduziert.

Auch das Sekret wurde chemisch analysiert und es stellte sich heraus, dass das Ameisen-Antibiotikum 112 verschiedene Komponenten enthält, die zur Hälfte nachweislich antimikrobielle oder wundheilende Eigenschaften besitzen. Bei einigen häufig vorkommenden Proteinen ist die Wirksamkeit noch nicht aufgeklärt; aufgrund ihrer Häufigkeit wird auch eine antimikrobielle Wirkung vermutet. Die Forscher verbinden mit ihren Entdeckungen die Hoffnung, gänzlich neue Antibiotika für den Einsatz in Krankenhäusern zu entwickeln. Diese wären insbesondere im Kampf gegen gefährliche *Pseudomonas*-Infektionen willkommen, da einige der bisherigen Antibiotika aufgrund von Resistenzen bereits unwirksam geworden sind.

„Mit Ausnahme des Menschen ist mir kein anderes Lebewesen bekannt, das eine derart ausgefeilte medizinische Wundbehandlung vornehmen kann“, kommentiert Erik FRANK in *scinexx* (MANZ 2024).

Noch mehr Behandlungen im Ameisen-Lazarett: Amputationen

Im Sommer 2024 berichteten Erik FRANK und Mitarbeiter über weitere erstaunliche Verhaltensweisen bei Ameisen einer anderen Art, nämlich bei den bis 1,5 cm großen Florida-Holzameisen (*Camponotus floridanus*) (FRANK et al. 2024). Diese Ameisen nisten in verrottem Holz und verteidigen ihr Nest energisch gegen rivalisierende Ameisenvölker. Kommt es zu Kämpfen, besteht Verletzungsgefahr. Wenn Artgenossen an den Beinen verletzt worden waren, bissen diese Ameisen verwundete Gliedmaßen an ihrer Basis ab, um Schlimmeres aufgrund einer Infektion zu verhindern (Abb. 4). Dieser Ameisen-Gattung steht die Option der



Antibiotika-Behandlung nicht zur Verfügung, da ihnen die Metapleuraldrüse fehlt (sie soll im Laufe der Evolution verloren gegangen sein).

Die Ameisen „wissen“, wann eine Amputation sinnvoll ist und wann nicht.

Die Amputation erhöht die Überlebenschancen der Ameisen drastisch: Rund 90 % der amputierten Tiere überleben die Behandlung. Amputationen erfolgen dabei nur bei Verletzungen am Oberschenkel, unabhängig von einer Infektion. Bei Verletzungen am Unterschenkel begnügen sich die Ameisen damit, die Wunde intensiv zu lecken und zu reinigen, was zu einer Überlebensrate von 75 % führt. Um zu verstehen, warum die Ameisen bei Ober- und Unterschenkelverletzungen unterschiedlich vorgehen, führte das Forscherteam selbst Amputationen bei Ameisen mit verwundeten und bakteriell infizierten Unterschenkeln durch. Die Überlebensrate lag überraschenderweise bei nur 20 %. Mikro-CT-Scans zeigten, dass sich die Muskeln, die wahrscheinlich für die Zirkulation der Hämolymphe (Körperflüssigkeit bei Gliederfüßern) im Bein verantwortlich sind, überwiegend im Oberschenkel befinden. Daher ist es wahrscheinlich, dass Oberschenkelverletzungen durch die Dämpfung des Hämolympfflusses den Arbeitern genügend Zeit verschaffen, um Amputationen vor der Ausbreitung des Erregers durchzuführen. Dagegen dringen die Bakterien sehr schnell in den Körper ein, wenn der Unterschenkel verletzt ist. Die Ameisen scheinen also zu wissen, dass die Chance auf Rettung bei einer Amputation bei Unterschenkeln gering ist, und investieren in diesem Fall lieber Zeit in die intensive Säuberung.

FRANK et al. (2024) resümieren: „Insgesamt liefert diese Studie das erste Beispiel für den Einsatz von Amputationen zur Behandlung infizierter Individuen bei einem nicht-menschlichen Tier und zeigt, dass Ameisen ihre Art der Behandlung je nach Ort der Wunden anpassen können.“

Das beschriebene Verhalten der Ameisen ist höchst erstaunlich: Man könnte meinen, die Ameisen führen zielorientierte Überlegungen durch und wägen die Situationen unterschiedlich ab. Vermutlich tun sie das aber nicht so wie Menschen (vgl. SCHOLL 2024). Wie können sie dennoch so „verstandesmäßig“ reagieren? Woher kennen sie die Zusammenhänge?

Literatur

- BRAUN HBB (2017a) Ant-Man als Plant-Man. Ameisen als Pflanzenzüchter. Stud. Integr. J. 24, 37–39.
- BRAUN HBB (2017b) Sanitäter bei Ameisen. Stud. Integr. J. 24, 98–99.
- BRAUN HBB (2018) Neues vom Gesundheitssystem der Ameisen. Stud. Integr. J. 25, 92–93.
- CHOMICKI G & RENNER SS (2016) Obligate plant farming by a specialized ant. Nature Plants 2:16181.
- FRANK ET et al. (2017) Saving the injured: Rescue behavior in the termite-hunting ant *Megaponera analis*. Sci. Adv. 3:4.
- FRANK ET, WEHRHAHN M & LINSENMAIR KE (2018) Wound treatment and selective help in a termite-hunting ant. Proc. R. Soc. B 20172457.
- FRANK ET et al. (2023) Targeted treatment of injured nestmates with antimicrobial compounds in an ant society. Nat. Commun. 14, 8446.
- FRANK ET et al. (2024) Wound-dependent leg amputations to combat infections in an ant society. Curr. Biol, 34, P3273–P3278.
- MANZ A (2024) Wie Ameisen mit Antibiotika heilen. <https://www.scinexx.de/news/biowissen/ameisen-heilen-artgenossen-mit-antibiotika/>.
- SCHOLL B (2024) Gibt es eine Hummel-Kultur? Hummeln bestehen Lerntest für Schimpansen. Stud. Integr. J. 31, 43–47.

Abb. 4 Eine Florida-Holzameise (*Camponotus floridanus*) hat ein Bein amputiert (links) und leckt die Wunde (rechts). (© Hanna Haring, Universität Würzburg, CC BY 4.0)



Ist der menschliche Rachen eine Fehlkonstruktion?

Der menschliche Rachen betreut wie ein „Multitool“ verschiedene Aufgaben und steht in komplexer Interaktion mit unterschiedlichen Organsystemen. Die damit verbundenen funktionalen Überschneidungen bergen Konfliktpotenzial. Im Blickwinkel langsamer Evolution werden diese Konfliktpotenziale z. T. als Konstruktionsfehler und Beweis für eine noch nicht abgeschlossene Evolution gewertet: Der Mensch als ein Produkt zufälliger Selektion und Mutation habe quasi noch Nachbesserungsbedarf. Wie wertet man diese Argumente aus Sicht der Schöpfungslehre? Wie kann man der Behauptung schlechter Planung begegnen, wenn offensichtlich Probleme bestehen?

Karin Bauer

Introbild 3D-Modell eines Mannes mit Röntgenansicht der inneren Organe im Rachenraum. (Adobe Stock)

Einleitung

Die Überkreuzung von Luft- und Speiseröhre wird häufig als Fehlkonstruktion menschlicher Anatomie gesehen: Einem Schöpfer wäre dieser Fauxpas nicht unterlaufen, während durch Evolution nur „Umbauten“ möglich seien, sodass oft keine optimalen Lösungen erreicht würden. GLICKSMAN & LAUFMANN (2022) begegnen diesem Argument in fünf Schritten. An ihren Argumentationsweg knüpft die nachfolgende in fünf Abschnitte gegliederte Darstellung an.

Der Rachen ist Teil des Atemweges und zugleich Pforte zum Magen-Darm-Trakt. Folglich kreuzen sich dort Luft- und Nahrungsweg. Bei jedem Schluckvorgang könnte also etwas in den „falschen Hals“ geraten. Der Schluckakt wird als Reflex unwillkürlich ausgelöst. Rezeptoren an Gaumenbogen, Zungengrund und Rachenwand leiten Signale an das Schluckzentrum im Hirnstamm, von wo fünfzig Muskelpaare in einer Aktionskette über fünf verschiedene Hirnnerven gesteuert werden. Fein geordnete Abfolgen von Kontraktionen werden ausgelöst, die in Sekundenschnelle das, was wir schlucken, unter Umgehung der Atemwege zum Magen bewegen.

Damit die Nahrung den richtigen Weg nimmt, müssen einige genaue Einstellungen

gegeben sein. Das Gaumensegel verschließt den Weg zum Nasenraum und gibt wie eine Leitplanke die Richtung vor. Speiseröhre und Kehlkopf beginnen jedoch auf gleicher Höhe. Durch mehrere Vorkehrungen wird verhindert, dass Fremdkörper in den Atemweg geraten: Der Kehlkopf wird nach vorne oben unter den Mundboden und den Zungengrund gezogen. Dabei legt sich der Kehlkopf über den Eingang der tiefen Atemwege. Das Atemzentrum im Hirnstamm wird informiert und die Atmung gestoppt. So wird verhindert, dass die Lunge Nahrung in die Atemwege einzieht. Der Schluckreflex und der Atemreflex sind funktional auf eine gut abgestimmte Koordination angewiesen (Universität Potsdam Schlucklabor). Die Speiseröhre ist ein Muskelschlauch, der im letzten Abschnitt des Schluckaktes geöffnet wird und die Nahrung durch wellenförmige Muskelkontraktionen in Richtung des Magens befördert. Unser Überleben hängt beim Schlucken an dieser sensomotorischen Aktionskette: eine geordnete Choreographie, die in einer systemübergreifenden Abstimmung ca. tausendmal täglich zuverlässig und selbstorganisiert abläuft. Wenn jedoch Partikel in den Atemweg geraten, kann das zu schlimmen Beeinträchtigungen führen – bis zum Tod durch Ersticken.

Der amerikanische Biologe Nathan LENTS (2018, 19f) schreibt dazu: „Die größte Gefahr im Design des menschlichen Halses ist das Erstickten. Wenn wir getrennte Öffnungen für Luft und Nahrung hätten, würde das nie passieren“. Und Abigail A. HAFFER (2015) von der *Oxford University* ist der Auffassung: „Ein besser konzipiertes System würde die Schläuche für Luft und Nahrung getrennt halten, um unnötige Todesfälle zu vermeiden. Wenn wir entworfen wurden, warum hat der Designer diesen Job so schlecht gemacht? Oder ist es so, dass der Schöpfer andere Tiere lieber mag? Es gibt Kreaturen, bei denen die Luft- und Nahrungswege völlig getrennt sind. Das Atmungssystem des Wals ist von seinem Verdauungssystem getrennt. Das bedeutet, dass ein Wal im Gegensatz zu einem Menschen nicht an seiner Nahrung erstickt kann, indem er sie einatmet. Wenn der Schöpfer das für die Wale tun konnte, weiß ich nicht, warum er es nicht für uns tun konnte“ (HAFFER 2015, 72f; vgl. auch SKYBREAK 2006, 109).

Hat also der Schöpfer seinen Job schlecht gemacht? Zunächst sollte man berücksichtigen, in welchem Verhältnis das „Erstickt durch Verschlucken“ zum „Überleben trotz Schlucken“ steht. Setzt man die Häufigkeit gelungener Schluckvorgänge in Beziehung zu den Erstickungsfällen mit Todesfolge bei ca. 1000 Schluckreflexen pro Tag, handelt es sich um extrem seltene tragische Einzelfälle.¹ Der Ausnahmefall wird zum Exempel dafür, dass die Anatomie des Rachens kein gut durchdachtes System sei. Keine Erwähnung finden außerdem die für den Fall des Verschluckens eingerichteten Schutzreflexe wie Husten und Würgen. Wären die Fälle tödlichen Verschluckens in einem anderen System umfänglich vermeidbar und wäre ein getrenntes System wirklich praktikabler? Auf den ersten Blick erscheinen separate Systeme schlüssig. Um das vorhandene System zu verändern, müssen jedoch alle Aspekte seiner Funktion Beachtung finden.

Beachtung komplexer Zusammenhänge zahlreicher Funktionen

Um den Bau des Rachens zu verstehen, muss man bedenken, dass zum Schlucken und Atmen noch weitere Funktionen hinzukommen. Ob Sprache oder Gesang: Für eine nuancierte Kommunikation sind Interaktionen im Rachen mit Zunge, Zähnen, Mund- und Nasenhöhle unerlässlich (vgl. hierzu GLICKSMAN & LAUFMANN 2022). Einzelkomponenten in „Multitool-Systemen“ ordnen wir mitunter etwas vorschnell nur *einem* Aufgabenbereich zu. Bei

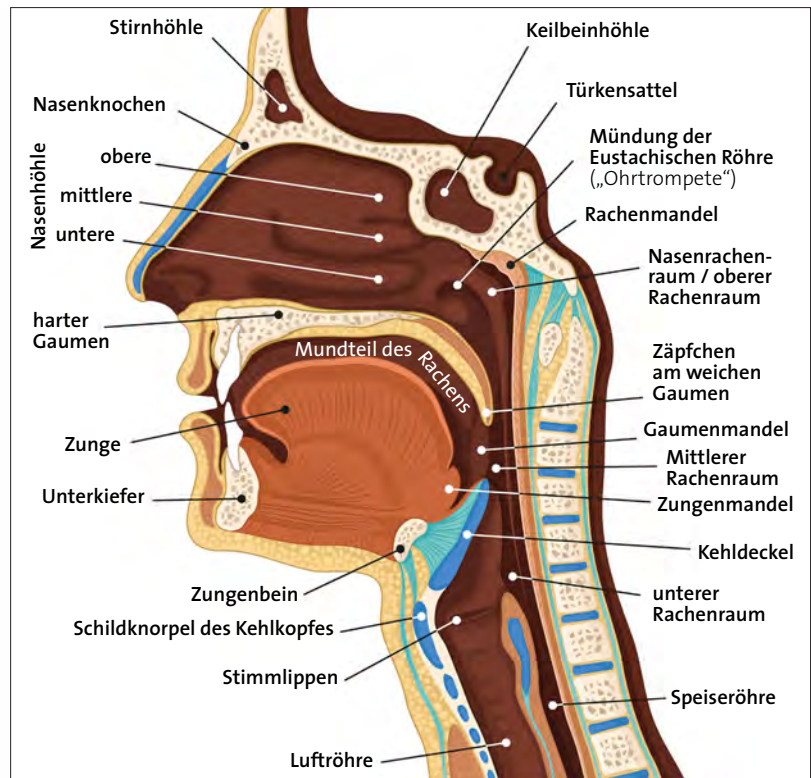


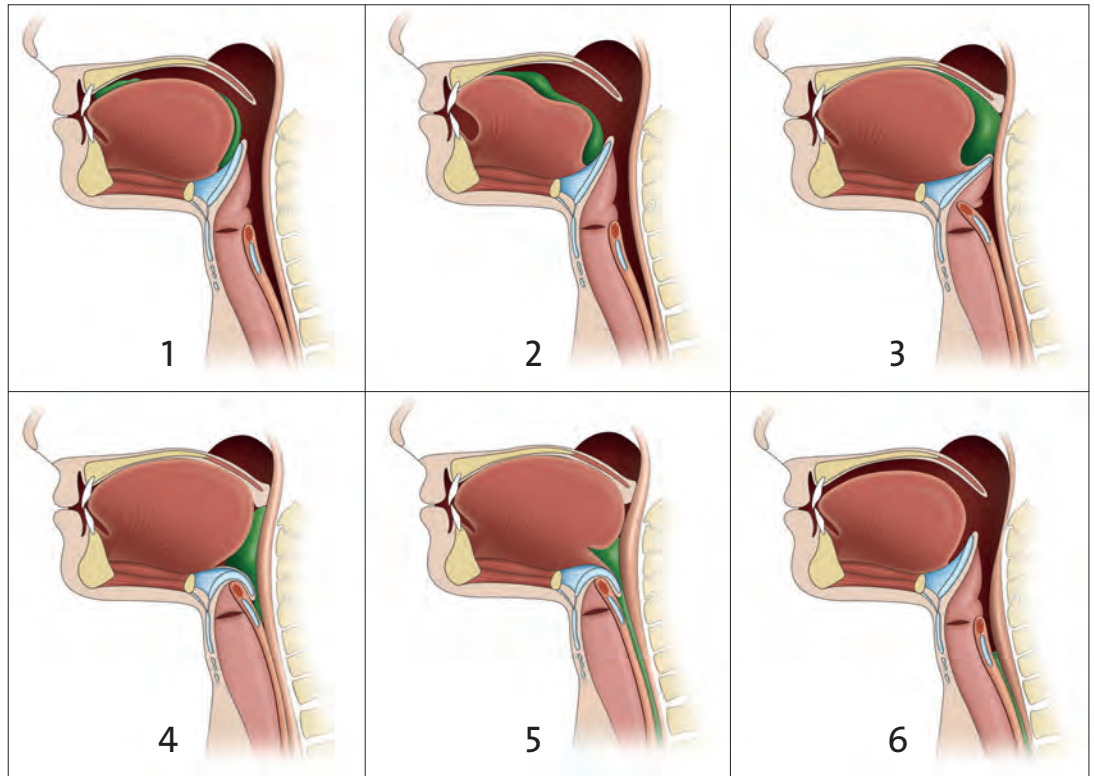
Abb. 1 Details des menschlichen Mundraums und Rachens. (Weiss nach nmfoctograf, Adobe Stock)

genauer Betrachtung wird nämlich deutlich, dass Systemkomponenten variabel zum Einsatz kommen. Die Zunge z. B. übernimmt vielschichtige Funktionen: Sie durchwaltet die Nahrung, sie schmeckt, tastet, transportiert, artikuliert und moduliert den Atemweg mit. Der Rachen ist ein wichtiger Resonanz- und Artikulationsraum, interaktiv an der Bildung plosiver Konsonanten² wie dem „k“, dem rollenden „r“ oder klingender Konsonanten wie dem „ng“ beteiligt. Die Trennung von Atem- und Nahrungsweg würde also auch Konsequenzen für die Stimmfunktion nach sich ziehen. In getrennten Systemen bräuchte es ggf. mehrere Zungen. Selbst die Zähne dienen nicht nur dem Kauen. Wir nutzen sie auch für Konsonanten in der Sprache. Um komplexe tonale³ Laute zu erzeugen, nutzen wir im Stimmsystem zudem die Nasenhöhlen mit. Das ist möglich, weil der Rachen ein multifunktionaler „Durchgangsraum“ und das Gaumensegel sehr beweglich ist. Durch diese systemübergreifende Vernetzung wird erst die Zusammenarbeit von Geruchs- und Geschmackssinn möglich. Der Rachenraum verfügt auch über Zuleitungen zum Mittelohr. Über diese Eustachischen Röhren wird u.a. der Luftdruck im Mittelohr ausgeglichen und dessen Belüftung gewährleistet. Die Trennung von Luft- und Atemweg zöge eine komplizierte Überarbeitung interner Vernetzung nach sich.

Durch eine systemübergreifende Vernetzung wird erst die Zusammenarbeit von Geruchs- und Geschmackssinn möglich.

Abb. 2 Sechs Phasen des Schluckvorgangs:

- 1 Kauen und Einspeicheln der Nahrung;
- 2 Bolus (hier der Nahrungsbrei) wandert nach hinten, Schluckreflex wird ausgelöst;
- 3 Gaumensegel schließt, Kehlkopf wird nach oben vorne unter die Zunge geschoben, Kehldeckel schließt, Atmung wird eingestellt, Zunge schiebt Bolus aus dem Mundraum;
- 4 Bolus rutscht über den Kehldeckel hinweg, Speiseröhreingang öffnet sich;
- 5 Bolus wird in die Speiseröhre befördert und durch eine peristaltische Welle (rhythmische Muskelkontraktionen) zum Magen geleitet;
- 6 Kehlkopf senkt sich wieder ab und der Kehldeckel öffnet sich wieder, die Atmung setzt wieder ein. (Aldona, Adobe Stock)



Ein multifunktionales System muss Kompromisse eingehen

Im Rachenraum stehen also verschiedene Komponenten multifunktional zur Verfügung. Diese müssten bei Separierung in getrennte Systeme auch in mehrfacher Zahl vorhanden sein. Es wären also mindestens doppelt so viele Ressourcen notwendig, die alle mit Energie und Sauerstoff versorgt werden müssten, Zuleitungen und Ableitungen benötigten und die ein Gewicht haben, das vom Gesamtsystem mitgetragen werden muss. Das Konzept einer multifunktionalen Lösung macht ein gewisses Maß an Unterordnung notwendig. Dabei profitieren die Teilfunktionen sogar wechselseitig voneinander. Bei hoher Aktivität, wenn der Körper mehr Sauerstoff benötigt, atmen wir intuitiv durch die größere Öffnung: den Mund. In getrennten Systemen müssten also die Nasengänge viel größer sein, um die Sauerstoffzufuhr bei hoher Belastung zu generieren. Um mehrere Röhrensysteme unterzubringen, müsste das Volumen von Kopf und Hals deutlich vergrößert werden. Je nach Positionierung der zu- und ableitenden Öffnungen müssten wahrscheinlich auch die Durchgänge zu Lunge und Magen neu angeordnet werden. Um die Stimmfunktion zu erhalten, wäre eine vollständige Neukonfiguration von Kopf, Hals und Rumpf notwendig.

Die Behauptung von HAFER (2015), dass Wale, bei denen das Atmungssystem vom Verdauungssystem getrennt ist, besser konstruiert sind, ist schnell ausgesprochen, müsste aber erst

im Detail in Bezug auf Körperbau, Umweltbedingungen und Lebensweise nachgewiesen werden. Schließlich leben Wale nicht an Land, ihre Körperfülle steht nicht auf zwei Beinen, sie müssen nicht gehen oder rennen, sie sind nicht darauf angewiesen, den Kopf wenden zu können, sie nehmen andere Nahrung zu sich, die sie nicht in gleicher Weise zerkleinern müssen, zudem sprechen sie nicht.

Erkrankungen und fehlerhafte Anwendung

Das Schlucken erfordert präzise Orchestrierung. Damit kann jeder Zustand, der die Nerven- oder Muskelfunktion beeinträchtigt, zu Schwierigkeiten beim Schlucken führen. Auch die Notwendigkeit einer gesunden Lungenfunktion sollte nicht übergangen werden. Steht der Tod durch Verschlucken in Zusammenhang mit Krankheiten wie Schlaganfall, Parkinson und Multipler Sklerose liegen Erkrankungen an Muskel- und Nervengewebe oder Atemfunktionsstörungen vor. Die Ursache ist also komplexer. Eine weitere Ursache für Erstickten können zu große Teile oder Fremdkörper sein, die verschluckt werden und den Atemweg verlegen. Ein zu großer Bissen oder Fremdkörper kann zudem durch Druck auf das Nervengeflecht im Rachen zum sogenannten Bolustod führen. Vermutlich wird dabei der 10. Hirnnerv (Nervus vagus) stimuliert und reflektorisch die Herzfrequenz drastisch abgesenkt, was zum Tod durch Herzstillstand führen kann. Auch in diesen Fäl-

len ist nicht die Konstruktion an sich mangelhaft. Die Gefahr, dass der Luftweg durch einen Fremdkörper oder durch Verunreinigungen verstopft werden könnte, kann auch bei separaten Zuleitungen nicht ausgeschlossen werden.

Logische Fehlschlüsse

Selbst wenn man trotz des Gesagten den Rachen als Konstruktion von minderwertiger Qualität bewerten würde: Folgt daraus, dass er auf zufälligen evolutiven Wegen entstanden ist? Der Schluss von minderwertigem Design auf Nicht-Design beruht auf einem logischen Fehler. Denn auch minderwertiges Design ist viel wahrscheinlicher das Ergebnis von Design als Ergebnis von Zufall und Auslese. Auch ein schlechtes Design wäre immer noch Design. So würde auch niemand aufgrund eines technisch fehlerhaften PKWs den Schluss akzeptieren, dass das Fahrzeug nur durch Zufall und Naturgesetze entstanden sei. Aus fehlerhaftem Design kann man nicht logisch auf vergangene Evolution schließen.

Ein weiterer Denkfehler steckt in einer anderen Aussage von LENTS (2018, 19f): „Die menschliche Kehle ist einfach zu komplex, als dass eine zufällige Mutation – der grundlegende Mechanismus der Evolution – ihre grundlegenden Defekte rückgängig machen könnte.“ Wenn aber der menschliche Hals zu komplex ist, als dass eine zufällige Mutation einen „Konstruktionsfehler“ korrigieren könnte, wie konnten dann zufällige Mutationen überhaupt ein so komplexes Merkmal aufbauen? Ebenso verhält es sich mit der Aussage von HAFER (2015): „Wenn der Schöpfer [das Atmungs- vom Verdauungssystem] für die Wale trennen konnte, weiß ich nicht, warum er es nicht für uns tun konnte?“ Die Fähigkeit eines Schöpfers, Menschen Walköpfe wachsen zu lassen, macht eine solche Konstruktion nicht automatisch zu einer guten oder besseren Lösung. Wale sprechen nicht, verbringen ihr ganzes Leben im Ozean und müssen ihre Köpfe nicht durch die Gegend tragen.

Ästhetik als Designmerkmal

Der Fokus auf die Konfliktfelder drängt die ästhetischen Feinheiten im Rachenraum auf die Seite. Die Auftrennung der Systeme in Einzelsysteme zieht optisch eine viel klobigere und weniger elegante Architektur nach sich. Sie benötigt mehr Ressourcen und in der Erhaltung mehr Energie. Bei architektonischem Design wird die Finesse von multifunktionaler

Nutzung, Ressourcen schonenden Konzepten und raumsparenden Lösungen gefeiert. Warum wird genau das im menschlichen Körper von Kritikern unter dem Aspekt der Konfliktpotenziale negativ gewertet? Der Rachen ist ein multifunktionales, elegant konzipiertes System.

Die Finesse von multifunktionaler Nutzung, Ressourcen schonenden Konzepten und raumsparenden Lösungen ist ein Design-Merkmal.

Wir schlucken schon, seitdem wir im Uterus Purzelbäume gedreht haben, in der Regel ohne Zwischenfälle. Wir müssen uns tausendmal am Tag keine Gedanken darüber machen, rechtzeitig die Atmung einzustellen, damit wir die Nahrung oder den Speichel nicht versehentlich in die Lunge einsaugen. Kommt versehentlich dennoch etwas in den falschen Hals, sorgen Reflexe für die umgehende Reinigung der Atemwege. Wir sind durch eine faszinierende Orchestrierung unseres Körpersystems beschenkt, die in weiten Teilen selbstorganisiert unser Überleben sichert.

Anmerkungen

- ¹ In Deutschland gibt es nach MÜLLER & KERN (2021) etwa 1000 Todesfälle pro Jahr durch Verschlucken (Fremdkörperverletzung in die Atemwege) – und das auf grob geschätzt 30 Billionen Schluckvorgänge pro Jahr (1000-mal Schlucken täglich • 365 Tage • ca. 82 Millionen Einwohner). Zu den Auslösern zählen neben dem Verschlucken beim Essen u. a. auch Erkrankungen, Stürze und Ohnmachtsanfälle, die nicht unbedingt mit der hier diskutierten Kehlkopfkonstruktion zusammenhängen.
- ² Laute, die durch Unterbrechung oder Einengung des Luftstroms im Mund-/Rachenraum erzeugt werden.
- ³ Laute, die durch einen im Kehlkopf erzeugten Stimmklang mit definierbarer Tonhöhe hörbar und tragfähig werden.

Literatur

- GLICKSMAN H & LAUFMANN S (2022) The Supposed Bad Design of the Human Pharynx, <https://evolution-news.org/2022/12/the-supposed-bad-design-of-the-human-pharynx/>.
- HAFER A (2015) The Not-So-Intelligent Designer: Why Evolution Explains the Human Body and Intelligent Design Does Not. Eugene, OR: Cascade Books
- LENTS NH (2018) Human errors. A panorama of our glitches, from pointless bones to broken genes. Boston: Houghton Mifflin Harcourt.
- MÜLLER S & KERN R (2021) Bolusgeschehen – Verschlucken mit potenziell tödlichem Ausgang. Notfallmedizin update 16, 175–193, doi: 10.1055/a-1182-2840.
- SKYBREAK A (2006) The Science of Evolution and the Myth of Creationism: Knowing What's Real and Why It Matters. Chicago: Insight Press.
- Universität Potsdam Schlucklabor: Projekt: Atmen und Schlucken interaktiv. Effekte modalitätsübergreifender Diagnostik - und Therapieverfahren in der Dysphagie Therapie, <https://www.uni-potsdam.de/en/swallow/projekte/atmen-und-schlucken-interaktiv> (Stand: 05.07.2024).

Die Fingerabdrücke: Gottes Identifikationsplan

Erkenntnisse aus der Hautleistenforschung



Fingerabdrücke gelten weltweit als zweifelsfreies Unterscheidungs- und Identifizierungsmerkmal für Individuen im polizeilichen Erkennungsdienst (Biometrie). Sie sind das Spiegelbild von Leistenströmen und Rillen auf der Fingerkuppe, die sich zu drei Grundmustern formen: Wirbel, Schleifen und Bogen. Wegen ihrer individuellen Einmaligkeit und Unveränderlichkeit können die Fingerabdrücke als Spiegelbild des einmaligen Schöpfers interpretiert werden: Die Einmaligkeit jedes Menschen spiegelt sich auch in den Abdrücken seiner Finger.

Hans-Uwe Katzenmaier

Fingerabdruck als Dokument

Die grundlegenden Erkenntnisse über Fingerabdrücke (Abb. 1) werden meist Francis GALTON (1892) zugeschrieben. Der Berliner Tierarzt Wilhelm EBER kam jedoch bereits im Jahr 1888 aufgrund eigener Untersuchungen zu ähnlichen Erkenntnissen, fand aber keine Aner-

kennung (SALZER 2019, 42). Außerhalb Europas, vornehmlich in Ostasien, waren die Finger- bzw. Daumenabdrücke („thumb mark“) bereits vor langer Zeit bekannt und als Identifizierungsmerkmal anerkannt. Sie hatten beispielsweise bei Assyrern und Babyloniern den Wert eines persönlichen Siegels. Chinesen („Hua chi, jitsu-in“ = rechtsverbindlicher Stempel) und Japaner („tsume-in“) setzten sie in gleicher Weise ein. Die Verwendung von „Anguli mudra“ („Fingersiegel“) im Sanskrit deutet auf eine weite Verbreitung dieser Praxis über den indischen Subkontinent hinaus bis nach Kambodscha, Birma, Thailand und Tibet hin. Es ist offensichtlich, dass auch bei den entsprechenden Völkern die anatomischen Grundlagen dafür bekannt waren.

Die Muster der Fingerabdrücke werden durch Leisten und Rillen gebildet (Abb. 2). Die Gesamtheit der Leisten formt sich zu komplexen Gebilden, die man zu drei Grundtypen zusammenfassen kann: Wirbel (W), Schleifen (S) und Bogen (B) – wobei man die Schleifen noch in rechtswendige (Ulnarschleife: U) und linkswendige (Radialschleife: R) Schleifen unterteilt.

Die Merkmale des Hautleistensystems auf Finger- und Zehenbeeren sowie auf den Hand- und Fußflächen des Menschen sind erstaunli-

Introbild Fingerabdrücke sind einzigartige Erkennungsmerkmale. (Adobe Stock)

Abb. 1 Fingerabdruck. Kleine zufällige spezielle Leistendetails, sogenannte *Minutiae*, bestimmen die Individualität.
a = Insel (eine zweimalige Leistenunterbrechung mit einem kurzen, nur eine Pore tragenden Leistenstück),
b = abruptes Ende,
c = Gabelung (mit oder ohne Einschluss),
d = rudimentäre Leisten (Zwischenlinien) und
e = Kamm bildung (drei oder mehr parallele Leisten treten im nahezu rechten Winkel an eine andere Leiste heran). (nach Pixabay)





Abb. 2 Grundmuster, die generell auf jedem Finger vorkommen (von links): Wirbel (W), Schleifen (S), Bogen (B). (Public Domain)

cherweise hochgradig alters- und umweltstabil und weitgehend genetisch festgelegt.

Zur Personenidentifikation dienen – neben der Grobeinteilung in die Grundmuster der W, S und B – die so genannten *Minutiae* (a bis e in Abb. 1). Das sind spezielle Leistendetails wie beispielsweise eine *Insel* (a = eine zweimalige Leistenunterbrechung mit einem kurzen, nur eine Pore tragenden Leistenstück), *abruptes Ende* (b), eine *Gabelung* (c = mit oder ohne Einschluss), *rudimentäre Leisten* (d = Zwischenlinien) und *Kammbildung* (e = drei oder mehr parallele Leisten treten im nahezu rechten Winkel an eine andere Leiste heran). Hinzu kommt eine hochgradige, genetisch bedingte Variabilität in den Musterbildungen und im Leistenstromverlauf der verschiedenen Teilbereiche. Außerdem sind sehr zahlreiche Zufallsvarianten in Einzelheiten zu beobachten, die nach ihrer Herausbildung aber ebenso stabil bleiben wie die regelmäßigeren Muster. Es ergibt sich dadurch eine so extreme Unwahrscheinlichkeit für das Vorkommen gleicher Merkmalskombinationen bei verschiedenen Individuen, sodass das Hautleistensystem immer noch – neben dem so genannten genetischen Fingerabdruck – als eines der sichersten Unterscheidungs- und Identifizierungsmerkmale für Individuen gilt und als solches weltweit angewendet wird. Selbst bei genetisch identischer Programmierung – wie es bei eineiigen Zwillingen der Fall ist – wird mit der Ausbildung unterschiedlicher *Minutiae* die Individualität gewahrt, auch wenn dieselben Grundmuster vorhanden sind.

Die Hautleistenmuster bilden sich schon während des 3. bis 4. Embryonalmonats und können auch nach der Geburt nicht mehr geändert werden. Verwechslungen sind ausgeschlossen, Manipulationen nicht möglich. Eigene Untersuchungen im Abstand von 25 Jahren zeigten keine Veränderungen, weder an den Mustern und ihren Feinheiten noch an der Form und Gestalt der Fingerendkuppen (KATZENMAIER 2002, 48).

Ein persönliches Identifikationsmerkmal ist für jeden Menschen bereits lange vor der Geburt unveränderlich eingebaut.

Die Bildung der Muster

Erst die Finger, dann die Muster

Aus der vorknorpeligen Handplatte (*Autopodium*) gliedern sich Strahlen ab, die einzelnen Fingern zugeordnet werden können. Die Verknöcherung beginnt am distalen (körperfernen) Ende, der späteren Lage der Fingerkuppe, auf der sich die Muster bilden. Dies geschieht ab der 12. Schwangerschaftswoche. Auf der Innenseite der Finger, Zehen, Hand- und Fußflächen – übrigens beim Menschen wie auch bei allen Primaten – bilden sich lokal begrenzte Aufwölbungen, die so genannten „embryonalen Tastballen“, die nach Ausbildung der Muster wieder zurückgebildet werden. Je nach Größe, Form und Lage dieser Aufwölbungen realisiert sich der Verlauf der sich anschließend bildenden Hautleisten (Papillarleisten). Diese induzieren dann die Musterbildungen der Fingerabdrücke. Zuerst erscheinen Hautleisten an drei Stellen: an der Basis des Fingerendgliedes, im Zentrum des Tastballens und am vorderen Nagelrand (Abb. 3).

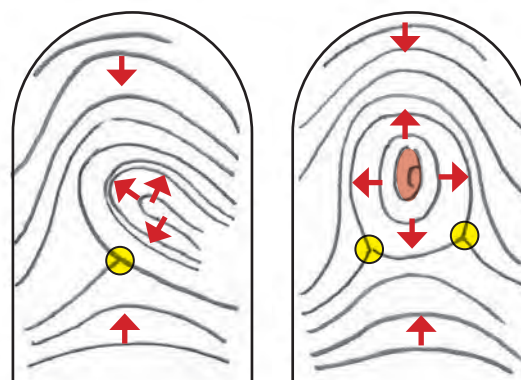


Abb. 3 Ontogenetische Entwicklung der Fingerbeerenmuster am Beispiel einer Schleife und eines Wirbels. Treffpunkte dreier Leistenströme werden als Triradius (TRI) bezeichnet (gelb eingekreist, linkes Teilbild: ein TRI, rechtes Teilbild: zwei TRIs), im rechten Teilbild rot markiertes „C“ ist ein Musterbildungszentrum (MUZ).

Wie ein solches Muster aussieht und welchem Typus es zuzuordnen ist, hängt von verschiedenen, genetisch bedingten Faktoren ab: Zum einen von der (erblichen) Dicke der äußeren Zellschicht, der Oberhaut (Epidermis), die dem mehr oder minder starken Innendruck der Ballen-Aufwölbung zu widerstehen hat, und zum anderen hinsichtlich der Größe der Muster von der Größe und Höhe der Tastballen (KATZENMAIER 1980a; b).

Demnach führt eine dicke Epidermis zu kleinen Mustern (zu denen allgemein auch alle Bogen gezählt werden); eine *dünne, nachgiebige und dehnbare Epidermis jedoch gibt Raum für große, ausgedehnte Tastballen* und entsprechende Muster.

Musterforschung

In der *Daktyloskopie*, der Hautleistenforschung, regten die Handlinien und insbesondere die auf den Fingerkuppen (Tastballen!) liegenden Muster seit Beginn ihrer Entdeckung genauere Un-

tersuchungen an (MAVALWALA 1977). Neben der qualitativen Benennung nach den Grundmustern (W, S, B) wurden zunehmend quantitative Aspekte untersucht, um die einzelnen Muster nach Lage, Größe und Ausmaß unterscheiden zu können. Dazu bediente man sich definierter Messpunkte, wie Abb. 4 anhand eines Wirbelmusters zeigt. Mithilfe der Messpunkte, die auf allen Mustern – mit Ausnahme der Bogenmuster – vorkommen, kann dann eine Quantifizierung vorgenommen werden, was im Weiteren Vergleiche ermöglicht.

Musterwerte und Leistenzahl

Mithilfe der Messpunkte an den Mustern kann eine Leistenzahl ermittelt werden. Diese Zahl wird durch eine gedachte Linie ermittelt, die vom Triradius (s. Abb. 3+4) ausgeht und bis zum Musterzentrum reicht und dabei eine gewisse Zahl an Hautleisten überstreicht; diese Zahl ergibt den *Leistenwert*. Dabei können mehr oder weniger Leisten überstrichen werden. Die Leistenzahl kann somit als Maß für einen gewissen Grad der Symmetrie bzw. Asymmetrie herangezogen werden. Wirbelmuster liefern aufgrund zweier vorhandener Triradien zwei Leistenwerte, die zueinander in Beziehung gesetzt werden.

Die Variabilität der Muster und mögliche Korrelationen

Wie erwähnt, ist das Hautleistensystem absolut alters- und umweltstabil, unwiederholbar, unverwechselbar, einmalig, milliardenfach bewährt, nicht kopierbar und nur bedingt in der Grundstruktur vererbbar (nicht jedoch auf der Identifikationsebene der Minutiae). Das begründet seine herausragende Bedeutung in der Biometrie.

So gehören die Papillarleisten zu den am häufigsten untersuchten Merkmalskomplexen normaler menschlicher Merkmalsvariabilität. Sie wurden vielfach auch im Zusammenhang mit Krankheiten und/oder genetischen Defekten untersucht, ebenso in einem möglichen Zusammenhang mit Körperflüssigkeiten (humorale Parameter wie Blutgruppen, Lymphe u. a.), mit Körpermerkmalen wie Größe und Länge der Röhrenknochen der Extremitäten (Arme und Beine) oder der Akren (Nasen- und Ohrenform). Alle diese Parameter zeigten jedoch nie eine nennenswerte Korrelation zu den Mustern. Auch psychologische Untersuchungen, die Verhaltensparameter oder Intelligenzgrade mit einbezogen, ließen keinerlei Rückschlüsse auf korrelative Beziehungen zu den Grundmustern zu. Solche Untersuchungen, durch die (vergeblich) versucht wurde, mögliche Korrela-



Abb. 4 Messpunkte an einem Wirbelmuster: Musterzentrum, Triradius, Mantellinie und Basislinie. Ein *Triradius* (TRI) ist dadurch gekennzeichnet, dass hier drei Leistenstromrichtungen aufeinandertreffen. MUZ kennzeichnet das *Musterzentrum*, den Ausgangspunkt der Musterformbildung, und MAL (*Mantellinie*) ist die Tangente, die auf der letzten, zu einem Muster gehörenden Hautleiste liegt. Eine BAS genannte Linie entspricht der *Beugefurche*, der endgültigen Abgrenzung des Musters auf der Fingerkuppe zu den übrigen beiden Fingergliedern desselben Fingers mit ihren Papillarleisten, die jedoch keine Muster tragen.

tionen zu finden, haben sich in Tausenden von wissenschaftlichen Arbeiten niedergeschlagen. MAVALWALA (1977) hat dazu eine umfangreiche Bibliographie (über 3500 Forschungsergebnisse/Artikel) aller weltweit unternommenen Anstrengungen vorgelegt, die eine mögliche Verbindung bzw. Korrelation zwischen den Mustern und einem anderen, irgendwie gearteten Merkmal am menschlichen Körper untersuchten. Keine dieser Untersuchungen konnte eine belastbare Aussage zu einer Korrelation treffen.

Das Hautleistensystem ist absolut alters- und umweltstabil, unwiederholbar, unverwechselbar, einmalig und milliardenfach bewährt.

Es konnte jedoch eine Beziehung zwischen dem Volumen des Fingerendglieds und seinen Symmetrieverhältnissen einerseits und den vorhandenen Mustertypen andererseits nachgewiesen werden. Dies gelang mithilfe eines eigens für diesen Zweck konstruierten *Phalango-graphen* und einem dafür entwickelten neuartigen Messverfahren, mit welchem eine Beziehung zwischen den asymmetrischen Mustern und der asymmetrischen Fingerform nachgewiesen werden konnte und zwar *mit einem Korrelationskoeffizienten von $r = 0,954$* . Hiermit ist ein Jahrhundertproblem – nämlich eine mögliche Beziehung der Fingermuster mit einem anderen körperlichen Merkmal – einer Lösung zugeführt worden (KATZENMAIER 1978; 1980a; 1980b).

Neuere Untersuchungen zur Genetik der Bildung der Finger

Die embryonale Bildung der Finger hängt mit dem Werdeprozess der Gliedmaßenentwicklung zusammen (s. o.) und damit auch mit den Genen, die dabei involviert sind. Dass sich die drei Grundmuster während dem dritten bis vierten Schwangerschaftsmonat bilden, ist schon lange bekannt und wurde eingehend untersucht (BONNEVIE 1927; 1932). JINXI LI et al. (2022), Forscher an der *Universität Fusan*, fanden in mehr als 23.000 Vergleichsanalysen heraus, dass es 43 Genorte gibt, die mit jeweils einem der Grundmuster in Zusammenhang stehen. Zwölf derselben können einem Musterblock zugeordnet werden.

Eine theologische Deutung: Gottes schöpferische Souveränität

Schaut man über den Tellerrand naturwissenschaftlicher Erkenntnisse, wird eine bewundernswerte Schöpfung erkennbar – ein „Fingerabdruck“ unendlicher göttlicher Weisheit und Genialität. Dies erinnert an die Formulierung des biblischen Schöpfungsberichts, dass der Mensch „Gott zum Bilde“ erschaffen worden ist (1. Mose 1, 26f). Mit dem persönlichen Siegel des Fingerabdrucks ist jeder Mensch einmalig, eine unwiederholbare Besonderheit, ein eigenes Abbild Gottes. Die Verknüpfung der einmaligen drei Grundmuster (Wirbel, Schleifen und Bogen) auf den Fingerendgliedern mit einem anderen körperlichen Merkmal, der Gesamtform der Fingerkuppe, zeigt Gottes unendlichen Erfinderreichtum: Milliardenfache Verschiedenheiten offenbaren dennoch so exakte individuelle Besonderheiten, dass eine persönliche Unverwechselbarkeit vorliegt. Einfach genial.

Literatur

- BONNEVIE K (1927) Die ersten Entwicklungsstadien der Papillarmuster der menschlichen Fingerballen. *Nyt. Mag. f. Naturv.* 65, 19–56.
- BONNEVIE K (1927–1932) Epidermispolster der menschlichen Finger und Zehen. *Zeitschrift für induktive Abstammungs- und Vererbungslehre* 62, 72–73.
- GALTON F (1892) *Finger Prints*. London: Macmillan and Co.
- JINXI LI et al. (2022) Genbasis unserer Fingerabdrücke identifiziert, Forscher finden die Gene, die das Grundmuster unserer Fingerrillen steuern. *Cell Press* 185, 95–112, doi:10.1016/j.cell.2021.12.008.
- KATZENMAIER U (1978) Diplomarbeit Universität Frankfurt, Arbeitsgruppe Anthropologie und Humangenetik: Zusammenhänge zwischen Fingerbeerenmustern und Form der Fingerendglieder.
- KATZENMAIER U (1980a) Zusammenhänge zwischen Fingerbeerenmustern und Form der Fingerendglieder, *Homo* 30, 12–23.
- KATZENMAIER U (1980b) Connections between Finger Print Patterns and the Form of Terminal Phalanges. *J. Human Evol.* 9, 631–636.
- KATZENMAIER U (2002) Formanalytische Untersuchungen über Zusammenhänge zwischen Mustertypen der Fingerbeeren und Form der Fingerendglieder. Dissertation zur Erlangung des Doktorgrades der Naturwissenschaftlichen Fachbereiche der Justus-Liebig-Universität Gießen, Seiten 1–77.
- MAVALWALA J (1977) *Dermatoglyphics – An International Bibliography*. Chicago.
- SALZER A (2019) Einzigartiger Nachweis. Öffentliche Sicherheit 7-8/19, 42–45, https://www.bmi.gv.at/magazinfiles/2019/07_08/daktyloskopie.pdf.

Intelligenter Frühmensch

Homo erectus mit ausgeklügelter Steinwerkzeugpräparationstechnik

Bei der Steinwerkzeugherstellung werden Abschlüge von Kernen gewonnen. Um bestimmte Zielabschlüge zu erhalten, müssen Kerne vorpräpariert werden. Da Kernpräparationstechniken besondere manuelle und kognitive Anforderungen an die Steinbearbeiter stellen, ergibt sich die Frage, wann diese Techniken in der menschlichen Geschichte zum ersten Mal nachweisbar sind.

Michael Brandt

Einleitung

Bei der Steinwerkzeugherstellung spielen *Kerne* eine wichtige Rolle. Dabei handelt es sich um Rohsteine oder Steinbruchstücke, von denen Splitter abgeschlagen werden. Die gewonnenen Abschlüge können sofort oder nach Bearbeitung als Arbeitsgerät eingesetzt werden. Es existieren jedoch auch technologische Verfahren, bei denen Kerne für bestimmte gewünschte Abschlüge zunächst vorbereitet werden müssen. Solche Kernpräparationstechniken weisen auf versierte technische und kognitive Fähigkeiten der Hersteller hin. Deshalb ist die Frage interessant, seit wann Kernpräparationstechniken bekannt sind und welche Menschen sie praktiziert haben. Darauf wird im Folgenden eingegangen.

Der Fundplatz Benot-Ya’aqov in Israel

GOREN-INBAR et al. (2000) berichten von Artefakten und ihrer Herstellung vom Acheuléen-Fundplatz Benot-Ya’aqov in Israel. Der Fundort wird auf 780.000 radiometrische Jahre (rJ) datiert und dürfte damit am ehesten von *Homo erectus* (KLEIN 2009), dem fossil frühesten nachgewiesenen Menschen, bewohnt gewesen sein. Dort wurden tausende Artefakte *in situ* entdeckt, d. h. in den Schichten, wo die Steinwerkzeuge ursprünglich abgelegt worden sind. Die Herstellung der *Bifaces* (zweiseitig bearbeitete Steinwerkzeuge wie Faustkeile und Cleaver¹)

erfolgte laut GOREN-INBAR und Kollegen hauptsächlich im Rahmen des Herstellungsverfahrens Kombewa², Levallois³ und anderen „opportunistischen Techniken“. Nach GOREN-INBAR et al. (2000) treten diese Techniken (und die systematische Ausbeutung von großen Abschlügen für die Herstellung von Bifaces) außerhalb Afrikas in Benot-Ya’aqov zum ersten Mal auf.

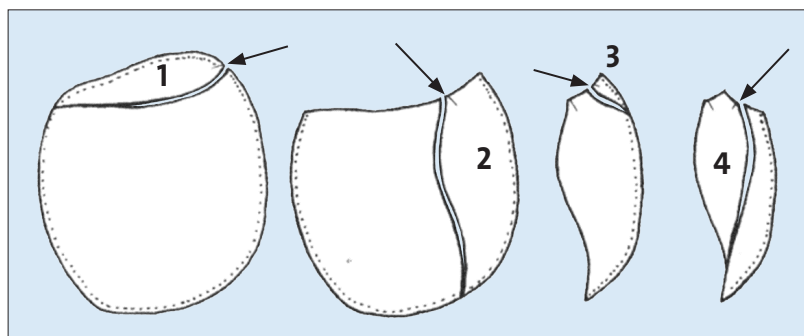
Leider gehen die Forscher nicht auf die von ihnen genannten Techniken näher ein. Wenn in Benot-Ya’aqov eine alle Kriterien erfüllende Levallois-Methode praktiziert worden wäre, dann müsste man das erste Auftreten des komplexen Levallois, das nach RICHTER (2012) erstmals um 400.000 rJ v. h. nachgewiesen ist, um fast 400.000 rJ vorverlegen. WALKER et al. (2013) beschreiben vom Fundplatz Cueva Negra del Estrecho del Río Quípar in Spanien, der wie Benot-Ya’aqov auf 780.000 Jahre datiert wird, eine Kernpräparationstechnik, die sie aber nicht als Levallois, sondern als „Levalloisian“ bezeichnen.

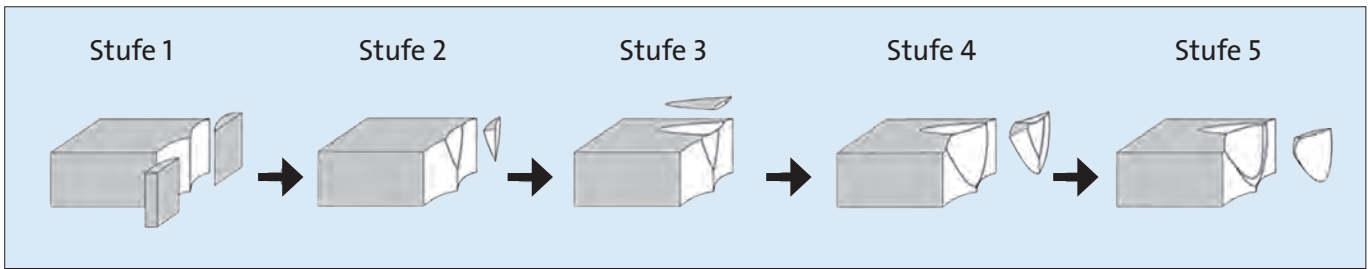
Die von GOREN-INBAR et al. (2000) erwähnte *Kombewa-Technik* ist eine einfachere Methode, die durch schlagtechnische Vorbereitungen auf einen einzigen Zielabschlag (Kombewa-Abschlag) angelegt ist (Abb. 1). Dabei wurde zunächst von einer gewölbten Knolle ein Splitter abgeschlagen. Die vom Abschlag auf der Knolle hinterlassene Narbe diente im Weiteren als primäre Schlagfläche.

Danach wurde von der Restknolle mit einem harten Schlag ein möglichst großer (Breit-)Abschlag hergestellt, der *Kombewa-Kern* genannt wird. Vom Kombewa-Kern wurde eine kleine Kante so abgehauen, dass dort eine neue Schlagfläche entstand und der konvexe ventrale Teil⁴ des Kombewa-Kerns als Abbaufäche genutzt werden konnte. Vom ventralen Teil des Kombewa-Kerns wurde dann ein Splitter, der *Kombewa-Abschlag*, durch Perkussion (Abschlagen) abgetrennt. Kombewa-Abschlüge wurden vorzugsweise zur Cleaver- und Faustkeilanfertigung hergestellt (FIEDLER 2012).

GOREN-INBAR et al. (2000) stellen fest, dass die Hersteller der Steinwerkzeuge von Benot-Ya’aqov *ausgefeilte technische Fähigkeiten* besaßen

Abb. 1 Schematische Darstellung zur Gewinnung eines Kombewa-Abschlags mit der Kombewa-Methode. **1** Erzeugung einer primären Schlagfläche, **2** Erzeugung des Kombewa-Kerns, **3** Schlagflächenanlegung am Kombewa-Kern, **4** Abtrennung des Kombewa-Abschlags = Zielabschlag. (AUS FIEDLER 2012, mit freundlicher Genehmigung)





und zu einer *fundierten Planung* in der Lage waren.

Ein noch älterer Fundplatz als Benot-Ya'aqov mit einer Kernpräparation befindet sich in China. Auf die dort praktizierte Technik wird im Folgenden eingegangen.

Der Fundplatz Cenjiawan in China

Im Jahr 2024 berichteten Dong-Dong MA und Kollegen von einer Kernpräparationstechnologie der Fundstätte Cenjiawan im Nihewan-Becken in China. Der Fundort wird auf 1,1 Millionen rJ datiert und ist damit der älteste Fundplatz mit *präparierter Kerntechnologie* in Eurasien.

Die Steinsammlung von Cenjiawan besteht aus Kernen, Abschlägen und Abschlagfragmenten, *retuschierten*⁵ Werkzeugen und geschlagenen Stücken.

Die Wiederauswertung der Steinprodukte hat ergeben, dass eine *komplexe Präparation* der Kerne mit Zielabschlägen erfolgte. Der ganze Prozess konnte in fünf Stufen nachvollzogen werden. Jede Stufe hat einen bestimmten Zweck.

Zunächst wird eine Führungsfläche für die späteren Abschläge geschaffen (Stufe 1). Danach wird diese Fläche durch kleine Abschläge geglättet (Stufe 2). Es folgt die Präparation der Schlagplattform (Stufe 3) und die Ablösung ei-

nes größeren vorbestimmten Abschlags (Stufe 4). Mit diesem Arbeitsgang entsteht eine flache Abschlagsoberfläche, von der dann relativ große und schlanke vorbestimmte Abschläge gewonnen werden (Stufe 5).

Abb. 2 zeigt ein idealisiertes Schema der Kernpräparationstechnik mit Gewinnung von vorbestimmten Abschlägen. In Abb. 3 wird eine wiederholte Vorbereitung und Ablösefolge von vorbestimmten Abschlägen auf der Basis der Zusammensetzung des Stein-Sets NS65 dargestellt.

Die Werkzeugherstellung am Fundplatz Cenjiawan kann wie folgt charakterisiert werden:

Die Abschlagstechnik folgte einem hoch standardisierten Arbeitsschema. Abschlagflächen und Schlagplattformen wurden sorgfältig konzipiert. Es bestand ein *hohes Verständnis* der Kernkonfiguration bezüglich der an ihnen vorgenommenen Abschläge. Auf diese Weise konnten regelmäßig geformte Abschläge mit identischen technologischen Merkmalen hergestellt werden (MA et al. 2024).

Die Kernpräparationstechnik mit Gewinnung gezielter standardisierter Abschläge und das standardisierte Muster der Werkzeugretusche⁶ erfordern nach MA et al. (2024) eine gründliche Planung, komplexe geistige Vorstellungen und ausgefeilte manuelle Fähigkeiten mit hoher Präzision.

Abb. 2 Idealisierter Schema der Kernpräparationstechnik mit Gewinnung von vorbestimmten Abschlägen in fünf Stufen. Jede Stufe hat einen bestimmten Zweck. Die Abtrennung der vorbestimmten Abschläge (Stufen 4 und 5) wurde durch Präparation sowohl der Schlagflächen (Stufen 1 und 2) als auch der Schlagplattform (Stufe 3) ermöglicht. (Grafische Bearbeitung Johannes WEISS, aus MA et al. 2024, mit freundlicher Genehmigung)

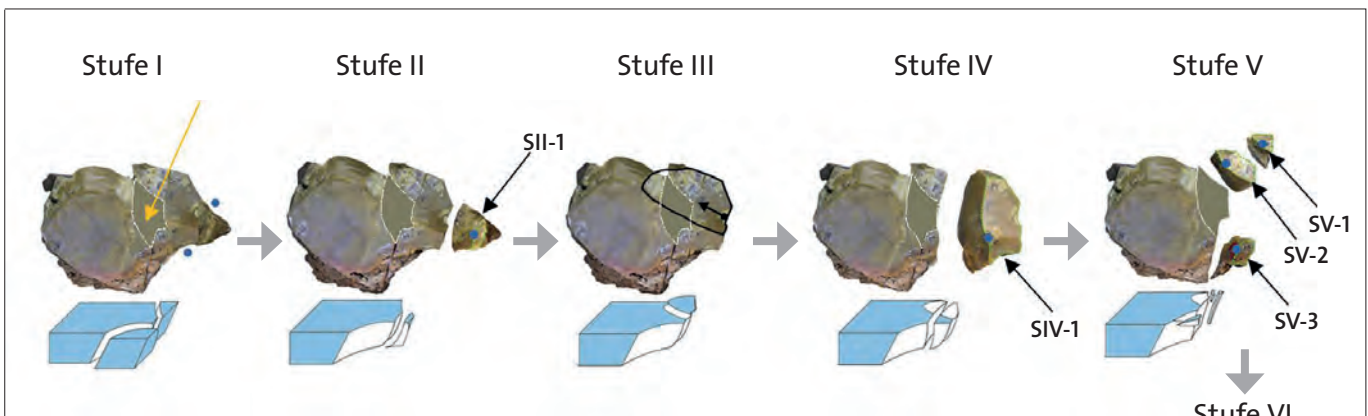


Abb. 3 Vorbereitung des Kerns und Ablösung eines vorbestimmten größeren Abschlags (Stufe 4) auf der Basis der Zusammensetzung des Stein-Sets NS65. **Stufe I:** Mit drei Abschlägen (nicht erhalten) wurde ein Grat auf der Abschlagsoberfläche geschaffen. **Stufe II:** Es erfolgte ein Abschlag (SII-1) vom Grat. Damit war eine flache Schlagfläche vorbereitet. **Stufe III:** Es erfolgte ein Abschlag von der Schlagplattform (nicht erhalten). Dadurch entstand an der linken Seite der Schlagnarbe ein Grat, der ungefähr senkrecht zur präparierten Abschlagfläche verläuft. **Stufe IV:** Mit einem Hammersteinschlag auf den Grat, der innerhalb der Schlagfläche präpariert worden ist, wurde ein relativ großer Abschlag (SIV-1) gelöst. Nach Ablösung des vorbestimmten größeren Abschlags erfolgte eine erneute Präparation der Abschlagfläche (**Stufe V**) mit Entfernung von drei relativ kleinen Splittern (SV-1, SV-2, und SV-3) von dieser Fläche. Anschließend erfolgte die Lösung eines weiteren großen Abschlags (**Stufe VI**), der nicht erhalten ist. (Grafische Bearbeitung Johannes WEISS, aus MA et al. 2024, mit freundlicher Genehmigung)

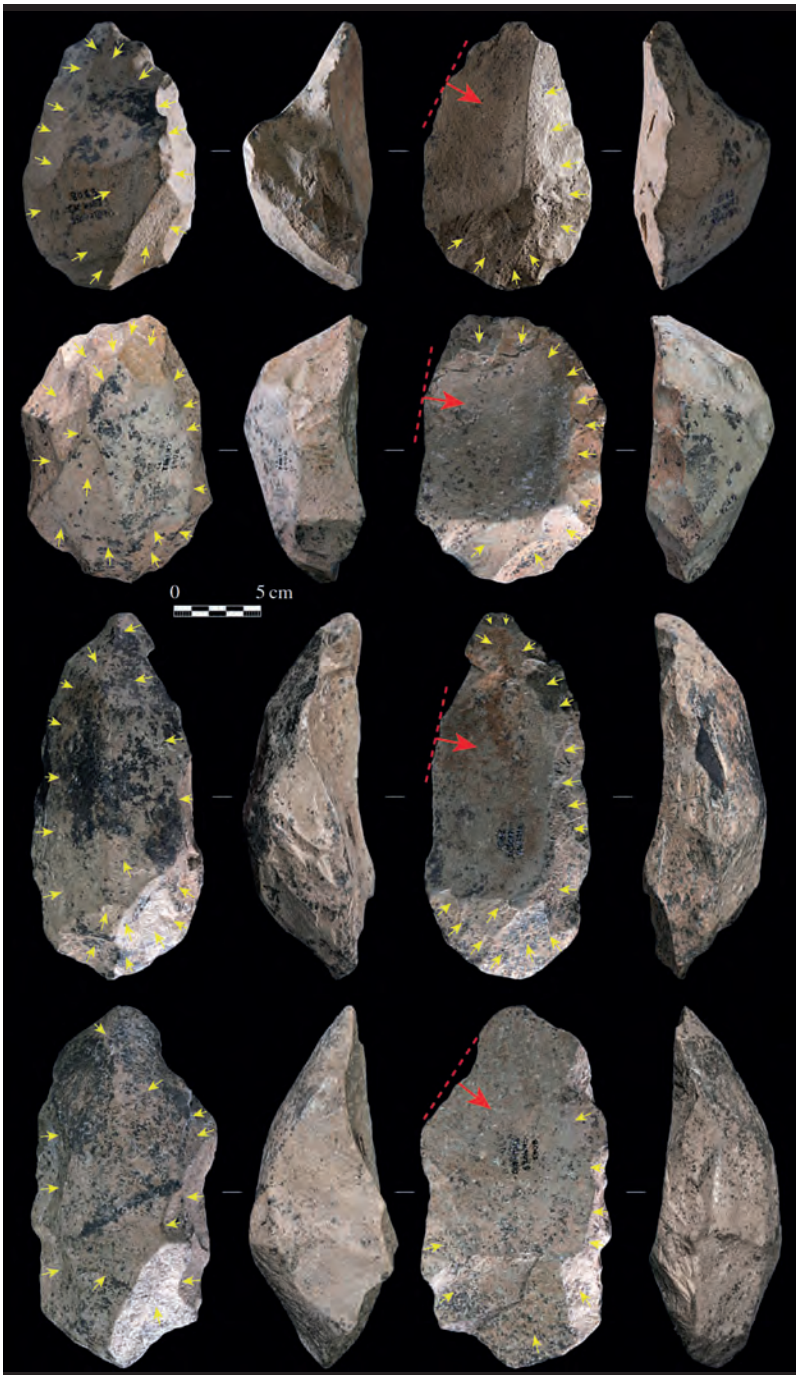


Abb. 4 Victoria-West-Kerne in der Ansicht (v. l. n. r.) von unten, links, oben und rechts. Die gelben Pfeile zeigen die Präparationsabschläge auf der Unter- und Oberseite, die roten Pfeile die Richtung des Schlages zur Ablösung des Zielabschlages und die rote gestrichelte Linie die Ausrichtung der Schlagplattform. (Aus Li et al. 2017, Fig. 3; © 2017 The Authors, CC BY 4.0 Deed, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Die Kernpräparationstechnik von Cenjiawan weist auf gründliche Planung, komplexe geistige Vorstellungen und ausgefeilte manuelle Fähigkeiten hin.

Aufgrund des Alters des Fundplatzes von 1,1 Millionen rJ kann nur der Frühmensch *Homo erectus* der Werkzeughersteller von Cenjiawan gewesen sein (vgl. KLEIN 2009; DONG 2016).

Es gibt noch einen weiteren sehr alten Fundplatz, an dem auch eine Kernpräparationstechnik vorgenommen wurde, die aber von der in Cenjiawan praktizierten Methode sehr verschieden war. Darauf wird im Folgenden näher eingegangen.

Der Fundplatz Canteen Kopje in Afrika

Im Jahr 2017 beschrieben Hao LI und Kollegen präparierte Kerne von Canteen Kopje, einem Fundplatz im zentralen Südafrika. Das Alter der Kerne wird auf 0,8 bis 1,1 Millionen rJ datiert (LI et al. 2017). Diese Kerne werden als *Victoria-West-Kerne* bezeichnet und sind schon seit den 1920er-Jahren bekannt (SHARON & BEAUMONT 2006).

Die Kerne wurden durch zahlreiche Absplittierungen und Anlage einer Schlagplattform zur Gewinnung nur eines Zielabschlages vorbereitet. Die Präparation ist sehr anspruchsvoll und wird im Folgenden nach LI et al. (2017) dargestellt.

Die Victoria-West-Kerne (Abb. 4) besitzen eine asymmetrische Form mit einer flachen Oberseite und einer gewölbten oder sogar pyramidenförmigen Unterseite. Das Volumen der Oberseite ist somit immer kleiner als das der Unterseite.

Die obere Seite des Kerns dient als Abschlagfläche zum Ablösen des vorgegebenen Abschlags. Die untere Seite dient als Schlagfläche für die Vorbereitung der oberen Fläche. Beide Seiten des Kerns haben also eine verschiedene Funktion. Der Kern kann deshalb während der Bearbeitung nicht umgedreht werden.

Die Victoria-West-Kerne sind typischerweise länglich konfiguriert, wobei an einem Ende der Längsachse zwei deutlich konvergierende Ränder zu einer Spitze zusammenlaufen. Von oben gesehen auf der linken Seite mehr zur Spitze hin befindet sich die Schlagplattform (rote gestrichelte Linie in Abb. 4).

Ein wichtiges Merkmal der Victoria-West-Kerne sind verschiedene Winkel von Ober- und Unterseite an den Seiten, die der Spitze und der Schlagplattform gegenüberliegen. Sie sind an der Unterfläche weniger spitz im Vergleich zur Oberfläche. Dieser Sachverhalt demonstriert eine *unterschiedliche Präparationsstrategie* für die Ober- und Unterseite. Einige Forscher vermuten, dass die unterschiedliche Abwinkelung im Zusammenhang mit einer effektiven Leitung der Stoßwelle steht, die während der Perkussion zu einer Entfernung des vorbestimmten Abschlags führt.

Zur Vorbereitung des großen Zielabschlages wurden viele kleine Abschläge an der Ober- und Unterseite regelmäßig zentripetal, d. h. zum Mittelpunkt hin, abgelöst (gelbe Pfeile in Abb. 4).

Der Hammerschlag zur Ablösung des Zielabschlages erfolgte immer senkrecht oder leicht schräg zur Schlagplattformebene (roter Pfeil in Abb. 4). Die Zielabschläge dienten zur Herstellung von Cleaver und Faustkeilen (Abb. 5).

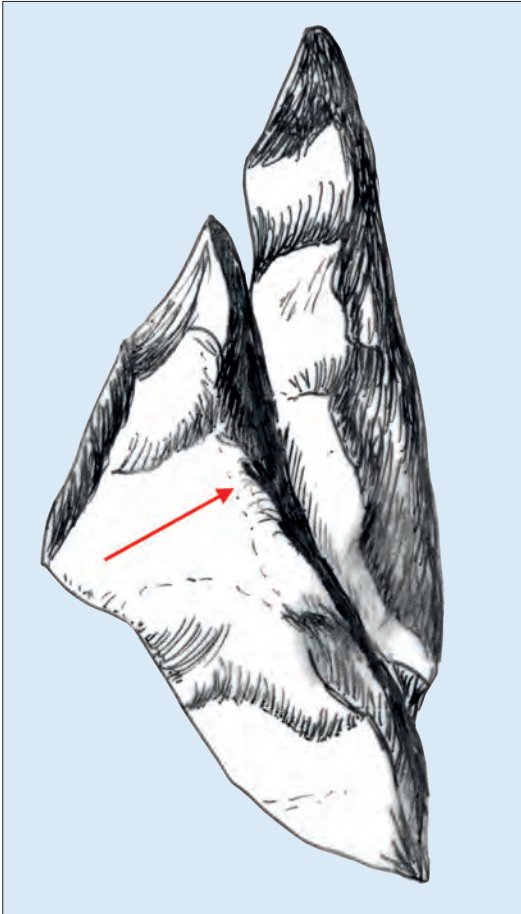


Abb. 5 Victoria-West-Kern, angepasst an einen Cleaver in der Ansicht von links. Der rote Pfeil zeigt die Schlagrichtung. (Zeichnung Gisela BRANDT nach SCHARON & BEAUMONT 2006)

Die Kernpräparationstechnik der Victoria-West-Kerne weist nach LI et al. (2017) große Ähnlichkeiten mit der Levallois-Technik auf. Es gibt aber auch Unterschiede zwischen beiden Methoden, weshalb die Victoria-West-Technologie als eigenständige Methode angesehen wird. Levallois ist gegenüber Victoria West vielfältiger in der Kernpräparation, den Zielabschlägen und der Verwendung der Abschläge als Werkzeuge.

Der systematische und standardisierte Präparationsprozess der Victoria-West-Kerne weist auf ein hochentwickeltes abstraktes Denken hin.

Der systematische und standardisierte Präparationsprozess der Victoria-West-Kerne lässt nach LI et al. (2017) vermuten, dass die damaligen Steinwerkzeughersteller über ein geistiges Konzept verfügten, das auf ein *hochentwickeltes abstraktes Denken* hinweist. Das datierte Alter des Fundortes Canteen Kopje von etwa 1 Million rJ lässt nur den Schluss zu, dass der Hersteller der Victoria-West-Kerne der Frühmensch *Homo erectus* gewesen ist (KLEIN 2009).

Resümee

Kernpräparationstechnologien sind an Fundplätzen mit einem datierten Alter von bis zu 1,1 Millionen rJ dokumentiert. Somit hat der fossil nachgewiesene früheste Mensch, *Homo erectus*, diese Methoden beherrscht. Da Kernpräparationstechnologien auf Planung, komplexe geistige Vorstellungen und ausgefeilte manuelle Fähigkeiten hinweisen, war *Homo erectus* dem modernen *Homo sapiens* kognitiv und manuell ebenbürtig. Dieser Befund unterstützt das Grundtypmodell der Schöpfungslehre, demzufolge der Mensch von Anfang an ein vollentwickelter Mensch war und sich lediglich im Rahmen von Mikroevolution (z. B. in die Menschenformen *Homo erectus* und *sapiens*) spezialisierte.

Der Frühmensch *Homo erectus* war dem modernen *Homo sapiens* manuell und geistig ebenbürtig.

Anmerkungen

- ¹ Große rechteckige Steinwerkzeuge mit einer großen und scharfen Schneidekante.
- ² Bei dieser Technik wird durch Perkussion von einer Knolle zunächst ein sehr großer Abschlag (Kombewa-Kern) gelöst und von diesem dann der Zielabschlag (Kombewa-Abschlag) gewonnen. Auf dieses Verfahren wird im Artikel näher eingegangen.
- ³ Der Steinkern wird aufwändig mit vielen Abschlägen für Zielabschläge vorbereitet. Das Grundprinzip der Kernpräparation des Levallois ist mit dem der Victoria-West-Kerne vergleichbar; Details werden im Artikel behandelt.
- ⁴ D. i. die nach innen gewandte Seite.
- ⁵ Sekundäre Bearbeitung von Flächen oder Kanten.
- ⁶ Auf die in MA et al. (2024) dargestellte Werkzeugretusche wird in diesem Artikel nicht eingegangen.

Literatur

- DONG W (2016) Biochronological framework of *Homo erectus* in China. *Quat. Int.* 400, 47–57.
- FIEDLER L (2012) Diskoide Kerne. In: FLOSS H (Hg.) *Steinartefakte. Vom Altpaläolithikum bis in die Neuzeit.* Tübingen, 237–244.
- GOREN-INBAR M, FEIBEL CS et al. (2000) Pleistocene milestones on the out-of-Africa corridor at Gesher Benot Ya'aqov Israel. *Science* 289, 944–947.
- KLEIN GR (2009) *The human career: human biological and cultural origins.* 3rd ed. Chicago.
- LI H, KUMAN K et al. (2017) The Victoria West: earliest prepared core technology in Acheulean et Canteen Kopje and implications for the cognitive evolution of early hominids. *R. Soc. Open sci.* 4, 170288.
- MA D-D, PEI S-W et al. (2024) Earliest Prepared core technology in Eurasia from Nihewan (China): Implications for early human abilities and dispersals in East Asia. *PNAS* 121, e2313123121.
- RICHTER J (2012) Das Levallois-Konzept. In: FLOSS H (Hg.) *Steinartefakte. Vom Altpaläolithikum bis in die Neuzeit.* Tübingen, 227–236.
- SHARON G & BEAUMONT P (2006) VictoriaWest: a highly standardized prepared core technology. In: GOREN-INBAR N & SHARON G (eds.) *Axe age: Acheulean tool making from quarry to discard.* London, 181–199.
- WALKER MJ, LÓPEZ-MARTÍNEZ M (2013) Cueva Negra del Estrecho del Ró Quípar (Murcia, Spanien): A Late Early Pleistocene hominin site with an “*Acheulo-Levalloiso-Mousteroid*” Paleolithic assemblage. *Quat. Int.* 294, 135–159.

Die Störartigen

Ein Missgeschick enthüllte einen „uralten“ Grundtyp

KÁLDY et al. (2020) kreuzten versehentlich den Russischen Stör und den Löffelstör. Damit hatte niemand gerechnet, da die beiden Arten zu unterschiedlichen Familien gehören, die aus evolutionärer Perspektive seit ca. 180 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) auseinanderentwickelt haben sollen. Eine Kreuzbarkeit nach so langer Trennung erschien zuvor unmöglich.

Benjamin Scholl

Einleitung

Störe sind weithin bekannt, da man aus den Eiern der Weibchen verschiedener Störarten den teuren Kaviar gewinnt. Dies hat leider dazu geführt, dass viele Störarten an den Rand der Ausrottung gebracht worden sind. Andererseits hat der Bedarf an Kaviar aber auch zu Kreuzungsexperimenten motiviert, die etwas Erstaunli-

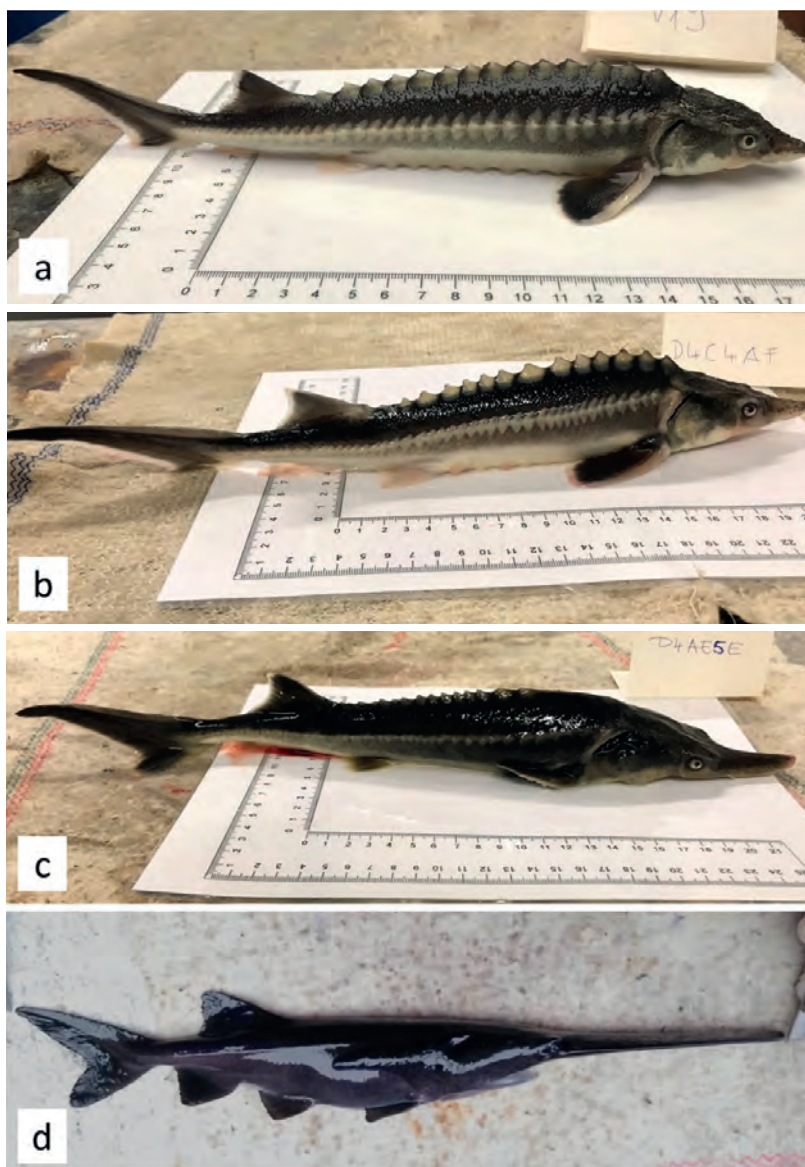
ches aus Grundtyp-Perspektive zutage gefördert haben: überlebensfähige Hybriden (Mischlinge) von Russischem Stör und Löffelstör.

Eine ungeplante Hybridisierung

Die Wissenschaftler um KÁLDY et al. (2020) wollten im Zuge der Forschung zur Kaviarge-winning *gynogene* Nachkommen bei Eiern des Russischen Störs (*Acipenser gueldenstaedtii*) erzeugen (S. 2f). *Gynogenese* ist eine Form der ungeschlechtlichen Vermehrung, bei der die Entwicklung des Eis durch einen bloßen Kontaktreiz mit einem – in dem Fall mittels Gamma-Strahlung inaktivierten – Spermium ausgelöst wird, sodass sich ohne Befruchtung ein Klon der Mutter entwickelt (der aber ggf. einen anderen Chromosomensatz aufweisen kann). Als Negativkontrolle wurden hierbei Spermien des Löffelstörs (*Polyodon spathula*) verwendet, die man gar nicht erst bestrahlt hatte, weil man aufgrund von evolutionären Überlegungen davon ausgegangen war, dass eine Hybridisierung der beiden Arten unmöglich sei: „Neben dem großen phylogenetischen Abstand (d. h. sie haben sich 184,4 Mio. Jahre auseinander entwickelt) unterscheiden sich die Vertreter der Polyodontidae [Löffelstöre] und Acipenseridae [Eigentliche Störe] auch in ihrer allgemeinen Morphologie (z. B. Vorhandensein von Schuppen, Struktur von Maul, Rostrum [„Schnauze“], Filterapparat) sowie in ihrem Fressverhalten, bevorzugten Lebensraum etc.“ (S. 2f). Zudem waren ja alle bisherigen Hybridisierungsversuche dieser beiden Spezies missglückt.

Zur Überraschung der Forscher entstanden trotzdem lebensfähige Hybriden. Die Befruchtungsrate (86–93 %), die Schlupfrate (78–85 %) und auch die Überlebensrate (49–68 %) nach 180 Tagen waren dabei im Vergleich mit den Elternarten nicht außergewöhnlich (S. 7). Mittels morphologischer (körperbaulicher) Messungen sowie Mikrosatelliten-Primer- und Chromoso-

Abb. 1 Einjährige Störe im Vergleich: (a) Russischer Stör, (b) Hybride mit großem Genom (pentaploid), (c) Hybride mit kleinem Genom (triploid) sowie (d) Löffelstör (KÁLDY et al. 2020, Fig. 4 ©, Licensee MDPI, Basel, Switzerland, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)



men-Analysen bei zehnmönatigen Hybriden konnte nachgewiesen werden, dass es sich um echte Hybriden handelt (S. 3f). Es gab dabei Hybriden mit kleiner Genomgröße (*triploid* = $3n$ mit ca. 156–174 Chromosomen; s. Abb. 1c) und solche mit großer Genomgröße (*pentaploid* = $5n$ mit ca. 304 Chromosomen; s. Abb. 1b) (S. 8).

Die Störartigen aus Grundtyp-Perspektive

Es gibt heute noch 25 bis 27 Arten von Störartigen (Ordnung Acipenseriformes), die in zwei Familien eingeteilt werden: nämlich die Störe (Acipenseridae) und die Löffelstöre (Polyodontidae) (BOWMAKER & LOEW 2008; KÁLDY et al. 2020, 2; SHIVARAMU 2019, 9). Sie alle besitzen nur ein unvollständig verknöchertes Skelett, die Schuppen des Rumpfes fehlen komplett oder sind stark reduziert.

Die Familie der Störe (Acipenseridae), zu der auch der Russische Stör gehört, zeichnet sich durch ihre haiähnliche (*heterocercale*) Schwanzflosse mit verlängerten oberen Schwanzlappen aus. Der langgestreckte, spindelförmige Körper ist von einer glatten, schuppenlosen Haut bedeckt und hat eine Panzerung von sogenannten Ganoidschuppen aus fünf Reihen (s. Abb. 1a). Die Schnauze ist abgeflacht und besitzt Barteln (Bartfäden). Die Familie der Störe kommt in der nördlichen Hemisphäre mit 23 bis 25 Arten vor. Manche ihrer Arten werden über drei Meter lang (vgl. SHIVARAMU 2019, 9; HILDE & GRANDE 2023, 190).

Die Löffelstöre (Polyodontidae) bestehen heute nur noch aus der einen Art Löffelstör (*Polyodon spathula*) – abgesehen vom wohl leider in den letzten Jahren ausgestorbenen Schwertstör

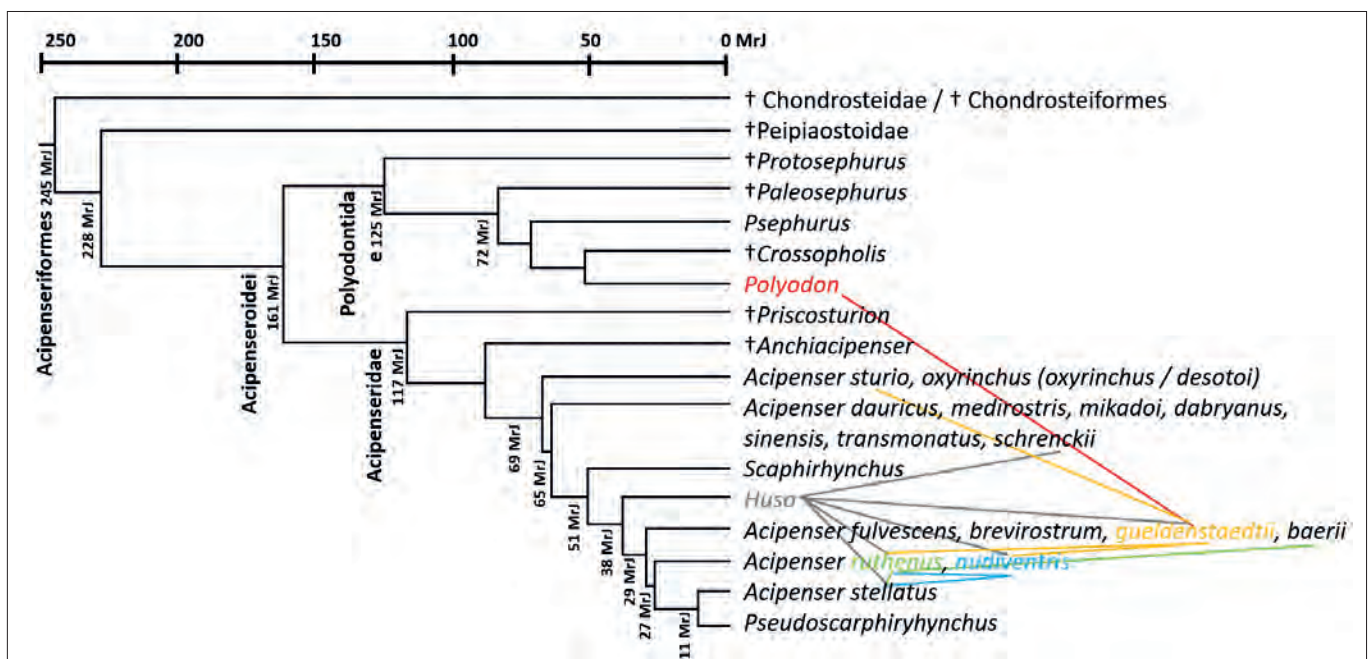
(*Psephurus gladius*). Beim Löffelstör ist, worauf der Name schon hindeutet, die lange Stirnpartie so weit verlängert und verbreitert, dass sie wie ein Löffel aussieht (s. Abb. 1d). Die Haut ist unbeschuppt und höchstens mit einzelnen kleinen Knochenkörnchen bedeckt. Die Schwanzflosse ist ebenfalls heterocercal (s. o.) und besitzt nur am oberen Lappen einige wenige Ganoidschuppen. Die *disjunkte* („zerstückelte“) Verbreitung von Löffel- und Schwertstör im Mississippi-River in den USA bzw. im Fluss Jangtsekiang in China spricht dafür, dass diese Familie aus evolutionärer Sicht sehr alt ist und im Mesozoikum (Trias, Jura und Kreide) einen gemeinsamen Ursprung hatte (s. u.).

Hybridisierungen sind trotz der großen Unterschiede hinsichtlich Chromosomenzahlen bei den verschiedenen Störarten möglich.

Bei den Stören waren bereits vor dem genannten Experiment 20 art-/gattungsübergreifende Hybriden bekannt (SHIVARAMU 2019, Tab. 3 sowie 13f) – aber noch keine familienübergreifenden (s. Abb. 2).¹ Dabei sind Hybridisierungen trotz der großen Unterschiede bei den Chromosomenzahlen bei den verschiedenen Störarten möglich.²

KÁLDY und Kollegen konnten nur deshalb diese Hybriden *versehentlich* erzeugen, weil sie von 184,4 Millionen Jahren getrennter Evolutionsgeschichte ausgegangen sind und somit keine genetische Kompatibilität der beiden Arten mehr erwarteten. Übrigens gibt SHEDKO (2022) eine ähnliche Divergenzzeit (Aufspaltungszeitraum) der Familien Löffelstöre und Störe von 162 MrJ (195–137 MrJ) an (s. Abb. 2).³

Abb. 2 Ein Cladogramm der Ordnung der Störartigen von SHEDKO (2022, Fig. 2; vereinfacht) samt Hybriden. Aufgrund fossiler Kalibrierungspunkte sind die radiometrischen Altersangaben der Divergenzzeiten aber wahrscheinlich etwas zu niedrig angesetzt. Jeweils mindestens eine Elternart der Hybriden ist zwecks Übersichtlichkeit farbig markiert. (Eigene Darstellung)



Die Kreuzung erfolgte nur, weil man annahm, dass nach 184,4 Millionen Jahren Evolutionsgeschichte keine genetische Kompatibilität mehr gegeben sei.

In Abb. 2 sind gattungsübergreifende Hybriden innerhalb der Störartigen in das mit einer Standard-Datierung versehene Cladogramm (Abstammungsschema) eingezeichnet. Es wird durch die Hybriden deutlich, dass mindestens alle Löffelstöre und Störe gemeinsam einen Grundtyp (Schöpfungseinheit) bilden (vgl. SCHERER 1993). Im Gegensatz zu evolutionären Erwartungen hat aber seit dem Unterjura bzw. Mitteljura keine wesentliche genetische Evolution stattgefunden, die die Hybridisierungsfähigkeit dieser beiden Familien von Störartigen unterbunden hätte. Damit sind die morphologischen und genetischen Unterschiede der Acipenseroiden (Unterordnung, die alle heutigen Störe umfasst) ein Beispiel für Artbildung innerhalb desselben Grundtyps, die möglicherweise auf vorprogrammierten Modulen beruht.

Alle Unterschiede zwischen den heutigen Störartigen sind ein Beispiel für Artbildung innerhalb desselben Grundtyps.

Fossilfunde zeigen: Die Störartigen sind „lebende Fossilien“

Auch Fossilfunde innerhalb der Ordnung der Störartigen belegen, dass es trotz vermeintlicher Evolutionsgeschichte von vielen Millionen Jahren kaum zu wesentlichen morphologischen Veränderungen kam. Störartige sollen nämlich mindestens 200 MrJ alt sein und aus dem unteren Jura stammen (KÁLDY et al. 2020, 2). Erst kürzlich wurde die Art *Gyrosteus mirabilis* (aus der ausgestorbenen Familie Chondrosteidae) aus der Ordnung der Acipenseriformes u. a. im norddeutschen Ahrensburg im Unterjura (Toarcium, ca. 183–174 MrJ) entdeckt (HORNUNG & SACHS 2020, 1f+4; vgl. FRICKHINGER 1991, 368).

Abb. 3 Die Gattung *Acipenser* ist fossil seit der Oberkreide bekannt; hier ist ein heutiger Sterlet (*A. ruthenus*) abgebildet. (Karelj, gemeinfrei)



Es ist aber umstritten, ob es fossil neben Stören und Löffelstören eine (KÁLDY et al. 2020, 2) oder eher doch zwei weitere ausgestorbene Familien der Acipenseriformes gab (HILDE & GRANDE 2023, 189; GRANDE & BEMIS 1996, Fig. 1; TSESSARSKY 2022, Fig. 1).

Störe und Löffelstöre sind seit der Blütezeit ihrer Überklasse der Knorpelganoiden, die sich bis in die Zeit des Jura erstreckte, „weitgehend unverändert“ geblieben (KLEESATTEL 2001, 124). Sie sind also „lebende Fossilien“. SHIVARAMU (2019, 9) spezifiziert: „Fossilien von Stören stammen aus der Zeit vor etwa 300 Millionen Jahren [...], und es wird angenommen, dass sie seit mehr als 200 Millionen Jahren [ihre] Merkmale beibehalten haben“. Und HILDE & GRANDE (2023, 190) schreiben: „Der Bauplan der heute lebenden Acipenseridae, der einen langgestreckten Körper, ein schwach verknöchertes Achsenskelett und einen stark heterocercalen [s. o.] Schwanz umfasst, der dorsal von rautenförmigen Schuppen begrenzt wird, ähnelt dem vieler fossiler Linien basaler Actinopterygier [Strahlenflosser], was ihnen den Beinamen ‚lebende Fossilien‘ einbrachte.“

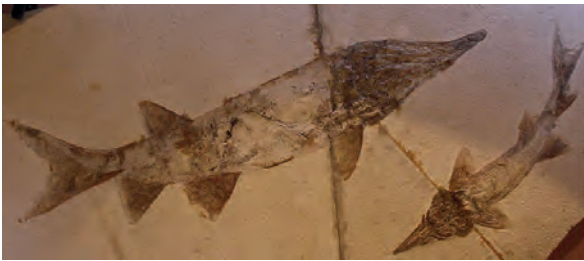
Die Familie der Störe (Acipenseridae) ist mindestens seit der unteren Oberkreide (Cenomanium: 101–94 MrJ) fossil nachgewiesen (VAVREK et al. 2014, 677f; vgl. NELSON et al. 2016, 119f; HILDE & GRANDE 2023, 190f). Die heutige Stör-Gattung *Acipenser* ist nach SEPKOSKI (2002) mindestens seit dem Campanium (ca. 84–72 MrJ) fossil bekannt. Die fossile Art *Acipenser praeparatorum* ist mindestens 72 MrJ alt (vgl. HILDE & GRANDE 2023).

Die Familie der Löffelstöre ist fossil mit der ausgestorbenen Art *Protosphephurus liui* aus der unteren Kreide bekannt (Barremium/unteres Aptium; vgl. GRANDE et al. 2002; NELSON et al. 2016, 119) – also seit ca. 125 MrJ. JENNINGS & ZIGLER (2009) geben für die Familie sogar ein fossiles Alter von ca. 135 MrJ an.

Löffelstöre und Störe sind auf Familien- und z. T. sogar auf Gattungsebene „lebende Fossilien“ aus der Kreide.

Fazit

Es zeigt sich, dass es in der praktischen Forschung sehr wohl einen Unterschied ergibt, ob man von einem evolutionären Langzeitrahmen oder von einem Schöpfungs-Kurzzeitrahmen ausgeht. Durch evolutionäre Voreingenommenheit entstanden Hybriden nur versehentlich. Dadurch konnte nachgewiesen werden, dass sich die genetischen Programme von Stören und Löffelstören seit angenommenen 162 bis



184 Millionen Jahren so wenig verändert haben, dass sie immer noch genetisch kompatibel sind.⁴ Dies bedeutet, dass auch alle Unterschiede zwischen den Familien der Störe und der Löffelstöre zu der Variationsbreite desselben Grundtyps gehören. Auch in morphologischer Hinsicht zeigt sich in diesem vermeintlich langen Zeitraum eine große Stabilität, wie Störgattungen und -familien als „lebende Fossilien“ belegen.

Die Forscher um KÁLDY hoffen übrigens, dass die Hybriden zwei für die Fischzucht relevante Merkmale vereinigen könnten: die lukrative Kaviarproduktion des Russischen Störs und die günstige Ernährung des Löffelstörs, der im Gegensatz zu den Stören nicht Fische, sondern Plankton frisst (S. 12f). Aus Schöpfungsperspektive ist es interessant, dass zwei verschiedene Ernährungsweisen wahrscheinlich ursprünglich genetisch im selben Grundtyp angelegt worden sind.

Anmerkungen

- ¹ Gattungsübergreifende Hybriden: *Huso huso* × *Acipenser gueldenstaedtii* / *A. ruthenus* / *A. nudiiventris* / *A. stellatus* / *A. persicus*; *H. dauricus* × *A. schrenckii*. Artübergreifende Hybriden: *A. gueldenstaedtii* × *A. nudiiventris* / *A. ruthenus* / *A. persicus* / *A. sturio*; *A. nudiiventris* × *A. stellatus* / *ruthenus*; *A. ruthenus* × *A. stellatus* / *A. baerii*; *Pseudoscaphirhynchus kaufmanni* × *P. hermanni*; *Scaphirhynchus albus* × *S. platorynchus* (SHIVARAMU 2019, Tab. 3).
- ² Wissenschaftler gehen nämlich davon aus, dass es in der Geschichte der Störe mindestens drei verschiedene *Polyloidie-Ereignisse* gab, also Ereignisse, bei denen der Chromosomensatz verdoppelt wurde (SHIVARAMU 2019, 13) – und zwar jeweils bei der Entstehung der folgenden 3 Gruppen:
 1. Spezies mit ca. 120 (112–152) Chromosomen: der Löffelstör *Polyodon spathula* sowie die Störe *Scaphirhynchus platorynchus*, *Huso huso*, *Acipenser nudiiventris*, *A. sturio*, *A. ruthenus*, *A. stellatus*, und *A. oxyrinchus*.
 2. Spezies mit ca. 250 (229–273) Chromosomen: der Russische Stör *Acipenser gueldenstaedtii* sowie die Gattungsgenossen *A. baerii*, *A. naccarii*, *A. transmontanus*, *A. mikadoi*, *A. medirostris*, *A. persicus*, *A. fulvescens*, *A. sinensis* und schließlich *Huso dauricus*.
 3. Spezies mit ca. 370 (364–378) Chromosomen: nur *Acipenser brevirostrum* (SHIVARAMU 2019, 9+Tab. 2).
- ³ Aufgrund der im Fließtext genannten Fossilfunde von *Acipenser* mit einem Alter von mindestens 72 MrJ könnte (zumindest in Bezug auf die Acipenseroiden) sogar noch einige MrJ in die Vergangenheit zurück kalibriert werden; die Aufspaltung der heutigen Acipenseridae läge damit früher als die von SHEDKO (2022) angegebenen 68 MrJ (93–47 MrJ).
- ⁴ Zu Mutationsraten: vgl. BORGER & SCHOLL 2024.

Literatur

- BORGER P & SCHOLL B (2024) Evolutionärer Stillstand bei „lebenden Fossilien“ auch auf molekularer Ebene. Genesisnet News vom 28.05.2024, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=340>.
- BOWMAKER JK & LOEW ER (2008) Vision in Fish. In: MASLAND RH et al. (eds.) *The Senses: A Comprehensive Reference*. Academic Press, 53–76.
- BROILI F (1933) Weitere Fischreste aus den Hunsrück-schiefern. Sitzungsberichte der mathematisch-naturwissenschaftlichen Abteilung der Bayerischen Akademie der Wissenschaften zu München. H. 2, Verlag der Bayerischen Akademie der Wissenschaften.
- FRIKCHINGER KA (1991) *Fossilien Atlas Fische*. Mergus, Verl. für Natur- u. Heimtierkunde Baensch.
- GRANDE L & BEMIS WE (1996) Interrelationships of Acipenseriformes, with Comments on “Chondrostei”. In: STIASNY MLJ, PARENTI LR & JOHNSON GD (eds.) *Interrelationships of Fishes*. Academic Press, 85–115.
- GRANDE L, JIN F, YABUMOTO Y & BEMIS WE (2002) *Protosphephurus liui*, a well-preserved primitive paddlefish (Acipenseriformes: Polyodontidae) from the Lower Cretaceous of China. *J. Vertebr. Paleontol.* 22, 209–237.
- HILDE EJ & GRANDE L (2023) Late Cretaceous sturgeons (Acipenseridae) from North America, with two new species from the Tanis site in the Hell Creek Formation of North Dakota. *J. Paleontol.* 97, 189–217.
- HORNUNG J & SACHS S (2020) First record of *Gyrosteus mirabilis* (Actinopterygii, Chondrosteidae) from the Toarcian (Lower Jurassic) of the Baltic Region. *PeerJ* 8, e8400, doi: 10.7717/peerj.8400.
- JENNINGS & ZIGLER (2009) Biology and Life History of Paddlefish in North America: An Update. *American Fisheries Society Symposium* 66, 1–22.
- KÁLDY J et al. (2020) Hybridization of Russian Sturgeon (*Acipenser gueldenstaedtii*, Brandt and Ratzeberg, 1833) and American Paddlefish (*Polyodon spathula*, Walbaum 1792) and Evaluation of Their Progeny. *Genes* 11, 753.
- KLEESATTEL W (2001) *Die Welt der Lebenden Fossilien. Eine Reise in die Urzeit*. Darmstadt: Wissenschaftliche Buchgesellschaft.
- NELSON JS, GRANDE TC & WILSON MVH (2016) *Fishes of the World*. 5. Ed. Hoboken: John Wiley & Sons, Inc.
- SCHERER S (1993) *Typen des Lebens*. Studium Integrale. Berlin: Pascal Verlag.
- SEPKOSKI J (2002) A compendium of fossil marine animal genera. *Bull. Am. Paleontol.* 364, 560.
- SHEDKO SV (2022) Molecular Dating of Phylogeny of Sturgeons (Acipenseridae). Based on Total Evidence Analysis. *Russian Journal of Genetics* 58, 718–729.
- SHIVARAMU S (2019) Hybridization of sturgeons. Ph.D. thesis. University of South Bohemia in České Budějovice. Faculty of Fisheries and Protection of Waters, ISBN 978-80-7514-095-1.
- TSASSARSKY AA (2022) Origin and Diversification of Acipenseriforms. *J. Ichthyol.* 62, 1361–1380.
- VAVREK M, MURRAY AM & BELL PR (2014) An early Late Cretaceous (Cenomanian) sturgeon (Acipenseriformes) from the Dunvegan Formation, northwestern Alberta, Canada. *Can. J. Earth Sci.* 51, 677–681.

Abb. 4 *Protosphephurus liui* (links) ist ca. 125 MrJ alt und stammt aus derselben Familie wie der heutige Löffelstör (*Polyodon spathula*; rechts). (Jonathan Chen, CC BY-SA 4.0; CCo)

Transposons: Konzipiert, um rasche Anpassungen der DNA zu bewirken?



Laut der neodarwinistischen Evolutionslehre generieren zufällige genetische Veränderungen wie Mutationen und Rekombinationen genetische Variationen, die durch natürliche Selektion ausgelesen werden können. Die Entdeckung von RNA-gesteuerten Mechanismen zur Veränderung der DNA, die durch Transposons vermittelt werden, zeigt, dass gezielte Umorganisationen des Erbguts zur Erzeugung von Variationen führen können. Diese Erkenntnis stellt die traditionelle Annahme über die Rolle des gängigen Mutations-Selektions-Mechanismus als die treibende Kraft der Evolution einmal mehr in Frage.

Peter Borger

Introbid Es ist schwierig, die Transposonaktivität zu visualisieren, da sie in der Regel nur die Feinabstimmung von Genexpressionsnetzwerken beeinflusst. Dennoch sind ihre Auswirkungen manchmal als phänotypische Variation (Unterschiede im Erscheinungsbild) sichtbar, wie hier bei der unterschiedlichen Färbung der Weintrauben. (Pixabay)

Mit einem Stern* versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Was ist Variation?

Die neodarwinistische Evolutionstheorie beruht im Kern auf der natürlichen Selektion (Auslese) und der genetischen Variation (Mechanismen zur Vielfaltserzeugung im Erbgut). Diese Variation soll in einem zufälligen, ungerichteten, natürlichen Prozess durch „genetische Fehler“ (Kopierfehler) entstehen. Sie bildet das Rohmaterial, auf das die natürliche Auslese wirkt. Ohne genetische Variation wären alle Individuen identisch und es gäbe keine Unterschiede im Überleben oder in der Fortpflanzung.

In der modernen Genetik versteht man unter Variation auch eine unterschiedliche Nutzung von Genen (Genexpression) durch die unterschiedliche Nutzung von *Promotoren* und *Enhancern* (Genkontroll-Elemente, die als genetische Schalter fungieren). Immer häufiger werden außerdem *Transposons** (DNA-Sequenzen, die sich im Genom bewegen können) als wichtige Ursache der Variation gesehen. Sie sind selbst Gensteuerungs-Elemente; ihre Einfügung in der Nähe bzw. innerhalb von Genen kann die Genexpression verändern. Dies liegt daran, dass ihre Position die normalen Funktionen von Promotoren oder Enhancern beeinflussen oder sogar neue regulatorische Elemente einführen

kann. Durch das Zusammenspiel von Promotoren, Enhancern und Transposons entsteht also eine komplexe Landschaft der Genregulation, die zur genetischen Variation und phänotypischen (körpergestaltlichen) Vielfalt beiträgt (BORGER 2023).

Im neodarwinistischen Rahmen gelten Mutation und Selektion als Hauptantrieb der Evolution. Dass diese beiden Faktoren *innovativ* sind, sehen allerdings auch manche Evolutionstheoretiker kritisch. Aber sind sie wenigstens bedeutsam für die Erzeugung von Variation? Es gibt eine wachsende Anzahl von Befunden, wonach vielmehr programmierte Mechanismen Variation erzeugen, was die Rolle der „genetischen Fehler“ als Quelle für Variation und der Selektion als Mittel ihrer Fixierung weiter deutlich herabstufte. Zwei neu entdeckte Mechanismen, die von Genen auf *Transposons** vermittelt werden, tun genau das: Sie erzeugen genetische Veränderungen (BORGER 2023). Diese Mechanismen erzeugen zwar neue genetische Zusammenhänge, aber *keine Innovationen*, erschaffen also keine neue genetische Information.

Zwei neuentdeckte Transposon-Mechanismen erzeugen zwar neue genetische Zusammenhänge, aber keine Innovationen.

Das Fanzor-Element

Kürzlich analysierten Wissenschaftler die Genome von etwa 22.500 Arten von Eukaryoten und entdeckten etwa 3.600 Enzyme, die mit Hilfe von RNA-Molekülen die DNA schneiden können. Diese Enzyme sind oft durch Transposons codiert, das sind mobile DNA-Segmente, die sich wie erwähnt innerhalb des Genoms bewegen können (JIANG 2023), und zwar durch einen Cut-and-Paste-Mechanismus (BORGER 2023). Eines dieser mit Transposons verbundenen Enzyme wird *Fanzor* genannt. Ursprünglich wurde Fanzor als Protein beschrieben, das die Aktivität oder Erhaltung von Transposons kontrolliert (KARVELIS & SIKSNYS 2023).

Fanzor ist eine RNA-gesteuerte DNA-Endonuklease*, d. h. ein DNA-schneidendes Enzym, das ein RNA-Molekül verwendet, um gezielt ein bestimmtes Gen (oder eine DNA-Sequenz) anzusteuern und es genau dort zu schneiden (SAITO 2023). Indem es Präzisionschnitte in der DNA vornimmt, arbeitet Fanzor wie ein akribischer Editor, der Fehler in der DNA findet und behebt. Dazu verwendet Fanzor eine sogenannte Leit-RNA, bekannt als OMEGA-RNA (s. u.), um die richtige Stelle in der DNA zu finden. Fanzor und die begleitende OMEGA-RNA werden von einem DNA-Transposon codiert und sind in allen untersuchten eukaryotischen Genomen zu finden (ALTAE-TRAN 2021).

Die von Transposons codierten RNA-gesteuerten Endonukleasen werden zusammenfassend als „obligate mobile element-guided activity“ (OMEGA) bezeichnet. Das häufige Vorkommen dieser Enzyme deutet darauf hin, dass RNA-gesteuerte Mechanismen weiter verbreitet sind als bisher angenommen. Die OMEGA-

RNA ist entscheidend für die zielgerichtete Funktionsweise von Fanzor als DNA-Editierwerkzeug, da sie bestimmt, wo die genetischen Veränderungen vorgenommen werden.

Ähnlich wie CRISPR/Cas-Systeme (Gentechnik-Methode zur gezielten DNA-Veränderung) kann das Fanzor-System von der Zelle auf eine Weise angepasst werden, sodass es genau bestimmte Stellen im Erbgut anvisiert. Experten glauben, dass diese Technologie das Potenzial hat, eine bahnbrechende neue Methode zur Bearbeitung von Genomen zu werden.

Das IS110-Element

IS110-Transposons sind DNA-Abschnitte, die sich selbst aus dem Genom herauschneiden und an eine andere Stelle im Genom einfügen können. Dies geschieht durch ein spezielles Enzym namens *Rekombinase*, das einen ringförmigen DNA-Abschnitt erzeugt, der dann an eine bestimmte Stelle im Genom, jedoch nicht in codierende Bereiche, eingefügt wird (DURRANT 2024).

Diese Transposons bewegen sich durch einen Cut-and-Paste-Mechanismus im Genom, ähnlich wie alle anderen DNA-Transposons, und hinterlassen keine Spuren an der ursprünglichen Stelle. Die IS110-Rekombinasen helfen Organismen auch dabei, DNA zu reparieren und neue Genkombinationen zu schaffen, was zu neuen genetischen Merkmalen führen kann.

Wie genau das IS110-Transposon so zielgenau ausgeschnitten und wieder eingefügt wird, war lange unklar. Nun hat man herausgefunden, dass die Rekombinase dabei von einem speziellen RNA-Molekül, einer sog. nicht-codierenden-(nc)RNA, unterstützt wird. Diese ncRNA

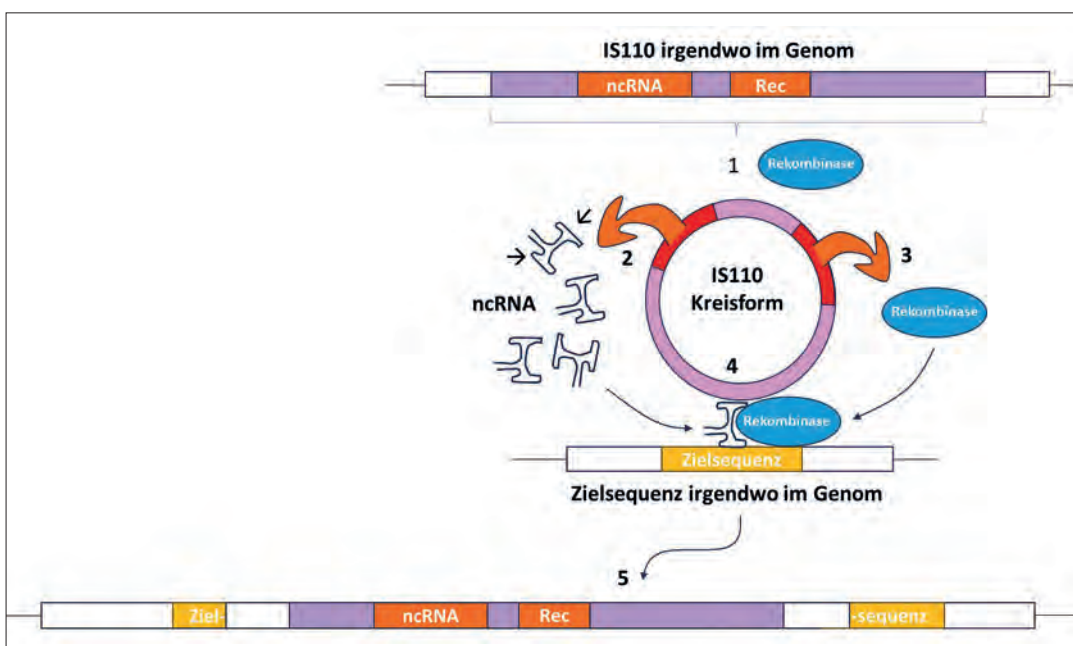


Abb. 1 Durch Rekombinase (Rec) wird das IS110 Element ausgeschnitten und ist danach kreisförmig vorhanden. **2** Das ncRNA-Molekül, das zwei Schleifen bildet (→), wird nun vermehrt abgeschrieben. **3** Das Rekombinase-Enzym wird abgeschrieben. **4** Die Schleifen der ncRNA binden den Donor (IS110) und das Ziel (im Genom). **5** Das Rekombinase-Enzym schneidet und rekombiniert die beiden DNA-Segmente. (© Peter Borger)

wird ebenfalls vom IS110-Transposon codiert (HIRAIZUMI et al. 2024). Wenn das IS110-Transposon in seiner ringförmigen Form vorliegt, fördert es die Produktion dieser ncRNA. Diese ncRNA hat zwei Bindungsschleifen, die einerseits die Donor-DNA (das Transposon selbst) und andererseits die Ziel-DNA (wo das Transposon eingesetzt werden soll) erkennen und zusammenbringen (Abb. 1). Dadurch funktioniert die ncRNA wie eine Brücke, die die beiden DNA-Stücke miteinander verbindet, damit die Rekombinase ihre Arbeit machen kann (HIRAIZUMI et al. 2024).

Die Forscher haben auch gezeigt, dass diese Bindungsschleifen der ncRNA so programmiert werden können, dass sie gezielt bestimmte DNA-Zielsequenzen erkennen, was eine präzise Rekombination ermöglicht (DURRANT 2024). Auch dieser Mechanismus, der natürlicherweise in unserem Genom vorkommt, wird von Experten als vielversprechender Ansatz für Gen-Editierung und Gentherapie betrachtet. Einer der Autoren der Arbeit verglich die Brücken-RNA mit einem universellen Stromadapter, der das IS110-Element mit jeder Steckdose – in unserem Fall mit jedem DNA-Abchnitt – kompatibel macht (RAMESH 2024).

Bindungsschleifen der ncRNA können so programmiert werden, dass sie eine präzise Rekombination von genetischen Elementen im Erbgut ermöglichen.

Überbleibsel von Viren?

Nach gängiger Meinung könnten mobile genetische Elemente wie die oben erwähnten DNA-Transposons Überreste alter viraler Infektionen sein (LEIB-MÖSCH et al. 1992). Forscher vermuten, dass sich im Laufe der Evolution Tausende von Viren in das Erbgut von Organismen integriert hätten, die anschließend *vertikal* (von Generation zu Generation) vererbt wurden. Der Name einer Gruppe dieser mobilen Elemente, der so genannten *endogenen Retroviren*, erinnert an die Deutung, der zufolge sie lediglich als nutzlose Überbleibsel alter viraler Invasionen angesehen werden. Im Laufe der Zeit sollen diese viralen Sequenzen Mutationen akkumuliert und ihre Fähigkeit verloren haben, sich unabhängig zu replizieren. Ihre Präsenz in Wirtsgenomen soll sich aber über Generationen hinweg als vererbte genetische Überbleibsel vergangener Infektionen gehalten haben.

Die ebenfalls verbreitete Sichtweise, es handle sich um egoistische DNA (DNA-Abchnitte, die sich trotz Nachteilen für den Orga-

nismus im Genom verbreiten), wurde in letzter Zeit hingegen zunehmend aufgegeben. Genetiker betrachten Transposons mittlerweile als einen wichtigen funktionalen und regulatorischen Teil des Genoms, und man hat eine positivere, sogar altruistische (selbstlose) Rolle für mobile genetische Elemente vorgeschlagen (FAULKNER & CARNINCI 2009; UPTON et al. 2011). Die Vorstellung von altruistischen DNA-Elementen ist jedoch nicht neu: Sie wurde vom Schöpfungswissenschaftler Todd WOOD (2002) aufgestellt und später ebenfalls von Evolutionsbiologen aufgegriffen.

Die Ansicht, dass es sich bei diesen Elementen um altruistische genetische Elemente handelt, unterscheidet sich grundlegend von der weitverbreiteten evolutionären Auffassung, dass es sich um egoistische Überbleibsel alter Viren handelt. Das Problem ist, dass nur diejenigen Transposons, die man als *endogene Retroviren* (ERV) bezeichnet, RNA-Viren ähneln, während alle anderen mobilen Elemente des Genoms nicht auf RNA-Viren zurückführbar sind (BORGER 2023). Zudem gibt es bisher keine überzeugenden Belege für eine *horizontale* Übertragung (d. h. nicht über Vererbung, sondern Einschleusung z. B. durch Viren) dieser genetischen Elemente, was der Annahme widerspricht, dass es sich um Überreste von Viren handelt. Der tatsächliche Ursprung dieser Elemente, die zusammen etwa die Hälfte des menschlichen Genoms ausmachen, ist völlig unbekannt. Fest steht nur, dass sie ein komplexer Bestandteil des Genoms sind (BORGER 2023).

Variation-induzierende genetische Elemente

Die Identifizierung von Fanzor und IS110-Mechanismen in sämtlichen untersuchten Eukaryoten deutet auf eine fundamentale Rolle bei allen Organismengruppen hin. Die Fanzor- und IS110-Transposons steigern die genomische Dynamik und helfen den Organismen, ihre DNA-Sequenzen zu rekombinieren. Wichtig ist dabei zu beachten, dass sie keine neuen genetischen Informationen einführen, sondern bestehende Informationen in einen neuen genetischen Kontext bringen. Auf diese Weise tragen sie auf einzigartige Weise zur Vielfalt im Genom bei.

Diese Erkenntnis hat erhebliche Auswirkungen auf unser Verständnis von genomischer Variation und Anpassung. Sie bietet einen *alternativen Mechanismus für genetische Variation*: Genomische Umlagerungen, d. h. Änderungen im Genom wie Insertionen (Einfügungen), Deletionen (Verluste) oder Inversionen (Abschnitts-

umkehrungen), sind für die genetische Vielfalt von sehr viel größerer Bedeutung als zufällige Punktmutationen. Fanzor und IS110 vermitteln weitere Mechanismen, die unabhängig von Zufallsmutationen genetische Variation erzeugen und nützliche genetische Veränderungen direkt in das Genom einführen. Man kann sie als Variation-induzierende genetische Elemente deuten (BORGER 2023).

Alternative Mechanismen für genetische Variation reduzieren die Rolle von Mutation und Selektion.

Konsequenzen für die Rolle der natürlichen Selektion

Traditionell wurde die natürliche Auslese als Haupttriebkraft der Evolution gesehen, die auf zufällige Mutationen warten muss, um dann vorteilhafte Merkmale begünstigen zu können. Die Existenz von variationserzeugenden Mechanismen deutet darauf hin, dass genetische Variation gezielter erzeugt werden kann, wodurch die Rolle zufälliger Mutationen und der natürlichen Selektion bei der Entstehung von Arten möglicherweise verringert wird. Bereits der britische Genetiker Reginald C. PUNNETT (1875–1967) hatte es zugespitzt so ausgedrückt: „Wenn die Neigung zur Variation festgelegt ist, wenn die Erzeugung von Variation gesetzmäßig bestimmt ist, dann sinkt die Bedeutung der natürlichen Selektion auf null.“ Dies trifft insbesondere dann zu, wenn die Aktivität von Transposons durch die Umwelt aktiviert werden kann, wie es bei Bakterien der Fall ist (CAPY 2000).

Darüber hinaus haben diese Mechanismen das Potenzial für eine *schnelle Anpassung*: Mit einer direkten Methode zur Erzeugung genetischer Veränderungen sind Organismen möglicherweise in der Lage, sich schneller an Umweltveränderungen anzupassen. Dies könnte zu viel schnelleren Artbildungen führen, als wenn dies allein durch Zufallsmutationen und natürliche Selektion erfolgen würde. Das Genom muss nicht darauf warten, dass zufällige Mutationen eintreten. Stattdessen scheint es darauf programmiert zu sein, selbst Variationen zu erzeugen, sodass sich die Lebewesen leicht und schnell an die Herausforderungen der Umwelt und die sich ändernden Bedingungen anpassen können. Das ist genau das, was man von einem Schöpfer erwarten würde, der vorausschauend plant.

Glossar

RNA: Ribonukleinsäure, eine Nukleinsäure, deren Hauptaufgabe darin besteht, als Bote zu fungieren, welcher die Anweisungen der DNA zur Steuerung der Proteinsynthese weiterleitet. Lediglich in einigen Viren trägt die RNA anstelle der DNA auch die genetische Information. Nicht-codierende RNA übt außerdem wichtige regulatorische Funktionen in Zellen aus.

RNA-gesteuerte DNA-Nuclease: Enzym, das mit Hilfe einer RNA eine DNA-schneidende Wirkung hat. Wenn Fehler in der DNA auftreten, kommen so-

genannte RNA-gesteuerte Endonukleasen ins Spiel, die als akribische Editoren fungieren. Sie identifizieren und korrigieren die Fehler.

Transposon: Genetisches Element (DNA-Sequenz), das sich im Genom umlagern und somit neue genetische Zusammenhänge erzeugen kann. Transposons werden derzeit als wichtige Triebkräfte für Anpassungen auf mikroevolutiver Ebene angesehen, aber auch als Triebkräfte für die großen phänotypischen Veränderungen postuliert, die für die Makroevolution erforderlich sein sollen.

Literatur

- ALTAË-TRAN H et al. (2021) The widespread IS200/IS605 transposon family encodes diverse programmable RNA-guided endonucleases. *Science* 374, 57–65.
- BORGER P (2023) Mobile genetische Elemente – Genetische Quellen der Anpassungsfähigkeit. *Stud. Integr. J.* 30, 13–21.
- CAPY P et al. (2000) Stress and transposable elements: co-evolution or useful parasites? *Heredity* 85, 101–106.
- DURRANT MG et al. (2024) Bridge RNAs direct programmable recombination of target and donor DNA. *Nature* 630, 984–993.
- FAULKNER GJ & CARNINCI P (2009) Altruistic functions for selfish DNA. *Cell Cycle* 8, 2895–2900.
- HIRAIZUMI M, PERRY NT, DURRANT MG et al. (2024) Structural mechanism of bridge RNA-guided recombination. *Nature* 630, 994–1002.
- JIANG K et al. (2023) Programmable RNA-guided DNA endonucleases are widespread in eukaryotes and their viruses. *Sci. Adv.* 9(39):eadk0171.
- KARVELIS T & SIKSNYS V (2023) Fanzors Mysterious TnpB-Like Bacterial Transposon-Related RNA-Guided DNA Nucleases of Eukaryotes. *CRISPR J.* 6, 310–312.
- LEIB-MÖSCH C et al. (1992) Expression and biological significance of human endogenous retroviral sequences. *Leukemia*. 6 Suppl. 3:72S–75S. PMID: 1602831.
- RAMESH S (2024) Scientists find naturally existing DNA editing tool in all life, say it increases scope beyond CRISPR, vom 28.06.2024, <https://theprint.in/science/scientists-find-naturally-existing-dna-editing-tool-in-humans-say-it-increases-scope-beyond-crispr/2151758/>.
- SAITO MG et al. (2023) Fanzor is a eukaryotic programmable RNA-guided endonuclease. *Nature* 620, 660–668.
- UPTON KR, BAILLIE JK & FAULKNER GJ (2011) Is somatic retrotransposition a parasitic or symbiotic phenomenon? *Mob. Genet. Elements* 1, 279–282.
- WOOD TC (2002) The AGEing Process: Rapid Post-Flood Intrabaraminic Diversification Caused by Altruistic Genetic Elements (Ages). *Origins* 54, 1–34, <https://www.grisda.org/assets/public/publications/origins/54005.pdf>.

Streiflichter

■ Segler unter den Vögeln mit spezieller Anatomie

Es ist faszinierend, segelnde Vögel beim Aufsteigen in warmen Luftmassen zu beobachten. Mühelos gleiten sie auf aufsteigenden Luftströmen, ohne mit den Flügeln zu schlagen. Segelflieger gibt es bei verschiedenen Vogelgruppen: Fischadler, Adler, Falken, Truthahngerier, Lachmöwen, Sturmvögel, Weißkopfseeadler oder Braunpelikane (Abb. 1). Vor Kurzem wurde nun eine anatomische Besonderheit entdeckt, die nur bei den segelnden Vögeln ausgebildet ist.

Schon lange ist bekannt, dass die Atmung funktionell mit der Fortbewegung verbunden ist und dass das Flattern die Versorgung mit der Atemluft verbessert. Solche Kopplungen erfordern eine systemübergreifende Planung. Die Bedürfnisse der Atmung und die Bedürfnisse beim Flug müssen gleichzeitig in den Blick genommen werden – eine schier unlösbare Aufgabe für blinde Naturprozesse. Solche Kopplungen kennzeichnen viele Konstruktionen bei den Lebewesen. So sind bei Fledermäusen beispielsweise die Ruf-erzeugung und der Flügelschlag gekoppelt.

Abb. 1 Segelnder Braunpelikan (*Pelecanus occidentalis*). (© Frank Schulenburg, CC BY-SA 4.0)



Bei den segelnden Vögeln wurde nun ein weiterer Zusammenhang zwischen Atmung und Fortbewegung entdeckt: Nicht nur unterstützt das Fliegen die Atmung, sondern auch das Atmungssystem die Flugmuskulatur von Segelfliegern. Vögel besitzen eine stationäre Lunge, durch die die Luft hindurchgepumpt wird. Dies erfolgt durch eine Reihe von Luftsäcken, die sich ausdehnen und entleeren. Von ihnen zweigen viele kleine Fortsätze ab, sogenannte *Divertikel*. Forscher um Emma SCHACHNER (2024) von der University of Florida entdeckten nun bei der Analyse von computertomographischen Scans, dass eine große Ausbuchtung zwischen dem Pectoralismuskel (dem Abwärtsschlagmuskel) und dem Supracoracoideusmuskel (dem Aufwärtsschlagmuskel) liegt. Beide Muskeln befinden sich auf der Vorderseite der Brust des Vogels. Die Ausbuchtung rührt von einem einzigartigen, bisher unentdeckten Luftsack her, dem sogenannten *subpectoralen Divertikel (SPD)*. Dessen Funktion untersuchte das Forscherteam anhand von Modellen, weil Untersuchungen im Flug des Vogels nicht durchführbar sind. Auf diese Weise konnten sie die Auswirkungen des Aufblasens des Luftsacks simulieren und zeigen, dass er eine biomechanische Funktion

ausübt, indem er den Hebelarm des Pectoralismuskels verlängert. Dadurch kann das SPD die Flugmechanik verbessern, ähnlich wie ein Schraubenzieher beim Öffnen einer Farbdose eine bessere Hebelwirkung hat als eine Münze. Zudem unterscheidet sich der Pectoralismuskel bei segelnden Vögeln deutlich von dem bei nicht segelnden Vögeln auf eine Weise, dass die Krafterzeugung verbessert wird. Die Forscher schließen, dass das Vorhandensein des SPD die Funktion des Pectoralismuskels optimiert, indem es den Vögeln hilft, während des Fluges eine stabile, horizontale Flügelposition beizubehalten.

Andere Möglichkeiten für die Funktion des SPD konnten ausgeschlossen werden. Das Kollabieren des neu entdeckten Luftsacks bei einem lebenden, betäubten Rot-schwanzbussard beeinflusste dessen Atmung nicht.

Das SPD und seine Funktion an sich sind schon bemerkenswert. SCHACHNER et al. (2024) konnten darüber hinaus durch eine Untersuchung von 68 Vogeltaxa aus 25 Vogelordnungen und 42 Vogelfamilien mittels Mikro-Computertomographie zeigen, dass sich das SPD mindestens sieben Mal unabhängig voneinander in verschiedenen Abstammungslinien im Zusammenhang mit dem Segelflug entwickelt haben müsste, wenn Evolution angenommen wird, und dass es in keiner der untersuchten Taxa ohne Segelflug vorhanden ist. Oder das SPD wurde aus Schöpfungsperspektive *einmal* erfunden und speziell bei Segelfliegern eingesetzt. Die siebenmalige unabhängige Entstehung des SPD passt nicht zu einer Entstehung durch zukunftsblinde evolutionäre Prozesse. Zugleich ist die Ähnlichkeit der speziellen Konstruktion bei den Segelfliegern ein Beispiel dafür, dass Ähnlichkeiten nicht ohne Zusatzannahmen als Indizien für gemeinsame Abstammung angesehen werden können.

[SCHACHNER ER, MOORE AJ, MARTINEZ A et al. (2024) The respiratory system influences flight mechanics in soaring birds. Nature 630, 671–676] R. Junker

■ Kannenpflanze: Evolution einer neuen Funktion?

„Zusammengesetzte Merkmale umfassen mehrere Komponenten, die erst durch ihre Kombination eine neue, synergetische Funktion erhalten. Daher bleibt es ein Rätsel, wie sie sich entwickeln.“ Mit diesen beiden Sätzen beginnt die Zusammenfassung eines in der Wissenschaftszeitschrift *Science* veröffentlichten Artikels (CHOMICKI et al. 2024). Das ist erstaunlich, denn unentwegt wird behauptet, es sei geklärt, wie die Evolution von Innovationen auf natürlichem Wege erfolgt. Das hier genannte „Rätsel“ ist immerhin eines der Standardargumente gegen Evolution.

Eine solche kritische Feststellung ist in *Science* allerdings kaum zu erwarten, wenn nicht auch eine Lösung angeboten würde. Worum geht es? CHOMICKI et al. (2024) haben eine interessante Entdeckung an zwei Arten der Kannenpflanze (*Nepenthes*) gemacht. Insgesamt sind ca. 120 Arten dieser in den Tropen beheimateten Pflanzengattung beschrieben. Bei den bis zu 50 cm hohen Pflanzen ist die Blattspreite einiger Blätter als flüssigkeitsgefüllte längliche Kanne mit einem Deckel ausgebildet, während der verlängerte Blattgrund als Blattspreite ausgebildet ist (Abb. 1). Bei der Flüssigkeit in der Kanne handelt es sich um Verdauungsflüssigkeit, die viele Enzyme enthält. Insekten, die am Kannenrand landen, purzeln leicht in die Kanne und werden aufgelöst. Es handelt sich also um eine fleischfressende Pflanze.

Bei der von CHOMICKI et al. (2024) berichteten Entdeckung geht es um den Kannendeckel. Die Forscher wiesen nämlich bei zwei nicht näher verwandten Arten (*N. gracilis* und *N. pervillei*) einen gleichartigen „Sprungbrett“-Mechanismus zum Fangen von Insekten nach, der bei den 40 anderen untersuchten Arten von Kannenpflanzen nicht ausgebildet ist: Ameisen, die an der Unterseite des Deckels herumkrabbeln, fallen bei Erschütterung durch Regentropfen in die Kanne. Damit das funktioniert, müssen drei unabhängige Eigenschaften zusammenkommen. Erstens muss der Deckel horizontal sein, damit die katapultierte



Beute in der Falle landet. Zweitens muss der Deckel wie eine Feder wirken, damit die Aufprallenergie des Regentropfens auf das Insekt übertragen wird. Und drittens ist die Unterseite des Deckels mit einer Schicht aus feinen Wachskristallen bedeckt, die ihm genau das richtige Maß an Gleitfähigkeit verleiht – griffig genug, damit die Insekten kopfüber unter dem unbeweglichen Deckel laufen können, aber auch rutschig genug, damit sie den Halt verlieren, wenn ein Tropfen auftrifft. Da alle drei Komponenten zugleich notwendig sind, bezeichnen die Forscher die Sprungbrettfalle als ein „zusammengesetztes Merkmal“.

Wie aber kommen die drei Merkmale ohne Koordination zusammen? Man wird hier an das Konzept der nichtreduzierbaren Komplexität erinnert, das im biochemischen Bereich durch Michael BEHE (1996) bekannt wurde. CHOMICKI et al. argumentieren damit, dass die drei erforderlichen Merkmale bei den *Nepenthes*-Arten ungewöhnlich variabel sind. Das sei die Basis dafür, dass zufällig einmal eine passende Kombination für den Sprungbrett-Mechanismus zustande kommt und dass dies sogar zweimal unabhängig (konvergent) passieren konnte.

Doch was wurde hier erklärt? Selbst wenn die Kombination der drei erforderlichen Merkmalsausprägungen zufällig erfolgt wäre, wird die Existenz der Merkmale vorausgesetzt. Ein reines Kombinationsereignis kann aber die *Herkunft* der Bauteile nicht erklären. Die Tatsache, dass die Kannenpflanzen-Ar-



Abb. 1 *Nepenthes gracilis* und *Nepenthes pervillei*. (Robert Tan Hung Huat, CC BY-SA 3.0; Urs Zimmermann, Switzerland (www.nepenthes.ch), CC BY 3.0).



Abb. 2 Kanne von *Nepenthes gracilis* mit Besuch der Ameise *Polyrhachis pruinosa*. Man erkennt die Wachskristallflächen an der inneren Kannenwand und an der Unterseite des Kannendeckels. (© 2012 BAUER et al. in PLoS ONE, <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038951>, CC BY 2.5)

ten häufig Mischlinge bilden, legt nahe, dass die Sprungbrett-Variante zum (mindestens potenziellen) Repertoire dieser Gattung gehört, was man aus einer Schöpfungsperspektive mit präexistenten Variationsprogrammen erklären könnte. Auch epigenetische Regulation (Genverschaltung) oder ein plastisches Reservoir (durch Umweltreize ausgelöste Ausprägungen) könnten ursächlich sein. In einem Kommentar stellt ELMER (2024) jedenfalls fest, dass CHOMICKI et al. die genetischen Varianten, die die von ihnen untersuchten Merkmale verursachen, nicht ermittelt haben.

Angesichts dieser Tatsachen ist die Schlussfolgerung von CHOMICKI et al. (2024, 113) nicht gerechtfertigt, das zufällige Zusammentreffen ferti-

ger Module als Vorbild für die Entstehung von Vogelfedern oder von Augen zu interpretieren. Vergleiche dieser Art sind völlig überzogen, da im Falle von Federn und Augen weitaus anspruchsvollere Anforderungen erfüllt sein müssen. Die Beobachtungen am „Sprungbrett“ und die geschilderte Hypothese erklären ohnehin nicht die Kannenfalle als solche, sondern – wenn überhaupt – nur einen Aspekt eines bestimmten Fangmechanismus, dessen einzelne Voraussetzungen schon vorhanden gewesen sein müssen.

[BEHE M (1996) Darwin's Black Box. New York • CHOMICKI G et al. (2024) Convergence in carnivorous pitcher plants reveals a mechanism for composite trait evolution. *Science* 383, 108–113 • ELMER KR (2024) Evolutionary paths to new phenotypes. *Science* 383, 27–28] R. Junker

■ Ein Pilz wie Dr. Jekyll und Mr. Hyde

Der von „Die Schatzinsel“ bekannte britische Autor Robert Louis Stevenson schrieb im Jahr 1886 die Novelle „Der seltsame Fall des Dr. Jekyll und Mr. Hyde“. Es geht darin um die makabre Doppelnatur eines Menschen, der sich immer wieder von einem freundlichen und sympathischen Gentleman „Dr. Jekyll“ in den ekelhaften und bösertigen „Mr. Hyde“ verwandelt. So wie in dieser Novelle funktioniert das im richtigen Leben glücklicherweise nicht. Aber es gibt Pilze, die an eine derartige Verwandlung erinnern. Die Rede ist von *saprotrophen* Pilzen, die zu einer räuberischen Lebensweise wechseln können.

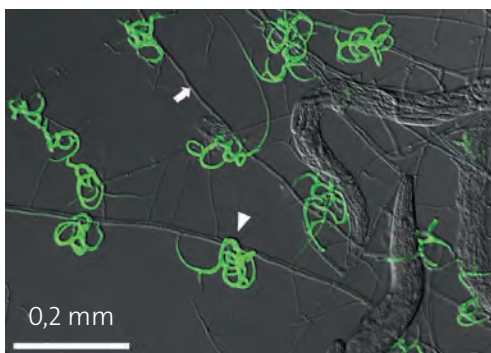


Abb. 1 Um Fadenwürmer zu erbeuten, legt der bodenbewohnende Pilz *Arthrotrichia oligospora* klebrige Fallen aus Pilzfäden aus; hier leuchtend gemacht mit Hilfe eines Fluoreszenzfarbstoffs. Die Fallen sind einige Zehntelmillimeter groß. Die Pfeilspitze zeigt eine Fallenzelle an, der Pfeil die vegetativen Pilzfäden. (Aus LIN et al. 2023, CC BY 4.0 Deed, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

Saprotrophe Lebewesen ernähren sich von toten verrottenden organischen Stoffen. Manche saprotrophe Pilze besitzen aber gleichsam eine zweite Natur und können sich bei Nährstoffmangel auf eine räuberische Lebensweise umstellen. Fleischfressende Pilze sind in unterschiedlichen Abstammungslinien zu finden, was gemäß evolutionstheoretischer Interpretation bedeutet, dass die räuberische Lebensweise *mehrfach unabhängig* voneinander entstanden ist. Dabei bilden die verschiedenen Pilzarten unterschiedliche Fangvorrichtungen, darunter Klebenetze, Säulen, Knoten, einschnürende und nicht einschnürende Ringe zum Fangen kleiner wirbelloser Tiere (LIN et al. 2023, 2).

Eine dieser saprotrophen Pilzarten, *Arthrotrichia oligospora*, wurde kürzlich genauer untersucht (LIN et al. 2023). Dieser bodenlebende Pilz kommt in Asien, Afrika, Amerika und Australien weit verbreitet vor. Bei Nährstoffmangel bildet *A. oligospora* spezialisierte Fangvorrichtungen: Netze und Schlaufen von Pilzfäden, die mit einer klebrigen Substanz überzogen sind, um damit Nematoden (Fadenwürmer) zu fangen. In die gefangenen Würmer treibt er weitere Pilzfäden, um seine Beute zu verdauen. Die Fadenwürmer erkennt er aufgrund ihrer Signalmoleküle, mit denen sie untereinander kommunizieren. Wenn der Pilz diese wahrnimmt, gibt er Nahrungsstoffe und Substanzen ab, die den Sexuallockstoffen des Fadenwurms ähneln, und lockt sie damit in sein *Myzel* (Gesamtheit aller fadenförmigen Zellen eines Pilzes).

Die Arbeitsgruppe um Hung-Chie LIN von der *Nationalen Akademie der Wissenschaften Taiwans* hat die molekularen Prozesse erforscht, die bei diesem dramatischen Wechsel der Lebensweise ablaufen. Sie untersuchten während verschiedener Stadien des Beutefangs – Erkennen, Anlocken, Beutefang und Verdauung – das Transkriptom des Pilzes, d. h. welche Teile der DNA in messenger-RNA (mRNA) übersetzt und somit genutzt werden. Es zeigte sich, dass die Aktivität hunderter Gene sowie die Proteinproduktion für die Erzeugung der Klebefallen

erhöht werden; außerdem wird die Zellteilung beschleunigt. Die benötigten Proteine spielen eine Rolle bei der Klebrigkeit, der Signalübertragung, der Erkennung des pH-Werts, der Kalziumaufnahme, der Zytoskelettstruktur, dem Stoffwechsel und bei weiteren Prozessen (LIN et al. 2023, 2). Etwa einen Tag nach dem Befall lässt der Pilz *Hyphen* (Pilzfäden) in den Wurm hineinwachsen. Nun wird die Produktion von Enzymen (Proteasen) hochgefahren, die für die Verdauung benötigt werden. Mit weiteren Molekülen kann er sehr wahrscheinlich das Immunsystem der gefangenen Würmer ausschalten. Die Forscher stellen fest, dass zahlreiche biologische Prozesse in jedem Stadium der räuberischen Lebensweise *feinabgestimmt* werden; es handle sich um komplexe molekulare und zelluläre Mechanismen (LIN et al. 2023, 2).

Kommentar und ein Blick in die Bibel. Pilzarten, die von einer saprophytischen auf eine räuberische Lebensweise umstellen können, haben gewissermaßen *zwei Gestaltsausprägungen* in ihrem Repertoire. Dafür erforderlich sind umfangreiche und komplexe Unterschiede in Physiologie, Genetik und Regulationsprozessen. In gewissem Sinne erinnert das an Lebewesen, die sich von einer Larvenform in die erwachsene Form verwandeln können. Beispiele wie diese könnten auch als Modell dafür dienen, dass es eine Welt ohne räuberische und parasitische Lebensweise gegeben haben kann, wie das der biblische Schöpfungsbericht für die Schöpfung *vor dem Sündenfall* nahelegt. Eine Umwandlung in eine Welt mit Fleischfressern und Parasiten benötigt keine Neuschöpfung, wenn die räuberischen Optionen bereits von Anfang an angelegt waren und dann durch Regulationsprozesse zur Ausprägung gekommen sind.

[LIN H-C, DE ULZURRUN GV-D et al. (2023) Key processes required for the different stages of fungal carnivory by a nematode-trapping fungus. *PLoS Biol.* 21(11): e3002400, <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.3002400>.] R. Junker

■ Explosive Fruchtwände beim Schaumkraut

Wenn Früchte reif werden, wird im Pflanzenreich manchmal scharf geschossen. Verschiedene Pflanzenarten sind in der Lage, auf unterschiedliche Weisen ihre Samen aus eigener Kraft wegzuschleudern, um auf diese Weise die Chance zu erhöhen, neues Terrain zu gewinnen. Die Botaniker sprechen von „Selbstausstreuern“. Dabei werden zwei sehr verschiedene geradezu gegensätzliche Techniken genutzt, die in Variationen zur Anwendung kommen: Schleuderbewegungen oder ein „Abschuss“ durch Austrocknung bzw. durch Saftdruck (*Turgor*). Aus der heimischen Flora dürfte das Springkraut (*Impatiens*) am bekanntesten sein, das bei uns in drei Arten vorkommt. Diese können ihre Samen durch eine Art Explosion mithilfe von Saftdruck ausschleudern. Weniger bekannt ist, dass auch die heimischen Schaumkraut-Arten, darunter das häufig vorkommende Wiesen-Schaumkraut, ihre Samen auf ähnliche Weise verbreiten.

Eine Forschergruppe der Eberhard Karls Universität Tübingen hat den Schleudermechanismus des unscheinbaren, weiß blühenden Behaarten Schaumkrauts (*Cardamine hirsuta*) genauer untersucht und komplizierte Verhältnisse angetroffen. Der Mechanismus war bisher nicht bekannt und funktioniert wie eine Art Muskel.

Das Behaarte Schaumkraut (Abb. 1) wird ca. 10–30 cm hoch, blüht bereits ab März und ist häufig an lückigen Wegrändern und auf wenig bewachsenen Böden (Ruderal-Standorte) anzutreffen. Seine Früchte sind als zweiklappige längliche Schoten mit einer zusätzlich eingezogenen Scheidewand ausgebildet (Abb. 2). Darin befinden sich zahlreiche linsenförmige Samen. Während des Wachstums der Fruchtklappen wird eine Spannung aufgebaut. Bei Überschreiten einer kritischen Schwelle reißen die Fruchtklappen entlang ihrer Spaltzone ab und rollen sich explosionsartig auf, wodurch die Samen herausgeschleudert werden.



Abb. 1 Blütenstand des Behaarten Schaumkrauts (*Cardamine hirsuta*). Die Blüten sind nur einige Millimeter groß. (Foto: R. Junker)

Der Spannungsaufbau erfolgt durch einen komplizierten Mechanismus, der auch durch die neuen Forschungen bisher nur teilweise verstanden ist. Die Spannung wird durch die aktive Kontraktion der wachsenden Zellen in der äußeren Schicht der Fruchtklappen (*Exokarp*) erzeugt. Eine Neuausrichtung der *Mikrotubuli* in der Zellrinde des Exokarps verändert die Ausrichtung der winzigen *Zellulosefasern* in der Zellwand und das daraus resultierende zelluläre *Wachstumsmuster*. Dabei fungieren die röhrenförmigen Proteinkomplexe namens Mikrotubuli als Strukturhelfer in der Zelle, die eine Art Schienensystem bilden, um den Aufbau der Zellulosefasern zu leiten.

Von der Anordnung der Zellulosefasern in der Zellwand hängt wiederum die Form der Zellen des Exokarps ab. Die Fasern an sich lassen sich kaum strecken, was dazu führt, dass die Zelle rechtwinklig zu den Zellulosefasern weiter zuwächst. Die Zellulosefasern sind genau so angeordnet, dass die Zellen beim Wachsen „eine spezifische Form annehmen, die durch den Zellinnendruck eine Kontraktion des ganzen Gewebes bewirken. Das ist ähnlich wie bei einem Muskel von Mensch oder Tier, der sich kontrahiert“, erklärt eine der leitenden Forscherinnen, Gabriella MOSCA, in einer Pressemitteilung (<https://idw-online.de/de/news828706>, vom 15.02.2024). Eine kreuzweise Anordnung der Zellulosefaser-Lamel-



Abb. 2 Die Scheidewand der länglichen Schoten von *Cardamine hirsuta* und die beiden davon abgelösten und aufgerollten Fruchtklappen mit herausgeschleuderten Samen. (Foto: R. Junker)

len erhöht die sich entwickelnde Spannung in wachsenden Zellen zusätzlich, denn „wenn die Zellen mit gekreuzt statt parallel angeordneten Zellulosefasern wachsen, bauen sie umso mehr Kraft auf“, erklärt MOSCA. Dieses kreuz und quer verlaufende Muster sei entscheidend für die Funktion des Schleudermechanismus. Auch bei der Herstellung von Sperrholz machen sich Menschen diesen Mechanismus zunutze, um möglichst hohe Stabilität und Flexibilität zu erreichen: Es gibt mindestens drei Lagen, die kreuzweise miteinander verklebt werden, sodass die Fasern im rechten Winkel zueinander stehen.

Kommentar: Der Mechanismus, der zum Spannungsaufbau in den Fruchtklappen führt, ist ausgeklügelt und erfordert *feine Abstimmungen* der Ausrichtung der Mikrotubuli, der daraus resultierenden Ausrichtung der Zellulose-Mikrofasern in der Zellwand, deren kreuzweiser Anordnung und des sich daraus ergebenden Wachstums der Zellen des Exokarps. Das System kann offensichtlich nur funktionieren, wenn die wesentlichen Bestandteile passend ausgebildet sind. Ein evolutiver schrittweiser Aufbau über viele Generationen hinweg erscheint unmöglich, da über weite Strecken ein Selektionsvorteil nicht erkennbar und damit eine Auslese nicht möglich ist.

[MOSCA G, ENG RC et al. (2024) Growth and tension in explosive fruit. *Curr. Biol.* 34, 1010–1022] R. Junker

■ **Der Evolution auf die Sprünge helfen**

Bis heute gilt die „RNA-Welt“ als eines der beliebtesten Modelle für den „primitiven“ Anfang des Lebens (GILBERT 1986). Der Grund dafür ist die Fähigkeit von RNA-Molekülen, sowohl genetische Information zu speichern, als auch chemische Reaktionen zu beschleunigen (Katalyse). Dagegen können DNA-Moleküle lediglich Information speichern und Proteine sind auf die Katalyse beschränkt.

Es sind bereits viele Versuche unternommen worden, die RNA-Welt-Hypothese experimentell zu bestätigen. Der Ansatz, RNA-Moleküle in Abwesenheit von Enzymen zu replizieren, erwies sich als chemisch außerordentlich anspruchsvoll und konnte nur mithilfe von ausgefeilten Verfahren im Labor bewerkstelligt werden (DECK et al. 2011; SCHMIDTGALL 2013). Neuere, verfeinerte RNA-Welt-Hypothesen erwiesen sich ebenfalls als unrealistisch und beruhen auf der Betrachtung hochgradig artifiziieller chemischer Systeme (HERNANDEZ & PICCIRILLI 2013; SCHMIDTGALL 2014).

Kürzlich hat die Forschungsgruppe um Gerald JOYCE die Ergebnisse einer Arbeit zur „Evolution katalytisch aktiver RNA“ veröffentlicht (PAPASTAVROU et al. 2024). Darin vergleichen sie zwei durch „gerichtete Evolution“ erhaltene Ribozym-Polymerasen (katalytisch aktive RNA-Moleküle) hinsichtlich ihrer Fähigkeit, das Hammerhead-Ribozym zu vervielfachen – ein RNA-Molekül, das andere RNA-Moleküle spaltet. Von der stärker fehleranfälligen Variante der Ribozym-Polymerase wurde schon früher berichtet. In der aktuellen Veröffentlichung stand die Leistungsfähigkeit der deutlich verbesserten Variante im Vordergrund. Auf den unbedarften Leser können die Ausführungen zunächst den Eindruck erwecken, hier sei im Labor durch natürliche Evolution eine Höherentwicklung der Ribozym-Polymerase erreicht worden, die eine verbesserte Fitness zur Folge hatte. Ist damit die RNA-Welt-Hypothese tatsächlich plausibilisiert worden?

Bei näherer Betrachtung des Schlüsselbegriffs „gerichtete Evolution“ und der experimentellen Daten ergibt sich jedoch ein anderes

Bild. Unter „gerichteter Evolution“ versteht man eine Labormethode zur Herstellung von biologischen Kettenmolekülen wie Proteinen oder RNA durch wiederholte Zyklen aus Mutationen und Selektion an Makromolekül-Bibliotheken (große Zahl verschiedener Varianten) (VIDAL et al. 2023). Mutierte Varianten von RNA-Molekülen werden meistens durch Vervielfältigung (Replikation) mit einem speziellen, fehleranfälligen Kopierverfahren erhalten – der Polymerase-Kettenreaktion mit einer weniger effizienten RNA-Polymerase. Auf diese Weise wird die natürliche Mutationsrate beschleunigt, um in einem akzeptablen Zeitrahmen zu Ergebnissen kommen zu können. Die Identifikation der gewünschten Varianten erfolgt durch verschiedene Methoden, die allgemein als „Screening“ oder „Selektion“ bezeichnet werden. Beim „Screening“ werden alle erhaltenen Varianten auf bestimmte chemische oder physikalische Eigenschaften hin untersucht. Das kann z. B. die Beschleunigung bestimmter chemischer Reaktionen sein oder die Fähigkeit der Fluoreszenz (Protein emittiert Licht nach Aufnahme von Energie). Bei der „Selektion“ werden die gesuchten Varianten durch Bindung an andere Moleküle gezielt von den anderen Molekülen getrennt. Bei dem Verfahren handelt es sich also offenkundig um ein reines Laborexperiment, das nur entfernt etwas mit dem natürlichen Evolutionsvorgang gemeinsam hat. Sowohl die Vorgabe der fehleranfälligen Polymerase für die Synthese der Ribozym-Varianten als auch das labortechnische Auswahlverfahren der RNA-Varianten entsprechen in keiner Weise einem „natürlichen“ Evolutionsvorgang.

Abgesehen davon zeigte das Experiment, dass das Hammerhead-Ribozym nach acht durch die Ribozym-Polymerasen bewirkten Kopierzyklen weniger gut RNA-Moleküle spaltete als vorher. Es kam also zu teilweise Funktionsverlust, wenn auch in unterschiedlichem Ausmaß. Beim Einsatz der weniger effizienten Polymerase verlor das Hammerhead-Ribozym seine Funk-

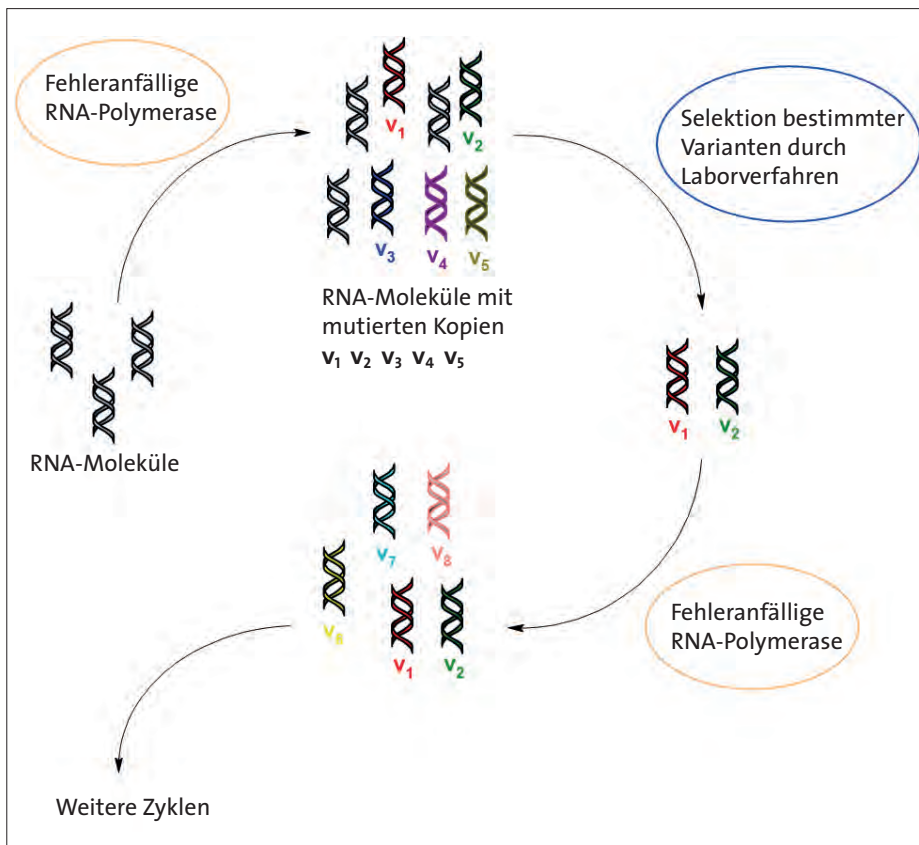


Abb. 1 Vereinfachtes Schema der gerichteten Evolution von RNA-Molekülen.

tion nahezu vollständig, bei der verbesserten Polymerase teilweise. Dass im zweiten Fall die Kopierbarkeit des Hammerhead-Ribozyms zunahm, dürfte hierbei wenig relevant sein. Das Ergebnis sieht eher nach Degeneration als nach Höherentwicklung aus. Es scheint also alles andere als leicht zu sein, der molekularen Evolution auf die Sprünge zu helfen.

[DECK C, JAUKER M & RICHERT C (2011) Efficient enzyme-free copying of all four nucleobases template by immobilized RNA. *Nature Chemistry* 3, 603–608 • GILBERT W (1986) The RNA world. *Nature* 319, 618 • HERNANDEZ AR & PICCIRILLI JA (2013) Prebiotic RNA unstick. *Nat. Chem.* 5, 360–361 • PAPASTAVROU N et al. (2024) RNA-catalyzed evolution of catalytic RNA. *PNAS* 121, e2321592121 • SCHMIDTGALL B (2013) Enzymfreie Replikation im Labor – ein plausibles Modell für erste Replikationssysteme? *Stud. Integr. J.* 20, 48–51 • SCHMIDTGALL B (2014) RNA-Welt: Krise überwunden? *Stud. Integr. J.* 21, 22–28 • VIDAL LS et al. (2023) A primer to directed evolution: current methodologies and future directions. *RSC Chem. Biol.* 4, 271] B. Schmidtgall

■ Wie die DNA ständig entknotet wird

Kaum jemandem dürfte die Beobachtung entgangen sein, dass helixförmige Telefonkabel sich mit der Zeit an einigen Stellen entwinden oder beim unwillkürlichen Drehen des Hörers verwinden, sodass übergeordnete Schleifen entstehen. Durch gezieltes Rotieren des Hörers in einer bestimmten Richtung können die Verdrillungen wieder rückgängig gemacht werden – von selbst lösen sie sich aber nicht.

Ein vergleichbarer Sachverhalt begegnet uns bei der Betrachtung von Erbgutmolekülen. Im Unterschied zu Telefonkabeln ist die DNA jedoch eine Doppelhelix – ein aus zwei Strängen bestehendes spiralförmiges Kettenmolekül. Es enthält die für die Proteinbiosynthese erforderliche Information, die von bestimmten Enzymen unter Entwinden und erneutem Verwinden der Doppelhelix abgelesen wird. Beim Entwinden der DNA kommt es zum Aufbau einer Torsionsspannung – analog zum verdrehten Telefonkabel – und folglich zur Bildung übergeordneter Schleifen in benachbarten Berei-

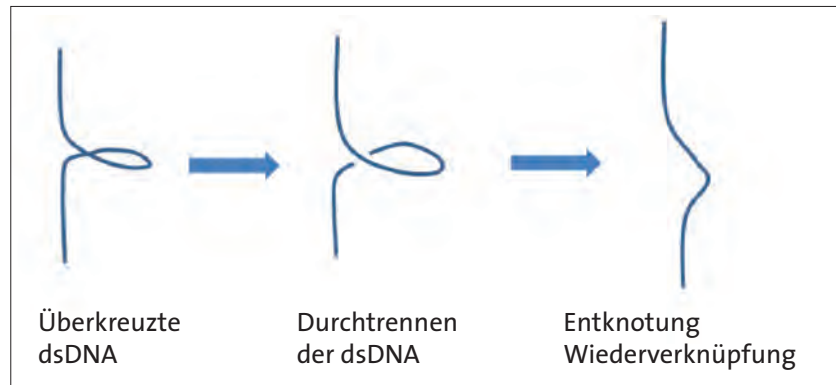


Abb. 1 Schematische Darstellung der Wirkung von Topoisomerasen. Die Doppelstrang-DNA (dsDNA) liegt zunächst überkreuzt vor. Die Topoisomerase trennt an einer Stelle den Strang durch und führt anschließend den anderen Strangteil durch die „Lücke“. Nach der Durchführung wird die dsDNA wieder verknüpft und die übergeordnete Schleife entspannt.

chen der Replikationsblase (wo das Ablesen der DNA stattfindet). Solche Schleifen werden auch als „supercoils“ bezeichnet und ihre Auflösung stellte schon seit über vierzig Jahren ein Rätsel in der molekularbiologischen Forschung dar. Supercoils müssen schnell aufgelöst werden, da es anderenfalls zur Bildung von Knoten kommen kann, was für den Ablesevorgang (Transkription) und damit für die gesamte Zelle fatal wäre (DEIBLER et al. 2007).

BROWN und COZZARELLI schlugen bereits im Jahr 1979 aufgrund von Untersuchungen an *E.-coli*-Bakterien vor, dass als Topoisomerasen bezeichnete Enzyme für das Verhindern der Knotenbildung zuständig sind. Demnach soll das Enzym Gyrase die übergeordneten Schleifen der DNA auflösen. Sie beschrieben damals auch schon einen hypothetischen Mechanismus: Die Gyrase erkennt DNA-Überkreuzungen, schneidet einen Doppelstrang durch, führt den anderen Strangteil durch die Schnittstelle und verschließt diese anschließend wieder. Auf diese Weise wird die Anordnung (Topologie) der übergeordneten Schleife in der DNA spiegelbildlich umgekehrt, sodass die eingeführte Verdrehung der DNA wieder korrigiert wird. Dadurch wird die Knotenbildung verhindert.

Topoisomerasen kommen in allen Domänen des Lebens vor und sind hinsichtlich ihrer Struktur und Funktionsweise recht ähnlich (REECE & MAXWELL 1991). Typischerweise bestehen diese Enzyme je nach Organismus aus ca. 600–900 Aminosäuren und zwei Untereinheiten. Damit

gehören Topoisomerasen zu den größeren und komplexeren Proteinen. An der Oberfläche, welche die DNA bindet, befinden sich viele positiv geladene Aminosäuren. Dies fördert die Interaktion mit der vielfach negativ geladenen DNA (CABRAL et al. 1997). Die Spaltung und erneute Verknüpfung des DNA-Strangs erfolgt unter Verbrauch von ATP – der „Energiewährung“ in Organismen. Die Auflösung von DNA-Schleifen erfolgt demnach unter Energieverbrauch.

Trotz intensiver Forschungsarbeit konnte der detaillierte Mechanismus der Topoisomerasen lange Zeit nicht beschrieben werden. Erst vor Kurzem ist es zwei kooperierenden Forschungsgruppen gelungen, die Vermutung von BROWN und COZZARELLI experimentell zu bestätigen. Mit Hilfe einer relativ neuen Analyse-methode, der Cryoelektronenspektroskopie, konnten die Forscher um VAYSSIÈRES Schnapsschüsse verschiedener Stadien der durch die Gyrase vermittelten Auflösung der DNA-Verdrehung festhalten (vgl. Abb.1).

Abgesehen von ihren staunenswerten Eigenschaften stellen Topoisomerasen in mehrerer Hinsicht ein schwerwiegendes Problem für Evolutionstheorien dar. VAYSSIÈRES und andere Autoren schreiben, dass Topoisomerasen in hohem Maße „konserviert“ seien, womit eine sehr geringe Änderung im Zuge der vermeintlich evolutionären Naturgeschichte gemeint ist. Damit stellt sich jedoch die Frage nach ihrer erstmaligen Entstehung. Aufgrund ihrer überaus hohen Komplexität bezüglich Aufbau und Funktions-

weise dürfte eine schrittweise Entwicklung alles andere als naheliegend sein. Des Weiteren ist der Umstand, dass das Erbgut ohne diese Enzyme nicht lange intakt bleibt, ähnlich gravierend wie die kritische Rolle von Reparaturenzymen, die zahlreiche Schäden durch reaktive Moleküle beheben (SCHMIDTGALL 2024). Die DNA wird nicht nur ständig repariert, sie wird auch ständig entknotet.

Zudem müssen Topoisomerasen aufzulösende Schleifen auf sehr präzise Weise erkennen können, da sie anderenfalls Verdrillungen einführen würden statt sie zu lösen. Dies würde aber die Verknotung der DNA noch verstärken. Ein „suboptimales“ Design evolutiver Vorstufen von Topoisomerasen wäre daher fatal. Das spricht sehr stark für eine ganzheitliche Lebensentstehung, die nur aus einer Schöpfungsperspektive verständlich ist.

[BROWN PO & COZZARELLI NR (1979) A sign inversion mechanism for enzymatic supercoiling of DNA. *Science* 206,1081–1083 • CABRAL JH et al. (1997) Crystal structure of the breakage-reunion domain of DNA gyrase. *Nature* 388, 903–906 • DEIBLER RW et al. (2007) Hin-mediated DNA knotting and recombining promote replicon dysfunction and mutation. *BMC Mol. Biol.* 8, 44 • REECE RJ & MAXWELL A (1991) DNA Gyrase: structure and function. *Crit. Rev. Biochem. Mol. Biol.* 26, 335–375 • SCHMIDTGALL B (2024) Reparaturmechanismen in der Zelle. *Stud. Integr. J.* 31, 29–38 • VAYSSIÈRES M et al. (2024) Structural basis of DNA cross-over capture by *Escherichia coli* DNA gyrase. *Science* 384, 227–232] B. Schmidtgall

■ **Frühmensch *Homo heidelbergensis* mit hochentwickelter Holzbearbeitungstechnik**

Vom Fundort Schöningen in Niedersachsen sind extrem gut erhalte-

ne Speere bekannt. Sie werden auf ca. 300.000 Jahre datiert und aus zeitlichen Gründen dem *Homo heidelbergensis* zugeordnet.

Die Speere überraschen wegen ihrer überaus durchdachten Planung und Herstellung. Als bevorzugtes Rohmaterial dienten schmale Fichtenstämme, wobei die Spitze der Speere nicht im weichen Zentrum, sondern im harten Randbereich des Stammes platziert war. Bei optimaler Proportion verfügten die Speere des *Homo heidelbergensis* über perfekte Flugeigenschaften. Sie wurden mehrmals benutzt, worauf das Nachschärfen der Speerspitze hinweist (CONARD et al. 2015; SCHOCH et al. 2015). Dem *Homo heidelbergensis* dienten aber nicht nur Speere, sondern auch Wurfhölzer als Waffen.

MILKS et al. (2023) untersuchten einen der beiden aus Schöningen bekannten Wurfstöcke mit zwei Spitzen (Abb. 1). Sie stammen aus dem gleichen Fundhorizont wie die Speere. Dabei wandten die Autoren High-Tech-Methoden an, wobei insbesondere der Einsatz der 3D-Mikroskopie auf Oberflächenmerkmale und der Einsatz von Mikro-CT-Scans eine detaillierte Analyse von Rohmaterialmerkmalen und Herstellungstechniken ermöglichten.

Auf den ersten Blick scheint der untersuchte Stock mit zwei Spitzen ein einfaches Werkzeug zu sein. Die detaillierte Analyse von MILKS et al. (2023) erbrachte jedoch ein *meisterlich hergestelltes, effizientes aerodynamisch-ergonomisches Werkzeug*.

Die Herstellungsschritte des Wurfstockes waren wie folgt: Von einem Fichtenbaum wurde ein größerer Ast gewonnen und von diesem wurden kleinere Äste grob entfernt. Nach dem Setzen von schrägen

Schnitten auf der Rinde zur Erleichterung der Entrindung wurde diese mit einem Schaber vollständig entfernt. Danach wurden noch verbliebene Äste und Astansätze beseitigt und die natürliche Biegung des Stockes teilweise begradigt. Als letzter Arbeitsgang wurde die Holzoberfläche abgeschliffen, um die Handhabung bzw. Leistung zu verbessern – möglicherweise zusammen mit einer kontrollierten Ablagerung, um Trockenrisse und Verziehen zu vermeiden und das Holz zu härten.

Die Stöcke mit zwei Spitzen wurden vermutlich als Hilfsmittel bei der Jagd auf größere Beutetiere, aber auch bei der Jagd auf Vögel und/oder kleine Säugetiere verwendet.

Die feine Oberfläche, die sorgfältig geformten Spitzen und die Gebrauchspolitur lassen vermuten, dass es sich um einen persönlichen Ausrüstungsgegenstand handelt, der wiederholt benutzt wurde. MILKS et al. (2023) resümieren, dass die Hersteller des Wurfholzes von Schöningen die Fähigkeit zu einer *bemerkenswerten Planungstiefe, Kenntnis der Rohstoffe und beträchtliches Geschick bei der Holzbearbeitung* besaßen, was zu einem fachmännisch konstruierten Werkzeug führte. Die Untersuchungen der Speere von Schöningen hatten bereits ähnliche Ergebnisse erbracht.

Der unvoreingenommene Leser kann daraus nur den Schluss ziehen, dass der *Homo heidelbergensis* in seinen Fähigkeiten dem modernen *Homo sapiens* völlig ebenbürtig war. Im Evolutionsmodell ist dieser Sachverhalt unerwartet, da laut diesem Denkraum der heute lebende Mensch schrittweise durch Höherentwicklung von Großaffen über „Vormenschen“ und Frühmenschen entstanden ist. Dagegen bestätigt das

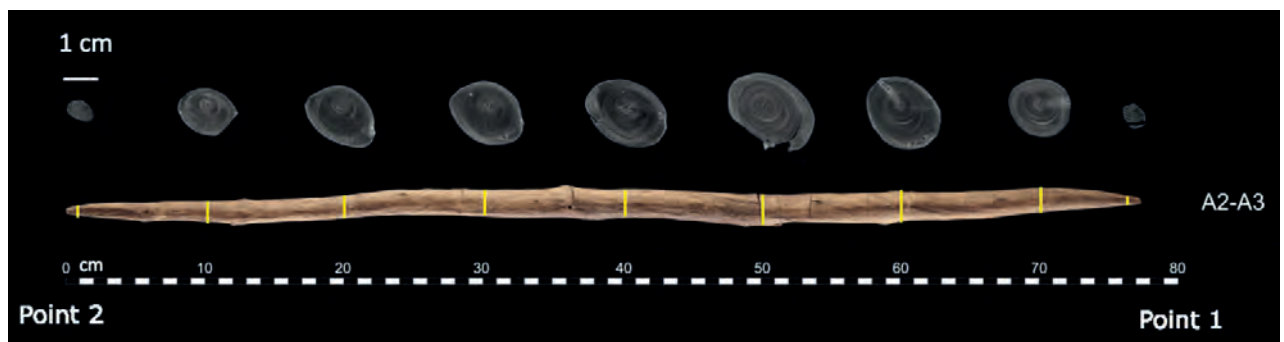


Abb. 1 Wurfstock aus Schöningen mit Mikro-CT-Schichten. Er wurde im Jahr 1994 im gleichen Fundhorizont entdeckt wie die Speere. (© 2023 Milks et al. 2023, Fig. 8, CC BY 4.0 Deed, <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)



Abb. 1 Diese drei Gattungen der Octocorallia sind (neben anderen) nach DeLeo et al. (2024, Tab. 55) zu Biolumineszenz fähig: *Metallogorgia* (Familie Chrysogorgiidae) sowie *Anthomastus* und *Paragorgia* (beide aus der Familie Coralliidae). (Wikimedia: NOAA, gemeinfrei)

Ergebnis von MILKS et al. (2023) die Erwartungen des Schöpfungsmodells. Dort gehören alle lebenden und (echten) fossilen Menschen zu einem Grundtyp ohne historisch-verwandtschaftliche Beziehungen zu nichtmenschlichen Lebewesen; darüber hinaus sind alle Menschen kognitiv gleichwertig.

[CONARD NJ, SERANGELI J et al. (2015) Excavation at Schöningen and paradigm shifts in human evolution. *J. Hum. Evol.* 89, 1–17 • MILKS A, LEHMANN J et al. (2023) A double pointed wooden throwing stick from Schöningen, Germany: Results and new insights from a multianalytical study. *PLOS ONE* 18, e0287719 • SCHOCH WH, BIGGA G et al. (2015) New insight on the wooden weapons from the Paleolithic site of Schöningen. *J. Hum. Evol.* 89, 214–225] M. Brandt

■ Oktokorallen: Plötzliches Auftauchen der Biolumineszenz im Kambrium?

Biolumineszenz fasziniert Menschen seit eh und je: Seien es die Glühwürmchen im Garten oder leuchtende Quallen in der Tiefsee. Biolumineszenz bedeutet, dass Organismen in der Lage sind, Licht auszustrahlen (Lichtemission im gesamten sichtbaren Spektrum von Rot bis Blau). Die Lichterzeugung basiert auf chemischen Reaktionen zwischen einem Substrat (Luciferin) und Enzymkomplexen, deren wesentlicher Bestandteil Luciferase ist (vgl. DeLEO et al. 2024).

Insgesamt verfügen 16 Stämme und 900 Gattungen unter den vielzelligen Tieren (Metazoa) über die Fähigkeit zur Biolumineszenz (DeLEO et al. 2024). Die meisten dieser Organismen kommen im Meer vor

und nutzen das selbsterzeugte Licht zur Nahrungssuche, zum Anlocken von Fortpflanzungspartnern oder zur Verwirrung von Raubtieren. Man kennt bislang fünf biochemische Varianten von Luciferin-Luciferase-Protein-Komplexen, die völlig unabhängig von stammesgeschichtlichen Verwandtschaftsverhältnissen im Tierreich verteilt sind (Haddock et al. 2010, 448ff). DeLEO und Kollegen gehen sogar davon aus, dass die Fähigkeit zur Biolumineszenz bei Annahme einer allgemeinen Evolution über 100-mal unabhängig voneinander entstanden ist! Zufällige, zukunftsblinde Evolutionsprozesse (im Wesentlichen Mutation und Selektion) sollen also auf rein natürlichem Wege immer und immer wieder zu denselben bzw. ähnlichen Lösungen geführt haben. Dies ist unter Berücksichtigung des heutigen Kenntnisstands zu Evolutionsmechanismen nicht plausibel und wird deshalb als „Konvergenz-Problem“ der Evolution bezeichnet (s. JUNKER 2016).

Kürzlich haben sich DeLEO und Kollegen intensiver mit der Verteilung der Biolumineszenz innerhalb der Blumentiere (Anthozoa), der größten Klasse der Nesseltiere (Cnidaria), beschäftigt. Die Blumentiere beinhalten ganz verschiedene Gruppen von Anemonen und Korallen, die sich auf die beiden Unterklassen Octocorallia (Oktokorallen, Achtstrahlige Blumentiere) und Hexacorallia (Sechsstahlige Blumentiere) verteilen.

Bei Octocorallia sind 32 biolumineszente Gattungen bekannt – bei Hexacorallia nur acht, die jeweils an

der Basis der Hexacorallia stehen sollen. Aus homologen Substraten und Enzymen der Biolumineszenz schließen die Autoren, dass die Biolumineszenz bei allen Octocorallia auf einen gemeinsamen Vorfahren zurückgehe. Damit würde der Ursprung der Biolumineszenz der Octocorallia auf ein Alter von 578 MrJ bzw. 542 MrJ datiert werden müssen – also um ca. 300 MrJ weiter in die Vergangenheit, als bisher gedacht wurde. Die Biolumineszenz wäre also mindestens so alt wie die *Kambri-sche Explosion*, die so genannt wird, weil in wenigen Millionen Jahren der geologischen Überlieferung des Kambriums fast alle heutigen Tierstämme plötzlich als Fossilien auftauchen (vgl. JUNKER 2014). Wenn diese Abstammungshypothese korrekt ist, handelt es sich also bei Biolumineszenz um ein weiteres komplexes Merkmal, das in dieser geologischen Epoche plötzlich auftauchte.

DeLEO et al. (2024) sind nicht nur der Meinung, dass zusätzlich zu den Octocorallia mindestens 99-mal unabhängig die Biolumineszenz entstanden sei; sie sei auch mehrfach innerhalb der Octocorallia unabhängig wieder verloren gegangen. Dies sei allein in der Ordnung Scleractyonacea dreimal in mindestens drei Familien geschehen. Evolutionäre Modelle zur Biolumineszenz gehen also davon aus, dass unwahrscheinliche Ereignisse sich sehr oft wiederholt haben sollen.

Aus evolutionärer Perspektive repräsentiert Biolumineszenz eine spannende, aber herausfordernde und rätselhafte Eigenschaft des Lebens, deren Ursprung aus dieser Perspektive im Dunkeln liegt. Aus Schöpfungspers-

Abb. 2 Die spektakulär aussehende Venusfliegenfallen-Anemone (*Actinoscyphia aurelia*) fängt Plankton mit den Tentakeln; sie gehört zu den Hexacorallia, die zu Biolumineszenz fähig sind. (NOAA, gemeinfrei)



pektive hingegen sieht die Sache ganz anders aus: Ein Schöpfer ist frei, solche biochemischen Fähigkeiten bei der Erschaffung von Schöpfungseinheiten (*Grundtypen*) frei zu verteilen.

[DeLeo DM et al. (2024) Evolution of bioluminescence in Anthozoa with emphasis on Octocorallia. Proc. R. Soc. B. 291, 20232626 • HADDOCK SHD, MOLINE MA & CASE JF (2010) Bioluminescence in the Sea. Annu. Rev. Mar. Sci. 2, 443–493 • JUNKER R (2014) Zur neueren Diskussion über die kambrische Explosion. W+W Special Paper B-14-1, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/zur-neueren-diskussion-ueber-die-kambrische-explosion/> • JUNKER R 2016 Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil. Stud. Integr. J. 23, 4–12] B. Scholl & H. Ullrich

■ **Der Mechanismus von Antikythera belegt kulturelle Degeneration**

Im Jahr 1900 wurden nahe der Insel Antikythera (nordwestlich von Kreta) Überreste eines sonderbaren Objekts (s. Abb. 1 links) geborgen: Es handelt sich um den über 2000 Jahre alten Mechanismus von Antikythera, von dem immerhin ein Drittel erhalten ist – inklusive 30 Kupferzahnradern (FREETH et al. 2021, 1). Das äußerst rätselhafte Objekt regte verschiedene Rekonstruktionsversuche an, die aber nach FREETH et al. (2021,1) die Befunde nicht ausreichend erklären konnten. Mit neuester Technik förderten nun FREETH et al. (2021) viele weitere neue De-

tails zutage und erstellten eine neue Rekonstruktion (s. Abb. 1 rechts) auf Basis von Bestandteilen und Inschriften sowie entsprechenden Schlussfolgerungen (vgl. S. 1+12).

Die Vorderseite des rekonstruierten Mechanismus von Antikythera (Abb. 2) besitzt ein Ringsystem mit neun Anzeigen, die über Zahnräder angetrieben werden: Mond, (Mond-)Knoten, Merkur, Venus, Sonne, Mars, Jupiter, Saturn und Datum (FREETH et al. 2021, 2). Ein besonders spannendes Detail ist die auf der einen Seite schwarz und auf der anderen Seite weiß gefärbte Mondkugel: „Wenn Mond- und Sonnenzeiger in die gleiche Richtung weisen, zeigt die Mondkugel schwarz für Neumond;

wenn die Zeiger in entgegengesetzte Richtungen stehen, zeigt die Mondkugel weiß für Vollmond“ (S. 12).

FREETH et al. (2021, 1) beschreiben die Maschine als „mechanischen Computer aus Bronnezahnradern, der bahnbrechende Technologie nutzte, um astronomische Vorhersagen zu treffen, indem er astronomische Zyklen und Theorien mechanisierte“. Dabei berechnet sie „die ekliptikalen Längen [λ , eine der beiden Himmelskoordinaten] des Mondes, der Sonne und der Planeten; die Mondphase; das Mondalter; die synodischen Phasen der Planeten; die ausgeschlossenen Tage des Metonischen Kalenders [da 12 Mondmonate 11 Tage kürzer als ein Jahr sind, führte man den 19-jäh-

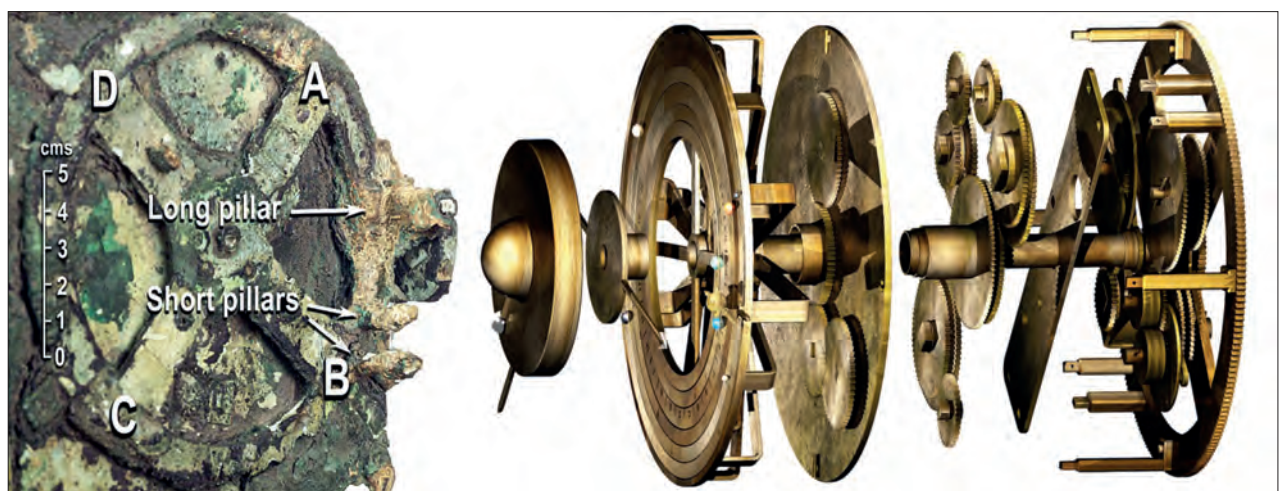


Abb. 1 Links: Foto von Fragment A; rechts: rekonstruiertes Modell der inneren Komponenten des Mechanismus von Antikythera. (FREETH et al. 2021, Fig. 4a+6f, CC BY 4.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)



Abb. 2 Ein Computermodell der Vorderseite des Mechanismus von Antikythera: Die Erde ist in der Mitte, außen herum wird die Mondphase sowie ihre Position im Tierkreis dargestellt. Dann folgen Ringe für die inneren Planeten Merkur und Venus, für die Sonne (konkret „true Sun“, d. h. die Bewegung der Sonne inkl. der geringen Abweichungen der Kreisbewegung; vgl. S. 2) sowie für die äußeren Planeten Mars, Jupiter und Saturn. Eingraviert auf den Planetenringen finden sich Skalenmarkierungen und Indexbuchstaben für die synodischen Planeten-Zyklen (Synodische Periode = Zeit bis zur selben Stellung am Firmament zu Erde und Sonne). Außen herum sind Tierkreiszeichen und der ägyptische Kalender angeordnet, auf die ein Datumszeiger zeigt. Kopf und Schwanz der „Drachenhand“ zeigen auf- bzw. absteigende Mondknoten. Es sind auch Grenzen der Sonnen- bzw. Mondfinsternisse ablesbar. (FREETH et al. 2021, Fig. 7, CC BY 4.0, <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>)

rigen Meton-Zyklus ein, der ziemlich genau 235 Mondmonaten entspricht]; Finsternisse [...]; die heliakischen [d. h. in der Morgendämmerung] Auf- und Untergänge prominenter Sterne und Sternbilder; und den Olympiazzyklus“ (S. 12f).

Die Ergebnisse der Rekonstruktion von FREETH et al. (2021) entsprechen somit der damals im antiken Griechenland akzeptierten kosmologischen Ordnung. Besonders atemberaubend ist hierbei, dass dieses „überwältigende“ „astronomische Kompendium“ (S. 12f) so „genial“ (S. 1) in einem einzigen Kästchen ungefähr von der Größe einer Kuckucksuhr verpackt ist.

Damit ist dieses Gerät das erste uns bekannte, welches „Vorhersagen wissenschaftlicher Theorien mechanisierte“ – ja, es stellt sogar unser gesamtes Wissen über die technischen Fähigkeiten der alten Griechen in Frage (S. 13; vgl. auch LIPPE 2011,

5+7). Dies ist insbesondere daher bemerkenswert, da die Griechen zwar schon Zahnräder nutzten, aber eigentlich nur in „relativ simplen Anwendungen“ (LIPPE 2011, 4).

Für die Archäologie ist nun von besonderer Bedeutung, dass wir ohne diesen Zufallsfund nichts von einer solchen Technik wüssten – abgesehen von vagen Angaben Ciceros (106–43 v. Chr.), die möglicherweise den Antikythera-Mechanismus oder eine simplere Maschine meinen (FREETH et al. 2021, 10; LIPPE 2011, 14f). Das bedeutet: Ein ungeheuer geniales Wissen der Menschheit ist für mindestens etwa 1000 Jahre spurlos aus der Weltgeschichte verschwunden; erst der persische Astronom Al BIRUNI (973–1048 n. Chr.) konnte ein „vergleichbar“ komplexes astronomisches Räderwerk konstruieren (LIPPE 2011, 6).

Nur weil entsprechende Funde also nicht vorliegen oder selten sind,

bedeutet dies nicht, dass frühere Menschen keine technisch und kognitiv hochstehenden Leistungen vollbracht haben – es kann schlichtweg ein Verlust von Wissen (kulturelle Degeneration) und Artefakten eingetreten sein. Dies erinnert unwillkürlich an die Aussagen der Bibel, die in Genesis 5,17–22 ebenfalls von einer längst vergessenen Epoche großer technischer und handwerklicher Errungenschaften – auch im Bereich der Metallverarbeitung – berichtet.

[FREETH T, HIGGON D, DACANALIS A et al. (2021) A Model of the Cosmos in the ancient Greek Antikythera Mechanism. *Sci. Rep.* 11, 5821 • LIPPE WM (2011) Das Räderwerk von Antikythera. In: *Geschichte der Rechenmaschinen*. Münster, <https://web.archive.org/web/20140303172838/http://www.math.uni-muenster.de/8010/Professoren/Lippe/lehre/skripte/geschichte/pdf/Kap2.pdf>] B. Scholl

■ Junger Ozean unter der Oberfläche des Saturnmondes Mimas

Die Raumsonde Cassini nahm vor einigen Jahren eine Fülle von hochgenauen Daten über das Saturnsystem auf. Eines der aufsehenerregendsten Ergebnisse war, dass die Saturnringe viel jünger sein müssen als das Sonnensystem, höchstens um die 100 Millionen Jahre alt, statt 4,5 Mrd. Jahre, wie man vorher dachte (IESS et al. 2019).

Nun ist der Saturnmond Mimas in den Fokus der Untersuchungen gerückt. Mimas ist der kleinste der mittelgroßen Monde und der innerste, ist also Saturn und den Ringen am nächsten. Er umkreist den Planeten in 0,94 Tagen in gebundener Rotation, weist also wie unser Erdmond dem Planeten immer dieselbe Seite zu. Seine Oberfläche ist stark verkratert; am auffälligsten ist der große Krater Herschel, der dem Mond ein Aussehen verleiht, das dem Todesstern aus den Star-Wars-Filmen ähnelt (Abb. 1). Aufgrund dieser Oberfläche und einer mittleren Dichte von $1,15 \text{ g/cm}^3$ war man in der Vergangenheit davon ausgegangen, dass der Mond aus einem Gesteinskern von ca. 120 km Radius und einer Eishülle von ca. 80 km Dicke aufgebaut ist. Im Vergleich dazu sieht sein etwas größerer Nach-

Abb. 1 Links: Der Saturnmond Mimas mit dem großen Krater „Herschel“ auf der rechten Seite. Rechts: Der etwas größere Saturnmond Enceladus zum Vergleich. (NASA / JPL-Caltech / Space Science Institute, Gemeinfrei; NASA / JPL, Gemeinfrei)



bar Enceladus (Abb. 1) ganz anders aus: Man sieht kaum Krater, dafür aber viele Risse. Zudem konnten spektakuläre Ausbrüche von Eisfontänen beobachtet werden. Enceladus gilt als ein Paradebeispiel der Kategorie von Monden, die einen globalen Ozean unter der bedeckenden Eisschicht beherbergen, deren Oberfläche sich ständig verändert. An der Oberfläche herrschen Temperaturen von ca. -180°C , viel zu kalt für flüssiges Wasser. Man nimmt an, dass innere Wärmequellen wie radioaktiver Zerfall im Gesteinskern und Gezeitenreibung die Ursache dafür sind, dass es im Inneren des Mondes warm genug ist.

Zurück zu Mimas. Im Zuge einer genauen Analyse des durch Gezeitenkräfte bedingten leichten Taumelns des Mondes während der Umläufe um den Saturn fanden TAJEDDINE et al. (2014) heraus, dass das Taumelverhalten – der Fachbegriff lautet *Libration* – nicht zu dem einfachen Modell eines festen Mimas aus einer Eis-Kugelschale und einem kugelförmigen Gesteinskern passt. Stattdessen schlugen sie eine entweder feste Struktur mit einem länglichen, abgeplatteten Ellipsoid als Gesteinskern oder aber eine Struktur mit einer flüssigen Ozeanschicht zwischen dem Gesteinskern und der Eishülle vor. Um diese Frage zu klären, untersuchten LAINEY et al. (2024) die Veränderung der Bahn des Mondes um den Saturn im Laufe der Zeit. Sie fanden heraus, dass diese Änderung – der Fachbegriff lautet *Periapsis-Präzession* – nur halb so groß ist, wie für einen durchgängig festen Mimas zu erwarten gewesen wäre. Somit wurde geschlussfolgert, dass Mimas eine Ozeanschicht haben muss. Die Daten passen zu ei-

nem Aufbau von Mimas aus einer 20 bis 30 km dicken Eishülle, einem 50 bis 60 km tiefen Ozean darunter und einem Gesteinskern mit 240 km Durchmesser. Diese aus Librations- und Bahndaten ermittelten Ergebnisse sind ebenfalls konsistent mit einer thermischen Simulation, in der modelliert wurde, wie die durch die Gezeitenwirkung erzeugte Wärmeenergie abgeführt wird (RHODEN & WALKER 2022).

Die Ozean-Hypothese bringt jedoch eine weitere Frage mit sich: Wieso ist Mimas' Bahn relativ stark exzentrisch (d. h. deutlich verschieden von einer Kreisbahn)? Schließlich sorgt eine Ozeanschicht dafür, dass durch die Wirkung der Gezeitenkräfte die Bahn in einer Zeit, die viel kürzer als das angenommene Alter des Sonnensystems ist, kreisförmig wird.

LAINEY et al. (2024) zufolge kann daher die Ozeanbildung erst vor ca. 20 bis 2 Millionen Jahren eingesetzt haben; außerdem sei die Ozeanschicht seit diesem Start kontinuierlich dicker geworden. Das Szenario bringt mit sich, dass die Bahnexzentrizität zu Beginn der Ozeanbildung noch 2,3- bis 2,9-mal höher gewesen sein muss als heute. Wodurch könnte das nun verursacht worden sein? Eine Möglichkeit wäre, dass es zu einem gegenseitigen Aufschaukeln von Bahnstörungen der Saturnmonde Mimas, Dione und Titan gekommen ist. Eine noch aufregendere Hypothese besagt, dass bei solchen Instabilitäten ein weiterer Mond beteiligt war, der zu nah an Saturn gekommen ist, sodass es ihn zerrissen hat und seine Überreste nun das Ringsystem bilden. Nach Simulationsrechnungen von WISDOM et al. (2022) erklärt diese Hy-

pothese am besten, warum es das Ringsystem gibt und wie der große Neigungswinkel der Saturn-Rotationsachse zustande kommt.

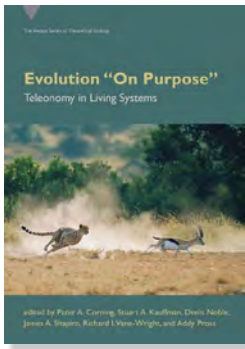
Somit zeigen auch die neuesten Ergebnisse von Mimas, dass es bei genauem Hinsehen weiterhin zu wichtigen Änderungen in der Rekonstruktion von Geschehnissen im Sonnensystem kommt. Längst nicht alle Daten kann man in die eine Grundvorstellung einordnen, dass nach der Konsolidierung der Masse der ursprünglichen hypothetischen Gas- und Staubwolke in Sonne, Planeten und Monde vor ca. 4 Milliarden Jahren fast nichts mehr passiert wäre.

Kritisch für die Grundvorstellung an sich würde es allerdings erst, wenn herauskäme, dass die Mondsysteme um die großen Planeten generell nicht über die Dauer des Alters des Sonnensystems stabil sein könnten und man deshalb nicht mehr erklären könnte, warum sie heute überhaupt noch da sind.

Andere Beobachtungen, wie zum Beispiel ein ähnlicher Ozean unter Eis beim von Gezeiten ungestörten Asteroiden Ceres, weisen allerdings ebenfalls eine Anomalie bezüglich hohen Alters auf (KOREVAAR 2020).

[LESS L et al. (2019) Measurement and implications of Saturn's gravity field and ring mass. *Science* 364, eaat2965 • KOREVAAR P (2020) Ceres' verborgener Wasserozean *Stud. Integr. J.* 27, 127–128 • LAINEY V et al. (2024) A recently formed ocean inside Saturn's moon Mimas. *Nature* 626, 280–282 • RHODEN AR & WALKER ME (2022) The case for an ocean-bearing Mimas from tidal heating analysis. *Icarus* 376, 114872 • TAJEDDINE R et al. (2014) Constraints on Mimas' interior from Cassini ISS libration measurements. *Science* 346, 322–324 • WISDOM J et al. (2022) Loss of a satellite could explain Saturn's obliquity and young rings. *Science* 377, 1285–1289] A. Ehrmann

Rezeption



Corning PA, Kauffman SA, Noble D, Shapiro JA, Vane-Wright RI & Pross A (eds.) *Evolution „on purpose“*. Teleonomy in living systems. The Vienna Series in Theoretical Biology. MIT Press Cambridge, Massachusetts. 379 Seiten.

Die Unzufriedenheit mit der Erklärungskraft der sogenannten Synthetischen Evolutionstheorie – der Standarderklärung für Evolution – scheint unter Biologen zuzunehmen. Im Sammelband *Evolution „on purpose“* erläutern 24 Autoren in 18 Beiträgen, warum sie das Wechselspiel von Zufallsmutation und Selektion als bei weitem nicht ausreichend ansehen, um die (von ihnen nicht hinterfragte) Evolution der Lebewesen zu erklären. Vielmehr sei entscheidend, dass Organismen bzw. ihre Zellen „Akteure“ („agents“) sind, die selbst Evolution ermöglichen. Diese agentenhafte Tätigkeit der Organismen wird von den Autoren unter dem Begriff „Teleonomie“ zusammengefasst.

Was ist Teleonomie und woher kommt sie?

„Teleonomie ist ein Ergebnis – und eine Ursache.“ Diese paradoxe Aussage ist Teil des Mottos, das CORNING seinem Beitrag voranstellt. Doch wie kann etwas zugleich Ergebnis und Ursache sein? Überraschenderweise liefert der Autor keine klare Definition des für ihn zentralen Begriffs „Teleonomie“. Aus Abschnitt 2.2 „Defining Teleonomy“ geht aber hervor, dass „interne Zweckmäßigkeit und Zielgerichtetheit lebender Systeme“ gemeint ist. „Alle Strukturen, alle Leistungen, alle Aktivitäten, die zum wesentlichen Projekt [des Lebens] beitragen, werden [...] als ‚teleonomisch‘ bezeichnet“ – von der genetischen über die zelluläre bis zur verhaltensbiologischen Ebene. Der Begriff „Teleonomie“ wird gegen den bekannteren Begriff „Teleologie“ (Zielgerichtetheit) ausdrücklich abgegrenzt. Teleologie ist extern verursacht (d. h. letztlich durch einen Schöpfer), mit Teleonomie dagegen wird eine organismusinterne Eigenschaft beschrieben. „Wir vermeiden das *Substantiv* Teleologie, das [...] typischerweise mit extrinsischem (göttlichem) Design assoziiert wird“, schreiben JABLONKA & GINSBURG in ihrem Beitrag (S. 136, Hervorhebung im Original) und akzeptieren nur „intrinsische zielgerichtete Organisation, die keine bewusste Absicht oder rationale Planung voraussetzt“ (S. 120).

Im Verhalten von Tieren zeige sich „Teleonomie“ darin, dass „viele Arten zu ausgeklügelten Kosten-Nutzen-Kalkulationen fähig sind, die manchmal mehrere Variab-

len einbeziehen, darunter wahrgenommene Risiken, Energiekosten, Zeitaufwand, Nährstoffqualität, alternative Ressourcen, relative Häufigkeit und mehr. Tiere müssen ständig ‚Entscheidungen‘ über Lebensräume, Futtersuche, Nahrungsoptionen, Reiserouten, Nistplätze und sogar Partner treffen. Viele dieser Entscheidungen stehen unter strenger genetischer Kontrolle, mit ‚vorprogrammierten‘ Auswahlkriterien“ (S. 20; Hervorhebungen hinzugefügt). James L. SHAPIRO verweist beispielsweise auf eingebaute Mechanismen der Genom-Veränderung infolge von Stress. Die biologischen Systeme weisen insgesamt eine Sensitivität und Robustheit auf, die weit höher ist als bei moderner Technologie (S. 278).

Die biologischen Systeme weisen eine Sensitivität und Robustheit auf, die weit höher ist als bei moderner Technologie.

Laut CORNING handelt es sich bei Teleonomie um „Produkte des Evolutionsprozesses und der natürlichen Selektion“; ihre interne Teleologie habe sich in der Geschichte ihrer Abstammung aufgebaut (S. 12). CORNING geht dann aber weiter und meint: „[...] Teleonomie in der Evolution ist nicht einfach ein Produkt der natürlichen Selektion. Sie ist auch eine wichtige *Ursache* für die natürliche Auslese und hat die biologische Evolution im Laufe der Zeit maßgeblich *beeinflusst*“ (S. 11; Hervorhebungen hinzugefügt). Teleonomie sei also nicht nur die Beschreibung eines (mutmaßlich evolvierten) Zustandes, sondern auch ein kausaler Faktor.

Wie wirkt Teleonomie?

Teleonomie wirke nicht durch Zufallsmutationen, sondern durch „zweckmäßiges‘ Verhalten der Phänotypen und [durch] ihre funktionalen Konsequenzen“ (S. 13). Mit „Phänotyp“ sind Bau und Physiologie der Organismen gemeint. Natürliche Selektion spielt dagegen eine untergeordnete Rolle. CORNING verweist stattdessen auf Faktoren, die erst in jüngerer Zeit im Zusammenhang mit Evolution Beachtung fanden: Evo-Devo (Einfluss der Entwicklungsbiologie), Plastizität (vorprogrammierte Umwelтанpassung), Epigenetik (Genregulation), Nischenkonstruktion (Einfluss des Lebewesens auf seine Umwelt im Sinne seiner Bedürfnisse) und Verhaltensweisen. Die überwältigende Mehrheit der DNA-Veränderungen im Genom sei das Ergebnis interner *Regulierungs- und Kontrollnetzwerke* und nicht Resultat von zufälligen Mutationen und schrittweiser Selektion – dies widerspricht genau den Hauptmotoren der klassischen Synthetischen Evolutionstheorie. Schnelle Veränderungen und Umstrukturierungen des Erbguts könnten durch eine Vielzahl mobiler DNA-„Module“ erreicht werden. „Es ist jetzt auch klar, dass einzelne Zellen über eine Vielzahl interner *Regulierungs- und Kontrollmöglich-*

keiten verfügen, die die Zellentwicklung und den Phänotyp erheblich beeinflussen können“ (S. 14; Hervorhebung hinzugefügt). Daraus wird abgeleitet: „Wir wissen heute, dass lebende Systeme ihre eigene Entwicklung auf verschiedene Weise aktiv gestalten“ (S. 24).

Manche Autoren sprechen gar von „Agenten“ oder von „Autopoiesis“ (Selbsterschaffung) (S. 18). Der Begriff „agency“ soll die „Fähigkeit eines lebenden Systems beschreiben, als autonomer, selbstgesteuerter Akteur zu handeln und seinen Körperbau, sein Verhalten und seine Umwelt ‚zielgerichtet‘ in Bezug auf externe oder interne (physiologische) Bedingungen und Ziele zu verändern“ (S. 18; Hervorhebungen hinzugefügt).

Erklärt Teleonomie innovative Evolution?

Zu dieser Frage soll zunächst die *empirische* Seite betrachtet werden, bevor weiter unten die verwendeten *Begriffe* analysiert werden. Auf der empirischen Seite bleibt völlig unklar, was Teleonomie – in welcher Ausprägung auch immer – und verwandte Konzepte wie „agency“ oder „autopoiesis“ konkret zum Verständnis einer *Evolution von Neuheiten* beitragen können. Solche Teleonomie-Evolutionskonzepte sind auch nicht durch Gesetzmäßigkeiten beschreib- und vorhersagbar, wie man es von naturwissenschaftlichen Hypothesen erwarten sollte. In allen Beiträgen des Sammelbandes wird nur sehr vage und schwammig geschildert, wie man sich die Entstehung evolutiver Neuheiten durch „Teleonomie“ vorstellen soll. Zum Beispiel so: „Biologische Gebilde als antizipatorische Systeme nutzen die Zielgerichtetheit als grundlegendes Prinzip des evolutionären Wandels, wobei die stabilen Nicht-Gleichgewichtszustände als natürliche Attraktoren erscheinen, die im Laufe der Evolution erreicht und wiederhergestellt werden“ (IGAMBERDIEV, S. 115). Solche unkonkreten Formulierungen finden sich öfter in den Beiträgen. Es handelt sich hierbei nicht um Erklärungen in einem naturwissenschaftlichen Sinne, sondern um (anthropomorph aufgeladene) Narrative.

Wie die „teleonomischen“ Eigenschaften zu evolutionären Innovationen führen sollen, bleibt vage und unkonkret.

Die *Beschreibungen* der komplexen „teleonomischen“ Fähigkeiten, der „inneren Zweckmäßigkeit“ wie insbesondere die Fähigkeit der Lebewesen, Umweltreize verarbeiten und angepasst darauf reagieren zu können, sollen wohl suggerieren, dass diese Fähigkeiten auch innovative Evolution *erklären* können. Diese ausgeklügelten Fähigkeiten werden gleichsam als Evolutionsmechanismen vereinnahmt. Zu einem großen Teil handelt es sich offensichtlich um sehr anspruchsvoll *programmierte Vorgänge* und komplexe Gen-Interaktions-Prozesse. Diese ermöglichen den Organismen plastische Reaktionen. Mit *Plastizität* ist die genetisch und epigenetisch angelegte individuelle Anpassungsfähigkeit der Lebewesen an wechselnde Umweltbedingungen gemeint (vgl. JUNKER 2014; im Sammelband von TREWAVAS behandelt auf

S. 299ff). Lebewesen können nur angepasst auf Umweltreize reagieren, wenn sie sowohl flüchtige als auch dauerhafte und wiederkehrende Umweltreize unterscheiden und die aktuelle Lebenssituation mit jeweils passenden Sollwerten vergleichen können.

Dass programmierte Verhältnisse vorliegen, wird in besonderem Maße durch das Konzept des sogenannten „*natural genetic engineering*“ (James L. SHAPIRO) deutlich. Dahinter verbergen sich ausgefeilte Mechanismen, die Änderungen in Physiologie, Morphologie und Verhalten in Anpassung an Einflüsse verschiedenster Art ermöglichen, seien sie durch Umweltfaktoren oder aufgrund von Einflüssen innerhalb des Organismus ausgelöst worden. „*Interne Regelungs- und Kontrollmöglichkeiten*“ sind hochgradig teleologische Prozesse, wie der Analogieschluss aus Technik und Informatik zeigt. Die Tatsache, dass viele Arten ausgeklügelte Kosten-Nutzen-Kalkulationen für ihr Verhalten durchführen können und darauf aufbauend „Entscheidungen“ treffen (s. o.), verweist ebenfalls auf umfangreiche, bereits existente genetische Programmierung der Lebewesen.

Wie sind teleonomische Programme und Prozesse entstanden?

Das evolutionstheoretische Problem des Ursprungs von Innovation wird mit dem Verweis auf organismusinterne Fähigkeiten „nach hinten“ verschoben – und vergrößert: Denn es ist viel anspruchsvoller, *Variationsprogramme* und Regelkreise zu erzeugen als nur einfache *Variation* und fixe Merkmale. Damit aber wird es umso schwieriger, deren Herkunft durch rein natürliche evolutive Prozesse ohne einen Schöpfer zu erklären. Wie also sind die quasi-handelnden Systeme (wie wir sie auch von Robotern kennen) ursprünglich entstanden, die nun durch ihre Reaktionen ihre eigene weitere Evolution mitgestalten sollen?

Natürlich sind Lebewesen und ihre Zellen nicht in dem Sinne Akteure, dass sie bewusst und mit Überlegung wie Menschen handeln, aber sie leben und verhalten sich eben zielgerichtet, wie die Autoren des Sammelbandes unermüdlich herausstellen. *Doch das erklärt in keiner Weise, woher dieses zielgerichtete Verhalten kommt.* Denn dafür müssten mögliche Ziele identifiziert und dann ausgewählt sowie komplexe geeignete Mittel identifiziert und entwickelt werden, um solche Ziele zu erreichen. CORNING (und die anderen Autoren des Bandes, die sich dazu äußern) erklären auch hier kurzerhand und ohne weitere Begründung, dass es sich um eine „evolutionär entstandene Fähigkeit“ handle (S. 18). *Diese Fähigkeit kann dabei aber nicht Ursache ihrer selbst sein,* denn Ursachen gehen der Wirkung zeitlich und kausal voraus. Naturwissenschaftliche Erklärungen müssen auf das zeitlich Sukzessive heruntergebrochen werden können. Konkrete Abfolgen, die zu teleonomischen Fähigkeiten geführt haben sollen, sind in *Evolution „on purpose“* jedoch Fehlanzeige.

Das Henne-Ei-Problem von Teleonomie und natürlicher Selektion

CORNING stellt einerseits heraus: „Die natürliche Auslese ist in der Tat kein Mechanismus oder eine Kraft, sie ist ein folgerichtiger Vorgang.“ Aber andererseits soll gerade Selektion die Teleonomie der Lebewesen ursprünglich hervorgebracht haben (S. 12 und s. o.). *Zweckmäßig agieren zu können*, sei eine evolvierte Fähigkeit durch einen „Versuch-und-Erfolg-Prozess“ (S. 18). Einerseits bestreitet CORNING also die Kraft der Selektion, Neues zu schaffen und reklamiert dafür „Teleonomie“ als Wirkfaktor, andererseits soll Selektion die anspruchsvolle Teleonomie mit ihren ausgeklügelten Variationsprogrammen hervorgebracht haben. Hier scheint eine weitere Version des Henne-Ei-Problems vorzuliegen: Angesichts der Einschätzung, dass natürliche Selektion und zufällige Variation innovative Evolution *nicht* erklären können, sagen CORNING und die anderen Autoren, es handle sich nicht um zufällige Variation, sondern um eine teleonomische Variation durch „interne Zielgerichtetheit“. Aber woher kommt diese Zielgerichtetheit, die u. a. erfolgreiche Zielidentifikation, Zielauswahl, Mittelwahl usw. beinhalten müsste? Antwort der Autoren: durch natürliche Selektion. Soll man das so verstehen, dass sobald „Teleonomie“ vorhanden ist, sie zum Wirkfaktor wird und die natürliche Selektion mindestens teilweise ablöst? Immerhin stellt Stuart NEWMAN (S. 208) in seinem Beitrag ausdrücklich fest, dass die Entstehungsweise von Teleonomie bzw. „agency“ unbekannt ist.

Teleologische Begriffe

Die Herausgeber von *Evolution „on purpose“* verwenden Anführungszeichen schon im Titel und die Autoren tun dies an vielen Stellen im Buch. Diese Anführungszeichen stehen geradezu stellvertretend für einen Spagat: Einerseits sind zielorientierte Prozesse (Teleologie) in den Lebewesen unübersehbar. Die von den Autoren des Buches beschriebenen Phänomene der Lebewesen werden angesichts ihrer ausgeprägten Zweckmäßigkeit folgerichtig mit *teleologischen* Begriffen beschrieben (vgl. JUNKER 2021), d. h. auf Zwecke, Ziele, Funktionen usw. anspielend, nach denen etwas gelingen oder scheitern kann. „Agent“, „Autopoiesis“, „Engineering“, „Regulation“, „Kontrollmechanismen“, „Programmierungen“, „Entscheidungen“, „wählen“ und ähnliche Begriffe setzen letztlich ein handelndes Subjekt voraus. Solche Begriffe kommen im Buch teils Dutzende Male in Bezug auf Aktivitäten von Organismen oder Zellen vor. Andererseits wird ein externer Urheber ausdrücklich ausgeschlossen. Dies soll durch eine Umbenennung von „Teleologie“ in „Teleonomie“ zum Ausdruck gebracht werden. ULLER (S. 334) verwendet sogar die selbstwidersprüchlichen Ausdrücke „naturalistische teleologische Erklärung“ und „naturalistische Teleologie“. Doch damit wird nur das Etikett geändert, nicht aber der Inhalt. „Teleonomie“ soll sprachlich wohl nur noch die besondere Funktion aufweisen, dass man sich damit von wirklicher Teleologie abgrenzt und ohne Beweis behauptet, es

handle sich um natürlich-evolvierte Fähigkeiten, die keine echte Zielorientierung beinhalten. Das bedeutet aber nichts anderes als ziellose Zielorientierung – ein interner Widerspruch! Es ist zudem irreführend, wenn Begriffe ausgetauscht werden, aber in der Substanz dasselbe gemeint ist. „Teleologie“ wird durch „Teleonomie“ ersetzt, obwohl beide Begriffe *dieselben Phänomene* beschreiben.

Fazit

Zusammenfassend kann die Kritik an *Evolution „on purpose“* wie folgt formuliert werden:

1. Wenn (bestimmte) Mutationen nicht zufällig sind, verweist das auf eine wie auch immer geartete Programmierung.

2. Wie aber kamen *Variationsprogramme* zustande? Die Erstellung eines komplexen Variationsprogramms, das mehrere mögliche Zustände abdeckt, ist anspruchsvoller als die Ausbildung fixer Merkmale.

3. Daraus folgt: Der Erklärungsbedarf für einen Entstehungsvorgang für ein Variationsprogramm ist deutlich höher als der Erklärungsbedarf für ein fixes Merkmal.

4. Die Hypothese einer natürlichen Entstehung der Programme darf nicht auf diese Programme als Ursache zurückgreifen, da es anfangs diese Programme noch gar nicht gab.

5. Wenn die Programme also auf natürlichem Wege (d. h. ohne kreativen Input) entstanden sind, hätten sie sich selbst erschaffen. Die Erschaffung der individuellen Anpassungsfähigkeit der Organismen (Plastizität) wird in die Organismen selbst gelegt.

6. Wenn aber nach Auffassung der Autoren von *Evolution „on purpose“* die klassischen Mechanismen (Mutation, Selektion, Rekombination und Gendrift) zu innovativer Evolution nicht in der Lage sind, wie war es dann dennoch möglich, durch genau diese Prozesse die noch komplexeren Mechanismen und Variationsprogramme aufzubauen, die nun ihrerseits innovative Evolution bewirken sollen?

Die Auffassung, dass die teleologischen Strukturen der Lebewesen durch bloße Naturprozesse entstanden wären und daher besser als „teleonomisch“ und eigenwirksam zu bezeichnen seien, hat keine Grundlage in der Empirie. Es handelt sich um einen Ansatz, der die (an sich naheliegende) Idee eines Schöpfers – ohne empirische Belege – ins Geschöpf projiziert. Die Umbenennung der Tatsachen ändert daran nichts: Denn an den eigenen Haaren kann man sich nun einmal nicht aus dem Sumpf ziehen.

Reinhard Junker

Literatur

- JUNKER R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? W+W Special Paper B-14-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/plastizitaet-der-lebewesen-baustein-der-makroevolution/>.
- JUNKER R (2021) „Baumeisterin Natur.“ Sind teleologische Begriffe in der Biologie nur Metaphern? In: JUNKER R & WIDENMEYER M (Hrsg.) Schöpfung ohne Schöpfer? Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie. Holzgerlingen, S. 245–262.

ISSN 0948-6135