

Genesisnet-News Archiv Stand 2023



In Anbetracht der begrenzten Lebenszeit von Websites wurde das komplette Material der Wissenschaftsnachrichten von *Genesisnet-News* hier archiviert. Dabei wurden z. T. Abbildungen eingefügt, die mittlerweile frei verfügbar sind, und bisweilen wurde die Orthografie korrigiert. Auch die Links wurden überarbeitet, wobei leider viele Links bereits wenige Jahre nach Veröffentlichung nicht mehr funktionieren. Zur besseren Übersichtlichkeit wurden die *Genesisnet-News* grob nach Themenfeldern sortiert.

Die hier vorliegenden ca. 900 Seiten an schöpfungswissenschaftlichen Wissenschaftsnachrichten stellen einen breiten Fundus an Argumenten für die Debatte um den Ursprung des Lebens und des Menschen bereit. Sie bieten zugleich auch eine Archivierung der historischen Entwicklung der Debatte um Schöpfung und Evolution in den Jahren 2004 bis 2023 in Deutschland. So wird zum Beispiel deutlich, dass in den früheren Jahren die Debatte viel stärker in der Öffentlichkeit ausgeführt wurde, während in späteren Jahren stiller wurde. Statt Konfrontation wurde nun verstärkt auf gründliche eigene Forschung und Deutung von Forschungsergebnissen aus Schöpfungsperspektive gesetzt.

Zusammenstellung von Benjamin Scholl, Stand 20.11.2023.

Inhaltsverzeichnis der Themenbereiche

Genetik, Molekularbiologie & Evolutionsfaktoren	11
Evolutionstheorie(n) in der Krise?	118
Intelligentes Design der Lebewesen, Konvergenzen (unabhängige Merkmalsentstehung) & Grundtypenbiologie	181
Unintelligentes Design – Angebliche Evolutionsüberreste? (Auge, Rudimente...).....	303
(Paläo-)Anthropologie: Herkunft des Menschen.....	330
Paläontologie: Fossilien der Erdneuzeit.....	439
Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters: Dinosaurier und Vögel im Besonderen	462
Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters allgemein	601
Paläontologie: Fossilien des Erdaltertums (z. B. Entstehung Vierbeiner und Kambrische Explosion).....	624
Evolution der Vielzelligkeit.....	710
Abiogenese: Herkunft des Lebens	718
Geologie	814
Astronomie & Physik.....	824
Archäologie	841
Wissenschaftstheorie & Philosophie.....	850
Theologie & Antikreationismus	856

Inhaltsverzeichnis der einzelnen Artikel

Genetik, Molekularbiologie & Evolutionsfaktoren.....	11
24.10.23 Beobachtungen in der freien Wildbahn stellen die Rolle der Selektion in Frage	11
12.10.23 Repetitive DNA-Sequenzen steuern die Ausprägung von Genen	14
25.09.23 Sprunghafte Entstehung von Genen?	17
07.07.23 Photosynthese – wie Biologie von Physik profitiert	20
26.10.22 Gleiche Variationsmechanismen im Gehirn von Menschen und Kraken	23
12.04.22 Epigenetik und programmierte Anpassungen	29
15.03.22 Mutationen sind doch nicht so zufällig	33
22.04.21 Das Ausschalten von „Junk-DNA“ macht aus Stammzellen Neuronen	37
22.01.21 Seeanemonen: Evolution oder Abruf eines Programms?	39
17.04.20 Proteom-basierter Stammbaum mit interessanten Resultaten	42
27.03.20 Molekularbiologie des Coronavirus und die Coronakrise	45
09.03.20 Supergene ermöglichen eine sehr schnelle Veränderung	48
08.10.18 Nachahmung von Evolution oder intelligentes Design?	51
12.07.18 Vom Salzwasser- zum Süßwasserfisch?	55
23.12.16 Entstehung evolutionärer Neuheiten – ungelöst!	57
21.06.16 Birkenspanner, Melanismus und springende Gene	62
28.01.14 Geheimnisvolle DNA – überlagernde Codes im Genom	65
05.12.12 Wieviel Evolution ist durch Kooptation möglich?	67
09.02.12 Am Anfang die Vielfalt?	71
21.06.11 Die Entstehung neuer Enzyme – ganz einfach?	74
20.04.11 Von komplex nach einfach?	77
17.01.11 Dunkle Seiten des Genoms beleuchtet	80
08.01.11 Langzeit-Experiment mit Drosophila – weniger Evolution als gedacht	82
30.10.10 Konvergente Kooptation von Pax-Genen	84
20.10.10 Spezialisierter Sauerstofftransport: zweimal unabhängig „erfunden“	88
29.04.10 Der Ursprung des Insektenflügels	92
27.03.10 Muskelmasse: 2785 Gene für ihre Funktion	97
11.12.09 Evolution bei Bakterien – neue Befunde	99
26.03.09 Von wegen Schrott – immer wieder neue Befunde aus dem Genom	102
07.10.08 C4-Evolution: Makroevolution oder Aktivierung vorhandener Gene?	104
19.05.08 Das Erbgut des Schnabeltiers: Gen-Mosaik?	108
20.12.07 Genomforschung – Wieviel „Schrott“ bleibt übrig?	112
11.08.05 Neuer Artikel über molekulare Stammbäume und molekulare Uhren	113
11.07.05 Neuer Artikel über Evolution virtueller Lebewesen	115
17.02.05 Mechanismen der Makroevolution?	116
09.03.04 Neues evolutionskritisches Video von Fritz Poppenberg erschienen	117
Evolutionstheorie(n) in der Krise?	118
30.11.22 Ist Lamarck zurück?	118
01.08.22 Der unterschätzte Vater der Genetik: zu Gregor Mendels 200. Geburtstag	121
14.07.22 Gibt es doch keine neutralen Mutationen?	124
09.03.21 Die Frage nach der Entstehung von Arten – ein Zwischenruf	128

08.01.21 „Überraschungen der Evolution“	130
01.10.19 Gregor Mendel, die Entstehung der Arten und Schöpfung	134
09.12.14 „Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“	140
01.04.14 25 Jahre Evolution in vitro.....	145
10.05.12 Anpassung durch Verluste.....	149
23.10.12 Von der Citrat-Verwertung zur Entstehung des Auges?	151
25.06.10 Lag Darwin falsch?.....	155
26.06.08 „Gott als Designer?“	161
17.05.08 Ausführlicher Artikel zu „Evo-Devo“.....	166
15.01.08 Gotteswahn oder Selektionswahn?	167
19.11.07 Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution?	170
07.04.06 Mikroevolution und Makroevolution: fließende oder scharfe Grenze?	172
02.01.06 Charles Darwin, der Held des Jahres 2005	174
18.11.05 Was erklärt die Evolutionstheorie?	177
13.05.05 Schöpfungsvokabular bei Evolutionstheoretikern	179
Intelligentes Design der Lebewesen, Konvergenzen (unabhängige Merkmalsentstehung) & Grundtypenbiologie	181
04.02.21 Wie fliegt ein Schmetterling?	181
25.11.20 Die Optimalität des genetischen Codes – ein klarer Beleg für Intelligentes Design	184
02.03.20 Rätselhafte Verteilung der Wurzelknöllchensymbiose.....	188
19.11.19 Superschnelle Wüstenameise	192
04.05.18 Fledermäuse mit „Long Life“-Garantie	194
28.04.17 „Wunderwerk Feder“	196
07.12.16 Kurzflügler als „Ameisenkäfer“ – eine erstaunliche Konvergenz.....	200
22.01.15 Schockierende Organe	203
07.07.14 Von Anfang bis heute fast unverändert: Programmierter Zellabbau.....	206
05.06.14 Rippenquallen – eine Welt für sich	208
17.01.14 Immer verworrener: Verwandtschaftsbeziehungen der ältesten Vielzeller.....	211
23.10.13 Molekulare Konvergenzen in unerwartetem Ausmaß	215
20.07.13 Morphologie und Moleküle in scharfem Widerspruch.....	218
08.01.13 Detaillierte Ähnlichkeiten der Gehörorgane von Heuschrecke und Mensch.....	221
02.11.12 Rätselhafter Ursprung des Linsenauges der Wirbeltiere	224
11.04.12 Bestätigung einer wichtigen Funktion des Wurmfortsatzes	227
10.11.11 Superschnelle Muskeln (auch) bei Fledermäusen	229
27.09.11 Unser Großhirn – „out of the blue“?	231
03.06.11 Gene und soziales Verhalten	234
20.05.11 Buckelzirpen – wie entstehen spektakuläre Körperanhänge?	238
16.03.11 Pünktchen und Streifen.....	241
05.02.11 Hummeln lösen das Problem des Handlungsreisenden.....	243
08.12.10 Noch besser als schon bekannt: das Linsenauge.....	245
12.11.10 Das Design-Argument in der Diskussion.....	247
06.10.10 Füchse ähnlich wie Hunde zähmbar	249
08.06.10 Ist „Intelligent Design“ schlechte Theologie?.....	251
07.01.10 Texte zu „Intelligent Design“ neu bearbeitet	254
08.09.09 Der hat Nerven!	256

02.03.09 Nur Sinn im Licht der Evolution?.....	258
08.08.08 Das Genom der Hundeartigen.....	261
05.05.08 Nichtreduzierbare Komplexität update	265
19.03.08 Evolution durch Vorprogrammierung?	267
28.02.08 Design ist Evolution?.....	270
11.12.07 Diskussion über „Intelligent Design“.....	272
15.10.07 Entstehung von nichtreduzierbarer Komplexität	274
03.09.07 Mikroevolution, Makroevolution und „ID“	278
28.03.07 Warum Intelligent Design in der Ursprungsfrage eine Existenzberechtigung hat.....	282
28.11.06 Aktualisierter Text über „irreduzible Komplexität“	287
04.05.06 Wissenschaftliche Kontroverse über irreduzible Komplexität	288
29.09.05 Sechs aktuelle Fragen zu Schöpfung und Intelligent Design beantwortet	292
09.09.05 Neuer Artikel über Irreduzible Komplexität	293
11.08.05 Acht neue Fragen zur aktuellen Diskussion um Schöpfung und Intelligent Design.....	294
18.07.05 Neue Texte zum Thema Schöpfung, Grundtypen und Wissenschaft.....	296
25.06.05 Neue Artikel zur Schöpfungslehre und zur Grundtypenbiologie	298
05.05.04 Lesenswerte Sammlung von 15 persönlichen Berichten von Wissenschaftlern.....	299
26.03.04 Drei neue Artikel zu „Intelligent Design“ online	300
12.01.04 Artikel über polyvalente Stammformen von Grundtypen online	301
10.01.04 Neuer Artikel über Mosaikformen und Baukastensysteme	302
Unintelligentes Design – Angebliche Evolutionsüberreste? (Auge, Rudimente...)	303
10.10.14 Abdominalknochen der Wale: Das Ende eines rudimentären Organs	303
14.07.14 Linsenaugen der Tintenfische und Wirbeltiere: Molekulare Konvergenzen	306
27.05.10 Fehler im menschlichen Erbgut?	310
08.01.08 „Augenblicke“ - raffiniertes Design der Linsenaugen	313
17.12.07 Der Wurmfortsatz als Rettungsstation	318
21.02.07 Eine unendliche Geschichte: Haeckels Embryonendarstellungen und ihre Bedeutung für die Evolutionstheorie	321
20.10.06 Neue Texte zum „Biogenetischen Grundgesetz“	324
14.06.06 Das Kreuz mit dem „Kreuz“ – Was man mit Evolution alles erklären kann!.....	326
21.04.05 Neuer Artikel über Atavismen	329
(Paläo-)Anthropologie: Herkunft des Menschen	330
15.09.23 Hatte Homo erectus eine menschliche Kindheitsdauer?	330
15.06.23 „Syntaxähnliche“ Struktur bei Schimpansen nachgewiesen	338
10.05.23 Banyoles-Unterkiefer: Kein Neandertaler und doch nicht der älteste moderne Mensch in Europa?	344
27.03.23 Australische DNA in Südamerika	357
09.01.23 Beobachtungen bei Schimpansen widersprechen „Savannen-Hypothese“	361
20.10.22 Nobelpreis für Forschungen über das Erbgut aus menschlichen Fossilien	366
26.08.22 Wie fundiert sind Nasenrekonstruktionen bei Homininen?.....	371
27.07.22 Sind die Schädel von Dmanisi Übergangsformen zum echten Menschen?.....	377
19.02.22 Eine modern menschliche Wirbelsäule bei Australopithecus sediba?.....	385
29.09.20 Mann und Frau – auch im Gehirn unterschiedlich	391
05.06.20 Das HAR1F-Gen stellt Evolution in Frage	394
19.06.17 Spannendes Buch über die grundlegende Krise von Evolutionstheorien	397

09.03.15 Bindeglied zwischen „Affenmensch“ und Mensch?	400
16.05.13 „Vormensch“ verliert seinen Status.....	402
18.04.13 Endogene Retroviren – ein Beweis für gemeinsame Abstammung?.....	404
02.04.13 Schimpanse und Mensch: Affen äffen nicht nach	407
18.12.12 100 Jahre Piltdown-Mensch.....	409
10.05.10 Neuer Australopithecus-Fund – Bindeglied zum Menschen?	411
21.11.09 Evolution der Religion.....	417
02.07.09 Neue Texte zum Alter der Menschheit.....	420
03.06.09 Ein Fund der „alles ändert“?.....	421
27.05.08 Neuer Artikel „Stufen des Menschen?“	425
06.03.08 Wissenschaft oder Paläophantasie?.....	426
25.10.07 Mensch und Schimpanse noch weiter auseinander	428
04.07.07 Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1 %-Mythos“	429
18.06.07 Neue Texte über „Urmenschen“ und „Urvögel“	432
15.05.06 Alter der Menschheit: 2 Millionen oder 10.000 Jahre?.....	434
14.02.05 Filmbesprechung: „Der Fall des Affenmenschen“	436
27.12.04 Film-Neuerscheinung „Der Fall des Affenmenschen“	438
Paläontologie: Fossilien der Erdneuzeit	439
03.12.21 Mammutzähne – die bisher älteste DNA identifiziert	440
13.06.16 Stasis: Wie viel Stillstand verträgt die Evolutionstheorie?.....	445
19.11.14 Evolution von Komplexität über Fehlentwicklungen?.....	448
23.04.13 Neue Texte zur Pferdereihe.....	451
31.08.11 Über den Ursprung der Fledermäuse	453
19.07.11 Eine Mosaikform besiegelt die Konvergenz des Schlangenkörpers.....	456
22.04.10 Wie ähnlich sind Mensch und Schimpanse?	459
Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters: Dinosaurier und Vögel im Besonderen.....	462
13.11.23 Ein neues Bindeglied zwischen Dinosauriern und Vögeln?.....	462
31.03.23 Cratonavis: Mosaik aus T. rex und Vogel?.....	469
23.11.22 Flugsaurier mit Federn?	476
25.06.22 Stummelarme bei T. rex	482
28.06.21 Ambopteryx: Dinosaurier mit Fledermausflügeln?.....	486
28.04.21 Brutverhalten bei einem Dinosaurier – ein Vogelmerkmal, aber keine evolutionäre Entwicklung	490
20.01.20 Asfaltovenator vialidadi – ein Dinosaurier so seltsam wie sein Name.....	493
22.10.19 Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde	496
17.05.19 Neues Vogelfossil: Wird der „Urvogel“ Archaeopteryx als „ältester Vogel“ abgelöst?	499
22.02.19 Archaeopteryx albersdoerferi – ein weiterentwickelter Urvogel?.....	502
17.03.18 Neuartiger Federtyp bei mutmaßlichem Dinosaurier	505
21.02.18 Caihong – ein Konkurrent für den „Urvogel“?	509
18.01.18 „Dino-Duck“ Halszkaraptor – „rätselhaft und bizarr“	512
04.01.18 Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug	516
27.11.17 Serikornis – Dinosaurier mit halbfertigen Federn?	520
22.03.17 Mosaikform der Gegenvögel passt erneut nicht ins evolutionäre Bild	525
02.03.17 Anfangs explosiv – dann nur noch Fine-Tuning: Vielfalt der Vogelschnäbel.....	528
02.02.17 Urvogel Confuciusornis unerwartet „modern“	531

13.12.16 Dino-Federn in Bernstein?.....	535
08.12.15 Alte Vögel mit moderner Flugkunst.....	539
09.11.15 Dino-Doppelgänger des Vogel Strauß.....	541
22.07.15 Zhenyuanlong – befiederter Dinosaurier, flugunfähiger Vogel oder ...?	545
10.06.15 Hühnchen mit Dinosaurier-Schnauze?.....	549
19.05.15 Buntes Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern.....	552
15.05.15 Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern.....	555
06.05.15 Yi qi – „merkwürdiger Flügel“ eines (Dino-?)sauriers	559
24.07.14 Immer rätselhafter: Der „Urvogel“ Archaeopteryx.....	564
29.01.13 Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?	570
12.12.11 Verzwickte Biogeographie des Hoatzins.....	575
04.08.11 Fällt eine Ikone vom Sockel?.....	578
09.02.10 Löst Haplocheirus das Zeit-Paradox der Vogelevolution?	583
27.10.09 Vierflügelige Vögel am Anfang?	586
07.07.09 Proteinfragmente aus Dino-Fossilien klar bestätigt	589
02.08.08 Gewebereste in Dinosaurier-Fossilien – kontroverse Diskussion der Befunde.....	591
21.06.08 Dinohand zu Vogelflügel?.....	593
22.05.07 Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von Tyrannosaurus rex	595
Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters allgemein	601
18.12.20 Chamäleon-ähnlicher Beutefang mit Zungenschleuder bereits in der Kreide.....	601
30.01.18 Paradebeispiel für Co-Evolution in Frage gestellt	605
14.04.14 Königsfarn – 180 Millionen radiometrische Jahre lang unverändert	608
25.11.13 Sind Blütenpflanzen 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen?.....	610
14.10.11 Über den Ursprung der Schildkröten	613
09.06.09 Das „abscheuliche Geheimnis“ im Darwinjahr.....	615
27.03.09 Von Schildkröten, Makroevolution und Kreationismus	617
19.12.08 Schildkröten-Übergangsform?.....	620
21.04.05 Konvergenz der Gehörknöchelchen der Säugetiere	622
Paläontologie: Fossilien des Erdaltertums (z. B. Entstehung Vierbeiner und Kambrische Explosion)	624
02.05.23 Das Monster, das in kein Schema passt: Das Tully-Monster	624
16.03.21 Lungenfische – Genome und ihre Interpretation	628
28.11.19 Parmastega – neuer erster Vierbeiner?	634
08.12.17 Komplexaugen: Komplex von Anfang an.....	638
10.10.16 Von Fischen zu Vierbeinern? Neues von Acanthostega	641
04.07.16 Amphibische Fische: Mindestens 33-mal unabhängig entstanden.....	644
16.07.15 Collinsium – am Anfang war die Komplexität	647
15.09.14 Evolution vom Wasser ans Land: Gar nicht so schwer?	649
18.07.14 Neuer Text über die kambrische Explosion	654
29.04.14 Ein weiterer Baustein der kambrischen Explosion: Gliederfüßer als Filtrierer.....	656
07.01.14 Eichelwürmer – vom Kambrium bis heute unverändert	659
04.12.13 Frühe Verschiedenartigkeit	661
13.11.13 Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?.....	664
06.11.13 Gliederfüßergehirn: Von Beginn an „modern“.....	667
02.10.13 Fisch mit Gesicht stellt Abstammung auf den Kopf	670

25.01.13 Modernes Denken im Kambrium.....	673
03.08.12 Kryptische Krebse: Moderne Crustaceen-Fossilien aus dem Kambrium.....	677
06.07.12 Eine Lücke weniger? Vierbeiner aus der Romer-Lücke.....	679
28.07.11 „Moderne Optik“ im frühen Kambrium.....	682
07.05.11 Eintagsfliege hinterlässt fossile Spuren	684
13.04.11 Erhebliche Unterschiede in der Hirnphysiologie	687
17.03.10 Täuschen Verwesungsstadien evolutionäre Abfolgen vor?	690
12.01.10 Frühe fossile Fährten rangieren Übergangsformen aus.....	692
15.04.09 Zur Entstehung von Kohle – es kann ganz schnell gehen.....	700
19.04.06 Tiktaalik – ein erstklassiges Bindeglied?.....	703
07.01.05 Neuer Artikel über die „kambrische Explosion“ des Lebens	708
Evolution der Vielzelligkeit.....	710
19.05.23 Capsaspora – ein Modell für die Entstehung der Vielzelligkeit?	710
09.02.09 Der einfachste Vielzeller kommt groß heraus.....	713
09.06.06 Die Endosymbiontenhypothese: Makroevolution oder Intelligent Design?.....	716
Abiogenese: Herkunft des Lebens.....	718
08.09.23 Hat sich die Minimalzelle weiter entwickelt?.....	718
22.06.23 Die Sauerstoffkatastrophe: Revolution oder Storytelling?.....	722
25.10.21 Evolution der Mehrzelligkeit im Labor: vorprogrammierte Anpassung gegen Fressfeinde?	727
12.10.21 Fossile Mikroorganismen in sehr alten Sedimentschichten?.....	731
29.07.21 Ganz oder gar nicht: Die sich teilende Zelle benötigt mindestens 492 Gene.....	735
19.02.21 Leben auf der Venus – doch nur eine leere Sensationsmeldung?.....	739
03.04.20 Was sind Viren und woher stammen sie?.....	743
29.07.19 DNA als Retter der RNA-Welt-Hypothese?.....	748
07.01.19 Schritte zum Leben ohne Enzyme?.....	753
24.11.18 Ursuppe richtig gemischt? Große Sicherheit bei unklarer Faktenlage	759
31.03.18 Lebensspuren unter extremen Wüstenbedingungen – auch auf anderen Himmelskörpern?	761
3.03.17 Mikrofossilien: Hinweis auf sehr frühe Lebensspuren?.....	763
09.05.16 Chemie der Lebensentstehung: Tiefseeschlote im Brennpunkt.....	767
29.01.15 Chemie im Kosmos – Moleküle für das Leben?.....	770
30.09.14 Tetrapyrrole – Biokatalysatoren der ersten Stunde?.....	772
09.05.14 Eiserner Zugang zu ersten Stoffwechselreaktionen?.....	779
12.01.12 Frühe Erdatmosphäre – ungünstige Bedingungen für chemische Synthesen	782
04.04.11 Zur Problematik sehr alter Mikrofossilien	784
24.03.11 Millers Simulationsexperimente erneut unter der Lupe	787
17.06.10 Künstliche Zellen - oder wurde gar Leben erzeugt?	790
25.09.09 Neue Impulse für die präbiotische Synthese von Pyrimidin-Nukleotiden	793
22.04.09 Neues über die Entstehung biochemischer Komplexität.....	795
07.04.09 Ursprung der Homochiralität durch Meteoriten?	797
11.02.09 „Fast lebendige Moleküle“	800
09.07.08 Evolutionäre Entstehung von Holinen	803
02.06.07 Stanley L. Miller - Pionier der Ursuppenforschung gestorben.....	805
10.04.07 Artikel über Chiralität: Wurde wichtige neuere Literatur unterschlagen?.....	807
28.11.05 Neuer Artikel zum Thema „Entstehung des Lebens“.....	810

28.10.04 Fünf neue Beiträge zum Thema „Entstehung des Lebens“	812
05.05.04 Erste Artikel im Fachgebiet Entstehung des Lebens (Präbiotische Chemie).....	813
Geologie.....	814
23.08.19 Totes Meer: Neuer Mechanismus zur Entstehung von Salzablagerungen beschrieben	814
24.01.19 Möglicherweise jüngster großer Impakt-Krater unter dem Grönland-Eis.....	817
17.10.18 Neue Beobachtungen zu Gletscherseeausbrüchen	820
10.12.04 Zwischenbericht eines Junge-Erde-Forschungsprojekts	822
27.01.04 Fachgebiet "Biblisch-urgeschichtliche Geologie" aktiviert	823
Astronomie & Physik	824
29.08.15 Die Suche nach der zweiten Erde	824
19.03.12 Eine Nachlese zum OPERA-Experiment und schnellen Neutrinos	827
09.07.11 Zum Problem langer Lichtlaufzeiten in einem jungen Universum	829
10.10.08 LHC: Der neue Beschleuniger des CERN, eine „Urknall-Maschine“?.....	830
24.05.07 Erdähnlich – oder venusähnlich?	832
11.10.06 Physik-Nobelpreis 2006 für Forschungen zum Urknallmodell.....	834
20.09.04 Vier neue Artikel über extragalaktische Astronomie.....	838
14.08.04 Sieben neue Artikel im Fachgebiet „Kosmologie“	839
01.04.04 Erste Artikel im Fachgebiet "Astronomie, Astrophysik, Kosmologie"	840
Archäologie	841
27.09.21 Atrahasis-Epos, Gilgamesch-Epos und die Sintflut	843
21.04.05 Keine Posaunen vor Jericho?.....	847
Wissenschaftstheorie & Philosophie	850
16.04.10 Naturwissenschaft und Naturgeschichte	850
19.06.09 Evolution und Geist.....	852
27.05.05 Neue Artikel zu aktuellen wissenschaftstheoretischen Fragen.....	854
Theologie & Antikreationismus.....	856
14.04.08 Die Wetterlehre-Allegorie: doch nicht so „simpl“!	856
25.02.08 Bibel gegen Evolution oder umgekehrt?.....	858
23.10.07 (Anti-)Kreationismus in Deutschland	860
12.10.07 „Götter und Designer bleiben draußen“	862
09.10.07 Wo liegen die Grenzen der Evolution?	865
31.08.07 Ein Plädoyer für Wissenschaftszensur?	867
29.08.07 Bemerkenswertes in der „Wirtschaftswoche“ und in der Stuttgarter Zeitung.....	869
22.08.07 Grundsatzklärung der Evangelischen Landeskirche Württemberg zum „Kreationismus“	871
26.07.07 Der Fall des Richard Sternberg – Folgen der Veröffentlichung eines „ID“-Artikels, Teil 2.....	874
17.03.07 Der Fall des Richard Sternberg - Folgen der Veröffentlichung eines „ID“-Artikels	875
15.07.07 Online-Umfrage der Tagesschau zum Thema "Schöpfungslehre im Unterricht"	877
02.07.07 „Schöpfung und Evolution“ beim „Forum Grenzfragen“	878
02.04.07 Prof. Dr. Kutschera verbreitet im „Stern“ falsche Tatsachenbehauptungen über die Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.	882
13.03.07 Kontroverse über Wissenschaft und „Intelligent Design“	885
06.11.06 Aufklärung, Evolution und Gewissensfreiheit	888
03.11.06 Darf die Evolutionstheorie im Biologieunterricht kritisch betrachtet werden?	891
22.09.06 „Arte“ schürt Ängste durch Desinformation und Feindbilder	894

12.07.06 Hochaktuelle Themen in neuer Ausgabe von „Studium Integrale Journal“	898
06.04.06 „Falschaussage“ über Giraffenevolution.....	900
03.04.06 Neuauflage der „Evolutionenbiologie“ von U. Kutschera wiederholt Irreführendes über Evolutionskritiker.....	902
18.03.06 Evolutionskritik und ID an der Uni Bern.....	905
14.03.06 Verfehlte Kritik an der Grundtypenbiologie	907
13.01.06 Sinnentstellende Aussagen über „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“.....	909
10.01.06 Wie die Evolutionstheorie vor Kritik geschützt wird.....	911
07.01.06 Die Evolutionsbeweise des „Spiegel“.....	915
22.11.05 Frontal 21 und die „Wahrheit“	918
05.11.05 Darf Evolutionskritik Gegenstand einer öffentlichen Debatte sein?	921
17.10.05 Streitgespräch über die Evolutionstheorie fällt aus.....	922
19.09.05 Kritik an einem Beitrag des Deutschlandfunk über Kreationisten	923
12.07.05 Desinformation über das evolutionskritische Lehrbuch.....	926
15.12.04 Kontroverse um „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“	928
02.09.04 Ideologen im Kampf gegen Ideologie.....	929
25.06.04 Grundtypenmodell der Schöpfungslehre widerlegt?.....	931
16.06.04 Vier neue Artikel zum Thema „Theistische Evolution“	933
16.06.04 Kommentar zur ZDF-Sendung „Evolution – die große Lüge?“	934
05.05.04 Vier neue Artikel zum Thema „Sündenfall und Biologie“	937
11.02.04 Neue Fragen und Antworten	938

Genetik, Molekularbiologie & Evolutionsfaktoren

24.10.23 Beobachtungen in der freien Wildbahn stellen die Rolle der Selektion in Frage

Seit Charles Darwin wird der natürlichen Selektion meist eine Hauptrolle beim evolutionären Wandel zugebilligt. Eine aktuelle Langzeitstudie an Eidechsen der Gattung *Anolis* brachte diesbezüglich eine Überraschung: Die Daten zeigen, dass in diesem Fall nicht die natürliche Auslese das Vorhandensein von Merkmalen steuert, und dass sie bei den untersuchten Eidechsen in der freien Wildbahn längerfristig kaum eine Rolle spielt.

Die Idee der Evolution ist sehr alt und kein neuzeitlicher Gedanke. Bereits Anaximander, ein griechischer Philosoph des 7. Jahrhunderts v. Chr., vertrat die Ansicht, dass der Mensch von Tieren abstammt, wahrscheinlich von Fischen (Encyclopedia Britannica 2023). Dies ist insofern dem heutigen Evolutionsverständnis nicht unähnlich, als hier ebenfalls die Menschen einen gemeinsamen Vorfahren mit den Fischen hatten, wenn wir weit genug in der Zeit zurückgehen. Heute versteht man unter Evolution „in erster Linie die biologische Evolution. Darunter wird die von Generation zu Generation stattfindende allmähliche Veränderung der vererbten Merkmale einer Population von Lebewesen und von anderen organischen Strukturen (z. B. Viren) verstanden“ (Wikipedia 2023).

Die Evolution, so glaubt man, ist ein realer biologischer Prozess, der alle Organismen hervorgebracht hat, die jemals auf der Erde gelebt haben. Allerdings ist bis heute umstritten, ob ein Mechanismus bekannt ist, mit dem man Höherentwicklung (Innovationen) erklären kann. **Wenn alle höheren komplexen Lebensformen aus einfacheren entstanden sind, muss es eine treibende Kraft geben, die diesen Prozess vorantreibt. Eine Kraft, die Gottes schöpferisches Wirken ersetzen könnte.** Im Jahr 1859 wurde dieses Problem angeblich von dem britischen Theologen und Naturforscher Charles Darwin gelöst, der argumentierte, dass die Evolution durch einen Prozess angetrieben wurde, den er natürliche Selektion nannte. Die natürliche Auslese als treibende Kraft der Evolution ist der Kernpunkt von Darwins Evolutionsverständnis. Und er glaubte, sie sei gleichsam so kreativ wie Gott, denn er schrieb:

„Man kann sagen, dass die natürliche Auslese täglich und stündlich in der ganzen Welt jede noch so kleine Veränderung prüft, das Schlechte verwirft, das Gute bewahrt und addiert, still und unmerklich, wann und wo immer sich die Gelegenheit bietet, an der Verbesserung jedes organischen Wesens in Bezug auf seine organischen und anorganischen Lebensbedingungen arbeitet. Wir sehen nichts von diesen langsamen, fortschreitenden Veränderungen, bis der Zeiger der Zeit den langen Ablauf der Zeitalter markiert hat, und dann ist unser Blick in längst vergangene geologische Zeitalter so unvollkommen, dass wir nur sehen, dass die Lebensformen jetzt anders sind als sie früher waren“ (Darwin 1859).

Es ist klar, dass Darwin die Evolution für einen realen Prozess hielt. Allerdings entzieht er sich weitgehend der Beobachtung, weil er so unvorstellbar langsam abläuft. Bis Wissenschaftler begannen, die Veränderungen und Adaptionen von Organismen in Langzeitstudien genauer zu untersuchen, war dies der Standard der Evolutionsbiologie. Das

änderte sich in den letzten 40 Jahren, als eine explosionsartige Zunahme von Studien bewies, dass Veränderungen sehr schnell ablaufen können – sogar von einer Generation zur nächsten. Besonders gut untersucht ist dies bei *Anolis*-Eidechsen, die vor allem in der Karibik und angrenzenden Gebieten vorkommen. Diese können sich sehr schnell an neue Biotope anpassen, beispielsweise auf neu besiedelten Inseln. Eine neue Studie, die in der Zeitschrift PNAS vorgestellt wurde, unterstreicht diese Fähigkeit erneut.

James Stroud, Assistenzprofessor an der School of Biological Sciences des Georgia Institute of Technology (USA), hat mit einem Team in einer Langzeitstudie an einer Population von Eidechsen gemessen, wie ihre Evolution in freier Wildbahn verläuft (Stroud et al. 2023). Was er herausfand, stellt eine lang gehegte evolutionäre Überzeugung in Frage, nämlich die Rolle der natürlichen Selektion.

Stroud und sein Team führten eine Feldstudie durch, bei der vier verschiedene Arten von *Anolis*-Eidechsen auf einer kleinen Insel in den Fairchild Tropical Botanic Gardens in Coral Gables, Florida, beobachtet wurden. Er bestimmte das Überleben dieser vier Eidechsenarten in fünf aufeinanderfolgenden Zeiträumen. Bei den eingefangenen Exemplaren führte er weitere morphologische Analysen im Labor durch, wo er Schädel, Beine, Füße, das Gewicht und sogar die Haftfähigkeit der Zehen der Eidechsen verglich. Nachdem die Echsen mit einer Identifikationsnummer versehen und mit einem winzigen Etikett unter der Haut markiert worden waren, entließ das Team die Eidechsen auf die gleichen Äste, in denen sie sie gefunden hatten. Drei Jahre lang wurden Eidechsen gefangen, Messungen durchgeführt, die Eidechsen wieder freigelassen und untersucht, welche Eidechsen überlebten.

Nach drei Jahren konnte das Team die Überlebensdaten mit der Variation von Körpermerkmalen in Beziehung setzen und auf diese Weise analysieren, welche Körpermerkmale wichtige Voraussetzungen für das Überleben sind. Theoretisch könnten die Analysen zu einem besseren Verständnis dazu führen, wie die natürliche Auslese auf Merkmale der gesamten Gruppe der Eidechsen wirken würde. Barzler kommentiert (in Übersetzung): „Zu seiner Überraschung stellte Stroud fest, dass die stabilisierende Form der natürlichen Selektion – diejenige, die die gleichen, durchschnittlich ausgeprägten Merkmale einer Art beibehält – äußerst selten war. Tatsächlich variierte die natürliche Selektion im Laufe der Zeit massiv. In manchen Jahren überlebten Eidechsen mit längeren Beinen besser, in anderen Jahren Eidechsen mit kürzeren Beinen. Zu anderen Zeiten gab es überhaupt kein klares Muster.“

„Das faszinierendste Ergebnis ist, dass die natürliche Selektion im Laufe der Zeit extrem variabel war“, so Stroud et al. (2023). „Wir haben oft gesehen, dass die Selektion von einem Jahr zum nächsten eine völlig andere Richtung einschlug. Wenn man sie jedoch zu einem langfristigen Muster zusammenfasst, heben sich all diese Schwankungen praktisch von selbst auf: Die Arten blieben über den gesamten Zeitraum hinweg bemerkenswert ähnlich“ (nach Barzler 2023).

Die in PNAS dokumentierten Ergebnisse werden als „überraschend“ und „noch nie dagewesen“ bezeichnet. Langzeitstudien wie die von Stroud et al. wurden bisher aufgrund des hohen Arbeits- und Zeitaufwands kaum durchgeführt (Barzler 2023).

Die Daten zeigen also, dass in diesem Fall nicht die natürliche Auslese das Vorhandensein von Merkmalen steuert, und dass sie bei den untersuchten Eidechsen in der freien Wildbahn längerfristig kaum eine Rolle spielt. Man kann gespannt sein, ob weitere Langzeitstudien dieser Art zu ähnlichen Ergebnissen führen.

Die Rolle der natürlichen Selektion, die für Darwins Theorie und Nachfolgetheorien zentral war und ist, wurde von vielen Biologen zu Lebzeiten Darwins und auch danach kritisch gesehen, was wenig bekannt ist (Thomas 2021). Das betrifft vor allem das vermeintliche kreative Potenzial der Selektion. Schon vor Darwin schätzte Edward Blyth, ein britischer Biologe, bereits im Jahr 1835 die Wirkung der Selektion, die er wie Darwin „Zuchtwahl“ nannte, wie folgt ein: „Dasselbe Gesetz [der Zuchtwahl], das von der göttlichen Vorsehung festgesetzt wurde, um die typischen Merkmale einer Art zu erhalten, kann vom Menschen einfach umgedreht werden in einen Mechanismus, um verschiedene Abarten [d. h. Varianten] zu züchten. Aber es ist auch deutlich, dass, wenn der Mensch den sexuellen Verkehr bei diesen Rassen nicht regulieren würde, sie alle bald zum ursprünglichen Typ zurückkehren würden“ (Blyth 1835).

Dennoch hat sich die Sicht durchgesetzt, dass Selektion eine formende, gleichsam schöpferische Kraft sei – und das, obwohl eine Auswahl („Selektion“) zuerst das Vorhandensein von Varianten erfordert, aus denen „gewählt“ werden kann. Die neue Langzeitstudie an den *Anolis*-Eidechsen hat diese Sicht einmal mehr nicht bestätigt. In diesem Fall war zudem überraschend, dass nicht einmal eine bestimmte Richtung über mehrere Generationen hinweg erkennbar ist. Auch eine so umfassende, arbeitsintensive Studie über den Einfluss der Selektion bei *Anolis*-Echsen konnte also nicht zeigen, dass Selektion Innovationen erzeugt hätte.

Quellen

Blyth E (1835) An attempt to classify the Varieties of Animals, with observations on the marked seasonal and other changes which naturally take place in various British species, and which do not constitute varieties. *Magazine of natural History*, 8(1), 40-53.

Darwin C (1859) On the Origin of Species. Kapitel 4. Natural Selection. Zitat aus: <https://www.theguardian.com/science/2008/feb/09/natural.selection>

Encycopedia Britannica “Anaximander” (2023) <https://www.britannica.com/biography/Anaximander>

Barzler C (2023) Long-term lizard study challenges the rules of evolutionary biology. October 9, 2023. <https://phys.org/news/2023-10-long-term-lizard-evolutionary-biology.html>

Stroud JT, Moore MP, Langerhans B & Losos JB (2023) Fluctuating selection maintains distinct species phenotypes in an ecological community in the wild. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 20(42), e2222071120 <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2222071120>

Thomas N (2021) Taking leave of Darwin. A Longtime Agnostic Discovers the Case for Design. Seattle: Discovery Institute Press.

Wikipedia: „Evolution“. <https://de.wikipedia.org/wiki/Evolution>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n323.php

12.10.23 Repetitive DNA-Sequenzen steuern die Ausprägung von Genen

Erneut wurde eine wichtige bisher unbekannte Funktion der „Junk-DNA“ aufgeklärt

Kurze Tandemwiederholungen (KTW, engl. Short Tandem Repeats) sind im gesamten Genom (Erbgut) vorhanden, entweder in codierenden Sequenzen, oder außerhalb und zwischen den Genen. Ihre Funktionen waren lange Zeit unklar, und sie wurden von Evolutionsbiologen oft als „Junk-DNA“ katalogisiert, d. h. als Sequenzen ohne biologische Funktion. Zunehmend werden sie jedoch durch Genetiker als regulatorische Elemente des Genoms erkannt. Eine neue in *Science* veröffentlichte Studie zeigt nun, dass 5 % des Genoms aus solchen KTW aufgebaut sind und wichtige Funktionen bei der Expression (Nutzung) von genetischer Information haben, insbesondere von proteincodierenden Genen.

Genetische Elemente des Genoms

Das Genom eines Organismus ist die Gesamtheit der in der DNA gespeicherten genetischen Information, die in einer Zelle vorhanden ist. In der Geschichte der Erforschung der DNA wurden zuerst proteincodierende Sequenzen nachgewiesen (kurz „Proteingene“), die sozusagen für die Werkzeuge der Zellen codieren und etwa 20 Prozent der gesamten DNA ausmachen (einschließlich der Introns und anderer regulatorischer Sequenzen, die für einen funktionsgerechten Aufbau der codierten Werkzeuge benötigt werden). Darüber hinaus enthält das Genom Sequenzen, die auf den ersten Blick keine Funktion zu haben scheinen, weil sich darin kurze Nukleotidabfolgen in Tausenden von Kopien – manchmal Zehntausenden – wiederholen. Diese repetitiven Elemente sind als „long interspersed nuclear elements“ (LINE; 21% des menschlichen Genoms), endogene Retroviren (ERV; 8% des Genoms) und Alu-Sequenzen bekannt. Alu-Sequenzen werden zu den „short interspersed nuclear elements“ (SINE; etwa 11% des Genoms) gerechnet. Dabei handelt es sich um kurze DNA-Abschnitte, die ihren Namen (Alu-Sequenzen) ursprünglich durch die Wirkung des Restriktionsenzym von *Arthrobacter luteus* (Alu)* erhielten, das gezielt nur diese Sequenzen schneidet.* Zusammen machen diese Elemente fast die Hälfte des gesamten menschlichen Genoms aus (Borger 2018). Diese repetitiven Sequenzen wurden lange Zeit als funktionslose Überbleibsel des Evolutionsprozesses betrachtet (z. B. als Überbleibsel von uralten im Genom integrierten Viren) und als „egoistische DNA“ oder „Junk-DNA“ bezeichnet, da damals ihre einzige bekannte Funktion zunächst nur die Selbstreproduktion war. **Zunehmend wurde jedoch erkannt, dass es sich um regulatorische Sequenzen für die Nutzung von Genen (Genexpression) und die Induktion von Variation handelt** (Borger 2018; 2023).

Eine vierte Klasse von repetitiven genetischen Elementen sind die sog. „short tandem repeats“ (kurze Tandemwiederholungen; KTW). Auch bekannt als „Mikrosatelliten“ oder „einfache Sequenzwiederholungen“ handelt es sich dabei um DNA-Elemente, die aus einer sehr kurzen sich wiederholenden Einheit von 1 bis 6 Nukleotiden (DNA-Buchstaben) bestehen. Oft haben die KTW-Sequenzen aber auch Längen von bis zu 100 Nukleotiden und sie sind bei Prokaryoten und Eukaryoten, einschließlich des Menschen, weit verbreitet. Das menschliche Genom besteht zu etwa 5 % aus diesen KTW-Elementen. Sie sind im gesamten Genom zu finden – sogar in den codierenden Regionen von Proteingenen, wo sie für längere Aminosäureketten mit denselben oder nur zwei Aminosäuren codieren. Da DNA-Wiederholungen einen geringen Informationsgehalt haben, wurden sie von Evolutionsbiologen lange Zeit als funktionslos betrachtet. In einem kürzlich erschienenen

Artikel in der Wissenschaftszeitschrift *Science* zeigen Molekulargenetiker nun, dass KTW als Andockstellen für Proteine dienen, die die Genexpression steuern (Horton 2023, Kuhlman 2023).

Kurze Tandemwiederholungen (KTW) als genetische Schalter

Zur Herstellung von Proteinen wird die Information eines Gens in ein Botenmolekül (mRNA) umgeschrieben. Dieser Prozess wird von Transkriptionsfaktoren (TF) durchgeführt; das sind Proteine, die an DNA-Sequenzen im Genom binden. Im Laufe der Jahre wurden Hunderttausende solcher „Andockstellen“ identifiziert. Dennoch binden viele TF an DNA-Abschnitte, denen eine solche Andockstellen fehlt, während andere DNA-Abschnitte mit solchen Andockstellen von TF unbesetzt bleiben. Dies deutet darauf hin, dass zusätzliche DNA-Sequenzen eine Rolle bei der Steigerung bzw. Regulation der Genexpression spielen. Die Autoren des *Science*-Artikels zeigen, dass die KTW, die oft in so genannten Enhancern (Transkriptionsverstärker) angereichert sind, diese Rolle übernehmen (Kuhlman 2023, Horton 2023).

Die Forscher untersuchten die Bindungsstärke von zwei grundlegenden TF (Pho4 und MAX), die an eine CACGTG-DNA-Sequenz („Gene-switch“) binden, und bewerteten die Auswirkungen mehrerer verschiedener Arten von benachbarten KTW auf ihre Bindungsstärke an die DNA und ihre Aktivität. Sie fanden eine bis zu 70-fach erhöhte Bindung für 609 verschiedene TF-DNA-Kombinationen in Gegenwart verschiedener KTW. Weitere Analysen ergaben, dass etwa 90 % der untersuchten TF bevorzugt mindestens einen Typ von KTW binden. Da KTW in hohem Maße veränderbar sind, schlagen sie vor, sie als eine „leicht evolvierbare Klasse“ von regulatorischen DNA-Elementen zu betrachten. Damit ist gemeint, dass durch die Veränderung der Länge der KTW-Sequenzen leicht neue Genexpressionsmuster erzeugt werden können; d. h. die Expression von Genen kann dadurch dirigiert werden. Mit anderen Worten: **KTW erzeugen Variation und sollten daher als Variation-induzierende genetische Elemente bezeichnet werden** (Borger 2018; 2023). Da bevorzugte KTW nicht unbedingt bekannten DNA-Bindungsmustern ähneln müssen, vermuten die Forscher, dass es einen Mechanismus geben könnte, durch den ähnliche TF in verschiedenen regulatorischen Regionen rekrutiert werden können, damit sie unterschiedliche Gene regulieren. Sie schlagen vor, dass KTW die Muster beherbergen und als zusätzliche „Gen-Schalter“ dienen, um die lokale TF-Konzentration und die Bindungsreaktionen abzustimmen, und so die Genexpression abstimmen (Horton 2023). **Einmal mehr zeigt sich, dass das Genom viel komplexer ist als bisher angenommen und dass scheinbar nutzlose DNA-Sequenzen Funktionen – beispielsweise genregulatorische – besitzen.**

Fazit

Mit dem heutigen Wissen muss man eine Zelle als einen Nanocomputer betrachten. Das Genom der Zelle erweist sich als ein informationstragendes und -verarbeitendes System, das eine begrenzte Anzahl von Informationssequenzen enthält, die als proteincodierende Gene (also für die zellulären Werkzeuge) codieren, sowie eine große Zahl von regulatorischen Informationssequenzen, die helfen, dass die „Werkzeuge“ in den passenden Mengen zur richtigen Zeit exprimiert werden. **Einige Molekularbiologen haben das Genom als proteincodierende Inseln in einem Ozean von regulatorischen Schaltern bezeichnet.** Andere beschreiben Genome als RNA-Computer mit Protein-Output. Zellen sind programmiert. In der Biologie werden zunehmend Ausdrucksweisen verwendet, die auch in der Informatik und Kybernetik zu finden sind. Dieser Sprachgebrauch verdeutlicht, dass in

den Biowissenschaften zunehmend auch der Aspekt der Informationsverarbeitung Raum gewinnt.

Bauen sich Computer von alleine? Werden Computer durch zufällige (molekulare) Prozesse programmiert? Selbst die einfachste Zelle ist noch mehr als ein gigantischer Computer, der Eingangssignale aus seiner Umgebung aufnimmt und sie integriert, um eine angemessene biologische Leistung hervorzurufen. Wir wissen, dass Computer und Computerprogramme nur durch Intelligenz entworfen werden können. Dies gilt für alle Informationssysteme, auch für diejenigen, die in den Zellen vorhanden sind.

Quellen

Borger P (2018) Darwin Revisited – Or how to understand biology in the 21st century. Scholars Press. pp 142–163.

Borger P (2023) Über den Entwurf des Lebens. Mobile genetische Elemente. Studium Integrale J. 30, 22–30.

Horton CA et al. (2023) Short tandem repeats bind transcription factors to tune eukaryotic gene expression. *Science* 381, eadd1250.

<https://www.science.org/doi/full/10.1126/science.add1250?intcmp=trendmd-sci>

Kuhlman TE (2023) Repetitive DNA regulates gene expression. *Science* 381, 1289–1290. (editorial) <https://www.science.org/doi/full/10.1126/science.adk2055>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n322.php

25.09.23 Sprunghafte Entstehung von Genen?

Zunehmend wird beobachtet, dass unterschiedliche Organismen ihre eigenen, einzigartigen Gene haben, die so genannten *de-novo*-Gene. Wirklich neu sind sie aber nicht, sondern in nicht-funktionaler Form bereits latent (verborgen) vorhanden. Ihre latente Existenz in der DNA war unerwartet und widerspricht den gängigen Vorstellungen gradueller Evolution. Evolutionstheoretiker sind nun gezwungen, davon auszugehen, dass Genome Lagerstätten voller potenzieller Funktionen sind – eine Vorstellung, die eher mit einem vorausschauenden Schöpfer vereinbar ist.

Die Entstehung neuer proteincodierender Gene aus zufällig erzeugten DNA-Sequenzen ist statistisch eher unwahrscheinlich (Lau & Dill 1990). Das liegt daran, dass die Strukturform von Proteinen mit einer beliebigen Sequenz unspezifisch und ungeordnet ist; eine solche Struktur kann Amyloid-Plaques bei Alzheimer und neurodegenerativen Erkrankungen ähnlich sein. Eine zufällig erzeugte DNA-Sequenz würde also in der Regel nicht für funktionale Proteine codieren, sondern eher schädlich sein (Brown 2023). Deswegen suchten Evolutionstheoretiker die Entstehung neuartiger genetischer Information (neuer Gene) bisher in einem Prozess, der mit einer Genduplikation (Genverdopplung) startet. Anschließend muss eines der Duplikate (oder beide) durch Mutation verändert werden und sich durch Selektion in der Population durchsetzen. Die Genese von neuen Genen wäre damit nicht nur ein gradueller, sondern auch ein extrem langwieriger Prozess. Das Motto lautet: *Natura non facit saltus* – „Die Natur macht keine Sprünge“. Dies erklärt auch die Popularität der Darwin'schen Evolutionslehre.

In weniger als einem Jahrzehnt wurde diese Ansicht jedoch durch umfangreiche Indizien für das saltatorische (sprunghafte) Auftreten von neuen Genen in Frage gestellt (Borger 2020). Eine große Anzahl von Genen scheint ohne evolutionäre Vorgeschichte, sozusagen aus dem Nichts – *de novo* – entstanden zu sein. **Natürlich entstehen Gene nicht wirklich aus dem Nichts. Unter einem *de-novo*-Gen versteht man vielmehr ein funktionales Gen, das zuvor funktionslos war.** In der Evolutionsbiologie wird bereits dann von einem *de-novo*-Gen gesprochen, wenn es nur bei einer von zwei verwandten Arten auftritt – es wird dann postuliert, dass es evolutionär *de novo* entstanden ist. Das Neue ist also nicht das Gen an sich (eine DNA-Sequenz), sondern eine neu auftretende Funktion, ausgehend von einem zuvor (mutmaßlich) funktionslosen Gen.

De-novo-Gene kommen in vielen eukaryotischen Arten vor und codieren Proteine, die in vielen Geweben exprimiert werden und reich an Protein- und DNA-Bindungsdomänen sind. Anders ausgedrückt: Sie sind funktional, d. h. sie sind an den molekularbiologischen Wechselwirkungen in den Zellen beteiligt. Eine unerwartete Quelle genetischer Information liegt in den scheinbar nutzlosen Regionen, die lange Zeit als „Müllhalden“ („junk yards“) der Evolution interpretiert wurden. In einer aktuellen Arbeit in *Nature Ecology & Evolution* vermuten Evolutionstheoretiker, dass bei Menschen *de-novo*-Gene aus DNA-Abschnitten entstanden seien, die für scheinbar nutzlose RNA-Transkripte in Makaken codieren, nämlich sogenannte lange nicht-codierende RNA, *lncRNA* (An et al. 2023).

***De-novo*-Gene beim Menschen**

Die Autoren beschreiben, wie sie 45 spezifisch menschliche *de-novo*-Gene entdeckten, also beim Menschen vorkommende funktionale Gene, für die bei Makaken keine Funktion bekannt ist. Sie identifizierten charakteristische U1-Elemente und RNA-Spleiß-verwandte Sequenzen, die für den RNA-Kernexport verantwortlich sind; in dieser Hinsicht unterscheiden

sich die mRNAs von lncRNAs. Die lncRNAs haben alle ein funktionales U1-Element, das bei den mRNAs fehlt (An et al. 2023). Die Forscher wählten eines dieser Gene aus (ENSG00000205704), das in der Gehirnentwicklung exprimiert (ausgeprägt) wird. Damit wiesen sie experimentell nach, dass das Ausschalten oder die Überexpression des Gens in menschlichen embryonalen Stammzellen die neuronale Reifung von kortikalen Organoiden (d. h. ein in Kulturgefäßen gezüchtetes 3-dimensionales Gebilde aus neuronalen Zellen, die als Minimodell des Gehirns dienen) beschleunigt bzw. verzögert. Wenn das Gen in Mäuse übertragen und exprimiert wurde, entwickelten diese Gehirne mit einer höheren kortikalen Faltungsstruktur, die für die Gehirnmorphologie der menschlichen Großhirnrinde typisch ist (Brown 2023). Beim Menschen produzieren die funktionalen *de-novo*-Gene mRNAs, die den Zellkern aktiv verlassen, und die Proteine, für die sie codieren, werden ordnungsgemäß übersetzt und tragen direkt zur Entwicklung des menschlichen Gehirns bei (An et al. 2023). Wie die sprunghaften Umwandlungen von lncRNA-Genen in vollwertige Protein-Gene, die wir nur beim Menschen finden, zustande kommen, ist bisher völlig ungeklärt.

Die Entstehung voll funktionsfähiger Gene in einem Sprung wird als ein Alles-oder-Nichts-Typ der Emergenz verstanden, d. h. als ein plötzliches, unableitbares bzw. unvorhersehbares Ereignis, und entkräftet Theorien der *allmählichen* evolutionären Exaptation (Übernahme neuer Funktionen in einem neuen Zusammenhang). Aus diesem Grund wurde 2017 auch in der Genetik das Modell der Voranpassung („pre-adaptation“) aufgestellt, das die Präexistenz funktionaler Merkmale in bislang funktionslosen Genen und eine Alles-oder-Nichts-Entstehung zur Funktionalität beinhaltet (Wilson et al. 2017). **Dieses Modell erklärt allerdings nichts, sondern ist nur eine alternative Beschreibung der Beobachtungen. Es bleibt die Frage: Wie kann Funktion bereits in ungenutzter „Junk-DNA“ vorhanden bzw. vorangepasst sein?**

Genome werden zunehmend als große, dynamische und vorangepasste Reservoirs betrachtet, die neue Strukturen und Funktionen hervorbringen können. In diesen Reservoirs stecken also nach dieser Sicht latent neue Strukturen und Funktionen, die durch geringfügige Änderungen zur Ausprägung kommen können. Auf diese Weise soll Evolution nicht (nur) an alten Teilen „herumbasteln“, sondern nach den Vorstellungen der Evolutionsbiologen auch gleichsam neue Dinge erschaffen (Karger et al. 2018). **Aber was heißt hier „neu“ genau?** Schließlich ist die Bildung neuartiger funktionaler Gene aus nicht-codierender DNA aus Sicht der materialistischen (neo-)darwinistischen Sicht der Evolution, in der Zufallsmutationen und Selektion die einzigen bekannten Wirkprinzipien sind, kaum zu erwarten. Wie sollten bislang funktionslose Zufallssequenzen durch eine Anhäufung von Zufallsmutationen über Millionen von Jahren funktionsfähig werden? Ein solches Szenario wäre nicht nur aus empirischer, mathematischer und informationstechnischer Sicht, sondern auch aus evolutionärer (materialistischer) Sicht völlig unrealistisch. Die Situation stellt sich anders dar: Man kann heute davon ausgehen, dass in den Genom-Netzwerken der Lebewesen Voranpassungsmechanismen existieren. Das jedoch passt besser in den Rahmen eines intelligenten Designs. **Die überraschende Entdeckung, dass neue Gene sprunghaft aus nicht-proteincodierenden Sequenzen hervorkommen können, deutet darauf hin, dass die DNA mit vorangepassten Sequenzen und nicht mit nutzlosem Müll ausgestattet sein könnte.**

Deutung im Schöpfungsrahmen

Wie die neuen Entdeckungen in das Paradigma der Schöpfungswissenschaft passen, muss weiter untersucht werden. Es existiert durchaus die Möglichkeit, dass die lncRNA bei Makaken gar nicht funktionslos sind, sondern bisher unbekannte Funktionen im Zellkern

haben, wie die U1-Sequenz zeigt, die sicherstellt, dass die betreffende lncRNA im Zellkern verbleibt. Im evolutionären Rahmen haben sich Makaken aus der Familie der Meerkatzenverwandten und Menschen vor grob 30 Millionen Jahren auseinanderentwickelt (vgl. Scholl 2023, Tab. 1). Funktionslose Sequenzen würden dies aufgrund der zufälligen Anhäufung von Mutationen so lange Zeit nicht unbeschadet überleben. Es ist also anzunehmen, dass die lncRNA-Gene bei Makaken funktional sind. Beim Menschen sind sehr ähnliche proteincodierende Gene für die Gehirnentwicklung ebenfalls funktional. Die evolutionäre Verwandtschaft von Menschen und Makaken wird wie üblich einfach unbewiesen vorausgesetzt, d. h. die menschlichen proteincodierenden Gene sollen in dieser Sichtweise aus lncRNA-Genen hervorgegangen sein, wie sie in Makaken vorgefunden werden. Die Beobachtungen sprechen jedoch nicht für die schrittweise Darwin'sche Evolution, wie sie immer noch in Schulen und Universitäten gelehrt wird. **Die Entstehung von funktionalen Genen ausgehend von nicht-funktionalen Genen (also in diesem Sinne *de novo*, s. o.) passt hingegen besser zur Schöpfungslehre, weil man eine programmierte Situation annehmen kann**, in der Gene durch geringfügige Änderungen neue, bisher nicht beobachtete Funktionen aufweisen können. Nur in diesem funktionalen Sinne sind die Gene wirklich neu.

Literatur

Borger P (2020) De Novo – Gene aus dem Nichts? Interpretationsfehler oder komplexes Genom? Stud. Integr. J. 22, 88–96.

An NA et al. (2023) De novo genes with an lncRNA origin encode unique human brain developmental functionality. Nature Ecology & Evolution 7, 264–278, <https://www.nature.com/articles/s41559-022-01925-6>.

Brown W (2023) Study Finds Human Gene Linked to Larger Brains Arose from Non-Protein Coding (“Junk”) DNA. <https://www.resonancescience.org/blog/study-finds-human-gene-linked-to-larger-brains-arose-from-non-protein-coding-junk-dna>; aufgerufen am 14.08.2023)

Karger A et al (2018) Variation and Novelty in Evolution: De Novo Genes arise and enable Protein Structural Innovation. Intelligent Systems for Molecular Biology Conference, Chicago. https://www.youtube.com/watch?v=_1WNiXr2XqY, Min. 15:03 – 15:30.

Lau KF & Dill KA (1990) Theory for protein mutability and biogenesis, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87, 638–642.

Scholl B (2023) Beherrschen Schimpansen etwa doch Grammatik? W+W-Onlineartikel, vom 27.03.2023, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schimpansengrammatik/>.

Wilson BA et al. (2017) Young genes are highly disordered as predicted by the preadaptation hypothesis of de novo gene birth. Nat. Ecol. Evol. 1, 0146, doi:10.1038/s41559-017-0146.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n321.php

07.07.23 Photosynthese – wie Biologie von Physik profitiert

Photosynthese nutzt möglicherweise Quantenphänomen: Die Bose-Einstein-Kondensation

Organismen wie Bakterien, Algen und Pflanzen nutzen die Sonnenenergie, um ihre Biomasse aufzubauen. Dies erscheint uns geradezu selbstverständlich. Physikalische Phänomene wie Bose-Einstein-Kondensate hingegen gelten als exotisch. Kürzlich fanden Biophysiker heraus, dass es eine Verbindung zwischen diesen beiden so unterschiedlichen Phänomenen geben könnte und ermöglichten so einen tiefen Einblick in die Energieübertragung in Bio-Molekülen und Materialien in einem Lichtsammelkomplex, wie er in grünen Schwefelbakterien auftritt.

Die Bose-Einstein-Kondensation ist ein Quantenphänomen, bei dem eine große Anzahl von **Bosonen*** gleichzeitig den Grundzustand (d. h. das niedrigste Energieniveau) eines Systems einnimmt. Im Jahr 1925 von dem Quantenphysiker Satyendra Nath Bose vorhergesagt, wurden Bose-Einstein-Kondensate 70 Jahre später von Weimann, Cornell und Ketterle experimentell festgestellt, eine Entdeckung, wofür sie 2001 den Nobelpreis erhielten (Schwarz 2019).

***Bosonen** (= Ein Teilchen mit ganzzahligem Eigendrehimpuls (Spin), z. B. Photonen)

Bose-Einstein-Kondensate, die auch als fünfter Zustand der Materie bezeichnet werden (neben fest, flüssig, gasförmig und plasmatisch), entstehen, wenn Atome auf nahezu den absoluten Nullpunkt abgekühlt werden. Die offensichtlichste Eigenschaft eines Bose-Einstein-Kondensats ist, dass ein großer Teil seiner Teilchen denselben, nämlich den niedrigsten, Energiezustand einnimmt. Bei im Labor erzeugten Bose-Einstein-Kondensaten kann dies durch Messung der Geschwindigkeitsverteilung der Teilchen bestätigt werden.

Es gibt auch die Bose-Einstein-Kondensation von **Exzitonen***, wenn diese sich zu einem einzigen sog. kohärenten Quantenzustand, dem so genannten Exzitonenkondensat, verfestigen. Dieser Zustand ermöglicht einen verlustfreien Energietransfer, der jedoch typischerweise nur unter extremen Laborbedingungen in hoch geordneten Materialien stattfindet (Schouten 2023).

***Exzitonen** (= Kombinationen aus einem Elektron und einem positiven Loch (ein leerer Elektronenzustand in einem Valenzband, das zuvor durch das Elektron besetzt wurde), das sich frei durch einen nichtmetallischen Kristall bewegen kann)

Bei der Photosynthese wird mithilfe des Chlorophylls* Wasser und Kohlendioxid durch Lichtenergie in pflanzliche Stoffe (Kohlenhydrate) umgewandelt. Dazu muss die Lichtenergie nach der Absorption eines Photons im photosynthetischen Reaktionszentrum weitergeleitet werden. (Das photosynthetische Reaktionszentrum ist ein Komplex aus mehreren Proteinen, Pigmenten und anderen Co-Faktoren, die zusammen die primären Energieumwandlungsreaktionen der Photosynthese durchführen; die Stelle in den photosynthetischen Molekülen, an der Photonen gesammelt werden.) Das ist aber eigentlich ein Problem. Denn die Atome, aus denen die komplexen molekularen Maschinen der Photosynthese bestehen, verhalten sich wie ein dichter Wald. **Wie aber kann die Energie jemals das photosynthetische Reaktionszentrum erreichen, wenn sie im „molekularen Wald“ immer wieder auf Atome prallt?** Das wäre so, als würde man mit einem Jagdgewehr in den Wald schießen und hoffen, ein Ziel zu treffen, obwohl Bäume im Weg stehen.

***Chlorophylls** (= „Blattgrün“, einem Komplex aus Makromolekülen)

Doch den photosynthetischen Organismen gelingt es, das Sonnenlicht in Blätter, Stängel und Blüten umzuwandeln, als ob der atomare Wald nicht existierte. Wie machen sie das?

Eine neue Studie der Universität Chicago, die am 28. April 2023 in der Zeitschrift *PRX Energy* veröffentlicht wurde, legt nahe, dass dies durch ein Exzitonenkondensat ermöglicht wird, das dem unter extremen Bedingungen im Labor gefundenen sehr ähnlich ist. Es ermöglicht einen physikalischen Prozess, analog zu Supraleitung und Suprafluidität, der es der Energie ermöglicht, verlustlos durch ein Material zu fließen. Bildhaft gemäß dem obigen Gleichnis: Die Gewehrkegel kann Bäume durchdringen, ohne dabei Energie zu verlieren.

Dass Pflanzen vermutlich einen sehr ähnlichen Mechanismus wie bei der Bose-Einstein-Kondensation nutzen, war unerwartet und hat großes wissenschaftliches Interesse geweckt – denn **was Wissenschaftler im Labor nur bei Temperaturen um den absoluten Nullpunkt erreichen können, leisten Pflanzen offenbar bei Raumtemperatur**. Einer der leitenden Forscher, Prof. David Mazziotti, kommentierte: „Soweit wir wissen, waren diese Bereiche noch nie miteinander verbunden, daher fanden wir dies sehr interessant und aufregend“ (Lerner 2023). Und Anna Schouten, eine der Mitautorinnen, erklärt: „Die photosynthetische Lichtsammlung findet in einem [biologischen] System bei Raumtemperatur statt, dessen Struktur zudem ungeordnet ist – ganz im Gegensatz zu den ursprünglichen kristallisierten Materialien und den kalten Temperaturen, die man zur Herstellung von Exzitonenkondensaten verwendet“ (Lerner 2023).

Die beobachteten Kondensate sind zwar nicht so perfekt wie unter extremen Laborbedingungen, aber die Effizienz der Energieübertragung im photosynthetischen System wird fast verdoppelt (Schouten 2023).

Aber wie sind die Forscher zu dieser Entdeckung gekommen, da es keine Möglichkeit gibt, diese atomaren Wechselwirkungen mit bloßem Auge oder mithilfe von Mikroskopen zu sehen? Mazziottis Labor hat sich auf die Erforschung komplizierter atomarer und molekularer Wechselwirkungen mit Hilfe hochentwickelter Computermodelle spezialisiert, die ihnen einen Einblick in das zugrunde liegende Verhalten der Teilchen geben. In der Studie wollten sie herausfinden, was auf molekularer Ebene bei der Photosynthese passiert.

Wenn ein Photon von der Sonne auf ein Blatt trifft, löst es eine Veränderung in einem speziellen Molekül aus, dem so genannten Chromophor. Chromophore sind lichtabsorbierende Moleküle, die in der Regel an eine Proteinstruktur gebunden sind, die sie an Ort und Stelle hält. Die in dem Photon gebundene Energie regt ein Elektron des Chromophors an, wobei ein „Loch“ in dem Chromophor entsteht. Das Elektron und das „Loch“ können nun durch das Blatt wandern und die Energie des Photons zu einem anderen Bereich befördern. Dieses wandernde Elektronen-Loch-Paar wird als „Exziton“ bezeichnet. Als das Team um Mazziotti eine Gesamtübersicht erstellte und modellierte, wie sich mehrere Exzitonen bewegen, fiel ihnen etwas Merkwürdiges auf. Sie sahen Muster in den Bahnen der Exzitonen, die bemerkenswert vertraut aussahen (Lerner 2023).

Was die Forscher beobachteten, entsprach weitgehend dem Verhalten eines Materials, das als das bereits erwähnte Bose-Einstein-Kondensat bekannt ist. Die von den Lichtphotonen erzeugten Exzitonen verbinden sich zu einem einzigen Quantenzustand – ähnlich wie die

Geiger in einem Orchester, die alle einen Ton perfekt gestimmt spielen. Im Quantenuniversum der Teilchenphysik kann sich die Energie so ohne Reibung durch das Material bewegen. Dieses Phänomen des energetisch verlustfreien Transports hat viel Aufmerksamkeit erregt, da es für hochempfindliche elektronische Geräte und Supercomputer interessant ist.

Es ist möglich, dass diese Entdeckungen bei photosynthetisierenden Bakterien, die bei Raumtemperatur arbeiten, neue Möglichkeiten für die Erzeugung synthetischer Materialien für zukünftige Technologien eröffnen. Im Labor ist ein perfektes ideales Exzitonenkondensat empfindlich und erfordert eine Menge spezieller Bedingungen. Systeme, die mit solchen in der Natur vorkommenden Materialien gebaut werden und bei Raumtemperatur das Gleiche tun, öffnen die Tür zu realistischeren technologischen Anwendungen. Somit könnte das ausgefeilte Design in der Natur wieder einmal als Vorbild für die Verbesserung der Technologie dienen – mit Anwendungen von Solarzellen bis hin zu Computern.

In dem Artikel wird nicht darüber spekuliert, wie diese „einfachen“ Schwefelbakterien den effizienten Energietransport „erfunden“ haben. „Die Evolution war es“, wird normalerweise geantwortet, um alles zu „erklären“, was in der Natur beobachtet wird, doch passt dies hier offensichtlich nicht.

Quellen

Lerner L (2023) Scientists find link between photosynthesis and 'fifth state of matter'. <https://phys.org/news/2023-05-scientists-link-photosynthesis-state.html>

Schouten AO et al. (2023) Exciton-Condensate-Like Amplification of Energy Transport in Light Harvesting. PRX Energy 2, 023002, <https://journals.aps.org/prxenergy/abstract/10.1103/PRXEnergy.2.023002>

Schwartz M (2019) Statistical Mechanics. <https://scholar.harvard.edu/files/schwartz/files/12-bec.pdf>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n318.php

26.10.22 Gleiche Variationsmechanismen im Gehirn von Menschen und Kraken

Transposons („springende Gene“) aus der LINE-Familie sind genetische Elemente, die sich verdoppeln und Kopien von sich selbst im Genom hinterlassen können. Lange Zeit wurden sie als „Junk-DNA“ (Überbleibsel alter Viren) betrachtet, doch in jüngster Zeit hat sich gezeigt, dass sie für die Entwicklung und Komplexität des Nervensystems von Bedeutung sind. Völlig unerwartet sind dieselben springenden Gene sowohl im menschlichen Gehirn als auch im Gehirn von Kraken (*Octopus*) aktiv.

Mit * versehene Begriffe werden in einem Glossar am Ende des Artikels genauer erklärt.

Einleitung

Oktopusse (Echte Kraken) gehören zu den intelligentesten Tieren. Wie der Mensch verfügen sie über fortgeschrittene kognitive Fähigkeiten und Problemlösungskompetenzen, die für Neurobiologen von großem Interesse sind. Kein Wunder, dass sich die Forschung zunehmend mit der Erforschung des Gehirns und des Lernens dieser schlaun und neugierigen Tiere beschäftigt. Neurobiologen haben bereits früher festgestellt, dass das als LINE1 bekannte Transposon* in menschlichen Gehirnzellen aktiv ist (Upton et al. 2015). Man nimmt an, dass ihre Aktivität für Lernen und Kognition (Wahrnehmung, Erfahrung, Denken) entscheidend ist, da sie sich in der Nähe von Genen anreichern, die mit diesen Prozessen in Zusammenhang stehen. Jetzt haben Neurowissenschaftler dieselbe Familie von LINE-Transposons in den Neuronen von Kraken gefunden und sie auch mit deren kognitiven Fähigkeiten in Verbindung gebracht. Im Rahmen von Evolution wäre dies ein unglaublicher Fall von Konvergenz*.

Variation-inducing genetic elements (VIGE)

Ein großer Teil der Genome aller Organismen besteht aus Elementen, die Wissenschaftler heute als transponierbare und transponierte Elemente (TE) bezeichnen. Es handelt sich um DNA-Sequenzen, die von einer Stelle des Genoms zu einer anderen wandern und dabei Kopien von sich hinterlassen können. Die komplexesten TEs sind endogene Retroviren (kurz: ERV) und sog. „*long interspersed nuclear elements*“ (kurz: LINE). Ungefähr 8 % des menschlichen Genoms bestehen aus ERVs und 17 % aus LINES. Sie wurden lange Zeit als Junk-DNA, als egoistische Gene und funktionslose evolutionäre Relikte betrachtet. **Eine wachsende Zahl von Studien hat jedoch gezeigt, dass diese Elemente wichtige strukturelle und regulatorische Elemente des Genoms bilden;** und sie werden zunehmend als eine wichtige treibende Kraft der Evolution eingeschätzt (Xing et al. 2007).

In früheren Arbeiten habe ich die LINE-Elemente als „*variation-inducing genetic elements*“ (VIGEs) bezeichnet (Terborg 2009a; 2009b; 2010; 2013), also als genetische Elemente, die Variation erzeugen. **Damit ist gemeint, dass diese Elemente als Genschalter fungieren und/oder den genetischen Kontext so beeinflussen, dass die Genexpression in ihrer Umgebung beeinflusst wird.** Durch ihr Vorhandensein können Gene mehr oder weniger aktiv sein, was zu genetischer Variation führt. Dass diese Bezeichnung treffend ist, wird nun auch durch die jüngste Hirnforschung deutlich. Sie zeigt, dass Transposons in hohem Maße zu Merkmalen beitragen, die mit der Komplexität des Nervensystems verbunden sind. Insbesondere die Retrotransposition* von LINE1 in Zellen des Hippocampus* wurde mit Kognition und Lernen in Verbindung gebracht (Muotri et al. 2005; Singer et al. 2011). Studien an der Fruchtfliege *Drosophila* haben ebenfalls gezeigt, dass Lernen und Gedächtnis

mit der Aktivität von transponierbaren Elementen in Gehirnzellen zusammenhängen und dass ihre Aktivität fein reguliert ist (Kohlrausch et al. 2021; Protasova et al. 2021).

Konvergente Evolution?

Um festzustellen, ob im Gehirn von Kraken ein ähnlicher Mechanismus abläuft, hat eine Gruppe italienischer Wissenschaftler die sog. „Sequenzierungstechnologie der nächsten Generation“ eingesetzt, um die molekulare Zusammensetzung der Gene zu analysieren, die im Nervensystem des Gemeinen Kraken (*Octopus vulgaris*) und des Kalifornischen Kraken (*Octopus bimaculoides*) aktiv sind (Petrosino et al. 2022). Auf diese Weise konnten sie alle funktionellen TEs, einschließlich der LINE-Elemente, identifizieren und ihre genaue Position in der DNA bestimmen. Sie fanden heraus, dass die Aktivität eines der LINE-Elemente zu spezifischen Signalen in Neuronen führte, die zu Bereichen gehören, die mit Verhaltensplastizität in Verbindung gebracht werden, dem Gegenstück zum Hippocampus beim Menschen. Die Forscher kamen zu dem Schluss, dass **„ein konvergenter evolutionärer Prozess, der die Aktivität von Retrotransposons* im Gehirn einbezieht, für die Evolution hochentwickelter kognitiver Fähigkeiten in dieser Gattung (*Octopus*) wichtig war“** (Petrosino et al. 2022).

Im System der Bilateria (Zweiseitentiere) könnten Mensch und Krake kaum weiter auseinander liegen: Kraken gehören zum Stamm der Weichtiere, der Mensch zu dem der Chordatiere. Im Rahmen des Evolutionsmodells sind die beiden Stämme durch etwa 500 Millionen Jahre evolutionärer Entwicklung getrennt. Dennoch haben Menschen und Kraken in einiger Hinsicht sehr ähnliche Augen – so genannte Kameraaugen –, die als Ergebnis konvergenter Evolution interpretiert werden. Als Konvergenz bezeichnet man die hypothetische Vorstellung, dass zwei (oder mehr) Organismen unabhängig voneinander sehr ähnliche biologische Strukturen evolutiv entwickelt haben. Nun müssen die Forscher eine weitere bemerkenswerte Konvergenz postulieren in Bezug darauf, wie beide Organismen durch den unabhängigen Erwerb von Transposons hochentwickelte kognitive Fähigkeiten erlangten.

Die Beobachtung, dass Menschen und Kraken genau den gleichen Mechanismus nutzen, um durch Retrotransposition von LINE-Variationen in Gehirnneuronen zu erzeugen, bedarf einer Erklärung. Wie ist es zwei unterschiedlichen Stämmen, Chordatiern und Weichtieren, gelungen, denselben Lernmechanismus unabhängig voneinander zu entwickeln? Die italienischen Forscher Giuseppe Petrosino und Stefano Gustincich kommentierten dies wie folgt:

„Diese Ähnlichkeit zwischen Mensch und Krake, die die Aktivität eines LINE-Elements im Sitz der kognitiven Fähigkeiten zeigt, könnte als ein faszinierendes Beispiel für konvergente Evolution erklärt werden – ein Phänomen, bei dem sich in zwei genetisch entfernten Arten derselbe molekulare Prozess unabhängig voneinander entwickelt, als Reaktion auf ähnliche Bedürfnisse“¹ (Anonymus 2022).

Wenn beobachtet wird, dass zwei (oder mehr) verschiedene Organismen die gleichen oder sehr ähnliche Merkmale aufweisen, die nicht das Ergebnis von Abstammung sein können, muss man sich im Rahmen der Evolutionsbiologie auf konvergente Evolution berufen. Es sollte angemerkt werden, dass konvergente Evolution keine Erklärung ist, sondern ein Begriff für eine unerklärte Beobachtung, die Evolution voraussetzt. Haben die Autoren die Evolutionsprozesse untersucht, die zum heutigen Zustand geführt haben? Nein, sondern sie

untersuchten Lernprozesse bei Kraken und fanden völlig unerwartet, dass dabei derselbe Mechanismus angewendet wird, der bereits beim Menschen bekannt war.

Das Spektakuläre daran ist, dass – evolutionär gesehen – an der Basis der Chordatiere ein Gehirn noch nicht existierte, wie wir bei den heutigen Stachelhäutern beobachten können. **Wie kann es also zu einer evolutionären genetischen Konvergenz bei Arten kommen, deren gemeinsamer Vorfahre das entsprechende Organ, in dem es aktiv ist, gar nicht besaß?** Eine ähnliche Frage kann für die LINE-Elemente gestellt werden. Sie müssen bereits vor der Aufspaltung der Weichtiere und Chordatiere vorhanden gewesen sein und später unabhängig voneinander in verschiedenen Linien für gleiche Zwecke kooptiert* worden sein. Das bedeutet, dass sie bereits vor der sog. Kambrischen Explosion in einem hypothetischen einfacher gebauten Vorfahren vorhanden gewesen sein müssen, um wesentliche biologische Funktionen zu erfüllen. Diese Funktionen konnten jedoch nicht die Gehirnzellen betreffen, da sich die Gehirne noch nicht entwickelt hatten.

LINEs sind keine Überbleibsel von Viren

Die evolutionäre Erklärung für die Vielzahl der ERVs und LINEs in den Genomen ist, dass es sich hierbei um die Überreste von Retroviren handeln soll, die vor Millionen von Jahren in die Genome eingedrungen sind. In Anbetracht der neuen Daten bei den Kraken müsste dies für die LINE-Elemente noch vor der Kambrischen Explosion geschehen sein. Seitdem sollen diese Gene überall im Genom Kopien und funktionslose Bruchstücke von sich hinterlassen haben. Einige moderne Retroviren, wie das humane Immundefizienz-Virus (HIV), ähneln tatsächlich ERVs. Alternativ zu der Vorstellung, dass ERVs als integrierte Überbleibsel von (HIV-ähnlichen) Retroviren gedeutet werden, lassen sich Retroviren (einschließlich HIV) besser als transformierte ERVs erklären, die sich aus dem Genom losgelöst haben (Borger 2009b; 2010; 2013). Die Annahme, dass es sich bei LINEs um Überbleibsel von Retroviren handelt, wird durch die empirischen Daten nicht gestützt, denn im Gegensatz zu ERVs gibt es keine Retroviren, die LINEs ähneln. Dies lässt sich am Beispiel von LINE1, einem im menschlichen Genom aktiven transponierbaren Element, verdeutlichen. LINE1 ist ein komplexes genetisches Element mit zwei offenen Leserahmen*: ORF1 und ORF2. Das von ORF2 codierte Protein ermöglicht wesentliche enzymatische Aktivitäten für die reverse Transkription sowie für die Integration einer neu transponierten Kopie von LINE1. Somit pflanzt sich LINE1 durch einen Copy-Paste-Mechanismus fort und hinterlässt dabei identische Kopien an verschiedenen Stellen im Genom.

Die genaue Rolle von ORF1 ist noch ungeklärt. Es codiert ein Protein mit proteinbindenden Eigenschaften, kann aber auch als Nukleinsäure-Chaperon* fungieren (Upton et al. 2011). Der Ursprung von LINE1 ist jedoch völlig unbekannt. Der einzige Grund, LINE als Überbleibsel von Retroviren zu betrachten, besteht darin, dass sie ein Reverse-Transkriptase-Gen besitzen, das dem von ERVs geringfügig ähnelt. Es sollte jedoch betont werden, dass LINEs einen einzigartigen genetischen Aufbau haben, der sie zu einzigartigen genetischen Elementen macht, die nicht mit Retroviren verwandt sind. Die italienischen Hirnforscher liefern nun weitere Beweise dafür, dass sie in Genomen als variationsinduzierende genetische Elemente wirken. Dass sie in einer fernen Vergangenheit als Viren entstanden sind, ist lediglich eine Vermutung ohne empirische Belege.

Es bleibt rätselhaft, wie die LINE-Elemente über Hunderte von Millionen von Jahren erhalten und konserviert werden konnten, wenn es sich lediglich um virale Invasionen handelte, die durch sich anreichernde Mutationen ziemlich schnell zerstört werden könnten, wenn sie nicht

sofort wichtige Funktionen ausüben. Die Konvergenz durch unabhängige Kooption von LINE übersteigt nach aktuellem Kenntnisstand die Glaubwürdigkeit einer evolutionären Entstehung.

Argument gegen die gemeinsame Abstammung

Seit über einem Jahrhundert wird die Evolutionsbiologie vom neodarwinistischen Forschungsprogramm dominiert. Die Haupthypothese dieses Programms besagt, dass alle Arten durch natürliche Prozesse (Selektion von Zufallsmutationen) aus einem einzigen gemeinsamen Vorfahren hervorgegangen sind. Im Rahmen der Schöpfungslehre hingegen wird die unabhängige Erschaffung von Urtypen (oder Grundtypen) mit eingebauten flexiblen Genomen postuliert, die sich verändern und anpassen und neue Arten hervorbringen können (Terborg 2008). Demnach enthielten die Genome der Urtypen von Anfang an eine begrenzte Anzahl von VIGEs, einschließlich ERVs und LINES. In verschiedenen Urtypen könnten sich VIGEs an genau derselben Stelle in der DNA befunden haben, was dann erklärt, warum manche VIGEs in den Genomen moderner Organismen an derselben Stelle zu finden sind, unabhängig von der Annahme einer gemeinsamen Abstammung.

Die Funktionalität von LINES ist sehr wichtig, die Plausibilität des Evolutions- und des Schöpfungsansatzes zu beurteilen. Wären LINES ohne Funktion und würden sie sich zufällig in Genome einfügen, würde bei Vorliegen von ähnlichen Positionen der LINES die Annahme der gemeinsamen Abstammung im neodarwinistischen Rahmen stark unterstützt (vgl. Jorritsma 2022). Wären die LINES hingegen funktionell und würde ihre genomische Integration stark reguliert und kontrolliert, wäre das Argument für die gemeinsame Abstammung schwach. Das Vorhandensein der gleichen LINES (und anderer VIGEs) am gleichen Ort in den Genomen verschiedener Arten würde dann lediglich auf ein „verschachteltes Hierarchie-Argument“ hinauslaufen, das auch im Rahmen von Schöpfung verstehbar ist.

Die Tatsache, dass wir sowohl bei Wirbeltieren als auch bei Weichtieren LINES mit genau derselben Funktion finden, ist ein starkes Argument dafür, dass gemeinsame Retrotransposons, selbst wenn sie sich an genau derselben Stelle in der DNA befinden, nicht unbedingt auf eine gemeinsame Abstammung schließen lassen. **Vielmehr spricht ihre Funktionalität für ein vorgelagertes modulares Designsystem, das kontrollierte und regulierte Variationen hervorruft** (Borger 2009b; 2010; 2013).

Anmerkung

¹ Das ist teleologisches Denken: „Bedürfnisse“ implizieren ein Ziel, das es im Rahmen von Evolution nicht geben darf.

Glossar

Hippocampus: Gehirnregion, die zum limbischen Kortex (Limbisches System) gehört und als Schaltstelle zwischen dem Kurz- und dem Langzeitgedächtnis fungiert. Der Hippocampus ist einer der wenigen Bereiche im Gehirn, in dem ein Leben lang neue Nervenzellen gebildet werden können.

Konvergenz: In der Evolutionsbiologie eine strukturelle, physiologische oder verhaltensmäßige Ähnlichkeit, die auf gleicher Funktion beruht und unabhängig entstanden ist.

Kooption: Übernahme von Merkmalen (oder Genen) in einen neuen Funktionszusammenhang.

LINE: Abkürzung von *long interspersed nuclear element*. → Retrotransposon, das in höheren Lebewesen vorkommt.

Nukleinsäure-Chaperon: Proteine, die in Zellen DNA oder RNA begleiten und/oder transportieren.

Offener Leserahmen (engl. *open reading frame; ORF*): DNA-Sequenz zwischen Start- und Stoppcodon, die die Aminosäuresequenz eines Proteins oder die Nukleotidsequenz eines RNA-Moleküls codiert.

Retrotransposon: Eine DNA-Sequenz, das sich im Genom über einen Copy/Paste-Mechanismus vermehrt. Es kopiert sich selbst über ein RNA-Molekül, das dann umgewandelt und in die DNA integriert wird. Auf diese Weise kann es vererbare Variationen hervorrufen.

Transposon (pl: Transposons oder Transposonen): 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, die für die Makroevolution erforderlich sind. Es sollte beachtet werden, dass sie dem Genom keine neuen genetischen Informationen hinzufügen, sondern bereits vorhandene genetische Programme freisetzen können.

VIGE: Abkürzung von *variation-inducing genetic element*. Eine DNA-Sequenz, die Variation erzeugen kann. Damit ist gemeint, dass diese Elemente als Genschalter fungieren und/oder den genetischen Kontext so beeinflussen, dass die Genexpression in ihrer Umgebung beeinflusst wird. Durch ihr Vorhandensein können Gene mehr oder weniger aktiv sein, was zu genetischer Variation führt.

ERV: Abkürzung von *endogenous retrovirus*. Transposon, das in höheren Lebewesen vorkommt.

Verschachtelte Hierarchie: Im System der Lebewesen beobachtetes Ordnungsprinzip, das durch eine abgestufte Rangordnung charakterisiert ist, d.h. Gruppen in größeren Gruppen innerhalb von noch größeren Gruppen.

Quellen

Anonymus (2022) Study: Same ‘Jumping Genes’ are Active in Octopus and Human Brains. Sci News, Jun 28, 2022, <https://www.sci.news/genetics/octopus-human-brain-transposable-elements-10943.html>

Jorritsma R (2022) How Well Does Evolution Explain Endogenous Retroviruses? – A Lakatosian Assessment. *Viruses* 14, <https://doi.org/10.3390/v14010014>

Kohlrausch FB, Berteli TS, Wang F, Navarro PA & Keefe DL (2021) Control of LINE-1 Expression Maintains Genome Integrity in Germline and Early Embryo Development. *Reproductive Sciences* 2021, 1–13.

Muotri AR, Chu VT, Marchetto MCN et al. (2005) Somatic mosaicism in neuronal precursor cells mediated by L1 retrotransposition. *Nature* 2005 435, 903–910.

Petrosino G, Ponte G, Volpe M et al. (2022) Identification of LINE retrotransposons and long non-coding RNAs expressed in the octopus brain. *BMC Biol* 20, 116, <https://doi.org/10.1186/s12915-022-01303-5>

Protasova MS, Andreeva TV & Ivanovich Rogaev EI (2021) Factors Regulating the Activity of LINE1 Retrotransposons. *Genes (Basel)* 12, 1562.

Singer T, McConnell MJ, Marchetto MCN et al. (2011) LINE-1 Retrotransposons: Mediators of Somatic Variation in Neuronal Genomes? *Trends in Neuronal Sciences* 33, 345–354.

Terborg P (2008) The design of life: part 3 – baranomes. *J. Creation* 22, 68–76.

Terborg P (2009a) The design of life: part 3 – an introduction to variation-inducing genetic elements, *J. Creation* 23, 99–106.

Terborg P (2009b) The design of life: part 4 – variation-inducing genetic elements and their functions. *J. Creation* 23, 107–114.

Terborg P (2013) The ‘VIGE-first hypothesis’ – how easy it is to swap cause and effect. *J. Creation* 27, 105–112.

Terborg P (2010) ERVs and LINEs – along novel lines of thinking. *J. Creation* 32, 8–10.

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

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

Xing J, Witherspoon DJ, Ray DA, Batzer MA & Jorde LB (2007) Mobile DNA elements in primate and human evolution *Am. J. Phys. Anthropol. Suppl* 45, 2–19.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n307.php

12.04.22 Epigenetik und programmierte Anpassungen

Hin und wieder wird von Organismen berichtet, deren Nachkommen auf neue Umweltprobleme reagiert haben. Häufig wird dies als „schnelle Evolution“, „rasante Evolution“ oder ähnliches bezeichnet. Ein besserer Begriff wäre „programmierte Anpassung“, denn es ist das Genom (Erbgut) selbst, das auf neue Herausforderungen vorbereitet ist und es den Organismen ermöglicht, sich an sie anzupassen. Diese außergewöhnliche Fähigkeit wird heute unter dem Begriff „Epigenetik“ gefasst und bezieht sich auf erbliche Veränderungen, die nicht auf Mutationen in der DNA-Sequenz zurückgeführt werden können. Der Begriff Epigenetik wurde eingeführt, um alle Prozesse zu erfassen, die auf die Genaktivität Einfluss nehmen, ohne dass dabei die DNA-Sequenz verändert wird. Die epigenetischen Veränderungen können sogar auf Tochterzellen übertragen werden. Seit fast einem Jahrhundert, nachdem der Begriff zuerst auftauchte, fängt man an zu verstehen, wie die Körper der höheren Organismen sich mittels der Epigenetik aus einer einzigen Zelle entfalten können.

Schmetterlinge schlüpfen als Raupen aus ihren Eiern. Aus den sechs kurzen Beinen der Raupe müssen sechs lange, elegante Schmetterlingbeine werden. Ihre Kiefern, mit denen die Blätter zerkauen, müssen durch den langen nektarsaugenden Rüssel ersetzt werden, und die einfachen Raupenaugen werden in Facettenaugen umgewandelt. Die Flügel – Organe, die die Raupe noch nie zuvor hatte – sollten ebenfalls ausgebildet werden. Darüber hinaus hat der erwachsene Schmetterling ein völlig neues Atmungssystem, das aus einem von außen in den Körper verzweigendes Luftröhrensystem besteht, das einen komplett neuen Brustkorb und ein neues Abdomen mit einem neuen Verdauungstrakt versorgt.

Diese Metamorphose ist ein Wunder. Das eine im Ei vorhandene Genom (und Epigenom, s. u.) mit seiner DNA-Sequenz einschließlich aller Modifikationen enthält zwei völlig unterschiedliche genetische Baupläne, von denen einer für eine Raupe verwendet wird, während der andere Informationen darüber enthält, wie der Schmetterling aussieht. Diese völlig unterschiedlichen genetischen Anteile an den Bauplänen von Raupe und Falter sollten natürlich nicht gleichzeitig aktiv sein, denn dann würde ein nicht lebensfähiges Ungetüm entstehen. In der Raupe muss der Bauplan des Schmetterlings unterdrückt werden, im Schmetterling muss der Bauplan der Raupe ausgeschaltet bleiben. Um dies zu erreichen, verpuppt sich das Tier und während der Puppenphase wird der Raupenbauplan langsam abgeschaltet und der des Schmetterlings aktiviert.

Die Metamorphose der Schmetterlinge ist ein sehr anschauliches Beispiel für Epigenetik. Wir finden umfangreiche epigenetische Prozesse aber auch in allen mehrzelligen Organismen, die sich aus verschiedenen ausdifferenzierten Zell- und Gewebetypen zusammensetzen.

Epigenetische Markierungen

Grundsätzlich enthalten alle Zellen von mehrzelligen Organismen annähernd die gleiche Menge an Genen. Ein Gen ist nur dann brauchbar, wenn es seine Funktion in den richtigen Zellen im richtigen Augenblick und in den richtigen Verhältnisse, ausübt. Dazu ist in jedem Zelltyp, in jedem Gewebetyp und in jedem Organ nur ein Bruchteil der totalen Anzahl der Gene erforderlich. Tatsächlich sind nur einige hunderte – maximal einige Tausende – Gene pro Zelle aktiv. Eine differenzierte, ausgewachsene Leberzelle benötigt nur leberspezifische Gene, etwa 5% des Genoms. Ebenso braucht das Herz nur herzspezifische Gene, während T- und B-Zellen nur einen Bruchteil der Gene des Immunitätssystems verwenden. Wie steuern die Gewebezellen eine spezifische Anwendung der richtigen genetischen Programme?

Die Antwort ist: durch epigenetische Markierungen, d. h. funktionale Einheiten über der DNA-Sequenz. Es handelt sich um kleine Moleküle, die auf bestimmte Chromosomenabschnitte angehängt werden und auf diese Weise als genetische Schalter wirken, in dem sie Gene stummschalten oder aktivieren können. Epigenetische Markierungen weisen darauf hin, dass es in der Systemhierarchie der Genexpression eine übergeordnete Instanz gibt, die bestimmt, welche genetischen Programme verschlossen bleiben und welche zugänglich sind. Sie regulieren die Entwicklung und die Differenzierung der Zellen, indem sie die jeweils benötigten biologischen Programme zielgenau an- und abschalten können, und bedingen somit, dass aus einer Eizelle mehrere Hundert unterschiedliche Zelltypen entstehen.

Die wichtigsten epigenetischen Markierungen werden durch winzige biochemische Abänderungen hervorgerufen. In den Zellen ist eine Familie von Enzymen aktiv, die DNA-Methyltransferasen, die eine Methylgruppe, ein kleines, organisches Molekül, an vorbestimmte DNA-Sequenzen im Genom heften können. Durch die Anknüpfung einer Methylgruppe wird diese Stelle im Genom gleichsam verriegelt, d. h. die genetische Information ist nicht mehr zugänglich und kann nicht mehr verwendet werden. Gene, die in einer bestimmten Zelle nicht notwendig sind, werden auf diese Weise inaktiviert und ausgeschaltet. Die Methylgruppen können von spezifischen Enzymen wieder entfernt werden, damit das genetische Programm wieder zugänglich und lesbar wird, falls das nötig wäre. Die DNA-Methylierung ist eine der bestgeklärten epigenetischen Mechanismen, die Zellen zur Verfügung haben, um organspezifische Gene ein- und auszuschalten.

Histoncode

Darüber hinaus kontrolliert auch der sogenannte Histoncode den Zugang zur genetischen Information. Histone sind Proteine, um die die Chromosomen (und damit DNA-Moleküle) geschlungen werden. Sie besitzen alle eine Domäne (Teil eines Proteins), die als Ausbuchtung aus den Proteinen hervorsticht. Diese Domäne, oft bezeichnet als der *Histonschwanz*, ist aus Aminosäuren aufgebaut und kann, wie bei DNA-Methylierungen, mittels der Anknüpfung chemischer Gruppen markiert werden. Die chemischen Markierungen der Histone bestehen aus Phosphatgruppen, Methyl- und Acetylgruppen werden durch Enzyme übertragen und bewirken, dass die Chromatinstruktur der Chromosomen lockerer (Euchromatin) oder kompakter (Heterochromatin) wird. Eine lockere Struktur vereinfacht die Transkription (Ablese der Gen-Information) und erhöht die Genaktivität, während eine kompakte Struktur das Gegenteil bewirkt. Somit können diese epigenetischen Mechanismen die Transkription einzelner Gene oder ganzer Gruppen von Genen beeinflussen.

Die epigenetischen Markierungen eines Genoms beeinflussen auch die Art und Weise, wie sich das Chromatin in eine dreidimensionale Form faltet. Diese komplexe Faltung beeinflusst wiederum auch die Aktivität von Genen, indem sie verhindert, dass die Transkriptionsmaschinerie auf DNA-Regionen zugreift, die im Inneren des Genoms versteckt sind. **Auf diese Weise können Zellen, die alle die gleiche DNA-Sequenz besitzen, zu verschiedenen Zelltypen werden.** Der epigenetische Code enthält also Informationen, die der Zelle die Auswertung der genetischen Information ermöglichen, damit unterschiedlichen Organe, Gewebe und Zellen gebildet werden können.

Einflüsse auf die epigenetischen Markierungen

Interessante Beispiele sind Studien, die zeigen, dass die epigenetische Markierung, und somit das Ein- und Ausschalten von Genen, durch Nahrung und Lebensweise (z. B. extreme Stressfaktoren) beeinflusst werden kann. Dies geschieht durch einen unmittelbaren Einfluss

der Umgebung auf die epigenetischen Instruktionen, die der DNA und den Histonen vermittelt werden. Die dadurch entstandenen Markierungen können sogar von den Eltern über einige Folgegenerationen vererbt werden.

Bei Pflanzen ist es gut belegt, dass die Eigenschaften der Nachkömmlinge epigenetisch so gesteuert werden können, dass sie auf die Lebensbedingungen vorbereitet sind, denen die Mutterpflanzen selbst ausgesetzt waren. Das ist beispielsweise der Fall, wenn die nächste Generation einer bestimmten Pflanzenart vor Raupenbefall geschützt werden soll. Dieser Schutz wird dadurch verbessert, dass die Dichte der Trichome (haarähnliche Strukturen auf der Pflanzenepidermis) erhöht wird. Als Reaktion auf Raupenfraß reagieren die wilden Rettich-Pflanzen (*Raphanus raphanistrum*) sofort mit einer Erhöhung der Dichte der schützenden Trichome. Wenn eine Raupe das erste Blatt beschädigt, nimmt die Dichte der Trichome vom dritten bis zum siebten Blatt zu. Dadurch verringerte sich die Häufigkeit der Raupenbesuche auf neuen Blättern und folglich auch der Raupenfraß. Das Gleiche wurde bei der Gauklerblume (*Mimulus guttatus*) in Kalifornien beobachtet. Hier vererben die geschädigten Mutterpflanzen eine höhere Trichomdichte an die Nachkommenschaft im Vergleich zur Nachkommenschaft von unbeschädigten Pflanzen. Der Nachwuchs ist so im Vorfeld besser gegen die pflanzenfressenden Raupen geschützt, wenn es zu einem weiteren Befall kommt. Dies ist ein klarer Fall von Vererbung eines epigenetisch erworbenen Merkmals. Vergleichbare generationsübergreifende Anpassungseffekte wurden bei der Widerstandsfähigkeit gegen Dürreperioden, gegen hohe und niedrige Temperaturen und sogar bei der Resistenz gegen Virusinfektionen beobachtet (Herman et al. 2011).

Molekularbiologische Beobachtungen belegen ebenso, dass die Kopfverzierung bei Käfern unter modulierbarer epigenetischer Kontrolle erfolgt. Manche männlichen Käfer zeigen große auffällige Ornamente oder eine Hörner, die das evolutive Ergebnis sexueller Selektion sein sollen. Allerdings sind die Größe und das Ausmaß, in dem sich diese Strukturen in einem Individuum entwickeln können, variabel und von der Ernährung abhängig. 2016 berichtete eine japanische Forschungsgruppe, dass die Ernährungswirkung auf die Größe der Ornamente des breitgehörnten Mehlstampfers (*Gnatocerus cornutus*) durch epigenetisch modifizierende Faktoren vermittelt wird. Wenn eine der Histon-Deacetylasen (HDAC1) in den Käferlarven ausgeschaltet wurde, schrumpften die Kiefern der nachfolgenden erwachsenen Tiere, während die Dämpfung der Expression eines anderen Enzyms (HDAC3) zu einer übertriebenen Ausprägung von Mundwerkzeugen führte, ohne andere Körperteile zu beeinflussen (Ozawaa et al. 2016).

Epigenetik beim Menschen

Ebenso wie bei den Pflanzen und Insekten gibt es auch beim Menschen eine Vererbung epigenetischer Information, der durch die Lebensweise der Mutter, des Vaters oder sogar durch die der Großeltern festgelegt wurde. **So kann beispielsweise ein geringer Wuchs von Babys rauchender Mütter auf epigenetische Änderungen zurückgeführt werden, namentlich auf die veränderten Methylierungsmuster der DNA.** Eine niederländische Studie legt nahe, dass die Enkelkinder hungernder Großeltern immer noch denselben epigenetischen Code wie ihre Großeltern erworben haben. Wiewohl noch immer nicht alle Einzelheiten bekannt sind, ist es klar, dass die Lebensweise und die Umgebung Einfluss auf die Eigenschaften des Nachwuchses ausüben.

Epigenetische Modifikationen erklären auch, wie die berühmten Darwinfinken als Reaktion auf plötzliche Umweltveränderungen wie Dürre oder Nässe sich so schnell anpassen können. Ein beachtliches Teil der Variation, die Darwin bei den Finken auf den Galapagos-Inseln

beobachtete, wird heutzutage als umkehrbare epigenetische Veränderung erkannt (McNew et al. 2017). Diese Variation ist unabhängig von DNA-Mutationen und erfordert nur, dass die Information in der DNA auf eine andere Weise ausgeprägt wird.

Wenn neue Phänotypen nicht nur auf Mutationen in der DNA zurückzuführen sind, sondern auf reversible epigenetische Anpassungen, wie unterscheiden wir dann zwischen Evolution und programmierter Anpassung? Das kann nur durch detaillierte genetische Untersuchungen geklärt werden. Es ist jedenfalls möglich, dass Beispiele schneller Änderungen, die als Belege für Evolution interpretiert wurden, auf epigenetische Programmierung zurückzuführen sind. Programmierung ist aber ein Hinweis auf Planung und Voraussicht und somit auf einen Schöpfer.

Quellen

Herman JJ & Sultan SE (2011) Adaptive transgenerational plasticity in plants: case studies, mechanisms, and implications for natural populations. *Front. Plant Genet. Genomics* 2, 10-25.

Ozawaa T, Mizuharaa T, Aratab M, Shimadac M, Niimid T, Okadae K, OkadacY & Ohtaa K (2016) Histone deacetylases control module-specific phenotypic plasticity in beetle weapons. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 113, 15042–15047.

McNew SM, Beck D, Sadler-Riggelman I, Knutie SA, Koop JAH, Clayton DH & Skinner MK (2017) Epigenetic variation between urban and rural populations of Darwin's finches. *BMC Evol. Biol.* 17(1):183. doi: 10.1186/s12862-017-1025-9.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n300.php

15.03.22 Mutationen sind doch nicht so zufällig

Eine langjährige Lehrmeinung unter Evolutionsbiologen war, dass Mutationen überall in einem Genom mit gleicher Wahrscheinlichkeit auftreten können. Befunde der Genanalytik zeigen jedoch, dass Mutationen nicht gleichverteilt sind und somit die Positionen, an denen Mutationen auftreten, nicht durchweg zufällig sind. Neue Forschungen an der Modellpflanze Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*), über deren Erbgut sehr viel geforscht wird, bestätigen nun, dass Mutationen nicht gleichmäßig über das Genom verteilt sind. Eine im Januar 2022 in *Nature* veröffentlichte Studie belegt, dass Mutationen in Regionen des Genoms mit essenziellen Funktionen weniger häufig auftreten. Die zunächst angenommene Hypothese der Gleichverteilung muss also modifiziert werden: Nicht nur der Zufall, sondern im Genom vorhandene genetische Mechanismen sind dafür entscheidend, wo Mutationen vorgefunden werden.

Nach gängiger Lehrmeinung sind Mutationen 1. nicht vorhersehbar und hängen 2. nicht mit dem Verhalten, dem Lebensstil oder den Umweltbedingungen des Organismus zusammen. Diese Sichtweise wird von Futuyma (2005, 178f.) in seinem internationalen Standard-Lehrbuch wie folgt zusammengefasst:

„Mutationen sind in zweierlei Hinsicht zufällig. Erstens: Obwohl wir die Wahrscheinlichkeit vorhersagen können, dass eine bestimmte Mutation auftreten wird, können wir nicht vorhersagen, welche von einer großen Anzahl an Genkopien die Mutation durchlaufen wird. Zweitens ... ist Mutation zufällig in dem Sinne, dass die Wahrscheinlichkeit, dass eine bestimmte Mutation auftritt, nicht davon beeinflusst wird, ob sich der Organismus in einer Umgebung befindet, in der diese Mutation vorteilhaft wäre, oder ob das nicht der Fall ist.“

Im Gegensatz zu dieser Lehrmeinung wurden in mehreren Studien sogenannte adaptive Mutationen nachgewiesen, also passende Mutationen als Reaktion auf Umweltveränderungen (Spetner 1997; Caporale 2003). Außerdem ist bekannt, dass ein hoher Prozentsatz der Mutationen an sogenannten DNA-Hotspots aufzutreten scheint, d. h. an Stellen in der DNA, die eher Mutationen zulassen (Terborg 2010; Borger 2019). Eine neue Studie (Monroe et al. 2022) bestätigt nun, was in der Schöpfungsforschung schon länger vermutet wurde, nämlich, dass einer der Hauptgrundsätze der Evolutionstheorie – die Zufälligkeit des Mutationsgeschehens – nur teilweise zutrifft.

Mutationen können in allen Zelltypen eines Organismus auftreten, also in den Gewebezellen und in den Zellen der Keimbahn (Spermien und Eizellen). Nur die Mutationen, die die Keimbahn betreffen, können an die Nachkommen weitergegeben werden, und diese sollen die Evolution vorantreiben. **Im naturalistischen Rahmen der Evolutionstheorie sind alle Mutationen, auch die Mutationen der Keimbahn zufällig und Evolution verläuft daher ungerichtet.** Durch natürliche Auslese sollen die zufälligen Mutationen selektiert („ausgewählt“) und fixiert werden, was im Trend zu besserer Anpassung und einen erhöhten Fortpflanzungserfolg der Nachkommen führen soll.

Möglicherweise haben die meisten Wissenschaftler aus diesem Grund bislang der Nicht-Zufälligkeit von Mutationen kaum Beachtung geschenkt (Borger 2019). Die wenigen Mutationen, die deutliche Anzeichen von Nicht-Zufälligkeit aufwiesen, wurden als Ausnahmen betrachtet, da sie nicht zur Theorie passten.

Das größte Hindernis für eine umfassende Untersuchung von Mutationen auf der Gen-Ebene war der Mangel an Daten und Analysemöglichkeiten. Das änderte sich mit den modernen Sequenzierungstechnologien und Computerkapazitäten mit entsprechenden Algorithmen, die es ermöglichen, Mutationen in großer Zahl zu untersuchen.

Der Modellorganismus Acker-Schmalwand

Die Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) ist ideal für genetische Studien, da sie ein kleines Genom besitzt (120 Millionen DNA-Buchstaben; zum Vergleich: Das menschliche Genom besitzt 3 Milliarden). Außerdem hat sie eine sehr kurze Generationszeit von 5 bis 6 Wochen, so dass Mutationen in den Nachkommen schnell entdeckt und untersucht werden können. Zudem gibt es für die Acker-Schmalwand reichhaltige Informationen über Sequenz- und Epigenom-Merkmale (d. h. Merkmale, die Meta-Informationen über die Gene enthalten, die z. B. markieren, ob bzw. wann Gene an- und abgeschaltet werden müssen).

Genome bestehen aus genreichen und genarmen Bereichen, die oft als „Genregionen“ bzw. „Genwüsten“ bezeichnet werden. Genregionen sind Abschnitte des Genoms, in denen sich die Gene befinden, einschließlich der sogenannten essenziellen Gene, die absolut unverzichtbar sind. Gene enthalten sehr spezifische Informationen, die für die Herstellung von Proteinen oder von RNA benötigt werden; sie sind relativ empfindlich gegen Mutationen und können daher durch Mutationen ihre Funktion leicht verlieren. Die Elemente der „Genwüsten“ dagegen können Mutationen besser abpuffern: Mutationen führen bei ihnen meist nicht unmittelbar zum Verlust ihrer Funktion. Diese Bereiche sind allerdings nicht funktionslos, die betreffenden Abschnitte enthalten verschiedene Elemente, die die räumliche Anordnung der Chromosomen bestimmen oder die zur Variation in den Nachkommen beitragen.

In ihrer Studie testeten Monroe et al. (2022) die Zufälligkeit von Mutationen, indem sie untersuchten, ob neue Mutationen gleichmäßig auf DNA-Regionen mit Genen und solche ohne Gene verteilt waren. Um die Mutationsrate und -position zu bestimmen, kultivierten die Forscher mehrere Generationen der Pflanzen über mehrere Jahre hinweg. Danach isolierten und sequenzierten sie die DNA von 1.700 Genomen und lokalisierten mehr als 1 Million Mutationen. Dabei stellten sie fest, dass die Teile der Genome, die Gene enthalten, eine viel geringere Mutationsrate aufwiesen als die nichtgenetischen Regionen. Die Mutationshäufigkeit war innerhalb von Gen-Regionen um die Hälfte, und in essenziellen Genen um zwei Drittel reduziert (Monroe 2022).

Einer der Autoren der neuen Studie, Grey Monroe, Pflanzengenetiker an der Universität von Kalifornien, kommentierte: „Ich war völlig überrascht von den nicht-zufälligen Mutationen, die wir entdeckt haben. Seit dem Biologieunterricht in der Schule hat man mir immer gesagt, dass Mutationen zufällig sind“ (zit. in BAKER 2022).

Mutationen treten also bei essenziellen Genen weniger häufig auf. Das Phänomen konnte nicht auf natürliche Selektion zurückgeführt werden, da die Pflanzen unter Laborbedingungen gezüchtet wurden und keine speziellen Selektionsdrücke wirksam waren. Das nicht zufällige Muster der Mutationen bei Gen- und Nicht-Gen-Regionen der DNA deutet darauf hin, dass es einen genetischen Mechanismus gibt, der mindestens einen Teil potenziell katastrophaler Mutationen verhindert. Aber wie könnte ein solcher Mechanismus funktionieren?

Wie werden potenziell schädliche Mutationen verhindert?

Die Forscher fanden heraus, dass essenzielle Gene spezielle Signale an DNA-Reparaturproteine aussenden, durch die sich selbst zu schützen können. Diese Signale werden nicht von der DNA selbst hervorgerufen, sondern von Histonen, speziellen Proteinen, um die sich die DNA wickelt, und so die Chromosomen bilden. Diese Signale gehören zu den Meta-Informationen des Epigenoms. „Basierend auf den Ergebnissen unserer Studie haben wir herausgefunden, dass Genregionen, insbesondere für die biologisch wichtigsten Gene, mit bestimmten chemischen Markierungen um Histone gewickelt sind“, so Monroe. „Wir vermuten, dass diese chemischen Markierungen als molekulare Signale wirken, um die DNA-Reparatur in diesen Regionen zu fördern“ (zit. in Baker 2022).

Diese chemischen Marker bzw. Signale sind nichts anderes als ein Code zur Stabilisierung wichtiger genetischer Information, damit der Organismus ohne Störungen funktionieren kann. Frühere Studien über Mutationen bei Krebspatienten haben ebenfalls ergeben, dass Histon-Proteine einen Code für DNA-Reparaturproteine tragen können, damit letztere Mutationen erkennen und reparieren können. Dies ist jedoch die erste Studie, die zeigt, dass ein solcher Histon-assoziiierter Code das genomweite Mutationsmuster beeinflusst.

Ein codierter „Abwehrmechanismus“, der Mutationen von wichtigen Regionen fernhält, ist das, was man von einem vorausschauenden Designer erwartet, nicht jedoch von einem absichtslosen Prozess der Evolution. Es sei daran erinnert, dass die Nicht-Zufälligkeit von Mutationen nach bisher gängigen Evolutionstheorien nicht zu erwarten war. Somit ist die Frage berechtigt, ob diese neuen Erkenntnisse wichtige Teilaspekte bisheriger Evolutionstheorien in Frage stellen oder gar widerlegen. Diese Frage wird allerdings nicht gestellt. Es scheint vielmehr keine Rolle zu spielen, was wir beobachten, die Evolutionstheorie ist immer richtig: „Die Studie zeigt nur, dass diese genetischen Veränderungen komplexer sind, als Evolutionisten bisher glaubten“ (Baker 2022).

Quellen

Baker H (2022) New study provides first evidence of non-random mutations in DNA. Life Science, 14 Januar. <https://www.livescience.com/non-random-dna-mutations>

Borger P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Stud. Integr. J. 26(2), 77-85.

Caporale LH (2003) Darwin in the Genome. The McGraw Hill Companies.

Futuyma DJ (2005) Evolutionary Biology, 3rd ed., Sinauer Associates, Sunderland, MA.

Monroe JG, Srikant T, Carbonell-Bejerano P et al. (2022) Mutation bias reflects natural selection in *Arabidopsis thaliana*. Nature 602, 101–105. <https://doi.org/10.1038/s41586-021-04269-6>.

Spetner L (1997) Not by Chance. The Judaica Press Ltd.

Terborg P (2010) An illusion of common descent. J. Creation 24(2), 122–127.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n299.php

22.04.21 Das Ausschalten von „Junk-DNA“ macht aus Stammzellen Neuronen

Ein großer Teil des Genoms codiert nicht für Proteine und enthält außerdem viele Wiederholungen. Daher wurde vielfach angenommen, dass es sich um funktionslose Sequenzen handelt. Warum aber sollte ein evolutionärer Prozess, bei dem nutzloser Ballast nur energetisch nachteilig wirkt, solche Sequenzen erhalten? Eine neue Studie zeigt nun, dass solcher vermeintlicher „Ballast“ den Zellen hilft, sich richtig zu entwickeln.

Ein großer Teil des Erbguts (Genom) besteht aus dem, was Wissenschaftler heute transponierbare und transponierte Elemente (kurz: TE) nennen, die früher als „Transposons“ oder „springende Gene“ bekannt waren. Die komplexesten TE sind endogene Retroviren (ERV) und die so genannten „long interspersed nuclear elements“ (LINE). Zusammen machen sie etwa 25% des Genoms des Menschen aus. Die meisten Biologen interpretieren diese genetischen Elemente als Überbleibsel von Virusinfektionen, die sich im Verlauf der Stammesgeschichte ereignet haben, obwohl ihnen, ähnlich wie proteincodierenden Genen, immer mehr Funktionen zugeschrieben werden. Eine wachsende Zahl Publikationen beschreibt diese Elemente als wichtige strukturelle und regulatorische Elemente des Genoms. Aktuelle Studien zeigten, dass LINE und ERV an der menschlichen Embryonalentwicklung und der interzellulären Kommunikation im Nervensystem beteiligt sind. Und überwiegend als lange nicht-codierende RNAs haben sie Aufgaben als DNA-regulatorische Elemente (Terborg 2018).

In einer kürzlich veröffentlichten Studie zeigen Forscher nun, wie eine Klasse von ERV (bekannt als HERV-K) Stammzellen veranlassen, sich in Neuronen umzuwandeln (Wang et al. 2020).

Für jede Zelle im Körper gibt es einen Zeitpunkt, an dem entschieden wird, welcher Zelltyp sie für den Rest ihres Lebens sein wird. Dies wird als Zelldifferenzierung bezeichnet. Eine von mehreren hundert unterschiedlichen differenzierten Zellen im menschlichen Körper sind Neuronen, die Zellen, aus denen das Nervensystem besteht. Forscher berichteten nun, dass die HERV-K-Gene, die früher als „Junk-DNA“ betrachtet wurden, eine sehr wichtige Rolle in diesem Prozess übernehmen (Wang et al. 2020). Sie beschreiben eine Reihe von Experimenten, die zeigten, wie einige Gene des menschlichen endogenen Retrovirus (HERV-K), die auf den Chromosomen 12 und 19 vorhanden sind, helfen können, die Differenzierung (oder Reifung) menschlicher Stammzellen in die Billionen von Neuronen zu steuern, die in unserem Nervensystem miteinander interagieren.

Die Experimente wurden von Forschern in einem Labor unter der Leitung von Avindra Nath, klinischer Direktor am NIH's National Institute of Neurological Disorders and Stroke (NINDS), durchgeführt. Zuvor hatten Forscher im Labor von Nath gezeigt, dass die Amyotrophe Lateralsklerose (ALS), eine schwere degenerative, tödlich verlaufende Nervenkrankheit, mit der Aktivierung von HERV-K verbunden ist. Daher ist es wichtig, die Aktivität dieser genetischen Elemente in voll ausdifferenzierten Zellen zu unterdrücken. Aber in pluripotenten Stammzellen, d. h. Zellen, die zu jedem möglichen Zelltyp werden können, ist es genau umgekehrt. **In ihrer neuen Studie zeigte das Team um Nath, dass die Deaktivierung des HERV-K die Stammzellen dazu bringt, zu Neuronen zu werden.**

Die Forscher führten ihre Experimente an Blutzellen durch, die sie gesunden Freiwilligen am NIH-Klinikum entnommen hatten und die sie in sog. „induzierte pluripotente Stammzellen“ verwandelten. Im Labor kann ein pluripotenter Zellzustand durch die Yamanaka-Methode induziert werden, bei der ein „Cocktail“ von vier Genen (c-Myc, Klf-4, Oct-4 und Sox-2) verwendet wird. Überraschenderweise stellten sie fest, dass die Oberflächen der Stammzellen mit hohen Mengen an HERV-K, Subtyp HML-2, einem Hüllprotein, ausgekleidet waren, das auch bestimmte Viren häufig verwenden, um sich an Zellen anzuheften und diese zu infizieren. Diese Proteine verschwanden nach und nach, als den Zellen zweimal nacheinander das erwähnte Gen-„Cocktail“ verabreicht wurde. Die erste Verabreichung versetzte die Zellen in einen Zwischenzustand, den Zustand neuronaler Stammzellen, während die zweite die Zellen dazu brachte, schließlich zu Neuronen zu werden. Die Forscher beschleunigten diesen Prozess, indem sie die HERV-K-Gene oder die HML-2-Gene in den Stammzellen ausschalteten oder sie mit neutralisierenden Antikörpern gegen das HML-2-Protein behandelten. Im Gegensatz dazu verzögerten sie die neuronale Differenzierung, indem sie die Zellen künstlich mit den HML-2-Genen anreicherten.

Schließlich entdeckte das Team, dass Interaktionen auf den Stammzelloberflächen zwischen HML-2 und einem anderen Immunzellprotein namens CD98HC die Differenzierung einschränken können, indem sie interne Signalkette auslösen, von denen bekannt ist, dass sie das Zellwachstum und die Tumorbildung kontrollieren. Für die Zukunft plant das Team zu erforschen, wie HERV-K-Gene die Verdrahtung eines Nervensystems gestalten können. **Wir können weitere unerwartete Funktionen für diese Elemente erwarten, die sich als Regulatoren der Zelldifferenzierung und -reifung erweisen.** Dass sie die Überreste uralter Viren sind, ist evolutionäres „Storytelling“. Vielmehr könnten die heutigen Viren ihren Ursprung in diesen genetischen Elementen haben. Diese Forschungen geben auch Einblicke in die fein abgestimmte Wechselwirkung von Genen bei der Differenzierung und lassen erahnen, wie welches Potenzial an Fehlfunktionen denkbar ist; ein Wunder, dass die Entwicklung typischerweise korrekt verläuft!

Literatur

Terborg P (2018) ERVs and LINES – along novel lines of thinking. *J. Creation* 32, 8–11.

Wang T et al. (2020) Regulation of stem cell function and neuronal differentiation by HERV-K via mTOR pathway. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 117, 17842–17853.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n290.php

22.01.21 Seeanemonen: Evolution oder Abruf eines Programms?

Das Ausschalten eines Regulationsgens der Seeanemone *Nematostella vectensis* führt dazu, dass ein neuer Zelltyp ausgebildet wird, eine Art Klebzelle, die bei dieser Art bisher nicht beobachtet wurde. Wissenschaftler diskutieren diesen Befund im Rahmen von Evolution; er verweist aber viel klarer auf die Existenz bereits angelegter Strukturen. Aus der Sicht einer Schöpfung kann das so verstanden werden, dass Lebewesen mit mehr abrufbaren Fähigkeiten ausgestattet sind, als sie gewöhnlich benötigen.



Abb. 1: *Nematostella vectensis* in einer Petrischale. (Wikimedia: Cymothoa exigua, CC BY-SA 3.0)

Lebewesen besitzen schlummernde Bauplanmodule, die im Normalfall nicht genutzt werden, aber unter bestimmten Bedingungen abrufbar sind. Wer hätte beispielsweise gedacht, dass manche krautige Pflanzen eine Art „Holzmodul“ besitzen, das sie unter bestimmten Bedingungen ausprägen können und dadurch verholzen? (Losos 2018, 93). Hat dies etwas mit Evolution zu tun? Wohl kaum, denn ein Bauelement, das durch einen Umweltreiz oder eine geringfügige genetische Änderung fix und fertig abgerufen werden kann, war offenbar schon vorher da; seine *Entstehungsweise* ist davon unberührt.

Über ein erstaunliches Beispiel eines latent (im Verborgenen) vorhandenen Organs bei Quallen berichtete kürzlich Leslie Babonis von der Cornell University auf der virtuellen Jahrestagung der Society for Integrative and Comparative Biology (Pennisi 2021). Quallen sind berüchtigt wegen ihrer Nesselzellen, deren Stich Hautreaktionen und heftige Schmerzen verursachen. Babonis hat herausgefunden, dass ein einziger genetischer Schalter stechende Nesselzellen in Zellen umwandeln kann, die an einer Unterlage kleben können. Dies ermöglicht dem Tier, im Verlauf der Entwicklung von der frei beweglichen Larve zum festsitzenden (sessilen) Organismus neue Oberflächen zu besiedeln.

Die Nesselzellen der Quallen haben mehrere Erscheinungsformen. Die Stachelzellen (Nematozyten) schießen winzige, giftbeladene Harpunen ab, während einige Nesselzellen in Seeanemonen und Korallen Fäden aus klebrigem Material absondern, mit denen sich die Tiere in Substraten wie Schlamm verankern können.

Babonis untersuchte mit ihrem Team die 5 cm lange, durchsichtige Seeanemone *Nematostella vectensis*. Die Forscher schalteten das *Sox2*-Gen aus, das bei vielen anderen Tieren für die neurale Entwicklung wichtig ist. **Es zeigt sich, dass als Folge davon Nematozyten in den Tentakelspitzen krumme Harpunen ausbildeten, Nematozyten aber an der Körperwand fehlten; an ihrer Stelle wurden fette Nesselzellen, sogenannte robuste Spirozyten, ausgebildet, die (bei anderen Arten) für ihre Klebrigkeit bekannt sind.** Diese Zellen waren bei dieser Art bislang noch nie beobachtet worden. Offenbar hat das *Sox2*-Gen die Funktion eines Schalters. Wenn es aktiv ist, bilden sich Stachelzellen, andernfalls bilden sich Spirozyten, aber nur in der Körperwand. Ob *Sox2* auch bei anderen Nesseltieren für die Spirozytenbildung wichtig ist, ist bisher nicht bekannt.

Solche Regulationsgene, die wie Schalter wirken, sind an sich keine neue Entdeckung; man kennt sie als homöotische Mutationen. Zum Beispiel können durch solche Mutationen die Antennen eines Insektes in Beine umgewandelt werden. Ein neuer Befund ist jedoch, dass solche Änderungen auch bei als einfach geltenden und stammesgeschichtlich an der Basis stehenden Formen vorkommen. „Man erwartet normalerweise nicht, dass Organismen in der Lage sind, Organe zu produzieren, die sie normalerweise nicht entwickeln“, kommentiert Nicole Webster, Evolutionsbiologin an der Clark University (Pennisi 2021). Man kann das in der Tat nicht erwarten, wenn es sich um eine Neuentstehung handeln würde. Aber das ist offenkundig nicht der Fall. **Das plötzliche Auftreten der Klebzellen (Spirozyten) ist vielmehr ein eindrucksvolles Beispiel dafür, dass Lebewesen Bauplanmodule gleichsam in petto haben, die bereits fertig ausgebildet sind und auf Abruf bereit stehen.** Dabei spielt es nur eine untergeordnete Bedeutung, ob es sich bei den experimentell umgewandelten Nesselzellen um echte Spirozyten handelt. Die Information zur Ausbildung dieser spezialisierten Zellen war in jedem Fall bereits vorhanden.

Evolution? Außer dem beschriebenen Phänomen ist auch bemerkenswert, wie dieser Befund von den Wissenschaftlern kommentiert wird: Er wird in den Kontext von Evolution gestellt, obwohl überhaupt keine evolutive Veränderung beobachtet wurde. So meint Nicole Webster, die Studie zeige, wie die Evolution neuartiger Eigenschaften auf einer kleinen Skala – verschiedene Zelltypen – erfolge, und dabei zu größeren Konsequenzen führen könne. Pennisi kommentiert: „Die Arbeit legt nahe, dass diese Art von Schalter dazu beigetragen haben könnte, evolutionäre Veränderungen über Hunderte von Millionen Jahren voranzutreiben.“ Sie zitiert Billie Swalla, Evo-Devo-Forscherin an der University of Washington in Seattle: „Die Nesselzellen sind ein großartiges Modellsystem, um die Evolution und Diversifizierung neuartiger Zelltypen zu untersuchen.“ Und Kristen Koenig, Evolutionsbiologin an der Harvard University, sieht es so: „Die Entdeckung [liefert] aussagekräftige Beobachtungen darüber, wie sich neue Zelltypen entwickeln und an neuartigen Orten ankommen.“

Hier wird offensichtlich Evolution in den experimentellen Befund hineingelesen. Man hat den Eindruck, dass hier Befunde reflexartig nach einem evolutionären Prinzip eingeordnet werden. Wirkliche Erklärungen werden damit aber nicht geliefert und es stellen sich stattdessen neue Fragen: Wie sind die spezialisierten Typen der Nesselzellen ursprünglich entstanden? Wie konnte die Fähigkeit, Klebzellen zu bilden, in einem latenten Zustand erhalten bleiben? Aus der Sicht einer Schöpfung können die Befunde dagegen zwanglos verstanden werden: Lebewesen sind mit mehr Fähigkeiten ausgestattet, als sie gewöhnlich

benötigen, können diese aber unter bestimmten Umständen abrufen. Das ist ein Indiz für vorausschauendes Handeln und mithin für einen Schöpfer.

Quellen

Losos JB (2018) Glücksfall Mensch. Ist Evolution vorhersehbar? München.

Pennisi E (2021) Anemone shows mechanism of rapid evolution. *Science* 371, 221.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n285.php

17.04.20 Proteom-basierter Stammbaum mit interessanten Resultaten

Stammbäume prägen evolutionäres Denken nachhaltig. Ein neues Modell zur Erstellung von Stammbäumen liefert eine Baumstruktur, bei der sich die Bereiche der Mikroorganismen, Pilze, Pflanzen und Tiere bereits sehr früh und in einem vergleichsweise kurzen Zeitraum aufspalten.

Song-Hou Kim, ein in Berkeley, CA (USA) forschender Biophysiker, hatte 2009 eine Methode zum Vergleich von Sequenzdaten ganzer Genome (Nukleotidabfolgen des kompletten Erbguts) veröffentlicht, bei der auf die Ausrichtung der Sequenzen vor dem Vergleich (Alignment) verzichtet wird (Sim et al. 2009). Im Alignment werden Sequenzen entsprechend zugrundgelegter Modelle so angeordnet, dass sie maximale Ähnlichkeit aufweisen bzw. die Passung der Abfolgen bei verschiedenen Genomen maximal ist. In der von Sim et al. etablierten Methode wird dagegen die Häufigkeit bestimmter Muster in den Sequenzen zum Vergleich genutzt. Dies erlaubt auch Sequenzen ungleicher Länge miteinander zu vergleichen; diese müssen auch keine auffällige Ähnlichkeit aufweisen. Die Arbeitsgruppe von Kim hat inzwischen die Leistungsfähigkeit dieser Methode an zellkernlosen Einzellern, also Prokaryonten (Jun et al. 2010) und an Pilzen (Choi et al. 2017) demonstriert. Jetzt haben Choi & Kim (2020) anhand des Proteoms von 4.023 Organismen einen Stammbaum des Lebens errechnet. Als **Proteom** wird die Gesamtheit aller im Genom codierter Proteine bezeichnet. Die Proteinsequenzen stammen aus entsprechenden Datenbanken (vor allem vom National Center for Biotechnology Information, NCBI). Die Einführung der Autoren in ihrer Veröffentlichung ist erfreulich nüchtern, wenn sie schreiben: „Der Stammbaum des Lebens von Organismen ist ein konzeptioneller und bildhafter Baum, in dem eine einfache Erzählung des evolutionären Verlaufs und der Verwandtschaft unter den heutigen Lebewesen dargestellt wird. Ein solcher Baum kann nicht experimentell bestätigt werden, sondern wird aus Eigenschaften der Organismen rekonstruiert.“¹ **Damit wird zum Ausdruck gebracht, dass ein Ähnlichkeitsbaum nicht mit einem Abstammungsbaum gleichzusetzen ist, sondern dass Letzterer eine Interpretation ist.**

Der von Choi et al. (2020) präsentierte Stammbaum des Lebens auf der Basis des Proteoms unterscheidet sich in seiner Grundstruktur von den typischen Bäumen, die auf der Basis einzelner Gene errechnet werden (s. Abb. 1). Die Unterschiede betreffen sowohl die Gruppierungen als auch deren Verknüpfung. Die Knoten (Verzweigungspunkte) haben aufgrund der Besonderheit der neu entwickelten Methode eine andere Bedeutung als in den etablierten Stammbaumdarstellungen. Der Knoten repräsentiert nicht einen hypothetisch gemeinsamen Vorfahren aller im weiteren Astverlauf dargestellten Organismen, wie das in üblichen Stammbäumen interpretiert wird. Die Knoten in dem von Choi & Kim (2020) präsentierten Stammbaum sind nach den Worten der Autoren eine Gruppe von Gründungsvorfahren mit stark unterschiedlichem Proteom; als bildhaften Vergleich führen sie einen mit Mosaiksteinen gefüllten Beutel an.

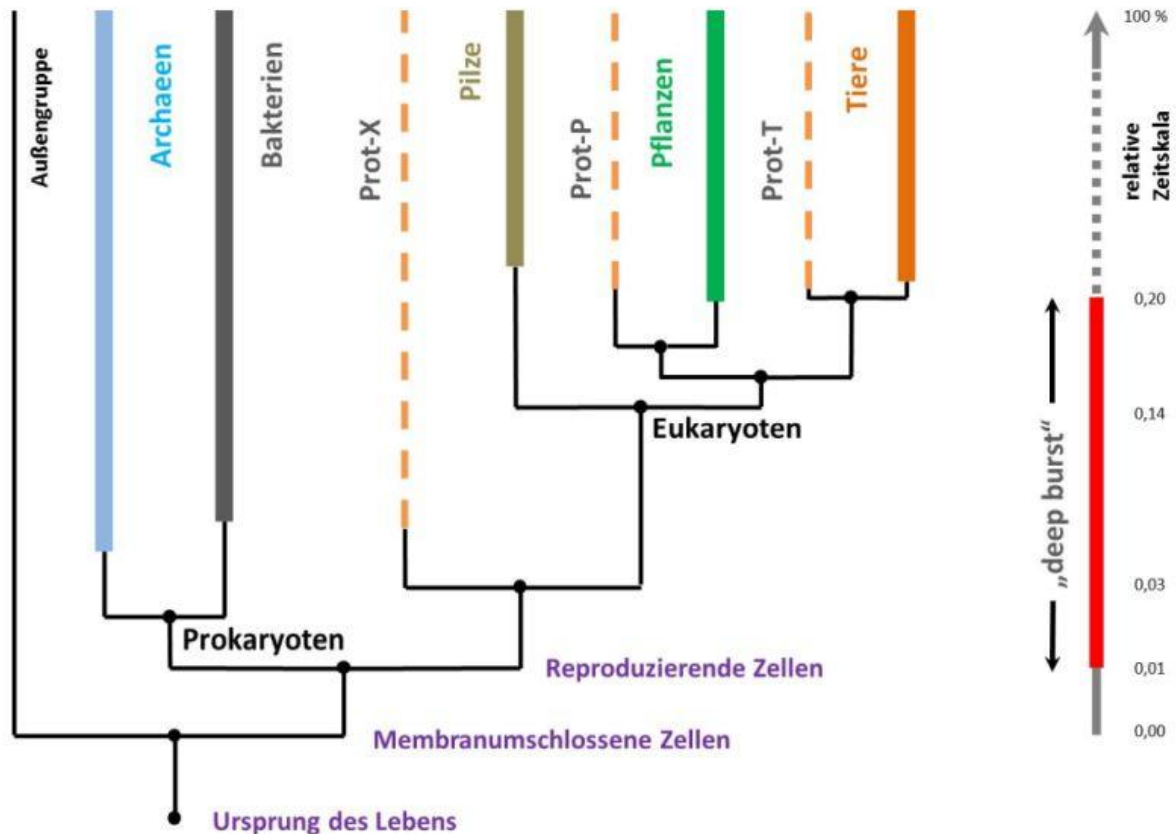


Abb. 1: Vereinfachter Stammbaum der Lebewesen auf Basis des Proteoms. Die fünf Großgruppen Archaeen, Bakterien (Prokaryoten), Pilze, Pflanzen und Tiere (Eukaryoten) sind bereits sehr früh in einem als „deep burst“ bezeichneten kurzen Zeitraum aufgezeigt. Man beachte die relative Skala: Nach 0,2% der Geschichte der Lebewesen sind alle Großgruppen getrennt. Der Stamm hat weniger als ein Tausendstel der Länge des Baumes. Die Außengruppe ist eine für den Rechenprozess notwendige zufällig gemischte Proteinsequenz. Bei Prot-X, -P und -T handelt es sich um Gruppen von Protisten, die nicht einzuordnen waren und den Eukaryoten (Prot-X), Pflanzen (Prot-P) bzw. den Tieren (Prot-T) gegenüberstehen. (Nach Choi & Kim 2020, Abb. 2)

In dem von Choi & Kim (2020) errechneten Stammbaum des Lebens wird der Abstand der Knoten, also der Verzweigungen der Baum-Äste durch die aufsummierten genomischen Informationsdifferenzen bestimmt. **Der so errechnete Baum weist sehr tief im Baum, also nahe dem Wurzelbereich, fünf Hauptgruppen, die in der systematischen Biologie den Reichen entsprechen.** Das heißt, der Stammbaum weist keinen nennenswerten Stamm auf. Zuerst spalten sich die Prokaryota (die Autoren bezeichnen sie auch als Akarya) und Eukarya auf, die dann jeweils in Archaea und Bakteria bzw. Pilze, Pflanzen und Tiere aufspalten. **Dies verleiht dem Baum eine Form, in der ein sehr kurzer Stamm sehr schnell buschförmig breit wird.** Die Autoren bezeichnen das als „deep burst“, also eine Explosion, die in einem sehr frühen Stadium lokalisiert ist.

Das Modell von Choi & Kim (2020) führt also zu dem Schluss, dass die spezifischen Eigenheiten der Proteome von Archaeen, Bakterien, Pilzen, Pflanzen und Tieren sehr früh und in einem vergleichsweise kurzen Zeitraum auftauchen.

Quellen

Choi J & Kim S-H (2017) A genome Tree of Life for the Fungi kingdom. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 114, 9391–9396.

Choi J & Kim S-H (2020) Whole-proteom tree of life suggest a deep burst of organism diversity. Proc. Nat. Acad. Sci USA, doi: 10.1073/pnas.1915766117.

Jun S-R, Sims GE, Wu GA & Kim S-H (2010) Whole-proteome phylogeny of prokaryotes by feature frequency profiles: An alignment-free method with optimal feature resolution. Proc. Natl. Acad. Sci. USA *107*, 133–138.

Sim GE, Jun S-R, Wu GA, Kim S-H (2009) Alignment-free genome comparison with feature frequency profiles (FFP) and optimal resolutions. Proc. Nat. Acad. Sci. USA *106*, 2677-2682.

Anmerkung

¹ An organism tree of life (organism ToL) is a conceptual and metaphorical tree to capture a simplified narrative of the evolutionary course and Kinship among the extant organisms. Such a tree cannot be experimentally validated but may be reconstructed based on characteristics associated with the organisms.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n279.php

27.03.20 Molekularbiologie des Coronavirus und die Coronakrise

Das derzeit zirkulierende und die Krankheit COVID-19 auslösende Coronavirus wurde von einem internationalen Konsortium von Virosexperten auf den Namen SARS-CoV2 getauft. Es wird so genannt, weil es dem Corona-Virus ähnelt, das im Jahr 2003 SARS verbreitete und als SARS-CoV bekannt ist. Die Genetik des COVID-19-Virus zeigt, dass es sich sehr wahrscheinlich um eine Variante des alten SARS-CoV1-Virus aus dem Jahr 2003 handelt. COVID-19 ist also eigentlich SARS.

Coronaviren sind bekannte Atemweg-Viren. Der Name Corona (lat.: Kranz, Krone) leitet sich von den Proteinen ab, die auf der Virushülle herausragen und dem Virus, durch das Elektronenmikroskop gesehen, eine Art Krone verleihen. Coronaviren sind so genannte „positive sense, single stranded RNA-Viren“. Das bedeutet, dass sie anstelle von DNA ein einsträngiges RNA-Molekül als genetisches Material besitzen. Wo Coronaviren ihren Ursprung haben, ist derzeit nicht geklärt, allerdings weist ihre genetische Ausstattung darauf hin, dass sie aus dem Genom (= Erbgut) von Wirbeltieren stammen. Durch Rekombination im Wirtsgenom wird manchmal genetisches Material in ihr Genom eingefügt oder geht verloren. So entstehen neue Varianten. Gegenwärtig kennen wir sieben Typen von Coronaviren, die den Menschen infizieren können. Nach einer Infektion entwickelt der Mensch krankhafte Atemwegssymptome unterschiedlichen Schweregrades. Zwei der Coronaviren, HCoV-229E und HCoV-OC43, verursachen Erkältungen. Andere Coronaviren können zu schwereren Infektionen der Atemwege führen und potenziell tödlich sein.

SARS-CoV war das erste Coronavirus, das im Jahr 2003 zu einer Bedrohung wurde. Der Kongress der Lungenspezialisten, den ich damals in Australien besuchte, widmete dem Coronavirus SARS-CoV, das damals das schwere respiratorische Syndrom (SARS) verursachte, besondere Aufmerksamkeit. Dies lag daran, dass SARS eine Sterblichkeitsrate von 9 % hatte und als ernsthafte Gefahr für die westliche Gesellschaft angesehen wurde. Glücklicherweise war SARS-CoV nicht so ansteckend wie befürchtet. Innerhalb weniger Monate war das Virus verschwunden. Doch die Virologen wussten, dass dies nicht das letzte tödliche Coronavirus sein würde. Im Jahr 2012 tauchte der nächste Coronavirus, MERS-CoV, auf. Mit einer Sterblichkeitsrate von über 30% der Infizierten ist es das bisher aggressivste Coronavirus. Auch dieses Virus verschwand vom Radar, ohne eine Pandemie auszulösen. Dennoch rechneten Virologen mit einem weiteren Coronavirus. Jetzt ist es leider da: SARS-CoV2. Dieses Virus verursacht COVID-19. Und es hat bereits eine weltweite Epidemie (Pandemie) ausgelöst. Mit einer Sterblichkeitsrate von wahrscheinlich unter 1% ist SARS-CoV2 nicht so gefährlich wie frühere Corona-Viren, aber es ist weitaus ansteckender (höhere Infektiosität).[1]

Alle aggressiven Coronaviren haben sehr ähnliche molekularbiologische Strukturen. Das virale Genom kodiert mehrere Proteine mit einzigartigen Funktionen, darunter ein S- und ein N-Protein. Das N-Protein wird derzeit als diagnostischer Marker verwendet. Das heißt, wenn dieses Protein in Patienten nachgewiesen wird, handelt es sich um eine aggressive, d.h. hochinfektiöse Form der Corona. Das S-Protein bildet die Krone des Virus. Es hat eine Domäne (= Bereich eines Proteins), die sich an ein Rezeptorprotein auf der menschlichen Zelle (ACE2-Rezeptor) anlagert. ACE2-Rezeptoren befinden sich auf den Lungenzellen und regulieren den Blutdruck. Experimente mit Labortieren bestätigten, dass das Virus den ACE2-Rezeptor nutzt, um in die Zellen einzudringen. Mäuse, denen dieser Rezeptor fehlt, sind gegen das SARS-CoV-Virus resistent und entwickeln keine SARS-Symptome.[2] Das S-

Protein stellt das attraktivste Ziel für die Entwicklung von Impfstoffen und Antikörpern dar, da die Protease-Aktivität des S-Proteins es ermöglicht, in die Zellen des menschlichen Körpers einzudringen. (Proteasen sind Enzyme, die Peptidbindungen von Proteinen spalten.) SARS-CoV2 unterscheidet sich genetisch von SARS-CoV durch vier kleine Insertionen (Einfügungen) im S-Protein.

Das jetzt zirkulierende Coronavirus ist sehr eng mit dem SARS-CoV-Virus von 2003 verwandt. Eine Studie von März 2020 belegt, dass das genetische Material des SARS-CoV2 Virus zu 96,11% dem SARS-Virusstamm RaTG13 entspricht.[3] Würde man jedoch die gleiche Methode anwenden, wie sie Evolutionsbiologen beim Vergleich der Gene von Mensch und Schimpanse anwenden (d.h. die Insertionen werden nicht als Unterschiede gezählt) wären die Genome beider Viren zu mehr als 99 Prozent gleich.

Die Gruppe um den Virologen Markus Hoffman, der am Leibniz-Institut für Primatenforschung in Göttingen forscht, hat jüngst gezeigt, dass SARS-CoV2 denselben ACE2-Rezeptor zur Infektion menschlicher Zellen verwendet wie SARS-CoV.[4] Diese Studien legen ebenfalls nahe, dass das Coronavirus, das COVID-19 verursacht, sehr eng mit dem SARS-CoV-Virus von 2003 verwandt ist. Das COVID19-Virus hat die gleichen Gene wie das SARS-Virus von 2003 und es gelangt auf die gleiche Weise in die menschliche Zelle, d.h. über den ACE2-Rezeptor.

Im Laufe der Zeit werden Viren durch Mutationen in ihrer Wirkung typischerweise immer schwächer, nicht aggressiver, wie man meinen könnte. RNA-Viren mutieren sehr schnell und die beständige Anhäufung von Mutationen macht RNA-Viren immer weniger gefährlich, gleichzeitig können sie aber infektiöser werden. Die Virusvarianten, die für Menschen hochpathogen und tödlich sind, werden weniger. Am Ende ist ein Arrangement, eine Art „friedliches Zusammenleben“ mit ihren Wirten zu erwarten. So war beispielsweise die H1N1-Schweinegrippe 2009 am stärksten in der ersten Pandemie im Sommer 2009. Im Winter 2010/2011 hatte sie sich beruhigt und verhielt sich eher wie eine typische saisonale Grippe. Durch die Insertionen im S-Protein ist das jetzt sich ausbreitende SARS-CoV2 Virus zwar infektiöser als SARS-CoV aus 2003, glücklicherweise auch weniger gefährlich – genau so, wie man es von einem alternden mutierten Virus erwarten würde.

Zwischen dem Ausbruch von SARS im Jahr 2003 und dem Ausbruch von COVID-19 im Jahr 2019 liegen 16 Jahre. Wurde in diesen 16 Jahren eine Behandlung für SARS entwickelt? Wurde ein Impfstoff entwickelt? Wurde ein blockierender Antikörper entwickelt? Alles Wissen dazu war vorhanden. Und man wusste, dass mit einem weiteren Ausbruch von Coronaviren zu rechnen war, höchstwahrscheinlich in China. Die schockierende Tatsache ist, dass die entscheidenden Anstrengungen zur Bekämpfung des nächsten Ausbruchs eines tödlichen Coronavirus unterlassen wurden.

Es gab reichlich Gelegenheit, Heilmittel und Impfstoffe zu entwickeln, um die Corona-Krise zu verhindern, die *de facto* vor 16 Jahren begann. Hätte man auf die Corona-Experten gehört, könnten wir möglicherweise über eine entsprechende Therapie verfügen und die aktuelle Coronakrise wäre weniger gravierend. Mit konsequenteren Entscheidungen im vergangenen Jahrzehnt hätte SARS-CoV2 vermutlich bereits in Asien gestoppt werden können. Mit einem aus verschiedenen Gründen veranlassten Stopp der Impfstoffentwicklung wurde die aktuelle Corona-Krise begünstigt. Hier wird besonders deutlich erkennbar, wie weitreichend wirtschaftspolitische Entscheidungen sein können.

Quellen

[1] Zur Sterblichkeitsrate bei Ansteckungen mit SARS-CoV2 scheint es noch keine gesicherten Erkenntnisse zu geben. Es werden Angaben von 0,37% bis 3-4% gemacht. Der Virologe Hendrik Streeck ermittelte auf der Basis einer repräsentativen Stichprobe eine Sterblichkeitsrate von 0,37% (<https://www.faz.net/aktuell/gesellschaft/gesundheit/coronavirus/corona-in-heinsberg-virologe-streeck-sieht-moegliche-lockerung-16718884.html>). Dieser Wert könnte immer noch zu hoch sein, da nur durch Obduktion die genaue Todesursache festgestellt werden kann; das wird aber in der Regel nicht gemacht.

[2] Kuba K et al. (2005) A crucial role of angiotensin converting enzyme 2 (ACE2) in SARS coronavirus–induced lung injury. *Nature Medicine* 11, 875-879. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/16007097>

[3] Yu H et al. (2020) Genomic analysis of a 2019-nCoV strain in the first COVID-19 patient found in Hangzhou, Zhejiang, China. *Zhonghua Yu Fang Yi Xue Za Zhi*. 2020 Mar 15;54(0):E026. doi: 10.3760/cma.j.cn112150-20200217-00128. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/32171191>

[4] Hoffmann M et al. (2020) SARS-CoV-2 Cell Entry Depends on ACE2 and TMPRSS2 and Is Blocked by a Clinically Proven Protease Inhibitor. *Cell*, 2020 Mar 4. pii: S0092-8674(20)30229-4. doi: 10.1016/j.cell.2020.02.052. [Epub ahead of print] <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/32142651>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n277.php

09.03.20 Supergene ermöglichen eine sehr schnelle Veränderung

Das Beispiel des Sexualpolymorphismus beim Kampfläufer

Biologische Variation beruht nicht nur auf langsamer und allmählicher Anhäufung von genetischen Mutationen, wie es dem Neodarwinismus entspricht, sondern kann auch durch große DNA-Blöcke – sogenannte Supergene – moduliert werden. Dabei sind eine oder wenige genetische Veränderungen erforderlich, damit neue Phänotypen ausgeprägt werden können.

Im Jahr 2017 traf sich eine internationale Gruppe von Evolutionsbiologen in Groningen, Niederlande, um die neuesten Erkenntnisse auf ihrem Gebiet zu besprechen. Zu den Organismen, über die sie berichteten, gehörten Kampfläufer, Honigbienen und Zebrafische. Eine große Überraschung, die auf diesem Kongress präsentiert wurde, war der Befund, dass diese Organismen alle über einen eingebauten Mechanismus – die Wissenschaftszeitschrift *Science* nannte es eine „Geheimwaffe“ – verfügen, um ihre „Evolution“ zu lenken (Pennisi 2017). Die Biologen beschrieben in allen Fällen die gleichen genetischen Module, sog. Supergene, die es den Organismen ermöglichen, blitzschnell neue Eigenschaften abzurufen.

Kragen und Haube

Kampfläufer sind etwa 30 cm große Wiesenvögel. Wie der Kiebitz und die Uferschnepfe werden sie zu den Watvögeln gezählt und sind wie diese in den letzten Jahrzehnten immer seltener geworden. Wer schon einmal eine Gruppe von Kampfläufern gesehen hat, dem ist sicher aufgefallen, dass es große Unterschiede zwischen männlichen und weiblichen Tieren gibt. Biologen nennen dieses Phänomen „Sexualdimorphismus“. Männliche Kampfläufer haben einen auffälligen Federkragen und eine Haube, die sie von Zeit zu Zeit eindrucksvoll aufrichten. Bei den Weibchen fehlen Kragen und Haube vollständig.

Fast ebenso auffällig sind die großen Unterschiede zwischen den Kragen verschiedener Männchen. Es gibt zwei auffallend unterschiedliche Varianten bei den Männchen, die vor allem die Farbe ihrer Kragen betreffen. Einige Männchen besitzen einen weißen Kragen, der sich deutlich vom grünen Gras abhebt. Die Mehrheit der Männchen hat jedoch einen rötlich-braunen Kragen. Darüber hinaus gibt es männliche Kampfläufer, die den Weibchen sehr ähnlich sehen, weil sie keinen Kragen und keine Haube haben. Biologen haben diese weiblich aussehenden Männchen erst vor einigen Jahrzehnten entdeckt. Die Männchen mit Kragen konkurrieren um die Gunst der Weibchen, während die Männchen ohne Kragen ohne Auseinandersetzung auskommen. Da sie den Weibchen sehr ähnlich sind, können sie sich heimlich anschleichen und sich ungehindert – ohne Rituale der Kämpfer – mit den Hennen paaren. Diese drei klar definierten männlichen Varianten kommen in allen Populationen in ungefähr gleichen Anteilen vor. Die Variation bei den Männchen scheint also erblich bedingt zu sein. Bis vor kurzem war der Ursprung dieser Variation unbekannt, aber dank der Molekularbiologie weiß man jetzt, wie sie entsteht.

Das Super-Gen

Das Erbgut der Kampfläufer enthält eine enorme Menge an Information, die die Merkmale des Vogels betreffen. Diese Information ist auf der DNA der Chromosomen gespeichert. Biologen haben herausgefunden, dass die Ausrichtung dieser Information auf den

Chromosomen von großer Bedeutung zu sein scheint. Es stellte sich nämlich heraus, dass bei den Männchen ohne Kragen ein großes Stück DNA in umgekehrter Reihenfolge auf Chromosom 11 angeordnet ist. Dabei handelt es sich um einen DNA-Abschnitt mit mehr als 4 Millionen Nukleotiden (DNA-Buchstaben), der Dutzende von Genen enthält und als eine einzige funktionelle Einheit an die Nachkommen weitergegeben wird. Ein solches genetisches Modul wird als Supergen bezeichnet. Dieses Supergen trägt die Information für die typischen männlichen Merkmale der Kampfläufer, einschließlich des farbigen Kragens. Wenn das Supergen umgekehrt angeordnet ist, verschwinden diese äußeren Merkmale, aber die Information selbst geht nicht verloren. Bei den kragenlosen Männchen wurden die typischen äußeren Merkmale also durch eine Chromosomeninversion abgeschaltet.

Diese Veränderungen („Evolution“) beim Kampfläufer werden am besten als Positionseffekte der bereits vorhandenen genetischen Information interpretiert.

Positionseffekte sind oft epigenetischer Natur und lassen sich leicht als veränderte Ausprägung einer bereits vorhandenen genetischen Information erklären. In diesem speziellen Fall wird die Ablesung des Supergens sogar vollständig unterdrückt, was dazu führt, dass die Männchen wie Weibchen aussehen. Diese Veränderung findet ohne die Notwendigkeit neuer genetischer Information statt. Der Prozess erfordert keine Millionen von Jahren der Selektion, da er auf einer einzigen genetischen Veränderung, nämlich der Inversion des Supergens, beruht. Es handelt sich also um eine sofort eintretende Änderung, die unmittelbar stattfindet, mit direkten Folgen für die Nachkommenschaft.

Überall Supergene

Wenn man die genetischen Grundlagen für bestimmte Merkmale genauer untersucht, findet man in vielen Fällen Supergene. Im Erbgut von Honigbienen, Singvögeln und Zebrafischen werden ähnliche modulartige Supergene zur Erzeugung von Variation verwendet. Immer wieder kann man feststellen, dass ein oder mehrere DNA-Abschnitte umgekehrt im Erbgut ausgerichtet sind. **Es ist offenbar ein allgemeines genetisches Prinzip, das es ermöglicht, neue Varianten und Arten auf einfache, aber superschnelle Weise hervorzubringen, ohne dass neue genetische Information benötigt wird.** Solche Veränderungen dauern also nicht Millionen von Jahren.

In der Vergangenheit wurde diese Art des schnellen Wandels von manchen Biologen vorhergesagt. Bemerkenswerterweise nahmen diese Biologen nicht den Darwinismus, sondern biologische Beobachtungen zum Ausgangspunkt. Der Zellbiologe John A. Davison (1930-2012) fasste diese Beobachtungen unter der Bezeichnung „vorgeschriebene Evolutionshypothese“ („prescribed evolutionary hypothesis“) zusammen, und Todd und Kolnicky entwickelten die „Karyotyp-Spaltungstheorie“ („karyotype fission theory“) (Borger 2018). Nach beiden Theorien entstehen neue Eigenschaften durch eine Neuordnung des Erbguts, d. h. durch Positionseffekte. Außerdem wird die neue Ausrichtung eine völlig andere epigenetische Steuerung der Gene bewirken.

Die Genetik der Lebewesen erscheint zum Teil wie ein vorgefertigter Baukasten, wie Legosteine. Mit einer begrenzten Anzahl von Bausteinen kann man viele verschiedene Formen realisieren. Auf die gleiche Weise kann man mit einer begrenzten Anzahl von genetischen Modulen eine enorme Menge an Variation erzeugen. Die Molekularbiologie zeigt einmal mehr, wie schön und wunderbar das Leben geschaffen worden ist.

Quellen

Pennisi E (2017) 'Supergenes' drive evolution. Science 357, 1083.
<http://science.sciencemag.org/content/357/6356/1083.full>

Borger P (2018) Darwin Revisted. Scholars Press. <https://www.amazon.de/Darwin-Revisited-understand-biology-century/dp/6202315113>

Der Autor veröffentlichte einen ähnlichen Artikel auf Holländisch für Weet (Weet 2018; 49:22)

Autor dieser News: Peter Borger

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n276.php

08.10.18 Nachahmung von Evolution oder intelligentes Design?

Nobelpreis 2018 für Chemie sorgt für irreführende Schlagzeilen

Der diesjährige Chemie-Nobelpreis wurde an drei Forscher vergeben, die bahnbrechende Erfolge mit „gerichteter Evolution“ erreicht haben. Der Begriff „gerichtete Evolution“ ist eigentlich ein Widerspruch in sich, da natürliche Evolution *ungerichtet* verläuft, wie von Evolutionstheoretikern selbst immer wieder betont wird. Auch wenn die (Wissenschafts-)Presse die Vergabe des Nobelpreises mit „Nachahmung von Evolution“ kommentiert, kann dies nicht darüber hinwegtäuschen, dass die Wissenschaftler nur in einem eingeschränkten Sinne den evolutiven Mutations-Selektions-Mechanismus imitiert haben. Ihre Erfolge beruhen vor allem auf einer intelligenten, zielorientierten Herangehensweise. Der Vergleich mit natürlicher Evolution ist daher irreführend.

„Der diesjährige Chemie-Nobelpreis geht an drei Forscher, die die Prinzipien der biologischen Evolution für die Entwicklung neuer Enzyme und Antikörper nutzbar gemacht haben.“¹ So oder ähnlich wurde am 3. Oktober die Vergabe des Chemie-Nobelpreises an drei Forscher gemeldet. Frances H. Arnold, George P. Smith und Sir Gregory P. Winter haben Methoden entwickelt, die als „gerichtete Evolution“ bezeichnet werden. Manche Pressemeldungen dazu erweckten den Eindruck, als könnten funktionale Proteine von alleine durch natürliche Prozesse entstehen und die Forscher hätten diese Prozesse nur nachgeahmt und beschleunigt.²

Wie funktioniert „gerichtete Evolution“? Es geht darum, Proteine mit gewünschten Eigenschaften herzustellen bzw. zu optimieren (z. B. in Waschmitteln, in der Lebensmittelherstellung, in der Textilindustrie oder in der Tierernährung). **Dazu werden bereits vorhandene, funktionale Proteine herangezogen und künstlich in großer Zahl mutiert und die gewünschten Mutanten ausgelesen.** Die frisch gebackene Nobelpreisträgerin Frances Arnold ging dabei wie folgt vor: Sie isolierte ein proteinkodierendes Gen und produzierte eine große Menge an Mutanten in einem Reagenzglas mithilfe eines Enzyms, das das Gen kopiert. Für diesen Kopiervorgang wird durch Wahl des Enzyms und des Versuchsablaufs der ganze Prozess so angelegt, dass durch Kopierfehler Varianten des Gens entstehen. Die mutierten Genkopien werden in Bakterien integriert, welche die entsprechenden Proteinvarianten produzieren. Auf diese ausgeklügelte Weise werden die Mutationsrate und damit die Vielfalt der Proteinvarianten stark erhöht. Anschließend untersuchte die Forscherin die Funktion der so erzeugten verschiedenen Proteine. Diejenigen Varianten, die die gewünschte Funktion am besten erfüllten, wurden selektiert (ähnlich wie Evolution durch Selektion der Bestangepassten).

Dieser Prozess der Erzeugung von Varianten mit nachfolgender Selektion auf die gewünschte Funktion wurde mehrfach mit den jeweils am besten funktionierenden Genen des vorhergehenden Zyklus wiederholt. Die beste Proteinvariante wurde also ausgewählt und das entsprechende variierte Gen aus den Bakterien isoliert. Dann wurden mit dieser Genvariante mit derselben Prozedur erneut Mutationen in einem Reagenzglas erzeugt und eine große Menge an Mutanten der zweiten Generation produziert. Diese neuen Mutanten wurden wieder in Bakterien platziert, diese produzierten die neuen Proteinvarianten, die besten wurden wieder ausgelesen usw. Auf diese Weise wurden im Laufe vieler Generationen spezialisierte Proteine erzeugt. In manchen Fällen gelang es sogar, Proteine mit einer neuen Funktion zu

erzeugen, wobei aber auch in diesen Fällen ein bereits existierendes Gen bzw. das entsprechende Genprodukt, das Protein, optimiert wurde.

Der Mutations- und Ausleseprozess ist es, der mit gewissen Einschränkungen mit natürlicher Evolution verglichen werden kann. Allerdings gibt es erhebliche Unterschiede. Die beiden wichtigsten sind: 1. Die Nachahmung der Evolution startet mit natürlich vorkommenden, bereits funktionalen Proteinen; diese werden nicht durch evolutive oder Evolutions-analoge Prozesse erzeugt, sondern aus Lebewesen entnommen. 2. Die Auslese erfolgt auf ein vorgegebenes Ziel hin. Genau das kann aber in der natürlichen Evolution nicht vorausgesetzt werden und wird dort sogar ausdrücklich bestritten. Bei der „gerichteten Evolution“ ist also anders als bei natürlicher Evolution Planung entscheidend im Spiel.

Ein weiterer wichtiger Unterschied besteht darin, dass nur durch entsprechende Prozesssteuerung sehr hohe Mutationsraten, die dem 10.000- bis Million-fachen der natürlichen Rate entsprechen, eine genügend große Anzahl von Mutationen erzeugt werden kann, um unter diesen die seltenen (eine einzige unter einer Milliarde) positiven Mutanten zu finden. Außerdem muss ein schnelles und effektives Screening erfolgen, damit die seltenen positiven Mutanten erkannt und ausgelesen werden können. Nicht zuletzt funktioniert das Ganze nur mit sorgfältig ausgewählten Reaktionsbedingungen, dem intelligent ausgewählten Einsatz von gentechnischen Werkzeugen (Werkzeuge, die selbst intelligent gestaltet sind) und einer optimalen Auswahl von Varianten für das gewünschte Ziel. Nicht umsonst wurde nun für diese bahnbrechenden Forschungen ein Nobelpreis vergeben, und zwar sicher nicht dafür, dass nur ein an sich geist- und zielloser Prozess – natürliche Evolution – nachgeahmt wurde. Damit kommen wir zu einem weiteren Punkt.

Begriffliches Verwirrspiel. Der Begriff „gerichtete Evolution“ ist ein Widerspruch in sich (*contradictio in adjecto*), so wie zum Beispiel „hölzernes Eisen“ und täuscht etwas vor, das es gar nicht gibt. Denn mit Evolution (im stammesgeschichtlichen Sinne) ist ein Prozess gemeint, der ohne Zielvorgabe und Steuerung verläuft, eben *ungerichtet*. Das liegt daran, dass Mutationen ungerichtet sind, aber auch die Selektionsbedingungen keinem Ziel folgen und nicht geplant sind. Evolution kann aber nicht zugleich gerichtet und ungerichtet sein. Letztlich sind Proteine, die durch „gerichtete Evolution“ entstanden sind, durch intelligentes Design entwickelt worden, wobei der Mutationsprozess und zielorientierte Auslese intelligent eingesetzt werden. Nicht umsonst wird auch von „bioengineering“ gesprochen.

Mit dem Begriff „gerichtete Evolution“ soll ein Unterschied zum sogenannten „rationalem Design“ zum Ausdruck gebracht werden. Damit bezeichnet man die Strategie, gezielt Moleküle zu synthetisieren, auf der Basis der Kenntnisse über dieses Molekül. Auch „rationales Design“ impliziert einen Widerspruch in sich, da er suggeriert, es gebe auch „nichtrationales Design“; das aber wäre ebenfalls ein „hölzernes Eisen“ und widerspricht der üblichen Bedeutung von „Design“.

Grenzen gerichteter Evolution. Änderungen erfolgen nur, wenn *einzelne* Mutationen (seien sie künstlich erzeugt oder in der Natur auftretend) bereits einen Vorteil ermöglichen und daher ausgelesen werden können. Die Entstehung neuer Proteindomänen oder neuer Proteinfolds erfordert jedoch gemäß experimenteller Daten zahlreiche Änderungen *gleichzeitig*. Der Biochemiker Michael Behe hat in seinem Buch „The Edge of Evolution“ (Behe 2007) aufgrund von Forschungen zu *E. coli*-, Malaria- und HIV-Mutationen gezeigt, dass Änderungen auch in evolutionären Zeiträumen nicht zu erwarten sind, wenn nur drei

(oder mehr) passende Zufallsmutationen gleichzeitig auftreten müssten.³ Wichtig ist also: **Bei gerichteter Evolution geht es um Optimierung, nicht um Innovationen.**

Tatsächlich können die Wissenschaftler mit gerichteter Evolution in Bezug auf Optimierung mehr erreichen als die Natur. Beispielsweise produzierte Arnold eine Variante eines proteinabbauenden Enzyms mit 10 Mutations- und Selektionszyklen, das in einem organischen Lösungsmittel mehr als 200-mal stabiler war als die natürliche Variante. Wissenschaftler können mehr erreichen als zukunftsblinde Evolution, **weil sie sich für ein Ziel entscheiden:** In der ersten Runde können sie ein mutiertes Gen mit z. B. zwei gleichzeitig auftretenden Mutationen erhalten. Wenn dieses neue Gen ausgewählt und mutiert wird, können zwei weitere Mutationen und damit insgesamt vier Mutationen im ursprünglichen Gen erhalten werden. Doch all das betrifft – um es nochmals zu betonen – die Optimierung einer bestehenden Struktur bzw. eines funktionalen Proteins – nicht die Schaffung qualitativ neuer Strukturen oder Proteine.⁴

Dank. Ich danke Prof. Dr. Matti Leisola, der selbst auf dem Gebiet der Biotechnologie gearbeitet hat, und Dr. Harald Binder für wertvolle Hinweise. Matti Leisola hat ebenfalls eine Stellungnahme zur Vergabe des Nobelpreises verfasst:

<https://evolutionnews.org/2018/10/how-the-2018-nobel-laureates-in-chemistry-harnessed-intelligent-design/>

Weitere Stellungnahme des Discovery-Instituts: <https://evolutionnews.org/2018/10/its-not-evolution-a-nobel-prize-award-for-engineering-enzymes/>

Anmerkungen

[1] <https://www.wissenschaft.de/gesundheit-medizin/chemie-nobelpreis-fuer-gelenkte-evolution>

[2] Z. B.: „Sie bauen die Natur im Schnelldurchlauf nach“ (<https://www.zeit.de/wissen/2018-10/nobelpreis-in-chemie-fuer-proteinforscher-frances-arnold-george-smith-und-sir-gregory-winter>); „die Prinzipien der biologischen Evolution für die Entwicklung neuer Enzyme ... nutzbar gemacht“ (<http://www.scinexx.de/newsletter-wissen-aktuell-23225-2018-10-04.html>); „Demnach baut ihr Werk auf niemand Geringerem auf als auf Charles Darwin, dem Begründer der Evolutionstheorie“ (<https://www.sueddeutsche.de/wissen/nobelpreis-fuer-chemie-so-kam-die-evolution-ins-reagenzglas-1.4154859>)

[3] Vgl. Romero PH & Arnold FH (2009) Exploring Protein Fitness Landscapes by Directed Evolution. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 10, 866-875. „Man muss sehr lange warten, bis vier oder fünf spezifische Mutationen auftreten, die eine gewünschte Funktion erfüllen. In einer Bakterienpopulation wie *E. coli* kann die Wartezeit auf vier Mutationen 10^{15} Jahre betragen, wenn man die global anzunehmenden Populationsgrößen zugrunde legt. (Das Universum ist nach üblicher Auffassung nur 10^{14} Jahre alt.)“ (in Übersetzung); siehe auch: Reeves MA, Gauger AK & Axe DD (2014) Enzyme families — Shared evolutionary history or shared design? A study of the GABA-aminotransferase family. *BIO-Complexity* 2014 (4):1–16.

[4] Mit den Möglichkeiten der Wissenschaftler im Vergleich zu natürlichen Vorgängen befassen sich B. Kozulik & M. Leisola im Artikel „Have Scientists Already Been Able to Surpass the Capabilities of Evolution?“ (<http://vixra.org/abs/1504.0130>). Sie schreiben im Vorwort: „Die im Titel dieser Arbeit gestellte Frage wird für manche Leser paradox, rätselhaft oder einfach dumm klingen. Sie werden denken: Wenn Wissenschaftler wie alle

anderen lebenden Organismen das Produkt der Evolution sind, wie konnten sie dann ihre „Fähigkeiten“ überbieten, wenn wir doch nicht einmal in der Lage sind, einen einzigen wirklich neuen lebenden Organismus zu produzieren? Wie kann es wahr sein, dass die Wissenschaftler, nachdem sie nur eine kurze Strecke auf dem Weg zur Schaffung eines neuen lebenden Organismus zurückgelegt haben, bereits mehr als die Evolution leisten konnten? Und wenn eine Gruppe von Wissenschaftlern dies tatsächlich erreicht hat, wie kommt es dann, dass sie für ihren Publikationen keine Anerkennung für eine so große Leistung erhalten haben? Das Ziel dieses Artikels ist es, zu zeigen, dass die Antwort auf die Titelfrage „ja“ ist.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n261.php

12.07.18 Vom Salzwasser- zum Süßwasserfisch?

In Nordamerika heimische Stahlkopfforellen leben normalerweise sowohl in Süßwasser als auch zeitweise in Salzwasser und können ihre Osmoregulation entsprechend umschalten. Eine Population hat sich binnen 100 Jahren auf das Leben ausschließlich im Süßwasser spezialisiert. Die damit einhergehenden Änderungen des Erbguts erfolgten in kurzer Zeit, was nur auf der Basis einer ursprünglich großen Variationsbreite möglich war.

Stahlkopfforellen (*Oncorhynchus mykiss*) liefern ein interessantes Beispiel zur programmierten Variabilität von Organismen. Diese in Nordamerika von Alaska bis Kalifornien beheimateten Fische sind in der Lage, sowohl in Salzwasser als auch in Süßwasser zu leben. Sie schlüpfen in Süßwasser, verbleiben 1-2 Jahre dort, wandern dann über Flüsse in den pazifischen Ozean und verbringen dort 1-3 Jahre, um zur Laichzeit ins Süßwasser zurückzukehren.

Die Erfordernisse bezüglich der Osmoregulation (Gleichgewicht zwischen Salzen und Ionen innerhalb der Zellmembranen) sind im Süß- und Salzwasser gegensätzlich. Im Süßwasser müssen die Fische in der Lage sein, aktiv Ionen aus ihrer Umwelt aufzunehmen, um so den Salzverlust durch passive Diffusion auszugleichen, während im Salzwasser Ionen abgegeben werden müssen, um die Salzaufnahme durch ihren Körper auszugleichen. Fische, die in beiden Medien leben, benötigen also beide Mechanismen zur Aufrechterhaltung der erforderlichen Salzkonzentration in den Zellen und können zwischen ihnen umschalten. Darüber hinaus unterscheidet sich der Lebensraum im Süßwasser von der Salzwasserumgebung auch in der Wassertemperatur, in der Art der Strömung und in der Zusammensetzung der sonstigen Fauna.

Vor 120 Jahren wurden einige Stahlkopfforellen im Lake Michigan ausgesetzt. Nach anfänglichen Schwierigkeiten konnten die Fische eine stabile Population aufbauen. Für diese Fische war der große See gleichsam ein Ozean-Ersatz; sie wanderten nicht ins Meer, sondern verblieben dauerhaft im Süßwasser. Nun haben Forscher das Genom (komplettes Erbgut) von 264 Exemplaren der Stahlkopfforelle genetisch untersucht und eine Reihe von Unterschieden zwischen den Süßwasserformen und den in den Pazifik wandernden Formen entdeckt (Willoughby et al. 2018). Dabei zeigte sich, dass zwei veränderte Chromosomenregionen in einer direkten Verbindung mit der Osmoregulation stehen: Die Carboanhydrase (katalysiert die Hydratisierung von Kohlenstoffdioxid zu Kohlensäure und umgekehrt) und ein Transportprotein (SLC 26) sind in einer Weise verändert, dass die Ionenaufnahme aus dem Wasser erleichtert ist. Die oben erwähnte Fähigkeit, die Osmoregulation bei Süß- und Salzwasser umschalten zu können, ist energetisch kostspielig, so dass der Verlust dieser Fähigkeit bei dauerhafter Existenz im Süßwasser zudem von Vorteil ist (Willoughby et al. 2018, 8).

Die dritte veränderte Genregion betrifft das Enzym Ceramid-Kinase, das im Zusammenhang mit dem Stoffwechsel bei der Wundheilung der Tiere steht. Die im Süßwasser lebenden Tiere sind vermehrt Verletzungen durch Neunaugen ausgesetzt und Wunden heilen im Süßwasser schlechter; durch die Veränderung wird vermutlich der Heilungsprozess verbessert (Willoughby et al. 2018, 8).

Wie konnten sich die Gene aber so schnell verändern? Die Forscher fanden heraus, dass die Veränderungen weder auf Hybridisierungen mit anderen Stahlkopfforellen-Populationen noch auf Mutationen zurückgeführt werden konnten. Vielmehr sprechen die Befunde dafür, dass

die anfangs überlebenden Individuen bereits die passenden Ausprägungen der relevanten Gene besaßen und daher am ehesten überleben konnten. Die spezialisierten Forellen des Lake Michigan „leben“ also von einer ursprünglichen genetischen Vielseitigkeit ihrer Vorläufer.

Bemerkenswert ist eine weitere Beobachtung: Die Wissenschaftler stellten fest, dass die genetische Vielfalt der Stahlkopfforellen im neuen Lebensraum in allen 29 Chromosomen deutlich niedriger liegt als bei den Populationen, die in den angestammten Gewässern leben, was auf einen Gründer-Effekt zurückgeführt wird. Spezialisierung ist wie in vielen anderen Fällen mit genetischer Verarmung verbunden.

Diskussion. Das Beispiel der Osmoregulation bei den Stahlkopfforellen reiht sich in eine lange Liste von Fällen ein, in denen von einer ursprünglich genetisch vielseitigen (polyvalenten) Ausgangssituation ausgegangen werden muss – soweit diese rekonstruiert werden kann – und in denen eine schnelle Veränderung beobachtet wurde (in Verlauf von Jahren bis Jahrzehnten). Die beobachteten Veränderungen und Spezialisierungen gehen mit Einschränkung der genetischen Vielfalt einher. Die ursprüngliche Vielseitigkeit kann enorm sein; immerhin ist es keine Kleinigkeit, sowohl im Süßwasser als auch im Salzwasser leben zu können.

Auf der Basis dieser Befunde kann man spekulieren, dass eine ursprünglich große Toleranz bezüglich des Salzgehalts des Wassers bei heute weniger toleranten Arten sozusagen eine eingefrorene Spezialisierung ist (verbunden mit genetischer Verarmung). Eine große Toleranzbreite könnte auch bei den umwälzenden Prozessen während der Sintflut eine wichtige Voraussetzung für das Überleben gewesen sein.

Literatur

Willoughby JR, Harder AM, Tennessen JA, Scribner KT & Christie MR (2018) Rapid genetic adaptation to a novel environment despite a genome-wide reduction in genetic diversity. *Mol. Ecol.*, doi:10.1111/mec.14726

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n260.php

23.12.16 Entstehung evolutionärer Neuheiten – ungelöst!

Zentrale Fragen zur Aufklärung der Entstehung evolutionärer Neuheiten und ihrer Ursachen sind unbeantwortet. Die zunehmende Kenntnis über die Details lebender Organismen und ihrer Konstruktionen lässt die Unzulänglichkeit der bisherigen kausalen Evolutionstheorien umso deutlicher hervortreten. Die Kontroverse darüber wird innerhalb der Evolutionsbiologie offen ausgetragen.

In populären Darstellungen über Evolution, in Schul- und Lehrbüchern oder auch in interdisziplinär-theologischen Abhandlungen wird schon seit Jahrzehnten behauptet, dass ein evolutionärer Ursprung der Lebewesen eine Tatsache sei. Darüber hinaus könne auch als geklärt gelten, dass und wie Evolution nach rein natürlichen Mechanismen – d. h. ohne zielgerichteten, schöpferischen Input – abgelaufen sei. In einem kirchlichen Text wird folgende Einschätzung gegeben: „Die Frage ist, ob das Wechselspiel von genetischen Veränderungen und Selektion eine hinreichende naturwissenschaftliche Erklärung für die Evolution der irdischen Lebenswelt liefert! Die gegenwärtige Biologie beantwortet diese Frage mit Ja“ (Hemminger 2007, 22).

Eine wachsende Zahl von Evolutionsbiologen würde dieser Einschätzung bezüglich den „Wie“ allerdings nicht zustimmen. Im Jahr 2003 listeten der Wiener Entwicklungsbiologe Gerd B. Müller und der Zellbiologe und Anatom Stuart A. Newman eine große Anzahl ungelöster Fragen der kausalen Evolutionsforschung auf (vgl. Mikroevolution, Makroevolution und „ID“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=93>); die ersten sechs davon lauten:

1. Burgess shale-Effekt: Weshalb entstanden die Baupläne der Vielzeller explosionsartig?
2. Homoplasie: Weshalb entstehen ähnliche Gestalten unabhängig und wiederholt?
3. Konvergenz: Weshalb produzieren entfernt verwandte Linien ähnliche Designs?
4. Homologie: Weshalb organisieren sich Bauelemente als fixierte Baupläne und Organformen?
5. Neuheit: Wie werden neue Elemente in bestehende Baupläne eingeführt?
6. Modularität: Weshalb werden Design-Einheiten wiederholt verwendet?

Es ist leicht zu sehen, dass es sich nicht um Randfragen oder spezielle Details handelt, sondern um zentrale Fragen der evolutionsbiologischen Forschung: Wie können Neuheiten und die Organisation der Lebewesen entstehen? In der Folgezeit wurde in Fachartikeln von verschiedenen Autoren immer wieder zum Ausdruck gebracht, dass diese Fragen nach wie vor auf Antworten warten. Nachfolgend einige Beispiele (in Übersetzung des Autors; die z. T. längeren Originalzitate finden sich im Anhang:

- „Die Prozesse, die evolutionären Innovationen zugrunde liegen, sind bemerkenswert wenig verstanden. ... [W]ir haben relativ wenig Fortschritt erzielt im Verständnis, wie neue Eigenschaften erstmals entstehen“ (Moczek 2008, 432).
- „Eines der bedeutendsten ungelösten Probleme der Biologie ist das Verständnis, wie neue, komplexe Phänotypen [= Gestalten] entstehen, sowohl in der individuellen Entwicklung als auch in der Stammesgeschichte“ (Ledon-Rettig et al. 2008, 316).

- „Die Skelettarchitektur von Wirbeltieren ist sehr unterschiedlich, doch die Basis für Veränderungen im groben Skelettbau bleibt fast völlig unbekannt“ (Rudel & Sommer 2003, 21).
- „[D]ie Kernfrage – der genetische Ursprung neuer und komplexer Merkmale – ist wahrscheinlich eine der hartnäckigsten und fundamentalen unbeantworteten Fragen in der Evolutionsforschung heute“ (Monteiro & Podlaha 2009, 215).
- „[D]ie genetischen Änderungen, die erklären, wie komplexe Formen entstehen, sind immer noch unklar“ (Martin et al. 2012, 12632).
- „Der Ursprung und die Diversifizierung neuer Eigenschaften ist eine der spannendsten ungelösten Probleme in der evolutionären Entwicklungsbiologie“ (Saenko et al. 2011, 1).
- „Wie Körperbaupläne in der Natur evolvieren, bleibt weitgehend unbekannt“ (Cleves et al. 2014, 13912).
- „Wir sind uns noch nicht sicher, welches die Erklärung für Neuheiten ist. ... Ich vermute, dass der Ursprung von Neuheiten auch natürliche Selektion benötigt, ebenso wie zusätzliche Mechanismen, aber worin diese bestehen, muss erst noch durch weitere empirische Forschung herausgefunden werden“ (Wagner 2014, 125).

Im Jahr 2010 veröffentlichten Jerry Fodor und Massimo Piattelli-Palmarini das viel beachtete und auch viel gescholtene Buch „*What Darwin got wrong*“. Darin behaupten (und begründen) sie, dass (und warum) die Selektionstheorie darin scheitert, die Entstehung neuer Formen zu erklären, und dass es derzeit auch keine alternative Erklärung gebe ([vgl. Lag Darwin falsch?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=153>). Als bekennende Atheisten sind sie aber überzeugt, dass es eine rein naturalistische Erklärung geben muss, die derzeit jedoch nicht bekannt sei. (Für seine Kritik wurde Jerry Fodor von David Sloan Wilson als „säkularer Kreationist“ bezeichnet, siehe <http://www.suzanmazur.com/?p=20>)

Und der in den USA bekannte und renommierte atheistische Philosoph Thomas Nagel veröffentlichte im Jahr 2012 das Buch „*Mind and Cosmos*“, in Deutsch 2013 veröffentlicht mit dem Untertitel „Warum die materialistische neodarwinistische Konzeption der Natur so gut wie sicher falsch ist“. Darin thematisiert Nagel u. a. die „immensen Schwierigkeiten, die Entstehung des Lebens und der Arten allein durch nichtgerichtete Prozesse verständlich zu machen“ (Widenmeyer 2013).

Die Kontroverse wird offen ausgetragen. Die Zahl der Kritiker der Standard-Evolutionstheorie (Neodarwinismus, Synthetische Evolutionstheorie, Erweiterte Synthese u. a.) war schließlich so stark angeschwollen, dass die bedeutende Wissenschaftszeitschrift *Nature* im Oktober 2014 unter der Überschrift „*Does evolutionary theory need a rethink?*“ ein Pro & Contra von zwei Wissenschaftler-Gruppen veröffentlichte (deutsche Übersetzung: <http://www.spektrum.de/news/brauchen-wir-eine-neue-evolutionstheorie/1320620>). Die eine Gruppe plädierte für ein „dringendes Ja“, also für ein Umdenken (Laland et al. 2014), während für die andere Gruppe alles in bester Ordnung ist (Wray et al. 2014) (vgl. „Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=221>).

Der letzte Höhepunkt dieser Entwicklung war eine wissenschaftliche Tagung der britischen Royal Society Anfang November 2016, auf der die Kontroverse zwischen den beiden Lagern drei Tage lang ausgetragen wurde. Siegfried Scherer berichtet: „Die Kritiker meinen, dass der Neodarwinismus ‚dringend überdacht‘ werden müsse, unter anderem um Höherentwicklung im Evolutionsprozess zu erklären. Die Neodarwinisten halten dagegen, dass die Kritiker eigentlich nichts grundsätzlich Neues vorzutragen hätten, mit der herrschenden Lehre sei ‚alles gut‘.“ Es stand nicht weniger als die Frage im Raum, ob alle bisher vorgeschlagenen Erklärungsversuche unzureichend sein könnten (Bericht unter <https://www.pro-medienmagazin.de/kultur/veranstaltungen/detailansicht/aktuell/hatte-darwin-doch-nicht-recht->

98445/). Die Streitpunkte waren dieselben wie beim o. g. Pro & Contra in *Nature* – in Kurzform:

- Der genzentrierte Ansatz (Genänderungen als Initialzündungen) müsse ergänzt werden durch die Berücksichtigung zahlreicher Wechselwirkungen mit äußeren und inneren Einflüssen während der ontogenetischen Entwicklung.
- Die Umweltbedingungen haben nicht nur eine passive Rolle als Selektionsfaktoren, vielmehr werde die Umwelt durch die Lebewesen aktiv mitgestaltet (**Nischenkonstruktion**); dadurch beeinflussen die Lebewesen selbst auch ihre eigene Evolution.
- Durch die **Plastizität** der Lebewesen (Änderungen infolge von Umweltreizen – ohne Genänderungen) sei eine schnelle Anpassung und sogar die Offenlegung bisher verborgener Merkmale möglich, die nachfolgend durch Genvariationen (Mutationen) dauerhaft sichtbar fixiert werden können.
- Extragenetische Veränderungen (**Epigenetik**) in der Gen-Regulation könnten wie die Gene selber ebenfalls vererbt werden und Einfluss auf Evolution nehmen.

Im Beitrag „Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?News=221>) wird erläutert, warum diese Vorschläge für die Erklärung evolutionärer Neuheiten nicht zielführend sind.

Fazit. Von einer Klärung der Evolutionsmechanismen, die zu neuartigen Bauplänen von Organismen führen, kann nicht die Rede sein – im Gegenteil: Je mehr die Details lebender Konstruktionen aufgeklärt werden, desto deutlicher zeigt sich die Unzulänglichkeit der bisherigen kausalen Evolutionstheorien. In Bezug auf die Frage nach den Mechanismen der Makroevolution – der Entstehung von Neuheiten – hat der Wissensfortschritt die Erklärungsdefizite nicht kleiner gemacht, sondern deutlicher hervortreten lassen. Solange die Diskussion sich freilich nur im Rahmen naturalistischer Antwortmöglichkeiten bewegt und – ohne klare Sachargumente und ohne zwingende methodologische Begründung – die Option „Schöpfung“ aus dem Rennen um die zutreffende Antwort herausgehalten wird, kann es – allein aus wissenschaftstheoretischer Sicht – sein, dass nur um die beste Hypothese im Rahmen eines falschen Ansatzes gestritten wird.

Literatur

Cleves PA, Ellis NA, Jimenez MT, Nunez SM, Schluter D, Kingsley DM & Miller CT (2014) Evolved tooth gain in sticklebacks is associated with a cis-regulatory allele of Bmp6. *Proc. Natl. Acad. Sci.* *111*, 13912-13917.

Fodor J & Piattelli-Palmarini (2010) What Darwin got wrong. News York

Hemminger H (2007) Mit der Bibel gegen die Evolution. EZW-Texte 195.

Ledon-Rettig CC, Pfennig DW & Nascone-Yoder H (2008) Ancestral variation and the potential for genetic accommodation in larval amphibians: implications for the evolution of novel feeding strategies. *Evol. Dev.* *10*, 316-325.

Martin A, Papa R, Nadeau NJ, Hill RI, Counterman BA, Halder G, Jiggins CD, Kronforst MR, Long AD, McMillan WO & Reed RD (2012) Diversification of complex butterfly wing patterns by repeated regulatory evolution of a Wnt ligand. *Proc. Natl. Acad. Sci.* *109*, 12632-12637.

Moczek AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* 30, 432-447.

Monteiro A & Podlaha O (2009) Wings, horns, and butterfly eyespots: How do complex traits evolve? *PLoS Biology* 7:2, 0209-0216; doi: 10.1371/journal.pbio.1000037.

Müller GB & Newman SA (2003) Origination of organismal form: The forgotten cause in evolutionary theory. In: Müller GB & Newman SA (eds) *Origination of organismal form. Beyond the gene in developmental and evolutionary biology*. Vienna Series in Theoretical Biology. Cambridge, MA, pp 3-12.

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

Moczek AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* 30, 432-447.

Rudel D & Sommer RJ (2003) The evolution of developmental mechanisms. *Dev. Biol.* 264, 15-37.

Saenko SV, Maralva MSP & Beldade P (2011) Involvement of the conserved Hox gene *Antennapedia* in the development and evolution of a novel trait. *EvoDevo* 2011, 2:9; doi: 10.1186/2041-9139-2-9.

Wagner GP (2014) *Homology, genes, and evolutionary innovation*. Princeton University Press.

Widenmeyer M (2013) Rezension von: *Geist und Kosmos. Warum die materialistische neodarwinistische Konzeption der Natur so gut wie sicher falsch ist*. *Studium Integrale Journal* 20, 124-126. <http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij202/sij202-r1.html>

Wray G et al. (2014) Does evolutionary theory need a rethink? No, all is well. *Nature* 514, 161-164.

Anhang: Originalzitate

„Given its importance and pervasiveness, the processes underlying evolutionary innovation are, however, remarkably poorly understood, which leaves us at a surprising conundrum: while biologists have made great progress over the past century and a half in understanding how existing traits diversify, we have made relatively little progress in understanding how novel traits come into being in the first place“ (Moczek 2008, 432).

„One of biology’s most significant unresolved issues is to understand how novel, complex phenotypes originate, both developmentally and evolutionarily“ (Ledon-Rettig et al. 2008, 316),

„The skeletal architecture of vertebrates is widely divergent, yet the basis for change in gross skeletal morphology remains almost entirely unknown“ (Rudel & Sommer 2003, 21).

„This work is difficult and time consuming, but the question at its core—the genetic origin of new and complex traits—is probably still one of the most pertinent and fundamental unanswered questions in evolution today“ (Monteiro & Podlaha 2009, 215).

„Although animals display a rich variety of shapes and patterns, the genetic changes that explain how complex forms arise are still unclear“ (Martin et al. 2012, 12632).

„The origin and diversification of novel traits is one of the most exciting unresolved issues in evolutionary developmental biology“ (Saenko et al. 2011, 1).

„How body pattern evolves in nature remains largely unknown“ (Cleves et al. 2014, 13912).

„The explanation for adaptation is natural selection. We are not yet sure what the explanation for novelties is. ... I suspect that the origin of novelties also requires natural selection as well as additional mechanisms, but what they are will have to be determined by more empirical research“ (Wagner 2014, 125).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n243.php

21.06.16 Birkenspanner, Melanismus und springende Gene

Durch Analyse des Erbguts des berühmten Birkenspanners (*Biston betularia*) und den Vergleich mit dem Genom des Seidenspinners (*Bombyx mori*) kann das Lehrbuchbeispiel des Melanismus besser verstanden werden. Die dunklen und hellen Erscheinungsformen des Spanners werden durch sogenannte „springende Gene“ verursacht. Die Untersuchungen deuten darauf hin, dass sich die genetische Veränderung erst kurz vor dem auffällig häufigen Vorkommen der dunklen Varianten ereignet hat.

Der Birkenspanner (*Biston betularia*) ist ein häufig verwendetes Lehrbuchbeispiel dafür, wie aufgrund von Umweltbedingungen unterschiedliche Erscheinungsformen von Lebewesen (Morphen oder Phänotypen) selektiert werden können. Die hellen und dunklen Morphen von *B. betularia* können z. B. von Fressfeinden auf hellem bzw. dunklem Untergrund unterschiedlich gut wahrgenommen und erbeutet werden. Obwohl der Einfluss und die Reichweite von Selektionsfaktoren bis in die Gegenwart kontrovers diskutiert werden, ist hinreichend belegt, dass Vögel als Fressfeinde die Häufigkeitsverteilung der Birkenspanner in Abhängigkeit des entsprechenden Untergrundes beeinflussen.



Abb. 1: Paarung der beiden Birkenspanner-Morphen (hell und dunkel) von *Biston betularia*. (Wikimedia: Siga, CC BY-SA 4.0)

Die genetischen Grundlagen für das Auftreten verschiedener Phänotypen von *B. betularia* sind bisher allerdings erst in Ansätzen bekannt. Van 't Hof et al. (2011) konnten den Ort der genetischen Ursache für das Auftreten der dunklen Morphe durch einen Vergleich mit dem Seidenspinner (*Bombyx mori*) anhand von genetischen Markern auf dem Chromosom 17 auf einen Bereich von 200 Kilobasen (kb) eingrenzen. Die Autoren interpretierten die empirischen Befunde als Beleg dafür, dass ein Allel (Genvariante), das vor nicht langer Zeit („recent“) erstmals aufgetreten ist, für die dunklen Birkenspanner verantwortlich ist. Sie konnten damals zwar die Korrelation des Bereichs im Genom mit der farblichen Veränderung

belegen, aber es war kein genetischer Zusammenhang mit der Melaninproduktion, also der Erzeugung des dunklen Pigments, erkennbar.

In einer neuen Untersuchung (Van't Hof et al. 2016) konnte nun nachgewiesen werden, dass die dunklen *B. betularia*-Formen durch ein springendes Gen (Transposon) verursacht werden. In diesem Fall haben die Autoren ein Transposon der Klasse II identifiziert, also einen mobilen DNA-Abschnitt, der seine Position im Genom selbständig verändern kann. In der Arbeit wird gezeigt, dass dieses Transposon sich in dem zuvor beschriebenen Bereich des Chromosoms 17 in das erste Intron eines Gens mit der Bezeichnung *cortex* integriert. Das Transposon umfasst einen DNA-Strang mit 22 kb, der sich in einen Abschnitt des *cortex*-Gens einbaut, der vor der Übersetzung (Translation) in das entsprechende Protein herausgeschnitten wird. Vom Protein Cortex ist aber nicht bekannt, dass es in irgendeinem Zusammenhang mit der Biosynthese des dunklen Pigments Melanin steht. Das *cortex*-Gen wird in bestimmten Larvenstadien in den embryonalen Flügelanlagen stark ausgeprägt (exprimiert). Das entsprechende Protein Cortex reguliert den Zellzyklus während der Entwicklung der Flügel in der Larve. Die genauen Details, wie diese Regulation die Pigmentierung beeinflusst, sind bisher jedoch nur wenig verstanden und werden weiter erforscht. In einem gleichzeitig erschienenen Artikel bestätigen Nadeau et al. (2016) jedoch, dass *cortex* in Schmetterlingen die Musterung der Flügel kontrolliert.

Aufgrund statistischer Untersuchungen von *cortex* in Birkenspannern kommen Van't Hof et al. (2016) zu dem Schluss, dass der Zeitpunkt, an dem das springende Gen sich an der neuen Position integriert hat, um das Jahr 1819 liegen soll. Sollte sich das bestätigen, dann hätte sich diese genetische Veränderung sehr rasch in der Population der Birkenspanner in der Gegend von Birmingham bemerkbar gemacht, denn Mitte des 19. Jahrhunderts wurden die dunklen Morphen dort beobachtet und beschrieben.

Wenn sich die hier vorgestellten Untersuchungsergebnisse und deren Interpretation durch weitere Forschung bestätigen sollten, dann würde dieser Fall von Industriemelanismus zeigen, dass die verschiedenen Erscheinungsformen des Birkenspanners quasi vorprogrammiert sind und sich in einer Population rasch etablieren können.

Literatur

Van't Hof AE, Edmonds N, Dalikova M, Marec F & Saccheri IJ (2011) Peppered moths has a singular and recent mutational origin. *Science* 332, 958-960.

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

Nadeau NJ, Pardo-Diaz C et al. (2016) The gene *cortex* controls mimicry and crypsis in butterfly and moths. *Nature* 534, 106-110.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n238.php

28.01.14 Geheimnisvolle DNA – überlagernde Codes im Genom

Die Hinweise mehren sich, dass in der DNA, in der das Genom* niedergelegt ist, dem „universellen“ genetischen Code für die Biosynthese von Proteinen verschiedene weitere Codes überlagert sind. Jüngst wurden experimentelle Befunde veröffentlicht, die zeigen, dass die Bindung von bestimmten Proteinen (sog. Transkriptionsfaktoren) an die DNA einen Einfluss darauf hat, welche Nukleotide in den Codons verwendet werden.¹ Ein und dieselbe DNA-Sequenz wird in diesen Fällen also auf mindestens zwei ganz verschiedene Weisen genutzt.**

*Genom (=gesamtes Erbgut eines Individuums)

**Codon (= Abfolge von drei Nukleobasen (= Triplet), die eine Aminosäure codiert)

Nachdem Watson & Crick (1953) die Struktur der Doppelhelix für die DNA veröffentlicht hatten, wurde in den folgenden Jahren viel Forschung in die Entschlüsselung des genetischen Codes investiert. Das Schlüsselexperiment gelang Heinrich Matthaei im Labor von Marshall Nirenberg am 27. Mai 1961. Die vollständige Zuordnung der 64 Nukleotidtripletts zu den 20 Aminosäuren, die für Proteine als Baustein verwendet werden, gelang bis 1966 vor allem auch durch die Beiträge aus der Arbeitsgruppe von Khorana. Die vor allem in den letzten Jahren mit der Erforschung des menschlichen Genoms gesammelte Erfahrung, dass nur ein vergleichsweise kleiner Teil des Genoms für Proteine codiert, verstärkte die Fragen nach weiteren Funktionen des Genoms.

Inzwischen ist klar, dass manche Proteine spezifisch an DNA binden und dadurch die Verfügbarkeit der dort codierten Information regulieren. Auch die Wechselwirkung von DNA-Sequenzen mit verschiedenen RNA-Molekülen beeinflusst die Aktivität von Genen. Weateritt & Babu (2013) sind der Meinung, dass die Bindungen von Proteinen und RNA an bestimmte genomische DNA-Sequenzen als unabhängige zusätzliche Codes betrachtet werden können. Beispielsweise untersuchten Sterachis et al. (2013) die Bindung eines bestimmten Typs von Proteinen, sogenannten Transkriptionsfaktoren, an die DNA des menschlichen Genoms in 81 verschiedenen Zelltypen. Sie konnten zeigen, dass etwa 15 % der Codons eines Gens (also den Basentriplets, die sonst für eine Aminosäure codieren) in rund 87 % der menschlichen Gene auch in die Bindung mit Transkriptionsfaktoren einbezogen werden. **Die Autoren bezeichnen diese Genbereiche als „Duone“ und bringen damit zum Ausdruck, dass sie Information auf zwei Weisen codieren:** einmal „klassisch“ für Proteine und zusätzlich durch die Bindung der Transkriptionsfaktoren für Regulation der Gene.

Die Wechselwirkung eines Proteins mit einer DNA-Sequenz, die gleichzeitig ein Protein codiert, stellt besondere Anforderungen an die genutzten Codons und die dadurch festgelegten Aminosäuren. Sterachis et al. untersuchten die Auswirkung des Austausches einzelner Nukleotide in Duonen auf die Fähigkeit, Transkriptionsfaktoren zu binden. Zunächst stellten sie dazu die bekannten genetischen Varianten zusammen, die mit Krankheiten oder mit einer veränderten Funktion der Duonen in Zusammenhang gebracht werden. Mehr als 17 % der Duonen, in denen einzelne Nukleotide ausgetauscht waren, zeigten eine veränderte Bindung der Transkriptionsfaktoren. Der Austausch von synonymen Codons, die also für dieselbe Aminosäure in den Proteinen codieren, führt zwar zum selben funktionsfähigen Protein, jedoch zu einer Veränderung der Bindung der Transkriptionsfaktoren. Dieser Befund deutet darauf hin, dass einige Änderungen in Duonen hauptsächlich ihre Transkriptionsfaktor-Bindung beeinflussen. Änderungen in der DNA-Sequenz können somit offensichtlich auch

dann Krankheiten verursachen, wenn sie gar nicht zu Modifikationen in Proteinen führen. Der Austausch einzelner Nukleotide (single nucleotide polymorphism; snp) im Genom kann also auf vielfältige Weise einen Organismus beeinflussen; das gesamte Spektrum von regulatorischen Codes muss somit in Betracht gezogen werden.

Die Erkenntnis, dass im Genom verschiedene Codes enthalten sind und genutzt werden, eröffnet Einblicke in eine „Vieldimensionalität“ des Genoms. Diese erst ansatzweise verstandene Komplexität des Erbguts kann zum Staunen führen und eröffnet völlig neue Fragestellungen. **Bisherige Vorstellungen zur Entstehung der im Genom abgespeicherten Information müssen neu überdacht werden, da die DNA-Sequenzen mit einer bisher ungeahnten Vielfalt an Codes abgelesen werden** (s. z. B. auch Fellner et al. 2014).

Literatur

Fellner L, Bechtel N, Witting MA, Sion S, Schmitt-Kopplin P, Keim D, Scherer S & Neuhaus K (2014) Phenotype of *htgA* (*mbiA*), a recently evolved orphan gene *Escherichia coli* and *Shigella*, completely overlapping in antisense to *yaaW*. FEMS Microbiol. Lett. 350, 57-64.

Stergachis AB, Haugen E, Shafer A, Fu W, Vernot B, Reynold A, Raubitschek A, Ziegler S, LeProusr EM, Akey JM & Stamatoyannopoulos JA (2013) Exonic transcription factor binding directs codon choice and affects protein evolution. Science 342, 1367-1372.

Weatheritt RJ & Babu MM (2013) The hidden codes that shape protein evolution. Science 342, 1325-1326.

Watson JD & Crick FHC (1953) Molecular structure of nucleic acids. Nature 171, 737-738.

Anmerkung

¹ Aufgrund der Degeneration des genetischen Codes werden dieselben Aminosäuren durch verschiedene Codons codiert. Die Bindung von Transkriptionsfaktoren an die DNA hat aber einen Einfluss auf die Wahl der verwendeten Codons für eine bestimmte Aminosäure.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n207.php

05.12.12 Wieviel Evolution ist durch Kooption möglich?

Im „Zeitalter“ von Evo-Devo (evolutionäre Entwicklungsbiologie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>) gilt für den evolutionären Wandel teilweise ein gegenüber dem Neodarwinismus neues Paradigma: Evolution erfolgt nicht nur durch Entstehung neuer Gene, sondern vor allem durch Änderungen der Nutzung und zunehmende Mehrfachnutzung vorhandener Gene. Man spricht in solchen Fällen von *Kooptionen*. Dies ist dadurch möglich, dass Änderungen in der *Gen-Regulation* erfolgen. Allerdings sind Vorgänge einer Kooption weitgehend hypothetisch. Eine Kooption konnte kürzlich durch eine ausgefeilte Studie wahrscheinlich gemacht werden (Rebeiz et al. 2011). Die Entstehung einer evolutionären Neuheit wird damit aber nicht gezeigt.

Gene an sich sind völlig inaktiv. Ihre Information kann nur genutzt werden, wenn aufgrund von Signalen eine Regulationskaskade ausgelöst wird, an deren Ende das Ablesen der Information des Gens steht (**Genexpression**). Unmittelbar vor dem Gen liegt der Promotor, an ihm muss die **RNA-Polymerase*** andocken, damit das Gen abgelesen und die entsprechende mRNA gebildet werden kann (= **Transkription***), die die Vorlage für die Bildung eines entsprechenden Proteins ist.

*RNA-Polymerase (= Enzym, das die Synthese der messenger-RNA ermöglicht)

**Transkription (= „Übersetzung“ der DNA in mRNA)

Ebenfalls zur Gen-Regulation tragen sogenannte **cis-Elemente** bei. Dabei handelt es sich um kurze DNA-Bereiche, an denen (i. d. R. mehrere) **Transkriptionsfaktoren*** binden können, was entweder zur Verstärkung oder Verringerung der Polymerase-Aktivität und damit der Transkription führt. Ist die Wirkung verstärkend, werden sie als **Enhancer** bezeichnet. Cis-Elemente liegen meist vor dem Promotor, können aber auch weiter entfernt (sogar auf einem anderen Chromosom) oder im Gen selbst liegen.

*Transkriptionsfaktoren (= Proteine, die für den Start der Tätigkeit der RNA-Polymerase bei der Transkription von Bedeutung sind)

Vor diesem Hintergrund der Gen-Regulation kann Evolution nicht nur dadurch ablaufen, dass Gene selbst verändert werden, sondern auch durch Änderungen der Enhancer, also der DNA-Bereiche und derjenigen Proteine, die bei der *Regulation der Genaktivität* eine Rolle spielen. Änderungen in diesen Bereichen können dazu führen, dass Gene in anderer Weise als zuvor genutzt werden, das heißt, das Expressionsmuster (zeitlich oder Gewebe-spezifisch) der Gene ändert sich (zu "Genexpression" s. o.). Über ein interessantes Beispiel einer solchen Änderung berichten Rebeiz et al. (2011). Ihnen gelang möglicherweise der Nachweis der Entstehung eines neuen Enhancers durch Kooption, d. h. ein ursprünglich vorhandener Enhancer wurde bei einem neuen Gen in veränderter Form neu genutzt.

Vier prinzipielle Möglichkeiten der Veränderung der Gen-Expression werden in der Literatur diskutiert (instruktive Abbildung unter <http://ittakes30.wordpress.com/2011/05/31/something-new-under-the-sun>).

- **Transposition:** Ein bereits existierender Enhancer gelangt an eine neue Stelle im Erbgut. Das führt zu einer neuen Ausprägung der Expression.

- **Promotor-Switching:** Es treten im Enhancer Änderungen in der Enhancer-Promotor-Spezifität auf, die dazu führen, dass ein *anderer* Promotor aktiviert wird.
- **Kooption:** Ein bereits existierendes genetisches Element wird in einem neuen Funktionszusammenhang verwendet. Das kann ein Gen für ein strukturelles Protein sein oder das können regulatorische Abschnitte sein, die neu verwendet werden
- **Neuentstehung:** Bisher nicht-funktionale DNA wird durch Mutationen zu einem Enhancer.

Rebeiz et al. (2011) konnten in ihren Untersuchungen die Kooption eines bereits vorhandenen Enhancers für eine neue Regulation der Genexpression in einem neuen Organ plausibel machen. Sie untersuchten 20 Gene einer Gruppe nah verwandter Taufliegen-Arten (*Drosophila*), um in jüngerer Zeit evolvierte neue Gen-Expressionsmuster zu untersuchen. Die Expression dieser Gene wurde in mehreren Larvenstadien der verschiedenen *Drosophila*-Arten ermittelt, und die Forscher entdeckten viele Unterschiede, die aber meistens geringfügig waren, z. B. Änderungen im zeitlichen Verlauf oder in der Größe der Körperregion, in der das Gen exprimiert wurde, oder solche, die auf Verlust zurückzuführen waren.

Ein Gen in der Art *D. santomea* aber hatte ein besonderes Expressionsmuster, das in den anderen Arten nicht vorkam. Es handelte sich um das Gen *Nepriylisin-1 (Nep1)*, das allgemein in den Flügeln, Beinen und im Zentralnervensystem aktiv ist. *Nep1* kodiert eine extrazelluläre Metalloproteinase¹ (Rebeiz et al. 2011, 10038). Bei *D. santomea* wird es, im Gegensatz zu allen anderen untersuchten Arten, zusätzlich auch in den sich entwickelnden Nervenzellen des entstehenden Sehlappens exprimiert. Die genaue Funktion von *Nep1* in dem neuen Gewebe ist leider nicht bekannt. Die Untersuchung der Cis-Region von *Nep1* offenbarte eine neue Enhancer-Aktivität in einer Region, die einige Mutationen angesammelt hatte. Dieser (neue) Enhancer überlappt mit anderen (bestehenden) Enhancer-Aktivitäten, von denen die neue Aktivität vermutlich kooptiert wurde.² Weitere Experimente konnten ausschließen, dass es sich um ein altes Expressionsmuster handelt, das lediglich bei den anderen Arten verlorengegangen ist.

Die detaillierten Untersuchungen von Rebeiz et al. (2011) zeigen kurz zusammengefasst: Eine Änderung eines Enhancers des Gens *Nep1* führt dazu, dass dieses Gen *zusätzlich* auch im Sehlappen exprimiert wird. Der zuvor schon vorhandene Enhancer bekommt somit eine weitere Funktion (Kooption). Diese wird in der weiteren Folge durch vier Mutationen optimiert.

Eine latente Aktivität war schon da. Die Autoren verglichen die Sequenzen des Enhancers von *Nep-1* von *D. santomea* mit den Sequenzen nahe verwandter *Drosophila*-Arten, um die Sequenz des letzten gemeinsamen Vorfahren von *D. santomea* und *D. yakuba* zu rekonstruieren. Sie fanden heraus, dass der Enhancer des gemeinsamen Vorfahren eine signifikante Aktivität im Sehlappen besessen haben muss (etwa 40 % des Levels der Aktivität in *D. santomea*) und es auch bei entfernter verwandten Arten Spuren einer Aktivität gibt. Es liegt also bereits ein verborgenes Potential vor, das bei den meisten *Drosophila*-Arten latent bleibt, während es beim gemeinsamen Vorfahren von *D. santomea* und *D. yakuba* durch Mutationen zu einer moderaten Aktivität kam, die durch vier weitere Mutationen bei *D. santomea* zu einer Verstärkung der Expression führte. Bei *D. yakuba* führten weitere Mutationen zum Stilllegen der Expression.

Belegen die Befunde die Entstehung einer evolutionären Neuheit? Die Autoren versprechen sich von ihren Befunden Einblicke in die Entstehung von evolutionären Neuheiten (Rebeiz et al. 2001, 10041).³ Sie konnten zeigen, was auf molekularer Ebene im evolutionären Kontext passieren kann und haben dabei eine ausgezeichnete Arbeit abgeliefert, in der viele Aspekte berücksichtigt wurden, um die Schlussfolgerungen abzusichern.⁴ Aus

ihren Schilderungen geht aber nicht hervor, ob die nachgewiesene Kooption eines Enhancers Auswirkungen auf den Phänotyp (= Erscheinungsbild) hat (in diesem Fall bei der Sehfähigkeit, da es um eine Änderung der Genexpression im Sehlappen handelt). Das betreffende Gen *Nep1* kodiert eine extrazelluläre Metalloproteinase; das ist nicht neu. Neu ist, dass *Nep1* auch im Sehlappen aktiv ist. Aber wie ist diese Aktivität einzuschätzen, welche Bedeutung hat sie? Die Kooption scheint nicht mit einer neuen Fähigkeit der Tauflieden einherzugehen. Es kann sich ohnehin bei einem einzigen Gen nur um einen (kleinen) *Beitrag* im komplexen System der Sehfunktion handeln. Möglicherweise hat die Kooption des Enhancers gar keine phänotypischen Auswirkungen.

Ob man von einer evolutionären Neuheit sprechen kann, hängt natürlich auch davon ab, was man unter „Neuheit“ (novelty) verstehen soll. Eine allgemein anerkannte Definition liegt nicht vor. Der Begriff scheint teilweise inflationär für alle möglichen Veränderungen verwendet zu werden. In dem von Rebeiz et al. untersuchten Fall bedeutet „Neuheit“ ein neues Expressionsmuster, das durch einige geringfügige, vielleicht vorher schon angelegte Änderungen zustande kam. Man kann das als „Neuheit“ bezeichnen, doch sind die dahinterstehenden Änderungen sehr geringfügig und erlauben keine weitergehenden Schlussfolgerungen.

Neue Genexpression oder latente Anlage? Vom evolutionsbiologischen Standpunkt aus könnte man dann in gewissem Sinne von einem Durchbruch sprechen, wenn eine Kooption eines Enhancers wirklich nachgewiesen wurde. Wie eingangs erwähnt werden Kooptionen theoretisch gefordert, aber ein Nachweis stattgefunder Kooptionen fehlt weitgehend. Die Wissenschaftler haben gezeigt, dass vier Mutationen ausreichen, um eine Genexpression *an einem neuen Ort* hochzuregulieren (daher handelt es sich um eine Kooption, s. o.). Allerdings diskutieren sie auch, dass diese Genexpression zuvor schon latent im Vorfahren angelegt war und auf geringem Level stattfand (s. o.), sie ist also nicht wirklich neu.⁵ Kann also wirklich von einer echten Kooption gesprochen werden?

Literatur

Rebeiz M, Jikomes N, Kassner VA & Carroll SB (2011) Evolutionary origin of a novel gene expression pattern through co-option of the latent activities of existing regulatory sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 108, 10036-10043 (doi: 10.1073/pnas.1105937108)

Anmerkungen

¹ Metalloproteinasen sind Enzyme, die die Peptidbindungen eines Proteins spalten können, wobei ein Molekül Wasser verbraucht wird und das Wassermolekül von einem oder zwei Metallkationen in Position gehalten wird. (nach Wikipedia)

² „We traced the evolutionary history of the gain of *Nep1* gene expression in the laminar neuroblasts of the optic lobe and found that the newly evolved *Nep1* optic lobe enhancer was embedded within a region containing several enhancers that were active in other tissues. Furthermore, we demonstrated that the optic lobe enhancer included sequences required for the activity of other enhancers, which indicated that the enhancer activity evolved by co-option of preexisting, long-conserved, regulatory sequences. Finally, we revealed that mutations at four sites elevated the latent low optic lobe activity of the ancestral regulatory sequence to the present-day high level in *D. santomea*“ (S. 10041).

³ „These results highlight the ease with which evolution may “tinker” with regulatory sequences to generate novelty...” (S. 10041)

⁴ Unter anderem die Untersuchung mehrerer Entwicklungsstadien, um auszuschließen, dass man Genexpressionen nur übersehen hat, weil man zur falschen Zeit geguckt hat, und eine Reihe von Tests, um alternative Erklärungsmöglichkeiten auszuschließen.

⁵ „We suggest that the novel optic lobe enhancer evolved by exploiting the cryptic activity of extant regulatory sequences, and this may reflect a general mechanism whereby new enhancers evolve.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n189.php

09.02.12 Am Anfang die Vielfalt?

Die sehr artenreiche Ameisengattung *Pheidole* bildet gewöhnlich zwei Arbeiterkasten aus, die unterschiedlich groß sind und in den Nestern verschiedene Aufgaben erfüllen. Bei einigen wenigen Arten gibt es darüber hinaus eine sehr große Kaste von „Supersoldatinnen“ mit extrem großen Köpfen. Bisher war angenommen worden, dass sie sich unabhängig entwickelt haben. Doch einige neue Befunde sprechen nun dafür, dass das genetische Potential für die Supersoldatinnen schon im gemeinsamen Vorläufer der Gattung *Pheidole* vorhanden war und auch heute noch in vielen Arten abrufbar ist. Dieser Befund passt gut zum Konzept der polyvalenten Grundtypen.

„Zeig, was in Dir steckt!“ Wer diese Aufforderung ausspricht, rechnet damit, dass bei einer Person mehr Potential vorhanden ist als aktuell sichtbar. Immer wieder zeigt sich das auch in der Tier- und Pflanzenwelt. Gut erforschte Beispiele sind Panzerung und Bauchstacheln bei Stichlingen oder Flügel bei Stabheuschrecken, die optional ausgebildet werden können (in verschiedenen Variationen oder auch gar nicht). Im Erbgut schlummern manche Möglichkeiten, die fast wie auf Knopfdruck abgerufen werden können. Im Zusammenhang mit der Debatte um Schöpfung und Evolution interessiert die Frage, woher dieses Potential kommt und ob dessen Herkunft durch naturwissenschaftliche Forschung geklärt werden kann. Nach dem Grundtypmodell der Schöpfungslehre sind die Grundtypen (die als Schöpfungseinheiten interpretiert werden *können*) ursprünglich polyvalent, das bedeutet unter anderem: sie sind mit verschiedenen genetischen und phänotypischen (gestaltlichen) Möglichkeiten ausgestattet, die teilweise nur bei Bedarf aktiviert und abgerufen werden können (vgl. Artikel ► [Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1](https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1)). Von einem Beispiel, das diese Vorstellungen (und damit das Grundtypkonzept) unterstützt, berichten Forscher um Ehab Abouheif von der kanadischen McGill Universität (Rajakumar *et al.* 2012). Auch wenn diese Forscher ihre Beobachtungen und Resultate nicht im Zusammenhang mit dem Grundtypmodell diskutieren, liest sich ihr Artikel über die gelegentliche Ausbildung von „Supersoldatinnen“, einer besonderen Kaste bei verschiedenen Ameisenarten, fast wie ein Kapitel über Grundtypenbiologie und polyvalente Stammformen.

Die Forscher wollten herausfinden, wie neue Arbeiterkasten bei Ameisen entstehen. Dazu untersuchten sie Ameisen der mit über 1000 Arten sehr artenreichen und weltweit verbreiteten Gattung *Pheidole*. Diese Ameisen gehören zur Unterfamilie der Knotenameisen (Myrmicinae). Ihre Arbeiterkaste ist stark größendimorph, das heißt es gibt zwei Typen von unfruchtbaren Weibchen: Kleinere, 2-4 mm große Arbeiterinnen mit gewöhnlichem Körperbau – sie kümmern sich um das Nest und um das Futter – und größere Arbeiterinnen, die auch als Soldatinnen bezeichnet werden und im Vergleich zu ihrem Körper sehr große Köpfe und „Beißzangen“ (Mandibeln) besitzen. Die Soldatinnen verteidigen das Nest und verarbeiten das Futter.

Darüber hinaus sind aus den Wüsten Nordamerikas bei acht *Pheidole*-Arten aber auch noch sogenannte Supersoldatinnen bekannt. Sie sind mehr als doppelt so groß wie normale Soldatinnen und haben riesige Köpfe und Kiefer, mit denen sie die Eingänge zum Nest blockieren, wenn sie von Wanderameisen angegriffen werden, denen die normalen Soldatinnen nicht gewachsen sind. Andere Aufgaben erfüllen sie kaum, sie müssen sogar gefüttert werden.

Kürzlich erlebten die Forscher eine Überraschung: Auch auf Long Island entdeckten sie bei der dort ansässigen Ameisenart *Pheidole morrissi* Soldatinnen, die riesige Köpfe besaßen. Bei

dieser Art waren Supersoldatinnen zuvor noch nie beobachtet worden. Es wurde auch nicht damit gerechnet, denn auf Long Island gibt es keine Wanderameisen. Daraufhin untersuchten sie, ob auch andere *Pheidole*-Arten im Labor Supersoldatinnen hervorbringen können. Und das funktionierte nicht nur bei *Pheidole morrissi*, sondern auch bei zwei weiteren Arten tatsächlich: Das Supersoldatinnen-Potential kann während des Larvenstadiums aktiviert werden, wenn zum richtigen Zeitpunkt die richtige Konzentration des Juvenilhormons (bzw. eines chemischen Ersatzstoffes) und passende Nahrung verabreicht wird. Das Juvenilhormon verzögert die Umwandlung (Metamorphose) der Larve zum erwachsenen Stadium, so dass die Chitinhaut länger wachsen kann. Nun vermuten die Forscher, dass sogar alle *Pheidole*-Arten diese Möglichkeit besitzen, Supersoldatinnen heranwachsen zu lassen, die bei Auftreten vieler Feinde aktiviert werden kann.

Es war schon vorher bekannt, dass nicht alle der bisher bekannten acht *Pheidole*-Arten, die Supersoldatinnen ausbilden, näher miteinander verwandt sind. Daher war angenommen worden, dass diese Kaste zweimal unabhängig evolutionär entwickelt wurde. Aufgrund der neuen Befunde bezweifelt die Gruppe um Abouheif diese Deutung. Wenn durch Hormongabe die Super-Kaste erzeugt werden kann, müssen die genetischen Voraussetzungen dafür schon im Erbgut stecken. Die Ausbildung von Supersoldatinnen gelang auf diese Weise bei Arten aus ganz verschiedenen Positionen im *Pheidole*-Stammbaum. Aufgrund der weiten Verteilung dieses Potential liegt die Annahme nahe, dass es ursprünglich allen *Pheidole*-Arten zu eigen war. Seine Ausprägung scheint nur vom richtigen Timing und der passenden Menge Juvenilhormon und der Ernährung abzuhängen. Dass die Super-Kaste nur bei besonderem Bedarf ausgebildet wird, ist insofern verständlich, als ihre Produktion viel Energie kostet. Rajakumar et al. (2012, 81) schreiben: „Das Entwicklungspotential für die Produktion der Supersoldatinnen wurde beibehalten und war wahrscheinlich im gemeinsamen Vorfahren alle *Pheidole*-Arten vorhanden. Ohne das Wissen über dieses ursprüngliche Entwicklungspotential hätten wir angenommen, dass die Supersoldatinnen-Kaste neu evolviert sei.“ Wahrscheinlicher sei aber, so führen sie weiter aus, dass die Ausbildung der Supersoldatinnen-Kaste bei den meisten Arten verlorengegangen sei, während das Potential bei einigen Arten dafür erhalten blieb. Der Schlusssatz der Autoren, dass durch solche Prozesse die Evolution „neuer“ Phänotypen (im Sinne von *de novo*) erleichtert werde, ist durch die von ihnen berichteten Ergebnisse daher nicht begründet.

Der Vorgang der Aktivierung bzw. Reaktivierung der Supersoldatinnen ist ein Beispiel für „genetische Akkommodation“ (Rajakumar et al. 2012, 81). Darunter versteht man die Ausweitung der phänotypischen Formenvielfalt aufgrund äußerer (Extrem-)Einflüsse (hier die Entstehung der Supersoldatinnen-Kaste, z. B. durch Konfrontation mit Wanderameisen) und die nachfolgende Beibehaltung des neuen (reaktivierten) Phänotyps durch Selektion der Gene, die die Häufigkeit seiner Ausprägung positiv beeinflussen (hier Überleben der Kolonie nach einem Angriff) (vgl. Artikel Evo-Devo, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>).

Bemerkenswert ist, dass trotz des Fehlens der Supersoldatinnen bei gewöhnlich 99% der *Pheidole*-Arten das Potential für diese Kaste nicht im Laufe der Zeit verlorengegangen ist, sondern aktiviert werden kann. Im Allgemeinen wird nicht genutzte Erbinformation durch Verlustmutationen im Laufe der Zeit verloren gehen. Nach phylogenetischen Analysen sollen sich die Gattung *Pheidole* schon vor 30 bis 65 Millionen Jahren in die rund 1100 verschiedenen Arten auseinanderentwickelt haben. Warum ist das Potential für die Super-Kaste dennoch in verschiedenen Arten vorhanden? Die Forscher vermuten, dass Supersoldatinnen-Potential mitsamt seinen Genen und ontogenetischen Entwicklungswegen

nicht beseitigt werden kann, weil es auch bei der Bildung der normalen Soldatinnen benötigt wird (Rajakumar et al. 2012, 82).

Abbildung

http://www.alexanderwild.com/Ants/Taxonomic-List-of-Ant-Genera/Pheidole/8708721_63zwQf#!i=630285037&k=biUdN

Literatur

Rajakumar R, San Mauro D, Dijkstra MB, Huang MH, Wheeler DE, Hiou-Tim F, Khila A, Cournoyea M & Abouheif E (2012) Ancestral Developmental Potential Facilitates Parallel Evolution in Ants. *Science* 335, 79-82.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n181.php

21.06.11 Die Entstehung neuer Enzyme – ganz einfach?

Die evolutionäre Entstehung eines Enzyms mit neuen funktionellen Eigenschaften im pflanzlichen Sekundärstoffwechsel aus einem vorhandenen Enzym des Primärstoffwechsels konnte durch experimentelle und vergleichend-biologische Untersuchungen plausibel gemacht werden. Die experimentell erfolgten Einzelschritt-Änderungen von Aminosäurebausteinen waren jede für sich selektionspositiv. Die hier vorgestellte Entstehung neuer Enzymfunktionen ist jedoch gemessen an den bisher bekannten Variationsmechanismen nicht überraschend und kann als Ausdruck einer bereits angelegten Polyvalenz im Wechselspiel von Genen und der durch sie codierten Proteinen interpretiert werden.

Pflanzen sind gegen Fraß nicht wehrlos: So nutzen viele Kreuzblütler wie das Wiesenschaumkraut (*Cardamine pratensis*) oder die viel untersuchte Acker-Schmalwand (*Arabidopsis thaliana*) Senfölglykoside, um sich gegen Fressfeinde (z. B. Raupen) zur Wehr zu setzen. Diese „Senfölbomben“ sind sekundäre Stoffwechselprodukte und werden bei Beschädigung der Pflanze zur Abwehr gegen den Schädling freigesetzt. Forscher des Max-Planck-Instituts für chemische Ökologie in Jena haben nun eine interessante Entdeckung gemacht: Ein Enzym, das für die Bildung der Senfölglykoside benötigt wird – Methylthioalkylmalat-Synthase (MAM) – ist in seiner Struktur dem Stoffwechselenzym Isopropyl-Malat-Synthase (IPMS) sehr ähnlich (de Kraker & Gershenzom 2011). Die IPMS hat aber eine ganz andere Funktion, sie ist bei der Bildung der Aminosäure Leucin beteiligt und damit Teil des Primär-Stoffwechsels.

Die beiden Enzyme unterscheiden sich in nur zwei bedeutsamen strukturellen Merkmalen: Bei MAM fehlen im Vergleich zur IPMS die letzten 120 Aminosäuren und in seinem aktiven Zentrum sind zwei Aminosäuren ausgetauscht. (Weitere vorhandene Unterschiede haben offenbar keinen Einfluss auf die Struktur und die Funktion der Enzyme.) Das bei der MAM fehlende letzte Stück hat bei der IPMS die Funktion einer Rückkopplung: Ist genügend Leucin vorhanden, wird die Produktion der IPMS gedrosselt. Fehlt diese 120-Aminosäure-Kette, geht die Produktion unvermindert weiter und kann nicht mehr kontrolliert werden. Das Fehlen dieser Kette hat weiter zur Folge, dass sich das verkürzte IPMS-Enzym anders faltet; die Architektur (Quartärstruktur) ist anders als zuvor. Die Verkürzung der Kette wirkt sich auch auf das aktive Zentrum aus, so dass das verkürzte IPMS größere Moleküle binden kann und nun die Bildung von Vorstufen der Senfölglykolsiden anstelle der Bildung von Leucin unterstützt.

Aufgrund dieser Beobachtungen schlagen de Kraker & Gershenzom (2011) folgendes evolutionäre Szenario vor: Ausgangsstoff für die Entstehung der MAM, also des Enzyms, das bei der Bildung der Senfölglykoside benötigt wird, ist die um 120 Aminosäuren längere IPMS. Dessen codierendes Gen wurde zunächst verdoppelt (Gen-Duplikation). Anschließend ging beim Duplikat die 120-Aminosäuren-Kette verloren, was die oben beschriebenen Auswirkungen zur Folge hatte. Die dadurch veränderte Substrataffinität zu größeren Molekülen wurde weiter durch Punktmutationen, die das aktive Zentrum trafen, optimiert, so dass das heute vorliegende MAM entstand.

De Kraker & Gershenzom (2011) haben dieses hypothetische Szenario in Laborexperimenten nachgestellt und die oben beschriebene Abfolge simuliert. Somit konnten sie zeigen, dass dieser Weg in der Geschichte der Kreuzblütler-artigen Pflanzen (Ordnung Brassicales) so abgelaufen sein könnte. Dies sei ein Beispiel dafür, dass ein Enzym aus dem

Primärstoffwechsel für einen anderen Zweck im Sekundärstoffwechsel rekrutiert (sozusagen „zweckentfremdet“) wurde, so die Autoren.

Welche Schlussfolgerungen können aus diesen Beobachtungen und Experimenten gezogen werden?

Zunächst legt diese Untersuchung nahe, dass Enzyme mit neuen Eigenschaften bzw. Fähigkeiten ohne gezielten Eingriff entstehen können. (Die experimentelle Rekonstruktion wurde geplant und geschah gezielt, macht aber plausibel, dass ein evolutiver Vorgang so abgelaufen sein könnte.) Die Entstehung der neuen Funktion kann über Einzelschritte (einzelne Mutationen) nachvollzogen werden, die jeweils selektierbar waren. Es muss nicht angenommen werden, dass mehr als eine Mutation gleichzeitig auftreten musste, um zum nächsten selektierbaren Zustand zu gelangen.

Im Vergleich zur bisher bekannten Variationsfähigkeit der Lebewesen und deren Grenzen ist dieser Vorgang nicht überraschend (vgl. Behe 2007). Erstaunlich ist aber, dass durch relativ einfache Änderungen – Genduplikation, Verlust, Punktmutation – aus einem Enzym des Primärstoffwechsels ein Enzym des Sekundärstoffwechsels mit einer grundsätzlich anderen Funktion werden kann. Es ist festzuhalten, dass der Ausgangspunkt ein funktionales Enzym war und die neue Funktion im Wesentlichen auf einen Verlust zurückzuführen ist (die nachfolgenden Punktmutationen im aktiven Zentrum führten lediglich zu dessen Optimierung).

Welche Schlussfolgerungen können nicht gezogen werden? Inwieweit dieses Beispiel verallgemeinert werden kann, müssen weitere Beispiele zeigen. Junker & Scherer (2006, 144f.) schildern schon länger bekannte Beispiele der Entstehung einer neuen Substratspezifität, bei denen allerdings die neue Funktion relativ ähnlich wie die bisherige bleibt.

Eine Verallgemeinerung und Übertragung der von De Kraker & Gershenzon vorgeschlagenen Mechanismen auf die Entstehung anderer Enzyme ist nur möglich, wenn es sich um Änderungen handelt, bei denen jeder einzelne Schritt selektierbar ist. Die Studie kann die generelle Frage jedoch nicht beantworten, ob auf evolutivem Wege Änderungen von Enzymstrukturen und ihren Funktionen möglich sind, die mehr als einen Schritt benötigen, um von einem selektierbaren Zustand zum nächsten zu gelangen.

Ob also die Entstehung neuer Enzyme „oft verblüffend einfach“ ist, wie die AG Evolutionsbiologie eine Newsmeldung überschreibt, muss sich erst noch zeigen (vgl. <http://ag-evolutionsbiologie.de/app/download/4566099102/kraker-gershenzon-2011.html>). Schwer zu beurteilen und auf der Basis naturwissenschaftlicher Argumentation vorerst nicht entscheidbar bleibt die Frage, ob es sich bei den dargestellten strukturell-funktionellen Änderungen um einen evolutionär-glücklichen Zufallstreffer oder um eine vorprogrammierte Situation handelt. Letztere wäre dann Ausdruck einer angelegten Polyvalenz im Wechselspiel von Genen und der durch sie codierten Proteine im Netzwerk der globalen zellulären Stoffwechselprozesse. Die vorgestellten Befunde erlauben beide Interpretationsmöglichkeiten.

Literatur

Behe M (2007) Edge of Evolution. The search for limits of Darwinism. Free Press, New York.

De Kraker JW & Gershenzon J (2011) From Amino Acid to Glucosinolate Biosynthesis: Protein Sequence Changes in the Evolution of Methylthioalkylmalate Synthase in Arabidopsis. *The Plant Cell* 23, 38-53.

Junker R & Scherer S (2006) *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*. Gießen.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n170.php

20.04.11 Von komplex nach einfach?

Evolution bedeutet den schrittweisen Aufbau der Baupläne der Lebewesen. Immer wieder aber muss aufgrund von Merkmalsvergleichen angenommen werden, dass Entwicklungen in die umgekehrte Richtung abgelaufen sein müssten, wenn eine Evolution abgelaufen wäre, und dass hypothetische Stammformen von Tiergruppen komplex gewesen sein müssen. Woher aber kommen diese hypothetischen Vorläufergruppen? Unklar ist auch, weshalb in evolutionstheoretischer Sicht Organe immer wieder verloren gegangen sind.

Vor zwei Jahren erhielt ein unscheinbares Geschöpf besondere Aufmerksamkeit: Der zu den Placozoa („Plattentiere“) gehörende sehr einfach gebaute Vielzeller *Trichoplax adhaerens*, der als „Urvater“ der Tiere galt, wurde überraschend aufgrund umfangreicher und vielseitiger Untersuchungen in eine abgeleitete phylogenetische Position umgruppiert (zu Einzelheiten siehe [Der einfachste Vielzeller kommt groß heraus, https://www.genesisnet.info/index.php?News=166](https://www.genesisnet.info/index.php?News=166)).

Die Folge davon ist, dass angenommen werden muss, dass der gemeinsame hypothetische Vorfahr von *Trichoplax adhaerens* und der anderen Vielzeller überraschend komplex war. Einer der Bearbeiter, Prof. Schierwater, äußerte, dass aufgrund der Ergebnisse eine unerwartete Parallelentwicklung von niederen und höheren Tieren angenommen werden müsse und dass in Frage gestellt sei, dass sich komplexere Formen graduell aus einfacheren Formen ableiten. „Hier müssen wir wohl umdenken“ (<http://idw-online.de/pages/de/news297821>). Ein genetisch komplexer Vorfahr wurde schon seit einiger Zeit angenommen, weil sich gezeigt hat, dass bei verschiedensten Tiergruppen die gleichen Regulationsgene, die für die Bildung von Organen erforderlich sind, aktiv sind. Diese müssten laut evolutionstheoretischer Argumentation auch im hypothetischen gemeinsamen Vorfahren präsent gewesen sein (vgl. Evo-Devo, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>).

Zwei neue Studien anderer Tiergruppen weisen nun erneut in diese Richtung: Evolutionäre Stammformen müssen als sehr komplexe Lebensformen betrachtet werden.

Acoela. Zunächst soll über eine Studie an winzigen Würmern berichtet werden. Es handelt sich um die Gruppe der Acoela, deren Name vom Fehlen eines Coeloms (Körperhohlraum) abgeleitet ist. Die Acoela sind stark abgeflachte Würmer, sind meist unter 2 Millimeter lang, haben nur eine einzige Körperöffnung und besitzen keinen Magen. Den Besitz von nur einer einzigen Körperöffnung haben sie mit den Cnidaria (Seeanemonen und Quallen gemeinsam, anders als diese haben sie drei und nicht nur zwei embryonal angelegte Gewebeschichten (Keimblätter), weshalb sie als willkommene Zwischenformen zwischen den Cnidariern und höheren Tieren galten. Eine neue Studie von Telford und Mitarbeitern (Philippe et al. 2011) kommt zu dem Ergebnis, dass die Acoela an die Basis der Deuterostomier (Neumundtiere) in die Nähe der Stachelhäuter (zu denen beispielsweise Seeigel gehören) zu stellen sind, ein deutlicher Sprung nach oben im hypothetischen phylogenetischen Stammbaum. Ihre genetischen Analysen legen nahe, dass die Acoela und der marine (= im Meer lebende) Wurm *Xenoturbella* von einer komplexeren Form abstammen muss und die meisten Merkmale, die andere Deuterostomier auszeichnen, während ihrer Stammesgeschichte offensichtlich verloren haben (vgl. Maxmen 2011). Zu dieser Schlussfolgerung gelangten die Autoren aufgrund der Auswertung von drei verschiedenen unabhängigen Datensätzen (Kern-DNA, mitochondriale DNA und microRNA). Maxmen (2011, 162) kommentiert: „Wenn die Acoela zu den Deuterostomiern passen, müssen diese Würmer von einem Vorfahren mit einem Zentralnervensystem, einer Körperhöhle und einem durchgehenden Verdauungssystem, das

Mund und Anus verbindet, evolviert sein – Merkmale, die bei den heute lebenden Deuterostomiern anzutreffen sind. Daher müssen die Forscher erklären, wie die Acoela und *Xenoturbella* diese und andere Merkmale verloren haben. Sie müssen auch nach einer anderen primitiven Linie Ausschau halten, die den evolutionären Schritt zwischen quallenartigen Tieren und den Bilateriern (Zweiseitentiere) repräsentieren.“

Die neue Stellung der Acoela ist allerdings noch umstritten. Sollte sie aber zutreffen, gilt einmal mehr, dass im evolutionstheoretischen Rahmen Entwicklungen von komplex zu einfach angenommen werden müssen und eine vorhandene Lücke zwischen verschiedenen Tiergruppen sich noch größer darstellt als zuvor angenommen.

Ringelwürmer. Die zweite Studie, über die hier kurz berichtet werden soll, handelt von den Ringelwürmern (Annelida), deren interne Beziehungen in einer phylogenomischen Analyse untersucht wurden (Struck et al. 2011). Dabei wurden 34 Anneliden-Taxa und 47.953 Aminosäure-Positionen von 231 Proteinen in die Untersuchungen einbezogen. In der Geschichte der Systematik dieser Gruppe gab es manche Umgruppierungen, die Struck et al. in einem kurzen Überblick erläutern. Die Wissenschaftler erzielten nun ein „überraschend klares Ergebnis“ (Arendt 2011). Demnach ist die Hauptgruppe der Anneliden deutlich unterteilt in die beiden Gruppen Errantia (frei bewegliche Arten) und Sedentaria (teilweise festsitzende grabende oder in Röhren lebende Arten). Auch hier folgt aus der neuen Phylogenie, dass angenommen werden muss, dass der letzte gemeinsame Vorfahre der Anneliden ein mit Sinnesorganen „reichlich ausgestattetes“ Tier gewesen sein muss (Arendt 2011). Legt man die morphologischen (gestaltlichen) Merkmale zugrunde, gibt es ein „schwerwiegendes Problem“: die offenkundige Leichtigkeit, mit der Merkmale während der Evolution verloren gehen können. Arendt illustriert dies am Beispiel der Palpata, einer Anneliden-Gruppe deren Mitglieder durch den Besitz spezieller Kopf-Anhänge, sogenannten Palpen, gekennzeichnet sind. Aufgrund der neuen Anneliden-Phylogenie muss ein unabhängiger *Verlust* von Palpen bei den Errantia und den Sedentaria angenommen werden. „Dieses Beispiel bestätigt die allgemeine Idee des häufigen und unabhängigen Verlusts von Merkmalen während der Evolution der Tiere“, kommentiert Arendt (2011, 44).

Befunde wie diese werfen zum einen aber immer wieder neu die Frage auf, wie die komplexeren Vorfahren entwickeln konnten. Die Merkmale, die verloren gegangen sein sollen, müssen schließlich zuvor erst einmal entstanden sein. Außerdem muss es Ursachen geben, die zum Verlust geführt haben. Zum anderen stellen sich die unerwarteten Merkmalsverteilungen in einer nicht-evolutionären Perspektive in einem anderen Licht dar: Wenn Merkmale im Prinzip frei kombinierbar sind, sind „unpassende“ Merkmalskonstellationen verständlich und die Frage nach den Gründen eines Verlustes stellt sich nicht.

Arendt (2011) weist in seinem Kommentar auch darauf hin, dass die methodische Stärke der Cladistik gleichzeitig große Probleme erzeugt: eine Inkonsistenz von Ergebnissen von verschiedenen methodischen Ansätzen der Phylogenese Forschung. Die molekularen Verwandtschaften führen schon fast regelmäßig zu Umgruppierungen, die auf der morphologischen Ebene die Annahme erzwingen, dass Vorfahren (relativ) komplex waren und Merkmal häufig verloren gingen.¹ Wenn verschiedene Methoden immer wieder zu widersprüchlichen Ergebnissen führen, könnte dies ein Indiz auf ein grundsätzliches nicht erkanntes Problem sein.

Literatur

Arendt D (2011) Annelid who's who. *Nature* 471, 44-45.

Maxmen A (2011) A can of worms. *Nature* 470, 161-162.

Philippe H et al. (2011) Acoelomorph flatworms are deuterostomes related to *Xenoturbella*. *Nature* 470, 255-258.

Struck TH, Paul C, Hill N, Hartmann S, Hösel C, Kube M, Lieb B, Meyer A, Tiedemann R, Purschke G & Bleidorn C (2011) Phylogenomic analyses unravel annelid evolution. *Nature* 471, 95-99.

Anmerkung

¹ „The case of the annelids exemplifies both the beauty and the pitfalls of phylogeny reconstruction when applying the principle of parsimony, which settles on the tree minimizing gain or loss of particular characteristics. At the molecular level, this approach has proved very powerful, and it has been further enhanced by the advent of phylogenomics. But it is becoming increasingly obvious that, on the basis of morphological characteristics alone, there is a serious problem: the apparent ease with which such characteristics are lost“ (Arendt 2011).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n166.php

17.01.11 Dunkle Seiten des Genoms beleuchtet

Waren bis vor wenigen Jahren fast ausschließlich die proteincodierenden Gene des Erbguts im Fokus der Forschung, so weisen Erkenntnisse aus den vergangenen zehn Jahren auf unterbelichtete Bereiche hin. Im Erbgut ist viel mehr als nur die Anleitung für Eiweißsynthese zu finden und man darf gespannt sein, was unter neuem Licht noch alles erkennbar werden wird.

Das Lehrbuchwissen war zunächst einfach und übersichtlich: Die DNA im Genom (= Erbgut) enthält die Anweisung zum Aufbau von Proteinen. Die Anleitungen sind in Gene unterteilt und werden durch chemisch verwandte Nukleinsäuren, die RNA, aus dem Zellkern an den Ort der Proteinsynthese, die Ribosomen gebracht. Zwischen den einzelnen Genen liegen im Genom weite Bereiche, denen keine Funktion und Bedeutung zugeordnet werden konnte („junk DNA“, „genetischer Abfall“).

Forschung der vergangenen zehn Jahre hat zunehmend Licht auf die umfangreichen zunächst als nutzlos erscheinenden Bereiche des Genoms geworfen. Die Wissenschaftsjournalistin Elizabeth Pennisi (2010) hat für die Zeitschrift *Science* bedeutende Veröffentlichungen aus diesem Zeitraum kurz zusammengefasst.

Nach derzeitigem Kenntnisstand sind im menschlichen Genom rund 21.000 Gene enthalten, die für Proteine codieren. Sie nehmen ca. 1,5 % des Genoms in Anspruch. Schon früher wurde bezweifelt, dass der Rest – immerhin mehr als 98% – nutzloser Abfall sei, da der Ballast in diesem Umfang gerade auch nach evolutionären Vorstellungen im Laufe der Zeit hätte entsorgt werden müssen.¹

Pennisi führt folgende Befunde an, die das Genom in einem neuen Licht erscheinen lassen:

1. Der Mensch weist nicht nur viele proteincodierende Gene auf, die sich auch im Genom der Maus finden, sondern auch weite Teile der nicht-codierenden DNA sind in beiden Organismen ähnlich. Ohne Funktion dieser Bereiche ist der Befund nur schwer erklärbar, da bei Funktionslosigkeit Mutationen nicht durch Selektion korrigiert werden und sich so anhäufen. Die entsprechenden DNA-Sequenzen in verschiedenen Organismen werden dadurch immer unähnlicher. Untersuchungen an Mäuseembryonen belegen, dass nicht codierende Bereiche des Genoms eine Rolle in der Genregulation spielen. Manche Gene, deren Aktivität sie steuern, liegen im Genom weit von ihnen entfernt.

2. Auch andere umfangreiche Studien, in denen genetische Risikofaktoren für Krankheiten untersucht wurden, lieferten Hinweise auf Funktionalität von nicht codierenden Genombereichen: ca. 40 % von DNA-Sequenzen, in denen sich gesunde und erkrankte Individuen um eine einzige DNA-Base unterscheiden, liegen in Bereichen zwischen den Genen.

3. In anderen Arbeiten wurde gezeigt, dass weitaus mehr DNA in RNA umgeschrieben wird als nur für die Boten-RNA (mRNA) oder die RNA der Ribosomen (rRNA). Etwa 80 % der DNA einer Zelle scheinen in RNA umgeschrieben zu werden, ohne dass vom größten Teil dieser transkribierten Bereiche bisher bekannt ist, was deren Funktion ist.

4. Bei Forschungen an Pflanzen und Fadenwürmern wurden Mechanismen entdeckt, wie man mit kleinen RNA-Fragmenten Gene ausschalten kann. Die Erforschung und Entwicklung der als RNA-Interferenz (RNAi) bezeichneten Methode wurde 2006 mit einem Nobelpreis

ausgezeichnet. In vielen Untersuchungen wurde bestätigt, dass sehr kurze RNA-Fragmente aus 21 bis 30 Basen mit den Chromosomen wechselwirken und so die Aktivität von Genen kontrollieren und steuern können. Wenn in Hefezellen einzelne dieser kurzen RNA-Sequenzen fehlen, ist die Zellteilung gestört, und auch an Entwicklungsprozessen und Krebsentstehung sind sie beteiligt.

5. Aber nicht nur diese kleinen RNA-Schnipsel erregen Aufsehen, auch die so genannte große zwischen den Genen liegende, nicht codierende RNA (large intervening noncoding RNA, lincRNA), entfaltet regulatorische Funktion auf Gene. Es könnte sein, zumindest äußern sich manche Forscher in diese Richtung, dass dieser Anteil des Genoms sich in seiner Bedeutung als ebenso bedeutsam erweist wie die proteincodierenden Gene.

Abschließend stellt Pennisi fest, dass vor zehn Jahren vom Genom fast ausschließlich die proteincodierenden Gene im Blickfeld der Forschung waren. Heute gilt das Interesse auch vielen anderen Bereichen des Erbguts. Ihre zusammenfassende Darstellung kann Staunen auslösen über die faszinierende Vielfalt und Dichte an Steuer- und Regulationsmechanismen in Zellen.

Der Rückblick der Autorin dokumentiert aber gleichzeitig, dass durch die Betrachtungsweise des Forschungsgegenstands – oder um ihr Bild aufzugreifen; seine Beleuchtung – auch Schatten produzieren: einzelne Aspekte werden betont, andere vernachlässigt oder gar ausgeblendet.

Die aktuelle Erforschung des Genoms zeigt, dass bei allen faszinierenden Erkenntnissen sich viele Hoffnungen nicht erfüllt haben. **Der Blickwinkel muss erweitert werden, denn das Genom an sich liefert nicht die erhofften entscheidenden Einblicke in die grundlegenden Ursachen des Lebens**, sondern es erscheint zunehmend als Bestandteil eines umfassenden und komplexeren Systems. Wenn bisher dunkle Bereiche vom Lichtkegel neuer Fragestellungen erfasst werden, bewirkt das einerseits Ernüchterung hinsichtlich erhoffter entscheidender Antworten aus dem Genom; gleichzeitig werden aber auch neue Horizonte für spannende Forschung in einem neuen Licht eröffnet.²

Literatur

Pennisi E (2010) Shining a light on the genome's 'Dark Matter'. Science 330, 1614.

Anmerkungen

¹ Dennoch wurde und wird die mutmaßliche „junk DNA“ als Argument gegen die Vorstellung von optimalem Design ins Feld geführt.

² Angesichts des Forschungsstands über die „Dark Matter“ des Genoms sollte die Vorstellungen von der „Junk-DNA“ vorerst ad acta gelegt werden. Das mit der „junk DNA“ begründete Argument, es gebe Design-Fehler und das spreche gegen eine Schöpfung, ist daher auch sehr fragwürdig geworden.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n160.php

08.01.11 Langzeit-Experiment mit *Drosophila* – weniger Evolution als gedacht

Um genetische Veränderungen im Verlauf vieler Generationen experimentell zu untersuchen ist man auf Organismen angewiesen, die eine kurze Generationszeit aufweisen.

Entsprechende Langzeitstudien mit Bakterien und Hefekulturen sind beschrieben. Diese sich asexuell fortpflanzenden Organismen stellen die bisherige empirische Basis dar für Modelle und Mechanismen von Langzeit-Evolutionsprozessen.

Burke et al. (2010) stellten kürzlich eine Studie mit der Taufliege *Drosophila melanogaster* vor – einem klassischen „Haustier“ der Genetiker. **Damit liegt erstmals eine umfangreiche genetische Studie eines Langzeit-Evolutionsexperiments mit Organismen vor, die sich sexuell fortpflanzen.**

Im Labor von M. Rose werden die kleinen Zweiflügler seit 1991 inzwischen in mehr als 600 Generationen gezüchtet und auf schnellere Entwicklung selektiert. Die gezüchteten Populationen entwickeln sich im Verhältnis zu Tieren der Ausgangs- und Vergleichsgruppe ca. 20 % schneller vom Ei bis zum erwachsenen, fortpflanzungsfähigen Tier. Damit einher geht auch die Entstehung veränderter Phänotypen* (etwa bezüglich Größe, Lebensdauer etc.).

*Phänotyp (= äußeres Erscheinungsbild)

Für die Untersuchung wurden Daten aus umfangreichen Genomanalysen erzeugt. Es wurden sowohl spezielle Gene analysiert (bezüglich Änderung in der Allelhäufigkeit: allele frequency differentiation) als auch komplette Genomdaten von *Drosophila*-Populationen aus dem Selektionsexperiment herangezogen. (Allele sind Varianten eines Gens.)

Bisher war man meist davon ausgegangen, dass bei sexueller Fortpflanzung wie auch bei der Entwicklung von Bakterienkulturen genetische Veränderungen (Mutationen) in einer Population auftauchen und dann in einem bestimmten Erbgutabschnitt fixiert werden. In ihrer Arbeit suchten Burke et al. nach positiven (Punkt-)Mutationen, die ein neues Basenpaar und damit einen neuen sog. SNP (Einzelnukleotid-Polymorphismus) erzeugen. Von **Polymorphismus** spricht man, wenn ein Gen (bzw. ein entsprechendes Merkmal) in mehreren Ausprägungen (Allelen) vorkommt. Mutationen vergrößern also den Polymorphismus. Bei SNPs betrifft der Polymorphismus nur ein einziges Nukleotid (=Einzelbaustein des Erbmoleküls DNA).

Neue SNPs sollten sich dann in der Population durchsetzen, d. h. alternative Sequenzen sollten verschwinden und damit die Vielfalt der SNPs verringert werden. Aber genau das wurde nicht gefunden, es konnten also im *Drosophila*-Genom* keine Bereiche identifiziert werden, in denen die erwarteten Effekte (geringerer Polymorphismus) auftraten. **In dieser Langzeitstudie mit sich sexuell fortpflanzenden Organismen läuft Evolution gemessen an den Erwartungen in viel geringerem Umfang ab.**

*Genom (= gesamtes Erbgut)

Die Autoren prüfen und diskutieren verschiedene Erklärungen für diesen Befund, ohne dass sie selbst eine davon beim derzeitigen Kenntnisstand als überzeugend einstufen. Die Laborbeobachtungen zeigen also, dass Selektion die genetische Variation in sich sexuell

fortpflanzenden Populationen nicht wie erwartet reduziert. Bisher gilt als Lehrmeinung, dass Selektion, insbesondere wenn sie stark ist, im Laufe der Zeit zu deutlicher Verringerung des Gen-Polymorphismus, also der genetischen Vielfalt führt. Das konnten Burke et al. (2010) in ihrer Studie mit den Langzeit-Experimenten an *Drosophila* aber gerade nicht belegen. Das bedeutet, dass mit diesen experimentellen Resultaten der Einfluss von Selektion – bei der natürlichen Selektion handelt es sich um einen zentralen Evolutionsmechanismus – nicht bestätigt werden konnte.¹

Da unter natürlichen Bedingungen die Selektionskriterien weniger stark und nicht über viele Generationen gleichbleibend ausgeprägt sind, kann man davon ausgehen, dass der ursprünglich erwartete Effekt unter Freilandbedingungen noch weniger auftreten wird.

Damit ist ein grundlegender, bisher angenommener Mechanismus für die Entstehung neuer Arten durch Selektionsprozesse in Frage gestellt. Weitere Forschung sollte dazu beitragen, die Abläufe besser zu verstehen.

Quelle

Burke MK, Dunham JP, Shahrestani P, Thornton KR, Rose MR & Long AD (2010) Genome-wide analysis of a long-term evolution experiment with *Drosophila*. *Nature* doi:10.1038/nature09352; auf einer Internetseite sind Äußerungen von an der Untersuchung beteiligten Wissenschaftlern zusammengestellt: Scientists decode genomes of precocious fruit flies. *ScienceDaily* (2010.09.19)
<http://www.sciencedaily.com/releases/2010/09/100916162537.htm>.

Anmerkung

¹ Die Zusammenfassung des Beitrags in *Nature* wurde vom Herausgeber bezeichnenderweise mit dem Titel: „**Experimental evolution reveals resistance to change**“ veröffentlicht.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n159.php

30.10.10 Konvergente Kooption von Pax-Genen

Oder: Was einmal taugt, taugt auch mehrmals

Eine der überraschenden Entdeckungen der letzten Jahre ist die vielfache Verwendung derselben Gene in verschiedenen Zusammenhängen. Evolutionstheoretisch wird postuliert, dass Gene häufig neu und sogar mehrfach „zweckentfremdet“ wurden; man spricht von „Kooption“ oder „Rekrutierung“. Immer häufiger zeigt sich darüber hinaus, dass ähnliche oder auch unähnliche Gene *mehrfach unabhängig* (konvergent) für denselben Zweck kooptiert wurden. Wie kann es sein, dass dies durch einen Evolutionsvorgang erfolgt, der nicht an irgendwelchen Zielen orientiert ist, aber dennoch zu einem sehr ähnlichen Ergebnis gelangt? Beispielsweise muss nach neuen Befunden die mehrfache Kooption von *Pax*-Genen angenommen werden. Diese Gene spielen eine herausragende Rolle bei der ontogenetischen* Entwicklung der Augen. Über eine neue Untersuchung darüber berichtet dieser Artikel und erläutert die erheblichen Probleme, die sich einem natürlichen Evolutionsprozess entgegenstellen.

*ontogenetisch (= betrifft die individuelle Entwicklung von der Befruchtung an)

Bei der Ausbildung von Augen spielt eine Reihe von Steuergenen eine wichtige Rolle. Das bekannteste darunter ist *Pax-6*. Dieses Gen kontrolliert die Augenentwicklung auf höchster Ebene bei den Bilateria („Zweiseitentiere“, dazu gehören z. B. die Gliederfüßer und die Wirbeltiere). *Pax-6* ist z. B. beim Linsenauge der Säugetiere nötig, um eine nachfolgende Kaskade von etwa 2500 Genen in Gang zu setzen, die für die Formbildung des Auges wichtig sind (Halder et al. 1995); es wird daher auch als **Masterkontrollgen** bezeichnet. *Pax-6* ist bei Arten, die zu ganz verschiedenen Tierstämmen gehören, so ähnlich, dass man es ohne Probleme zwischen sehr verschiedenen Tieren austauschen kann. So konnte die Arbeitsgruppe von Walter Gehring bereits 1995 zeigen, dass das *Pax-6*-Gen der Maus (welches hier *eyeless* heißt) auch in Fliegen seine Wirkung entfalten kann und die Bildung eines (Fliegen-)Auges auslöst (Halder et al. 1995).

Aufgrund dieser Ähnlichkeit wurde zunächst für alle Tiere mit Augen ein Vorfahr mit einem Urauge postuliert (Gehring 1996), dessen ontogenetische Bildung bereits mittels *Pax-6* gesteuert wurde. Da das Komplexauge der Insekten und das Linsenauge der Wirbeltiere in ihrem Aufbau grundverschieden sind, **muss das Urauge dieses postulierten gemeinsamen Vorfahren so einfach gedacht werden, dass es als Basis für die evolutionäre Entstehung beider Augentypen dienen kann.** Bei einer völlig unabhängigen Entstehung von Komplexauge und Linsenauge müsste man alternativ annehmen, dass das Steuergen *Pax6* *erst sekundär und unabhängig* aus einem anderen genetischen Funktionszusammenhang für die Augenentwicklung verwendet wurde, nachdem Komplex- und Linsenaugen evolutionär bereits entstanden waren. Dieser Prozess wird als extrem unwahrscheinlich betrachtet.

Kooption. Der hypothetische Vorgang der Inanspruchnahme vorhandener Gene für eine neue Aufgabe wird als „Kooption“ bezeichnet; man spricht auch von Gen-Rekrutierung oder auch von einer „Neuerschaltung“ von Genen. Die damit verknüpften Prozesse bzw. die einer solchen Neuordnung zugrunde liegenden Mechanismen sind aber weitgehend hypothetisch.

Da Kooption evolutionstheoretisch sehr unwahrscheinlich ist, muss man annehmen, dass *Pax-6* schon sehr früh in der mutmaßlichen Evolution der Augen als Masterkontrollgen (s. o.) in Erscheinung trat, zu einem Zeitpunkt, als das Urauge noch sehr einfach und unspezialisiert gebaut war (s. o.).

Aufgrund der phylogenetischen Analysen (Ermittlung von Abstammungsverhältnissen durch Merkmalsvergleiche) stellte sich heraus, dass angesichts der genetischen Merkmalsverteilungen (hier *Pax*-Gene) zweifache oder sogar mehrfache **konvergente Kooptionen** gleicher Gene angenommen werden müssen. Das heißt: Die gleichen oder ähnlichen (*Pax*-)Gene wurden zweimal oder mehrfach unabhängig in unterschiedlichen stammesgeschichtlichen Linien (Hydrozoa, Cubozoa, Bilateria) in gleicher Weise für eine identische Funktion rekrutiert. Angesichts der Schwierigkeiten, die sich schon bei einer erfolgreichen Integration eines Gens in einen anderen Funktionszusammenhang stellt, wirft die Erklärung einer mehrfach unabhängigen gleichartigen Neu-Inanspruchnahme desselben Gens erst recht Fragen nach den Mechanismen auf. Mit der Zunahme der zu postulierenden Kooptionen (z. B. wie sie auch bei den Crystallinen für die Augenlinsen notwendig ist) wurde mehr und mehr von der Vermutung einer **monophyletischen*** Entstehung der Augen Abstand genommen (Gregory 2008, Piatigorsky 2008).

*monophyletisch (= von einem einzigen gemeinsamen Vorfahren abstammend)

Fünf Pax-Unterfamilien. Die Vertreter der *Pax*-Gengruppe werden in fünf Unterfamilien unterteilt. *Pax*-Gene besitzen in vielen Organismen zentrale Steuer- bzw. Schalterfunktionen in der Ontogenese verschiedenster Organe. Wie oben erwähnt, ist *Pax-6* für die Augenentwicklung bei den Bilateria (Zweiseitentiere) entscheidend. *Pax-6* kommt aber bei den Nesseltieren (Cnidaria) nicht vor. Interessanterweise haben vier der fünf Klassen der Nesseltiere, zu denen auch drei Klassen von Quallen gehören, Augen, z. T. sogar hochentwickelte Linsenaugen. Kürzlich veröffentlichten Suga et al. (2010) eine Untersuchung über das Vorkommen von *Pax*-Genen bei der Qualle *Cladonema radiatum* aus der Klasse der Hydrozoa. In diesem Tier wurden drei *Pax*-Gene, jeweils einer anderen Unterfamilie angehörig, *Pax-A*, *Pax-B* und *Pax-E*, gefunden. Suga et al. (2010) konnten zeigen, dass *Pax-A* bei der Bildung der Linsenaugen von *Cladonema* eine führende Rolle zukommt. Bei *Tripedalia*, die zu der Klasse Cubozoa (Würfelquallen) gehört, wurde in einer früheren Untersuchung *Pax-B* als verantwortlich für die Augenentwicklung nachgewiesen. **Bei den Bilateria, den Hydrozoa und den Cubozoa werden also Pax-Gene aus verschiedenen Pax-Unterfamilien verwendet.**

Suga et al. vermuten, dass die verschiedenen *Pax*-Unterfamilien durch Genduplikationen in einer sehr frühen Phase der Evolution aus einem urtümlichen *Pax*-Genvorläufer in einem augentragenden gemeinsamen Vorfahren entstanden sind, spätestens vor der Trennung der Bilateria und der Cnidaria (S. 14267). Es sei daher sehr wahrscheinlich, dass in den drei Linien der Hydrozoa, Cubozoa und Bilateria diese drei verschiedenen *Pax*-Gene zunächst unterschiedlich erhalten blieben (*Pax-A* und *Pax-B* fehlt bei den Bilateria, *Pax-6* bei den Cnidariern) und dann *unabhängig* für die jetzige analoge Aufgabe in der strukturellen Augenentwicklung kooptiert wurden. (Andernfalls sollte man wohl bei allen Gruppen dasselbe *Pax*-Gen erwarten.) Die Autoren vermuten darüber hinaus, dass die kooptierten *Pax*-Gene im gemeinsamen Vorfahren der Cnidarier und Bilaterier bereits überschneidende Aufgaben bei der Augenentwicklung hatten. Damit sehen sie die monophyletische Entstehung aller Augentypen wieder als mögliche und gut begründete Hypothese im Rennen.

Bemerkenswert ist die Art und Weise, wie die Autoren die vermuteten Kooptionen beschreiben: Sie sprechen einerseits von einer *Wahl* unterschiedlicher *Pax*-Gene in den verschiedenen Tierklassen (S. 14267) und bezeichnen andererseits den hypothetischen Vorgang der Nutzung *verschiedener Pax*-Gene als „molecular-level opportunism“, den es häufig auch bei den Crystallinen (den Linsen-Proteinen) gegeben habe. Gemeint ist damit, dass in unterschiedlichen Linien zwar ähnliche, aber eben nicht identische Gene für einen

bestimmten Zweck rekrutiert wurden. Die neuen Untersuchungen legen diesen Vorgang bei den *Pax*-Genen nahe. Es gibt aber auch Fälle, bei denen ganz unterschiedliche Gene rekrutiert werden, das ist bei den Linsencrystallinen vielfach der Fall (Piatigorski 2008).

Hinter diesen Beschreibungen stehen aber schwerwiegende Probleme für einen ungerichteten, natürlichen evolutionären Prozess. Schon eine *einzig*e Übernahme eines Gens in ein neues, komplexes Netzwerk von Beziehungen erfordert vielfache Abstimmungen, insbesondere wenn es sich wie bei den *Pax*-Genen um Steuergene handelt, die eine prominente Position in den Regulationskaskaden einnehmen. Die Erklärungsprobleme potenzieren sich, wenn Kooptionen (wie im Falle von *Pax-A*, *Pax-B* und *Pax-6*) mehrfach unabhängig in ähnlicher Weise zum selben spezifischen Zweck der Strukturentwicklung des Auges erfolgt sein sollen.

Constraints. An dieser Stelle wird manchmal argumentiert, dass ähnliche Konstellationen bestimmte Kooptionsvorgänge begünstigen könnten; man spricht dann von „Kanalisation“: Entwicklungszwänge, sog. *constraints* lenkten die weitere evolutive Entwicklung in eine bestimmte Richtung, wodurch es zu den Konvergenzen komme. Dies mag nachvollziehbar sein, wenn es um Feinabstimmungen und Spezialisierungen geht. Hier geht es aber um eine Neuerschaltung innerhalb eines bereits bestehenden komplexen genetischen Netzwerks. Der Hinweis auf *constraints* bietet keine Erklärung, da an diesem konkreten Beispiel der Augenentwicklung nicht gezeigt werden kann, worin diese bestehen sollen und wie sich diese auf genetischer oder morphologischer Ebene darstellen.

Die Annahme von *constraints*, die eine Kanalisierung und Parallelentwicklung in die Wege leiten, bleibt rein hypothetisch, solange nicht gezeigt wird, wie eine vorausgegangene Konstellation die nachfolgende Kooption begünstigt haben könnte. Wie soll ein *Pax*-Steuergen, das im Gesamtgefüge der Genwirkungen zunächst irgendeine andere Aufgabe unabhängig vom Sehen hatte, dafür prädestiniert gewesen sein, so dass es mit einer scheinbaren Notwendigkeit als Masterkontrollgen für die Bildung eines Auges kooptiert wurde? *Pax*-Gene haben verschiedene Funktionen – warum wurden sie mehrfach (d. h. mindestens zweimal oder dreimal) gerade für die Sehfunktion kooptiert? Warum *Pax*-Gene aus verschiedenen Familien? Da die *Pax*-Gene an prominenter Stelle wirken, braucht eine Kooption nach allem, was bekannt ist, wie erwähnt viele Abstimmungen. Wie kann dies dreimal unabhängig in unterschiedlichen evolutionären Stammeslinien in ähnlicher Weise mit ähnlichem Ergebnis ohne Planung so erfolgreich ablaufen?

Literatur

Gehring W (1996) The master control gene for morphogenesis and evolution of the eye. *Genes Cells* 1, 11-15.

Gregory R (2008) The evolution of complex organs. *Evo. Edu. Outreach* 1, 358-389.

Halder H, Callaerts P & Gehring WJ (1995) Induction of ectopic eyes by targeted expression of the eyeless gene in *Drosophila*. *Science* 267, 1788-1792.

Piatigorski J (2008) A Genetic Perspective on Eye Evolution: Gene Sharing, Convergence and Parallelism. *Evo. Edu. Outreach* 1, 403-414.

Suga H, Tschoppa P, Graziussa DF, Stierwald M, Schmid V & Gehring WJ (2010) Flexibly deployed *Pax* genes in eye development at the early evolution of animals demonstrated by studies on a hydrozoan jellyfish. *Proc. Natl. Acad. Sci.* *107*, 14263-14268.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n156.php

20.10.10 Spezialisierter Sauerstofftransport: zweimal unabhängig „erfunden“

Aufgrund von phylogenetischen (= stammesgeschichtlichen) Analysen muss angenommen werden, dass der spezialisierte Sauerstofftransport zweimal unabhängig (= konvergent) entstanden sein muss: bei den Rundmäulern und den Kiefermäulern. Dies ist bemerkenswert, weil mehrere ähnliche Vorgänge mit ähnlichem funktionalem Ergebnis angenommen werden müssen. Gene müssten unabhängig verdoppelt und für die neue Funktion rekrutiert worden sein; die durch sie codierten Hämoglobine weisen unabhängig ähnliche Spezialisierungen und biochemische Besonderheiten auf. Bekannte Evolutionsmechanismen scheinen für den erforderlichen hypothetischen Evolutionsprozess deutlich überfordert zu sein.

Der hypothetische Vorgang der Inanspruchnahme vorhandener Gene für eine neue Aufgabe wird als „**Kooption**“ bezeichnet, man spricht auch von Gen-Rekrutierung oder auch von einer Neuerschaltung von Genen. Solche Vorgänge sollen sich in der Evolution der Lebewesen häufig abgespielt haben. Die dafür erforderlichen Prozesse bzw. die einer solchen Neuordnung zugrunde liegenden Mechanismen sind aber weitgehend hypothetisch.

Immer mehr stellt sich nun aufgrund von phylogenetischen Analysen (Ermittlung von Abstammungsverhältnissen durch Merkmalsvergleiche) heraus, **dass angesichts der genetischen Merkmalsverteilungen zweifache oder sogar mehrfache konvergente Kooptionen gleicher Gene angenommen werden müssen**. Das heißt: Die gleichen oder ähnlichen Gene wurden zweimal oder mehrfach unabhängig in unterschiedlichen stammesgeschichtlichen Linien in gleicher Weise für eine identische Funktion rekrutiert. Angesichts der Schwierigkeiten, die sich schon bei einer erfolgreichen Integration eines Gens in einen anderen Funktionszusammenhang stellt, wirft die Erklärung einer mehrfach unabhängigen gleichartigen Neu-Inanspruchnahme desselben Gens erst recht Fragen nach den Mechanismen auf. Konvergente Kooptionen scheinen zudem keine seltenen Ausnahmen zu sein. Das in der Evolutionsforschung bekannte Konvergenzproblem (vgl. Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>) begegnet einem auch hier. Wie kommt es, dass *unabhängig voneinander* (d. h. konvergent) dieselben bzw. ähnliche, aber auch unterschiedliche Gene für neue und zugleich identische Zwecke oder Funktionen in stammesgeschichtlich getrennten Linien genutzt werden?

Ein Beispiel einer konvergenten Kooption beschreiben Hoffmann et al. (2010). Es geht dabei um Hämoglobine, Moleküle, die für den Sauerstofftransport im Blut bei Wirbeltieren und einigen Wirbellosen sorgen. **Die Evolution des Sauerstofftransports durch die Hämoglobine wird von den Autoren als „physiologische Schlüsselinnovation“ gewertet**, ohne die größere Tiere nicht existieren könnten, da bloße passive Diffusion von Sauerstoff im Blutplasma nicht zur Versorgung der Gewebe ausreichen würde. Eine großangelegte phylogenetische Analyse der Globin-Gen-Superfamilie bei Wirbeltieren zeigte u. a., dass die Untergruppen der Hämoglobine in den Roten Blutkörperchen von Rundmäulern (Cyclostomata) und Kiefermäulern (Gnathostomata, eine Überklasse der Wirbeltiere) nicht von **orthologen*** Genen kodiert werden, d. h. nicht durch die klassischen Artbildungsprozesse aus einem gemeinsamen Vorläufer entstanden sein können. Anders ausgedrückt: Aufgrund der den Globinen zugrundeliegenden genetischen Sequenzverteilungen können die beiden Hämoglobingruppen nicht von einem gemeinsamen Vorläufermolekül abgeleitet werden.

Dennoch sind sie funktionell und teilweise in ihrem komplexen strukturellen Aufbau erstaunlich ähnlich.

*ortholog (= durch Artaufspaltung entstandene)

Dieser Tatbestand wirft die Frage auf, wie und in welchen Linien die aktuell funktionell ähnlichen, aber genetisch und biochemisch-strukturell deutlich unterschiedlichen Sauerstofftransportproteine von Rundmäulern und Kiefernfüßern phylogenetisch entstanden sind. Als Lösung des Problems wird von den Autoren zunächst vorgeschlagen, dass bei dem hypothetischen Vorläufer der Wirbeltiere verschiedene Vorläufervarianten der Globin-Gen-Superfamilie vorhanden waren, von denen die heute beobachtbaren verschiedenen und stark divergierenden Globin-Familien (z. B. die Hämoglobine) abzuleiten sind. Nach Trennung der Rundmäuler von den Kiefernfüßern erfuhren die verschiedenen genetischen Vorläufervarianten der Globingene eine unterschiedliche weitere Entwicklung. Einige Gene wurden mehrfach dupliziert (verdoppelt) und in neue Funktionszusammenhänge integriert andere verschwanden vollständig aus dem genetischen Repertoire (vgl. Abb. 1).

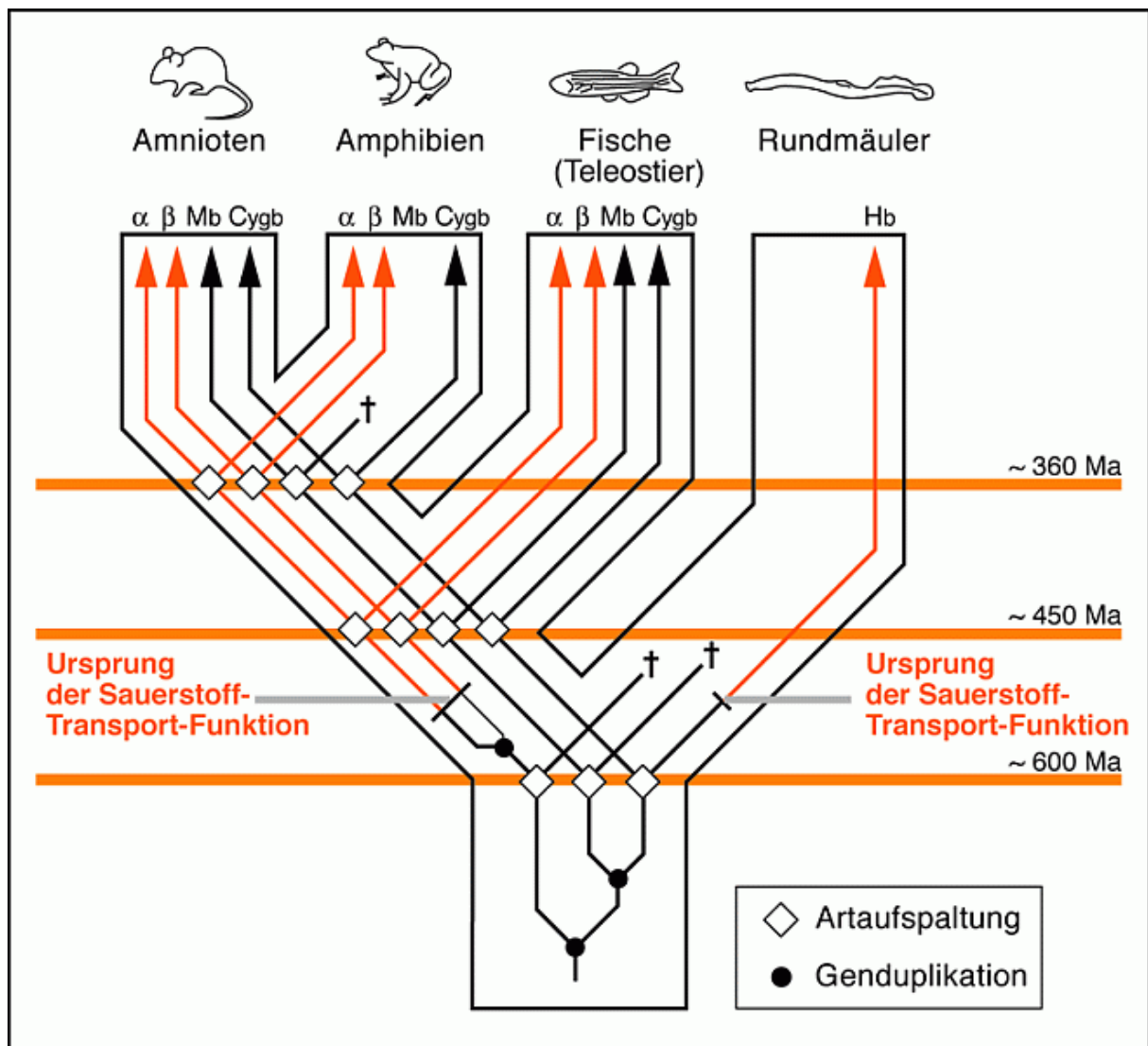


Abb. 1: Vermutete Duplikationen bei Globinen. Der Sauerstofftransport durch Hämoglobin soll zweimal unabhängig mit ähnlichen Mechanismen entstanden sein, bei den Rundmäulern und bei den Kiefernfüßern. Näheres im Text. (Nach Hoffmann et al. 2010)

Speziell für die Entwicklung der Hämoglobingruppen vermuten die Autoren einen Prozess, den sie „**konvergente Kooption**“ nennen. Für die erforderliche Funktion des Sauerstofftransports wurden bei den Rundmäulern und den Kiefermäulern unterschiedliche „freie“ Kopien von speziellen Globin-Genen verwendet, die zuvor durch Genduplikation entstanden waren (die so entstandenen Gene werden als *paralog* bezeichnet). Die Integration der frei gewordenen Genduplikate in den neuen Funktionszusammenhang des Sauerstofftransports (Kooption) fand dann in den stammesgeschichtlich getrennten Linien ebenso wie die zuvor erforderliche Duplikation unabhängig voneinander statt und führte zu einem erstaunlich ähnlichen (konvergenten) Ergebnis. „Kooptive Konvergenz“ im Sinne der Autoren bedeutet also anders ausgedrückt, dass **paraloge*** Mitglieder derselben Globin-Genfamilie in den beiden Linien unabhängig voneinander dieselbe Spezialisierung¹ der Funktion (Sauerstofftransport) und ähnliche biochemische Eigenschaften bei den durch sie codierten Hämoglobin-Proteine im Verlauf der Evolution hervorbrachten (S. 14274f.).

*paralog (= durch Duplikation entstanden)

Was wurde zweimal „erfunden“? Um das Ausmaß der evolutionstheoretisch anzunehmenden Konvergenz deutlich zu machen, muss die Funktionsweise des Hämoglobins (Hb) etwas erläutert werden: Bei den Kiefermäulern ist Hb vierteilig, aus 2 a- und 2 b-Globin-Ketten aufgebaut. Hb kann vier Sauerstoffmoleküle aufnehmen, wobei die Aufnahmefähigkeit mit der Anzahl der bereits gebundenen Sauerstoffmoleküle zunimmt. Diese sogenannte positive *Kooperativität* der Sauerstoffbindung resultiert aus einer Veränderung der Quartärstruktur.

Das Hb der Rundmäuler besteht ebenfalls aus mehreren (zwei oder vier) Globin-Untereinheiten. Die Kooperativität der Sauerstoffbindung resultiert jedoch aus einer durch die **Oxygenierung*** verbundenen Trennung der Multimeren in gebundene Monomere. Die Hämoglobine sind in beiden Gruppen in Rote Blutkörperchen eingebunden und ermöglichen einen hocheffizienten Sauerstofftransport vom Aufnahmeort zu den Zielorten und tragen zum Rücktransport von CO₂ bei. Die Effizienz beider Hämoglobine als Sauerstofftransportproteine wird durch eine Wechselwirkung der Untereinheiten erreicht (homotroper Effekt), die zur Kooperativität (s. o.) der Sauerstoffbindung führt. Die Sauerstoffabgabe im Gewebe erfolgt durch Bindung mit einem Liganden, die zu einer **Konformationsänderung**** führt (heterotroper Effekt). Sowohl im Hb der Rundmäuler als auch im Hb der Kiefermäuler werden die Kooperativität und die Regulation durch Konformationsänderung aufgrund von Veränderungen der Quartärstruktur infolge der Oxygenierung ermöglicht (S. 14274f.).

*Oxygenierung (= Prozess der Sauerstoffbindung)

**Konformationsänderung (= Änderung der räumlichen Struktur)

Konvergent entstanden sind somit die Fähigkeit der Sauerstoffaufnahme und -abgabe sowohl durch homotrope als auch heterotrope kooperative Effekte. Die Kooperativität wird in beiden Fällen durch die Verbindung mehrerer Untereinheiten zu einer Quartärstruktur ermöglicht, wenn auch auf verschiedene Weisen. Diese Vorgänge müssten nach Hoffmann et al. in beiden Fällen von verschiedenen Globin-Monomeren ausgegangen sein, denen diese Kooperativität fehlte (14275). Abb. 1 oben verdeutlicht das mutmaßliche evolutionstheoretische Szenario.

Dass die beiden Hämoglobine nicht von einem gemeinsamen Vorläuferglobin mit Sauerstofffunktion stammen, schließen die Autoren aus zahlreichen Unterschieden in den strukturellen Details. Die Mechanismen der Sauerstoffaufnahme und -abgabe sind

verschieden, beruhen aber in beiden Fällen auf Kooperativität mehrerer Untereinheiten. Die Autoren weisen darauf hin, dass die Hämoglobine beider untersuchten Gruppen zwar funktionell gleichartig, aber trotz der gleichen Benennung als Hämoglobine nicht homolog seien (S. 15277).

Jenseits der empirischen Wissenschaft. Die Autoren schließen ihren Artikel wie folgt: „Dieses Beispiel von konvergenter Evolution einer Proteinfunktion demonstriert eindrucksvoll die Fähigkeit der natürlichen Selektion, komplexe Design-Lösungen dadurch zusammenzuschustern, indem verschiedene Variationen desselben Protein-Gerüsts zusammengebastelt werden“ (S. 14278).

Angesichts der Tatsache, dass im gesamten Artikel von der Wirksamkeit der Selektion und den molekulargenetischen Mechanismen auf die mutmaßlichen Abläufe („konvergente Kooptation“) nicht die Rede war, ist dieser Satz als Glaubenssatz zu werten und kein Ergebnis von empirischer Forschung. Er ist vielmehr Ausdruck von stillschweigenden Voraussetzungen: Funktionelle und/oder strukturelle Ähnlichkeiten (hier der Globine) sind abstammungsbedingt und der zentrale Mechanismus der Evolution ist die natürliche Auslese. Die von den Autoren vorgestellten Befunde sprechen diese Sprache aber nicht unbedingt, sie sprechen von einer unabhängigen „Erfindung“, natürlich ohne an einen Erfinder zu denken. Erstaunlich ist, dass man annehmen muss, dass der Selektionsdruck (hoher Sauerstoffbedarf bei größeren stoffwechselaktiven Tieren) dazu führt, dass die „Natur“ oder die „Evolution“ das gleiche funktionelle Ergebnis mit ähnlichen Abläufen der Sauerstoffaufnahme und -abgabe zweimal unabhängig voneinander hervorbringt. Die klassischen Mechanismen, wie sie im Rahmen der Erweiterten Synthetischen Evolutionstheorie diskutiert werden, können dieses Geschehen nicht plausibel machen. Neue Begriffe wie „konvergente Kooptation“ erklären nichts, sondern verschleiern das eigentlich Unerwartete und Widersprüchliche der evolutionären Perspektive.

Nimmt man eine Schöpfungsperspektive ein (ebenfalls eine nicht allein aus den Daten ableitbare, aber mögliche Perspektive), ist durchaus verständlich, dass ähnlichen funktionellen Erfordernissen ähnliche Lösungen entsprechen. Diese sind im Detail verschieden, was aber auch wiederum im Detail den verschiedenen Anforderungen in den jeweiligen Organismen Rechnung tragen könnte. Unser Wissen ist bisher zu begrenzt, um dies beurteilen zu können.

Literatur

Hoffmann FG, Opazo JC & Storz JF (2010) Gene cooption and convergent evolution of oxygen transport hemoglobins in jawed and jawless vertebrates. *Proc. Natl. Acad. Sci* 107, 14274-14279.

Anmerkung

¹ Es könnte sich auch um einen Neuerwerb der Funktion handeln. Die Autoren verweisen darauf, dass die verwendeten Globine vielleicht bereits irgendwie mit dem O₂ Transport zu tun hatten. Das ist allerdings spekulativ.

Autor dieser News: Reinhard Junker (*Unter Mitarbeit von Henrik Ullrich*)

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n155.php

29.04.10 Der Ursprung des Insektenflügels

Eine japanische Forschergruppe berichtete kürzlich über entwicklungsgenetische Untersuchungen zur ontogenetischen* Bildung der Insektenflügel (Niwa et al. 2010). Aus ihren Ergebnissen schließen sie, dass einige Bauplanänderungen, die zur Ausbildung des häutigen Insektenflügels erforderlich waren, durch relativ wenige Änderungsschritte möglich gewesen sein könnten. Die von den Autoren vorgestellten Befunde aus der Entwicklungsbiologie sind jedoch keineswegs ausreichend für die Erklärung des evolutionären Werdens von Insektenflügeln, sondern nur *Randbedingungen*, die beim Versuch einer evolutionstheoretischen Erklärung berücksichtigt werden müssen.

*ontogenetisch (= Entwicklung von der Eizelle bis zum ausgewachsenen Organismus)

Einleitung. Wie entstanden ganz neue Bauelemente der Lebewesen wie z. B. Flügel? Woher kommen evolutive Neuheiten? In den letzten Jahren wurden zahlreiche erstaunliche Entdeckungen in der Entwicklungsbiologie gemacht, von denen man sich Antworten auf diese Frage erhofft. In der Entwicklungsbiologie geht es um Vorgänge, die zum Wachstum und zur Differenzierung des individuellen Organismus führen, ihr Forschungsgegenstand ist also die Entwicklung von der Befruchtung bis zum ausgewachsenen Organismus (*Ontogenese*). Im Zeitalter der Molekulargenetik geht es dabei besonders um die Rolle der (Regulations-)Gene im Zellwachstum und in der Spezialisierung und Differenzierung der Zellen, in der Ausbildung der Organanlagen und ihrer Ausformung. In der Evolutionären Entwicklungsbiologie (kurz: Evo-Devo) versucht man, aus der Erforschung der Regulationsprozesse in der *Ontogenese* Hinweise für die hypothetische *Phylogenese* (Stammesgeschichte, Evolution) zu gewinnen. Zur Evolutionären Entwicklungsbiologie siehe den Artikel Evo-Devo, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>.

Weshalb wird in die evolutionäre Entwicklungsbiologie die Hoffnung gesetzt, dass mit ihrer Hilfe Fragen nach dem Ursprung evolutiver Neuheiten geklärt werden könnten? Es sind unter anderem die Entdeckung von *Regulationsgenen*, von *Mehrfachnutzung* von Genen oder ganzen Entwicklungsmodulen sowie des teilweise *modularen* Aufbaus der Netzwerke zwischen den Erbinformationen und zahlreichen zellulären Prozessen und Entwicklungsvorgängen. Manche Evolutionsbiologen sehen darin das Potential, dass durch Neuerschaltungen von Genen, insbesondere Regulationsgenen, oder ganzer Entwicklungsmodule neue Organe relativ schnell entstehen können. Diese Möglichkeit wird zum Beispiel bei der Entstehung des Schildkrötenpanzers oder des Fledermausflügels diskutiert; und jüngst am Beispiel der Entstehung des Insektenflügels, um das es im Folgenden gehen soll.

Der Ursprung des Insektenflügels. Eine japanische Forschergruppe um Shigeo Hayashi berichtete kürzlich über entwicklungsgenetische Untersuchungen zur ontogenetischen Bildung der Insektenflügel (Niwa et al. 2010). Aus ihren Ergebnissen schließen sie, dass einige Bauplanänderungen, die zur Ausbildung des häutigen Insektenflügels erforderlich waren, durch relativ wenige Änderungsschritte möglich gewesen sein könnten. Es handelt sich dabei um ein typisches Beispiel dafür, wie man versucht, die Ergebnisse der Entwicklungsbiologie für die Lösung evolutionstheoretischer Fragestellungen zu nutzen. Es soll in diesem Artikel jedoch gezeigt werden, dass die Erklärungskraft bezüglich evolutionärer Hypothesen sehr begrenzt ist: Die von den Autoren vorgestellten Befunde aus der Entwicklungsbiologie sind keineswegs ausreichend für die Erklärung des evolutionären

Werdens von Insektenflügeln, sondern sind nur *Randbedingungen*, die beim Versuch einer evolutionstheoretischen Erklärung berücksichtigt werden müssen.

Die Entstehung des Insektenflügels konnte durch Fossilfunde nicht erhellt werden, „da die ältesten bekannten Fossilien geflügelter Insekten (Pterygota) bereits über einen hochentwickelten, voll ausgebildeten Flugapparat mit großen Flügeln und komplexer Flügeladerung verfügen“ (Hörnschemeyer 2009). **Fossilien, die Übergänge zeigen, sind nicht bekannt.** Hypothesen zur evolutiven Entstehung des Insektenflügels beruhen daher auf vergleichenden Studien heute lebender oder fossiler Formen. Zur Entstehung des Insektenflügels werden zwei Hypothesen diskutiert (vgl. Hörnschemeyer 2009, Niwa et al. 2010):

1. Epicoxal-Theorie: Die Flügel sind aus dem beweglichen äußeren Anhang des obersten Beingliedes (der Epicoxa) der ursprünglichen Gliederfüßer-Beine hervorgegangen. Der Vorteil dieser Theorie besteht darin, dass bereits Muskulatur vorhanden ist. Problematisch sind dagegen u. a. die Entstehung von flachen Tragflächen und der rückenseitigen Lage der Flügel.

2. Paranotaltheorie. Die Insektenflügel sind als seitliche Abfaltungen im Brustsegment bzw. im Grenzbereich Rücken-Seite entstanden. Diese Theorie hat den Vorteil, dass die Flächigkeit leichter verständlich ist; ein Problem von vielen ist aber die Entstehung der Flugmuskulatur und der Gelenke, die nach dieser Theorie *de novo* erfolgt sein müssten.

Die Untersuchungen von Niwa et al. und ihr Modell. Niwa et al. (2010) untersuchten drei für die Flügelausformung wichtige Regulatorgene (*wingless*, *wg*, *vestigial*, *vg* und *apterous*, *ap*) bei Vertretern zweier Insektengruppen, die als evolutionär ursprünglich eingestuft werden, nämlich bei den Eintagsfliegen (*Ephemeroptera*) und bei ungeflügelten Felsenspringern (*Archaeognatha*). Diese Insekten besitzen rückenseitig Körperanhänge, und zwar Tracheenkiemen (Nymphen der Eintagsfliege) bzw. sogenannte Styli (Felsenspringer), das sind kurze, stabförmige Auswüchse an der Körperseite von deren Nymphen. Die Untersuchungen der Wissenschaftler ergaben, dass zwei Regulationsmodule, die mit *wg* und *vg* verknüpft sind und die für die Ausbildung des Flügels benötigt werden, auch in den flügellosen Insekten vorkommen: Das eine ist im Bereich der seitlichen Körperregion aktiv und induziert stabförmige Beinanhänge, das andere im Bereich der Grenze zwischen Rücken und Seite und ist mit dem flachen Auswuchs in deren Grenzbereich verbunden.

Niwa et al. (2010, 174) schlagen folgendes Modell der Flügelentstehung vor: Zwei Regulationsgene, die in der ontogenetischen Entwicklung der Flügel beteiligt sind (nämlich *wg* und *vg*), hatten in den mutmaßlichen Vorfahren der geflügelten Insekten eine andere Funktion, nämlich in der Induktion des oberen, stäbchenförmigen Asts der verzweigten Gliedmaßen bzw. in der Induktion von flachen Auswüchsen an der Grenze von Rückenschild und seitlicher Körperregion (Fig. 5 in Niwa et al.). **Durch Kombination dieser der beiden Entwicklungsmodule und die Verschiebung ihres Wirkungsbereichs in der seitlichen Körperregion sei die rasche Entstehung des Flügels begünstigt worden.** Dadurch sei außerdem die flache Form der seitlichen Körperauswüchse mit der Beweglichkeit der Gliedmaßen kombiniert worden.

Dieses Modell ist zugleich eine Kombination der Epicoxal- und der Paranotaltheorie (s. o.). Typisch für „Evo-Devo“ ist die Idee, dass sich durch wenig geänderte Verschaltungen von Genen und ihrer Wirkungsbereiche neue Organe bilden könnten (hier der Flügel von Insekten) und darüber hinaus, dass dies in relativ kurzen Zeitabschnitten vonstatten gehen

könnte (womit sich die Suche nach Übergangsformen erübrigen würde). So spricht Hemminger (2010) von einer „einfachen Integration“ der beiden vorher getrennten Steuer-Module und kommentiert: „Das vorliegende Modell zeigt, dass sich selbst große Bauplanänderungen, ... auf der Ebene der Entwicklungssteuerung *durch relativ wenige* Veränderungsschritte erklären lassen“ (Hervorhebung nicht im Original).

Was haben Niwa et al. gezeigt? Bei der hier anstehenden Frage, *wie* ein Organ entsteht, geht es um *Mechanismen* und Abläufe. Die Untersuchungen von Niwa et al. haben aufgedeckt, **dass für die Induktion des Stylus bei Felsenspringern, der Tracheenkiemen bei Eintagsfliegenlarven und bei den Flügeln der Taufliege teilweise gleiche Entwicklungsmodule genutzt werden** – zweifellos eine sehr interessante Entdeckung durch wegweisende Experimente. *Wie* diese gleichen Module für die verschiedenen Aufgaben – hier die Induktion verschiedener Körperanhänge – rekrutiert und verschaltet wurden, wird durch diese Gemeinsamkeiten aber überhaupt nicht geklärt. Die Befunde von Niwa et al. liefern also eine wichtige *Basis* für das von ihnen vorgeschlagene Entstehungsmodell. **Das Verständnis der ontogenetischen Zusammenhänge ist aber als solches nicht schon die Erklärung des hypothetisch vorgeschlagenen Evolutionsvorgangs.** Die Autoren haben interessante Bausteine geliefert, die berücksichtigt werden müssen, wenn man konkrete Hypothesen über evolutive Mechanismen des Umbaus hin zum Insektenflügel aufstellt. Sie äußern sich dabei selbst vorsichtig und unterscheiden zwischen den gewonnenen Daten und den Spekulationen über mögliche Evolutionswege.

Eine Erklärung müsste zeigen, wie durch ungerichtete Mutationen die postulierten Veränderungen eintreten, es bräuchte experimentelle Belege dafür, dass solche Verschaltungen von Modulen (auch schrittweise) möglich und funktional und selektionspositiv sind (andernfalls könnten sie nicht durchsetzen).¹ Weiter müsste geklärt werden, welche Nebenwirkungen die vermuteten Neuverschaltungen hatten und ob sie tolerabel sind. Dieselben Gene (insbesondere die Masterkontrollgene) üben örtlich und zeitlich koordiniert zahlreiche Funktionen im sich entwickelnden Organismus aus und sind in einem komplizierten Netzwerk miteinander verbunden. Änderungen betreffen also viele Aspekte der Organisation der Lebewesen und ihrer Ontogenese.

Kurz: die postulierte Neuverknüpfung von Entwicklungsmodulen benötigt *vielfache* parallele Abstimmungen, damit sie selektionspositiv bzw. mindestens neutral sein kann. Mit „einfachen“ Änderungen auf der Ebene der Entwicklungssteuerung ist es deshalb bei weitem nicht getan. Die Integration eines neuen bzw. die Abwandlung eines vorhandenen Schalters in einem örtlich und zeitlich fein abgestimmten Netzwerk von Entwicklungsmodulen erzeugt nicht *per se* – wie übrigens auch in der Technik nicht – eine neue Funktionalität oder ein neues Bauprinzip des betroffenen Teilsystems.

Selbst wenn die mit der Verflechtung der Gene und Entwicklungsmodule verbundenen Probleme der Steuerung gelöst werden könnten, hätte man mit der Rekrutierung und Verschaltung zweier Regulationsgene und der Verschiebung ihres Wirkungsbereichs nicht einmal ansatzweise die Entstehung des Flügels erklärt. Denn der Flügel muss eine bestimmte Form besitzen, die Flügelmuskulatur muss entsprechend angepasst sein, die Verbindung des Flügels mit der Flugmuskulatur muss funktional sein, Gelenke müssen ausgebildet sein, das Insekt benötigt ein entsprechendes Verhalten und alle diese Vorgänge benötigen neue Steuerungsvorgänge in der Ontogenese. Ein Zitat zum Aufbau des Flügelgelenks kann die Problematik beispielhaft verdeutlichen: „Es handelt sich dabei um ein hoch komplexes System aus mehreren Skleriten, die in ihrem mechanischen Zusammenspiel dafür sorgen, dass die Bewegungen der Muskulatur auf den Flügel übertragen werden. Dazu

gehören neben dem Auf- und Abschlag auch Steuerbewegungen und das Zusammenlegen oder Falten der Flügel“ (Hörschemeyer 2009). Neben den bereits genannten organismusinternen Rahmenbedingungen eines Systemumbaus („constraints“) bleibt im theoretischen System der Synthetischen Evolutionstheorie die Frage offen, welche Selektionsdrücke den postulierten Umbau steuerten. Wurde in Richtung auf die Flugfähigkeit hin selektiert, wären die o. g. Eigenschaften des Flügels relativ *kurzfristig und gleichzeitig* erforderlich gewesen, um selektionspositiv zu sein. Wurde nicht in Richtung Flugfähigkeit selektiert, bleibt zu klären, welche selektionspositive Primärfunktionen die „Vor“-flügel besaßen, bevor diese zum Fliegen genutzt wurden und wann, warum und wie der Funktionswechsel erfolgte.

Bei allen diesen Überlegungen muss man sich vor Augen halten, dass Flügel von Insekten immer mehr als relativ simple Ausstülpungen sind, auch bei Insekten in Bernstein und bei den als „ursprünglich“ geltenden Eintagsfliegen. Dabei ist nichts „primitiv“! Besonders erstaunlich ist z. B. die Libellenflügel-Konstruktion. Hier werden die Flügel durch eine äußerst komplizierte Muskulatur unabhängig voneinander bewegt, während bei Wespen, Bienen, Fliegen der Auf- und Abschlag der Flügel synchron durch sich zusammenziehende Thoraxmuskulatur erfolgt. Jede Flügel-Muskulatur-Gelenk-Kombination ist für sich genommen ein technisch fein abgestimmtes Organ. Bei Bienen haken etwa die Hamuli (Häkchen am Vorderrand des Hinterflügels) von unten (!) in die entsprechend ausgebildete Randleiste des Vorderflügels ein, so dass beim Abschlag mit den größeren Kraftwirkungen der Hinterflügel vom Vorderflügel quasi flächig mit nach unten gedrückt wird. Beim Aufschlag wird der Hinterflügel mit weniger Kraft nach oben gezogen.

Die Konstruktion ist so ausgefeilt, dass wegen der im äußeren Bereich der Flügel auftretenden größeren Kräfte zweckmäßigerweise auch eine drastische Vergrößerung der Auflagefläche des Vorderflügels auf den Hinterflügel vorzufinden ist. Dies wird durch eine Verbreiterung des Vorderflügels im Außenbereich von dessen Hinterkante erreicht. So wird beim Abschlag verhindert, dass sich die Hamuli wie bei einem Reißverschluss vom Vorderflügel lösen (Abb. Winfried). Dazu kommt beim Bienenflügel die speziell gefertigte Muskulatur, die – gesteuert durch das Gehirn – dafür sorgt, dass sich der Hinterflügel nach dem Landen aus der Leiste des Vorderflügels löst und als Ganzes unter den Vorderflügel geschoben werden kann. (Zu den Insektenflügeln bzw. Flugsystemen siehe auch <http://members.liwest.at/rammerstorfer/flightdesignPDF1.pdf>.)

Ein einfacher und schneller Erwerb der Flugfähigkeit ist durch die Befunde von Niwa et al. also nicht einmal ansatzweise demonstriert. Die populäre Darstellung „But it turns out that just two genes, may explain insect wings“ von Dan Vergano (2010) in *USA Today* ist durch die Daten nicht im Entferntesten gedeckt. Die Autoren des Originalartikels sind im Gegensatz zur Darstellung bei Hemminger (2010) so vorsichtig, dass sie nur davon sprechen, dass die hypothetische Kombination der beteiligten Regulationsgene eine schnelle Entstehung des Flügels „erleichtert“ habe (S. 174). Macht man sich klar, was man für einen funktionsfähigen Flügel im Einzelnen benötigt, wird deutlich, dass diese „Erleichterung“ gegenüber den noch zusätzlich erforderlichen Änderungen und Innovationen auf dem Weg zum Insektenflügel nur als eine minimale Rahmenbedingung und nicht als Lösung des evolutionstheoretischen Problems betrachtet werden kann.

Dank: Wertvolle Hinweise erhielt ich von Winfried Borlinghaus, Jean-Luc Murk und Henrik Ullrich.

Anmerkung

¹ Dabei muss natürlich nicht gleich die *Flugfunktion* erreicht werden, aber hypothetische Zwischenstufen auf dem Weg zur Flugfähigkeit müssen *irgendeine* Funktion ausüben.

Quellen

Hemminger H (2010) Die rasche Entstehung des Insektenflügels. <http://ag-evolutionsbiologie.de/app/download/3323624202/evolution-der-insektenfluegel.html>.

Hörschemeyer T (2009) Evolution des Flugapparates der Insekten. <http://www.uni-goettingen.de/de/text/87297.html>.

Niwa N, Akimoto-Kato A, Niimi T, Tojo K, Machida R & Hayashi S (2010) Evolutionary origin of the insect wing via integration of two developmental modules. *Evol. Dev.* 12, 168-176.

Vergano D (2010) Insect wing evolution revealed in recycled genes. http://www.usatoday.com/tech/science/columnist/vergano/2010-03-26-wings29_ST_COLUMN_N.htm.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n148.php

27.03.10 Muskelmasse: 2785 Gene für ihre Funktion

Wer kennt sie nicht, die *Drosophila melanogaster*, als Taufliege, Obstfliege oder Essigfliege bekannt. Man trifft sie nicht nur in jedem Haushalt, sondern das wenige Millimeter große Tier ist auch seit etwa hundert Jahren in den Labors der Biologen zuhause; mit ihm wurden unzählige Experimente durchgeführt. Eine interessante Studie zu den genetischen Grundlagen der Muskeln und ihrer Funktion veröffentlichte kürzlich eine Arbeitsgruppe um Frank Schnorrer vom Max-Planck-Institut für Biochemie in Martinsried.

Mit Hilfe einer speziellen Methode, der sogenannten RNAi-Technik (RNA-Interferenz; vgl. <http://en.wikipedia.org/wiki/RNAi>), hatten die Forscher systematisch alle 12.000 Gene der Taufliege analysiert. Die Gene wurden mit dieser Technik nach und nach einzeln ausgeschaltet und die Folgen für das Flugverhalten untersucht (Schnorrer et al. 2010). Es zeigte sich, dass 2785 Gene für die Muskelentwicklung und Muskelfunktion benötigt werden. Viele Gene konnten bestimmten Funktionen im Aufbau der Muskeln, der Muskelfibrillen oder der **Sarkomere*** zugeordnet werden. Die Forscher untersuchten zusätzlich zur RNAi-Technik auch Genmutationen, die zu Muskeldefekten führen.

*Sarkomere (= kleinste funktionelle Einheit der Muskelfibrille)

Da viele der bei *Drosophila* nachgewiesenen Gene auch beim Menschen vorkommen und dort wahrscheinlich ebenfalls für eine normale Muskelfunktion benötigt werden, könnte die Studie auch Bedeutung für das Verständnis der Genfunktionen der Muskulatur von Wirbeltieren haben und Einsichten für die Behandlung von Muskelerkrankungen ermöglichen.

„Ein Teil der entdeckten Gene wird in allen Muskeln gebraucht, ein anderer Teil nur in den sehr schnellen, sehr kraftvollen Flugmuskeln“, wird Schnorrer bei Spiegel online zitiert. Die Flugmuskeln der Insekten gehören zu den kräftigsten Muskeln im Tierreich: „Sie können bis zu 100 Watt pro Kilogramm Muskelmasse erzeugen und das über einen langen Zeitraum.

Davon können Bodybuilder oder Tour-de-France-Fahrer nur träumen.“ Diese schaffen dauerhaft etwa 30 Watt pro Kilogramm Muskelmasse

(<http://www.spiegel.de/wissenschaft/natur/0,1518,682813,00.html>).

Die Untersuchungen über die Muskelgene bei der Taufliege sind aber auch von grundsätzlicher Bedeutung, wenn es darum geht, evolutionäre Hypothesen zu entwickeln. Angesichts des auch hier wieder bestätigten Befundes, dass dieselben Gene bei sehr verschiedenen Tiergruppen Verwendung finden (hier bei Gliederfüßern und Wirbeltieren), wurde auch hier vorgeschlagen, dass vorhandene Gene in neue Zusammenhänge eingeflickt worden sind und dass auf diese Weise durch „Neuprogrammierung“ auch neue Konstruktionen entstehen könnten.¹ **Angesichts der großen Anzahl der für die (Flug-)Muskulatur benötigten Gene erweisen sich solche einfachen Vorstellungen als vollkommen unrealistisch.** Denn ein (hypothetisches) Neuerschalten vorhandener Gene oder Entwicklungsmodule erfordert vielseitige Abstimmungen innerhalb der jeweiligen

Vorkonstruktion. Ohne deren Kenntnis können Aussagen, die über sehr allgemeine Hypothesen zur Evolution hinausgehen, gar nicht gemacht werden.

Der Befund, dass über 20 % der etwa 12.000 *Drosophila*-Gene alleine für die Funktionen der Muskulatur benötigt werden, kann auch als Hinweis darauf gewertet werden, dass die Gene mehrfach in verschiedenen Zusammenhängen genutzt werden (man spricht von pleiotropen Genen, vgl. Piatigorsky 2007, xiii: „My original idea was to provide an extensive list of multifunctional proteins. I soon realized the futility of that approach: I would have to include most, if not all, proteins!“). Die damit einhergehende Vernetzung muss in evolutionären Hypothesen ebenfalls berücksichtigt werden und lässt die Vorstellung, wenige Mutationen könnten weitreichende konstruktive Änderungen mit positiven Eigenschaften ermöglichen, noch unglaublicher erscheinen.

Anmerkung

¹ Dies geht so weit, dass behauptet wird, sehr wenige Mutationen in Regulationsgenen wären z. B. die Entstehung des Fledermausflügels verantwortlich oder die Verschaltung von Modulen würde die Entstehung des Insektenflügels ermöglichen (Niwa et al. 2010).

Literatur

Niwa N et al. (2010) Evolutionary origin of the insect wing via integration of two developmental modules. *Evolution & Development* 12, 168-176.

Piatigorsky J (2007) Gene sharing and evolution. The diversity of protein functions. Cambridge, Mass. and London.

Schnorrer F, Schönbauer C, Langer CCH, Dietzl G, Novatchkova M, Schernhuber K, Fellner, Anna Azaryan M, Radolf M, Stark A, Keleman K & Dickson BJ (2010) Systematic genetic analysis of muscle morphogenesis and function in *Drosophila*. *Nature* 464, 287-291. Abstract unter <http://www.nature.com/nature/journal/v464/n7286/abs/nature08799.html>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n145.php

11.12.09 Evolution bei Bakterien – neue Befunde

Neue Untersuchungen aus einem Langzeit-Evolutionsexperiment mit *Escherichia coli* zeigen, dass die Genome (= komplettes Erbgut) im Verlauf von 40.000 Generationen verkleinert werden, die Mutationen nicht einfach mit der Zahl der Generationen korrelieren und der Zusammenhang zwischen Änderungen im Genom und der Anpassung des Organismus komplex zu sein scheint. Die über 650 genetischen Veränderungen im Genom von *E. coli* in 40.000 Generationen verändern den Organismus (Phänotyp) nur wenig. Die Komplexität der Zusammenhänge erlaubt derzeit aber kein Urteil über prinzipielle Grenzen.

In der *Nature*-Ausgabe zum 200. Geburtstag von Charles Darwin vom 12. 2. 2009 veröffentlichten Buckling et al. (2009) eine zusammenfassende Arbeit über experimentelle Evolution mit Mikroorganismen. Mit diesen Kleinstlebewesen, die kurze Generationszeiten aufweisen (typischerweise mehrere Generationen/Tag), können spezifische Fragestellungen zu evolutionären Mechanismen im Labor unter definierten Bedingungen empirisch untersucht werden. Obwohl bereits zu Darwins Lebzeiten solche Experimente durchgeführt wurden, führten erst die Langzeit-Evolutionsexperimente (LZEE) mit *Escherichia coli* von Lenski und seinen Mitarbeitern zu größerer Aufmerksamkeit und Popularität solcher Untersuchungen. Buckling et al. äußern die Zuversicht, dass **Genome** (= Erbgut) von Mikroorganismen nicht nur zu Beginn und am Ende eines Selektionsprozesses analysiert werden können, sondern dass auch Genome von Individuen aus den Zwischenschritten zugänglich werden.

Nun haben Lenski und Mitarbeiter (Barricke et al. 2009) eine Arbeit vorgelegt, in der sie mit modernen Methoden der Gensequenzierung komplette Genome aus verschiedenen Proben aus ihrem LZEE mit inzwischen über 40.000 Generationen von *E. coli* analysieren. In einem Begleitkommentar verweist Rainey (2009) auf die Bedeutung, die der Paläontologe Simpson 1944 in seinem einflussreichen Buch „Tempo and Mode in Evolution“ der Unterscheidung von Geschwindigkeit der evolutionären Änderungen und deren Mechanismen beimisst. Barricke et al. analysieren die Geschwindigkeit und die Art und Weise der Evolution von Genomen aus LZEE nach 2000, 5000, 10.000, 15.000, 20.000 und 40.000 Generationen von *E. coli*. Die bisher verfügbaren Daten zeigen eine fast lineare Verteilung der Mutationen im Verlauf der ersten 20.000 Generationen. **Nach ca. 26.500 Generationen steigt die Mutationshäufigkeit bis zur 40.000sten Generation deutlich stärker an. Dagegen nimmt die Steigerung der *Fitness* nach einem zunächst steilen Anstieg mit zunehmender Dauer ab**, ein Hinweis darauf, dass die vorteilhaften genetischen Veränderungen (Mutationen) im Lauf der Zeit weniger werden. In 20 000 Generationen haben sich im Genom von *E. coli* 45 Mutationen manifestiert, darunter 29 einzelne Nukleotid-Austausche (SNPs) und 16 Deletionen (= Verluste), Insertionen (= Einschübe) und andere Polymorphismen. Die Autoren diskutieren diesen überraschenden Befund der unterschiedlichen Tendenz zwischen Mutation und *Fitness* vor dem Hintergrund verschiedener Evolutionsmodelle.

Das Genom der 40 000sten Generation weist im Vergleich zum Ausgangsgenom 627 SNPs und 26 weitere Polymorphismen auf. Eine Analyse zusätzlicher Proben bringt die Autoren zur Vermutung, dass der Einschub eines Nukleotids (Insertion) den Leserahmen für das *mutT* Gen verschiebt, was für die Erhöhung der Mutationsrate ursächlich ist. Dieses Ereignis – so legen es die Analysedaten nahe – hat sich irgendwann nach 25.000 Generationen abgespielt, bei Generation 26.500 ist die Mutation etabliert. Interessanterweise ist das Genom von *E. coli* nach 40.000 Generation verglichen mit dem Ausgangsgenom um 1,2 % reduziert und weist nur noch $4,57 \times 10^6$ bp (Basenpaare) auf.

Abschließend verweisen die Autoren auf das Potential der Analyse kompletter Genome im Zusammenhang mit Untersuchungen zur experimentellen Evolution. Sie weisen aber auch darauf hin, dass die komplexen Zusammenhänge zwischen Mutationsraten und Anpassung selbst in diesem vergleichsweise einfachen System keine allgemeine Erklärung von Änderungen im Genom unter natürlichen Bedingungen zulässt, ohne spezifische Erkenntnisse über die molekularen und Populationsgenetischen Prozesse einzubeziehen. Die überraschenden Ergebnisse dieser Untersuchung zeigen selbst in diesem vergleichsweise wenig komplexen System Kopplungen verschiedenster Einflüsse, die für eine Erklärung berücksichtigt werden müssen. Einfache Modelle haben sich hier als wenig hilfreich erwiesen und man darf auf weitere Erfahrungen aus dieser und anderen Experimentalreihen gespannt sein.

Die von Lenski und seinen Mitarbeitern hier veröffentlichten Befunde zeigen, dass der Zusammenhang zwischen Genom und Anpassung des Organismus an seine Umwelt von verschiedenen Faktoren abhängig sind, über die wir selbst in vergleichsweise einfachen Systemen bisher nur unzureichende Kenntnisse haben.

Literatur

Barrick JE, Yu DS, Yoon SH, Jeong H, Oh TK, Schneider D, Lenski RE & Kim JF (2009) Genome evolution and adaption in a long-term experiment with *Escherichia coli*. *Nature* 461, 1243-1247.

Binder H (2008) Langzeit-Evolutionsexperiment mit *Escherichia coli*. Empirischer Befund für neue Funktion durch Mutation? *Stud. Int. J.* 15, 96-98.

Buckling A, Maclean RC, Brockhurst MA & Colegrave N (2009) The Beagle in a bottle. *Nature* 457, 824-829.

Rainey PB (2009) Arrhythmia of tempo and mode. *Nature* 461, 1219-1221.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n139.php

26.03.09 Von wegen Schrott – immer wieder neue Befunde aus dem Genom

Projekte zur Sequenzierung von Genomen haben gezeigt, dass ein erheblicher Anteil des Erbmoleküls DNA nicht in Proteine (= Eiweißverbindungen) übersetzt wird, in diesem Sinne also nicht codiert. Beim menschlichen Genom (= Erbgut) umfasst nicht-codierende DNA mehr als 95 % des Genoms. Die nicht-codierende DNA wurde von verschiedenen Autoren als „junk DNA“ bezeichnet, d. h. als Abfall der Evolution; eine Sichtweise, die sich zunehmend als voreilig und nicht zutreffend herausstellt.

In Genomprojekten wurden auch Methoden entwickelt, die es ermöglichen diejenigen DNA-Abschnitte zu bestimmen, die in RNA umgeschrieben (transkribiert) werden (Transkriptom). Dadurch rückten DNA-Abschnitte ins Blickfeld, die man als nicht-codierend bezeichnet, weil sie wie eingangs bereits erwähnt nicht durch Transkription und Translation in Peptidpolymere (= aus Aminosäuren gebildete kettenförmige Moleküle) übersetzt werden.

So wurden aus Bereichen nicht codierender DNA z. B. verschiedene Formen von microRNA (miRNA) beschrieben – kurze RNA Stränge (19-23 Nukleotide (= Einzelbausteine der DNA)) –, die durch Bindung an die mRNA die Genexpression (= Ablesen der Gen-Information) regulieren.

Als 1999 die komplette DNA-Sequenz vom Chromosom 22 – und ein Jahr später die erste Version des gesamten menschlichen Genoms – veröffentlicht worden war, untersuchten Rinn et al. (2003) diese Daten nach nicht-codierenden Abschnitten, die dennoch in RNA umgeschrieben (transkribiert) wurden und damit irgendeine Funktion signalisieren. Rinn und seine Kollegen konzentrieren sich seither auf große, eingestreute, nicht-codierende RNA-Abschnitte (large intervening non-coding RNAs; lincRNA). Die Befunde und deren Interpretation als RNA mit Funktion wurden in Fachkreisen durchaus kontrovers diskutiert. Kritiker vermuteten z. B. durch die Analysetechnik bedingte Fehler.

Der Autor präsentierte in einer weiteren Arbeit eine lincRNA mit einer Länge von 2,2 kb (2200 Nukleotide), für die eine Funktion bei der Steuerung von Chromatin-Komplexen (Material aus dem die Chromosomen bestehen, Komplexe aus DNA und Protein) innerhalb der Zelle aufgezeigt werden konnte (Rinn et al. 2007). Das war erst die vierte lincRNA, für die eine Funktion nachgewiesen war (Blow 2009).

Nun hat ein größeres Forscherteam um Rinn (Guttman et al. 2009) mehr als 1000 lincRNAs in verschiedenen Zellen von Säugetieren (Mäusen) nachgewiesen. Diese lincRNAs liegen eingestreut zwischen Protein-codierenden Bereichen und werden abhängig vom Zustand des Chromatins (d.h. vom Zelltyp) in RNA umgeschrieben. Die Autoren entwickelten neue Methoden zur Funktionsanalyse, mit deren Hilfe sie für ca. 150 lincRNAs deren Beteiligung an verschiedensten Prozessen von der Variabilität (Pluripotenz) embryonaler Stammzellen bis hin zur Zellvermehrung nachweisen konnten (für 85 davon konnte dies in unabhängigen Experimenten bestätigt werden). Für einige dieser nicht-codierenden RNAs konnte gezeigt werden, dass deren Transkription durch spezielle Faktoren (z. B. p53, Sox2, Oct4) reguliert wird. Vor allem betonen Guttman et al., dass diese Sequenzbereiche hinsichtlich ihrer Anordnung im Genom (genomic loci), ihrer in RNA umgeschriebenen Sequenz (exonic sequence) und den zugehörigen Steuer- und Regulationsbereichen (promotor regions) unter hohem Selektionsdruck zu stehen scheinen. Das bedeutet: sie sind in ihrer Sequenz zu mehr als 95 % konserviert, sie zeigen beim Vergleich zwischen 21 Genomen von Säugetieren nur

sehr geringe **Substitution***. **Die auffällig geringe Variation in der Sequenz wird hier also als starker Hinweis auf biologische Aktivität gewertet.**

*Substitution (= Änderung einzelner Bausteine)

Die Autoren spekulieren insgesamt über eine Funktion der lincRNAs als Transkriptionsfaktoren, dass also diese RNA-Moleküle regulierende Aufgaben in der Umschreibung von DNA-Abschnitten ausüben. Dafür gibt es bisher einige Hinweise, die allerdings weiterer experimenteller Überprüfungen und Bestätigungen bedürfen.

Mit den von Guttman et al. (2009) vorgelegten Befunden und deren Interpretation wird die Aufgabe noch dringlicher, über neue, bisher nicht etablierte Aufgaben von Genomabschnitten nachzudenken und Methoden zu deren Aufklärung zu entwickeln. **Die wertende Bezeichnung als „junk DNA“ hat sich als voreilig (und nicht innovativ) erwiesen.** Auch zukünftig – so steht zu erwarten – kann man mit Phantasie und Kreativität in Verbindung mit sorgfältigen Untersuchungsmethoden noch manche bisher unbekannt Funktionen im Genom finden.

Literatur

Blow N (2009) Rethinking junk DNA. *Nature* 458, 240-241.

Guttman M, Amit I, Garber M, French C, Lin MF, Feldser D, Huarte M, Zuk O, Carey BW, Cassady JP, Cabili MN, Jaenisch R, Mikkelsen TS, Jacks T, Hacohen N, Bernstein B, Kellis M, Regev A, Rinn JL, Lander ES (2009) Chromatin signature reveals over a thousand highly conserved large non-coding RNAs in mammals. *Nature* 458, 223-227.

Rinn JL, Euskirchen G, Bertone P, Martone R, Luscombe NM, Hartman S, Harrison PM, Nelson FK, Miller P, Gerstein M, Weissmann S, Snyder M (2003) The transcriptional activity of human Chromosome 22. *Genes Dev.* 17, 529-540.

Rinn JL, Kertesz M, Wang JK, Squazzo SL, Xu X, Brugmann SA, Goodnough LH, Helms JA, Farnham PJ, Segal E, Chang HY (2007) Functional demarcation of active and silent chromatin domains in human HOX Loci by noncoding RNAs. *Cell* 129, 1311-1323.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n125.php

07.10.08 C₄-Evolution: Makroevolution oder Aktivierung vorhandener Gene?

In Heft 1 des Jahrgangs 2008 der Zeitschrift *Studium Integrale Journal* (Stud. Int. J. 15, 3-17) erschien zu dieser Problematik ein ausführlicher Artikel von Dr. Herfried Kutzelnigg unter der Überschrift „Zur Evolution der C₄-Pflanzen. Ist C₄-Photosynthese 45-mal unabhängig voneinander entstanden?“. Wir wollen hier einige allgemein interessierende Aspekte dieses Themas vorstellen. Details zur Biochemie, Ökophysiologie, Anatomie, Genetik und Evolution sowie zahlreiche Abbildungen und Literaturhinweise sind dem genannten Beitrag zu entnehmen.

Allgemein bekannt ist der Standardfall der Photosynthese, der auch als **C₃-Photosynthese** bezeichnet wird, weil die ersten fassbaren Reaktionsprodukte C₃-Körper sind, d.h. organische Verbindungen mit 3 C-Atomen. Weniger bekannt ist, dass es neben diesem Standardtyp noch zwei weitere Typen gibt, nämlich die **C₄-Photosynthese** und die **CAM-Photosynthese**. Erstere ist danach benannt, dass das erste fassbare Reaktionsprodukt nicht wie bei der typischen Photosynthese ein Molekül mit 3 C-Atomen, sondern eines mit 4 C-Atomen ist, letztere danach, dass sie zuerst bei Dickblattgewächsen (*Crassulaceae*) entdeckt wurde und mit deren auffälligen Säurestoffwechsel (**Acid Metabolism**) in Zusammenhang steht, bei dem nachts Säuren angereichert werden. Beiden Photosynthesewegen ist gemeinsam, dass der eigentlichen Photosynthese ein Prozess vorgeschaltet ist, der zunächst Kohlendioxid speichert, um es später in angereicherter Form wieder dem von der Standardphotosynthese bekannten Stoffaufbau zur Verfügung zu stellen. Letzterer Teilschritt ist bei den C₄-Pflanzen räumlich und bei den CAM-Pflanzen zeitlich getrennt. Dem C₄-Weg folgen knapp 8.000 Arten bzw. 2-3 % aller Blütenpflanzen, und bei der CAM-Photosynthese sind es sogar 16.000 bis 20.000 Arten.

Im Folgenden wollen wir uns auf die C₄-Pflanzen beschränken. Sie stellen eine Anpassung an Standorte mit hohen Temperaturen und hoher Lichtintensität dar und sind dort der C₃-Photosynthese gegenüber deutlich überlegen. Bekannte Beispiele sind Mais, Zuckerrohr und Hirse-Arten. Auffälliges Merkmal ist im typischen Fall die starke Vergrößerung jener Zellen, die die Leitbündel umgeben (Bündelscheidenzellen) und wegen ihrer kranzartigen Anordnung auch Kranzzellen genannt werden. Ihre Chloroplasten sind meist sehr groß und haben nicht die sonst üblichen Grana (= Membranstapel).

Man hat festgestellt, dass alle entscheidenden Enzyme der C₄-Photosynthese grundsätzlich auch bei C₃-Pflanzen vorkommen, allerdings in abgewandelter Form als so genannte Isoenzyme, und dass diese in anderen Zellorganellen ihre Funktion ausüben, als man es sonst kennt. Die C₄-typische PEP-Carboxylase z. B. findet sich in geringer Menge auch bei C₃-Pflanzen, wo ihr aber ganz andere Aufgaben zukommen als bei C₄-Pflanzen.

C₄-Arten sind breit verstreut und unsystematisch über das System der Blütenpflanzen verteilt. Würde man ihr Vorkommen in einen der „Stammbäume“ der Blütenpflanzen eintragen, käme dabei heraus, dass diese komplexe Erscheinung mindestens 45-mal in der Evolution unabhängig voneinander entwickelt worden sein müsste. Bedenkt man, wie gering die Wahrscheinlichkeit ist, dass ein komplexes System durch ungerichtete Mutationen neu entsteht (vgl. „Mutation“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41241&Sprache=de&l=1>), und um wie viel unwahrscheinlicher es ist, dass solche Systeme gleich mehrmals unabhängig voneinander (konvergent) entstehen, **ist eine 45-malige Neubildung eine echte Herausforderung an**

evolutionäre Mechanismen. Das ist Biologen auch schon lange aufgefallen. Da keine grundsätzlich neuen Enzyme erforderlich sind, wird heute gerne argumentiert, dass es sich nur um kleinere Veränderungen handeln dürfte, namentlich solche im Bereich der Regulation (vgl. ► [Homeobox-Gene und Evolution](#)). Wie dem auch sei, muss doch bedacht werden, dass die Neueinführung des C₄-Zusatzweges mit seinen zahlreichen neuen Strukturen und Einsatzorten und neuen Enzymformen doch eines ausgeklügelten Gesamtprogramms bedarf, das außerdem garantieren muss, dass sich eventuelle Zwischenstufen nicht gegenseitig behindern. Dennoch hält die Mehrzahl derer, die sich dazu äußern, an einer unabhängigen *de novo*-Entstehung fest. Es gibt aber auch Stimmen, die sich dafür aussprechen, dass die zugrunde liegenden genetischen Gegebenheiten schon vor dem Sichtbarwerden des Phänomens vorhanden waren. Man spricht dann von „uralten Genen“, die also schon bei den gemeinsamen Vorfahren existierten, aber dort nicht realisiert wurden.

Vorstellungen dieser Art erhalten starken Auftrieb durch neuere Forschungen, bei denen vollständige Genome von Organismen sequenziert wurden, und bei denen sich immer wieder herausstellte, dass auch einfacher gebaute Lebewesen oft viel mehr an genetischer Information besitzen, als sie aktuell realisieren. Als Beispiel sei auf eine Seeigel-Art hingewiesen, bei der 3 % des Genoms für die Photorezeption zuständig sind, obwohl Seeigel gar keine Lichtsinnesorgane besitzen und auch nur begrenzt auf Licht reagieren.

Im Rahmen der Grundtypenbiologie („Heutige Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>) spricht man von „latenten“ Genen, da der Begriff „alte Gene“ einen Abstammungszusammenhang voraussetzt, der aber nicht bewiesen ist. Von der Sache her handelt es sich aber um dasselbe, und da diese Vorstellung gut auch im Rahmen der Evolutionstheorie gedeutet werden kann, ist davon auszugehen, dass die Existenz vorvorhandener Gene als Zeichen eines gemeinsamen genetischen Erbes bald auch allgemein akzeptiert sein wird, und dass bald die Stimmen derer leiser werden, die jedem Sichtbarwerden eines Bauplans auf eine evolutive Neuentstehung zurückführen wollen.

In der Schöpfungsforschung wurde als Hypothese formuliert, dass die Ausgangspopulationen der Grundtypen genetisch polyvalent waren, also ausgerüstet mit vielfältigen Möglichkeiten ihres Erbgutes („Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Diese Annahme hat sich immer wieder bestätigt. Latente Gene gehören in diesen Bereich. Sie sind quasi als Reserve bereits in irgendeiner Form vorhanden und können bei Bedarf aktiviert werden. Das ist so ähnlich, wie der Hochgebirgstourist für den Fall eines Falles manches in seinen Rucksack hineinsteckt, was er aber in der Regel unbenutzt wieder zurückträgt.

Dass Organismen einen bestimmten Vorrat an Genen haben, die sie im Augenblick nicht benötigen, aber bei entsprechenden Gelegenheiten aktivieren, erweist sich bei näherem Hinsehen als weit verbreitet, so dass die Idee des parallelen Vorkommens der Anlagen für den C₄-Weg neben denen für den C₃-Weg nicht als ungewöhnlich anzusehen ist. Einige Beispiele aus dem Bereich der Blütenpflanzen mögen das illustrieren:

- Der Wasser-Hahnenfuß bildet unter Wasser völlig andere Blätter aus als auf der Wasseroberfläche oder in der Luft.
- Der Wasser-Knöterich kann in einer Landform auf Äckern wachsen oder als Schwimmform im Wasser und sieht dann völlig verschieden aus.
- Gallwespen können in Blättern von Pflanzen die Bildung von Organen, sogenannten Gallen induzieren, die so bei keiner Pflanze beobachtet werden. Die Möglichkeit zur Ausbildung der spezifischen Gallbildung muss im Erbgut der Pflanze verborgen vorhanden sein.

- Innerhalb von Gattungen findet man nicht selten sowohl krautige als auch holzige Vertreter mit ihren sehr unterschiedlichen genetischen Ausrüstungen, und zwar breit gestreut über das System der Zweikeimblättrigen Blütenpflanzen.

Das weit verstreute Vorkommen der C₄-Photosynthese (und das gilt mindestens genauso für die CAM-Photosynthese) lässt sich also recht gut durch die Annahme latent vorhandener Gene erklären. Ob diese hypothetische Annahme richtig ist oder nicht oder eventuell modifiziert werden müsste, könnte in der Zukunft im Rahmen genetischer Analysen eindeutig geklärt werden, zumal in dieser Richtung zurzeit intensiv geforscht wird. Solchen Ergebnissen ist daher mit Spannung entgegenzusehen.

Trotz der geschilderten Unwahrscheinlichkeit der wiederholten Neubildung des C₄-Komplexes wird diese hin und wieder als Beispiel für Makroevolution und damit auch ausdrücklich als Argument gegen Schöpfung herangezogen. Man argumentiert dabei, dass der für Makroevolution notwendige Selektionsdruck deshalb so extrem hoch sei, weil C₃-Photosynthese mit ihrem Schlüsselenzym Rubisco (Ribulose-1.5.bisphosphat-Carboxylase-Oxygenase) eine Fehlkonstruktion sei, und sich deren Ersatz durch C₄-Photosynthese mit ihrem Schlüsselenzym PEP-Carboxylase daher schnell durchsetzen kann. **Gegen die Abstempelung der Rubisco als Fehlkonstruktion gibt es allerdings zahlreiche starke Argumente**, die in der eingangs zitierten ausführlichen Darstellung nachgelesen werden können. An dieser Stelle sei nur darauf hingewiesen, dass ein Selektionsvorteil nur unter sehr speziellen klimatischen Bedingungen gegeben ist, und dass die Idee der Fehlkonstruktion der Rubisco u.a. auch durch enzymkinetische Studien widerlegt wurde. Außerdem darf nicht übersehen werden, dass auch alle C₄-Pflanzen für die eigentliche Photosynthese auf die Rubisco angewiesen sind.

Zusammenfassung (übernommen aus der ausführlichen Version in Studium *Integrale Journal*):

Neben der gewöhnlichen Photosynthese (C₃-Photosynthese) gibt es als weiteren Typ noch die so genannte C₄-Photosynthese, die sich biochemisch und anatomisch deutlich unterscheidet. Diesem zweiten Weg folgen etwa 2-3% aller Blütenpflanzen. Sie sind breit über das System verteilt, so dass heute eine mindestens 45-malige Neuentstehung angenommen wird.

C₄-Photosynthese ist bei hohen Temperaturen und hoher Lichtintensität der C₃-Photosynthese deutlich überlegen. Es ist aber nicht so, wie verschiedentlich behauptet wird, dass C₄-Photosynthese der evolutiv fortgeschrittene Weg ist, während C₃-Photosynthese und das mit ihr assoziierte Enzym Rubisco eine Fehlkonstruktion darstellen. Die gängige Vorstellung über die Entstehung der C₄-Photosynthese ist die, dass die zahlreichen dafür notwendigen genetischen Voraussetzungen immer wieder konvergent neu entstanden sind. Dies ist aber in hohem Maße unwahrscheinlich.

Der vorliegende Artikel bespricht die zum Verständnis der Herkunft des C₄-Weges nötigen Grundlagen der Anatomie, Biochemie, Ökophysiologie und Entwicklungsbiologie und schlägt als alternatives Erklärungsmodell für die Entstehung der C₄-Photosynthese vor, dass der C₄-Komplex jeweils im Erbgut der Vorfahren bereits latent vorhanden war, um im Bedarfsfall aktiviert zu werden.

Die neueste Ausgabe von *Studium Integrale Journal* mit dem ausführlichen Artikel über C₄-Photosynthese ist bei der SG Wort und Wissen erhältlich (<http://www.wort-und-wissen.de/sij>).

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n119.php

19.05.08 Das Erbgut des Schnabeltiers: Gen-Mosaik?

Täglich wird die Liste der Organismen, deren Genom (= Erbgut) sequenziert wurde, erweitert, so dass die Nachricht über ein neu analysiertes Genom meistens keine Aufmerksamkeit mehr erweckt und im Rauschen der vielen Daten untergeht. Dennoch fand das jüngst veröffentlichte Genom des Schnabeltiers (*Ornithorhynchus anatinus*) von vielen populären Wissenschaftsmedien starke Beachtung und interessante Details wurden einer breiten Öffentlichkeit zugänglich gemacht. Die große Aufmerksamkeit liegt vor allem in der Besonderheit dieses Lebewesens begründet. Das Schnabeltier (engl. platypus) wird den Säugetieren zugeordnet, weil die weiblichen Tiere Milch produzieren und der Nachwuchs über Hautflecken mit Drüsenfunktion gestillt werden kann. Darüber hinaus zeigt es eine einzigartige Kombination von Merkmalen: sein Pelzkleid unterstreicht die Säugernatur, die Tatsache, dass die jungen Schnabeltiere aus Eiern schlüpfen, rückt es eher in die Nähe von Reptilien oder Vögel. Auch seine Nase, die in einer an einen Entenschnabel erinnernden Form ausgebildet ist, legt einen Vergleich mit Vögeln nahe. Dieser Schnabel enthält ein komplexes System von Sensoren für mechanische und elektrische Signale, die es dem Tier erlauben, im Wasser mit geschlossenen Augen seine Nahrung zu erbeuten, die aus Insektenlarven, Würmern und Krabben besteht. Der Schwanz des Tieres ähnelt dem eines Bibers. An den Hinterbeinen findet sich bei erwachsenen Männchen ein Sporn, in dem das Tier Gift für Auseinandersetzungen bereithält, ein sehr seltenes Kennzeichen bei Säugern, eher typisch für Reptilien. Die Bezeichnung als Kloakentier (*Monotremata*) beruht darauf, dass bei diesen Tieren – wie bei den Vögeln und vielen Reptilien – nur *eine* Öffnung für die Geschlechtsorgane, den Harnleiter und den Darm vorhanden ist.

Beim Schnabeltier sind also Merkmale kombiniert, die man typischerweise von ganz verschiedenen Tierklassen kennt. Diese mosaikartige¹ Zusammensetzung macht das Schnabeltier zu einer Herausforderung für Biologen, die sich mit der Systematik von Organismen beschäftigen. Auf diesen Sachverhalt weisen die Autoren der Studie über das Genom des Schnabeltiers am Eingang ihrer Veröffentlichung noch einmal ausdrücklich hin und betonen damit die mit dem Genom verknüpften Hoffnungen auf neue Erkenntnisse.

Das Genom des Schnabeltiers liegt verteilt auf 52 Chromosomen vor, wobei es sich um wenige Makro- und viele Mikrochromosomen handelt, darunter 10 Geschlechtschromosomen.

Anzahl der Gene und Geruchssinn. Aufgrund der bisherigen Untersuchungen enthält das Genom 18.527 proteinkodierende Gene, d.h. bei einem Genom aus ca. $2,1 \times 10^9$ Nukleotiden (ca. 2/3 der Größe des menschlichen Genoms von ca. $3,1 \times 10^9$ Nukleotiden) enthält das Genom des Schnabeltiers größenordnungsmäßig etwa dieselbe Anzahl von Genen wie der Mensch. Überraschend war die hohe Zahl der kodierten Chemorezeptoren und damit der unerwartet gut ausgebildete Geruchssinn, den man bei einem Tier nicht erwartet, das die meiste Zeit im Wasser verbringt. In dieser Hinsicht erweist sich das Schnabeltier den Säugern ähnlicher als den Sauropsidae (eine systematische Gruppe der Landwirbeltiere, die Reptilien und Vögel – sowie deren fossile Vertreter – umfasst).

Eier. Die Eier des Schnabeltiers sind im Vergleich zu denjenigen von Reptilien und Vögeln klein (Durchmesser ca. 4 mm), sie sind wie bei allen Säugern von einer Glashaut (*Zona Pellucida*) umhüllt. Im Genom des Schnabeltiers sind alle vier vom Menschen bekannten Gene der Glashautproteine kodiert. Die Zahl der kodierten Eidotter-Proteine (Vitellogenine) ist verglichen mit Sauropsidae reduziert; das Ei erscheint damit nicht für eine längerfristige Nahrungsgrundlage des darin befindlichen Embryos geeignet.

Zeitgleich mit der Veröffentlichung in *Nature* wurden in der Zeitschrift *Genome Research* mehrere Fachpublikationen zu speziellen Aspekten des Schnabeltier-Genoms (als online-Version) publiziert (Murchison et al. 2008; Park et al. 2008; Schmitz et al. 2008; Veyrunes et al. 2008; Whittington et al. 2008).

mikro-RNA. Murchison et al. 2008 und Schmitz et al. 2008 konzentrierten sich auf die Genabschnitte, in denen kleine RNA-Abschnitte kodiert sind, sogenannte mikro-RNA, die für die Regulation sehr bedeutsam sind. Murchison et al. (2008) merken in ihrer Arbeit an: „Wir fanden, dass im Schnabeltier mikro-RNA, die es nur mit anderen Säugern gemeinsam hat, aber auch solche, die es nur mit Vögeln und Reptilien teilt.“² und „Damit zeigen sich die ungewöhnlichen morphologischen Eigenschaften auch auf der Ebene des Genoms und sogar auf dem Niveau kleiner RNA-Fragmente.“

Milch. Die Zusammensetzung der Milch des säugenden Schnabeltiers ist ähnlich komplex wie diejenige von Säugern, d.h. sie enthält Zucker, Fette, Milchproteine zur Ernährung und mit antimikrobiellen und weiteren bioaktiven Funktionen. Die Gene für Milcheiweiß-Proteine (Casein) sind im Genom ähnlich wie bei anderen Säugern zusammengruppiert. Bei Säugern stellt man sich vor, dass die Caseingene aus Genen für Zahnschmelzproteine (Enameline) durch Genduplikation hervorgegangen sind. Während adulten (= ausgewachsenen) Schnabeltieren Zähne fehlen, sind diese bei Jungtieren sowie bei fossilen Formen vorhanden.

Gift. Giftproduktion ist bei Säugetieren nur in ganz wenigen Ausnahmefällen beschrieben. Erwachsene Schnabeltier-Männchen können Gift nicht durch einen Biss, sondern mit dem erwähnten Sporn am Hinterbein zum Einsatz bringen. Bisher ist bekannt, dass das Gift des Schnabeltiers einen Cocktail aus mindestens 19 verschiedenen Substanzen darstellt. **Die Autoren interpretieren die zugrunde liegenden genetischen Daten als Beispiel für konvergente (d. h. unabhängige) Evolution von Giften in Reptilien und Kloakentieren.** Die Gene für die Giftkomponente scheinen durch Genduplikation aus antimikrobiell wirksamen β -Defensinen hervorgegangen zu sein. Auch Giftstoffe von Schlangen sollen laut K. Belov, einer der Autorinnen von Whittington et al. 2008, durch *andere* Genduplikationen entstanden sein. Für Belov stellt dies ein „überwältigendes Beispiel für konvergente Evolution“³ dar. Obwohl damit überhaupt nicht verstanden ist, warum das Schnabeltier als eines der auffällig wenigen Beispiele unter den Säugetieren überhaupt Giftstoffe bildet.

Genetische Hinweise auf das Immunsystem zeigen die erwartete Ähnlichkeit zwischen Schnabeltier und anderen Säugern, wobei im Genom des Schnabeltiers mit 214 natürlichen Killerzellenrezeptoren viel mehr Gene vorliegen als beim Menschen (15) oder der Ratte (45).

Chromosomen. Die Chromosomen des Schnabeltiers legen eine Beziehung sowohl zu Säugetieren als auch zu Reptilien nahe. Bei den 52 Chromosomen des Schnabeltiers brachte die Analyse keine Hinweise auf eine Korrelation zwischen der Position von orthologe Gene⁴ auf den kleinen Schnabeltier-Chromosomen und den Mikrochromosomen von Hühnchen. Die 5 X-Chromosomen zeigen auffällige Ähnlichkeit mit dem Z-Chromosom von Hühnchen und eine geringe im Vergleich zum menschlichen X-Chromosom, was die Autoren als Hinweis dafür interpretieren, dass das X-Chromosom des Schnabeltiers auf das eines vogelähnlichen Reptilienvorläufers zurückgeht.

Schlussfolgerungen. Warren et al. (2008) schreiben in ihren abschließenden Schlussfolgerungen: „Seit der erstmaligen Beschreibung des Schnabeltiers fällt es auf als eine Art mit vermischten Eigenschaften aus Reptilien und Säugetieren, diese Besonderheit findet sich auch auf der Ebene des Genoms wieder.“⁵

Angesichts dieser Feststellung, dass sich die mosaikartig zusammengesetzten Charakteristika aus Reptilien- und Säuger-typischen Elementen beim Schnabeltier auch auf der genetischen Ebene zeigen, fällt es nicht leicht, die optimistische Erwartung der Autoren zu teilen, dass das Genom des Schnabeltiers die dringend benötigten Informationen liefert, die schnellen Fortschritt bei der Untersuchung der Biologie und Evolution der Säugetiere ermöglichen sollen. Mit anderen Worten, **die bisher bekannten Daten zeigen auf genetischer Ebene dieselbe außergewöhnliche Mischung von Elementen, die eigentlich für typisch für Reptilien, Vögel oder Säugetiere sind.** Auf genetischer Ebene spiegelt sich also – nicht ganz unerwartet – das wieder, was aus der bisherigen morphologischen (= gestaltlichen) und anatomischen Beschreibung des Schnabeltiers bereits bekannt war: eine mosaikartige Zusammensetzung von Merkmalen, die jedes für sich in anderen Organismen oder ganzen Organismengruppen bekannt sind, aber hier in einzigartiger Weise bei einem besonderen und nur schwer einzuordnenden Lebewesen kombiniert sind. Mit dieser beschreibenden Feststellung ist allerdings entgegen häufig formulierten Andeutungen nicht etwa eine Übergangsform zwischen Reptilien und Säugetieren (und/oder Vögeln und Säugetieren?) nachgewiesen und keine Einsicht in evolutionäre Etappen im Verlauf vermuteter Entwicklungen oder gar in zugrunde liegende Mechanismen gewonnen.

Vollmundige Äußerungen über den „unbezahlbaren“ Beitrag dieser Genom-Sequenz für das Verständnis von biologischen Prozessen der Säugetierevolution (F. Collins) oder: „Das Schnabeltier-Genom hilft uns, Lücken im Verständnis zur Entwicklung des Menschen zu schließen, wie die Evolution des Y-Chromosoms“ (J. Graves) scheinen daher durch die bisher vorliegenden Daten nicht gedeckt zu sein. Vielmehr liegt der Verdacht nahe, dass Wissensfortschritte kurzerhand ohne ausreichende Begründung auch als Fortschritte im Verständnis der Evolution ausgegeben werden – vor allem von der Wissenschaftspresse.

Somit bleibt einmal mehr die Erwartung, dass noch weitere Daten notwendig sind, um die Lücken unseres Verständnisses über die Beziehungen der verschiedenen Klassen von Organismen zu verkleinern und die Einsichten in deren molekularbiologische Zusammenhänge zu erhellen. Die Behauptung „Das Genom des Schnabeltiers löst die Geheimnisse der Evolution der Säugetiere“⁶ (Genome Research) ist derzeit jedenfalls noch nicht eingelöst.

Anmerkungen

¹ Warren et al. (2008) gebrauchen den Begriff „Amalgam“ (Quecksilber-Legierungen): „The platypus genome, as well as the animal, is an amalgam of ancestral reptilian and derived mammalian characteristics.“

² „Remarkably, we found that the platypus shares microRNA families uniquely with other mammals, but also uniquely with a representative of birds and reptiles,“ und „Thus, the unusual morphology of these animals is also reflected at the genomic level and at the level of its small RNAs.“

³ „Snake venom crotamines have also evolved from beta-defensins in separate gene duplication events, making this a compelling example of convergent evolution.“

⁴ Orthologe Gene: meist werden darunter Gene aus verschiedenen Organismen verstanden, die funktional ähnlich sind und hohe Übereinstimmung in der Basensequenz aufweisen; sie werden als Erbstück eines gemeinsamen Vorfahren betrachtet.

⁵ „Since its initial description, the platypus has stood out as a species with a blend of reptilian and mammalian features, which is a characteristic that penetrates to the level of the genome sequence.“

⁶ „Platypus genome unravels the mysteries of mammalian evolution

Literatur

Murchison EP, Kheradpour P, Sachidanandam R, Smith C, Hodges E, Xuan Z, Kellis M, Grützner F, Stark A, and Hannon GJ (2008) Conservation of small RNA pathways in platypus. *Genome Res.* doi:10.1101/gr.73056.107.

Park, J, Semyonov J, Chang CL, Yi W, Warren W, and Hsu SYT (2008) Origin of INSL3-mediated testicular descent in therian mammals. *Genome Res.* doi:10.1101/gr.7119108.

Schmitz, J, Zemmann A, Churakov G, Kuhl H, Grützner F, Reinhardt R, and Brosius J (2008) Retroposed SNOfall – A mammalian-wide comparison of platypus snoRNAs. *Genome Res.* doi:10.1101/gr.7177908.

Veyrunes F, Waters PD, Miethke P, Rens W, McMillan D, Alsop AE, Grützner F, Deakin JE, Whittington CM, Schatzkamer K, Kremitzki CL, Graves T, Ferguson-Smith MA, Warren W, Graves JAM (2008) Bird-like sex chromosomes of platypus imply recent origin of mammal sex chromosomes. *Genome Res.* doi:10.1101/gr.7101908.

Warren WC et. al (2008) Genome analysis of the platypus reveals unique signatures of evolution. *Nature* 453, 175- 184. Umfangreiche Supplementary Information online unter: <http://www.nature.com/nature/journal/v453/n7192/supinfo/nature06936.html>

Whittington CM, Papenfuss AT, Bansal P, Torres, AM, Wong ESW, Deakin JE, Graves T, Alsop A, Schatzkamer K, Kremitzki C, Ponting CP, Temple-Smith P, Warren WC, Kuchel PW, and Belov, K (2008) Defensins and the convergent evolution of platypus and reptile venom genes. *Genome Res.* doi:10.1101/gr.7149808

Autor dieser News: Harald Binder

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n112.php

20.12.07 Genomforschung – Wieviel „Schrott“ bleibt übrig?

Oder: Wie findet man bisher übersehene bedeutsame DNA-Sequenzen?

Der erstaunlich geringe Anteil codierender DNA-Sequenzen am Genom (Erbgut) eines Organismus war für manchen Wissenschaftler in der Vergangenheit Anlass, von „Abfall“ („junk“) zu reden – Anteile des Erbguts, die im Laufe der Evolution angesammelt wurden und überflüssig geworden seien. Diese Deutung war zwar nicht unumstritten, aber doch – vor allem in populären Medien – weit verbreitet. Die Anzeichen dafür mehren sich jedoch, dass immer weitere Teile des Genoms von Bedeutung sind. Aber wie kann man analytisch DNA-Abschnitte, die nicht in Proteine übersetzt werden (Translation), überhaupt erkennen? McCallion et al. (2007) haben eine Methode entwickelt, diese im Bereich eines Gens angewendet und dabei überraschende Erfahrungen gemacht.

Die Autoren untersuchten beim Zebrafisch (*Danio rerio*) die Umgebung des Gens *phox2b*. Dieses Gen spielt u. a. bei der Entwicklung von Nervenzellen eine Rolle, bei der Stressverarbeitung und im Verdauungssystem. DNA-Fragmente (48 Amplikons) aus diesem Bereich transferierten die Forscher gekoppelt mit Gen eines grün fluoreszierenden Proteins (GFP) in Embryonen des Zebrafisches. In dem von ihnen etablierten Testsystem gibt sich ein regulatorischer DNA-Abschnitt dadurch zu erkennen, dass der Embryo GFP produziert und damit grün fluoresziert. In 17 Fällen erhielten McCallion et al. fluoreszierende Zebrafisch-Embryonen.

Mit den fünf gebräuchlichsten Programmen zur Genomanalyse konnten nur zwischen 29 und 61 % der tatsächlich gefundenen regulatorisch wirksamen DNA-Sequenzen erkannt und prognostiziert werden. Damit ist gezeigt, dass die bisher verfügbaren Computerprogramme weiterentwickelt werden und auf eine solidere experimentelle Basis gestellt werden müssen. Diese Resultate unterstreichen auch den großen Bedarf an weiteren methodischen Zugängen, um bedeutsame DNA-Bereiche zu identifizieren. Durch Anwendung der bereits verfügbaren Techniken auf weitere Genbereiche ist ein erheblicher Kenntniszuwachs über weitere funktionelle Sequenzen zu erwarten.

Sollte ein erheblicher Anteil der im Genom niedergelegten Information bisher unerkannt sein, hätte das auch weitreichende Konsequenzen für die Anwendung molekularbiologischer Daten für die Analyse molekularer Stammbäume. Dann müsste – auch darauf deuten die Autoren hin – bei der Interpretation molekularbiologischer Daten im Sinne phylogenetischer Fragestellungen im Lichte dieser Erkenntnisse sehr viel sorgfältiger vorgegangen werden.

Quelle:

McGaughey DM, Vinton RM, Huynh J, Al-Saif A, Beer MA & McCallion AS (2007) Metrics of sequence constraint overlook regulatory sequences in an exhaustive analysis at *phox2b*. *Genome Res.* (download advance articles 10.12.2007): <http://www.genome.org/cgi/reprint/gr.6929408v1>

Autor dieser News: Harald Binder

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n102.php

11.08.05 Neuer Artikel über molekulare Stammbäume und molekulare Uhren

Ein häufig genanntes Argument für Evolution ist die vermeintliche Übereinstimmung molekularer Ähnlichkeitsbäume (Dendrogramme) mit klassischen Stammbäumen, die vor allem auf dem äußeren Bau der Lebewesen beruhen. Tatsächlich ist aber diese Übereinstimmung in der Regel nur teilweise gegeben. Auch das Konzept der „molekularen Uhr“ wird in der Fachwelt kontrovers diskutiert. Im Artikel „Molekularbiologie“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41302&Sprache=de&l=2>) der Studiengemeinschaft Wort und Wissen wird diese Thematik ausführlich dargestellt. Bisher liegt der Beitrag nur als Expertenartikel vor. Folgende Schlussfolgerungen werden gezogen:

1. Die Ähnlichkeiten von Makromolekülen (Aminosäure- und DNS-Sequenzen) können zwar prinzipiell evolutionstheoretisch gedeutet werden; dies ist aber nicht zwingend.
2. Merkmalsauswahl und Stammbaumrekonstruktion sind komplizierte Verfahren, deren Vorannahmen nicht zutreffen müssen und die einige subjektive Entscheidungen erfordern. Eine voraussetzungslose Konstruktion von Verwandtschaft mittels molekularer Daten ist nicht möglich.
3. Widersprüche zwischen den Rekonstruktionen der Verwandtschaftsbeziehungen können vielfältige Ursachen haben: Fehler bei der Auswahl der Arten oder der Datenanalyse, rasche Artbildung, polymorphe Stammpopulationen, Hybridisierung, horizontaler Gentransfer, Konvergenzen. Welche Erklärung(en) im Einzelfall zutrifft (zutreffen), kann oft nicht eindeutig entschieden werden.
4. Jede Stammbaumrekonstruktion – molekular oder durch andere Daten begründet – basiert auf der Annahme, dass die verglichenen Merkmale (Sequenzen) phylogenetisch homolog sind, d. h. dass ihre Ähnlichkeiten bzw. Gemeinsamkeiten abstammungsbedingt sind. Falls die Ähnlichkeit aber eher funktionelle Erfordernisse widerspiegelt, geben die ermittelten Bäume nur die Ähnlichkeit der Gene der sie tragenden Organismen wieder, nicht aber deren Abstammungsverwandtschaft.
5. Eine globale molekulare Uhr existiert entgegen den ursprünglichen Erwartungen nicht. Lokale Uhren, die sich auf ein bestimmtes Gen und eine bestimmte Auswahl von Organismen beziehen, gibt es zwar, aber jeder Datensatz muss daraufhin untersucht werden, ob variierende Evolutionsraten vorliegen.
6. Auch molekulare Uhren beruhen auf der Grundvoraussetzung von Evolution und können daher nicht als unabhängiger Beleg für Evolution gelten.
7. Molekulare Systematik hat sehr erfolgreich viele Verwandtschaftsbeziehungen klären können. Die besten Ergebnisse liegen im mikroevolutiven Bereich (Mikro- und Makroevolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>), d.h. innerhalb vermuteter Grundtypen (Artbegriffe, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41224&Sprache=de&l=1>). Die Gründe für eine schlechte Auflösung von Verwandtschaftsverhältnissen sind sehr unterschiedlich, je nachdem ob eine nahe oder entfernte Verwandtschaft vorliegt. Bei naher Verwandtschaft können Polymorphismen (= genetische Vielseitigkeit) in der Stammpopulation, rasche Artbildung, Hybridisierung (= Kreuzungen) oder horizontaler Gentransfer die Ursache sein,

bei ferner Verwandtschaft Konvergenz, postulierter hypothetischer horizontaler Gentransfer
oder andere unklare Gründe-

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n44.php

11.07.05 Neuer Artikel über Evolution virtueller Lebewesen

Die Süddeutsche Zeitung berichtet in ihrer Artikelserie „Streitfall Evolution“ im Beitrag „Skepsis inklusive“ am 1. 7. 2005 vom Evolutionsprogramm „Avida“. Die Autorin Tina Baier meint, dieses Programm ermögliche es, Evolution im Zeitraffer zu simulieren und zeige, dass die Evolution in der Lage sei, komplexe Strukturen zu entwickeln. „Tausende von Kreationisten haben es sich schon heruntergeladen, um einen Fehler zu finden – bisher ohne Erfolg.“ Die Frage ist jedoch nicht, ob das Programm fehlerhaft ist, sondern was es wirklich leistet. Zwei Mitarbeiter der Studiengemeinschaft Wort und Wissen haben sich mit dieser Materie anhand eines vielbeachteten *Nature*-Artikels von Richard E. Lenski beschäftigt. Die Ergebnisse wurden Ende Mai in der neuesten Ausgabe von „Studium Integrale Journal“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/studium-integrale-journal/>) veröffentlicht. Seit kurzem ist ihr Text auch online bei *Genesisnet* verfügbar (Evolution virtueller Lebewesen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41246&Sprache=de&l=1>).

Die kritische Analyse von Eberhard Bertsch und Torsten Waldminghaus zeigt, dass die Simulation der Evolution virtueller Lebewesen zur Abbildung der behaupteten makroevolutiven Prozesse ungeeignet ist. Ihre Kritikpunkte lauten kurzgefasst:

- Die Belohnung von Teilergebnissen auf einem evolutiven Weg kann nicht ohne Weiteres auf lebende Systeme übertragen werden.
- Die komplizierteste Funktion, die in dem beschriebenen System entstehen kann, ist kaum mit der Komplexität eines sehr einfachen Proteins zu vergleichen.
- Die Simulation der Entstehung komplizierterer Eiweiße ist mit diesem System unmöglich.
- Eine zentrale Vorgabe der virtuellen Organismen ist den natürlichen Bedingungen entgegengesetzt.

Die Autoren kommen zum Ergebnis, dass der Ansatz von Lenski zwar insofern eine sehr gute Idee ist, als er die grundlegende Unterscheidung von Syntax und Semantik in die Ursprungs-Diskussion einbezieht, dass aber andererseits von „Komplexität“ der entstandenen Strukturen und Funktionen überhaupt keine Rede sein kann. Grundsätzlich bleibt auch hier das Problem offen, ob Makroevolution durch eine Aneinanderreihung von vielen mikroevolutiven Schritten entstehen kann. Eine Antwort auf die Frage nach der Möglichkeit von Makroevolution konnte mit dem beschriebenen Ansatz nicht gegeben werden.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n40.php

17.02.05 Mechanismen der Makroevolution?

Zwei neue Artikel von Niko Winkler befassen sich mit Evolutionsmechanismen, die als Teillösungen des Problems „Makroevolution“ vorgeschlagen wurden. Mit Makroevolution ist die Entstehung neuer Baupläne oder Bauteile von Organismen gemeint; das ist etwas qualitativ anderes als bloße Variationsvorgänge, Anpassungen oder Spezialisierungen (vgl. Mikro- und Makroevolution,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>). Viele Biologen räumen ein, dass Makroevolution durch mikroevolutive Prozesse nicht erklärbar ist, und suchen nach besonderen Mechanismen für Makroevolution. Zwei Ansätze werden in den neuen Beiträgen erläutert und kritisch untersucht. Der erste Artikel handelt über das so genannte „Gene tinkering“ (s. Gene tinkering, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1>). „Gene tinkering“ bedeutet „Flickschusterei mit Genen“. Einbau von Genen in andere, bereits bestehende genetische Zusammenhänge soll eine Erklärung für manche makroevolutive Veränderungen liefern. Auf diese Weise könnten genetische Netzwerke entstanden sein. Solche Vorgänge sind bislang jedoch weitgehend hypothetisch und sie erklären nicht die Herkunft der Gene an sich. Interessant ist in diesem Zusammenhang der Befund, dass biologische Netzwerke solchen Netzwerken gleichen, die durch Ingenieure erdacht wurden – ein Befund, der ein undurchdachtes gene tinkering in Frage stellt.

Im zweiten Artikel wird die Bedeutung der Homeobox-Gene für Evolution diskutiert (Homeobox-Gene und Evolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41265&Sprache=de&l=1>). Homeobox-Gene haben eine regulative Funktion und stehen demnach am Anfang von Entwicklungsvorgängen in der individuellen Entwicklung (Ontogenese). Aufgrund dieser besonderen Funktion wurde vermutet, dass Homeobox-Gene einen Schlüssel für Makroevolution liefern könnten, weil ihr Ein- und Ausschalten erhebliche Auswirkungen auf die Gestalt hat. Doch erklären solche Vorgänge nicht, wie die von den Homeobox-Genen regulierten Gene bzw. Strukturen und die Homeobox-Gene selber ursprünglich entstanden sind.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n33.php

09.03.04 Neues evolutionskritisches Video von Fritz Poppenberg erschienen

Seit kurzen gibt es einen allgemeinverständlichen Vortrag von Siegfried Scherer (Autor des Genesisnet-Artikels „Wahrscheinlichkeitsbetrachtungen-Beispiel Bakterienmotor“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41282&Sprache=de&l=1>) auf Video und auf DVD. Titel: „**Was Darwin nicht wissen konnte - der Streit um die Entstehung des Lebens.**“

<https://www.wort-und-wissen.org/produkt-kategorie/dvd/>

Der Film wurde von Fritz Poppenberg, Dreilindenfilm gedreht, der auch den bekannten Videofilm „Hat die Bibel doch recht?“ produziert hat. Prof. Dr. Siegfried Scherer kommt in seinem Vortrag zu dem Ergebnis, dass die entscheidenden Fragen auch 150 Jahre nach Darwin ungelöst sind:

- Die Entstehung des Lebens ist unbekannt.
- Der Fossilbericht bietet trotz großer Mengen an Funden kaum Funde, die als Übergangsformen interpretierbar sind.
- Die Makroevolution (Höherentwicklung) ist experimentell nicht belegt.
- Trotz gegenteiliger Behauptung gilt noch immer, was der große Forscher Louis Pasteur nachwies: „Lebendes entsteht nur aus Lebendem.“

Der Vortrag ist allgemein verständlich. Daher ist „Was Darwin nicht wissen konnte“ sehr gut für Hauskreise, Jugendkreise usw. geeignet.

Dieses und ähnliche Videos können direkt bei www.wort-und-wissen.de bestellt werden.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n15.php

Evolutionstheorie(n) in der Krise?

30.11.22 Ist Lamarck zurück?

Die Vererbung erworbener Eigenschaften ist bei Korallen doch möglich

Nach gängiger Auffassung kann eine neue Mutation nur dann zu evolutionären Veränderungen beitragen, wenn sie in Zellen des Fortpflanzungssystems auftritt, d. h. in einer Ei- oder Samenzelle. Mutationen in allen anderen Körperzellen gelten als evolutionär irrelevant, da sie nicht an die Nachkommen vererbt werden. Diese Sichtweise scheint nicht durchweg zu stimmen. Zumindest bei Korallen ist die Vererbung erworbener Merkmale ein Mechanismus für Veränderungen nun tatsächlich nachgewiesen. Dies bestätigt teilweise die Ansichten des Naturforschers Jean Baptiste de Lamarck im 19. Jahrhundert, welche man ca. ein Jahrhundert ignoriert hatte.

Im Jahr 1809 stellte Jean-Baptiste de Lamarck eine erste ausgearbeitete Evolutionshypothese auf, die sich weitgehend auf die Vererbung erworbener Merkmale stützte. Er argumentierte, dass sich Organismen im Laufe des Lebens an bestimmte ökologische Herausforderungen anpassen würden, und dass diese Anpassungen an die Nachkommen vererbt werden könnten.

1892 veröffentlichte August Weismann (1834–1914) die Hypothese, dass somatische Mutationen, die während des Lebens eines Tieres in den Körperzellen erworben werden, evolutionär irrelevant sind, weil sie die angenommene Barriere (die so genannte Weismann-Schranke) zwischen Soma (Körperzellen) und Keimbahn (Keimzellen) nicht überwinden und somit nicht zur genetischen Variation der nächsten Generation beitragen können. **Er widersprach damit der Möglichkeit der Lamarck'schen Evolution: Von den Eltern erworbene Merkmale könnten niemals zu an die Nachkommen vererbt werden.**

Alle nachfolgenden Evolutionstheorien stützten sich stark auf die Weismann-Schranke, wonach weder die Körperzellen eines Organismus noch die Umwelt das genetische Erbe beeinflussen können. Anpassungen sind insofern zufällig, als Variation (infolge von Mutationen des Erbgutes) zufällig ist. Die zweite treibende „Kraft“ der Darwin'sche Evolution ist die natürliche Auslese, wonach die am besten Angepassten in der Regel die meisten Nachkommen haben. Auf diese Weise soll Evolution erfolgen.

Auch wenn die Geschlechtszellen vollständig von den Körperzellen getrennt sein sollten, könnte es dennoch molekular-genetische Mechanismen geben, durch die die Geschlechtszellen über die Umwelt informiert werden und die Nachkommen dadurch mit möglichen Anpassungen vorbereitet werden. Dass dies tatsächlich der Fall ist, wurde inzwischen in der Literatur ausführlich dokumentiert (Lacal & Ventura 2018, Miryeganeh & Saze 2020, Triantaphyllopoulos et al. 2016). Man spricht von epigenetischer Vererbung. Epigenetisch vererbte Merkmale sind jedoch oft nicht mit Mutationen in der DNA verbunden, sondern betreffen in der Regel die Regulation der DNA. Ob sie stabil über viele Generationen vererbbar sind, ist bisher weitgehend ungeklärt.

Bei sich sexuell fortpflanzenden Organismen verschwinden vorteilhafte Mutationen der DNA in der Regel durch zufällige genetische Drift und werden fast nie in der Population fixiert. Nur wenn die Selektion sehr stark ist, d. h. wenn die Mutation einen enormen Reproduktionsvorteil bringt, kann sich eine vorteilhafte Mutation häufiger in der gesamten

Population durchsetzen. Es wäre daher von großem Wert, wenn adaptive (vorteilhaft angepasste) Veränderungen direkt, also ohne Beteiligung von Geschlechtszellen vererbt werden könnten. Dies geschieht bei der ungeschlechtlichen Fortpflanzung wie z. B. bei Ablegern von Pflanzen, wenn die Mutationen zuvor in den für die Ableger-Bildung zuständigen Zellen aufgetreten sind. Wäre dies auch bei der sexuellen Fortpflanzung möglich, würde das dem Lamarck'schen Konzept der genetischen Anpassung entsprechen. **Somatisch erworbene Merkmale müssten auf irgendeinem Wege auch auf die Geschlechtszellen übertragen werden, damit sie dauerhaft vererbbar bleiben.**

Entdeckung einer Lamarck'schen Vererbung

Die Entdeckung eines internationalen Wissenschaftlerteams unter der Leitung von Biologen der Penn State University offenbart nun tatsächlich einen neuartigen Mechanismus zur Anpassung an sich rasch verändernde Umweltbedingungen, der dem Lamarck'schen Mechanismus sehr ähnlich ist (Kuntz et al. 2022). Das Forschungsteam analysierte die DNA-Unterschiede in einer großen Kolonie von Elchgeweih-Korallen (*Acropora palmata*) mit Nachkommen eines einzigen Elternteils (also mit eingeschlechtlicher Fortpflanzung) sowie in DNA-Proben von fünf benachbarten Kolonien.

Wie die meisten Korallen können sich auch die Elchgeweih-Korallen sowohl ungeschlechtlich (durch Knospung) als auch geschlechtlich (durch Produktion von Ei- und Samenzellen) fortpflanzen. Bei den hier untersuchten Elchhornkorallen, die ihre Ei- und Samenzellen beim Laichen ins Wasser abgeben, werden die Eier einer Korallenkolonie in der Regel durch Spermien einer benachbarten Kolonie befruchtet. Das Forscherteam fand jedoch heraus, dass sich einige Eier der Elchhornkoralle auch ohne Befruchtung zu lebensfähigen Nachkommen entwickeln können.

Die Ergebnisse zeigten, dass die separaten Korallenkolonien (also die o. g. benachbarten Kolonien) zu derselben ursprünglichen Koralle gehört haben. Dies bedeutet, dass es sich um Klone handelt, die von einer einzigen Originalkolonie abstammen, die sich durch ungeschlechtliche Fortpflanzung (Knospung) vermehrt hat. Jede genetische Variation, die bei den heutigen Korallen in diesen Kolonien gefunden wurde, muss also das Ergebnis einer somatischen Mutation gewesen sein.

Das Team fand insgesamt 268 somatische Mutationen in den Proben, wobei jede Korallenprobe zwischen 2 und 149 somatische Mutationen aufwies. Das Team untersuchte außerdem die Ein-Eltern-Nachkommen der Elchkorallen-Elternkolonie und **stellte fest, dass 50 Prozent der somatischen Mutationen vererbt worden waren** (Kuntz et al. 2022).

Der genaue Mechanismus, wie die somatischen Mutationen ihren Weg in die Keimzellen der Korallen finden, ist noch unbekannt, aber die Forscher vermuten, dass die Trennung zwischen Körper- und Keimzellen in Korallen unvollständig ist und einige Körperzellen die Fähigkeit behalten, Keimzellen zu bilden, wodurch somatische Mutationen ihren Weg in die Nachkommen finden können (Penn State 2022). Ein ähnlicher Mechanismus, der von John A. Davison unter dem Begriff „semi-meiotische Hypothese“ ausführlich erörtert wurde, könnte ein relevanter nicht-darwinistischer Mechanismus für Anpassungen und Artbildung sein (Davison 1984).

Einer der Autoren kommentierte: „Da Korallen als Kolonien genetisch identischer Polypen wachsen, können somatische Mutationen, die in einem Korallenpolypen entstehen, der Umwelt ausgesetzt und auf ihren Nutzen hin untersucht werden, ohne notwendigerweise die

gesamte Kolonie zu beeinträchtigen. Daher können Zellen mit potenziell schädlichen Mutationen sterben und Zellen mit potenziell vorteilhaften Mutationen können florieren und sich ausbreiten, während die Korallenkolonie weiterwächst. Wenn diese Mutationen dann an die Nachkommen weitergegeben werden können – wie wir jetzt gezeigt haben – bedeutet dies, dass die Korallen ein zusätzliches Werkzeug haben, das ihre Anpassung an den Klimawandel beschleunigen könnte“ (Penn State 2022).

Spätestens hier bricht die Weismann-Schranke zusammen: Die Vererbung von somatischen Mutationen ist Lamarck'sche Evolution, und keine neodarwinistische Evolution.

Eine hässliche Tatsache oder schöne Wissenschaft?

Es war Thomas Henry Huxley, ein überzeugter Verfechter der Darwin'schen Thesen, der vor über 100 Jahren schrieb: „Die große Tragödie der Wissenschaft – die Erschlagung einer schönen Hypothese durch eine hässliche Tatsache.“ Man sollte sich darüber im Klaren sein, dass Fakten oder Beobachtungen von Naturprozessen niemals hässlich sind.

Naturwissenschaftliche Befunde, die nicht in das herrschende Paradigma passen, sind ein wichtiger Faktor, der wissenschaftliche Erkenntnisse vorantreibt. Diese neue Erkenntnis bei den Korallen ist eine solche „hässliche Tatsache“: **Sie zeigt uns, dass man der Wissenschaft immer damit rechnen muss, dass bisher gesicherte Theorien nicht immer von Dauer sind, sondern nur vorläufige Gültigkeit haben.** Ob Lamarck'sche Mechanismen bei Anpassungsprozessen in anderen Organismen eine große Rolle spielen oder spielten, wird dank dieser „hässlichen Tatsache“ nun Gegenstand von Forschung und Diskussion sein.

Quellen

Davison JA (1984) Semi-meiosis as an evolutionary mechanism. *J. theor. Biol.* 111, 725–735. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0022519384802647>

Kuntz KLV et al. (2022) Inheritance of somatic mutations by animal offspring. *Sci. Adv.* 8:35; doi:10.1126/sciadv.abn0707

Lacal I & Ventura R (2018) Epigenetic Inheritance: Concepts, Mechanisms and Perspectives. *Front. Mol. Neurosci.* 28, <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fnmol.2018.00292/full>

Miryeganeh M & Saze H (2020) Epigenetic inheritance and plant evolution. *Popul. Ecol.* 62, 17–27. <https://esj-journals.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/1438-390X.12018>

Penn State (2022) Corals pass mutations acquired during their lifetimes to offspring. *Science Daily*, <https://www.sciencedaily.com/releases/2022/08/220831152728.htm>

Triantaphyllopoulos KA, Ikononopoulos J & Bannister AJ (2016) Epigenetics and inheritance of phenotype variation in livestock. *Epigenetics & Chromatin* 9:31. <https://epigeneticsandchromatin.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13072-016-0081-5>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n309.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

01.08.22 Der unterschätzte Vater der Genetik: zu Gregor Mendels 200. Geburtstag

Gregor Mendel gilt als Vater der Vererbungslehre (Genetik). Dieses Jahr jährt sich sein Geburtstag zum 200. Mal. Wenig bekannt ist, dass Mendels Ideen zur Artbildung sehr gut in ein Schöpfungskonzept passen und sich in aktuellen Studien als fruchtbar erweisen.

Kann ein 160 Jahre altes Werk eines Naturforschers heute noch Aktualität besitzen? Vielen wird zu dieser Frage bestimmt Charles Darwin einfallen. Dessen Hauptwerk „Über die Entstehung der Arten“ wird bis heute als großer Durchbruch in der Biologie gewertet. Es gibt aber ein Werk eines Zeitgenossen von Darwin, dessen Relevanz für das Verständnis des Artenwandels heute kaum jemandem bewusst ist. Die Rede ist von Gregor Mendel, der auch als Vater der Genetik bezeichnet wird. Im Jahr 2022 jährt sich sein Geburtstag zum 200. Mal – Anlass für viele Beiträge in der Wissenschaftsliteratur und in den Wissenschaftsnachrichten. Hier und da wird dabei auch das Verhältnis von Mendel und Darwin thematisiert.

Darwin und Mendel. Die auf Darwin zurückgehende Erklärung für die Entstehung von Arten unterscheidet sich grundlegend von Mendels Ansatz. Im Gefolge Darwins werden geringfügige Veränderungen und Auslese als Hauptfaktoren angesehen. Heute werden als Quelle der Veränderungen ungerichtete Mutationen (spontane Änderungen des Erbguts) angesehen. Mutationen können sich – wenn überhaupt – erst im Laufe vieler Generationen in der Population durchsetzen, und für nennenswerte Veränderungen werden viele aufeinanderfolgende Mutationen benötigt. Daher müssen große Zeiträume für die Bildung neuer Arten veranschlagt werden. **Mendels Konzept dagegen beruht auf präexistenten (bereits vorliegenden) genetischen Programmen.** Diese ermöglichen Änderungen innerhalb weniger Generationen, da Unterschiede zwischen den Arten nicht in langwierigen Prozessen aufgebaut werden müssen, sondern von Beginn an bereits angelegt sind (Crompton 2019). Diese Veränderungen bewegen sich dabei aber nur innerhalb abgegrenzter Formenkreise, die man als genetische Familien bezeichnen kann. Diese wiederum entsprechen ungefähr den „Grundtypen“, die im Rahmen der biblischen Schöpfungslehre auf geschaffene Arten zurückgeführt werden.

Da nun beide Ansätze sehr verschieden sind, klingt es überraschend, wenn das Online-Wissenschaftsmagazin *Scinexx* behauptet, Mendel habe in seinen Schriften „durchaus ähnliche Vorstellungen wie Darwin und seine Mitstreiter“ vertreten (Podbregar 2022). „Mendel beschrieb ein darwinistisches Szenario einer natürlichen Selektion und eines ‚Kampfs ums Dasein‘“, wird Daniel Fairbanks von der Utah Valley University zitiert (Fairbanks 2020). Und: „Wenn man die existierenden Belege als Ganzes betrachtet, dann ergibt sich von Gregor Mendel das Bild eines akribischen Forschers, der die Grundsätze der darwinistischen Evolution akzeptierte.“ Fairbanks (2020) stellt aber auch fest, dass Mendels Versuche die Vorstellungen von Darwin über Vererbung widerlegten und zudem bewiesen, dass die Vererbung auf der freien Kombination von unteilbaren Einheiten beruhte.

Kann man Mendel mit Darwin versöhnen? Kann man die widersprüchlichen Einschätzungen über Mendel und Darwin zusammenbringen? Es ist möglich, wenn man bedenkt, dass in Mendels Ansatz die Darwin'schen Mechanismen nur eine untergeordnete Rolle spielen. Darwin wies nach, dass es eine phänotypische Variation der Arten gibt. Dem stimmte Mendel zu. Für Darwin war natürliche Auslese die Ursache für Veränderungen und Artbildung, er wusste aber nicht, wie die genetische Vielfalt entstand. Mendel stimmte zwar

ebenfalls zu, dass es natürliche Auslese gibt, doch er sah sie nicht als Ursache für Artbildung. **Der entscheidende Unterschied zwischen Darwin und Mendel betrifft die Quelle der Variation, die benötigt wird, bevor man überhaupt etwas selektieren kann.** Mendel zeigte, dass die Quelle der Variation die Rekombination von bereits bestehenden phänotypischen Programmen war. Somit besteht nach Mendels Modell keine Notwendigkeit, neue Merkmale (durch Mutationen) zu schaffen, damit neue Arten entstehen können. Arten entstehen durch Neukombination schon vorhandener Merkmale. Was Mendel bereits über diese latenten Merkmale wusste und was man mit heutigem biologischem Wissen dazu sagen kann, hat Crompton (2019) ausführlich beschrieben. Leider wurde Mendel in diesem entscheidenden Punkt von der wissenschaftlichen Gemeinschaft übersehen. Stattdessen schlug man einen anderen Weg ein und sah Mutationen als Quelle der Variation an.

Ein weiterer grundlegender Unterschied zwischen Darwin und Mendel ist, dass nach Mendel die Variation, die durch die latenten Merkmale ausgeprägt kann, begrenzt ist und nicht ausreicht, um den Ursprung allen Lebens zu erklären. Erklärt werden kann nur die Variation, die in genetischen Familien beobachtet wird.

Der empirische Test. Wer hat nun aber recht, Mendel oder Darwin? Geht man von Beobachtungen aus, die in den letzten etwa 50 Jahren bei Langzeitstudien im Freiland gemacht wurden, so ist das Modell der Mendel'schen Artbildung klar im Vorteil. Denn es mehren sich die Beispiele für sehr schnelle Merkmalsänderungen und sogar Artbildungen, die nur möglich sind, wenn ein genetisches Potenzial an Veränderungsmöglichkeiten bereits vorhanden ist. „Schnell“ heißt hier: Innerhalb Jahrzehnten oder Jahrhunderten und sogar innerhalb weniger Generationen. **Nur auf Basis präexistenter Programme sind derart schnelle, vorteilhafte Veränderungen möglich.** Ein sehr lehrreiches Beispiel sind die Eidechsen der Gattung *Anolis*, die auf den karibischen Inseln vorkommen. Von diesen Eidechsen gibt es hunderte Arten. Man kann sie in wenige sogenannte Ökomorphe einteilen; das sind Formen, die verschiedene Lebensräume bevorzugen und entsprechende Unterschiede im Körperbau zeigen. Durch genetische Studien konnte gezeigt werden, dass die Ökomorphen auf den Inseln vielfach unabhängig entstanden sind. Außerdem haben Experimente zur Wiederbesiedlung kleiner Inseln durch *Anolis*-Eidechsen gezeigt, dass die Entstehung verschiedener Ökomorphe innerhalb weniger Generationen erfolgen kann. Insgesamt kann man diese Befunde am besten so erklären: Die *Anolis*-Eidechsen weisen eine präexistente und zum Teil verborgene genetische Vielfalt auf, die unter bestimmten Lebensbedingungen ziemlich schnell abgerufen werden kann. Das entspricht dem Ansatz von Mendel und widerspricht Darwins Theorie.

Rasche und wiederholte Radiationen dieser Art wurden in den letzten Jahren vermehrt beobachtet oder indirekt nachgewiesen und erweisen Mendels Ansatz als fruchtbar und dem Darwin'schen Ansatz überlegen. Aus der Sicht der Schöpfungslehre liegt es nahe, die präexistente Vielfalt der Ausgangsgruppen solcher Radiationen als geschaffenes Variationspotenzial zu postulieren. Die geschaffenen Arten waren demnach mit Variationsprogrammen ausgestattet, die vielfältige Anpassungen ermöglicht haben.

Darwin ohne Mendel. Mendel hat Darwins Arbeiten gekannt, wie Randnotizen in Mendels Handschrift belegen. Aber umgekehrt war das nicht der Fall. „Offenbar hat Darwin nie ein Exemplar von Mendels Fachartikel zu den Pflanzenhybriden erhalten und auch keine Sekundärliteratur dazu gelesen“, wird im o. g. *Scinexx*-Beitrag festgestellt. Wer weiß, wie die Wissenschaftsgeschichte verlaufen wäre, wenn Darwin Mendel gründlich studiert hätte?

Literatur

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

Fairbanks DJ (2020) Mendel and Darwin: untangling a persistent enigma. *Heredity* 124, 263–273.

Podbregar N (2022) Mendel und Darwin. Wie stand der Mönch zur Evolution? Internetartikel, <https://www.scinexx.de/dossierartikel/mendel-und-darwin/>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n304.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.07.22 Gibt es doch keine neutralen Mutationen?

Mutationsforschung bringt ein wichtiges evolutionstheoretisches Konzept ins Wanken

Lange Zeit ging man davon aus, dass es aufgrund des redundanten Charakters des genetischen Codes (d. h. 64 Codons codieren für nur 20 Aminosäuren) neutrale und nicht-neutrale Mutationen in proteincodierenden Genen gibt. Auf der Grundlage dieser Annahme wurden seit über drei Jahrzehnten zahlreiche Arbeiten veröffentlicht, in denen das Verhältnis von neutralen und nicht-neutralen Mutationen als Indikator für Selektion diskutiert wurde. Eine neue Studie in der Zeitschrift *Nature* zeigt nun, dass es solche neutralen Mutationen wohl kaum gibt.

„Mutationen torpedieren Lehrmeinung“ titelte eine populärwissenschaftliche Webseite Juni 2022 (Podgrebar 2022). Meistens sind solche aussagekräftigen Titel übertrieben und sollen nur die Aufmerksamkeit der Leser gewinnen. In diesem Fall war der Titel aber sehr gut gewählt, da er sich auf ein seit langem bestehendes theoretisches Konzept der Evolutionsbiologie bezieht: neutrale Mutationen. Die neuen Beobachtungen, die in der Fachzeitschrift *Nature* publiziert wurden (Shen et al. 2022), haben weitreichende Konsequenzen für die Evolutionsbiologie – insbesondere bei der Frage, welche Rolle die Selektion in der Evolution von proteincodierenden DNA-Sequenzen spielt. Um zu verstehen, was die neuen Daten bedeuten, müssen wir uns zunächst der Genetik widmen, die den Mutationen zugrunde liegt, und wir müssen verstehen, wie Evolutionsbiologen aus dem Mutationsgeschehen die Art der Selektion ableiten. Doch zuvor schauen wir uns ganz grundlegend einmal an, wie der genetische Code funktioniert, der für die Codierung der Proteine verantwortlich ist.

Proteine sind Werkzeuge und wichtige Bausteine der Zelle und bestehen aus langen Ketten von Aminosäuren. Es gibt 20 verschiedene Aminosäuren, die eine fast unendliche Vielfalt von verschiedenen Proteinen bilden können. Man kann sich ein Protein wie eine Perlenkette vorstellen, bei der jede Perle eine bestimmte Aminosäure darstellt. In menschlichen Zellen gibt es etwa 21.000 verschiedene Proteinfamilien. Sie alle haben unterschiedliche Funktionen. Jedes einzelne Protein ist im Genom (Erbgut) codiert, durch sogenannte proteincodierende Gene, lange Abschnitte von Nukleotiden (A, C, G und T). Wie ein Protein kann man sich auch ein Gen auch wie eine Perlenkette vorstellen, bei der jede Perle ein DNA-Buchstabe ist. Abb. 1 zeigt, wie die 64 Codons des genetischen Codes mit den 20 Aminosäuren verbunden sind.

		Zweite Base				Pyl = Pyrrolysin, Sec = Selenocystein	
		U	C	A	G		
Erste Base	U	UUU Phenylalanin UUC UUA Leucin UUG	UCU Serin UCC UCA UCG	UAU Tyrosin UAC UAA Stoppcodon UAG Stopp / Pyl	UGU Cystein UGC UGA Stoppcodon Sec UGG Tryptophan	U C A G	
	C	CUU Leucin CUC CUA CUG	CCU Prolin CCC CCA CCG	CAU Histidin CAC CAA Glutamin CAG	CGU Arginin CGC CGA CGG	U C A G	
	A	AUU Isoleucin AUC AUA AUG Methionin Startcodon	ACU Threonin ACC ACA ACG	AAU Asparagin AAC AAA Lysin AAG	AGU Serin AGC AGA Arginin AGG	U C A G	
	G	GUU Valin GUC GUA GUG	GCU Alanin GCC GCA GCG	GAU Asparagin-säure GAC GAA Glutamin-säure GAG	GGU Glycin GGC GGA GGG	U C A G	

Abb. 1: Der genetische Code in seiner Standardform. Er ist hier auf der mRNA-Ebene angegeben, dort wird statt Thymin die Nucleobase Uracil (U) verwendet. Pyrrolysin (Pyl) und Selenocystein (Sec) sind selten vorkommende Aminosäuren, die als Bausteine von Proteinen erst in den letzten Jahren entdeckt wurden. In der rechten Spalte ist die dritte Base im Triplet angeben.

Um als Information für die Gestaltung der Proteine zu fungieren, enthalten die Gene einen verschlüsselten Bauplan für Proteine: eine bestimmte Abfolge ihrer vier „Buchstaben“, der Nucleotide A, C, G und T. Diese Abfolge bestimmt die Abfolge von Aminosäuren bei der Bildung von Proteinen. Allerdings ist zu erwähnen, dass die DNA-Buchstaben des Erbgutes nicht direkt zu Proteinen umgesetzt werden, sondern dass eine Abschrift, die Messenger-RNA (mRNA) die Information vom Erbgut im Zellkern zu den Proteinfabriken, den Ribosomen, bringt (sie besitzt U statt T und ist die Abschrift eines Genabschnittes). Jeweils drei Nucleotide auf der mRNA stehen für eine bestimmte Aminosäure (und einige stehen für Start bzw. Stopp). Mit den vier RNA-Buchstaben (Nucleotide A, T, C und U) können durch Dreiergruppen insgesamt 64 verschiedene Kombinationen zusammengestellt werden. Diese sogenannten Triplets – oder Codons – codieren also die Bausteine der Proteine (die Aminosäuren), wovon es aber nur 20 unterschiedliche in Lebewesen gibt. **Es gibt also viel mehr Codons (nämlich 64) als zu codierende Proteinbausteine (20 Aminosäuren).** Zusammen mit einem Codon, das als Stoppsignal funktioniert und anzeigt, wo das Protein enden muss, würden die Lebewesen theoretisch nicht mehr als 21 Codons benötigen, um alle beliebigen Proteine codieren zu können. **Wozu dienen also die restlichen 43 Kombinationen des Codes?**

Da es drei unterschiedliche Stoppsignale gibt, verbleiben 61 Codons, die den Satz von 20 Aminosäuren codieren, so dass viele Aminosäuren durch mehrere unterschiedliche Triplet-Kombinationen codiert sind. Den meisten Aminosäuren entsprechen also mehrere Codons. Die Aminosäuren Serin, Arginin und Leucin werden beispielsweise von jeweils sechs unterschiedlichen Codons codiert. Vier verschiedene Codons stehen jeweils für fünf andere Aminosäuren, nämlich *Alanin*, *Glycin*, *Prolin*, *Threonin* und *Valin*. Die übrigen Aminosäuren

werden jeweils durch ein Codon, zwei oder drei Codons codiert. Aminosäuren die durch fünf Codons codiert werden, kommen nicht vor. Diese seltsame, ungleiche Verknüpfung von Codons und Aminosäuren war lange Zeit rätselhaft, hat aber damit zu tun, dass sie in verschiedener Hinsicht optimal ist, insbesondere in Bezug auf Fehlertoleranz (Freeland et al. 2000).

In der Fachsprache heißt es, der Proteincode sei ein *degenerierter* Code. Damit ist nicht gemeint, dass er irgendwie defekt sei, sondern dass eine bestimmte semantische Einheit (hier eine bestimmte Aminosäure) durch mehrere unterschiedliche syntaktische Abfolgen (hier verschiedene Codons) codiert wird. Da es mehrere verschiedene Codons für dieselbe Aminosäure gibt, kann man auch von redundanter Codierung sprechen.

Aufgrund dieser Redundanz gibt es sogenannte synonyme und nicht-synonyme Mutationen. Nicht-synonyme Mutationen verändern mit der Triplet-Codierung auch die Aminosäuresequenz. Da dies die Faltung (3-dimensionale Struktur der Aminosäurekette) und Funktion eines Proteins verändern kann, werden sie als nicht-neutral eingeschätzt. Synonyme Mutationen dagegen verändern zwar ebenfalls die Triplet-Codierung, jedoch nicht die Aminosäuren-Abfolge und damit auch nicht die Funktion des Proteins, da trotz Änderung die gleiche Aminosäure codiert und damit eingebaut wird. Da synonyme Mutationen keinen Einfluss auf die Sequenz und Funktion der Proteine haben, wurden sie stets als neutral betrachtet.

Verhältnis synonyme zu nicht-synonyme Mutationen: Anzeiger für Selektion?

In der Evolutionsbiologie ist das Verhältnis zwischen der Anzahl nicht-synonymer und synonyme Mutationen in homologen (gleichartigen) proteincodierenden Genen verschiedener Organismen ein häufig gebrauchter Parameter. Dieses sogenannte **K_a/K_s -Verhältnis** (a = nicht-synonym, s = synonym) wird verwendet, um auf die Richtung und das Ausmaß der natürlichen Selektion zu schließen, die auf proteincodierende Gene wirkt. Ein K_a/K_s -Verhältnis von mehr als 1 bedeutet *positive Selektion* (die Veränderungen vorantreibt); weniger als 1 bedeutet *reinigende* oder *stabilisierende Selektion* (die Veränderungen entgegenwirkt); und ein Verhältnis von genau 1 bedeutet *neutrale* (d. h. keine) *Selektion*. Viele Tausend Veröffentlichungen auf dem Gebiet der Evolutionsbiologie verwenden diese Methode, die nur unter der Annahme gültig ist, dass synonyme Mutationen (K_s) in proteincodierenden Genen tatsächlich neutral oder nahezu neutral sind.

In der *Nature*-Veröffentlichung von Juni 2022 wurde nun ein experimenteller Nachweis veröffentlicht, wonach die mit dem K_a/K_s -Verhältnis verbundenen Annahmen möglicherweise nicht korrekt sind, da in repräsentativen Hefegenen auch synonyme Mutationen meist eindeutig nicht-neutral sind (Shen et al. 2022).

Die Experimentatoren der Studie erzeugten mehrere Tausend Hefemutanten, die synonyme und nicht-synonyme Mutationen für 21 Gene mit unterschiedlichen Funktionen und Expressionsniveaus (d. h. wie häufig die Gene abgeschrieben werden) trugen. Anschließend maßen sie die Fitness dieser Mutationen im Vergleich zum Wildtyp. **Es zeigte sich, dass 3/4 der synonymen Mutationen unerwartet zu einer signifikanten Verringerung der Fitness (d. h. der Überlebens- und Fortpflanzungsfähigkeit) führten**, und „die Verteilung der Fitness Effekte war insgesamt ähnlich – wenn auch nicht identisch – zwischen synonymen und nicht-synonymen Mutationen“ (Shen et al. 2022). Darüber hinaus fand man heraus, dass synonyme Mutationen häufig die Aktivität des mutierten Gens beeinträchtigen, indem zu viel oder zu wenig mRNA von dem Gen abgeschrieben wurde. Aus dem Ausmaß dieser Störung

konnte teilweise der Fitness-Effekt vorausgesagt werden. Außerdem erwies sich die dabei gebildete Boten-RNA (mRNA) als weniger stabil. Die Autoren kommen zu dem Schluss, dass die „starke Nichtneutralität der meisten synonymen Mutationen, falls sie auch für andere Gene und Organismen gilt, eine Überprüfung zahlreicher biologischer Schlussfolgerungen über Mutation, Selektion, effektive Populationsgröße, Divergenz-Zeit und Krankheitsmechanismen, die auf der Annahme beruhen, dass synonyme Mutationen neutral sind, erforderlich machen würde“ (Shen et al. 2022).

Diese experimentelle Arbeit stellt somit ein wichtiges theoretisches Konzept in Frage, nämlich dass synonyme Mutationen in proteincodierenden Genen in jeder Hinsicht neutral sind. Darauf aufbauende evolutionstheoretische Schlussfolgerungen über Selektionswirkung und die anderen im vorigen Zitat genannten Aspekte sind damit ebenso fragwürdig. Das könnte weitreichende Konsequenzen haben. Man wird allerdings abwarten müssen, ob sich die Ergebnisse an weiteren Organismen und Genen bestätigen werden.

Zwei Dinge kann man aus den neuen Befunden jetzt schon lernen: 1. Die Vernetzungen und Zusammenhänge der Vorgänge in den Lebewesen sind viel komplexer als bisher bekannt: Mutationen haben nicht nur Einfluss auf die Abfolge der Aminosäuren der Proteine, sondern können auch andere Aspekte verändern. 2. Einmal mehr zeigt sich: Wissenschaft ist vorläufig, und das kann auch für etablierte Konzepte gelten.

Quellen

Freeland SJ, Knight RD, Landweber LF & Hurst LD LD (2000) Early Fixation of an Optimal Genetic Code. *Molecular Biology and Evolution* 17, 511–518.
<https://academic.oup.com/mbe/article/17/4/511/1127636>

Podgrebar N (2022) Mutationen torpedieren Lehrmeinung.
<https://www.scinexx.de/news/medizin/stille-mutationen-sind-doch-schaedlich/>

Shen X, Song S, Li X et al. (2022) Synonymous mutations in representative yeast genes are mostly strongly non-neutral. *Nature*, <https://doi.org/10.1038/s41586-022-04823-w>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n302.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.03.21 Die Frage nach der Entstehung von Arten – ein Zwischenruf

Die Entstehung der Arten ist mit Charles Darwins berühmtem Buch ein grundlegender Denkansatz in evolutionären Konzepten. Bei der heutigen Kenntnis molekularbiologischer Zusammenhänge könnte man meinen, dass dieser Aspekt weitgehend geklärt sei. Drei Fachleute haben in einem Beitrag auf erfrischende Weise auf die Dinge hingewiesen, die wir derzeit nicht wissen.

Drei Biologen, Evolutionsbiologen und Populationsgenetiker, haben einen Perspektiv-Beitrag in „Science“ mit der Titelfrage überschrieben: Wie viele genetische Veränderungen sind für die Entstehung neuer Arten erforderlich?“¹ (Nosil, Feder & Gompert 2021). Sie eröffnen den Text mit dem Lehrbuchwissen, dass neue Arten die Vielfalt der Lebewesen bewirken und deren Neubildung oft evolutiv durch natürliche Selektion verursacht wird. Die folgende Feststellung aber lässt aufhorchen: Wie viele genetische Veränderungen zur Artbildung erforderlich sind, ist weitgehend unbekannt! Die Autoren führen verschiedene, von den Fachleuten diskutierte theoretische Modelle an. Wenn beispielsweise keine geographische Isolation im Spiel ist, erfolgt Artneubildung durch eine kleine Anzahl von Genen, was dem ausgleichenden Effekt durch den Genfluss (Vermischung) entgegenwirkt. Untersuchungen an Insekten und Pflanzen haben aber gezeigt, dass genetische Veränderungen in nur wenigen Bereichen des Genoms oft mit bestimmten Erscheinungsformen (Phänotyp) im Zusammenhang stehen und z. B. bei Schmetterlingen nur zu verschiedenen Morphen (Flügelmuster-Variationen), nicht aber zu neuen Arten führen. Nosil et al. führen auch die Buntbarsche (Cichlidae) an, in denen wenige Genbereiche die unterschiedlichen Farbmuster bestimmen. Aber neue Arten entstehen dadurch nicht. Damit meinen sie hier, dass zu einer stabilen, das Genom umfassenden Differenzierung auch eine veränderte Kiefergestalt und Körperform einbezogen werden müssen; dass also viele genetische Bereiche betroffen sind. Am Ende der Diskussion kommen die Autoren zu dem Schluss, dass bei der Artneubildung wenige oder viele Genbereiche involviert sein können; es komme dabei auf die Umstände an.

Die Autoren fügen an, dass noch viel Arbeit zu tun bleibt, um experimentell nach den ursächlichen Effekten der verschiedenen Einflussgrößen der Artbildung zu suchen. Sie äußern die Hoffnung, dass Evolutionsbiologen durch die Vereinigung von Theorie und empirischen Daten eine Möglichkeit haben, die Entstehung neuer Arten besser zu verstehen. Nosil et al. beschließen ihren Beitrag mit der Feststellung, dass eine grundsätzliche Hauptfrage das Ausmaß betreffe, in dem mikroevolutive Prozesse größere, makroevolutive Muster der Biodiversität erklären können, wie dies bei der Ausbreitung der Buntbarsche (Cichlidae) beobachtet werden kann.

Zunächst ist es erfrischend zu lesen, wie viel Unwissen hinter etablierten Lehrbuchaussagen stecken kann; das kann zu Freiraum für ungebundeneres Nachdenken führen. Für den Autor war der Schlusssatz insofern sehr aufschlussreich, als für die Vielfalt der Familie der Buntbarsche (Cichlidae) auf der chromosomalen Ebene durch die Mendel'schen Gesetze und auf der molekularbiologischen Ebene durch die transponierbaren Elemente, durchaus erfolgversprechende Erklärungsansätze vorliegen (Crompton 2019). Evolutionsbiologen aber haben noch eine viel größere Aufgabe zu lösen, nämlich wie die Fülle der unterschiedlichsten Baupläne der Lebewesen entstanden sein kann. Verglichen damit sind die Herausforderungen für diejenigen, die von einer Schöpfung ausgehen, bei diesem Thema relativ klein!

Literatur

Crompton N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. 1. Woher kommt die Artenvielfalt? Stud. Integr. J. 26, 86-92.

Nosil P, Feder JL & Gompert Z (2021) How many genetic chances create new species? Science 371, 777-779.

Anmerkung

¹“How many genetic chances create new species?“

Autor dieser News: Harald Binder

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n288.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.01.21 „Überraschungen der Evolution“

Evolutionäre Neuheiten entstanden als Nebeneffekte evolutionärer Veränderungen durch Neuverwendung schon vorhandener Bauteile. Auf genetischer Ebene teilen Arten ganz verschiedener Tierstämme einen ähnlichen „Baukasten“. Dies ermöglichte als Frucht der Evolutionsforschung auch medizinischen Fortschritt. So sieht es der Paläontologe Neil Shubin in einem Webinar-Beitrag. Tatsächlich sind die Befunde evolutionstheoretisch gar nicht leicht zu verstehen, lassen sich aber im Rahmen von Schöpfung befriedigend deuten.

Unter der Überschrift „Evolutions’s surprises“ fasste Sara Frueh von der National Academy of Sciences (USA) einen Vortrag des Paläontologen Neil Shubin zusammen, den dieser bei einem Webinar im April 2020 gehalten hat (Frueh 2020). Die „Überraschungen“ beziehen sich auf neuere evolutionstheoretische Vorstellungen.

Shubin findet es überraschend, dass die Veränderungen, die zu Schlüsselereignissen der Evolution wurden – wie die Eroberung des Landes ausgehend von Fischen, oder die Eroberung der Luft durch die Vögel – lange vor diesen Meilensteinen erfolgten und auch zu anderen Zwecken. So seien Lungen nicht entstanden, als die Tiere im Begriff waren, an Land zu gehen. Ebenso seien die Federn nicht entstanden, als die Tiere im Begriff waren, zu fliegen. Lungen bzw. Federn waren vielmehr in Formen ausgebildet, die „noch“ im Wasser bzw. noch an Land lebten – und eben nicht, um den Landgang bzw. den Flug zu ermöglichen. Vielmehr habe es Lungen und die Vierbeiner-Extremität bereits bei wasserlebenden Formen gegeben. Diese Merkmale seien nur „umfunktioniert“ worden, als es nötig war. Die Lungen hätten Fischen ermöglicht, Luft von der Wasseroberfläche zu schlucken, wenn der Sauerstoffgehalt zu niedrig war, um genügend davon durch die Kiemen zu erhalten. Die schon vorhandenen Lungen konnten dann beim Landgang verwendet werden. Und der von Shubin und seinem Team entdeckte *Tiktaalik roseae* besaß landtierartige Gliedmaßen, obwohl er wie ein Fisch im Wasser lebte. Ähnlich wird bei vogeltypischen Merkmalen argumentiert: Beispielsweise hätten sich Federn vermutlich entwickelt, um die Körpertemperatur der Dinosaurier zu regulieren, oder vielleicht zur Färbung und Balz. Später seien sie als Teil des Flugapparats verwendbar gewesen. **„Es ging darum, alte Erfindungen auf neue Art und Weise für neue Zwecke zu nutzen“**, so Shubin. „Das ist es, worum es in der Evolution geht.“



Abb. 1: Nachbildung des Skelettfundes von *Tiktaalik roseae*. (Wikimedia: Tiktaalik_belgium.JPG: Esv derivative work: Petter Bøckman (talk) - Tiktaalik_belgium.JPG, CC BY-SA 3.0)

Indirekter Evolutionsweg ohne Ziel? Die Einschätzung von Shubin ist doppelt interessant. Zum einen: Die hypothetische evolutive Entstehung von Schlüsselmerkmalen soll nicht direkt erfolgen, also nicht so, als ob diese direkt angesteuert würden. Klar, möchte man sagen, Evolution erfolgt nicht zielorientiert. Evolutionstheoretiker werden nicht müde, das zu betonen. **Zielorientierung ist nur möglich, wenn man einen Schöpfer annimmt, doch diese Möglichkeit wird in der Regel ausgeschlossen.** Also müssen scheinbare Ziele so erreicht werden, als hätte man nie darauf abgezielt, selbst wenn es sich wie bei den Vierbeinern und den Vögeln um die Eroberung eines ganz neuen Lebensraums geht.

Zum anderen kommt Shubin aber auch bei der Beschreibung eines evolutiven Umweges bzw. evolutiver Vorstufen nicht ohne die Zweckkategorie aus. „Wozu“ sind die Einrichtungen für den Landgang bzw. für das Fliegen entstanden, wenn nicht für die Eroberung des Landes bzw. der Luft? „Zu anderen Zwecken“, sagt Shubin, was doch wieder eine Zielvorgabe impliziert. Evolutionstheoretiker haben sich seit Darwin jedoch zum Ziel gesetzt, Evolutionsmechanismen als rein natürliche Prozesse zu beschreiben. **Die offensichtliche Zweckmäßigkeit der Strukturen des Lebens holt die Biologen jedoch immer wieder ein.** Um eine bestimmte Zielorientierung (z. B. fürs Fliegen; „for fly“) zu vermeiden, weicht man auf ein anderes Ziel aus (z. B. Regulation der Körpertemperatur oder die Balz).

Sind die Szenarien plausibel? Der Grundgedanke von Shubin ist nicht neu. Schon im Biologiestudium konnte man vor über 50 Jahre lernen, dass Neuheiten in der Evolution auftreten würden, weil es „Voranpassungen“ (Präadaptionen) gebe – wobei „Anpassung“ wiederum ein teleologischer Begriff ist (also ein Begriff, der ein Ziel beinhaltet). Aber davon abgesehen – hilft dieses Konzept weiter? Vielleicht ein bisschen, aber nicht, um die entscheidenden Veränderungen zu erklären. Wenn beispielsweise Federn ursprünglich der Thermoregulation oder der Balz dienten, haben solche „Federn“ damit noch praktisch keine Eigenschaften, die zum Fliegen verhelfen. Die eigentliche Herausforderung, nämlich die zahlreichen fürs Fliegen erforderlichen anspruchsvollen Eigenschaften zu erwerben, wäre evolutiv erst noch zu meistern (genauer erläutert wird das in Junker [2017]). Ähnlich ist die

Problematik bei der Entstehung der Fortbewegung auf dem Land. Es sind ganz andere Anforderungen zu bewältigen, um sich mit einer Vierbeiner-Extremität auf dem Land fortzubewegen, als wenn man das im Wasser tut bzw. – evolutionär betrachtet – wenn man das bisher nur im Wasser gemacht hat.

Wie kann man die Befunde interpretieren, wenn man von Schöpfung ausgeht? Shubin stellt fest, dass Merkmale, die typisch für eine bestimmte Lebensweise sind (Leben auf dem Land oder in der Luft), in teils ähnlicher Form auch bei Arten vorkommen, die andere Lebensräume besiedeln. Es gibt landlebende Dinosaurier mit haarartiger Körperbedeckung (die man nicht unbedingt als „Federn“ bezeichnen muss), mit hohlen Knochen und diversen weiteren vogeltypischen Merkmalen. Und es gibt Fische mit Fingern und mit einfachen Lungen. Die Merkmale sind jedoch auf die verschiedenen Arten bzw. Gattungen häufig so unsystematisch verteilt, dass sie keine geradlinige Evolution belegen, sondern in unterschiedlichen Kombinationen auftreten. Dies führt dazu, dass keine widerspruchsfreien Baumschemata konstruiert werden können, sondern viele Konvergenzen angenommen werden müssen. Sehr ausgeprägt ist das bei den Theropoden-Dinosauriern der Fall, die in die Nähe der Vögel gestellt werden (Junker 2019).

Shubin spricht von einem „Baukasten“ auf genetischer Ebene; und es scheint, dass auch auf morphologischer Ebene eine Art Baukastensystem erkennbar ist. Was die Gene betrifft, sagt Shubin: „Der grundlegende Werkzeugkasten, der die Körper von Lebewesen wie uns und Mäusen aufbaut, wird mit Würmern, Fliegen und Fischen geteilt.“ Und er deutet diesen Befund evolutionstheoretisch so: „Alle Werkzeuge, die zum Aufbau unseres Körpers verwendet werden, sind ursprünglich in Fliegen und anderen Lebewesen entstanden.“ **Ein Baukastensystem ist aber im Rahmen eines Schöpfungsparadigmas leicht zu verstehen. Denn ein Schöpfer ist in seinem Handeln frei; er kann Merkmale erschaffen und kombinieren, wie er will; nur sollten die Lebewesen überlebensfähig sein. Dagegen ist Evolution an einen natürlichen, nicht-zielgerichteten Mechanismus gebunden.** Wie aber kommt es ohne Zielvorgabe durch rein natürliche Mechanismen unabhängig immer wieder zu ähnlichen Bauelementen? Und wie wurde der Baukasten zu Beginn zusammengestellt?

Anwendung in der Medizin? Da es eine Art Baukasten auf genetischer Ebene gibt und die Arten verschiedenster Tierstämme daran teilhaben, sieht Shubin positive Konsequenzen aus der evolutionsbiologischen Forschung für die Medizin. „Diese Verbindungen ermöglichen wissenschaftliche und medizinische Entdeckungen, die letztlich auch dem Menschen helfen können“, erklärt Shubin. Denn wenn man versteht, wie Gene in Tieren bei Gesundheit und Krankheit an- und abgeschaltet werden, lerne man medizinisch relevante Dinge auch über den Menschen, bei dem dieselben Gene vorkommen. Doch das hat an sich mit Evolution nichts zu tun, sondern – sofern die Übertragung der Erkenntnisse auf den Menschen wirklich tragfähig ist – mit dem Baukastensystem, das, wie erwähnt, aus der Sicht der Schöpfungslehre plausibler erscheint und leichter verstehbar ist als aus der Sicht einer ziellos verlaufenden Evolution.

Anmerkung

Originalzitate unter <https://www.nationalacademies.org/news/2020/08/evolutions-surprises>

Quellen

Frueh S (2020) Evolution's Surprises.
<https://www.nationalacademies.org/news/2020/08/evolutions-surprises>

Junker R (2017) Dino-Federvieh – Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug.
https://wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-17-1_feder-und-flug.pdf

Junker R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde.
https://wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n284.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

01.10.19 Gregor Mendel, die Entstehung der Arten und Schöpfung

Der Augustinermönch Gregor Mendel ist für seine Vererbungsgesetze bekannt. Kaum jemand weiß jedoch, dass Mendel ein Konzept entwickelt hat, das eine Erklärung der Entstehung einer großen Formenvielfalt innerhalb genetischer Familien (Grundtypen) innerhalb weniger Generationen ermöglicht. Dieses Konzept erweist sich gerade angesichts aktueller Befunde als ausgesprochen fruchtbar. Zugleich ist es für die Modellierungen im Rahmen der Schöpfungslehre von besonderem Interesse.

Die Frage, wie Artbildung erfolgt, also die Aufspaltung von einer Art in zwei oder mehr Tochterarten, gehört zu den zentralen Fragen der Biologie. Charles Darwins epochemachendes Werk „*On the Origin of Species*“ trägt diese Frage implizit im Titel. Im Gefolge Darwins sollen Arten sich dadurch auseinanderentwickeln und aufspalten, dass sich nach und nach Mutationen ansammeln, Populationen geographisch getrennt werden und in den getrennten Populationen unterschiedliche Selektion wirkt. Im Laufe der Zeit sollen schließlich Fortpflanzungsbarrieren entstehen (genetische Isolation). **Auf dieser Basis werden große Zeiträume für die Bildung neuer Arten veranschlagt.** Dieses Verständnis ist heute Mainstream in der Evolutionsbiologie.

Ein Zeitgenosse Darwins, der Augustinermönch Gregor Mendel, der als Vater der modernen Genetik bezeichnet wird, verfolgte ein ganz anderes Konzept. Dieses ist weitgehend übersehen worden, erweist sich aber gerade angesichts der Befunde über sehr schnelle Artbildungsprozesse als ausgesprochen aktuell und fruchtbar. Es beruht auf präexistenter Vielfalt durch präexistente genetische Programme und **ermöglicht Artbildung innerhalb weniger Generationen, da die Unterschiede zwischen den Arten nicht in langwierigen Mutations-Selektions-Zyklen aufgebaut werden müssen, sondern von Beginn an bereits angelegt sind.** Mendels **Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen** erweist sich angesichts zahlreicher neuerer Befunde als ausgesprochen nützlich zum Verständnis der Veränderung von Arten innerhalb genetischer Familien.

Nigel Crompton, Biologe an der Cornerstone-University (Michigan/USA; <https://www.cornerstone.edu/staff/nigel-crompton>) hat sich mit Mendels Konzept und Mendel'scher Artbildung intensiv befasst und seine Ergebnisse in einem Internet-Artikel der Studiengemeinschaft Wort und Wissen publiziert. Dieses Konzept erweist sich angesichts einer zunehmenden Anzahl von Beispielen schneller Artaufspaltungen innerhalb von Grundtypen als sehr fruchtbar: Die Formenvielfalt innerhalb von Grundtypen „lebt“ von latenten (= verborgenen), präexistenten Variationsprogrammen, die im Laufe von Generationen durch Homozygotisierung (= Reinerbig-Werden), durch Wechselwirkung zwischen verschiedenen Genen (Epistasie) und durch Springen von Genen ausgeprägt werden. Die heute vorliegenden Befunde sind damit besser in einem Schöpfungsrahmen verstehbar als im Rahmen neodarwinistischer Modellierungen.

Zusammenfassung von Cromptons Arbeit

„Mendels bahnbrechende wissenschaftliche Abhandlung aus dem Jahre 1866, Versuche über Pflanzenhybriden, ist voller Überraschungen und tiefer Einsichten. In ihr beschreibt er Eigenschaften von Hybriden, die sowohl dominante als auch rezessive Merkmalsausprägungen haben, und legt dar, dass rezessive Merkmalsausprägungen in den Hybriden latent vorhanden sind. Er beschreibt, wie diese latenten Merkmalsausprägungen

exprimiert werden und neue Sorten und Arten von Hülsenfrüchten erzeugen können. Mendels Entdeckungen lassen die genetische Strategie hinter der Entstehung der Arten (innerhalb von separaten Familien) erkennen. Sein Gesetz der Kombinationen von Merkmalsausprägungen resultiert durch meiotische Rekombination.

Eigenartigerweise wird dieses Mendel'sche Gesetz von Biologen meistens übersehen oder bewusst ignoriert. Dabei lässt sich mit Hilfe dieses Gesetzes die Entstehung einer großen Anzahl von phänotypischen Variationen zufriedenstellend erklären. **Wenn alternative Kombinationen von Merkmalsausprägungen in den Nachkommen fixiert werden, kann daraus eine Fülle von neuen Arten und Gattungen entstehen.** Die für diese (neuen) Arten notwendige Information ist bereits vorhanden, aber sie befindet sich latent in den Geschlechtszellen, und zwar in ihrer DNA, wie wir heute wissen. Die Information wird durch Prozesse wie Dominanz, Epistasie* und Transposition* in einem latenten Zustand gehalten, wie man das bei einigen der von Mendel untersuchten Merkmale feststellen kann. Aus der Rekombination dieser Information ergeben sich Familien von Organismen. Die im pan-heterozygoten* Genom* einer Vorfahrenpopulation vorhandene Information erfährt aufeinander folgende Meiosen* und lässt dadurch verschiedene Kombinationen von homozygoten* dominanten und rezessiven Merkmalen entstehen, aus denen dann die zahlreichen Arten und Gattungen entstehen, die zusammen eine separate Familie bilden. Wenn neue Kombinationen von homozygoten Merkmalen auftreten, sorgt die Fortpflanzungsisolierung dafür, dass sie fixiert bleiben. Die Selektion ihrerseits begünstigt in jeder einzelnen Situation lediglich die geeignetste dieser Kombinationen.

*Wörterklärungen:

- Epistasie (= Wechselwirkung zwischen Genen)
- Transposition (= Springen von Genen an neue Positionen im Erbgut)
- pan-heterozygot (= umfassend mischerbig)
- Genom (= Erbgut)
- Meiose (= Reifeteilung von Geschlechtszellen)
- homozygot (= reinerbig)

Es stellt sich heraus, dass Mutationen zwar einen zusätzlichen Beitrag zur phänotypischen Vielfalt der Arten leisten, jedoch nicht notwendig sind, um die umfangreichen Merkmalsunterschiede hervorzubringen, die man innerhalb der Arten beobachten kann. Für die Entstehung der phänotypischen Artenvielfalt von Familien spielen sie keine notwendige Rolle. Wallace und Darwin hatten zwar Variation und Anpassung beobachtet; da sie aber die Entdeckungen Mendels und die ihnen zugrunde liegenden Mechanismen nicht kannten, kamen sie zu dem Trugschluss, es könne grenzenlose Variationsmöglichkeiten geben. Neue Kombinationen von Merkmalsausprägungen spiegeln die Ausprägung zuvor schon latent vorhandener Information wider. Die Summe aller dieser Kombinationen stellt die Grenzen dar, innerhalb derer eine Familie sich durch Ausprägung der angelegten Möglichkeiten entfalten kann. Diese intrafamiliäre oder *cis*-Evolution erzeugt einen separaten Abstammungsbaum des Lebens. Mehrere solcher separater Familien (Bäume) ergeben einen Wald des Lebens. Die Entdeckungen Mendels, die er in seiner faszinierenden wissenschaftlichen Abhandlung wiedergibt, waren die Geburtsstunde der Wissenschaftsdisziplin der Genetik und zeigten, woher neue Arten rasch und auch lebensfähig entstehen können.“

Der komplette Artikel (32 Seiten, PDF) kann hier heruntergeladen werden:

http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-3_mendel.pdf

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n270.php

19.06.17 Spannendes Buch über die grundlegende Krise von Evolutionstheorien

In seinem im Jahr 2016 erschienenen Buch „Evolution: Still a theory in crisis“ formuliert der Biochemiker Michael Denton grundlegende Kritik an (neo-)darwinistischen Evolutionstheorien und untermauert sie mit einer großen Anzahl von verschiedensten Beispielen. Seine Kritik spielt dem Schöpfungsgedanken in die Hände.

30 Jahre nach der Veröffentlichung seines vielbeachteten Werks „Evolution: A theory in crisis“ veröffentlichte der britisch-australische Biochemiker Michael Denton ein Nachfolgewerk: „Evolution: Still a theory in crisis“ (Seattle: Discovery Institute Press). Schon der Titel macht deutlich, dass er seine im Jahr 1985 formulierte Kritik an Evolution auch nach vielen neuen Erkenntnissen und vielen neuen Fossilfunden bestätigt sieht. Die Hauptthese lautete damals: *Die Natur ist im Wesentlichen diskontinuierlich; es gibt systematische Sprünge*. Höhere **Taxa*** und Taxa-definierende **homologe*** Merkmale sind deutlich abgrenzbar.

*Begriffe:

- Taxa (= systematische Einheiten)
- homolog (= bauplangleich)

Wenn Denton Recht hat, ist das ein fundamentales Problem für (neo-)darwinistische Vorstellungen von einer graduellen Evolution, die durch das Wechselspiel von zukunftsblinden Mutationen und gegenwartsbezogener natürlicher Auslese vorangetrieben wird – auch wenn Denton das Evolutionsparadigma als Rahmen akzeptiert.

Strukturalismus und Funktionalismus. Die Problematik für Evolution wird nach Denton durch die Gegenüberstellung von Strukturalismus und Funktionalismus deutlich. Nach dem **Strukturalismus** sind wesentliche Teile des Bauplans von Lebewesen (Homologien, höhere Taxa definierende Merkmale) durch grundlegende interne Zwänge oder durch physikalische Faktoren bestimmt. Die Strukturen sind primär und ermöglichen Funktionen.

Dagegen sind nach dem **Funktionalismus** die Funktionen der Organe primär. Diese Sicht ist für die (neo-)darwinistische Theorie grundlegend: Die Organe seien während der Evolution aufgrund funktioneller Notwendigkeiten durch kumulative Selektion und Anpassung entstanden – in vielen kleinen Schritten, wie Darwin betonte. Nicht physikalische Gesetzmäßigkeiten und innere Zwänge sind entscheidend, sondern von Beginn an und jederzeit Anpassung an die Umwelt und die Funktion des jeweiligen Organs. Der Gegensatz beider Anschauungen kann in einer Frage so gefasst werden: *Bestimmt die Struktur die Funktion oder bestimmt die Funktion die Struktur?*

Dentons Buch ist ein Plädoyer für den Strukturalismus und somit eine Kritik des Darwinismus und der darauf aufbauenden neueren Synthesen. Das zeigt er anhand einer großen Anzahl verschiedenster Beispiele und Phänomene und auch durch Zitate zeitgenössischer Wissenschaftler. Denton legt dar, dass die wesentlichen Bauplan-Merkmale weder durch heutige funktionelle Erfordernisse verstanden werden können noch durch die Annahme, dass ursprünglich (bei ihrer Entstehung) ihre Funktion entscheidend war. Anpassungsvorgänge und Selektion spielen nur eine untergeordnete Rolle bei der mikroevolutiven Feinabstimmung von Organen auf unterschiedliche Umweltbedingungen

Das *Auftreten* von Neuheiten sei also nicht primär durch funktionelle Notwendigkeit begründet, wie von (neo-)darwinistischen Ansätzen angenommen, sondern durch interne und naturgesetzliche Zwänge bedingt; nur deren *spezielle Anpassungen* könnten darwinistisch erklärt werden.

Interessant sind Dentons Ausführungen zur **Wissenschaftsgeschichte**. Er zeigt, dass Charles Darwin und seine Nachfolger *in der Sache* zu Unrecht als Sieger im Theorienwettbewerb zur Entstehung der Baupläne erklärt wurden. Die nach Darwin übliche Darstellung, die Biologen vor Darwin hätten ihre Überzeugungen auf ihren metaphysischen Glauben gegründet, stelle die Realität auf den Kopf und sei ein Mythos, den die Neodarwinisten geschaffen hätten. Denn in Wirklichkeit hätten die Biologen vor Darwin ihre Sicht von Typen des Lebens als unveränderliche Bestandteile der Weltordnung gerade nicht aus metaphysischen Vorgaben abgeleitet, sondern aus empirischen Befunden.

Kritik. Dentons Grundthese lautet: Das Leben und seine Bauelemente sind integrale Bestandteile der Natur bzw. der kosmischen Ordnung und entstehen wie die Atome oder Kristalle letztlich aufgrund der Eigenschaften der Materie mit Notwendigkeit. Diese Grundthese versucht er mit einer Analogie aus dem anorganischen Bereich zu untermauern: den Formen, die Wasser bilden kann. Doch eine solche Argumentation ist höchst fragwürdig. Denn den anorganischen Beispielen fehlt eine entscheidende Eigenschaft, die die Strukturen von Lebewesen aufweisen: *funktionale Komplexität*. Lebewesen machen sich aktiv die Naturgesetzmäßigkeiten zunutze; sie sind mit Möglichkeiten ausgestattet, dies tun zu können. Ihre Organe und ihr ganzer „Betrieb“ arbeiten den natürlichen Zerfallstendenzen entgegen. Im nicht-lebenden Bereich der Schöpfung fehlt genau das.

So bleibt vage und unklar, *inwiefern* die Grundstrukturen der Lebewesen eine Folge von Gesetzmäßigkeiten und internen Zwängen seien, sprich wie diese die Strukturen der Lebewesen hervorbringen. Denton zeigt mit vielerlei Argumenten und gut begründet, dass kleinschrittige Anpassungen keinen Weg zu den Basisstrukturen des Lebens ebnen, da zahlreiche morphologische, physiologische und genetische Änderungen *en bloc* neu auftreten und aufeinander abgestimmt sein müssen, und dass somit die (neo-)darwinistische Erklärung nicht zielführend ist. Aber die strukturalistische Alternative bleibt im Ungefähren. Gelegentlich spricht Denton von „Vor-Arrangements“ oder Prädispositionen. Nur wenn die Natur speziell bzw. gezielt vor-arrangiert war für die Verwirklichung von Neuheiten, sei deren sprunghafte Entstehung denkbar. Aber woher kommt dann dieses Vor-Arrangement?

Dentons Kritik am funktionalistischen Ansatz erscheint zwar gut begründet, doch kann er seinen strukturalistischen Ansatz genau so wenig empirisch begründen. Seine Kritik spielt jedoch dem Schöpfungsdenken in die Karten und die von ihm vorgetragenen Befunde können als klare Hinweise auf einen Schöpfer gewertet werden, so wie es die Typologen (wie Cuvier, Owen und von Baer) im 18. und 19. Jahrhundert vertreten haben.

Eine ausführliche Buchbesprechung ist unter <http://www.wort-und-wissen.de/info/rezens/b56.html> frei verfügbar.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n249.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.12.14 „Brauchen wir eine neue Evolutionstheorie?“

Unter der Fragestellung „*Does evolutionary theory need a rethink?*“ erschien Anfang Oktober in der Wissenschaftszeitschrift *Nature* ein Pro und Contra zweier Gruppen von Wissenschaftlern. Ende November wurde eine deutsche Übersetzung veröffentlicht.¹ Die Auseinandersetzung zeigt, dass es nicht die eine, alles erklärende Evolutionstheorie gibt, sondern eine Vielzahl von theoretischen Ansätzen, die zum Teil miteinander konkurrieren oder gar einander ausschließen. Manche Ansätze laufen darauf hinaus, dass eine Zielorientierung angenommen werden muss. Das erinnert an den Design-Ansatz, doch die Quellen für Zielsetzungen werden in den Lebewesen gesucht, während ein willensbegabter geistiger Urheber tabu ist.

Als im Jahr 1959 das hundertjährige Jubiläum von Charles Darwins Evolutionstheorie gefeiert wurde, galten die wesentlichen Fragen der Evolutionsforschung als geklärt. Dazu gehörte auch der auf Darwin zurückgehende Mechanismus von Variation und Selektion (natürliche Auslese), der als rein natürlicher Prozess verstanden wird und gleichsam naturgesetzmäßig verlaufen soll. Die Variationen innerhalb von Arten entstehen demnach durch Mutationen, das sind Änderungen des Erbguts, die richtungslos in Bezug auf potenzielle Ziele verlaufen (und in diesem Sinne zufällig sind). Die durch Mutationen entstandenen Varianten bilden das Rohmaterial, das der Selektion zur Verfügung steht. Bei Überproduktion der Nachkommen gelangt tendenziell nur der bestangepasste Teil selbst zur Fortpflanzung und kann seine Merkmalsausprägungen an die nächste Generation weitergeben. Dieses Wechselspiel von Zufallsvariation (Mutation) und Auslese (Selektion) soll im Laufe großer Zeiträume dafür sorgen, dass Arten sich nicht nur an wechselnde Umweltbedingungen anpassen, sondern letztlich auch neue Baupläne mit völlig neuen Bauelementen entstehen.² Seit den 1930er und 1940er Jahren hatte sich die Synthetische Evolutionstheorie etabliert und war viele Jahrzehnte ziemlich unangefochten. Deren Szenario war weitgehend Konsens im Jahr 1959 und im Großen und Ganzen bestimmt diese Sicht die öffentliche Darstellung des evolutionären Prozesses bis in unsere Zeit.

Doch diese Situation hat sich mittlerweile grundlegend geändert. Eine Fülle neuer Ansätze für kausale Evolutionstheorien wurde in die Diskussion eingebracht und viele Fachartikel beginnen mit Feststellungen wie: „... we have made relatively little progress in understanding how novel traits come into being in the first place“ (Moczek 2008, 432) oder: „How body pattern evolves in nature remains largely unknown“ (Cleves et al. 2014, 13912). Diese Einschätzungen überraschen, da doch schon vor über 50 Jahren häufig zu lesen und zu hören war, die Frage nach den Evolutionsmechanismen sei im Wesentlichen geklärt. Offenbar ist einer wachsenden Zahl von Biologen bewusst geworden, dass mit den einst als vollständig erachteten kausalen Faktoren der Synthetischen Theorie nichts wirklich Neues zustande kommt. Evolution, als naturgeschichtlicher Prozess, aber gilt dessen ungeachtet als nicht hinterfragbare Tatsache. Also muss nach neuen Wegen gesucht werden, auf denen u. a. die Entstehung neuer Baupläne verlaufen konnte.

Eine Gruppe von Evolutionsbiologen sieht nach wie vor keinen Grund zu einem grundsätzlichen Umdenken in der Frage nach den Triebfedern und Mechanismen der Evolution. Andere dagegen fordern eine deutliche Erweiterung bisheriger Theorien. Mittlerweile haben sich in dieser Frage verschiedene Lager gebildet. Dieser Eindruck wird bestätigt, wenn man ein Pro und Contra verfolgt, dass die Wissenschaftszeitschrift *Nature* Anfang Oktober veröffentlicht hat (Laland et al. 2014, Wray et al. 2014). Eine Gruppe, vertreten durch acht Wissenschaftler meint, die Evolutionstheorie brauche dringend ein Umdenken, es sei eine Erweiterte Evolutionäre Synthese (EES) unter Einbeziehung bisher

vernachlässigter Disziplinen erforderlich (Pro-Gruppe). Das sei kein Sturm im Wasserglas, sondern ein Kampf um die Seele der Evolution. Sieben Wissenschaftler, die die traditionelle Sicht vertreten (Contra-Gruppe), halten dagegen: Mit der (kausalen) Evolutionstheorie sei alles in Ordnung. Das verfügbare Wissen, dass die Pro-Gruppe einfordere, sei schon berücksichtigt oder ließe sich auch in Zukunft in den bekannten Rahmen einfügen. Es gebe keinen Anlass für eine Neukonzeption.

Vier Bausteine für eine Erweiterte Evolutionäre Synthese

Die Pro-Gruppe nennt vier Aspekte, die nach ihrer Auffassung in der Standard-Evolutionstheorie nicht *als Evolutionsfaktoren* berücksichtigt, sondern als deren bloße Folge angesehen würden:

- Der genzentrierte Ansatz (Genänderungen als Initialzündungen) müsse ergänzt werden durch die Berücksichtigung zahlreicher Wechselwirkungen mit äußeren und inneren Einflüssen während der ontogenetischen Entwicklung. Diese führen u. a. zu Einschränkungen der Entwicklungsrichtungen („developmental bias“, **Entwicklungszwänge**) und begrenzen damit mögliche Variationen von Merkmalsausprägungen ein Stück weit (es erfolgt quasi eine Kanalisierung), bevor die Umweltselektion wirkt.
- Die Umweltbedingungen haben nicht nur eine passive Rolle als Selektionsfaktoren, vielmehr werde die Umwelt durch die Lebewesen aktiv mitgestaltet (**Nischenkonstruktion**); dadurch beeinflussen die Lebewesen selbst auch ihre eigene Evolution.
- Durch die **Plastizität** der Lebewesen (Änderungen infolge von Umweltreizen – ohne Genänderungen!) sei eine schnelle Anpassung und sogar die Offenlegung bisher verborgener Merkmale möglich, die nachfolgend durch Genvariationen (Mutationen) dauerhaft sichtbar fixiert werden können.
- Extragenetische Veränderungen (**Epigenetik**) in der Gen-Regulation könnten wie die Gene selber ebenfalls vererbt werden und Einfluss auf Evolution nehmen.

Die Contra-Fraktion hält dagegen, dass die genannten vier Phänomene zwar tatsächlich bedeutende evolutionäre Prozesse und Gegenstand ihrer eigenen Forschungen seien, dass sie aber nicht dermaßen in den Fokus gerückt werden müssten, dass die Einführung einer neuen Bezeichnung wie „Erweiterte Synthese in der Evolutionstheorie“ gerechtfertigt sei. Es treffe nicht zu, dass diese Faktoren in der Standard-Evolutionstheorie vernachlässigt würden. Vielmehr gebe es nur neue Namen für alte Konzepte. Von der Standard-Evolution werde durch die Vertreter der EES eine Karikatur gezeichnet. Weiter sei es verfehlt, eine Gen-Zentriertheit zu kritisieren, denn Veränderungen im Erbgut hätten einen wesentlichen Anteil an Anpassung und Artbildung, was in vielen Fällen auch genau belegt sei (z. B. Antibiotikaresistenzen oder Laktosetoleranz beim Menschen). Es sei außerdem nicht geklärt, ob die Plastizität genetische Variationen im Rahmen des Adaptationsprozesses tatsächlich steuern bzw. fixieren kann. Ebenso sei die Rolle der Entwicklungszwänge (developmental bias) auf die Evolution adaptiver Merkmale schwer zu bestimmen. Schließlich gebe es keine stichhaltigen Beweise für eine tragende Rolle vererbter, epigenetischer Modifikationen auf evolutionäre Anpassung. In den vier o. g. Phänomenen sieht die Contra-Gruppe daher lediglich Erweiterungen der bislang favorisierten zentralen Prozesse des evolutionären Wandels (natürliche Selektion, Drift, Mutation, Rekombination und Genfluss). Die neu eingeforderten Mechanismen seien allesamt nicht essentiell für die Evolution, sondern

modifizieren lediglich die bekannten Erklärungen für evolutionäre Prozesse unter gewissen Umständen.

Kommentar

Diese Auseinandersetzung zeigt, dass es entgegen vieler öffentlicher Verlautbarungen nicht die eine, alles erklärende Evolutionstheorie gibt, sondern eine Vielzahl von theoretischen Ansätzen, die zum Teil miteinander konkurrieren oder gar einander ausschließen (vgl. dazu Ullrich 2010). Diese Situation resultiert aus dem wissenschaftlichen Erkenntnisprozess und dokumentiert an sich einen normalen innerwissenschaftlichen Prozess. Die Brisanz ergibt sich in diesem Fall aus dem Forschungsgegenstand Evolution. **Evolution wird einerseits als historisches Faktum vorausgesetzt, konnte andererseits aber auch über 150 Jahre nach Darwin bisher kausal nicht erschlossen werden.** Eine Reihe von Wissenschaftlern hält beim gegenwärtigen Wissensstand die Standard-Evolutionstheorie für so ungenügend, dass sie eine substanzielle Erweiterung für erforderlich halten. **Die Frage nach den Mechanismen erscheint weniger klar denn je. Die Vielfalt neuer Ansätze ist genau dafür ein gewichtiges Symptom.** Es wäre wichtig, wenn dieser Aspekt stärker auch ins öffentliche Bewusstsein treten und bei der Debatte um Schöpfung und Evolution Berücksichtigung finden würde.

Ob die Lösungsansätze der Pro-Gruppe erfolgversprechend sind, ist bislang zweifelhaft, und zwar aus folgenden Gründen. Zwei der vorgeschlagenen Ansätze – die Berücksichtigung der Plastizität und der epigenetischen Vererbung für Erklärungen evolutionärer Innovationen – ermöglichen für sich alleine gar keine Evolution, da nach bisheriger Kenntnis die betreffenden Änderungen jederzeit rückgängig gemacht werden können und in der Regel nicht stabil (oder gar nicht) an die nächsten Generationen weitergegeben werden. In beiden Fällen handelt es sich um Änderungen, die zunächst in irgendeiner Form – ausgelöst durch Umweltreize – abgerufen werden und keine Änderungen im Erbgut beinhalten. Bei erneuten Änderungen dieser Umweltreize ändern sich aber auch die betreffenden Merkmalsausprägungen und fallen z. B. in den vorherigen Zustand zurück. Was ist dann für die Evolution gewonnen? **Aufgrund von Umweltreizen oder epigenetisch gesteuerte Veränderungen müssen also nachfolgende Merkmalsvarianten durch passende Mutationen gleichsam festgehalten (fixiert) werden, und diese müssen dann sich in „klassischer Weise“ in den Populationen durchsetzen.** Die Kritik der Contra-Gruppe ist an dieser Stelle daher verständlich. Die Mutmaßung, dass durch plastische Reaktionen konstruktive Neuheiten entstehen können, ist experimentell nicht nachvollzogen und auch theoretisch sehr unwahrscheinlich. Eine Zusammenfassung der Ansätze findet sich bei Junker (2014). **Beide Faktoren – Plastizität und Epigenetik – sind aber aus einer Schöpfungsperspektive sehr interessant,** ermöglichen sie doch den Lebewesen eine weitreichende Anpassungsfähigkeit und enorme Flexibilität bei wechselnden Umweltbedingungen (Näheres bei Junker 2014).

Dass ontogenetische Entwicklungszwänge evolutionär weiterhelfen sollen, ist ebenfalls fragwürdig. Denn Entwicklungszwänge und kanalisierende Randbedingungen während der Ontogenese „filtern“ zwar einerseits unpassende bzw. inkompatible Veränderungen aus, so dass nur ein Teil der potentiell möglichen Veränderungen eine Ausprägung im Erwachsenenalter erfährt – damit erfolgt eine interne Vorselektion der neuen Varianten. Aber weshalb soll andererseits dies dazu beitragen, dass *neue Formen* entstehen? Durch den Verweis auf ontogenetische Entwicklungszwänge wird nur ein problematischer Aspekt der Standard-Evolutionstheorie entschärft, nämlich die Zufälligkeit der Veränderungen der Evolution zur Verfügung stehenden „Rohmaterials“. **In dieser Zufälligkeit wird offenbar**

ein Problem gesehen, aber die vorgeschlagenen Lösungen helfen nicht in Bezug auf die Entstehung von Neuheiten. Ähnliche Kritik kann man beim Faktor „Nischenkonstruktion“ formulieren.

Design in der Natur

Bemerkenswert ist im Beitrag der Pro-Gruppe ein Satz über den Design-Ansatz („Intelligent Design“). Die Autoren mutmaßen, dass „die Evolutionsbiologen auch – gejagt vom Schreckgespenst des Intelligent Design – eine geschlossene Front gegenüber wissenschaftsfeindlichen Ansätzen bilden“ möchten. Diese Befürchtung ist berechtigt (nicht aber die Unterstellung der Wissenschaftsfeindlichkeit). Denn die Mängel der Standard-Evolutionstheorie begünstigen eben auch ganz alternative Ansätze wie den Design-Ansatz und zwar genau aus dem Grund, weshalb die Pro-Gruppe nach neuen naturalistischen Ansätzen sucht: Es braucht eine wie auch immer geartete Steuerung: Plastizität, Epigenetik, Entwicklungszwänge und Nischenkonstruktion haben nämlich in den Augen der Pro-Gruppe eines gemeinsam: **Man sieht Bedarf an der Eindämmung des Zufalls und an gezielter Anpassung; die Umweltselktion wird dafür als nicht ausreichend erachtet.** Im Grunde genommen werden mit diesen Ansätzen Zielorientierungen eingeführt; die sich aus dem Organismus selbst heraus ergeben sollen. Das aber stützt eine Art Design-Ansatz, mit der paradoxen Besonderheit, auf eine intentionale (willensbegabte) geistige Quelle zu verzichten. Die Integration einer intentionalen geistigen Quelle als Erklärungsoption für das Sosein des Lebens ist im wissenschaftlichen Mainstream nämlich tabu. Man wird also weiterhin natürliche Mechanismen suchen und auf den Prüfstand stellen, um rein natürliche, blinde, nichtgeistige Naturprozesse aufzuspüren, die kreativ sein sollen. Der Naturwissenschaft wird diese Vorgehensweise sicherlich weitere und unerwartete Erkenntnisse liefern. Ob diese uns jedoch der Antwort nach den Ursachen und Mechanismen der hypothetischen Evolution näher bringen, darf mit Blick auf die Geschichte bezweifelt werden.

Die Frage nach einem Schöpfer stellt sich also auch weiterhin, nicht weil die Naturwissenschaft versagt, sondern weil zu erwarten ist, dass der durch sie generierte Wissenszuwachs weiterhin Hinweise auf die Existenz einer geistigen Verursachung des Lebens liefern wird.

Quellen

Cleves PA, Ellis NA, Jimenez MT, Nunez SM, Schluter D, Kingsley DM & Miller CT (2014) Evolved tooth gain in sticklebacks is associated with a cis-regulatory allele of Bmp6. *Proc. Natl. Acad. Sci.* *111*, 13912-13917.

Junker R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein der Makroevolution? <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-2-plastizitaet.pdf>

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

Moczek AP (2008) On the origins of novelty in development and evolution. *BioEssays* *30*, 432-447.

Ullrich H (2010) Evolution und Evolutionstheorien. Irrtümliche Selbstverständnisse und Fehldarstellungen naturalistischer Ursprungsmodelle. *Stud. Integr. J.* *17*, 76-87.

Wray G et al. (2014) Does evolutionary theory need a rethink? No, all is well. *Nature* 514, 161-164.

Anmerkungen

¹ <http://www.spektrum.de/news/brauchen-wir-eine-neue-evolutionstheorie/1320620>

² „Das Endresultat der natürlichen Selektion ist es, dass jede Kreatur dahin strebt, im Verhältnis zu den Bedingungen, in denen sie lebt, immer vollkommener zu werden. Diese Verbesserung führt unvermeidlich zu einem Fortschritt in der Organisation der meisten Lebewesen“ (Charles Darwin: Über den Ursprung der Arten. London, 1859).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n221.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

01.04.14 25 Jahre Evolution in vitro

Gastbeitrag von Daniel Vedder

Ein Langzeit-Evolutionsexperiment mit Bakterien erreicht demnächst 60.000 Generationen. In den letzten Jahren wurden bereits interessante Ergebnisse publiziert, etwa zum Auftauchen aerober Citratnutzung in *E. coli* oder über die Rolle von Hypermutatoren. Nun ist eine neue Studie erschienen, die nahelegt, dass die evolutionäre Adaptation auch bei gleichbleibenden Bedingungen nicht aufhört. Dass neue Strukturen evolutionär entstehen können, wurde bisher jedoch nicht gezeigt.

Das Langzeit-Evolutionsexperiment. Eines der größten Hindernisse der experimentellen Evolutionsbiologie sind die sehr langen Zeitspannen, mit denen gerechnet werden muss. Zwar lassen sich im Freiland Populationen unter mehr oder minder natürlichen Bedingungen beobachten, doch immer nur für relativ wenige Generationen. Die Generationszeit der Studienorganismen erweist sich in der Praxis als begrenzender Faktor, weswegen nur wenige Experimente länger laufen als 100 oder sogar 1000 Generationen. Ein Freiland-Experiment mit *Anolis*-Eidechsen etwa umfasste 15 Generationen in ebenso vielen Jahren (vgl. Vedder 2012). Wenn von einer Erdgeschichte von mehreren Milliarden Jahren ausgegangen wird, leidet natürlich die Aussagekraft der Ergebnisse, die aus Experimenten mit so wenigen Generationen gewonnen werden.

Um diese Problematik zu umgehen, werden in Evolutionsexperimenten bevorzugt Modellorganismen mit einer möglichst kurzen Generationsdauer eingesetzt, wie die Taufliege *Drosophila melanogaster* oder der Fadenwurm *Caenorhabditis elegans*, deren Reproduktionszeit in Tagen oder Wochen statt in Monaten oder Jahren gemessen wird. Dadurch lassen sich in relativ kurzer Zeit viele Generationen beobachten und so aussagekräftigere Ergebnisse erzielen.

Ein anderer beliebter Modellorganismus für solche Experimente ist das Darmbakterium *Escherichia coli*. Es bietet zwar als Einzeller nur begrenzte Forschungsmöglichkeiten, durchläuft dafür aber an einem einzigen Tag sechs bis sieben Generationen. Aus diesem Grund entschied sich der amerikanische Evolutionsbiologe Richard Lenski, mit *E. coli* als Studienorganismus zu arbeiten, als er sein Langzeit-Evolutionsexperiment (Long-Term Evolution Experiment, LTEE) startete. Für seine Versuche startete er mit 12 verschiedenen Bakterienpopulationen („Stämme“) in einem Glucose-Nährmedium. Jeden Tag werden aus jedem Stamm einige Bakterien nach dem Zufallsprinzip entnommen und in frisches Medium gegeben, in welchem sie sich weiterentwickeln können. Regelmäßig eingefrorene Proben ergeben eine Art „Fossilbericht“, der benutzt werden kann, um Bakterien unterschiedlicher Generationen miteinander bezüglich evolutionärer Fitness oder sonstiger Eigenschaften zu vergleichen und ggf. auch ausgewählte Etappen zu wiederholen.

Was 1988 als kleines Projekt begann, wurde bald weithin bekannt und erregte immer mehr Aufsehen. Anlässlich des 25-jährigen Jubiläums publizierte die Wissenschaftszeitschrift „Science“ letztes Jahr sogar einen eigenen Bericht darüber (Pennisi 2013). So sind die bis jetzt erreichten ca. 60.000 Generationen rein rechnerisch vergleichbar mit einer Million Jahren Evolution des Menschen, womit es das derzeit mit Abstand am längsten laufende Evolutionsexperiment ist.

Das LTEE hat bisher einige interessante Ergebnisse hervorgebracht: Beispielsweise sind sechs der Stämme zu so genannten Hypermutatoren geworden, d. h. ihre Mutationsrate ist um

mehrere Größenordnungen gestiegen. Unerwartet war, dass sich die Stämme trotzdem insofern ziemlich parallel entwickelten, als der Fitnessgraph jedes Stammes dieselbe Form aufwies. Das bekannteste und bedeutendste Ergebnis ist jedoch das Auftauchen eines Citrattransports in *E. coli*, das für viel Furore sorgte. Die Charakterisierung von *E. coli* zeigt, dass die Mikroben unter aeroben Bedingungen Citrat nicht in die Zelle transportieren können, und daher unter solchen Bedingungen das Citrat trotz des verfügbaren Zitronensäurezyklus nicht als Kohlenstoffquelle nutzen kann. Blount et al. (2008) hatten berichtet, dass in einem der 12 *E. coli*-Stämme diese Funktion über mehrere Mutationen erlangt worden ist, dies war als „evolutionäre Neuheit“ beschrieben worden. **Bei genaueren Untersuchungen stellte sich jedoch heraus, dass die vermeintliche „key innovation“ lediglich auf Veränderungen in der Genregulation zurückzuführen ist, also keineswegs die Entstehung einer neuen Funktion vorliegt** (vgl. Binder 2012).

Zwischendurch experimentierte Lenski auch mit digitalen Organismen (kleine selbst-replizierende Computerprogramme), die eine noch viel kürzere Generationszeit aufweisen und außerdem einfacher zu handhaben und untersuchen sind als Bakterien. **Die Relevanz dieser Ergebnisse für reale biologische Systeme ist aber zweifelhaft** (vgl. Bertsch und Waldminghaus 2005).

Unendliche Evolution? Neueste Ergebnisse aus dem Lenski-Labor beziehen sich auf den Gesamt-Fitnessgewinn der Populationen, der über 50.000 Generationen des Experiments hinweg gemessen wurde (Wiser et al. 2013). Im Schnitt waren die Bakterien in dem verwendeten Nährmedium 1,7-mal fitter als die ursprüngliche Gründerpopulation, gemessen an ihrer relativen Wachstumsrate. In den frühen Phasen des LTEE stieg die Fitness am schnellsten, danach flachte die Kurve ab, stieg aber immer weiter. Nach 10.000 Generationen hatten die Forscher vorausgesagt, dass es irgendwann keine vorteilhaften Mutationen für die gleichbleibenden Bedingungen geben und die Fitness somit nicht weiter gesteigert würde (Lenski & Travisano 1994). Es gibt jedoch immer noch keine Anzeichen für ein Fitnessplateau. Im Gegenteil, mathematische Beschreibungen der Fitnesskurve über die Zeit legen ein Modell nahe, dessen Steigung nie Null wird, d. h. dass die Fitness also immer größer wird. Interessanterweise haben die oben erwähnten Hypermutatoren fast durchgehend eine höhere Fitness als Stämme mit normalen Mutationsraten.

Diskussion. Dass die Fitness scheinbar unendlich steigt, ist ein unerwartetes Ergebnis. Nach dem gängigen Modell der Fitnesslandschaft entwickeln sich Populationen unter gleichbleibenden Bedingungen in Richtung einer „Bergspitze“, eines Maximums. Ist die Spitze der Landschaft erreicht, kann die Anpassung mangels Möglichkeiten nicht weiter verbessert werden. Natürlich ist es noch möglich, dass das LTEE diesen Zustand trotzdem irgendwann erreichen wird. Pennisi zitiert jedoch Lenski mit folgenden Worten: „Das Konzept einer Fitness-Spitze ist schwerer zu greifen als ich erwartet hatte. Ich halte es für gut möglich, dass die Fitness sich noch eine Million Jahre lang weiter steigern wird“ (Pennisi 2013, übersetzt vom Autor). Auch aus der Sicht der Schöpfungsforschung ist das durchaus überraschend. Lönngs Regel der rekurrenten Variation besagt, dass einem Grundtyp nur endlich viele verschiedene Mutationen zur Verfügung stehen (vgl. Lönng 2005). Daher würde man auch hier schlussendlich ein Fitnessmaximum erwarten. Warum dies (noch) nicht eingetroffen ist, bleibt offen. **Es muss allerdings auch bedacht werden, dass Fitnesssteigerung nicht gleichbedeutend ist mit der Entwicklung evolutionärer Neuheiten.**

Außerdem ist bei der Bewertung der Ergebnisse natürlich zu berücksichtigen, dass dies nur die Daten aus einem einzigen Großexperiment sind. Weitere Ergebnisse könnten das Bild

stark verändern. Sollte das aber nicht der Fall sein, müssen einige theoretische Modelle modifiziert oder gar verworfen werden.

Die hervorgehobene Rolle der Hypermutatoren ist auch eine besondere Betrachtung wert. Da die meisten Mutationen der Fitness abträglich sind, war man früher davon ausgegangen, dass die natürliche Selektion die Mutationsrate so gering wie möglich halten würde. Daher mussten, als 1997 im LTEE die Hypermutatoren beschrieben wurden, die sich gegen Nicht-Mutatoren durchsetzen konnten, neue evolutionsbiologische Modelle zum Einfluss der Mutationsrate entwickelt werden (Sniegowski et al. 1997). Der Biochemiker Michael Behe macht außerdem darauf aufmerksam, dass einige der Hypermutatoren-Stämme ihren Phänotyp durch die Ausschaltung zweier Enzyme erlangten. Somit wäre diese evolutionär vorteilhafte Entwicklung eine Rückentwicklung – „ein schlechtes Omen für jegliche Theorie der Evolution, die sich allein auf blinde, ungerichtete Prozesse verlässt“, wie er sich ausdrückt (Behe 2013, übersetzt vom Autor). **Ob zudem Hypermutatoren makroevolutive Änderungen erleichtern oder ermöglichen, ist offen und durch die bisher vorliegenden Befunde aus dem LTEE nicht entscheidbar.**

Das LTEE bleibt auch nach 25 Jahren ein faszinierendes Experiment, das viele wertvolle Daten liefert. Vielleicht führen einige davon dazu, dass momentan anerkannte Hypothesen revidiert werden müssen – das ist der Gang der Wissenschaft. Ob nun die natürliche Selektion tatsächlich unendlich weiterläuft, wie Lenski vermutet, oder ob sie doch in einem Plateau mündet müssen zukünftige Untersuchungen zeigen.

Literatur

Bertsch E & Waldminghaus T (2005) Evolution virtueller Lebewesen. Stud. Integr. J. 12, 34-35. (<http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij121/sij121-7.html>)

Binder H (2012) Von der Citrat-Verwertung zur Entstehung des Auges?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=187>

Behe M (2013) Lenski's Long-Term Evolution Experiment: 25 Years and Counting. Evolution News, http://www.evolutionnews.org/2013/11/richard_lenskis079401.html

Blount ZD, Borland CZ & Lenski RE (2008) Historical contingency and the evolution of a key innovation in an experimental population of *Escherichia coli*. Proc. Natl. Acad. Sci. 105, 7899-7906

Lenski RE (2011) Evolution in Action – a 50,000 Generation Salute to Charles Darwin. Microbe 6, 30-33.

Lenski RE & Travisano M (1994) Dynamics of adaptation and diversification: a 10,000-generation experiment with bacterial populations. Proc. Natl. Acad. Sci. 91, 6808-6814.

Lönnig WE (2005) Mutation Breeding, Evolution and the Law of Recurrent Variation. Recent Research Developments in Genetics and Breeding 2, 45-70.

Pennisi E (2013) The Man Who Bottled Evolution. Science 342, 790-793.

Sniegowski PD, Gerrish PJ & Lenski RE (1997) Evolution of high mutation rates in experimental populations of *E. coli*. Nature 387, 703-705.

Vedder D (2012) Gründereffekt bei Eidechsen: ein Freilandexperiment auf Inseln. Stud. Integr. J. 19, 107-109.

Wiser MJ, Ribeck N & Lenski RE (2013) „Long-term dynamics of adaption in asexual populations. Science 342, 1364-1367.

Autor dieser News: Daniel Vedder

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n208.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.05.12 Anpassung durch Verluste

Hughes (2011) stellt ein Modell vor, das schnelle Anpassung und Evolution auf der Basis von Plastizität (umweltbedingte Änderungsmöglichkeiten), ausmerzender („purifying“) Selektion und Gendrift verständlich machen soll („PRM-Modell“, „plasticity-relaxation-mutation mechanism“). Dieses Modell könnte manche Befunde besser erklären als die klassische Synthetische Evolutionstheorie, eignet sich aber nicht als Erklärung der Entstehung evolutiver Neuheiten (Makroevolution; vgl. Mikro- und Makroevolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>).

Austin L. Hughes von der University of South Carolina schlägt in einem kürzlich veröffentlichten Überblicksartikel einen Evolutionsmechanismus ohne *positive* Selektion vor. Unter positiver Selektion versteht Hughes die Fixierung eines neuen oder bisher seltenen Allels (= Genvariante) durch die Wirkung von Selektion. Im ersten Teil seines Artikels weist er darauf hin, dass es nur wenige gut dokumentierte Beispiele für die Leistungsfähigkeit positiver Selektion gebe; es sei auch methodisch schwierig, positive Selektion auf molekularer Ebene nachzuweisen.

Anstelle positiver Selektion sollen phänotypische Plastizität (durch Umweltbedingungen ausgelöste Änderungen) und Änderungen in der Wirkung der *eliminativen* (= ausmerzenden) Selektion sowie die Gendrift (= zufällige Änderungen von Allelhäufigkeiten ohne Selektion) die hauptsächlichen Faktoren der phänotypischen Evolution sein. Hughes bezeichnet den vorgeschlagenen Mechanismus als PRM-Mechanismus: „plasticity-relaxation-mutation mechanism“. Dahinter verbirgt sich folgendes Konzept:

- Alle Lebewesen sind „plastisch“, d. h. sie können je nach Umwelteinflüssen Merkmale unterschiedlich ausprägen.
- Lebt eine Art dauerhaft in einer relativ konstanten Umgebung, werden bestimmte plastische Fähigkeiten nicht genutzt, weil sie nicht (mehr) benötigt werden, d. h. die ausgeprägte Plastizität wird geringer.
- Die Folge ist, dass durch Mutation auftretende Verluste eines Entwicklungswegs nicht mehr durch Selektion ausgemerzt werden. Denn die Phänotypen (= äußere Gestalt), die der eliminativen Selektion („purifying selection“) zum Opfer fallen würden, werden ohnehin nicht ausgeprägt. Im Laufe der Zeit gehen also aufgrund der Verlustmutationen nicht mehr benötigte optionale Fähigkeiten verloren und diese sind dann auch nicht mehr bei Bedarf abrufbar. Diese in der neuen Umwelt neutralen Mutationen können durch Gendrift fixiert werden.

Der PRM-Mechanismus könne – so Hughes – leicht Fälle von explosiver adaptiver Radiation erklären, ebenso die zunehmenden Beispiele schneller ökologischer Anpassungen. Hughes nennt einige Hinweise dafür, dass der PRM-Mechanismus verbreitet sei und diskutiert Testmöglichkeiten.

Wird die Entstehung evolutiver Neuheiten erklärt? Diese Frage kann eindeutig verneint werden. Denn der durch das PRM-Modell beschriebene Vorgang ist sowohl genetisch als auch phänotypisch ausschließlich ein Verlustprozess. Die durch den PRM-Mechanismus erreichte Anpassung beruht in doppelter Hinsicht auf einem Verlust: zum einen auf Verlustmutationen (die nicht ausgemerzt werden können, weil die betroffenen ontogenetischen Entwicklungswege nicht mehr genutzt und damit nicht mehr der Selektion

ausgesetzt werden) und zum anderen auf den damit einhergehenden Verlust ursprünglich möglicher Entwicklungswege (was die Plastizität und Anpassungsfähigkeit an verschiedene Umweltbedingungen einschränkt). Chevin & Beckerman (2011, 1) kritisieren, dass das PRM-Modell nicht Anpassungen, sondern Spezialisierungen erklären würde; man kann aber wohl sagen, dass es *engere* Anpassungen erklärt, was auf „Spezialisierung“ hinausläuft. Chevin & Beckerman meinen vermutlich, dass der Ursprung der betreffenden Merkmale nicht erklärt wird, womit sie Recht haben dürften.

Daher muss bezweifelt werden, ob Radiationen *größerer Ausmaßes* wie etwa die Entstehung der verschiedenen Säugerordnungen durch das PRM-Modell beschrieben werden können. Denn eine solche gewaltige Radiation erfordert die Entstehung von vielen tiefgreifenden Neuheiten, die kaum aus einer ursprünglichen Plastizität eines gemeinsamen Vorfahren hervorgegangen sein können. Denn das würde nach dem PRM-Modell bedeuten, dass der gemeinsame Vorfahr der heutigen Säugetiere Fledermäuse, Wale, Huftiere, Seekühe, Ameisenbären und viele andere Baupläne in sich vereinigt hätte, was nicht glaubhaft ist. **Dagegen dürfte das PRM-Modell für Radiationen im Rahmen eines deutlich enger abgesteckten Bauplans passend sein**, etwa bei der Entstehung der Vielfalt der Buntbarsche (Cichliden) in den ostafrikanischen Seen. Beispiele von Veränderungen dieser Art bewegen sich im Rahmen dessen, was auch experimentell oder in Freilandstudien beobachtet werden kann. In solchen Fällen nachweislich *schneller* ökologischer Anpassungen (von denen mittlerweile etliche bekannt sind) erscheint das PRM-Modell gegenüber der synthetischen Evolutionstheorie überlegen. Denn das PRM-Modell kann die *Schnelligkeit* des Erwerbs der unterschiedlichen Anpassungen besser erklären: Die unterschiedlichen Anpassungen müssen nicht erst in einem langwierigen Prozess des seltenen Auftretens und allmählichen Fixierens von vorteilhaften Mutationen erworben werden, sondern stehen zu Beginn bereits zur Verfügung.

Literatur

Chevin LM & Beckerman AP (2011) From adaptation to molecular evolution. *Heredity*, doi:10.1038/hdy.2011.96.

Hughes AL (2011) Evolution of adaptive phenotypic traits without positive Darwinian selection. *Heredity*, advance online publication. doi:10.1038/hdy.2011.97.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n184.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

23.10.12 Von der Citrat-Verwertung zur Entstehung des Auges?

Anmerkungen zu einem vielbeachteten Experiment und zur Frage der Entstehung evolutionärer Neuheiten

Ein vielbeachtetes Langzeit-Evolutions-Experiment scheint entscheidende Hinweise zu den lange gesuchten Mechanismen der evolutiven Entstehung von Innovationen zu geben. Von einem „Schlag ins Gesicht“ der Evolutionskritiker sprechen zwei Kommentatoren in der Wissenschaftszeitschrift „Nature“. Was die neuen Befunde zeigen und welche Fragen offen bleiben wird nachfolgend kommentiert.

Im Jahr 1988 begann Richard E. Lenski mit seiner Arbeitsgruppe ein bislang einzigartiges und sehr aufwändiges Langzeit-Evolutions-Experiment (LZEE) mit *Escherichia coli*-Bakterien. Aufgrund der kurzen Generationszeit können unter den gewählten Kulturbedingungen im Durchschnitt ca. 6,6 Generationen pro Tag erzeugt werden. Im Jahr 2010 feierten die Forscher die 50.000 Generation, die sie hintereinander gezüchtet und auf evolutive Veränderungen hin untersucht hatten. Mittlerweile sind 55.000 Generationen erreicht. Nach jeweils 500 Generationen werden Proben tiefgefroren und damit ein umfangreiches Archiv von reaktivierbaren Bakterien angelegt. Damit können bei Bedarf die Abfolge der Änderungen zurückverfolgt und Wiederholungsversuche unternommen werden.

Eine neue Funktion

Im Rahmen dieser Versuchsreihen ist eine unüberschaubar große Zahl von Mutanten aufgetreten. Im Jahr 2008 wurde darunter erstmals eine „neue“ Funktion beschrieben (Blount et al. 2008; vgl. Schilderung bei Binder 2008). Diese Mutation (Cit⁺) versetzte die Bakterien in die Lage, Zitronensäure (Citrat) als Kohlenstoffquelle zu nutzen – eine neue Fähigkeit, die den Bakterien zuvor fehlte. *E. coli* verfügte zwar bereits über einen vollständigen Zitronensäurezyklus; die notwendigen Stoffwechselprozesse für die Verwertung von Zitronensäure waren also schon vorhanden. Allerdings konnte das Bakterium Citrat aus dem Nährmedium vorher nur unter sauerstofffreien Bedingungen nutzen. In Gegenwart von Sauerstoff konnte kein Citrat aus der Umgebung *in die Zelle transportiert* werden. Die Fähigkeit zur Aufnahme von Zitronensäure aus dem Nährmedium trat erst nach etwa 31.500 Generationen auf, obwohl Citrat von Anfang an zur Verfügung stand. Zunächst war nicht klar, welche Änderungen zu dieser Fähigkeit geführt hatten.

Mittlerweile konnten die Forscher mit Hilfe ihres Bakterien-Archivs die zugrundeliegenden Vorgänge genauer untersuchen. Schon 2008 hatten die Autoren Hinweise darauf gehabt, dass eine oder mehrere Mutationen vorausgegangen sein müssen, bevor schließlich die Mutation zum Phänotyp Cit⁺ möglich war. Im LZEE mit *E. coli* trat zunächst nach ca. 31.500 Generationen eine Variante mit sehr schwacher Cit⁺-Funktion auf, die mit Cit⁻-Varianten konkurrierte, ohne diese jemals komplett zu verdrängen. In einem weiteren Ereignis wurde die Effektivität der Nutzung von Citrat (Cit⁺-Funktion) verbessert. Diese Vorgänge konnten mittlerweile durch weitere Untersuchungen erhellt werden (Blount et al. 2012).

Über den physiologischen Mechanismus, der die Cit⁺-Funktion ermöglicht, konnte 2008 nur spekuliert werden. Es blieb offen, ob ein „verborgenes“, durch Mutationen funktionslos gewordenes Transportprotein wieder reaktiviert worden ist (was Blount et al. [2008] aufgrund der langen Nichtbenutzung für unwahrscheinlich halten) oder ob ein funktionsfähiges

Transportprotein umgebaut und für den Transport von Zitronensäure durch die Membran nutzbar gemacht wurde (diese Vorstellung favorisieren die Autoren).

Wie stellt sich die Sachlage nun dar?

Die neuen Untersuchungen (Blount et al. 2012) haben ergeben, dass sich zunächst eine genetische Veränderung ereignet haben muss (oder zwei Veränderungen), die die Entstehung der Cit⁺-Varianten überhaupt erst ermöglichte. Um was für eine Art von „ermöglichender“ Mutation es sich dabei handelt, ist unklar, ebenso ob sie einen Selektionsvorteil brachte und sich deshalb durchsetzen konnte oder ob sie (fast) neutral war und sich zufällig ausbreitete (Gendrift). Ein weiterer Schritt ermöglichte den Bakterienstämmen dann eine sehr geringe Verwertung von Citrat („Verwirklichungs“-Mutation). Über ihn wissen die Forscher Genaueres: Betroffen ist das Gen *citT*, welches ein Transportprotein kodiert, das Citrat in die Zelle einschleust. „Ursprünglich lag *citT* einmal unterhalb des Genorts von *citG* (einem weiteren für die Citrat-Verstoffwechslung notwendigen Gen) sowie von *rnk*, einem Gen mit ganz anderem Aufgabenbereich im Energiestoffwechsel. In sämtlichen Cit⁺-Zellen fiel Blount und seinen Kollegen nun aber ein charakteristisches Rearrangement dieser Gene ins Auge, das *rnk* mit *citG* verschmolz. Das führte nun dazu, dass die Expression von *citG* und *citT* unter die Promotorkontrolle von *rnk* geriet. Die Regulatorsequenz dieses Gens erlaubte daraufhin, dass beide *cit*-Gene nun auch in Gegenwart von Sauerstoff aktiv werden“ (Hendricksen & Rainey 2012). Es wurde also die Regulation der entsprechenden Gene geändert durch Umordnung eines Genkomplexes. Damit war bereits der entscheidende Schritt zur neuen Funktion geschafft, wenn diese auch sehr schwach ausgeprägt war und den Bakterien vermutlich keine Vorteile brachte. Die weiteren Veränderungen beinhalten dann *Optimierungen*. Die schwach ausgeprägte Cit⁺-Funktion wurde in weiteren Schritten dadurch verbessert, dass die Gene in Tandems von zwei bis neun Kopien dupliziert wurden.

Welche Schlüsse können gezogen werden?

Evolution ja ... Die immense Zahl an Generationen in den vielen parallel gezüchteten Linien von Bakterien ermöglichte das Studium mehrerer *hintereinander erfolgter* Mutationen. Keine Frage, in diesem Sinne findet Evolution statt, es treten Änderungen auf, die für die Bakterien unter bestimmten Bedingungen nützlich sind. Mutationen können nachweislich auch zu Umorganisation von Genen führen. **Es ist also möglich, dass die Regulation von Genen geändert wird (was keine neue Erkenntnis ist) und es ist ebenfalls möglich, dass sich mehrere Mutationen sukzessive ansammeln, die in der Summe zu einem veränderten Phänotyp führen.** Die Arbeiten in Lenskis Labor dokumentieren solche graduellen Änderungen in mehreren aufeinander folgenden Mutationsschritten. Nach gegenwärtigem Kenntnisstand brachte erst der dritte Schritt dem Organismus überhaupt einen Vorteil (die ersten Schritte waren vermutlich neutral, was aber nicht sicher ist, s. u.) und führte zu einer sprunghaften Änderung des Phänotyps (Nutzung von Citrat als Nährstoff). Vorgänge dieser Art waren von manchen Evolutionskritikern bisher bezweifelt worden.¹ Die nachgewiesene Anhäufung mehrerer Mutationen ist ein sehr interessanter Aspekt unter den Ergebnissen von Lenskis Arbeitsgruppe. Derzeit ist im Blick auf die erste „ermöglichenden“ Mutation allerdings wenig bekannt, ebenso ist die Art und der Grund ihrer Fixierung in den Populationen unklar.

... aber von welcher Qualität? In der entsprechenden *Nature*-Ausgabe kommentieren Hendricksen & Rainey (2012) die neuen Ergebnisse des LZEE. Dabei werfen sie Eingang die Frage auf, welche kleinen Schritte einem Sprung wie etwa der Erfindung des Konstruktionsprinzips „Auge“ vorausgehen. Damit wird nahegelegt, dass die beiden

Probleme – Aktivierung des bereits vorhandenen Citratimports unter veränderten Bedingungen und die Entstehung des Auges – vergleichbar wären. Davon kann aber nicht im Entferntesten die Rede sein. Später sprechen sie von der Entstehung „völlig anderer Phänotypen“, was eine gewaltige Übertreibung darstellt. Lenskis Befunde beleuchten Vorgänge im Zusammenhang mit der Fähigkeit von Organismen, sich veränderten Bedingungen anzupassen. **Aber in keiner Weise geben sie einen Hinweis darauf, wie zum Beispiel ein Stoffwechselweg *de novo* entsteht.** Experimentell nachgewiesen sind Vorgänge der Änderung von Regulationsprozessen und in sehr bescheidenem Maße auch die Rekrutierung vorhandener Gene in einem neuen Zusammenhang (vgl. auch Rebeiz et al. 2011). Die nachgewiesenen Veränderungen bleiben jedoch in einem engen Rahmen und jede weitergehende Behauptung erfordert eine eigene Begründung. Der von Hendricksen & Rainey (2012) sogar beschworene „Kampf ,Wissenschaft gegen Dogma““ ist hier ein viel zu starkes und nicht gerechtfertigtes Bild, es bedient nur ein verbreitetes Klischee. Es geht doch nur um die Frage, welche Schlussfolgerungen die empirischen Befunde erlauben und welche nicht.

Was ist eine Neuheit? Auffällig nicht nur bei der Kommentierung ist die Unklarheit, was unter einer „evolutionären Neuheit“ verstanden wird. Der Begriff (oder sinngemäß ähnliche Begriffe wie „key innovation“ – Schlüsselinnovation) wird oft undifferenziert verwendet, d. h. ohne ihn näher zu bestimmen.² **Wenn Änderungen, die keinerlei neue Stoffwechsellmoleküle oder gar neue Stoffwechselkaskaden erfordern, zu etwas „völlig Neuem“ hochstilisiert werden, dann erscheint das unangemessen.** Von der Änderung von Regulationen, die zum Ausnutzen eines *bereits vorhandenen* Stoffwechselwegs führen, auf weitergehende und andersartige Änderungen zu schließen, ist nicht zulässig. Hier wird auch außer Acht gelassen, dass es viele verschiedene Grade von Unterschieden biologischer Strukturen, Stoffwechselkomplexen, Signalkaskaden oder molekularen Maschinen gibt. Daher muss jeder Einzelfall gesondert auf seine Aussagekraft im Hinblick auf das evolutionäre Potential natürlicher Mechanismen beurteilt werden.

Die Experimente der Arbeitsgruppe von Lenksi sind spannend und lehrreich, und man kann sicher weitere interessante Ergebnisse erwarten. Eine an den Befunden orientierte Deutung sollte aber die Grenzen des Begründbaren respektieren. Wenn diese Ergebnisse in verschiedenen Ursprungsmodellen gedeutet werden, sollte dies nüchtern und differenziert erfolgen, die dabei vorgenommenen Grenzüberschreitungen sollten dabei deutlich markiert werden.

Anmerkungen

¹ Michael Behe, durch sein Buch „Darwin’s Black Box“ bekannter Evolutionskritiker, hat in seinem Nachfolgewerk „The Edge of Evolution“ (Behe 2007) solche Vorgänge am Beispiel der Entstehung von Frostschutzproteinen dagegen ausdrücklich als plausibel anerkannt.

² Blount et al. (2012, 513) definieren im Anschluss an Ernst Mayr „evolutionary novelties“ als „qualitatively new traits that open up ecological opportunities and thereby promote diversification“. Was ein „qualitativ neues Merkmal“ ist, müsste nun aber genauer beschrieben werden.

Literatur

Behe M (2007) The Edge of Evolution. The search for the limits of Darwinism. New York.

Binder H (2008) Langzeit-Evolutionsexperiment mit *Escherichia coli*. Empirischer Befund für neue Funktion durch Mutation? Stud. Int. J. 15, 96-98.

Blount ZD, Borland CZ & Lenski RE (2008) Historical contingency and the evolution of a key innovation in an experimental population of *Escherichia coli*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 105, 7899-7906.

Blount ZD, Barrick JE, Davidson CJ & Lenski RE (2012) Genomic analysis of a key innovation in an experimental *Escherichia coli* population. Nature 489, 513-518.

Hendrickson H & Rainey PB (2012) Evolution: How the unicorn got its horn. Nature 489, 504-505. Deutsche Übersetzung unter <http://www.spektrum.de/alias/evolution/wie-das-einhorn-zu-seinem-horn-kam/1166511>

Rebeiz M, Jikomes N, Kassner VA & Carroll SB (2011) Evolutionary origin of a novel gene expression pattern through co-option of the latent activities of existing regulatory sequences. Proc. Natl. Acad. Sci. 108, 10036-10043.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n187.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.06.10 Lag Darwin falsch?

Vorstellung eines unorthodoxen Buches über Evolution

Jerry Fodor und Massimo Piattelli-Palmarini haben Anfang dieses Jahres das Buch „What Darwin got wrong“ veröffentlicht (New York 2010). Darin äußern sie grundlegende Kritik an der auf Darwin zurückgehenden Selektionstheorie. Sie behaupten nicht nur, dass Selektionstheorie darin scheitere, die Entstehung neuer Formen zu erklären, sondern dass es derzeit auch keine alternative Erklärung gebe. Sie sind aber überzeugt, dass es eine rein naturalistische Erklärung gibt. Sie begründen ihre Kritik wie folgt: 1. Vielfältige epigenetische* Prozesse und Kontrollmechanismen beeinflussen das phänotypische** Ergebnis von Mutationen massiv, durch Selektion erfolge nur noch eine Feinabstimmung. 2. Selektion auf ein bestimmtes Merkmal hin („selection for“) sei intentional (erfordere einen zielorientiert handelnden Akteur); diesen gebe es zwar in der Züchtung, nicht aber unter natürlichen Verhältnissen. Daher sei die künstliche Selektion als Vergleich für natürliche Selektion ungeeignet. 3. Evolution sei als historischer Prozess ausgeprägt mehrstufig und nicht gesetzmäßig beschreibbar, sondern eher ein Bündel evolutionärer Szenarien. Diese Kritikpunkte werden nachfolgend erläutert. Die Autoren erhielten teilweise harsche Kritik für ihr Buch, darauf wird abschließend kurz eingegangen.

*epigenetisch (= das Ablesen und Umsetzen des Erbguts beeinflussende)

**phänotypisch (= das äußere Erscheinungsbild betreffend)

Die Autoren¹ beginnen überraschenderweise mit dem Hinweis, dass ihr Buch nicht von Gott handle, auch nicht von Intelligent Design und Kreationismus. Damit wollen sie einer Vereinnahmung durch Schöpfungsgläubige vorbeugen, denn ihr Anliegen ist zu zeigen, dass die Theorie der natürlichen Selektion einem verhängnisvollen Irrtum unterliegt. „Heutzutage haben Biologen guten Grund zu glauben, dass Selektion von zufällig erzeugten kleineren Varianten phänotypischer Merkmale zur Erklärung neuer Formen des Lebens bei weitem nicht ausreicht“ (21).² Das ist keine Kleinigkeit, denn diese Theorie ist ein wesentlicher Teil der kausalen Evolutionstheorien bis heute, wenn nicht ihr Kernstück. Um den Lesern Klarheit über ihre eigene Position zu verschaffen, bekennen sich die beiden Autoren auch noch gleich als Atheisten, die uneingeschränkt naturalistische Erklärungen suchen. Wenn also mit der Selektionstheorie etwas grundlegend verkehrt ist, so muss für die Autoren eine Alternative eine ebenso naturalistische Erklärung bieten, wie es die Selektionstheorie nach deren Befürworter bieten soll. „Es ist unsere Annahme, dass Evolution durch und durch ein mechanischer Prozess ist“ (xiii) – erfreulich, dass sie hier von „Annahme“ sprechen. Sie sind soweit auf Darwins Seite.

Ein weiteres stellen die Autoren schon auf den ersten beiden Seiten klar: **Ihr Buch kritisiert – vor allem das, was in ihren Augen falsch ist beim Darwinismus.** Nur gegen Ende des Buches sprechen sie eine Alternative an, die nach ihren eigenen Worten „ziemlich vage“ ist: „In der Tat wissen wir nicht sehr gut, wie Evolution funktioniert. Darwin wusste es auch nicht und (soweit wir das sagen können) auch sonst niemand“ (xiv).³ Im letzten Kapitel wiederholen sie diese Einschätzung: „’OK, wenn also Darwin falsch lag, was denkt ihr ist der Mechanismus der Evolution?’ Kurze Antwort: Wir wissen nicht was der Mechanismus der Evolution ist“ (153)⁴, sie präsentieren dann einige sehr theoretische Überlegungen, in welcher Richtung eine Antwort liegen könnte.

Kurzer Überblick. In Kapitel 1 zeigen die Autoren, inwiefern die Lerntheorie von B. F. Skinners Behaviourismus und der Neodarwinismus ähnlich sind. Beide arbeiten mit einem Modell eines „Generators und Filters“, mit dem die Phänomene erklärt werden sollen; der Generator funktioniert nach dem Zufallsprinzip und der Filter ist exogen (außerhalb des Systems). Im Falle der Evolutionstheorie sind das Mutation und Umweltselektion. Die Selektionstheorie sei aus ähnlichen Gründen wie der Behaviourismus gescheitert.

In den Kapiteln 2-4 schildern die Autoren eine größere Anzahl von Fakten und Mechanismen, die nichts mit Selektion zu tun haben und zeigen, warum der „Darwinismus“ (die Selektionstheorie) nach ihrer Einschätzung nicht stimmen kann. In Kapitel 5 werden Beispiele optimaler Strukturen vorgestellt, die im neodarwinistischen Theorierahmen fremd sind.

Ab Kapitel 6 (Teil II) geht es um die logische und konzeptionelle Basis der Theorie der natürlichen Selektion. Sie geben eine Begründung dafür, dass die Rolle von Zufallsgeneratoren (Mutationen) und Umweltfiltern (Selektion durch Umwelteinflüsse) überschätzt worden sind in Bezug auf ihre Fähigkeit, Phänotypen (das Erscheinungsbild) zu formen. In das Anpassungskonzept sei Zielorientierung eingebaut worden, die es in Wirklichkeit nicht gebe. In Kapitel 8 weisen die Autoren das verbreitet vorgebrachte Argument zurück, es gebe keine naturalistische Alternative zur Selektionstheorie, weshalb sie beibehalten werden müsse. Im Schlusskapitel thematisieren sie den Charakter historischer Erklärungen und wenden dies auf die Selektionstheorie an.

Kritikpunkt interne Entwicklungszwänge. Die Erzeugung von Mutation erfolge zwar zufällig, das gelte aber nicht für die daraus resultierenden Phänotypen. Denn bevor das Ergebnis einer Mutation der Umweltselektion „angeboten“ wird, wirken zahlreiche innere (organismusinterne) Faktoren auf mehreren Ebenen und beeinflussen das phänotypische Ergebnis massiv. **Eine Reihe von internen Filtern steht zwischen Mutation und ihrer Auswirkung** – das ist das Feld von „Evo-Devo“, der evolutionären Entwicklungsbiologie, die das klassische Bild über evolutionäre Veränderungen „ganz beträchtlich“ verändert habe (27). Die Autoren zeichnen ein Panorama spezifischer Mechanismen, deren Entdeckung die gradualistisch-adaptionistische Selektionstheorie mindestens in einigen Fällen als falsch erweist, weil neue phänotypische Merkmale nicht zufällig erscheinen oder weil die Anpassung an die ökologischen Verhältnisse nur eine sekundäre Rolle in der Fixierung der Phänotypen spielt. Dazu gehören Puffersysteme gegen Mutationen; Robustheit, verborgene Variation, Plastizität, verschiedene Regulationsprozesse bei der Transkription, Fehlerkontrollen, Veränderungen nach der Translation (Übersetzung der Erbinformation in Proteine), die Tätigkeit von Chaperonen (Proteine, die Faltungsfehler anderer Proteine korrigieren), alternatives Spleißen und andere Vorgänge. Daher kommen die Autoren zur Einschätzung: „Wir können natürliche Selektion mit dem Stimmen eines Klaviers vergleichen, nicht mit dem Komponieren von Melodien“ (21).⁵ Die Autoren weisen auch darauf hin, dass lange Zeiträume der Wirkung der Selektion nicht weiterhelfen (S. 21).

Wichtig ist auch die Entdeckung, dass es der Regelfall ist, dass Gene, Proteine und sogar ganze Signalkaskaden mehrfach genutzt werden. Natürliche Selektion kann daher nicht isolierte Merkmale auslesen, sondern nur miteinander verknüpfte Komplexe von Merkmalen.

Neben diesen Rahmenbedingungen (Entwicklungszwänge, constraints) „von unten“, die auf dem Weg vom Genotyp zum Phänotyp die Zufallsmutationen kräftig filtern, bevor sie der Umweltselektion ausgesetzt werden, gibt es auch noch die Rahmenbedingungen „von oben“: die „Gesetze der Form“. Die Rolle der physikalischen Gesetze, die die Möglichkeiten der Gestaltbildung und der Ausbildung von Strukturen der Lebewesen begrenzen, sei oft zu wenig

beachtet worden. Viele Formbildungen können nicht durch biochemische Kaskaden, den genetischen Code, Entwicklungspfade und auch nicht durch Selektion verstanden werden, es gebe vielmehr schwerwiegende geometrische und materielle Zwänge, die auf diese Prozesse einwirken.

Die Autoren schildern in diesem Zusammenhang einige Beispiele von *optimal* und *perfekt* ausgebildeten Strukturen in der Natur und kommen zum Schluss, dass solche Fälle von ausgeklügelten Programmen nicht durch Optimierung physico-chemischer Faktoren, aber auch nicht durch gradualistische Anpassung erklärt werden können. In der Zukunft mag eine Erklärung möglich sein, es sei aber fair einzuräumen, dass eine Erklärung gegenwärtig fehlt.

Kritikpunkt Trittbrettfahrer und Zielorientierung. Neben der außerordentlichen Vielfalt und Verflechtung der Vorgänge auf dem Weg vom Genotyp zum Phänotyp weisen die Autoren auf ein weiteres grundlegendes Problem mit der Selektionstheorie hin: das Trittbrettfahren (free-riding). In Anknüpfung an einen berühmten Artikel von Gould & Lewontin (1979) zeigen Fodor und Piattelli-Palmarini, dass man an den Merkmalen der Lebewesen nicht erkennen könne, ob sie durch Auslese oder als Nebenprodukt einer Auslese entstanden sind. Gould und Lewontin hatten das Beispiel von Bögen bei Kathedralen gewählt, um zu illustrieren, wie Anpassungen auch zu Merkmalen führen, die gleichsam Trittbrettfahrer sind – in diesem Beispiel die Spandrillen links und rechts der Bögen. Fodor & Piattelli-Palmarini argumentieren nun: Wenn sich ein Phänotyp aufgrund äußerer Selektionsfaktoren ändert, so kann nicht bestimmt werden, welches der neuen phänotypischen Merkmale (wenn überhaupt eines) eine Anpassung und welches (wenn überhaupt eines) ein Trittbrettfahrer ist. In der Zucht sei dies klar, da es einen Ausleser gebe, den Züchter, der allerdings zielorientiert vorgeht. Diese Zielorientierung kann aber in der natürlichen Evolution nicht vorausgesetzt werden. Dort kann es daher zwar Selektion auch ohne Zielorientierung geben, aber nicht Selektion *auf etwas hin* („*selection-for*“). Selektion kann nur den gesamten Organismus auslesen, es kann aber in einem naturalistischen Rahmen nicht bestimmt werden, ob ein bestimmtes Merkmal im komplexen Ganzen Gegenstand der Auslese war. Daher sei die künstliche Selektion kein geeignetes Modell für natürliche Selektion und der Begriff „natürliche Selektion“ keine harmlose Metapher. Vielmehr beruhe der Adaptionismus auf der Analogie zur künstlichen Selektion. Das aber sei im Kern verfehlt, da diese intentional (willentlich gesteuert) ist – Darwins Analogie sei also in fataler Weise verkehrt (S. 100). Die Theorie der natürlichen Auslese könne weder vorhersagen noch erklären, welche Merkmale der Lebewesen einer Population Gegenstand der Auslese sind und welche nur Trittbrettfahrer sind (S. 110, 114). In einem intentionalen Kontext – also bei bewusster und gezielter Auslese wäre dies anders zu bewerten, da hier Ziele verfolgt werden, aber das ist bei einer natürlichen Evolution nicht gegeben.

Daher sei das Beispiel von Bögen und Spandrillen durch Gould und Lewontin schlecht gewählt: Hier könne die Selektion auf etwas hin (die Bögen) leicht von den Trittbrettfahrern (den Spandrillen) unterschieden werden, weil eine geistige Verursachung vorliegt, es also einen intelligenten Urheber gebe (S. 115; vgl. S. 12). **Diesen Fehler habe auch Darwin gemacht, als er die künstliche Selektion zum Vorbild der natürlichen Selektion verwendete.** Man könne aber nicht mit einem mentalen Prozess beginnen und nachher in der Anwendung auf natürliche Vorgänge einfach von ihm absehen (S. 116). Die Kritik müsse darüber hinaus auf alle evolutionären Erklärungen ausgedehnt werden, die Bezug auf Selektion nehmen.

Kritikpunkt historische Theorien. Die Autoren thematisieren als weiteren Problempunkt die Tatsache, dass die „Geschichte über die Evolution der Phänotypen“ nicht zur Biologie,

sondern zur Naturgeschichte gehöre. Jegliche Geschichte aber, auch die Naturgeschichte operiert mit Erklärungen, die nicht dem Newtonschen Paradigma einer einstufigen Theorie („single-level“) entsprechen. Vielmehr sind historische Theorien ausgeprägt mehrstufig („multi-level“) und nehmen Bezug auf sehr viele Ursachen. Evolutionäre Theorien würden – so die Autoren – meistens (aber fälschlicherweise) als einstufig betrachtet (S. xx).

Adaptionistische Erklärungen sind historische Erklärungen, diese bieten plausible Erzählungen, eine kausale Kette von Ereignissen, die zum Ereignis führten, das erklärt werden soll. Nomologische Erklärungen handeln dagegen von (metaphysisch notwendigen) Beziehungen von Eigenschaften, während historische Erzählungen von (kausalen) Beziehungen zwischen Ereignissen handeln (132). Historische Erklärungen sind für die Autoren „perfectly OK“, aber sie subsumieren Ereignisse nicht unter Gesetze und unterstützen daher nicht „counterfactuals“, d. h. können keine Antwort auf die Frage geben, was passiert wäre, wenn bestimmte Dinge (das Antezedens, die Ausgangsbedingungen) anders gewesen wären. Die Folgen alternativer Ausgangsbedingungen müssten aber untersucht werden können, um das Trittbrettfahrerproblem zu lösen (etwa: was wäre passiert, wenn die Umstände anders gewesen wären). „Wenn Anpassungstheorien aber eher historisch als gesetzmäßig sind, wird dadurch erklärt, weshalb das Trittbrettfahrerproblem innerhalb des Rahmenwerk des Adaptionismus nicht gelöst werden kann“ (133). Die Autoren stellen fest: „Naturgeschichte ist keine Evolutionstheorie, sie ist ein Bündel evolutionärer Szenarien“ (159).⁶

Abschließende Bemerkungen

Die beiden Autoren bringen für den Mainstream in der Evolutionsforschung ohne Zweifel eine unpopuläre Botschaft und sie wagen es, von einem zentralen ungelösten Problem zu sprechen, ohne selber eine Lösung zu präsentieren („we don’t know what the mechanism of evolution is“, S. 153). **Es überrascht daher nicht, dass sie mit Kritik konfrontiert werden, die wenig sachorientiert ist.** So wird beispielsweise unterstellt, sie hätten keinerlei Interesse an den Fakten (das ist pure Diffamierung und wird durch die Ausführungen in ihrem Buch widerlegt), oder man mutmaßt irgendwelche wahren Gründe⁷ ihrer Kritik, statt auf ihre Argumente einzugehen. Pigliucci (2010) gibt die Argumentation der Autoren ungenügend und verzerrt in seiner Rezension in *Nature* wieder und baut schon in der Überschrift einen Strohmann: „Attacke auf Evolution“. Seine Rezension verfehlt folgerichtig die Argumentation von Fodor & Piattelli-Palmarini. Ebenso stützt Coyne (2010) seine Kritik an den beiden Autoren auf Auslassungen und Verzerrungen und baut darauf persönliche Diffamierungen auf; man vermisst bei ihm den ernsthaften Versuch, die kritisierten Autoren zu verstehen. David Sloan Wilson bezeichnet Fodor gar als „säkularen Kreationisten“ (in Mazur 2009, 38; online unter <http://www.suzanmazur.com/?p=20>). Dies sind allzu bekannte und leider verbreitete Mittel in Kontroversen, mit denen die Kontrahenten bzw. ihre Position bekämpft werden. Umso erstaunlicher ist es, dass diese Mittel angewendet werden, obwohl die Autoren sich ausdrücklich und ohne einen Hauch eines Zweifels zum Evolutionsparadigma und einem naturalistischen Weltbild bekennen. Aber selbst unter diesen Vorzeichen scheint eine freie, sachorientierte Diskussion manchen Zeitgenossen nicht zu passen.

Die Autoren selber schreiben (S. xx), dass einige ihrer Kollegen ihnen geraten hätten, ihre Kritik Darwins nicht zu veröffentlichen. Sie hätten es dennoch gemacht mit dem Argument, sie würden sich sonst mit den „Mächten der Finsternis“ zusammentun, deren Ziel es sei, Wissenschaft in Verruf zu bringen. In der Tat: Wenn zentrale Konzepte von

Evolutionstheorien nicht öffentlich kritisch diskutiert werden dürften, wäre das an diesen Stellen das Ende der Wissenschaft.

Leitet „*What Darwin got wrong*“ also Wasser auf die Mühlen des Kreationismus und der Intelligent-Design-Bewegung? Diese von manchen geäußerte Befürchtung ist teilweise vielleicht berechtigt, denn Fodor und Piattelli-Palmarini thematisieren einen wichtigen Aspekt des Design-Ansatzes: Ist ein wirklich durch und durch natürlicher ateleologischer (nicht zielgerichteter) Evolutionsmechanismus bekannt? Und sie verneinen eindeutig, geben aber ebenso eindeutig der Überzeugung Ausdruck, dass es doch eine (wenn auch noch unbekannt) positive Antwort auf diese Frage gibt. Daher ist es nicht angebracht, die Autoren für Überzeugungen zu vereinnahmen, die sie nicht teilen oder sogar ablehnen. Es ist den Autoren hoch anzurechnen, dass sie sich keinen Maulkorb haben verpassen lassen.

Literatur

Coyne J (2010) The improbability pump. <http://www.thenation.com/article/improbability-pump>.

Gould SJ & Lewontin R (1979) The spandrels of San Marco and the Panglossian paradigm: a critique of the adaptationist programme. *Proc. R. Soc. Lond. B* 205, 581-198.

Mazur S (2009) *The Altenberg 16. An exposé of the evolution industry.* Wellington New Zealand.

Pigliucci M (2010) A misguided attack on evolution. *Nature* 464, 353-354.

Anmerkungen

¹ Jerry Fodor ist Professor für Philosophie und Kognitionswissenschaften, Massimo Piattelli-Palmarini arbeitete zunächst als Biophysiker und Molekularbiologe und ist heute Professor für Kognitionswissenschaften.

² „These days biologists have good reasons to believe that selection among randomly generated minor variants of phenotypic traits falls radically short of explaining the appearance of new forms of life.“ Vgl. auch: Die Theorie der natürlichen Selektion sei „irredeemably flawed“ (1) „Whatever NS [natural selection] is, it cannot be the mechanism that generates the historical taxonomy of species“ (2). „We will argue that, in fact, ET can offer no remotely plausible account how filtering by natural selection might work“ (16).

³ „In fact, we don't know very well how evolution works. Nor did Darwin, and nor (as far as we can tell) does anybody else.“

⁴ „OK, so if Darwin got wrong, what do you guys think is the mechanism of evolution? Short answer: we don't know what the mechanism of evolution is.“

⁵ „We think of natural selection as tuning the piano, not as composing the melodies.“

⁶ „Natural history isn't a theory of evolution; it's a bundle of evolutionary scenarios.“

⁷ <http://chronicle.com/article/What-Darwins-Doubters-Get/64457/>; siehe auch http://www.boston.com/ae/books/articles/2010/02/14/new_critique_intends_to_rebut_darwins

ideas/ und <http://www.rsng.de/aktuelles/120210-neuer-angriff-auf-den-darwinismus.php> (wo einige gesammelte Reaktionen zu finden sind)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n153.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

26.06.08 „Gott als Designer?“

Bericht und Kommentare zu einer Tagung der Evangelischen Akademie Badens

Unter dem Thema „Gott als Designer? Theologie und Naturwissenschaft im Gespräch“ fand vom 6.-8. Juni 2008 an der Evangelischen Akademie Baden in Bad Herrenalb (Nordschwarzwald) eine Tagung über Schöpfung und Evolution statt. Das Thema wurde von sechs Referenten aus biologischer, wissenschaftstheoretischer, theologischer und religionspädagogischer Sicht beleuchtet. Als einziger Evolutionskritiker war auch Reinhard Junker von der Studiengemeinschaft Wort und Wissen mit von der Partie. Folgende Vorträge wurden in dieser Reihenfolge gehalten (mit anschließender meist halbstündiger Diskussion):

Prof. Dr. Thomas Junker: *Was ist Evolution? Die Darwinsche Revolution und die moderne Biologie*

Dr. Reinhard Junker: *Evolution und Schöpfung. Theologische Motive und naturwissenschaftliche Aspekte des Kreationismus*

Dr. Hansjörg Hemminger: *Mit der Bibel gegen die Evolution? Evolution, Intelligent Design und Kreationismus*

Prof. Dr. Jürgen Audretsch: *Reichweite und Grenzen naturwissenschaftlicher Aussagen*

Prof. Dr. Manfred Oeming: *Ist die Bibel ein Tatsachenbericht? Lesehilfen zur Lektüre der Schöpfungsgeschichte*

Prof. Dr. Astrid Dinter: *Evolutionstheorie gegen Schöpfungstheologie? Eine Auseinandersetzung mit dem Buch „Gotteswahn“ von Richard Dawkins*

Es waren gut 100 Teilnehmer anwesend, viele davon gehörten zum Stammpublikum der Evangelischen Akademie, aber es waren auch andere Gäste dabei; die Tagung war besser besucht als vom Veranstalter erwartet.

Nachfolgender Bericht des Mitreferenten Reinhard Junker soll keinen vollständigen Überblick über alle Themen und Thesen geben, sondern greift einige Punkte heraus, die aus der Sicht von Wort und Wissen von besonderer Relevanz oder von besonderem Interesse sind.

Der Biologe **Thomas Junker** präsentierte einige Inhalte der Evolutionstheorie, vor allem zu den Evolutionsmechanismen: Variation, Selektion und Zeit reichen aus, um die Vielfalt des Lebens hervorzubringen. Er baute darauf einen rigorosen Biologismus auf, so dass es nur folgerichtig war, dass er keinerlei Vereinbarungsmöglichkeiten von Evolution und einem wie auch immer gearteten Schöpfungsglauben sah. Die Evolution könne alles erklären, auch den Sinn des Lebens, der darin bestehe, dass die biologischen Maschinen (auch wir Menschen) ihre Gene verbreiten. Dazu gab es in einem solchen Rahmen verständlicherweise viel Kontra. Ein Teilnehmer meinte, er hätte zwar vier Kinder, aber keine Enkel; ob er nun den Lebenssinn verfehlt habe. – Nein, so die Antwort, denn die Evolution habe dafür gesorgt, dass es einem gut gehen solle, denn das sei eine grundsätzliche Voraussetzung dafür, dass man seine Gene gut weitergeben könne. Damit sei auch ein „hedonistischer Sinn des Lebens biologisch begründet“. Vom Publikum wurde auch kritisch bemerkt, dass Thomas Junker dauernd

teleologische (= zielgerichtete) Begriffe für Evolutionsvorgänge verwendet – schließlich kennt Evolution kein Ziel. Antwort: Das sei abkürzende Redeweise. Es waren z. B. folgende Begriffe im Zusammenhang mit Evolution verwendet worden: „Programmierung“, „Zwecke“, „um ... zu“-Formulierungen, „egoistische Gene“, „erfinden“, „Experiment“ der Evolution, „Architekt“, „Konstrukteur“. Ich konnte in meinem darauf folgenden Vortrag darauf hinweisen, dass Formulierungen, die *ohne teleologische Elemente* in den Begriffen auskommen, in vielen Fällen in der Biologie noch gar nicht gefunden worden seien.

Bemerkenswert war noch der Versuch des Referenten, „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ zu diskreditieren; und zwar wie folgt: In dessen Vorwort steht: „Deutungsprobleme und offene Fragen von Evolutionstheorien ... haben nach unserer Auffassung ein so großes Gewicht, dass Makroevolution als nicht mehr hinterfragbare Leitvorstellung ernsthaft geprüft und nicht als Tatsache vorausgesetzt werden sollte.“ Thomas Junker nannte es „bodenlosen Unsinn“ zu behaupten, dass Evolution als Tatsache vorausgesetzt werde; das stimme nicht. Man würde ständig Überprüfungen vornehmen. Einige Minuten später betonte er dann sehr stark, dass Evolution eine Tatsache sei – so sicher wie Tatsachen nur sein könnten. Damit hatte er sich selbst widersprochen. Ich konnte das in meinem Vortrag klären und wies auf die Wendung „*als nicht mehr hinterfragbare Leitvorstellung*“ hin. Außerdem warf er Evolutionskritikern vor, mit den Begriffen „Mikroevolution“ und „Makroevolution“ Verwirrung stiften zu wollen. Tatsächlich trifft aber das Gegenteil zu. Wir bemühen uns um saubere Begriffsklärungen als Basis für eine fruchtbare Diskussion. Die Grundtypenbiologie bezeichnete Thomas Junker als „unkritischen naivsten Wunderglaube“, das sei „Kindergarten“.

Der Hauptteil des Vortrags des Weltanschauungsbeauftragten und Biologen **Hansjörg Hemminger** bestand aus einem durchaus interessanten und kurzweilig vorgetragenen historischen Rückblick zur Geschichte des Kreationismus und der Intelligent Design-Bewegung. Dessen Ausführlichkeit ließ dann aber kaum Zeit für eine nennenswerte substantielle Auseinandersetzung, weder bezüglich naturwissenschaftlicher noch theologischer Argumente. Die Kritik am Kreationismus erschöpfte sich im Wesentlichen in der Aussage, dass der Kreationismus als Naturwissenschaft in einem Vergleich mit der Evolutionstheorie überall schlechter abschneide; der Kreationismus stelle sich einer Hypothesenkonkurrenz nicht, in den meisten Feldern sei er nicht einmal als Konkurrent angetreten. Hemminger ging kurz auf den „Intelligent Design“-Ansatz (ID) ein, der meines Erachtens unausgewogen dargestellt wurde. Man konnte seinem Vortrag manches darüber entnehmen, was er nicht vertritt, weniger aber, wofür er theologisch steht. Als Motive des Kreationismus, die in dessen Geschichte vorherrschend waren, nannte er die Geltung der Heiligen Schrift (was er als „Bibelfundamentalismus“ bezeichnete), die Rettung des christlichen Menschenbildes (was Folgen für Ethik und Menschenwürde habe) sowie neuerdings vor allem in der ID-Bewegung einen Gottesbeweis auf dem Wege naturwissenschaftlicher Argumentation. Hier überraschte mich sein Optimismus bezüglich der Leistungskraft der Evolutionsmechanismen: Die Entstehung sog. „komplexer spezifizierter Information“ (dazu gehören z. B. biochemische Maschinen wie der Bakterien-Rotationsmotor) sei durch Selbstorganisation problemlos möglich.

Der Physiker **Jürgen Audretsch** unterschied zwischen starken und schwachen ID-Versionen. Das erscheint mir als eine sehr wichtige Unterscheidung. Nach der starken Fassung könne man – vereinfacht gesagt – einen Designer aus der Natur beweisen, die schwache Fassung dagegen versteht Design-Indizien nur als Veranschaulichung bei Vorgabe eines Designers (gedrehtes Design-Argument). Naturwissenschaft sei Laborwissenschaft (plus Freilandbeobachtungen) und könne ihre Aussagen nur unter Vorgabe von Voraussetzungen

machen (was Thomas Junker in der Diskussion zu seinem Vortrag implizit bestritt, denn er meinte, man ginge streng induktiv vor, „da kann Popper sagen was er will“). Begründungsketten müssten in der Naturwissenschaft lückenlos sein, es gebe Gültigkeitsbereiche, aber auch Grenzen der Naturwissenschaft. Dagegen sei Rekonstruktion der Naturgeschichte *nicht Teil* der Naturwissenschaft, sondern nur *Anwendungsgebiet* der Naturwissenschaft. Geschichte ist Rekonstruktion bzw. Konstruktion der Vergangenheit, ein Blick zurück auf der Grundlage der vorliegenden Beobachtungsdaten mit Hilfe der naturwissenschaftlichen Methoden und dem naturwissenschaftlichen Wissen der Zeit. Dazu seien die Kriterien der Geschichtswissenschaft anzuwenden. Er stimmte einem Diskussionsbeitrag aus dem Publikum zu, dass es verschiedene Rekonstruktionen geben könne, die miteinander konkurrieren.

Begründungslücken könne es durchaus geben. Audretsch brachte aus der Kosmologie das Beispiel der Standardtheorie, die solche Lücken gehabt habe, die durch die Inflationstheorie zwar gefüllt worden seien, wodurch sich die Lücken aber nur verschoben hätten.

„No-go-Aussagen“ (Unmöglichkeitssätze) (was ja ID auch macht) gebe in großer Zahl in der Wissenschaft, sie seien aber nur unter der Angabe von Voraussetzungen möglich.

Der Alttestamentler **Manfred Oeming** legte einige Schöpfungstexte aus, sehr ausführlich Gen 1 und Gen 2, sowie Texte aus Jesaja, Hiob und den Psalmen. Seiner textgetreuen Auslegung von Gen 1 konnte ich praktisch uneingeschränkt zustimmen; dagegen fast überhaupt nicht seinen Ausführungen zu Genesis 2. Gott werde dort als Experimentator gesehen, dem auch mal etwas missglücke, so beim Versuch, unter den Tieren einen Partner für den Menschen zu finden. Eine solche Auslegung halte ich für verfehlt. Denn abgesehen davon, dass das so nicht im Text steht, waren die Menschen, selbst wenn man historisch-kritisch und evolutionär denkt, nie so naiv, auf eine derartige Idee zu kommen. Dass Genesis 1 in der Zeit der babylonischen Gefangenschaft als „Antwort auf den Kulturdruck der Babylonier“ entstanden sei, gilt bekanntlich als Standard unter den Theologen, aber die Begründung dafür war sehr kurz. Es stellt sich hier die Frage, wie unter solchen Umständen den zuvor exegetisch begründeten Aussagen ein Realitätsgehalt zukommen kann. Woher hatten die Autoren ihr Wissen? Hatten sie es schon mitgebracht und wollten sie es nun aufschreiben? Oder ist es ihnen erst in Babylon in den Sinn gekommen? Wie kamen sie dann überhaupt darauf? Und mit welcher Begründung kann es als realistisch und glaubwürdig angesehen werden? Konkret: Was kann z. B. der ursprüngliche Tierfrieden überhaupt bedeuten, wenn es diesen in Wirklichkeit nie gab? Oder: Was soll es bedeuten, dass der Mensch – zum Bilde Gottes geschaffen – Gottes „Standbild“ (Stellvertreter) auf der Erde ist, wenn der Mensch in Wirklichkeit evolutionär bedingt ein höchst unvollkommenes Wesen ist, das einer solchen Aufgabe niemals gewachsen sein kann? Die zuvor vorgetragene Auslegung von Gen 1 ist damit unglaubwürdig. Wenn diese Texte also gar keinen (oder nur einen unbedeutenden) historischen Realitätsgehalt haben, verlieren sie auch ihren tieferen und existentiellen Sinn. Hier liegt das Hauptproblem neuzeitlicher Hermeneutik: Was das Alte und Neue Testament als wirkliches Handeln und Reden Gottes bezeugt (beginnend mit der Schöpfung), was in der Kirche so geglaubt wurde, sieht man heute lediglich als subjektive Vorstellung früherer Theologen bzw. religiöser Gruppen. Der hermeneutische Versuch, man solle die Schöpfungstexte als Zukunftstexte lesen, erscheint mir sehr merkwürdig, nicht textgemäß und ohne exegetische Begründung.

Schließlich muss man fragen: Wenn man schon argumentiert, Gen 1 sei (auch) Abgrenzung gegen babylonische Vorstellungen, warum gehört dann das astral gesteuerte Weltzeitalter-Schema mit seinen zyklischen Feuer- und Wasserkatastrophen nicht zu den Abgrenzungen?

Denn gerade hier liegt doch ein markanter Unterschied der Zeitvorstellungen in Gen 1 zu damals zeitgenössischen Vorstellungen der israelitischen Umwelt im Exil vor. Was ist also der Auslegungsschlüssel? Ist es nicht doch das moderne Weltbild?

Oemings Bemerkung, die „fundamentalistische“ Bibelauslegung sei aus Ängsten gespeist, könnte man insbesondere allen Entflechtungslösungen vorhalten, die sich – etwas provozierend gesagt – vor lauter Angst auf sicheres, unangreifbares Terrain zurückgezogen haben, indem sie die Beziehung zur biblisch bezeugten Historie und damit zur Wirklichkeit des Handelns und Redens Gottes faktisch gekappt haben. Wenn aber, wie Oeming feststellte, das von ihm vorgetragene Schöpfungsverständnis unabhängig von den Ergebnissen der Naturwissenschaft sei, dann stellt sich die Frage, was überhaupt der Inhalt der Schöpfungslehre ist und ob sie einen Bezug zur Realität hat. Die Umweltproblematik kann ja trotz ihrer Wichtigkeit nicht der einzige Bezug sein. Es drängt sich der Eindruck auf, als würden die exegetisch ermittelten Inhalte aufrechterhalten, aber die sie begründenden faktischen Grundlagen bestritten. Im Bild gesprochen: Man behauptet, ein Mittagessen zu genießen, bestreitet aber gleichzeitig dessen Existenz.

Die Schlussfolgerungen gingen nach langer Rede in wenigen Minuten am Ende von Oemings Vortrag fast unter. Kreationisten nähmen biblische Texte selektiv wahr, so Oeming, die Begründung war für mich nicht mehr erkennbar. Dagegen stellte sich bei Oemings Auslegung von Gen 2 umgekehrt die Frage, ob er Dinge in die Texte hineinliest. Leider blieb fast keine Zeit mehr für kritische Rückfragen.

Die Religionspädagogin **Astrid Dinter** analysierte im ersten Teil Ihres Vortrags die Argumentation in Dawkins' Buch „Der Gotteswahn“ und diagnostizierte ein monistisches, einliniges naturwissenschaftliches Denken, das alles erklären wolle (die Tagungsteilnehmer hatten das zuvor live im Eingangsreferat von Thomas Junker erleben können). Wie einige andere Redner ging auch sie auf ID ein und kritisierte an diesen Ansatz ähnlich wie an Dawkins' Buch eine „einlinige Argumentation“ und eine monistische Weltsicht. Leider gab es in keinem der Beiträge eine zusammenhängende Erklärung des ID-Ansatzes (ich hatte auch kaum Zeit dazu in meinem Vortrag). Wenn das Tagungsthema „Gott als Designer?“ heißt, wäre es sinnvoll gewesen, einen eigenen Grundsatzvortrag eines ID-Sympathisanten einzuplanen, in dem die Argumentationsweise im Zusammenhang dargestellt wird. Wichtig war hier die oben erwähnte Unterscheidung einer schwachen und schwachen Form von ID. Auf die schwache Form (die der Position der SG Wort und Wissen nahe kommt), trifft die o. g. Kritik von Frau Dinter nicht zu, da in dieser Version die Grenzen der Naturwissenschaft berücksichtigt werden. Hier wurde wie so oft bei „ID“ das Kind mit dem Bade ausgeschüttet. Im zweiten Teil thematisierte Frau Dinter religionspädagogische Aspekte des Themenfelds Glaube und Naturwissenschaft. Sie betonte die Wichtigkeit einer Verhältnisbestimmung von Theologie und Naturwissenschaft in der Pädagogik, wobei altersgemäß unterschiedlich vorgegangen werden muss. Gelingen hier nicht frühzeitig eine Synthese, drohe später ein Abbrechen der religiösen Weltsicht oder eine Ablehnung der Naturwissenschaft. Die SG Wort und Wissen teilt dieses Grundanliegen und möchte ebenfalls gerade diesen Abbruch sowohl zu Glaubensinhalten als auch zur Naturwissenschaft verhindern, doch die Vorstellungen zur konkreten Umsetzung dieses Anliegens gehen freilich in eine deutlich andere Richtung. Die historisch-kritische Ausdünnung der historischen und naturkundlichen Bezüge der Glaubensinhalte und des biblischen Zeugnisses (vgl. Oemings Vortrag) halten wir für eine schlechte Basis einer In-Bezug-Setzung von Glaube und Naturwissenschaft. Dass viele Jugendliche sich vom christlichen Glauben abwenden, könnte auch einer gefühlten Belanglosigkeit geschuldet sein, wenn die Bezüge zur realen Welt weitgehend gekappt worden sind.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n115.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.05.08 Ausführlicher Artikel zu „Evo-Devo“

Im Newsbeitrag „Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=99> wurde bereits auf den in den letzten Jahren immer stärker aufkommenden Evo-Devo-Ansatz in der Evolutionsforschung und einen Genesisnet-Artikel zu diesem Thema hingewiesen. „Evo-Devo“ steht für „*evolutionary developmental biology*“, also für eine Synthese von Erkenntnissen der Erforschung der Entwicklungsbiologie (Ontogenese (= Individualentwicklung) der Lebewesen) und der Erforschung der Evolutionsmechanismen. Viele Evo-Devo-Forscher halten die verschiedenen Versionen der Synthetischen Evolutionstheorie für unzureichend, um die Entstehung des Neuen in der Evolution zu erklären und suchen nach neuen Antworten. Die Hoffnung ist, dass durch das verbesserte Verständnis der Vorgänge während der Ontogenese eine Erklärung für Makroevolution gefunden werden kann (zu Makroevolution siehe „Mikro- und Makroevolution“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>).

Mittlerweile ist zu diesem aktuellen Forschungsfeld ein ausführlicher Artikel verfügbar, der als PDF heruntergeladen werden kann: „Evo-Devo“, <https://www.genesisnet.info/pdfs/Evo-Devo.pdf> (ca. 1,3 MB, 45 Seiten, 21 Abbildungen).

Der neue Artikel hat zum Teil (vor allem in den Anmerkungen) den Charakter einer Stoffsammlung, da viele Beispiele und Hypothesen nicht ausführlich diskutiert werden können. Um den Text lesbar zu halten, wurden viele Zitate, Beispiele und andere Zusatzinformationen in einem größeren Anmerkungssteil zusammengestellt. Die Anmerkungen sollen auch weitere Belege für im Haupttext aufgestellte Behauptungen liefern. Eine kurze Zusammenfassung bietet der eingangs verlinkte Newsbeitrag.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n111.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.01.08 Gotteswahn oder Selektionswahn?

Richard Dawkins macht mit seinem Buch „Der Gotteswahn“ (Ullstein-Verlag, 2007) viel von sich reden. Mich interessierte besonders das 4. Kapitel „Warum es mir ziemlicher Sicherheit keinen Gott gibt“, da es dort um Evolution und Schöpfung geht. Außerdem trägt Dawkins in diesem Kapitel nach eigener Aussage „die zentrale Argumentation“ seines Buches vor (222). Die Ausführungen in diesem Kapitel sind offenkundig für unkundige und / oder leichtgläubige Leser geschrieben. Selten habe ich eine dermaßen oberflächliche Abhandlung über Evolutionsmechanismen gelesen.

Dawkins möchte nachweisen, dass „die Darwin'sche natürliche Selektion die einzige bekannte Antwort auf die ansonsten unlösbare Frage“ ist, „woher die Informationen stammen“ (157). Natürliche Selektion zerstöre in der Biologie die „Illusion der gezielten Gestaltung“ (163) und sei eine Erklärung „für die Gesamtheit alles Lebendigen“ (160). **Hier wird also ein maximaler Erklärungsanspruch erhoben.** Wie wird er begründet?

Erstens: Eine „intelligente Gestaltung“ würde die Frage nach der Entstehung des Gestalters aufwerfen. Das führe in einen unendlichen Regress und sei daher keine Alternative. Zweifellos stehen wir hier vor eine Grenze unseres Verstehens, aber das ist kein Argument gegen die Annahme eines Gestalters. Wir lehnen die Erklärung durch einen Gestalter ja auch nicht ab, wenn wir eine Erklärung für die Form eines schön gearbeiteten Faustkeils suchen.

Die *zweite* Begründung für die Allmacht der Selektion lautet im Bild gesprochen: Selektion müsse nicht *auf einmal* einen Berg über eine Steilwand erklimmen (d. h. eine neue Struktur hervorbringen), sondern könne das in kleinen Schritten auf einem flacheren Hang tun. Hier müsste jetzt jedoch eine genauere Betrachtung dazu ansetzen, wie groß die *einzelnen* Schritte sind, die die Selektion immer noch bewältigen muss, wenn der Berg schrittweise erklommen werden soll. Hierzu verweist Dawkins lediglich auf Formenreihen wie die oft zitierten Augentypen. Schon Darwin habe „müheles“ erklären können, „wie sich das Auge in der Evolution ganz allmählich entwickelt hat“ (171). Formenreihen begründen aber zum einen keine Mechanismen (um die es hier gerade geht), zum anderen liegt das Problem im Detail: was muss sich von Augentyp zu Augentyp verändern und gibt es dafür plausible Modelle? (siehe dazu <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>) Nichts davon diskutiert Dawkins. Stattdessen Polemik gegen Kreationisten und unzutreffende Feststellungen über sie: „Die Kreationisten dagegen sind blind für alles mit Ausnahme der steil aufragenden Felswand auf der Vorderseite“ (170); die „Leistung der Akkumulation“ begriffen sie nicht. Nein, Dawkins kennt nicht ihre Argumente, die es auch gegen den Flachaufstieg, gegen eine Akkumulation gibt, oder er übergeht sie (siehe o. g. Link). Statt sich mit diesen Argumenten auseinanderzusetzen, macht er die Kreationisten lächerlich. Dawkins Empörung über die Religion, die sich mit Nichtwissen zufrieden gebe und dies auch noch als Tugend betrachte (S. 175), fällt auf ihn selbst zurück.

Dieses Nichtwissen Dawkins' fällt besonders bei der **Besprechung des Nano-Rotationsmotors von Bakterien** auf, und zwar in mehrfacher Hinsicht: Er schreibt, der Biochemiker Michael Behe (bekannt durch das Buch „Darwin's Black Box“, siehe Kurzrezension unter <https://www.wort-und-wissen.org/rezension/darwins-black-box-biochemische-einwaende-gegen-die-evolutionstheorie/>) würde *ohne ein Wort der Begründung* behaupten, der Bakterienmotor sei nichtreduzierbar komplex (S. 183). Das ist schon eine sehr dreiste Unterstellung. Dann unterstellt er weiter, Behe halte keines der Einzelteile des Motors für sich alleine für nützlich. Das ist falsch; Behe hat im Gegenteil oft genug gesagt, dass *Einzelteile* eines nichtreduzierbar komplexen Systems eine andere Funktion als das System

selbst ausüben können. Und schließlich verweist er auf den Typ-III-Sekretionsapparat, der eine Vorstufe des Bakterienmotors sein solle. Doch das widerlegt Behes Argumentation nicht, da er die Möglichkeit von Vorstufen mit anderer Funktion ausdrücklich berücksichtigt, und vor allem weil beim hypothetischen Übergang vom Sekretionsapparat zum Motor zahlreiche zusätzliche Proteine benötigt werden (Details s. Junker & Scherer, Evolution – ein kritisches Lehrbuch, 159ff.); ein Übergang ist völlig unverständlich. Dazu kommt, dass es – Evolution vorausgesetzt – starke Argumente dafür gibt, dass der Sekretionsapparat vom Motor abzuleiten ist und nicht umgekehrt (siehe dazu den betreffenden Abschnitt in: Nichtreduzierbare Komplexität, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf). Von allen diesen Argumenten erfährt der Leser von Dawkins nichts. Man muss es hier sagen: Das ist in hohem Maße unredlich.

Selektion erweitere unser Bewusstsein, meint Dawkins (160), „wie aus einfachen Anfängen ohne absichtliche Lenkung organisierte Komplexität entsteht.“ Außer Formenreihen und Optimierungsbeispielen bietet Dawkins jedoch nur *mehrfache Wiederholungen* des schon Gesagten, um den Funken dieser Bewusstseinsweiterung überspringen zu lassen, und versucht darüber hinaus wieder und wieder mit Polemik und Verächtlichmachen Andersdenkender nachzuhelfen. Man gewinnt den Eindruck, Dawkins wolle dem Leser durch ständige Wiederholungen seine Weltsicht eintrichtern.

Mit billiger Argumentation geht es weiter: „**So unwahrscheinlich die Entstehung des Lebens gewesen sein mag, wir wissen, dass sie sich auf der Erde abgespielt hat, denn wir sind hier!**“ (192f.) Dawkins schätzt die Chance, dass Leben durch natürliche Vorgänge auf unserer Erde entstehen könnte, auf 1 : 1 Milliarde. Eine seriöse Begründung für diesen sehr optimistischen Wert liefert er nicht. Gegenargumente werden nicht angesprochen, stattdessen meint er, es gebe im Universum wohl so viele erdähnliche Planeten, dass es klar sei, dass auf manchen auch Leben entstehen konnte. Dem „Intelligent Design“ sei damit der Todesstoß versetzt (195). In Wirklichkeit argumentiert Dawkins hier auf der Basis von Nichtwissen. Denn weder ist außer unserer Erde ein einziger erdähnlicher Planet bekannt, noch kann man eine begründete quantitative Abschätzung darüber machen, wie wahrscheinlich die Entstehung des Lebens ist. Dawkins macht hier aus Nichtwissen ein gesichertes Wissen. Eine Erklärung für dieses unhaltbare Vorgehen könnte sein Bekenntnis sein, dass Chemie nicht sein Gebiet sei (192). Dawkins muss wirklich auf uninformierte und leichtgläubige Leser hoffen.

Wie schon angesprochen verbindet Dawkins die mangelhafte bis ungenügende Argumentation mit ätzender Polemik. Schöpfungsgläubigen unterstellt er in Unkenntnis über die Geschichte der Naturwissenschaft, sie wollten nicht forschen (176, 185), sie würden Lücken „automatisch“ durch Gott füllen (178) und stellt Schöpfungsgläubige mehr oder weniger offen, teilweise subtil als Dummköpfe dar (z. B. 179), und der Schritt zur Verspottung Gottes ist dann nicht mehr weit (164). Ob er damit „bekehren“ kann, was er ausdrücklich anstrebt (160)?

A propos „bekehren“: Ein Stück weit bekehren muss er auch einige seiner Evolutionsbiologen-Kollegen, die der natürlichen Selektion nicht die Allmacht zugestehen, die „Gesamtheit alles Lebendigen“ (160) zu erklären. Man denke hier an die Evo-Devo-Forscher, deren Programm unter anderem gerade dadurch motiviert ist, dass Makroevolution durch die Selektionstheorie eben nicht erklärt ist (siehe dazu Evo-Devo, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2> und

Mikroevolution, Makroevolution und „ID“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=93>; diese Forscher bezweifeln freilich nicht, dass es Makroevolution gegeben hat).

Noch zwei interessante Sätze sind mir aufgefallen: „Wer ein Argument als ‘neunzehntes Jahrhundert’ bezeichnet, hat damit noch nicht erklärt, was falsch daran ist“ (220). Dawkins bezieht das auf Darwins Vorstellungen; man kann es natürlich auch auf anderes beziehen. Und der zweite: „Erst Darwin lieferte den unentbehrlichen Kran, an dem Hume natürlich seine helle Freude gehabt hätte“ (221f.). Der Kran steht für die natürliche Selektion, die nach und nach etwas hochhieven kann (s.o.). Warum hätte dieser Kran David Hume entzückt? Der Grund: Hume wird nachgesagt, er hätte das Design-Argument widerlegt¹; dem widerspricht Dawkins an dieser Stelle, mit dem Hinweis, dass Hume den Kran eben noch nicht kannte. Also konnte er den „Himmelshaken“ (wie Dawkins die direkte Gestaltung durch einen Schöpfer nennt), nicht aufgeben. „Erst Darwin“ konnte das. Wenn sich das aber als voreilig erwiesen hat, dann sind alte Ideen, die noch älter als das 19. Jahrhundert sind, immer noch topaktuell!

Anmerkung

¹ Was Hume genau widerlegt hat und was nicht, müsste eigens genauer beleuchtet werden, was den Rahmen dieses Newsbeitrags sprengen würde.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n104.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.11.07 Evo-Devo: Schlüssel für Makroevolution?

„Evo-Devo“ ist ein relativ neues Schlagwort in der Diskussion um Evolutionsmechanismen, speziell wenn es um die Aufklärung der Mechanismen für Makroevolution geht. Dass diese Mechanismen nicht oder nicht genügend bekannt sind, wird auch von manchen Evolutionsbiologen eingeräumt (vgl. Mikroevolution, Makroevolution und „ID“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=93>).

In einem neuen Artikel (Evo-Devo, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>) werden die wichtigsten Befunde zusammengestellt, die zur Entwicklung des Evo-Devo-Ansatzes geführt haben. Es folgt eine Darstellung der Grundzüge von Evo-Devo-Hypothesen, die anschließend kritisch auf ihre Leistungsfähigkeit hin beurteilt werden. Im Einzelnen:

- Was bedeutet Evo-Devo?
- Anlässe für Evo-Devo
- Wie funktioniert Evo-Devo?
- Kritik an Evo-Devo
- Wo steht Evo-Devo?

„Evo-Devo“ steht für „evolutionary developmental biology“ und mithin für eine Synthese von Erkenntnissen der Erforschung der Entwicklungsbiologie (Ontogenesen, d. h. Individualentwicklung, der Lebewesen) und der kausalen Evolutionsforschung. Mit dem Evo-Devo-Ansatz ist die Hoffnung verbunden, durch das Verständnis der Vorgänge während der Ontogenese einen Schlüssel für ein besseres bzw. vollständiges Verständnis evolutionärer Prozesse zu gewinnen, insbesondere für die Erklärung von Makroevolution.

Kennzeichnend für Evo-Devo-Forscher ist die Auffassung, dass der Neodarwinismus bzw. die Synthetische Evolutionstheorie („Modern Synthesis“) den evolutionären Wandel nicht vollständig erklären kann. Manche Evo-Devo-Forscher formulieren die Defizite des Neodarwinismus schärfer und halten wesentliche Fragen der Entstehung evolutionärer Neuheiten für ungeklärt (zu „evolutionären Neuheiten“ vgl. Mikro- und Makroevolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>).

Reinhard Junker zeigt in seiner Analyse, dass auch der Evo-Devo-Ansatz bislang in wichtigen Fragen keine evolutionstheoretisch plausiblen Antworten geben kann. Die wichtigsten Begründungen in Kurzform:

- Die Mechanismenfrage bleibt ohne überzeugende Antwort. Evo-Devo-Forscher sprechen von Neuprogrammierung, Rekrutierung, Kooption oder Flickschusterei; die vorgeschlagenen Vorgänge sind aber hypothetisch und ohne Lenkung (die es im Evolutionsprozess nicht gibt) unplausibel.
- Häufig wird vergleichend-biologisch argumentiert. Vergleichende Biologie begründet, aber keinerlei Mechanismen und begründet nicht einmal Evolution (vgl. Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie).
- Die Triebfeder für Neuverwendung von Steuergenen in ganz verschiedenen Zusammenhängen ist unklar.
- „Konstruktionszwänge“, die einerseits eine Lenkung der Evolution ermöglichen sollen, verhindern andererseits Veränderungen in Richtung neuer Konstruktionen.
- Neuprogrammierung ist nicht alles. Die Neuprogrammierung von Regulationsgenen und anderen sog. „tool-kit“-Genen gilt als wichtiger (hypothetischer) Evo-Devo-Mechanismus.

Doch die Frage, woher die sehr verschiedenen Gene bzw. Genfamilien kommen, wird dadurch nicht beantwortet.

- Schließlich fällt die Verwendung von „Schöpfungsvokabular“ auf.

Diese und weitere Kritikpunkte werden in „Evo-Devo“ ausführlich erläutert:

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n99.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.04.06 Mikroevolution und Makroevolution: fließende oder scharfe Grenze?

In den Kontroversen um die Plausibilität einer allgemeinen Evolution aller Lebewesen hat das Begriffspaar „Mikroevolution - Makroevolution“ eine besondere Bedeutung. Die inhaltliche Bestimmung ist allerdings in den biologischen Publikationen sehr uneinheitlich, und nicht selten wird diese Begriffsdifferenzierung mindestens in der Frage der *Mechanismen* der Evolution für unnötig erachtet. Die Verwendung dieser Begriffe wäre demnach nur sinnvoll, um *graduelle* Unterschiede im Ausmaß von evolutionären Veränderungen zum Ausdruck zu bringen; es gebe letztlich nur *einen* Evolutionsmechanismus und dabei keine *qualitativen* Unterschiede.

Damit ist die Kontroverse um das Begriffspaar Mikroevolution - Makroevolution eröffnet. Die beiden Begriffe werden oft verwendet, wenn es um die Frage geht, wie gut die Theorie von einer *allgemeinen* Evolution aller Lebewesen begründet ist und ob die *Mechanismen* für eine umfassende Evolution der Lebewesen als aufgeklärt gelten können. Diese Frage wird innerhalb der Evolutionsbiologie auch heute durchaus kontrovers diskutiert.

In einem neuen Beitrag über diese beiden Begriffe („Mikro- und Makroevolution“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=2>) gibt Reinhard Junker zunächst (in Anlehnung an einen Internetbeitrag von Thomas Waschke) einen kurzen Überblick über verschiedene Vorschläge einer inhaltlichen Bestimmung des Begriffs „Makroevolution“. Er plädiert dafür, **eine Unterscheidung zwischen Mikroevolution und Makroevolution an der *Qualität* der Veränderungen der Lebewesen und an entsprechenden unterschiedlichen *Fragestellungen* und *Erklärungsproblemen* (kurz: **Optimierung oder Konstruktion?**) festzumachen.** Nur dann könne die Frage nach der Entstehung des Neuen in der Biologie adäquat formuliert und darauf Forschung aufgebaut werden. Kurz gefasst:

***Mikroevolution:* Wie werden *vorhandene* Konstruktionen der Lebewesen optimiert?**

***Makroevolution:* Wie entstehen Konstruktionen *erstmal*s – *de novo*?**

Im Artikel „Mikro- und Makroevolution“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=2>) werden des weiteren verschiedene Argumente für eine Gleichsetzung von Mikroevolution und Makroevolution besprochen.

Es wird deutlich, dass es in der Frage nach der Unterscheidung von Mikroevolution und Makroevolution letztlich um die Reichweite der bekannten Evolutionsfaktoren geht.

Ein ausführlicherer Beitrag zu diesem Thema ist als PDF herunterladbar: „Mikro- und Makroevolution“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=2>. Dieser Artikel enthält zusätzlich einen Abschnitt, in welchem einige wichtige neuere Erklärungsansätze für Makroevolution vorgestellt und kritisch beleuchtet werden. Im Anhang ist außerdem eine ausführliche Rezension des Buches „**The Plausibility of Life. Resolving Darwin’s Dilemma**“ von Marc Kirschner und John Gerhart aufgenommen worden. Kirschner & Gerhart präsentieren in diesem Ende 2005 erschienenen Buch Ideen zur Lösung der Frage, wie evolutionäre Neuheiten (= „Darwins Dilemma“) entstanden sind (wie also Makroevolution funktioniert). In der Rezension wird folgendes Fazit gezogen: „The

Plausibility of Life' ist ein lesenswertes Buch, es bietet viele faszinierende Erkenntnisse aus der Forschung der letzten Jahre. Wie man diese Erkenntnisse im Hinblick auf die Ursprungsfragen interpretiert, ist zu einem gewissen Teil Sache der Perspektive. Kirschner & Gerhart bieten zweifellos interessante Aspekte zur Variations- und Anpassungsfähigkeit der Lebewesen. Dass die von ihnen vorgestellten Befunde mehr hergeben und 'Darwins Dilemma' lösen, kann aus den genannten Gründen jedoch ernsthaft bezweifelt werden.“ Zu einer ähnlichen Schlussfolgerung gelangen zwei Evolutionsbiologen in ihren Rezensionen: „Kirschner and Gerhart do not present any detailed examples of how the properties of developmental systems have actually contributed to the evolution of a major evolutionary novelty“ (Charlesworth B (2005) On the origins of novelty and variation. Science 310, 1619-1620). „But with its sometimes troubling limitations, the book falls short of the major new theory that the authors promise in their introduction“ (Erwin D (2005) A variable look at evolution. Cell 123, 177-179).

In „The Plausibility of Life“ geht es auf einigen Seiten auch um „Intelligent Design“ und um „Irreduzible Komplexität“. Auch darauf wird in der Rezension eingegangen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n62.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.01.06 Charles Darwin, der Held des Jahres 2005

Das renommierte Wissenschaftsjournal *Science* feiert in der Ausgabe vom 23. Dezember Charles Darwin als Helden des Jahres 2005, weil jüngste Daten die auf ihn zurückgehende Evolutionstheorie untermauert hätten. Sie werden sogar als „Durchbruch des Jahres“ gefeiert. Die im Artikel von Elizabeth Culotta und Elizabeth Pennisi (*Science* 310, 1878-1879) genannten Begründungen wirken allerdings sehr dürftig. So wird beispielsweise die Entschlüsselung des Affengenoms genannt. Die 1% Unterschiede zum Menschen machen 40 Millionen Evolutionsschritte aus, schreiben die Autorinnen. *Wie* diese erfolgt sind, ist jedoch nicht Gegenstand der betreffenden Untersuchungen, sondern die Sequenzierung des Erbguts des Schimpansen und dessen Vergleich mit dem Genom des Menschen. Mit Evolution an sich hat das nichts zu tun. Vielmehr wird hier ein Argument zugrundegelegt, das in der öffentlichen Debatte um Evolution gewöhnlich unkritisch verwendet wird: das Argument nämlich, man könne aus Ähnlichkeiten auf Evolution schließen und Abstammungsverhältnisse bestimmen. Die evolutionäre Interpretation von Ähnlichkeiten ist aber nicht stichhaltig (siehe Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1> und Molekularbiologie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41302&Sprache=de&l=2>; insbesondere den Expertenteil von Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=2>). Ähnlichkeiten lassen sich zudem auch im Rahmen einer Schöpfungsvorstellung deuten (Mosaikformen als Grundtypen und Baukastensysteme, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1261&Sprache=de&l=1>). Das gilt auch für molekulare Ähnlichkeiten. Genomdaten *an sich* geben entgegen der Behauptung von *Science* keine Hinweise auf die *Vorgänge*, die zum Umbau von Mikroben bis hin zu den Primaten geführt haben. Auch darüber, *wie* die Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse entstanden sind, gibt es nur allgemeine theoretische Modelle, die bislang kaum prüfbar sind. (Zu diesen Mechanismenfragen siehe zum Beispiel Gene tinkering, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1> und Homeobox-Gene und Evolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41265&Sprache=de&l=1>.) Zudem sollte es sich mittlerweile herumgesprochen haben, dass die *genetischen* Unterschiede bei weitem nicht alleine die Unterschiede zwischen den mannigfaltigen Formen des Lebens ausmachen. Wo die biologischen Unterschiede zwischen Mensch und Schimpanse liegen, ist ein spannendes Forschungsthema. Und ob auf dieser Ebene die entscheidenden Unterschiede überhaupt festgemacht werden können, ist vorerst nicht ausgemacht. Was gibt dem Menschen die Fähigkeit, eine Chopin-Ballade auf dem Klavier zu spielen, Ballett zu tanzen oder den genetischen Code zu entschlüsseln – Fähigkeiten, von denen Schimpansen höchstwahrscheinlich nicht einmal träumen?

Weiter werden im *Science*-Artikel eine neue Klassifikation der Mikroorganismen und die Entdeckung eines Dinosaurier-Embryos als Beispiele erwähnt. Inwiefern diese Erkenntnisse Belege für Darwins Evolutionstheorie sein sollen, ist nicht ersichtlich. Hier werden wie im Falle der Entschlüsselung des Affengenoms die Befunde ohne weitere Begründung als Bestätigungen für die Evolutionstheorie reklamiert.

Der *Science*-Artikel ist mit „Evolution in action“ überschrieben. Auch dafür werden Beispiele genannt, doch es handelt sich ausschließlich um mikroevolutive Vorgänge wie Artbildung (vgl. Artbildung, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41244&Sprache=de&l=1>). Die Aufspaltung einer Art ist jedoch nicht nur ein Baustein im Gebäude der Evolutionstheorie, sondern auch ein wichtiger Bestandteil der Grundtypenbiologie der

Schöpfungslehre (vgl. Heutige Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>). Auch in dessen Theorierahmen werden Variationsmechanismen vorhergesagt. Nach dem Konzept der polyvalenten Stammformen (Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>) sind Anpassungs- und Artbildungsvorgänge in schnellem Tempo zu erwarten, weil von einem großen Variationspotential und programmierter Variabilität ausgegangen wird. Das von den *Science*-Autorinnen genannte Beispiel der Divergenz der Mönchsgrasmücke und ähnliche Fälle sind daher schöne Beispiele zur Veranschaulichung des Grundtypenkonzepts (vgl. R. Junker & S. Scherer, *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*, Gießen 2001, Seite 293).

Weiter werden Veränderungen an Stichlingen angeführt. Im Meer lebende (marine) Stichlinge tragen eine Panzerung aus Knochenplatten, die Süßwasserarten fehlt. Hauptverantwortlich dafür sind Unterschiede in einem bestimmten Gen (Ectodysplasin-Gen). Dieses Gen existiert in zwei Varianten (Allelen). Das Allel „ungepanzert“ kommt mit geringer Häufigkeit auch in marinen Stichlingen vor. Die fehlende Panzerung der Süßwasser-Stichlinge, die aus marinen Arten entstanden sind, ist daher ein Selektionsereignis (N. Winkler: Stichlinge: Evolution oder Allelfrequenzverschiebung? *Studium Integrale Journal 12* (2005), 76-77), aus dem keine Erkenntnisse über die ursprüngliche Entstehung der Knochenplatten gewonnen werden können. Auch dieses Beispiel passt gut ins Konzept polyvalenter Stammformen im Rahmen der Grundtypenbiologie und ist kein Beleg für Makroevolution.

Dass sich fernerhin mehr und mehr herausstellt, dass die ehemalige „Junk-DNA“ – der vermeintliche genetische Abfall der Evolution – doch kein Müll ist, ist sicher ebenfalls kein Grund, die Erklärungskraft der Evolutionstheorie zu feiern. Oft genug wurde unter Verweis auf die „Nonsense“-Gene über Schöpfungslehre gespottet. Nun erweist sich deren Vorhersage, dass die nicht-codierenden Teile des Genoms sinnvolle Funktionen erfüllen, mehr und mehr als Treffer.

Vor dem Hintergrund der Begründungen für den „Durchbruch des Jahres“ wirkt der Satz der *Science*-Autorinnen „*At some level every discovery in biology and medicine rests on it [der Evolutionstheorie]*“ fast wie ein Glaubensbekenntnis. Es wäre eine spannende Sache, den Nachweis für diese Behauptung zu erbringen.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n54.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.11.05 Was erklärt die Evolutionstheorie?

Am 11. Oktober 2005 referierte Reinhard Junker auf der Philosophischen Woche der Katholischen Akademie Bayern in München sowie am 1. November 2005 im Staatlichen Museum für Naturkunde in Görlitz einen Vortrag zum Thema „Was erklärt die Evolutionstheorie? Anfragen eines Kritikers“. Nach einer Erläuterung des Erklärungspotentials der Evolutionstheorie in drei ausgewählten Gebieten (Vergleichende Biologie, Paläontologie, kausale Evolutionsforschung) wurden im Hauptteil einige grundlegende Kritikpunkte zusammengestellt, mit denen das Evolutionsparadigma als Rahmenanschauung insgesamt in Frage gestellt wurde. Die Kritik betrifft sowohl die kausale als auch die historische Evolutionsforschung und kann daher zwei Problembereichen zugeordnet werden:

- Erklären die experimentell nachgewiesenen Variationsmechanismen die Entstehung neuer Baupläne? (kausale Evolutionsforschung)
- Sind die Belege für eine allgemeine Evolution der Lebewesen (im Sinne von Makroevolution) stichhaltig? (historische Evolutionsforschung)

Auf der Homepage der Studiengemeinschaft Wort und Wissen kann eine Langversion des Vortrags heruntergeladen werden: <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/a03.pdf> (PDF, 2,6 MB, umfasst 15 Seiten und enthält 14 Abbildungen)

Es werden folgende Schlussfolgerungen gezogen: Zahlreiche Daten der Biologie und Paläontologie können einigermaßen schlüssig im Rahmen der Evolutionstheorie verständlich gemacht werden, das heißt sie finden bei *Vorgabe* einer Makroevolution eine plausible Deutung.

Eine Reihe von Daten kann auch als Bestätigung von Vorhersagen gewertet werden, die aus der Evolutionstheorie resultieren, z. B. die Fossilabfolge (im Groben betrachtet) und die Ähnlichkeitshierarchie der Lebewesen.

Andererseits entsprechen zahlreiche Befunde, die *regelmäßig* auftreten, nicht den ursprünglichen evolutionstheoretischen Erwartungen. Dazu gehören:

- *In der Vergleichenden Biologie:* Das häufige Auftreten von Konvergenzen (insbesondere bei Komplexmerkmalen) und damit zusammenhängend die oft eher netz- als baumförmige Beziehung zwischen den Taxa sowie mangelnde Kongruenz zwischen verschiedenen Datensätzen.
- *In der Paläontologie:* Das plötzliche Auftreten von Fossilgruppen; dabei ist die Verschiedenartigkeit häufig bereits zu Beginn der Fossilüberlieferung erheblich, so dass auch abgeleitete Merkmale oder Taxa bereits früh in den jeweiligen Abfolgen fossil in Erscheinung treten.
- *In der kausalen Evolutionsforschung:* Eine Unterscheidung zwischen Mikro- und Makroevolution, die sich an der *Qualität* der Veränderungen der Lebewesen orientiert, ist unbedingt geboten. Makroevolution steht für die Entstehung neuer Konstruktionen, die nicht als Extrapolation von Variationsvorgängen wie Anpassungen, Spezialisierungen oder Optimierungen betrachtet werden kann. Für makroevolutive Veränderungen fehlen experimentelle Belege; dafür vorgeschlagene Mechanismen wie Evolution neuer funktionaler Gene durch Genduplikation, durch Exon Shuffling, durch Mutation von Hox-Genen oder durch Gen-Tinkering sind weitgehend hypothetisch. Insbesondere ist ungeklärt, wie Leben oder wenigstens die wichtigen Makromoleküle der Lebewesen erstmals unter unspezifischen Bedingungen einer hypothetischen frühen Erde entstanden sein könnten.

Die genannten Befunde falsifizieren die Evolutionstheorie zwar nicht, erforderten in der Vergangenheit aber wiederholt so schwerwiegende Änderungen im Theoriengebäude, dass man oft nicht mehr von Bestätigung von Vorhersagen sprechen kann, sondern nur von *Deutungen im Nachhinein*.

Von einer Erklärung des makroevolutiven Wandels im Sinne des Ableitens der empirischen Befunde aus allgemeinen Gesetzmäßigkeiten und spezifischen Randbedingungen kann nicht gesprochen werden. Lediglich für einige mikroevolutive Vorgänge trifft dies zu.

Auf <http://www.evolutionbiologen.de/PhilSemJ.pdf> wird auf diesen Vortrag kritisch eingegangen; Interessierte können die dort gemachten Behauptungen mit den Ausführungen von Reinhard Junker direkt vergleichen. Da von der Akademie auch eine Tonaufzeichnung gemacht wurde, kann auch der Redetext zum Vergleich herangezogen werden.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n51.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.05.05 Schöpfungsvokabular bei Evolutionstheoretikern

Die Sprache verrät, was Sache ist. In Ursprungsfragen sei der Schöpfer „radikal ausgebootet“ worden, schrieb einmal der Verhaltensforscher Wolfgang Wickler. Doch der Schöpfer verfolgt die evolutionär orientierten Wissenschaftler weiter in vielen Formulierungen, die sie verwenden. Ein besonders eindrückliches Beispiel lieferte eine Meldung über die wahrscheinlich mehrmalige Entstehung der Gehörknöchelchen der Säugetiere.

Worum geht es? Aus einem neuen Fossilfund wird geschlossen, dass die säugertypischen Gehörknöchelchen Hammer, Amboss und Steigbügel mindestens zweimal unabhängig entstanden sein müssen. Dies ist evolutionstheoretisch sehr überraschend, da die Konfiguration der Gehörknöchelchen als eines der wichtigsten Schlüsselmerkmale der Säugetiere betrachtet wird. Die Bedeutung dieses Fundes für das Verständnis der Säugerevolution wird in der Herbstausgabe von *Studium Integrale Journal* (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/studium-integrale-journal/>) diskutiert werden; hier interessiert uns jedoch ein anderer Aspekt. Antje Findekleer schreibt dazu in wissenschaft-online (www.wissenschaft-online.de/abo/ticker/77319; Hervorhebungen nicht im Original): „Hören ist eine verflixt komplizierte Angelegenheit. Und das dafür notwendige knöcherne wie häutige Inventar des Säugetierohr-*Baukastens* wirkt so hochspezialisiert, dass man nur staunen kann, *wer* wann im Laufe der Evolution dieses *ausgeklügelte* System entwickelt und seinen zahlreichen Nachfahren vom Schnabeltier bis zum Menschenkind hinterlassen hat.“ Das ist Schöpfungsvokabular: Ein Akteur („wer“) hat etwas „ausgeklügelt“ und benutzt einen Baukasten – nur, wer ist „er“?

Im Weiteren schreibt die Autorin: „... so etwas *Raffiniertes* würde selbst die höchst *einfallreiche* Evolution wohl kaum zweimal erfinden, so verschlungen und überraschend deren *Ideen* auch manchmal sein konnten.“ Da hat sich also jemand eine raffinierte, überraschende Idee einfallen lassen!

Am erstaunlichsten sind jedoch die Schlusssätze. Nach der Feststellung, dass ein herausragendes Merkmal der Säugetiere seine einzigartige Stellung verliere, schreibt Findekleer: „Der Sache an sich tut das keinen Abbruch, im Gegenteil: Wie viel erstaunlicher ist nun die Erkenntnis, dass *Mutter Natur* den raffinierten *Trick* unabhängig ein zweites Mal entwickelte. *Evolution sollte man einfach nie unterschätzen.*“ So wird ein evolutionstheoretisch ursprünglich völlig unerwarteter Befund flugs ins Evolutionsgebäude eingebaut, indem man „der Evolution“ (die außerdem auch noch als „Meister“ und als „höchst einfallreich“ bezeichnet wird) schöpferische Qualitäten zuspricht. Alles klar?

Richtig, das sind ja nur Metaphern! Man kann das auch anders sagen; allerdings wird es dann ziemlich kompliziert oder das betreffende Phänomen wird gar nicht angemessen beschrieben. Und meistens schleicht sich auch dann wieder Schöpfungsvokabular ein, z. B. wenn von „Selbstorganisation“ die Rede ist. Denn: Wer organisierte da?

Man könnte noch einwenden, dass dies die Sprache des Wissenschaftsjournalismus sei, doch dasselbe Vokabular wird auch in Fachartikeln verwendet. Offenbar drängt sich das Schöpfungsvokabular auf: Die beobachteten Phänomene lassen sich zwanglos beschreiben, wenn man ein durchdachtes Handeln eines Urhebers zugrunde legt (vgl. Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1> und Kontroverse um „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1622&Sprache=de&l=1>). Es gilt wohl auch

für Biologen, was Paulus schreibt: Gottes Macht und Größe kann man an seinen Werken deutlich erkennen (Röm 1,18ff.).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n37.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Intelligentes Design der Lebewesen, Konvergenzen (unabhängige Merkmalsentstehung) & Grundtypenbiologie

04.02.21 Wie fliegt ein Schmetterling?

Die flatternden Sommervögel haben unter den Insekten einen ganz eigenen Flugstil. Mit Ihren großflächigen Flügeln scheinen sie eher ziellos und zufällig hin und her zu flattern. Wie aber funktioniert der Flug der Schmetterlinge? Wie erzeugen die Vor- und Auftrieb? Interessante Experimente geben Einblicke in einige der zugrundeliegenden aerodynamischen Prozesse.

Ein Schwalbenschwanz (*Papilio machaon*) der eben noch auf einer Blüte ruhte, hat sich mit wenigen Flügelschlägen erhoben und flattert mit eingestreuten Segeleinlagen dem Wegrain entlang. Wie erheben sich diese filigranen Insekten in die Luft und nach welchen Prinzipien funktioniert diese zufällig scheinende Luftfahrt? Diese Frage kann man nach derzeitigem Wissenstand nur ansatzweise beantworten; hier werden einige Beobachtungen und Einsichten zusammengestellt, die zum Nachdenken anregen und zu eigenem Beobachten ermutigen sollen.

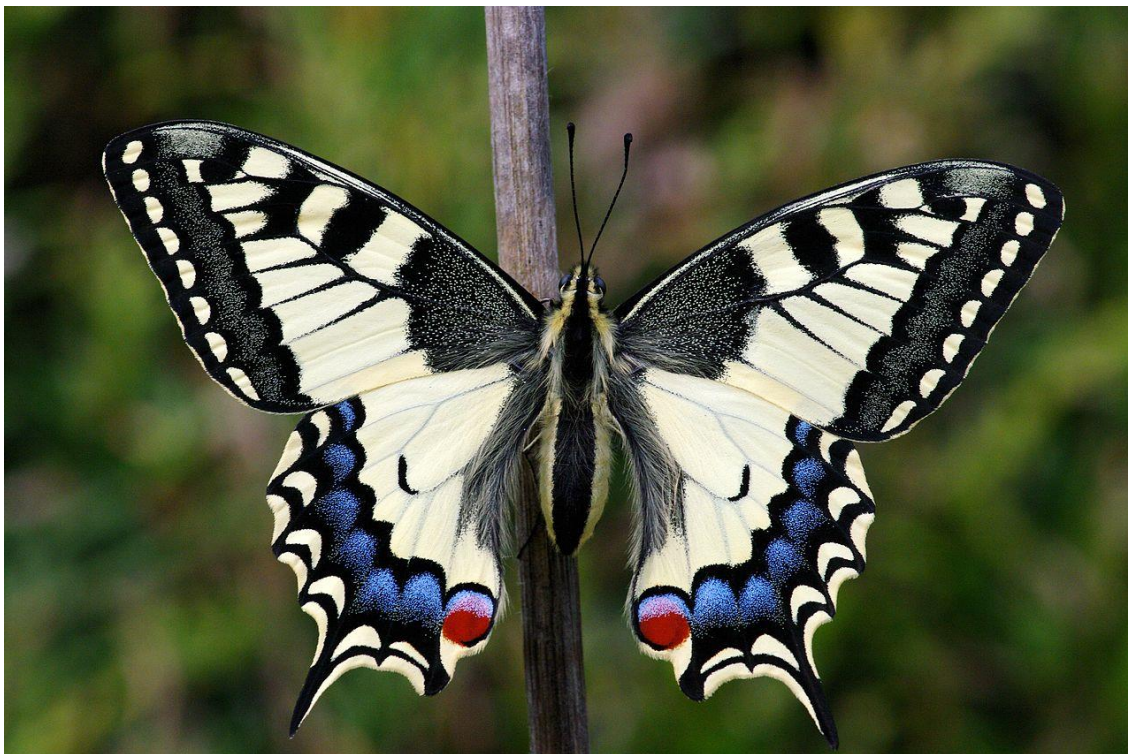


Abb. 1 Schwalbenschwanz (*Papilio machaon*). (Wikimedia: hamon jp, CC BY-SA 3.0)

Otto Liliental, einer der Flugpioniere, hat gemeinsam mit seinem Bruder Gustav bereits als Schüler mit intensiven Studien des Vogelflugs begonnen. Daraus haben sie Modelle zum

Schlagflug (Fliegen mit sich auf und ab bewegenden Flügeln) entwickelt und dazu auch experimentelle Untersuchungen durchgeführt. Schließlich entwickelten sie erste Flugapparate mit starren und gewölbten Tragflächen, mit denen sie den Gleitflug großer Vögel nachahmen konnten (Lilienthal 1889). Bis heute ist der Vogelflug Gegenstand wissenschaftlicher Untersuchungen, weil man sich noch viele spannende und technisch nutzbare Entdeckungen verspricht.

Der Insektenflug unterscheidet sich vom Vogelflug nicht nur aufgrund der unterschiedlichen Dimensionen an Masse und der Größe sowie an den eingesetzten Materialien; dabei kommen auch andere aerodynamische Prinzipien ins Blickfeld und gewinnen an Einfluss. Die hauptsächlich aus Chitin¹ bestehenden flexiblen Insektenflügel werden typischerweise mit hoher Frequenz geschlagen und damit Vor- und Auftrieb erzeugt. Schwebfliegen und Libellen sind mit ihren nicht durch Muskelkraft aktiv veränderbaren Flügeln zu ganz erstaunlichen und faszinierenden Flugmanövern fähig.

Die meisten Schmetterlinge weichen in ihrem typischen Körperbau von dem anderer Insekten ab. Ein schmaler kleiner Körper trägt vier großflächige Flügel, die in der Regel auf jeder Seite paarweise synchron auf und ab bewegt werden. Die aus einer Chitin-Doppelmembran bestehenden Flügel sind mit Adern durchzogen und mit einer unüberschaubar großen Zahl winziger Schuppen bedeckt. Diese sind nur lose an der Chitin-Membran angeheftet. Im Flug nutzen Schmetterlinge ihre Flügel typischerweise mit einer niedrigen Frequenz von z. B. 15 Hz. Das Taubenschwänzchen (*Macroglossum stellatarum*), das im Schwirrfly, wie ein Kolibri an einer Blüte steht, schlägt die Flügel mit ca. 80 Hz. Die meisten Schmetterlinge zeigen auch einen typisch schaukelnden Flug, der auf den ersten Blick wenig zielgerichtet und effizient erscheint (obwohl Wanderfalter, wie z. B. der Monarchfalter [*Danaus plexippus*] große Strecken mit extremer Effizienz zurücklegen können).

Wie also fliegt ein Schmetterling, was sind die dabei genutzten Mechanismen? Mit großem experimentellem Aufwand untersuchten Fuchiwaki et al. (2013) mit an den Beinen auf einem kleinen Träger fixierte Distelfalter (*Cynthia cardui*) und Weiße Baumnympfen (*Idea leuconoe*) im Windkanal. Dabei kamen Hochgeschwindigkeitskameras, Laserlichtquellen und sehr leichte, kleinste Kunststoffkugeln (10µm Durchmesser) zum Einsatz, um Luftwirbel dokumentieren zu können. Die an technischen Instituten in Japan arbeitenden Wissenschaftler wollten Informationen zur Verbesserung technischer Kleinstfluggeräte wie Mini-Drohnen gewinnen. Sie konnten – mit erheblichem mathematischem Aufwand – dokumentieren, dass sich beim Auf- und Abschlag der Schmetterlingsflügel an den Flügelkanten ringförmig geschlossene, schlauchartige Wirbel ausbildeten, die sich an den Umkehrpunkten der Flügel von denselben ablösten. Das war bei beiden Schmetterlingsarten gleich, die Form der Wirbelschläuche war aber entsprechend der unterschiedlichen Flügelgröße und -umrisse verändert. **Diese Luftwirbelschläuche an den Flügelkanten tragen nach den Erkenntnissen der Autoren mit zum Flugverhalten der Falter bei.**

Johansson & Henningsson, zwei schwedische Biowissenschaftler eines Ökologischen Instituts, untersuchten in einem vergleichbaren Experiment frei fliegende Exemplare des Kaisermantels (*Argynnis paphia*) im Windkanal. Dabei kamen mehrere Hochgeschwindigkeitskameras zum Einsatz, was einen entsprechend höheren Rechenaufwand erforderte. Bei dieser Studie (Johansson & Henningsson 2021) starteten die Schmetterlinge im Windkanal von einer Startplattform aus gegen einen Luftstrom von ca. 2 m s⁻¹. Beim Aufschlag der Flügel bilden die flexiblen Flügelflächen, kurz bevor sie oben zusammenschlagen, eine tassenförmige Struktur, deren Öffnung nach hinten gerichtet ist.

Wenn die Flügelflächen aufeinander klatschen, ergibt sich ein nach hinten gerichteter Luftstrom, der für den Schmetterling einen Vortrieb bewirkt. Die Untersuchung ergab, dass der Flügelaufschlag bei Kaisermantel in der allerletzten Phase, kurz vor dem Zusammenklatschen der Flügel, den Vortrieb erzeugt. Der Abschlag dagegen dient vor allem als Gegenkraft zur Gravitation, d.h. die Körpermasse des Schmetterlings wird dabei ausgeglichen. **Die Autoren betonen, dass damit der schaukelnde und scheinbar wenig effiziente Flug des Kaisermantels in einem neuen Licht erscheint.** Im Vergleich zu Modellen mit starren Flügeln bringt die aufgrund der Flexibilität der Flügel erzeugte tassenförmige Struktur einen um 22 % höheren Impuls im Vortrieb und eine um 28 % gesteigerte Effektivität beim Fliegen. Auch diese Autoren bemerken abschließend in ihrer Veröffentlichung, dass diese neu gewonnenen Erkenntnisse zur Verbesserung von Flugrobotern genutzt werden können.

Die hier angeführten Einsichten könnten uns dazu herausfordern, Schmetterlingen nicht nur aufgrund ihrer vielfältigen Farbenpracht oder ihres Nutzens durch ihre Bestäubertätigkeit aufmerksam und genau zu beobachten. Es wird deutlich, wie viel uns bei den bisherigen Beobachtungen verborgen geblieben und deshalb noch zu entdecken ist. Es kann uns aber auch zum Staunen bringen und nachdenklich machen, wenn wir hier – wie auch an vielen anderen Beispielen – erkennen, wieviel Detailwissen und vielfältige Prinzipien in Lebewesen verwirklicht sind. Wer dies wahrnimmt, kann auch bedenken, was ein alter Prophet in Israel sagt: Er ist es, der die Erde gemacht hat durch seine Kraft, der den Erdkreis gegründet durch seine Weisheit und den Himmel ausgespannt durch seine Einsicht (Jer. 10,12).

Anmerkung

¹ Ein Polysaccharid ähnlich der Cellulose; der Monomerbaustein besteht anstelle von Glucose aus N-Acetylglukosamin.

Literatur

Fuchiwaki M, Kuroki T, Tanaka K & Tabata T (2013) Dynamic behavior of the vortex ring formed on a butterfly wing. *Exp. Fluids* 54, 1450–1461.

Johansson LC & Henningson P (2021) Butterflies fly using efficient propulsive clap mechanism owing to flexible wings. *J. R. Soc. Interface* 18: 20200854; doi.org/10.1098/rsif.2020.0854

Lilienthal O (1889) *Der Vogelflug als Grundlage der Fliegekunst. Ein Beitrag zur Systematik der Flugtechnik.* Berlin.
https://www.deutschestextarchiv.de/book/show/lilienthal_vogelflug_1889

Autor dieser News: Harald Binder

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n286.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.11.20 Die Optimalität des genetischen Codes – ein klarer Beleg für Intelligentes Design

Der genetische Code wurde in den 1960er-Jahren entschlüsselt und ist der Code, durch den die Information zur Herstellung von Proteinen in der DNA übermittelt wird. Eine bemerkenswerte Tatsache ist, dass alle Organismen praktisch denselben Code besitzen, während theoretisch Milliarden solcher Codes auftreten könnten. Noch immer gilt dies als Beweis für die gemeinsame Abstammung aller Organismen. Neue Entdeckungen zeigen jedoch, dass dieser Code optimal ist, um die Wirkung von Mutationen abzupuffern. Der genetische Code ist daher „antievolutiv“! Wer hätte gedacht, dass der universelle genetische Code heute einer der besten Beweise für intelligentes Design ist?

Die Wissenschaft hat im Universum außer mit Energie und Materie ganz offensichtlich auch mit Information zu tun. In Atomen und Molekülen erkennen wir zum einen insofern Information, als sie sich in den Naturgesetzen, im unsichtbaren atomaren und molekularen Verbindungsverhalten der Atome und Moleküle manifestiert. In der Biologie ist sie zum anderen in Entwicklungsabläufen erkennbar, nach denen sich einzelne Keimzellen gesetzmäßig zu Organismen entwickeln. Die immer wiederkehrende Choreographie der frühen Entwicklung des Fadenwurms, die die Entfaltung von genau 671 Zellen umfasst, und der Zelltod von 111 Zellen (oder 113, je nach dem Geschlecht des Fadenwurms) ist für die in biologischen Systemen vorhandene Information beispielhaft. Auch der vorprogrammierte Tod der nicht mehr benötigten Zellen wird durch Information bestimmt. Die Organisation und der Selbstaufbau, zwei typische Merkmale des sich entfaltenden Lebens, sind durch Information gesteuerte Phänomene.

Information wurde von den materialistischen Philosophen des 19. Jahrhunderts, den Naturalisten, nicht beachtet, da das Informationskonzept, wie wir es heutzutage kennen, noch nicht entwickelt war. Ein Paradebeispiel ist das Erbmolekül DNA. Die Abfolge der Bausteine der DNA ist aperiodisch, d. h. sie existiert als eine schier unendliche Reihe von augenscheinlich ungeordneten Abfolgen chemischer Verbindungen (den Nukleotiden Adenin, Thymin, Cytosin und Guanin, die mit den Symbolen A, C, T und G abgekürzt werden). Die Nicht-Periodizität ermöglicht es, ein Informationsträger zu sein, wie das auch bei unserer nicht-periodischen Sprache der Fall ist. Eine DNA-Sequenz ist dementsprechend eine Symbolisierung funktionaler Merkmale, die wir in Lebewesen vorfinden.

Die Information einer DNA-Sequenz kann ihre Funktion allerdings nur dann entfalten, wenn sie von Decodierungs-Maschinen abgelesen wird. Diese Maschinen sind ebenso wie die digitalisierte Information in der DNA der Zellen vorhanden. Die codierte Information wird benötigt, damit sich eine einzige Zelle zuerst zu einem Embryo, weiter zu einem Fetus, zu einem Baby und schließlich zu einem erwachsenen Individuum entwickelt.

Das Genom des Menschen (also sein komplettes Erbgut) und weitere epigenetische Informationssysteme enthalten zum Beispiel die Information für den Aufbau einer Hand mit fünf Fingern und eines Fußes mit fünf Zehen, und für die Stellen, wo die Sehnen befestigt werden müssen. Ebenso gibt es Information, wie durch den Stoffwechsel in den Zellen Aminosäuren auf- und abzubauen sind und wie daraus Proteine hergestellt werden können. Die Information im Genom bestimmt, wie mehrere hundert verschiedene Zelltypen gebildet werden, und auch die Moleküle, die dafür sorgen, dass die verschiedenen Zelltypen als Ganzes funktionieren. Information wird auch für den Bau und die Entwicklung von Magen, Leber, Nieren, Lungen und Herz und alle anderen Organe benötigt. Die Form bzw.

Ausprägung von Organen wie Augen oder Nase ist in der genetischen Information festgelegt. Alle Eigenschaften eines Organismus vererben sich als Informationspakete. Das Geheimnis des Lebens ist, dass Lebewesen auf Information beruhen.

Der genetische Code. Die Tatsache, dass es – mit wenigen Ausnahmen – nur einen einzigen genetischen Code bei allen Organismen gibt, wurde im vergangenen Jahrhundert als ein überzeugender Beweis für den Grundsatz der universellen Abstammung gefeiert. Durch den Code ist die Zuordnung der Abfolgen von Nukleotiden (A, C, G, T) zu entsprechenden Abfolgen von Aminosäuren in Proteinen festgelegt. Jeweils drei Nukleotide stehen für eine bestimmte Aminosäure (und einige stehen für Start und Stopp), und diese Entsprechung ist bei fast allen Organismen gleich. **Doch diese Einheitlichkeit des Codes hat noch eine andere Seite und diese beinhaltet einen guten Grund, zu einer anderen Schlussfolgerung als „gemeinsame Abstammung“ zu gelangen.** Zur Erklärung müssen wir etwas ausholen.

Mit den vier digitalisierten Symbolen (A, T, C und G) können durch Dreiergruppen (s. o.) insgesamt 64 verschiedene Kombinationen zusammengestellt werden. Diese sogenannten Triplets – oder Codons – verschlüsseln also die Bausteine der Proteine, die Aminosäuren, wovon es es nur 20 unterschiedliche in den Lebewesen gibt (auch hier mit wenigen Ausnahmen). Es gibt also viel mehr Codons (64) als zu codierende Proteinbausteine (20 Aminosäuren). Zusammen mit dem Codon, das als Stoppsignal fungiert und anzeigt, wo das Protein endet, benötigen die Lebewesen nicht mehr als 21 Codons, um alle beliebigen Proteine codieren zu können. Wozu dienen die restlichen 43 Kombinationen?

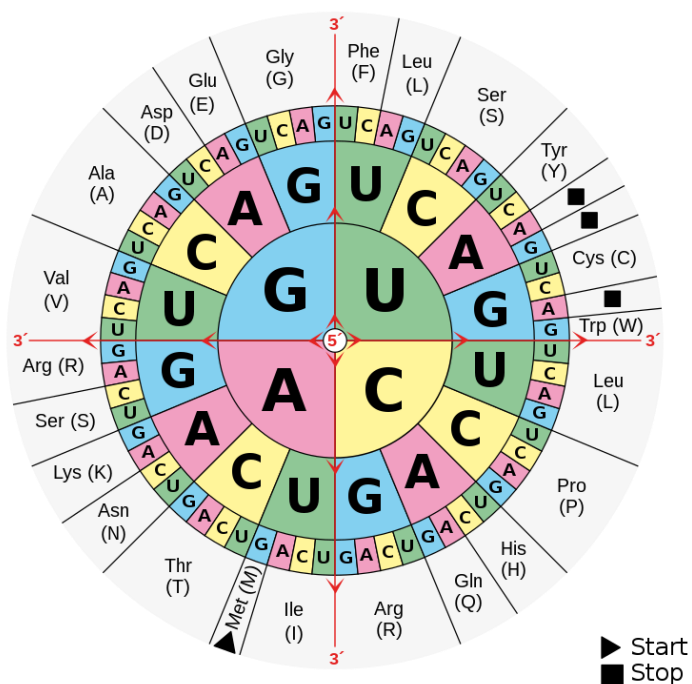


Abb. 1: Die Codesonne zeigt, welche Basensequenz welche Aminosäure ergibt. (Wikimedia: Mouagip, Gemeinfrei)

Genau genommen gibt es drei unterschiedliche Stoppsignale, die übrigen Codons erweisen sich als alternative Triplets, die für dieselben 20 Aminosäuren codieren. Es heißt, der Proteincode ist ein *degenerierter* Code. Damit ist nicht gemeint, dass er irgendwie defekt sei, sondern dass eine bestimmte *semantische* Einheit (eine bestimmte Aminosäure) durch

mehrere unterschiedliche *syntaktische* Abfolgen (die Codons) codiert wird. Den meisten Aminosäuren entsprechen mehrere Codons. Die Aminosäuren Serin, Arginin und Leucin werden beispielsweise von jeweils sechs unterschiedlichen Codons codiert. Vier verschiedene Codons stehen für jeweils fünf andere Aminosäuren, nämlich Alanin, Glycin, Prolin, Threonin und Valin. Die übrigen Aminosäuren werden durch einen, zwei oder drei Codons codiert; Aminosäuren, die von fünf Codons dargestellt werden, kommen nicht vor. Wozu gibt es diese seltsame Verteilung? **Wäre ein Code, in dem alle 20 Aminosäuren dreifach codiert wurden, zuzüglich der vier Stoppsignale, nicht ebenso funktionsfähig?** Diese seltsame, ungleiche Verknüpfung von Codons und Aminosäuren war lange Zeit rätselhaft. Im 21. Jahrhundert ist dieses Rätsel dank unseres detaillierten Wissens bezüglich der molekularen Grundlagen des Lebens gelöst worden: Der Code ist in verschiedener Hinsicht optimal, insbesondere in Bezug auf Fehlertoleranz (Freeland et al. 2000).

Mit 64 verschiedenen Kombinationen von drei Symbolen können wie erwähnt 20 Aminosäuren auf viele Weisen zugeordnet werden. Theoretisch sind Milliarden solcher Zuordnungen vorstellbar, welche als alternative genetische Codes fungieren könnten. Mittlerweile ist man in der Lage, diese alternativen Möglichkeiten zu erproben und zu bewerten. Dabei hat sich der tatsächlich vorhandene universelle Code als optimal herausgestellt, um zufällige genetische Veränderungen (Mutationen) so ausgleichen zu können, dass die Proteine sich in ihrer Funktion möglichst nicht ändern (Freeland et al. 2000). Der genetische Code ist gerade so mit der Synthese von Proteinen verbunden, dass Mutationen im Erbgut das Endprodukt (Protein) möglichst wenig beeinträchtigen können. Anders gesagt, **der Code ist daraufhin eingerichtet, Veränderungen optimal vorzubeugen und den *Status Quo* zu bewahren.** Der Code ist optimal in allen Lebewesen und es gibt keinen Grund für die Annahme, dass es jemals anders war. Das ist bemerkenswert.

Wenn man ein Team von Wissenschaftlern herausfordern würde, den für das Leben passendsten genetischen Code zu entwerfen, und vorausgesetzt, sie wüssten alles über die molekulare Biologie, die Biochemie und die Biophysik (was sie nicht tun), dann würden sie genau diesen Code (oder einen sehr ähnlichen, gleichwertigen Code) entwerfen, den alle Lebewesen aufweisen. Ist das nicht Grund zum Nachdenken? Zeugt diese *Feinabstimmung* des universellen Codes nicht eher von intelligentem Design als von universeller Abstammung?

2013 beschrieb ein russisches Team aus Bio-Informatikern, dass der biologische Code, wie er in allen Organismen vorkommt, alle Indizien eines intelligenten Ursprungs beinhaltet (shCherbak & Makukov 2013). Sie äußerten, dass das eigentliche Szenario für die Herkunft des irdischen Lebens bei Weitem noch nicht geklärt sei, und dass die Idee, dass das Leben planvoll von einer Intelligenz „ausgesät“ wurde, nicht *a priori* ausgeschlossen werden dürfe. Ein statistisch starkes intelligentes Signal im genetischen Code ist eine prüfbare Folge eines solchen Szenarios. Laut diesen Forschern weist der Aminosäure-Code eine ausgefeilte Feinabstimmung auf, die den Kriterien entspricht, die als Informationssignal zu betrachten sind. Genau und systematisch erscheinen die zugrundeliegenden Design-Muster als Produkt der Präzisionslogik und Feinabstimmung. Die Bio-Informatiker sahen sich gezwungen, die Nullhypothese, wonach der Code ein Produkt des Zufalls sei, zu verwerfen. Die Idee, dass der genetische Code auf natürliche Weise entstanden ist, wurde entschieden in Frage gestellt. Die Design-Muster des Codes waren so stark, dass die Code-Zuordnung selbst eindeutig aus ihrer algebraischen Darstellung abgeleitet werden könnte. Das dahinterliegende Signal zeigt leicht erkennbare Merkmale der Künstlichkeit, darunter das Symbol Null, die privilegierte Dezimalsyntax und semantische Symmetrien. Von dem intelligenten Design des Codes beeindruckt nannten sie ihren Artikel *The “Wow! signal” of the terrestrial genetic code*. Als

„Wow!-Signal“ bezeichnen Astronomen, die den Kosmos mit Radioteleskopen absuchen, ein Signal, das alle Kennzeichen eines interstellaren Kommunikationsversuchs von intelligentem außerirdischem Leben aufweist. Anders gesagt, das Signal kann nur von intelligenten Urhebern herrühren. Genau ein solches Signal fanden die russischen Forscher in der DNA der lebenden Zellen!

Meinte Nobelpreisträger Francis Crick 1968 noch, der Proteincode sei ein eingefrorener Zufall, stellt die moderne Forschung ihn als einen außerordentlich zuverlässigen Informationsspeicher mit eindeutiger intelligenter Signatur dar. Diese neuen wissenschaftlichen Erkenntnisse erfordern eine Umkehr des Denkens: Die Frage nach dem Ursprung des Lebens kann besser durch die Annahme eines Schöpfers beantwortet werden.

Literatur

Freeland SJ, Knight RD, Landweber LF & Hurst LD (2000) Early Fixation of an Optimal Genetic Code. *Molecular Biology and Evolution* 17, 511–518.
<https://academic.oup.com/mbe/article/17/4/511/1127636>

shCherbak V & Makukov MA (2013) The “Wow! Signal” of the terrestrial genetic code. *Icarus* 224, 228–242.
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0019103513000791>

Autor dieser News: Peter Borger

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n282.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.03.20 Rätselhafte Verteilung der Wurzelknöllchensymbiose

Die Wurzelknöllchensymbiose bei Leguminosen (z. B. Bohnen oder Erbsen) ist eine fein ausbalancierte Symbiose zwischen Pflanze und Bakterien zur Fixierung von Luftstickstoff und von erheblicher wirtschaftlicher Bedeutung. Überraschenderweise muss in evolutionstheoretischen Modellierungen eine mehrfache Entstehung und ein mehrfacher Verlust angekommen werden.

Ein wichtiger „Rohstoff“ für das Pflanzenwachstum ist Stickstoff, er wird z. B. für die Synthese der Proteine und Nukleinsäuren benötigt. Elementarer, zweiatomiger Stickstoff (N_2) ist mit 78 % Anteil zwar reichlich in der Luft vorhanden, kann aber von den Pflanzen nicht direkt genutzt werden, sondern nur in Form von Ammonium (NH_4^+) oder Nitrat (NO_3^-). Nur einige Bodenbakterien sind in der Lage, Luftstickstoff durch Reduktion in eine für Pflanzen verfügbare Form zu überführen; das von ihnen produzierte Nitrat kann von den Pflanzen über die Wurzeln aufgenommen werden. Diesen Vorgang nennt man Stickstoffbindung (Nitrifizierung).

Es gibt jedoch vier Pflanzenordnungen, in denen einige Arten in bestimmten Bereichen der Wurzeln eine Symbiose mit stickstoffbindenden Bakterien der Gattungen *Rhizobium* oder *Frankia* eingehen können. Diese Symbiose findet in sogenannten Wurzelknöllchen statt. Die Bakterien in den Wurzelknöllchen sind als Bakterioide ausgebildet, das heißt, sie besitzen keine Zellwände. Die Bakterioide werden von den infizierten Pflanzenzellen in Membranen eingehüllt und bilden dadurch gleichsam Zellorganellen; sie besitzen die für die Stickstoffbindung erforderlichen Enzyme. Das wichtigste darunter ist die Nitrogenase. Dieses Enzym wird allerdings bei Anwesenheit einer bereits geringen Menge an Sauerstoff geschädigt, andererseits kommen die Bakterioide nicht ohne Sauerstoff aus. **Die Sauerstoffkonzentration in den Wurzelknöllchen muss daher genau ausbalanciert sein.** Dafür sorgt die Pflanze, indem sie ein eisenhaltiges Protein, das Leghämoglobin, in den Knöllchen bildet, das überschüssigen Sauerstoff bindet, dessen Niveau konstant hält und somit eine Sauerstoffpuffer-Funktion erfüllt. Außerdem sorgt es für einen optimalen Sauerstofffluss zu den Bakterioiden. **Das stickstofffixierende System benötigt also sehr anspruchsvolle Rahmenbedingungen.** Das Leghämoglobin ähnelt übrigens in seinem Aufbau stark dem Hämoglobin des Blutes der Wirbeltiere, dessen Funktion ebenfalls darin besteht, Sauerstoff zu binden.

Beide Partner profitieren von dieser Symbiose, denn während die Pflanze mit Stickstoff versorgt wird, erhalten die Bakterien Kohlenhydrate und andere organische Verbindungen von der Pflanze. Die Symbiose in den Wurzelknöllchen ist von großer wirtschaftlicher Bedeutung, da überschüssige Ammonium-Ionen ausgeschieden werden und dadurch der Stickstoffgehalt des Bodens zunimmt, was den Ertrag verbessert. Daher werden wurzelknöllchenbildende Leguminosen angebaut und untergepflügt, um dadurch die Stickstoffdüngung zu verbessern.

Die stickstofffixierenden Wurzelknöllchen (nitrogen fixing root nodule, NFN) sind bei Arten von vier Pflanzenordnungen nachgewiesen, die als NFN-Klade zusammengefasst werden (Fabales, Fagales, Cucurbitales und Rosales), darunter sind viele landwirtschaftlich wichtige Arten wie Bohnen, Erbsen und Soja. Die meisten Arten dieser vier Ordnungen besitzen allerdings keine NFN; die Arten mit NFN sind vielmehr sporadisch verteilt und auch innerhalb der vier NFN-Ordnungen meist nicht näher verwandt. Nur bei zehn der 28 Familien

des NFN-Klades kommen Arten mit NFN vor, und bei neun von diesen Familien haben die meisten Arten wiederum kein NFN (Griesmann 2018, 1f.). Die NFN zeigen dabei in ihrer Ausprägung große Vielfalt. **Diese unsystematische Verteilung erfordert in evolutionstheoretischer Deutung eine mindestens vierfach unabhängige Entstehung von NFN. Das an sich ist angesichts der Komplexität und anspruchsvollen Ausbalanciertheit des Systems erstaunlich** und eines von mittlerweile ungezählten Beispielen einer Konvergenz von Komplexmerkmalen, wie man sie auf der Basis ungerichteter Evolutionsmechanismen nicht erwarten kann (zur Problematik von Konvergenzen siehe den Grundsatzartikel von Braun 2012). Nagy (2018) bezeichnet diese Konvergenz als „uraltetes Mysterium“ („an age-old mystery“).

Überraschende Ergebnisse einer neuen Studie. Eine neuere genetische Studie offenbarte nun dazu noch weitere Überraschungen. Griesmann et al. (2018) sequenzierten die Genome von zehn Pflanzenarten mit unterschiedlichen Knöllchentypen und bakteriellen Symbionten und bezogen sie anschließend in einen genomweiten Vergleich mit insgesamt 37 Pflanzenspezies ein.

Es stellte sich heraus, dass den Symbiosen der nicht näher verwandten Arten ähnliche Gen-Garnituren zugrunde liegen. Neben zwei Symbiose-Schlüsselgenen (NIN und RPG) werden weitere 290 gemeinsame Gene in den Knöllchen von *Medicago truncatula* (Ordnung Fabales) und *Parasponia andersonii* (Ordnung Rosales) hochreguliert, obwohl sie die Fähigkeit zur Knöllchenbildung unabhängig erworben hätten und nach evolutionstheoretischen Modellierungen seit über 100 Millionen Jahren getrennte Wege gehen sollen (Nagy 2018). **„Wie kann dieses Ausmaß genetischer Ähnlichkeit mit der phylogenetischen Unregelmäßigkeit der Knöllchenbildung in Einklang gebracht werden?“** fragt Nagy verständlicherweise. Neue Modelle zur Erklärung konvergenter Evolution seien erforderlich, so Nagy (2018). Es müsse ein Szenario zwischen den beiden Extremen „16 malige unabhängige Entstehung“ und „einmalige Entstehung mit vielfachem Verlust geben. Plausibel ist keines dieser Szenarien, sie sind nur logische Schlussfolgerungen bei Voraussetzung von Evolution.



Abb. 1: *Medicago truncatula* aus der Gattung Schneckenklee geht eine Symbiose mit Knöllchenbakterien ein. (Wikimedia: Ninjatacoshell, CC BY-SA 3.0)

Die Forscher vermuten für die mehrfache Entstehung des NFN-Komplexes eine Prädisposition bei dem gemeinsamen Vorfahren des NFN-Klades, die die weitere unabhängige Evolution der NFN-Symbiose ermöglicht habe. Diese gemeinsame Prädisposition ist aber eine bloße *ad-hoc*-Mutmaßung, und die weiteren anzunehmenden unabhängigen Schritte zu den NFN sind komplex. Dasselbe gilt für die Annahme einer Co-option (Einbau, Übernahme) passender vorhandener Gene (Griesmann et al. 2019, 5). Für komplexere Konstellationen ist ein solcher Vorgang experimentell nicht nachgewiesen und theoretisch unplausibel außer beim Vorliegen einer programmierten Situation.

Rätselhafter Verlust. Die Daten über die Verteilung von Arten mit NFN legen überraschenderweise nahe, dass die Fähigkeit zur Stickstofffixierung öfter verlorengegangen sei. Dass es zu mehrfachen Verlusten der Symbiose gekommen sein soll, ist angesichts des großen Nutzens dieser Fähigkeit überraschend und recht unverständlich – auch Kulturpflanzen wie Erdbeeren, Brombeeren oder Äpfel sind davon betroffen. Die Forscher stellten fest, dass das für die Wurzelknöllchensymbiose essenzielle NIN-Gen in verschiedenen Linien mehrfach unabhängig voneinander mutiert ist. Die Gründe für den Verlust sind unklar und es können nur Mutmaßungen über mögliche Selektionsdrücke zuungunsten der Symbiose getroffen werden. Diskutiert werden Befall mit parasitischen Bakterien, ein dauerndes Überangebot an Stickstoff oder eine begrenzte Verfügbarkeit von Wasser oder Phosphat für das Pflanzenwachstum.

Fazit. Insgesamt erscheint die Verteilung der Pflanzen mit dem NFN-Komplex für jedes Ursprungsmodell rätselhaft. Die anscheinend unsystematische Verteilung dieses Komplexmerkmals im System der Blütenpflanzen ist für alle Ursprungsmodelle eine Herausforderung. **Angesichts der komplexen Abhängigkeiten von Wirt und Symbiont ist eine Entstehung durch ungerichtete evolutionäre Prozesse unplausibel. Das gilt erst recht bei mehrmaliger unabhängiger Entstehung.**

Literatur

Braun HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein.

Griesmann M, Chang Y, et al. (2018) Phylogenomics reveals multiple losses of nitrogen-fixing root nodule symbiosis. *Science* 361, eaat1743; doi:10.1126/science.aat1743.

Nagy LG (2018) Many roads to convergence. *Science* 361, 125-126.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n275.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.11.19 Superschnelle Wüstenameise

Die Wüstenameise *Cataglyphis bombycina* schafft in einer Sekunde eine Strecke, die dem 100-fachen ihrer Körperlänge entspricht. Dies gelingt mit einer sehr hohen Schrittfrequenz und einer extrem schnellen Bewegung beim Schwingen der Beine. Die Beine berühren den Untergrund nur sehr kurze Zeit, so dass die Ameise beim Laufen gleichsam auch „fliegt“.

Ameisen genießen große Aufmerksamkeit von Biowissenschaftlern, z. B. werden auffällige und außergewöhnliche Verhaltensweisen an diesen sozial lebenden Insekten untersucht. Ameisen besiedeln die unterschiedlichsten Lebensräume und weisen eine enorme Vielfalt an dafür geeigneten Ausstattungen auf. Wüstenameisen leben in einem extremen Lebensraum, z. B. in Bezug auf Temperatur, Wasser, Nahrung etc. So lebt *Cataglyphis bombycina* in den Sanddünen der Nordafrikanischen Sahara und zeigt nach Untersuchungen von Pfeffer et al. (2019) mit 855 mm s^{-1} die höchste Geschwindigkeit, die bisher für solche Tiere gemessen wurde. Die Ameise legt bei diesem Tempo in einer Sekunde eine Strecke zurück, die dem 100-fachen ihrer Körperlänge entspricht. **Übertragen auf einen Menschen mit einer Körpergröße von 1,80 m würde das einer Geschwindigkeit von 180 m s^{-1} entsprechen.** Usain Bolt, der 2009 in Berlin den aktuellen Weltrekord über 100 m in 9,58 s aufstellte, könnte da nur staunen; er musste aber auch eine sehr viel größere Masse beschleunigen.



Abb. 1: Silberameisen (*Cataglyphis bombycina*) beim Fressen einer Kamelzecke. (Wikimedia: Bjørn Christian Tørrissen, <http://bjornfree.com/galleries.html>, CC BY-SA 3.0)

Diese extrem hohe Geschwindigkeit erreichte *C. bombycina* mit kürzeren Beinen als die bisher geführte Rekordhalterin *C. fortis*. Die Analyse von Videos aus Hochgeschwindigkeitsaufnahmen lieferte Hinweise auf eine sehr hohe Schrittfrequenz ($< 40 \text{ Hz}$) und extrem schnelle Bewegung beim Schwingen der Beine (bis zu 1400 mm s^{-1}). Bei diesen schnellen Bewegungen sind die Beine sehr gut synchronisiert, und zwar so, dass immer drei Beine aus Vorder- und Hinterbein einer Seite mit dem mittleren Bein der anderen Seite

einen Dreibeinstand zeigen. Die Beine berühren den Untergrund nur sehr kurze Zeit (7 ms) und die Ameise befindet sich vor dem folgenden Dreibeinstand ohne Bodenberührung in der Luft, sie „fliegt“ quasi. Diese „Flugphasen“ treten bereits auf, bevor die Höchstgeschwindigkeit erreicht wird.

Für die Wüstenameise, die tagaktiv ist und in der Mittagshitze bei wenig Verkehr im Wüstensand auf Nahrungssuche geht, sind diese Fähigkeiten sehr hilfreich: so ist sie nicht unnötig lange der lebensfeindlichen Hitze ausgesetzt. Im Übrigen scheint sie die hohen Temperaturen für ihre Höchstgeschwindigkeit zu benötigen, im Labor bei kühlen 10 °C erreichten die Ameisen nur Geschwindigkeiten von 57 mm s⁻¹.

Die beiden von Pfeffer et al. verglichenen Wüstenameisen *C. bombycina* und *C. fortis* erreichen die auffällig hohen Geschwindigkeiten bei ihrer Fortbewegung auf unterschiedliche Weise (Beinlänge, Schrittfrequenz und -länge) und sind doch beide für ihren Lebensraum gut ausgerüstet.

Literatur

Pfeffer SE, Wahl VL, Wittlinger M & Wolf H (2019) High-speed locomotion in the Saharan silver ant, *Cataglyphis bombycina*. J. Exp. Biol. 222, doi:10.1242/jeb.198705

Autor dieser News: Harald Binder

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n272.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.05.18 Fledermäuse mit „Long Life“-Garantie

Kann man den Alterungsprozess verzögern? Man kann, wenn „man“ eine Fledermaus der Art *Myotis myotis* (Großes Mausohr) ist. Sie kann ungefähr zehnmal so alt werden im Vergleich zu Säugetieren mit vergleichbarem Gewicht. Wissenschaftler haben einige wahrscheinliche Ursachen dafür herausgefunden. Liegt hier ein Ansatz für eine Erklärung der hohen Alter der biblischen Stammväter?

Eines der rätselhaften Phänomene des Lebens ist das Altern. Die Hoffnung ist, dass durch ein Verständnis der Alterungsprozesse auch Einfluss auf deren Geschwindigkeit genommen werden könnte. Möglichst lange jung zu bleiben, ist ein uralter Traum der Menschheit. Bibelleser kennen die hohen „biblischen“ Alter der Urväter mit dem Altersrekord von 969 Jahren des auch sprichwörtlich genutzten Methusalem. Könnten solche hohen Alter realistisch sein oder sind sie eine biologische Unmöglichkeit?

Von überraschender Seite wurden zu dieser Frage kürzlich hochinteressante Befunde publiziert. Eine Forschergruppe (Foley et al. 2018) berichtete über Untersuchungen des Alterns bei verschiedenen Arten von Fledermäusen und fand dabei heraus, dass der Vorgang des Alterns beim Großen Mausohr (*Myotis myotis*) sehr viel langsamer als bei anderen Fledermausarten verläuft. Bekanntlich gibt es bei Säugetieren einen ungefähren Zusammenhang zwischen Körpergewicht und Lebenserwartung. Je geringer das Körpergewicht, desto geringer das Lebensalter. So haben Mäuse eine Lebenserwartung von wenigen Jahren, Hunde werden bis zu ca. 15 Jahre alt, große Säugetiere ca. 50 Jahre. Der Mensch fällt somit deutlich aus dem Rahmen. Aber im Vergleich zum Körpergewicht ist das noch nichts gegen das Große Mausohr. Obwohl es nur wenige Gramm schwer wird und entsprechend nur wenige Lebensjahre zu erwarten hätte, erreichen die Tiere oft ein Lebensalter von 35 Jahren, ungefähr zehnmal so viel wie aufgrund ihres Gewichts zu erwarten wäre.

Was ermöglicht diesen enormen Ausreißer? Schon lange wird ein Zusammenhang zwischen dem Altern und der Länge der Endstücke der Chromosomen, der Telomere, vermutet. Bei jeder Zellteilung werden die Telomere verkürzt, bis schließlich keine Zellteilungen mehr möglich sind. Allerdings verzögert die Tätigkeit des Enzyms Telomerase die Verkürzung, indem es die Telomere in beschränktem Maße wiederherstellen kann, was jedoch mit zunehmendem Alter nachlässt. Entsprechend können Mutationen der Telomerase zu vorzeitigem Altern führen. Beim berühmten Klon-Schaf Dolly waren die Telomere schon bei der Geburt verkürzt. Die geringe Lebensspanne und der früh einsetzende Altersprozess von Dolly dürften damit zusammenhängen und dieser Befund wird auch als Stütze für die Telomer-Hypothese des Alterns angesehen.

Die Verhältnisse bei den Fledermäusen erwiesen sich allerdings als komplizierter. Zwar konnte ein Zusammenhang mit dem Ausbleiben der Telomerverkürzung bestätigt werden, doch die Ursachen dafür sind vielfältig und bestehen nicht nur in der Tätigkeit der Telomerase. Vielmehr erwiesen sich 21 andere Gene als bedeutsam, die an der DNA-Reparatur und an der Wartung der Telomere beteiligt sind. Diese Gene sind spezifisch bei *Myotis myotis* aktiv. Die Aktivität zweier Gene, ATM und SETX, ist besonders wichtig. Offenbar spielen also neben Telomerschutzprogrammen auch besondere Vorgänge in der DNA-Reparatur bei der erheblichen Verzögerung der Alterung eine Rolle.

Weshalb gerade das Große Mausohr der normalen Alterung entkommt, ist nicht bekannt. Jedenfalls zeigt dieses Beispiel, dass es bezüglich des Alterns sehr weit reichende Ausreißer

geben kann. Vor diesem Hintergrund scheint auch ein sehr viel größeres individuelles Alter von Menschen nicht im Widerspruch zu biologischen Sachverhalten zu stehen.

Literatur

Foley NM, Hughes GM et al. (2018) Growing old, yet staying young: The role of telomeres in bats' exceptional longevity. *Sci. Adv.* 2018;4: eaao0926

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n259.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.04.17 „Wunderwerk Feder“

Neue Untersuchungen eröffnen neue Einblicke in den komplizierten Feinbau von Vogelfedern. Eine ausgeklügelte Anordnung von Keratinfasern ermöglicht die besonderen Eigenschaften der Federn – die Kombination von Leichtigkeit, Stabilität, Flexibilität und Robustheit. In den Beschreibungen wird die Genialität des Federfeinbaus hervorgehoben. Für die ebenfalls geäußerte Auffassung, es handle sich um eine Perfektionierung im Laufe einer langen Evolution, werden dagegen keinerlei Gründe genannt.

„Wunderwerk Feder“ – diese Überschrift stellt Verena Dietrich-Bischoff über eine Zusammenfassung neuer Studien zum Feinbau von Vogelfedern. Im Text ist dann von „Wunderwerken der Evolution“ die Rede; wenn man sich aber die erforschten Details vor Augen hält, kommen Zweifel, ob die genialen Strukturen ein Evolutionsprodukt sein können.

Nimmt man eine Vogelfeder in die Hand, überrascht immer wieder, wie leicht dieses Gebilde ist. Es heißt nicht umsonst „federleicht“. Gleichzeitig sind Vogelfedern ausgesprochen robust und dennoch biegsam und kombinieren damit sehr unterschiedliche Eigenschaften. Diese Kombination stellt besondere Anforderungen an den Feinbau der Federn. Es wird geeignetes Baumaterial benötigt – lange Proteinfasern aus beta-Keratin –, außerdem gibt es anspruchsvolle Anforderungen an die Art und Weise, wie das Material in Federschaft, -ästen und -strahlen „verbaut“ wird, und schließlich sind auch die Anforderungen an die Struktur der reißverschlussartig ineinandergreifenden Federstrahlen (Bogen- und Hakenstrahlen) alles andere als trivial. Denn bei aller Robustheit müssen die Federn auch kontrolliert nachgeben können, wenn starke Kräfte auf sie wirken, damit irreparable Risse vermieden werden; dafür ist der „Reißverschluss“ sehr praktisch. Materialeigenschaften, Feinbau und Federstrukturen sind also genau aufeinander abgestimmt. Es ist leicht einzusehen, dass diese besonderen Eigenschaften der Federn zum einen komplett vorhanden sein müssen, damit Federn flugtauglich sind, und dass sie zum anderen nicht oder nur in sehr viel einfacherer Ausprägung benötigt würden, wenn Federn nur irgendwelche anderen Funktionen wie Wärme- und Kälteschutz, Signalgebung oder Schutz vor Verletzungen erfüllen müssten, nicht aber zum Fliegen gebraucht würden.

Tatsächlich ist der Feinbau von Schaft und Federästen so kompliziert, dass bis vor kurzem viele Details nicht bekannt waren. Die Fasern sind nämlich mit einer Matrix zementartig verbunden, was die Aufklärung ihrer Anordnung erschwert, aber zugleich zu ihrer Stabilität beiträgt (vgl. Lingham-Soliar 2017, 1). Erst in jüngerer Zeit wurden durch neue Untersuchungstechniken hier größere Fortschritte erzielt. Durch Computertomographie (Laurent et al. 2014) und mithilfe federersetzender Pilze (Lingham-Soliar et al. 2010), durch die die Keratinfasern und Faserbündel freigelegt werden können, wurden ganz neue Einblicke in die Anordnung der Fasern und damit in den Feinbau gewonnen (Lingham-Soliar 2014; 2017).

Dabei hat sich Folgendes gezeigt: **Die beta-Keratin-Fasern bestehen aus feineren Fäserchen und sind selbst in Bündeln angeordnet. Diese können verschiedene Schichten bilden, in denen die Fasern unterschiedlich orientiert sein können.** Dietrich-Bischoff (2014) fasst die weiteren Befunde wie folgt zusammen: „Nun sind zwei verschiedene Fasersysteme mit unterschiedlicher Orientierung nachgewiesen worden, die unterschiedliche mechanische Eigenschaften verleihen. Im größten Teil des Federschafts laufen die Keratinfasern in Längsrichtung, wodurch die Feder verdreht werden kann, ohne zu brechen. In den Seitenwänden des Schafts hingegen liegen die Fasern über Kreuz, was der Feder

größere Steifheit verleiht. ... Die Keratinfasern weisen zudem in gewissen Abständen Knötchen auf, die zu denen benachbarter Fasern versetzt angeordnet sind. Diese Anordnung trägt dazu bei, dass sich ein Riss im Federschaft schlecht ausbreiten kann. Zudem konnte gezeigt werden, dass Federschaft und -äste keineswegs hohl sind, sondern ein ‚schaumähnliches‘ Inneres aufweisen – ein poröses Netzwerk von Fasern, die mit einem Polymer beschichtet sind, das Gase bindet. So steht die Feder unter schwachem Druck, was dazu beiträgt, dass sie weniger leicht einknickt. Der Schaum wirkt wie ein Energieabsorber und sorgt vermutlich dafür, dass die Feder nach Verbiegen oder Verdrehen wieder in ihre ursprüngliche Position zurückspringt.“

In einer neueren Arbeit legt Lingham-Soliar (2017) weitere interessante Befunde zur Anordnung der Keratinfasern in den sich verjüngenden Federschaften vor. Er konnte zeigen, wie die Verjüngung erfolgt, ohne dass die Faserverläufe in den Wänden (Cortex) des Schafts auslaufen. Die Keratinfasern biegen vielmehr links und rechts in die Wände der Federäste ab, wodurch die Äste tief im Schaft gleichsam „verwurzelt“ sind. Das ermöglicht Reißfestigkeit und verringert gleichzeitig die Gefahr von Brüchen oder Knicken im Schaft; die Kräfte, die beim Flug auf die Federn wirken, werden so auf die Federn gleichmäßig verteilt. Ein Auslaufen (bzw. ein Abbruch) der Fasern im Cortex würde – so Lingham-Soliar – aus mechanischen Gründen die Gefahr von Beschädigungen erhöhen. Diese Grundstruktur des Abzweigens in die Federäste erwies sich bei den verschiedenen untersuchten Arten als sehr ähnlich (S. 4). **Lingham-Soliar (2017, 7f.) lobt diese Lösung als „biomechanisch genial“** („ingenious“); durch diese neu entdeckte Architektur des Cortex der Schaftes und der Äste, wo Hunderte von Fasern in die Äste abzweigen statt beendet zu werden, würden auf einen Schlag viele Sollbruchstellen vermieden.

Kommentar

Diese Details machen deutlich, wie fein abgestimmt verschiedene Aspekte der Federfeinstruktur sein müssen, damit die Feder die für ihre Funktion erforderlichen Eigenschaften besitzt. Angesichts dieser Tatsache überrascht es, wenn Verena Dietrich-Bischoff (2014) abschließend zu den damals bereits bekannten Details schreibt, dass die vorgestellten Befunde zur Feinstruktur von Federn möglicherweise dazu beitragen würden, ein evolutionäres Rätsel, die Entstehung des Vogelflugs, zu lösen. Oder dass Lingham-Soliar (2017, 6) meint, es sei klar, dass die außergewöhnliche Mikrostruktur des Wand des Schafts und der Äste über die Millionen Jahre der Vogelevolution perfektioniert worden sei. Jedenfalls zeigen die neuen Befunde, dass das Rätsel größer ist als je zuvor, denn die Federn erweisen sich als komplizierter gebaut als bisher bekannt. **Und man kann durchaus nachvollziehen, dass die Details auch allesamt in der verwirklichten Form ausgeprägt sein müssen, damit die Federn ihren Teil zur Ermöglichung des Fluges leisten können.** Die dafür erforderlichen höchst anspruchsvollen Materialeigenschaften sind notwendige Voraussetzungen. Es handelt sich auch um weit mehr als um „Perfektionierung“, sondern vielmehr um eine ausgeklügelte, anspruchsvolle Konstruktion.

Zudem ermöglichen auch die allerbesten Federn noch keinen Flug. Es wird auch eine zweckmäßige Verankerung im Körper benötigt, ein Muskelgeflecht an den Federspulen zur Bewegung der Federn, Blutgefäße, Nervenbahnen und Sinnesorgane, die die Positionen der einzelnen Federn registrieren und ans Gehirn melden, und die passenden Reaktionen darauf, die Einbettung der Federn in ein hydraulisches System von Fett- und Bindegewebe und weitere anatomische Details. Die Anforderungen an die Federn und ihre Steuerung sind wiederum nur ein Teil der Voraussetzungen für die Flugfähigkeit, denn es muss auch ein passendes *Federkleid* ausgebildet sein, weiterhin dessen koordinierte Steuerung; zahlreiche

Muskelpartien sind beim Flug beteiligt; es gibt Anforderungen an den Skelettbau; die Federn bedürfen ständiger Pflege usw.

Es ist daher alles andere als klar, dass und wie die Federstrukturen evolutiv entwickelt und „perfektioniert“ wurden. **Das Problem besteht neben zahlreichen Details vor allem auch in der Notwendigkeit vielfacher Abstimmung verschiedenster Aspekte.** Dietrich-Bischoff (2014) kommentiert einen kurzen Überblick zum groben Aufbau einer Feder wie folgt: „All diese einzelnen Elemente sind hervorragend an ihre jeweilige Funktion angepasst und wirken zusammen, um der Feder die notwendigen Gesamteigenschaften zu verleihen.“ Zukunftsblinde Prozesse wie Mutation und Selektion sind nach allem, was wir wissen, völlig überfordert, solche Abstimmungen über mehrere Ebenen der Organisation zu ermöglichen.

Natur und Technik. Lingham-Soliar (2017, 10) zieht einen Vergleich mit technischen Materialien; diese seien vergleichsweise einfach strukturiert und die technischen Strukturen seien monofunktional. Ganz anders dagegen die biologischen Strukturen, die viele Funktionen zugleich erfüllen und so kompliziert aufgebaut sind, dass es schwierig ist, sie in die einzelnen Komponenten aufzuspalten, um daraus etwas für die technische Anwendung zu lernen. **Von einer Nachahmung in der Technik ist man daher weit entfernt.** Auch dieser Sachverhalt spricht zusätzlich mehr dafür, dass die Entstehung von Vogelfedern eines enormen geistigen Inputs bedurfte, während Komplexität und Multifunktionalität sicher nicht für eine natürlich-evolutive Entstehung sprechen.

Vergleich mit anderen Strukturen. Interessant ist auch der Befund, dass es Ähnlichkeiten im Aufbau der Federn mit anderen biologischen Strukturen gibt. Dietrich-Bischoff (2014) weist darauf hin, dass auch der Chitinpanzer von Insekten aus mehreren Schichten besteht, in denen die Chitinfasern auf verschiedene Weise orientiert sein können, wodurch der Panzer an manchen Stellen hart, an anderen biegsam wird. Was das schaumartige Innere des Federschafts betrifft, so sind ähnliche Strukturen auch von Pflanzenstängeln und Stacheln von Tieren bekannt. Lingham-Soliar (2017, 8f.) sieht weiterhin Ähnlichkeiten in der Anordnung von Fasern in der Rücken- und Schwanzflosse des Weißen Hais (*Carcharodon carcharias*) und im Verlauf von Leitungssystem und Fasern bei der Verbindung von Ästen mit Stämmen von Pflanzen, die ähnlichen Kräften ausgesetzt seien wie die Federäste. Auch hier stellt sich die Frage: Sind zukunftsblinde Prozesse in der Lage, unabhängig voneinander in ganz verschiedenen Systemen dieselbe anspruchsvolle Lösung für schwierige Aufgaben zu finden?

Literatur

Dietrich-Bischoff V (2014) Wunderwerk Feder. Die Vogelwarte 52, 59.

Laurent CM, Palmer C, Boardman RP, Dyke G & Cook RB (2014) Nanomechanical properties of bird feather rachises: exploring naturally occurring fibre reinforced laminar composites. J. R. Soc. Interface 11: 20140961; doi:10.1098/rsif.2014.0961

Lingham-Soliar T (2014) Feather structure, biomechanics and biomimetics: the incredible lightness of being. J. Ornithol. doi:10.1007/s10336-013-1038-0.

Lingham-Soliar T (2017) Microstructural tissue-engineering in the rachis and barbs of bird feathers. Sci. Rep. 7:45162; doi:10.1038/srep45162.

Lingham-Soliar T, Bonser RHC & Wesley-Smith J (2010) Selective biodegradation of keratin matrix in feather rachis reveals classic bioengineering. Proc. R. Soc. 277B, 1161-1168.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n248.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.12.16 Kurzflügler als „Ameisenkäfer“ – eine erstaunliche Konvergenz

Mindestens 12-mal unabhängig ist eine ausgefeilte Strategie mancher Kurzflügler-Käfer entstanden. Diese Käfer sehen aus wie Ameisen und riechen und verhalten sich wie Ameisen, um unerkant in Nestern von Wanderameisen auf Beutezug gehen zu können. Da „Design“ als Erklärungsform aufgrund weltanschaulicher Vorentscheidungen ausgeschlossen wird, gerät man bei evolutionären Erklärungsversuchen in Zirkelschlüsse.



Abb. 1: Ameisenkäfer *Scydmaenus tarsatus*. (Wikimedia: Siga, CC BY-SA 3.0)

Ist es eine Überraschung, dass Merkmale oder Fähigkeiten von Lebewesen mehrfach unabhängig – *konvergent* – entstehen? Aus einer Designer-Perspektive ist ein zahlreiches Auftreten von Konvergenzen durchaus zu erwarten. Denn ein Designer kann planen, die Zukunft gedanklich vorwegnehmen und entsprechende Schritte einleiten, um ein Ziel zu erreichen. Es ist nicht überraschend, wenn er sich dabei öfter ähnlicher Mittel bedient. Natürliche Selektion kann das alles nicht, denn sie ist genauso zukunftsblind wie die Mutationen, die ihr das Rohmaterial liefern. Daher haben Evolutionstheoretiker, für die das Wechselspiel von Mutation und Selektion der hauptsächliche Motor des Artenwandels ist, allen Grund sich zu wundern, wenn Konvergenzen auftreten, besonders wenn es sich um Komplexmerkmale handelt und wenn sie sich häufen. Und sie wundern sich ja tatsächlich häufig. Denn wenn man zweimal oder gar mehrfach denselben Punkt erreicht, ohne ihn je angesteuert zu haben, stellt sich die Frage, ob es doch eine unerkantete Strategie oder Steuerung gibt. Evolutionstheoretiker verweisen hierzu bei Konvergenzen auf gleiche Selektionsdrücke, Präadaptation (Voranpassungen) oder auf konstruktive Zwänge. Damit ist gemeint, dass evolutive Veränderungen immer an den bereits vorhandenen Konstruktionen ansetzen müssen und daher nur *umbauen* können. Die Vorkonstruktionen erlauben „Umbauten“ nur in bestimmte Richtungen – setzen also Konstruktionszwänge.

Alle drei Faktoren – Selektionsdrücke, Präadaptionen und Konstruktionszwänge – können aber nicht als Ursachen für Veränderungen gelten, sondern nur als Begleiterscheinungen. In vielen Fällen ist nicht einmal klar, warum sie als Rahmenbedingungen eine kanalisierende Wirkung haben sollen. Das trifft insbesondere bei Verhaltenskonvergenzen zu. Ein besonders eindrucksvolles Beispiel einer Konvergenz eines ausgefallenen Verhaltens untersuchten Maruyama & Parker (2016) bei parasitisch lebenden kleinen Käfern (vgl. die Zusammenfassung bei Pennisi 2016). Mindestens 12-mal unabhängig sollen Kurzflügler-Käfer aus der Unterfamilie der Aleocharinae die Fähigkeit erworben haben, in Nester von Wanderameisen eindringen und dort auf Beutezug gehen zu können; dabei vergreifen sie sich auch der Brut der Ameisen. Das hört sich auf den ersten Blick vielleicht einfacher an als es ist. Doch um gegen Wanderameisen ankommen zu können, muss man sich einiges einfallen lassen. Nicht umsonst werden diese Ameisen auch als Heeresameisen bezeichnet (engl. „army ants“). Denn sie sind darauf spezialisiert, in ganzen Gruppen auszuschwärmen und auch Eindringlinge zu attackieren.

Um hier überhaupt eine Chance zu haben, in die Nester zu gelangen und dort eine Zeitlang zu verbleiben, müssen ungebetene Besucher sich tarnen können. Den Kurzflüglern gelingt dies dadurch, dass sie den „Käfer-Look“ gegen ein ameisenartiges Aussehen getauscht haben: Sie besitzen eine verengte Taille, verlängerte Beine, Antennen mit ameisenartigen Ellenbogengelenken und anderen Besonderheiten im Körperbau. Aber das genügt nicht: Die flohgroßen Käfer müssen auch durch ihr Verhalten – z. B. einen ameisenartigen Gang – und durch ihren Geruch vortäuschen, dass sie Artgenossen der Ameisen seien. Damit gelingt es ihnen, ungestört ihre Raubzüge in den Ameisennestern durchzuführen. Als Präadaption dafür betrachten die Forscher den Besitz einer Drüse am Ende des Hinterleibs, durch die unangenehm riechende Stoffe gegen Angreifer abgegeben werden können. Doch einige der parasitisch lebenden Käfer besitzen neue Drüsen und neue Funktionen, was so wenig wie die veränderte Morphologie und das veränderte Verhalten als Folge einer Präadaption gewertet werden kann.

In jahrelanger mühevoller Forschungsarbeit gelang es Maruyama & Parker (2016), eine größere Anzahl verschiedener Arten dieser sozialparasitisch leben Käfer und ihrer nichtparasitischen Verwandten zu sammeln und genetisch zu untersuchen. Dabei fanden sie das höchst erstaunliche Ergebnis, dass die „Ameisenkäfer“-Arten so unsystematisch vorkommen, dass ihr Aussehen und Verhalten mindestens 12-mal unabhängig entstanden sein muss, wahrscheinlich noch sehr viel öfter. Dabei ist jede unabhängige „Ameisenkäfer“-Linie auf eine bestimmte geographische Region beschränkt und auf eine bestimmte Wanderameisen-Art spezialisiert.

Man könnte nun annehmen, dass der gemeinsame Vorfahr vor noch nicht allzu langer Zeit gelebt hat und dass aufgrund der noch nahen genetischen Verwandtschaft ein gemeinsames Potential zum „Ameisen-Look“ in diesem Vorfahren vorhanden war und in verschiedenen Linien abgerufen werden konnte. Doch die genetischen Daten weisen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen darauf hin, dass der gemeinsame Vorfahr bereits vor 105 Millionen Jahren gelebt hat. Außerdem habe sich das außergewöhnliche Aussehen und Verhalten der Käfer erst sehr spät – Dutzende von Millionen Jahren nach der Aufspaltung in die verschiedenen Linien – entwickelt – und wurde somit nicht auf der Basis eines gemeinsamen genetischen Potentials abgerufen. **Evolutionstheoretisch muss man daher annehmen, dass die Nachahmung im Bau und Verhalten nicht nur jeweils unabhängig ausgeprägt wurde, sondern im Wesentlichen vielfach unabhängig ganz neu entstand.**

Dass dieser Befund sehr unerwartet ist, geht aus den Worten von Pennisi (2016) hervor (in Übersetzung): „Man mag denken, dass die Anpassungen dieser Kurzflügler, wie sie nun bekannt sind, eine unwahrscheinliche Meisterleistung der Evolution bedeuten, *die niemals wiederholt wurde*. Doch damit würde man falsch liegen, ...“ (Hervorhebung nicht im Original). Die Überraschung ist verständlich, da Evolution wie erwähnt ein zukunftsblinder Prozess ist. Daher kann man festhalten: Das Auftreten komplexer Konvergenzen widerspricht einer Entstehung auf natürlich-evolutivem Wege.

Doch Maruyama & Parker (2016) drehen den Spieß um: Aus der vielfachen Konvergenz folgern sie kurzerhand, es gebe in der Kurzflügler-Linie der Aleocharinae eine inhärente Fähigkeit zum Erwerb des ameisenartigen Körperbaus und Verhaltens. Daten zum Beleg dafür legen sie allerdings nicht vor, vielmehr ist die stillschweigende Voraussetzung von Evolution leitend für ihre Argumentation. Denn nur wenn man Evolution *voraussetzt*, kann man die Konvergenzen nachträglich als „vorhersehbar“ behaupten. Doch wären diese Konvergenzen keinesfalls vorhergesagt worden, wenn man sie nicht kennen würde! Die Vorhersage war eine andere: Wenn überhaupt kann sich ein solches System nur einmal evolutiv herausbilden (s. o. g. Zitat von Pennisi).

Dass hier (wie allgemein auch sonst) nur *einer* von zwei grundsätzlich möglichen Deutungsansätzen verfolgt wird – nämlich der naturalistische – wird auch durch Äußerungen zweier Wissenschaftler unterstrichen, die Pennisi am Schluss der Zusammenfassung zitiert. Diese Forscher legen – ohne weitere Begründung – das kreative Potential, das sich in der Flexibilität der Gestalt und des Verhaltens der Käfer zeigt, in die Evolution: Es zeige sich die „Virtuosität der Evolution“ einmal mehr (Eldredge) und „man spürt, wie einem die Kraft der Evolution – der natürlichen Selektion – in deine Augen starrt“ (Kronauer). Selektion ist zwar ein Thema der Arbeit von Maruyama & Parker (2016), aber ohne, dass auch nur ansatzweise erklärt wird, wie Selektion im Einzelnen zur Herausbildung der Ameisenkäfer beigetragen haben soll. **Die Charakterisierungen von Eldredge und Kronauer sind Glaubensbekenntnisse über die Kraft natürliche Prozesse, für die es keine empirischen Belege gibt.** Die vorliegenden Indizien passen dagegen viel besser zu einem Design-Ansatz. Wenn dieser jedoch von vornherein als Erklärungsform ausgeschlossen wird, gerät man bei den Erklärungsversuchen in Zirkelschlüsse und ist damit nicht ergebnisoffen unterwegs auf der Suche nach der plausibelsten Antwort.

Quellen

Maruyama M & Parker J (2016) Deep-time parallel evolution of myrmecoid syndrome in rove beetle symbionts of army ants. bioRxiv preprint first posted online Sep. 20, 2016; doi: <http://dx.doi.org/10.1101/076315>.

Pennisi E (2016) A new evolutionary classic. *Science* 354, 813.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n241.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.01.15 Schockierende Organe

Die Entstehung von elektrischen Organen in Fischen war schon zu Darwins Zeiten ein Thema, das Wissenschaftler faszinierte und herausforderte. Die Forscher konnten nicht erklären, warum bei Fischen aus unterschiedlichen, nicht näher verwandten Fischfamilien sehr ähnliche elektrische Organe vorkommen. Darwin rechnete damit, dass weiterführende Forschungen zu einer Lösung dieses Problems führen würden. Heute können auch genetische Daten zu Rate gezogen werden. Neue Studien darüber zeigen aber, dass das Rätsel der unabhängigen Entstehung elektrischer Organe eher noch größer wird.



Abb. 1: Zitteraal (Electrophorus electricus). (Wikimedia: FakirNL, CC BY-SA 4.0)

Eine Reihe von Fischen ist in der Lage, Elektrizität zu erzeugen, die sie für Orientierung, Kommunikation, Jagd und Verteidigung nutzen. Das geschieht mit Hilfe umgewandelter Muskelzellen, so genannten Elektrozyten, die sich unter der Haut befinden. Durch Hintereinanderschalten der Elektrozyten (vergleichbar mit einer Batterie) summiert sich die elektrische Ladung, und Fische wie der Zitteraal erreichen so Spannungen bis zu 600 Volt. Lindsay Traeger von der Michigan State University in East Lansing erklärt: „Die Fähigkeit zur **Kontraktion*** ging bei den Elektrozyten verloren und Proteine in den Zellmembranen änderten sich, so dass Ionen die Seiten wechseln, was zu einer elektrischen Ladung führt“ (nach Vieweg 2014). Dieser Weg ist ideal, um biogene Elektrizität zu erzeugen. Der Zitterrochen (Torpedinidae), der Zitteraal (Gymnotidae) oder der Nilhecht (Mormyridae) sind Beispiele dafür.

*Kontraktion (= Zusammenziehen von Muskeln)

Charles Darwin, der Begründer der modernen Evolutionsbiologie, befasste sich auch mit unabhängig entstandenen ähnlichen Organen wie beispielweise elektrische Organe. Er beobachtete, dass nicht verwandte Fische ähnliche Elektro-Organen nutzen. Er konnte keine angemessene Erklärung dafür finden und vertrat folgende zwei Argumente:

1. Solange wir nur wenig über die Entstehung von elektrischen Organen wissen, kann nicht widerlegt werden, dass sie sich aus einer Vorläuferform entwickelt haben.

„Darüber hinaus können wir momentan keine Erklärung geben, aber weil wir so wenig über den Gebrauch dieser Organe wissen, und nichts über ihre Verwendung und Anordnung bei den Stammeltern dieser Fische sagen können, wäre es extrem gewagt zu behaupten, dass

keine sinnvolle Veränderung möglich gewesen wäre, durch die sich diese Organe schrittweise entwickelt haben.¹

2. Die elektrischen Organe seien in den verschiedenen Fischen nicht besonders ähnlich und können daher nicht als gleichartig betrachtet werden.

Sie sind höchstens verhältnismäßig ähnlich in ihrer Funktion und müssen demnach nicht von einem gemeinsamen Vorfahren abstammen.² Er schreibt: „Wenn wir das Thema noch näher betrachten, fällt auf, dass bei vielen Fischen mit elektrischen Organen diese sich in unterschiedlichen Bereichen des Körpers befinden, sie sich in ihrer Konstruktion unterscheiden sowie in der Anordnung der Anoden, in der Art und Weise, wie Elektrizität erzeugt wird und schlussendlich inwiefern sie mit Nervenzellen aus verschiedenen Quellen bestückt sind, was vielleicht der wichtigste aller Unterschiede ist. Daher können die Fische mit elektrischen Organen nicht als homolog, sondern nur analog betrachtet werden. Folglich gibt es keinen Grund anzunehmen, sie kämen von einem gemeinsamen Vorfahren.“

Darwin erwartete, dass weitere und verbesserte Forschung später zu einer Erklärung durch natürliche Prozesse führen würde. Doch durch die mittlerweile möglich gewordenen Erkenntnisse über die genetischen Grundlagen der elektrischen Organe wurde das Rätsel noch komplizierter. Denn Darwins zweites Argument über die nicht vorhandene Gleichartigkeit (Homologie) wurde dadurch hinfällig. **Studien von Gallant et al. (2014) haben nämlich gezeigt, dass allen elektrischen Organen die gleichen Gene und gleiche zelluläre Entwicklungsabläufe zugrunde liegen.** Der Leiter der betreffenden Studie, Jason Gallant von der Michigan State University, drückte diese Entdeckung mit folgenden Worten aus: „Wir haben herausgefunden, dass alle Elektro-Fische die gleiche genetische Werkzeugkiste nutzen, um ihre elektrischen Organe auszubilden“ (nach Vieweg 2014).

Wie aber kommt es, dass elektrische Organe in Fischen sechsmal unabhängig voneinander evolutiv, auf der Basis zukunftsblinder natürlicher Prozesse durch gleichartige Nutzung des genetischen Baukastens entstehen? Die Fische befinden sich in den unterschiedlichsten Lebensräumen wie dem Amazonas, Meeresgewässern oder Flüssen in Afrika. Man kann also davon ausgehen, dass es unterschiedliche Selektionsbedingungen gab, und trotzdem sind die Resultate auf der genetischen Ebene erstaunlich ähnlich. Das plötzliche Auftreten der Organe im Fossilbericht und die Tatsache, dass sie nur in sechs nichtverwandten Fischarten vorkommen und gleichzeitig bei deren näheren Verwandten keine Elektro-Organen vorhanden sind, sperren sich ebenfalls gegen eine Erklärung mittels natürlicher, blinder evolutionärer Prozesse. Schließlich sind die Anatomie und Physiologie, die die Nutzung dieser Organe ermöglichen, reichlich ausgeklügelt. Das bedeutet: Der evolutive Weg von Vorläuferstrukturen zu elektrischen Organen muss weit gewesen sein und viele Schritte erfordert haben. Wie aber kann ohne Zielvorgabe, die es in einer natürlichen Evolution nicht geben kann, dennoch ein derart genetisch ähnliches Ergebnis erreicht werden?

Erkenntnisse in diesem Forschungsgebiet könnten zukünftig auch dem Menschen nützlich sein. Die Herstellung von künstlichen Elektrozyten erlaubt vielleicht die Erzeugung von Strom in Körpern, was zu einer Reihe von Innovationen führen könnte. Co-Autor Michael Sussman von der University of Wisconsin-Madison drückte das so aus: „... wir können spannende Anwendungen entwickeln, die noch in den Sternen stehen“ (nach Vieweg 2014).

Literatur

Gallant JR, Traege LL et al. (2014) Genomic basis for the convergent evolution of electric organs. *Science* 344, 1522-1525, doi: 10.1126/science.1254432

Vieweg M (2014) Video der Woche: Buchstäblich schockierende Fische.
http://www.wissenschaft.de/home/-/journal_content/56/12054/3923535/Video-der-Woche:-Heikles-Reiseziel-Mars/

Anmerkungen

¹ „Beyond this we cannot at present go in the way of explanation; but as we know so little about the uses of these organs, and as we know nothing about the habits and structure of the progenitors of the existing electric fishes, it would be extremely bold to maintain that no serviceable transitions are possible by which these organs might have been gradually developed.” (http://www.birding.in/darwin/species_43.htm)

² “But when we look at the subject more closely, we find in the several fishes provided with electric organs, that these are situated in different parts of the body,—that they differ in construction, as in the arrangement of the plates, and, according to Pacini, in the process or means by which the electricity is excited—and lastly, in being supplied with nerves proceeding from different sources, and this is perhaps the most important of all the differences. Hence in the several fishes furnished with electric organs, these cannot be considered as homologous, but only as analogous in function. Consequently there is no reason to suppose that they have been inherited from a common progenitor” (http://infidels.org/library/historical/charles_darwin/origin_of_species.html)

Autor dieser News: Michelle Noe

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n222.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.07.14 Von Anfang bis heute fast unverändert: Programmierter Zellabbau

Die molekularen Bestandteile, die dem programmierten Zellabbau (oder Zelltod, Apoptose) zugrunde liegen, sind zwischen Mensch und Koralle austauschbar. Aus evolutionsbiologischer Perspektive muss ein erstaunliches Ausmaß an evolutionärem Stillstand (Stasis; Konservierung) postuliert werden. Ausgerechnet unter den basalen und damit als stammesgeschichtlich sehr alt geltenden Vielzellern findet sich das vielseitigste Apoptose-System.

Ein wichtiger formbildender Prozess in der **Ontogenese*** ist der programmierte Zellabbau, also das physiologische (nicht krankhafte), programmierte Absterben von Zellen (Apoptose). Während es z. B. beim krankhaft bedingten Zelltod in der Regel zu einem unkontrollierten Aufquellen und Zerplatzen der Zelle oder zu einer unkoordinierten Zerstörung von Eiweißen oder Zellorganellen kommt (Nekrose), geschieht die Auflösung der Zellbestandteile und ihr Abbau im Rahmen der Apoptose hochgradig organisiert und physiologisch gesteuert. Apoptose dient damit immer dem Erhalt oder der koordinierten Entwicklung des Organismus. Beispielsweise werden Gewebestrukturen zwischen den ontogenetischen Anlagen von Fingern und Zehen kontrolliert zum Abbau gebracht oder durch die Auflösung der Zellen von Glaskörper und Linse wird die Lichtdurchlässigkeit der Augenlinse ermöglicht. Aber auch im ausgewachsenen Organismus spielt Apoptose eine wichtige Rolle, z. B. in der Kontrolle der Zellzahl und der Größe von Geweben, bei der Entfernung entarteter Zellen oder bei der Rückbildung der Gebärmutter nach der Geburt. Bei der Apoptose werden Nachbarzellen bzw. -gewebe durch austretende Gifte wie im Fall des o.g. krankhaft bedingten Zelltodes nicht geschädigt.

*Ontogenese (= individuelle Entwicklung von der befruchteten Eizelle bis zum ausgewachsenen Organismus)

Es ist schon länger bekannt, dass die molekulare Basis der Apoptose hochkonserviert ist, das heißt, sie ist bei sehr verschiedenen Organismengruppen sehr ähnlich, was evolutionstheoretisch so interpretiert wird, dass dieser Mechanismus stammesgeschichtlich sehr früh entstand und anschließend nicht mehr nennenswert verändert wurde. In einer neuen Untersuchung wiesen amerikanische Wissenschaftler (Quistada et al. 2014) nach, dass Apoptose auch bei riffbildenden Korallen vorkommt. Diese gelten im Rahmen der Evolutionsanschauung als Repräsentanten einer der ältesten Tiergruppen. **Es zeigte sich, dass alle wesentlichen Komponenten des Apoptose-Programms bei Korallen vorhanden sind und denen des Menschen gleichen.** Dabei spielen die Tumornekrosefaktor (TNF)-Superfamilien (TNFRSF/TNFSF) eine zentrale Rolle. Die Wissenschaftler untersuchten 53 Proteine der TNFRSF- und TNFSF-Familien in der riffbildenden Koralle *Acropora digitifera* und stellten große Sequenzähnlichkeiten mit den entsprechenden Proteinen des Menschen fest, besonders bezüglich der aktiven Zentren dieser Eiweiße. Ein Vergleich mit der Taufliege *Drosophila* ergab, dass in dieser Linie im Gegensatz zur Linie zum Menschen wichtige Teile der TNF-Superfamilie fehlen, was evolutionstheoretisch als Verlustentwicklung interpretiert wird. Zuvor war angenommen worden, dass die Zahl der Mitglieder der TNF-Superfamilie nach der Trennung der Linie der Wirbeltiere von der der Wirbellosen zugenommen habe. **Nun hat sich herausgestellt, dass im Gegenteil die Korallen das vielseitigste Repertoire der TNF-Superfamilien besitzen.**

Die große Ähnlichkeit der molekularen Komponenten des Apoptose-Prozesses bei Korallen und Menschen wurde eindrucksvoll demonstriert durch die Einführung eines menschlichen

TNF (HuTNF α) in die Korallen. Es zeigte sich, dass es direkt an die Korallen-Zellen bindet, dadurch die Caspase-Aktivität erhöht, was (über eine Kaskade von Prozessen) zur für die Apoptose typischen Bläschenbildung und zum Zellabbau führt. (Caspasen sind Enzyme, die Proteine durch Hydrolyse abbauen und bei der Apoptose eine besondere Rolle spielen.) Umgekehrt führte ein TNF von Korallen (AdTNF1) bei menschlichen Zellen zu einem signifikant häufigeren physiologisch hervorgerufenen Zelltod. **TNF von Korallen und Menschen sind also austauschbar.**

Beispiele wie der zelluläre Apoptose-Mechanismus zeigen einerseits ein erstaunliches Ausmaß an Konservierung eines zellulären Prozesses und seiner Bestandteile; in evolutionstheoretischer Interpretation muss ein Stillstand bezüglich der Evolution dieses Mechanismus von mindestens 550 Millionen Jahren angenommen werden. Andererseits werfen sie aber auch die Frage auf, wann und wie ein solcher Mechanismus überhaupt evolutiv entstand. **Denn wenn er offenkundig nicht nennenswert veränderbar ist, wie sollen dann hypothetische Vorstufen in irgendeiner Weise funktional und damit existenzfähig sein?** Die Daten zeigen einmal mehr: Abruptes Auftreten und dann weitgehend Konstanz eines zentralen biologischen Struktur- und Funktionsgefüges.

Literatur

Quistada SD, Stotlanda A et al. (2014) Evolution of TNF-induced apoptosis reveals 550 My of functional conservation. PNAS early ed, doi: 10.1073/pnas.1405912111

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n213.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.06.14 Rippenquallen – eine Welt für sich

Die Untersuchung des Erbguts der Seestachelbeere (*Pleurobrachia bachei*; Ctenophora, Rippenquallen) sowie Daten zur Transkription (= Ablesen des Erbguts) aus zehn weiteren Rippenquallen-Arten bestätigten frühere Deutungen, wonach die Rippenquallen aus evolutionärer Perspektive zu den ursprünglichsten Tieren gehören und ihr komplexes Nervensystem unabhängig vom Nervensystem anderer Tiere entstand. Evolutionsbiologen zeigen sich über die Ergebnisse überrascht. Die Befunde können verschieden interpretiert werden, jede evolutionstheoretische Deutung aber wirft schwerwiegende ungelöste Fragen auf.

In der Diskussion um Schöpfung und Evolution wird häufig behauptet, es gebe keine Befunde, die die Evolutionsanschauung in Frage stellen würden, und die Evolutionstheorie¹ werde laufend bestätigt. Das hört sich gut an, aber vermutlich würde man sich kaum darauf verständigen können, was überhaupt widersprechende Befunde wären. Die zweite Behauptung, es gebe immer wieder Bestätigungen, kann man hingegen besser überprüfen, weil Biologen wiederholt Erwartungen formuliert haben, die sie aus der Evolutionstheorie abgeleitet haben. Eine solche Erwartung war, dass ähnliche komplexe Organsysteme nicht zweimal unabhängig entstehen könnten. Nicht umsonst gelten (komplexe) Ähnlichkeiten als Hinweise auf gemeinsame Abstammung und bilden die Basis für Stammbaumrekonstruktionen. So wird Leonid Moroz, Neurowissenschaftler an der Universität von Florida, bezüglich der Entstehung des Nervensystems zitiert: „Jeder ist der Auffassung, dass diese Art von Komplexität nicht zweimal auftreten könne, aber dieser Organismus legt nahe, dass es doch passiert ist“ (Callaway 2014).²

Die Rede dabei ist von der Rippenqualle *Pleurobrachia bachei*, bekannt als Seestachelbeere, und darüber hinaus vom ganzen Tierstamm der Rippenquallen (Ctenophora). Moroz bezeichnet diese ungewöhnlichen Organismen als „Aliens, die auf die Erde gekommen sind“ (Callaway 2014). Rippenquallen sind Prädatoren (Räuber) des Meeres und bewegen sich mit Hilfe eines Bündels von Cilien fort. Ihre Beute fangen sie mit innervierten Tentakeln, die von klebrigen Zellen (sog. Colloblasten) gesäumt sind, und verschlingen sie mit ihrem Mund, dem sich ein sackartiger Darm anschließt. Die Rippenquallen besitzen ein Nervennetz mit regionalen Spezialisierungen, darunter Sinnesorgane für Lichtrezeption und die Schwerkraftempfindung. Es ist auch bei der Wahrnehmung der Beute und der Bewegung der Muskultur im Einsatz.

Das Nervensystem ist es, das für die Überraschung seiner mutmaßlich zweimaligen unabhängigen Entstehung sorgt. Schon die Untersuchung des Genoms (= komplettes Erbgut) der Rippenqualle *Mnemiopsis leidyi* hatte nahegelegt, dass das Nervensystem der Rippenquallen unabhängig vom Nervensystem anderer Tiere entstanden sei (Ryan et al. 2013). Dafür gibt es zwei Gründe: Die Rippenquallen müssen aufgrund von Gen- und Proteinvergleichen an die Basis des Tierreichs gestellt werden, und nicht – wie zuvor angenommen – die einfacher gebauten Schwämme (Porifera) und Plattentiere (Placozoa), die kein Nervensystem besitzen. Und zweitens, das Nervensystem der Rippenquallen unterscheidet sich in vielerlei Hinsicht von dem aller anderen Tiere mit Nervensystem. Beides wurde nun durch die Entschlüsselung des Genoms der Seestachelbeere *Pleurobrachia bachei* bestätigt, sowohl die basale Position der Rippenquallen als auch die großen Unterschiede in ihrem Nervensystem gegenüber anderen Organismen. Einige Beispiele dafür: Viele der sonst vorhandenen Komponenten des Nervensystems (Regulationsgene, Strukturgene, Signalmoleküle) fehlen bei der Seestachelbeere. Während in fast allen sonstigen Nervensystemen dieselben zehn primären **Neurotransmitter*** im Einsatz sind, nutzt *Pleurobrachia* deren nur einen oder zwei.

Außerdem stellte sich heraus, dass einige biologisch aktive molekulare Substanzen, die bei anderen Organismen spezifisch für Nervenzellen sind, bei der Seestachelbeere zwar auch vorkommen, aber überraschenderweise nicht in Nervenzellen, sondern in anderen Geweben genutzt werden (Moroz et al. 2014, Hejnoj 2014).

*Neurotransmitter (= Botenstoffe an den Kontaktstellen von Nervenzellen)

Bemerkenswert ist weiter, dass *Pleurobrachia* weder microRNA besitzt (bei den meisten anderen Tieren ein wichtiger Teil der Genregulation) noch die bei anderen Tieren wichtigen *Hox*-Gene (die u. a. eine Schlüsselrolle bei der Formung der Körperachsen spielen).

Für die evolutive Einordnung der Rippenquallen ergibt sich aus der Befundsituation ein Trilemma:

1. Die zweimalige unabhängige Entstehung des Nervensystems widerspricht bisherigen Erwartungen im Rahmen evolutionstheoretischer Deutungen (s. o.). Es ist ohnehin unbekannt, wie ein Nervensystem evolutiv entstanden ist; nun ist man damit konfrontiert, dass dies zweimal unabhängig geschehen sein muss.

2. Es kann alternativ auch angenommen werden, dass ein Nervensystem nur einmal entstanden ist und die Schwämme und Plattentiere es (samt anderen Merkmalen) wieder verloren haben. Diese Sichtweise steht vor dem Problem, weshalb ein derart nützliches komplexes Organsystem komplett aufgegeben worden sein sollte.

3. Es ist nicht endgültig gesichert, dass die Rippenquallen tatsächlich an der Basis des evolutionären Tier-Stammbaums stehen. Früher waren die Rippenquallen und die Nesseltiere aufgrund mancher Gemeinsamkeiten zu den Hohltieren zusammengefasst worden. Das Nervensystem könnte auch in diesem Fall nur einmal entstanden sein. Da aber die Nervensysteme von Rippenquallen und anderen Tieren wie dargestellt in vielerlei Hinsicht verschieden sind, stellt sich dann die Frage, wie und warum der enorme Umbau des Rippenquallen-Nervensystems in das Nervensystem der anderen Tiere erfolgte.

Hejnoj (2014) versucht in seinem Kommentar aus dem Bock einen Gärtner zu machen und meint, die neue Sicht von der unabhängigen Entstehung zweier unterschiedlicher Nervensysteme sei ein Schlag gegen die anthropozentrische Sicht, dass komplexe Merkmale allmählich entstanden seien, was schließlich mit der Entstehung des Menschen gipfelte, und dass komplexe Merkmale nicht zweimal evolvieren würden. Aber so einlinig funktioniere Evolution nicht, sondern sei ein Prozess, der in allen Linien voranschreite.

Der Kommentar ist sehr erhellend. Aus ihm geht hervor, welche grundsätzlichen Unterschiede bezüglich des Grundverständnisses von Evolution innerhalb der Evolutionsbiologen existieren. Die Behauptung, Evolution führe zu einem Wandel mit ähnlichen komplexen Resultaten in verschiedenen Linien, ist gewagt und beruft sich auf Vorgänge, die bislang niemand kennt und nicht durch Faktenwissen gestützt ist. Und weshalb soll die Erwartung, dass komplexe Organsysteme nicht zweimal entstehen, anthropozentrisch sein? In Wirklichkeit wurde diese Erwartung aus der Kenntnis der bislang ermittelten Evolutionsmechanismen abgeleitet und propagiert (s. o.); diese Erwartung wurde hier enttäuscht. Wenn eine Organismengruppe wie die hier vorgestellten Rippenquallen trotz vieler Gemeinsamkeiten klar von anderen abgrenzbar sind und keine natürlichen Mechanismen bekannt sind, wie diese Grenzen evolutionär überbrückt werden können, muss dies als schwerwiegendes Problem innerhalb des evolutionsbiologischen

Forschungsprogramms auch so benannt werden.

Unabhängig davon besteht als Alternative die Deutungsmöglichkeit, dass die Grenzen primär existierten, d. h. nicht die Folge einer wie auch immer gedeuteten Evolution, sondern Folgen einer Schöpfung sind.

Literatur

Callaway E (2014) Jelly genome mystery. *Nature* 509, 411.

Hejnol A (2014) Excitation over jelly nerves. *Nature*, doi:10.1038/nature13340.

Morot LL, Kocot KM et al. (2014) The ctenophore genome and the evolutionary origins of neural systems. *Nature* doi:10.1038/nature13400.

Rokas A (2013) My oldest sister is a walnut? *Science* 342, 1327-1329.

Ryan F, Pang K et al. (2013) The genome of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi* and its implications for cell type evolution. *Science* 342, 1242592, doi: 10.1126/science.1242592

Anmerkungen

¹ zum Begriff: hier gemeint als Abstammung aller Lebewesen von andersartigen Vorfahren.

² „Everyone thinks this kind of complexity cannot be done twice,“ Moroz says. „But this organism suggests that it happens“ (Callaway 2014).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n212.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.01.14 Immer verworrener: Verwandtschaftsbeziehungen der ältesten Vielzeller

Erstmals wurde das gesamte Erbgut einer Rippenqualle sequenziert. Die Analyse der Daten ergab mehrere Überraschungen: Rippenquallen stehen anstelle der einfacher gebauten Schwämme an der Basis des Tierreiches. Für den gemeinsamen Vorfahren muss wahrscheinlich die Existenz eines Nervensystems angenommen werden, das die Schwämme wieder verloren hätten. Die Entstehung von Mesoderm und Muskelzellen muss zweimal unabhängig erfolgt sein. Die Befunde sind aus einer Schöpfungsperspektive leichter verstehbar.

In ihrem Buch „The Cambrian Explosion“ beschreiben Erwin & Valentine (2013, 266) die ursprüngliche Erwartung, die man über genetische Ähnlichkeiten von Organismen hatte. Vielzellige Organismen mit verschiedenen Bauplänen sollten kaum Ähnlichkeiten auf genetischer Ebene ausweisen: „Da Vielzeller-Baupläne entlang auseinanderstrebender Pfade evolvierten, um eine reiche morphologische Verschiedenartigkeit hervorzubringen, die wir sowohl bei fossilen als auch heutigen Faunen beobachten, schien es vernünftig zu sein, entsprechend große Unterschiede in ihrem Erbgut zu erwarten. ... Es schien wahrscheinlich zu sein, dass beispielsweise Gliederfüßer und Chordaten nur wenige Gene teilen.¹ **Vor etwa 50 Jahren meinte Ernst Mayr, der „Darwin des 20. Jahrhunderts“, die Suche nach homologen Genen außer bei nah verwandten Formen sei aussichtslos** (Mayr 1963, 609; vgl. Carroll 2005, 9).²

Heute wissen wir, dass es sich ganz anders verhält. Viele Regulationsgene, Gen-Netzwerke und Signalwege sind bei Organismen mit den unterschiedlichsten Bauplänen (von Quallen bis Wirbeltieren und Gliederfüßern u. v. a.) sehr ähnlich. Aus evolutionärer Perspektive muss aufgrund dieses eigentlich unerwarteten Befunds angenommen werden, dass der gemeinsame Vorfahr (mit einem einfachen Körperbauplan!) genetisch ausgesprochen komplex gewesen sein muss. Denn alle Gene, die in mehreren Organismen mit verschiedenen Bauplänen vorkommen, müssen in diesem ersten, einfachen und hypothetischen Organismus vorhanden gewesen sein. Die so bereits vorhandenen Gene sollen dann in den verschiedenen Linien für neue Zwecke rekrutiert worden sein. **Es hat sich eingebürgert, dabei von genetischen Baukästen („tool-kits“) zu sprechen.** Es scheint so, dass „Teile“ aus diesen „Baukästen“ je „nach Bedarf“ verwendet oder weggelassen wurden.³

Eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen („mal so, mal so“) stört bei der Erstellung von Stammbäumen, ist aber dagegen in ein Schöpfungskonzept gut zu integrieren. Ein Stammbaum kann zwar immer konstruiert werden; das erfordert aber in zunehmendem Maße entweder die Annahme von Konvergenzen („ist mehrfach entstanden“) oder von Rückentwicklungen („ist wieder entfallen“). Es gibt mittlerweile zahlreiche Beispiele, bei denen sicher geglaubte Homologien (als abstammungsbedingt interpretierte Ähnlichkeiten) wegen neuer Daten zu Konvergenzen (mehrfach unabhängig entstanden) uminterpretiert wurden mussten.

Dass genetische Daten immer wieder „klassischen“ Verwandtschaftsverhältnissen, die aus morphologischen (= gestaltlichen) Merkmalen erschlossen wurden, widersprechen, zeigte jüngst auch die Veröffentlichung des Erbguts der Rippenqualle *Mnemiopsis leidyi*. In dieser Arbeit wurde erstmals das komplette Erbgut einer Rippenqualle (Stamm Ctenophora) untersucht (Ryan et al. 2013). Trotz des deutschen Namens *Rippenqualle* haben diese nichts mit den echten Quallen aus dem Stamm der Nesseltiere zu tun (s. u.). Die Untersuchung der

Rippenquallen war interessant, weil diese Organismen zu den einfachsten Tiergruppen gehören und an die Basis der Vielzeller gestellt werden. Dazu zählen außer den Rippenquallen auch die Schwämme (Porifera), die winzigen Placozoa (Plattentiere; durch die einzige Art *Trichoplax* vertreten) und die Nesseltiere (Cnidaria).

Rippenquallen unterscheiden sich von anderen Quallen, die zu den Nesseltieren gehören, in der zweiseitigen Symmetrie („rechte und linke“ Körperhälften statt „runder“ Radiärsymmetrie); die Körperachse ist durch einen Mund am einen Ende und ein Organ, das die Schwerkraft wahrnimmt, am anderen Ende definiert. Anders als die Placozoa und die Schwämme, aber gemeinsam mit den Nesseltieren besitzen die Rippenquallen Muskeln und Nervengewebe, letzteres ist als diffuses Netz organisiert. Schwämme, und Nesseltiere bilden in der Embryonalentwicklung nur zwei Keimblätter – Ektoderm und Endoderm – aus, jedoch kein Mesoderm (aus dem z. B. das Muskelgewebe gebildet wird), wie das sonst der Fall ist. **Verschiedene Untersuchungen führten je nach Gewichtung der Merkmale zu unterschiedlichen Verwandtschaftsbeziehungen dieser vier Gruppen untereinander und zu den (höherentwickelten) Bilateria („Zweiseitentieren“).** Ryan et al. (2013) bilden sechs verschiedene Verwandtschaftsbäume ab. Das zeigt deutlich die Schwierigkeiten, eine widerspruchsfreie Phylogenie entwerfen zu können.

Überraschenderweise sprechen nun die Sequenzdaten der 16.548 identifizierten Gene⁴ von *Mnemiopsis leidyi* dafür, dass die Rippenquallen der erste Zweig des Tier-Stammbaums sind und nicht die viel einfacher gebauten Schwämme, was man bisher annahm (Ryan et al. 2013). Die zuvor meist angenommene engere Verwandtschaft von Rippenquallen und Nesseltieren hat sich auch nicht bestätigt. Da die Rippenquallen ein Nervensystem besitzen, muss evolutionstheoretisch angenommen werden, dass der gemeinsame Vorfahr ebenfalls ein Nervensystem besaß. *M. leidyi* teilt zudem viele Gene des Nervensystems mit den Schwämmen, obwohl diese kein Nervensystem besitzen (Ryan et al. 2013). Daraus schließen die Forscher, dass die Schwämme das Nervensystem verloren haben. Wieder einmal soll also, entgegen früherer Erwartungen und Vorhersagen, die Abfolge von komplex nach einfach verlaufen sein (vgl. Von komplex nach einfach?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=166>). Die Alternative dazu wäre anzunehmen, dass das Nervensystem zweimal unabhängig entstanden ist. Das könnte auch einige Besonderheiten des Rippenquallen-Nervensystems verständlich machen⁵, wirft jedoch wieder andere Fragen auf (s. u.).

Eine weitere Überraschung ist der Befund, dass Rippenquallen zwar ein Mesoderm besitzen und darüber hinaus auch Muskeln ausbilden, sie dafür aber völlig andere Gene nutzen als die Bilateria. Auch verläuft der Bildungsprozess der Muskelzellen von erwachsenen Tieren ganz anders als bei den Bilateria. Das bedeutet, dass die auch genetische Maschinerie für die Entwicklung des Mesoderms und für die Bildung von Muskelzellen überraschenderweise zweimal unabhängig entstanden sein müsste (Ryan et al. 2013; vgl. Rokas 2013, 1329).

Die neuen Befunde wurden von Rokas (2013) auf eine interessante Weise kommentiert. Seiner Meinung nach ist die evolutionstheoretische Vorstellung einer linearen Entwicklung von „einfach“ zu „komplex“ eine teleologische, also zielorientiert. Das Ziel wäre der komplexe Organismus, der Beginn ein einfacher. Diese „teleologisch getränkte“ Vorstellung könne nun endlich aufgegeben werden – als ob man nur darauf gewartet hätte. Doch gerade neue Erklärungsansätze können ihrerseits in Richtung Teleologie gedeutet werden, denn: Woher kam der anzunehmende komplexere Vorfahr? Rokas spricht von einer „Fabrik des Ursprungs der Tiere“, zu der auch mehrfache unabhängige Entstehung und Verlust von

Genen, Stoffwechselwegen und sogar spezialisierten Zelltypen gehören, wie in dieser Studie die Nerven- und Muskelzellen, die Ryan et al. (2013) als „hochentwickelt“⁶ bezeichnen. Doch jede Annahme einer Rückentwicklung (z. B. Verlust von Nervengewebe bei Schwämmen) verschiebt das Problem der vorherigen Entstehung (es muss vorher etwas gegeben haben, was verloren gehen konnte) nur noch weiter in die Vergangenheit. **Die Folge ist, dass die hypothetischen komplexen gemeinsamen Vorfahren „überdesigned“ erscheinen** (so Erwin & Valentine 2013, 336), da sie mit mehr genetischen Möglichkeiten ausgestattet zu sein scheinen als sie tatsächlich benötigten. Conway Morris (2000, 1) sprach übrigens in diesem Zusammenhang von „Tieren in Wartestellung“. Doch „warten“ erfordert Wissen über ein zukünftiges Ereignis. Wozu sollten Organismen genetischen „Ballast“ anhäufen? Die unabhängige Entstehung ähnlicher *komplexer* funktionaler Strukturen war evolutionstheoretisch aus guten Gründen bisher für sehr unwahrscheinlich gehalten worden, eben weil richtungslose Prozesse sich ähnelnde, ausgefeilte Resultate nicht erwarten lassen. Hier wird unter der Hand blinden Prozessen schöpferisches Potential oder eine Art prophetische Weitsicht zugebilligt.

Man kann die Befunde auch aus einer Schöpfungsperspektive deuten: Wenn Merkmale grundsätzlich frei kombinierbar sind, müssen sie nicht in einen widerspruchsfreien Stammbaum eingepasst, oder besser gesagt eingezwängt werden. Konvergenzen sind zu erwarten und hypothetische, unverständlich komplexe Vorfahren erübrigen sich.

Literatur

Carroll SB (2005) *Endless Forms Most Beautiful. The New Science of Evo Devo and the Making of the Animal Kingdom.* London.

Conway Morris S (2000) Evolution: Bringing molecules into the fold. *Cell* 100, 1-11.

Erwin DH & Valentine JW (2013) *The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity.* Greenwood Village, Colorado.

Mayr E (1963) *Animal Species and Evolution.* Harvard University Press.

Rokas A (2013) My oldest sister is a walnut? *Science* 342, 1327-1329.

Ryan F, Pang K et al. (2013) The genome of the ctenophore *Mnemiopsis leidyi* and its implications for cell type evolution. *Science* 342, 1242592, doi: 10.1126/science.1242592

Anmerkungen

¹ „As metazoan body plans evolved along many diverging pathways to produce the rich morphological disparity observed both in fossil and living faunas, it seemed reasonable to expect correspondingly large divergences in their genomes. ... it seemed likely that arthropods and chordates, for example, shared few genes.“

² „Much that has been learned about gene physiology makes it evident that the search for homologous genes is quite futile except in very close relatives. If there is only one efficient solution for a certain functional demand, very different gene complexes will come up with the same solution, no matter how different the pathway by which it is achieved. The saying ‘Many roads lead to Rome’ is as true in evolution as in daily affairs.“

³ „Die sehr ähnliche Architektur des Erbguts, die dem Arm, mit dem ich diesen Artikel schreibe, und dem Flügel der vorbeiswebenden Fliege zugrunde liegt, bringt die nüchterne Möglichkeit ins Spiel, dass Vieles in der Architektur der Organismen von einem Satz von Baukästen abhängt, von denen jeder bei Bedarf geöffnet wird“ (Conway Morris 2000, 9).

⁴ Ca. 6.000 Gene weniger als beim Menschen, aber mehr als bei der Taufliege *Drosophila*.

⁵ „It appears that much of the genetic machinery necessary for a nervous system was present in the ancestor of all extant animals. This pattern suggests that a less elaborate nervous system was present in the metazoan ancestor and was secondarily reduced in placozoans and sponges. The alternative is that neural cell types arose independently in both the ctenophore lineage and the lineage that led to cnidarians and bilaterians, which might explain some of the unique aspects of the ctenophore nervous system“ (Ryan et al. 2013, 7).

⁶ „sophisticated“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n206.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

23.10.13 Molekulare Konvergenzen in unerwartetem Ausmaß

Dass ähnliche Strukturen bei Lebewesen unabhängig (konvergent) entstehen können, ist lange bekannt und die Beispiele dafür nehmen rasant zu, so dass es immer problematischer wird, anhand von Bauplanähnlichkeiten stammesgeschichtliche Beziehungen zu ermitteln. Die Ergebnisse einer groß angelegten Studie legen nahe, dass die Konvergenzen auch im molekularen Bereich erheblich sein können.

Man hat sich daran gewöhnt: Viele ähnliche morphologische (= gestaltliche) Merkmale oder Fähigkeiten nicht näher verwandter Organismen sind mehrfach unabhängig entstanden. Dieses Phänomen wird als Konvergenz bezeichnet. Eigentlich gelten Bauplanähnlichkeiten als Hinweise auf gemeinsame Abstammung (man spricht dann Homologien), aber es gibt so viele Ausnahmen, dass strukturell homologe Ähnlichkeiten nicht mehr ohne weiteres als Belege für gemeinsame Abstammung gewertet werden können (viele Beispiele z. B. unter <http://www.thegreatstory.org/convergence.pdf> und www.mapoflife.org; vgl. Braun 2012)

Durch die **taxonomische*** Forschung in der Biologie sind viele vormals als Homologien interpretierte Ähnlichkeiten durch Gewinnung neuer Daten zu Konvergenzen „mutiert“. Die Daten, die zu Neubewertungen führten, stammen oft (aber nicht nur) aus der Molekularbiologie. Sequenzvergleiche von Proteinen und Genen und neuerdings ganzer **Genome**** ergaben in zahllosen Fällen Ähnlichkeitsbeziehungen, die sich deutlich von den Merkmalsmustern unterscheiden, die auf morphologischen Merkmalen beruhen. Heute weiß man, dass es verbreitet Konflikte „Morphologie versus Moleküle“ gibt. Da in Konfliktfällen den molekularen Daten in der Regel größeres Gewicht eingeräumt wird, müssen die widersprechenden morphologischen Merkmale konvergent entstanden sein.

*taxonomisch (= die Ordnung der Lebewesen aufstellende)

**Genom (= komplettes Erbgut eines Individuums)

Mittlerweile hat sich herausgestellt, dass Konvergenzen auch im molekularen Bereich in beträchtlichem Ausmaß vorkommen. So sind beispielsweise die Aminosäuresequenzen des Proteins Prestin, das beim Hörvorgang beteiligt ist und bei der Echoortung von Fledermäusen und Walartigen besondere Bedeutung hat¹, bei diesen beiden Gruppen nahezu identisch. Wale und Fledermäuse erscheinen in einem auf Prestin-Daten basierenden Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum) daher als eine gemeinsame Gruppe², obwohl beide Gruppen unter den Säugetieren sonst überhaupt nicht näher verwandt sind (Li et al. 2010; Liu et al. 2010). Nach den DNA-Sequenzdaten des *Prestin*-Gens gruppieren sich die Wale und Fledermäuse dagegen weitgehend gemäß dem ‚üblichen‘ Arten-Stammbaum. Innerhalb der Fledermäuse passen auch die Nukleotid-Sequenzdaten nicht zu den sonst anerkannten Verwandtschaftsbeziehungen.

In einer groß angelegten Untersuchung ist eine Arbeitsgruppe um den Evolutionsbiologen Stephen Rossiter (Queen Mary, University of London) der Frage nachgegangen, ob weitere molekulare Konvergenzen bei Fledermäusen und Walen vorliegen (Parker et al. 2013). Beide Gruppen haben unter den Säugetieren nicht viel gemeinsam, mit einer Ausnahme: Sie haben anders als alle anderen Säuger ein *ausgefälltes Echoortungssystem*, das mit ausgestoßenen Ultraschalllauten arbeitet und viele Gemeinsamkeiten aufweist.³ In der Studie der Arbeitsgruppe von Rossiter wurden tatsächlich weitere molekulare Konvergenzen nachgewiesen – zur Überraschung der Wissenschaftler in einem enormen Ausmaß. Knapp

200 Gene weisen konvergente Gemeinsamkeiten bei Walen und Fledermäusen auf, von denen viele mit der Echoortung direkt oder indirekt in Verbindung stehen – die Forscher hatten allenfalls ein Dutzend erwartet. Einige der konvergent veränderten Gene stehen im Zusammenhang mit dem Gehör; bei einer Reihe von ihnen ist die Funktion unbekannt oder die Beziehung zur Echoortung unklar.

Die Wissenschaftler nutzten die Genomdaten von sechs nicht näher verwandten Fledermäusen, von denen zwei keine Echoortung betreiben, außerdem vom Großen Tümmler und von weiteren Säugetierarten. Daraus ermittelten sie etwa 2300 Gene, die in allen diesen Arten in einfacher Ausführung (single copy) vorkommen, und verglichen diese untereinander. Auf diese Weise gelangten sie zum genannten Ergebnis von knapp 200 Genen, die unabhängig voneinander in derselben Weise (konvergent) verändert waren.

Dieses enorme Ausmaß konvergenter Veränderungen stößt auf allgemeine Überraschung. Zuvor war aus evolutionstheoretischer Sicht erwartet worden, dass die molekularen Grundlagen der Echoortungssysteme der beiden so verschiedenen Säugergruppen ganz verschieden sein müssten, da Mutationen als „Rohmaterial“ für evolutionäre Neuheiten richtungslos erfolgen. Für eine gleichsinnige Änderung *auf breiter Front* können keine plausiblen Ursachen angegeben werden. Gewöhnlich wird bei konvergenter Ähnlichkeit auf gleichartige Selektionsdrücke als Ursache verwiesen, doch zum einen handelt es sich dabei generell um eine notwendige, nicht aber hinreichende Voraussetzung für gleichartige Veränderungen. Hier kommt zum anderen das schiere Ausmaß gleichsinniger Abwandlungen hinzu. Joe Parker, Erstautor der Veröffentlichung der erstaunlichen Ergebnisse, kommentiert: „Wir wissen, dass natürliche Auslese eine wirkungsvolle Triebfeder der Evolution von Gensequenzen ist, doch der Nachweis von so vielen Beispielen, wo sie nahezu identische Resultate bei den Gensequenzen bei Tieren ohne jede Verwandtschaft verursacht, ist erstaunlich.“

Die Tatsache, dass molekulare Konvergenzen verbreitet sein können, bringt ein Problem mit sich, das von den morphologischen Konvergenzen längst vertraut ist: Ähnlichkeiten, die nach üblichen Kriterien als homolog interpretiert werden, können nicht sicher als Indikatoren für die Existenz gemeinsamer Vorfahren gewertet werden bzw. sie können irreführend sein, wenn man dies doch tut. Der Genetiker Todd Castoe wird mit den Worten zitiert, dass derzeit keine Handhabe zur Verfügung stünde, wie man mit dieser Situation umgehen kann (http://news.sciencemag.org/biology/2013/09/bats-and-dolphins-evolved-echolocation-same-way#disqus_thread). Er äußert allerdings Bedenken wegen der Untersuchungsmethode, die nur indirekte Hinweise auf das Vorliegen von molekularen Konvergenzen erlaubt. Hier können weitere Untersuchungen aber Aufschluss geben.

Literatur

Braun HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Int. J. 19, 12-19.

Li G, Wang J, Rossiter SJ, Jones G, Cotton JA, Zhang S (2008) The hearing gene *Prestin* reunites echolocating bats. Proc. Natl. Acad. Sci. 105, 13959-13964.

Li Y, Liu Z, Shi P & Zhang J (2010) The hearing gene *Prestin* unites echolocating bats and whales. Curr. Biol. 20, R55-R56.

Liu Y, Cotton JA, Shen B, Han X, Rossiter SJ & Zhang S (2010) Convergent sequence evolution between echolocating bats and dolphins. *Curr. Biol.* 20, R53-R54.

Parker J, Tsagkogeorga G, Cotton JA, Liu Y, Provero P, Stupka E & Rossiter SJ (2013) Genome-wide signatures of convergent evolution in echolocating mammals. *Nature*, doi:10.1038/nature12511.

Teeling EC (2009) Hear, hear: the convergent evolution of echolocation in bats? *Trends Ecol. Evol.* 24, 351-354.

¹ *Prestin* wird beim Hörvorgang benötigt und codiert für ein Transmembran-Motorprotein, welches das elektrisch vermittelte Bewegungsvermögen der äußeren Haarzellen in der Schnecke steuert und damit für die Sensitivität der Schnecke im Säugerohr verantwortlich ist. Es scheint von besonderer Bedeutung für die Wahrnehmung höherer Frequenzen und für selektives Hören zu sein; beides ist für die Echoortung wichtig (Teeling 2009, 353; Li et al. 2008, 13959).

² „Bei der aktuellen Untersuchung wurden auch echoortende Zahnwale einbezogen, und basierend auf der Sequenz von *Prestin*, bestanden mehr Ähnlichkeiten zwischen den echoortenden Fledermäusen und Walen als zwischen den nicht-echoortenden, aber viel näher verwandten Fledermausarten. Dies legt nahe, dass die Veränderungen des *Prestin*proteins wichtig sind für ein funktionstüchtiges Echoortungssystem.“ (<http://www.science-meets-society.com/wissenschaftsnews/die-konvergenz-der-echoortung/>)

³ „Doch die Mechanismen der Echoortung ähneln sich stark. Trotz so unterschiedlicher Erfordernisse, wie eine Anpassung an die Dichteunterschiede der Medien wie Luft und Wasser und auch der überbrückten Distanz, von einigen Metern bei Fledermäusen zu mehreren hundert Meter bei Delphinen, finden sich beeindruckende Übereinstimmungen in den anatomischen Bausteinen, die für die Verarbeitung der Echosignale zuständig sind.“ (<http://www.science-meets-society.com/wissenschaftsnews/die-konvergenz-der-echoortung/>)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n200.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.07.13 Morphologie und Moleküle in scharfem Widerspruch

Unter der Annahme von Evolution war erwartet worden, dass Ähnlichkeitsbäume (= Cladogramme), die auf „traditionellen“ anatomischen und morphologischen (= gestaltlichen) Merkmalen beruhen, mit Ähnlichkeitsbäumen harmonieren, die auf molekularen Daten basieren (also auf Sequenzvergleichen von Proteinen und Nukleinsäuren). In vielen Fällen haben jedoch molekulare Analysen sicher geglaubte traditionell begründete Verwandtschaftsverhältnisse in Frage gestellt. Moleküle und Morphologie passen oft nicht ohne weiteres zusammen. Eine besonders schwerwiegende Diskrepanz wurde unlängst bei den Eidechsenartigen beschrieben.

Als die ersten Cladogramme (baumförmige Darstellung von Ähnlichkeitsbeziehungen) auf der Basis von Proteinvergleichen verschiedener Arten veröffentlicht wurden, schienen sie die Ähnlichkeitsmuster der „klassischen“ Taxonomie zu bestätigen, denen morphologische (gestaltliche) und anatomische Merkmale zugrunde liegen. Moleküle (Proteine, DNA) und Morphologie passten zusammen, so wie es ausevolutionstheoretischer Perspektive auch erwartet worden war. Man sah darin eine Bestätigung, die Cladogramme als evolutionäre Abstammungsabfolgen zu interpretieren.

Bald aber tauchten auch Diskrepanzen auf, die Zusatzhypothesen und kompliziertere Erklärungen erforderten, um die Daten evolutionstheoretisch schlüssig interpretieren zu können. Es stellte sich heraus, dass molekulare Daten den klassischen Verwandtschaftsbeziehungen insbesondere der größeren systematischen Gruppen oft widersprachen (s. z. B. Richter & Sudhaus 2004; Valentine 2004, 115, 148; u. v. a.). Losos et al. (2012) berichten nun von einem Fall einer schwerwiegenden Diskrepanz zwischen morphologischen und molekularen Phylogenien, für deren Auflösung nach ihrer Einschätzung keinen Schlüssel in Sicht ist. Es geht dabei um die Ähnlichkeitsbeziehungen der Eidechsenartigen (Lacertilia) mit über 30 Familien und ca. 9000 Arten. Sie werden in die Leguanartigen (Iguania), Geckoartigen (Gekkota), Skinkartigen (Scincomorpha) und die Schleichenartigen (Anguimorpha) unterteilt. Nach traditioneller Sicht gabeln sich die Eidechsenartigen an der Basis in die Leguanartigen und die Scleroglossa, diese wiederum in die Geckoartigen und alle anderen Gruppen (siehe Abb. unter <http://www.sciencemag.org/content/338/6113/1428/F1.large.jpg>). Die Leguanartigen besitzen demnach viele ancestrale („ursprüngliche“) Merkmale. **Doch widersprechen molekulare Daten, die in den letzten zehn Jahren gewonnen wurden, dieser Sicht massiv.** Demnach befinden sich die Leguanartigen nämlich weit oben im Cladogramm bei den Schleichartigen und Schlangen. Dem auf morphologischen Merkmalen basierten Cladogramm liegt eine enorm große Datenbasis von 192 Arten und 610 variablen Merkmalen zugrunde, von denen 40% erst durch neue Untersuchungstechniken ermittelt wurden. Es war erwartet worden, dass die Verbesserung des morphologischen Datensatzes zu einer Annäherung an das molekular begründete Cladogramm führen würde, „doch die Daten hätten nicht widersprüchlicher sein können“ (Losos et al. 2012, 1429). **Kein einziges relevantes Merkmal unterstützt die Position der Leguanartigen hoch im Cladogramm der Eidechsenartigen.**

Welche Lösungsmöglichkeiten gibt es? Losos et al. (2012) stellen fest, dass bei widersprüchlichen Phylogenien einer der beiden Datensätze irreführend sein müsse. Zum einen könnten viele gemeinsame morphologische Merkmale konvergent oder durch

Rückentwicklung entstanden sein. Dann würden die Ähnlichkeiten fälschlicherweise gemeinsame Abstammung vortäuschen. Das müsse man häufig annehmen. Doch in diesem Fall sei dies unwahrscheinlich, weil die anzunehmenden Rückentwicklungen viele funktionell verschiedene Teile der Anatomie betreffen, die zudem embryonal auf verschiedene Weisen entstehen. Außerdem haben die Leguanartigen verschiedene Lebensweisen, von großen Pflanzenfressern über ameisenfressende Krötenechsen bis zu gleitend sich fortbewegenden Formen. Diese Vielfalt spiegle kaum eine Anpassung an einen allgemeinen Lebensstil vonwider, so Losos et al.

Aber die Alternative, dass die molekularen Daten irreführend sind, scheidet an der Tatsache, dass nicht weniger als 44 protein-codierende Gene dem molekularen Cladogramm zugrundeliegen, die alle in dieselbe Richtung weisen. Es sind zwar Fälle molekularer Konvergenzen bekannt, aber hier müsste ein unerklärbar hohes Ausmaß an Konvergenzen angenommen werden. Wir sind mit einem Rätsel konfrontiert, konstatieren Losos et al.¹ Wenn Konvergenzen derart tiefgreifend sind, welches Vertrauen könne man dann in Phylogenien fossiler Taxa haben, für die keine molekularen Daten verfügbar sind? Und akzeptiert man die morphologisch basierte Phylogenie, fehlt eine Erklärung für die molekularen Befunde.

Sollte dieser durchausgesprochen zahlreiche Daten gestützte Befund ein Hinweis darauf sein, dass das evolutionäre Paradigma sich nicht bewährt? Jedenfalls entsteht das bisher unlösbare Rätsel nur deshalb, weil Evolution als Interpretationsrahmen nicht zur Disposition gestellt wird.

Literatur

Losos JB, Hillis DM & Greene HW (2012) Who speaks with a forked tongue? *Science* 338, 1428-1429.

Richter S & Sudhaus W (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforscher der Freunde zu Berlin. N.F. 43, 1-221. Buchbesprechung: <https://www.wort-und-wissen.org/rezension/kontroversen-in-der-phylogenetischen-systematik/>.

Valentine JW (2004) On the origin of phyla. University of Chicago Press.

Anmerkung

¹ Eine mögliche (wenn auch unbefriedigende) Erklärung, die die Autoren selbst anführen, liegt in der Struktur des Baumes der molekularen Analyse (Abb. B unter <http://www.sciencemag.org/content/338/6113/1428/F1.large.jpg>), bei dem es sich um ein Phylogramm handelt, das im Gegensatz zum auf der Morphologie basierenden Cladogramm (Abb. A) nicht nur die Topologie, sondern auch die Astlängen zeigt. Die Linie zu den Leguanen in Abb. 1B ist sehr stark in die Länge gezogen im Vergleich zu allen anderen Ästen des Baumes. Bei solchen Mustern, die man auf unterschiedliche Evolutionsraten der Gene in verschiedenen Organismenlinien zurückführt, werden die Methoden der phylogenetischen Analyse leicht überstrapaziert oder deren Vorannahmen verletzt. Dies könnte bedeuten, dass die unerwartete Gruppierung der Leguane ein Artefakt der Analyse darstellt und dass daher diese molekularen Daten gar nicht in der Lage sind, die Beziehungen zu klären (immer unter der Annahme einer gemeinsamen Abstammung der Reptilien). Plausible Gründe für solche stark beschleunigten Raten sind zumindest in diesem Fall offenbar nicht bekannt. Der

molekulare Baum sagt daher im Wesentlichen aus, dass Leguane von allen anderen Reptilien genetisch sehr stark abweichend sind.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n198.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.01.13 Detaillierte Ähnlichkeiten der Gehörorgane von Heuschrecke und Mensch

Das Gehörorgan einer Laubheuschrecke weist einen ganzen Komplex von Ähnlichkeiten im Bauplan und in der Funktionsweise mit dem Gehörorgan des Menschen auf. Die Wissenschaftler, die das mit Hilfe von Mikro-Tomographen herausfanden, sprechen – evolutionstheoretisch orientiert – von einer „Serie konvergenter Lösungen“. Das heißt: Ohne Zielorientierung (die es im Rahmen evolutionstheoretischer Modellierungen nicht gibt) soll *zweimal unabhängig* eine bis in die Details sehr ähnliche komplexe Struktur und Funktionsweise bei stammesgeschichtlich weit voneinander entfernten Tiergruppen erreicht worden sein – eine außerordentliche Konvergenz.

Eine höchst erstaunliche Entdeckung hat ein Forscherteam um Fernando Montealegre-Zapata, Insektenforscher an der Universität von Bristol in Großbritannien gemacht. Die Wissenschaftler fanden mit Hilfe von Mikro-Tomographen heraus, dass das Gehörorgan der im Regenwald lebenden Laubheuschrecke *Copiphora gorgonensis* aus der Gruppe der Katyriden ganz ähnlich funktioniert wie das menschliche, und zwar sowohl in anatomischer als auch in physiologischer Hinsicht. **Das an den Beinen befindliche Insektenohr ist wie beim Menschen funktionell dreigeteilt, im Vergleich dazu jedoch extrem miniaturisiert**, nämlich etwa 60 mal kleiner (das Insektenohr ist insgesamt nur 0,6 mm groß). Legt man eine evolutionäre Entstehungsgeschichte des Lebens zugrunde, handelt es sich hier um ein Beispiel für eine extrem detailgetreue Konvergenz, dessen Tragweite für die Frage nach dem „Wie“ der Entstehung kaum überschätzt werden kann.

Um die weitreichenden Ähnlichkeiten der beiden Sinnesorgane zu verstehen, soll zunächst der Aufbau des menschlichen Ohres beschrieben werden. Außen-, Mittel- und Innenohr ermöglichen Schallaufnahme, Schallumwandlung und Frequenzanalyse. Die Schallwellen erreichen über den äußeren Gehörgang das Trommelfell, das in Schwingung versetzt wird. Daran schließen sich im Mittelohr die bekannten drei Gehörknöchelchen Hammer, Ambos und Steigbügel an. Diese kleinsten Knochen unseres Skeletts leiten die durch die Schallwellen ausgelösten Schwingungen des Trommelfells zum sehr viel kleineren ovalen Fenster weiter. Von dort werden die Schwingungen durch an die mit Flüssigkeit (Perilymphe) gefüllten Gänge der Schnecke übertragen. Die Gehörknöchelchen haben zusammen mit dem Trommelfell die Funktion eines Impedanzwandlers, d. h. sie ermöglichen die Umwandlung niedriger Schalldrücke und hoher Auslenkungen der Luft in hohe Drücke und geringe Auslenkungen in der Perilymphe des Innenohrs. **Diese Verstärkung des Schalldrucks wäre nicht möglich, wenn die Flüssigkeit des Innenohres direkt an das Trommelfell angrenzen würde.**¹

In der Schnecke stecken winzige Härchen mit Sinneszellen, die durch die erzeugten Wanderwellen in der Flüssigkeit verbogen werden. Dadurch werden in den Sinneszellen des Innenohrs elektrische Signale erzeugt, was zur Erregung des Hörnervs führt. Auf diese Weise wird letztlich der ankommende Schall in Nervenimpulse umgesetzt und über den Hörnerv sowie die zentralen Hörbahnen ans Gehirn weitergeleitet. In der Schnecke sind die Sinneshaarzellen linear der Länge nach auf einer Membran angeordnet. Jede Zelle reagiert entsprechend ihrer Lage auf der Membran auf eine bestimmte Frequenz, wobei die niedrigsten Frequenzen am einen und die höchsten am anderen Ende erfasst werden – wie bei einem Klavier (tonotopische Repräsentanz).

Montealegre-Zapata et al. (2012) berichten nun, dass die anatomischen und funktionellen Aspekte des Hörvorgangs beim Menschen außerordentlich ähnlich den Verhältnissen beim Gehörorgan einer Heuschrecke des Regenwaldes sind. Sie zeigten, dass bei diesen Insekten trommelfellartige Membranen des Außenohres mit einer steifen, hebelartigen Struktur, der Tympanalplatte verbunden sind. Diese ist ihrerseits mit einer verlängerten flüssigkeitsgefüllten Kammer des Innenohrs verbunden und entspricht damit den Gehörknöchelchen der Säugetiere. Die Impedanzverstärkung ist ähnlich stark wie bei den Säugetieren. Und im Innenohr der Heuschrecke zeigt sich wie bei Säugetieren eine lineare Abfolge von Sinnesrezeptoren, die von Flüssigkeit umgeben sind, ähnlich der Situation in der Schnecke des Säugerohrs. Besonders bedeutsam ist die Entdeckung der (oben beschriebenen) Impedanzwandlung und -verstärkung durch das den Gehörknöchelchen analoge Element, welches mit den Trommelfellmembranen zusammenwirkt (vgl. Hoy 2012). **„Insgesamt zeigen die Daten, dass die Impedanzwandlung, die Ausbreitung der Schallwellen und die tonotopische Repräsentanz biophysikalisch analog denselben Eigenschaften des Säugetierohrs sind“**² (Montealegre-Zapata et al. 2012, 971).

Ein Komplex von Konvergenzen. Angesichts dieser detaillierten Ähnlichkeiten sprechen Montealegre-Zapata et al. (2012) von einer „Serie konvergenter Lösungen“. (Zur „Konvergenz“-Problematik siehe auch Artikel Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>.) Es handelt sich nicht um eine einfache Konvergenz eines einzelnen Bauplanelements, sondern um einen Komplex von Konvergenzen. Evolutionstheoretisch werden Konvergenzen gewöhnlich mit gemeinsamen Selektionsdrücken erklärt, doch sind Selektionsdrücke nur notwendige, aber bei weitem keine hinreichenden Voraussetzungen für Evolution. Als alternative Erklärung werden Entwicklungszwänge genannt. Hoy (2012, 895) bemerkt in seinem Kommentar jedoch, dass damit nur im Falle des Säugerohrs argumentiert werden könne, nicht aber in Bezug auf die Konvergenz zum Insektenohr.³ Im Übrigen können aber auch Konstruktionszwänge nicht für die Entstehung von evolutionär Neuem verantwortlich gemacht werden, sondern bilden ebenfalls nur zu berücksichtigende *Randbedingungen*. **Letztlich genügen weder externe (Selektion) noch interne (Konstruktionszwänge) Rahmenbedingungen als Triebfedern für die Entstehung der Gehörorgane.** Um die Entstehung der frappierend ähnlichen Baupläne und der analogen Funktionsweise des Insekten- und Säugerohrs zu verstehen, reichen die bisher bekannten natürlichen Mechanismen offenkundig nicht aus. Darauf weist indirekt auch Hoys (2012, 895) Bemerkung am Schluss seines Kommentars hin, dass die miniaturisierten Ohren der Insekten Vorbilder sein könnten für die Entwicklung der nächsten Generation akustischer Biosensoren.⁴

Weshalb ist Konvergenz in diesem Fall so schwerwiegend? Es ist schon ein evolutionstheoretisches Problem ersten Ranges, wie Sinnesorgane überhaupt in einzelnen Abstammungslinien entstehen. Man muss sich die Details klarmachen, die zusammenstimmen müssen, damit ein Ohr überhaupt eine minimale Funktion aufweisen kann. Und man muss sich vor Augen halten, dass es in einer natürlich verlaufenden Evolution keine Zielorientierung gibt. Wenn nun aber ohne Zielorientierung *zweimal unabhängig* eine bis in die Details sehr ähnliche komplexe Struktur und Funktionsweise bei stammesgeschichtlich weit voneinander entfernten Tiergruppen erreicht wird, muss das zu denken geben.⁵ Bisher bekannte natürliche Evolutionsmechanismen sind für die Erklärung dieses Phänomens ungeeignet, jedoch in einem Schöpfungskontext leicht zu verstehen.

Literatur

Hoy RR (2012) Convergent evolution of hearing. Science 338, 894-895.

Montealegre-Z. F, Jonsson T, Robson-Brown KA, Postles M & Robert D (2012) Convergent Evolution Between Insect and Mammalian Audition. Science 338, 968-971.

Anmerkungen und Originalzitate

¹ „Nahezu die gesamte Schalleistung, die in den Gehörgang dringt, wird an das Innenohr weitergegeben. Hierbei erhöht sich die ausgeübte Kraft vom Trommelfell bis zum ovalen Fenster etwa um den Faktor 90 und der Druck etwa um den Faktor 22. Das heißt: Wären Trommelfell und ovales Fenster starr verbunden, wäre die Schallübertragung um fast 30 Dezibel schlechter, leise Geräusche wären nicht mehr wahrnehmbar.“

(<http://tinyurl.com/ada6dxv>)

² „Altogether, the data show that the impedance conversion, dispersive wave propagation, and tonotopic representation are biophysically analogous to the same qualities of the mammalian cochlea.“

³ „The three compartment hearing organ in terrestrial vertebrates, including mammals, evolved out of the developmental imperatives surrounding the evolution of the vertebrate ear on the head. However, no such constraints apply to the hearing organs of insects“ (Hoy 2012, 895).

⁴ „The miniature ears of insects may provide valuable insights for developing the next-generation of auditory biosensors“ (Hoy 2012, 895).

⁵ Man kann das Problem vielleicht andeutungsweise damit vergleichen, dass zwei Wanderer blind von ganz verschiedenen Ausgangspunkten aus ohne Wissen eines Zieles und ohne Lenkung denselben weit von ihnen entfernten Punkt erreichen sollten.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n191.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.11.12 Rätselhafter Ursprung des Linsenauges der Wirbeltiere

Vergleichende genetische Studien am sehr einfach gebauten Frontalauge des Lanzettfischchens erweisen eine Reihe von Gemeinsamkeiten mit Linsenaugen der Wirbeltiere. Die Augentypen sind aber morphologisch* weit voneinander entfernt. Das Linsenauge der Wirbeltiere erscheint im Fossilbericht in fertiger Form.

*morphologisch (= den Aufbau betreffend)

Die evolutionäre Entstehung des Auges gilt in populären Darstellungen häufig als im Wesentlichen geklärt. Meist wird auf eine Reihe verschiedener Augentypen verwiesen (Flachauge – Grubenaug – Lochkameraauge – verschiedene Typen von Linsenaugen), um die schrittweise Entstehung beispielsweise unseres Linsenauges als plausibel erscheinen zu lassen. Wie schon an anderer Stelle dargestellt, sind diese Reihen aus mindestens zwei Gründen bei weitem nicht beweiskräftig für Evolution: 1. Die Unterschiede zwischen den einzelnen (mutmaßlichen) Stufen sind teilweise so enorm, dass die Übergänge völlig neue Konzepte erfordern würden. 2. Diese Serien sind nur modellhaft und nicht gleichbedeutend mit phylogenetischen Abfolgen (vgl. Ullrich et al. 2006 <http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>).

Im Fossilbericht tauchen zudem die Komplexaugentypen bereits sehr früh auf (vgl. ► „Moderne Optik“ im frühen Kambrium, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=173>), aber auch die Linsenaugen sind – gemessen am Fossilbericht – von Anfang an fertig. Daher beginnen die Autoren einer aktuellen Studie ihren Artikel über das „Frontalauge“ (Pigmentbecherauge) des Lanzettfischchens (*Amphioxus*) mit der Feststellung, dass **der Ursprung der Wirbeltieraugen immer noch rätselhaft** sei (Vopalensky et al. 2012). Das klingt überraschend, wenn man sich die eingangs genannten Behauptungen vor Augen hält. Weiter stellen die Autoren fest, dass ein Teil des Problems im **Mangel heutiger Tierstämme mit brauchbaren Abstufungen** liege, die ein Szenario zur Entstehung des Wirbeltierauges ermöglichen könnten. So sei beispielsweise das Auge ausgewachsener Neunaugen (Petromyzontidae, die als ursprüngliche Vertreter der Wirbeltiere gelten) den Augen von kiefertragenden Wirbeltieren im Gesamtaufbau, den Zelltypen der Netzhaut und in vielen Klassen der Opsine (Proteinanteil eines Sehpigments) bemerkenswert ähnlich. Eine Serie von Augentypen zunehmender Komplexität zum Linsenauge *der Wirbeltiere* hin ist also bloße Hypothese.



Abb. 1: Lanzettfischchen *Branchiostoma lanceolatum*. (Wikimedia: © Hans Hillewaert, CC BY-SA 4.0)

Eine Hypothese zur Entstehung der Linsenaugen der Wirbeltiere besagt, dass das Pigmentbecherauge am vorderen Ende von *Amphioxus* ein Vorläufer dafür gewesen sein könnte. Allerdings ist es vergleichsweise sehr einfach gebaut und besteht aus einfachen bewimperten Zellen, unähnlich den Zapfen und Stäbchen der Wirbeltieraugen, die ausgefeiltere Cilien über der Oberfläche besitzen. Der einzige Hinweis darauf, dass die Becheraugen lichtempfindlich sind, bestand bisher darin, dass die bewimperten mutmaßlichen Sinneszellen in unmittelbarer Nähe zu dunklen Pigmentzellen angeordnet sind (Vopalensky et al. 2012).

In ihrer Studie verglichen Vopalensky et al. (2012) das Pigmentbecherauge von *Amphioxus* in Bezug auf Gemeinsamkeiten mit Linsenaugen von Wirbeltieren in molekularer Hinsicht und fanden viele Gemeinsamkeiten bei **Transkriptionsfaktoren***, Opsinen (s. o.) und Proteinen der Phototransduktionskaskade (Umwandlung eines äußeren Lichtreizes in ein physiologisches Signal). Außerdem fanden sie molekulare Gemeinsamkeiten zwischen den Pigmentzellen von *Amphioxus* und dem retinalen Pigment-Epithel¹ der Wirbeltieraugen (Melanin-Gehalt, Regulationsgene). Und schließlich ähneln Nervenfortsätze des Frontalaluges Strukturen im Vorderhirn der Wirbeltiere.

*Transkriptionsfaktoren (= Proteine, die bei der Regulation wichtig sind)

Damit können die Autoren eine (vor allem molekular begründete) Homologie zwischen dem Frontalauge von *Amphioxus* und dem Wirbeltier-Linsenauge begründen. Ein stammesgeschichtlicher Zusammenhang kann daraus jedoch nicht abgeleitet werden; die verglichenen Strukturen sind, trotz der erstaunlichen Ähnlichkeiten auf biochemischer bzw. molekularbiologischen Ebene, morphologisch weit voneinander entfernt. Zur Klärung der Frage nach den Mechanismen der stufenweisen Entstehung und Abwandlung des Wirbeltierauges sind bloße Vergleiche überfordert (das war allerdings auch nicht das Ziel der Untersuchungen). Die Studie von Vopalensky et al. steuert jedoch ein weiteres interessantes Beispiel dafür bei, dass der ontogenetischen Entwicklung morphologisch verschiedener Organe unterschiedlicher Tierstämme oder -klassen auf der Basis ähnlicher molekularer Grundlagen erfolgt – ein Befund, der bei vielen anderen Organsystemen verschiedener Tierstämme bekannt ist.

Aus den Befunden kann geschlossen werden, dass bereits im hypothetischen

Ausgangsindividuum die molekularen Grundlagen des Sehens in Form funktionierender hochkomplexer biochemischer Kaskaden existiert haben müssen. Wie diese entstanden sind, liegt ebenso weiterhin im Dunkeln wie der Ursprung der Sehorgane, die sich ihrer zur Lichtwahrnehmung bedienen.

Anmerkung

¹ Zum retinalen Pigment-Epithel vgl. die Ausführungen in Ullrich et al. (2006) (<http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>)

Literatur

Vopalensky P, Pergner J, Liegertova M, Benito-Gutierrez E, Arendt D & Kozmik Z (2012) Molecular analysis of the amphioxus frontal eye unravels the evolutionary origin of the retina and pigment cells of the vertebrate eye. Proc. Natl. Acad. Sci. USA, early ed., doi: 10.1073/pnas.1207580109.

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Stud. Int. J. 13, 3-14, <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n188.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.04.12 Bestätigung einer wichtigen Funktion des Wurmfortsatzes

Der Wurmfortsatz des menschlichen Blinddarms gilt als Paradebeispiel für ein rudimentäres, rückgebildetes, nutzloses Organ. Doch es gibt eine wachsende Anzahl von Hinweisen darauf, dass dies eine Fehlinterpretation ist. Die Hypothese, dass der Wurmfortsatz eine Art „Rettungsstation“ für wichtige Darmbakterien bildet, konnte kürzlich erfolgreich getestet werden.

Der Wurmfortsatz (Appendix) des menschlichen Blinddarms ist vielleicht das bekannteste Beispiel eines rudimentären Organs, das seine frühere Funktion verloren habe und daher oft als nutzloser und sogar gefährlicher Rest einer evolutiven Rückbildung angesehen wird. Solche (vermeintlich) rudimentären Organe werden oft auch als Belege gegen Schöpfung gewertet. Es gibt allerdings schon lange Hinweise auf eine Funktionalität des Wurmfortsatzes und es spricht auch manches dagegen, dass dieser bleistiftgroße Darmanhang überhaupt als rückgebildet gelten kann (zusammenfassend bei Junker 2008). Und vor einigen Jahren fanden Bollinger et al. (2007) heraus, dass der Wurmfortsatz des Menschen eine Art Zufluchtsort und Rettungsstation für **symbiotische*** Bakterien darstellt, die das Wachstum nützlicher Darmbakterien fördert und bei durchfallbedingten Darmentleerungen die Wiederbesiedlung mit diesen Bakterien ermöglicht bzw. erleichtert. Diesen Bakterien fällt die Aufgabe zu, die Ausbreitung gefährlicher Krankheitserreger im menschlichen Verdauungstrakt zu verhindern, was besonders nach Durchfallerkrankungen sehr wichtig ist. Die Forscher schlussfolgerten, dass der Wurmfortsatz für eine bedeutsame Funktion offensichtlich optimal eingerichtet ist (vgl. ►Der Wurmfortsatz als Rettungsstation, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=101>).

*symbiotisch (= mit anderen Organismen zusammenlebend)

Die Hypothese vom Wurmfortsatz als Zufluchtsort konnte inzwischen getestet werden. Es wurde untersucht, ob Patienten, die eine schwere Darminfektion hatten, sich besser erholten, wenn sie noch im Besitz des Wurmfortsatzes waren, als solche Patienten, bei denen das nicht der Fall war und die dieselbe Infektion hatten. James Grendell vom Winthrop University-Hospital und Kollegen untersuchten die Folgen von Infektionen mit dem Krankheitserreger *Clostridium difficile* (Im et al. 2011). *C. difficile* ist besonders gefährlich, wenn die natürliche Darmflora, die den Erreger normalerweise in Schach hält, zu stark dezimiert ist (z. B. nach einer Antibiotikatherapie). Patienten mit dem Wurmfortsatz sollten daher einen messbar größeren Schutz vor einer Wiederholungsinfektion nach erfolgreicher Ersttherapie einer bakteriellen Darminfektion mit *C. difficile* besitzen.

Grendells Team konnte 254 geeignete Patienten entsprechend untersuchen. Dabei zeigte sich tatsächlich, dass Personen ohne Wurmfortsatz viermal häufiger von einem Wiederauftreten von *C. difficile* betroffen waren, genau wie aufgrund der Hypothese vom Wurmfortsatz als Zufluchtsort für schützende Darmbakterien vorhergesagt wurde.

Diese Hypothese ist damit noch nicht endgültig bewiesen, da die festgestellten Unterschiede auch andere Ursachen haben könnten oder gar nicht typisch sind (vgl. Dunn 2012). Zur endgültigen Klärung sind weitere Studien erforderlich.

Literatur

Bollinger RR, Barbas AS, Bush EL, Lin SS & Parker W (2007) Biofilms in the large bowel suggest an apparent function of the human vermiform appendix. *J. Theor. Biol.* 249, 826-831.

Dunn R (2012) Your Appendix Could Save Your Life.
<http://blogs.scientificamerican.com/guest-blog/2012/01/02/your-appendix-could-save-your-life>.

Im GY, Modayil RJ, Lin CT, Geier SJ, Katz DS, Feuerman M & Grendell JH (2011) The appendix may protect against *Clostridium difficile* recurrence. *Clin. Gastroenterol. Hepatol.* 9, 1072–1077.

Junker R (2008) Der Wurmfortsatz als Rettungsstation *Stud. Int. J.* 15, 31-32.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n183.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.11.11 Superschnelle Muskeln (auch) bei Fledermäusen

Fledermäuse sind in der Lage, ihre Umgebung mit Hilfe von Ultraschall so genau zu scannen, dass man ihre Fähigkeiten am besten mit „Echo-Bildsehen“ beschreibt. Wenn man so will: Fledermäuse „sehen“ mit den Ohren (vgl. Entstehung der Fledermäuse, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42846&Sprache=de&l=1>). Aber anders als beim Sehen mit den Augen müssen die Fledermäuse auch noch die Daten teilweise selbst generieren, deren Auswertung dann das Echobild liefert.

Um eine geortete Beute schlagen zu können, müssen die Fledermäuse ihre Ultraschall-Rufe bei Annäherung zunehmend häufiger und kürzer ausstoßen, bis sie schließlich kaum vorstellbare 190 Rufe pro Sekunde erreichen (deren Echo sie aufnehmen und auswerten). Bisher erschien den Forschern diese Schlussphase extrem häufiger Rufe, der sogenannte „terminal buzz“, rätselhaft; es war unbekannt, wie die Fledermäuse die Laute in so schneller Abfolge erzeugen können. Biologen von der Universität von Süddänemark in Odense und der Universität von Pennsylvania in Philadelphia kamen den Fledermäusen nun auf die Schliche (Elemans et al. 2011). Sie entdeckten bei Wasserfledermäusen (die knapp über Wasseroberflächen nach Insekten jagen) hochspezialisierte „superschnelle“ Muskeln, deren Tätigkeit die schnellen Laute ermöglicht. Experimente mit isolierten Muskelfaserbündeln des Kehlkopfs von *Myotis daubentonii* zeigten, dass die Kehlkopfmuskeln der Fledermaus sich bis zu 200-mal pro Sekunde zusammenziehen können. Der Kehlkopfmuskel kann sich damit bis zu zwanzig Mal schneller als die schnellsten Muskeln des Menschen zusammenziehen, die bei der Augenbewegung gebraucht werden.

Außerdem konnten die Forscher zeigen, dass die Leistungsfähigkeit des Kehlkopfmuskels der limitierende Faktor bei der Häufigkeit der Laute ist und nicht die bei Annäherungen an die Beute zunehmende Überlappung von Ruf und Echo.

Die superschnellen Muskeln des Kehlkopfs sind aber auch noch aus einem weiteren Grund interessant. In *Spektrumdirekt* wird Coren Elemans mit folgenden Aussagen über den superschnellen Muskeltypus zitiert: „Das ist eine ganz andere Muskelart als unsere normalen Skelettmuskeln. ... Wir haben etliche Anpassungen auf zellulärer und molekularer Ebene gefunden, zum Beispiel eine stark erhöhte Mitochondrienanzahl und sehr viel mehr sarkoplasmatisches Retikulum, welches Kalzium in und aus der Zelle pumpt.“ Dieser Muskeltypus ist auch bei Klapperschlangen, einigen Fischen und Vögeln bekannt, also bei Arten, die in der Systematik deutlich getrennt stehen. Er müsste also mehrfach unabhängig, konvergent entstanden sein. In allen Fällen spielen die superschnellen Muskeln eine wichtige Rolle bei der akustischen Kommunikation. So zwitschern auch Singvögel mit Hilfe superschneller Stimmuskeln. Beim Europäischen Star (*Sturnus vulgaris*) und beim Zebrafinken (*Taeniopygia guttata*) dauert ein Zyklus von Kontraktion und Entspannung nur 3-4 Millisekunden (Elemans et al. 2008). Mit dem Nachweis von superschnellen Muskeln bei Wasserfledermäusen sind nun diese erstmals auch bei Säugetieren beschrieben worden. Ihre Verteilung bei verschiedenen Tieren erfordert eine mehrfach unabhängige Entstehung, was die Existenz dieser besonderen Muskeln noch erstaunlicher macht.

Literatur

Anonymus (2011) Fledermäuse orten dank superschneller Muskeln. www.wissenschaft-online.de/artikel/1124502.

Elemans CEP, Mead AF, Rome LC & Goller F (2008) Superfast Vocal Muscles Control Song Production in Songbirds. PLoS ONE 3(7): e2581. doi:10.1371/journal.pone.0002581.

Elemans CPH, Mead AF, Jakobsen L & Ratcliffe JM (2011) Superfast Muscles Set Maximum Call Rate in Echolocating Bats. Science 333,1885-1888.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n178.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.09.11 Unser Großhirn – „out of the blue“?

Ringelwürmer (Annelida) sind nicht gerade als Intelligenzbestien verschrien. Ihr Gehirn ist relativ einfach aufgebaut, aber gerade deshalb gut geeignet als Modell zur molekularen Erforschung von Gehirnentwicklung und -funktion. Neue Genexpressions*-Analysen am Gehirn von *Platynereis dumerilii*, einem im Meer lebenden Borstenwurm, haben deutliche Gemeinsamkeiten mit der Großhirnrinde der Wirbeltiere belegt, dem komplexesten Organ in der belebten Welt (Tomer et al. 2010). Die Autoren der Studie schließen daraus: „Die Evolutionsgeschichte unseres Großhirns muss neu geschrieben werden.“

*Genexpression (= Ablesen der Geninformation)

Eine auffällige paarige Struktur im Annelidenhirn, wie auch im Zentralhirn vieler Insekten, ist der sogenannte Pilzkörper. Seine pilzförmige Struktur bildet ein Zentrum mit dicht gepackten Neuronen (Nervenzellen), die tausende bis zu mehreren hunderttausend parallel laufende Nervenfortsätze entsenden. Der Pilzkörper ist vor allem für die Verarbeitung von Geruchsinformationen zuständig, mischt aber auch bei Lern- und Gedächtnisleistungen mit. Aktuell wird z. B. an der Fruchtfliege erforscht, wie Gedächtnis und Lernen molekular im Pilzkörper funktioniert (Davis 2011). Es gibt auch Hinweise, dass der Pilzkörper eine Rolle beim Ausfiltern wichtiger gegenüber weniger wichtigen Umgebungsinformationen spielt (Farris 2011).

Es war schon länger bekannt, dass es strukturelle, anatomische und funktionelle Ähnlichkeiten des Pilzkörpers mit dem Cortex (oder Pallium, Großhirnrinde) der Wirbeltiere gibt, also mit dem Teil unseres Gehirns, das für komplexe Leistungen zuständig ist, wie zum Beispiel dem Ersinnen von Experimenten zur Erforschung des Gehirns. Weil Ringelwürmer und Wirbeltiere stammesgeschichtlich sehr weit entfernt stehen (Protostomia vs. Deuterostomia, Urmünder vs. Neumünder), wurden diese Ähnlichkeiten aber bisher nicht als Homologien (Ähnlichkeit durch Verwandtschaft) gedeutet, sondern als konvergent erworben interpretiert (Ähnlichkeiten, die durch funktionelle Notwendigkeit in nicht näher verwandten Gruppen erzwungen wurden). Nachdem nun aber die oben erwähnten Genexpressions-Experimente neben einigen Unterschieden auch viele Parallelen im Muster aktiver Gene im Pilzkörper zu dem entsprechenden Muster im Wirbeltier-Cortex aufdeckten, schließen die Autoren, dass diese Ähnlichkeiten zu komplex und zahlreich sind, um *unabhängig* durch funktionelle Notwendigkeit, also konvergent, erworben zu sein. **Stattdessen folgern sie, dass der letzte gemeinsame Vorfahr von Ringelwürmern und Wirbeltieren schon die entsprechenden molekularen Gemeinsamkeiten trug**, der Vorläufer des Großhirns also schon sehr früh entstanden sei, bevor sich die Linien trennten, die zu den Ringelwürmern bzw. zu den Wirbeltieren führten.

Die Arbeit ist methodisch beeindruckend, die Autoren entwickelten ein Protokoll, das es ermöglicht, Genexpressions-Profile mit zellulärer Auflösung für den gesamten Organismus der Anneliden-Larve durchzuführen. Aufschlussreich ist allerdings auch die Methodik in Bezug auf stammesgeschichtliche Schlussfolgerungen. Im vorliegenden Fall hat sich offensichtlich durch die neuen Genexpressions-Befunde die Anzahl an Ähnlichkeiten von Großhirnrinde zu Pilzkörper gegenüber der Zahl der Unterschiede so erhöht, dass sie einen (keineswegs vordefinierten) „Grenzwert für Plausibilität“ überschritt, so dass Merkmale, die zuvor als vielfache Konvergenzen gedeutet wurden, nun zu Homologien umdefiniert werden. **Eigenschaften die bisher als durch funktionelle Notwendigkeit erworben galten, sind**

nun Folge gemeinsamer Abstammung mit der Konsequenz: die Evolutionsgeschichte des Großhirns muss umgeschrieben werden.

Etwas erstaunlich ist, dass offenbar die gerade erschlossene neue Einstufung dann selbstbewusst von den Autoren als endgültig angesehen wird: Um zu einer möglichen Rekonstruktion des Gehirns des erwarteten letzten gemeinsamen Vorfahren zu gelangen, könne man das Gehirn von Krebstieren oder Mollusken (Protostomia) oder dem Lanzettfischchen (Deuterostomia) untersuchen, so die Autoren im Ausblick ihres Artikels. Bei diesen Organismen sind noch keine deutlichen Pilzkörper-Morphologien entdeckt worden und im angenommenen Stammbaum stehen sie zwischen Ringelwürmern und Wirbeltieren. Sollten Genexpressions-Untersuchungen auf ähnliche Muster wie bei Ringelwürmern stoßen, bestätige dies, dass ihre Gehirne dem angenommen einfacheren Gehirn des letzten gemeinsamen Vorfahren ähneln. Wenn dagegen die Muster nicht gefunden würden, stelle das die neue Gehirn-Systematik allerdings auch nicht infrage: Dann hätten die untersuchten Gruppen vorherige Komplexität eben sekundär wieder verloren ...

Wie vor kurzem für *Archaeopteryx* beschrieben (Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174>) zeigt auch dieses Beispiel, dass Ähnlichkeiten von Merkmalen an sich keine verlässlichen Verwandtschaftsanzeiger sein können. Es kann nicht im Voraus definiert werden, welche Qualität oder Quantität eines ähnlichen Merkmals den Erwerb durch gemeinsame Vorfahren wahrscheinlicher macht als einen unabhängigen, konvergenten Erwerb. **Ob Merkmale als Homologien oder Konvergenzen gedeutet werden hängt immer vom vorher erwarteten bzw. bislang konstruierten Stammbaum ab. Dieses Vorgehen führt zu unauflösbaren Zirkelschlüssen.** Insbesondere wenn, wie wiederholt berichtet, komplexe Merkmale mosaikartig gleichzeitig bei einfachen und höheren Lebewesen auftauchen, führt dies oft zu neuen, wiederum auch nicht unproblematischen evolutionären Einordnungen. Meist werden sie als Konvergenzen gedeutet, im hier beschriebenen Artikel als Homologien. Das führt dazu, dass Arendt spekuliert: „... we learn that it (der Vorläufer des Palliums) came ‘out of the blue’ – as an adaptation to early marine life in Precambrian oceans“ (http://insciences.org/article.php?article_id=9476).

Im schöpfungstheoretischen Rahmen können entsprechende Mosaik-Befunde schlüssig im Sinne eines der geschaffenen Natur zugrunde liegenden „Baukastensystems“ gedeutet werden, so dass sich spekulative Ausflüge ins Blaue erübrigen.

Literatur

Davis RL (2011) Traces of *Drosophila* memory. *Neuron* 70, 8-19.

Farris S (2011) Locusts Provide Clues to Insect Mushroom Body Function. *Brain Behav Evol* 77, 3-4, doi: 10.1159/000322939.

Jenett et al. (2006) The Virtual Insect Brain protocol: creating and comparing standardized neuroanatomy. *BMC Bioinformatics* 7, 544, doi: 10.1186/1471-2105-7-544.

Tomer R, Denes A, Tessmar-Raible K & Arendt D (2010) Profiling by Image Registration Reveals Common Origin of Annelid Mushroom Bodies and Vertebrate Pallium. *Cell* 142, 800-809.

Autor dieser News: Hans-Bertram Braun

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n176.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.06.11 Gene und soziales Verhalten

Die rasant zunehmenden Daten aus sequenzierten Genomen (#GLOSSAR gesamtes Erbgut einer Art) wurden von Beginn an mit hohen Erwartungen verknüpft. Diese konnten bisher nur in ernüchternd geringem Umfang erfüllt werden. Welche Zusammenhänge gibt es zwischen dem Erbgut und dem Verhalten von Lebewesen? Eine vergleichende Studie an Bienen, die unterschiedlich ausgeprägte Formen sozialen Verhaltens zeigen, dokumentiert Hinweise darauf, dass unterschiedliches Verhalten einhergeht mit markanten Unterschieden im Erbgut. Hier scheint sich eine Möglichkeit zu eröffnen, spannende Fragen zu erforschen.

Mit Eusozialität (gr.: eu = gut; lat.: socialis = kameradschaftlich) bezeichnet man eine Verhaltensweise, einen Lebensstil, bei dem Organismen in Gruppen unterschiedlicher Größe in mehreren Generationen unter Arbeitsteilung kooperativ zusammenleben, beispielsweise durch Staatenbildung.

Verschiedene Insekten sind als soziale, Staaten bildende Arten bekannt, besonders unter Hautflüglern (Hymenoptera): Ameisen, Termiten, Wespen, Bienen. Nacktmulle (*Heterocephalus glaber*) sind eusoziale Säugetiere.

Das Phänomen des sozialen Verhaltens wird bereits lange und intensiv untersucht (Wilson & Hölldobler 2005), über den Zusammenhang zwischen Molekularbiologie und Sozialverhalten ist bisher aber wenig bekannt. Woodard et al. (2011) haben dazu eine umfangreiche vergleichende Untersuchung an Bienen veröffentlicht. Verschiedene Bienenarten zeigen Sozialverhalten in stark abgestuften Variationen, vom individuellen, so genannten solitären bis zu verschieden ausgeprägten eusozialen Lebensstilen, deshalb sind sie für Forschungen dieser Art vorteilhafte Studienobjekte. **Verschiedene Autoren gehen davon aus, dass Bienen mindestens sechsmal unabhängig Eusozialität entwickelt haben** (bei Insekten insgesamt soll diese Verhaltensweise mindestens 11-mal unabhängig entstanden sein) – eines der vielen Beispiele für Konvergenz, d. h. Ähnlichkeit, die nicht auf Abstammungsverwandtschaft zurückgeführt wird.

Um die Unterschiede in den Genen im Vergleich mit unterschiedlich ausgeprägten Formen von sozialem Verhalten zu untersuchen, erzeugten Woodard et al. jeweils Kopien derjenigen Bereiche des Bienengenoms, der aktiv genutzt werden (Transkriptom) von 9 verschiedenen Bienenarten. Für die neun Bienenarten wurden DNA-Moleküle im Umfang von 1 Milliarde Basenpaare (~ 1 Gbp) sequenziert. Um die jeweiligen Sequenzen im Bienengenom zuzuordnen zu können wurden sie mit dem Genom der ausgeprägt eusozialen Honigbiene (*Apis mellifera*) kombiniert, so dass 10 Gen-Sätze von je 3647 Genen (ca. 33 % der Bienengene) identifiziert werden konnten. Davon wurden 3638 Gene in der vergleichenden Studie genutzt. Nun wurde danach gesucht, in welchen Bereichen der DNA Hinweise auf verstärkte Änderungen für Aminosäureeinbau der codierten Proteine vorliegen. Diese Resultate wurden dann bei Bienenarten mit unterschiedlich ausgeprägter Sozialität miteinander verglichen.

Phylogenetische Analysen der molekularbiologischen Daten ergab für die 10 untersuchten Bienenarten, dass dreimal unabhängig Eusozialität entstanden sein sollte. Für die Untersuchung wurden drei abgestufte Formen für eusoziales Verhalten definiert:

ausgeprägt eusozial (highly eusocial): große Kolonien (1 000 bis 10 000 Individuen), mehrjähriger Kolonie-Lebenszyklus, hoch spezialisierte Königin und Arbeiterinnen, hohe Lebenserwartung für die Königin (10-fache Lebenserwartung einer Arbeiterin), Einfluss der

Nahrung auf die Entwicklung, ganzjährige thermoregulierte Bedingungen im Nest, verschiedene exokrine¹ Drüsen.

wenig eusozial (primitively eusocial): kleine Kolonien (10 bis 100 Individuen), Jahreszyklus in der Kolonie, wenig spezialisierte Königin und Arbeiterinnen, Einfluss der Nahrung auf die Entwicklung, dominante Hierarchien, verschiedene exokrine Drüsen.

nicht eusozial (non eusocial): Einzelgänger oder Individuen teilen sich ein Nest, 1-jähriger Lebenszyklus, alle Individuen sind reproduktiv aktiv, weibliche Bienen kümmern sich nur um den eigenen Nachwuchs.

Die Untersuchungen für eine Korrelation zwischen veränderten Genen bzw. modifizierte Proteine und der Sozialität ergaben, dass sich 212 von 3638 Genen (~ 6 %) in allen eusozialen Arten deutlich von denjenigen in den nicht eusozialen unterscheiden. 173 (~ 5 %) Gene sind in ausgeprägt eusozialen Bienen und 218 (~ 6 %) in wenig eusozialen im Vergleich zu den jeweils anderen Bienen deutlich verändert.

Am häufigsten waren von den Veränderungen Gene betroffen, die an der Signalübertragung beteiligt sind oder auch an der Drüsenentwicklung und dem Kohlenhydratstoffwechsel, diese zeigen in eusozialen Bienenarten die deutlichsten Unterschiede.

Die Ergebnisse zeigen, dass konvergente² Entwicklungen zu mosaikartigen Mustern an molekularen Veränderungen führen können, und zwar sowohl bei Genen, die allen untersuchten Bienenarten gemeinsam sind, als auch bei spezifischen. So zeigen beispielsweise Gene, die im Zusammenhang mit der Reproduktion stehen, in wenig sozialen Bienen (*Exoneura robusta* und *Bombus impatiens* und *B. terrestris* [Hummeln]) starke Veränderungen im Vergleich zu den entsprechenden Genen in Vertretern von ausgeprägt oder nicht eusozialen Bienen, wobei sich die Gene der Hummeln und der Biene stark voneinander unterscheiden. **In der untersuchten Bienengruppe tritt Eusozialität also insofern konvergent auf, als die Verteilung der eusozialen Verhaltens nicht der phylogenetischen Verwandtschaft der Bienen entspricht.** Bei den eusozialen Bienen sind auffällig ähnliche Gruppen von Genen – wie mosaikartige Muster – modifiziert.

Die Untersuchungen zeigen also eine Korrelation von (veränderten) Verhaltensweisen und der Nutzung von Genen bzw. deren Veränderung. Die Autoren interpretieren das als Einfluss des Verhaltens auf die genetische Evolution.

Woodard et al. stellen zum Abschluss ihrer Arbeit eine Reihe von Spekulationen im Zusammenhang mit den von ihnen gefundenen Daten an. So halten sie es nicht für überraschend, dass Gene, die im Zusammenhang mit der Entwicklung von Drüsen stehen, starkem Selektionsdruck ausgesetzt sind, da die Drüsenfunktion für die chemische Kommunikation in einer Kolonie von großer Bedeutung ist. Ebenso ist die Signalübertragung ein bedeutsames Merkmal bei der Entwicklung von sozialem Verhalten (Wahrnehmung und Interpretation von Verhaltensweisen anderer Individuen die zur Kolonie gehören). Die kooperative Lebensweise in Kolonien geht auch einher mit einer größeren Abhängigkeit von hochwertigem Honig. Daher ist nachvollziehbar, dass Gene im Zusammenhang mit dem Zuckerstoffwechsel sich in diesem Zusammenhang stark ändern.

Bei wenig sozialen Bienen werden Gene, die mit dem Gehirn im Zusammenhang stehen, auffällig verstärkt exprimiert. Vielleicht, weil bei ihnen die Verhaltensmuster noch nicht so festgelegt und damit variabel sind und das Zusammenspiel zwischen Kooperation und

Konkurrenz sehr flexibel ist. Damit wird nachvollziehbar, dass für die Wahrnehmung und Verarbeitung der entsprechenden Signale vergleichsweise viel investiert werden muss.

Das Untersuchungssystem, das Woodard et al. in der hier vorgestellten Arbeit etabliert haben im Zusammenhang mit der Fragestellung des Zusammenhangs zwischen Verhalten und genetischen Veränderungen, erscheint spannend und weckt Hoffnungen und Erwartungen für ein besseres Verständnis der dabei ablaufenden Prozesse. Toth & Robinson (2009) hatten vorgeschlagen, dass für die Entwicklung von Eusozialität ein Satz Werkzeuge (tool-kit) an hoch konservierten Genen verwendet wird, die je nach Bedarf benutzt werden (Evo-Devo³). Woodard et al. sehen in ihren Resultaten einen Hinweis darauf, dass die Gene für den Kohlenhydratstoffwechsel Schlüsselbausteine im vermuteten Werkzeugsatz darstellen.

Mit den von Woodard et al. genutzten Studienobjekten und dem vorgestellten Konzept lassen sich Fragestellungen über den Zusammenhang zwischen Entwicklung von Verhalten und den damit im Zusammenhang stehenden molekularbiologischen Änderungen grundlegend studieren. Die Frage, ob ein Werkzeugsatz vorliegt, auf den bei Bedarf zugegriffen werden kann, oder ob sich soziale Verhaltensweisen sich auf andere Weise entwickeln, bleibt vorerst offen.

Der Gedanke von einem Satz von Werkzeugen provoziert Fragen nach dessen Ursprung und Herkunft. Evolutionäre Modelle konnten bisher keine plausiblen Antworten dazu beisteuern. Das ist u. a. auch in den Ansätzen von „Evo-Devo“-Vertretern dokumentiert. Molekularbiologische Untersuchungen wie die hier vorgestellte Arbeit bieten noch keine Antworten, sondern machen überhaupt erst die Problemstellung deutlicher erkennbar. Unter naturwissenschaftlichen Gesichtspunkten sind Mechanismen zu fordern, die die Zusammenhänge zwischen molekularbiologischen Modifikationen und Änderungen im Phänotyp bzw. Verhalten (allgemein: empirisch feststellbare Äußerungen von Lebewesen) plausibel erklärt.

Literatur

Junker R (2008) Evo-Devo Schlüssel für Makroevolution? Teil 1: Ausgangspunkt und Anerkennung eines ungelösten Evolutionsproblems.

Todt AL & Robinson GE (2009) Evo-devo and the evolution of social behavior: Brain gene expression analysis in social insects. Cold Spring Harb. Symp. Quant. Biol. 74, 419-426.

Wilson EO & Hölldobler B (2005) Eusociality: Origin and consequences. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 102, 13367-13371.

Woodard SH, Fischman BJ, Venkat A, Hudson ME, Cameron SA, Clark AG & Robinson GE (2011) Genes involved in convergent evolution of eusociality in bees. Proc. Nat. Acad. Sci. USA doi/10.1073/pnas.1103457108

Anmerkungen

¹ Bei exokrinen Drüsen wird das Sekret nicht in den Blutkreislauf (endokrin) sondern in einen Körperhohlraum oder an die Körperoberfläche abgegeben.

² Konvergenz: ähnliche Anlagen werden bei Organismen entwickelt, die nicht näher mit einander verwandt sind.

³ Zu Evo-Devo s. Junker (2008).

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n169.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.05.11 Buckelzirpen – wie entstehen spektakuläre Körperanhänge?

Zikaden sind Insekten, deren Mundwerkzeuge zum Anstechen und Aufsaugen von Pflanzensäften geeignet ist. Eine Gruppe von Zikaden bildet aus dem Halsschild z. T. skurrile Strukturen, die über den Rücken verlängert sind. Wie werden diese Strukturen gebildet? Wozu dienen sie? Warum gibt es das nur bei Buckelzirpen? Viele dieser Fragen sind bisher ohne befriedigende Antwort. Zur ersten Frage haben Wissenschaftler jetzt erste Teilantworten gefunden. Ihre Evolution bleibt hypothetisch, auch wenn in der Presse ein anderer Eindruck erweckt wird.

Für die taxonomische Einteilung von Insekten in Einheiten höherer Ordnung orientieren sich die Entomologen häufig am Verlust oder an der Reduktion von Körperanhängen (wie z. B. Beinen oder Flügeln). Dabei liegen den Bezeichnungen Verlust oder Reduktion vergleichende Betrachtungen zugrunde, die evolutionstheoretisch geprägt sein können. Neue, zusätzliche Körpermerkmale werden sehr selten angenommen, und die Bedingungen, unter denen sie entstehen, sind noch weitgehend unverstanden.

Ein Team von Wissenschaftlern unter der Leitung von Nicolas Gompel hat nun eine Untersuchung veröffentlicht (Prud'homme et al. 2011), in der sie die Entstehung der teilweise bizarren Halsschilde¹ (Pronotum, engl. helmet; manche haben die Form eines Helms) von Buckelzirpen studieren. Buckelzirpen (*Membracidae*) sind eine Insektenfamilie aus der Ordnung der Schnabelkerfe (*Hemiptera*) und der Unterordnung der Rundkopfizikaden (*Cicadomorpha*); sie stechen Pflanzen an und ernähren sich von den zuckerhaltigen Pflanzensäften (Phloem-Sauger).

Der Halsschild wird am ersten Brustsegment gebildet und von Prud'homme et al. als homolog² zu den dort prinzipiell angelegten Flügeln interpretiert. Diese Strukturen sind einzigartig in der Geschichte der Insekten und charakteristisch für alle Buckelzirpen. Bisherige Bearbeiter haben die Körperanhänge ganz unterschiedlich interpretiert und es gab darüber kontroverse Diskussionen. Von einfachen Auswüchsen unterscheiden sich die Halsschilde als Körperanhänge dadurch, dass sie beweglich mit dem Körper verknüpft sind, so wie die Flügel am zweiten und dritten Brustsegment. Darin sind die Halsschilde von Auswüchsen bei anderen Insekten, z. B. den „Horn“-artigen Strukturen bei Käfern unterschieden.

Gompel und sein Team gingen nun der Frage nach, wie solche Körperanhänge auf dem Rücken am ersten Brustsegment im Laufe der Evolution entstanden sein könnten: entweder komplett neu (*de novo*) oder unter Verwendung und Modifikation eines bestehenden Entwicklungsprogramms?

Dazu untersuchten sie verschiedene Larvenstadien von Buckelzirpen. Auf den ersten Blick erscheinen die Halsschilde nicht als paarig angelegte Struktur (wie z. B. Flügel), sondern als eine einheitliche Struktur, die über dem Rücken verlängert ist. Durch Untersuchungen am ersten Larvenstadium von Buckelzirpen konnten die Autoren jedoch zeigen, dass die Körperanhänge zunächst doch paarig angelegt und später auf dem Rücken fusioniert werden. Als Körperanhänge der Brustsegmente (T2 und T3), die zum Rücken hin ausgebildet werden, sind bei Insekten nur Flügel bekannt. Vergleichende Untersuchungen von Halsschild und Flügel in verschiedenen Larvenstadien zeigen, dass das Drehgelenk und die Aufhängung des Halsschilds dem der Flügel sehr ähnlich ist, und beide Strukturen sind durch ein Netzwerk

von Adern charakterisiert. Aufgrund dieser Beobachtungen interpretieren Prud'homme et al. beide Strukturen als homolog. Wenn Halsschild und Flügel homolog sind, dann müssten nach der Erwartung der Autoren beide Strukturen während Entwicklung durch dieselben genetischen Programme gesteuert werden. Die Aktivität eines Transkriptionsfaktors (Nubbin) und zweier weiterer Gene (*Distal-less [Dll]* und *homothorax [hth]*) lassen sich tatsächlich sowohl in den Flügelanlagen als auch im sich entwickelnden Halsschild nachweisen. **Die Entwicklung beider Anlagen unterliegt also mindestens teilweise derselben genetischen Steuerung.**

Alle heute bekannten geflügelten Insekten bilden ausschließlich an den Brustsegmenten 2 und 3 (T2 und T3) entsprechende Anhänge, aber nicht an T1. Es ist bekannt, dass das genetische Programm für die Anlage von Flügeln unterdrückt werden kann; es wird schon länger vermutet, dass das beim 1. Brustsegment der Fall ist. Im Fossilbefund gibt es Hinweise darauf, dass es auch Insekten gegeben hat, die in allen drei Brustsegmenten (T1, T2 und T3) Flügel oder flügelähnliche Strukturen ausgebildet hatten (Grimaldi & Engel 2005) und vermutlich erst im Lauf der Zeit flügelartige Anhänge nur an T2 und T3 beschränkt blieben. Prud'homme et al. vermuten daher, dass auch im Fall der Buckelzirpen diejenigen Regulationsgene, die die Ausbildung von Flügeln unterdrücken können, an der veränderten Ausbildung von Flügeln bei Insekten und eben auch bei der Bildung der Halsschilde beteiligt sind.

Die Entstehung der Formenvielfalt der Halsschilde bei den Buckelzirpen ist allerdings nach wie vor unverstanden; dazu müsste noch eine Vielzahl weiterer genetischer Faktoren ins Spiel kommen.

Für die interessanten Befunde, die Prud'homme et al. (2011) dokumentieren, scheint allerdings beim derzeitigen Stand der Erkenntnisse die Bemerkung von der „Entstehung von Neuheit“, mit der Moczek (2011) seinen Kommentar betitelt („The origins of novelty“) voreilig und nicht durch die Befunde gedeckt.³ **Die bisher bekannten Zusammenhänge sprechen eher dafür, dass ein Arsenal an genetischen Möglichkeiten erstaunlich variabel eingesetzt wird.** Hier stellt sich die Frage, wo und wie die Entscheidungen fallen, welche Kombination eingesetzt wird. Bei der Ausbildung der Halsschilde von Buckelzirpen erstaunt zwar die phantastische Formenvielfalt, aber für die genetische Steuerung von deren Entwicklung scheint eigentlich alles vorhanden zu sein und es ist eher erstaunlich, dass solch exotische Anhänge unter den Insekten ausschließlich bei den Buckelzirpen auftreten. Wenn in zukünftigen Untersuchungen die genetischen Steuerelemente, die während der Ontogenese wirksam sind, beschrieben und plausibel erklärt werden, dann ist damit immer noch nicht die Art und Weise von deren (Neu-)Verwendung im Laufe der hypothetischen Stammesgeschichte verstanden. Es stellen sich Fragen nach den Umständen und den Instanzen, die die Faktoren in unterschiedlichen Zusammenhängen zur Anwendung bringen.

Literatur

Grimaldi D & Engel MS (2005) Evolution of Insects. Cambridge University Press.

Prud'homme B, Minervino C, Hocine M, Cande JD, Aouane A, Dufour HD, Kassner VA & Gompel N (2011) Body plan innovation in treehoppers through the evolution of an extra wing-like appendage. *Nature* 473, 83-86.

Moczek AP (2011) The origins of novelty. *Nature* 473, 34-35.

Anmerkungen

¹ Beispiele von exotischen Buckelzirpen hat das Magazin GEO veröffentlicht und im Internet zugänglich gemacht: <http://www.geo.de/GEO/natur/tierwelt/5218.html>; weitere sind unter folgender Adresse zu finden: <http://www.spiegel.de/fotostrecke/fotostrecke-67707.html> (Stand: 18. 5. 2011), beide Fotostrecken sind **sehr sehenswert!**

² Homologie: Gemeinsamkeit aufgrund (vermuteten) gemeinsamen evolutionären Ursprungs aus Vorfahren.

³ In der Tagespresse wurde die hier referierte Arbeit ebenfalls besprochen, allerdings suggerieren die Titelformulierungen viel mehr als inhaltlich geboten wird und auch die angeführten evolutionären Erklärungen erscheinen oberflächlich und sehr optimistisch. Unter der Adresse <http://www.spiegel.de/wissenschaft/natur/0,1518,761084,00.html> (Stand: 18. 5. 2011) wurde über „Darth Vader der Insektenwelt“ berichtet und die Befunde als „eindrucksvoller Beleg für die Macht der Evolution“ interpretiert. In der FAZ Ausgabe vom 11. 5. 2011 war zu lesen: „Wie die Evolution zum Großbildhauer wurde“.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n168.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.03.11 Pünktchen und Streifen

Warum sind die Raubkatzen so schön und doch so unterschiedlich?

Raubkatzen haben es uns schon immer angetan. Ihre Eleganz, Geschmeidigkeit und Kraft sind faszinierend. Der majestätische Löwe Aslan in C. S. Lewis' „Chroniken von Narnia“ beweist es aktuell genauso wie auch die weniger schöne Tatsache, dass Menschen den Raubkatzen das Fell über die Ohren ziehen, in der Hoffnung, etwas von deren Attributen auf sich zu übertragen, sei es bei Schamanenkulten oder im Pelzgeschäft der Reichen und Schönen. Heute ist diese Praxis zum Glück mehr und mehr verpönt, so dass die Raubkatzen außer für Werbekampagnen auch als interessante Studienobjekte dienen.

Wissenschaftler der School of Experimental Psychology und der School of Biological Sciences in Bristol machten sich einmal mehr an die Untersuchung, warum die heute bekannten etwa drei Dutzend Katzenarten ihre speziellen Fellmuster tragen. Ihre Herangehensweise unterschied sich von früheren Untersuchungen vor allem darin, dass sie mathematische Modelle benutzten, um Fellmusterung zu beschreiben und damit in numerische Werte zu überführen. Diese Transformation erlaubte ihnen, Korrelationen zwischen verschiedenen Teilaspekten der Fellmusterung und Parametern wie Körper- oder Beutegröße, Sozialverhalten, Bewegungsart, Tag/Nachtaktivität und vor allem verschiedenen Habitaten (Lebensräume) statistisch zu analysieren. Basierend auf jeweils sechs Fotografien unterschiedlicher Individuen von 35 Arten aus der Familie der Katzen wurden die Fellmuster durch Probanden unabhängig kategorisiert und in ein mehrdimensionales mathematisches Modell überführt. In der Originalarbeit (Allen et al. 2010) kann man in einer Gegenüberstellung von mathematisch generierten Mustern zu entsprechenden Ausschnitten aus Fotos anschaulich feststellen, dass die Transformation relativ gut gelungen ist.

Korrelationsanalysen und der Vergleich der Verteilung der Felldesigns in einem molekularen Stammbaum der Katzen bestätigten statistisch, was schon früher vermutet worden war: **Die Fellmusterung korreliert am ehesten mit dem Habitat der Katzen und nicht mit Abstammungszusammenhängen.** Das weist darauf hin, dass Tarnung der Hauptzweck der verschiedenartigen Schönheit sein könnte. Raubkatzen, die sich in geschlossenen Umgebungen nachts vor allem in Bäumen bewegen, haben eher komplexe Musterungen, während Arten, die sich in offenen Habitaten hauptsächlich am Boden aufhalten, eher einfarbig daherkommen.

Im Vergleich zur angenommenen Stammesentwicklung, die in der vorliegenden Arbeit auf molekularen Daten beruhte, sind die Designs sehr unregelmäßig verteilt. Nah verwandte Arten tragen oft sehr unterschiedliche Musterungen, während sehr ähnliche Muster über die ganze Familie verteilt vorkommen. Dies weist klar darauf hin, dass sich die Tarnfärbung der Raubkatzen, wenn nicht gar ihre Aufspaltung selbst, in evolutiv sehr kurzen Zeiträumen herausgebildet bzw. abgespielt hat.

Statistisch wurde untermauert, dass die Musterung am ehesten der Tarnung dient, doch gibt es einige offene Fragen. Zum Beispiel finden sich die senkrechten Streifen des Tigers in keiner anderen Katzenart auch nur entfernt wieder, und sie sind auch nicht streng mit Grasland als Habitat korreliert, was naheliegend erschiene.

Bedeutender aber sind statistische „Ausreißer“. Der Tarnungshypothese zum Trotz gehorchen als bekannteste Arten der Gepard und der Serval nicht den Statistikern: Sie halten sich mit gepunktetem Fell in der offenen Steppe oder in buschigem Gelände auf, während weitere,

weniger bekannte Katzenarten einfarbig in geschlossenen Habitaten leben. Insgesamt sind mindestens 5 der 35 untersuchten Arten deutliche „Ausreißer“. Die Autoren schlagen hypothetische Erklärungen für diese Nonkonformisten vor, geben aber zu, dass es sich um *ad hoc*-Argumente handelt, die nicht durch Daten untermauert sind.

So erweist sich wieder einmal eine auf den ersten Blick sehr anschauliche Tarnungshypothese beim zweiten Hinsehen als wesentlich komplizierter (wie beim berühmten Birkenspanner). Statistisch lassen sich Zusammenhänge berechnen, Voraussagen im Einzelfall halten aber der Faktenlage nicht immer stand und erfordern Zusatzhypothesen. Starke Selektionsdrücke, die für sehr schnelle Aufspaltungen nötig wären, bleiben hypothetisch. Die oben beschriebene Beobachtung, dass eine signifikante Anzahl an „Ausreißer“-Arten bis heute erfolgreich mit vermeintlich schlechterer Tarnung lebt, macht starken Auslesedruck auf die Fellzeichnung auch nicht wahrscheinlicher.

Viel einfacher lassen sich die Befunde mit der Annahme eines polyvalenten Grundtyps bei den Katzen vereinbaren (vgl. Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1> und Die Katzenartigen – ein klar abgegrenzter Grundtyp, <http://www.sij-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft2/sij132-2.html>). Die beobachtete rasche Aufspaltung lässt sich gut durch Rekombination und Rückgriff auf ein „Baukastensystem“ bei der Besiedelung neuer Habitats erklären. Und erneut kann man feststellen, dass Lebewesen in weit größerem Formenreichtum, Farbe und Vielfalt existieren, als man durch unbarmherziges und auf höchste Ökonomie angewiesenes „Survival of the fittest“ erwarten würde. Vielleicht ist doch ein Grund für die Vielfalt der Musterung der Raubkatzen einfach ihre Schönheit?

Quelle

Allen WL et al. (2010) Why the leopard got its spots: relating pattern development to ecology in felids. In: Proceedings of the Royal Society B. doi: 10.1098/rspb.2010.1734, 2010.

Autor dieser News: Hans-Bertram Braun

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n162.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.02.11 Hummeln lösen das Problem des Handlungsreisenden

Tiere, die Nahrung aus Reservoirs sammeln welche sich im Laufe der Zeit wieder auffüllen, besuchen die Nahrungsquellen in vorhersagbaren Sequenzen, die „traplines“ genannt werden, analog zu menschlichen Fallenstellern, die ihre Fallen in einer festen Reihenfolge inspizieren. Dieses Verhalten ist im Tierreich weit verbreitet. Dennoch ist wenig darüber bekannt, wie die Tiere diese spezifischen Reihenfolgen entwickeln. Frühere Experimente hatten ergeben, dass sich z. B. Prachtbienen im Wesentlichen an der Reihenfolge der erstmaligen Entdeckung der Nahrungsquellen orientierten, auch wenn diese zu suboptimalen Sammelstrecken führte.

Sollen die Wegstrecken verkürzt werden, müssen sich die Sammler mit einer kombinatorischen Optimierungsaufgabe herumschlagen, die als „Problem des Handlungsreisenden“ in der Mathematik bekannt ist. Die optimale Route zu finden, wenn mehrere Orte jeweils nur einmal besucht werden sollen, stellt bei zunehmender Zahl zu besuchender Orte eine Aufgabe dar, die exponentiell an Komplexität zunimmt, so dass die Berechnung der beweisbar optimalen Lösung auch Supercomputer an ihre Grenzen bringt.

M. Lihoreau, L. Chittka and N. E. Raine von der Queen Mary und der Royal Holloway University in London untersuchten, in welcher Reihenfolge Hummeln (*Bombus terrestris*, Dunkle Erdhummel) künstliche Blüten besuchen, die nach und nach so verteilt wurden, dass die Hummeln die Sammelstrecke dynamisch entwickeln mussten. Die jeweils neuen Nahrungsquellen wurden schließlich so platziert, dass sie maximal voneinander entfernt waren, und bei Abfliegen in der Reihenfolge des Erscheinens zu einer deutlich suboptimalen, also unnötig langen Flugstrecke führen mussten. Die Experimentatoren stellten den Hummeln nur soviel Nahrung pro Blüte zur Verfügung, dass diese gezwungen waren, während eines Ausflugs alle Blüten zu besuchen, wenn sie ihren Kropf vollständig füllen wollten.

Es stellte sich heraus, dass die Hummeln bei zunehmender Komplexität der Sammelaufgabe schnell davon abkamen, die Blüten in der suboptimalen Reihenfolge der ursprünglichen Reihenfolge der Entdeckung anzufliegen, stattdessen die Routen schrittweise verbesserten und häufig sogar die optimale Route wählten. Die Insekten optimierten die mittlere Flugdistanz innerhalb der ersten 6-10 Ausflüge sehr deutlich und näherten sich am Ende der 20 protokollierten Ausflüge eng dem kürzesten Flugweg an. Die suboptimale Route der ursprünglich ersten Entdeckung spielte dann nur noch eine sehr untergeordnete Rolle. **Offensichtlich lernten die Hummeln aus Versuch und Irrtum und optimierten die Routen sehr schnell.** Es konnte außerdem gezeigt werden, dass sie die am ersten Tag gefundene optimale Route auch noch am zweiten Tag bevorzugt, wenn auch etwas weniger häufig, benutzten. Außerdem wurden zu Beginn des zweiten Tages immer auch ganz neue, alternative Routen gewählt. Das könnte entweder von Gedächtnislücken des kleinen Hummelhirns herrühren oder aber darauf hinweisen, dass die Hummeln die Umgebung am nächsten Morgen erst einmal nach potentiellen neuen Nahrungsquellen absキャンen.

Die Studie wurde in den Medien u. a. mit „Insekten schlagen Supercomputer“ überschrieben, sie hat schon in den Wikipedia-Artikel „Problem des Handlungsreisenden“ Eingang gefunden! Tatsächlich mussten die untersuchten 11 Hummeln im Experiment die optimale Route zwischen 4 künstlichen Blumen (d. h. aus 24 möglichen Routen) wiederholt finden, was sie nach etwa 10 von 20 beobachteten Versuchen mit statistischer Signifikanz in der Mehrzahl schafften. Die optimale Route wurde am ersten Tag von 8 Hummeln im Mittel zu ca. 40% benutzt, am zweiten Tag von 4 Hummeln zu 30%. Statistisch sind die Ergebnisse

signifikant, sie zeigen klar, dass nicht einfach die Route der ersten Entdeckung beibehalten wird und dass das kleine Hummelhirn sehr lernfähig ist. Die Behauptung, Hummeln hätten auf unerklärliche Weise das Problem des Handlungsreisenden effizienter als Computer gelöst, erscheint allerdings leicht extrapoliert und ist durch die Publikation (noch) nicht gedeckt.

Doch auf jeden Fall stellen die Leistungen der kleinen Hummelhirne beim Optimieren der Nahrungssuche ein weiteres erstaunliches und noch unerklärtes Beispiel für Mustererkennung, Orientierung im Raum und für Lern- und Gedächtnisleistung sogenannter „einfacher“ Lebewesen dar. **Das Beispiel der lernfähigen Hummeln ist besonders eindrucksvoll, weil hier eine mathematische Aufgabe gelöst wird. Die Analogie zu menschlicher geistiger Tätigkeit ist offenkundig.** Wie ein geistloser, natürlicher Evolutionsprozess den Hummeln diese strategische Fähigkeit zu vermitteln vermag, erscheint dagegen als eine schier unlösbare Aufgabe.

Literatur

Lihoreau M, Chittka L & Raine NE (2010). Travel optimization by foraging bumblebees through readjustments of traplines after discovery of new feeding locations. *Am. Nat.* 176, 744-757.

Autor dieser News: Hans-Bertram Braun

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n161.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.12.10 Noch besser als schon bekannt: das Linsenauge

Eines der beliebtesten Beispiele von vermeintlichen Konstruktionsfehlern der Lebewesen ist das Linsenauge der Wirbeltiere. Trotz atemberaubender Fortschritte im Verständnis des Aufbaus der Funktionsweise der Retina (Netzhaut) hält sich die Meinung der Fehlerhaftigkeit hartnäckig – mittlerweile gegen besseres Wissen! Hintergrund ist die inverse Lage der Netzhaut, die dazu führt, dass das Licht vor dem Auftreffen auf die lichtempfindliche Seite der Netzhaut einige Nervenfasern durchqueren muss, die von den Netzhautzellen in Richtung Glaskörper abgehen. Die abgehenden Nervenendigungen werden am blinden Fleck zum Sehnerv gebündelt, was dazu führt, dass ein kleiner Teil des Augenhintergrunds kein Licht aufnehmen kann (und daher ein „blinder Fleck“ ist). **Hätte man das nicht besser konstruieren können?** So wird oft gefragt und es werden entsprechende Behauptungen aufgestellt.

Es ist aber schon sehr lange bekannt, dass es gute funktionelle Gründe für die inverse Lage der Retina gibt, vor allem kann die Netzhaut dadurch sehr effektiv versorgt und Stoffwechselabfälle können entsorgt werden (vgl. Ullrich et al. 2006). Seit einigen Jahren ist aber auch bekannt, warum die der Netzhaut vorgelagerten Schichten keine Beeinträchtigung des optischen Apparats bewirken. Im Jahr 2007 war es einem Leipziger Forscherteam um K. Franze gelungen zu zeigen, dass sogenannte Müller-Zellen über Zellfortsätze verfügen, die senkrecht die Netzhaut von der Oberfläche bis zu den Sinneszellen durchlaufen und als Lichtleitkabel verlustfrei das ankommende Licht zu den Stäbchen und Zapfen führen (Franze et al. 2007; vgl. Ullrich 2008). **Das Rätsel der scheinbar falsch herum liegenden Netzhaut (inverse Retina) und ihrer unerwarteten perfekten Funktionalität erhielt eine unerwartete Antwort, die weltweit Begeisterung hervorrief.**

Diese Befunde wurden Anfang dieses Jahres durch Studien von A. M. Labin und E. N. Ribak, Physiker vom Israel Institute of Technology in Haifa unterstützt. Die Forscher berichteten von experimentellen Untersuchungen mit Müller-Zellen aus der Netzhaut des Menschen. Und zwar untersuchten die Forscher, wie das Licht in den Nervenfortsätzen der Müller-Zellen weitergeleitet wird. Geschieht dies unspezifisch, verlustbehaftet oder trägt der Aufbau der dünnen Kanälchen bzw. Zellfortsätze zur Optimierung der Sehfähigkeit des Auges bei? Ihr Resümee ist im wahrsten Sinne des Wortes erhellend: „Die grundlegenden Eigenschaften in der Anordnung der Glia-Zellen müssen als eine optimale Struktur betrachtet werden, die designt wurde, um die Schärfe der Bilder in der menschlichen Retina zu garantieren. Diese Tatsache besitzt eine Schlüsselrolle für die Qualität des Sehens bei Menschen und anderen Arten“ (Labin & Ribak 2010, 1).

Die Messergebnisse von Labin und Ribak dokumentieren also: Durchmesser, Länge oder die Verjüngung der Lichtleiter sind so gestaltet, dass auf der Netzhaut ankommende Lichtstrahlen optimal gesammelt (durch becherförmige Erweiterung des oberen Kabelschachtes), gefiltert (z. B. durch Ausblenden von Streulicht und von Wellenlängen außerhalb des sichtbaren Spektrums) und refokussiert (Ausgleich der Streuung des Lichtes durch Aberration der Linse) zu den Stäbchen und Zapfen gelangen. **Im Ergebnis tragen alle diese Konstruktionsdetails dazu bei, die Bildinformationen verlustfrei, die resultierenden Bilder klarer und die Farben schärfer zu präsentieren.** Damit liefern Labin und Ribak eine wunderbare Bestätigung und feine Ergänzung der Entdeckungen von Franzes Team. In einem kürzlich auf der Seite der International Society for Optics and Photonics („SPIE“, <http://spie.org/x42206.xml?ArticleID=x42206>) veröffentlichten Beitrags schreiben die beiden Autoren: „Die Retina hat ihre inverse Form ausgebildet, um die Bündelung aufgefangener Lichtstrahlen und die Sehschärfe zu verbessern, die Empfindlichkeit gegen Streulicht und

Störungen herabzusetzen, um mehr Licht auf die Zapfen zu konzentrieren und um die chromatische Aberration auszuschalten.“ (Chromatische Aberration ist die unterschiedliche Brechung von verschiedenfarbigem Licht.)

Dennoch lebt das Argument von der Fehlerhaftigkeit des Linsenauges munter weiter. Um es zu „retten“ wird einfach behauptet, diese genialen Fähigkeiten seien als Ausgleich der vorhandenen Mängel entstanden (so z. B. McAlpine 2010). Zunächst seien in der Evolution fehlerbehaftete Lösungen entstanden, die anschließend erstaunlich kreativ und perfekt ausgeglichen worden seien. Es gibt angesichts des heutigen Wissens eine sehr viel einfachere und überzeugendere Erklärung, sie hat nur den „Nachteil“, dass sie die Möglichkeit einer Schöpfung ernsthaft in Betracht zieht.

Quellen

Franze K et al. (2007) Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8287-8292. (online: <http://www.pnas.org/cgi/reprint/104/20/8287>).

Labin AM & Ribak EN (2010) Retinal Glial Cells Enhance Human Vision Acuity. *Phys. Rev. Lett.* 104, 158102.

McAlpine K (2010) Evolution gave flawed eye better vision. *New Scientist* (2759: 6 May 2010) (<http://www.newscientist.com/article/mg20627594.000-evolution-gave-flawed-eye-better-vision.html>).

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Stud. Int. J.* 13, 3-14. (online: <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>).

Ullrich H (2008) Augenblicke – raffiniertes Design der Linsenaugen. *Stud. Int. J.* 15, 32-35. (online: <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg15/heft1/sij151-4.html>).

Autor dieser News: Henrik Ullrich

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n158.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.11.10 Das Design-Argument in der Diskussion

In der Öffentlichkeit ist es um „Schöpfung“ und „Intelligent Design“ merklich ruhiger geworden. Nach wie vor aber erscheinen national und international Beiträge und Artikel zur Frage nach der Erkennbarkeit Gottes in der Natur und zum Design-Ansatz in der Biologie.

Hansjörg Hemminger, Weltanschauungsbeauftragter der Württembergischen Landeskirche, hat in einer kürzlich erschienenen Veröffentlichung seine Ablehnung von „Intelligent Design“ begründet (Hemminger 2010a). Zuvor hatte er im Frühjahr eine Rezension des Buches „Spuren Gottes in der Schöpfung?“ (<https://www.wort-und-wissen.org/produkt/spuren-gottes-in-der-schoepfung/>) auf der Webseite der AG Evolutionsbiologie veröffentlicht (Hemminger 2010b). Der Autor dieses Buches, Reinhard Junker, hat Hemmingers Argumentation in zwei Artikeln kritisch analysiert.

Im ersten Artikel („**Sind Gottes Spuren in der Schöpfung verwischt? Eine Antwort auf irreführende Argumente gegen den Design-Ansatz in der Biologie**“, online unter <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/sind-gottes-spuren-in-der-schoepfung-verwischt-eine-antwort-auf-irrefuehrende-argumente-gegen-den-design-ansatz-in-der-biologie/>) schreibt Junker in der Zusammenfassung:

„In seinem Beitrag über „Schöpfungsglaube und Intelligentes Design“ erläutert Hemminger seine Sicht, dass und weshalb schöpferisches Wirken in der Natur nicht erkennbar sei. Designer-Spuren würden durch natürliche Prozesse nachträglich verwischt und es gebe Beispiele von Design-Indizien, die natürlich erklärbar seien. Damit könne an solchen Design-Kennzeichen nichts abgelesen werden. Hemmingers Kritik am Design-Argument stützt sich jedoch auf eine verkürzte Darstellung des Design-Arguments und auf selbst formulierte Design-Kriterien, die von den Befürwortern des Design-Arguments gar nicht vertreten werden. So betrachtet er fälschlicherweise bloße Muster wie Hexenringe und Baumringe als Design-Indizien, die nach den Kriterien des in Junker (2009) dargestellten Design-Arguments gar nicht als Design-Indizien gelten können. Dazu kommt, dass er diesen Mustern fälschlicherweise Information und Bedeutung zuschreibt und in eine Reihe von Strukturen stellt, die tatsächlich Information tragen (wie das Erbmolekül DNS). Die richtige Feststellung, dass Designer-Spuren im Laufe der Zeit verwischt werden können, beweist in keiner Weise, dass dies immer der Fall ist. Vielmehr muss jeder Einzelfall geprüft werden. Hemmingers Frage nach einer experimentell kontrollierbaren Ursache „Intelligenz“ geht ebenfalls am Design-Ansatz vorbei. **Es geht beim Design-Ansatz um eine historische Fragestellung, die nicht experimentell beantwortbar ist, sondern anhand von Indizien und eventuell durch Simulationen beantwortet werden muss.**“

Beim zweiten Artikel („**Eine Karikatur des Design-Arguments**“, online unter <https://www.wort-und-wissen.org/disk/d10-1/>) handelt es sich um eine Entgegnung auf Hemmingers Buchrezension. Junker zeigt, dass Hemmingers Ausführungen an der Argumentation seines Buches vorbeigehen. Der Rezensent geht eingangs zwar auf den Ansatz des „spezifischen Design“ ein, der grundlegend für den Design-Ansatz ist, wie er in „Spuren Gottes in der Schöpfung?“ erläutert und vertreten wird, gibt aber die Argumentation verkürzt und sinnentstellend wieder. Zudem konstruiert er Design-Argumente, die der Autor gar nicht vertritt, um sie anschließend ebenso zu widerlegen wie das verkürzte Design-Argument. Seine Behauptung, die Evolutionsforschung habe dem Design-Ansatz voraus, dass ihre Aussagen aus Gesetzen ableitbar und überprüfbar seien, erweist sich als Zirkelschluss.

Zitierte Quellen

Hemminger H (2010a) Schöpfungsglaube und „intelligentes Design“. Eine Einführung in die Naturwissenschaft beim Spaziergehen. In: Hempelmann, R (Hg) Religionsdifferenzen und Religionsdialoge. EZW-Texte 210, Berlin 2010, S. 59-70.

Hemminger H (2010b) Über „Intelligent Design“ hinaus? Reinhard Junkers neues Buch: „Spuren Gottes in der Schöpfung?“ <http://ag-evolutionsbiologie.de/app/download/3294042502/Spuren-Gottes-HH.html>.

Junker R (2009) Spuren Gottes in der Schöpfung? Eine kritische Analyse von Design-Argumenten in der Biologie. Studium Integrale. Holzgerlingen. (<http://www.wort-und-wissen.de/si/bio/spurengottes.html>)

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n157.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.10.10 Füchse ähnlich wie Hunde zähmbar

Von interessanten Domestizierungsversuchen mit Füchsen berichtet eine Forschergruppe um Lyudmilla Trut vom Institut für Zellbiologie und Genetik der Universität Novosibirsk (Trut et al. 2009). In einem über etliche Generationen andauernden Zuchtexperiment sollte die frühe Domestikation von Säugetieren reproduziert werden. Dabei wurde versucht, Rotfüchse (*Vulpes vulpes*) zu zähmen. Bei einem Teil der Tiere gelang die Zähmung und es stellte sich heraus, dass Hand in Hand mit der Zähmung (gleichsam als Nebenprodukt) viele Merkmale auftreten, wie sie aus der Hundezucht bekannt sind: weiße Flecken, Hängeohren, Ringelschwanz, aber auch Verhaltensmerkmale wie Kontaktsuche zum Menschen, Schwanzwedeln, Wimmern, Abschlecken. Diese Merkmale traten schon nach wenigen Generationen auf. Die Autoren schildern, dass in der sechsten Generation einige Welpen eifrig Kontakt mit Menschen suchten und die eben genannten Verhaltensweisen zeigten, und beschreiben das Verhalten als „sehr ähnlich“ dem Haushund (S. 352).

Die Befunde von Trut et al. sind auch für den Ansatz der polyvalenten Stammformen von Grundtypen interessant (vgl. Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Füchse und Hunde gehören zum selben Grundtyp (Crompton 1993) und man kann daher annehmen, dass sie ein ähnliches Variationspotential besitzen. Dieser Ansatz wird dadurch bestätigt, dass nach Darstellung der Autoren die Variabilität sich „in immensen Raten“ angesammelt habe, die nicht durch Zufallsmutationen erklärbar seien (S. 349). Das Variationspotential hat offenbar andere Quellen. So können viele Merkmale durch Neotenie (Stehenbleiben auf Jugendstadium) erklärt werden (breitere Schädel, verkürzte Schnauzen, Hängeohren, Ringelschwänze; S. 353f.). Daher wurde schon lange vor dem Aufkommen von „Evo-Devo“ (evolutionäre Entwicklungsbiologie) vermutet, dass Änderungen bei Regulationsgenen eine große Rolle bei der Erzeugung der Variabilität der Zuchtformen spielen (S. 350, 353). Die Untersuchungen zeigten, dass die Selektion Gene betraf, die den neurohormonalen Status kontrollieren. Einige dieser Gene, die für die Verknüpfung von Zähmbarkeit und dem Level von Hormonen und Neurotransmittern verantwortlich sind, dürften zusammengebracht und bereits nach 8-10 Generationen fixiert worden sein. Dies wiederum dürfte die Aktivität vieler nachgeschalteter Gene beeinflussen, was zur Veränderung im Timing der Entwicklung geführt haben könnte. Außerdem könnten auf diese Weise phänotypisch versteckte Potentiale freigesetzt worden sein (S. 358).

Die in kurzer Zeit erreichbare morphologische Variation ist enorm, so dass die Unterschiede nach dem äußeren Erscheinungsbild für sich alleine betrachtet durchaus Unterschieden zwischen verschiedenen Säugerordnungen entsprechen, wie Trut et al. (2009, 349) vermerken.

Nicht alle Züchtungsmerkmale können jedoch als grundtypspezifisch betrachtet werden, so sind z. B. weiße Flecken an der Stirn oder Schlappohren auch von gezüchteten Arten vieler anderer Grundtypen bekannt. Solche Merkmale werden auch als „morphologische Marker der Domestikation“ bezeichnet. Die oben genannten *Verhaltensmerkmale* scheinen jedoch spezifisch für die untersuchten Hundartigen zu sein.

Literatur

Crompton N (1993) A review of selected features of the family Canidae with reference to its fundamental taxonomic status. In: Scherer S (Hg) Typen des Lebens. Neuhausen-Stuttgart, S. 217-224.

Trut L, Oskina I & Kharlamova A (2009) Animal evolution during domestication: the domesticated fox as a model. *BioEssays* 31, 349-360.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n154.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.06.10 Ist „Intelligent Design“ schlechte Theologie?

Dieser Frage widmete sich Anfang Mai der Philosoph Michael Ruse in der britischen Zeitung „The Guardian“.¹ Ruse ist in den Kontroversen um Schöpfung, Intelligent Design (ID) und Evolution kein Unbekannter; er ist unter anderem Mitherausgeber eines kontroversen Sammelbandes über ID.² Er muss die Diskussion und die beiderseits vorgetragenen Argumente also kennen, und von einem Philosophen darf man eine differenzierte Argumentation erwarten. Umso enttäuschender sind seine im *Guardian* veröffentlichten Ausführungen. Sie eignen sich aber gut, um einige grundsätzliche Dinge zum Design-Ansatz in der Biologie klarzustellen, wie nachfolgend geschehen soll.

Ruse schreibt: „Wissenschaft erlaubt Gott einfach nicht als ursächlichen Faktor.“ Auch Christen unter den Wissenschaftlern wie der berühmte Evolutionsbiologe Theodosius Dobzhansky hätten niemals Gott in ihre wissenschaftliche Arbeit eingeführt; wie alle anderen Wissenschaftler waren sie „methodologische Atheisten“. – **Beim Design-Ansatz geht es jedoch um eine historische Frage, nämlich um die erstmalige Entstehung z. B. einer biologischen Struktur oder des Lebens schlechthin.** Das Ausblenden des Wirkens Gottes ist im *experimentellen* Rahmen methodisch sinnvoll; kein Befürworter von ID ist je auf den Gedanken gekommen, Gottes Wirken als *Faktor* bei der Erklärung eines Experiments einzuführen. Experimentelle Forschung ist im Rahmen von ID unstrittig. Wenn aber in *Ursprungsfragen* die Möglichkeit einer absichtsvollen Verursachung *von vornherein* ausgeschlossen wird, wird eine möglicherweise richtige Antwort ausgeschlossen. Wissenschaft hat dann aber nichts mehr mit Wahrheitssuche zu tun. Der atheistische Philosoph Bradley Monton schreibt in diesem Zusammenhang: „Wenn Wissenschaft wirklich dem methodologischen Naturalismus verpflichtet ist, dann folgt daraus, dass das Ziel der Wissenschaft nicht darin besteht, wahre Theorien zu bilden.“ Wenn Wissenschaft nicht die Suche nach Wahrheit ist, drohe sie zu einer Randerscheinung und zu einer „irrelevanten sozialen Praxis“ zu werden.³ (Wie man in Ursprungsfragen methodologisch vorgehen kann, wird hier beschrieben: <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/fadenkreuz-wissenschaftstheorie.pdf>. Die naturwissenschaftliche Methode der Erkenntnisgewinnung ist dabei unverzichtbar.)

Ruse weiter: „Angesichts von Enttäuschungen gibt man nicht auf, sondern versucht es erneut. Man stelle sich vor, Watson und Crick hätten die Flinte ins Korn geworfen, nachdem sich ihr erstes Modell des DNS-Moleküls als fehlerhaft erwiesen hatte.“⁴ – Dieses Zitat offenbart ein grundlegendes Missverständnis des Design-Ansatzes. In seinem Rahmen wird experimentelle Forschung nicht anders betrieben als im Rahmen eines naturalistischen Weltbildes – und schon gar nicht wird die die Forschung eingestellt. **Im Gegenteil: Der Design-Ansatz braucht Forschung.** Denn zum einen wird im Design-Ansatz mit *Grenzen* natürlicher Prozesse bei der Veränderlichkeit der Lebewesen gerechnet, zum anderen wird nach definierten Design-Kennzeichen gesucht. Für beides ist Forschung unabdingbar. Um mögliche Grenzen natürlicher Prozesse nachweisen oder wenigstens wahrscheinlich machen zu können, müssen biologische Systeme detailliert erforscht werden, ebenso die Variationsmechanismen der Lebewesen. Nur durch den Fortschritt der Forschung können sich Grenzen natürlicher Vorgänge abzeichnen – oder auch nicht! Und nur auf dem Wege der Forschung kann man Design-Kennzeichen entdecken, was schon oft geschehen ist, selbst wenn man gar nicht damit gerechnet hatte (vgl. <https://www.wort-und-wissen.org/produkt/spuren-gottes-in-der-schoepfung/>).

Ruse fährt fort: „Das bakterielle Flagellum ist komplex. Flüchte zu Gott!“ – Als ob jemals so argumentiert worden wäre. Die Anweisung müsste hier korrekterweise lauten: Untersuche das

bakterielle Flagellum möglichst genau! Erforsche die Variationsmechanismen der Lebewesen detailliert! Findet man Designer-typische Kennzeichen? Zeichnen sich Grenzen für die Variationsmechanismen ab? Kann das Flagellum über Zwischenschritte mittels der bekannten Variationsmechanismen entstehen, ohne dabei eine Zielvorgabe zu machen? **Je nachdem, wie diese Fragen beantwortet werden, wird sich zeigen, ob es wahrscheinlicher ist, dass das Flagellum schöpferischen oder natürlichen Ursprungs ist.**

Auf diese verkehrten Ausführungen zum Design-Ansatz baut Ruse schließlich seine theologische Kritik auf: „ID ist Theologie – sehr schlechte Theologie.“ Sobald man Gott in das Tagesgeschäft einführe, erhebe das Theodizee-Problem – das Problem des Bösen – sein hässliches Haupt. Wenn Gott wunderbar handelt, um sehr Komplexes zu erschaffen, warum verhindert er dann nicht mit vergleichsweise einfachen Mitteln Krankheiten?⁵

Das Problem des Leids in der Welt ist ohne Frage schwerwiegend und allemal wert, ernsthaft bedacht zu werden (vgl. dazu: Das Theodizee-Problem, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2044&Sprache=de&l=1>). Aber mit dem Design-Ansatz hat das nichts zu tun. **Wie Gott im täglichen Leben (im „Tagesgeschäft“) wirkt, ist kein Gegenstand des Design-Ansatzes, ebenso wenig wie die Frage, wie Gott in den regelmäßigen Abläufen der Welt wirkt.** Dieses Wirken Gottes ist verborgen und wird nur durch sein Wort dem Glaubenden ein Stück weit erschlossen. Und dass Gott beständig auf verborgene Weise in der Welt wirkt, auch in den für uns unverständlichen Dingen, ist Aussage der Heiligen Schrift. Doch das liegt nicht auf der Ebene des Design-Ansatzes. In Wirklichkeit ist ID bzw. der Design-Ansatz selbst überhaupt keine Theologie, wenn er auch mit Vorstellungen über Gottes Wirken verbunden werden kann und davon inspiriert ist. Die Bibel bezeugt an vielen Stellen, dass Gott ein souveräner Schöpfer ist, der durch sein Wort augenblicklich Dinge ins Dasein bringen kann – sie bezeugt beides: Gottes beständiges und Gottes besondere Wirken. Nur auf Gottes besonderes Wirken in der Schöpfung bezieht sich der Design-Ansatz, indem er danach fragt, wie Spuren der Schöpfung erkannt werden können.

Anmerkungen

¹ <http://www.guardian.co.uk/commentisfree/belief/2010/may/03/religion-atheism>

² Dembski WA & Ruse M (eds) Debating Design. From Darwin to DNA. Cambridge University Press, 2004. Zu seiner Person siehe http://de.wikipedia.org/wiki/Michael_Ruse.

³ „If science really is permanently committed to methodological naturalism, it follows that the aim of science is not generation true theories. ... But if science is not a pursuit of truth, science has the potential to be marginalized, as an irrelevant social practice“ (Monton B (2009) Seeking God in Science. An Atheist Defends Intelligent Design. Toronto: Broadview Press, S. 58).

⁴ „You don't give up in the face of disappointments. You try again. Imagine if Watson and Crick had thrown in the towel when their first model of the DNA molecule proved fallacious.“

⁵ „As soon as you bring God into the world on a daily creative basis, then the theodicy problem – the problem of evil – rears its ugly head. If God works away miraculously to do the very complex, presumably in the name of goodness, then why on earth does God not occasionally get involved miraculously to prevent the very simple with horrendous consequences? Some very, very minor genetic changes have truly dreadful effects, causing

people life-long pain and despair. If God thought it worth His time to make the blood clot, then why was it not worth His time to prevent Huntingdon's Chorea?“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n151.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.01.10 Texte zu „Intelligent Design“ neu bearbeitet

Das Thema „Intelligent Design“ oder allgemeiner der „Design-Ansatz“ in der Biologie war in den letzten Jahren Gegenstand vieler kontroverser Diskussionen; zu einem großen Teil oberflächlich und oft unsachlich, aber es gab – meist weniger auffällig – auch ernsthafte und tiefere Diskussionen. Reinhard Junker hat die Diskussion im Buch **„Spuren Gottes in der Schöpfung? Eine kritische Analyse von Design-Argumenten in der Biologie“** aufgearbeitet (<https://www.wort-und-wissen.org/produkt/spuren-gottes-in-der-schoepfung/>; dort ist auch ein Link zum Inhalt und Vorwort). **Verschiedene Kurzfassungen dieses Buches sind seit kurzem auf Genesisnet verfügbar**, sie ersetzen die bisherigen Texte und stellen gegenüber den bisherigen Versionen auf Genesisnet eine weitgehende Neubearbeitung dar. Die Texte gibt es in der kurzen „Interessierten“- und etwas längeren „Experten“-Version, außerdem wird auch eine neue PDF-Version zum Herunterladen angeboten. Im Einzelnen:

Überblick über den Design-Ansatz: Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1> mit folgenden Themen:

- Der Grundgedanke des Design-Ansatzes
- Eine wichtige Unterscheidung
- Warum der Design-Ansatz nach wie vor im Rennen ist
- Der Design-Ansatz in der Biologie – eine neue Art von Wissenschaft?
- Wie wird Design begründet?
- Der Analogieschluss
- Design-Indizien

(Zum „Experten“-Text und zur PDF-Version wird dort verlinkt)

Auseinandersetzung mit Kritik am Design-Ansatz: Kontroverse um „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1622&Sprache=de&l=1> mit den Themen:

- Bedeutet der Design-Ansatz Erkenntnisverzicht?
- Ist Design falsifizierbar?
- Ist das Fehlen eines Mechanismus ein Argument gegen Design?
- Erklärt Design überhaupt etwas?
- Beruht der Schluss auf Design nur auf Nichtwissen?
- Ist spezifisches Design anthropomorph?
- Der Designer ist nicht beobachtbar und nicht fassbar
- Designer-Befürworter machen keine Forschung und tragen nichts zum Wissenszuwachs bei
- Der Bezug auf einen Designer hat in der Wissenschaft keinen Platz

Neu ist ein Text, in dem auf **theologische Aspekte zum Design-Argument** eingegangen wird: **Design und Theologie**,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1627&Sprache=de&l=2>

Die Diskussionsbeiträge mit vielen zusätzlichen Quellenbelegen und Zitaten bleibt dem o. g. Buch vorbehalten.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n140.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.09.09 Der hat Nerven!

Woher kommen die Neuronen?

In einem Artikel über die evolutive Entstehung der Nervenzellen wirft der Wissenschaftsjournalist Greg Miller einige interessante Schlaglichter. Er beginnt mit einigen staunenswerten Details über Nervenzellen. So seien Fadenwürmer mit einigen hundert Nervenzellen ausgestattet, die ausreichen, um Futter und einen Partner zu finden.

Fruchtfliegen haben etwa 100.000 Nervenzellen; mit ihrer Hilfe absolvieren sie akrobatische Flugkunststücke, führen Brauttänze auf und treten Rivalen weg. Das Gehirn des Pottwals ist mit 8 kg das größte Gehirn, es ermöglicht dem Wal Reisen über Ozeane und Tauchgänge bis 1000 m. Und schließlich sei das menschliche Gehirn die Quelle von Kunst, Literatur und Wissenschaft. Doch, so Miller, ist der evolutive Beginn unklar.

Nervenzellen unterscheiden sich von anderen Zellen durch Richtungsabhängigkeit und sie können elektrische Impulse erzeugen. Nahezu alle Nervenzellen formen Synapsen, an denen das elektrische Signal über eine kurze Strecke in ein chemisches umgewandelt wird und so von einer nachfolgenden Nervenzelle wahrgenommen werden kann. Bereits Schwämme begegnen Signalen von außen mit einem elektrischen Impuls. Der

Glasschwamm *Rhabdocalyptus dawsoni* reagiert auf Sediment in seinen Öffnungen mit einem elektrischen Impuls, der die Futter heranstrudelnden Flagellen für einige Zeit ausschaltet.

Mackie schlug in 70er Jahren des vergangenen Jahrhunderts als Vorläufer Zellen vor, wie sie bei Nesseltieren zu finden sind. Bestimmte Zellen im Schirm von Quallen reagieren auf Berührung sowohl mit einem elektrischen Reiz als auch einer Kontraktion. Später habe sich dann eine Arbeitsteilung in reine Wahrnehmung (respektive Nerven) und reine Bewegung (respektive Muskelzellen) ergeben.

Doch wie immer bei solchen Szenarien sind die Probleme nicht fern. Bei Quallen entdeckte man ein ähnlich komplexes System zur Erzeugung bzw. dem Abbau von Nervenzell-Botenstoffen wie bei anderen Tieren auch. Diese Befunde lassen schließen, dass alle Gene, die zur Herstellung von Nervenzellen nötig sind, bereits in den primitivsten Organismen vorhanden sind bzw. waren. **Wieder einmal muss der vermutete Vorfahr komplex gewesen sein.** Wäre er das nicht, müsste man die mehrfache evolutive Entstehung annehmen, was aufgrund geringer Wahrscheinlichkeiten zur Entstehung komplexer Ähnlichkeiten aber abgelehnt wird (s. die kurze Diskussion zu dieser Problematik weiter unten). Aber woher kommt der komplexe Vorfahre? Je komplexer dieser im evolutionstheoretischen Rahmen angenommen werden muss, desto unwahrscheinlicher wird dessen Entstehung.

Ähnliche Probleme eröffnen sich, wenn man die Evolution von einem „primitiven“

Nervennetz hin zu einem Gehirn verstehen möchte. Einer Hypothese zufolge soll der letzte gemeinsame Vorfahre der Zweiseitentiere (Bilateria) bereits ein zentrales Nervengeflecht („Gehirn“) besessen haben. Doch wurde vor nicht langer Zeit bei einem Tier nahe an der Wurzel des Stammbaumes (*Saccoglossus*) ein diffuses Nervennetz gefunden. Nachdem aber

viele moderne Bilateria ein Nervenzentrum haben, sind die Schlussfolgerungen – in welche Richtung auch immer – heikel: **Wenn der Vorläufer der Bilateria ein diffuses Nervensystem hatte, dann muss ein zentrales Nervengeflecht mehrfach unabhängig voneinander entstanden sein.** Unter evolutiven Annahmen eine nicht besonders sparsame Erklärung. Auch hier haben wir es mit komplexen Ähnlichkeiten zu tun, die normalerweise nach anerkannten Homologiekriterien als Belege für gemeinsame Vorfahren gewertet werden. Wird also eine mehrfache unabhängige Entstehung eines zentralen Nervengeflechts angenommen, läge ein weiteres Beispiel dafür vor, dass eine (homologe) Bauplanähnlichkeit doch nicht als Hinweis auf einen gemeinsamen Vorfahren gelten würde. Deswegen gibt es den Ähnlichkeitsbeweis für Evolution nicht (vgl. **Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie**, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1> und Junker 2002, Kap. 2 und 3).

Nimmt man aber an, dass der Vorfahre der Bilateria bereits ein zentrales Nervengeflecht besaß, so muss andererseits in vielen Linien (so auch in *Saccoglossus*) eine Rückentwicklung (Reversion) zu einem diffusen Nervensystem stattgefunden haben. Eine offensichtliche Verschlechterung, die schwierig zu erklären ist. Denn warum sollte eine nützliche Einrichtung wie ein zentrales Nervengeflecht wieder aufgegeben werden und das auch noch mehrfach? Jedoch, so Miller, hören die Fragen hier nicht auf. Wie entstand das Myelin, welches die Nerven isolierend einhüllt? Woher kommen die Glia-Zellen, die im Gehirn vielfältige Aufgaben, u.a. in der Informationsverarbeitung, übernehmen? Zum Schluss ist auch die Frage offen, wie Nervenzellen verknüpft werden müssen, um ein Gehirn zu bauen. So sollen – heutiger Meinung zufolge – Gehirne vier- bis fünfmal unabhängig voneinander entstanden sein. Die Beziehung zwischen der Anatomie eines Gehirns und dessen Funktionsweise scheint also keineswegs festgelegt zu sein.

Literatur

Junker R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.

Miller G (2009) On the Origin of The Nervous System. Science 325, 24-26.

Autor dieser News: Niko Winkler

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n135.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.03.09 Nur Sinn im Licht der Evolution?

Einer der meistzitierten Sätze im Zusammenhang mit der Evolutionsbiologie ist der berühmte Satz des Populationsgenetikers Theodosius Dobzhansky: „**Nichts in der Biologie macht Sinn außer im Licht der Evolution**“ (Dobzhansky 1973). Fast beschwörend wird dieser Satz bei allen möglichen Anlässen zitiert. Man könne „die Biologie nicht verstehen, wenn man die Evolution nicht verstehe“, beklagt der Biologe und Fachdidaktiker Dittmar Graf von der TU Dortmund im Zusammenhang mit Umfragen unter Biologie-Studienanfängern.¹ Von diesen würden ca. 7 % die Evolution der Lebewesen nicht als Tatsache akzeptieren.² Das sei nicht hinnehmbar; daher müsste in der Schule Evolution früher als bisher unterrichtet werden, damit sich falsches Denken nicht verfestige. „Wenn sich aber einmal eine Meinung verfestigt hat, können auch er und seine Fachkollegen mit Argumenten nichts mehr ausrichten. „Da hat man keine Chance.“³ Die Inhalte im Fach Biologie seien aber nur erklärbar, wenn man die Evolution zu Grunde lege.⁴

Doch was ist an Dobzhanskys Behauptung überhaupt dran? Dazu gibt es unter Evolutionsbiologen durchaus verschiedene Auffassungen. Olivier Rieppel vom Field Museum der Universität von Chicago bezeichnet diesen Satz in seinem Buch „Unterwegs zum Anfang“ bemerkenswerterweise als „Glaubensbekenntnis“ und liest aus ihm heraus, „daß die Welt aus verschiedenen Blickwinkeln betrachtet werden kann und daß sie – je nach Sicht der Dinge – dem Betrachter auch unterschiedlich erscheint.“ Und weiter: „Stellt der Forscher verschiedene Fragen an die Natur, so wird er unterschiedliche Antworten erhalten“ (Rieppel 1989, 13). Rieppel soll keineswegs für eine evolutionskritische Position vereinnahmt werden, und er will sicher nicht eine Schöpfungsperspektive empfehlen. Aber seine Sätze sprechen für sich. Er schreibt weiter: „Wird die Idee der Evolution, oder einer speziellen Evolutionstheorie wie jener Darwins, der Beobachtung vorausgestellt, so wird die Welt im Licht jener Theorie erscheinen. Die Theorie wird sich nie als falsch erweisen können, sondern stets mit der Beobachtung in Einklang stehen“ (Rieppel 1989a, 18). **Dobzhanskys Satz ist Ausdruck einer Konvention, die Welt unter einem bestimmten Blickwinkel sehen zu wollen, und beschreibt keine Notwendigkeit.**

Ähnlich zurückhaltend ist Mathias Gutmann, Professor für Technikphilosophie in Karlsruhe: Evolution der Lebewesen ist nur als ein Prozess „im hypothetischen Modus“ rekonstruierbar (Gutmann 2005, 259ff.). Das heißt: Evolution ist eine Rekonstruktion und bleibt wie jede Rekonstruktion eine Hypothese von der Vergangenheit und ist nicht die Vergangenheit selber. (Deshalb kann nebenbei die Evolution der Lebewesen nicht eine beobachtbare Tatsache sein wie eine Mondfinsternis.) Evolutionstheorien greifen zwar auf empirisches Wissen zurück (z. B. vergleichende Anatomie, Biochemie, Molekularbiologie, Paläontologie etc.). Für diese Bereiche der morphologischen, physiologischen oder molekularbiologischen Analyse biologischer Phänomene (z. B. des Sehvorganges oder der Nierenfunktion) gilt aber, dass eine Beschreibung gelingt, „ohne dass auf nur eine evolutionsbiologische Aussage zurückgegriffen werden müsste“ (Gutmann 2005, 259). **Evolutionsbiologie ist nur unter Rückgriff auf bereits „nicht-evolutionär“ erworbenes Wissen möglich.** Die Evolutionstheorie ist daher ein nachgeordneter Typ wissenschaftlicher Begründung. „Insofern wäre sie für die (in der Regel funktional orientierte) laborwissenschaftliche Praxis letztlich irrelevant“ (Gutmann 2005, 263) – also: es macht sehr vieles Sinn in der Biologie ohne das „Licht“ der Evolution! Das meiste in der Biologie ist erforschbar und verstehbar unabhängig davon, ob die Geschichte der Lebewesen mit einer Evolutionstheorie korrekt beschrieben werden kann.

Ähnlich äußert sich auch Bock (2000, 33): „Die Grundthese, die in diesem Artikel vertreten werden soll, ist, dass alle evolutionären Erklärungen von zuvor gemachten funktionalen

Erklärungen abhängen.“⁵ Und dieser Autor stellt daher trotz seiner evolutionstheoretischen Perspektive ausdrücklich fest, dass Dobzhansky falsch liegt: „Funktionale Erklärungen sind unabhängig von evolutionären Erklärungen, aber das Umgekehrte ist nicht wahr. Darüber hinaus ist es einfach nicht zulässig zu schließen, dass ‚Nichts in der Biologie Sinn macht außer im Licht der Evolution‘ (Dobzhansky, 1973). Funktionale Erklärungen machen nicht nur bedeutenden Sinn bei Abwesenheit irgendeiner und aller evolutionären Erklärungen, sondern bilden die große Mehrheit der Erklärungen in der Biologie, der reinen und der angewandten“ (Bock 2000, 34).⁶

Forschung unter der Design-Perspektive. Tatsächlich erfolgt ein großer Teil der biologischen Forschung faktisch gar nicht unter der Vorgabe einer ungerichteten Evolution, sondern unter der Design-Perspektive. Angus Menuge, Philosophieprofessor an der Concordia University Wisconsin, stellt fest: „Die wissenschaftliche Analyse hängt in keiner Weise von der Annahme ab, dass das System auf Darwinsche Weise evolvierte. Sie hängt jedoch häufig von der Annahme ab, dass das System untersucht werden kann, als ob es designed wäre“ (Menuge 2007, 27f.). Dass die Design-Perspektive heuristisch (=zur Gewinnung neuer Erkenntnisse) unverzichtbar ist, ist unter Biologen selbstverständlich (vgl. Rammerstorfer 2006). Nicht umsonst müht man sich manchmal, teleologische (= zielgerichtete) Begriffe wie „Design“ aus der Terminologie nachträglich auszuschalten (Raff 2005, Bock 2009). Daher muss Dittmar Graf widersprochen werden, wenn er sagt: „Kreationistisches Denken ist gleichzeitig auch antiwissenschaftliches Denken und die Aufgabe der Universität ist natürlich, Wissenschaft zu vermitteln, insofern ist Kreationismus schädlich und muss auch intensiv bedacht und angegangen werden. Es ist ja so, dass Kreationisten vielfach von sich selber behaupten, sie würden Wissenschaft betreiben. Wenn man aber genauer hinschaut, ist es alles andere als Wissenschaft. Es ist Pseudowissenschaft.“⁷ Hier wird nur mit Schlagworten operiert. Graf bedauert: „Vielfach thematisiert die Schule Wissenschaftstheorie überhaupt nicht.“⁸ Eine differenzierte Behandlung wissenschaftstheoretischer Fragen würde aber auch deutlich machen müssen, dass Evolution als Geschichte der Lebewesen nicht als wissenschaftlich begründete Tatsache gelten kann (s. o.). Graf beklagt im Spiegel-Interview außerdem, die Studenten wüssten nicht, „dass jedes wissenschaftliche Wissen immer nur vorläufig ist und jede Aussage überprüfbar sein muss.“⁹ Das muss dann aber auch für Evolutionstheorien gelten – es sei denn, sie sind etwas anderes als „wissenschaftliches Wissen“.

Design und Variationsmechanismen. In einem bestimmten Sinne gehört „Evolution“ („Entwicklung“, „Auswicklung“ im Wortsinne) allerdings doch zum Leben. Denn es ist eine empirisch (= durch Erfahrung begründet) bestens begründete Eigenschaft des Lebens, wandlungsfähig zu sein, aber nur auf der Basis des bereits Vorhandenen. Man kann diese Fähigkeit als Variationsfähigkeit bezeichnen. Dieser Aspekt gehört zum Leben ebenso wie seine Geschichtlichkeit. Daher sollten Biologiestudenten natürlich Evolutionsbiologie gründlich kennenlernen. Nur wer darüber gut Bescheid weiß, kann auch begründet die Grenzen der Wandelbarkeit der Lebewesen abschätzen.

Literatur

Bock WJ (2000) Explanations in a historical science. In: Peters DS & Weingarten M (Hg) Organisms, Genes and Evolution. Stuttgart, S. 33-42.

Bock WJ (2009) Design – an inappropriate concept in evolutionary theory. J. Zool. Syst. Evol. Res. 47, 7-9.

Dobzhansky T (1973): Nothing in biology makes sense except in the light of evolution. American Biology Teacher 35, 125-129.

Gutmann M (2005) Begründungsstrukturen von Evolutionstheorien. In: Krohs U & Toepfer G (Hg) Philosophie der Biologie. Frankfurt/M, S. 249-266.

Menuge AJL (2007) Releasing Captive Teachers: How to Refute the Case for Methodological Materialism. Paper presented at the EPS Meeting, Friday 16. Nov., 2007.

Rammerstorfer M (2006) Nur eine Illusion? Biologie und Design. Marburg.

Rieppel O (1989) Unterwegs zum Anfang. Zürich, München.

Raff RA (2005) Editorial: Stand up for evolution. Evolution & Development 7, 273-275.

Anmerkungen

¹ <http://www.welt.de/wissenschaft/article3186530/Der-Mensch-ein-Affe-Das-kann-nicht-sein.html>

² <http://www.dradio.de/dlf/sendungen/campus/923063>; Sendung vom 20. 2. 09, 14,35 Uhr

³ <http://www.welt.de/wissenschaft/article3186530/Der-Mensch-ein-Affe-Das-kann-nicht-sein.html>

⁴ <http://www.dradio.de/dlf/sendungen/campus/923063>; Sendung vom 20. 2. 09, 14,35 Uhr

⁵ Original: „The basis thesis to be advocated in this paper is that all evolutionary explanations are dependent on prior functional explanations.“

⁶ Original: „Functional explanations are independent of evolutionary explanations, but the reverse is not true. Moreover, it is simply not valid to conclude that ‘Nothing makes sense in biology except in the light of evolution.’ (Dobzhansky, 1973). Functional explanations not only make eminent sense in the absence of any and all evolutionary explanations, but they constitute the large majority of explanations within biology, both pure and applied.“

⁷ <http://www.dradio.de/dlf/sendungen/campus/923063>; Sendung vom 20. 2. 09, 24,35 Uhr

⁸ <http://www.spiegel.de/unispiegel/wunderbar/0,1518,608271,00.html>

⁹ <http://www.spiegel.de/unispiegel/wunderbar/0,1518,608271,00.html>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n124.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.08.08 Das Genom der Hundartigen

Hunde sind nicht nur seit vielen Generationen treue Begleiter des Menschen, sie wurden auch in gut dokumentierten Züchtungen hinsichtlich unterschiedlichster Erscheinungsbilder, Verhaltensweisen und Charaktere selektiert.

Das Genom (= Erbgut) von Hunden ist auf 78 Chromosomen verteilt (2 Geschlechtschromosomen – X und Y – und 38 autosomale Chromosomenpaare) und enthält nach derzeitigem Kenntnisstand ca. 19 000 proteincodierende Gene und insgesamt ca. 2,4 Milliarden Basenpaare (bp). E. Kirkness und Kollegen (2003) hatten anhand von Proben eines Pudelerüden eine Übersichtssequenz des Hundegenoms vorgestellt. Eine besser abgesicherte Version wurde zwei Jahre später präsentiert; dazu hatten K. Lindblad-Toh et al. (2005) das Genom einer Boxerhündin ca. 7,5-mal gelesen¹; für den ersten Entwurf war die DNA-Sequenz ca. 1,5-mal¹ analysiert worden.

Aufgrund der vielfältigen Erscheinungsformen der verschiedenen Rassen von Haushunden vermutete Charles Darwin (und mit ihm viele andere bekannte Biologen wie z. B. der Verhaltensbiologe Konrad Lorenz), dass die Haushunde auf eine Vielzahl unterschiedlichster Wildtiere zurückgehen, wie z. B. verschiedene Wölfe, Kojoten und Schakale. **Aber schon erste genetische Studien anhand von mitochondrialer DNA (mtDNA) seit Ende der 1980er Jahre bestätigten, dass die verschiedenen Rassen der Haushunde (*Canis lupus familiaris*) vom Wolf (*Canis lupus*) abstammen.**

Vor dem Hintergrund von Studien der mtDNA von Hunden und Wölfen setzen Wissenschaftler die Entstehung der Haushunde vor 40 000–135 000 Jahren an. Archäologische Hinweise auf Hunde als Begleiter des Menschen reichen dagegen nur ca. 15 000 Jahre zurück (Ostrander & Wayne 2005)². Erweiterte genetische Untersuchungen deuten darauf hin, dass verschiedene Populationen und mehrere hundert Individuen am Ursprung der Hunde anzunehmen sind. Dieser ist geographisch wohl in Ostasien anzusiedeln.

Basierend auf den bekannten Genomdaten, begünstigt durch weit zurückreichende gute Dokumentationen durch verschiedenste Zuchtinstitutionen und motiviert durch das Interesse vieler Hundezüchter weltweit wurde in jüngster Zeit eine Vielzahl von Studien über Zusammenhänge zwischen Genotyp (= Erbgut) und Phänotyp (= Erscheinungsbild) bei Hunden veröffentlicht. Hinzu kommt, dass bei manchen Hunderassen charakteristische Krankheitsbilder beschrieben wurden, die ähnlich auch in der Humanmedizin bekannt sind. Für die Grundlagenforschung erhofft man sich durch die Kenntnisse bei Hunden eine effektivere Suche nach den (mit-)ursächlichen genetischen Grundlagen für die Krankheiten.

Vergleicht man die molekularbiologischen Daten zwischen Hund und Mensch, so ergibt sich für beide Genome eine Variabilität von 8×10^{-4} Nukleotid-Austauschen pro bp. Der genetische Unterschied zwischen Hunderassen ist mit 27,5 % deutlich größer als derjenige zwischen verschiedenen Menschengruppen, der bei 5,4 % liegt.³ Allerdings ist die genetische Homogenität innerhalb einer Zuchtlinie bei Hunden deutlich größer (94,6 %) als bei bestimmten Gruppen von Menschen (72,5%).

Die Unterschiede in Größe des Skeletts und dem Verhältnis dessen Teile zueinander ist bei Hunden größer als bei allen anderen Säugetieren und übertrifft sogar diejenigen der gesamten Familie der Hundartigen, zu der auch Cojoten, Schakale und Füchse gehören. Auf

der Basis von Studien über Portugiesische Wasserhunde – einer sehr alten Hunderasse – untersuchten Sutter et al. (2007) Zusammenhänge zwischen genetischen Merkmalen und dem Skelettbau der Hunde. Die Autoren konzentrierten sich dabei auf einen Bereich auf Chromosom 15, der eine starke Korrelation mit der Körpergröße (und -masse) aufwies. Sie identifizierten einen Bereich in der Nähe des IGF1-Gens (IGF1: insulin-like growth factor 1, Insulin-ähnlicher Wachstumsfaktor 1). Von diesem ist bekannt, dass er auch bei Mäusen und Menschen die Körpergröße beeinflusst. IGF1 tritt bei 96 % der Portugiesischen Wasserhunde in zwei Varianten (Haplotypen) auf: Haplotyp B und I. Hunde, die homozygot B (2 B-Varianten im diploiden Chromosomensatz) sind, gehören zu den kleinsten; diejenigen, die homozygot I aufweisen, die größten; heterozygote (je einmal B und I) liegen dazwischen. Sutter et al. untersuchten mit diesen Kenntnissen 353 Tiere aus 14 kleinen und 9 sehr großen Hunderassen. Die Ergebnisse bestätigen, dass IGF1 für den Kleinwuchs einer Rasse (mit-) verantwortlich ist. Darüber hinaus zeigt diese Studie einmal mehr den starken Einfluss der Züchter: in kleinen Rassen tritt der entsprechende Haplotyp homozygot auf. Auch für den Geschlechtsdimorphismus – das Phänomen, dass bei Säugetieren männliche Organismen typischerweise größer sind als die weiblichen – konnten genetische Faktoren identifiziert werden.

An Whippets (eine kleine englische Windhundrasse) konnte gezeigt werden, dass das Myostatin-Gen für das gelegentliche Auftreten von bulligen, sehr muskulösen Tieren bei dieser eigentlich zierlichen und langgliedrigen Rasse verantwortlich ist. Myostatin ist ein Protein, das als Wachstumsfaktor den Aufbau von Muskelgewebe begrenzt. In den auffallend bulligen Whippets lagen beide Myostatingene mit einer bestimmten Mutation vor, was zur Folge hat, dass die entsprechenden Proteine nur eine stark eingeschränkte Funktion aufweisen. In Hunden, die erfolgreich bei Rennen eingesetzt werden, lag typischerweise eine normale und eine mutierte Variante des Myostatingens vor.

Parker et al. (2004; Wayne & Ostrander 2007) untersuchten anhand von Mikrosatellitenmarkern⁴ 414 reinrassige Hunde aus 85 Zuchtlinien. Unter Anwendung statistischer Verfahren (Bayesian) konnten bis auf eine Ausnahme Hunde in Cluster (Gruppen) zusammengefasst werden, die auch ihren Züchtungen entsprach. Umgekehrt konnten die einzelnen Hunde allein aufgrund ihres Genotyps mit 99 %-iger Sicherheit (die Zuordnung von 4 aus 414 war nicht eindeutig) der entsprechenden Züchtung zugeordnet werden. Dies bedeutet, dass die modernen Hunderassen unterscheidbare genetische Einheiten darstellen.

Klassische phylogenetische Analysen der Daten separieren zwar einige der gezüchteten Hunderassen (9), aber für die große Mehrheit konnte keine aussagekräftige Auflösung gefunden werden. Die Autoren führen das vor allem auf zwei Ursachen zurück: zum einem ist die Geschichte der Züchtungen komplex (dramatische Reduktion der Individuenzahl z. B. in Not- und Kriegszeiten und der Aufbau neuer Züchtungen aus Restbeständen von alten Züchtungen), zum andern gehen beim Erstellen von genetischen Distanz-Matrizen Informationen verloren, da alle genetischen Daten in eine Zahl gepresst werden, mit der der Unterschied zweier zu vergleichender Züchtungen dargestellt wird. Beide Argumente sind prinzipiell bei phylogenetischen Untersuchungen zu berücksichtigen und sind hier nur aufgrund der Datenlage so offensichtlich.

Unter weiterer Anwendung der Bayesischen Verfahren konnten vier große Gruppen unter den Züchtungen etabliert werden, wobei Wölfe eindeutig einer dieser vier Gruppen zugeordnet werden können. Diese Resultate stützen damit ein Modell der Geschichte von Haushunden, nach dem die alten Rassen zuerst in Asien und Afrika aufgetreten sind. Des Weiteren zeigen

die Ergebnisse dieser Studie, dass in erstaunlich kurzer Zeit genetisch klar unterscheidbare Rassen entstehen können, wenn hoher Selektionsdruck herrscht. Für manche Zuchtlinien, deren Vertreter unter Züchtern als sehr alte Hunde gelten, wie z. B. der Pharaonenhund, zeigen die genetischen Daten kein hohes Alter, so dass man davon ausgehen muss, dass diese Hunde zwar den alten ägyptischen Hunden im Erscheinungsbild sehr ähnlich sind, aber die Zucht erst in jüngerer Vergangenheit erfolgt ist.

Crompton (1993) hatte aufgrund ausgewählter Merkmale grundsätzliche taxonomische Zusammenhänge unter den Hundartigen (Canidae) vorgestellt und diskutiert. Die Befunde wurden von ihm auch im Rahmen des Grundtypmodells (vgl. „Heutige Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>) interpretiert.

Demnach kann die Familie der Canidae als Grundtyp gegen andere Säugergruppen abgegrenzt werden. Die bisher bekannten Erkenntnisse über das Genom von Hunden und dessen Auswirkungen auf deren Erscheinungsbild bestätigen die dort aufgezeigten Linien und verfeinern das Bild. Von großem Interesse ist in diesem Zusammenhang, dass am Beispiel der Hunderassen aufgrund der umfangreichen Erfahrungen und Daten sehr gut dargelegt werden kann, wie aufgrund vergleichsweise geringer genetischer Unterschiede das Erscheinungsbild der verschiedenen Hunderassen in erstaunlichem Umfang variieren kann. Am Beispiel der Hunde können auch die gravierenden und umfangreichen Konsequenzen starker Selektionsdrücke innerhalb kurzer Zeit eingehend studiert werden. Daher sollte dem Grundtyp der Canidae für die weiteren Untersuchungen von Grundtypen besondere Bedeutung zugemessen werden.

Literatur

Crompton NEA (1993) A review of selected features of the family Canidae with reference to its fundamental taxonomic status. In: Scherer S (Hg, 1993) Typen des Lebens. Pascal-Verlag, Berlin.

Kirkness EF, Bafna V, Halpern AL, Levy S, Remington K, Rusch DB, Delcher AL, Pop M, Wang W, Fraser CM & Venter JC (2003) The dog genome: survey sequencing and comparative analysis. *Science* 301, 1898-1903.

Mosher DS, Quignon P, Bustamante CD, Sutter NB, Mellersh CS et al. (2007) A mutation in the myostatin gene increases muscle mass and enhances racing performance in heterozygote dogs. *PLoS Genet* 3(5): e79. doi:10.1371/journal.pgen.0030079

Lindblad-Toh K et al. (2005) Genome sequence, comparative analysis and haplotype structure of the domestic dog. *Nature* 438, 803-819.

Ostrander EA & Wayne RK (2005) The canine genome. *Genome Res.* 15, 1706-1716.

Ostrander EA (2008) Warum Hunde so verschieden sind. *Spektrum der Wissenschaft* (7) 48-55.

Parker HG, Kim LV, Sutter NB, Carlson S, Lorentzen TD, Malek TB, Johnson GS, De France HB, Ostrander EA & Kruglyak L (2004) Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* 304, 1160-1164.

Wayne RK & Ostrander EA (2007) Lessons learned from the dog genome. *Trends Genetics* 23, 557-567.

Sutter NB et al. (2007) A single IGF1 allele is a major determinant of small size in dogs. *Science* 316, 112-115.

Anmerkungen

¹ Diese Angaben sind statistische Größen: bei der Sequenzierung wird die gesamte DNA (in vielen Kopien) in kleine Stücke zerteilt, die dann jeweils sequenziert werden. Um anschließend das ursprüngliche Genom rekonstruieren zu können, muss man aus den unzähligen Schnipseln die sich jeweils überlappenden suchen. Dies ist ungeheuer zeitaufwändig und wird mit Einsatz großer Rechnerkapazitäten erreicht. Man geht davon aus, dass man statistisch jede Base 7-8 mal analysieren muss, um einigermaßen sicher zu sein, dass die ermittelte Sequenz vertrauenswürdig ist.

² Die Altersangaben der DNA-Analyse beruhen auf phylogenetischen Untersuchungen in Kombination mit molekularen Uhren. Dabei werden bestimmte Mutationsraten zugrundegelegt, die dann entsprechend hohe Alter ergeben. Für die archäologischen Befunde wurden übliche Methoden zur Altersbestimmung herangezogen (Radiocarbon, ¹⁴C-Methode und andere indirekte Methoden).

³ Diese Daten gewinnt man dadurch, dass von Individuen verschiedener Gruppen (z. B. Rassen) ausgewählte Abschnitte von deren Genom analysiert und miteinander verglichen werden.

⁴ Mikrosatellitenmarker: kurze DNA-Sequenzen wiederholen sich im Markerbereich unterschiedlich oft, wodurch sie verhältnismäßig einfach und spezifisch aufzufinden sind. Diese und andere Marker (wie z. B. SNPs) können zur Orientierung in Genomen genutzt werden. Gene in der Nähe von Markern werden anhand derselben beispielsweise in einem Erbgang verfolgt.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n118.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.05.08 Nichtreduzierbare Komplexität update

In der Diskussion um „Intelligent Design“ (ID) spielt nichtreduzierbare Komplexität („irreducible complexity“, IC) molekularer Maschinen in den Zellen eine besondere Rolle. Die Auffassung, viele Strukturen in der Organismenwelt seien nichtreduzierbar komplex, ist zwar in ihrem Grundgedanken keineswegs neu, wurde aber durch Michael Behes vielbeachtetes Buch „Darwin’s Black Box“ einer breiteren Öffentlichkeit bekannt und ist aus der Diskussion um „ID“ nicht mehr wegzudenken. Ein System ist **nichtreduzierbar komplex**, wenn es *notwendigerweise* aus *mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden* Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines *beliebigen* Teils die Funktion *restlos* zerstört. Ein solches System wird als „**IC-System**“ bezeichnet. Daran anknüpfend wird als **IC-Argument** formuliert: Es ist nicht möglich, ein IC-System kleinschrittig durch ungerichtete graduelle evolutive Prozesse aufzubauen. Allgemeiner lautet das IC-Argument: Es ist nicht möglich, IC-Strukturen durch *irgendwelche* ungerichtete evolutive Prozesse aufzubauen. Darüber hinaus gilt das IC-Argument für viele ID-Befürworter auch als Hinweis auf das Wirken eines Schöpfers. Man muss also **drei Ebenen der Argumentation mit IC** unterscheiden:

1. Die Behauptung, es gebe IC-Strukturen,
2. die Behauptung, die Evolution (bzw. allgemeiner: eine natürliche Entstehung) von IC-Strukturen sei ungeklärt (d. h. das IC-Argument ist nicht widerlegt), und
3. der Schluss von IC auf das Wirken eines Designers.

Häufig wird behauptet, ID sei unwissenschaftlich oder pseudowissenschaftlich, weil es keine Testmöglichkeit gebe. Diese Kritik ist in ihrer pauschalen Formulierung nicht berechtigt. Das wird schon daran ersichtlich, dass eine große Zahl von Argumenten und Befunden vorgebracht wurden, um entweder die Existenz von IC-Strukturen zu bestreiten (1. Ebene) oder das IC-Argument (2. Ebene) zu widerlegen.

Im stark erweiterten und gründlich überarbeiteten Artikel „Nichtreduzierbare Komplexität“, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf (PDF-Datei, 1,1 MB) von Reinhard Junker wird zunächst das IC-Argument ausführlich erläutert und auf fehlerhafte Rezeptionen des Arguments eingegangen. Im Hauptteil wird anschließend gezeigt, dass die vorgebrachten zahlreichen Kritikpunkte das IC-Argument nicht entkräften. Gegenüber der früheren Version werden weitere Kritikpunkte diskutiert. Unter anderem werden folgende Themen behandelt:

- Von redundanter zu nichtreduzierbarer Komplexität
- Von einem nützlichen zu einem unentbehrlichem Teil
- Mit Hilfe eines Gerüsts zu IC?
- Multifunktionalität
- Computermodell von S. Sadedin
- Genduplikation
- Kooption und Funktionswechsel
- Der TTSS-Apparat als Vorstufe des Bakterienmotors
- Experimenteller Nachweis der Entstehung einer IC-Struktur?
- Modularität und „exploratives Verhalten“
- Sprunghafte Entstehung einer IC-Struktur?
- Belousov-Zhabotinsky-Reaktion
- Vergleichende Biologie

Folgendes Fazit wird gezogen: „Es kann festgehalten werden, dass die Versuche, das IC-Argument zu widerlegen, bislang gescheitert sind. Das Argument kann gegen viele Einwände behauptet werden. Vorgeschlagene Entstehungswege sind unrealistisch, spekulativ oder führen nicht zu IC.“

Abschließend wird auf wissenschaftstheoretische Aspekte im Zusammenhang von nichtreduzierbarer Komplexität und „Intelligent Design“ eingegangen. Auch dieser Teil wurde gegenüber der früheren Version stark überarbeitet; manche Argumente wurden modifiziert oder sind ganz entfallen. Der Schluss auf das Wirken eines Designers kann nicht stringent gezogen werden. Doch das IC-Argument ist widerlegbar: sowohl die Reduzierbarkeit eines (vermeintlichen) IC-Systems als auch seine Evolvierbarkeit würden dieses Argument zunichte machen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n110.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.03.08 Evolution durch Vorprogrammierung?

Zum Buch „The Design Matrix. A Consilience of Clues“ von Mike Gene

Der unter einem Pseudonym schreibende Genetiker Mike Gene hat kürzlich das Buch „The Design Matrix. A Consilience of Clues“ veröffentlicht (Arbor Vitae Press, 2007). Er hält darin ein starkes Plädoyer für den ID-Ansatz, allerdings unterscheidet er sich in mancher Hinsicht von der „Mainstream-ID-Bewegung“, vor allem dadurch, dass er Intelligent Design („ID“) nicht als Wissenschaft betrachtet – genauer gesagt: nicht als „science“, was eher Wissenschaft im engeren Sinne von Naturwissenschaft meint. ID ist für ihn bestenfalls eine „aufkeimende Proto-Wissenschaft“ (S. xi). Gene hält Evolution nicht für falsch; sie sollte in öffentlichen Schulen auch nicht kritisiert werden.

Der Grundgedanke seines Buches ist der einer **vorprogrammierten Evolution (front-loading)**. Damit meint er jedoch nicht eine deterministische Evolution; vielmehr sollen bestimmte Ergebnisse des Evolutionsprozesses durch *vorprogrammierte Voraussetzungen und vorprogrammierte Mechanismen* wahrscheinlicher eintreten als andere. Am Anfang des Lebens standen demnach Einzeller, in denen das Potential zu einer biologischen Evolution angelegt war: **Evolution auf der Basis einer ausgeklügelten Planung**. Gene diskutiert vier Verdachtsmomente auf intelligentes Design: 1. *Analogien* mit Strukturen, die erwiesenermaßen designt sind, 2. *Diskontinuität* zu nicht-teleologischen Prozessen (d. h. natürliche Prozesse sind weit davon entfernt, die beobachteten Phänomene hervorzubringen), 3. *Rationalität* (eine Analyse der untersuchten Struktur weist einen durchdachten Aufbau nach) und 4. *Voraussicht* (die untersuchte Struktur ist auch auf Zukunft hin angelegt). Diese vier Kriterien können weitgehend unabhängig geprüft werden und stützen je nach Tendenz der Ergebnisse einen Verdacht auf Planung. Dass dabei subjektive Bewertungen unvermeidlich sind, ist Gene bewusst (S. 272). Er stellt schon im Vorwort klar, dass es um einen Verständnisschlüssel gehe, nicht um Beweise (S. xiii).

Das Buch ist in vier Teile aufgebaut. Teil I („The Way“) steigt mit der Frage ein, wie im Rahmen des Design-Paradigmas geforscht werden kann; in Teil II („The Clues“) geht es um Befunde, die deutlich auf Design hinweisen; Thema von Teil III ist das bereits genannte Konzept des „front-loading“ und präsentiert Überlegungen, wie eine Koexistenz der Selektionstheorie und des ID-Ansatzes aussehen könnte. Diese drei Teile liefern die Basis für eine Methode, wie Strukturen auf Design hin überprüft werden können, was in Teil IV ausgeführt wird.

Der Autor beginnt seinen Argumentationsweg in **Teil I** mit der Lektion, die aus einer geologischen Struktur auf dem Mars gelernt werden kann, die früher bei geringer Auflösung einem Gesicht glich. Wann erkennen wir eine Struktur als designt? Zum einen braucht es eine Vertrautheit, d. h. eine Ähnlichkeit mit einem bekannten, designten Muster. **Nur solches Design ist für uns erkennbar, das eine Analogie mit bereits bekanntem Design aufweist**. Zum anderen muss es eine Diskontinuität geben, das heißt: die betrachtete Struktur ist weit von solchen Strukturen entfernt, die ohne Design entstehen können. Dagegen müssen weder die Identität des Designers noch seine Methoden noch der Zeitpunkt seines Wirkens bekannt sein (S. 10). Die teleologische Deutung des Marsgesichtes erwies sich schließlich durch zusätzliche Befunde als falsch: Eine höhere Auflösung zeigte Strukturen, die durch natürliche Prozesse erklärbar waren und die beiden genannten Kennzeichen nicht mehr aufwiesen. Ganz anders aber verlief die Entwicklung bei der Erforschung des Inneren der lebenden Zellen. **Die „höhere Auflösung“ lässt dort zunehmend diese beiden Kennzeichen von Design hervortreten** (S. 17).

Nach diesen ersten Schritten ins Thema hinein folgt mit **Teil II** das erste Kernstück, in dem Hinweise auf Design in der Molekularbiologie zusammengestellt werden. Die Forschung hat gezeigt, dass die Abläufe und „Maschinen“ im Zellgeschehen viel stärker technologischen Produkten ähneln, als von irgendjemanden je vorhergesagt worden war (S. 39). **Dass es sich bei den Begriffen wie „Maschine“, „Programmierung“, „Code“ etc. nicht um irreführende Metaphern handeln kann, belegt Gene durch eindrucksvolle Vergleiche der Häufigkeit der Verwendung der betreffenden teleologischen Begriffe in verschiedenen Disziplinen** (S. 48, 58, 60). Es hat sich gezeigt, dass der genetische Code in verschiedener Hinsicht optimal ist. Erstaunlich sind auch die Korrekturmechanismen bei der Replikation (= Kopie der DNA) und der Übersetzung der DNA in Proteine (Transkription und Translation). Zudem sind die verwendeten Nukleotide der DNA optimal, um Fehler bei der Replikation zu minimieren. All das sieht nicht nach einem „eingefrorenen Zufall“, sondern viel mehr nach vorausschauender Planung aus.

Teil III ist mit „Challenge“ überschrieben. Hier entfaltet Gene das Konzept des **front-loadings in der Evolution**. Sein Grundgedanke: **Die Gene und die Variationsmechanismen, die in den ersten Zellen vorhanden waren, besitzen das Potential zur Evolution von vielzelligen Lebewesen und ihrer ganzen Vielfalt**. Das ist allerdings nicht so zu verstehen, als seien die vielfältigen Organe bereits deterministisch angelegt. Vielmehr seien die Gene so beschaffen, dass sie auf unterschiedlichste Weise kombiniert werden und vielfach auf verschiedenste Weise genutzt werden können. Mechanismen wie Genduplikation (= Verdopplung von Genen) und Gen-Tinkering („Basteln“ mit Genen; vgl. „Gene tinkering“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1>) versteht er als Prozesse, die auf Design zurückgeführt werden können. So werde verstehbar, dass Einzeller bereits viele Gene besitzen, die ihr volles Spektrum an Aufgaben erst in vielzelligen Organismen erfüllen. Er bezieht sich hier auf einen Befund, der die Biologen in den letzten Jahren in wachsendem Maße überrascht hat: **Viele Gene, die für die Bildung von Organen vielzelliger Organismen benötigt werden, gibt es schon in Einzellern, die diese Organe natürlich gar nicht besitzen**. Und diese Gene erfüllen bei den Vielzellern *gleichzeitig* ganz unterschiedliche Aufgaben (beispielsweise spielt das Linsencrystallin auch eine Rolle im Zellstoffwechsel). „The multi-functional nature of many proteins can be unlocked across time“ (S. 163), die Proteine sind „designed to redesign“ (S. 164). Hier knüpft Gene teilweise an moderne Evolutionsvorstellungen an, wie sie vor allem von Evo-Devo-Forschern entwickelt wurden (vgl. „Evo-Devo“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>). Deren Begrifflichkeit suggeriert in der Tat häufig ein dahinterstehendes Design.

Im abschließenden **Teil IV** geht es um die „Matrix“. Die vier eingangs bereits genannten Kriterien können genutzt werden, um den Verdacht auf Design zu begründen bzw. zu erhärten: *Analogie* mit bekanntermaßen designten Dingen, *Diskontinuität* zu nicht-teleologischen Prozessen, *Rationalität* der Strukturen bzw. Abläufe sowie Anzeichen einer *Vorausschau*. Diese vier Kriterien bilden als „Design-Matrix“ zum einen eine Methode, um Design zu entdecken (oder wahrscheinlich zu machen), zum anderen eine Anleitung zur Forschung. **Denn die Design-Matrix leitet zu gezieltem Fragen an die Natur und zur Entwicklung testbarer Hypothesen an** (Tab. 10-1, S. 270). Jedem Kriterium ordnet Gene eine Bewertungsskala von –5 bis +5 zu; aus den Werten aller vier Kriterien ergibt sich ein Durchschnittswert, der die Wahrscheinlichkeit für Design angibt. Beispielsweise haben Pseudogene den Wert –4, der genetische Code +2,5 und ein Auto den Wert +4. Die Anwendung der Design-Matrix ist zwar unvermeidlich zu einem gewissen Grad subjektiv (so halte ich den Wert 0 für das Linsenauge für deutlich zu wenig), aber ein Test ist dennoch

möglich. Dies zeigt sich auch daran, dass ID-Kritiker zu zeigen versuchen, dass die vier Kriterien keine Hinweise auf Design geben, z. B. indem sie versuchen, behauptete Analogien zurückzuweisen, eine Kontinuität von verschiedenen Strukturen nachzuweisen oder die Rationalität zu bestreiten.

Kommentar: Mike Gene präsentiert mit dem Konzept eines front-loading zweifellos eine originelle Deutung der Evolution, deren Realität er nicht in Frage stellt. Dafür, dass es *intelligentes* Design in der Biologie gibt, vor allem was die Ausstattung der Zellen betrifft (genetischer Code, Fehlerkontrolle, Maschinencharakter usw.), legt der Autor starke Indizien vor. Ob das front-loading-Konzept schlüssig ist, wird die weitere Forschung zeigen müssen. Gene kann manche Einwände gegen seine Sicht mindestens mildern. Es könnte durchaus auch sein, dass sich durch weitere Forschung enge Grenzen für evolutive Änderungen zeigen werden. Die Design-Argumente blieben davon unberührt, denn sie finden auch im Rahmen der Grundtypenbiologie eine sinnvolle Deutung und sie sind genauso prüfbar, wenn man vom Konzept polyvalenter und flexibler Stammformen ausgeht (vgl. „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Das hieße nämlich: Front-loading von Grundtypen, die als polyvalente Stammformen mit einer potentiellen Komplexität ausgestattet sind. Die Anwendbarkeit der Design-Matrix auf das Konzept polyvalenter Grundtypen ist für die drei Kennzeichen *Analogie*, *Diskontinuität* und *Rationalität* sofort einzusehen, gilt aber auch für das Kennzeichen der *Vorausschau*. Im Rahmen der Grundtypenbiologie wäre die Vorausschau allerdings wesentlich kürzer als im Evolutionskonzept. Vorausschau würde hier nur Mechanismen der Anpassung und Flexibilität in sich wandelnden Umwelten beinhalten, nicht aber ein Blick in eine ferne Zukunft.

Wie immer man über Evolution, Schöpfung und ID denkt: Die Lektüre des Buches lohnt sich unbedingt für jeden, der ernsthaft am ID-Ansatz interessiert ist.

Hinweis: Gene präsentiert in seinem Buch noch viele weitere interessante Ideen, auf die in dieser kurz gehaltenen Besprechung nicht eingegangen werden kann. Eine ausführliche Vorstellung seines Buches finden Sie unter <http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2008/03/evolution-front-loaded.html>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n108.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.02.08 Design ist Evolution?

Den Begriff „Evolution“ gab es in der Biologie bereits vor Darwin. Bis zur Mitte des 18. Jahrhunderts verband man mit ihm eine besondere Vorstellung zur Ontogenese (= individuelle Entwicklung) der Organismen. Deren frühe Entwicklung wurde als eine Art Heranwachsen oder „Auswickeln“ (lat. *evolvere*) eines bereits im Samen komplett ausgebildeten Individuums betrachtet (Einschachtelungs- bzw. Präformationslehre; vgl. „Biogenetisches Grundgesetz - Geschichte“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41305&Sprache=de&l=1>). In diesem Sinne sprechen wir auch heute z. B. von „Persönlichkeitsentwicklung. Da der Begriff „Evolution“ – der Wortbedeutung entsprechend – also für die Ausprägung von bereits Vorhandenem reserviert war, passte er nicht zu Darwins Abstammungs- oder Deszendenzlehre. Denn Darwin meinte eine Stammesgeschichte, in deren Verlauf immer wieder *gänzlich Neues* entstanden sein musste. Schließlich war „Goethe“ noch nicht in der „Amöbe“ stammesgeschichtlich präformiert (= vorgebildet). Darwin und seine Zeitgenossen nannten die „Stammesentwicklung“ daher nicht Evolution, sondern Deszendenz, also Abstammung.

Später aber wurde der Begriff „Evolution“ für die Deszendenztheorie verwendet – man könnte auch sagen: zweckentfremdet. Und heute verbindet jeder mit „Evolution“ die Stammesgeschichte, obwohl dieser Begriff dafür einen falschen Inhalt suggeriert. Und wer mit „Mikroevolution“ die tatsächliche Bedeutung des Begriffs „Evolution“ meint, nämlich das Ausprägen von bereits Vorhandenem, muss sich viel Mühe geben, nicht missverstanden zu werden (zu „Mikroevolution“ siehe „Mikro- und Makroevolution“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>).

Nun zeichnet sich ab, dass den Begriff „Design“ dasselbe Schicksal ereilen könnte. Design zeigt sich in der Kunst, in der Technik, in der Architektur und anderen kreativen Tätigkeiten und schließt Planung und Zielsetzung ein (vgl. <http://en.wikipedia.org/wiki/Design>). In der Biologie wird der Begriff „Design“ jedoch schon lange verwendet, ohne dass damit eine kreative, planvolle Schöpfung gemeint wäre. Design in der Biologie sei vielmehr das Ergebnis vernunftloser Prozesse, ein Ergebnis von ungerichteten Mutationen, Selektion und anderen zukunftsblinden Mechanismen. Und manche Biologen betonen eigens, dass der Begriff „Design“ nur als Metapher verwendet werde, die nicht missverstanden werden dürfe, als impliziere man damit einen Designer. Nicht umsonst müssen heutzutage diejenigen, die mit dem Begriff „Design“ das meinen, was er tatsächlich bedeutet, noch ein „intelligent“ oder „intentional“ (absichtsvoll, willensgesteuert) dazu sagen: „intelligentes Design“.

In diesem Sinne will Kenneth R. Miller, Biologe an der Brown University und Schulbuchautor, nun die Besetzung des Begriffes „Design“ mit dem neuen Inhalt und die damit verbundene Zweckentfremdung gleichsam sanktionieren. Das wird jedenfalls so für sein im Mai erscheinendes Buch „Only a Theory: Evolution and the Battle for America's Soul“ angekündigt. Miller fordert, das Design-Vokabular der Kreationisten für die Wissenschaft in Anspruch zu nehmen. „Seiner Ansicht nach könne man auch Errungenschaften der Evolution als 'designed' bezeichnen, da sie klare Funktionen erfüllen“ (www.heise.de/tp/blogs/3/103522). Wissenschaft selbst basiere tatsächlich auf der Idee des Designs; für Miller ist das aber gleichbedeutend mit „Gleichmäßigkeit der Ordnung, der Funktion und des Naturgesetzes, das unsere Welt errichtet hat“. Design als Folge bloßer Naturgesetze, ohne Plan und Zielsetzung. *Telepolis* (www.heise.de/tp/blogs/3/103522) schreibt über Miller weiter: „Er sieht in den Vertretern der ‘Intelligent-Design’-Theorie die Sieger in der emotional geführten Schlacht um Anhänger. ‘Die Leute wollen glauben können, dass das Leben nicht zwecklos und zufällig ist.’ Dieses Gefühl könne aber auch die

wissenschaftlich argumentierbare Evolutionstheorie vermitteln – wenn die Forscher ihr Vokabular überdenken.“ Das heißt aber nichts anderes, als dass Miller letztlich einen Zweck durch die Hintertür einführen will, indem er Begriffe verwendet, mit denen man Zweck und Sinn assoziiert, um auf der anderen Seite dann zu sagen, dass man es so doch nicht meine. Begriffsverwirrung nennt man das!

Gilt in Zukunft also: Design = Evolution? Nachdem der Begriff „Evolution“ Ende des 19. Jahrhunderts für die Stammesgeschichte zweckentfremdet wurde, geht es jetzt also dem Begriff „Design“ an den Kragen!

Anmerkung: Eine Gleichsetzung beider Begriffe würde bedeuten, dass ein gegenwärtig wahrzunehmendes, ständig prüfbares und beschreibbares Phänomen wie Design mit einem hypothetischen Prozess wie „Evolution“, welcher uns nur als abstraktes Modell verfügbar ist, vereint wird. Der Philosoph Alfred North Whitehead bezeichnete schon 1974 diesen Versuch der Gleichsetzung als einen „Trugschluß der unzutreffenden Konkretheit“, weil er auf der Verwechslung bzw. unzulässigen Charakterisierung von Objektklassen beruht. Denn zu dem speziellen Gegenstandsbereich der Biologie, den Organismen mit ihrem Design, kann Evolution nichts aussagen, sondern nur zu deren Veränderung. (Whitehead, Alfred N. (1974) *Die Funktion der Vernunft*. Stuttgart; nach: Michael Jungert (2006) Welchen Zweck soll das haben? Untersuchungen zu teleologischen und funktionalen Erklärungsansätzen in Philosophie und Biologie. Magisterarbeit im Magisterstudiengang der Otto-Friedrich-Universität Bamberg)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n106.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.12.07 Diskussion über „Intelligent Design“

Im Newsbeitrag „Götter und Designer bleiben draußen“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?News=95>) wurde bereits auf eine besondere Ausgabe der Zeitschrift „*Religion • Staat • Gesellschaft – Zeitschrift für Glaubensformen und Weltanschauungen*“ (erschieden im renommierten Verlag Duncker & Humblot, Berlin) hingewiesen – sie ist besonders hervorzuheben, weil in dieser Ausgabe auf knapp 300 Seiten Pro und Contra „Intelligent Design“ (ID) diskutiert werden. Nun legte Christoph Heilig auf der Homepage der SG Wort und Wissen eine ausführliche und informative Rezension des ganzen Bandes vor (<https://www.wort-und-wissen.org/rezension/diskussion-ueber-intelligent-design-religion-staat-gesellschaft-7-jahrgang-2006-2-heft/>). Er widmet allen Beiträgen eine Inhaltsangabe und fügt kritische Bewertungen an. Damit bietet er einen guten Überblick über den gesamten Band. Trotz grundsätzlicher Sympathie steht er manchen Ansprüchen der ID-Befürworter skeptisch gegenüber. Das macht die Lektüre besonders reizvoll.

Hier sollen einige Streiflichter aus der Rezension wiedergegeben werden. Einer der Herausgeber der Zeitschrift, Gerhard Besier, gibt als Motivation für die Herausgabe dieses Bandes an, dass die Interessenpolitik der Etablierten nicht verhindern dürfe, dass Außenseiter zu Wort kommen. Da diesen gewöhnlich wenig Raum gewährt werde, hätten sie hier einmal das Übergewicht erhalten.

Über den Artikel von Robert Schmidt: „**Götter und Designer bleiben draußen – eine kritische Diskursanalyse der Medienberichterstattung zu Intelligent Design im deutschsprachigen Raum**“ wurde im eingangs genannten Newsbeitrag bereits berichtet. Der Folgebeitrag des Botanikers Hans Peter Comes behandelt „**The Synthetic Neo-Darwinian Theory of Evolution and its Legacies on Research in Modern Evolutionary Biology**“. Darin werden Aspekte des Artbildungsproblems diskutiert, die mit der ID-Thematik nur am Rande in Verbindung stehen.

Der nächste Artikel von Stephen C. Meyer, „**A Scientific History – and Philosophical Defense – of the Theory of Intelligent Design**“, bietet einen Überblick über eine Reihe von ID-typischen Themen. Heilig wertet den von Meyer propagierten „Schluss auf die beste Erklärung“ (S. 218) als einen auf negative Argumentation gestützten Analogieschluss (das heißt, man schließt auf Design, weil alle anderen Möglichkeiten der Erklärung *versagen*) und widerspricht Meyer, der den Schluss auf Design als *positiv* begründet ansieht (S. 237). Trotz mancher Kritikpunkte hält der Rezensent Meyers Zusammenstellung für einen exzellent gelungenen Einleitungsartikel.

Den Beitrag „**Intelligent Design – jenseits des Schlagwortes**“ von Markus Rammerstorfer hält Heilig vor allem deswegen für interessant, „weil der Autor als Europäer nicht dem amerikanischen ID-Movement und dessen politischen Zielen zuzuordnen ist. Gerade in diesem Punkt wird der Kontrast zu Meyer besonders deutlich.“ Rammerstorfer zeige auf, dass die Frage nach dem Ursprung der teleologischen Synorganisation in der Natur eine der Grundfragen der Naturwissenschaften sei, von der man zuunrecht glaubte, Darwin hätte sie beantwortet. ID als *Fragestellung* sei daher vor allem aufgrund ihres naturhistorischen Charakters auch heute berechtigt.

Auf knapp 80 Seiten folgen **drei Diskussionsrunden**, in denen Frieder Meis und Dr. Wolf-Ekkehard Lönning die ID-Seite vertreten, während JProf. Dr. Dr. Mathias Gutmann und Willem Warnecke die Gegenseite übernehmen. Das Format, in dem die Kontrahenten hier auftreten konnten, sei zwar sehr zu loben, doch hätten die beiden Parteien die damit

verbundenen Möglichkeiten eines Disputs nicht gut genutzt, da sie weitgehend aneinander vorbei diskutieren. Heilig zeigt dies anhand mehrerer Themen, die die Diskutanten ansprechen. Während Gutmann & Warnecke wissenschaftstheoretisch diskutieren, bewegen sich Lönnig & Meis größtenteils auf der fachwissenschaftlichen Ebene.

Es folgt der Beitrag „**Muster und Entwurfsmuster in Softwareentwicklung und Biologie – Kriterien zur Erkennbarkeit von intelligenten Ursprüngen**“ von dem Mathematiker Klaus Wittlich. Der Begriff des „Musters“ sei hochinteressant, wenn es um die Merkmalsverteilung oberhalb der Grundtypebene geht. Diesem Thema widmet sich Reinhard Junker in dem darauf folgenden Artikel „**Macht das Ähnlichkeitsmuster der Lebewesen nur Sinn im Licht der Evolution?**“ Darin wird das Konzept der Homologie kritisch durchleuchtet und gezeigt, dass Evolution nicht aus den Ähnlichkeitsmustern erschlossen werde, sondern als *Voraussetzung* für deren Deutung diene, die auch anders gewählt werden könne.

Den Abschluss des Bandes macht ein Beitrag von Dr. Harald Binder, Prof. Dr. Peter Imming und Prof. Dr. Siegfried Scherer: „**Was ist über die Entstehung des Lebens bekannt?**“ Eine ebenso zutreffende Überschrift wäre nach Heilig die Formulierung „Was ist über die Entstehung des Lebens allgemein *nicht* bekannt?“ gewesen, da die aus der Primärliteratur zusammengetragenen Befunde in der Öffentlichkeit gerade nicht allgemein bekannt seien. Heilig veranschaulicht die Diskrepanz zwischen den Einschätzungen der Fachliteratur und den populären Darstellungen mit einem besonders krassen Beispiel; gerade in dieser Hinsicht werde die Bedeutung dieses Artikels als Aufklärung deutlich und lasse ihn zu einer aktuellen Standardquelle werden.

Heilig schließt seine Rezension mit folgendem **Fazit**: „Alles in Allem ist dieser Band von *Religion • Staat • Gesellschaft* sehr erfreulich und sollte im Bücherregal eines jeden zu finden sein, der sich mit der Ursprungsfrage eingehender beschäftigt. Trotz der unterschiedlichen Qualität der einzelnen Beiträge ist die Ausgabe ein gelungener Schritt in die richtige Richtung, hin zu einer fachlichen Diskussion und weg von polemischen Diffamierungen. All das macht Mut zu ähnlich gestalteten Folgeprojekten, für welche wir hier ein solides Vorbild vorliegen haben, das aber qualitativ auch noch ‘Platz nach oben’ lässt.“

Die Rezension kann auch aus PDF von der Wort-und-Wissen-Homepage heruntergeladen werden: <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b30.pdf>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n100.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.10.07 Entstehung von nichtreduzierbarer Komplexität

Erklärt ein elementar-geometrisches Computermodell die Entstehung nichtreduzierbarer Komplexität in der Biologie?

In der Diskussion um „Intelligent Design“ (Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) spielt nichtreduzierbare Komplexität (irreducible complexity) als „Design-Signal“ eine besondere Rolle. Bekannt wurde dieses Konzept durch Michael Behes Buch „Darwins Black Box“, das im Sommer dieses Jahres auch in Deutsch herausgegeben wurde (<https://www.wort-und-wissen.org/rezension/darwins-black-box-biochemische-einwaende-gegen-die-evolutionstheorie/>).

Definition und Argument. Ein System ist nichtreduzierbar komplex, wenn es notwendigerweise aus mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines *beliebigen* Teils die Funktion des Systems *restlos* zerstört (nach M. Behe, Darwin's Black Box. The Free Press, New York, 1996, S. 36). Das sich darauf beziehende evolutionskritische Argument lautet: Es ist nicht möglich, ein nichtreduzierbar komplexes System *kleinschrittig durch ungerichtete, graduelle, evolutive Prozesse* aufzubauen. Behe diskutiert nichtreduzierbare Komplexität bei *biochemischen* Systemen, und sein darauf aufgebautes evolutionskritisches Argument wird auch „nur“ dafür behauptet.

Es wurde auf vielerlei Weise versucht, die Existenz nichtreduzierbarer Komplexität in Frage zu stellen oder das darauf aufgebaute evolutionskritische Argument zu widerlegen. In einem ausführlichen Beitrag (Nichtreduzierbare Komplexität, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf, Stand 30. 4. 2008) bin ich auf zahlreiche Kritikpunkte eingegangen.

Computermodell. In einem 2006 veröffentlichten Artikel will die Informatikerin Suzanne Sadedin (Monash University, Australien) mit einem einfachen Computermodell die schrittweise evolutive Entstehung einer nichtreduzierbar komplexen Struktur demonstrieren, die Behes Definition erfüllen soll (<http://www.csse.monash.edu.au/~suzannes/files/Sadedin2006TR.pdf>).

Es handelt sich um ein einfaches geometrisches Modell eines zweidimensionalen, durch Aufteilung einer Fläche in Dreiecke entstandenen Gitters. Die Knoten (Eckpunkte der Dreiecke) können im EIN- oder AUS-Zustand sein. Stehen zwei benachbarte Knoten auf EIN, bildet sich eine Verbindung zwischen ihnen. Von einer kreisförmig geschlossenen Verbindung, die mehrere Knoten durchläuft, wird nun angenommen, sie habe eine Funktion, von einer offenen hingegen, sie sei funktionslos (Abb. 1). Wird aus der kreisförmig geschlossenen Verbindung ein Element entfernt, geht folglich die „Funktion“ verloren.

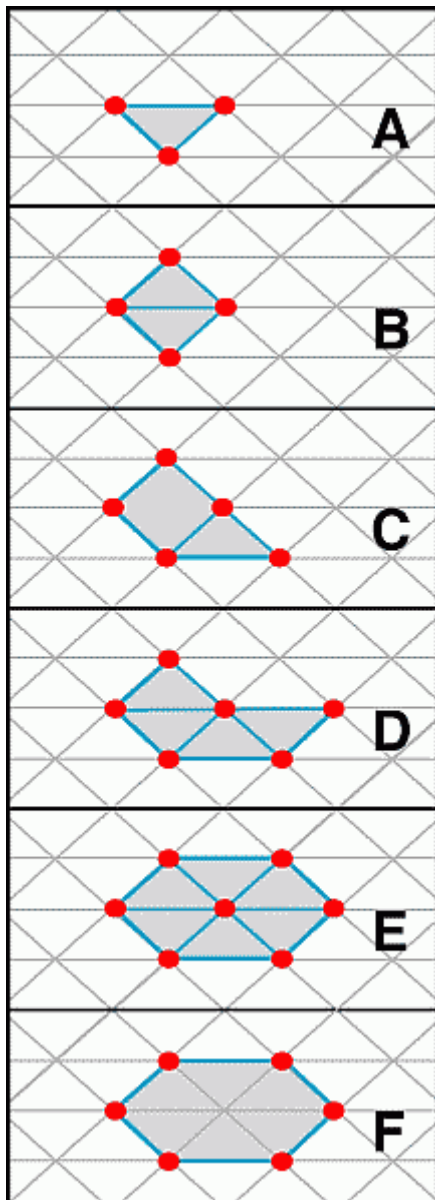


Abb. 1: Simulierte "Evolution" im Gittermodell nach Suzanne Sadedin

Ein solch einfaches System kann problemlos sukzessive durch Mutation und Selektion aufgebaut werden. Mutiert ein AUS-Knoten in den EIN-Zustand, so wird das Ergebnis der Mutation selektiert, wenn der Knoten einer kreisförmig geschlossenen Figur benachbart ist (dann bleibt die „Funktion“ „Geschlossen sein“ nämlich erhalten, s. Abb. 1 A-E). Größere Systeme sollen selektiv im Vorteil gegenüber kleineren sein. Nun können ab einer bestimmten Größe solche Knoten, die sich in der Mitte befinden, auf AUS mutieren, ohne dass die Funktion verloren geht (Redundanz!), und es kann so ein nichtreduzierbarer Zustand erreicht werden. Denn jetzt darf kein Knoten mehr auf AUS mutieren, ohne dass die „Funktion“ verlorenggeht. Auch die Entfernung redundant gewordener EIN-Knoten soll selektiv begünstigt sein (Abb. 1 F; gleiche Größe mit weniger Knoten).

Kritik. Ist dieses Modell geeignet, die Entstehung nichtreduzierbarer Komplexität *in der Biochemie* zu simulieren? Den biochemischen Systemen, anhand derer Behe seine Behauptungen illustriert und belegt, wird der Ansatz von Sadedin nicht annähernd gerecht, und zwar aus folgenden Gründen:

- Ein zentraler Aspekt von Behes Definition fehlt: Das System, das Sadedin präsentiert, hat keine *Funktion*. Es wird ihm zwar eine Funktion *unterstellt*, aber es ist nicht ersichtlich, worin diese bestehen soll.
- Es fehlt der Aspekt der *Interaktion* der Teile (siehe Behes Definition oben), es sei denn, bloße Verbindungen zwischen Knoten werden als Interaktionen betrachtet. Eine solche „Interaktion“ trifft aber sicher nicht Behes Definition. Die Autorin steckt auch hier in das System etwas hinein, das es nicht hat.
- Es fehlt folglich der Nachweis, dass das Computermodell mit einem funktionalen System eines Lebewesens vergleichbar ist. Eine Modellierung, die die Vergleichbarkeit dessen, was modelliert werden soll, nicht einmal diskutiert, ist wertlos.
- Größere Systeme sollen selektiv im Vorteil gegenüber kleineren sein (s. o.). Auch hier stellt sich die Frage nach der Entsprechung zu biochemischen Systemen.
- Die EIN-Knoten im Gitter werden mit funktionalen Proteinen gleichgesetzt. Dies geht aus folgendem Zitat hervor: „Even within this short time, the evolved systems acquired levels of complexity similar to those of systems commonly cited as examples of irreducible complexity. Irreducibly complex systems produced by the model contained between 6 and 30 parts; the bacterial flagellum requires around 33 parts ...“. Das ist ausgesprochen unsachgemäß, da die Entstehung neuer funktionaler Proteine oder deren Einbau in ein System nicht mit einem einzigen Schritt (wie im Modell von Sadedin) möglich ist. Der im obigen Zitat getroffene Vergleich der Verbindungen von EIN-Knoten mit der Bakteriengeißel demonstriert die Irrelevanz der Computersimulation für die Entstehung biochemischer Apparate.
- Lässt man sich dennoch auf das Modell von Sadedin ein, so ist zu beanstanden, dass die betrachtete Fläche im Modell im Vergleich zur Komplexität biochemischer Prozesse (z. B. immenser Sequenzraum von Proteinen) viel zu klein gewählt ist. Wählt man die Gitterfläche in angemessener Größe, dann wird der Ausgangspunkt (Abb. 1 A) nur sehr schwer erreicht. Außerdem würden sich dann auch verwertbare Mutationen zu selten ereignen, so dass das Modell didaktisch nicht mehr brauchbar wäre.

Fazit. Die Argumentation in dieser Veröffentlichung ist ausgesprochen oberflächlich. Der Begriff der „Komplexität“ wird zunächst so stark verallgemeinert, dass er sogar bei ganz elementaren, nach üblichem Verständnis gar nicht komplexen (also unkomplizierten) Sachverhalten verwendbar ist. Dass einfache Gebilde durch Zufall (Würfeln) erzeugt werden können, weiß aber jedes Kind. Die Arbeit geht deshalb in ihrem Ansatz und ihren Kernaussagen völlig an dem vorbei, was in der Diskussion über nichtreduzierbare Komplexität in der Biochemie erörtert werden müsste, nämlich die Entstehung von zielgerichteten Mechanismen, deren Einzelbestandteile keine abstrakten Punkte und Striche, sondern ihrerseits aufwändig herzustellende Gebilde sind.

Im Sadedin-Modell sind die Zwischenphasen zur Erreichung eines „komplexen“ Zielzustandes konzeptionell ganz offensichtlich. Dass sie später zumeist nicht mehr erkennbar sind, ist demgegenüber nachrangig. Im Falle der Biologie ist gerade die konzeptionelle Möglichkeit von Zwischenphasen eines der Hauptprobleme.

Dank: Wertvolle Hinweise für diesen Text erhielt ich von Prof. Dr. Eberhard Bertsch, Wetter, und Dr. Harald Binder, Konstanz.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n96.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.09.07 Mikroevolution, Makroevolution und „ID“

Eine Unterscheidung zwischen Mikroevolution und Makroevolution sollte sich an der *Qualität* der Veränderungen der Lebewesen und an entsprechenden unterschiedlichen Fragestellungen (kurz: Optimierung oder Konstruktion) orientieren. Nur dann kann die Frage nach der Entstehung des Neuen in der Biologie adäquat formuliert und darauf Forschung aufgebaut werden. „Makroevolution“ steht für die Entstehung neuer Konstruktionen. Dieser Vorgang kann nicht als Extrapolation von Variationsvorgängen wie Anpassungen, Spezialisierungen oder Optimierungen betrachtet werden“ (Junker 2006; vgl. Mikro- und Makroevolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=2>). Auch manche Evolutionsbiologen teilen diese Einschätzung im Wesentlichen und halten eine *qualitative* Unterscheidung zwischen Mikroevolution und Makroevolution für angebracht.

Gibt es einen Unterschied zwischen Mikroevolution und Makroevolution? In der Kontroverse um Schöpfung und Evolution wird die Unterscheidung zwischen Mikroevolution und Makroevolution häufig als unsachgemäße Argumentationsstrategie der Kreationisten zurückgewiesen. Tatsächlich aber wächst die Zahl der Evolutionsforscher, die einen deutlichen Unterschied konstatieren. So stellt der Evo-Devo-Forscher Gerd B. Müller (2003, 51) fest (alle nachfolgenden Zitate sind aus dem Englischen übersetzt):

„Nur wenige Prozesse, die oben zusammengestellt sind, werden durch die kanonische neodarwinistische Theorie abgedeckt. Diese betrifft hauptsächlich die Häufigkeit von Genen in Populationen und die Faktoren, die für ihre Variation und Fixierung verantwortlich sind. Obwohl sie sich auf phänotypischer Ebene mit der Modifikation existierender Teile befasst, zielt die Theorie weder auf die Erklärung des Ursprungs der Teile noch auf die Erklärung ihrer morphologischen Organisation noch der Innovation ab. In der Welt des Neodarwinismus war der motivierende Faktor für morphologische Veränderung natürliche Selektion, die für die Modifikation und den Verlust von Teilen verantwortlich gemacht werden kann. Selektion besitzt aber keine innovative Fähigkeit: sie eliminiert oder erhält, was existiert. Die generativen und Ordnungsaspekte der morphologischen Evolution fehlen daher der Evolutionstheorie.“ **Hier wird klar zwischen „Variation“, „Modifikation“, „Verlust“ und „Erhaltung des bereits Existierenden“ einerseits und „Ursprung der (Bau-)Teile“, „morphologischer Organisation“ und „Innovation“ andererseits unterschieden.** Außerdem: Nur Ersteres werde durch den Neodarwinismus erklärt; Letzteres sei darin abwesend.

Ähnlich schreiben Müller & Newman (2003, 3; Hervorhebung im Original): „Die Frage, warum und wie bestimmte Formen in der organismischen Evolution auftauchen, betrifft nicht die Erhaltung (und die quantitative Variation) des Bestehenden, sondern vielmehr die Neuentstehung in einem qualitativen Sinne. Diese kausale Frage nach den spezifischen Bildungsmechanismen, welche dem Ursprung und der Neuentstehung phänotypischer Merkmale zugrunde liegen, kann wahrscheinlich am besten durch den Begriff *Entstehung* („*origination*“) ausgedrückt werden. ... Das Auftauchen spezifischer phänotypischer Konstruktionselemente darf nicht als durch natürliche Selektion verursacht betrachtet werden; Selektion kann nur am bereits Existierenden wirken.“

Diese beiden Autoren formulieren als Ziel des von ihnen herausgegebenen Sammelbandes *Origination of Organismal Form*, „die Unterscheidung zwischen Entstehung (Innovation) und Diversifikation (Variation) von Formen herauszuarbeiten, indem auf die Pluralität kausaler

Faktoren abgehoben wird, die für den vernachlässigten ersteren Aspekt verantwortlich sind, nämlich den Ursprung der organismischen Form.“ Evolutionäre Innovation halten sie für nicht erklärt: „Eine der größeren Lücken in der kanonischen Evolutionstheorie besteht darin, dass man damit scheiterte, diesen Aspekt einzubeziehen.“ Damit aber fehlt der kausalen Evolutionsforschung Entscheidendes. Denn: Ohne „*arrival of the fittest*“ gibt es auch kein „*survival of the fittest*“.

Im gleichen Artikel stellen diese beiden Autoren 24 offene Fragen aus vier Teilgebieten der Evolutionsforschung zu den Mechanismen der Makroevolution zusammen. Die Fragen könnten kaum grundsätzlicher sein, und es kann wohl keinen Zweifel geben, dass angesichts eines solchen Bergs offener Fragen und angesichts des von den Autoren konstatierten *qualitativen* Unterschieds von Mikro- und Makroevolution die Mechanismen der Makroevolution als nicht geklärt gelten müssen. Nachfolgend sind neun dieser 24 Fragen und drei weitere Gebiete mit offenen Fragen in Übersetzung zusammengestellt:

Offene Fragen zur morphologischen Evolution nach Müller & Newman (2003)

1. Burgess shale-Effekt: Weshalb entstanden die Baupläne der Vielzeller explosionsartig?
2. Homoplasie: Weshalb entstehen ähnliche Gestalten unabhängig und wiederholt?
3. Konvergenz: Weshalb produzieren entfernt verwandte Linien ähnliche Designs?
4. Homologie: Weshalb organisieren sich Bauelemente als fixierte Baupläne und Organformen?
5. Neuheit: Wie werden neue Elemente in bestehende Baupläne eingeführt?
6. Modularität: Weshalb werden Design-Einheiten wiederholt verwendet?
7. Constraint: Weshalb sind nicht alle Design-Optionen eines phänotypischen Raums verwirklicht?
8. Atavismen: Weshalb erscheinen Merkmale, die lange Zeit in einer Linie verschwunden waren, erneut?
9. Geschwindigkeit: Weshalb sind die Raten morphologischer Veränderungen ungleich?

Müller & Newman listen weitere 15 offene Fragen aus diesen Gebieten auf:

- Beziehung zwischen Genotyp und Phänotyp in Ontogenese und Phylogenese
- Epigenese und ihre Rolle in der morphologischen Evolution
- Theorie der morphologischen Evolution

Müller & Newman (2003, 7) folgern: „Mit anderen Worten: der Neodarwinismus hat keine Theorie für die Entstehung. Daraus folgt, dass die gegenwärtige Evolutionstheorie vorhersagen kann, was erhalten bleibt, aber nicht, was neu erscheinen wird.“ Und weiter: „Es fehlt immer noch eine Evolutionstheorie, die speziell die morphologischen Aspekte der

Evolution betrifft und die Wechselwirkungen zwischen epigenetischen und genetischen Aspekten integriert.“

Ähnlich fasst Theissen (2006) den Begriff „Makroevolution“: „Ich werde den Begriff Makroevolution in einem engeren Sinne nur für diejenigen Evolutionsprozesse verwenden, die Innovationen (oder Neuheiten) hervorbringen oder Veränderungen in den Körperbauplänen“; dann stellt er fest: „Indem daran festgehalten wurde, dass Evolution graduell sein müsse und dass makroevolutionäre Muster vollständig und alleine durch das Wirken der natürlichen Selektion und durch Anpassung an die Umwelt erklärt werden könnten, machte die Synthetische Theorie überzogene Behauptungen und verließ daher den Bereich der Wissenschaft und entwickelte sich zu einer Ideologie (Wagner und Laubichler, 2004). ... Während jedoch diese Prinzipien leicht erklären mögen, wie irgendeine Art von Organismus Ausgangspunkt für einen *optimierten* Organismus wird (welches Kriterium man auch zugrunde legt), ist kaum erkennbar, wie sie den *Ursprung* beispielsweise der Eukaryoten, der Pflanzen und Tiere von Prokaryoten, erklären kann. Studien an digitalen Organismen legen nahe, dass komplexe Funktionen durch Zufallsmutationen und natürliche Selektion entstehen können (Lenski et al., 2003), doch in welchem Ausmaß solche in silico-Studien evolutionäre Ereignisse in lebenden Organismen widerspiegeln, bleibt unklar“ (S. 352; Hervorhebung im Original. Die Studien von Lenski et al. [2003] können in der Tat nicht als Modellierung von Makroevolution gelten, wie Bertsch & Waldminghaus [2005] gezeigt haben; vgl. Evolution virtueller Lebewesen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41246&Sprache=de&l=1>).

Aus paläontologischer Perspektive sieht Jablonski (2005, 511) die Sache ähnlich: „Das widersprechende Verhalten der Taxa, die einerseits als Gattungen eingestuft werden, andererseits als Ordnungen, legt nahe, dass der Ursprung neuer Designelemente, die das Potential zur Diversifikation und zur Ansammlung weiterer abgeleiteter Merkmale besitzen, von Faktoren gesteuert wird, die sich von denen unterscheiden, die den Ursprung der Arten verursachen und welche einfach nur weitere Arten und Gattungen hervorbringen.“

„Intelligent Design“ auf der Lauer? Angesichts der eingestandenen offenen Fragen zu den Mechanismen der Makroevolution stellt Theissen (2006, 365) etwas besorgt fest: „Es ist gefährlich, Aufmerksamkeit auf die Tatsache zu lenken, dass es keine befriedigende Erklärung für Makroevolution gibt. *Man wird leicht eine Zielscheibe der orthodoxen Evolutionsbiologie und ein falscher Freund von Befürwortern nicht-wissenschaftlicher Konzepte.* Nach Ansicht der Ersteren kennen wir bereits alle relevanten Prinzipien, die die Komplexität und Verschiedenartigkeit des Lebens auf der Erde erklären; für die Letzteren wird Wissenschaft und Forschung nie in der Lage sein, eine schlüssige Erklärung zu liefern, ganz einfach weil komplexes Leben keinen natürlichen Ursprung hat. *Aus einer heuristischen Perspektive sind beide Positionen unbefriedigend*“ (Hervorhebungen nicht im Original). Wie man dem Problem der Erklärung von Makroevolution aus dem Weg gehen kann (erste Alternative in Theissens Zitat), liefert beispielhaft folgende Definition Futuymas: Makroevolution: „ein vager Begriff für die Evolution großer phänotypischer Veränderungen, die gewöhnlich groß genug sind, um die veränderte Abstammungslinie und ihre Nachfahren in eine abgegrenzte Gattung oder ein höheres Taxon abzuteilen“ (zit. in Carroll 2001). Diese Definition verschleiern das Problem „Makroevolution“ und verhindert dadurch Ansätze zu deren Lösung. Man kann Makroevolution viel schärfer definieren (s. o.). Nicht der Begriff ist vage, wie Futuyma behauptet, sondern seine Definition. Die zweite Alternative in Theissens Zitat ließe darauf hinaus, Forschung in Ursprungsfragen zu unterlassen.

Es gibt aber noch einen dritten Weg: Makroevolution möglichst scharf definieren, offen einräumen, was ungeklärt ist und ergebnisoffen weiterforschen. Ergebnisoffenheit schließt in der naturwissenschaftlichen Forschung die Möglichkeit ein, dass Makroevolution als Prozess tatsächlich nicht belegt werden kann oder dass Versuche einer natürlichen Erklärungen für die Hypothese „Makroevolution“ permanent scheitern. Ergebnisoffenheit heißt auch, die Option „Planung“ einzubeziehen, und Forschung zu betreiben, um (klar definierte) Indizien auf Planung festzustellen oder als unplausibel zu erweisen. Das wäre dann Forschung im Sinne des „Intelligent Design“-Ansatzes. Dieser Ansatz würgt Forschung weder ab (vgl. Ist „Intelligent Design“ wissenschaftsfeindlich?, <https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=86&FG=4>) noch führt er neue Methoden ein, sondern wirft Fragen auf, deren Beantwortung zu Erkenntnissen führen könnte, die man nicht gewinnen würde, wenn man diese Fragen nicht stellen würde.

Um abschließend den Bogen zur Erforschung der Makroevolution zu schlagen: Ergebnisoffene Forschung zu den Mechanismen der Makroevolution stellt strenggenommen nicht die Frage: „Welches sind die Mechanismen der Makroevolution?“ sondern: „Wie weit reichen die experimentell demonstrierten Evolutionsmechanismen?“

Literatur

Bertsch E & Waldminghaus T (2005) Evolution virtueller Lebewesen? *Stud. Int. J.* 12, 34-35.

Carroll SB (2001) The big picture. *Nature* 409, 669.

Jablonski S (2005) Evolutionary Innovations in the Fossil Record: The Intersection of Ecology, Development, and Macroevolution. *J. Exp. Zool.* 304B, 504-519.

Junker R (2006) Zur Abgrenzung von Mikroevolution und Makroevolution. *Stud. Int. J.* 13, 59-67.

Müller GB (2003) Homology: The Evolution of Morphological Organization. In: Müller GB & Newman SA (eds) *Origination of Organismal Form. Beyond the Gene in Developmental and Evolutionary Biology*. Vienna Series in Theoretical Biology. Cambridge, MA, pp 51-69.

Müller GB & Newman SA (2003) Origination of Organismal Form: The Forgotten Cause in Evolutionary Theory. In: Müller GB & Newman SA (eds) *Origination of Organismal Form. Beyond the Gene in Developmental and Evolutionary Biology*. Vienna Series in Theoretical Biology. Cambridge, MA, pp 3-12.

Theissen G (2006) The proper place of hopeful monsters in evolutionary biology. *Theor. Biosci.* 124, 349-369.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n93.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.03.07 Warum Intelligent Design in der Ursprungsfrage eine Existenzberechtigung hat

Thomas Waschke veröffentlichte auf dem Blog „Evolution und Schöpfung“ (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/>) am 4. März 2007 einen Gastbeitrag zum Thema „Warum ich davon ausgehe, dass ID im Bereich der Naturwissenschaften zumindest derzeit keine Existenzberechtigung hat“. Einen Tag später erschien dieser Beitrag unter dem Titel „Warum Intelligent Design (ID) im Bereich der Naturwissenschaften derzeit keine Existenzberechtigung hat“ bei der AG Evolutionsbiologie (http://www.evolutionsbiologen.de/waschke_id.html).

Zunächst stimme ich zu, dass die Kernaussage von „Intelligent Design“, dass manche Kennzeichen der Lebewesen auf einen intelligenten Urheber hinweisen (*nicht: beweisen*), über die Naturwissenschaft hinausgeht. Das gilt aber *vice versa* auch für die Evolutionslehre im Sinne der Gesamtanschauung einer allgemeinen Evolution, d. h. eines historischen Ablaufs einer evolutionären Entstehung aller Lebewesen, welche durch zahlreiche Evolutionstheorien wissenschaftlich repräsentiert wird. Dies kann man anhand des Trilemmas deutlich machen, in das Thomas Waschke den ID-Ansatz nach einem Zitat von Martin Neukamm führen möchte:

Das Trilemma. „Entweder, ID kann zeigen, dass es sich bei den postulierten Schöpfungsakten um Erfahrungstatsachen handelt. Die zweite Möglichkeit bestünde darin, 'Intelligent Design so auszuformulieren, dass es über ein System von Gesetzesaussagen und Mechanismen verfügt, die sich derart konsistent und erklärungs mächtig in die Wissenschaftslandschaft eingliedert, dass es eine ernstzunehmende Konkurrenz zu evolutionären Betrachtungen darstellt.'“ Oder ID müsse drittens eine eliminative Induktion leisten, d. h.: „Man müsste alle denkbaren 'Pfade' der organismischen Entwicklung kennen und zeigen können, dass bestimmte Merkmale unter den einst herrschenden Randbedingungen nicht entstehen konnten" (Zitat von Martin Neukamm (http://www.evolutionsbiologen.de/junker_axonas.pdf) in Waschkes Artikel).

Da ID weder zu den Eigenschaften des Designers noch zu dessen Methode der Schöpfung irgendwelche Aussagen mache, stünden die beiden ersten genannten Alternativen nicht zur Verfügung.

Das Trilemma evolutionstheoretisch. Doch wie sehen diese beiden ersten Möglichkeiten im Hinblick auf die verschiedenen Evolutionstheorien aus?

1. Der postulierte Evolutionsablauf stellt sicher ebenfalls keine Erfahrungstatsache dar; er wird nur anhand von Indizien hypothetisch rekonstruiert. Die bezüglich *Mechanismen* einzigen derzeit beobachtbaren Tatsachen sind meist geringfügige Veränderungen, deren Extrapolation in Entwicklungssackgassen führt (das gilt auch für größere Änderungen im Sinne des Evo-Devo-Ansatzes). Darüber hinaus wird die postulierte Evolution nur durch unterschiedliche Analogieschlüsse unterstützt, nicht durch Extrapolation heutiger Prozesse (s. u.).

2. Diese Evolutionstheorien verfügen ebenfalls nicht über ein System von Gesetzesaussagen und Mechanismen, wenn es um Makroevolution geht. Den Evolutionsalgorithmus, aus dem Makroevolution erschlossen werden kann, gibt es nicht. Stattdessen wird regelmäßig auf vergleichend-biologische Betrachtungen zurückgegriffen, wenn es um die Beschreibung oder

gar Erklärung bei der Entstehung evolutionärer Neuheiten geht. Es geht in der anstehenden Frage um die Existenzberechtigung von „ID“ aber gerade um *Mechanismen*. Dass die bekannten Mechanismen keine Makroevolutionsprozesse begründen, habe ich zusammenfassend im Artikel „Was erklärt die Evolutionstheorie“ dargestellt (<https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/a03.pdf>; Details dazu in „Evolution - ein kritisches Lehrbuch“: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>).

Der Zwischenstand ist somit nach zwei Dritteln 0:0.

Design-Signale und Analogieschluss. Thomas Waschke wirft zu Beginn des dritten Teil des Trilemmas die Frage auf, „wie ID nun trotzdem als Wissenschaft betrieben werden kann“. Er verweist hier darauf, dass ID den Anspruch erhebt, eine Signalerkennungstheorie zu sein. Gemeint ist damit, dass es Kennzeichen von Lebewesen (sog. „*Design-Signale*“) gebe, die auf einen intelligenten Urheber hinweisen (s.o.). Eine Signalerkennungstheorie sei jedoch – so Waschke – nicht möglich, wenn man gar nicht wisse, was ein Signal sei.

Hier verweisen ID-Befürworter jedoch auf Kennzeichen von menschlichem Design, als da wären: Zweckmäßige Konstruktionen mit funktioneller Interdependenz und nichtreduzierbarer Komplexität, Modularität und Wiederverwendung von Bauelementen und vieles andere (was hier aus Platzgründen nicht dargestellt werden kann). Durch die Analogie mit technischem Design ist also sehr wohl klar, was ein Design-Signal ist. Damit ist zugleich ein Kriterienkatalog für die wissenschaftliche Prüfung vorgegeben. Dies erkennt Waschke aber nicht an. Begründung: Der Analogieschluss von technischem auf lebendiges Design sei „nicht möglich, denn die interessanten Systeme, nämlich die Lebewesen, haben eine Eigenschaft, die sie von allen genannten Systemen unterscheidet: sie sind zur Selbstvermehrung fähig, eben zu ‘descent with modification’.“ Das sei „genau der Punkt, der den Schluss von Artefakten auf Naturgegenstände unmöglich macht.“ Da Waschke meinen Genesisnet-Artikel über ID zitiert (Kontroverse um „Intelligent-Design“, https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p1622.php, dort der Abschnitt „Was bringt die Fortpflanzungs- und Evolutionsfähigkeit?“), wundert es mich, dass er nicht auf meine Entgegnung dieses Gegenarguments eingeht. Auch im Internet-Artikel „Wissenschaft im Rahmen des Schöpfungsparadigmas“ befasste ich mich mit dieser Frage (<https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/a02.a02.pdf>, S. 50f.).

Die Antworten lauten dort:

1. Die Tatsache, dass Lebewesen fortpflanzungs- und evolutionsfähig sind, stellt den Analogieschluss nicht in Frage, weil nie gezeigt wurde, dass diese Eigenschaften etwas mit der Entstehung von Design zu tun haben, und weil diese Eigenschaften das *tertium comparationis* daher nicht in Frage stellen.
2. Das zusätzliche Merkmal der Fortpflanzungs- und Variationsfähigkeit erfordert nach allem, was wir über die biologischen Grundlagen sich fortpflanzender und entwickelnder Systeme wissen, eine hochvernetzte Interaktion zwischen Informationsträgern und den korrespondierenden morphologisch-funktionellen Merkmalen. Das biologische Design dafür verweist *erst recht* auf intelligente Planung. Der Schuss geht also nach hinten los. Auf dem Blog von Christoph Heilig hat Klaus Lange vor kurzem einen Beitrag veröffentlicht, in dem er zeigt, dass man programmiertechnisch mittlerweile in der Lage ist, diese Merkmale von Lebewesen ebenfalls teilweise „nachzumachen“ (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2007/03/klaus-lange-zur-vergleichbarkeit-von.html>).

3. Lebewesen besitzen nichtreduzierbar komplexe Strukturen, die nach gegenwärtigem Kenntnisstand durch natürliche Vorgänge nicht sukzessive entstehen können. Das Mehr-Generationen-Argument hilft in solchen Fällen nicht weiter. Hinzu kommt noch: Solange es Leben noch nicht gab, waren die Merkmale „Fortpflanzungs- und Evolutionsfähigkeit“ noch gar nicht etabliert.

Wir wissen also aus vielerlei Beispielen der menschlichen Kultur, dass Design durch intelligente Planung entsteht, während es keine Erfahrungstatsache ist, dass Design durch ungelenkte Prozesse entsteht.

Machen wir uns das Argument an einem Beispiel klar: Thomas Waschke schreibt: „Wir kennen die Eigenschaften beispielsweise von Stein hinreichend, um beurteilen zu können, dass die bekannten Mechanismen der Erosion keine Präsidentenköpfe aus dem Gestein des Mt. Rushmore formen können.“ Nach heutigem chemischem Wissen kann man mit Fug und Recht entsprechend argumentieren: Wir kennen die Eigenschaften kettenförmiger Makromoleküle wie Proteine und DNA hinreichend, um festzustellen, dass ihre Synthese und Existenz zwar im Einklang mit den bekannten physikalisch-chemischen Gesetzmäßigkeiten stehen, diese aber für eine plausible präbiotische (zufällige, ungesteuerte) Synthese der Makromoleküle nicht hinreichend sind. Das ist eine empirisch bestens begründete und vielfach bewährte Aussage.

Aus alledem folgt freilich nicht, *wer* das Design verwirklicht hat. Darum geht es bei ID aber auch gar nicht. Ohne Offenbarung kann es keine Identifikation des Designers der Lebewesen geben. Einen wissenschaftlich zwingenden Schluss auf einen *göttlichen* Designer ist daher unmöglich. (Daher stimmt dieser Satz: „Aber niemand käme auch auf die Idee, einen Faustkeil als Argument für Außerirdische zu verwenden.“ Er wird an ihm aber Design-Signale erkennen.)

Das positive Analogie-Argument bewährt sich und ist daher alles andere als ein gescheiterter Versuch wissenschaftlicher Deutung.

Argumentum ad ignorantiam. An dieser Stelle seien noch einige Anmerkungen zum „argumentum ad ignorantiam“ angefügt, welches besagt: Wir wissen nicht, wie lebendige Systeme ohne planerische Eingriffe entstehen konnten, also haben sie Planung benötigt. Thomas Waschke behauptet, die Naturwissenschaft würde eben doch Mechanismen kennen, die zumindest das Potenzial besitzen, Neuheiten in der Evolution entstehen zu lassen. Das bestreite ich. Wenn die gegenwärtig favorisierten Mechanismen, die nur zum Teil experimentell fassbar sind, extrapoliert werden (wie Waschke empfiehlt), gelangen wir nicht zu einer allgemeinen Evolution aller Lebewesen, sondern in phylogenetische Entwicklungssackgassen. Das Variationspotential, das in den Lebewesen (empirisch nachweisbar) steckt, wird zunehmend ausgereizt. (Dies wird im Detail an anderer Stelle begründet: „Artbildung“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41244&Sprache=de&l=1> und „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>.) Daher kann die Evolutionstheorie nicht mit dem Vorsprung einer Extrapolationsmöglichkeit gegenüber ID auftrumpfen, während ID nur einen vermeintlich fragwürdigen Analogieschluss anzubieten habe. Tatsächlich wird Makroevolution selbst mit Analogieschlüssen begründet, so vor allem durch vergleichend-biologische Daten (Ähnlichkeiten der Lebewesen). Warum dies ein Analogieschluss ist, habe ich an anderer Stelle kurz dargestellt (<https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/f03.pdf>).

Immunisierung gegen Kritik? Thomas Waschke schreibt weiter: „Dazu kommt noch eine weitere Asymmetrie: wenn die Entstehung einer Struktur naturalistisch erklärt wurde, kann ID immer noch sagen, dass es durchaus noch andere Strukturen gibt, deren Genese eben noch nicht erklärt werden kann.“ In meinem Genesisnet-Artikel über „nichtreduzierbare Komplexität“ habe ich dazu Stellung genommen („Nichtreduzierbare Komplexität“, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf). Selbstverständlich muss nicht für *jede* Struktur nachgewiesen werden, dass eine evolutive Entstehung möglich ist. Wenn dieser Nachweis einige Male gelingt, so steigt die Plausibilität, dass dies auch bei *vergleichbar komplexen* Strukturen möglich ist. Es sei in aller Deutlichkeit gesagt: Nicht „erst wenn alles erklärt wurde, ist kein Designer mehr plausibel“, sondern bereits dann, wenn *eines* der komplexesten Designs naturalistisch erklärt würde. Das ist eine Einladung zum Falsifizieren und alles andere als eine Immunisierungsstrategie. Waschke meint dagegen. „Ein einziges Beispiel für Design würde auf der anderen Seite den Naturalismus endgültig widerlegen. Daher ist die naturalistische Position viel leichter prüfbar.“ Dass Design durch intelligente Planung entsteht, ist aber längst gezeigt, und der Naturalismus zieht sich auf ein „wissen wir noch nicht“ zurück und immunisiert damit seine Position gegen Kritik.

Weshalb ID Forschung beleben könnte. Welchen Platz im Haus der Naturwissenschaften nehmen Theorien zur Herkunft des Lebens tatsächlich ein? Bilden sie das Fundament, auf dem alles Wissen ruht oder bestimmen sie eher die Architektur des Bauwerkes? ID hat wie die Evolutionslehre die Ursprungsfrage des Lebens zum Thema. Beide Ansätze greifen auf empirisches Vorwissen zurück (z. B. vergleichende Anatomie, Biochemie, Molekularbiologie, Paläontologie etc.). Für alle Bereiche der morphologischen, physiologischen oder molekularbiologischen Analyse biologischer Phänomene (z. B. des Sehvorganges oder der Nierenfunktion) gilt, dass eine Beschreibung gelingt, „ohne dass auf nur eine evolutionsbiologische Aussage zurückgegriffen werden müsste“ (M. Gutmann: Begründungsstrukturen von Evolutionstheorien. In: U. Krohs & G. Toepfer: Philosophie der Biologie. Frankfurt/M, 2005, S. 259). Interessanterweise führt auch das Fragen nach dem „Woher“ – egal ob durch die Evolutionsbiologie oder durch ID motiviert – ständig zu neuen Fragen nach dem „Wie“ des biologischen Seins. Aus diesem Grund hat ID eine Existenzberechtigung in der Wissenschaft. Aus dem ID-Ansatz folgen Fragestellungen, die zu Wissenszuwachs führen werden, wenn man sich ihnen widmen würde. Für die Ursprungsfrage scheint es angemessen, einen breiteren Forschungsansatz gelten zu lassen als den, der nur naturgesetzmäßig Erfassbares berücksichtigt (siehe dazu „Ist Intelligent Design wissenschaftsfeindlich?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=86&FG=4>).

In der Ursprungsfrage geht es darum, auf der Grundlage gegenwärtig verfügbarer Befunde einen hypothetischen vergangenen Prozess zu rekonstruieren. Ein solcher Prozess kann nur beschreibend simuliert, nicht aber direkt untersucht werden. Wer die Option ID offenhält, wird nicht nur versuchen, das Potential gesetzmäßig beschreibbarer Prozesse auszuloten, sondern auch aktiv nach Indizien für Planung (Design-Signalen) suchen. Das Mittel dazu ist Naturwissenschaft, auch wenn der Schluss auf das Wirken eines Designers über Naturwissenschaft hinausgeht. Wer diese Option ID ausschließt, versagt sich möglicherweise Erkenntnisse, die er mit dieser Option gewinnen könnte.

Weiterer Link

Antwort auf den zitierten Artikel von Martin Neukamm: Kontroverse über Wissenschaft und „Intelligent Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=76>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n78.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.11.06 Aktualisierter Text über „irreduzible Komplexität“

In der Diskussion um „Intelligent Design“ (ID) (Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) spielt irreduzible Komplexität („irreducible complexity“) bei Lebewesen eine besondere Rolle. Ein System ist irreduzibel komplex, wenn es *notwendigerweise* aus *mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden* Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines *beliebigen* Teils die Funktion *restlos* zerstört. Aus Erfahrung ist bekannt, dass eine *zweckorientierte* irreduzible Komplexität bei *technischen* Systemen nur durch Einsatz von Know how und Planung möglich ist.

Trifft dies auch auf die Lebewesen zu? Dazu müsste zum einen gezeigt werden, dass es tatsächlich irreduzibel komplexe Systeme bei den Lebewesen gibt. Zum anderen wäre der Nachweis erforderlich, dass solche Systeme durch bloße Mechanismen nicht entstehen können. Von Kritikern wird beides bestritten. Eine Reihe von Mechanismen wurde vorgeschlagen, wie irreduzible Komplexität auf natürlichem Wege aufgebaut werden kann, ohne Planung und ohne Wirken eines Designers.

Im aktualisierten Artikel Irreduzible Komplexität (https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf, PDF-Datei, ca. 170 KB) wird gezeigt, dass die vorgebrachten Kritikpunkte das evolutionskritische Argument der irreduziblen Komplexität nicht entkräften. Der Bogen spannt sich dabei von der vermeintlich reduzierbaren Mausefalle bis zu Themen wie „Kooption“, „Funktionswechsel“, „Genduplikation“, Vorstufen des berühmten Bakterien-Rotationsmotors bis zu einem behaupteten experimentellen Nachweis der evolutiven Entstehung von irreduzibler Komplexität (zu Letzterem vgl. auch: Wissenschaftliche Kontroverse über irreduzible Komplexität, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=64>).

Außerdem wird auf wissenschaftstheoretische Aspekte im Zusammenhang von irreduzibler Komplexität und „Intelligent Design“ eingegangen. **Es wird gefolgert, dass das Konzept der irreduziblen Komplexität als Impulsgeber für Forschung wirken kann.** Je mehr ein System erforscht ist, desto eher kann irreduzible Komplexität und das daran ansetzende evolutionskritische Argument plausibel gemacht – oder auch zerstreut – werden. Dies ist nur *ein* Beispiel dafür, dass der ID-Ansatz Forschung nicht hemmt, sondern unter Umständen sogar mehr anregt, als wenn offene Fragen als scheinbar evolutionstheoretisch gelöst betrachtet werden. Angesichts der in den Medien verbreiteten unzutreffenden Behauptung, der ID-Ansatz sei wissenschaftsfeindlich, kann auf diesen Sachverhalt nicht genug hingewiesen werden.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n74.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.05.06 Wissenschaftliche Kontroverse über irreduzible Komplexität

In der aktuellen Diskussion um „Intelligent Design“ (ID) ist eine der Standardbehauptungen, dass es zu diesem Thema keine *wissenschaftliche* Diskussion gebe, weil es nichts zu diskutieren gebe. Nun ist ausgerechnet in der angesehenen Wissenschaftszeitschrift *Science* ein Artikel erschienen (Bridgham et al. 2006), der sich anhand naturwissenschaftlicher Befunde mit einem Hauptargument für ID auseinandersetzt, nämlich dem Konzept von „irreduzibler Komplexität“ (IC). Ein biologisches System ist irreduzibel komplex, wenn es *notwendigerweise* aus *mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden* Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines *beliebigen* Teils die Funktion *restlos* zerstört (Behe 1996; 2001). Ein solches System wird als **IC-System** bezeichnet. Darauf kann ein sog. IC-Argument wie folgt aufgebaut werden: **Es ist nicht möglich, ein IC-System schrittweise durch ungerichtete graduelle Prozesse aufzubauen.**

Die Arbeit von Bridgham et al. wurde als so bedeutsam eingestuft, dass in derselben *Science*-Ausgabe auch ein Kommentar dazu von Christoph Adami erschien. Nachdem dieser Kommentator die Ergebnisse von Bridgham et al. erläutert hatte, kam er paradoxerweise zum Schluss: „Consequently, whatever debate remains must be characterized as purely political.“ Sein eigener Kommentar widerlegt dies jedoch, denn er geht auf das IC-Konzept und das IC-Argument mit ausschließlich naturwissenschaftlichen Argumenten ein.

Zur Sache: Adami behauptet, die Arbeit von Bridgham et al. habe gezeigt, wie ein IC-System durch evolutive Prozesse entstehen kann, nämlich durch eine Genduplikation und wenige Punktmutationen. Das IC-Argument wäre damit widerlegt. Bevor im Folgenden darauf eingegangen wird, sei darauf hingewiesen, dass damit bestätigt wird, dass ID-Argumente widerlegbar sind, und dass dies nichts mit „Politik“, sondern nur mit „Wissenschaft“ zu tun hat.

Was haben Bridgham et al. gezeigt? Es geht um die Bindung von Hormonen an Rezeptorproteine. Solche Rezeptoren triggern Signalkaskaden in der Zelle, die durch die Bindung der Hormone an Rezeptoren in Gang gesetzt werden. Dadurch werden spezifische physiologische Vorgänge ausgelöst. Die Ergebnisse der Experimente von Bridgham können in wenigen Sätzen beschrieben werden (nach Behe 2006): Die Autoren starteten ihre Experimente mit einem Rezeptorprotein, welches die Fähigkeit besaß, mit drei verschiedenen Steroidhormonen (Aldosteron, Cortisol and 11-Deoxycorticosteron [DOC]) stark zu interagieren. Durch Punktmutationen interagierte dieses Protein viel schwächer mit diesen drei Steroiden. Eine bereits vorhandene Fähigkeit wurde also abgeschwächt. Soweit der nackte *experimentelle* Befund. Er belegt offenkundig in keiner Weise die Entstehung von IC und es stellt sich angesichts dieses Befundes die **Frage, weshalb die Autoren und der Kommentator die evolutive Entstehung eines IC-Systems gezeigt haben wollen.** Dazu muss etwas ausgeholt werden.

Die Autoren rekonstruierten einen *hypothetischen* Vorläufer-Rezeptor (VR), von dem zwei *heute vorkommende* Rezeptor-Typen evolviert sein sollen, nämlich der **Glucocorticoid-Rezeptor** (GR) und der **Mineralocorticoid-Rezeptor** (MR). MR und GR üben verschiedene Signalfunktionen aus (Bridgham et al. 2006, 97). Die heutigen Rezeptoren sollen durch eine Genduplikation (ein hypothetisches Ereignis; das Vorkommen von Genduplikationen ist aber grundsätzlich experimentell belegt) und durch Punktmutationen aus dem VR entstanden sein.

Der künstlich hergestellte hypothetische VR kann wie das heutige MR die strukturell ähnlichen Hormone Aldosteron, Cortisol und DOC (s.o.) stark binden (vgl. Abb. 1). Zur Zeit, als der VR (auf unbekannte Weise) entstand (nämlich nach evolutionstheoretischen Vorstellungen vor 450 Millionen Jahren), gab es aber noch kein Aldosteron (dies wird indirekt durch vergleichende Studien an heutigen Organismen erschlossen und soll hier *zugunsten des evolutionstheoretischen Arguments* nicht problematisiert werden). Damit muss die Aldosteron-Affinität des VR damals ein Nebenprodukt der Affinität zu den anderen Steroidhormonen gewesen sein.

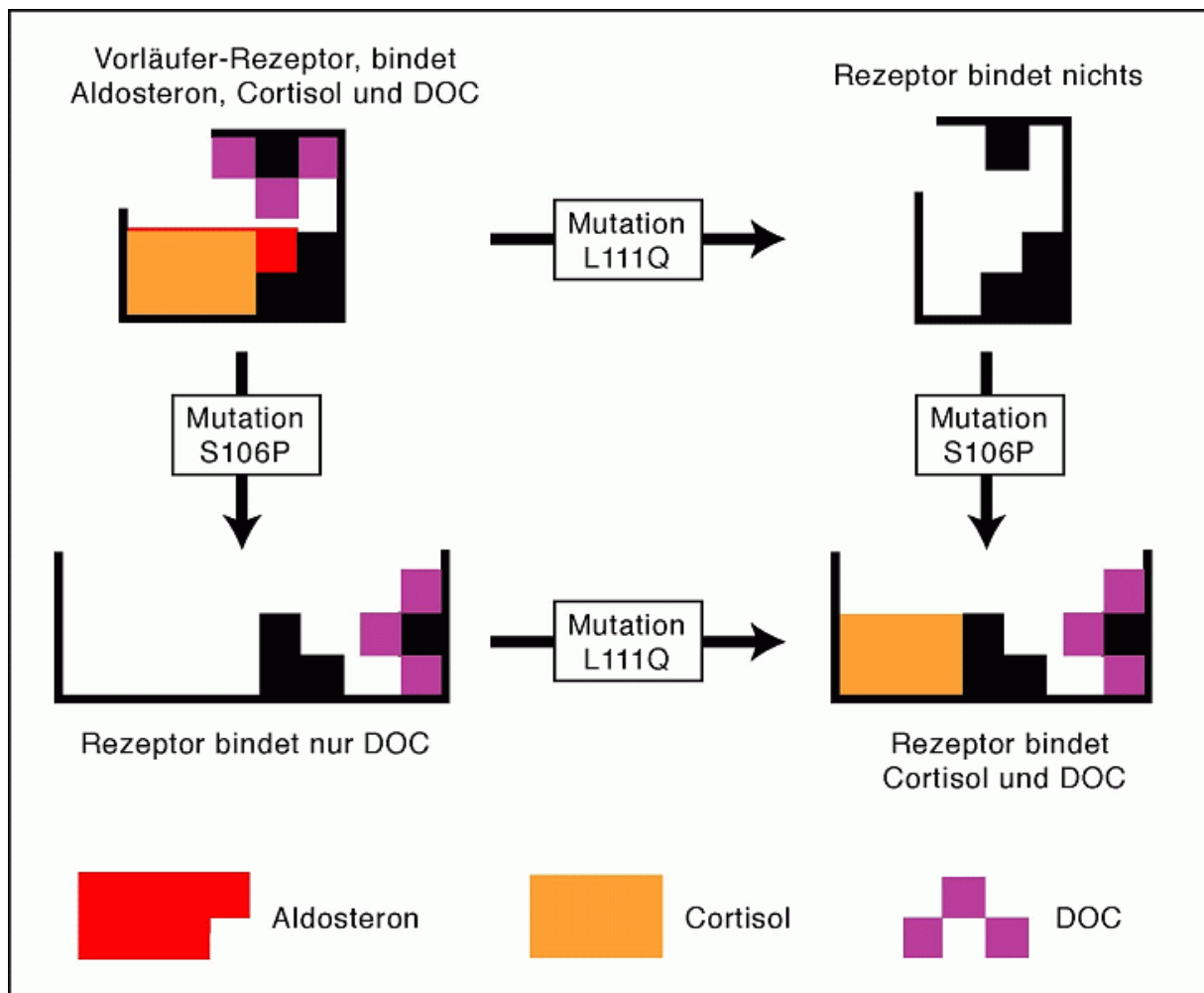


Abb. 1: Mutationen an Rezeptor. Dieses Bild zeigt links oben schematisch den hypothetischen Vorläufer-Rezeptor, der Aldosteron, Cortisol und DOC bindet. Die Mutation L111Q führt zum Verlust der Bindungsfähigkeit des Rezeptors (dargestellt durch Verformung der Bindungstasche). Die Mutation S106P führt dazu, dass Aldosteron und Cortisol nur noch sehr schwach gebunden werden können, während DOC unverändert gebunden werden kann. Beide Mutationen zusammen erlauben wieder eine starke Bindung von Cortisol; Aldosteron passt jedoch nach wie vor nicht mehr. Nach Adami C (2006) Reducible Complexity. Science 312, 61-63.

Durch zwei Aminosäureaustausche gelangte man nun vom VR ausgehend zum GR, der Cortisol und DOC, nicht aber Aldosteron binden kann. Treten die beiden dazu erforderlichen Mutationen nacheinander auf, so führt dies entweder über eine Zwischenstation, in der der Rezeptor die drei Hormone gar nicht oder nur ganz schwach binden kann oder auf der er DOC und die anderen beiden Hormone nur schwach binden kann (Abb. 1 rechts oben bzw. links unten). Die jeweils zweite Mutation führte dann zum heutigen GR, das die (in diesem Szenario erneute!) Fähigkeit besitzt, Cortisol (stärker) zu binden (während Aldosteron nach

wie vor nicht mehr gebunden wird) (in Abb. 1 die Schritte nach rechts unten). Das andere Duplikat des VR wurde zum heutigen MR, das wie der VR alle drei Hormone binden kann.

Bridgham et al. heben hervor, dass die Aldosteron-Sensitivität des MR schon in seinem VR-Vorläufer vorhanden war, *bevor es das Aldosteron überhaupt gab* (s. o.). Der VR und seine Nachfolger waren also präadaptiert für eine Sensitivität für Aldosteron. Dieser (nur indirekt erschlossene!) Vorgang ist es, der von Bridgham et al. und Adami als Beleg für die Evolution einer IC-Struktur gewertet wird: „This evolutionary scenario – recruiting an ancient receptor into partnership with a novel ligand ...“ (Bridgham et al. 2006, 100).

Aus den vorstehenden Beschreibungen geht hervor (wie oben kurz dargestellt), dass die einzigen Vorgänge dieses Szenarios, die experimentell belegt sind, die Folgen der beiden beschriebenen Punktmutationen sind (wie in Abb. 1 dargestellt).

Gegen die Interpretation dieser Vorgänge als Belege für die evolutive Entstehung von IC gibt es schwerwiegende Einwände (die meisten Einwände im Folgenden nach Behe 2006):

1. Selbst wenn der Erwerb der Affinität zu Aldosteron der VR (bzw. späteren MR) ein zufällig passendes Nebenprodukt war (wie oben beschrieben), handelt es sich doch um ein strukturell ähnliches Molekül im Vergleich zu Cortisol und DOC.
2. Es handelt sich nach der Definition von Behe (s. o.) gar nicht um ein IC-System, da es nur aus einem einzigen Protein (Rezeptor) und seinem Liganden (dem Hormon) besteht. Das Rezeptor-Hormon-Paar ist dabei nur ein kleiner Teil einer Signalübertragskaskade, die andere komplexe physiologische Prozesse reguliert. Rezeptor-Liganden-Paare besitzen für sich alleine selektierbare Funktionen (vgl. dazu auch Nelson 2006). Es wird also nur ein für sich alleine funktionsloser Teil eines IC-Systems betrachtet.
3. Im Experiment wurden weder neue Komponenten hinzugefügt noch alte entfernt.
4. Es wurde die schon vorhandene Fähigkeit eines Proteins, bestimmte (ähnliche) Moleküle zu binden, lediglich geschwächt. Die Experimente starteten mit einem Protein, welches mehrere strukturell sehr ähnliche Steroide stark binden kann und hatten als Ergebnis ein Protein, das zwei der Steroide höchstens 10malschwächer binden konnte.

Stephen C. Meyer vom Discovery Institut (Seattle) kommentiert diese Ergebnisse wie folgt: Wenn diese Experimente das Beste sind, das Michael Behes Kritiker nach zehn Jahren Widerlegungsbemühungen vorweisen können, dann ist der Neodarwinismus in großen Schwierigkeiten. Ob *Science* die Größe haben wird, eine Stellungnahme von Michael Behe zu publizieren?

Quellen

Adami C (2006) Reducible Complexity. *Science* 312, 61-63.

Behe MJ (1996) *Darwin's Black Box: the Biochemical Challenge to Evolution*. New York.

Behe MJ (2001) Reply to my critics: A response to reviews of *Darwin's Black Box: the Biochemical Challenge to Evolution*. *Biol. Philos.* 16, 685-709.

Behe M (2006) The Lamest Attempt Yet to Answer the Challenge Irreducible Complexity Poses for Darwinian Evolution.

www.idthefuture.com/2006/04/the_lamest_attempt_yet_to_answ.html

Bridgham JT, Carroll SM & Thornton JW (2006) Evolution of Hormone-Receptor Complexity by Molecular Exploitation. *Science* 312, 97-100.

Nelson P (2006) How to Explain Irreducible Complexity – A Lab Manual (Step One; to be continued). www.idthefuture.com/2006/04/how_to_explain_irreducible_com_1.html

Meyer SC (2006) Responds to Research on Irreducible Complexity.

www.discovery.org/scripts/viewDB/index.php?command=view&id=3406

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n64.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.09.05 Sechs aktuelle Fragen zu Schöpfung und Intelligent Design beantwortet

Anlässlich zahlreicher kritischer Artikel über Schöpfungslehre und Intelligent Design, die in jüngster Zeit veröffentlicht wurden, wurden weitere Antworten auf oft gestellte Fragen unter der Rubrik „Fragen und Antworten“ zusammengestellt. Es handelt sich um folgende Themen:

- Worin unterscheiden sich Schöpfungs- und Evolutionslehre?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=75&FG=3>
- Widersprechen sich Schöpfung und Evolution?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=76&FG=5>
- Ist „Intelligent Design“ wissenschaftlich testbar und widerlegbar?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=77&FG=4>
- Fördert der Ansatz der Schöpfungslehre und des „Intelligent Design“ Forschung?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=78&FG=1>
- Ist der Bezug auf einen Schöpfer in der Wissenschaft erlaubt?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=79&FG=1>
- Worin unterscheiden sich Kreationismus und „Intelligent Design“?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=80&FG=1>

Eine weitere Liste solcher Fragen ist unter Acht neue Fragen zur aktuellen Diskussion um Schöpfung und Intelligent Design zusammengestellt:

<https://www.genesisnet.info/index.php?News=43>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n47.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.09.05 Neuer Artikel über Irreduzible Komplexität

In der Diskussion um „Intelligent Design“ (ID) (Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) spielt irreduzible Komplexität („irreducible complexity“) bei Lebewesen eine besondere Rolle. Jedes Lebewesen enthält irreduzibel komplexe Teilsysteme. Ein System ist irreduzibel komplex, wenn es *notwendigerweise* aus *mehreren fein aufeinander abgestimmten, interagierenden* Teilen besteht, die für eine bestimmte Funktion benötigt werden, so dass die Entfernung eines *beliebigen* Teils die Funktion *restlos* zerstört. Die evolutive Entstehung solcher Systeme auf der Basis ungerichteter Prozesse ist unbekannt. Aus Erfahrung ist jedoch bekannt, dass irreduzible Komplexität durch Einsatz von Know how und Steuerung von außen möglich ist.

Im neuen Artikel zu diesem Thema „Irreduzible Komplexität“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1624&Sprache=de&l=2>) wird genauer erläutert, was irreduzible Komplexität (IC) ist und gezeigt, weshalb die Entstehung von IC durch ungerichtete evolutive Prozesse derzeit unbekannt ist. Außerdem wird gezeigt, weshalb IC auch positiv als Argument für einen intelligenten Urheber gewertet werden kann: Irreduzible Komplexität kann als *tertium comparationis* zwischen technischen und lebendigen Systemen dienen, so dass in einem Analogieschluss beim Nachweis von irreduzibler Komplexität auf einen Urheber geschlossen werden kann.

Gegen das evolutionskritische IC-Argument wurde eine Reihe von Kritikpunkten vorgebracht; im Artikel wird gezeigt, dass diese nicht stichhaltig sind. Außerdem wird auf wissenschaftstheoretische Aspekte im Zusammenhang von IC und „Intelligent Design“ eingegangen. Dabei werden folgende Fragen behandelt:

- Ist IC empirisch prüfbar?
- Ist IC widerlegbar?
- Kann eine IC-Struktur sprunghaft entstehen?
- Verhindert der Verweis auf IC Forschung?
- Beruht das IC-Argument auf Nichtwissen?
- Kann bewiesen werden, dass IC nicht evolvierbar ist?
- Fördert das IC-Konzept Forschung?
- Ist der Bezug auf einen Designer erlaubt?

Es wird gefolgert, dass das IC-Konzept als Impulsgeber für Forschung wirken kann: Das IC-Konzept regt an, genau hinzuschauen. Nur ein detailliertes Studium eines IC-verdächtigen Systems kann zeigen, ob es wirklich IC ist, und nur die weiter verbesserte Kenntnis der Evolutionsmechanismen kann die Plausibilität einer evolutiven Entstehung einer IC-Struktur begründen, erhöhen oder verringern. Das Ergebnis steht dabei nicht von vornherein fest.

Eine ausführlichere Version des Artikels kann auch als PDF (Irreduzible Komplexität, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf) heruntergeladen werden.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n45.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.08.05 Acht neue Fragen zur aktuellen Diskussion um Schöpfung und Intelligent Design

Diesen Sommer erschienen in der Tages- und Wochenpresse fast pausenlos kritische Artikel über Schöpfungslehre und Intelligent Design. Auf viele Einwände gegen diese Denkrichtungen gibt es längst publizierte Antworten. Diese wurden den Lesern jedoch fast immer vorenthalten. Die Autoren waren daher entweder nicht informiert und haben schlecht oder gar nicht recherchiert (jedenfalls nicht aus erster Hand) oder haben bekannte Informationen unterschlagen. Ein krasses Beispiel wird in „Desinformation über das evolutionskritische Lehrbuch“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?News=41>) geschildert.

Einige Standardkritikpunkte stehen mittlerweile unter „Fragen und Antworten“ auf *Genesisnet*, im Einzelnen:

Ist die Evolutionslehre falsifizierbar?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=71&FG=101>

Sind in der Schöpfungslehre konkrete, falsifizierbare Vorhersagen möglich?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=69&FG=1>

Kann man unter der Vorgabe von Schöpfung ergebnisoffene Wissenschaft betreiben?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=67&FG=1>

Ist die Schöpfungslehre forschungsfeindlich, weil alles mit dem Handeln eines Schöpfers erklärt wird?, <https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=68&FG=1>

Ist Gott als Schöpfer ein „Lückenbüßer“ für Unverstandenes?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=73&FG=1>

Kann man Wissenschaft betreiben, wenn eine Schöpfung dabei nicht in Frage gestellt wird?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=70&FG=1>

Ist das Fehlen eines Mechanismus ein Argument gegen „Intelligent Design“?,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=72&FG=4>

Außerdem wurde der Expertenteil des Artikels „Argumente gegen Design“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1641&Sprache=de&l=2>) um zwei

Abschnitte ergänzt: „Design-Fehler, Forschungsanreize und Testbarkeit“ sowie „Design und Constraints“.

Da in der Auseinandersetzung um Schöpfung und Evolution häufig beteuert wird, man wolle niemandes Glauben angreifen, wird in „Welches Gottesbild verträgt sich mit einer naturalistischen Evolution?“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=74&FG=5>) gezeigt, dass dies letztlich nicht den Tatsachen entspricht. Anhand einer Reihe von aktuellen Zitaten von drei deutschen Autoren wird gezeigt, dass es sehr wohl darum geht, schöpfungsgläubige Menschen durch Vermittlung eines konsequent evolutionistischen Weltbildes von der Unhaltbarkeit ihrer Glaubensbasis zu überzeugen. Das gehört selbstverständlich zur

Ausübung der Meinungsfreiheit in unserem Land. Allerdings kann man sich des Eindrucks nicht ganz erwehren, dass diese Bemühungen den missionarischen Bestrebungen nicht unähnlich sind, welche die meisten Religionen auszeichnen.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n43.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.07.05 Neue Texte zum Thema Schöpfung, Grundtypen und Wissenschaft

Der biblische Schöpfungsbericht und andere biblische Schilderungen über Gott als Schöpfer und über sein Handeln in der Geschichte motivieren einige Postulate, die der Grundtypenbiologie (Heutige Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>) und der Design-Theorie (Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) zugrundegelegt werden können. Aus diesen Postulaten kann eine Reihe von Hypothesen abgeleitet werden, die wissenschaftlich prüfbar sind und Forschung anregen. In dem neuen Artikel „Biblische Schöpfungslehre und Grundtypenbiologie“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1221&Sprache=de&l=1>) werden folgende Postulate zusammengestellt und begründet:

1. Alle Lebewesen waren ursprünglich optimal konstruiert.
2. Alle Lebewesen starteten ihre Existenz als polyvalente, abgegrenzte Grundtypen.
3. Die Lebewesen sind nur im Rahmen der vorgegebenen Polyvalenz zu Variation fähig.
4. Es gibt in großem Ausmaß inkongruente Merkmalskombinationen bei den verschiedenen Grundtypen (modulares Baukastensystem)
5. Alle Grundtypen sind geologisch gesehen gleichzeitig entstanden.

Aus diesen Postulaten können testbare und falsifizierbare Hypothesen abgeleitet werden – acht Hypothesen werden zusammengestellt.

Ein weiterer neuer Artikel „Schöpfung und Wissenschaft“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=422&Sprache=de&l=1>) befasst sich mit einigen grundsätzlichen Fragen zum Verhältnis von Schöpfungsparadigma und empirischer Wissenschaft. Es wird gezeigt, wie unter der Vorgabe von Schöpfung fruchtbare, erkenntnisfördernde Wissenschaft betrieben werden kann. Wichtig ist die Unterscheidung zwischen dem Rahmenparadigma einerseits und konkreten Hypothesen innerhalb von diesem Rahmen andererseits. Mit Hypothesen, die im Rahmen des Schöpfungsparadigmas aufgestellt werden, kann man genauso verfahren wie mit evolutionären Hypothesen: sie sind prüfbar, widerlegbar, regen Forschung an und führen zu neuen Erkenntnissen.

In diesem Artikel wird auch eine Reihe von Argumenten diskutiert, mit denen einer Wissenschaft auf der Basis von Schöpfung das Existenzrecht bestritten wird, und es wird gezeigt, weshalb diese Argumente nicht stichhaltig und daher zurückzuweisen sind. Zu diesem Thema gibt es sowohl einen Interessierten- als auch einen Expertentext.

Schließlich wurde mittlerweile der Artikel „Wissenschaft und Weltanschauung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40463&Sprache=de&l=1>) ausgebaut und ist nun auch als Expertentext verfügbar. Es wird dargelegt, dass in der Wissenschaft, insbesondere in der Ursprungsfrage unvermeidlich weltanschauliche Vorgaben den konkreten wissenschaftlichen Arbeiten zugrunde liegen. Neu sind darin die Abschnitte „Ist der Naturalismus falsifizierbar?“ und „Wird der Naturalismus methodologisch erzwungen?“. Es

wird die Schlussfolgerung gezogen, dass der Naturalismus eine weltanschauliche Vorgabe über die Welt ist, die weder empirisch noch methodisch erzwungen wird und die nicht falsifiziert werden kann.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n42.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.06.05 Neue Artikel zur Schöpfungslehre und zur Grundtypenbiologie

In zwei neuen Artikeln geht es um biblische Grundlagen einer schöpferorientierten Wissenschaft und um Kritik an der Grundtypenbiologie. Im Artikel „Biblische Grundlagen der Schöpfungslehre“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=421&Sprache=de&l=1>) sind einige grundlegende Aussagen der Bibel zum Thema „Schöpfung“ zusammengestellt. Daraus werden einige allgemeine Folgerungen für die bibelorientierte Rekonstruktion der Geschichte des Lebens gezogen.

Im Artikel „Kritik an der Grundtypenbiologie“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1246&Sprache=de&l=1>) wird Kritik vorgestellt, die an der Grundtypenbiologie geübt wurde. Der Ansatz der Grundtypenbiologie wurde bisher von der Fachwelt nur wenig beachtet. Hier und da wurden in den letzten Jahren aber vermehrt Kritikpunkte geäußert. Manchmal zeigte sich, dass der Kritiker mit den Inhalten der Grundtypenbiologie praktisch überhaupt nicht vertraut war (ein Beispiel schildert „Grundtypenmodell der Schöpfungslehre widerlegt?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=23>). Es wurde aber auch seriösere Kritik geäußert. Auf diese wird in diesem neuen Artikel ausführlich eingegangen. Es wird gezeigt, dass entgegen der Ansicht der Kritiker die Ansätze der Grundtypenbiologie prüfbar sind und Forschung anregen. Vermeintliche Widersprüche innerhalb der Grundtypenbiologie werden aufgelöst. Im Expertenteil („Kritik an der Grundtypenbiologie“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1246&Sprache=de&l=2>) wird dabei auch auf die Frage eingegangen, inwiefern Tests des Grundtypenmodells auch Tests auf Schöpfung sind.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n39.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.05.04 Lesenswerte Sammlung von 15 persönlichen Berichten von Wissenschaftlern

Wie bringen wissenschaftlich arbeitende Christen den biblischen Glauben und das Wissen Ihres Fachgebietes zusammen? Und was führte sie dazu, sich im Rahmen der biblischen Schöpfungslehre wissenschaftlich zu engagieren? Dies schildern 15 Mitarbeiter der Studiengemeinschaft Wort und Wissen in persönlichen Zeugnissen erfrischend offen in einem sehr lesenswerten und kurzweilig geschriebenen Buch: **Mit Kopf und Herz. Bekenntnisse zum Gott der Bibel im Zeitalter der Wissenschaft**; hgg. von Henrik Ullrich (Pb., 158 S., 44 Abb., nur 5,95 Euro / 11,90 sfr). Nähere Informationen, eine Inhaltsübersicht und eine Bestellmöglichkeit gibt es unter: <https://www.wort-und-wissen.org/produkt/mit-kopf-und-herz/>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n20.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

26.03.04 Drei neue Artikel zu „Intelligent Design“ online

Der Grundgedanke des „Intelligent Design“ (ID) ist, dass man an Strukturen der Lebewesen Eigenschaften („Signale“) erkennen könne, die auf das Wirken eines intelligenten, willensbegabten Urhebers (Designer, Schöpfer) hinweisen und andere Möglichkeiten ihrer Herkunft ausschließen (insbesondere die Möglichkeit einer Evolution). Dieses Thema ist seit einigen Jahren Gegenstand intensiver Diskussionen, vor allem im Internet. Drei neue Beiträge befassen sich mit dieser spannenden Thematik. In „Einführung in Intelligent-Design“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) wird das ID-Konzept erklärt, während in „Kontroverse um Intelligent-Design“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1622&Sprache=de&l=1>) Kritik am ID-Konzept erläutert und bewertet wird.

Es werden auch Argumente *dagegen* vorgebracht, dass ein intelligenter Urheber die Lebewesen erschaffen haben könnte. Der Artikel „Argumente gegen Design“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1641&Sprache=de&l=1>) befasst sich mit diesen Argumenten und setzt sich kritisch mit ihnen auseinander. Für an Details Interessierte werden zum Thema „ID“ und „Argumente gegen Design“ PDF-Dateien angeboten.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n16.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.01.04 Artikel über polyvalente Stammformen von Grundtypen online

In der Grundtypenbiologie

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1200&Sprache=de&l=1>) der Schöpfungslehre geht es neben der Frage nach der Abgrenzbarkeit von Grundtypen auch um die **Variabilität** innerhalb von Grundtypen. Als „Pool“ für die Vielfalt der Grundtypen wird eine genetische Vielseitigkeit (Polyvalenz) der Ursprungsformen angenommen.

Der neue Artikel "Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen"

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>) erklärt, was unter Polyvalenz von Grundtypen zu verstehen ist und welche Indizien es für eine ursprüngliche Polyvalenz gibt. Vielfalt innerhalb von Grundtypen entstand demnach nicht in erster Linie durch Mutationen, sondern auf der Basis einer **vorgegebenen programmierten** Variabilität.

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n12.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.01.04 Neuer Artikel über Mosaikformen und Baukastensysteme

Die Merkmale verschiedener „Grundtypen“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1240&Sprache=de&l=1>) und höherer systematischer Gruppen sind oft so verteilt, dass netzartige – weniger baumförmige – Beziehungen resultieren. Die verschiedenen Grundtypen scheinen nach einem „Baukastensystem“ konstruiert zu sein.

Der neue Artikel „Mosaikformen als Grundtypen und Baukastensysteme“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1261&Sprache=de&l=1>) erklärt, was unter „Mosaikformen“ zu verstehen ist und wie die Existenz von Mosaikformen im Rahmen des Grundtypmodells der Schöpfungslehre interpretierbar ist.

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n11.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Unintelligentes Design – Angebliche Evolutionsüberreste? (Auge, Rudimente...)

10.10.14 Abdominalknochen der Wale: Das Ende eines rudimentären Organs

Im Hinterleib der Wale und Delfine stecken paarige Knochen, die gewöhnlich als evolutionär bedingte Reste eines früheren Beckens von Landsäugetieren interpretiert werden. Beispiele wie diese werden oft auch als Argumente gegen Schöpfung verwendet. Dass diese Abdominalknochen nicht funktionslos sind, weil sie die Muskulatur der Geschlechtsorgane unterstützen, ist schon lange bekannt. Eine neue Studie offenbart darüber hinaus artspezifische Anpassungen, aus denen geschlossen werden kann, dass diese Knochen nicht als bloße Rückbildungen interpretiert werden können – erneut das Ende eines rudimentären Organs.

„Rudimentäre Organe“ spielen traditionell eine wichtige Rolle als Indizien für Evolution. Solche Organe gelten als rückentwickelt und funktionsschwach (oder sogar funktionslos) und werden einerseits als Belege für eine degenerative Evolution gewertet, andererseits vor allem als Argumente gegen eine planvolle Schöpfung ins Feld geführt: Ein Schöpfer würde keine unnützen Organe erschaffen; gibt es sie doch, spreche das gegen einen Schöpfer und damit für Evolution. Bereits Darwin hat auf diese Weise argumentiert.¹ Dieses Argument ist aus mehreren Gründen fragwürdig (Junker 2002, Kapitel 6); es verliert aber besonders dann an Kraft, wenn eine für die vorhandene Struktur angemessene Funktion nachgewiesen werden kann. Denn spätestens dann ist die Behauptung hinfällig, es gebe „Pfuscher am Bau“.

Ein Klassiker unter den rudimentären Organen sind die Abdominalknochen der Walartigen. Dabei handelt es sich um paarige Knochen, die sich ohne Verbindung zur Wirbelsäule im Hinterleib der Wale und Delfine befinden. Es wird gemeinhin argumentiert, dass auf dem evolutiven Weg vom Land ins Wasser die Knochen des ehemaligen Beckens und der Hinterbeine ihre Funktion verloren und sich zum heute noch vorhandenen Rest in Form der Abdominalknochen zurückgebildet hätten.

Dass die Abdominalknochen nicht funktionslos sind, ist schon länger bekannt (Yablokov 1974; Arvy 1976, Behrmann 1994). Sie unterstützen unter anderem die Muskeln, die den sehr beweglichen Walpenis kontrollieren, und sind daher überlebenswichtig. Entsprechend zeigen sie einen Sexualdimorphismus, d. h. sie sind bei Männchen und Weibchen unterschiedlich ausgebildet.

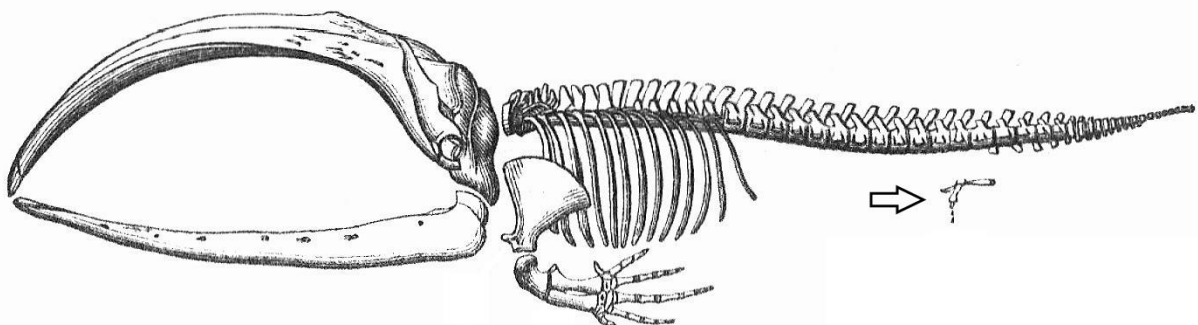


Abb. 1: Abdominalknochen des Skeletts eines Bartenwals. (nach Wikimedia: Meyers Konversionlexikon 1888, Gemeinfrei)

Eine neuere Untersuchung (Dines et al. 2014) unterstützt bisherige Befunde. Die Forscher untersuchten bei 130 Wal-Individuen aus 29 Arten Größe und Form der Abdominalknochen im Zusammenhang mit dem Paarungsverhalten.² Dabei fanden sie heraus: 1. Männchen von Arten, bei denen es eine starke sexuelle Selektion gibt (die aus der relativen Größe der Hoden abgeleitet wird), besitzen einen relativ großen Penis und entsprechend einen relativ großen Abdominalknochen im Vergleich zur Körpergröße. 2. Die Form der Abdominalknochen zweier Arten ist umso verschiedener, je unterschiedlicher ihr Paarungsverhalten ist. Bei Rippenknochen, die als Referenz ebenfalls untersucht wurden, fanden sich diese Zusammenhänge nicht. Die Abdominalknochen können somit nicht als Reste bzw. Rudimente interpretiert werden, denn sie zeigen artspezifische Unterschiede und teilweise sogar eine relative Vergrößerung, was die Forscher evolutionär auf eine unterschiedlich stark ausgeprägte sexuelle Selektion zurückführen.³ **Sie weisen am Ende ihres Artikels die Einstufung der Abdominalknochen der Wale als funktionslose Reste zurück**; vielmehr seien sie eine kritische Komponente für die Fitness der Männchen und evtl. auch der Weibchen (Dines et al. 2014).⁴

Angesichts dieser Befunde macht es keinen Sinn mehr, die Abdominalknochen der Wale als Rudimente zu klassifizieren – es sei, denn man ändert die Definition für „rudimentäres Organ“: So schlägt Stephanie Keep vor, dann von Rudimentation zu sprechen, wenn die ursprüngliche Funktion verloren gegangen ist.⁵ Das aber führt zu einem inflationären Gebrauch des Begriffs „Rudiment“; selbst die Arme und Beine von Vierbeinern wären dann „rudimentär“. Vor allem aber ist die geänderte Definition nur anwendbar, wenn man Evolution und einen bestimmten Evolutionsverlauf voraussetzt; das Organ selber liefert keinen objektiven Anhaltspunkt für eine Rückbildung.

Das Beispiel der Abdominalknochen der Walartigen zeigt einmal mehr, dass zunehmende Kenntnisse über Form-/Funktions-Zusammenhänge die Liste mutmaßlicher rudimentärer Organe verkleinern. Aus dieser Liste musste kürzlich auch der Wurmfortsatz des Blinddarms endgültig gestrichen werden (vgl. Ullrich 2013).

Anmerkungen

¹ „On the view of each organism with all its separate parts having been specially created, how utterly inexplicable is it that organs bearing the plain stamp of inutility... should so frequently occur“ (in: On the origin of species).

² „Here we create a novel morphometric pipeline to analyze the size and shape evolution of pelvic bones from 130 individuals (29 species) in the context of inferred mating system“ (Abstract).

³ „This study provides evidence that sexual selection can affect internal anatomy that controls male genitalia“ (Abstract).

⁴ „Importantly, our study rejects a common assumption (mostly among non-cetacean biologists) that cetacean pelvic bones are “useless vestiges” (Curtis and Barnes 1989), and instead suggest they are a critical component of male, and possibly female, reproductive fitness.“

⁵ <http://ncse.com/blog/2014/09/well-said-carl-zimmer-persistence-whale-hip-bones-0015864>

Literatur

Arvy L (1976) Some critical remarks on the subject of the cetacean „girdles“. In: Pilleri G (ed) Investigations on Cetacea. Vol. VII. Bern.

Behrmann G (1994) Die Bewegungskoordination des Penis während der Kopulation beim Schweinswal *Phocoena phocoena* (Linné 1758). Säugetierkd. Inf. 3, 611-616.

Dines JP, Otárola-Castillo E, Ralph P, Alas J, Daley T, Smith AD & Dean MD (2014) Sexual selection targets cetacean pelvic bones. Evolution, doi: 10.1111/evo.12516

Junker R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Design-Fehler oder Design-Signale? Studium Integrale. Holzgerlingen.

Ullrich H (2013) Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium. Stud. Integr. J. 20, 111-115.

Yablokov AV (1974) Variability of mammals. Amerind Publishing Co. Pvt. Ltd., New Delhi.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n219.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.07.14 Linsenaugen der Tintenfische und Wirbeltiere: Molekulare Konvergenzen

Die Linsenaugen von Tintenfischen und Wirbeltieren sind hinsichtlich ihres optischen Grundaufbaus erstaunlich ähnlich, aber aus evolutionsbiologischer Sicht sollen sie dennoch auf verschiedenen Wegen entstanden sein (Konvergenz). Vergleiche wichtiger Regulationsgene der Augenentwicklung zeigen ebenfalls große Ähnlichkeiten bei diesen Tiergruppen, so dass auch auf molekular-genetischer Ebene Konvergenzen angenommen werden müssen. Wie diese Ähnlichkeiten auf morphologischer und genetischer Ebene durch bekannte Mechanismen entstehen konnten, ist unklar. Unter Annahme von Evolution muss unerwartet gefolgert werden, dass die Entstehung der Linsenaugen in stammesgeschichtlich getrennten Linien auf zufällig identischen Bildungsprozessen beruht.

Das Linsenauge von Tintenfischen und Wirbeltieren ist ein Lehrbuchbeispiel für Konvergenz, das heißt für eine unabhängige Entstehung ähnlicher Konstruktionen in unterschiedlichen stammesgeschichtlichen Linien. In evolutionstheoretischer Interpretation heißt das: Ausgehend von Vorläuferformen, die kein Linsenauge besaßen, wurde auf getrennten Abstammungswegen aus einem einfachen Auge jeweils ein Linsenauge evolutiv entwickelt. Neben vielen Gemeinsamkeiten wie Augenlid, Hornhaut, Linse, Glaskörper, Iris oder Netzhaut weisen die beiden Linsenaugen-Typen bei Wirbeltieren und Tintenfischen aber auch einige deutliche Unterschiede auf. Beispielsweise entstehen die Augen in der Embryonalentwicklung auf verschiedene Weisen, die Netzhaut ist unterschiedlich konstruiert und die Versorgung und Entsorgung der Netzhautzellen ist unterschiedlich organisiert. Daher ist unstrittig, dass man beide Augen nicht als abstammungsverwandt (d. h. homolog) interpretieren kann, auch wenn die fertigen Konstruktionen insgesamt ähnlich sind.



Abb. 1: *Pinnocotopus cordiformis* gehört zu den Echten Kraken und hat ein Linsenauge. (Wikimedia: Brian Gratwicke - <https://www.flickr.com/photos/briangratwicke/4892304294/>, CC BY 2.0)

Kürzlich wurde jedoch in einer Studie gezeigt, dass tiefgreifende Ähnlichkeiten zwischen Linsenaugen von Tintenfischen und Wirbeltieren auf genetischer Ebene vorliegen (Yoshida et al. 2014). Zum Verständnis dieser Untersuchungen muss etwas ausgeholt werden.

Regulation durch Genschalter und „Gen-Verschaltungen“. Interessanterweise werden sehr viele Augentypen – seien sie so verschieden wie ein einfaches Becherauge, ein Komplexauge von Insekten, ein Spiegelteleskopauge oder ein Linsenauge – in ihrer embryonalen Entwicklung auf überraschend ähnliche Weise genetisch gesteuert. Das heißt: An der Spitze der genetischen Kaskade für eine individuelle Augenentwicklung im Organismus stehen bei Augen verschiedenster Arten sehr ähnliche Gene. Berühmt ist das Masterkontrollgen *Pax-6* (bzw. auch als *eyeless* bei Insekten bezeichnet). Ohne *Pax-6* kein Auge – bei fast allen Augen im Tierreich: Wirbeltieren, Insekten, Tintenfischen u. v. m. Aber natürlich macht *Pax-6* alleine noch kein Auge; beim Menschen werden bei der Bildung des Auges etwa 2500 nachgeschaltete Gene genutzt; diese Gene werden aber erst aktiviert, wenn *Pax-6* „angeschaltet“ wird. *Pax-6* aus Wirbeltieren bzw. *eyeless* bei Fliegen sind so ähnlich, dass sie auch im jeweils anderen Organismus nach dessen Umtausch funktionieren. Das wurde in einem berühmten Experiment gezeigt: Eine Fliege bildete Augenstrukturen, nachdem einer Taufliiegenlarve das *Pax-6* einer Maus eingepflanzt wurde (Halder et al. 1995). Natürlich war das entstandene Auge ein insektypisches *Komplexauge* und kein Linsenauge, denn das *Pax-6* ist sozusagen nur der „An-Aus-Schalter“, genau wie das Fliegengen *eyeless*. Außer *Pax-6* sind bei verschiedenen Tiergruppen noch weitere ähnliche Gene am Beginn der Augenentwicklung aktiv (s. u.). Es gehört zu einer der faszinierendsten Entdeckungen der Biologie, dass hier und bei vielen anderen Organen auch quer durchs Tierreich mit sehr ähnlichen genetischen Schaltern gearbeitet wird.

Wichtig zum weiteren Verständnis ist auch die Beobachtung, dass ein und dasselbe Gen mehrfach genutzt werden kann. Das heißt: In Abhängigkeit von zeitlichen und räumlichen Rahmenbedingungen wird ein Gen anders eingesetzt. (Auch hier bieten die Augen ein berühmtes Beispiel. Die Proteine zum Aufbau der Augenlinse sind sonst „gewöhnliche“ Enzyme im Zellstoffwechsel.) Gene werden bekanntlich in Proteine „übersetzt“. Dabei gibt es den Zwischenschritt einer Umschreibung der DNA in messenger RNA (mRNA). Nach dieser Umschreibung (Transkription) wird die mRNA noch „überarbeitet“ (sog. „processing“), d. h. es werden noch einige Stücke (sog. Introns), die nicht für Protein codieren, herausgeschnitten. Die verbleibenden codierenden Stücke (sog. Exons) werden wieder verknüpft und damit die fertige mRNA gebildet. Dieser Vorgang wird als „**Spleißen**“ bezeichnet. Erst danach erfolgt die Übersetzung der auf der gereiften mRNA vorhandenen genetischen Informationen in Proteine (Translation). Das Spleißen kann nun bei einem Gen auf unterschiedliche Weisen erfolgen, so dass zum Beispiel bestimmte Exons einmal mit entfernt werden oder in der fertigen mRNA verbleiben. Somit ist dasselbe Gen eine Vorlage für mehrere Genprodukte (nach dem Spleißen). Man spricht von **Spleißvarianten** eines Gens, verschiedene codierende Genabschnitte wurden unterschiedlich verschaltet – hier zeigt sich ein ausgeklügeltes System zur Mehrfachnutzung von Genen, was als Design-Indiz interpretiert werden kann.

Was hat dies mit den Linsenaugen von Tintenfischen und Wirbeltieren zu tun? Es ist schon länger bekannt, dass bei der Ausbildung des Wirbeltierauges am Beginn der Entwicklungskaskade vier *Pax-6*-Spleißvarianten genutzt werden, durch die jeweils andere nachgeschaltete Gene während spezifischer Zeitpunkte reguliert werden. Die Spleißvariante *Pax-6(5a)* hat zum Beispiel eine besondere Rolle bei der Bildung der Iris nach der Geburt und ist auch unverzichtbar für die korrekte Ausbildung von Hornhaut, Linse und Netzhaut. Der Einsatz der verschiedenen Spleißvarianten ist, wie oben erwähnt, zeitlich und räumlich verschieden. Dagegen wird bei Insekten nicht ein Gen unterschiedlich gespleißt, sondern bei

ihnen sind mehrere, leicht unterschiedliche *Pax-6*-Gene (Duplikate) im Einsatz. Die genetisch abgelegten Spleißvarianten bei Wirbeltieren sollen sich evolutiv aus nur einem *Pax-6* entwickelt haben und durch Neuerschaltung mit den untergeordneten Genen jeweils neue und spezifische Aufgaben übernommen haben.

Yoshida et al. (2014) fanden nun heraus, dass bei den Linsenaugen der Tintenfische genau wie bei den Wirbeltieraugen verschiedene Spleißvarianten von *Pax-6* genutzt werden, und zwar insgesamt fünf, jedoch keine Duplikate wie bei den Insekten. Da sich die Spleißvarianten von denen der Wirbeltiere unterscheiden, schließen die Forscher, dass sich die *Pax-6*-Spleißvarianten der Tintenfische evolutionär unabhängig entwickelt haben. Erstaunlich ist aber, dass die unterschiedlichen *Pax-6* Varianten wie bei den Wirbeltieren erzeugt werden, nämlich durch Spleißen, und dass sie genau wie die vier Spleißvarianten der Wirbeltiere bei der Augenentwicklung genutzt werden.

Kommentar. In evolutionstheoretischer Deutung muss dieser Befund auf eine konvergente Entstehung auf molekular-genetischer Ebene zurückgeführt werden. Das ist eine erstaunliche und unerwartete Konstellation, auch wenn die jeweiligen Spleißvarianten verschieden sind. Denn die erstmalige Entstehung einer neuen funktionalen Spleißvariante und insbesondere ihre Neuerschaltung mit anderen, nachgeschalteten Genen – zudem in mehrfachem Kontext, wie das oben genannten Beispiel *Pax-6(5a)* zeigt – ist schon an sich bei einmaliger Entstehung keine Kleinigkeit und dürfte viele Teilschritte erfordern, die aufeinander abgestimmt sein müssten. Wie das über bekannte Variationsprozesse möglich sein könnte, ist kein Gegenstand des Artikels von Yoshida et al. (2014) und mit gegenwärtigem Wissen vermutlich auch nicht beantwortbar.

Darüber hinaus sollen evolutionär sowohl bei den Wirbeltieren als auch bei den Tintenfischen *mehrere* Spleißvarianten entstanden und in die Gesamtregulation der frühen Augenentwicklung eingebunden worden sein. **Diese evolutionären Entwicklungsschritte müssten mehrfach konvergent bei Tintenfischen und Wirbeltieren abgelaufen sein.**

Yoshida et al. (2014) schildern in ihrem Artikel ihre Befunde in einer Weise, als sei die Entstehung und Einbindung der Spleißvarianten ein selbstverständlicher evolutionärer Prozess. Das hat sich zwar allgemein eingebürgert, dennoch muss in solchen Fällen immer wieder auf zwei Dinge hingewiesen werden: 1. Vergleichend-biologische Analysen – wie die von Yoshida et al. (2014) durchgeführten vergleichend-molekularen Untersuchungen – ermöglichen keine Aussage über die *Mechanismen*, die zu den beobachteten Ähnlichkeiten und Unterschieden geführt haben. Man kann an dieser Stelle höchstens mehr oder weniger gut begründbare und damit immer hypothetische Mechanismen vorschlagen. 2. Unter der *Voraussetzung* von Evolution kann gefolgert werden, dass es einen evolutiven Weg gab; ob er aber mechanistisch plausibel ist oder gar experimentell nachvollzogen werden kann, muss eigens untersucht werden. Das experimentell belegte Wissen über Neuerschaltung von Genen ist bislang – gemessen am Erklärungsziel – kaum vorhanden (vgl. Rebeiz et al. [2011] und die Zusammenfassung ihrer Ergebnisse bei Junker [2012]). Wie also Neuerschaltungen von Spleißvarianten des *Pax-6*-Gens bei Tintenfischen und Wirbeltieren zustande kamen (so sie denn überhaupt evolutionär entstanden sind), bleibt ungeklärt.

Literatur

Halder H, Callaerts P & Gehring WJ (1995) Induction of ectopic eyes by targeted expression of the eyeless gene in *Drosophila*. *Science* 267, 1788-1792.

Junker R (2012) Wieviel Evolution ist durch Kooption möglich? Genesisnet-News, <http://www.genesisnet.info/index.php?News=189>

Rebeiz M, Jikomes N, Kassner VA & Carroll SB (2011) Evolutionary origin of a novel gene expression pattern through co-option of the latent activities of existing regulatory sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 108, 10036-10043.

Yoshida M, Yura K & Ogura A (2014) Cephalopod eye evolution was modulated by the acquisition of Pax-6 splicing variants. *Sci. Rep.* 4:4256, doi: 10.1038/srep04256

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n214.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.05.10 Fehler im menschlichen Erbgut?

**Das menschliche Genom: bewusst geschaffen oder Produkt natürlicher Prozesse –
Bemerkungen zu einer Diskussion**

Im Zusammenhang mit den Diskussionen um „Intelligent Design“ (ID) wurden in einer Veröffentlichung genetische Ursachen für Krankheitserscheinungen beim Menschen als Argument für eine natürliche ungeplante Entstehung des menschlichen Genoms vorgetragen. Die Publikation hat in Journalen und im Internet Resonanz hervorgerufen. In diesem Beitrag werden Argumente kritisch geprüft und abschließend ein Vorschlag für naturwissenschaftliche Beiträge zur Diskussion um ID unterbreitet.

Die Diskussionen um „Intelligent Design“ (ID) laufen nun bereits seit einigen Jahren und je nachdem, was man der ID-Bewegung zurechnet, auch bereits Jahrzehnte. Dabei können diese Diskussionen als Beispiel dafür gelten, wie schnell ideologische, weltanschauliche Aspekte den Umgang von Naturwissenschaftlern prägen, die unterschiedliche Positionen vertreten. Bei allen Beteiligten kann man häufig feststellen, dass die Argumente der anderen Partei nur selektiv wahrgenommen werden und wenig Interesse besteht, deren Potential zu erfassen. Die Grenzen zwischen Naturwissenschaft, Philosophie und Religion werden oft nicht beachtet und ignoriert, mit der Folge, dass diese Bereiche unsensibel und mit weitreichenden Konsequenzen miteinander vermischt werden.

Ein aktuelles Beispiel liefert die Veröffentlichung des Genetikers John C. Avise über Befunde aus dem menschlichen Genom (Erbgut), die er als starke Hinweise für natürliche Entstehung (evolutive Prozesse, v. a. ungerichtete, zufällige Änderungen im Genom und der natürlichen Selektion) interpretiert. Die Argumentation von Avise beruht auf der mutmaßlichen Unvollkommenheit des menschlichen Genoms, dessen Mängel und der dadurch verursachten gesundheitlichen Probleme für Menschen. Wenn Avise die Entdeckungen von kausalen Zusammenhängen von angeborenen Krankheitsbildern als aufgeklärte Erfolgsgeschichte der Medizin darstellt, die traditionelle religiöse Erklärungen ersetzen und so medizinischen Fortschritt ermöglichen, dann erscheint dies ziemlich einseitig. Er weiß, dass in der Medizingeschichte auch Personen beteiligt waren, die die Zusammenhänge zwischen mikrobiellen Infektionen oder molekularbiologischen Besonderheiten und entsprechenden Krankheitsbildern erforscht haben und für die das kein Widerspruch dazu war, dass sie an einen Gott glaubten, der Himmel und Erde geschaffen hat (z. B. Francis Collins, Leiter des Humangenomprojekts, derzeit Direktor des NIH, USA). Zudem bedeuten wachsende Einsichten in funktionelle Zusammenhänge (z. B. zwischen Genom und Dispositionen für Krankheiten) noch nicht weitere Erkenntnisse über die Entstehung des menschlichen Erbguts.

Mängel des Erbguts? Avise listet Erkenntnisse im Zusammenhang mit dem menschlichen Genom auf: Es sind Mutationen in vermutlich allen ca. 24 000 Genen bekannt, die für Proteine codieren und die negative Auswirkungen auf die Entwicklung und Gesundheit des Menschen haben. Er erwähnt weiter die Probleme, die durch das sogenannten Spleißen, also das Zerstückeln und erneute Zusammensetzen von DNA-Abschnitten (Exons und Introns) verursacht werden. Außerdem führt er komplizierte Mechanismen der Regulation von Genen an, mitochondriale DNA, Genduplikation und Pseudogene, mobile DNA-Elemente im menschlichen Genom, die beim Auftreten von Fehlern verheerende Auswirkungen für den Menschen haben können.

Avise sieht in der Struktur des menschlichen Genoms und dessen Regulation in manchen Bereichen eine unnötige und überflüssige Komplexität und fehleranfällige Konstellationen.

Nach seiner Ansicht handelt es sich dabei um fehlerhaftes Design und dies ist für ihn nicht mit verträglich mit seiner Vorstellung eines Schöpfergottes. Der Autor führt tabellarisch einige Gründe an, warum und wie evolutionäre Veränderungen zu suboptimalen Ergebnissen führen können. Darin sieht er natürliche, evolutionäre Erklärungsversuche denjenigen überlegen, die von einem bewussten Erschaffen ausgehen. Dabei unterschlägt Avise jedoch, dass eigentlich das Zustandekommen des komplexen Systems des menschlichen Genoms zu erklären ist und nicht vor allem die heute darin bekannten Defekte. **Mit einem rationalen Verständnis der Entstehungsweise von genetischen Dysfunktionen sind weder das Erbgut des Menschen noch dessen mögliche Entstehung auch nur annähernd erklärt.** Wenn Avise schreibt, dass es Spleiß-Prozesse gibt, die auch zu fatalen Schädigungen für die betroffenen Menschen führen können, dann verschweigt er, dass genau diese Vorgänge auch zu einem Phänomen gehören, das wir als „überlappende Gene“ kennen (wenn auch bei weitem noch nicht verstanden haben). Dieses verbreitete Phänomen stellt natürliche Erklärungsversuche einerseits vor große Herausforderungen stellt und legt andererseits den Gedanken an Planung nahe.

Theologie in einem Naturwissenschafts-Journal. Man kann nur darüber spekulieren, was den Autor und auch die Gutachter dazu bewogen hat, in einer *naturwissenschaftlichen* Zeitschrift (bzw. auf dem vorgängigen A. M. Sackler-Colloquium „In the Light of Evolution IV: The Human Condition“) einen Beitrag aufzunehmen, in dem naturwissenschaftliche und theologische Aspekte derart eng (und oft ziemlich undifferenziert) miteinander verwoben sind. So skizziert Avise das Thema „Theodizee“ (die Frage nach der Gerechtigkeit Gottes angesichts der Ungerechtigkeit und des Leids in der Welt) und gibt vor, dass mit einer natürlichen Erklärung der Krankheiten und körperlichen Defekte des Menschen diese Frage sich gar nicht mehr stelle, weil man keinen Schöpfergott mehr dafür verantwortlich machen müsste.

Was den Autor dazu veranlasst, abschließend für eine Verbindung zwischen den etablierten Religionen („mainstream religions“) und Evolutionsforschung („evolution sciences“) und gegen Vorstellungen von einem Schöpfergott („creationism“ und „intelligent design“) zu werben, bleibt sein Geheimnis. Es bleibt aber zu hoffen, dass die oft und mit guten Gründen geforderte methodische Trennung und Unterscheidung zwischen metaphysischen Aussagen und naturwissenschaftlichen Daten und Argumentationen nicht einäugig beurteilt und eingefordert wird.

David Tyler (2010) schreibt in einer Reaktion auf den Artikel von Avise, dass dieser behauptet, dass das menschliche Genom Merkmale aufweise, die auf einen unbewussten (also rein natürlichen) Ursprung hinweisen und dass die bekannten evolutionären Mechanismen diese *perfekt* erklären könnten. Das hat Avise in seinem Beitrag an keiner Stelle explizit so behauptet und sollte ihm auch nicht unterstellt werden. Richtig bemerkt Tyler aber, dass nicht vor allem die Fehler erklärt werden müssen, sondern das vorhandene komplexe System des menschlichen Genoms, d. h. die Diskussion sollten nicht auf Nebenschauplätzen geführt, sondern auf die relevanten Aspekte fokussiert werden. Ihm ist auch darin Recht zu geben, dass Avise im Blick auf die kritisierte ID-Position nicht naturwissenschaftlich, sondern theologisch argumentiert (nämlich mit seinen Vorstellungen im Zusammenhang der Möglichkeiten und Grenzen eines allmächtigen und gerechten Schöpfergottes).

P. Ball (2010), der den Beitrag von Avise in einer Kolumne von *Nature* aufnimmt, ist sicher zuzustimmen, wenn er schreibt, dass man – und das sollte für alle an der Diskussion Beteiligten gelten – darauf achten sollte, **dass derzeit noch unverstandene und unerklärte Phänomene nicht vorschnell als Argument für die eigene und gegen alternative**

Positionen interpretiert und verwendet werden sollten. Man könnte sonst wie z. B. im Zusammenhang mit der zunächst so genannten „Junk-DNA“ allzu schnell in Schwierigkeiten geraten und zum unrühmlichen Rückzug gezwungen sein.

Wie kann weiter geforscht werden? Könnte man die hier angesprochenen Befunde aus der Perspektive unterschiedlicher Standpunkte auch methodisch geordnet naturwissenschaftlich weiterführen? Hier soll abschließend ein Vorschlag skizziert werden: im Blick auf menschliche – aber auch andere – Genome erleben wir gegenwärtig eine erstaunliche Dynamik und einen dramatischen Zuwachs an Daten. Naturalistische, bzw. evolutionäre Erklärungsansätze würden erwarten lassen, dass sich die gegenwärtig wahrnehmbare und dokumentierte Komplexität von Genomen, deren Funktion und Regulation durch ungerichtete Prozesse entstanden sind und damit den Eindruck eines „Zusammengebasteltseins“ (tinkering) erwecken. Von einem Standpunkt, der von einer effektiven Art von Schöpfung ausgeht (mit sekundären Zerfallserscheinungen) würde man in den genetischen Systemen bei aller Fehlerhaftigkeit Spuren eines zugrunde liegenden „genialen“ Gesamtkonzeptes erwarten. Wer redlich an einer Diskussion und Klärung unterschiedlicher metaphysischer Positionen und deren Auswirkung in die Naturwissenschaft hinein interessiert ist, findet hier ein reiches Betätigungs- und Forschungsfeld.

Was die redlichen Diskussionen betrifft, so können wir auch heute – wie Avise das (in anderer Absicht) in seinem Beitrag andeutet – von einflussreichen Philosophen (wie beispielsweise Sokrates und Hume) lernen. **Sie haben sehr sorgfältig Dialoge konstruiert, in denen sie Vertreter der verschiedenen Schulen und Standpunkte auftreten und mit den jeweils besten Argumenten ins Gespräch kommen ließen.** Wer wirklich am Gewinnen neuer Erkenntnisse interessiert ist, findet in diesen historischen Personen nachahmenswerte Beispiele.

Quellen

Avise JC (2010) Footprints of nonsentient design inside the human genome. Proc. Nat. Acad. Sci. USA 107, 8969-8976.

Ball P (2010) What a shoddy piece of work is man. Nature doi:10.1038/news.2010.215.

Tyler D (2010) Does the human genome have “serious molecular shortcomings”? <http://www.arn.org/blogs/index.php/literature/2010/05/07/>.

Zum Design-Argument siehe: Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>.

Zum Theodizee-Problem siehe: Das Theodizee-Problem, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2044&Sprache=de&l=1>.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n150.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.01.08 „Augenblicke“ - raffiniertes Design der Linsenaugen

Die Herausbildung des Wirbeltierauges während der Ontogenese (= individuelle Entwicklung) ist wie jedes andere Detail der Individualentwicklung ein atemberaubender Prozess. Vielschichtig vernetzte Interaktionen auf molekulargenetischer, zellulärer, histologischer und organischer Ebene tragen dazu bei, dass dieses funktionell und anatomisch beeindruckende Sinnesorgan entsteht. Hemminger geht relativ ausführlich in seiner Schrift „Mit der Bibel gegen die Evolution“ (EZW-Text 195, veröffentlicht im Dezember 2007) auf die Entwicklung und den Aufbau des Wirbeltierauges ein, und kommt dabei zu einer in den letzten Jahren wiederholt vorgetragenen Ansicht: „Im Falle des Wirbeltierauges ist dieser Entwicklungsweg alles Andere als ‚intelligent‘, denn er führt dazu, dass die lichtempfindliche Zellschicht im Augapfel hinten liegt, ..., was die Bildschärfe verringert“ (S. 12). Diese wenig sinnvoll erscheinende, inverse (= umgedrehte) Konstruktion der Netzhaut bestätigt für Hemminger zweierlei: die Richtigkeit der Abstammungslehre und die Nichtexistenz von gezielter intelligenter Planung in der Natur. Dass diese Art von Schlussfolgerungen wissenschaftstheoretisch schlichte Kategoriefehler darstellen und aus wissenschaftlicher Sicht nicht belegbar sind, macht eine aktuelle Entdeckung des zellulären Feinaufbaus der Netzhaut erneut deutlich.

Alles klar?

Während Charles Darwin vor knapp 150 Jahren einerseits zuversichtlich, aber doch mit der ihm eigenen Zurückhaltung über die Möglichkeit der Evolution des Auges schrieb, wird heute vielfach die Evolution der Augen als geklärt und in Einzelschritten belegbar präsentiert. So schreibt zum Beispiel Kutschera (2006, S. 231): „Durch vergleichende anatomische Studien der Augen-Varianten innerhalb rezenter Populationen (Tierarten) und systematische Homologisierung dieser Strukturen konnte die Evolution der Augen Schritt für Schritt rekonstruiert werden (z. B. bei Weichtieren, Stamm Mollusca).“

Eine evolutionäre Rekonstruktion kann jedoch nicht allein durch das Aufstellen von Ähnlichkeitsreihen begründet werden. Vielmehr müssen auch die für den Wandel verantwortlichen Mechanismen offengelegt werden (vgl. Gutmann 1996, 2005). Das wird häufig ausgeblendet. Evolutionäre Rekonstruktionen, die nur auf vergleichend-anatomisch bzw. molekulargenetischen Daten beruhen und in die Evolution als bereits vorausgesetzter Tatbestand eingehen, repräsentieren nach Gutmann einen der zentralen methodischen Grundwidersprüche (1996, 81) der Synthetischen Theorie der Evolution: ihre nicht zu durchbrechende argumentative Zirkularität! Außer diesen wissenschaftstheoretischen Schwächen sind auch bereits diskutierte *inhaltliche* Anfragen an bisher vorgetragene Argumente für eine Evolution der Augen unverändert brisant (Winkler & Ullrich 2000, Ullrich et al. 2006).

Nicht verstandene biologische Strukturen – kein Argument für Evolution!

Ein häufig genutztes Argument, um Evolution als Naturtatsache plausibel zu machen, basiert auf dem Nachweis von stammesgeschichtlichen „Altlasten“ in biologischen Strukturen, wie z. B. im Wirbeltierauge. Diese „Spuren der Evolution“ seien u.a. an einer suboptimalen funktionellen anatomischen Lösung oder durch „Funktionslosigkeit“ vorhandener anatomischer Strukturen erkennbar. „Das menschliche Sehen...“, so behauptet Hemminger, „...ist deshalb ein geradezu klassisches Beispiel für ein (in der Summe erfolgreiches)

„Herumbasteln“ der Evolution an unserem wichtigsten Sinnesorgan“ (S. 13). Ähnlich argumentiert auch Neukamm (2006): „Evolution ist eine Serie erfolgreicher Kompromisse, auch wenn allzu oft nur irreparabel verbaute Anpassungen zustande kommen.“ Unter Bezugnahme auf die inverse Lage der Sinneszellen in der Netzhaut bei Wirbeltieraugen liest man weiter: „Nun weisen Ullrich et al. darauf hin, dass die räumliche Nähe bestimmter Zellschichten zum Außensegment der Fotorezeptoren für die Regeneration und Funktion der Netzhaut ‚unerlässlich‘ sei. Dies klingt, als wüssten die Autoren über alle hypothetisch denkbaren und undenkbaeren Konstruktionen genauestens Bescheid. Selbst wenn wir einmal annehmen, dass ihre Behauptung stimmt, erklärt sich dadurch aber nicht, warum die Sehzellen dem Licht abgewandt sind.“

Zwei Ebenen wissenschaftlicher Beschreibungsdiskurse werden hier argumentativ vermengt. Das Gelingen oder das Scheitern von funktionellen Erklärungen biologischer Strukturen, in unserem Beispiel also der invers aufgebauten Netzhaut, trägt nichts dazu bei, eine bestimmte Entstehungstheorie (die das „wie des woher“ erklären möchte) zu favorisieren. Das große Potential der funktionell orientiert arbeitenden Biologie liegt ja gerade darin, **dass biochemische und physiologische Aussagen prinzipiell formulierbar sind, ohne auf eine einzige evolutionsbiologische zurückgreifen zu müssen** (Gutmann 2005, 259; Entsprechendes gilt auch für eine Bezugnahme auf „Schöpfung“). Erst das durch die biologische Grundlagenforschung gewonnene Beschreibungswissen von Strukturen, Organen oder Organismen liefert das Material für die methodologisch immer nachgeordneten hypothetischen Rekonstruktionen ihrer Entstehung. Die zunehmende Kenntnis biologischer Sachverhalte, die wir „unter Nutzung nicht evolutionären Wissens“ erwerben, wird zur ständigen Herausforderung für evolutionsbiologische Deutungen. Und das gilt umso mehr, wenn bislang scheinbar nur evolutionsbiologisch verständlich zu machende „Altlasten“ eine solide funktionelle Erklärung gefunden haben. (Gutmann [2005, 260] versteht unter nicht evolutionärem Wissen alle genetischen, embryologischen, cytologischen, biochemischen, physiologischen, taxonomischen Beschreibungen des Lebens.)

Zellfortsätze dienen als perfekte Lichtleiter

Biologische Zellen sind meist transparent, aber Licht, welches durch sie hindurch tritt, wird gebrochen, reflektiert oder gestreut. Die Lichtsinneszellen bei Wirbeltieraugen liegen an der dem Licht abgewandten Seite des Schichtpaketes der Netzhaut (inverse Lage), was zu einer Streuung, Schwächung und Verzerrung des eintretenden Lichtes führen müsste (vgl. Abb. 1). Erstaunlicherweise beträgt der tatsächlich hervorgerufene Verlustanteil aber nur 1-5% des auf die Netzhaut auftreffenden Lichtes (Franzke 2007).

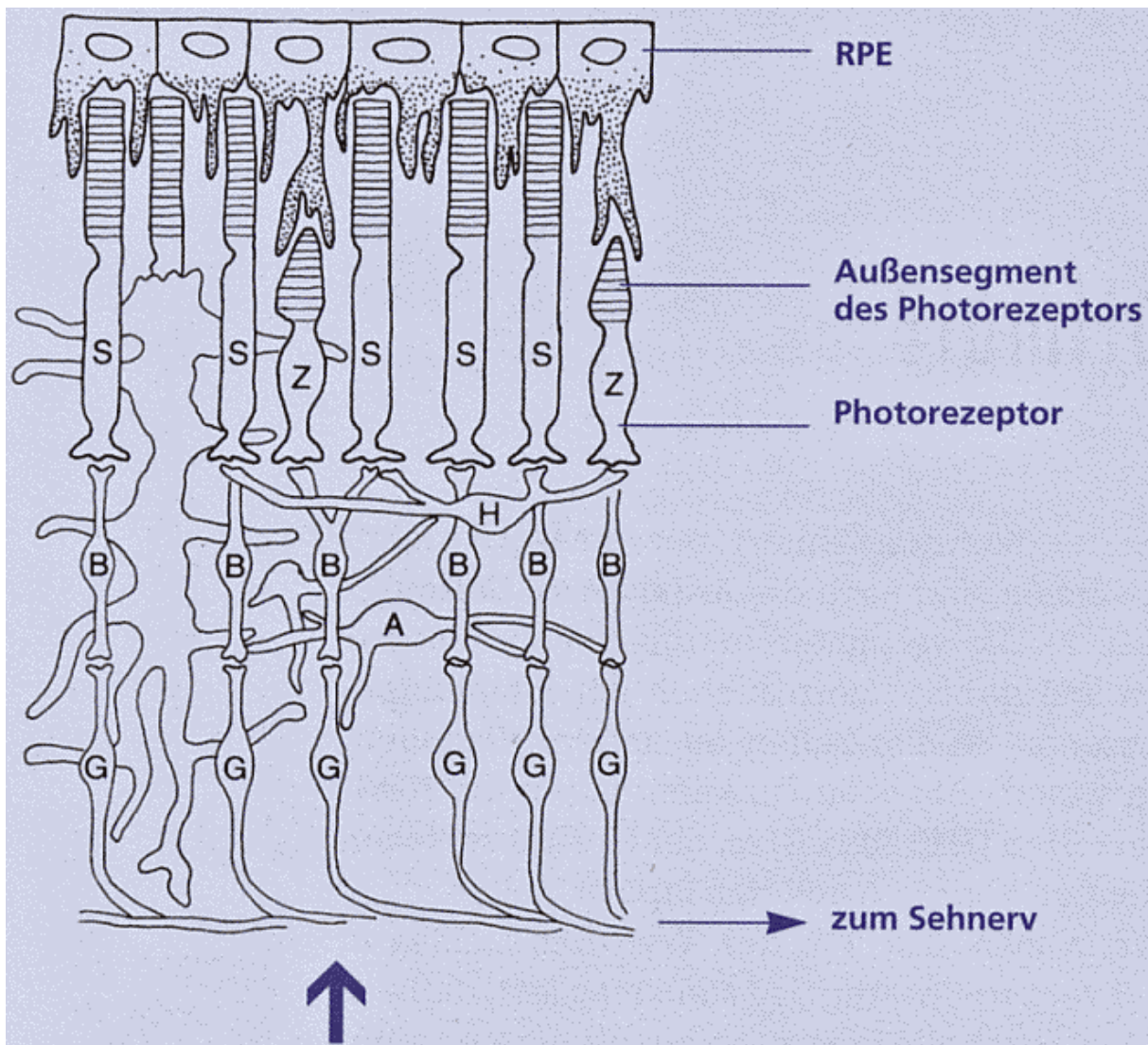


Abb. 1: Schematisches Diagramm einer Wirbeltier-Retina (Netzhaut). Der Pfeil zeigt die Richtung des einfallenden Lichts an. A Amakrine Zelle, B Bipolar-Zelle, G Ganglienzelle, H Horizontalzelle, S Stäbchen, Z Zapfen. (Nach Adler & Farber 1986). Die Müller Zellen sind hier nicht mit dargestellt.

Sinnesphysiologische Untersuchungen belegen weiterhin eine hohe und präzise Sensibilität und Abbildungsschärfe des optischen Systems im Wirbeltierauge, die denen von digitalen Kameras weit überlegen ist. Der biochemische und elektrophysiologische Prozess zur Umwandlung von Lichtenergie in winzige Membranströme, die dann über die Nervenbahnen als entsprechend getriggerte Impulse an das Gehirn weitergereicht werden, dokumentiert eine bis auf die Mikroebenen nachweisbare hohe systemische Vernetzung und Feinjustierung des Sehvorganges. Die embryonale Entwicklung der Netzhaut im Wechselspiel mit der Herausbildung des Gehirns und des Gesichtes sowie die bereits angesprochenen ernährungsphysiologischen Aspekte stellen alles andere als eine Kompromisslösung dar (vgl. Ullrich et al. 2006). **Wie gelingt es also dem Auge, trotz oder gerade mit dem vermeintlichen Konstruktionsfehler der inversen Netzhaut diese Leistungsfähigkeit zu garantieren?**

Eine Arbeitsgruppe um K. Franzke vom Leipziger Institut für Hirnforschung konnte durch ausgeklügelte Messreihen mit phototechnischen Spezialinstrumenten an der Netzhaut von Schweinen klären, warum die Lichtstrahlen beim Durchtritt durch die Netzhaut bis zum Erreichen der Sinneszellen nicht die erwartete Abschwächung und Streuung erfahren. Den

Schlüssel liefert eine besondere Zellgruppe des Nervensystems: die so genannten **Glia-Zellen**. Sie bilden mit den Neuronen (den eigentlichen Nervenzellen) das Hirngewebe bzw. das Gewebe des Rückenmarks. Ihr Anteil an der Gesamtzellmasse des Nervengewebes beim Menschen beträgt beachtliche 50%. Schätzungen gehen davon aus, dass ihre Anzahl ca. 10-50 mal höher ist als die der Neuronen. Glia-Zellen entpuppen sich mehr und mehr als Multifunktionaltalente. Sie formen das strukturelle Stützgerüst für die Nervenzellen. Weiterhin sorgen Glia-Zellen für die gegenseitige elektrische Isolation und Abschirmung der Neuronen und Nervenfasern, ihre Versorgung mit Nährstoffen und den Abtransport von Stoffwechselendprodukten. Auch ihre Beteiligung an den Prozessen der Infektionsabwehr sowie der Informationsverarbeitung, -speicherung und -weiterleitung im Nervensystem konnte in den letzten Jahren bestätigt werden.

In der Netzhaut des Wirbeltierauges, die einer Art ausgestülptem Anteil des Gehirns entspricht, findet sich eine besondere Gruppe von Glia-Zellen. Diese sog. **Müller-Zellen** nehmen etwa 20% des Gesamtzellvolumens der Netzhaut ein (Abb. dazu siehe Franzke et al. 2007; Link am Ende des Artikels). Neben den o.g. Funktionen von Glia-Zellen dienen zusätzlich röhrenartig gestaltete Zellfortsätze der Müller-Zellen, wie Franzke et al. nachweisen konnten, als optische Lichtleiter. Die angesprochenen Fortsätze verlaufen senkrecht zur Oberfläche der Netzhaut und damit parallel zum Lichteinfall und zeigen eine in Richtung der Sinneszellen (Stäbchen, Zapfen) zunehmende trichterförmige Einengung. Die auf diese Weise erreichte Optimierung der Refraktion (Fähigkeit des scharfen Sehens) und der Vermeidung von Rückreflexion und Streuung des Lichtes verleiht diesen Zellen nach Ansicht der Autoren zu Recht den Titel von „ingeniously designed light collectors“ – **geistreich designten Lichtsammlern**. Im Durchschnitt ist jede Müller-Zelle bei Säugetieren auf diese Weise mit jeweils einer Zapfenzelle (verantwortlich für das Farbsehen und das scharfe Sehen unter Bedingungen bei Tageslicht) verbunden. Die Anzahl der mit den Müller-Zellen verbundenen Stäbchenzellen (verantwortlich für das Sehen unter Bedingungen bei Dämmerung und Dunkelheit) ist artspezifisch verschieden. Beim Menschen wie beim Schwein werden ca. 10 Stäbchenzellen über eine Müllerzelle effektiv mit Licht „versorgt“.

Mythos „Konstruktionsfehler“

Die durch Franzke et al. beschriebenen Funktionen der Müller-Zellen zeigen eindrucksvoll, dass auch die inverse Retina (Netzhaut) für sich selbst als ein optimiertes optisches System beurteilt werden muss. Die Retina ist darüber hinaus integraler Bestandteil in einem anatomisch und funktionell hochleistungsfähigen System.

Nicht nachvollziehbar ist es, dass Hemminger in dem o.g. Text einerseits auf diese Entdeckung von Franzke hinweist, aber dennoch beharrlich dabei bleibt, die Retina mit Struktur- und Funktionsmängeln behaftet zu präsentieren. Die jetzt bekannten empirischen Fakten entziehen einer solchen Argumentation die Grundlage. **Der durch wissenschaftliche Erkenntnislücken bisher am Leben erhaltene Mythos vom „Konstruktionsfehler“ des Wirbeltierauges ist damit nicht mehr nötig, um die Funktion und den Aufbau der Netzhaut, die sich „ingeniously designed“ präsentiert, zu charakterisieren.**

Die Evolutionsbiologie wird so ein weiteres Mal durch den Erkenntnisfortschritt herausgefordert, plausible Erklärungen ihrer Grundthese zu geben, dass biologische Strukturen wie die Netzhaut zwar „designed“ *erscheinen*, aber dennoch nicht *designed seien*. Die Inanspruchnahme von Nichtwissen funktioneller Zusammenhänge erweist sich dabei wohl als das schlechteste aller möglichen Argumente.

Literatur

Fernald RD (2006) Casting a Genetic Light on the Evolution of Eyes. *Science* 313, 1914-1918.

Franze K et. al. (2007) Müller cells are living optical fibers in the vertebrate retina. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 8287-8292. (online frei verfügbar: <http://www.pnas.org/cgi/reprint/104/20/8287>)

Gutmann M (1996) *Die Evolutionstheorie und ihr Gegenstand*. Berlin: Verlag für Wissenschaft und Bildung.

Gutmann M (2005) Begründungsstrukturen von Evolutionstheorien. In: Krohs U & Toepfer G (Hg) *Philosophie der Biologie*. Frankfurt/M, S. 249-266.

Hemminger H (2007) *Mit der Bibel gegen die Evolution*. EZW-Texte Nr. 195. Berlin.

Kutschera U (2006) *Evolutionsbiologie*. Stuttgart.

Neuhaus K & Ullrich H (2000) Das Wirbeltierauge - Ein Konstruktionsfehler ohne funktionellen Sinn? *Studium Integrale Journal* 7, 3-11. (<http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg7/heft1/sij71-1.html>)

Neukamm M (2006) Das Auge und die inverse Lage der Netzhaut – ein Design-Signal? <http://www.evolutionsbiologen.de/inversaue.html>

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Studium Integrale Journal* 13, 3-14. (<http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>)

Autor dieser News: Henrik Ullrich

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n103.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.12.07 Der Wurmfortsatz als Rettungsstation

Eines der schlagkräftigsten und meistgenannten Argumente gegen das Verständnis der belebten Welt als „Schöpfung“ ist die Existenz nutzloser oder gar schädlicher Organe, die als evolutionär rückgebildet (rudimentär) gedeutet werden (vgl. Rudimentäre Organe, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41303&Sprache=de&l=1>). Solche vermeintlichen Konstruktionsfehler bei den Lebewesen besitzen eine starke Suggestivwirkung; das Argument ist leicht eingängig und oft nur mit großem Aufwand schlüssig zu widerlegen (vgl. Ullrich et al. 2006 zum Bau des Linsenauges der Wirbeltiere, online: <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41303&Sprache=de&l=1>). Von den Texten auf Genesisnet ist der Artikel über „Rudimentäre Organe“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41303&Sprache=de&l=1>) fast jeden Monat unter den Top Ten der am meisten aufgerufenen Artikel. Unter den rudimentären Organen dürfte der Wurmfortsatz (Appendix) des menschlichen Blinddarms das populärste Beispiel sein. Etwa 1/7 der Europäer bereitet dieses 5-10 cm lange und 0,5 -1 cm dicke Anhängsel des Blinddarms so ernsthafte Probleme, dass eine operative Entfernung notwendig ist. Ohne Einsatz von Antibiotika war früher ein durchbrochener entzündeter Wurmfortsatz akut lebensbedrohlich. Der Nutzen dieses Gebildes schien dagegen unerheblich zu sein, wenn überhaupt davon gesprochen werden konnte. Kein Wunder also, dass der Wurmfortsatz als Paradebeispiel gegen eine durchdachte, geplante Schöpfung galt.

Allerdings gab es schon länger Zweifel daran, dass der Wurmfortsatz des Menschen rückgebildet sei. Der Grund: Der Bau der menschlichen Appendix ist einzigartig, und die meisten Säugetiere besitzen keinen Wurmfortsatz, auch nicht die als nächste Verwandte des Menschen geltenden Großaffen. Er ist sonst nur noch vom Kaninchen und zwei Beuteltierarten (Opossum und Wombat) bekannt (Bollinger et al. 2007). Wie kann er unter diesen Umständen rückgebildet sein? „Das sporadische Vorkommen der Appendix in der Stammesgeschichte dürfte nahelegen, dass diese Struktur eher evolutionär abgeleitet ist und einer spezifischen Funktion dient, als in ihr ein bloßes Überbleibsel eines vormals wichtigen Verdauungsorgans zu sehen“ (Bollinger et al. 2007, 827).

Aufgrund seiner Verbindung mit lymphatischem Gewebe wurde der Appendix eine Funktion in der Immunabwehr zugeschrieben, diesem Umstand verdankt dieses Gebilde seine gelegentliche Bezeichnung als „Dickdarmmandel“. Allerdings war die genaue Funktion bis vor kurzem unklar. Aus diesem Grund hat sich vermutlich die Idee gehalten, es handle sich beim Wurmfortsatz um eine Rückbildung; so Bollinger et al. (2007).

Eine Studie der amerikanischen Forscher William Parker und Mitarbeiter kam bezüglich der Funktion des Wurmfortsatzes nun zu interessanten Ergebnissen. Sie fanden heraus, dass die Appendix des Menschen eine Art Zufluchtsort („safe house“) und Rettungsstation für symbiotische Bakterien darstellt, die das Wachstum nützlicher Darmbakterien fördert und bei durchfallbedingten Darmentleerungen die Wiederbesiedlung mit diesen Bakterien ermöglicht bzw. erleichtert (Bollinger et al. 2007). Diesen Bakterien fällt die Aufgabe zu, die Ausbreitung gefährlicher Krankheitserreger im menschlichen Verdauungstrakt zu verhindern, was besonders nach Durchfallerkrankungen sehr wichtig ist.

Die Forscher entdeckten diese Zusammenhänge, als sie das Zusammenleben der verschiedenen Bakterien im Darm untersuchten. Der menschliche Darm trägt an der Innenseite eine Art Biofilm, der sich aus Bakterien, Schleim und Substanzen des Immunsystems zusammensetzt. Im Appendix ist er besonders stark ausgeprägt. Bei Durchfallerkrankungen geht dieser Biofilm großen Teilen des Verdauungstrakts verloren.

Eine Zuflucht finden die nützlichen Bakterien jedoch im Wurmfortsatz und können so die Erkrankungen überstehen, um anschließend den Darm wieder zu besiedeln und ihre Schutzwirkung neu zu entfalten. Beispielsweise verhindern sie, dass sich gefährliche Bakterien niederlassen.

Angesichts der Tatsache, dass der Wurmfortsatz eine solch bedeutende Funktion besitzt, stellt sich die Frage, warum seine operative Entfernung keine nennenswerten Nachteile hat. Die Forscher erklären dies damit, dass in Ländern mit hohen hygienischen Standards der Schutz durch die gutartigen Bakterien des Wurmfortsatzes nicht mehr notwendig sei. Die nützlichen Bakterien des Wurmfortsatzes kommen dort kaum zum Einsatz. Daher werde auch das Immunsystem zu wenig stimuliert, so dass es zu Überreaktionen neige. Das verursache Entzündungen des Wurmfortsatzes, die allerdings auch durch bestimmte Essgewohnheiten gefördert werden.

Nach der Wissenschaftlergruppe legt der Funktionsnachweis der Appendix die Schlussfolgerung nahe, dass es sich nicht um ein rückgebildetes Organ handelt. Vielmehr ist der Wurmfortsatz für eine bedeutsame Funktion offensichtlich optimal eingerichtet. **Der Wurmfortsatz hat damit eine eindrucksvolle Karriere vom nutzlosen, ja gefährlichen Überbleibsel zum optimal konstruierten Organ hinter sich.**

Das steht auch in Übereinstimmung mit den (eingangs erwähnten) vergleichenden Befunden (seltenes Vorkommen der Appendix, dazu nur in Säugetiergruppen, die nicht als nahe Verwandte des Menschen gelten).

Eine von Anderson et al. bereits 2001 gemachte Beobachtung, dass Patienten mit einer immunologisch bedingten chronisch entzündlichen Darmerkrankung (Colitis ulcerosa) von einer Appendektomie (Entfernung des Wurmfortsatzes) vor dem 20. Lebensjahr profitieren, unterstützt die hier von Parker belegte funktionelle Bedeutung der Appendix. Bei der genannten Erkrankung kommt es durch autoimmun bedingte Mechanismen zu einer Selbstzerstörung der Darmschleimhaut, die damit hochgradig anfällig für Entzündungen wird. In diesem Fall wirkt sich das Vorhandensein des Wurmfortsatzes mit seinem Arsenal an normalerweise nützlichen Bakterien zum Nachteil des Patienten aus, weil diese in dieser Situation für den Betroffenen zur ständigen Infektionsquelle werden und die krankhafte Immunmodulation des Darmes forcieren. Das Auftreten der Colitis ulcerosa, so schließt Anderson, kann zeitlich deutlich nach hinten verschoben und das Ausmaß der Erkrankungsstärke erheblich reduziert werden, wenn der Wurmfortsatz bei diesen Patienten zeitig entfernt wird.

Quellen

Andersson RE, Olaison G, Tysk C et al. (2001) Appendectomy and protection against ulcerative colitis. *N. Engl. J. Med.* 344, 808-814.

Bollinger RR, Barbas RS, Bush EL, Lin SS & Parker W (2007) Biofilms in the large bowel suggest an apparent function of the human vermiform appendix. *J. Theor. Biol.* 249, 826-831.

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Stud. Int J.* 13, 3-14. <http://www.sij-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n101.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.02.07 Eine unendliche Geschichte: Haeckels Embryondarstellungen und ihre Bedeutung für die Evolutionstheorie

Fälschung, erlaubte Schematisierung, bewusste Täuschung: Ja oder Nein? Für jeden wissenschaftshistorisch Interessierten bietet die vor 140 Jahren durch Ernst Haeckel ins Rollen gebrachte Diskussion über seine berühmten und andere nicht so bekannten Darstellungen sich entwickelnder Organismen eine nicht versiegende Quelle für spannende Fragen. **Welchen Einfluss haben persönliche Standpunkte auf das, was man von der zugänglichen Datenvielfalt in der Natur sieht oder ausblendet?** Welcher Stellenwert kommt der Motivation des Forschers bei der Darstellung der gewonnenen und gefilterten Erkenntnisse zu?

In der FAZ erschien am 3. Januar dazu ein interessanter Beitrag von Julia Voss („Biologie in schneidigem Kreuzritterton“), in welchem sie eine wissenschaftshistorische Analyse von Nick Hopwood vorstellt (veröffentlicht in *Isis* Bd. 97). Hopwood vertritt darin die These, Haeckel habe mit den schematischen Darstellungen seiner Embryonenbilder keine Täuschungsabsicht verfolgt. Der zu seinen Lebzeiten vorgebrachte Vorwurf einer Fälschung sei nicht gerechtfertigt.

Auch wenn die Autorin des FAZ-Beitrages glaubt, Hopwood hätte mit seiner Analyse die offene „Akte Haeckel“ erst einmal geschlossen, wird die Diskussion immer wieder neue Wellen schlagen. Den Grund dieser unendlichen Geschichte liefert Frau Voss mit brillanter Feder am Ende ihres Artikels selbst: Solange man den tatsächlichen Wert der Darstellungen und Aussagen Haeckels zur Embryologie mit dem Wahrheitsgehalt der Evolutionslehre und daraus entwickelter Weltanschauungen verknüpft – so wie es Haeckel beständig tat – werden Tolerante (Hopwood 2006) und Verteidiger (Kutschera 2006) Argumente für die Rechtfertigung des methodischen Vorgehens Haeckels finden. Kritiker wie His (1875), Richardson (1997) oder Gould (1977, 2002) hatten und haben es schwerer Gehör zu finden, weil ihr Negativurteil heute den ungeliebten Beigeschmack von Evolutionskritik bzw. kreationistischer Unterwanderung aufkommen lässt. Die genannten Autoren hatten aber gerade das nie in ihrer Perspektive! Sie zeigten vielmehr, dass die Evolutionstheorie wesentlich besser ohne das „Biogenetische Grundgesetz“ und die „Embryonentafeln“ Haeckels zurechtkommt.

Löst man nämlich Haeckels Darstellungen aus seinem schützenden evolutionstheoretischen und monistischen Elfenbeinturm und betrachtet sie unter streng wissenschaftlichen Normen, wie sie zum Beispiel für eine Publikation bei *Nature* und *Science* gefordert werden, dann bleibt nur ein Urteil. Stephen J. Gould hat es m. E. am besten auf den Punkt gebracht, als er 2002 („Der Anfang vom Ende der Naturgeschichte“) Haeckels Zeichnungen als „erfundene Strukturen von vollkommener geometrischer Regelmäßigkeit“, als „Idealisierungen“, „Auslassungen“ mit „Ungenauigkeiten und regelrechten Fälschungen“ kennzeichnete.

Die Auseinandersetzung mit Ernst Haeckels Darstellungen fordert heraus, beständig zu prüfen, welche Inhalte in den favorisierten wissenschaftlichen Erklärungen wie der Evolutionstheorie tatsächlich durch Fakten und Experimente bestätigt werden und welche bislang rein spekulativ aus weltanschaulich-babylonischen Türmen entsprungen sind. Dies ist ja an sich nichts Verwerfliches, wurde doch so manche Forschung erst über diesen Weg angeregt und hat erstaunliche Erkenntnisse geliefert. Aber weltanschaulich bedingte

Spekulationen als bewiesene wissenschaftliche Tatsachen und gut begründete Theorien zu etikettieren, ist verwerflich.

Letzteres sollte auch in Lehrbüchern klarer herausgearbeitet werden, um solchen Fehlentwicklungen, wie Hopwood und Gould sie bei Haeckel sahen, zeitiger auf die Schliche zu kommen. „Wenn falsche Informationen erst einmal Eingang in die Lehrbücher gefunden haben, sind sie gewissermaßen eingemottet und nicht mehr auszurotten ... Allerdings können wir meines Erachtens zurecht erstaunt und beschämt darüber sein, dass sie ein ganzes Jahrhundert lang geistlos wieder verwertet wurden ...“ (Gould 2002, S. 390).

Literatur

His W (1875) Unsere Körperform. Leipzig.

Hopwood N (2006) Pictures of Evolution and Charges of Fraud. Ernst Haeckel's Embryological Illustrations. *Isis* 97, 260-301.

Gould SJ (1977) Ontogeny and phylogeny. Cambridge.

Gould SJ (2002) Der Anfang vom Ende der Naturgeschichte.

Kutschera U (2006) Evolutionsbiologie. Stuttgart. 2. Auflage.

Richardson MK, Hanken J, Gonneratne ML, Pieau C, Raynaud A, Selwood L & Wright GM (1997) There is no highly conserved embryonic stage in the vertebrates. *Anat. Embryol.* 196, 91-106.

Autor dieser News: Henrik Ullrich

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n75.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.10.06 Neue Texte zum „Biogenetischen Grundgesetz“

Das Biogenetische Grundgesetz (oft abgeschwächt als „Grundregel“ bezeichnet) spielt in der Diskussion um die Evolutionslehre eine bedeutende Rolle. Auf Genesisnet wurden in den letzten Monaten dazu fünf Texte veröffentlicht. Der Artikel „Biogenetisches Grundgesetz - Geschichte“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41305&Sprache=de&l=1>) führt in die Thematik ein: Die in der Ontogenese (individuelle Entwicklung ab Befruchtung der Eizelle) ablaufenden Prozesse wurden in der Geschichte der Biologie häufig mit der hypothetischen Stammesgeschichte (Phylogenese) verglichen. Der deutsche Zoologe Ernst Haeckel war auf diesem Gebiet sehr einflussreich. Es wird gezeigt, weshalb sein Versuch, eine quasi naturgesetzliche Beziehung zwischen Ontogenese und Phylogenese herzustellen, heute als gescheitert gelten muss. Diesen Artikel gibt es auch als Expertentext („Biogenetisches Grundgesetz - Geschichte“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41305&Sprache=de&l=2>).

Der zweite Artikel „Biogenetisches Grundgesetz - Aktuell“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41306&Sprache=de&l=1>) befasst sich mit neuen Konzepten, wie aus der Embryonalentwicklung Hinweise auf die Stammesgeschichte gewonnen werden können. Nachdem die klassischen Methoden der Embryologie keine sicheren Schlussfolgerungen über die Stammesgeschichte auf der Basis embryologischer Befunde erlauben, wird neuerdings versucht, die Probleme durch computergestützte vergleichende Analysen zu lösen. Große Hoffnungen auf ein Verständnis evolutionärer Prozesse hat auch die Entdeckung der Homeobox-Gene geweckt (vgl. dazu auch „Homeobox-Gene und Evolution“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41265&Sprache=de&l=1>). Es zeigt sich aber, dass die neuen Methoden mit ähnlichen Problemen zu kämpfen haben wie die klassischen Vorgehensweisen. Auch von diesem Artikel gibt es eine Expertenversion („Biogenetisches Grundgesetz - Aktuell“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41306&Sprache=de&l=2>).

Schließlich befasst sich der Artikel „Biogenetisches Grundgesetz - Beispiele“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41307&Sprache=de&l=2>) mit populären Anwendungsbeispielen des Biogenetischen Grundgesetzes wie „Kiemenspalten“, „Schwänzchen“, „Schwimmhäute“, „Fell“ usw. In der populärwissenschaftlichen Literatur werden nach wie vor einige Entwicklungsabläufe in der menschlichen Ontogenese als Indizien für die Abstammung des Menschen aus dem Tierreich betrachtet. Sie werden als Rekapitulationen früherer stammesgeschichtlicher Stadien oder als Anklänge daran interpretiert. Eine genauere Betrachtung zeigt, dass diese Beispiele nicht geeignet sind, eine Abstammung des Menschen aus dem Tierreich zu belegen. Diesen Artikel gibt es bislang nur in der Expertenversion.

Einen aktuellen Gesamtüberblick über diese Thematik bietet auch die jüngst erschienene 6. Auflage von „**Evolution - ein kritisches Lehrbuch**“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>), dort im 11. Kapitel.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n71.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.06.06 Das Kreuz mit dem „Kreuz“ – Was man mit Evolution alles erklären kann!

In der ZDF-Fernsehsendung „Joachim Bublath“ am 7. 12. 2005 wurde der Traum kurz zur virtuellen Wirklichkeit. Der Mensch wurde in seinem Bauplan so „optimiert“, dass ein Großteil seiner körperlichen Mängel oder besser seiner „evolutionären Altlasten“ durch ein neues Design überwunden werden. Insbesondere unsere Wirbelsäule sei, so die Autoren, dafür ein lohnendes Objekt:

„Auch andere Bereiche des menschlichen Körpers sind in ihrer Vergänglichkeit voller Mängel. Am Computer ließe sich das Design des Menschen ohne Schwierigkeiten verbessern – unsere zahlreichen körperlichen Beschwerden könnten so gemildert werden. Denn viele Probleme kamen erst mit der Entwicklung des aufrechten Ganges. Die Kräfte der Evolution haben uns dabei radikal umgebaut: Unser Becken wurde zu einer Art Schlüssel für die inneren Organe, unser Hängeschädel wurde zum erhobenen Haupt und thronte fortan auf senkrechten Halswirbeln. Am Ende waren wir bereit für den aufrechten Gang – allerdings zu einem hohen Preis. Unsere Bandscheiben zum Beispiel, die weichen Puffer zwischen unseren Wirbeln, rutschen oft heraus. Eine unausgereifte Körperhaltung hat so ihre schmerzhaften Folgen.“
(www.zdf.de/ZDFde/inhalt/19/0,1872,3019859,00.html)

Es wirkte schon etwas eigenartig, was durch Bublath als Alternative konstruiert wurde: Die Verlängerung der Wirbelsäule zu einem kräftigen Schwanz, eine nach vorn in der Beckenregion abgewinkelte Körperhaltung gepaart mit kräftiger geformten Beinen und einem verstärkten, nach vorn überstehenden Unterkiefer. **Dieses Design hätte zumindest theoretisch die Chance, den Pusch des „Intelligenten Designers“ zu überwinden, erzählen die Macher der Sendung dem verdutzten Zuschauer.** Evolution eignet sich als Erklärung also wesentlich besser als der Verweis auf einen Schöpfer bzw. auf einen Intelligenten Designer, warum wir als Menschen Mangelwesen sind.

Aber – und das dürfte sehr schmerzlich sein für das neu entworfene Rückgrat von Bublath – Reinhard Putz, Leiter am Anatomischen Institut der Ludwig-Maximilians-Universität in München, ist davon überzeugt, dass die Wirbelsäule keine Fehlentwicklung, sondern ein „Meisterstück“ der Evolution darstellt (FAZ 5. 4. 2006). Putz fällt dieses völlig anders lautende Urteil nach jahrzehntelanger Erforschung der Biomechanik des menschlichen Skeletts und räumt mit zahlreichen Irrtümern auf.

So besteht zum Beispiel kein wesentlicher Unterschied hinsichtlich der Beanspruchung der Wirbelkörper in der Längsachse bei einem Vierbeiner und dem aufrecht gehenden Menschen. Denn auch bei den vierbeinigen, auf dem Land lebenden Wirbeltieren ist der Körper so konstruiert, dass auf die Wirbelsäule entlang ihrer Längsachse Druck ausgeübt und sie gewissermaßen zusammengestaucht wird. An der Beanspruchung der Wirbelsäule vom Hals in Richtung Becken hat sich also vom Vierbeiner zum aufrecht schreitenden Zweibeiner nichts grundsätzlich geändert.

Ein besonderes Kennzeichen des Menschen liegt in der enormen Beweglichkeit der oberen Extremität, in der Wendigkeit der Arme, des Schultergürtels und des Rumpfes. Das ist nach Putz deshalb so bemerkenswert, da dies einen Kompromiss zwischen ausreichender Stabilität einerseits und größtmöglicher Mobilität andererseits erfordert. Und dieser Kompromiss gelingt durch ein ausgeklügeltes Zusammenspiel zwischen den Modulen unserer Wirbelsäule: den Wirbelkörpern, Bandscheiben, Wirbelgelenken und Bändern.

Jeder Wirbel kommuniziert über Gelenkfortsätze mit dem über und unter ihm gelegenen Nachbarwirbel. Diese sind anatomisch hochspezialisiert im Hinblick auf die jeweils individuelle Beanspruchung. Deutlich wird dies beim Vergleich mit der Situation beim Steinbock oder beim Wal. Beim Steinbock zum Beispiel sichern die umgreifend hakenförmig ausgebildeten Gelenke die impulsartigen Verbiegungen des Rumpfes bei den extremen Sprüngen im steilen Gelände. Wale dagegen benötigen derartige Gelenke überhaupt nicht, da bei ihnen ohnehin sämtliche Bewegungen durch das umgebende Wasser hinreichend abgebremst werden. Beim Menschen schränken die Gelenke vor allem im Bereich der Lendenwirbelsäule die Rotation um die Längsachse ein und beugen damit einem Überdrehen vor. Außerdem schützen sie die Bandscheibe vor zu großer Verschiebung.

Weiter konnte gezeigt werden, dass sich selbst im Mineralisierungsmuster des Knochens unmittelbar unter dem Knorpel der Wirbelgelenke die fein abgestimmte Anpassung an die auftretenden Schwerkkräfte wiederfinden lässt.

Der Bandapparat der Wirbelsäule stellt keineswegs nur ein passives Gurtsystem dar, dessen Funktion sich darauf beschränkt, die Wirbelkörper durch Zug miteinander zu verbinden. Die meisten Anteile des Bandapparates sind so angebracht, dass sie bei Bewegungen allmählich immer mehr Widerstand entwickeln. Das garantiert, dass Belastungsspitzen vom Knochen abgewendet und Verletzungen vermieden werden. Dabei zeigen manche Bänder – so die Münchner Arbeitsgruppe um Putz – eine derart raffinierte Anordnung, dass sie diese Funktion sowohl beim Bücken nach vorne als auch beim Strecken nach hinten zu erfüllen vermögen. Stabilisierend unterstützt wird der Bandapparat zusätzlich durch die tiefen Rückenmuskeln.

Die Bandscheiben quellen bei der Ruhe in der Nacht auf und garantieren für die bewegungsintensivere Phase am Tag einen günstigen Ausgangszustand, weil dadurch unter anderem der Bänderapparat in eine Art Vorspannung versetzt wird. Zudem sind die Bandscheiben je nach Höhe der Wirbelsäule unterschiedlich gebaut. Auch dies belegt die **optimale funktionelle Anpassung der Module der Wirbelsäule an ihre Beanspruchung.**

Und wie schätzt Putz die allgegenwärtigen Rückenbeschwerden ein? Der Anatom vertritt die Ansicht, der evolutionäre Optimierungsprozess beschränke sich auf die Reproduktionsperiode. Demnach wären die Gewebe des Bewegungsapparates – Knochen, Knorpel, Bänder, Menisken – darauf ausgelegt, etwa dreißig bis vierzig Jahre lang die bestmögliche Leistung zu erbringen.

Aber selbst im Alter zeigt die Wirbelsäule noch erstaunlich angemessene Reaktionen auf die Erfordernisse eines Wirbelsäulenlebens zwischen Sicherung von Stabilität und Gewährung von Mobilität. Wenn allerdings der Alltag immer häufiger fast ausschließlich im Bürostuhl und Fernsehsessel stattfindet oder das Rückgrat infolge überzogener sportlicher Ambitionen übermäßig beansprucht würde, dann sei dem auch ein noch so „erstklassiges biomechanisches Fabrikat der Evolution“ nicht immer gewachsen.

Welche Schlüsse können aus dieser evolutionär dialektischen Darstellung von Sinn und Unsinn der Konstruktion unserer Wirbelsäule gezogen werden?

Mit dem Prinzip Evolution lässt sich erstens wirklich alles „erklären“. Die Wirbelsäule ist eine unausgereifte Konstruktion und gleichzeitig ein erstklassiges Meisterstück.

Zweitens ist das Naturphänomen Evolution in der Lage, für jeden Organismus eine den Umweltbedingungen und seinen funktionellen Erfordernissen entsprechende *optimale*

Justierung und Ausformung der Module der Wirbelsäule zu liefern – rein zufällig und ohne Plan. Irgendetwas in der Evolution schafft es, den verschiedenen Erfordernissen durch einen optimalen Designkompromiss zu entsprechen.

Der Schöpfungslehre und dem „Intelligent Design“ wird vorgeworfen, unwissenschaftlich zu sein, weil mit Zirkelschlüssen argumentiert werde und einem überirdischen Schöpfer Raum zum Eingreifen und Gestalten zugestanden wird. So war es in einer kürzlich ausgestrahlten Radiosendung des SWR2 („Der Versuch, Gott zu beweisen“ – Aus der Reihe: „Gottes Bilder – Warum wir glauben“ vom 27. 5. 2006) zu hören: „Das ist das Problem der Kreationisten. Sie können vorhandene Fakten nicht unvoreingenommen interpretieren. Die Ergebnisse ihrer Denkprozesse sind durch Texte der biblischen Genesis vorab festgelegt. Sie suchen einen haltbaren Argumentationsstrang hin zum ersten Buch Mose.“

Meines Erachtens ist es berechtigt, darauf folgendes zu antworten: „Das ist das Problem der Evolution. Sie kann vorhandene Fakten nicht unvoreingenommen interpretieren. Die Ergebnisse der von ihr bestimmten Denkprozesse sind vorab festgelegt. Sie sucht einen haltbaren Argumentationsstrang um sich stets selbst zu bestätigen, wie gegensätzlich die Wege dahin auch erscheinen mögen.“

Autor dieser News: Henrik Ullrich

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n67.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.04.05 Neuer Artikel über Atavismen

Ein relativ bekanntes Argument für Evolution ist das Auftreten von so genannten Atavismen. Dabei handelt es sich um eine spezielle, sehr seltene Sorte von Missbildungen, die gewisse Ähnlichkeiten mit mutmaßlichen stammesgeschichtlichen Vorfahren aufweisen sollen. Solche Missbildungen werden daher evolutionstheoretisch als Rückschläge in frühere Evolutionsstadien interpretiert und dann als Atavismen bezeichnet. (Der Begriff „Atavismus“ kommt vom lateinischen *atavus* = Urgroßvater, Urahn.) Somit sollen Atavismen Belege für andersartige Vorfahren liefern. Bekannte atavistisch gedeutete Missbildungen beim Menschen sind Halsfisteln, ein ungewöhnlich stark ausgebildetes Haarkleid, „Schwänzchen“ in der Steißgegend und überzählige Brustwarzen.

Das evolutionstheoretische Atavismus-Argument ist jedoch aus verschiedenen Gründen nicht stichhaltig. Als Atavismen gedeutete Strukturen können nicht ohne vorgegebene Ursprungstheorie als solche erkannt werden. Das zu Beweisende wird also vorausgesetzt: Es muss ein konkreter Evolutionsverlauf *vorgegeben* werden, um die Deutung einer Missbildung als Atavismus vornehmen zu können. Einen unabhängigen Beleg für Evolution können Atavismen somit nicht liefern. Dieses und weitere kritische Argumente werden im neuen Artikel „Atavismen“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41304&Sprache=de&l=1>) erläutert und diskutiert. Es gibt sowohl einen Interessierten- als auch einen Experten-Text.

Ohne Rückgriff auf eine Ursprungstheorie liegt eine Deutung einer Struktur als Atavismus dann nahe, wenn bei Kreuzung zweier Arten A und B ein Merkmal auftritt, welches den Kreuzungspartnern nicht, jedoch einer dritten, ebenfalls mit A oder B kreuzbaren Art zukommt (wenn also verschiedenes Erbgut spezialisierter Arten zusammenkommt, dessen Kombination die Ausprägung ursprünglicher Merkmale wieder ermöglicht). Innerhalb von polyvalenten Grundtypen („Artbegriffe“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41224&Sprache=de&l=1>; Heutige Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>) können Atavismen durch einzelne Mutationen in regulatorischen Genbezirken erklärt werden. Die atavistisch ausgebildete Struktur gehört in solchen Fällen zum ursprünglichen „Repertoire“ des Grundtyps.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n34.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

(Paläo-)Anthropologie: Herkunft des Menschen

15.09.23 Hatte *Homo erectus* eine menschliche Kindheitsdauer?

Ein Merkmal, das Menschenaffen und Menschen nach typischer evolutionärer Lehrmeinung unterscheidet, ist die Dauer der Kindheit, die man Individualentwicklung nennt. Allerdings wird immer wieder behauptet, dass *Homo erectus* (der „aufrechte Mensch“) hinsichtlich der Individualentwicklung eine Übergangsform von großaffenähnlichen Vorfahren zu heutigen Menschen darstellen soll. Das Ergebnis einer Reihe von Methoden, die zur Altersbestimmung eingesetzt werden, zeigt aber: *Homo erectus* hatte wahrscheinlich eine menschliche Kindheitsdauer, wenn man ein Alter von ca. 10 Jahren ansetzt.

Einleitung

In der Evolutionsbiologie wird allgemein angenommen, dass sich Schimpanse und Mensch aus gemeinsamen Vorfahren vor ca. 7 Mio. radiometrischen Jahren (rJ) entwickelt haben. Der Weg zum Menschen soll über großaffenähnliche Australomorphen (z. B. *Australopithecus*) gelaufen sein und dann über *Homo erectus* zum modernen Menschen geführt haben. Ein Argument für diese Perspektive lautet, dass *Homo erectus* eine verkürzte Kindheitsdauer (Individualentwicklung) gehabt haben soll, die sich als eine Übergangsform zwischen heutigen Menschenaffen und Menschen eignet (vgl. Collard & Wood 2015). Andere Merkmale wie Körpergröße, Körperform, Fortbewegungsweise und Gebissmerkmale von *Homo erectus* seien hingegen typisch menschlich gewesen (vgl. ebd.).

Bei der These einer verkürzten Kindheit wird häufig auf das vollständigste *Homo-erectus*-Fossil namens Turkana Boy aus Kenia verwiesen. Ein Special Paper von Benjamin Scholl mit dem Titel „Hatte *Homo erectus* eine verkürzte Kindheit ähnlich derjenigen der Menschenaffen?“ (<http://www.wort-und-wissen.de/artikel/homo-erectus-individualentwicklung/>) setzt sich kritisch mit den zugrundeliegenden Vorannahmen einer vermeintlich nichtmenschlichen Individualentwicklung des Turkana Boy auseinander. Die Ergebnisse werden hier kurz zusammengefasst.



► **Abb. 1** Der Turkana Boy (Links: Skelett, Rechts: Skizze) besitzt insgesamt ein menschenähnliches Skelett. (Wikimedia: Rept0n1x, CC BY-SA 3.0; Mauricio Antón, published with Alan Turner: Africa – the Evolution of a Continent and its Large Mammal Fauna, CC BY 4.0)

Verschiedene Rekonstruktionsverfahren

Graves und Kollegen (2010, Tab. 1) haben einen Überblick über bisherige Studien zur Rekonstruktion des Sterbealters des Turkana Boy vorgelegt. Dabei kommt je nach **Art**, die als **Vergleich** verwendet wird, und je nach **Kriterium zur Altersbestimmung** ein ganz anderes Alter für den Turkana Boy heraus. Ein geringes Sterbealter trotz relativ großer Körpergröße des Turkana Boy wird in der Regel als Argument dafür verwendet, dass er eine affenähnliche Kindheitsdauer hatte. Daher sind gerade die Studien problematisch, in denen dem Turkana Boy ein niedriges Sterbealter zugemessen wird. Sieben Studien ergaben ein Sterbealter ca. 10,5 bis 15 Jahren, unterschieden sich aber im Teil erheblich.

Vier Studien kamen aber auf ein geringes Sterbealter des Turkana Boy (ca. 7,5 bis 9,9 Jahre). Sie setzen allerdings nicht ausschließlich heutige Menschen als **Vergleichsart** zur Altersrekonstruktion ein, sondern auch Großaffen oder Australomorphen. Da *Homo erectus* aus Grundtyp-Perspektive (vgl. Brandt 2017) ein echter von Gott erschaffener Mensch war (der von Adam und Eva abstammt), sind diese Rekonstruktionen außerhalb des evolutionären Denkrahmens problematisch. Da zwei dieser Studien neben Affen auch Menschen als Vergleichsarten verwendeten, sollen sie im Folgenden genauer betrachtet werden.

Die unterschiedlichen rekonstruierten Sterbealter für Menschen unterscheiden sich aufgrund verschiedener **Kriterien zur Altersbestimmung**. Dies liegt daran, dass der Zustand des Skeletts und der Zähne jeweils unterschiedliche Alter nahelegen können. Doch zwei bis drei Jahre Unterschied in der Individualentwicklung der Zähne und des Skeletts sind auch bei heutigen Menschen nicht ungewöhnlich (Graves et al. 2010; vgl. Dean & Smith 2009, Tab. 10.3), weil die Entwicklungsgeschwindigkeiten verschiedener Körperbereiche unterschiedlich schnell sein können (Dean 2016; vgl. Dean & Liversidge 2015).

Altersrekonstruktion mithilfe des Gebisses

Heutige Menschen und auch Schimpansen haben eine **große individuelle Vielfalt** bei der Entwicklung von Zähnen im Kindheitsverlauf, weil das Zahnwachstum ein ziemlich dynamischer Prozess ist (vgl. Smith et al. 2010). Dies wird von Wissenschaftlern, die das Alter menschlicher oder affenähnlicher Fossilien bestimmen wollen, oft nicht angemessen berücksichtigt, da sich diese oft zu stark an vereinfachten Faustregeln orientieren. Zum Beispiel wird häufiger behauptet, der Zahndurchbruch des 1. Backenzahns (M1) würde bei Schimpansen mit 4,1 Jahren erfolgen (ebd.). Studien zeigen aber, dass bei Schimpansen der 1. Backenzahn zwischen ca. 2,1 und 4,4 Jahren durchbricht (sichtbar wird), während dies bei heutigen Menschen zwischen ca. 3,7 und 7,8 Jahren geschehen kann (Ekstrand et al. 2003; Smith et al. 2010; Machanda et al. 2015; Rozzi 2016; Chaitanya 2018). Findet man nun ein Fossil eines angeblichen „Vormenschen“ mit einem solchen gerade durchgebrochenen Backenzahn, kann man also nicht ableiten, dass das Individuum mit genau 4,1 Jahren gestorben sei – selbst wenn man sicher sein könnte, dass es ein Großaffe oder ein Mensch war. Auch beim Durchbruchsalter anderer Zähne gibt es gewaltige Schwankungen und immer auch einen Bereich, in dem sich Schimpansen und Menschen überlappen. Die von Scholl (2023, Tab. 2) zusammengestellten **Zahndurchbruchsalter** bei modernen Menschen sprechen im Vergleich mit dem Zahnzustand beim Turkana Boy (alle Zähne außer

Weisheitszähne und obere Eckzähne durchgebrochen) **für ein Alter des Turkana Boy zwischen ca. 7,3 bis 12,9 Jahren.**

Auch anhand der mikroskopisch kleinen **Zahnwachstumslinien** auf den Zähnen kann man ein Alter abschätzen (ähnlich wie bei Baumringen). Allerdings ist **ihre Wachstumsgeschwindigkeit nicht immer gleich, sondern unterscheidet sich zwischen ca. 6 bis 12 Tagen** je nach Population und Zahntyp (vgl. Reid & Dean 2006, Tab. 2; Hu et al. 2011; Tam et al. 2017). Legt man diese jeweils minimale bzw. maximale menschliche Bildungsdauer der Zahnwachstumslinien zugrunde und korrigiert die methodischen Fehler in der Rechnung von Dean & Smith (2009), **ist es möglich, das Zahn-Alter des Turkana Boy unter modern-menschlichen Bedingungen auf ca. 7,3 bis 10,1 Jahre zu rekonstruieren** (vgl. Scholl 2023, Anhang Tab. 4).

Betrachtet man den **konkreten Bildungszustand der Zahnkronen und der Zahnwurzeln** des Turkana Boy und legt man heutige menschliche Entwicklungszeiten zugrunde, **könnte der Turkana Boy minimal 7,5 bis 9,4 Jahre und maximal 11,8 bis 14,4 Jahre alt gewesen sein** (vgl. Scholl 2023, Anhang Tab. 3). Insgesamt weist der **Gesamteindruck des Gebisses** – abgesehen von den Zahnwachstumslinien (s. o.) – **auf ein Alter von ca. 10 bis 11 Jahren hin** (nach Dean & Smith 2009).

So kommen auch Dean & Liversidge (2015; vgl. Dean 2016) bei den **Vor- und Backenzähnen** zu dem Schluss, dass der Turkana Boy ein frühes, aber **menschliches Bildungsmuster** der Zähne hatte. Auch die **Bildungsdauer der vorderen Zähne kann im frühen menschlichen Bereich gelegen haben**, wenn man das gesamte menschliche Merkmalsspektrum beim Zahnwachstum betrachtet (vgl. Scholl 2023, Abb. 2).

Übrigens gibt es nicht nur bei Menschen, sondern auch bei heutigen **Schimpanzen deutliche Unterschiede** bei Zahndurchbruch, Bildungsdauer von Zahnwachstumslinien sowie von Zahnkrone und -wurzel (vgl. Smith et al. 2010), was eine konkrete Altersrekonstruktion auch bei großaffenähnlichen Australomorphen erschwert.

Altersbestimmung und Körperwachstum

Letztlich **herrscht auch bei der Bestimmung des Skeletalters eine Unsicherheit** bei einigen Wissenschaftlern (vgl. Antón & Snodgrass 2012), wie menschenähnlich der Turkana Boy diesbezüglich war. Dies sollte aber nicht überraschen, da auch das **Körperwachstum**, die **maximale Erwachsenengröße** und auch das **Eintreten der Geschlechtsreife** bei Schimpanzen und bei heutigen Menschen **extrem schwankt**. Ursachen sind zum Beispiel die Herkunft und unterschiedliche Lebensbedingungen (vgl. Marson et al. 1991; Hamada et al. 1996; Ji 2001; Ilieva et al. 2002; Smith et al. 2010; Antón & Snodgrass 2012; Brandt 2015, 206; Song et al. 2016; Walker et al. 2018). Dies kann ein Vergleich aus der Kriminalistik verdeutlichen: Wenn beispielsweise bei einem Skelettfund eines modernen Menschen die Herkunft nicht klar wäre, könnte man allein aufgrund der *durchschnittlichen* Körpergröße entweder einen 13 Jahre alten Jungen aus den Niederlanden oder einen 19 Jahre alten Jungen von den Solomon Islands vor sich haben (vgl. Rodriguez-Martinez et al. 2020).

Laron (2010) stellte außerdem fest, **dass bei Jungen in der Pubertät das Skeletalter im Durchschnitt um 9 Monate zu jung bestimmt worden war. Bei Jungen mit verzögerter**

Pubertät lag das geschätzte Alter des Skeletts sogar im Durchschnitt 2,85 Jahre niedriger als ihr tatsächliches Alter (ebd.).

Ebenso gibt es beim **Wachstum der Epiphysen**, also dem Zuwachsen der Wachstumsfugen in der Nähe der Knochenenden, **große individuelle Unterschiede** und auch Überlappungsbereiche bei Schimpansen und modernen Menschen (vgl. Graves et al. 2010; Dean 2016). Hinzu kommt der schlecht erhaltene Zustand des körperfernen Oberarmknochens (vgl. Ruff & Burgess 2015). Die Angabe von Dean (2016), **dass der Turkana Boy mit nur teilweise geschlossener Epiphyse des körperfernen Oberarmknochens und der Beckenknochen höchstens 11 bis 14 Jahre alt gewesen sei**, muss daher mit **Vorsicht** betrachtet werden.

Auch die Rekonstruktionsversuche zur **Körpergröße** des Turkana Boy zum Sterbezeitpunkt auf der Grundlage der Skelettfunde schwanken zwischen ca. 141 und 169 cm – **liegen in der Mehrheit aber bei ca. 160 cm** (Graves et al. 2010). Nimmt man **heutige Jungen** ohne extreme Wachstumskurven aus Deutschland bzw. Mosambik als Vergleichsgrundlage (Robert Koch-Institut 2011; FANTA 2018) hätte der Turkana Boy selbst bei vorsichtigen Größenschätzungen und unter Ausschluss von Erkrankungen **zwischen 10 und 18 Jahren alt gewesen sein können**.

Diese Beispiele verdeutlichen, wie schwierig es ist, ein konkretes Sterbealter beim Turkana Boy abzuleiten. Daher ist bei Schätzungen von Größe und Alter des ausgewachsenen Zustandes beim Turkana Boy, wie beispielsweise bei Graves et al. (2010), große Zurückhaltung geboten.

Fazit

Das **Sterbealter** des Turkana Boy ist aufgrund vieler **unsicherer Faktoren nicht eindeutig bestimmbar**. Die Bestimmungsmerkmale an Gebiss und Körperskelett bei heutigen Schimpansen und Menschen weisen in der Regel eine viel größere Vielfalt und auch Überlappung auf, als dies in der Fossilienforschung oft berücksichtigt wird. Die Behauptung, dass *Homo erectus* keine menschliche Kindheitsentwicklung besaß, ist daher als evolutionär bedingte Spekulation zu betrachten. Davon abgesehen **würde der Turkana Boy bei jedem von Scholl (2023) untersuchten Kriterium zur Altersbestimmung als voll menschlich gelten, wenn er ungefähr 10 Jahre alt gewesen sein sollte**. Somit kann für *Homo erectus* am Beispiel des am besten erhaltenen Skeletts Turkana Boy geschlussfolgert werden, dass *Homo erectus* nicht nur hinsichtlich der Kriterien Körpergröße, Körperform, Fortbewegungsweise und Gebissausprägung von Collard & Wood (2015) menschlich war, sondern wahrscheinlich auch bezüglich der Individualentwicklung (zu den durchschnittlich kleineren Gehirn von *Homo erectus* siehe Scholl 2022).

Interessant ist auch, dass Cofran (2019) – bei aller Vorsicht bezüglich der Altersrekonstruktion bei Fossilien – zu dem Schluss kam, **dass *Homo erectus* vor 1 MrJ (wie auch der Neandertaler in späterer Zeit) wahrscheinlich ein langsames menschenähnliches Gehirnwachstum aufwies; während es bei *Australopithecus* schimpansentypisch schnell war**.

Literatur

- Antón SC & Snodgrass JJ (2012) Origins and Evolution of Genus *Homo*: New Perspectives. *Curr. Anthropol.* 53, S479–S496, doi: 10.1086/667692.
- Brandt M (2015) Wie alt ist die Menschheit? Demographie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 5. erw. Aufl. SCM Hänssler.
- Brandt M (2017) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. SCM Hänssler.
- Chaitanya P et al. (2018) Time and Eruption Sequence of Permanent Teeth in Hyderabad Children: A Descriptive Cross-sectional Study. *Int. J. Clin. Pediatr. Dent.* 11, 330–337, doi:10.5005/jp-journals-10005-1534.
- Cofran Z (2019) Brain size growth in *Australopithecus*. *J. Hum. Evol.* 130, 72–72, doi: 10.1016/j.jhevol.2019.02.006.
- Collard M & Wood B (2015) Defining the Genus *Homo*. In: Henke W, Hardt T & Tattersall I (Ed.) *Handbook of Paleoanthropology*. Springer-Verlag, 2107–2144, doi: 10.1007/978-3-642-39979-4_51.
- Dean MC et al. (2001) Growth processes in teeth distinguish modern humans from *Homo erectus* and earlier hominins. *Nature* 414, 628–631, <https://www.nature.com/articles/414628a>.
- Dean MC (2016) Measures of maturation in early fossil hominins: events at the first transition from australopiths to early *Homo*. *Phil. Trans. R. Soc. B* 371, 20150234, <http://dx.doi.org/10.1098/rstb.2015.0234>.
- Dean MC & Liversidge HM (2015) Age estimation in fossil hominins: comparing dental development in early *Homo* with modern humans. *Ann. Hum. Biol.* 42, 415–429, doi:10.3109/03014460.2015.1046488.
- Ekstrand KR, Christiansen J & Christiansen MEC (2003) Time and duration of eruption of first and second permanent molars: a longitudinal investigation. *Community Dent. Oral Epidemiol.* 31, 344–350, doi: 10.1034/j.1600-0528.2003.00016.x.
- FANTA: Food And Nutrition Technical Assistance (2018) Mozambique Growth Charts and Tables for Children and Adolescents. aufgerufen am 26.09.2022, <https://www.fantaproject.org/sites/default/files/resources/Moz-Growth-TABLES-BOY-Mar2018.pdf>.
- Graves RR (2010) Just how strapping was KNM-WT 15000? *J. Hum. Evol.* 59, 542–554, <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2010.06.007>.
- Hamada Y, Udono T, Teramoto M & Sugawara T (1996) The growth pattern of chimpanzees: Somatic growth and reproductive maturation in *Pan troglodytes*. *Primates* 37, 279–295, <https://doi.org/10.1007/BF02381860>.
- Hu R, Zhao LX, Wu XZ (2011) Periodicity of Retzius lines in fossil *Pongo* from South China. *Chin. Sci. Bull* 57, 790–794, doi: 10.1007/s11434-011-4883-3.

Ilieva E, Veleganova VK & Belcheva AB (2002) Eruption of first permanent molars in 4- to 8-year-old children. *Folia Med. (Plovdiv)* 44, 70–73.

Ji C-Y (2001) Age at spermarche and comparison of growth and performance of pre- and post-spermarcheal Chinese Boy. *J. Hum. Biol.* 13, 35–43, [https://doi.org/10.1002/1520-6300\(200101/02\)13:1<35::AID-AJHB1005>3.0.CO;2-E](https://doi.org/10.1002/1520-6300(200101/02)13:1<35::AID-AJHB1005>3.0.CO;2-E).

Laron Z (2010) Age at first ejaculation (spermarche) - The overlooked milestone in male development. *Pediatr. Endocrinol. Rev.* 7, 256–257. PMID: 20526238.

Machanda Z et al. (2015) Dental eruption in East African wild chimpanzee. *J. Hum. Evol.* 82, 137–144, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jhevol.2015.02.010>.

Marson J, Meuris S, Cooper RW & Jouannet P (1991) Puberty in the male chimpanzee: progressive maturation of semen characteristics. *Biol. Reprod.* 44, 448-55, doi: 10.1095/biolreprod44.3.448.

Robert Koch-Institut (2011) Beiträge zur Gesundheitsberichterstattung des Bundes: Referenzperzentile für anthropometrische Maßzahlen und Blutdruck aus der Studie zur Gesundheit von Kindern und Jugendlichen in Deutschland (KiGGS) 2003 bis 2006. erw. Aufl., https://www.rki.de/DE/Content/Gesundheitsmonitoring/Gesundheitsberichterstattung/GBEDownloadsB/referenzperzentile/anhang.pdf?__blob=publicationFile.

Rodriguez-Martinez A et al. (2020) Height and body-mass index trajectories of school-aged children and adolescents from 1985 to 2019 in 200 countries: Pooled analysis of 2,182 population-based studies with 65 million participants. *Lancet* 396, 1511–1524, doi: 10.1016/S0140-6736(20)31859-6.

Rozzi FR (2016) Diversity in tooth eruption and life history in humans: illustration from a Pygmy population. *Sci. Rep.* 6, 27405, <https://doi.org/10.1038/srep27405>.

Ruff CB & Burgess ML (2015) How much more would KNM-WT 15000 have grown? *J. Hum. Evol.* 80, 74–82, doi: 10.1016/j.jhevol.2014.09.005.

Smith TM et al. (2010) Dental development of the Tai Forest chimpanzees revisited. *J. Hum. Evol.* 58, 363–373.

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

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

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n320.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.06.23 „Syntaxähnliche“ Struktur bei Schimpansen nachgewiesen

Bisher schien es eine gut begründete Tatsache zu sein, dass wildlebende Schimpansen nicht zu Grammatik in Lautäußerungen fähig sind, weil der Nachweis fehlte, dass Rufkombinationen von Affen tatsächlich Bedeutungen kommunizieren (vgl. Scholl 2018, 2023a). Eine neue Studie von Leroux und Kollegen vom Mai 2023 liefert allerdings gute Argumente für eine „syntaxähnliche“ Struktur bei Schimpansen (Syntax = Satzlehre). Lässt sich daraus auf eine Evolution der menschlichen Sprachen aus schimpansenähnlichen Vorfahren schlussfolgern?

Der bisherige Forschungsstand zur „Schimpansen-Grammatik“

Es ist es faszinierend, dass es durch gründliche und systematische Beobachtung von Lautäußerungen bei Tieren und deren Verknüpfung mit möglichen Bedeutungen durch Menschen möglich ist, gewisse Analogien zur menschlichen Sprache zu formulieren. Doch wie weit geht diese Ähnlichkeit zwischen der akustischen Kommunikation von Schimpansen und Menschen im Detail?

In einem Online-Artikel „Beherrschen Schimpansen etwa doch Grammatik?“^[1] hatte Scholl (2023a) kürzlich eine Studie von Girad-Buttoz et al. (2022) analysiert, welche sich mit einem möglichen Nachweis einer Grammatik bei Schimpansen beschäftigt. In manchen populären Medien war daraus –fälschlicherweise – auf das Vorhandensein einer Grammatik als evolutionäre Vorstufe zur menschlichen Sprachfähigkeit geschlussfolgert worden (Scholl 2023a).

Die Forscher um Girad-Buttoz hatten ca. 5000 Rufe von Schimpansen in freier Wildbahn aufgezeichnet und dabei ca. 390 Kombinationen von Einzelrufen festgestellt. Dabei wurden in sehr seltenen Fällen bis zu zehn Rufe aneinandergereiht (meist waren es nur zwei bis fünf Rufe in Folge). Anhand von statistischen Analysen hatten die Autoren aufgezeigt, dass manche Rufe deutlich häufiger am Anfang, am Ende oder in Kombination mit anderen Rufen bei Zweier- und Dreier-Rufeinheiten verwendet wurden. Im besten Fall könnte man so zwanzig einfache grammatikalische Regeln zum Bilden von Rufkombinationen bei Schimpansen vermuten – im Gegensatz zu mindestens 3.500 grammatikalischen Regeln im relativ „simplen“ modernen Englisch (vgl. Scholl 2023a).

Der Nachweis einer auch nur rudimentär ausgebildeten Grammatik bei Schimpansen war von Girad-Buttoz et al. (2022) allerdings nicht erbracht worden, da die Forscher bei den überdurchschnittlich häufig vorkommenden Rufkombinationen mögliche inhaltliche Bedeutungen gar nicht untersucht hatten. Dagegen können Menschen in ihren ca. 7000 verschiedenen Sprachen durch feine Nuancen im Satzbau (Syntax) eine unglaubliche Fülle an Bedeutungen vermitteln. Es war also bisher nicht bekannt, ob Schimpansen – im Gegensatz zu einigen anderen Tieren wie sonstigen Säugetieren und Vögeln, die keine engere Verwandtschaft zum Menschen aufweisen – überhaupt Informationen mit ihren Rufkombinationen vermitteln. **Damit klafft eine gewaltige Lücke zwischen den kommunikativen Fähigkeiten von Schimpansen und den ganz unterschiedlichen, äußerst komplexen menschlichen Sprachen auf der anderen Seite.**

Außerdem zeigte Scholl (2023a) weitere schwerwiegende Probleme zur Evolution von Kommunikationsfähigkeiten auf – wie z. B. eine völlig unsystematische Verteilung von Fähigkeiten zu Rufkombinationen (wie auch Konsonantenverwendung) unter Primaten, Fledermäusen, Walen und Singvögeln und auch von auditiven Kommunikationsfähigkeiten und -organen im Tierreich generell. Daraus lässt sich die Schlussfolgerung ableiten, dass evolutionäre Erklärungsmodelle zur Herkunft menschlicher Sprache im Besonderen und auch zur Herkunft genialer, vielfältiger und unsystematisch verteilter Kommunikationsfähigkeiten im Tierreich im Allgemeinen bisher gescheitert sind (vgl. Scholl 2023a; Scholl 2018, 13–20). Dieser Befund könnte stattdessen als Argument für ein biblisches Ursprungsmodell von tierischen Kommunikationsfähigkeiten und menschlichen Sprachen vor allem auf der Basis von 1. Mose Kapitel 1–2 und 10–11 gedeutet werden.

Allerdings hat sich die Datenlage bezüglich der Kommunikationsfähigkeit von Schimpansen mit einer Studie vom Mai 2023 grundsätzlich geändert. Leroux und Kollegen (2023) haben nämlich die allererste Studie über wildlebende Schimpansen vorgelegt, die sich mit einer Rufkombination mit inhaltlicher Bedeutung auseinandersetzt. Doch was bedeuten die neuen Forschungsergebnisse für die Frage nach der evolutionären Herkunft der menschlichen Sprachen?

Neue Studie zur „kompositionellen Syntax“ bei Schimpansen

Leroux et al. (2023, 1) halten zu Beginn ihres Artikels fest, dass die menschliche Sprache etwas Besonderes ist: „Die menschliche Sprache ist ein äußerst produktives Kommunikationssystem, bei dem durch die Kombination vorhandener bedeutungstragender Einheiten (oder Wörter) syntaktisch neue Bedeutung geschaffen werden können“. Dabei können Menschen nicht nur Kombinationen hervorbringen, deren Bedeutungen sich (*kompositionell*) aus den Bedeutungen der Einzelbestandteile (wie z. B. Wörtern) ergeben. Menschen sind darüber hinaus auch in der Lage, durch Kombinationen völlig neue Bedeutungsinhalte zu erzeugen, was man *kombinatorische* Syntax nennt (ebd.). Dies erfordert sicherlich eine höhere Abstraktionsleistung als die *kompositionelle* Syntax, die wahrscheinlich im nachfolgend beschriebenen Einzelfall bei Schimpansen nachgewiesen worden ist. Es ist allerdings noch umstritten („more contentious“), welches der Ursprung der Syntax nach evolutionstheoretischen Vorstellungen ist (ebd.). Auch Leroux et al. (2023, 2) bestätigen die Feststellung von Scholl (2023a), dass noch keine Syntax bei Großen Menschenaffen nachgewiesen wurde – weil nämlich noch gar keine systematischen Arbeiten zu syntaktischen Strukturen bei ihnen durchgeführt worden waren.

Die dem Menschen vermeintlich am nächsten verwandten^[2] Schimpansen benutzen zwölf verschiedene Ruftypen (Girard-Buttoz et al. 2022; vgl. zur Verwandtschaft: Scholl 2023b). Dazu gehören auch „Huu“-Rufe (Alarmruf) und „Waa“-Rufe (Ruf zur Unterstützung bei Jagd oder Gefahr, aber auch bei anderen sozialen Kontexten wie Aggression; vgl. Leroux et al. 2023, 2).

Wie sind die Wissenschaftler um Leroux vorgegangen?

Sie erschreckten mittels einer Schlangen-Attrappe dreizehn wildlebende Schimpansen. In neun von 21 Fällen kombinierten die erschrockenen Schimpansen die Rufe „Huu“ und „Waa“

zu „Huu Waa“[3] (ebd.; vgl. Podbregar 2023). Wenn dies geschah, eilten überdurchschnittlich häufig Schimpansen zum Rufenden herbei: In sieben von neun Fällen eilten beim „Huu Waa“ Artgenossen zu dem Rufenden; dies geschah hingegen nur in einem von zwölf Fällen, als nur der Ruf „Huu“ ohne „Waa“ ausgestoßen worden war (Leroux et al. 2023, 2, Fig. 1).

Daher schlussfolgerten die Forscher, dass der Inhalt einen Rekrutierungsruf darstellt, der Gruppenmitglieder zugleich warnen und rekrutieren soll. Die Bedeutung der Rufkombinationen ergibt sich hierbei aus der Bedeutung der beiden Einzelbestandteile (Alarm und Ruf zur Unterstützung), was Leroux et al. (2023, 1) als „eine der kompositionellen Syntax ähnliche Struktur“ deuten.

Um zu auszuschließen, dass der Ruf „Waa“ alleine dieselbe Wirkung haben könnte, wie die Kombination „Huu-Waa“, spielten die Forscher vier Schimpansen per Lautsprechern den aufgenommenen Ruf „Waa“ vor. Fünf Schimpansen wurde „Huu“ und sechs Schimpansen „Huu-Waa“ vorgespielt. „Huu-Waa“ sorgte, wie erwartet, für eine schnellere Reaktion als „Huu“ (nicht aber schneller als bei „Waa“ alleine) sowie für eine deutlich längeren Blickkontakt der Schimpansen als bei „Waa“ oder gar „Huu“ (ebd., Fig. 2). Zudem war der Blickkontakt, den die Forscher als verstärkte Aufmerksamkeit deuten, bei der Rufkombination noch länger, als wenn man die Werte bei den einzelnen Rufen „Huu“ und „Waa“ einfach addieren würde. Weiterhin berichten die Forscher, dass sich bei „Huu-Waa“ – im Gegensatz zu den Einzelrufen – drei von sechs zuhörenden Schimpansen den Lautsprechern näherten. Außerdem kletternden zwei Schimpansen auf einen Baum und schauten herunter, wie dies typisch beim Kontakt mit Schlangen ist (S. 3). Die Autoren schlussfolgern (S. 3): **„Es besteht also die Möglichkeit, dass die Kombination der Rufe den Zuhörern spezifischere Informationen bietet als die einzelnen Rufe für sich genommen.“**

Syntaktische Fähigkeiten im sonstigen Tierreich

Ähnlich wie Scholl (2023a) stellen Leroux et al. (2023) die bei Schimpansen nachgewiesene Fähigkeit zur *kompositionellen* Syntax in einen breiteren evolutionären Rahmen im Tierreich.

Fähigkeiten zur Kombination von Rufen – z. T. auch mit inhaltlich neuer Bedeutung im Vergleich zu den Einzelrufen – treten nämlich weit verbreitet in der Systematik der Primaten auf. Nach (Leroux et al. 2023, 2) könnte diese Fähigkeit evolutionär bereits vor der vermuteten evolutionären Aufspaltung in Altwelt- und Neuweltaffen vor 45 Millionen Jahren entstanden sein. **Daher sollten solche Fähigkeiten nicht als Beleg für eine Evolution der menschlichen Sprache aus Fähigkeiten von Schimpansen (bzw. schimpansenähnlichen Vorfahren) verwendet werden.** Wenn man schon von einem evolutionären Paradigma ausgeht, müsste diese Fähigkeit viel älter sein, wie auch Leroux et al. in Bezug auf die Primaten zugeben – oder mehrfach parallel entstanden sein, wie die Autoren in Bezug auf solche Fähigkeiten bei Vögeln vermuten.

Zu den syntaktisch begabten Primaten gehören die Große Weißnasenmeerkatzen. Diese kombinieren zwei Rufe, die mit Feinden bzw. Störungen zusammenhängen, in eine längere Sequenz, die mit der Bewegung der Gruppe zu tun hat (Leroux et al. 2023, 2). So werden die Rufe für „Adler-Warnung“ und „Störung“ zu einem Ruf kombiniert Ruf für „Bewegung!“ (ebd.). Da der Inhalt der Rufkombination nicht direkt mit der Bedeutung der beiden Einzelrufe zusammenhängt, repräsentiert dies einen Fall der der anspruchsvollen

kombinatorischen Syntax (vgl. ebd.). Mit einer Zusatzsilbe („Oo“) können Campbell-Meerkatzen außerdem zwei verschiedene spezielle Alarmrufe in weniger dringliche bzw. spezifische Alarmrufe umwandeln, die sich aber auf denselben Bereich (am Boden bzw. in der Luft) wie im ursprünglichen Ruf beziehen. Diese Fähigkeit wurde von Wissenschaftlern wiederholt als „rudimentäre“ *kompositionelle* Syntax interpretiert (ebd.).

Allerdings lassen Leroux et al. (2023, 2) solche Kombinationsfähigkeiten nicht generell als Hinweise auf eine gemeinsame Abstammung gelten, da sie vergleichbare Fähigkeiten bei Vögeln stattdessen als „konvergente“ (also unabhängige) Evolution deuten wollen (vgl. auch Scholl 2023a). Denn Drosselhäherlinge (*Turdoides*) und japanische Meisen können ebenfalls einen Alarmruf mit einem Rekrutierungsruf kombinieren, wenn sie bei Gefahr Unterstützung benötigen (Leroux et al. 2023, 2; Scholl 2023a). Dies entspricht exakt der „rudimentären“ *kompositionellen* Syntax, die die Forscher bei Schimpansen sehen, tritt aber im Stammbaum der Lebewesen ungefähr 300 Millionen Jahre vermeintliche Evolutionsgeschichte entfernt auf.



Abb. 1 Nicht nur Schimpansen, auch andere, nicht nahe verwandte Tiere können die Bedeutung von einzelnen Rufen ändern, wenn sie diese kombinieren (v. l.): Große Weißnasen-Meerkatzen, Campbell- bzw. Lowe-Meerkatzen, japanische Meisen und Drosselhäherlinge. (Wikimedia: LaetitiaC, CC BY-SA 3.0; Badgernet, CC BY-SA 3.0; Gerrie van Vuuren, CC BY-SA 4.0)

Schlussfolgerungen

Fasst man die Befunde zusammen, so wurde somit erstmals eine Kombination zweier Rufe bei Schimpansen nachgewiesen, die wahrscheinlich eine eigenständige Information übermittelt. Diese Rufkombination zur Rekrutierung von Artgenossen ist inhaltlich allerdings der Bedeutung der Einzelrufe (Alarm für „Huu“ und Rekrutierung für „Waa“) sehr nahe, was man daher als einen Fall von *kompositioneller* Syntax deuten kann. *Kompositionelle* Syntax tritt aber auch bei anderen, nicht näher mit Menschen verwandten Primaten und auch Vögeln auf. Und bei Campbell-Meerkatzen ist sogar die noch anspruchsvollere Stufe der *kombinatorischen* Syntax belegt, obwohl diese Affen durch 20 bis 47 Millionen radiometrische Jahre Evolutionsgeschichte von den großen Menschenaffen getrennt sein sollen (je nach Autor; s. Scholl 2023a, Tab. 1). Somit ist auch der neue Nachweis für eine wahrscheinliche Verwendung von *kompositioneller* Syntax bei Schimpansen kein Argument, das die Hypothese einer Abstammung der menschlichen Sprache und vor allem Syntax von den Rufen bei Schimpansen nahelegt. **Es bleibt aus evolutionärer Perspektive rätselhaft, dass die syntaktischen Fähigkeiten bei Großen Weißnasenmeerkatzen nach aktuellem Kenntnisstand den Menschen stärker ähneln als jene wildlebender Schimpansen.** Somit

bleibt es dabei, dass eine gewaltige Kluft zwischen den kommunikativen Fähigkeiten von Schimpansen und Menschen besteht (vgl. Scholl 2018; 2023a), die besser durch ein biblisches Schöpfungsmodell als durch ein Evolutionsmodell erklärt werden kann.

Quellen

Girard-Buttoz C et al. (2022) Chimpanzees produce diverse vocal sequences with ordered and recombinatorial properties. *Commun. Biol.* 5, 410, <https://doi.org/10.1038/s42003-022-03350-8>.

Leroux M et al. (2023) Call combinations and compositional processing in wild chimpanzees. *Nat. Commun.* 14, 2225, <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37816-y>.

Podbregar N (2023) Schimpansen kombinieren Rufe zu neuen Bedeutungen, natur.de vom 05.05.2023, <https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/schimpansen-kombinieren-rufe-zu-neuen-bedeutungen/>.

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

Scholl B (2022) „Totales Chaos“: Unklare Abstammungsverhältnisse bei Menschenaffen und Menschen. *W+W Special Paper B-22-2*, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-22-2_menschenaffen.pdf.

Scholl B (2023a) Beherrschen Schimpansen etwa doch Grammatik? *W+W Online-Artikel* vom 23.02.2023, <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Schimpansengrammatik.pdf>.

Scholl B (2023b) „Totales Chaos“: Unklare Abstammungsverhältnisse bei Menschenaffen und Menschen. *W+W Special Paper B-22-2*, https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-22-2_menschenaffen.pdf.

[1] <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/schimpansengrammatik/>.

[2] Solche Verwandtschaftsverhältnisse sind lediglich evolutionstheoretische Postulate und können nicht empirisch bewiesen werden. Empirisch sind hingegen nur abgestufte Ähnlichkeiten; diese kann man sachlich beschreiben. Ähnlichkeiten können im Gegensatz zu gemeinsamer Abstammung immer auch als Hinweise auf einen gemeinsamen Schöpfer gedeutet werden, der ähnliche Merkmale zugeteilt hat (vgl. Scholl 2022).

[3] Die Kombination „Huu-Waa“ tauchte unter den ca. 5000 in der Wildnis aufgezeichneten Rufen von Girard-Buttoz et al. (2022, Suppl. Data 2: „Hoo“+“Bark“ = „HO-BK“) acht Mal auf. Diese Kombination war dort insgesamt nicht besonders häufig oder auffällig. Allerdings beträgt die (A-posteriori-) Wahrscheinlichkeit 83 %, dass ein „Huu“ allgemein am Anfang

einer Zweiereinheit auftritt; „Waa“ („Bark“) tritt zu 72 % am Ende einer Zweiereinheit auf (ebd., Tab. 3). Da „Huu“ nach Leroux et al. (2023) einen Alarm darstellt, der auch ohne „Waa“ im selben Kontext (Schlangen-Sichtung) von Schimpansen verwendet wird, ist generell zu erwarten, dass beide Rufe typischerweise in dieser Reihenfolge abgegeben werden. Die Reihenfolge an sich erfordert also nicht die Annahme einer zusätzlichen grammatikalischen Regel (s. Scholl 2023a).

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n316.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.05.23 Banyoles-Unterkiefer: Kein Neandertaler und doch nicht der älteste moderne Mensch in Europa?

Wie alt ist der älteste fossile moderne Mensch (*Homo sapiens*) in Europa? Keeling et al. (2023) schlagen vor, dass der Banyoles-Unterkiefer ein früher *Homo sapiens* mit einem Alter von 45.000 bis gar 66.000 rJ gewesen sei. Moderne Menschen wären demzufolge bereits zu einer Zeit in Europa gewesen, aus der wesentliche archäologische Funde stammen, die man bisher dem Intellekt der Neandertaler zugeschrieben hatte. Eine gründliche Analyse der Daten zeigt jedoch, dass die Hypothese, der Unterkiefer von Banyoles gehöre zu einem modernen Menschen, spekulativ ist. Stattdessen unterstützen die netzwerkartig verteilten Merkmale die Grundtypenhypothese, die von einem einzigen erschaffenen Grundtyp der Menschen ausgeht.

1. Einleitung

Das erste Erscheinen des modernen Menschen in Europa hat sich durch neuere Funde nach hinten verschoben und wird nun älter als ca. 45.000 rJ eingestuft. So schreiben Keeling et al. (2023, 4): „Obwohl ein möglicherweise viel früheres *H. sapiens*-Fossil aus Apidima in Griechenland mit 210.000 Jahren gemeldet wurde [...], wurde der früheste fossile Nachweis für *H. sapiens* aus dem Spätpleistozän kürzlich in der Grotte Mandrin in Frankreich auf 56.800 bis 51.700 Jahre [rJ] datiert [...].“ Allerdings besteht bei den beiden genannten *Homo-sapiens*-Funde aus Griechenland^[1] und Frankreich^[2] noch kein Konsens.

Keeling et al. (2023, 1, 14–16) schlagen vor, dass der seit 1887 bekannte Unterkiefer von Banyoles (Nordost-Spanien) kein Neandertaler, sondern wahrscheinlich ein sehr früher *Homo sapiens* aus Europa mit einem Alter von 45.000 bis gar 66.000 rJ gewesen sei. So titelte auch *scinexx.de* „Ist dies das älteste Homo-sapiens-Fossil Europas?“ (Bernhard 2022). Die Behauptung, der Banyoles-Unterkiefer sei ein moderner Mensch gewesen, könnte in Zukunft als Argument verwendet werden, um archäologische Hinterlassenschaften, die bisher als Belege der intellektuellen Ebenbürtigkeit von Neandertalern mit uns modernen Menschen angesehen wurden (vgl. Frayer & Radovčić 2022a/b; Scholl 2023), z. T. als potenzielle Hinterlassenschaften moderner Menschen umzudeuten. Im Folgenden wird aufgezeigt, warum der Vorschlag von Keeling et al. (2023), dass Banyoles ein modern-menschlicher Unterkiefer sei, aus mehreren Gründen äußerst problematisch ist.

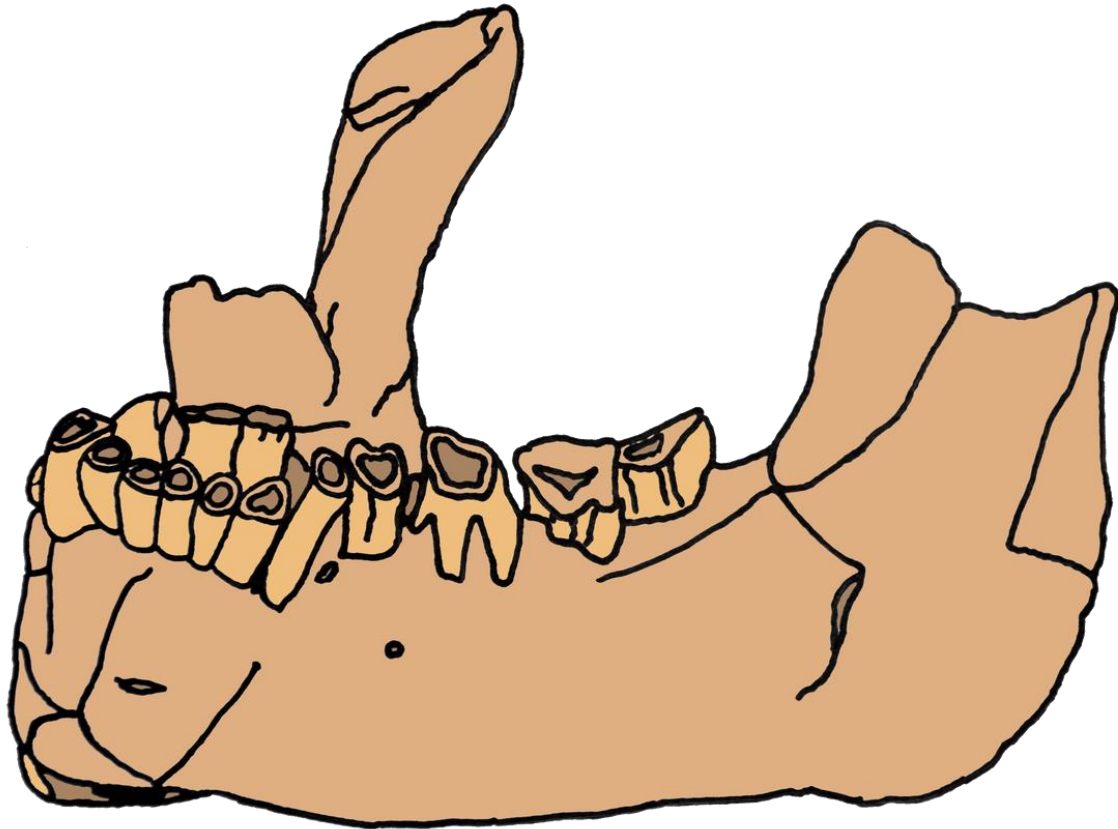


Abb. 1 Skizze des Banyoles-Unterkiefers (Eigene Darstellung)

2. Probleme der Zuordnung des Banyoles-Unterkiefers zu *Homo sapiens*

Erstens „sind sich die Fachleute über die taxonomische Zugehörigkeit dieses Fossils uneins“ (Keeling et al. 2023, 1). Dies zeigt auch der Blick in die über ein Jahrhundert zurückreichende Forschungsgeschichte mit kontroverser Diskussion seiner Merkmale und Zuordnung. So sind beim Unterkiefer von Banyoles von vielen Forschern Ähnlichkeiten mit Neandertalern oder Mittelpleistozänen Menschen festgestellt worden^[3]; von letzteren gab es solche mit typischen Neandertaler-Merkmalen (z. B. Sima de los Huesos und Ehringsdorf) und andere ohne (wie z. B. Mauer).

Zweitens fehlt der klare archäologische Kontext sowie eine eindeutige Datierung (Keeling et al. 2023, 3). Man kennt den genauen Fundort nicht, weiß aber, dass der Unterkiefer von Banyoles in einem Steinbruch Pla de la Fromgiga etwa vier Meter unter der Oberfläche in einem Kalkstein-Travertin-Tuff gefunden wurde. Die „heterogenen“ Datierungsergebnisse reichen von ca. 16.000 bis 66.000 rJ (vgl. Anhang 1), wobei Keeling und Kollegen (ebd.) ein Alter von ca. 45.000 bis 66.000 rJ bevorzugen (bei $\pm 4.000 / 7.000$ rJ). **Selbst wenn dies stimmen sollte, ist also keineswegs belegt, dass der Unterkiefer älter ist als die bisher ältesten Funde von *Homo sapiens* in Europa**, da bereits Funde an der Untergrenze der möglichen Datierung (ca. 45.000 rJ) aus Europa bekannt sind.

Das dritte Problem: Die erhaltenen Merkmale des Unterkiefers (z. B. ein fehlendes vorstehendes Kinn) „erschweren ebenfalls eine Zuordnung“ und lassen die taxonomische Entscheidung „aktuell offen“ (Keeling et al. 2023, 16).

Die Schwierigkeiten bei der Zuordnung von Banyoles werden auch anhand der folgenden Tabelle 1 ersichtlich: Es gibt kaum Merkmale des Unterkiefers, die nur bei *Homo sapiens*, nicht aber bei Neandertaler oder dem *Homo* aus dem Mittelpleistozän (bzw. *Homo heidelbergensis*) auftreten. Selbst vermeintlich typische Merkmale einer Menschenform finden sich in geringerer Häufigkeit auch bei anderen Menschenformen. Harvati & Reyes-Centeno (2022, 3) halten fest, dass es in Paläoanthropologie sogar gängige Praxis ist, solche unscharfen Merkmale (vgl. Junker & Scherer 2013, 28f, 32f, 240) wie Häufigkeitsunterschiede statt einzigartiger abgeleiteter Merkmale als Artzuschreibungskriterien bei fossilen Menschen zu verwenden: „Unterschiede in der Häufigkeit bestimmter Merkmalsausprägungen oder Merkmalskombinationen werden daher häufig als definierende Merkmale für die Diagnose akzeptiert.“

Anzahl der Individuen mit identischem Merkmal wie beim Banyoles Unterkiefer	Mittelpleistozäner <i>Homo</i> Europa	Neandertaler	Pleistozäner <i>H. sapiens</i>	Heutiger <i>H. sapiens</i>
a) völlige Fehlen eines Mentum osseum (vorstehendes Kinn) mit posteroinferiorer Abrundung der anterioren Symphyse (Tab. 3)	70 % (n = 10)	28 % (n = 18)	0 % (n = 14)	0 % (n = 63)
b) Das Foramen mentale liegt beim Vorbackenzahn P4 (Tab. 4)	15 % (n=20)	4 % (n=25)	X	76% (n=75)
c) Retromolare Raum fehlt (Lücke zw. Unterkieferast und letztem Molaren) (Tab. 5)	47 % (n=15)	19 % (n=32)	72 % (n=29)	69 % (n=59)
d) Niedrige Position der mylohyoid line (innen liegend) beim 3. Backenzahn M3 (Tab. 6)	93 % (n=15)	14 % (n=28)	X	57 % (n=70)
e) Ausgedehnte Gonale Region (am Winkel des Unterkieferastes) (Tab. 7): Tritt auch bei <i>Homo erectus</i> auf (Zhoukoudian G1, KNM-ER 992; vgl. S. 11).	0 % (n=10)	0 % (n=12)	X	76 % (n=75)
f) Tiefe Fossa masseterica (Tab. 8)	74 % (n=15)	0 % (n=22)	X	57 % (n=74)
g) Normale Morphologie des Foramen mandibulare (Unterkieferloch) (Tab. 9)	100 % (n=12)	56 % (n=27)	X	97% (n=478)
h) kein Mylohyoid bridging (Tab. 10)	50 % (n=4)	48 % (n=29)	X	87 % (n=7811)

► **Tabelle 1:** Zusammenstellung einiger Merkmale bei anderen Menschenformen, die exakt den Merkmalen des Unterkiefers von Banyoles entsprechen. Die Farben zeigen die größten (quantitativen) Ähnlichkeiten (von dunkelgrün) bis hin zu fehlende Merkmale (rot) bei den jeweiligen untersuchten Menschenformen. (Eigene Darstellung nach Keeling et al. 2023, Tab. 3–10)

Keeling et al. (2023, 7) erstellten Flächenvergleiche mithilfe von 22 Messpunkten („Landmarken“). Anschließend erstellten sie fünf Procrustes-Analysen (PC), welche ca. 68 % der Varianz erklären. Allerdings tragen PC 1, 3, 4 und 5 überhaupt nicht zur taxonomischen Klarheit bei (vgl. ebd. 12; Fig. 6). Lediglich bei PC 2, die ca. 16 % der Varianz erklärt, fielen die Banyoles-Rekonstruktion in den Variationsbereich von *Homo sapiens*.^[4] In Bezug auf die gesamte Formvariation bestehen aber signifikante Unterschiede von Banyoles zu allen untersuchten Menschenformen (S. 13).

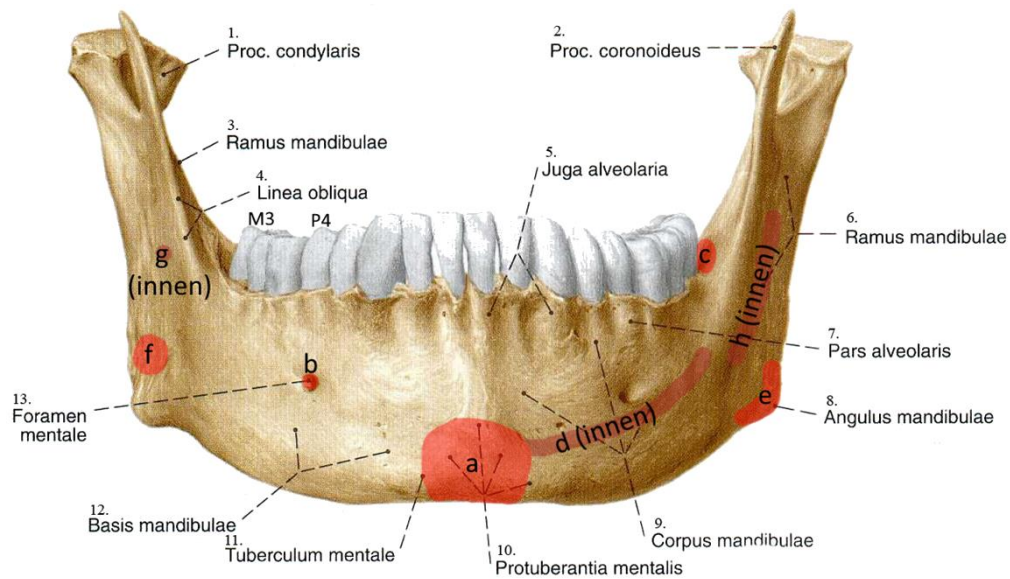


Abb. 2: Unterkiefer eines heutigen Menschen mit den markierten Vergleichsregionen beim Banyoles-Unterkiefer. (nach Wikimedia: Partynia nach Kankoreziu103; CC BY-SA 4.0)

3. Schlussfolgerungen

Insgesamt schlussfolgern Keeling et al. (2023, 15): „Auch wenn die genaue taxonomische Einordnung unsicher ist, handelt es sich bei Banyoles eindeutig nicht um einen Neandertaler“. Allerdings bedeutet dies nicht automatisch, dass Banyoles ein moderner Mensch gewesen ist. Schließlich halten die Autoren (S. 14) die meisten Merkmale von Unterkiefern beim modernen Menschen generell für Beibehaltungen („retentions“) primitiver bzw. ursprünglicher Merkmale älterer Menschenformen. Daher ist die taxonomische Zuordnung eines Unterkiefers zum modernen Menschen generell schwierig.

Ähnlich halten auch Harvati & Reyes-Centeno (2022, 3) fest, dass ein allgemeines Problem in der Abgrenzung verschiedener Menschenformen – und insbesondere bei *Homo sapiens* – besteht: „Die Diagnose von Vorfahren des modernen Menschen im Fossilbericht ist nicht immer einfach.“ Dies sei bei Neandertalern leichter, weil sie durch viele abgeleitete Merkmale/Merkmalsskombinationen einfacher zuzuordnen sind. Andererseits können Merkmale des modernen Menschen, die als diagnostisch gedeutet wurden, die tatsächliche geografischen und zeitlichen Vielfalt des modernen Menschen nicht wirklich erfassen, weil sie zu eng gefasst („restriktiv“) sind (ebd.).

Dies zeigt sich beispielhaft beim Unterkiefer, da die Existenz eines knöchernen Kinns das „einzige eindeutig abgeleitete Merkmal im Unterkiefer von *H. sapiens*“ darstellt (Keeling et al. 2023, 14). Und selbst dies gilt nur für die gesamte Kombination der Merkmale des knöchernen Kinns, weil einzelne Merkmale bei Neandertalern und sogar bei verschiedenen Formen von *Homo erectus* vorkommen (vgl. S. 14).^[5] **Allerdings ist „bemerkenswert“, dass die Mehrzahl der modern-menschlichen Unterkiefer-Merkmale bei Banyoles eben nicht vorhanden ist (ebd.).**

Dennoch bevorzugen die Autoren die Hypothese, dass Banyoles einer der frühesten modernen Menschen in Europa war. Und so spekulieren sie über einen Zusammenhang der fehlenden

sapiens-Merkmale mit starker Abnutzung der vorderen Zähne (S. 14); oder verweisen auf eine abgeschwächte Form bzw. Variabilität der Kinnmerkmale bei frühen Funden von *Homo sapiens* (S. 15), die aber auch 30.000 bis 200.000 rJ älter sind als Banyoles.^[6] **Es besteht also bezüglich der Merkmale des Unterkiefers von Banyoles ein weiterer, nicht gut einzuordnender Merkmalsmix.** Die Autoren halten es sogar für möglich, dass eine völlig *unbekannte* archaische Menschenform, die keine Neandertaler waren, sich mit *Homo sapiens* gekreuzt haben könnte und so das Merkmalsmosaik von Banyoles erzeugt hätte (S. 14f).

Dies alles bleibt aber Spekulation. Denn vom morphologischen Befund her gilt: „Banyoles weist also keine abgeleiteten Neandertaler- oder *H. sapiens*-Merkmale auf. Vielmehr scheint die Morphologie von Banyoles die einer verallgemeinerten, primitiven Form der Gattung *Homo* zu sein“ (Keeling et al. 2023, 14). Dies wiederum spricht eher für den – ebenfalls spektakulären – Befund, dass Banyoles auf solche mittelpleistozänen Menschen zurückgehen könnte, die – entsprechend ihrer Skelettmerkmale – nicht in den Neandertalern aufgegangen sind.

4. Der Grundtyp Mensch als Netzwerk

Es zeigt sich wieder einmal, dass zwischen *Homo erectus* als frühestem fossilen Menschen und dem heutigen *Homo sapiens* ein nicht zu entwirrendes Netzwerk von fossilen Menschenformen mit ganz unterschiedlichen Merkmalsmosaiken besteht (vgl. Brandt 2020, 216–230; Brandt 2018). Dies scheint insbesondere durch Ergebnisse des Vergleichs fossiler DNA- und Eiweiß-Sequenzen für die wissenschaftliche Fachwelt immer deutlicher zu werden (vgl. Anhang 2), wie auch das folgenden Zitats von Schlott (2021; Hervorh. hinzug.) von *spektrum.de* aufzeigt: „**Doch die Paläogenetik hat auch gezeigt, dass sich die Trennung von verschiedenen Menschenarten nicht mehr so scharf aufrechterhalten lässt. Auch deshalb ist inzwischen häufiger von Menschenformen die Rede als von -arten**, zumal sich anatomisch moderner Mensch, Neandertaler und Denisovaner [die Schwestergruppe der Neandertaler aus dem östlichen Asien] mehrfach miteinander vermischt und sich im Lauf der Zeit in Unterpopulationen aufgespalten haben“ (vgl. Anhang 2).

Diesen Befund nennen Wissenschaftler in Bezug auf das Mittelpleistozän^[7] „the muddle in the middle“ (z. B. Roksandic et al. 2021, 1f; Harvati & Reyes-Centeno 2022, 1f) – **das „Wirrwarr“ bzw. „undurchdringliche Geflecht“ der Merkmale der Menschenformen.** Abgesehen von *Homo erectus*, *sapiens* und *neanderthalensis* haben Wissenschaftler schon mehr als ein Dutzend verschiedene Menschenformen in diesem Übergangsbereich vorgeschlagen (vgl. Harvati & Reyes-Centeno 2022, Tab. 1)^[8] – allerdings, ohne dabei einen breiten Konsens zu erzielen. Letztlich scheint sich auch die Aufstellung des neuen Taxons *Homo bodosiensis* (statt *Homo heidelbergensis/rhodensis*) und des neuen Taxons des „Drachmenschen“ namens *Homo longi* (evtl. ein Denisova, vgl. Line 2021, 122f; George 2021; Schlott 2021) nicht wirklich durchzusetzen (s. die Diskussion von Roksandvic et al. 2021; Sarmiento & Pickford 2022; Delson & Stringer 2022; Roksandvic et al. 2022; vgl. Ji et al. 2021; Handwerk 2021; Harvati & Reyes-Centeno 2022, 2; Line 2022, 89f, 98).



Abb. 3: Andere Menschenformen mit Merkmalsmosaik: Skizze des Harbin-Schädels („*Homo longi*“), Bodo-Schädel („*Homo bodoensis*“) und Nesher-Ramla-Homo. (Wikimedia: nach Hemiauchenia, CC BY-SA 4.0; Ryan Somma, CC BY-SA 2.0; זײַדנר יוסי ר״ד - Yossi Zaidner; CC BY-SA 4.0)

So schreiben Harvati & Reyes-Centeno (2022, 2) im Kontext der Diskussion um die Umbenennung einiger Funde von *Homo heidelbergensis* zu *Homo longi* bzw. *Homo bodoensis*: „In diesem Wirrwarr von vorgeschlagenen Homininen-Arten ist kein Taxon umstrittener als *Homo heidelbergensis* [...]“. Dies liegt zum einen daran, dass das Typusexemplar aus Mauer in Deutschland nur ein einziger Unterkiefer ist. Zum anderen wird *Homo heidelbergensis* nicht durch „eigene, eindeutig abgeleitete [bzw. moderne] Merkmale definiert“, sondern durch eine Schädelmorphologie, die zwischen dem frühen *Homo erectus* und späteren Menschenformen überbrücken soll. Roksandvic et al. (2022, 2) bezeichnen *Homo heidelbergensis* sogar einfach als „Abfalleimer“ („wastebasket“), in den alles geschmissen wird, was nicht *H. erectus*, *sapiens* oder *neanderthalensis* ist. Und nach Hartwig-Scherer (2002) ist *Homo heidelbergensis* „ein einzigartiger Schmelztiegel unterschiedlicher Morphologiemosaik aus *erectus*-, *heidelbergensis*-, *neanderthalensis*- und *sapiens*-anmutenden Merkmalen, die sich kaum in eine evolutiv-lineare Abfolge bringen lassen“.

Harvati & Reyes-Centeno (2022, 8) beenden ihren Artikel über die Vielfalt der Menschen im Mittelpleistozän mit folgendem Statement: „Abschließend möchten wir betonen, dass das verwirrende, komplexe Bild, das die menschliche Evolution im mittleren bis späten Pleistozän bietet, als eine Besonderheit und nicht als ein Fehler angesehen werden sollte, da es die evolutionären Prozesse in all ihrer Unordnung widerspiegelt.“ Dem ist aus Schöpfungsperspektive zuzustimmen, wenn statt darwin'scher Makroevolution von mikroevolutionären Prozessen (innerhalb des erschaffenen Grundtyps Mensch) ausgegangen wird.

Auch morphologische und genetische Befunde (vgl. Tab. 1; Anhang 2 sowie Brandt 2017, 109–115; Brandt 2018; Brandt 2020, 216–230; Scholl 2020; Scholl 2022; Borger 2021; Binder & Borger 2022) sprechen für ein evolutionär nicht auflösendes Netzwerk der Vermischung verschiedener Menschenformen. Daher ist es kein Wunder, dass die Suche nach dem letzten gemeinsamen Vorfahren von modernem Mensch, Neandertaler und Denisova „gemischte und sogar widersprüchliche Ergebnisse“ geliefert hat und somit ungelöst bleibt (Harvati & Reyes-Centeno 2022, 6f).

Statt ständig den Fossilfunden neue eigene Menschenarten zuzuweisen, erscheint es deutlich besser begründet, sie alle als Ausprägungen und Spezialisierungen innerhalb des Grundtyp-Netzwerkes der echten Menschen zu sehen (vgl. Brandt 2020, 216–230). Die echten

Menschen wurden laut Genesis 1–2 (die Bibel) von Gott als Menschen erschaffen. Dem Grundtyp-Modell zufolge passten sie sich dann vor allem aufgrund von Rekombination (Durchmischung des Erbgutes bei der sexuellen Vererbung) in ganz verschiedenen Merkmalskombinationen an ihre Umweltbedingungen an (vgl. Crompton 2019).

Dementsprechend überrascht es auch nicht, wenn ständig neue menschliche Fossilien bekannt werden, die sich wie der Unterkiefer von Banyoles durch ein einzigartiges menschliches Merkmalsmosaik auszeichnen, das sich weder evolutionär noch systematisch klar einordnen lässt.

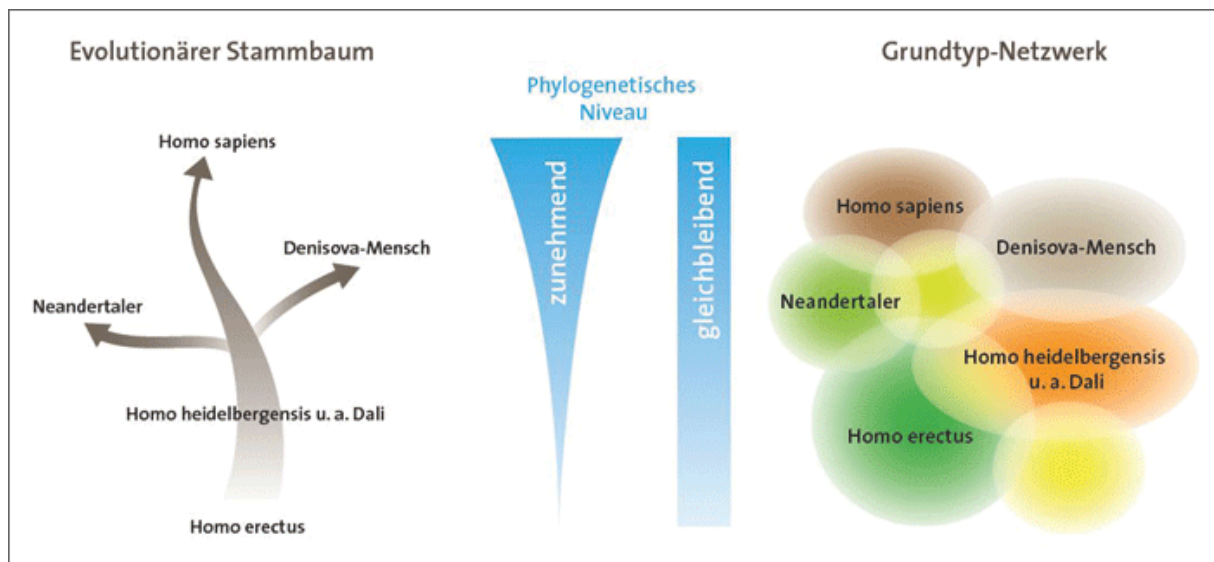


Abb. 4 Verwandtschaftsverhältnisse des Menschen nach dem phylogenetischen Modell (links) und dem Grundtypmodell. (Quelle: Brandt 2018, Abb. 2)

Anhang

Anhang 1: Verschiedene und widersprüchliche Datierungsergebnisse des Unterkiefers von Banyoles (zitiert nach Keeling et al. 2023, 3):

Radiokarbondatierung auf 17.000 ± 1.000 rJ (Berger & Libby 1966); Stratigraphische Schätzungen: Mittel- bis Spät-Pleistozän (Hernandez-Pacheco & Obermaier 1915; Bonarelli 1916; Sole Sabarís 1957; Bech 1971) – entsprechendes ergaben auch die Tierarten der Travertinmatrix (Maroto & Soler 1993); Uran-Thorium-Datierung: 16.200 ± 3.200 rJ des Unterkiefers und 70.000 bzw. 110.000 rJ (geschlossenes bzw. offenes System) für den Travertin (Yokoyama et al. 1987); Uran-Thorium-Datierung vom Travertin, der direkt vom Unterkiefer entfernt worden war: 45.000 ± 4.000 rJ; Travertinmatrix aus Pla de la Mata: 45.000 – 50.000 rJ (Julia & Bischoff 1991). Aus letzterem wurde von Julia & Bischoff (1991) geschlossen, dass der Unterkiefer „sehr wahrscheinlich“ aus der Travertinmatrix von Pla de la Mata stammt und dass die Fundstelle wahrscheinlich ein geschlossenes (d. h. geologisch nicht umgearbeitetes) System darstellt. Schließlich führten Grün et al. (2006) Uran-Thorium-Datierung / Elektronenspin-Resonanz-Datierung durch und kamen beim Zahnschmelz des 3. Backenzahns auf 66.000 ± 7.000 rJ und bei der dem Unterkiefer anhaftenden Travertinmatrix auf 42.500 ± 4.100 rJ. Solche „heterogenen“ Ergebnisse könnten für eine geologische Umarbeitung/Umlagerung des Unterkiefers sprechen, was Keeling et al. (2023, 3) aber für

unwahrscheinlich halten. Aus diesen widersprüchlichen Ergebnissen leiten Keeling und Kollegen (ebd.) ein Alter von ca. 45.000 bis 66.000 rJ ab (bei $\pm 4.000 / 7.000$ rJ).

Anhang 2: Hinweise auf Vermischung von *Homo sapiens* mit älteren Menschenformen nach Keeling et al. (2023, 14; abgekürzt durch n. K.) und anderen Autoren:

- Oase 1: früher *Homo sapiens* aus Peștera cu Oase (Rumänien) vor 37.000–42.000 rJ: 6–9 % Neandertaler-Genvarianten, also ungefähr 4–6 Generationen vorher ein Neandertaler-Vorfahre (Fu et al. 2015; n. K.)
- Drei moderne *Homo sapiens* aus Vindija (Kroatien): 3,4 bis 7,9 % Neandertaler-Varianten (Lohse & Frantz 2014; n. K.)
- mt-DNA von Knochenfragmenten des modernen *Homo sapiens* aus Bacho-Kiro-Höhle (Bulgarien) mit 46.000 rJ: kein Hinweis auf Neandertaler-Genfluss (Hublin et al. 2020; n. K.)
- Moderner *Homo sapiens* aus Ust-Ishim (Westsibirien) vor 45.000 rJ: 2,3 % Neandertaler-Varianten (Fu et al. 2014; n. K.)
- Moderner *Homo sapiens* aus Zlatý Kun (Tschechien) vor mind. 45.000 rJ: ca. 3 % Neandertalervarianten (Prüfer et al. 2021; n. K.)
- Moderner *Homo sapiens* im Nahen Osten vor 50.000–80.000 rJ: Vermischungsereignis mit Neandertaler-Varianten (Green et al. 2010; Smith 2013; Wall et al. 2013; n. K.) – nach Green et al. (2010) einmalige Vermischung; Keeling et al. (2023, 14) sprechen insgesamt von wiederholten Vermischungsereignissen zwischen Neandertaler und modernem Menschen (nicht nur im Nahen Osten).
- Der letzte Genfluss zwischen Neandertalern und nichtafrikanischen *Homo sapiens* geschah vermutlich zwischen 47.000–65.000 (Sankararaman et al. 2012; n. K.).
- Bei Neandertalern vor 270.000 rJ evtl. Genfluss von Afrikanern (Posth et al. 2017)
- Verschiedene Studien wiesen auf Hybride innerhalb der Gattung *Homo* hin aufgrund von abgeleiteten Körpermerkmalen (Duarte et al. 1999; Tattersall & Schwartz 1999; Trinkaus et al. 2003; Gunz & Harvati 2011; Smith 2013; Ackermann et al. 2016; Smith et al. 2017; n. K.; vgl. Brandt 2020, 216–230; Brandt 2018). Keeling et al. (2023, 14) kommentieren: „die Mischung von Neandertaler- und *H.-sapiens*-Merkmalen in Oase 1 steht im Einklang mit dieser Perspektive“.
- Heutige Menschen haben im Durchschnitt 1,4–2,1 % Neandertaler-Genvarianten– basierend auf dem Altai-Neandertaler-Genom (Prüfer et al. 2014; n. K.).
- Neandertaler und Denisova könnten sich vor 381.000–473.000 rJ getrennt haben (Kuhlwilm et al. 2016, 429; Meyer et al. 2016, 504+506). Die Trennung von *Homo sapiens* und älteren Menschenformen könnte bereits vor 430.000 rJ oder gar 550.000–765.000 rJ geschehen sein (ebd.; vgl. Posth et al. 2017, 2). Das Y-Chromosom spricht für eine Trennungszeit von Neandertaler und modernem Mensch vor 806.000–447.000 rJ und die mitochondriale DNA für 489.000–295.000 rJ (wahrscheinlich ca. 400.000 rJ); Posth et al. (2017, 2, Tab. 1)

kommen auf 467.720–360.230 rJ (Ø 412.930 rJ) für die mtDNA. Dies ist gar nicht so viel, wenn man bedenkt, dass sie bei den heute lebenden San eine Aufspaltungszeit (Divergenzzeit) von 169.520–123.650 rJ (Ø 146.730 rJ) errechnet haben (ebd., Tab. 1).

· Slon et al. (2018, 113) berichten davon, dass Denisova 11 aus der Denisova-Höhle (Altaigebirge, Sibirien) eine Neandertaler-Mutter und einen Denisova-Vater hatte; bereits bei Denisova 3 war man von einem Vermischungsereignis der beiden frühen Menschen ausgegangen. Kuhlwilm et al. (2016, 429) schreiben außerdem: „Das Genom des Altai-Neandertalers hat 5,4 % mehr abgeleitete Allele mit den heutigen Afrikanern gemeinsam als das Genom der Denisovaner.“

· Browning et al. (2018, 59f) berichten davon, dass Ostasiaten sogar von zwei verschiedenen Denisova-Populationen Genvarianten geerbt haben und dass diese wahrscheinlich einen positiven Einfluss auf das Immunsystem besitzen.

· Meyer et al. (2016, 504) schreiben, dass die Genvarianten des Zellkerns der 430.000 rJ alten Heidelberger Menschen aus Sima de los Huesos (Spanien) eher Neandertalern gleicht, obwohl ein Individuum dieser Gruppe in den Genvarianten des Mitochondriums stärker den Denisova ähnelt.

· Heutige Menschen aus Papua besitzen ca. 5 % Genvarianten der Denisova-Menschen; auch die Einwohner anderer südostasiatischer Inseln sowie von Australien besitzen bis zu 5 % Denisova-Varianten (Vespasiani et al. 2022, 1; vgl. Reich et al. 2010, 1: Melanesier haben ca. 4–6 % Denisova-Genvarianten).

· Lorente-Galdos et al. (2019, 1+10) vermuten, dass eine noch unbekannte Menschenform (ungefähr gleich alt wie Neandertaler und Denisova) ihre Genvarianten in Afrikanern aus Subsahara hinterlassen hat (Khoisan: ca. 4 %, Mbuti Pygmäen: ca. 4,3 % und Mandenka: 5,8 %). Mittlerweile gibt es einige solcher Hypothesen.

· Ragsdale et al. (2023) haben aufgrund umfassender Genomanalysen modelliert, dass Menschen seit ca. 1.000.000 rJ in Afrika ein Fortpflanzungsnetzwerk bilden; daher könnte man sie nach Coleman (2023) in *nature news* alle als eine einzige Art bezeichnen. Ragsdale et al. (2023) sind der Meinung, ihr Modell erkläre die Daten besser, als archaische „Geisterlinien“ – also unbekannte ausgestorbene Menschenformen in Afrika.

Quellen:

Bernhard E (2022) Ist dies das älteste Homo-sapiens-Fossil Europas? scinexx.de, vom 09.12.2022, <https://www.scinexx.de/news/archaeologie/ist-dies-das-aelteste-homo-sapiens-fossil-europas/>.

Binder H & Borger P (2022) Nobelpreis für Forschungen über das Erbgut aus menschlichen Fossilien. Genesisnet.info News, vom 20.10.2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n306.php.

Borger P (2021) Kaum einzigartige DNA-Sequenzen im Erbgut des Menschen. Stud. Integr. J. 28, 134–135.

- Brandt M (2017) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. SCM Hänssler.
- Brandt M (2018) Merkmalsnetz statt Stammbaum. Neues Vernetzungsmodell in der Paläanthropologie ähnelt Verwandtschaftsverhältnissen im Grundtyp Mensch. Stud. Integr. J. 25, 47–51, <https://www.si-journal.de/jg25/heft1/sij251-9.html>.
- Brandt M (2020) Wie alt ist die Menschheit? Demographie und Steinwerkzeuge mit überraschenden Befunden. 6., erw. Aufl. Studium Integrale Vor- und Frühgeschichte. SCM Hänssler.
- Browning SR et al. (2018) Analysis of Human Sequence Data Reveals Two Pulses of Archaic Denisovan Admixture. Cell 173, 53–61, <https://doi.org/10.1016/j.cell.2018.02.031>.
- Coleman J (2023) Human-evolution story rewritten by fresh data and more computing power. nature news, vom 18.05.2023, <https://www.nature.com/articles/d41586-023-01664-z>.
- Crompton N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. W+W Special Paper B-19-3, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/mendelsche-artbildung-und-die-entstehung-der-arten/>.
- Delson E & Stringer C (2022) The naming of *Homo bodoensis* Roksandic et al., 2021 does not resolve issues surrounding Middle Pleistocene human evolution. Evol. Anthropol. 31, 233–236.
- Frayner DW & Radović D (2022a) Rockshelter Discoveries Show Neandertals Were a Lot like Us. Scientific American, vom 01.02.2022, <https://www.scientificamerican.com/article/rockshelter-discoveries-show-neandertals-were-a-lot-like-us/>.
- Frayner DW & Radović D (2022b) Neandertaler. Menschen wie wir. Spektrum der Wissenschaft 11.22, 78–83, [spektrum.de/artikel/2057463](https://www.spektrum.de/artikel/2057463).
- Hartwig-Scherer S (2002) Wurde Europa doch früher besiedelt? Überraschungen aus Ost und West. Stud. Int. J. 9, 67–73.
- Harvati K & Reyes-Centeno H (2022) Evolution of *Homo* in the Middle and Late Pleistocene. J. Hum. Evol. 173, 103279, <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2022.103279>.
- Ji Q et al. (2021) Late Middle Pleistocene Harbin cranium represents a new *Homo* species. The Innovation 2, 100132, <https://doi.org/10.1016/j.xinn.2021.100132>.
- Junker R & Scherer S (Hrsg) (2013) Evolution. Ein kritisches Lehrbuch. 7., aktual. und erw. Aufl. Weyel Biologie.
- George A (2021) 'Dragon man' claimed as new species of ancient human but doubts remain. New Scientist, vom 25.06.2021, <https://www.newscientist.com/article/2282223-dragon-man-claimed-as-new-species-of-ancient-human-but-doubts-remain/>.
- Handwerk B (2021) A 146,000-Year-Old Fossil Dubbed 'Dragon Man' Might Be One of Our Closest Relatives. A mysterious Middle Pleistocene skull from a Chinese well has inspired

debate among paleoanthropologists. *Smithsonian Magazine*, vom 25.06.2021, <https://www.smithsonianmag.com/science-nature/146000-year-old-fossil-dubbed-dragon-man-might-be-one-our-closest-relatives-180978062/>.

Keeling BA et al. (2023) Reassessment of the human mandible from Banyoles (Girona, Spain). *J. Hum. Evol.* 17, 103291, <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2022.103291>.

Kuhlwilm M et al. (2016) Ancient gene flow from early modern humans into Eastern Neanderthals. *Nature* 530, 429–433, <https://doi.org/10.1038/nature16544>.

Line P (2021) Developments in paleoanthropology. *Journal of Creation* 35, 116–124.

Line P (2022) Developments in paleoanthropology no. 2. *Journal of Creation* 36, 89–98.

Lorente-Galdos B et al. (2019) Whole-genome sequence analysis of a Pan African set of samples reveals archaic gene flow from an extinct basal population of modern humans into sub-Saharan populations. *Genome Biology* 20, 77, <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1684-5>.

Marshall M (2021) New human species has been named *Homo bodoensis* - but it may not stick. *NewScientist*, vom 28.10.2021, <https://www.newscientist.com/article/2295406-new-human-species-has-been-named-homo-bodoensis-but-it-may-not-stick/>.

Metz L, Lewis JE & Slimak L (2023) Bow-and-arrow, technology of the first modern humans in Europe 54,000 years ago at Mandrin, France. *Sci. Adv.* 9, 8, doi: 10.1126/sciadv.add4675.

Meyer M et al. (2016) Nuclear DNA sequences from the Middle Pleistocene Sima de los Huesos hominins. *Nature* 531, 504–507, prepub.: https://www.eva.mpg.de/documents/Nature/Meyer_Nuclear_Nature_2016_2259387.pdf.

Posth C et al. (2017) Deeply divergent archaic mitochondrial genome provides lower time boundary for African gene flow into Neanderthals. *Nat. Commun.* 8, 16046, <https://doi.org/10.1038/ncomms16046>.

Ragsdale AP et al. (2023) A weakly structured stem for human origins in Africa. *Nature*, <https://doi.org/10.1038/s41586-023-06055-y>.

Reich D et al. (2010) Genetic history of an archaic hominin group from Denisova Cave in Siberia. *Nature* 468, 1053–1060, <https://doi.org/10.1038/nature09710>.

Roksandic M et al. (2022) Resolving the “muddle in the middle”: The case for *Homo bodoensis* sp. nov. *Evol. Anthropol.*, doi: 10.1002/evan.21929.

Roksandic M et al. (2022) *Homo bodoensis* and why it matters. *Evol. Anthropol.*, doi: 10.1002/evan.21954.

Sarmiento SS & Pickford M (2022) Muddying the muddle in the middle even more. *Evol. Anthropol.* 31, 237–239, <https://doi.org/10.1002/evan.21952>.

Schlott K (2021) »Drachenschensch«: Neue, längst bekannte Menschenform? Spektrum.de, vom 28.06.2021, <https://www.spektrum.de/news/drachenschensch-neue-laengst-bekannte-menschenform/1888939>.

Schlott K (2023) Homo sapiens in Europa: Kamen die ersten Pioniere viel früher? Spektrum.de, vom 23.02.2023, <https://www.spektrum.de/news/homo-sapiens-in-europa-kamen-die-ersten-pioniere-viel-frueher/2112693>.

Scholl B (2020) Frauen mit „Neandertal-Genvarianten“ haben weniger Fehlgeburten. Stud. Integr. J. 27, 126.

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

Scholl B (2023) Schöpfungsperspektive gestärkt. factum 23/1, 34f.

Slimak L et al. (2022) Modern human incursion into Neanderthal territories 54,000 years ago at Mandrin, France. Sci. Adv. 8, 6, doi: 10.1126/sciadv.abj9496.

Slon Vet al. (2018) The genome of the offspring of a Neanderthal mother and a Denisovan father. Nature 561, 113–116, <https://doi.org/10.1038/s41586-018-0455-x>.

Vespasiani DM et al. (2022) Denisovan introgression has shaped the immune system of present-day Papuans. PLoS Genet. 18, e1010470, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1010470>.

Anmerkungen:

[1] Die Schädelreste von Apidima 1 aus Griechenland wurden von Harvati et al. (2019) auf ca. 210.000 rJ datiert und zudem digital rekonstruiert. Sie besitzen einen Mix von Merkmalen des *Homo sapiens* sowie von älteren Menschenformen (ebd.). Es fehlen typische Neandertalermerkmale und die größte Nähe in multimetrischen Analysen besteht zu den modernen Menschen Nazlet Khater 2 und Dolní Věstonice 3 statt zum mittelpleistozänen *Homo*. Daher sprechen sich die Autoren für eine Zugehörigkeit zum frühen modernen Menschen aus. Es sind aber nicht alle Wissenschaftler völlig von der Anwesenheit von *Homo sapiens* in Griechenland vor ca. 210.000 rJ überzeugt; so halten Slimak et al. (2022, 1) dies nur für „möglich“ („possibly“), aber nicht für eindeutig belegt.

[2] Die morphologischen (körperbaulichen) Belege von *Homo sapiens* in Frankreich beruhen auf *einem* einzigen Backenzahn (M2 oben rechts) aus der Grotte Mandrin, der dem archaischen *Homo sapiens* und nicht den anderen dortigen Neandertaler-Zähnen gleichen soll (vgl. Slimak et al. 2022; Schlott 2023). Die Funde wurden auf 56.800 und 51.700 rJ datiert (ebd.). Die in der Studie als Belege angeführten multimetrischen Analysen (Slimak et al. 2022, 3, Fig. 6+7, S20–S22) beziehen sich nur auf die Form des Kronenumrisses sowie des Schmelz-Dentin-Übergangs (EDJ). Außerdem wurde bei den 3D-Rekonstruktionen, die die Mehrheit der Analysen ausmachen (Fig. 6+7, S20–22), mit *rekonstruierten* Werten für die Spitzen der Dentinhöcker gearbeitet, da diese dem betreffenden unvollständigen Backenzahn fehlen (vgl. Slimak et al. 2022, 4, Fig. S13+S14). Insgesamt liegt der Backenzahn in keiner

multimetrischen Analyse im Variationsbereich des Neandertalers. Der Zahn ist zwar mehrheitlich im Variationsbereich des oberpleistozänen modernen Menschen angesiedelt und ähnelt diesem im Vergleich mit Neandertalern und *Homo sapiens* aus dem Holozän (11.700 rJ bis heute) auch am stärksten, dennoch erweist er sich in vier von neun Analysen als einzigartig (ebd., Fig. 6+7, vgl. S20–S22). Außerdem wurden die fossil älteren Funde von *Homo heidelbergensis* und *Homo erectus* in den Vergleich gar nicht einbezogen, sodass sowieso morphologisch keine zwingende Zugehörigkeit zu *Homo sapiens* nachgewiesen werden kann (s. o.). Als zweiter Beleg für eine Zugehörigkeit zum modernen Menschen werden kleine Steinwerkzeugspitzen aus der Fundschicht des Backenzahns angeführt, die laut experimentellen Studien mutmaßlich Pfeilspitzen waren, die entsprechenden Funden aus dem Nahen Osten ähneln (vgl. Schlott 2023; Slimak et al. 2022; Metz et al. 2023). Letztere stammen nach bisherigem Wissen vom modernen Menschen (ebd.). Insgesamt sind nicht alle Paläoanthropologen (wie Jean-Jacques Hublin) von den vorgestellten Belegen für *Homo sapiens* vor ca. 54.000 rJ in der Grotte Mandrin überzeugt (Schlott 2023).

[3] Keeling et al. (2023, 14) nennen folgende Studien: Hernandez-Pacheco & Obermaier 1915; Bonarelli 1916; Sergi 1917; Keith 1931; Hoyos-Sainz 1947; de Lumley, 1971–1972; Roth 1982; Sanchez-Lopez 1993; Roth et al. 1993; Rosas 1993.

[4] Bei einer multivariaten PC-Analyse von PC 1 und PC 2 lag Banyoles sogar ausschließlich im Bereich heutiger – merkwürdigerweise aber nicht fossiler – Unterkiefer von *Homo sapiens*.

[5] UR 501, OH 7, OH 13, KNM-ER 730, Dmanisi, D211 and D2735, ATE9-1, Sangiran 9 und 22.

[6] Allerdings besitzt bspw. der Unterkiefer von Nesher Ramla mit ca. 140.000 rJ zwar ein paar Gemeinsamkeiten mit Banyoles, zeigt aber doch mehr Ähnlichkeiten mit Neandertalern (S. 14f).

[7] Das Mittelpleistozän wird auch Chibanium genannt und reicht von ca. 781.000 bis 126.000 rJ.

[8] *Homo altaiensis* (Denisova), *antecessor*, *bodoensis*, *cepranensis*, *heidelbergensis*, *helmei*, *longi*, *mauritanicus*, *narmadensis*, *njarasensis*, *rhodesiensis*, *saldanensis*, *steinheimensis* und *tsaichangensis*.

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n314.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.03.23 Australische DNA in Südamerika

Seltsame Wege der Migration oder falsche Annahmen über genetische Mutationen?

Je tiefer man in die Genetik des Menschen eindringt, umso schwieriger wird es die Geschichte der Menschheit zu rekonstruieren. Statt klarer zu werden, wird sie eher undurchsichtiger. Vor allem die Möglichkeit von genetischen Analysen von DNA, die aus den Knochen von Neandertalern und fossil erhaltenen Denisova-Menschen aus Sibirien isoliert wurden, hat für einen Paradigmenwechsel gesorgt. Neue genetische Funde in alten Knochen von Menschen aus Südamerika werfen weitere Fragen über unsere Herkunft auf. Wie sind die genetischen Fingerabdrücke von Neandertalern, verschiedenen Denisova-Menschen und sogar australischen Signaturen dorthin gelangt? Erfolgte dies durch Migration oder gibt es eine andere Erklärung?

Vor dem Aufkommen der sogenannten Paläogenetik glaubte die Mehrheit der Forscher, dass sich Neandertaler nie mit modernen Menschen gekreuzt haben, sondern man sah sie als ausgestorbenen Seitenzweig der Menschheit. Man vermutete, dass sich die Abstammungslinien des modernen Menschen und des Neandertalers vor der Entstehung des heutigen Menschen auseinanderentwickelten (Noonan 2010). Außerdem schienen die frühen paläogenetischen Analysen der mitochondrialen DNA dies zu bestätigen.

Diese Ansicht wurde bis zum Jahr 2010 vertreten, als der Paläogenetiker Svante Pääbö nachwies, dass moderne Menschen, insbesondere Europäer und Asiaten, einen geringen Anteil an Neandertaler-DNA besitzen. Das bedeutet, dass in Neandertalern Varianten von Genen (Allele) vorhanden sind, die man auch bei heute lebenden Menschen findet. Für die Entwicklung der paläogenetischen DNA-Forschung erhielt Pääbö im Jahr 2022 den Nobelpreis für Medizin. Der genetische Beitrag der Neandertaler zum Genpool des modernen Menschen wird heute allgemein vor allem mit Europäern, insbesondere Nordeuropäern, in Verbindung gebracht. Denisova-Menschen hingegen werden im Allgemeinen mit Populationen in Asien verbunden.

Zur Überraschung der Biologen wurde jedoch nachgewiesen, dass auch afrikanische Menschen Genvarianten besitzen, die auch bei Neandertalern zu finden sind (Price 2020). Man war nämlich bislang davon ausgegangen, dass die Neandertaler Afrika schon vor längerer Zeit verließen und nie zurückkehrten, um sich mit den zurückgebliebenen Menschen zu vermischen. Sie seien also ihren eigenen evolutionären Weg unabhängig von den afrikanischen Menschen gegangen. Eine ähnliche Überraschung wurde neulich in der DNA von indigenen Völkern Südamerikas aufgedeckt.

Eine Gruppe brasilianischer Archäologen und US-amerikanischer Genetiker publizierte ihre Befunde zu der genetischen Abstammung einiger der frühesten Menschen Südamerikas in den *Proceedings der Royal Society* (Campelo dos Santos 2022). Die Wissenschaftler isolierten DNA aus alten menschlichen Genomen aus mindestens ca. 900 Jahre alten Knochen, die an archäologischen Stätten im Nordosten Brasiliens, Panamas und Uruguays gefunden wurden, und verglichen die Sequenzen mit Genomdatenbanken heutiger und ausgestorbener Menschen. Ursprünglich wollten die Forscher, die an diesen Stätten arbeiteten, die Muster alter Wanderungen auf dem gesamten südamerikanischen Kontinent kartieren. Dabei bestätigte sich, dass die Wanderungen entlang des Kontinents überwiegend von Norden nach Süden verliefen (Micu 2023; Campelo dos Santos et al. 2022, Fig. 5).

Erstaunlicherweise wies die untersuchte DNA der Menschen aus Südamerika aber darauf hin, dass mehrere Individuen aus Uruguay und Panama offenbar von Denisova-Menschen und von Neandertalern abstammen. Dabei hatten zwei Individuen, die vor ca. 500–700 Jahren gelebt haben (PAPV173 und CH19B; vgl. ebd., Fig. 2), mehr Denisova-Anteile, während bei den anderen südamerikanischen Genomen der Neandertaler-Anteil überwog. Ein höherer Denisova-Anteil kommt auch bei Melanesiern in Südostasien vor: Sie haben ca. 4,8% Denisova-DNA und ca. 2,5 % Neandertaler-DNA (Brandt 2020, 226). Vielleicht teilen sie also einen gewissen Anteil gemeinsamer Vorfahren aus Ostasien, die mehr Denisova-Allele in sich trugen, mit manchen Indianervölkern?

Und als ob das noch nicht genug wäre, fanden sie auch noch eine starke australische genetische Signatur in einem ca. 500 Jahre alten Genom aus Panama (Micu 2023; Campelo dos Santos et al. 2022).

Es ist das erste Mal, dass Denisova- und Neandertaler-DNA in alten südamerikanischen Populationen nachgewiesen wurde. Diese Menschen werden daher als „Vorfahren“ interpretiert. Andre Luiz Campelo dos Santos, ein Archäologe an der Florida Atlantic University und Hauptautor der Studie, sagte: „Das Vorhandensein dieser Vorfahren in alten indianischen Genomen kann durch Episoden der Kreuzung zwischen anatomisch modernen Menschen und Neandertalern und Denisova-Menschen erklärt werden, die Jahrtausende vor der Ankunft der ersten menschlichen Gruppen in Amerika über die Beringstraße stattgefunden haben sollten.“ Die Autoren kamen zu dem Schluss, dass diese Befunde Licht auf die komplizierte demografische Geschichte des östlichen Südamerikas wirft und einen Ausgangspunkt für künftige kleinräumige Studien auf regionaler Ebene bietet (Campelo dos Santos et al. 2022).

Bringen diese überraschenden Daten wirklich Licht ins Dunkel der menschlichen Geschichte und der Ausbreitung der Menschheit? Die Forscher stellen fest, dass die Ergebnisse unser Verständnis des genetischen Hintergrunds der alten südamerikanischen Völker verkomplizieren (Micu 2023; Campelo dos Santos et al. 2022). Die populärwissenschaftliche Presse kommentierte: „Alte Völker in Südamerika hatten sowohl Denisovaner als auch Neandertaler-DNA – und wir haben keine Ahnung, wie sie dorthin gekommen ist“ (Micu 2023).

Abstammung und Kreuzung oder wiederkehrende Mutationen?

Haben wir es bei den Menschen aus Südamerika aber wirklich mit alter DNA von Neandertalern und Denisova-Menschen zu tun, oder sogar mit australischer DNA? Könnte es stattdessen sein, dass die Annahme über die zugrunde liegenden Mutationen falsch sind?

Den vorgebrachten Schlussfolgerungen der Autoren liegt die Annahme zugrunde, dass Mutationen generell weder vorhersehbar sind noch mit dem Verhalten, dem Lebensstil oder den Umweltbedingungen zusammenhängen. Mutationen sind demnach reine Zufallsereignisse in DNA-Sequenzen. Diese Ansicht wird von Futuyma (2005, 178f) in seinem weltweit verbreiteten Lehrbuch der Evolutionsbiologie wie folgt dargestellt:

„Obwohl wir die Wahrscheinlichkeit vorhersagen können, dass eine irgendeine Mutation auftreten wird, können wir nicht vorhersagen, welche von einer großen Anzahl an Genkopien die Mutation durchlaufen wird.“

Nach dem gegenwärtigen Konsens treten alle Mutationen nach dem Zufallsprinzip auf und daher in der Regel nur einmal vor – mit Ausnahme einiger „Hotspots“. Neuere Daten legen jedoch nahe, dass diese allgemeine Annahme falsch ist: **Gleichartige Mutationen treten an Hotspots häufig auf und können so eine Illusion von Abstammung hervorrufen** (Borger 2019). Dass dies bei den genetischen Befunden der untersuchten Menschen aus Südamerika eine Rolle spielen könnte, geht aus mehreren Beobachtungen hervor.

Zunächst einmal weisen die Allele (Erscheinungsformen) der betreffenden Gene in der Regel nur eine Punktmutation auf. Und es handelt sich um Allele, die man auch bei modernen Menschen vorfindet. Die australasiatischen Allele wurden außerdem zuvor auch im Südosten Brasiliens gefunden und sind heute im Volk der Surui (auch bekannt als Paite) in Amazonien vorhanden (Micu 2023; Campelo dos Santos et al. 2022).

Das Vorkommen des australischen Allels in Südamerika lässt vermuten, dass man es möglicherweise mit wiederkehrenden Mutationen zu tun hat. Mit anderen Worten: Sie könnten als genetische Hotspots interpretiert werden, die unabhängig voneinander in verschiedenen Populationen entstanden sind, über Generationen vererbt wurden und heute eine Illusion von Abstammung erzeugen. Die Hotspot-Mutationen können also als Konvergenzen (d. h. als unabhängig vorkommend) verstanden werden, ein Phänomen, das zunehmend in biologischen Systemen zu beobachten ist. **Es liegt auf der Hand, dass solche Mutationen nicht nur die Rekonstruktion von Abstammungslinien erschweren oder gar verunmöglichen, sondern auch die Vorstellungen über Migrationsrouten der Menschen über die Erde verzerren.**

Quellen

Borger P (2019) Artübergreifende wiederkehrende Mutationen. Oder: Die Illusion der Verwandtschaft Stud. Integr. J. 26, 77–87.

Brandt M (2020) Wie alt ist die Menschheit? Demographie und Steinwerkzeugbefunde mit überraschenden Befunden. 6. erw. Aufl. SCM Hänssler, Holzgerlingen.

Campelo dos Santos AL, Owings A, Sullasi HSL, Gokcumen O, DeGiorgio M & Lindo J (2022) Genomic evidence for ancient human migration routes along South America’s Atlantic coast. Proc. R. Soc. B289: 20221078, <https://doi.org/10.1098/rspb.2022.1078>.

Futuyma DJ (2005) Evolutionary Biology, 3rd ed., Sinauer Associates, Sunderland, MA, S. 178–179.

Micu A (2023) Ancient peoples in South America had both Denisovan and Neanderthal DNA — and we have no clue how it got there. <https://www.zmescience.com/science/south-america-ancient-neanderthal-denisovan-dna-92352342/>

Noonan JP (2010) Neanderthal genomics and the evolution of modern humans. Genome Res. 20, 547–553; doi:10.1101/gr.076000.108.

Price M (2020) Africans carry surprising amount of Neanderthal DNA. doi: 10.1126/science.abb0984.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n311.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.01.23 Beobachtungen bei Schimpansen widersprechen „Savannen-Hypothese“

Eine Studie von Drummond-Clarke et al. (2022, 1) ist dem Ziel gewidmet, anhand der Beobachtung heute lebender Schimpansen die Plausibilität der berühmten „Savannen-Hypothese“ zu prüfen, die sich bis heute in Fachliteratur und Schulbüchern findet. Demnach soll der Erwerb des zweibeinigen Ganges durch eine baumärmere Savannen-Umgebung begünstigt gewesen sein. Die Ergebnisse der Autoren widersprechen der Savannen-Hypothese jedoch deutlich.

Die Savannenhypothese

Die bekannte „Savannen-Hypothese“ besagt, dass sich im späten Miozän bis Pliozän (ca. 10 bis 2,5 MrJ [Mio. radiometrische Jahre]) die Wälder in Afrika zurückgezogen haben sollen, was die Homininen (vermeintliche Vormenschen seit Abspaltung der Schimpansen-Linie) dazu gebracht hätte, sich viel häufiger zweibeinig fortzubewegen (Drummond-Clarke et al. 2022, 1). Auf diese Weise sei schrittweise der zweibeinige menschliche Gang entstanden. So heißt es zum Beispiel im aktuellen Oberstufen-Biologiebuch *Biosphäre Gesamtband SII* (Becker 2020, 509): „Aus dem ursprünglich zusammenhängenden Regenwald entwickelte sich eine Savannenlandschaft mit Galeriewäldern, in der die Nahrung ungleichmäßig verteilt war. Genau in dieser Region befinden sich die meisten Fundstellen aufrecht gehender Vormenschen. Obwohl sie sich weniger schnell fortbewegen konnten als Vierbeiner, mussten sie in dieser Landschaft dennoch einen Vorteil gehabt haben. So wurde berechnet, dass sich mit der zweibeinigen Fortbewegung bei vergleichbarem Energieaufwand [mindestens] doppelt so weite Strecken zurücklegen lassen wie mit vierbeiniger Fortbewegung.“ Ähnlich schreibt der Professor für Biologiegeschichte Thomas Junker (2021, 16): „Bei Menschen dagegen sind die abweichenden Merkmale entstanden, weil sie sich an andere ökologische Bedingungen – an das Leben in Baum- und Grassavanne – angepasst haben.“



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

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

Die Freilandbeobachtungen bei Schimpansen

Die Wissenschaftler unternahmen einen Test dieser Hypothese, indem sie das Verhalten einer Schimpansen-Gruppe untersuchten, die sich erst seit 2018 in der Issa-Talregion (im Westen Tansanias) angesiedelt hatte. Diese Region enthält ein sogenanntes Savannen-Mosaik aus offenem *woodland* und kleinen geschlossenen Waldregionen (*forest*). Die Landschaft soll darin dem Lebensraum der frühen Homininen wie *Orrorin*, *Ardipithecus ramidus* und *Australopithecus afarensis* vergleichbar gewesen sein (S. 2). Übrigens soll auch die Ernährung von Bäumen bei Homininen vor ca. 4 MrJ der Ernährung heutiger Savannen-Schimpansen geähnelt haben (Drummond-Clarke et al. 2022, 1+5).

Die Forscher konnten ca. 13.700 Beobachtungen von 13 erwachsenen Schimpansen aufzeichnen (S. 3). Dabei fanden sie heraus, dass die Schimpansen sich in offener Vegetation „signifikant“ häufiger am Boden fortbewegten als in geschlossener Vegetation (82 % vs. 61 % der Fortbewegung). Die Sensation war, dass Zweibeinigkeit hauptsächlich in Bäumen (zu 86 %) – also beim Klettern – aber nur zu 14 % am Boden auftrat. **Schimpansen nutzen**

Zweibeinigkeit am Boden in der Savanne also erstaunlich selten. Meistens war die Zweibeinigkeit mit der Nahrungssuche assoziiert (73 % aller Beobachtungen). Ein Vergleich mit Schimpansen aus anderen Lebensräumen (in Mahale, Gombe und Bwindi) ergab weiterhin (S. 4): „Issa hat den höchsten Prozentsatz von zweibeinigem Verhalten zum Zweck der Fortbewegung, aber es scheint keinen Zusammenhang zwischen der Gesamthäufigkeit der Zweibeinigkeit und dem Lebensraumtyp zu geben.“

Insgesamt waren die Schimpansen Issa nur in 0,77 % der Zeit mit zweibeinigem Stehen oder Gehen beschäftigt. Davon machte das zweibeinige Gehen wiederum nur ein Viertel der Fälle aus, weshalb sich die Schimpansen insgesamt nur in ca. 0,2 % der Zeit zweibeinig fortbewegten. Dies widerspricht den Erwartungen der Savannen-Hypothese, wie auch die Autoren konstatieren (S. 5): „Unsere Ergebnisse stellen die seit Langem bestehende Assoziation zwischen zunehmender Terrestrialität [Leben am Boden] und der Evolution des Zweibeinertums als Fortbewegungsverhalten bei frühen Homininen in Frage. [...] Issa-Schimpansen blieben in hohem Maße baumbewohnend und nutzten in offener Vegetation nicht mehr Zweibeinigkeit [...]“

Dementsprechend hat sich die Zweibeinigkeit der Homininen nicht in der Savanne entwickelt – die Autoren vermuten stattdessen eine Entstehung in den Bäumen (S. 4). Dies ist eine Theorie, die seit dem Fund von *Ardipithecus ramidus* häufiger diskutiert wird – obwohl ähnliche Anpassungen an Zweibeinigkeit (sofern diese nicht fehlinterpretiert wurden; vgl. Scholl 2022c, 23) bei anderen miozänen Affen als Parallelevolution zur Entwicklung des Menschen gedeutet werden (vgl. Hartwig-Scherer 2011; Scholl 2022c, 9, 12, 19, 26). Es sei außerdem angemerkt, dass beim balancierenden Stehen oder Laufen in Bäumen ganz andere biomechanische Ansprüche und Selektionsdrücke im Detail angenommen werden müssen als beim ausdauernden, schreitenden menschlichen Gang am Boden. Dieser Sachverhalt untermauert die schon früher gemachte Feststellung: „Somit ist nach Prahabat et al. (2021) noch kein bisschen klar, wann und wie überhaupt ein Übergang „vom Baumleben zur dauerhaften Zweibeinigkeit“ stattgefunden haben könnte.“ Außerdem war *H. erectus* auch als ältester Hominine eindeutig an einen gewohnheitsmäßigen menschlichen Gang angepasst (vgl. Ruff 2009; Brandt 2017a).“ (Scholl 2022a)

Ein weiterer Versuch zur Rettung der Savannen-Hypothese ist das Argument, dass Schimpansen nur begrenzt als Modell dienen könnten (vgl. Vieweg 2022), weil man voraussetzt, dass der letzte gemeinsame Vorfahr von Schimpanse und Mensch dem Schimpansen gar nicht so sehr geähnelt habe. Allerdings ist unter Wissenschaftlern sehr umstritten, wie der letzte gemeinsame Vorfahr überhaupt zu rekonstruieren sei (vgl. Scholl 2022c, v. a. 4f); und auch Drummond-Clarke et al. (2022, 1+5) betonen die Eignung von Schimpansen als den besten Test für die Savannen-Hypothese.

Schlussfolgerungen

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

biomechanische Modelle [...] und die innere Knochenstruktur [...] eine größere Variation im Haltungsrepertoire der Homininen als bisher angenommen.“

Außerdem schließen die Autoren aus ihren Beobachtungen, dass die Anpassungen an das Baumleben bei „vielen frühen“ (z. B. *Sahelantropus*, *Orrorin*, *Ardipithecus* und *Australopithecus afarensis*) und „sogar späten“ Homininen (sie nennen *Australopithecus sediba*, den vermeintlichen „Homo“ namens *naledi* und den rätselhaften *Homo floresiensis*) „funktionell bedeutende“ Anpassungen waren (S. 1+5). Zu diesen fossil untersuchbaren Körpermerkmalen, die als funktional bedeutende Kletteranpassungen zu werten sind, zählen die Autoren gebogene Zehen- und Fingerglieder, lange obere Gliedmaßen sowie bewegliche Gelenke in Schulter, Ellbogen und Handgelenk (S. 1).

Die tatsächlichen Beobachtungen bei Schimpansen sprechen damit gegen die von vielen Evolutionsbiologen favorisierte Savannen-Hypothese zum Erwerb des aufrechten Ganges. Exemplarisch wird hier deutlich, dass die Savannen-Hypothese eine evolutionär – und im Wesentlichen eben nicht empirisch – motivierte Spekulation darüber darstellt, wie der menschliche Gang hätte entstanden sein können. **Wie oben von Drummond-Clarke et al. (2022, 1) beschrieben wurde, wird der spekulative Charakter daran ersichtlich, dass direkte fossile Beweise und eindeutige Beziehungen zwischen Körperbau, Verhalten, Lebensraum bei der Savannen-Hypothese fehlen.** Stattdessen werden mittels „story telling“ (eine „Geschichte erzählen“) theoretische Spekulationen über Knochenfunde an fossilen Homininen und deren ökologisches Umfeld mit plausibel klingenden – aber oft rein hypothetischen – Wirkungen von Evolutionsfaktoren zu einer gut klingenden Geschichte verbunden (vgl. Scholl 2022c, v. a. 23f). Wird diese Geschichte oft genug in der Fachliteratur und in populären Darstellungen wiederholt, weil plausiblere Alternativen innerhalb des evolutionären Paradigmas fehlen, setzt sie sich schließlich auch in Schulbüchern und den Köpfen fest.

Aufgrund der Beobachtungen von Schimpansen in der Savanne bleibt festzuhalten: **Die Entstehung des ausdauernd schreitenden Ganges bei echten Menschen, wie er fossil seit *Homo erectus* nachweisbar ist, ist weiterhin ungeklärt** (vgl. Brandt 2017a; Scholl 2022b, S. 9f, 14, 18; Scholl 2022c, 14f, 22, 25f, 29; Brandt 2023, in Vorbereitung). So konstatiert auch Vieweg (2022) auf *wissenschaft.de* zum vorliegenden Artikel von Drummond-Clarke und Kollegen: „Nach wie vor bleibt ein Rätsel, warum die Vorfahren des Menschen schließlich eine aufrechte Fortbewegungsweise annahmen.“

Literatur

Becker J (Hrsg.) (2020) Biosphäre Sekundarstufe, II Gesamtband. 1. Aufl. Cornelsen Verlag Berlin.

Brandt M (2017a) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. In: Brandt M (Hg) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. SCM Hänssler, S. 9–49.

Brandt M (2017b) Frühmensch war ein „Missing Link“? Die Schulter von *Homo erectus*. In: Brandt M (Hg) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. SCM Hänssler, S. 93–103.

Brandt M (2023) *Australopithecus* ein effizienter Zweibeiner? W+W Special Paper, in Vorbereitung.

Drummond-Clarke RC et al. (2022) Wild chimpanzee behavior suggests that a savanna-mosaic habitat did not support the emergence of hominin terrestrial bipedalism. *Acta Adv.* 8, eadd9752, doi: 10.1126/sciadv.add9752.

Hartwig-Scherer S (2011) *Ardipithecus*: Ein Astgänger sägt am Lehrbuchwissen. *Stud. Integr. J.* 18, 68–77.

Junker T (2021) Die Evolution des Menschen. 4. Aufl. C.H.Beck.

Prabhat AM et al. (2021) Homoplasy in the evolution of modern human-like joint proportions in *Australopithecus afarensis*. *eLife* 10:e65897, <https://doi.org/10.7554/eLife.65897>.

Ruff C (2009) Relative Limb Strength and Locomotion in *Homo habilis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 138, 90–100, doi: 10.1002/ajpa.20907.

Scholl B (2022a) Genesisnet, Eine modern menschliche Wirbelsäule bei *Australopithecus sediba*?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=298>.

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

Scholl B (2022c) „Totales Chaos“: Unklare Abstammungsverhältnisse bei Menschenaffen und Menschen. W+W Special Paper B-22-2, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/miozaene-affen/>.

Vieweg M (2022) Aufrechter Gang: Fragliche Ursprungs-Annahme. [wissenschaft.de](https://www.wissenschaft.de), veröffentlicht am 14.12.2022, <https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/aufrechter-gang-fragliche-ursprungs-annahme/>.

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n310.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.10.22 Nobelpreis für Forschungen über das Erbgut aus menschlichen Fossilien

Von Harald Binder & Peter Borger

Svante Pääbo, ein schwedischer Biowissenschaftler, der einen großen Teil seiner wissenschaftlichen Karriere in deutschen Forschungseinrichtungen verbracht hat, ist mit dem Nobelpreis ausgezeichnet worden. In der Öffentlichkeit ist Pääbo bekannt für seine Beiträge zur Erforschung des Erbguts des Neandertalers. In populären Medien ist viel davon zu lesen, dass damit die Evolution des Menschen besser verstanden sei. In einer kritischen Würdigung der Arbeiten von Pääbo wird hier darauf verwiesen, dass die genetischen Daten die Neandertaler im Variationsbereich des modernen Menschen (*Homo sapiens*) verorten (eine Position, die in der Paläanthropologie unabhängig von genetischen Daten vertreten wird). Die genetischen Daten aus menschenähnlichen Fossilien können auch aus einer Schöpfungsperspektive sinnvoll interpretiert werden.



Abb. 1 Svante Pääbo (Wikimedia: Duncan.Hull, CC BY-SA 4.0)

Der Nobelpreis für Physiologie und Medizin 2022 wurde dem schwedischen Immunologen Svante Pääbo (*1955 in Stockholm) zugesprochen. Das Nobelkomitee zeichnet den Wissenschaftler aus „für seine Entdeckungen, die das Erbgut ausgestorbener menschenähnlicher Lebewesen und die Evolution des Menschen betreffen“¹. Svante Pääbo ist ein Sohn des schwedischen Mediziners und Biochemikers Sune Bergström (1916–2004), der 1982 gemeinsam mit zwei anderen Wissenschaftlern (B. I. Samuelsson und J. R. Vane) den Nobelpreis für Physiologie und Medizin für bahnbrechende Arbeiten über Prostaglandine erhalten hatte. Der Familienname geht auf die Mutter, die estnische Chemikerin, Karin Pääbo zurück.

Für seine Promotion bearbeitete Svante Pääbo immunologische Fragestellungen an der Universität Uppsala. Sein eigentliches Interesse galt jedoch der Ägyptologie und allgemein der Geschichte des Menschen. So besorgte er sich ohne Kenntnis seiner Betreuer Proben von ägyptischen Mumien und begann darin nach Spuren von ihrer DNA zu suchen. Seine erste Arbeit über Hinweise auf Überreste von DNA in ägyptischen Mumien veröffentlichte er in einer Zeitschrift, die in der DDR herausgegeben wurde. Diese Arbeit fand allerdings keine Beachtung. Ganz im Gegensatz zu einem Beitrag, der ein Jahr später von der renommierten Zeitschrift „Nature“ akzeptiert wurde. Sogar das Titelbild der Ausgabe wurde dem Thema gewidmet.

Nach kurzen Forschungsaufenthalten in Zürich und London trat Pääbo eine Postdoc-Stelle im Labor von Allan Wilson in Berkeley an, wo er die Technik der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) nutzte – eine Methode, um DNA-Moleküle durch einen Kopiermechanismus zu vervielfältigen – um Erbinformation aus den fossilen Überresten ausgestorbener Tiere zu gewinnen. So konnte Pääbo zusammen mit anderen Autoren Daten zum Erbgut z. B. vom Quagga, Riesenfaultier und Mammut publizieren. Den Großteil seines Forscherlebens verbrachte Svante Pääbo in deutschen Forschungseinrichtungen: an der LMU in München (1990–1997) und seit 1997 am Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig, wo er als Direktor die Abteilung Evolutionäre Genetik leitet.

Paläogenetik

Mit den Untersuchungen von DNA-Bruchstücken mit Erbinformationen mumifizierter Überreste von Menschen hatte Pääbo den Grundstein für einen neuen Forschungsbereich gelegt, der Paläogenetik. In der Paläogenetik, also für die Untersuchung von Erbinformationen alter Lebewesen, sind keine heute lebenden Organismen verfügbar, sondern man ist auf Präparate aus Museumsbeständen oder auf entsprechende Fossilien angewiesen. Aufgrund der Geschichte der Proben, wie den an der Fossilisierung beteiligten Prozessen, ihrer Präparation und sonstigen Handhabungen enthalten die Proben wenig und massiv veränderte DNA neben einer unbestimmten Menge an DNA, die aus anderen Quellen stammt.

Mit den Mitarbeitern seiner Arbeitsgruppen in München und Leipzig, z. T. auch mit internationaler Zusammenarbeit, konnte Pääbo zunächst DNA-Sequenzen aus Mitochondrien des Neandertalers bestimmen. Diese mitochondriale DNA (mtDNA) konnte in Proben aus dem namengebenden Typusexemplar des Neandertalers gewonnen werden. Die gewonnenen Daten interpretierten die Autoren in dem Sinne, dass die Neandertaler ausgestorben waren, ohne genetische Spuren im modernen Menschen hinterlassen zu haben. Dies wurde oft in dem Sinne aufgenommen, als würde es sich um zwei verschiedene „menschliche Spezies“ handeln, die keine Fortpflanzungsgemeinschaft bildeten. Unter großem medialem Aufsehen wurden DNA-Sequenzen aus Proben von weiteren Neandertalerfossilien z. B. aus Osteuropa präsentiert, und schließlich konnte 2010 anhand der analysierten Sequenzdaten ein Genom von Neandertalern – unter Nutzung bereits bekannter Genome von Menschen und Großaffen – weitgehend rekonstruiert werden. Großes Aufsehen erregte auch die Veröffentlichung von DNA-Sequenzen aus einem fossilen Fingerglied bzw. später auch einem Backenzahn, die in der Denisova-Höhle im Altai-Gebirge in Sibirien gefunden worden waren. Diese Fragmente der Erbinformation wurden von Pääbo und seinen Kollegen so interpretiert, dass es sich um einen weiteren, bisher unbekanntem und sowohl vom modernen Menschen als auch vom Neandertaler verschiedenen Menschentyp handeln müsse. **In weiteren Veröffentlichungen schlossen die Autoren aus Vergleichen von Sequenzdaten, dass sowohl Neandertaler als auch der Denisova-Mensch mit *Homo sapiens* in Fortpflanzungsgemeinschaft standen und damit derselben Art, *Homo sapiens*, zugehörig sind.** Diese Sicht über die Neandertaler

kam aber nicht unerwartet, da archäologische Erkenntnisse eine zunehmende Anzahl von Fachleuten zu derselben Einschätzung führten (vgl. z. B. Frayer und Radović 2022).

Sequenzvergleich einzelner Gene – gibt es Neandertaler-Gene?

Svante Pääbo und seine Mitarbeiter konnten zeigen, dass in Neandertalern Varianten von Genen (Allele) vorhanden sind, die man auch bei heute lebenden Menschen findet. Wenn sie diese Allele addieren, dann kommen die Autoren auf ca. 4 % des Genoms, in denen sich im modernen Menschen Allele finden, die auch im Neandertaler nachgewiesen werden konnten. In seinem Buch „Die Neandertaler und wir – Meine Suche nach den Urzeit-Genen“ (Pääbo 2014) prägt der Autor bereits im Untertitel die Vorstellung von Genen, die für Neandertaler typisch sind. Die Sequenzdaten zeigen aber *Varianten* von Genen, die sich bei modernen Menschen und bei Neandertalern finden, also Allele. Die Bezeichnung „Neandertaler-*Gene*“ ist daher missverständlich und intendiert spezifische Gene, wobei die Auffassung naheliegender ist, dass es sich um Varianten von Genen handelt, die Neandertalern und Menschen gemeinsam sind. Es ist wichtig, die Begriffe „Gene“ und „Allele“ (Genvarianten) auseinanderzuhalten: Ein Gen ist die Erbinformation für bestimmtes Merkmal, ein Allel ist eine Variante eines Gens.

Pääbo hat gezeigt, dass beim modernen Menschen teilweise die gleichen Allele zu finden sind wie beim Neandertaler. Es wurde festgestellt, dass einige dieser Allele mehr oder weniger mit Krankheit und Gesundheit korreliert sind (Gibbons 2016). Frei nach dem Motto: Leiden Sie unter Depressionen? Das könnte an Ihren Neandertaler-Genen liegen. Blasenschwäche? Neandertaler-Gene! Selbst einen schwereren Verlauf von Covid-19 konnte Pääbo mit „Neandertaler-Genen“ erklären (Zeberg & Pääbo 2020). Meldungen über positiv wirksame Einflüsse von „Neandertaler-Genvarianten“ gibt es zwar auch, erfahren aber weniger Aufmerksamkeit (vgl. Scholl 2020). Die Attraktivität solcher Erklärungen ist bei der Art und Weise von Diskussionen, wie sie derzeit häufig in der Öffentlichkeit geführt werden, nicht verwunderlich. Woher das „Neandertaler-Gen“ (bzw. das betreffende Allel) stammt, das für schwere Covid-Verläufe verantwortlich sein soll, bleibt ein großes Rätsel, da dieselbe Studie mit Sicherheit ausschloss, dass es von einem gemeinsamen Vorfahren stammen könnte.

DNA des modernen Menschen und des Neandertalers fast identisch

Im Jahr 2021 wurde durch den Vergleich tausender Sequenzen des modernen Menschen mit denen der Neandertaler deutlich, dass der moderne Mensch kein ganz anderes, einzigartiges Genom besitzt (Sánchez-Quinto et al. 2012). In seiner DNA-Sequenz wurden nur 1,5 % der Allele des modernen Menschen als einzigartig eingestuft (Borger 2021). Bedeutet das, dass 98,5 % der modernen Menschen Neandertaler sind? Nein, es bedeutet, dass 98,5 % der im Neandertaler-Genom gefundenen Variationen auch anderswo in der Population des modernen Menschen vorkommen. Möglicherweise erhöht sich dieser Prozentsatz, wenn man noch mehr DNA-Sequenzen einbezieht. Beim modernen Menschen ist kaum noch einzigartige DNA zu finden. **Dies ist ein genetischer Beleg dafür, dass der Neandertaler – bei den bekannten Unterschieden in der bei ihm ausgeprägten Merkmalskombination – zum modernen Menschen *Homo sapiens* gehört.**

Wenn es keine spezifischen Neandertaler-*Gene* gibt, sondern nur Allele, worin besteht dann der Unterschied zwischen modernen Menschen und diesen Urzeitmenschen? Das ist eine berechnete Frage! Beim Vergleich der Gesamt-DNA innerhalb moderner menschlicher Populationen konnten genetische Unterschiede von bis zu 12 % festgestellt werden (Borger 2021). Selbst innerhalb einer Population können sich zwei Personen, die miteinander Kinder

haben, um mehrere Prozent unterscheiden. Dieser enorme Unterschied, der viele Millionen DNA-Buchstaben betragen kann, ist eher das Ergebnis von Indel-Mutationen, d. h. Mutationen, bei denen sich große Abschnitte der DNA verdoppeln oder verschwinden (Duplikationen und Deletionen), als eine Folge von Punktmutationen. Diese Indel-Mutationen, die durch genetische Mechanismen angetrieben werden, liegen superschnellen Anpassungsprozessen zugrunde (Borger 2018).

Das Gen *FOXP2*, das beim Menschen einen Zusammenhang mit seiner Sprachfähigkeit zeigt, liegt auch beim Neandertaler vor und wird als genetischer Hinweis auf dessen Sprachfähigkeit gewertet (Krause 2007). Die von vielen Forschern dem Neandertaler zunächst nur eingeschränkt zugestandene Sprachfähigkeit war aber bereits zuvor aus verschiedenen archäologischen Fundzusammenhängen erwartet worden und spätestens seit dem Nachweis eines Zungenbeins gilt sie als gut begründet. Außerdem gibt es klare Anzeichen dafür, dass der Neandertaler wie der moderne Mensch 46 Chromosomen hatte, während alle Menschenaffen 48 Chromosomen besitzen (Miga 2017). **Die gleiche Anzahl von Chromosomen, die gleichen Gene wie beim Menschen und die gleichen pathogenen Allele? Nichts Menschliches war den Neandertalern offenbar fremd.**

Svante Pääbo hat mit seiner Forschung einen neuen Forschungsbereich eröffnet, in dem Erbinformationen aus Überresten von Lebewesen zugänglich gemacht worden sind. Seine Arbeitsgruppe hat viel dazu beigetragen, dass die erhaltenen Daten an Vertrauenswürdigkeit gewonnen haben. Was die Interpretation der DNA-Sequenzen aus menschlichen Fossilien betrifft, so folgt Pääbo darin unkritisch den etablierten Evolutionsvorstellungen. Dies führt dazu, dass sich das, was er als Denkraum voraussetzt, dann auch in seiner Interpretation der genetischen Daten wiederfindet. **Er hat in seiner Forschung keinen neuen, unabhängigen Hinweis darauf gefunden, der eine Entwicklung des Menschen aus affenähnlichen Vorfahren heraus beweisen würde.** Einige Sichtweisen, die durch paläoanthropologische Forschungen bereits vorhanden waren, konnte er mit seinen Ergebnissen untermauern. Insgesamt hat er vor allem mit den Ergebnissen von Neandertalern deren große genetische Ähnlichkeit zum modernen Menschen unterstrichen. Die Ähnlichkeit interpretiert Pääbo mit vielen seiner Kollegen im Sinne einer menschlichen Evolution. Dies wurde in den Darstellungen der populären Medien noch verstärkt. Es bleibt jedoch festzuhalten, dass seine Resultate dem Gedanken einer Schöpfung der Menschen nicht widersprechen und auch von diesem Standpunkt aus interpretiert und verstanden werden können. Denn lange bevor entsprechende genetische Befunde vorlagen, konnte man aus Grundtyp-Perspektive bereits davon ausgehen, dass sich moderner Mensch und Neandertaler miteinander hatten fortpflanzen können, weil sie beide als regional unterschiedlich angepasste Nachfahren der von Gott erschaffenen Menschen sind. Wahrscheinlich unfreiwillig hat Pääbo damit einen wichtigen Beitrag zur Stützung des Grundtypenmodells in Bezug auf den Grundtyp Mensch geleistet, welcher moderne Menschen, Neandertaler, Denisova, Heidelberger Menschen, *Homo floresiensis* und *Homo erectus* und vielleicht noch andere unentdeckte Menschenformen umfasst.

Anmerkung

¹ „... for his discoveries concerning the genomes of extinct hominins and the human evolution”.

Quellen

Borger P (2018) Darwin Revisited – How to understand biology in the 21st century. Scholars Press.

Borger P (2021) Kaum einzigartige DNA-Sequenzen im Erbgut des Menschen. Stud. Integr. J. 28, 134–135.

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

Gibbons A (2016) Neanderthal genes linked to modern diseases. Science 351, 648-849. <https://www.science.org/doi/10.1126/science.351.6274.648>

Krause J, Lalueza-Fox C, Orlando L, Enard W, Green RE, Burbano HA, Hublin J-J, Hänni C, Fortea J, De la Rasilla M, Bertranpetit J, Rosas A & Pääbo S (2007) The derived FOXP2 variant of modern humans was shared with Neandertals Curr Biol 17(21):1908-12. <https://doi.org/10.1016/j.cub.2007.10.008>

Miga KH (2017) Chromosome-Specific Centromere Sequences Provide an Estimate of the Ancestral Chromosome 2 Fusion Event in Hominin Genomes. Journal of Heredity, 108, 45–52; <https://doi.org/10.1093/jhered/esw039>

Pääbo S (2014) Neanderthal Man. In Search of lost Genomes. 2914 Basic Books, New York. (deutsch: Die Neandertaler und wir. Meine Suche nach den Urzeit-Genen. S. Fischer, Frankfurt a. M.)

Sánchez-Quinto F, Botigue LR, Civit S, Arenas C, Ávila-Arcos MC, Bustamante CD, Comas D & Lalueza-Fox C (2012) North African populations carry the signature of admixture with Neanderthals. PLoS ONE 7: e7765. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0047765>

Scholl B (2020) Frauen mit „Neandertal-Genvarianten“ haben weniger Fehlgeburten. Stud. Integr. J. 27, 126.

Zeberg H & Pääbo S (2020) The major genetic risk factor for severe COVID-19 is inherited from Neanderthals. Nature 587, 610–612. <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2818-3>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n306.php

26.08.22 Wie fundiert sind Nasenrekonstruktionen bei Homininen?

Campbell et al. (2022) diskutierten die Rekonstruktion von Nasenweichteilpartien bei Homininen. Dabei stellten sie fest, dass in diesem Forschungsbereich nur wenige Studien vorliegen, obwohl Nasenpartien in vielen Medien in Rekonstruktionen dargestellt werden. Campbell et al. (2022) erstellten daher ein eigenes Rekonstruktionsmodell. Die Gruppe der echten Menschen, die aus Schöpfungsperspektive einen abgrenzbaren Grundtyp darstellt, besitzt in diesen Rekonstruktionen vielfältige, aber durchaus menschlich gestaltete Nasen. Die Nasen-Rekonstruktionen der großaffenähnlichen Australomorphen ist aber auch in diesem Modell mit methodischen Mängeln behaftet, so dass bis heute nicht geklärt ist, wie zum Beispiel die Nase der berühmten „Lucy“ (*Australopithecus afarensis*) tatsächlich ausgesehen hat.

1. Einleitung

Unter den **Homininen*** wird eine Reihe von Formen aus evolutionärer Perspektive als mutmaßliche Vorfahren des Menschen seit der Abspaltung des Schimpansen interpretiert. Überall in Museen, Filmen oder Büchern werden diese Homininen mit Nasenpartien rekonstruiert. Dabei kann beim unvoreingenommenen Betrachter zum Teil der Eindruck entstehen, dass sie einen Übergang zwischen Großaffen und Menschen darstellen. Doch wie gut sind solche Nasen-Rekonstruktionen eigentlich begründet?

*Homininen (= aus evolutionärer Perspektive Menschen und menschenähnliche Vorfahren, die sich nach der Abspaltung der Schimpansen-Linie entwickelt haben)

In einer neuen Studie aus dem Jahr 2022 haben sich Campbell et al. mit der Rekonstruktion von Nasenweichteilpartien bei Homininen näher beschäftigt. Ihre Ergebnisse werden hier kurz diskutiert.



Abb. 1: Links: Die Rekonstruktionen der Nasenpartie in Museen und Lehrbüchern von nichtmenschlichen Homininen – wie hier von „Lucy“ (*Australopithecus afarensis*) – sind bisher wissenschaftlich erstaunlich wenig fundiert. Rechts: Die Nasenrekonstruktionen von menschlichen Homininen wie Neandertalern (hier ein Mädchen) sind zwar empirisch besser begründet, aber ohne Weichteilstrukturen trotzdem mit Unsicherheiten behaftet. (Wikimedia: Neanderthal-Museum, Mettmann - Pressebilder, CC BY-SA 4.0; Fährtenleser, CC BY-SA 4.0)

2. Der bisherige Stand der Nasenrekonstruktionen

Campbell et al. (2022) sehen bisher einen Mangel bei der Erforschung der Weichteilstrukturen wie der Nase bei Menschenaffen – insbesondere bei der innerartlichen Vielfalt: „Die meisten evolutionären Studien zur Nasenregion haben sich auf moderne Menschen und Neandertaler [...] konzentriert. Im Gegensatz dazu wurde dem Weichteilgewebe der Nasen von Menschenaffen nur sehr wenig Aufmerksamkeit geschenkt. Wir erkennen zwar an, dass die Nasen von Schimpansen auf ein gewisses Forschungsinteresse gestoßen sind, aber mit Ausnahme einer Studie gibt es praktisch keine Studien über Gorillas und Orang-Utans“.

Mit anderen Worten: **Für heutige Großaffen und großaffenähnliche Australomorphen gibt es zwar viele Darstellungen, aber wenig wissenschaftliche Daten zur Rekonstruktion der Nasenpartie.** Die Knochenstrukturen ermöglichen dabei bestenfalls eine grobe Orientierung für die Nasenrekonstruktionen. Für Menschen und Neandertaler liegen hingegen deutlich mehr Untersuchungen vor, so dass die Nasenpartien menschlicher Homininen auf einer breiteren Datenbasis fußen. Allerdings muss erwähnt werden, dass auch bei Neandertalern bisher keine Weichteilstrukturen bekannt sind (vgl. De Azevedo et al. 2017), welche definitive Aussagen ermöglichen.

Auf der Grundlage mehrerer möglichst einfach durchführbarer Messungen an Schädel und Nase bei heutigen Schimpansen und Menschen haben nun Campbell et al. (2022) eigene Gleichungen zur Rekonstruktion der Nase aufgestellt. Diese Rekonstruktionen basieren auf den Messungen der bei Fossilien häufig erhaltenen Winkel zwischen Hinterhauptsloch und Nasenansatz, Nasenspitze oder Oberkiefer an den Schädeln.¹

3. Die Rekonstruktion nach Campbell und Kollegen

Die Ergebnisse der Rekonstruktionen von Campbell et al. (2022) sind in der folgenden Abbildung dargestellt:

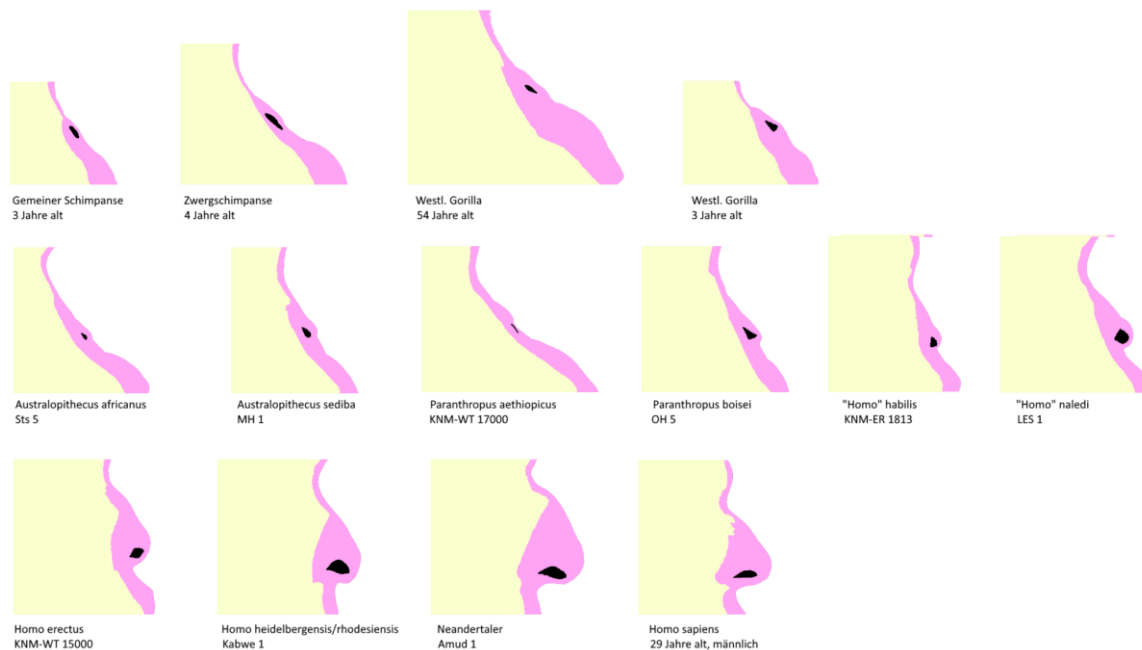


Abb. 2: Nasenrekonstruktionen von Campbell et al. (2022) Nasenrekonstruktionen basierend auf Schädelmessungen von Campbell et al. (2022) bei heutigen Menschenaffen (oben), ausgestorbenen Australomorphen (Mitte) und echten Menschen (unten). Problematisch an diesen Rekonstruktionen ist aber, dass eine evolutionäre Linie unkritisch vorausgesetzt wird. (Eigene Darstellung nach Campbell et al. 2022, Fig. 5, 6)

Es fällt auf, dass bei den nichtmenschlichen Arten „*Homo*“ *habilis* und „*Homo*“ *naledi* eine Nasenmorphologie rekonstruiert wird, die den Autoren zufolge „weder affenartig noch menschenähnlich ist“. Campbell und Kollegen halten deren Nasenmorphologie aber für „nicht außerhalb des Bereichs des Möglichen“ für Übergangsformen zum Menschen. **Die Australopithecinen weisen interessanterweise im Gegensatz zu den echten Menschen weder menschliche noch intermediäre, sondern affenähnliche Nasenstrukturen auf** (s. Abb. 2).

Ähnlich schrieben auch der Paleo-Artist (Rekonstrukteur) Viktor Deak und der Paläoanthropologe G. J. Sawyer (2008, 186): „Bei den Australopithecinen lässt der Aufbau des Gesichtsskeletts darauf schließen, dass Lippen und Nase denen der heutigen Menschenaffen ähnelten und in ihrer Form ganz und gar nicht menschlich waren; die kleinen Eckzähne und die übrigen, ebenfalls recht menschenähnlichen Zähne lassen dagegen an ein Gesicht denken, dass nicht vollkommen affenartig war und sich von dem aller heutigen Affen unterschied.“

4. Methodische Probleme dieser Rekonstruktion

Doch leider sind auch die Rekonstruktionen von Campbell et al. (2022) – obwohl sie den aktuellen Forschungsstand darstellen – mit einigen methodischen Mängeln behaftet.

Erstens überlappen insgesamt vier von fünf Schädel-Nase-Messwerten von Mensch und Schimpanse, auf welche die Autoren ihre Rekonstruktionen aufbauen, stark (vgl. ebd., Tab. 2). Solche Befunde erschweren die Rekonstruktion der Merkmale.

Zweitens konnten überhaupt nur kleine Stichproben von Menschenaffen untersucht werden – was die Autoren auch ausdrücklich bedauern.

Drittens sind insbesondere beim Zwergschimpansen, Sumatra-Orang-Utan und dem Mantelpavian die mit dem Modell errechneten Vorhersagen für die Nasenhöhlenlänge zunehmend ungenau (ca. 1 cm bis 4 cm Abweichung; ebd., Fig. 4A). Auch die vorhergesagten Winkel der Nase unterscheiden sich von dem tatsächlich gemessenen Winkeln bei Gemeinem Schimpansen, Gorilla und Mantelpavian (1,0° bis 5,5° Abweichung; ebd., Fig. 4B).

Viertens geben Campbell et al. (2022) zu, dass die Genauigkeit ihrer Vorhersage mit der „phylogenetischen Entfernung dieser Arten zu *H. sapiens*“ – also deren evolutionären Verwandtschaft zum modernen Menschen – abnimmt. Sollte es sich bei Australomorphen aber um einen oder mehrere nichtmenschliche Grundtypen handeln, die unabhängig von Menschen oder Großaffen erschaffen wurden, ist dementsprechend mit einer deutlich größeren Fehlerquote der Rekonstruktion zu rechnen. Schließlich setzen Campbell et al. (2022) aufgrund des evolutionären Modells – im Unterschied zum Grundtypenmodell – implizit voraus, dass die Australomorphen in ihren Merkmalen zwischen Schimpansen und Menschen stehen, und dass damit Rekonstruktionen weniger fehleranfällig seien.

Und fünftens ist die oben zitierte Aussage über die zunehmende Ungenauigkeit bei phylogenetisch größerer Distanz zu *Homo sapiens* nicht ganz mit den Ergebnissen der Rekonstruktionen von Campbell et al. (2022) vereinbar. Der Zwergschimpanse steht dem Menschen nämlich aus evolutionärer Perspektive genauso nahe wie der Gemeine Schimpanse, hat aber eine größere Ungenauigkeit in der Vorhersage der Nasenlänge als selbst der Gorilla (ebd., Fig 4A). Der Gorilla wiederum ist in der Vorhersage des Nasenwinkels ungenauer als der Orang-Utan, der seinerseits evolutionär gesehen noch weniger mit dem Menschen verwandt ist (ebd., Fig 4B). Campbell et al. (2022) stellen folgerichtig fest, dass die Ergebnisse der 3D-Modellierung bei Zwergschimpanse sowie Sumatra-Orang-Utan und Siamang (ein großer Gibbon) zu ungenau im Vergleich mit den tatsächlichen Messwerten der Nase sind.

Insgesamt legen die beschriebenen methodischen Mängel nahe, dass nach wie vor keine gut begründeten Nasen-Rekonstruktionen von nichtmenschlichen Australomorphen vorliegen.

5. Exkurs: „Neandertaler, wieso hast du eine so große Nase?“

Doch woher kommt es eigentlich, dass ausgestorbene Menschenformen andere Nasenformen aufwiesen – wie zum Beispiel die besonders große Nase der Neandertaler (vgl. Abb. 2)?

Lacruz et al. (2019) diskutieren den Bau des Mittelgesichts bei Homininen. Sie schlagen vor, dass das große vorstehende Mittelgesicht beim Mittelpleistozänen *Homo* (*Homo heidelbergensis*, Sima de los Huesos und Neandertaler) im Vergleich zum modernen Menschen vor allem auf eine große Nasenhöhle und oft auch auf große Nasennebenhöhlen zurückzuführen ist. Dies ist neben anderen Faktoren (z. B. Hormonspiegel) wahrscheinlich auch durch eine Anpassung an kaltes Klima bedingt, so dass eine große Nasenpartie die Luft entsprechend erwärmen und befeuchten kann.² Lacruz und Kollegen (2019) sehen nur bei *Homo erectus*, Mittelpleistozänem *Homo* und modernem Menschen ein menschliches Mittelgesicht, nicht aber bei den sogenannten „*Homo*“-Arten *habilis* und *rudolfensis*, die nach Collard & Wood (2015) auch gar keine Menschen (*Homo*) waren. Lacruz et al. (2019) zufolge

ist für den jüngeren „*Homo*“ *naledi* nur wenig vom Gesichtsschädel rekonstruierbar, außer dass er „transversal [in Querrichtung] flach, aber insgesamt sehr prognathisch“ war – also eine vorstehende Schnauze besaß.

Die Deutung, dass die großen Nasen der Neandertaler und anderer Menschenformen aus dem Mittelpleistozän Anpassungen an kalte Umgebungen in Europa, West- oder Zentralasien waren (vgl. Fabre et al. 2009, Fig. 2), findet auch bei heutigen Menschen eine Parallele. Bei diesen zeigt sich nämlich nach Zaidi et al. (2017, v. a. Tab. 1) ein deutlicher Zusammenhang von Nasenform und absoluter Feuchtigkeit sowie Temperatur des Lebensraumes. So haben Nord-Europäer in kälteren Klimaten zur Erwärmung der Luft die längsten und schmalsten Nasen (durchschnittlich 4,78 cm lang und 3,43 cm breit). West-Afrikaner in heißeren Klimaten besitzen hingegen die kürzesten und breitesten Nasen (durchschnittlich 4,63 cm lang und 4,54 cm breit).

6. Fazit

Die evolutionären Rekonstruktionen der Nasenpartien von nichtmenschlichen Homininen wie „Lucy“, die immer wieder in Museen, Medien und sogar Lehrbüchern gezeigt werden, sind äußerst spekulativ. Ursache hierfür sind die mangelnden empirischen Daten über heute lebende Menschenaffen und fossile Homininen sowie methodische Probleme bei Rekonstruktionsmodellen. Dies gilt leider auch für die neue Studie von Campbell et al. (2022), bei der die Australomorphen – passend zum Grundtypmodell – keine menschlichen Nasenpartien aufweisen.

Anmerkungen:

¹ Winkelmessungen: Winkel Nr. 1: Basion – Nasion zu Basion – Pronasale. Winkel Nr. 2: Basion – Pronasale zu Basion – Prosthion. Basion: Der hinterste Punkt des Hinterhauptlochs (midsaggitale Ebene). Nasion: Schnittpunkt der nasofrontalen Naht in der Medianebene. Pronasale: Der vorderste Punkt der Nasenspitze. Prosthion: Der vorderste Punkt des Oberkiefers (midsaggitale Ebene).

² Lacruz et al. (2019) stellen die Frage, ob auch eine zunehmende Sozialfunktion der Grund für eine „komplexere Topografie“ des Mittelgesichts beim modernen Menschen im Vergleich zum Mittelpleistozänen Menschen gewesen sein könnte. Diese Hypothese basiert aber nur auf evolutionären Annahmen und bleibt ohne vorliegende Weichteilstrukturen pure Spekulation. Das biblisch motivierte Grundtypmodell hingegen setzt voraus, dass der Mensch von Anfang an als Gottes Ebenbild und intelligentes, soziales Wesen erschaffen wurde, bevor er sich über die Welt verbreitete und sich im Rahmen von Mikroevolution an die Umwelt anpasste.

Literatur

Campbell RM, Vinas G & Henneberg M (2022) Relationships between the hard and soft dimensions of the nose in *Pan troglodytes* and *Homo sapiens* reveal the positions of the nasal

tips of Plio-Pleistocene hominids. PLoS ONE 17, e0259329;
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0259329>.

Collard M & Wood B (2015) Defining the Genus *Homo*. In: Henke W & Tattersall I (Ed.) Handbook of Paleoanthropology, doi: 10.1007/978-3-642-39979-4_51.

De Azevedo S et al. (2017) Nasal airflow simulations suggest convergent adaptation in Neanderthals and modern humans. PNAS 114, 12442–12447, doi: 10.1073/pnas.1703790114.

Fabre V & Condemi S & Degioanni A (2009) Genetic Evidence of Geographical Groups Among Neanderthals. PLoS ONE 4, e5151, doi: 10.1371/journal.pone.0005151.

Lacruz RS et al. (2019) The evolutionary history of the human face. Nat. Ecol. Evol. 3, 726–736, <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0865-7>.

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

Zaidi AA et al. (2017) Investigating the case of human nose shape and climate adaptation, PLoS Genet. 13, e1006616, <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1006616>.

Aktualisierung am 23.01.2023.

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n305.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.07.22 Sind die Schädel von Dmanisi Übergangsformen zum echten Menschen?

In Form eines Überblicks werden die wichtigsten Argumente zu Bewertung der Homininen-Funde aus Dmanisi (Georgien) zusammengestellt. Er zeigt, dass man diese Funde als echte Menschen statt als evolutionäre Übergangsformen deuten kann. Eine ausführliche Begründung wird in einem Special Paper mit dem Titel „Homininen-Schädel: ‚Stolpersteine‘ des Grundtypmodells?“ geboten: <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/homininen-schaedel/>

1. Die Schädel von Dmanisi als Übergangsformen?

Schädel früher Homininen¹ werden immer wieder als Belege einer mutmaßlichen Abstammung des Menschen aus affenähnlichen Vorfahren angeführt. Zu den Schädeln, die häufig als Übergangsformen gewertet werden, gehören die Schädel von den sogenannten „Homo“-Arten *habilis* und *rudolfensis* aus Afrika und die Schädel von *Homo erectus ergaster georgicus* aus Dmanisi in Georgien. Letztere datiert man auf ca. 1,8 MrJ (Millionen radiometrische Jahre). Über sie heißt es in der deutschsprachigen Wikipedia: „Die homininen Fossilien von Dmanisi gelten als mögliches Bindeglied zwischen den frühesten Vertretern der Gattung *Homo* aus Afrika und den späteren, aus Asien bekannten Fossilien des *Homo erectus*“.²

Lordkipanidze und Kollegen (2013) behaupteten gar, dass die großaffenartigen „Homo“-Arten *habilis* und *rudolfensis* mit den *Homo-erectus*-Funden aus Dmanisi sowie aus Afrika und Asien in die gleiche Art gestellt werden sollten, weil sich die Schädel ausreichend ähneln würden.

Dies widerspricht dem Grundtypenmodell nach Brandt (2017), bei dem „Homo“ *habilis* und *rudolfensis* als großaffenähnliche Australomorphen und alle Formen von *Homo erectus* als echte Menschen betrachtet werden. Eine Studie zum mathematischen Schädelvergleich der Homininen von Lauren Schroeder et al. (2017) sowie andere Erkenntnisse aus der Fachliteratur über die Funde aus Dmanisi liefern jedoch unterstützende Hinweise für die Deutung als getrennt erschaffene Grundtypen (vgl. den ausführlichen Fachartikel von Scholl 2022b).

2. Die Schädelvergleiche von Schroeder et al. (2017) unterstützen das Grundtypenmodell prinzipiell

Schroeder et al. (2017) verglichen in ihrer Studie anhand von 19 Messpunkten fünf verschiedene Flächen auf den Schädeln von Dmanisi und von über 30 anderen Homininen.

Insgesamt gibt es bei den Daten ihrer Studie eine große Übereinstimmung mit den Ähnlichkeitsbeziehungen, die man aufgrund des Grundtypmodells erwarten würde. Elf der dreizehn untersuchten Homininen-Spezies haben die größte Ähnlichkeit mit solchen Arten, die zum selben mutmaßlichen Grundtyp gehören. **Besonders hervorzuheben ist, dass alle Australomorphen – inklusive der sogenannten „Homo“-Arten *rudolfensis*, *habilis* und**

***naledi* – ihre jeweils ähnlichsten Schädelformen innerhalb der Australomorphen besitzen**, welche einen oder mehrere Grundtypen von Großaffen darstellen. Nicht nur das Körperskelett (vgl. Brandt 2017, 51–92; Collard & Wood 2015), sondern auch die Schädelmerkmale legen damit einen Ausschluss dieser drei Arten aus der Gattung *Homo* (Mensch) nahe. **Die Schädel von *Homo erectus* aus Dmanisi sind dagegen von denen der Australomorphen verschieden und ähneln anderen echten Menschen (wie Heidelberger Mensch und Neandertaler) am stärksten.** Sie eignen sich daher nicht gut als Übergangsform von Australomorphen hin zu Menschen.

► **Abbildung: Die Dmanisi-Schädel:** Die Dmanisi Schädel 1 bis 5 hatten zwar ein kleines Gehirnvolumen von 546 bis 775 cm³, sind aber doch der Menschenart *Homo erectus* zuzuordnen. (Nach Wikimedia: Gerbil, CC BY-SA 4.0; Emőke Dénes, CC BY-SA 4.0)

Doch was ist mit den beiden Ausnahmen, bei denen die größten Ähnlichkeiten der Schädelflächen zu Arten aus einem anderen Grundtyp bestehen?

Die erste Ausnahme ist der Mensch *Homo floresiensis*, der zu keiner Art eine größere Ähnlichkeit aufweist, aber entfernt dem großaffenartigen *Australopithecus sediba* (vgl. Scholl 2022a) in den Schädelflächen ähnelt. Allerdings könnte man *Homo floresiensis* aufgrund seines extremen Zwergwuchses als einzigartigen Menschen interpretieren, der wegen dieser Einzigartigkeit zu keinem der untersuchten Homininen eine besonders große Ähnlichkeit der Schädelflächen aufweist. Eventuell spielt bei einer groben Ähnlichkeit der Schädelflächen die vergleichbare Gehirngröße von jeweils ca. 420 cm³ von *Australopithecus sediba* und *Homo floresiensis* eine Rolle (vgl. Berger et al. 2010; Kubo et al. 2013; Lacruz et al. 2019); die aber nichts mit einer gemeinsamen Abstammung zu tun haben muss.

Die zweite Ausnahme ist *Homo erectus* aus Afrika und Asien. Dieser weist zu „*Homo*“ *habilis* eine minimal größere Nähe (3,7 Prozentpunkte) auf als zu *Homo erectus* aus Georgien. Die Nähe zu „*Homo*“ *habilis* sollte aber nicht überbetont werden, weil von „*Homo*“ *habilis* nur in zwei von fünf Flächenvergleichen fossiles Vergleichsmaterial vorliegt. Außerdem entsteht die größere Nähe von *Homo erectus* aus Afrika und Asien zu „*Homo*“ *habilis* als zu *Homo erectus* aus Dmanisi im Wesentlichen durch einen einzigen Unterkiefer (SK 15), dessen Zuordnung zu „*Homo*“ *habilis* möglicherweise falsch ist. Dem Paläoanthropologen John Hawks (2016) zufolge ist die Zuordnung des Unterkiefers SK 15 unklar, und mittlerweile stellt „eine Reihe Wissenschaftler“ SK 15 zu „*Homo*“ *habilis* (Hawks 2016; vgl. Curnoe 2006: größte Ähnlichkeit bei Messwerten zu „*Homo*“ *habilis*), oder betont gar eine Ähnlichkeit mit den Australopithecinen (vgl. die Zahnanalyse von Zanolli et al. 2022).

Insgesamt lassen sich also auch die Ähnlichkeitsbeziehungen der Schädelflächen von *Homo floresiensis* und *Homo erectus* aus der Grundtypenperspektive befriedigend interpretieren. **Außerdem muss noch erwähnt werden, dass sich die enorme innerartliche Variabilität (Vielfalt) der Homininen-Schädel ganz allgemein einer widerspruchsfreien Stammbaumrekonstruktion bei Schroeder et al. (2017) widersetzt.** Dies wird auch dadurch deutlich, dass die einzelnen fossilen Schädel in drei Viertel der Flächenvergleiche Schädeln aus *anderen* Arten mehr ähneln als den Schädeln ihrer *eigenen* Artgenossen. Das wiederum zeigt, dass Schädel sehr variabel sind und daher für Fragestellungen der Zuordnung (Taxonomie) und der Abstammung nur begrenzte Informationen liefern können.

3. Weitere Argumente für die Menschlichkeit von *Homo erectus* aus Dmanisi

Trotz der hohen Variabilität der Homininen-Schädel hatten Lordkipanidze et al. (2013) ihre These, dass die großaffenähnlichen „*Homo*“-Arten *habilis* und *rudolfensis* gemeinsam mit Menschen *Homo erectus* aus Afrika, Asien und Georgien eine Art bilden sollen, ausschließlich auf Schädelmerkmale gegründet. Dieses Vorgehen wurde dementsprechend von Wood (2014) sowie von Collard & Wood (2015, 2130) scharf zurückgewiesen. Sie kritisieren explizit an der Vorgehensweise von Lordkipanidze und Kollegen, dass diese ausschließlich Schädelmerkmale verwendeten und viele weitere Unterscheidungsmerkmale ignoriert haben. Dazu zählt eine Detailanalyse des Basicraniums (des unteren Schädels), des knöchernen Innenohrs, des Fußes und der Hand, der Form und Stärke der Langknochen, der relativen Zahngröße und auch der Individualentwicklung. Zusammengefasst bewerten Collard & Wood (2015) die Gründe von Lordkipanidze et al. (2013) für die Zusammenlegung von „*Homo*“ *habilis* und *Homo erectus* zu einer einzigen gemeinsamen Art als nicht gerechtfertigt und wenig tragfähig. **Insgesamt hält Wood (2014) „*Homo*“ *habilis* nicht einmal für ähnlich genug zu *Homo erectus*, um als dessen direkter Vorfahre betrachtet werden zu können.**

Es gibt zwar eine ganze Reihe von Detailmerkmalen, bei welchen die vielfältigen Formen des frühen Menschen *Homo erectus* gewisse Ähnlichkeiten mit der Vielfalt ausgestorbener Großaffen als auch mit „*Homo*“ *habilis* aufweisen. Dennoch sprechen ganz wesentliche Argumente gegen eine gemeinsame Abstammung bzw. Übergangsstellung von „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* zu *Homo erectus*.

Eines dieser Argumente betrifft die Schädel aus Dmanisi: **So ist die Ähnlichkeit der fünf Schädel aus Dmanisi mit *Homo erectus* aus Asien und Afrika ziemlich eindeutig** (vgl. Gabunia et al. 2000; Lordkipanidze et al. 2006; Hawks 2013; und z.T. auch Lordkipanidze et al. 2013). *Homo erectus* aus Afrika lässt sich wiederum insbesondere am Gesichtsschädel gut von „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* unterscheiden (Lacruz et al. 2019). Die Vielfältigkeit der Schädel aus Dmanisi übersteigt die der Schädel von „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* – entgegen der Behauptung von Lordkipanidze et al. (2013) – gar nicht, und macht es daher auch nicht notwendig, diese beiden Gruppen einer gemeinsamen Sammel-Art zuzuordnen (vgl. Hawks 2013; Lordkipanidze et al. 2013, Fig. S7).

Der Schädel Nr. 5 aus Dmanisi ist zwar äußerst klein (546 cm³) und besitzt eine deutliche Prognathie (vorstehender Oberkiefer); diese beiden Merkmale sind aber bei heutigen bzw. fossilen Menschen nicht so außergewöhnlich. Prognathie tritt auch bei heutigen Menschen mit dem Möbius-Syndrom auf (vgl. Pedersen et al. 2017). Eine kleine Gehirngröße findet sich ähnlich auch bei *Homo floresiensis* sowie bei heutigen Menschen mit Mikroencephalie (vgl. Falk et al. 2007), während das Gehirn bei manchen Mitgliedern heutigen Naturvölkern und anderen *Homo-erectus*-Funden nur wenig größer ist (vgl. Wells 1942; Brandt 2000, 13–15).

Inbesondere der mit 598 cm³ Gehirnvolumen ebenfalls winzigen Schädel DAN5 aus Afrika weist deutliche Parallelen auf, die entscheidende Hinweise für die Deutung des Schädels 5 aus Dmanisi liefern (vgl. Semaw et al. 2020). Beide Schädel sind sehr klein und weisen doch genügend Ähnlichkeiten mit anderen *Homo-erectus*-Funden auf, so dass beide der Art *Homo erectus* zugeordnet werden (vgl. Semaw et al. 2020).

Bei dem Schädel DAN5 wurden zudem sowohl einfache Geröllwerkzeuge (Oldowan, Mode I) als auch komplexe Faustkeile (Acheuléen, Mode II) gefunden. Dies bedeutet, dass einfachere Werkzeuge oder ein kleines Gehirn nicht unbedingt für eine geringe Intelligenz sprechen müssen, da komplexere Werkzeuge ebenfalls von Menschen mit einem so kleinen Gehirn wie bei DAN5 gefertigt werden können. Die Abwesenheit von komplexeren Werkzeugen könnte

daher auch mit den jeweiligen Lebensumständen statt mit mangelnder Intelligenz erklärt werden (vgl. Semaw et al. 2020). Des Weiteren ist eine kleine Gehirngröße (auch relativ zur Körpergröße) allgemein kein guter Indikator für Intelligenz bei Homininen; und sie kann außerdem auch durch ungünstige Lebensbedingungen verursacht sein (vgl. Brandt 2000, 22–25; Roth 2010, 340f; Antón & Snodgrass 2012; Brandt 2018).

Dazu kommt, dass die Steinwerkzeugfunde aus Dmanisi gar nicht so „einfach“ sind, wie ursprünglich vermutet und publiziert worden war (vgl. Hartwig-Scherer 2000; 2002). Dies zeigen die Untersuchungen von Baena et al. (2010) an den Steinwerkzeugen aus Dmanisi, die auf 1,77 bis 1,85 MrJ datiert werden (vgl. Ferring et al. 2011): Die Menschen aus Dmanisi verwendeten 24 verschiedene Rohmaterialien, schätzten das Rohmaterial hinsichtlich Arbeitseffizienz ein, rotierten die Steine je nach Zweck, nutzen natürliche Vorteile des Ausgangsgesteins, besaßen verschiedene Fertigungstechniken, bearbeiteten die Steine nach (Retusche) und fertigten sogar eine Klinge, die der Levallois-Technik des Neandertalers ähnelte. **Dies alles weist auf eine „bedeutende Erfahrung“ bei der Steinwerkzeugfertigung (Baena et al. 2010) hin – und somit auf ausgeprägte Kultur und Intelligenz bei den Menschen aus Dmanisi.**

Auch die lange Überlebenszeit des zahnlosen Menschen Nr. 4 aus Dmanisi spricht wahrscheinlich für eine typisch menschliche Fürsorge für Gruppenmitglieder (vgl. Hartwig-Scherer 2006; Lordkipanidze et al. 2006; Roberts 2018, 111; Scholl 2018).

Damit sind die Schädel aus Dmanisi zwar deutlich kleiner als die allermeisten heutigen Menschen, ihre Besitzer können aber trotzdem eine normal menschliche Intelligenz besessen haben, da selbst moderne Naturvölker zum Teil nur wenig komplexe Steinwerkzeuge verwenden (vgl. Brandt 2000, 13–15; Brandt 2019, 398).

Das Körperskelett von *Homo erectus* aus Dmanisi ist insgesamt deutlich menschlich konfiguriert. Somit besaßen die *Homo-erectus*-Formen einen gewohnheitsmäßigen (habituellen) menschlichen Gang (vgl. Lordkipanidze et al. 2007; Lordkipanidze et al. 2013; Domínguez-Rodrigo et al. 2015; Collard & Wood 2015, 2110; Brandt 2017, 93–108). So schreiben Tappen et al. (2022): „Wichtig ist, dass *H. erectus* in Dmanisi als obligater terrestrischer Zweibeiner anerkannt ist“. Außerdem waren sie vor ca. 2 MrJ über längere Zeit Zeitgenossen von „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* (vgl. Wood & Boyle 2016), obwohl letztere häufig als deren Nachfahre vorgeschlagen wurden.

4. „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch

► **Abbildung: Die Schädel von „*Homo*“ *habilis*:** Die nachfolgend genannten Schädel werden „*Homo*“ *habilis* zugeschrieben, sind aber bis auf OH 7 (dem Holotyp der Spezies) letztlich alle umstritten: OH 7 (kaum erhalten), OH 24, KNM-ER 1805, KNM-ER 1813, SK 847 und STW 53. (Wikimedia: Nachosan, CC BY-SA 3.0; Guérin Nicolas, CC BY-SA 3.0; Ryan Somma, CC BY-SA 2.0; Tiia Monto, CC BY-SA 3.0; Rhuangagabi, CC BY-SA 4.0)

Die oft „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* zugeordneten Fossilienweisen im Gegensatz zu *Homo erectus* aus Dmanisi viele großaffenähnliche Merkmale am Schädel und Körperskelett auf (vgl. Clarke 2008; Wood 1996; Wood 2014; Collard & Wood 2015; Grabowski et al. 2015; Brandt 2017, 86–88; Lacruz et al. 2019; Prahabat et al. 2021). Darüber hinaus ist die Rekonstruktion ihrer größeren Hirnschädelvolumina (über 700 cm³) umstritten –

ebenso wie die Frage, welche Skelettfragmente man überhaupt diesen beiden Homininenarten zuordnen soll (vgl. Scholl 2022, Anhang Tab. 14).

5. Fazit

Alles in allem kann man daher *Homo erectus* aus Dmanisi mit guten Argumenten hinsichtlich seines Schädelbaus, seines Körperskeletts und seiner Steinwerkzeuge aus Grundtyp-Perspektive als echten Menschen deuten. Die Parallelen zu dem kleinen Schädel DAN5 aus Afrika machen deutlich, dass kleine Schädel bei *Homo erectus* nichts Ungewöhnliches waren, und dass auch solche Menschen hohe kognitive Fähigkeiten bei der Herstellung von Steinwerkzeugen bewiesen haben. Entsprechend eindeutige Hinweise konnten in Bezug auf vergleichbar anspruchsvolle Fähigkeiten der Werkzeugherstellung bei „*Homo*“ *habilis* und *rudolfensis* bisher nicht erbracht werden (vgl. Roberts 2018, 102f). Die nicht wesentlich älteren „*Homo*“-Arten *habilis* und *rudolfensis* lassen sich hingegen aus der Perspektive des Grundtypmodells hinsichtlich Schädelbau und Körperskelett gut den – getrennt vom Menschen erschaffenen – australomorphen Großaffen zuordnen.

Anmerkungen:

¹ Homininen sind vermutete Vorfahren des Menschen im Rahmen des Evolutionsmodells seit Aufspaltung von den Schimpansenvorfahren vor ca. 5 bis 7 MrJ.

² Wikipedia.de, aufgerufen am 25.02.2022,
https://de.wikipedia.org/w/index.php?title=Hominine_Fossilien_von_Dmanissi&oldid=218433192.

Literatur:

Antón SC & Snodgrass JJ (2012) Origins and Evolution of Genus *Homo*: New Perspectives. *Curr. Anthropol.* 53, 479–496, doi: 10.1086/667692.

Baena J et al. (2010) Technical and technological complexity in the beginning: The study of Dmanisi lithic assemblage. *Quat. Int.* 223–224, 45–53,
<https://doi.org/10.1016/j.quaint.2010.01.019>.

Berger LR et al. (2010) *Australopithecus sediba*: A New Species of *Homo*-Like Australopithecine from South Africa. *Science* 328, 195–204.

Brandt M (1995) Der Ursprung des aufrechten Ganges. Zur Fortbewegung plio-pleistozäner Hominiden. *Studium Integrale Paläontologie*. Hänssler-Verlag.

Brandt M (2000) Gehirn, Sprache, Artefakt. Fossile und archäologische Zeugnisse zum Ursprung des Menschen. *Studium Integrale Paläontologie*. Hänssler-Verlag.

- Brandt M (2017) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. Studium Integrale Special. SCM Hänssler.
- Brandt M (2018) Merkmalsnetz statt Stammbaum. Neues Vernetzungsmodell in der Paläanthropologie ähnelt Verwandtschaftsverhältnissen im Grundtyp Mensch. Stud. Integr. J. 25, 47–51.
- Brandt M (2019) Vergessene Archäologie. Steinwerkzeuge fast so alt wie die Dinosaurier. 2. erw. Aufl. SCM Hänssler.
- Clarke R (2008) Latest information on Sterkfontein's *Australopithecus* skeleton and a new look at *Australopithecus*. S. Afr. J. Sci. 104, 443–449, <http://www.scielo.org.za/pdf/sajs/v104n11-12/a1510412.pdf>.
- Collard M & Wood B (2015) Defining the Genus *Homo*. In: Henke W, Hardt T & Tattersall I (Ed.) Handbook of Paleoanthropology. Springer-Verlag, 2107–2144, doi: 10.1007/978-3-642-39979-4_51.
- Curnoe D (2006) Odontometric systematic assessment of the Swartkrans SK 15 mandible: *Homo* 57, 263–294, doi: 10.1016/j.jchb.2006.02.001.
- Domínguez-Rodrigo M et al. (2015) Earliest modern human-like hand bone from a new 1.84-million-year-old site at Olduvai in Tanzania. Nat. Commun. 6, 7987, doi: 10.1038/ncomms8987.
- Falk D et al. (2007) Brain shape in human microcephalics and *Homo floresiensis*. PNAS 104, 2513–2518, doi: 10.1073/pnas.0609185104.
- Ferring R et al. (2011) Earliest human occupations at Dmanisi (Georgian Caucasus) dated to 1.85–1.78 Ma. PNAS 108, 10432–10436, <https://doi.org/10.1073/pnas.1106638108>.
- Gabunia L (2000) Earliest Pleistocene hominid cranial remains from Dmanisi, Republic of Georgia: taxonomy, geological setting, and age. Science 288, 1019–1025, doi: 10.1126/science.288.5468.1019.
- Grabowski M, Hatala KG, Jungers WL & Richmond BG (2015), Body mass estimates of hominin fossils and the evolution of human body size. J. Hum. Evol. 85, 75–93, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jhevol.2015.05.005>.
- Hartwig-Scherer S (2000) Der erste Europäer? Streiflichter. Stud. Integr. J. 7, 92–100.
- Hartwig-Scherer S (2002) Wurde Europa doch früher besiedelt? Überraschungen aus Ost und West. Stud. Integr. J. 9, 67–73.
- Hartwig-Scherer S (2006) Mensch von Anfang an: Altruismus so alt wie die Gattung *Homo*. Stud. Integr. J. 13, 52, <https://www.si-journal.de/jg13/heft1/sij131-s.html#idx13>.
- Hawks J (2013) The new skull from Dmanisi. john hawks weblog, veröffentlicht am 18.10.2013, <https://johnhawks.net/weblog/fossils/lower/dmanisi/d4500-lordkipanidze-2013.html>.

- Hawks J (2016) Photo: SK 15. john hawks weblog, veröffentlicht am 05.08.2016, <https://johnhawks.net/weblog/topics/photos/sk-15-photo-2016.html>.
- Kubo D, Kono RT & Kaifu Y (2013) Brain size of *Homo floresiensis* and its evolutionary implications, *Proc. R. Soc. B* 280, 20130338, <https://doi.org/10.1098/rspb.2013.0338>.
- Lacruz RS et al. (2019) The evolutionary history of the human face. *Nat. Ecol. Evol.* 3, 726–736, <https://doi.org/10.1038/s41559-019-0865-7>.
- Lordkipanidze D et al. (2006) A fourth hominin skull from Dmanisi, Georgia. *Anat. Rec.* 288A, 1146–1157, <https://doi.org/10.1002/ar.a.20379>.
- Lordkipanidze D et al. (2007) Postcranial Evidence from Early *Homo* from Dmanisi, Georgia. *Nature* 449, 305–310, doi: 10.1038/nature06134.
- Lordkipanidze D et al. (2013) A Complete Skull from Dmanisi, Georgia, and the Evolutionary Biology of Early *Homo*. *Science* 342, 326–31, doi:10.1126/science.1238484.
- Pedersen LK et al. (2017) Moebius sequence – a multidisciplinary clinical approach. *Orphanet. J. Rare. Dis.* 12, 4, <https://doi.org/10.1186/s13023-016-0559-z>.
- Prabhat AM et al. (2021) Homoplasy in the evolution of modern human-like joint proportions in *Australopithecus afarensis*. *eLife* 10, e65897, <https://doi.org/10.7554/eLife.65897>.
- Roberts A (2018) Die Anfänge der Menschheit. Vom aufrechten Gang bis zu den frühen Hochkulturen. Dorling Kindersley Verlag.
- Roth G (2010) Wie einzigartig ist der Mensch? Die lange Evolution der Gehirne und des Geistes. Springer-Verlag.
- Scholl B (2018) Affe = Mensch? Ein Überblick über verhaltensbiologische Unterschiede zwischen Affen und Menschen. W+W Special Paper B-18-1, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/verhalten-affe-mensch/>.
- Scholl B (2022a) Paläontologie: Woher kommt der Mensch? *factum* 4, 42–43.
- Scholl B (2022b) Homininen-Schädel: „Stolpersteine“ des Grundtypmodells? Eine schöpfungstheoretische Deutung der Funde von Dmanisi. W+W Special Paper, <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/homininen-schaedel/>.
- Semaw S et al. (2020) Co-occurrence of Acheulian and Oldowan artifacts with *Homo erectus* cranial fossils from Gona, Afar, Ethiopia. *Sci. Adv.* 6, eaaw4694, doi: 10.1126/sciadv.aaw4694.
- Tappen M et al. (2022) Life and death at Dmanisi, Georgia: Taphonomic signals from the fossil mammals. *J. Hum. Evol.* 171, 103249, <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2022.103249>.
- Wells RJ (1942) A Diminutive Skull from Peru. *Am. J. Phys. Anthropol.* 29, 425–427.
- Wood B & Boyle EK (2016) Hominin Taxic Diversity: Fact or Fantasy? *Am. J. Phys. Anthropol.* 159, 37–78, doi: 10.1002/ajpa.22902.

Wood B (1996) Homo habilis und Homo rudolfensis. In: Aiello L & Bennike P (1996) 4 Millionen Jahre Mensch. Das einzigartige Schauspiel der Menschheitsgeschichte. United Exhibits Group.

Wood B (2014) Human evolution: Fifty years after *Homo habilis*. Nature 508, 31–33, <https://doi.org/10.1038/508031a>.

Zanolli C, Davies T, Joannes-Boyau R & Beaudet A (2022) Dental data challenge the ubiquitous presence of Homo in the Cradle of Humankind. PNAS 119, e2111212119, doi: 10.1073/pnas.2111212119.

Aktualisiert am 02.02.2023

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n303.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.02.22 Eine modern menschliche Wirbelsäule bei *Australopithecus sediba*?

Auf der Basis neu gefundener Lendenwirbel des Homininen *Australopithecus sediba* schließen Forscher um Lee Berger, dass dieser mutmaßliche Vorfahr des Menschen menschlich aufrecht gehen konnte. Eine detaillierte Analyse der zugrundeliegenden Befunde kann diese Einschätzung jedoch keineswegs bestätigen. Es zeigt sich, dass die ermittelten Daten an den fossilen Lendenwirbeln und die paläoanthropologischen Deutungen sowie die populäre Darstellung in den Medien nicht zusammenpassen. Dies liegt daran, dass die untere Wirbelsäule von *Australopithecus sediba* trotz krasser Krümmung insgesamt hinsichtlich Winkel der Wirbel, Gelenkflächen und Wirbelform nicht menschenähnlicher konfiguriert ist als bei *Australopithecus africanus*, sondern eindeutig australopithecusartig. Somit liegen keine belastbaren Hinweise auf eine Menschenähnlichkeit der unteren Wirbelsäule von *Australopithecus sediba* vor.

1. Einleitung

„Er lief wie ein Mensch und kletterte wie ein Affe“, [so] fasst Lee Berger, Paläontologe [...] in Südafrika, die Ergebnisse einer neuen Studie über *Australopithecus sediba* zusammen“ (Dönges 2021). Diese neue Studie von Williams et al. (2021) handelte über neu entdeckte Lendenwirbel L1 bis L4 von *Australopithecus sediba*.

Es sind insgesamt ca. 10 fossile Arten von *Australopithecus* bekannt, von denen manche robuster und manche graziler gebaut waren. Nach evolutionärer Deutung der Herkunft des Menschen wird *Australopithecus* zu den „Homininen“ gerechnet. Dieser Begriff fasst alle fossilen Formen zusammen, die man nach der vermuteten Abspaltung der Vorfahren des Schimpansen von den Vorfahren des Menschen vor 5 bis 7 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) einordnet. Verschiedene *Australopithecus*-Arten werden insbesondere aufgrund von potenziellen Skelettanpassungen an einen aufrechten Gang als direkte Vorfahren des Menschen diskutiert. Dazu gehört auch der 2 MrJ alte *Australopithecus sediba* aus Südafrika, der erst ab 2010 wissenschaftlich beschrieben und als Übergangsform zwischen älteren *Australopithecus*-Arten und der Gattung *Homo* (Mensch) vorgeschlagen wurde. Im Folgenden wird untersucht, ob das Eingangszitat von Lee Berger durch die vorgestellten Daten unterstützt wird.

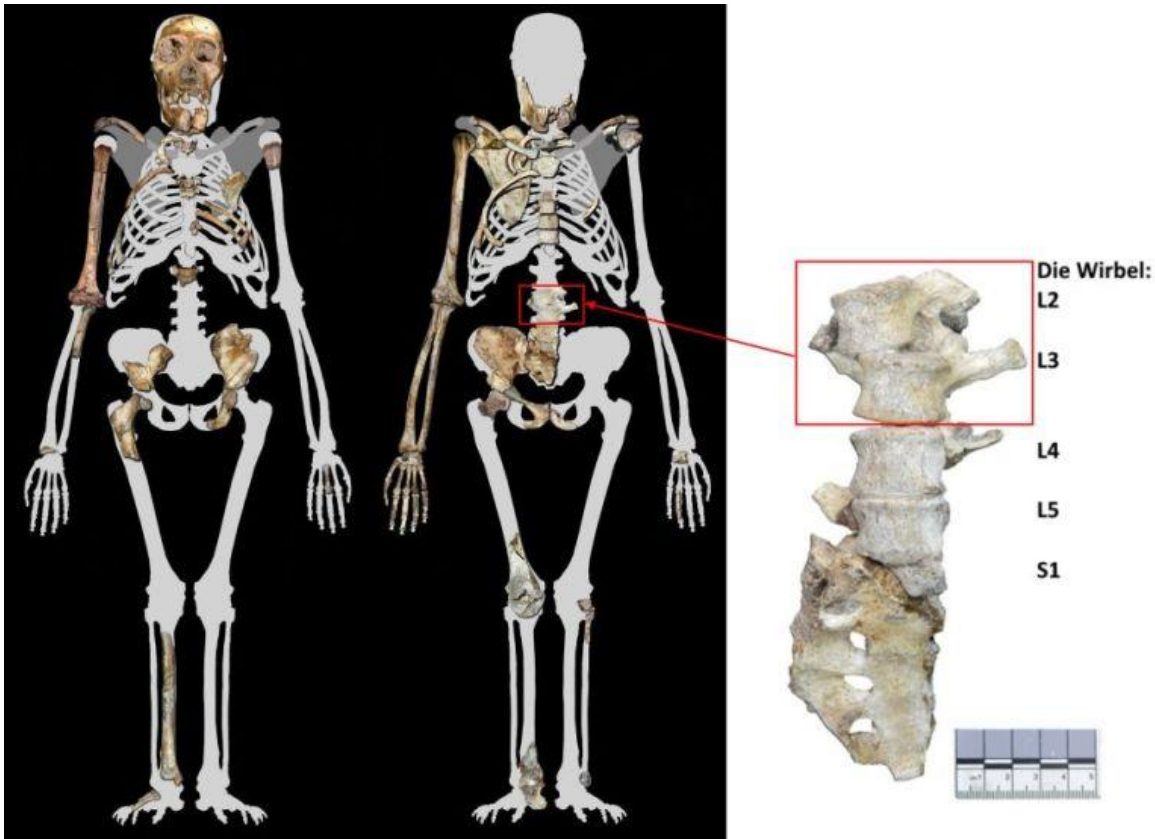


Abb. 1: Links: Die beiden Skelette MH1 und MH2 von *Australopithecus sediba*. Rechts: Die neu entdeckten Lendenwirbel von MH2 (im roten Kasten), wobei nur L2 bis L3 relativ vollständig sind. (eigene Darstellung nach: Wikimedia, Profberger, CC BY-SA 3.0, sowie Lendenwirbel nach: Williams et al. 2021, Figure 3, elife, CC BY 4.0)

2. Die Lendenwirbelsäule von *Australopithecus sediba*

Die Wirbelsäule beim Menschen ist typisch doppelt-S-förmig gekrümmt, um die Gewichtsbelastung und Kraftübertragung beim aufrechten Gang zu kompensieren, während sie bei heutigen Menschenaffen nur einfach S-förmig gekrümmt ist. Williams et al. (2021) wollen anhand der Winkel der fossilen Lendenwirbel zueinander auf die Art der Wirbelsäulenkrümmung schließen. Die Winkel der Wirbel **L2 bis L4*** haben beim modernen Menschen einen riesigen Variationsbereich, der alle fossilen Homininen sowie die allermeisten heutigen Menschenaffen (Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan) einschließt. Damit ermöglicht dieses Merkmal keine sicheren Aussagen über Abstammung oder Fortbewegung.

*Bzw. der entsprechenden Wirbel L1 bis L3 bei heutigen Menschenaffen, die oft einen Lendenwirbel weniger haben.

Williams et al. (2021) bezeichnen den Übergang vom positiven L3-Winkel zum negativen L4-Winkel bei *Australopithecus sediba* als „mensenähnliche“ Wirbelsäulenkrümmung und Anpassung an Zweibeinigkeit. **Diese Schlussfolgerung ist aber methodisch nicht möglich, weil ca. 18 Prozent von Schimpansen, Gorillas und Orang-Utans ebenfalls einen solchen Übergang von L3 zu L4 besitzen, der aber 60 Prozent der heutigen Menschen fehlt** (ebd. Tab. 2+3 sowie Fig. 5–source data 1).

Der Winkel des Wirbels L5 hat einen sehr großen Variationsbereich beim Menschen ($-12,3^\circ$ bis $2,2^\circ$), der beinahe komplett den Variationsbereich des vorzugsweise am Boden lebenden Gorillas ($-6,2^\circ$ bis $3,5^\circ$) abdeckt. Schimpansen und Orang-Utans haben aber zum Teil positivere Winkelwerte (bis 7 bzw. 8°). Die drei Winkelwerte von L5 beim Neandertaler ($4,9^\circ$ bis $-10,6^\circ$) bewegen sich in deutlich menschenähnliche Richtung, was auch für *Australopithecus africanus* gilt ($-6,9^\circ$ bis $-4,2^\circ$). Der sehr stark negative L5-Winkel von *A. sediba* ($-11,2^\circ$) ist im Bereich des unteren Endes des Variationsbereichs des modernen Menschen und nahe *Homo erectus* ($-11,8^\circ$) gelegen. Andererseits besitzen zwei untersuchte nichtpathologische moderne Menschen sogar positive und drei andere Menschen fast neutrale L5-Winkelwerte. Außerdem haben ca. 54 Prozent aller heutigen Menschenaffen einen negativen L5-Winkelwert und vier untersuchte Menschenaffen liegen sogar näher am Mittelwert des Menschen als *A. sediba*. **Aus einem negativen L5-Winkel kann somit nicht direkt auf einen aufrechten Gang geschlossen werden.**

Auch die Aufsummierung der Winkelwerte der betreffenden Wirbel ergibt kein klares Signal in Richtung menschenartigere Lendenwirbelsäule von *Australopithecus sediba* (Williams et al. 2021, Fig. 5 + source data 1, Tab. 2+3), weil sowohl heutige als auch fossile echte Menschen (*Homo erectus* und Neandertaler) jeweils einen riesigen Variationsbereich abdecken. Insgesamt liegen bei den Gesamtwinkeln ca. 74 Prozent aller Schimpansen, Orang-Utans und Gorillas im Variationsbereich des modernen Menschen, von denen ein untersuchtes Gorilla-Exemplar sogar einen noch negativeren Wert als *Australopithecus sediba* hat. Sieht man einmal vom Mangel an Vergleichsmaterial von anderen Affen ab (vgl. Almécija et al. 2021), **liegen selbst zwei Fossilien von *Australopithecus africanus* ($-3,8^\circ$ bzw. $1,0^\circ$) näher an dem Mittelwert heutiger Menschen ($-1,6^\circ$) als *A. sediba* ($-7,3^\circ$), weswegen letzterer nicht „menschenähnlicher“ sein kann.**

Williams et al. (2021) gehen davon aus, dass beim Menschen die Gelenkflächen zwischen den Wirbeln der Lendenwirbelsäule (bzw. des Kreuzbeins) nach unten hin „pyramidenförmig“ (L2 zu L3 im Verhältnis zu L5 zu S1) größer werden, um als Anpassungen an die Kräftewirkungen beim aufrechten Gang zu fungieren. Die Gelenkflächenverhältnisse von Menschen und heutigen Menschenaffen überlappen tatsächlich ganz knapp nicht. Dagegen fallen alle Homininen-Fossilien außer Lucy (*Australopithecus afarensis*, mit unklarer Lendenwirbelzuordnung) eindeutig in den Variationsbereich des Menschen. Williams et al. (2021) leiten aus den Messdaten „eine menschenähnliche Konfiguration des Neuralbogens“ bei *Australopithecus sediba* ab. Es muss aber beachtet werden, dass Sts 14 von *Australopithecus africanus* hinsichtlich der Gelenkflächenverhältnisse (1,54) sogar noch näher am Mittelwert moderner Menschen (1,68) als MH2 von *A. sediba* (1,43) liegt. ***A. sediba* befindet genau zwischen den beiden Werten von *A. africanus* und ist somit typisch australopithecusartig konfiguriert.**

Auf Grundlage der Rekonstruktion des Lendenwirbels L3 ergeben sich mittels morphometrischer Prokrustusanalyse (PC*) anhand von 48 Messpunkten folgende Ergebnisse: Obwohl einige Gemeinsamkeiten zu Menschenaffen und auch Homininen bestehen, überraschen zwei Analysen (PC4 und 7-Fig. Suppl.), da Ausrichtung und Verjüngung der Rippenfortsätze (Processus costales) sowie Ausrichtung der Gelenkflächen von *Australopithecus africanus* und „insbesondere“ *A. sediba* nicht zu denen bei modernen Menschen und Neandertalern passen. Zudem sind die beiden *Australopithecus*-Arten in Bezug auf diese Merkmale einzigartig. Insgesamt vier Mal wurde von Williams et al. (2021, Fig. 7 A-D) ein gemeinsamer multimetrischer Raum aus je zwei PC-Analysen erstellt: Demnach lag die Wirbelform des Neandertalers immer im Variationsbereich des modernen Menschen. Die L3-Wirbel von *Australopithecus sediba* und *africanus* lagen einmal im Variationsbereich des

Menschen, einmal knapp an dessen Rand und zweimal völlig isoliert. **Alle PC-Analysen ergaben eine sehr große Nähe von *Australopithecus sediba* und *africanus*.** Auch die Prokustusdistanzen (Fig. 7-Suppl. 1) zeigen klar, dass die Form des L3-Wirbels von *A. sediba* dem von *A. africanus* am stärksten ähnelt und weit vom Schimpansen, aber auch vom modernen Menschen und Neandertaler entfernt ist.

*PC ist die Abkürzung für Prokrustus-Analyse. Die Messpunkte der Fossilien werden aus verschiedenen Perspektiven in ihren Abständen gemessen und anschließend auf ihre Ähnlichkeit hin verglichen.

Außerdem ermittelten Williams et al. (2021, Fig. 7 Suppl. 3) noch den Einfluss der Größe auf die Form des L3-Wirbels. Während sich das Neandertalerfossil noch im Variationsbereich des Menschen befindet und dies ebenfalls für einen Teil der drei Gattungen heutiger Großaffen gilt, **sind die L3-Wirbel von *Australopithecus sediba* und *africanus* im Verhältnis von Größe und Form weit vom Menschen entfernt und typisch schimpansenartig konfiguriert.**

3. Diskussion

Williams et al. (2021) versuchen bei *Australopithecus sediba* eine starke Krümmung der fragmentarisch vorliegenden Lendenwirbelsäule (Lendenlordose) anhand der gemessenen Winkel abzuleiten. Deutlich negative Winkelwerte gibt es aber auch bei *A. africanus*, der Mehrheit heutiger Menschenaffen und bei einigen heutigen Menschen. Das verbietet wiederum Schlussfolgerungen über den aufrechten Gang. Über alle Merkmale der Lendenwirbelflächenverhältnisse und PC-Analysen hinweg sind die Konstellationen bei *Australopithecus sediba* nicht menschlicher als beim ca. 1 MrJ älteren *A. africanus*. Die untere Wirbelsäule von *A. sediba* ist damit insgesamt entgegen der Schlussfolgerung von Williams et al. (2021) eindeutig australopithecusartig und kann auch nicht als Weiterentwicklung der Zweibeinigkeit in Richtung Mensch interpretiert werden.

All das bedeutet, dass Lee Bergers spekulative Aussage, dass *Australopithecus sediba* „wie ein Mensch lief und wie ein Affe kletterte“, überhaupt nicht von der Datenlage gedeckt ist. Wenn er recht hätte, wäre es möglich, dass *A. sediba* menschlich (also ausdauernd und energiesparend) aufrecht gehen konnte und trotzdem extrem an das Klettern angepasste Oberkörper und Arme besaß. Dies ist in sich nicht gut begründet. Erstens gibt es auch im unteren Körperskelett genügend Merkmale, die gegen eine menschliche Fortbewegung sprechen, so dass „*Australopithecus sediba* wahrscheinlich von allen Australopithecinen am stärksten an ein Leben in Bäumen angepasst war“ (DeSilva et al. 2012 bei Brandt 2017a, S. 30). Und zweitens ist dies aufgrund des ans Klettern angepassten oberen Körperskeletts kaum sinnvoll vorstellbar. Brandt (2017a) zufolge ist der obere Brustkorb von *Australopithecus sediba* großaffenähnlich eng konfiguriert und das Schulterblatt großaffenähnlich hoch gelegen. *A. sediba* konnte „deshalb beim Gehen und schnellen Laufen die Arme nicht so effektiv schwingen wie der Mensch“, und der enge obere Brustkorb und der Schultergürtel haben zudem wohl die beim schnellen oder ausdauernden Gehen erforderliche Hebung des oberen Rippenbogens beim tiefen Einatmen eingeschränkt (ebd.).

Auch neuere Studien über *A. sediba* zeigen „vorwiegend primitive“ Morphologie beim oberen Körperskelett, die auf „beträchtliche Kletter- und Hangelfähigkeit hindeuten“ (Churchill et al. 2018). Ebenso betonen Holliday et al. (2018) nicht nur die geringe Körpergröße und das niedrige Körpergewicht von *A. sediba*, sondern auch Kletteranpassungen an Fuß und Armen und den Mangel an typisch menschlicher „Zweibeinigkeit über weite Strecken“ aufgrund kürzerer Beinknochen. Auch die Orang-Utan-ähnliche Trabekel-Knochenstruktur der Mittelhandknochen spiegelt nach Dunmore et al. (2020) ihre starke Rolle in einer

zugreifenden Fortbewegung wider (auch trotz menschen- bzw. gorillaähnlicher Trabekelstruktur des Mittelhandknochens des Daumens). Prahabat et al. (2021) beschreiben ebenfalls die affenartige Gliedmaßenproportionen bei *Australopithecus sediba* sowie bei anderen Australomorphen (einschließlich „*Homo*“ *habilis*) im Gegensatz zu *Homo erectus* und auch zu dem fast doppelt so alten *A. afarensis*. **Deshalb bezeichnen sie bei *A. afarensis* die zweibeinigen Anpassungen sogar als „plausiblere“ „unabhängige Entwicklung“ (also Konvergenz).** Diese Sichtweise findet grundsätzlich bei Almécija et al. (2021) Unterstützung und stellt daher eine Ableitung einer gemeinsamen Evolutionsgeschichte mit den Menschen aufgrund „mensenähnlicher“ Merkmale bei Australomorphen generell in Frage. Auch die Zahnsteinanalysen von *A. sediba* weisen nach Henry et al. (2012) auf eine schimpansenartige Ernährung und Lebensweise bei *A. sediba* und *Ardipithecus ramidus* hin. Dafür sprechen auch das schimpansenähnlich kleine Gehirn (ca. 420 cm³) und die großaffenartige Hirnfurchenmusterung des Stirnlappens (vgl. Tobias 1987, Berger et al. 2010, Brandt 2021).

Zudem erwies sich *Homo erectus* mit 1,95 bis 2,04 MrJ entgegen der ursprünglichen Erwartung als etwas älter als *Australopithecus sediba* mit 1,98 MrJ (Herries et al. 2020; Pickering et al. 2011). Somit ist nach Prahabat et al. (2021) noch kein bisschen klar, wann und wie überhaupt ein Übergang „vom Baumleben zur dauerhaften Zweibeinigkeit“ stattgefunden haben könnte. Außerdem war *H. erectus* auch als ältester Hominine eindeutig an einen gewohnheitsmäßigen menschlichen Gang angepasst (vgl. Ruff 2009; Brandt 2017a). Der menschliche Gang von *Homo erectus* erscheint also plötzlich im Fossilbericht – und nicht schon bei *Australopithecus sediba*, wie Lee Berger behauptet hatte. Dies kann man auch als Hinweis auf eine getrennte Erschaffung deuten. Denn nach dem Grundtypmodell erschuf Gott den Grundtypen der echten Menschen (mit einem Formenspektrum im Bereich von *Homo erectus*, Neandertaler und dem modernen Menschen) mit menschlich-aufrechtem Gang einerseits, und ein oder mehrere Grundtypen australomorpher Großaffen einschließlich *Australopithecus sediba* mit jeweils ganz eigenem Fortbewegungsrepertoire andererseits.

4. Literatur

Almécija S et al. (2021) Fossil apes and human evolution. *Science* 372, eabb4363, doi: 10.1126/science.abb4363.

Berger LR et al. (2010) *Australopithecus sediba*: A New Species of *Homo*-Like Australopithec from South Africa. *Science* 328, 195–204, doi:10.1126/science.1184944.

Brandt M (2015) Flores-Mensch: Moderner *Homo sapiens* mit Down-Syndrom? *Stud. Int. J.* 22, S. 30–34.

Brandt M (2017a) Wie sicher sind Deutungen in der Paläanthropologie? *Australopithecus sediba* und sein merkwürdiges Merkmalsmosaik. In: Brandt M (Hg) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. *Studium Integrale Special*, S. 9–49.

Brandt M (2017b) *Homo naledi* – neuer Hominine mit vielen Fragezeichen. In: Brandt M (Hg) Frühe Homininen. Eine Bestandsaufnahme anhand fossiler und archäologischer Zeugnisse. *Studium Integrale Special*, S. 51–79.

Brandt M (2021) Gab es Vormenschen? Irrungen und Wirrungen in der Paläoneurologie. *W+W Special Paper B-21-4*.

- Churchill SE et al. (2018) The shoulder, arm, and forearm of *Australopithecus sediba*. *PaleoAnthropology* 2018:234–281, doi:10.4207/PA.2018.ART114.
- Daegling DJ et al. (2016) Comparative biomechanics of *Australopithecus sediba* mandibles. *J. Hum. Evo.* 100, 73–86, <https://doi.org/10.1016/j.jhevol.2016.08.006>.
- Dönges J (2021) Früher Menschenverwandter: Fossile Wirbel von *Australopithecus sediba* gefunden. *spektrum.de*. Veröffentlicht am 24.11.2021, <https://www.spektrum.de/news/fossile-wirbel-von-australopithecus-sediba-gefunden/1952386>.
- Dunmore CJ et al. (2020) The position of *Australopithecus sediba* within fossil hominin hand use diversity. *Nature Ecology & Evolution* 4, 911–918, doi: <https://doi.org/10.1038/s41559-020-1207-5>.
- Hartwig-Scherer S (2005) Die Zwergenmenschen – Genetische Isolation führt zur Bildung von „Hobbits“ auf indonesischer Insel. *Stud. Int. J.* 12, S. 3–10.
- Henry AG et al. (2012) The diet of *Australopithecus sediba*. *Nature* 487:90–93, <https://doi.org/10.1038/nature11185>.
- Herries AIR et al. (2020) Drimolen crania indicate contemporaneity of *Australopithecus*, *Paranthropus* and early *Homo erectus* in South Africa. *Science* 368, eaaw7293, doi: 10.1126/science.aaw7293.
- Holliday TW et al. (2018) Body size and proportions of *Australopithecus sediba*. *PaleoAnthropology* 2018:406–422, doi:10.4207/PA.2018.ART118.
- Pickering RJ et al. (2011) *Australopithecus sediba* at 1.977 Ma and Implications for the Origins of the Genus *Homo*. *Science* 333, 1421–1423, doi:10.1126/science.1203697.
- Prabhat AM et al. (2021) Homoplasy in the evolution of modern human-like joint proportions in *Australopithecus afarensis*. *eLife* 10:e65897, <https://doi.org/10.7554/eLife.65897>.
- Ruff C (2009) Relative Limb Strength and Locomotion in *Homo habilis*. *Am. J. Phys. Anthropol.* 138:90–100, doi: 10.1002/ajpa.20907.
- Tobias VP (1987) The brain of *Homo habilis*: A new level of organization in cerebral evolution. *J. Hum. Evol.* 16, 7–8, 741–761, <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/0047248487900224>.
- Williams SA et al. (2021) New fossils of *Australopithecus sediba* reveal a nearly complete lower back. *Elife*. 10, e70447, doi: 10.7554/eLife.70447.

Autor dieser News: Benjamin Scholl

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n298.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.09.20 Mann und Frau – auch im Gehirn unterschiedlich

Das menschliche Gehirn wird in verschiedenster Hinsicht intensiv diskutiert. Dabei geht es nicht nur um den Zusammenhang zwischen Geist und Gehirn, sondern z. B. auch um geschlechtsspezifische Ausprägungen des Gehirns. Letztere wurden in der Forschung bereits vielfach belegt und gelten entgegen mancher populären Diskussion als geklärt. Hier wird eine aktuelle Studie vorgestellt, die geschlechtsspezifische Merkmale im menschlichen Gehirn auch auf molekularer Ebene aufzeigt.

Das menschliche Gehirn wird intensiv untersucht mit dem Ziel, dieses einzigartige Organ in seinem Aufbau, seiner Struktur, seiner Funktion und bezüglich seiner Bedeutung für den Menschen besser zu verstehen. Konkrete Projekte sind z. B. das 2010 gestartete „Human Connectome Projekt“, in dem die Verknüpfungen aller Neuronen beim Menschen untersucht und dokumentiert werden. Das „Human Brain Project“ ist eine entsprechende europäische Initiative, die seit 2013 eine Plattform zur Bündelung der Erforschung des menschlichen Gehirns bietet. Mit all diesen Anstrengungen sind ähnlich wie bei der Erforschung des menschlichen Erbguts große Erwartungen verknüpft, dass mit zunehmendem Verständnis des menschlichen Gehirns etwas Wesentliches vom Menschen zugänglich würde.^[1] Ein geschlechtsspezifischer Unterschied in Aufbau und Funktion des humanen Gehirns (Sexualdimorphismus) wurde in der Geschichte seiner Erforschung nie in Frage gestellt. Das Ausmaß der Unterschiede, ihre Ursache und ihre Bedeutung werden nach wie vor kontrovers diskutiert (Sacher et al. 2013, de Lacy et al. 2019, Pallayova et al. 2019).^[2] Im Rahmen der erwähnten Projekte werden auch Gehirne von Tieren als Modell für das humane Gehirn untersucht, da diese experimentellen Methoden leichter zugänglich sind. Herausforderungen bestehen dann darin, die Übertragbarkeit der Erkenntnisse aus Tiermodellen auf das menschliche Gehirn zu prüfen. Am Gehirn von Mäusen sind geschlechtsspezifische Unterschiede gut untersucht und etabliert; dazu gehören (1) die Volumenverteilung der grauen Substanz in bestimmten Bereichen der Großhirnrinde (Kortex) und in subkortikalen Gehirnregionen; (2) die unterschiedlichen Volumina an grauer Substanz vor allem in Bereichen für soziales Verhalten und für die Fortpflanzung und (3) der Zusammenhang zwischen der räumlichen Verteilung der genannten Bereiche grauer Substanz und der Expression geschlechtschromosomaler Gene – also deren Konzentration – im Gehirn erwachsener Tiere.

Liu et al. (2020) haben nun eine Arbeit vorgelegt, in der sie die Übertragbarkeit dieser Befunde aus dem Tiermodell auf den Menschen geprüft haben. Dazu haben sie zunächst zwei unabhängige und umfangreiche Datensätze von Schichtaufnahmen (Scans) genutzt, die durch bildgebende Verfahren von menschlichen Gehirnen gewonnen worden waren. Ein Datensatz stammt aus dem Human Connectome Projekt (HCP), der andere aus der englischen UK Biobank (UKB); insgesamt wurden mehr als 2000 Scans in diese Untersuchung einbezogen. Die geschlechtsspezifische räumliche Verteilung der Volumina der grauen Masse erwies sich in diesen Datensätzen als in hohem Maße reproduzierbar.

Weiter untersuchten Liu et al. die bisher beschriebenen im Gehirn ausgeprägten Gene (Transkriptom) und verglichen diese Daten mit der geschlechtsspezifischen Verteilung der grauen Substanz. Das Allen Institute for Brain Science liefert einen öffentlich zugänglichen Atlas mit ca. 16.000 Genen, die im menschlichen Gehirn in RNA umgeschrieben (transkribiert) werden. Dies ermöglicht zu prüfen, ob Gene der X-Chromosomen bzw. des Y-Chromosoms bevorzugt in den geschlechtsspezifischen Bereichen des Gehirns transkribiert werden, wie das im Mausmodell nachgewiesen worden ist. Darüber hinaus können die im menschlichen Gehirn exprimierten Gene danach eingeteilt werden, inwieweit ihre Expression

mit den geschlechtsspezifischen anatomischen Unterschieden in den Gehirnstrukturen gekoppelt ist.

Für die geschlechtsspezifischen strukturellen, anatomischen Unterschiede im menschlichen Gehirn führen die Autoren auch Erkenntnisse aus seltenen medizinischen Störungen an, die zeigen, dass Sexualhormone und die Menge an X- bzw. Y-chromosomalen Genen die Volumina der Gehirnbereiche beeinflussen, die in einer Population geschlechtsabhängige Anatomie aufweisen. Bei der Geburt werden ebenfalls geschlechtsspezifische Unterschiede in der menschlichen Gehirnanatomie beschrieben, zu diesem Zeitpunkt werden diese Differenzen vor allem durch die Gene und die Bedingungen in der Gebärmutter beeinflusst. Die Autoren resümieren zu diesem Aspekt Untersuchungen, wonach es kaum möglich ist, die geschlechtsspezifischen Unterschiede in der menschlichen Gehirnstruktur allein auf die Umgebungsbedingungen zurückzuführen.

Weiter bestätigt die Studie von Liu et al. (2020) eine enge Verknüpfung der geschlechtsspezifischen anatomischen Unterschiede und der Expression von Genen der X-Chromosomen bzw. des Y-Chromosoms. Dies war zuvor nur in Mäusen, einem Modellsystem für den Menschen, beschrieben worden. Die Autoren sehen in diesem Befund auch einen Hinweis darauf, dass Steroide aus den Geschlechtsdrüsen nicht die einzigen Einflussgrößen bei der Musterbildung und geschlechtsspezifischen Verteilung der grauen Masse im menschlichen Gehirn sind.

Fazit. Auch wenn nach wie vor viele Fragen zum Unterschied im Gehirn von Mann und Frau offen bleiben und der experimentellen Untersuchung menschlicher Gehirne enge Grenzen gesetzt sind, so haben Liu et al. mit ihrer aktuellen Arbeit doch eindrucksvoll bestätigt, dass es eine Fülle von Befunden gibt, die für eine geschlechtsspezifische Unterscheidung des männlichen und weiblichen Gehirns sprechen. Wenn dann in der Titelformulierung einer populären Zusammenfassung – Überraschung anzeigend – formuliert wird: „Gehirn von Mann und Frau ist doch unterschiedlich“ (Podbregar 2020), dann zeugt das entweder von Ignoranz oder massiver weltanschaulicher Voreingenommenheit. Denn das ist, wie oben erwähnt, bereits lange bekannt und wird durch die hier vorgestellte Untersuchung nur einem konkreten Zusammenhang vertieft.

Dass bei der Übertragung von tierischen Modellen auf den Menschen Vorsicht geboten ist, zeigen Schaeffer et al. (2020) in einer aktuellen Untersuchung. Demnach weisen die Gehirne von Nagetieren und Primaten zwar eine vergleichbare Architektur auf, aber bei Mäusen, Krallenäffchen und Mensch sind funktionale Bereiche im Frontallappen unterschiedlich verschaltet. Das unterstreicht die Notwendigkeit, an Tiermodellen gewonnene Erkenntnisse vor der Übertragung auf den Menschen gründlich zu prüfen, wie das im Falle von Liu et al. (2020) vorbildlich gemacht worden ist.

Literatur

de Lacy N, McCauley E, Kutz JN & Calhoun VD (2019) Multilevel mapping of sexual dimorphism in intrinsic functional brain networks. *Front. Neurosci.* 13:332. doi: 10.3389/fnins.2019.00332

Liu S, Seidlitz J, Blumenthal JD, Clasen LS & Raznahan A (2020) Integral structural, functional, and transcriptomic analyses of sex-biased brain organization in humans. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.1919091117 ^[1] _{SEP}

Pallayova M, Brandeburova A & Tokarova D (2019) Update on sexual dimorphism in brain structure-function interrelationships: a literature review. *Appl. Psychophysiology & Biofeedback* 44, 271-284. ^[1]_[SEP]

Podbregar N (2020) Gehirn von Mann und Frau ist doch verschieden.
<https://www.scinexx.de/news/biowissen/gehirn-von-mann-und-frau-sind-doch-verschieden/>

Sacher J, Neumann, Okon-Singer H, Gotowiec S & Villringer A (2013) Sexual dimorphism in the human brain: evidence from neuroimaging. *Magnetic Resonance Imaging* 31, 366-375.

Schaeffer DJ, Hori Y, Gilbertt KM, Gati JS, Menon RS & Everling S (2020) Divergence of rodent and primate medial frontal cortex functional connectivity. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*; www.pnas.org/cgi/doi/10.1073/pnas.2003181117

Autor dieser News: Harald Binder

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n281.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.06.20 Das HAR1F-Gen stellt Evolution in Frage

Unerwartete Befunde bieten eine gute Möglichkeit, etablierte Hypothesen zu testen und ggf. nach alternativen Erklärungen zu suchen. Ein Beispiel aus der vergleichenden Genetik sind sogenannte HAR-Gene („Human Accelerated Regions“). 2700 solche Gene sind beim Menschen bekannt. Eines von ihnen, das HAR1F-Gen, unterscheidet sich in 18 Nukleotiden vom Gen der Schimpansen und der anderen Menschenaffen. Eine Untersuchung anhand bekannter Mutationsraten und der Populationsgenetik macht es unplausibel, dass das Gen ein Produkt ungerichteter Evolution ist.

HAR steht für „Human Accelerated Region“. Im menschlichen Genom sind 2700 solcher HAR-Gene bekannt. Die Bezeichnung spiegelt wider, dass sich diese Gene beim Menschen stark von denjenigen anderer Primaten unterscheiden. Daher sollten sie nach der Evolutionstheorie sehr schnell mutiert und selektiert worden, also durch sehr schnelle Evolution entstanden sein (daher „accelerated“). HARs unterscheiden sich in der Tat deutlich von den homologen Genen bei Primaten.

Das HAR1F-Gen codiert nicht für ein Protein, sondern für ein sog. long-non-coding RNA-Molekül mit einer Regulationsfunktion. Die entsprechende RNA reguliert ein genetisches Programm während der embryonalen Entwicklung des Gehirns. Es wird in sogenannten Cajan-Retzius-Zellen, die für die Produktion der dicken Großhirnrinde verantwortlich sind, produziert.

Wie die anderen HAR-Gene ist auch das HAR1F-Gen durch einen sogenannten genetischen Fingerabdruck gekennzeichnet, der nur beim Menschen vorkommt. Das HAR1F-Gen besteht aus 118 Nukleotiden (DNA-Bausteinen), von denen 18 für den Menschen einzigartig sind. Die Sequenz des HAR1F-Gens ist bei Schimpanse, Gorilla und Orang-Utan identisch. Nur beim Menschen werden die 18 einzigartigen Nukleotide gefunden. Diese 18 Unterschiede sind über das gesamte Gen verteilt und können nicht auf ein einziges Mutationsereignis zurückgeführt werden. Basierend auf der Sequenz des HAR1F-Gens können wir aufgrund der großen Unterschiede mit Sicherheit Menschen von Schimpansen, Gorillas und anderen Affen unterscheiden. Wenn wir ein solches Gen in einem fossilen Knochen (z. B. eines Neandertalers) finden, dann können wir sicher sein, dass wir es mit einem Menschen zu tun haben. **Das HAR1F-Gen ist also ein Indikatorgen, d.h. ein Gen, das anzeigt, dass wir es mit einem Menschen zu tun haben.** Die einzigartige DNA-Sequenz des menschlichen HAR1F-Gens führt zur Faltung des entsprechenden RNA-Moleküls, so dass eine neue, winzig kleine Schleife entsteht, die die Funktion des HAR1F-Moleküls bestimmt. Diese Schleife ist eine Art Schalter für das Entwicklungsprogramm der Großhirnrinde beim Fötus.

Nach dem Neodarwinismus ist das HAR1F-Gen Schritt für Schritt, d.h. Buchstabe um Buchstabe, durch zufällige, selektierbare Mutationen entstanden. Duret et al. (2008) haben berechnet, dass für das Auftreten einer einzigen Mutation an einer bestimmten Position in einem Gen zur Bildung einer neuen funktionellen Stelle Millionen von Jahren erforderlich wären. Trifft das auch für das HAR1F-Gen zu? Wir brauchen also 18 Mutationen, um eine affenähnliche HAR1F-Sequenz in ein menschliches HAR1F-Gen zu verändern.

Dazu bedarf es einer Anhäufung von Mutationen an ganz bestimmten Stellen im Genom des hypothetischen Vorfahren. Da der mutmaßliche Vorfahr des Menschen und der Schimpansen vor 6-7 Millionen Jahren gelebt haben soll, haben wir maximal 7 Millionen Jahre Zeit, um das menschliche HAR1F-Gen zu erhalten. Neodarwinisten gehen davon aus, dass die effektive

Population von Homininen (Menschen und seine unmittelbaren mutmaßlichen Affen-Vorfahren) während dieser 7 Millionen Jahre etwa 10.000 betrug (Wall 2003). Und die Mutationsrate ist experimentell ermittelt worden. Sie beträgt 100 Punkt-Mutationen pro Generation pro Genom (das sind beim Menschen etwa 3 Milliarden DNA-Buchstaben). Mit anderen Worten: Jeder Nachkomme erhält 100 Mutationen von seinen Eltern. Auch Affenjunge und ihre Vorfahren.

Mit diesen Daten können wir auf ziemlich einfache Weise berechnen, ob das menschliche HAR1F-Gen auf darwinistische Weise – durch Mutation, Selektion und Gendrift – entstehen konnte oder nicht. Wie groß ist die Chance, dass wir eine Mutation an der richtigen Stelle im HAR1F-Gen bekommen?

Pro Individuum besteht die Chance von 1 zu 30 Millionen, dass eine der oben erwähnten 100 Mutationen pro Generation an die richtige Stelle fällt ($100/3$ Milliarden = $1/30$ Millionen). Die Chance, dass dies einmal bei einer Population von 10.000 Menschen (oder ihren mutmaßlichen Vorfahren) geschieht, liegt demnach bei $1/3000$. Mit anderen Worten, alle 3000 Generationen wird es durchschnittlich einmal passieren. Wenn wir durchschnittlich 10 Jahre für eine Generation rechnen, dann dauert es 30.000 Jahre, um einmal einen Treffer zu haben. Aber ist es der richtige Treffer? Es muss auch der richtige DNA-Buchstabe sein (die DNA hat vier verschiedene Nukleotide).¹ In zwei von drei Fällen ist es der falsche Buchstabe. Bevor wir also den ersten richtigen Treffer landen, sind 30.000–90.000 Jahre vergangen!

Erst jetzt beginnt es wirklich spannend zu werden. Denn wir haben zwar den ersten Treffer gelandet, aber was wird mit dieser Mutation geschehen? Wenn es sich um eine neutrale Mutation handelt, wird sie normalerweise aufgrund der zufälligen genetischen Drift verloren gehen. Nach Ansicht der Populationsgenetiker hat jede neutrale Mutation nur die minimale Chance von $1/2N$ (mit N = Populationsgröße), dass diese Mutation *nicht* wieder verloren geht! Nachdem eine Mutation endlich an der richtigen Stelle aufgetreten ist, ist die Chance, dass sie tatsächlich in der Population erhalten bleibt, also minimal ($1/20.000$ bei einer Populationsgröße von 10.000 Individuen). Hier braucht man daher die natürliche Auslese. Wir müssen also davon ausgehen, dass die Punktmutation (Austausch eines Nukleotids) im HAR1F-Gen des Vorfahren (das bei den oben erwähnten Affen monomorph ist, also bei allen Individuen identisch und nicht mutiert) einen selektiven Wert hat. Das ist durchaus möglich. Geben wir dieser Mutation einen Selektionsvorteil von 0,5% gegenüber dem Gen des Vorfahren, ist das „leicht vorteilhaft“, aber dennoch sehr großzügig für eine Punktmutation in einem stabilen Gen (eher erwartet man einen Nachteil). Die Mutation hat nach populationsgenetischen Berechnungen nun eine Chance von 1%, sich in der Bevölkerung zu etablieren. Ein Treffer muss also durchschnittlich 100 Mal erfolgen, um sich dauerhaft einmal in der Population anzusiedeln. Der erste richtige Treffer tritt erst nach 30.000–90.000 Jahren ein, aber in der Population muss dies durchschnittlich 100 Mal geschehen! $30.000-90.000 \times 100$ ergibt 3–9 Millionen! **Es dauert daher 3–9 Millionen Jahre, um eine Mutation mit 0,5% Selektionsvorteil durch Selektion dauerhaft im HAR1F-Gen zu erhalten!** Es werden aber noch weitere 17 Mutationen im HAR1F-Gen benötigt.

Ein Kommentar in der Wissenschaftszeitschrift *Nature* bestätigt, dass das HAR1F-Gen durch Mutation/Selektion schwer zu erklären ist: „Es wird angenommen, dass die Rekombination und der damit verbundene Prozess, die verzerrte Genkonversion („biased gene conversion“), die Aufnahme von G- und C-Nukleotiden gegenüber den beiden anderen möglichen Nukleotiden, A und T, begünstigt [...]. Da alle bei HAR1F beobachteten Nukleotidsubstitutionen von diesem Typ sind, könnten hohe (und verzerrte) Mutationsraten einen Teil der raschen Evolution von HAR1F erklären. Dennoch kann dieser Prozess nicht die

anderen Beobachtungen der Autoren erklären, wie z. B. die Substitutionspaare, die zusammen die Struktur der HAR1F-RNA weiter stabilisieren“ (Ponting & Lunter 2006).

Zufällige Mutationen, Selektion und Gendrift können das menschliche HAR1F-Gen nicht erklären. Und es gibt 2700 weitere HAR im menschlichen Genom, wo es ähnlich große Unterschiede zum Schimpansengenom gibt wie beim HAR1F-Gen! Was hat das also mit unserer eigenen Existenz zu tun? Die Antwort ist, dass es eine wichtige Einschränkung dessen darstellt, was wir aus den Ähnlichkeiten von Menschen und Menschenaffen ableiten können: Ähnlichkeiten sind als Belege für gemeinsame Abstammung fragwürdig, wenn zugleich markante Unterschiede vorliegen (vgl. Terborg 2019). Insbesondere zeigt dieses Beispiel, dass wir aus der Sequenz in Primaten nicht ableiten können, dass die darwinistische Evolution die Sequenz in Menschen hervorgebracht hat, nur weil sie ähnlich sind. Eine schrittweise Evolution ist sicherlich nicht die richtige Erklärung unserer Existenz!

Quellen

Duret R & Schmidt D (2008) Waiting for two mutations: with applications to regulatory sequence evolution and the limits of Darwinian evolution. *Genetics* 180, 1501-1509.

Ponting CP & Lunter G (2006) Evolutionary biology: human brain gene wins genome race. *Nature* 443, 149–150.

Terborg P (2019) Das Erbgut von Mensch und Schimpanse. Wie groß ist die genetische Verwandtschaft wirklich? *Stud. Integr. J.* 26, 4-10.

Wall JD (2003) Estimating ancestral population sizes and divergence times. *Genetics* 163, 395–404.

Anmerkung

¹ Man könnte argumentieren, dass es nicht genau die heutige Sequenz sein muss. Dennoch müsste man eine ähnliche Schleife erklären, die ebenfalls durch paarweise positionierte Nukleotide stabilisiert werden muss.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n280.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.06.17 Spannendes Buch über die grundlegende Krise von Evolutionstheorien

In seinem im Jahr 2016 erschienenen Buch „*Evolution: Still a theory in crisis*“ formuliert der Biochemiker Michael Denton grundlegende Kritik an (neo-)darwinistischen Evolutionstheorien und untermauert sie mit einer großen Anzahl von verschiedensten Beispielen. Seine Kritik spielt dem Schöpfungsgedanken in die Hände.

30 Jahre nach der Veröffentlichung seines vielbeachteten Werks „*Evolution: A theory in crisis*“ veröffentlichte der britisch-australische Biochemiker Michael Denton ein Nachfolgewerk: „*Evolution: Still a theory in crisis*“ (Seattle: Discovery Institute Press). Schon der Titel macht deutlich, dass er seine im Jahr 1985 formulierte Kritik an Evolution auch nach vielen neuen Erkenntnissen und vielen neuen Fossilfunden bestätigt sieht. Die Hauptthese lautete damals: *Die Natur ist im Wesentlichen diskontinuierlich; es gibt systematische Sprünge*. Höhere **Taxa*** und Taxa-definierende **homologe*** Merkmale sind deutlich abgrenzbar.

*Begriffe:

- Taxa (= systematische Einheiten)
- homolog (= bauplangleich)

Wenn Denton Recht hat, ist das ein fundamentales Problem für (neo-)darwinistische Vorstellungen von einer graduellen Evolution, die durch das Wechselspiel von zukunftsblinden Mutationen und gegenwartsbezogener natürlicher Auslese vorangetrieben wird – auch wenn Denton das Evolutionsparadigma als Rahmen akzeptiert.

Strukturalismus und Funktionalismus. Die Problematik für Evolution wird nach Denton durch die Gegenüberstellung von Strukturalismus und Funktionalismus deutlich. Nach dem **Strukturalismus** sind wesentliche Teile des Bauplans von Lebewesen (Homologien, höhere Taxa definierende Merkmale) durch grundlegende interne Zwänge oder durch physikalische Faktoren bestimmt. Die Strukturen sind primär und ermöglichen Funktionen.

Dagegen sind nach dem **Funktionalismus** die Funktionen der Organe primär. Diese Sicht ist für die (neo-)darwinistische Theorie grundlegend: Die Organe seien während der Evolution aufgrund funktioneller Notwendigkeiten durch kumulative Selektion und Anpassung entstanden – in vielen kleinen Schritten, wie Darwin betonte. Nicht physikalische Gesetzmäßigkeiten und innere Zwänge sind entscheidend, sondern von Beginn an und jederzeit Anpassung an die Umwelt und die Funktion des jeweiligen Organs. Der Gegensatz beider Anschauungen kann in einer Frage so gefasst werden: *Bestimmt die Struktur die Funktion oder bestimmt die Funktion die Struktur?*

Dentons Buch ist ein Plädoyer für den Strukturalismus und somit eine Kritik des Darwinismus und der darauf aufbauenden neueren Synthesen. Das zeigt er anhand einer großen Anzahl verschiedenster Beispiele und Phänomene und auch durch Zitate zeitgenössischer Wissenschaftler. Denton legt dar, dass die wesentlichen Bauplan-Merkmale weder durch heutige funktionelle Erfordernisse verstanden werden können noch durch die Annahme, dass ursprünglich (bei ihrer Entstehung) ihre Funktion entscheidend war. Anpassungsvorgänge und Selektion spielen nur eine untergeordnete Rolle bei der mikroevolutiven Feinabstimmung von Organen auf unterschiedliche Umweltbedingungen

Das *Auftreten* von Neuheiten sei also nicht primär durch funktionelle Notwendigkeit begründet, wie von (neo-)darwinistischen Ansätzen angenommen, sondern durch interne und naturgesetzliche Zwänge bedingt; nur deren *spezielle Anpassungen* könnten darwinistisch erklärt werden.

Interessant sind Dentons Ausführungen zur **Wissenschaftsgeschichte**. Er zeigt, dass Charles Darwin und seine Nachfolger *in der Sache* zu Unrecht als Sieger im Theorienwettbewerb zur Entstehung der Baupläne erklärt wurden. Die nach Darwin übliche Darstellung, die Biologen vor Darwin hätten ihre Überzeugungen auf ihren metaphysischen Glauben gegründet, stelle die Realität auf den Kopf und sei ein Mythos, den die Neodarwinisten geschaffen hätten. Denn in Wirklichkeit hätten die Biologen vor Darwin ihre Sicht von Typen des Lebens als unveränderliche Bestandteile der Weltordnung gerade nicht aus metaphysischen Vorgaben abgeleitet, sondern aus empirischen Befunden.

Kritik. Dentons Grundthese lautet: Das Leben und seine Bauelemente sind integrale Bestandteile der Natur bzw. der kosmischen Ordnung und entstehen wie die Atome oder Kristalle letztlich aufgrund der Eigenschaften der Materie mit Notwendigkeit. Diese Grundthese versucht er mit einer Analogie aus dem anorganischen Bereich zu untermauern: den Formen, die Wasser bilden kann. Doch eine solche Argumentation ist höchst fragwürdig. Denn den anorganischen Beispielen fehlt eine entscheidende Eigenschaft, die die Strukturen von Lebewesen aufweisen: *funktionale Komplexität*. Lebewesen machen sich aktiv die Naturgesetzmäßigkeiten zunutze; sie sind mit Möglichkeiten ausgestattet, dies tun zu können. Ihre Organe und ihr ganzer „Betrieb“ arbeiten den natürlichen Zerfallstendenzen entgegen. Im nicht-lebenden Bereich der Schöpfung fehlt genau das.

So bleibt vage und unklar, *inwiefern* die Grundstrukturen der Lebewesen eine Folge von Gesetzmäßigkeiten und internen Zwängen seien, sprich wie diese die Strukturen der Lebewesen hervorbringen. Denton zeigt mit vielerlei Argumenten und gut begründet, dass kleinschrittige Anpassungen keinen Weg zu den Basisstrukturen des Lebens ebnen, da zahlreiche morphologische, physiologische und genetische Änderungen *en bloc* neu auftreten und aufeinander abgestimmt sein müssen, und dass somit die (neo-)darwinistische Erklärung nicht zielführend ist. Aber die strukturalistische Alternative bleibt im Ungefähren. Gelegentlich spricht Denton von „Vor-Arrangements“ oder Prädispositionen. Nur wenn die Natur speziell bzw. gezielt vor-arrangiert war für die Verwirklichung von Neuheiten, sei deren sprunghafte Entstehung denkbar. Aber woher kommt dann dieses Vor-Arrangement?

Dentons Kritik am funktionalistischen Ansatz erscheint zwar gut begründet, doch kann er seinen strukturalistischen Ansatz genau so wenig empirisch begründen. Seine Kritik spielt jedoch dem Schöpfungsdenken in die Karten und die von ihm vorgetragene Befunde können als klare Hinweise auf einen Schöpfer gewertet werden, so wie es die Typologen (wie Cuvier, Owen und von Baer) im 18. und 19. Jahrhundert vertreten haben.

Eine ausführliche Buchbesprechung ist unter <http://www.wort-und-wissen.de/info/rezens/b56.html> frei verfügbar.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n249.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.03.15 Bindeglied zwischen „Affenmensch“ und Mensch?

Ein fossiles Unterkieferbruchstück wird als Beleg für die Existenz eines Zwischenwesens zwischen Menschenaffen und Menschen interpretiert und öffentlichkeitswirksam mit dieser Deutung präsentiert. Doch es gibt gute Gründe dafür, dass der neue Fund nicht zwischen Affen und Menschen anzusiedeln ist, sondern zu einer Variante der ausgestorbenen Großaffengattung *Australopithecus* gehört.

Ein internationales Forscherteam hat im Wissenschaftsmagazin *Science* ein neues fossiles Unterkieferbruchstück aus Äthiopien vorgestellt, das ein radiometrisches Alter von ca. 2,8 Millionen Jahren hat. Die Forscher stellten das Fundstück zur Gattung *Homo*, zu der auch der moderne Mensch gehört. Die menschliche Linie sei mit diesem neuen Fossil 400.000 Jahre älter als bisher gedacht (Villmoare et al. 2015).

Laut den Forschern besitzt der Unterkiefer eine Reihe von Eigenschaften, die ihn zwischen *Australopithecus* und den jüngeren *Homo habilis* stellt (Villmoare et al. 2015). Die Australopithecinen werden im Evolutionsmodell als „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“, im Grundtypmodell der Schöpfungslehre dagegen als ausgestorbene Großaffen gedeutet. Im Evolutionsmodell stellt der neue Unterkiefer somit ein Bindeglied zwischen „Affenmenschen“ und echten Menschen dar. **Der Fund hat zwar große publizistische Resonanz gefunden, der wichtigste Punkt im Zusammenhang mit der Einordnung des neuen Fossils wurde aber weder im Originalartikel noch in der populären Verbreitung gestellt: War *Homo habilis* wirklich ein Mensch?**

Seit Aufstellung der Art *Homo habilis* im Jahre 1964 gibt es daran berechtigte Zweifel. Erst in neuerer Zeit haben Paläanthropologen wieder für eine Ausgliederung der Art *habilis* und auch der Art *rudolfensis* aus der Gattung *Homo* mit sehr guten Argumenten plädiert (Übersicht bei Brandt 2012). Trotz der guten Argumente halten jedoch fast alle Urgeschichtsforscher an der alten Zuordnung zur Gattung *Homo* fest. Was könnten Gründe dafür sein?

„*Homo*“ *habilis/rudolfensis* wird seit Jahrzehnten als eine evolutionär vermittelnde Fossilgruppe zwischen den Australopithecinen und dem frühesten unbestrittenen echten Menschen (*Homo erectus*) verstanden. Mit ihrer Rückstufung erscheint die Lücke zwischen den recht großaffenähnlichen Australopithecinen und dem echten Menschen (*Homo erectus* und spätere *Homo*-Formen) größer. Auch für den Laien erkennbar ergibt sich damit eine Unterteilung der fossilen Formen in zwei Gruppen: echte Menschen, zu denen *Homo erectus*, Neandertaler u.a. gehören, die in der Schöpfungslehre dem Grundtyp Mensch zugeordnet werden, und großaffenähnliche Tiere wie die Australopithecinen (Brandt 2012).

Das neu entdeckte Unterkieferbruchstück aus Äthiopien gehört somit zu keinem neuen Bindeglied zwischen „Vormenschen“ und echten Frühmenschen, sondern wahrscheinlich zu einem weiteren Vertreter der Gattung *Australopithecus*. Der Paläanthropologe Christoph Zollikofer aus Zürich meint sogar, dass der Unterkiefer gar nicht zu einer neuen unbekanntem Art, sondern zu den bekannten Australopithecinen gehört.¹

Anmerkung

¹ <http://www.nzz.ch/wissenschaft/medizin/bindeglied-zwischen-homo-und-australopithecus-1.18495357> (Zugriff am 5.3.2015).

Literatur

Brandt M (2012) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. Studium Integrale Journal 19, 4 -11.
<http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij191/sij191-1.html>

Villmoare B, Kimbel WH, Seyoum C, Campisano CJ, DiMaggio E, Rowan J, Braun DR, Arrowsmith JR & Reed KE (2015) Early *Homo* at 2.8 Ma from Ledi-Geraru, Afar, Ethiopia.
<http://www.sciencemag.org/content/early/2015/03/03/science.aaa1343>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n224.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.05.13 „Vormensch“ verliert seinen Status

Australopithecus erweist sich als guter Kletterer

Die Australopithecinen werden trotz ihrer unbestritten recht großaffenähnlichen Schädel- und Zahnstruktur als „Vormenschen“ gedeutet, denn Körperstamm- und Extremitätenskelett seien schon deutlich zum Menschen hin evolviert. Diese behauptete Menschenähnlichkeit wird durch neue Untersuchungen in Frage gestellt. Sie unterstützen frühere Forschungsergebnisse, nach denen diese fossilen Tiere keine Ahnen des Menschen sind.

Die nur fossil bekannte Menschenaffengattung *Australopithecus* („Südafte“) gilt weithin als relativ gut passende Übergangsform zwischen Menschenaffen und Menschen und wird daher auch als „Vormensch“ und in populären Darstellungen sogar (irreführenderweise) als „Urmensch“ bezeichnet. Dass eine Reihe von Merkmalen diesem Status widersprechen, wird im Artikel Australopithecinen („Südafaffen“) und andere Menschenaffenartigen-Fossilien, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43622&Sprache=de&l=1> behandelt. Diese in der Fachwelt teilweise auch kritisierte Position von *Australopithecus* wird durch neue Befunde weiter in Frage gestellt.

Die beiden Forscher David J. Green und Zeresenay Alemseged haben 2012 in der Wissenschaftszeitschrift *Science* eine bemerkenswerte Untersuchung zum Schulterblatt von *Australopithecus afarensis* publiziert. Mit dieser Analyse wurde eine seit Jahrzehnten kontrovers diskutierte Frage zur Fortbewegung der Australopithecinen vermutlich entschieden. Es spricht vieles dafür, dass diese Tiere einen wesentlichen Teil ihres Lebens in Bäumen verbracht haben. Damit muss eines der tragenden Indizien für eine Übergangstellung von *Australopithecus* fallengelassen werden.

Es war schon zuvor unbestritten, dass *Australopithecus afarensis* im Schulterbereich großaffenähnliche Merkmale besitzt. Manche Forscher aber interpretierten die Klettermerkmale einfach als funktionslose Überbleibsel von Vorläuferformen – eine recht willkürliche und kaum prüfbare Interpretation. Andere sahen in den großaffenähnlichen Merkmalen der oberen Extremitäten von *Australopithecus* eine Anpassung an eine Fortbewegung in Bäumen.

Das Schulterblatt (Scapula) ist ein Schlüsselknochen in der Beurteilung der Fortbewegungsweise von Primaten. Aber dieses Knochenelement ist fossil sehr selten und wenn nur bruchstückhaft erhalten. Mit der Entdeckung des *Australopithecus afarensis*-Teilskelettes von Dikika (DIK-1-1), Äthiopien, veränderte sich die Datenlage grundlegend. Man besitzt nun ein nahezu vollständig erhaltenes rechtes Schulterblatt eines juvenilen (kindlichen) Individuums von *Australopithecus*.

Die Untersuchung von Green & Alemseged (2012) zeigt, dass das Schulterblatt von *Australopithecus* eine vom Menschen *Homo* deutlich verschiedene großaffenähnliche Struktur besitzt (Verlauf des Knochenkamms auf der Rückseite des Schulterblattes und die Ausrichtung der Schultergelenkspfanne). Die Forscher konnten nachweisen, dass die Ausrichtung der Schultergelenkspfanne von „Lucy“ nicht wie behauptet durch die geringe Körpergröße bedingt ist.

Arias-Martorell et al. (2012) haben in einer jüngsten Analyse das proximale (körpernahe) Ende des Oberarmknochens (Humerus) der lebenden Großaffen und Menschen sowie von

Australopithecus afarensis untersucht. Es wurden signifikante Unterschiede zwischen diesen Lebewesen, die bisher nicht bekannt waren, festgestellt. Die proximale Humerus-Morphologie des Menschen unterscheidet sich deutlich von der der Großaffen und von *Australopithecus afarensis*, wobei letztere dem Orang-Utan am ähnlichsten sind!

Interessant ist, dass bereits vor vier Jahrzehnten Forscher um Charles Oxnard anhand eines bruchstückhaft erhaltenen Schulterblatts von *Australopithecus africanus* und eines Teils eines Schlüsselbeines von „*Homo*“ (*Australopithecus*) *habilis* zu ähnlichen Ergebnissen wie Green & Alemseged (2012) und Arias-Martorell et al. (2012) gekommen sind.

Bewertung

Die großaffenähnliche Schulter von *Australopithecus* ist durch eine große morphologische Kluft von der menschenähnlichen Schulter des fossil frühesten nachgewiesenen echten Menschen *Homo ergaster* getrennt (vgl. Stufen des Menschen?, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43623&Sprache=de&l=1>). Die Schultermorphologie von *Australopithecus* bestätigt die Hypothese (Brandt 1995), dass diese fossilen Wesen sich nicht auf einem evolutionären Entwicklungsweg hin zum Menschen befanden, sondern ausgestorbene Großaffen repräsentieren, die in keinem historisch-verwandtschaftlichen Verhältnis zum echten Menschen stehen.

Eine ausführliche Darstellung der hier kurz zusammengefassten Befunde wird in Studium Integrale Journal Jg. 20, Heft 1 (voraussichtlich Juni 2013) veröffentlicht.

Literatur

Arias-Martorell J, Potau JM, Bello-Hellegouarch G & Pérez-Pérez AM (2012) 3D geometric morphometric analysis of the proximal epiphysis of the humerus of hominoids: Functional interpretation, locomotor evolution and variability. *Am. J. Phys. Anthropol.* 47, Suppl. 54, 85.

Brandt M (1995) *Der Ursprung des aufrechten Ganges*. Neuhausen-Stuttgart.

Green DJ & Alemseged Z (2012) *Australopithecus afarensis* scapular ontogeny, function, and the role of climbing in human evolution. *Science* 338, 514-517.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n197.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.04.13 Endogene Retroviren – ein Beweis für gemeinsame Abstammung?

Im Erbgut des Menschen gibt es Abschnitte, die dem Genom von Retroviren auffallend ähnlich sind und an die Nachkommen vererbt werden. Solche endogenen Retroviren findet man ebenfalls im Genom anderer Primaten und zwar häufig an derselben Position und mit denselben Änderungen durch Mutationen. Dieser Befund wird als „Beweis“ für gemeinsame Vorfahren der Primaten präsentiert. Bei dieser Interpretation wird jedoch vernachlässigt, dass es in den verschiedenen Primaten auch spezifische retrovirale Sequenzabschnitte gibt und diese nicht alle stillgelegt sind; bei einzelnen sind Funktionen nachgewiesen worden. Möglicherweise sind endogene Retroviren gar nicht das, wonach sie auf den ersten Blick aussehen.

Im menschlichen Genom gibt es viele Abschnitte, die sich nicht permanent an derselben Stelle befinden, sondern mobil im **Genom*** ihre Position ändern können. Diese mobilen Bereiche werden als Transposons (transposable elements) bezeichnet und wurden 1948 von McClintock erstmals in Farbvarianten von Mais beschrieben (Nobelpreis 1983). Manche Transposons bewegen sich im Genom autonom, sie enthalten alle nötigen Voraussetzungen dazu, während andere auf Komponenten aus dem gesamten Genom angewiesen sind.

*Genom (= gesamtes Erbgut einer Art)

Zu den autonomen mobilen Elementen gehören auch endogene Retroviren. Darunter versteht man Abschnitte im Genom, deren Nukleotidsequenz derjenigen von Viren auffallend ähnlich oder sogar damit identisch ist. Die entsprechenden Retroviren weisen ein Genom aus RNA auf (im Gegensatz zum typischen DNA-Genom). Daher muss bei einer solchen Virus-Infektion das RNA-Genom vor der Integration (also dem Einbau) ins Genom der infizierten Zelle durch ein virales Enzym, nämlich der **reversen Transkriptase** in DNA umgeschrieben werden. (Die Bezeichnung „reverse Transkriptase“ bringt genau das zum Ausdruck: Statt des üblichen Umschreibens – *Transkribierens* – von DNA in mRNA geht es hier genau umgekehrt – *revers.*) Man nimmt an, dass Retroviren in der Vergangenheit Keimbahnzellen (Ei oder Samenzellen) infiziert und sich in deren Genom integriert haben. Somit werden sie von einer Generation an die nächste vererbt; diesen Status bezeichnet man als endogen.

Bis zu 8 % des menschlichen Genoms bestehen aus endogenen Retroviren. Einige davon wurden bereits als funktional beschrieben, die meisten aber werden nach derzeitigem Kenntnisstand als stillgelegt betrachtet, es ist bisher keine Funktion bekannt (Sugimoto & Schust 2009).

Retroviren und allgemein Transposons integrieren sich an sehr vielen unterschiedlichen Positionen im Genom. Aus Studien über krebsauslösende Viren ist bekannt, dass im Anfangsstadium der Infektion Retroviren an vielen unterschiedlichen Stellen im Genom auftreten, im Krebsgewebe aber findet sich das virale Genom in allen Zellen an derselben Position. Alle Krebszellen des Tumors sind also aus einer Zelle hervorgegangen, in deren Genom das Virus sich an bestimmten Stellen integriert hatte und dort ungehemmtes Wachstum auslöste.

Genomanalysen haben gezeigt, dass im Erbgut von Menschen und anderen Primaten dieselben Retroviren an denselben Positionen vorkommen und auch weitgehend dieselben Veränderungen durch Mutationen aufweisen. Im letzteren Fall könnten z. B. Defekte, die das virale Genom stilllegen, im gemeinsamen Vorfahren entstanden und dann vererbt worden sein. Dieser Befund passt gut zu einer Vorstellung, nach der Mensch und andere Primaten in ihrer Entstehung auf gemeinsame Vorfahren zurückgehen und unterstützt somit das Evolutionskonzept.

Es gibt aber auch retrovirale Sequenzen, die an unterschiedlichen Stellen beim Menschen und Primaten liegen und die Erklärungen komplizierter machen. Entweder sind sie erst später, also nach der Artaufspaltung entstanden oder eine Spezies hat sie im Verlauf der getrennten Entwicklung verloren. Außerdem setzt die oben skizzierte Erklärung eines gemeinsamen Vorfahren von Mensch und Primaten voraus, dass die retroviralen DNA-Abschnitte zutreffend als Relikte historischer Infektionen durch Retroviren interpretiert werden. Derzeit werden diese Abschnitte des Genoms als größtenteils funktionslos betrachtet. Wenn man sich aber unser begrenztes Verständnis des Humangenoms vergegenwärtigt und berücksichtigt, dass zudem durch das ENCODE-Projekt Hinweise dafür vorgelegt wurden, dass mehr als 80 % des gesamten Erbguts funktional sind, dann gibt dies Anlass, die „Beweiskraft“ der endogenen Retroviren für gemeinsame Vorfahren zurückhaltender einzuschätzen. Es könnte sein, dass zukünftige Untersuchungen für retrovirale Abschnitte noch mehr Funktionen (Sharif et al. 2013) belegen und damit andere Erklärungen erforderlich machen.

Die weitere Forschung muss zeigen, ob sich das Argument der vererbten Defekte bestätigt oder ob es durch ein besseres Verständnis möglicher Funktionen von endogenen Retroviren geschwächt wird und möglicherweise gar keine „Defekte“ vorliegen. **Daher ist die plakative Behauptung, mit den endogenen Retroviren einen Beweis für die Abstammung des Menschen von affenartigen Vorfahren zu haben, nicht gerechtfertigt.** Die derzeitigen Kenntnisse über endogene Retroviren ermöglichen für den Moment tatsächlich ein gutes Argument für Evolution – nicht mehr und nicht weniger. Schließlich muss auch bedacht werden, dass die Frage nach der Plausibilität einer Abstammungsbeziehung von Affen und Menschen nicht nur anhand eines einzigen Befundkomplexes – hier die endogenen Retroviren – beurteilt werden sollte.¹

Anmerkung

¹ vgl. ► [Wie ähnlich sind Mensch und Schimpanse?](https://www.genesisnet.info/index.php?News=147), <https://www.genesisnet.info/index.php?News=147>; Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1 %-Mythos“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=87>; Mensch und Schimpanse noch weiter auseinander, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=98>.

Literatur

Cowley M & Oakey RJ (2013) Transposable elements re-wire and fine-tune the transcriptome. *PLOS Genet.* 9(1) e1003234. doi: 10.1371/journal.pgen.1003234.

Stoye JP (2012) Studies of endogenous retroviruses reveal a continuing evolutionary saga. *Nature Rev. Microbiol.* 10, 395-406.

Sharif J, Shinkay Y & Koseki H (2013) Is there a role for endogenous retroviruses to mediate long-term adaptive phenotypic response upon environmental inputs? *Phil. Trans. R. Soc. B*, doi.org/10.1098/rstb.2011.0340.

Sugimoto J & Schust DJ (2009) Review: Human endogenous retroviruses and the placenta. *Reprod. Sci.* 16, 1023-1033.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n195.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.04.13 Schimpanse und Mensch: Affen äffen nicht nach

In Veröffentlichungen über vergleichende Verhaltensstudien werden häufig die Ähnlichkeit zwischen Schimpansen und Menschen herausgestellt. Eine Studie des Verhaltensbiologen Claudio Tennie stellt diese Ähnlichkeiten in Bezug auf eine wesentliche Fähigkeit massiv in Frage: Schimpansen sind nicht zum Lernen durch Nachahmen in der Lage. Diese These hat weitreichende Folgen. Tennies Ergebnisse werfen auch Fragen zum Wissenschaftsbetrieb auf: Gibt es eine Selektion bei der Veröffentlichung von Forschungsergebnissen?

In den Kontroversen um Schöpfung und Evolution gehören die Ähnlichkeiten von Menschen und Menschenaffen zu den Befunden, die sich eines besonders großen Publikumsinteresses erfreuen. Das ist so seit Charles Darwin und erhielt in jüngster Zeit vor allem durch die Genomforschung Auftrieb. Die SG Wort und Wissen plant dazu in ihrer Zeitschrift *Studium Integrale Journal* eine Artikelserie, die mit der nächsten Ausgabe beginnen wird.

Ein weiteres Gebiet, auf dem die besondere Nähe des Menschen zum Tierreich behauptet wird, ist die Verhaltensbiologie. In der Öffentlichkeit wird meistens ein Bild von den Menschenaffen gezeichnet, wonach diese den Menschen sehr ähnlich seien; mit dem Fortschritt der Forschung zeigen sich aber markante qualitative Unterschiede. Von den Menschenaffen werde ein sehr menschliches Bild gezeichnet, schreibt ZEIT ONLINE-Autor Frederik Jötten: „[S]ie trauern, trösten, malen, artikulieren, benutzen Werkzeuge und verfügen über eine Kultur“. Doch dieses Bild stimmt wahrscheinlich nicht.

Claudio Tennie, Verhaltensforscher vom Max-Planck-Institut für evolutionäre Anthropologie in Leipzig, hat dieses Bild durch eine aufwändige Studie überprüft. Vor elf Jahren habe er als Diplomand seine Arbeiten mit dem Ziel begonnen, zu zeigen, wie ähnlich Schimpansen den Menschen sind, so Jötten – und veröffentlichte nun ein Ergebnis, das seinen Erwartungen klar widersprach.

Tennie untersuchte freilebende Schimpansen auf ihre Fähigkeit hin, Verhalten anderer Schimpansen nachzuahmen. Menschen lernen ständig durch Nachahmen – tun Schimpansen das auch? Um das herauszufinden, brachte Tennie in einem zweistufigen Versuch einem Schimpansen zunächst eine bestimmte in der Natur nicht vorkommende Geste bei, um im zweiten Schritt zu sehen, ob andere Affen diese Geste nachahmen. Er wählte als Geste eine Gebetshaltung aus und konditionierte das Tier darauf, indem er es mit einer Erdnuss belohnte, wenn es diese Haltung einnimmt. Dann wird ein weiterer Affe hinzugebracht, der den ersten eine Weile dabei beobachtet, wie er zu den Erdnüssen gelangt. Als dieser zweite Affe dann alleine gelassen wird, kommt er nie auf die Idee, mit einer nachgeahmten Gebetshaltung ebenfalls zur ersehnten Erdnuss zu kommen. Er kreischt und tritt gegen die Tür, da er offensichtlich an die Erdnuss gelangen will, aber es kommt ihm nicht in den Sinn, zu diesem Zweck den ersten Affen nachzuahmen.

Insgesamt wurden 15 Tiere auf diese Weise getestet; bis zu 170 Beobachtungen des Vorbilds halfen nicht; kein Affe ahmt den anderen nach. Eine verbreitete Überzeugung der Verhaltensforscher scheint widerlegt zu sein: **Schimpansen beherrschen das sprichwörtliche „Nachäffen“ gerade nicht. Tennie war mit der Absicht angetreten, den Beweis der Nachahmefähigkeit anzutreten, und bewies stattdessen das Gegenteil.** Schimpansen schauen auch nützliche Handgriffe wie eine bestimmte Art des Nüsseknackens nicht voneinander ab, sondern jedes Tier entwickelt sie von selbst, so dass jedes Individuum sozusagen das Rad neu erfindet. Der Unterschied der fehlenden Nachahmung dürfte ein

wesentlicher Grund dafür sein, dass Schimpansen-Gesellschaften sich so stark von der menschlichen unterscheiden, schreibt F. Jötten in ZEIT ONLINE.

„Kratzen am Mythos der unvoreingenommenen Wissenschaft“

Über die verhaltensbiologischen Ergebnisse der Studien von Tennie hinaus thematisiert ZEIT ONLINE-Autor F. Jötten den Wissenschaftsbetrieb. Der Ausgang der Experimente war – gemessen an den Erwartungen und der bislang dominierenden Auffassung – negativ. Negative Ergebnisse seien aber sehr viel schwerer in Fachzeitschriften zu veröffentlichen als positive. **Außerdem würden negative Ergebnisse der *scientific community* viel kritischer auf methodische Fehler abgeklopft.** Jötten zitiert Eric-Jan Wagenmakers, Professor für Methodische Psychologie an der Universität Amsterdam, dass negative Ergebnisse oft nicht zur Publikation gelangten. Vielleicht seien deshalb „95 Prozent aller publizierten Studienergebnisse in der Psychologie, zu der auch Tennies Forschungsgebiet zählt, positiv“. Wenn das so ist, repräsentiere die wissenschaftliche Literatur nicht die Wirklichkeit.

Dies gelte offenbar auch für die Schimpansenforschung. „Wir lieben es, Ähnlichkeiten zwischen Menschenaffen und Menschen zu finden“ wird Brian Hare, Professor für evolutionäre Anthropologie an der Duke University in North Carolina zitiert. Ähnlichkeiten zwischen Schimpansen und Menschen würden womöglich überbetont. Bei Tennie sei es wohl deshalb besser gelaufen, weil sein Doktorvater einer der renommiertesten Forscher in der evolutionären Anthropologie ist und weil das frei zugängliche, angesehene Internetjournal *PLOS ONE* negativen Resultaten eine gleichberechtigte Chance auf Veröffentlichung ermögliche.

Dass Wissenschaftler interessen geleitet arbeiten und entsprechende Fragestellungen entwickeln, ist selbstverständlich. Die Orientierung auf erwartete Ergebnisse ist jedoch der Wahrheitsfindung abträglich. Sich dessen bewusst zu sein könnte helfen, Ergebnisse besser einzuordnen und nicht überzubewerten. Frederik Jötten in ZEIT ONLINE wird deutlich: Die Arbeiten von Tennie „kratzen auch am Mythos der unvoreingenommenen Wissenschaft und erwecken den Verdacht, dass sie vor allem das zur Kenntnis nimmt, was zu den herrschenden Moden passt.“ Es ist freilich nicht „die Wissenschaft“, sondern es sind die Wissenschaftler. Gut aber, dass Korrekturen möglich sind, wenn Publikationsmöglichkeiten nicht von sachfremden Interessen behindert werden.

Quellen

Tennie C, Call J & Tomasello M (2012) Untrained Chimpanzees (*Pan troglodytes schweinfurthii*) Fail to Imitate Novel Actions. PLoS ONE 7(8): e41548.
doi:10.1371/journal.pone.0041548.

Jötten F (2013) Von wegen menschlich. ZEIT ONLINE, 4.3.2013;
<http://www.zeit.de/2013/09/Wissenschaft-Schimpansen-Menschen> (sehr lesenswert).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n194.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.12.12 100 Jahre Piltdown-Mensch

Vor 100 Jahren wurde der Piltdown-Mensch entdeckt, eine der berühmtesten Fälschungen der Wissenschaftsgeschichte, die erst 41 Jahre später entlarvt wurde. Die Hintergründe der Fälschung sind noch immer nicht vollständig aufgeklärt. Unabhängig davon sind die Erkenntnisse, die dieser Fall über die Rolle des Wissenschaftlers in Wissenschaftsbetrieb bringt, nachdenkenswert.

Am 18. Dezember 1912 wurde der wissenschaftlichen Öffentlichkeit ein spektakulärer Fossilfund eines Vormenschen vorgestellt. Arthur Smith Woodward, ein britischer Paläontologe, und Charles Dawson, ein Amateur-Altertumsforscher hatten in einer Kiesgrube bei dem Dorf Piltdown in Südostengland einen fossilen Schädel entdeckt, der ein menschliches Schädeldach und einen affenartigen Unterkiefer besaß. Damals waren noch relativ wenige Funde fossiler Menschen und fossiler Menschenaffen bekannt und der „Piltdown-Mensch“ unterstützte die damals vorherrschende Auffassung, dass sich in der Evolution des Menschen zuerst das Gehirn vergrößert habe, bevor der aufrechte Gang entstand. **Der Piltdown-Mensch schien ein passendes Bindeglied zwischen Menschenaffen und Menschen zu sein.** Zu Ehren des Entdeckers erhielt die neue Art den wissenschaftlichen Namen *Eoanthropus dawsoni* – „Morgenrötemensch“.

Über den Piltdown-Menschen wurden hunderte von Publikationen veröffentlicht und er beeinflusste die Einschätzung der Bedeutung anderer Funde, die später gemacht wurden (vor allem der Gattung *Australopithecus*, deren erste Art 1924 entdeckt wurde). Eine Minderheit der Experten bezweifelte allerdings, dass Schädeldach und Unterkiefer wirklich zusammengehören. Schließlich wurde der Fund im Jahr 1953 aufgrund chemischer Analysen als Fälschung entlarvt. Der Schädel war aus einem Schädeldach eines Menschen und einem Unterkiefer eines Orang-Utan zusammengesetzt und die Knochen waren so bearbeitet worden, dass nicht sofort auffallen konnte, dass sie von verschiedenen Schädeln stammen. Außerdem wurden nach der Entlarvung als Fälschung Spuren der mechanischen Bearbeitung entdeckt. Diese wären von Anfang an erkennbar gewesen (so Gould [1989] in einem seiner vielen lesenswerten Essays); man war aber offenbar nicht darauf gefasst – das ist das eigentlich Interessante an der Geschichte (s. u.).

Erstaunlicherweise sind die Hintergründe der Fälschung nach wie vor nicht aufgeklärt, berichtet Chris Stringer in der neuesten Ausgabe von *Nature* (Stringer 2012; vgl. Gould 1989; 1991). Er gehört zu einem Team von Forschern, die herausfinden wollen, wie die Fälschung durchgeführt wurde, wer sie durchführte und welche Motivation dahinterstand. Gould (1989) schildert einige Hypothesen über den oder die Täter. Es ist demnach durchaus möglich, dass es sich um einen Scherz und nicht um eine böswillige Fälschung handelt und dass dieser Scherz durch besondere Umstände nicht mehr aufgeklärt wurde.

Doch wer immer die Piltdown-Fälschung zu verantworten hat und was auch immer seine Motive waren, ist der Fall – so Stringer –, eine Warnung an Wissenschaftler, eine kritische Haltung zu bewahren, aber auch ein Beispiel für die Leistungsfähigkeit der naturwissenschaftlichen Methode (es waren chemische Untersuchungen, die zeigten, dass Schädel und Unterkiefer sicher nicht zusammenpassen). Wenn etwas zu gut zu sein scheint, um wahr zu sein, dann ist es vielleicht auch so, merkt Stringer (2012, 179) an.

Doch in den Jahren nach 1912 hielten sich die meisten mit der Sache befassten Wissenschaftler nicht an solche Warnungen. Gould (1989, 120) nennt vier Arten von Gründen, dass eine „so unausgegorene Sache von den größten englischen Paläontologen ohne

Vorbehalt akzeptiert wurde. **Alle vier widersprechen dem üblichen Glauben, dass die wissenschaftliche Praxis es mit ‚harten‘, grundlegenden Fakten zu tun habe ...“** (Hervorhebung nicht im Original). Die vier Gründe, die Gould nennt, sind: 1. „Die Gründung großer Hoffnungen auf zweifelhafte Beweismittel“, 2. „Verringerung einer Abweichung von der Norm durch ihre Anpassung an kulturelle Vorurteile“ (was dazu führt, dass wahrgenommen wird, was man erwartet, und das Unerwartete übersieht), 3. „Verringerung der Abweichungen von der Norm durch die Anpassung von Tatsachen an Erwartungen“ (man sieht Dinge, die es gar nicht gibt, s. u.), 4. „Schutz vor Entdeckung von Seiten der Praktiker“. Gould (1989, 120) stellt fest, dass diese Gründe unter Beweis stellten, „daß die Wissenschaft eine durchaus menschliche Tätigkeit ist, welche durch Hoffnungen, kulturelle Vorurteile und das Streben nach Ruhm motiviert wird und dennoch auf ihren Irrwegen zu einem besseren Verständnis der Natur gelangt.“ **Die naturwissenschaftlichen Daten erreichen uns „stets durch die starken Filter unserer Kultur, ihrer Hoffnungen und Erwartungen“** (Gould 1989, 122). Obwohl das Schädeldach „bemerkenswert modern“ war, entdeckten Wissenschaftler daran eine Reihe von „definitiv affenartigen Merkmalen“ (vgl. den 3. Punkt oben)!

Nicht gerechtfertigt wäre es, den Fall Piltdown als Beispiel für ein verbreitetes Vorkommen von Fälschungen in der Wissenschaft zu werten; dafür gibt es jedenfalls keine Beweise. Es sind mittlerweile sehr viele fossile Funde von Menschen und Menschenaffen gemacht worden, die als Grundlage für die Einschätzung von Pro und Contra einer Evolution des Menschen aus dem Tierreich dienen können. Gerade Funde und Untersuchungen der jüngeren Zeit lassen eine deutliche Kluft zwischen fossilen Menschenaffen und Menschen erkennen (s. z. B. Brandt 2012; Hartwig-Scherer 2011 und die in diesen Artikeln verarbeitete Originalliteratur).

Literatur

Brandt (2012) „*Homo*“ *habilis* war kein Mensch. Kluft zwischen fossilen Menschen und Menschenaffen größer geworden. Stud. Int. J. 19, 4-11.

Gould SJ (1989) Ein Wiedersehen mit Piltdown. In: Der Daumen des Panda. Frankfurt, S. 112-128. (amerikan. Original 1980)

Gould SJ (1991) Die Piltdown-Verschwörung. In: Wie das Zebra zu seinen Streifen kam. Frankfurt, S. 199-224.

Hartwig-Scherer S (2011) *Ardipithecus* – ein Astgänger sägt am Lehrbuchwissen. Stud. Int. J. 18, 68-77.

Stringer C (2012) The 100-year mystery of Piltdown Man. Nature 492, 177-179.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n190.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.05.10 Neuer Australopithecus-Fund – Bindeglied zum Menschen?

Erneut wurde ein interessantes Fossil aus der Gruppe der Australopithecinen gefunden. 2008 entdeckten Forscher um Lee Berger und Peter Schmid in Südafrika zwei Teilskelette, die neben zahlreichen *Australopithecus*-Merkmale auch einige menschenähnliche Anpassungen aufweisen, die bislang von keinem anderen Australopithecinen bekannt sind. Deshalb wurde eine neue Art etabliert: *Australopithecus sediba*. Trotz dieser interessanten Merkmalsmischung wird *Australopithecus sediba* selbst nicht als ein Bindeglied zum Menschen vorgeschlagen.

Die Merkmale von *Australopithecus sediba* erlauben keine genaue phylogenetische (= stammesgeschichtliche) Positionsbestimmung zu den frühen *Homo*-Arten, und das radiometrische Alter ist für ein tatsächliches Bindeglied um einiges zu gering (1,78 bis 1,95 Millionen Jahre). Die in ihrer taxonomischen Zuordnung zur Gattung *Homo* weiterhin umstrittenen Formen *rudolfensis* und *habilis* treten zeitlich früher auf als der neue Fund und auch der erste unbestrittene Vertreter unserer eigenen Gattung – *Homo erectus* – lebte zeitgleich mit der neuen Art. Die morphologische Kluft zwischen den beiden letzteren ist beträchtlich. Der Ursprung von *Homo erectus* bleibt weiterhin im Dunkeln (vgl. Australopithecinen („Südaffen“) und andere Menschenaffenartigen-Fossilien, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43622&Sprache=de&l=1> und Stufen des Menschen?, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43623&Sprache=de&l=1>).

Der Fund. Ein Forscher-Team um Lee Berger entdeckte 2008 zwei Teilskelette von Homininen in der Malapa-Höhle, einem Fundplatz in Südafrika 15 km nordnordöstlich so berühmter Fundplätze wie Sterkfontein, Swartkrans und Kromdraai. (Hominine sind menschenähnliche; damit werden alle fossilen und lebenden Menschenformen einschließlich ihrer im Evolutionsmodell vermuteten Vorläufer bezeichnet.)

Berger und seine Kollegen, u. a. der Züricher Anthropologe Peter Schmid beschrieben die Funde kürzlich in *Science* (Berger et al. 2010). Es handelt sich um zwei Teilskelette, ein junges, vermutlich männliches Individuum (MH1) und ein erwachsenes, vermutlich weibliches Individuum (MH2). Die Forscher konnten die Funde aufgrund ihrer Merkmale keinem bekannten fossilen Homininen zuordnen und gaben ihnen deshalb einen neuen Namen: *Australopithecus sediba*.

Australopithecus heißt „Südaffe“ und *sediba* in der Bantu-Sprache Sesotho „Brunnen“ oder „Quelle“. Die Australopithecinen wurden im Verlauf ihrer Entdeckungsgeschichte Anfang des letzten Jahrhunderts zunächst als besondere Affen, genauer als Großaffen angesehen. Mitte des vorigen Jahrhunderts änderte sich dies und man interpretierte sie von da an als frühe Hominiden, Wesen, die im evolutionären Stammbaum nicht mehr Großaffe und noch nicht Mensch und damit „Vormenschen“ oder „Affenmenschen“ waren.

Berger et al. (2010) diskutieren die Beziehung von *Australopithecus sediba* zu den ersten Menschen. Aufgrund mosaikartiger Merkmalsverteilungen kommen sie zum Schluss, dass die phylogenetische Position der neuen *Australopithecus*-Art zu den frühen *Homo*-Arten nicht genau zu bestimmen ist. Außerdem diskutieren sie chronologische Fragen einer solchen Ahnenschaft. **Nur wenn man annimmt, dass *Australopithecus sediba* schon wesentlich früher gelebt hat als derzeit fossil nachgewiesen, dann ist solch eine Linie zeitlich möglich** (Berger et al. 2010).

Doch zunächst zu den Merkmalen von *Australopithecus sediba*.

Nach Berger et al. (2010) besitzt *Australopithecus sediba* die größte Ähnlichkeit mit *Australopithecus africanus*. Beide weisen zahlreiche gemeinsame Merkmale am Hirnschädel, am Gesichtsschädel, am Unterkiefer und an den Zähnen auf. Das Besondere an *Australopithecus sediba* ist die aber Tatsache, dass diese neue Art unter allen Australopithecinen die größte Ähnlichkeit zum Menschen (*Homo*) aufweist.

Die Ausführungen der beiden folgenden Abschnitte müssen etwas detaillierter und fachspezifischer ausfallen. Bei Anklicken der farblich markierten Begriffe wird eine Erklärung sichtbar.

Ähnlichkeit mit den Menschen. Der Hirnschädel ist transversal* relativ breit und seine Scheitelbeinwände sind vertikal ausgerichtet. Dem Gesicht fehlen die hervortretenden ausladenden Jochbeine von *Australopithecus africanus*. Die Ausbildung der supraorbitalen Tori*, der nasoalveolaren Region*, der infraorbitalen Region* und der Jochbeine gibt dem Gesicht von *Australopithecus sediba* ein fortgeschritteneres Aussehen gegenüber *Australopithecus africanus*.

*Begriffe:

- transversal (= senkrecht zur Körperlängsachse)
- supraorbitalen Tori (= Knochenwülste auf dem Stirnbein oberhalb der Augenhöhle)
- nasoalveolare Region (= Gebiet von Nase und Zahnfächer)
- infraorbitale Region (= unterhalb der Augen)

Die Symphyse des Unterkiefers, also die Stelle, an der die beiden Hälften in der Mittellinie zusammengewachsen sind, ist vertikal ausgerichtet und mit einem leichten Kinn versehen. Auch an den Zähnen sind einige Merkmale vorhanden, die *Australopithecus sediba* von *Australopithecus africanus* unterscheiden und mit *Homo* verbinden.

Gemeinsamkeiten mit anderen Australopithecinen. *Australopithecus sediba* besitzt aber auch viele Merkmale gemeinsam mit *Australopithecus*. Dazu gehören am Schädel eine kleine Gehirnkapazität (420 cm³), eine hervortretende Glabellaregion*, ein mäßiges Eckzahnjugum* mit Fossa canina*, eine kleine Spina nasalis anterior*, ein steil geneigter zygomaticoalveolarer* Knochenkamm und ein hoher Ursprung des Musculus masseter*. Außer an den Zähnen gibt es am Körperskelett von *Australopithecus sediba* eine große Anzahl an Merkmalen, die auch bei anderen Australopithecinen zu finden sind. Dazu gehören neben einer geringen Körpergröße (130 cm) relativ lange Arme mit großen Gelenkflächen, Schulterblätter mit nach oben ausgerichteter Gelenkfläche für den Oberarmknochen, ein deutlicher Knochenkamm am unteren Teil des Oberarmknochens für die brachioradialen* Muskeln, eine große und tiefe Fossa olecranii*, die eine Öffnung mit Scheidewand aufweist, lange robuste gekrümmte Phalangen (Fingerknochen) mit starken Ansätzen für die Sehnen des Musculus flexor digitorum superficialis (Fingerbeugemuskel) und viele weitere Anpassungen an ein Leben in Bäumen.

*Begriffe:

- Glabellaregion (= Region zwischen den Augenbrauen)
- Eckzahnjugum (= Vorwölbung des Eckzahnfaches)
- Fossa canina (= paarige Knochengrube des Oberkiefers)
- Spina nasalis anterior (= unpaariger Knochenfortsatz; am weitesten vorne gelegene Knochenstruktur des Oberkiefers)
- zygomaticoalveolar (= Jochbein und Zahnfächer zugehörig)
- Musculus masseter (= Kaumuskel).
- brachioradial (= Oberarm und Speiche zugehörig)

- Fossa olecranii (= Auf der Rückseite des Oberarmknochens befindliche Vertiefung, die in der Streckstellung des Unterarms einen kräftigen Knochenvorsprung der Elle (Olecranon) aufnimmt)

Allerdings gibt es auch einige Merkmale am Beckenskelett von *Australopithecus sediba*, die *Homo* ähneln und bei allen anderen Australopithecinen nicht vorhanden sind. Dazu gehören eine stärkere Verstrebung und eine vergrößerte hintere Region des Darmbeins, ein verringerter Abstand zwischen dem Kreuzbein-Darmbeingelenk und Hüftgelenk sowie zwischen der Hüftgelenkpfanne und der Rauigkeit am Sitzbein.

Deutungen. Berger et al. deuten diese Merkmale im Zusammenhang mit einer besseren zweibeinigen Fortbewegungsweise von *Australopithecus sediba*. In diesem Zusammenhang ist es jedoch merkwürdig, dass der Bau des Fußes ähnlich der der anderen Australopithecinen von *Homo* deutlich verschieden ist. So besitzt das Sprungbein (Talus) eine flache Trochlea* auf, deren innerer und äußerer Rand einen gleichen Krümmungsradius aufweist. Der Talushals ist kurz und stämmig. Er ist medial verdreht und weist einen großen horizontalen und einen niedrigen Torsionswinkel auf. Auch das Fersenbein (Calcaneus) ist in der Gesamtmorphologie deutlich von *Homo* verschieden. Der Knochen in Relation zur Längsachse ist stark abgewinkelt, wobei der maximale Wendepunkt sich an der großen peronealen Trochlea* befindet. Am Fersenbein fehlt ein Knochenhöcker am äußeren unteren Rand. Die Achse des Fersenbeins ist zur transversalen Ebene im Winkel von 45 Grad ausgerichtet. Die Gelenkfläche zwischen dem Fersenbein und dem Würfelbein (Os cuboideum) ist vertikal ausgerichtet und es fehlt ein erweiterter hinterer Vorsprung für die Zuspitzung der Nase des Würfelbeins. Diese und weitere Merkmale sprechen für eine von *Homo* verschiedene weniger geschickte Bipedie*.

*Begriffe:

- flache Trochlea (= Knochenrolle auf der Oberseite des Sprungbeins)
- große peroneale Trochlea (= Knochenrolle auf der Außenseite des Fersenbeins)
- Bipedie (= Zweibeinigkeit)

Da der Gesamtbauplan von *Australopithecus sediba* dem der Australopithecinen ähnelt, ist die Zuordnung der beiden Teilskelette von Berger et al. (2010) in die Gattung *Australopithecus* gut begründet.

Welche Stellung nimmt *Australopithecus sediba* im phylogenetischen Konzept ein?

Von wem stammt *Australopithecus sediba* ab? Wohin führt *Australopithecus sediba*? Ist es ein Bindeglied zu unserer eigenen Gattung *Homo*?

Berger et al. (2010) plädieren wegen der Ähnlichkeit mit *Australopithecus africanus* dafür, dass *Australopithecus sediba* von dieser *Australopithecus*-Art abstammt. Bisher konnte man aber den Schichten, aus denen die Überreste von *Australopithecus africanus* stammen, kein sicheres Alter zuschreiben. Schätzungen gehen aber von ca. 2,5 bis 3,5 Millionen Jahren aus (Sawyer & Deak 2008).

Zur Beantwortung der Frage, in welcher Beziehung *Australopithecus sediba* zu unserer eigenen Gattung steht, muss erst geklärt werden, welche fossilen Formen zu *Homo* gehören.

In der paläanthropologischen Literatur werden neben *Homo erectus* häufig auch die Arten *habilis* und *rudolfensis* als früheste Vertreter von *Homo* genannt. Diese Klassifikation ist aber aus guten Gründen umstritten.

Wood und Collard (1999) haben *habilis* und *rudolfensis* wegen zahlreicher *Australopithecus*-ähnlicher Merkmale aus *Homo* ausgegliedert und zu den Australopithecinen gestellt. Danach haben M. Leakey et al. (2001) für *rudolfensis* eine erneute Reklassifizierung vorgenommen und wegen Ähnlichkeiten mit dem neu entdeckten *Kenyanthropus platyops* ihn auch in diese neue Gattung gestellt. Eine zwischenzeitliche Neurekonstruktion von *rudolfensis* (KNM-ER 1470) mit einem etwas geringeren Schädelvolumen und stärker vorspringenden Mittelgesicht (Bromage et al. 2008) rechtfertigt diese Reklassifizierung nachträglich. Von den frühen *Homo*-Formen kann gesichert nur *Homo erectus* als „erster echter Mensch“ klassifiziert werden.

Der auf 1,78 bis 1,95 Millionen Jahre datierte *Australopithecus sediba* kann nun aber kein Bindeglied zu *Homo erectus* sein, denn letzterer tritt praktisch zeitgleich vor 1,9 Millionen Jahren auf (Wood 1991, Gabunia & Vekua 1995). Vor allem ist die Kluft im Körperbau deutlich zu groß. Der größte Unterschied dürfte aber im kognitiven Bereich liegen.

Aber auch eine Weiterentwicklung zu *habilis* und *rudolfensis*, die von Berger et al. (2010) morphologisch näher an *Homo erectus* stehend eingestuft werden, ist nicht plausibel. Denn *rudolfensis* und *habilis* (*H. aff.*) sind mit 2,4 Millionen (Schrenk et al. 1993) bzw. 2,3 Millionen Jahren (Kimbel et al. 1997) deutlich älter als *Australopithecus sediba*. Auch das Merkmalsmosaik von *Australopithecus sediba* spricht nicht unbedingt für solch eine Ahnenschaft. Wenn aber, wie Berger et al. (2010) nicht ausschließen, *Australopithecus sediba* deutlich früher aus *Australopithecus africanus* evolvierte, dann ist eine Linie zu *rudolfensis* und *habilis* zeitlich möglich. Es stellt sich aber die Frage nach der phylogenetischen Plausibilität (Selektionsdrücke?) einer Entstehung von *Australopithecus sediba* aus *Australopithecus africanus* und anschließender langen Koexistenz beider Spezies auf engem Raum.

Der üblicherweise als Ahne von *Homo erectus* angenommene *habilis* weist neben einem großen Unterschied in der Anatomie, insbesondere des Körperskeletts (Johanson et al. 1987, Hartwig-Scherer & Martin 1991, Brandt 1995), auch eine große zeitliche Überlappung mit *Homo erectus* auf und ist als Ahne deshalb wenig plausibel. Der Ursprung des frühesten echten Menschen *Homo erectus* ist ungeklärt.

Aiello und Collard (2001, S. 527) schreiben: „Zumindest vorerst ist es wahrscheinlich am besten, die Benennung von Vorfahren zu vermeiden und es bei einer einfachen Unterteilung zwischen den Vorfahren des Menschen mit archaischen Merkmalen (*Orrorin*, *Ardipithecus*, *Australopithecus* – einschließlich *Paranthropus* – und *Kenyanthropus*) und den Menschen und seine Vorfahren mit modernen Merkmalen (*Homo sapiens* und die übrigen Arten von *Homo*) zu belassen.“

Und Asfaw et al. (2002, S. 319) stellen fest: „Die Ursprünge der weitverbreiteten, vielgestaltigen frühen pleistozänen *Homo erectus*-Linie bleibt unklar. Die deutlichen Unterschiede zwischen irgendwelchen potentiellen Ahnen (*Homo habilis* oder andere) und dem frühesten bekannten *H. erectus* könnte ein plötzliches evolutionäres Ereignis signalisieren ...“ **Diese Einschätzungen haben bezüglich der Abgrenzung von *Homo erectus* und nichtmenschlichen Formen auch unter Berücksichtigung neuerer Entdeckung wie *Australopithecus sediba* nichts an Aktualität eingebüßt.**

Die Verwandtschaftsverhältnisse der fossilen Homininen mit ihren mosaikartigen Merkmalsverteilungen und der großen Kluft zwischen den echten Menschen und allen anderen Homininen können besser in einem Grundtypmodell als in einem phylogenetischen Modell verstanden werden. In diesem Modell repräsentieren die Australomorphen („Vormenschen“) einschließlich *habilis* und *rudolfensis* einen oder mehrere großaffenähnliche Grundtypen, während die echten Menschen einen davon unabhängigen Grundtyp bilden.

Literatur

Aiello LC & M Collard (2001) Our newest oldest ancestor? *Nature* 410, 526-527.

Asfaw B, Gilbert WH, Beyene Y, Hart WK, Renne PR, WoldeGabriel G, Vrba ES & TD White (2002) Remains of *Homo erectus* from Bouri, Middle Awash, Ethiopia. *Nature* 416, 317-320.

Berger LR, de Ruiter DJ, Churchill SE, Schmid P, Carlson KJ, Dirks PHGM & JM Kibii (2010) *Australopithecus sediba*: A new species of *Homo*-like australopith from South Africa. *Science* 328, 195-204.

Brandt M (1995) Der Ursprung des aufrechten Ganges. Neuhausen-Stuttgart.

Bromage TG, McMahon JM, Thackeray JF, Kullmer O, Hogg R, Rosenberger AL, Schrenk F & DH Enlow (2008) Craniofacial architectural constraints and their importance for reconstructing the early *Homo* skull KNM-ER 1470. *The Journal of Clinical Pediatric Dentistry* 33, 43-54.

Gabunia L & A Vekua (1995) A Plio-Pleistocene hominid from Dmanisi, East Georgia, Caucasus. *Nature* 373, 509-512.

Hartwig-Scherer S & RD Martin (1991) Was “Lucy” more human than her “child”? Observations on early hominid postcranial skeletons. *Journal of Human Evolution* 21, 439-449.

Johanson DC, Masao FT, Eck GG, White TD, Walter RC, Kimbel WH, Asfaw B, Manega P, Ndessokia P & G Suwa (1987) New partial skeleton of *Homo habilis* from Olduvai Gorge, Tanzania. *Nature* 327, 205-209.

Kimbel WH, Johanson DC & Y Rak (1997) Systematic assessment of a maxilla of *Homo* from Hadar, Ethiopia. *American Journal of Physical Anthropology* 103, 235-262.

Leakey MG, Spoor F, Brown FH, Gathogo PN, Kiarie C, Leakey LN & I McDougall (2001) New hominin genu from eastern Africa shows diverse middle Pliocene lineages. *Nature* 410, 433-440.

Sawyer GJ & V Deak (2008) Der lange Weg zum Menschen. Heidelberg.

Spoor F, Leakey MG, Gathogo PN, Brown FH, Antón SC, McDougall I, Kiarie C, Manthi FK & LN Leakey (2007) Implications of new early *Homo* fossils from Ileret, east of Lake Turkana, Kenya. *Nature* 448, 688-691.

Schrenk F, Bromage TG, Betzler C, Ring U & YM Juwayeyi (1993) Oldest *Homo* and Pliocene biogeography of the Malawi Rift. *Nature* 365, 833-836.

Wood B (1991) Koobi Fora research project. Vol. 4. Oxford.

Wood B & M Collard (1999) The human genus. *Science* 284, 65-71.

Autor dieser News: Michael Brandt

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n149.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.11.09 Evolution der Religion

Wenn der Mensch durch Evolution aus dem Tierreich entstanden ist, müssen seine Gottesvorstellungen ein Produkt der Evolution sein. Schon Darwin mutmaßte, dass Gottesglaube entstanden sei, weil er sozial nützlich sei. Das ist bis heute eine der Spuren, die verfolgt werden, um eine Evolution der Religion plausibel machen zu können. In einem Überblicksartikel der Zeitschrift *Science* werden verschiedene weitere Hypothesen vorgestellt, die jedoch kaum prüfbar und ziemlich vage sind und bestenfalls Begleiterscheinungen von Religiosität darstellen, aber nicht als nachgewiesene Ursachen gelten können.

Wie kann ein bloßer Naturprozess Vorstellungen von einer Realität hervorbringen, die es gar nicht gibt? Mit dieser Frage sind atheistische Evolutionstheoretiker herausgefordert, die den Ursprung des Gottesglaubens aus evolutionären Prozessen ableiten wollen. Wenn Evolution naturalistisch verstanden wird, sollte dieser Prozess also die Vorstellung einer Illusion hervorgebracht haben.

Die Idee ist so alt wie Darwins frühe Überlegungen zur Evolution der Lebewesen. Die beiden unübertroffenen Darwin-Biographen Adrian Desmond & James Moore schreiben über seine Gedanken zur evolutionären Entstehung des Gottesglaubens: „In der Abstammungsfrage konzentrierte sich sein Interesse jetzt auf den Menschen. ... Nach seiner Auffassung erklärte die Evolution jede geistige Eigenheit, jede körperliche Haltung, nicht nur Wirbelsäule und Milz, sondern auch die Lebensweise des Menschen, seine Instinkte, seine Gedanken, Gefühle, sein Gewissen und seine Moral. Jeder Trieb, jedes Verlangen ... seien ... doch alle evolutionäre Erbgüter – selbst die Anbetung Gottes. *„Liebe zur Gottheit [ist] Folge von [geistiger] Organisation, o du Materialist!*“ flüsterte er sich zu“ (S. 286). „Auch die christlichen Gebote ‚Tu anderen wie dir selbst‘ und ‚Liebe deinen Nächsten wie dich selbst‘ hätten sich ganz natürlich aus den *‚sexuellen, elterlichen und sozialen Instinkten‘* unserer Vorfahren entwickelt“ (S. 300). „Unsere *‚angeborene Kenntnis des Schöpfers‘* habe sich infolge *‚seiner erhabensten Gesetze‘* entwickelt. Sie sei ein großartiger Instinkt, der wegen seiner sozialen Nützlichkeit entstanden sei“ (S. 308; kursiv jeweils im Original, Darwin wörtlich wiedergebend).

Wenn man den heutigen Stand der Forschung zugrundelegt, wie ihn Elizabeth Culotta in einem Überblicksbeitrag Anfang November 2009 in der Wissenschaftszeitschrift *Science* darstellt, könnte Darwin einige Hellsichtigkeit bescheinigt werden. Dass die „Entstehung von Religion“ auf das Verhalten evolutionärer affenartiger Vorstufen zurückgeführt wird, ist selbstverständlich, sobald eine allgemeine Evolution der Lebewesen als Tatsache akzeptiert wird. Denn Evolution macht vor den Verhaltensweisen nicht halt, auch sie tragen zur Fitness bei. Und wenn es *verbreitet* Gottesglaube gibt, muss er – evolutionstheoretisch interpretiert – einen Nutzen haben, der das Überleben fördert. Für

Evolutionstheoretiker stellt sich daher die Frage, worin der Überlebensvorteil besteht und *wie* er durch natürliche Prozesse entstehen konnte.

In ihrem Überblicksartikel stellt Culotta zunächst fest, dass es unter Wissenschaftlern zu dieser Frage keinen Konsens gebe. Einige meinen, Religion würde kooperatives Verhalten fördern, was die Fitness steigern, und sei daher entstanden – Darwin lässt grüßen (s. o.). Andere sehen die Wurzeln in unserem differenzierten sozialen Erkenntnisvermögen; wir hätten die Tendenz, Zeichen von „Agenten“ in unserer Welt zu sehen, die wie wir in der Welt wirksam sind. Die Wurzeln von Religiosität werden also in unserem Gehirn gesucht. Wir seien hypersensitiv für Zeichen von „Agenten“, die wie wir selber denken; wir neigen dazu, natürliche Dinge auf Agenten zurückzuführen („Hypotertropie sozialer Kognition“). Das habe Theismus gefördert, meint die Wahrnehmungspsychologin Deborah Kelemen von der Boston University.

Andere Forscher gehen die Frage nach dem Ursprung der Religion von archäologischer Seite her an und suchen nach Anzeichen alter religiöser Vorstellungen. Eine dabei verfolgte Spur ist soziales „symbolisches Verhalten“, Religion sei eine Komponente solchen Verhaltens. Der Gebrauch von Symbolen sei ein Schlüssel für aufkeimende Spiritualität.

Solche Hinweise sind jedoch äußerst vage und bestenfalls Begleiterscheinungen, aber keine nachweislichen Ursachen für die Entstehung von Religion. Das gilt auch für

Bestattungen oder das Anfertigen von religiösen Fruchtbarkeitsobjekten oder Löwenmenschen. Alle diese Aktivitäten erklären nicht das Woher der Religion.

Besonders hingewiesen wird auf **teleologisches Denken bei Kindern**. Kinder neigen besonders dazu, natürlichen Phänomenen Zwecke zuzuschreiben statt sie auf bloße natürliche Ursachen zurückzuführen. Man könne bei Kindern annehmen, dass diese Tendenz angeboren sei. Es sei schwer, diese teleologischen Erklärungen zu überwinden. Solche zweckorientierten Erklärungsweisen seien ein Schritt auf dem Weg zur Religion. Man könne daran erkennen, dass ein Gott eine naheliegende Konstruktion für den menschlichen Geist sei. Es sei ein kleiner Schritt, vom Design auf einen Designer zu schließen.

Abgesehen davon, dass auch diese Erklärung für die Entstehung des Gottesglaubens hochgradig spekulativ ist, kann das teleologische Denken leicht ohne jeden religiösen Bezug erklärt werden: **Es entspricht ganz einfach ständiger menschlicher Erfahrung, dass es zielgerichtete Handlungen gibt.** Spaemann und Löw nennen es in ihrem Klassiker „Die Frage wozu?“ eine primäre Welterfahrung des Menschen. Teleologisches Denken ist *erfahrungsgestützt*. Dass Menschen *auch* an Agenten denken, auch wenn es sich um einen natürlichen Vorgang handeln könnte (z. B. bei einem plötzlichen Knacken im Geäst), ist ebenfalls Folge von Erfahrung: Vieles von dem, was wir erleben, wird durch handelnde Personen verursacht und im Zweifel muss diese Möglichkeit zunächst bedacht werden. Von dieser Art des Umgangs mit potentiellen Agenten auf die Entstehung eines Gottesglaubens zu schließen, überstrapaziert die Befunde bei weitem.

Culotta (2009) zitiert auch kritische Stimmen. Demnach seien die Modelle weit davon entfernt, die komplexen Systeme von Gottheiten und Ritualen zu erklären, die Religion ausmachen, selbst wenn mehr Daten vorliegen werden. Und die Erklärung, dass religiöses Verhalten durch Anpassung erklärt werden könne, weil es Solidarität innerhalb der Gruppe fördere, sei fraglich, so Pascal Boyer von der Washington University in St. Louis, da der Nachweis fehle, dass die Menschen den religiösen Forderungen auch nachkommen würden.

Quellen

Culotta E (2009) On the origin of religion. *Science* 326, 784-787.

Desmond S & Moore J (1991) Darwin. München.

Spaemann R & Löw R (1981) Die Frage Wozu? Geschichte und Wiederentdeckung des teleologischen Denkens. München.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n138.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.07.09 Neue Texte zum Alter der Menschheit

Nach evolutionstheoretischen Vorstellungen beginnt die Geschichte der Menschheit bereits vor mindestens zwei Millionen Jahren. Diese Ansicht basiert hauptsächlich auf radiometrischen Datierungen. Doch es gibt andere Daten, die sehr deutlich auf ein sehr viel geringes Alter hinweisen, ja sogar nur dann schlüssig verstanden werden können, wenn die Menschheit nur höchstens etwa 10.000 Jahre alt ist. In zwei neuen Texten werden diese Argumente vorgestellt und die wichtigsten Gegenargumente überblicksartig diskutiert.

Aus demographischer Sicht (Bevölkerungsentwicklung) wirft ein hohes Alter der Menschheit eine folgende ungelöste Frage auf: Wie kommt es, dass die Erdbevölkerung über fast die ganze Zeit ihrer Geschichte fast nicht gewachsen ist? Im Artikel Daten zum Bevölkerungswachstum, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43661&Sprache=de&l=1> wird gezeigt, dass die bekannten Daten zur Bevölkerungsentwicklung im Widerspruch zu einem Menschheitsalter von etwa zwei Millionen Jahren stehen. Das aus der biblischen Urgeschichte resultierende geringe Menschheitsalter von maximal 10.000 Jahren passt zu den Daten über die Bevölkerungsentwicklung viel besser. Diese Schlussfolgerung kann gegen alle Kritikpunkte erfolgreich verteidigt werden.

Im zweiten Artikel Steinwerkzeugmengen und Besiedlungsspuren, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43662&Sprache=de&l=1> geht es um die Fundmengen von Steinwerkzeugen. Auch diese stehen nicht im Einklang mit einem hohen Menschheitsalter. Das gilt auch für Erkenntnisse, die man aus anderen Besiedlungsspuren gewinnen kann. Wenn die Altsteinzeit wirklich zwei Millionen Jahre lang gedauert hätte, müssten die umherstreifenden Wildbeuter eine gewaltige Menge archäologisch auffindbarer Überreste hinterlassen haben. Nach intensiver Forschung kann die Anzahl der produzierten Steinwerkzeuge verlässlich abgeschätzt werden. Es zeigt sich, dass viel zu wenige vorhanden sind und dass ihre Anzahl viel besser zu einem Menschheitsalter von nur maximal etwa 10.000 Jahren passt.

Genauere und detaillierte Begründungen für die in diesen beiden Artikeln zusammengestellten Argumente und weiterführende Informationen bietet das Buch „Wie alt ist die Menschheit?“ von Michael Brandt (<https://www.wort-und-wissen.org/produkt/vergessene-archaeologie/>), das jüngst in dritter Auflage erschienen ist.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n133.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.06.09 Ein Fund der „alles ändert“?

Was hat „Tante Ida“ mit dem Menschen zu tun?

Als „sensationeller Fund, nach dem die Wissenschaft von der Entstehung des Menschen neu überdacht werden muss“, als langgesuchtes Bindeglied, als „Meilenstein“, gar als „achtes Weltwunder“¹ wurde ein Fossil bezeichnet, das kürzlich der Öffentlichkeit vorgestellt wurde.² *Darwinius masillae*, auf 47 Millionen Jahre datiert und etwas eingängiger auf „Ida“ getauft, machte in den letzten Wochen enorm viel von sich reden. Das Fossil schmückte sogar einen Tag lang das Google-Logo. Es handelt sich um ein weibliches Jungtier, das vom Kopf bis zur Spitze des langen Schwanzes 58 Zentimeter misst und wegen seines schlanken Körperbaus und dem langen Schwanz den Lemuren ähnelt. Lemuren sind Halbaffen, die auf Madagaskar leben. Ida fehlen aber die charakteristischen vorstehenden Schneidezähne, die als Kamm der Fellpflege dienen, und die „Putzkralle“ am zweiten Zeh. Das ist ein besonders gestalteter Zeigefinger, der typisch für diese Halbaffen ist. Andere Merkmale weisen in Richtung der Entwicklung des Menschen, so der Sprunggelenksknochen. Ein großer, den übrigen Fingern gegenüberstehender Daumen weist darauf hin, dass das Tier gut greifen und klettern konnte und vermutlich auf Bäumen lebte.³



Abb. 1: Fossil von *Darwinius masillae*, alias „Ida“. (Wikimedia: Von Jens L. Franzen, Philip D. Gingerich, Jörg Habersetzer1, Jørn H. Hurum, Wighart von Koenigswald, B. Holly Smith - <http://www.plosone.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.pone.0005723;jsessionid=E8154D7406947B36A39470C790A4F08C>, CC BY-SA 2.5)

Der Enthusiasmus ist in einer Hinsicht auf jeden Fall berechtigt: Es handelt sich um ein außerordentlich gut erhaltenes Fossil und um den am besten erhaltenen Primaten, der jemals als Fossil gefunden wurde. Neben 95 % des Skeletts sind auch Körperumrisse und der

Mageninhalt erhalten. Wirklich fantastisch.⁴ Dabei schlummerte das kostbare Stück ein Vierteljahrhundert lang bei einem Privatsammler in der Schublade, ehe es von Wissenschaftlern einer Forschergruppe um Jörn Hurum von der Universität Oslo gekauft und zwei Jahre lang untersucht wurde. Entdeckt wurde es in der berühmten Fossilagerstätte Messel, einer Ölschiefergrube bei Darmstadt. Aber wegen der hervorragenden Erhaltung alleine hätte man die Veröffentlichung dieses Fundes sicher nicht in diesem Ausmaß in der Presse inszeniert. Viel wichtiger ist die Einschätzung als „der bei weitem älteste Vorfahre von uns Menschen“ (ZDF, Terra X).

Kritik. Doch die wissenschaftliche Diskussion über „Ida“ hat gerade erst begonnen. Jens L. Franzen, einer der Bearbeiter, gab in einem Radiobeitrag zu Protokoll, dass es noch Diskussionen und verschiedene Meinungen zur Einordnung des Fossils geben werde. Das Wissenschaftsmagazin *Science* zitierte in einem Internetartikel den Paläontologen Elwyn Simons: „Es ist ein außerordentlich gut erhaltenes, wundervolles Exemplar, aber es erzählt uns nicht viel mehr, als wir schon wussten.“⁵ Manche Forscher tendieren dazu, das Tier als einen indirekten Verwandten des Menschen zu interpretieren. Nach Franzen wäre „Ida“ zwar „nicht unsere Ur-Ur-Ur-Großmutter, aber vielleicht unsere Ur-Ur-Ur-Großtante“.⁶

Chris Beard vom Carnegie Museum of Natural History sieht den Fund noch kritischer⁷: Ida sei kein missing link, jedenfalls nicht zwischen menschenähnlichen (anthropoiden) Formen und primitiveren Primaten. Weitere Studien müssten zeigen, ob es zwischen anderen Mitgliedern der Adapiformes aus dem Eozän vermittelt, aber das würde kaum den Status als achtetes Weltwunder rechtfertigen. Ähnlich kritisch äußert sich auch Callum Ross, Paläontologe der University of Chicago.⁸

Die Adapiformes bilden eine Linie, die nach evolutionstheoretischen Vorstellungen zu den heutigen Lemuren führt. Idas Merkmale passen gut zu dieser Gruppe.⁹ Um in einer Verbindung zu anthropoiden Formen stehen zu können, müsste Ida entsprechende Merkmale besitzen; hierin scheiterte Ida „kläglich“. Im Stammbaum nimmt das Fossil daher eine Position ein, die deutlich von der Linie abgesetzt ist, die zum Menschen führen soll.¹⁰

Kritisch angemerkt wird auch, dass Hurum und sein Team nur 30 bis 40 statt der üblichen 200 bis 400 Merkmale des Fossils mit denen anderer Funde verglichen hätten; außerdem fehlten wichtige Arten in diesem Vergleich. Die gut ins Bild passenden Rosinen seien herausgepickt worden, Hinweise auf Fossilienanalysen der vergangenen Jahre würden fehlen.¹¹ Außerdem seien in der Originalarbeit die letzten 15 Jahre der Forschung nicht berücksichtigt worden.

In einem neueren kritischen *Science*-Artikel merkt auch Gibbons an, dass viele führende Wissenschaftler, die sich mit der Evolution der Primaten befassen, Ida nicht als Vorfahren des Menschen, sondern als Verwandte der Lemuren ansehen; das Skelett liefere wenig neue Information über alte Primaten, noch weniger über den Ursprung des Menschen. Einige befürchten, dass der Pressewirbel um Ida nach hinten losgehen werde, wenn die wahre Identität von Ida offenbar würde und dass Glaubwürdigkeit verloren gehe.¹²

Vermarktung. Die Veröffentlichung des Fossils wurde ungewöhnlich reißerisch vermarktet. Seltsam mutet an, dass nach Angaben der *New York Times* in den USA die Entdeckung von Ida in TV-Clips mit dem Slogan „This changes everything“ angekündigt wurde.¹³ Wie kann dieser Fund „alles ändern“, wenn er angeblich die Evolution des Menschen bestätigt, die doch schon längst bewiesen sein soll? Der Bearbeiter Hurum verteidigte den Aufwand mit den Worten: „Jede Popgruppe tut dasselbe. Jeder Sportler macht das. Wir müssen beginnen, in der Wissenschaft auch so zu denken.“¹⁴ **Angesichts der tatsächlichen Bedeutung des Fossils**

kann man sich nicht des Eindrucks erwehren, dass das breite Publikum bei jeder sich bietenden Gelegenheit auf Evolution eingeschworen werden soll. In der Originalarbeit¹⁵ ist jedenfalls von „missing link“ oder „revolutionär“ nirgends die Rede. Der Kontrast zwischen der marktschreierischen Präsentation in der Öffentlichkeit und der tatsächlichen Bedeutung des Fossils gemäß den Einschätzungen der Wissenschaftler ist nicht zu übersehen.

Anmerkungen

¹ "Für mich ist dieses Fossil das achte Weltwunder, so was hat die Welt noch nicht gesehen", sagt Dr. Jens Franzen, ein führender Paläontologe und ausgewiesener Spezialist für Fossilien vom Senckenbergmuseum Frankfurt. (ZDF, Terra X)

² „Uraffen-Fossil löst medialen Wirbel aus!“ (<http://science.orf.at/science/news/155791>): „Mehrere Fernsehsender griffen zu und warfen eine gewaltige Werbemaschinerie an.“

³ Franzen JL, Gingerich PD, Habersetzer J, Hurum JH, von Koenigswald W, et al. (2009) Complete Primate Skeleton from the Middle Eocene of Messel in Germany: Morphology and Paleobiology. PLoS ONE 4(5): e5723. doi:10.1371/journal.pone.0005723

⁴ Viele Bilder gibt es im frei zugänglichen Originalartikel (s. Anm. 3), oder auch unter der Internetadresse von Anm. 11

⁵ nach <http://www.welt.de/wissenschaft/evolution/article3779751/Ida-und-die-ganz-grosse-Show-um-den-missing-link.html>

⁶ <http://www.welt.de/die-welt/article3771505/Wissenschaft.html>

⁷ <http://www.newscientist.com/article/dn17173-why-ida-fossil-is-not-the-missing-link.html?full=true&print=true>

⁸ Gibbons A (2009) „Revolutionary“ Fossil Fails to Dazzle Paleontologists. *ScienceNOW* Daily News, 19 May 2009, <http://sciencenow.sciencemag.org/cgi/content/full/2009/519/1>

⁹ „Like all adapiforms, Ida lacked a ‚toothcomb‘ at the front of her lower jaw – a structure that living lemurs use for grooming fur. Ida also lacked a ‚grooming claw‘ on her second toe, another difference from living lemurs. Otherwise, Ida's overall proportions and anatomy resemble that of a lemur, and the same is true for other adapiform primates.“

¹⁰ siehe Abbildung unter http://www.newscientist.com/data/images/ns/cms/dn17173/dn17173-1_500.jpg

¹¹ Gibbons (2009) (s. Anm. 8); vgl. <http://www.br-online.de/bayern2/iq-wissenschaft-und-forschung/fossil-vorfahre-mensch-ID1242807873161.xml?requestid=747968>

¹² Gibbons A (2009) Celebrity Fossil Primate: Missing Link or Weak Link? *Science* 324, 1124-1125.

¹³ <http://www.stern.de/wissenschaft/mensch/:Uraffen-Fossil-Ida-Kritik-Sensationsfund/701371.html>

¹⁴ s. Anm. 13; in *Science* (Anm. 12) wird Hurum wie folgt zitiert: „It’s hard to discuss haplorrhine and strepsirrhines in a press release. You need to link it with us.“

¹⁵ siehe Anm. 3

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n130.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.05.08 Neuer Artikel „Stufen des Menschen?“

Die Fossilgeschichte des Menschen wird in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (siehe <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>) relativ ausführlich behandelt. Auf dessen Grundlage war bereits voriges Jahr eine Überblicks-Artikel über die *Australopithecus*-Artigen in *Genesisnet* veröffentlicht worden („Australopithecinen („Südaffen“) und andere Menschenaffenartigen-Fossilien“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43622&Sprache=de&l=1>). In dieser Gruppe werden evolutionstheoretisch meist die Vorfahren des Menschen gesucht. Mittlerweile liegt mit dem Artikel „Stufen des Menschen?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43623&Sprache=de&l=1> auch eine Zusammenfassung über die Gattung *Homo* (Mensch) vor. In die Gattung *Homo* werden nur Formen gestellt, bei denen es sich eindeutig um Menschen handelt. Evolutionstheoretisch ist zu erwarten, dass es unterschiedliche Stufen des Menschseins gibt und dass dies durch Fossilfunde dokumentiert wird. Es sind zwar tatsächlich verschiedene Menschenformen fossil bekannt, aber zweifelsfreie Nachweise für primitive Menschen-Vorstufen gibt es nicht. Unterschiede erklären sich wahrscheinlich teilweise durch verschiedene Umweltbedingungen und sind Ausdruck der Polyvalenz (Vielgestaltigkeit) des Grundtyps Mensch (zur Polyvalenz siehe Artikel „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Der Mensch ist nur als geistig-kulturell voll entwickeltes Geschöpf bekannt. Die wichtigsten Argumente sind im Artikel „Stufen des Menschen?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43623&Sprache=de&l=1> zusammengestellt. Zur genaueren Argumentation wird auf das oben genannte kritische Lehrbuch sowie auf Monographien der Reihe „Studium Integrale“ und entsprechende Artikel in „Studium Integrale Journal“ verwiesen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n113.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.03.08 Wissenschaft oder Paläophantasie?

Unterschiedliche Ansichten zur Entwicklung des menschlichen Gehirns

Der bekannte Evolutionsbiologe Richard Lewontin (Harvard University) hat auf der Jahrestagung der AAAS (American Association for the Advancement of Science; 14.-18. 2. 2008 in Boston) das Auditorium mit seinen Ausführungen unter dem Titel „*Warum wir nichts über die Entwicklung der kognitiven Fähigkeiten wissen*“ herausgefordert und provoziert. Unter anderem führte Lewontin aus: Uns fehlt der Fossilbericht über die kognitiven (= Erkenntnis und Denken betreffend) Fähigkeiten des Menschen, deshalb erfinden wir Geschichten. Aus seiner Sicht erlaubt die Interpretation der Fossilien keine zuverlässige Rekonstruktion der Entwicklung des menschlichen Gehirns. Außerdem warnt er davor, von der Größe fossiler hominider (= menschenartiger) Gehirnkapseln (Cranium) auf die kognitiven Fähigkeiten der Lebewesen zu schließen.

Diese ernüchternden Einschätzungen blieben auf der Tagung nicht unwidersprochen und so führt Balter (2008) in seinem Bericht von der Tagung in der Wissenschaftszeitschrift *Science* weitere Sprecher an, die sich zu diesem Thema äußerten und kontrovers darüber diskutierten.

Der Anthropologe Dean Falk (Florida State University, Tallahassee) führte Ergebnisse aus der vergleichenden Psychologie, Genetik, Neuroimaging und Paläoanthropologie an, die Beiträge zur Evolution menschlichen Erkenntnisvermögens leisten.

Christopher Welsh, Genetiker (Harvard Medical School) geht davon aus, dass Einsichten in die genetische Steuerung der Gehirnentwicklung beim modernen Menschen dazu beitragen können, die Entwicklungsgeschichte des menschlichen Gehirns besser zu verstehen. So könnten Veränderungen am Gen ASPM, das bei der embryonalen Entwicklung von Nervenzellen beteiligt ist, aufgrund entsprechender Selektionsprozesse einen Mechanismus zur dramatischen Vergrößerung des Cortex im Verlauf der Evolution der Hominiden liefern. Aus der Sicht der New Yorker Anthropologin Leslie Aiello stellen Fossilbericht und archäologische Befunde gute Hinweise auf die Hauptphasen menschlicher Evolution bereit. Diese dokumentierten die Trennung der Entwicklungslinien zwischen Schimpanse und Mensch oder die Erfindung von Steinwerkzeugen vor ca. 2,5 Millionen Jahren. Außerdem machte sie darauf aufmerksam, dass Modelle über Paläoklimata evolutionäre Ereignisse mit Veränderungen in der Umwelt in einen sinnvollen Zusammenhang bringen.

Marc Hauser (Psychologe, Harvard University) wies hin auf den Unterschied in der kognitiven Leistungsfähigkeit zwischen Mensch und anderen „smart species“, womit er Tiere wie Schimpansen, Elefanten und Delphine bezeichnete. **Aus seiner Sicht ist dieser Unterschied größer als derjenige zwischen diesen Tieren und Würmern.** Er vergleicht die zweifellos oft erstaunlichen Fähigkeiten von Tieren z. B. beim Lösen von spezifischen Problemstellungen mit einer sog. „*Laserstrahl-Intelligenz*“ und stellt sie der menschlichen „*Flutlicht-Intelligenz*“ gegenüber. Menschen können nach Hauser Problemlösungen im Gegensatz zu Tieren auch auf viele neue Problemstellungen übertragen; der Werkzeuggebrauch bei Tieren unterscheidet sich deutlich von entsprechenden Handlungen von Menschen. Hauser erhofft sich von den Untersuchungen solcher Unterschiede wichtige Hinweise auf die Evolution unserer Art.

Als Titel seines Berichts über diese Vorträge und Diskussionen bei der diesjährigen AAAS-Jahrestagung verwendet Balter (2008) eine interessante Formulierung: „**How Human Intelligence evolved – Is it Science or Paleofantasy?**“ Mit dem Begriff „Paläophantasie“

nimmt er einen Begriff auf, der von Leslie Aiello in einer Reaktion auf Lewontin verwendet worden ist. Letzterer ist bereits in der Vergangenheit durch unorthodoxe Äußerungen und Ideen – z.T. gemeinsam mit Stephen Jay Gould – aufgefallen. Richard Lewontin hat mit seinen provokativen Thesen den Wissenschaften einen wichtigen Dienst erwiesen, indem er auf die Gefahr hingewiesen hat, dass Interpretationen von Daten übertrieben und gesicherter dargestellt und auch übernommen werden als sie sind. Jedenfalls schafft dieser Bericht von den kontroversen Diskussionen auf der AAAS-Tagung Freiraum für verschiedene Denkansätze und weitere innovative Impulse. Darin hebt er sich wohltuend ab von Darstellungen, wie die von Morell & Musi (2008) in der jüngsten Ausgabe von *National Geographic Deutschland*, in welcher der Eindruck erweckt wird, dass der Unterschied in der kognitiven Leistungsfähigkeit zwischen Menschen und Tieren nach neueren wissenschaftlichen Erkenntnissen zunehmend marginalisiert (= an den Rand gedrängt, unbedeutend gemacht) sei. Gerade beim Versuch, Ursprungsfragen zu klären, wird es wichtig bleiben, der Versuchung, Paläophantasien zu etablieren, zu widerstehen und Wissenschaft zu treiben – auch indem man deren Grenzen (be-)achtet.

Literatur

Balter M (2008) How human intelligence evolved – is it science or paleofantasy? *Science* 319, 1028.

Morell V & Musi VJ (2008) Können Tiere denken? *National Geographic Deutschland* 3/2008, S. 44-69.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n107.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.10.07 Mensch und Schimpanse noch weiter auseinander

Vergleichende Genomik: zunehmend größerer Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse

Der genetische Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse erweist sich durch weitere Untersuchungen entgegen ursprünglichen Annahmen als zunehmend größer. Die häufig zitierte Differenz zwischen den beiden Primatengenomen von ca. 1 % wird mehr und mehr durch neue Befunde in Frage gestellt. In einem Newsbeitrag hatten wir bereits darüber berichtet (Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1 %-Mythos“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=87>). In einer Analyse der Genome von Rhesusaffe (*Macaca mulatta*), Hund (*Canis familiaris*), Ratte (*Rattus norvegicus*), Maus (*Mus musculus*), Schimpanse (*Pan troglodytes*) und Mensch (*Homo sapiens*) untersuchten Hahn et al. (2007) Datensätze mit 119.746 Genen aus 9.900 Genfamilien aus allen 6 Arten. Alle Genome sind nach dem sogenannten „Schrotschuss-Verfahren“ (nach C. Venter) mindestens 6-fach sequenziert und mindestens zu 96 % untersucht worden. Hahn und Mitarbeiter zeigen, dass (unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen) die Geschwindigkeit von Genverlusten und -gewinnen in der Linie der Primaten zunimmt, besonders bei den Großaffen. In verschiedenen Genfamilien ist die Änderung der Kopienzahl von Genen auffällig groß, die Autoren sehen darin den Einfluss natürlicher Selektion. Die Autoren folgern aus den Untersuchungen, dass im Genom des Menschen (seit seiner vermuteten Abspaltung von der Schimpansenlinie vor 5-6 Millionen Jahren) 678 Gene dazugekommen sind, während im Schimpansen-Genom* 740 Gene verloren wurden. **Dies bedeutet, dass sich für 6,4 % (1.418 von 22.000) aller menschlichen Gene keine direkt vergleichbaren (orthologen) Gegenstücke im Schimpansen-Genom* finden lassen.** Es bleibt spannend zu verfolgen, ob sich dieser Trend im genetischen Unterschied mit wachsenden Kenntnissen fortsetzt. Viel bedeutsamer ist jedoch, die Zusammenhänge und Bedeutungen der im Genom niedergelegten Information zu verstehen. Die großen Unterschiede implizieren zudem ernsthafte Fragen nach den Mechanismen der Veränderungen und auch nach deren Triebfeder.

*Genom = komplettes Erbgut

Quellen:

Hahn MW, Demuth JP & Han S-G (2007) Accelerated rate of gene gain and loss in primates. *Genetics* (published ahead of print, published on 18. October, 2007 as 10.1534/genetics.107.080077)

Dolgin E (2007) Evolutionary sprint made us human. (23.10.2007; <http://sciencenow.sciencemag.org/cgi/content/full/2007/1023/2>)

Autor dieser News: Harald Binder

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n98.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.07.07 Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1 %-Mythos“

Die Flut von DNA-Sequenzdaten nimmt zu und die Vielzahl von Publikationen über genetische Analysen ist unüberschaubar. Diese Entwicklung darf jedoch nicht darüber hinwegtäuschen, dass wir uns erst im Vorfeld eines Verständnisses von der Organisation genetischer Information und deren Bedeutung für einen Organismus befinden. Das wurde nicht zuletzt durch die jüngste Veröffentlichung des ENCODE¹-Project-Consortiums deutlich. Darin legen Mitarbeiter aus 35 kooperierenden Arbeitsgruppen die bisher umfangreichsten Untersuchungen von ca. 30 Mb (Megabasen, Millionen Basen) des menschlichen Genoms (= Erbguts) vor (dies entspricht etwa 1 % des gesamten Erbguts). Diese Resultate eröffnen neue Einsichten, u. a.: Das menschliche Genom wird fast durchgängig transkribiert, d.h. die allermeisten Basen werden in RNA umgeschrieben; „nicht codierende“ Abschnitte wurden identifiziert, die entgegen bisherigen Annahmen ebenfalls transkribiert werden. Für zahlreiche Sequenzabschnitte, die bisher als funktionslos angesehen wurden, konnten regulatorische Eigenschaften aufgezeigt werden. Mit anderen Worten: **Der seit Beginn der Sequenzierungsaktivitäten häufig verwendete Begriff „junk-DNA“ („DNA-Müll“, womit man einen erheblichen Anteil z. B. des menschlichen Genoms bezeichnete, der ohne Funktion zu sein schien) war voreilig und kann als Hinweis auf unsere Unwissenheit aufgefasst werden.** Damit ist auch ein häufig angeführtes Argument gegen „Intelligent Design“ hinfällig geworden, wonach funktionsloses Design gegen Schöpfung spreche. Die ausgesprochen populäre Evolutionsdeutung von unverstandener DNA als „evolutionärer Müll“ erweist sich zunehmend als irreführend. Glücklicherweise hat sich die empirische biologische Forschung von dieser evolutionären Spekulation nicht beeindrucken lassen und ist dabei, den Irrtum aufzuklären.

1 % Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse? Ähnlich wie der Begriff vom „DNA-Müll“ hat sich auch die vermeintliche Tatsache von der weitgehenden Übereinstimmung zwischen dem Genom des Menschen (*Homo sapiens*) und des Schimpansen (*Pan troglodytes*) im Allgemeinwissen eingenistet; der genetische Unterschied soll gerade mal 1 % betragen.

Die Behauptung der ca. 99 %-igen Übereinstimmung der Genome von Mensch und Schimpanse wurde erstmals von Wilson & King (1975) in einem *Science*-Artikel aufgestellt. Damals erregte dieser erstaunlich geringe Unterschied Aufsehen. Bei aufmerksamer Lektüre der Veröffentlichung von Wilson & King fällt jedoch auf, dass die beiden Autoren vermuten, neben den Genen (bekannte codierende Sequenzabschnitte) müssen weitergehende Differenzen vorliegen, die ursächlich für die auffälligen Unterschiede z. B. in Anatomie und Verhalten sind. Sie dachten dabei vor allem an genregulatorische Prozesse.

Nachfolgende Untersuchungen unterstützten die weitgehende genetische Übereinstimmung der beiden Primaten. Als 2005 vom *Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium* die Sequenz des Schimpansengenoms veröffentlicht wurde (King war im Autorenteam), bestätigten diese Untersuchungen die auffällige Übereinstimmung: der Vergleich von $2,4 \cdot 10^9$ Basen der beiden Arten ergab eine Differenz von 1,23 %. In der Publikation wurde jedoch ebenfalls vermerkt, dass diese Angabe ausschließlich den Austausch einzelner Basen berücksichtigt, nicht jedoch die vielen größeren Genomabschnitte, die eingefügt (Insertion) bzw. herausgeschnitten (Deletion) worden sind. Diese Bereiche werden häufig als „indels“ bezeichnet. Berücksichtigt man diese „indels“, so ergibt sich nach Berechnungen des Schimpansen-Konsortiums eine Differenz von zusätzlich 3 %. Weitere vergleichende Untersuchungen zwischen dem menschlichen Erbgut und dem Schimpansengenom

relativierten die Angabe von ca. 1 % Unterschied zunehmend und **veranlassten Cohen (2007), in einem *Science*-Artikel vom „Mythos“ dieses 1 %-igen Unterschieds zu sprechen.**

Doch nicht nur „indels“ vergrößern den Unterschied zwischen den beiden Genomen. Auch ganze Gene werden dupliziert oder werden eliminiert. Diese Vorgänge verursachen nach Berechnungen von Hahn und Mitarbeitern (2006) einen Unterschied von 6,4 %. Nach Ansicht der Autoren spielten Genduplikationen (= Gen-Verdoppelungen) und Genverluste bei der Entwicklung von spezifisch menschlichen Phänotypen (= äußere Gestalt) eine größere Rolle als der Austausch von Basen und ganz sicher eine größere Rolle, als man bisher geschätzt hat.

Geschwind hat gemeinsam mit Mitarbeitern untersucht, welche von 4000 Genen in bestimmten Arealen des Gehirns gleichzeitig angeschaltet (exprimiert) werden und aus den gewonnenen Daten ein Gen-Netzwerk für verschiedene Organismen konstruiert. Die Autoren berichten, dass im Cortex beim Menschen 17,4 % der Vernetzungen spezifisch sind und beim Schimpansen nicht auftreten (Geschwind et al. 2006).

Abschließend zitiert Cohen Svante Pääbo vom Max-Planck-Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig; dieser antwortete auf die Frage, ob man unter Berücksichtigung aller bekannten Daten den Unterscheid zwischen Mensch und Schimpanse genau beziffern könne, folgendermaßen: Er glaube nicht, dass es eine Möglichkeit gebe, eine Zahl zu berechnen. Weiter wird Pääbo mit der Aussage zitiert: „In the end, it’s a political and social and cultural thing about how we see our differences.“ Dem ist eigentlich nichts hinzuzufügen außer vielleicht der Wunsch, dass sich diese Einsicht ähnlich rasch und nachhaltig in das Allgemeinwissen eingräbt wie die noch viel zu häufig und unreflektiert erwähnten 1 %-Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse. Wir wissen inzwischen mehr!

¹ ENCODE: **ENC**yclopedia **Of** **DNA** **E**lements

Literatur

Cohen J (2007) Relative differences: the myth of 1 %. *Science* 316, 1836.

Demuth JP, Bie TD, Stajich JE, Christianini N & Hahn MW (2006) Evolution of mammalian gene families. *PLoS ONE* 1(1): e85, doi:10.1371.

King MC & Wilson AC (1975) Evolution at two levels in human and chimpanzees. *Science* 188, 107-116.

Oldham MC, Horwath S & Geschwind DH (2006) Conservation and evolution of gene coexpression networks in human and chimpanzee brains. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 103, 17973-17978.

The Chimpanzee Sequencing and Analysis Consortium (2005) Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. *Nature* 437, 69-87.

The ENCODE Project Consortium (2007) Identification and analysis of functional elements in 1 % of the human genome by the ENCODE pilot project. *Nature* 447, 799-816.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n87.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.06.07 Neue Texte über „Urmenschen“ und „Urvögel“

Wichtige Indizien zur Erhellung der Herkunft des Menschen sind zweifellos Fossilien, das sind konservierte Überreste von früheren Lebewesen in Form von Versteinerungen, Abdrücken u. a. (vgl. Was ist Paläontologie?, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42821&Sprache=de&l=1>). Von Menschen und Menschenaffen sind zahlreiche Fossilien bekannt. Indizien für eine Vorfahrenstellung zum Menschen können vor allem der Fortbewegung, der Gehirngröße und -struktur, dem Gebiss und der Fähigkeit zur Werkzeugherstellung bzw. ihren Entsprechungen im Körperbau entnommen werden.

Die ausgestorbene Menschenaffengattung *Australopithecus* und einige ähnliche Gattungen (als „Australomorphe“ zusammengefasst) werden evolutionstheoretisch als mögliche Vorfahren des Menschen diskutiert. Alle diese Formen weisen jedoch Merkmale auf, die zu einer Übergangsstellung nicht passen. Das gilt auch für die erst in jüngerer Zeit entdeckten Gattungen *Orrorin*, *Kenyanthropus* und *Sahelanthropus*. Die bekannten Fossilien lassen sich nicht recht in eine widerspruchsfreie Linie zum Menschen einordnen; bei jeder Art kommen Merkmale vor, die den jeweiligen Stammbaumdarstellungen widersprechen. Dies wird im neuen Artikel „Australopithecinen („Südaffen“) und andere Menschenaffenartigen-Fossilien“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=43622&Sprache=de&l=1>) von Sigrid Hartwig-Scherer gezeigt. In diesem Artikel werden die wichtigsten Formen der Australomorphen und andere ausgestorbene Menschenaffen vorgestellt, die als mögliche Vorfahren des Menschen diskutiert werden.

In populären Darstellungen werden die Australomorphen häufig als „Urmenschen“ bezeichnet, doch diese Bezeichnung ist nicht gerechtfertigt. Die Bezeichnung „Urmensch“ ist nicht durch die Merkmale dieser Gruppe begründet, sondern resultiert aus der verbreiteten Auffassung, dass aus diesen Formen der Mensch evolutiv hervorgegangen sei.

Die Vielfalt der Australomorphen lässt sich alternativ im Sinne eines eigenen, sehr vielfältigen Grundtyps deuten (vgl. zur Grundtypenbiologie „Heutige Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>). Der Grundtyp besitzt ein Repertoire an Merkmals-Ausprägungsmöglichkeiten, das sich durch Ausbreitung und Spezialisierungen in verschiedene Richtungen „sternförmig“ entfaltet (Mikroevolution; Radiation; vgl. „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Beim Versuch, Stammbäume mit diesen vielen Formen zu entwerfen, äußert sich das in Merkmalswidersprüchen. Das heißt: Je nach Gewichtung der verschiedenen Merkmale ergeben sich unterschiedliche Stammbaum-Rekonstruktionen, und wenn man alle gleich gewichtet, resultiert daraus eine busch- oder sternförmige Darstellung.

„Urvögel“. Die heutigen Vögel sind gegenüber anderen heute lebenden Wirbeltieren deutlich abgegrenzt. Lange Zeit vermittelte fast allein der berühmte fossile „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura ein Bild davon, über welche Station ein evolutionärer Übergang von Reptilien zu Vögeln verlaufen sein könnte, denn er weist eine ausgeprägte Kombination von reptilienartigen und vogeltypischen Merkmalen auf. Der evolutive Übergang von Reptilien zu den Vögeln gilt nach der Entdeckung zahlreicher Fossilien in den letzten Jahren mittlerweile als gut belegt. Zu *Archaeopteryx* gesellen sich weitere fossile Gattungen (vor allem kleine Raubdinosaurier), die in den Übergangsbereich Reptilien – Vögel gestellt werden. Dennoch bleibt unklar, wie das besondere Vogelmerkmal der Federn und wie der Flug entstanden sind.

Aufgrund von Merkmalswidersprüchen ist auch der evolutive Übergang zu den Vögeln umstritten.

Im neuen Artikel „Entstehung der Vögel“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42844&Sprache=de&l=1>) von Reinhard Junker werden der „Urvogel“ *Archaeopteryx* und die Theropoden (zweibeinige Raubdinosaurier) als mögliche Vorfahren der Vögel vorgestellt und kritisch diskutiert. Außerdem werden Theorien zur Entstehung der Federn und des Vogelflugs vorgestellt und das Für und Wider erläutert. Folgende Ergebnisse werden präsentiert:

1. Unter den zweibeinigen theropoden Dinosauriern der Kreide gibt es zahlreiche Mosaikformen mit unterschiedlichen Vogel- und Reptilmerkmalen. Daher gelten sie als die besten Kandidaten für Vogelvorfahren.
2. Die zunehmende Vogelartigkeit einiger Formen unterstützt die evolutionstheoretische Deutung. Insgesamt sind die Merkmale bei den betreffenden Gattungen jedoch so mosaikartig verteilt, dass vielfach Konvergenzen und Reversionen (Rückentwicklungen) angenommen werden müssen, auch bei manchen Schlüsselmerkmalen.
3. Die ältesten fossilen Federn erscheinen in fertiger Form bei *Archaeopteryx*. Andere Fossilhalterungen feder- oder haarartiger Strukturen sind deutlich jünger und in ihrer Deutung umstritten. Bei manchen kreidezeitlichen Formen wird Flugverlust als wahrscheinlich betrachtet.
4. Umstritten ist, welche Selektionsdrücke den Erwerb von Federn und der Flugfähigkeit begünstigt haben könnten.
5. Sowohl in der Kreide als auch zu Beginn des Tertiärs treten zahlreiche Vogelgruppen plötzlich und mit markanten Diskontinuitäten auf.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n85.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.05.06 Alter der Menschheit: 2 Millionen oder 10.000 Jahre?

In der Kontroverse um die Evolutionstheorie ist die Zeitproblematik von grundlegender Bedeutung. Die Existenz großer Zeiträume ist eine notwendige Voraussetzung für Makroevolution. In dem kürzlich erschienenen Wort und Wissen-Buch „Wie alt ist die Menschheit?“ diskutiert Michael Brandt eine Reihe von Befunden, die völlig rätselhaft erscheinen, wenn die Menschheit (mindestens) zwei Millionen Jahre alt ist (was durch radiometrische Datierungen begründet wird). Anhand des Bevölkerungswachstums und der gefundenen Steinwerkzeugmengen zeigt der Autor, **dass selbst ein Alter von 10.000 Jahren für die Menschheit eher noch zu hoch gegriffen ist.** Kritik an dieser Schlussfolgerung wird ausführlich behandelt und entkräftet.

Die mittlerweile vorliegenden Befunde zur Geschwindigkeit des Bevölkerungswachstums und zur Menge an hinterlassenen Steinwerkzeugen werden von Brandt erstmals überblicksmäßig dargestellt. Seinen Ausführungen liegen ein umfassendes Literaturstudium und Informationen von Werkzeugsammlern zugrunde. Dass die Daten einer Millionen Jahre währenden Menschheitsgeschichte widersprechen, wird in der Fachpublikationen durchaus gesehen; es werden jedoch keine Konsequenzen daraus gezogen. Dies holt Michael Brandt in seinem Buch nach: Die zahlreichen Anomalien, die bei Zugrundelegung eines großen Alters der Menschheit auftreten, können widerspruchsfrei und schlüssig erklärt werden, wenn die Menschheitsgeschichte auf maximal 10.000 Jahre verkürzt wird.

Die Brisanz dieses Buches kann kaum überschätzt werden. Denn die vorgelegten Daten widersprechen der evolutiven Deutung der Menschheitsgeschichte massiv: Sie entziehen nämlich einem wesentlichen Teil der Evolutionsgeschichte des Menschen eine notwendige Basis: die dafür benötigten großen Zeiträume. **Gleichzeitig passen die Befunde zu einem Zeitrahmen, der durch die Überlieferung der biblischen Urgeschichte nahegelegt wird.**

Der Autor beweist mit diesem Buch nebenbei, dass das Hinterfragen etablierter Lehrmeinungen zu Wissenszuwachs und neuen Erkenntnissen führen kann. Wer dagegen die Evolution des Menschen als nicht mehr hinterfragbare Tatsache wertet, hätte Studien dieser Art niemals durchgeführt und wäre daher auch nicht auf die in diesem Buch vorgelegten Ergebnisse gestoßen. Einmal mehr erweist sich Deutungs*vielfalt* – namentlich in historischen Fragen – als Motor für die Gewinnung neuer Erkenntnisse.

Das Buch ist trotz seiner wissenschaftlichen Tiefe auch für Laien gut lesbar. Es richtet sich daher an alle an der Vorgeschichte der Menschheit Interessierten, Fachleute wie Laien. Der Leser erhält über das eigentliche Thema hinaus auch viele interessante Einblicke in die Lebensumstände der Menschen der Steinzeit.

Weitere Infos zum Buch und Link zum Bestellen: <https://www.wort-und-wissen.org/produkt-kategorie/si/>. Die Einleitung und das komplette Inhaltsverzeichnis finden sich unter <https://www.wort-und-wissen.org/produkt/wie-alt-ist-die-menschheit/>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n65.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.02.05 Filmbesprechung: „Der Fall des Affenmenschen“

Der Filmemacher Fritz Poppenberg hat einen neuen evolutionskritischen Film, diesmal zur Evolution des Menschen, vorgelegt. Das ist ungewöhnlich in einer Medienlandschaft, welche Evolutionskritiker – sofern diese überhaupt beachtet werden – auf bemerkenswert unsachliche, kenntnisarme und professionelle Weise mit Spott und Häme überzieht. Im Bonus-Material der DVD wird dieser traurige Sachverhalt anhand eines entsprechenden ZEIT-Artikels belegt. Es ist mutig und anerkennenswert, dass sich Fritz Poppenberg mit seinem Film derart pointiert außerhalb der politisch korrekten Meinung unserer Medienwelt stellt. Als Selbständiger weiß er genau, dass damit auch ein Risiko verbunden ist – schon deshalb wünsche ich dem Werk auch wirtschaftlichen Erfolg.

Aus dem Film geht das persönliche Engagement des Regisseurs hervor – er nimmt den Zuschauer mit hinein in seine eigene Entdeckungsreise. Der Film beginnt mit einem spannenden Bericht über die nahezu vergessenen Experimente sowjetischer Wissenschaftler, die unter dem Eindruck der Darwinschen Evolutionslehre Kreuzungen zwischen Schimpansen und Menschen erzeugen wollten. Ausführlich wird berichtet, mit welchen Schwierigkeiten das Filmteam bei seinen Recherchen in Afrika konfrontiert wurde und es wird deutlich, dass solche Versuche aus biologischen Gründen zum Scheitern verurteilt sind: Menschen und afrikanische Großaffen sind in ihren Grundbauplänen zu unterschiedlich.

Im zweiten Teil stellt der Film wichtige paläontologische Funde zur Fossilgeschichte des Menschen vor. Es handelt sich um einen Hauptteil des Werkes, er ist insgesamt hervorragend gelungen. Man darf Poppenberg gratulieren, er hat komplizierte Sachverhalte durch sehr gut geschnittene Interviews, Schädelaufnahmen und Filmsequenzen spannend und klar präsentiert. Der programmatische Untertitel des Werkes „Die Evolutionstheorie kann die Herkunft des Menschen nicht erklären“ wird hier überzeugend anhand paläontologischer Daten erläutert. Dieser Teil hätte m.E. etwas ausführlicher ausfallen dürfen. Die Grafik der Hirnvolumina von Affen, Menschen und vermuteten Übergangsgliedern greift beispielsweise zu kurz, es ist wichtig, dazu die Abhängigkeit des Hirnvolumens vom Körpergewicht darzustellen, auch wenn der Unterschied zwischen Affe und Mensch dann nicht mehr so prägnant ist.

Dann wechselt der Film die Thematik in seinen dritten Teil. Es geht um die genetische Ähnlichkeit von Menschen und Menschenaffen sowie um die umstrittene Wirkung von Mutationen. Die moderne Biologie hat dazu eine gewaltige Fülle von Daten erarbeitet. Nach meiner Meinung wäre neben den evolutionskritischen Ausführungen aber auch eine kurze Würdigung der Argumente für Evolution angemessen gewesen, die man aus den verfügbaren Daten ableiten kann. Der Film endet mit einem kurzen Überblick über die „Intelligent Design“-Idee, die das Leben – im Gegensatz zur Evolutionsanschauung – auf dem Hintergrund des Planungs-Aspektes einer überlegenen Intelligenz versteht.

Als ich die DVD abspielte, gewann – neben vielen positiven Eindrücken – eine Befürchtung jedoch immer mehr an Gestalt. Würde der Zuschauer nicht einen zu einseitigen Eindruck gewinnen, wenn grausame Kreuzungsversuche, eine plumpe Fossilfälschung (Piltdown) und Fehlinterpretationen (*Ramapithecus*, Neandertaler) zu stark im Mittelpunkt stehen? Würde beim Laien am Ende der diffuse Eindruck bleiben, Evolutionsbiologen seien allesamt Fälscher, Wissenschaftszensoren oder gar inhumane Gestalten, die verwerfliche Experimente mit Afrikanerinnen und Schimpansen auf dem Gewissen hätten? Es wäre schade, sehr schade, wenn der Film so wirken würde. Ethische Entgleisungen und Fehlinterpretationen sollen weder verschwiegen noch beschönigt werden, und die im Film genannten Beispiele sind im

übrigen keineswegs erschöpfend. Solche traurigen Geschehnisse werden zurecht ihren Platz in der Geschichte der Biologie behalten (als Christ sehe ich mich leider veranlasst, in diesem Zusammenhang auch an die notvolle Geschichte der christlichen Kirchen zu erinnern). Doch hätte man dem Zuschauer nach meiner Meinung sagen müssen, dass die Mehrheit heutiger, experimentell arbeitender Evolutionsbiologen methodisch saubere und ethisch einwandfreie Arbeit leistet, durch die bedeutende wissenschaftliche Daten erhoben wurden und werden. Auch der Evolutionskritiker darf solche Leistungen anerkennen. Das schmälert die wissenschaftlichen Gegenargumente keineswegs, könnte aber zur dringend notwendigen Versachlichung der Diskussion beitragen. Ob die nachgeordnete *evolutionäre Deutung* der erhobenen Daten letztlich stichhaltig ist oder nicht, von welchen persönlichen und gesellschaftlichen Rahmenbedingungen sie beeinflusst wird, und welche Daten auf welche Weise gewichtet werden, das steht dann zur Diskussion (wer unter uns Biologen wäre nicht von seinen subjektiven weltanschaulichen Grundüberzeugungen beeinflusst, wenn er wissenschaftliche Daten in den Rahmen von Ursprungsmodellen stellt?).

Poppenbergs Film ist professionell produziert, technisch und didaktisch hervorragend aufgebaut und einfach spannend gemacht. Auch für den Laien ist er gut verständlich. So sehr ich also einerseits diesen Film begrüße und die Initiative von Fritz Poppenberg schätze, bleibt doch andererseits auch meine Befürchtung, es sei nicht alles gesagt worden, was notwendig und hilfreich gewesen wäre.

Der Film kann als VHS-Video oder als DVD bei der Studiengemeinschaft Wort und Wissen online bestellt werden:

<https://www.wort-und-wissen.org/produkt/der-fall-des-affenmenschen/>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n32.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.12.04 Film-Neuerscheinung „Der Fall des Affenmenschen“

Fritz Poppenberg, der durch seine Filme „Hat die Bibel doch recht?“ und „Gott würfelt nicht“ bekannter Filmproduzent, hat einen neuen Film zur Evolutionsthematik gedreht. Diesmal steht die Abstammung des Menschen im Mittelpunkt. Der Titel „Der Fall des Affenmenschen“ ist doppeldeutig, und diese beiden Bedeutungen greift der Film auch tatsächlich auf. Der „Fall Affenmensch“ wird aufgerollt: Aufhänger sind Berichte, wonach sowjetische Wissenschaftler versucht haben sollen, Kreuzungen zwischen Menschen und Affen durchzuführen. Poppenberg schildert seine Recherchen in dieser Sache, die dann aber zu keinem eindeutigen Ergebnis führten.

Doch das ist nur ein Aufhänger. Der Film ergeht sich nicht in Sensationsmache, sondern befasst sich mit den wichtigsten Indizien, die evolutionstheoretisch für eine Abstammung des Menschen aus dem Tierreich vorgebracht werden: Fossilfunde und Ähnlichkeiten zwischen heute lebenden Menschen und Affen. Schwerpunkt ist dabei die kritische Sichtung der fossilen Belege. Hier kommen Dr. Michael Brandt und Dr. Sigrid Hartwig-Scherer, Mitarbeiter der Studiengemeinschaft Wort und Wissen und Autoren von Fachbüchern zum Ursprung des Menschen, zu Wort. Quintessenz ihrer Darlegungen, die sie anhand von Fossilabgüssen anschaulich demonstrieren:

Die zunehmende Anzahl von Fossilfunden hat den Graben zwischen Menschenaffen und Menschen eher deutlicher hervortreten lassen als geschlossen. Auch in diesem Sinne gibt es einen „Fall des Affenmenschen“. Dieser Hauptteil des Films gibt die Diskussionslage auf verständlichem Niveau auf realistische Weise wieder.

Zum Thema „Ähnlichkeit zwischen heutigen Menschen und Affen“ kommt vor allem der Kölner Genetiker Dr. Wolf-Ekkehard Lönig zu Wort. Er weist darauf hin, dass neben manchen verblüffenden Ähnlichkeiten zwischen Menschen und Schimpansen auch deutliche Unterschiede festzustellen seien, von denen man jedoch allgemein wenig erfahre. In diesem Teil des Films klingen manche Kommentare des Produzenten so, als würden in der Wissenschaft relevante Fakten unterdrückt; das dürfte übertrieben sein; richtig ist aber, dass Daten, die auf eine große Nähe zwischen Menschen und Affen hinweisen, mehr betont werden als andere, die deutliche Unterschiede erkennen lassen, und die es eben auch gibt.

Abschließend wird kurz das Thema „Intelligent Design“ als Alternative zu evolutionären Entstehungsmechanismen angeschnitten.

Der in weiten Teilen spannende Film ist für ein Laienpublikum und Jugendliche ab 14-15 Jahren gut geeignet und empfehlenswert. Kritische Zuschauer können darauf aufmerksam gemacht werden, dass die Behauptungen dieses Films, die natürlich nur beispielhaft belegt werden können, durch entsprechende Fachliteratur abgesichert sind.

(Dazu: <http://www.wort-und-wissen.de/si/bio/gehirn.html>

<http://www.wort-und-wissen.de/si/bio/gang.html>

<http://www.wort-und-wissen.de/si/bio/ramapi.html>)

Der Film kann als VHS-Video oder als DVD bei der Studiengemeinschaft Wort und Wissen online bestellt werden:

<https://www.wort-und-wissen.org/produkt/der-fall-des-affenmenschen/>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n30.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Paläontologie: Fossilien der Erdneuzeit

03.12.21 Mammutzähne – die bisher älteste DNA identifiziert

Die Kenntnis des Erbguts eröffnet uns Zugänge zum Verständnis von Lebewesen, z. B. über ihren Stoffwechsel und auch ihre Anpassungsmöglichkeiten an sich ändernde Umweltsituationen. Dies ist von besonderem Interesse, wenn diese Organismen gegenwärtig nicht mehr beobachtbar sind und nur noch fossile Überreste zur Untersuchung zur Verfügung stehen. Die DNA von Mammuts ist hier ein gutes Beispiel, da von diesen Tieren in Permafrostböden immer wieder neue, gut erhaltene Fossilien zugänglich werden. Hier werden spektakuläre Ergebnisse aus Untersuchungen von Erbgut aus Molaren (= Backenzähne) von Mammuts vorgestellt.

Nach dem Fossilbefund tauchen die ersten Mammuts in Afrika auf; die ältesten Fossilien in Äthiopien werden dem Ende Miozän/Anfang Pliozän (ca. 5 Millionen radiometrische Jahre) zugeordnet. Dort lebte gleichzeitig eine Vielzahl von Rüsseltieren (Proboscidea) (Sanders et al. 2010). Als ausgestorbene Eiszeitriesen genießen Mammuts eine gewisse Popularität, wie sie z. B. in der Filmreihe Ice Age zum Ausdruck kommt.¹ Im auftauenden Permafrostboden Sibiriens wird seit Jahren häufiger von Funden von Überresten von Mammuts berichtet, typischerweise Skeletteile und Stoßzähne, seltener auch mit erhaltenen Weichteilen. So erregte ein 2007 von Rentierhirten aus dem Volk der Nenzen auf der Halbinsel Jamal (Nordwest Sibirien) entdecktes, erstaunlich gut erhaltenes weibliches Wollhaar-Mammutkalb (Fisher et al. 2012) öffentliches Aufsehen und befeuerte Hoffnungen, dass Mammuts wieder zum Leben erweckt und gezüchtet werden könnten.



Abb. 1: Wollhaarmammuts (*Mammuthus primigenius*): künstlerische Darstellung der Spätpleistozänen Landschaft in Nordspanien. (Wikimedia: Mauricio Antón: What Killed the Woolly Mammoth?. PLoS Biology 6 (4): e99. DOI:10.1371/journal.pbio.0060099., CC BY 2.5)

Erste Genomanalysen von Mammuts

1994 veröffentlichten zwei Forscherteams um Svante Pääbo und Erika Hagelberg erstmals DNA-Sequenzdaten aus der mitochondrialen DNA aus Überresten von Mammuts, die im Permafrostboden von Sibirien entdeckt worden waren. Miller et al. (2008) publizierten einen erheblichen Anteil der DNA-Sequenz aus dem Genom eines Wollhaar-Mammuts. Die entsprechenden Proben stammen ebenfalls aus Sibirien und ihr Alter wurde aufgrund von C14-Datierung mit 18.545 ± 70 Jahren angegeben.

Eine spannende und herausfordernde Frage für die Forschung ist, wie lange Makromoleküle, in deren Struktur die genetische Information codiert ist (chemisch betrachtet Polynukleotide), **in fossilen Überresten erhalten bleiben können**, so dass man DNA-Sequenzen aus den Fragmenten bestimmen kann. Als bisher älteste fossile DNA gilt die von Orlando et al. (2013) aus einem fossilen Pferdeknochen gewonnene DNA. Dieser war aus dem Permafrostboden im Norden Kanadas geborgen worden und wird dem Mittleren Pleistozän zugeordnet. Aufgrund der Datierung einer entsprechenden Aschenlage und weiterer Beobachtungen geben die Autoren ein Alter von 560.000 bis 780.000 Jahre an. Zur Frage der Langzeitstabilität von DNA-Molekülen in Fossilien wird typischerweise die Arbeit von Allentoft et al. (2012) zitiert. Diese Autoren hatten für ihre Arbeit aus 158 fossilen Unterschenkelknochen des ausgestorbenen Laufvogels Moa in Neuseeland aus dem mittleren und späten Holozän DNA isoliert und analysiert. Die Proben wurden jeweils mittels C14 (kalibrierte Radiokarbon-Datierung) datiert und ergaben ein C14-Alter von 620 bis 7839 Jahre. Durch Korrelation von DNA-Konservierung und C14-Alter ermittelten Allentoft et al. eine Halbwertszeit für einen DNA-Abschnitt aus der mitochondrialen DNA (mtDNA) mit 242 Basenpaaren (bp) von 521 Jahren. Das beste mit den empirischen Daten übereinstimmende Modell der Autoren sagt voraus, dass bei Lagerungstemperaturen von 5 °C ein DNA-Fragment vom 30 bp eine Halbwertszeit von 20.000 Jahren hat und dass nach 10 000 Jahren mit Erbgutfragmenten mit einer durchschnittlichen Länge von 88 bp gerechnet werden kann.

DNA aus Mammutzähnen aus Permafrostböden

Van der Valk et al. (2021) haben nun Erbgut aus Mahlzähnen (Molaren) von Mammuts beschrieben, die in Nordostsibirien gefunden worden waren. Aufgrund der Fundumstände werden sie dem frühen bis mittleren Pleistozän zugeordnet und **die Autoren geben für zwei der Zähne ein Alter von mehr als einer Million Jahre an.**

Diese Arbeit ist vor allem vor dem Hintergrund interessant, dass die vergleichende Genomanalyse als wertvolles Instrument für das Verständnis von Artbildungsprozessen etabliert ist. Nach den gängigen Vorstellungen der Entwicklung von Säugetieren und Vögeln wären dazu Genomdaten mit einem Alter von wenigstens einigen hunderttausend Jahren erforderlich.

Die von van der Valk et al. untersuchten Mammut-Molaren stammen aus der gut dokumentierten, fossilführenden Olyorian-Abfolge Nordostsibiriens. Diese ist biostratigraphisch durch Fossilien von Nagern datiert. Diese Schichten sind sowohl mit paläomagnetischen Umkehrungen als auch mit Faunenüberresten aus der östlichen Beringia verknüpft, und das Alter der Letzteren wurde radiometrisch bestimmt. Die Autoren benannten die drei Molaren nach den Fundorten: Adycha, Chukochia und Krestovka.

Hinsichtlich der Altersangaben zu den drei Molaren nennen die Autoren für Krestovka, dass die Fundschicht auf $1,2-1,1 \cdot 10^6$ radiometrische Jahre (rJ) datiert sei. Dieser Mahlzahn weist eine Morphologie auf, die derjenigen des Steppenmammuts (*Mammuthus trongontherii*) ähnlich ist. Der Fundort von Adycha ist stratigraphisch weniger eindeutig, die Autoren geben

1,2–0,5 • 10⁶ rJ an. Die Morphologie des Adycha-Molaren ähnelt der von Krestovka. Van der Valk et al. gehen aufgrund der Morphologie von einem Alter zwischen 1,2–1,0 • 10⁶ rJ aus. Bei dem Molar von Chukochia könnte es sich morphologisch um den Mahlzahn einer frühen Form des Wollhaarmammuts (*M. primigenius*) handeln. Der Fundort deutet auf ein Alter von 0,8–0,5 • 10⁶ rJ hin.

Die aus diesen Molaren isolierten und sequenzierten DNA-Fragmente wurden anhand des Erbguts des afrikanischen (*Loxodonta africana*) und des mitochondrialen Genoms des asiatischen Elefanten (*Elephas maximus*) angeordnet. Die mitochondrialen Genome konnten jeweils komplett erhalten werden, während vom Kerngenom 49 • 10⁶ bp (Krestovka) bzw. 884 • 10⁶ bp (Adycha) und 3,67 • 10⁶ bp (Chukochya) erhalten werden konnten.

Mit einem Modell einer molekularen Uhr (Bayesian molecular clock; geeicht mit C14-Daten und der Annahme, dass die Aufspaltung zwischen Afrikanischem Savannenelefant und Mammut 5,3 • 10⁶ rJ zurückliegt) mit den Sequenzdaten der mitochondrialen DNA konnten Alter für die Molaren Krestovka (1,65 • 10⁶ rJ), Adycha (1,34 • 10⁶ rJ) und Chukochia (0,87 • 10⁶ rJ) berechnet werden. Mit den Sequenzdaten der autosomalen DNA erhielten die Autoren für Adycha 1,28 • 10⁶ rJ und für Chukochya 0,62 • 10⁶ rJ. Van der Valk et al. sehen damit für die Molaren von Adycha und Chukochya die geologischen Altersangaben durch die molekularen Daten bestätigt. Die zu hohen Resultate der molekularen Uhr im Vergleich zu den geologischen Altersangaben für Krestovka könnten – so die Autoren – darin begründet sein, dass das Fossil im Verlauf seiner Lagerungsgeschichte aufgearbeitet worden ist und schließlich aus einer jüngeren geologischen Schicht geborgen wurde. Wichtig ist ihnen aber zu betonen, dass mit allen Methoden ein Alter von mehr als einer Million Jahre gefunden wurde.

Interpretation der Genomdaten

Im anderen Schwerpunkt der Arbeit richten van der Valk et al. (2021) ihr Augenmerk auf die stammesgeschichtliche (phylogenetische) Interpretation der erhaltenen Sequenzdaten. **Die drei beschriebenen Genome** (hier die DNA-Sequenzen der autosomalen DNA, also der Chromosomen mit Ausnahme der Geschlechtschromosomen) **fallen aus dem Verteilungsbereich aller bekannten eurasischen Mammuts heraus.** Die Tiere, deren Molaren in Adycha und Chukochya gefunden wurden, könnten einer Population angehört haben, aus denen die Wollhaar-Mammuts des späten Pleistozäns hervorgegangen sind. Das Prärie- oder Kolumbianische Mammut (*M. columbi*) erscheint aufgrund seiner Genomsequenz als ein möglicher Hybrid zwischen den Linien, zu denen Adycha und Chukochya gehörten (ca. 60 %) und einer davon unabhängigen, zu der Krestova gehörte (ca. 40 %).

Die Autoren suchten in den Sequenzdaten der früh- und mittelpleistozänen Mammutgenomen durch Vergleich mit spätpleistozänen Mammutgenomen nach Hinweisen auf Anpassungen an Änderungen im Ökosystem der Tiere, wie z. B. Kältetoleranz. Sie fanden, dass die genetischen Veränderungen, die zu Änderungen der Aminosäureabfolge in den Proteinen führen und damit veränderte Funktionen ermöglichen, zum weit überwiegenden Teil (85,2% und 88,7%) bereits in den ältesten Genomen vorlagen. Es scheint also, dass im Genom die Möglichkeiten zur Nutzung von Funktionen für veränderte Lebensräume in den Tieren bereits zu einer Zeit vorgelegen haben, als die Notwendigkeit zur Anpassung noch gar nicht vorhanden war. Die Anpassungsmöglichkeit war also genetisch bereits angelegt. Dieser Befund passt durchaus zu der Vorstellung, dass Flexibilität von Lebewesen, die es ihnen erlaubt sich auf veränderte Lebensbedingungen einzustellen, sehr früh optional angelegt ist. Dies könnte z. B. bei der Erschaffung dieser Tiere erfolgt sein.

Zusammenfassend zeigen van der Valk et al. (2021) in ihrer Studie, dass DNA-Sequenzen aus Fossilien überraschende Zusammenhänge aufzeigen können. So konnten sie durch Vergleich mit dem Erbgut jüngerer Mammuts aus dem Spätpleistozän und heute lebenden Elefanten Neues über deren mögliche verwandtschaftliche Beziehungen aufzeigen. Das Bemühen der Autoren, die Altersangaben der fossilen Molaren von mehr als einer Million Jahre gut abzusichern, zeigt allerdings auch, dass die angewandten Methoden nicht unabhängig voneinander sind, da alle letztlich auf radiometrische Zeitskalen bezogen sind (s. dazu auch Kotulla 2019). Wenn die Autoren feststellen, dass die isolierte DNA aus Fossilien des frühen und mittleren Pleistozäns im Vergleich zu solchen aus dem Spätpleistozän sehr viel stärker fragmentiert sind, so ist das ein deutlicher Hinweis, dass in den genannten Zeiträumen auch unter Bedingungen des Permafrosts der Zerfall des Erbguts feststellbar ist. Damit stellt sich die Frage, wie zuverlässig die durch radiometrische Datierung bestimmten Zeiträume wirklich sind. Auch wenn die Zahl der Arbeiten steigt, in denen genetische Information aus Fossilien präsentiert wird, so **besteht nach wie vor eine gewisse Spannung zwischen dem empirischen Befund über die begrenzte chemische Stabilität von DNA und den dort präsentierten Altern der Fossilien.** Letztere werden – auch dort wo unterschiedliche Methoden angewendet werden – letztlich immer von radiometrischen Messungen abgeleitet, die bisher nicht unabhängig davon validiert werden können.

Anmerkung

¹ Dies wird auch durch die Arbeit von Wooller et al. (2021) dokumentiert, in der anhand von Isotopen-Messungen im Stoßzahn eines Wollhaar-Mammutweibchens dessen Bewegungsmuster vor 17 000 rJ rekonstruiert worden ist.

Literatur

Callaway E (2021) Mammoth genomes shatter record for oldest ancient DNA. *Nature* 590, 537–538.

Fisher DC, Tikhonov AN, Kosintsev PA, Rountrey AN, Buigues B & van der Plicht J (2012) Anatomy, death, and preservation of a woolly mammoth (*Mammuthus primigenius*) calf, Yamal Peninsula, northwest Siberia. *Quat. Int.* 255, 94–105.

Kotulla M (2019) Verkohlte Baumstämme in Tephra-Ablagerungen des Laacher-See-Vulkans: Neue Radiokarbon-Bestimmungen und ihre Altersinterpretation. <https://wort-und-wissen.org/artikel/baumstaemme-tephra-radiokarbon-altersinterpretation/>

Miller W et al. (2008) Sequencing the nuclear genome of the extinct woolly mammoth. *Nature* 456, 387–390.

Orlando L et al. (2013) Recalibrating *Equus* evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse. *Nature* 499, 74–78.

Sanders WJ, Gheerbrant E, Harris JM, Saegusa H & Delmer C (2010) Proboscidea. In: Werdelin L & Sanders WJ (eds) *Cenozoic Mammals of Africa*. University of California Press, Berkeley/ London/ New York, S. 161–251.

van der Valk et al. (2021) Million-year old DNA sheds light of the genomic history of mammoth. *Nature*; doi.org/10.1038/s41586-021-03224-9

Wooler MJ et al. (2021) Lifetime mobility of an arctic woolly mammoth. *Science* 373, 806–808.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n297.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.06.16 Stasis: Wie viel Stillstand verträgt die Evolutionstheorie?

Stasis – evolutionärer Stillstand – wird „klassisch“ erklärt durch stabile Umweltbedingungen und daraus resultierend gleichbleibende Selektionsdrücke. Es gibt jedoch systematische Befunde, die dem widersprechen: Markante Umweltänderungen führen regelmäßig nicht zu nennenswerten evolutiven Veränderungen. Das ist einer von vielen Fällen dafür, dass die Beobachtungsdaten evolutionstheoretischen Erwartungen widersprechen.

Von Paläontologen vielfach beschrieben wird die Beobachtung, dass bestimmte fossil überlieferte Arten über einen längeren Zeitraum bzw. in einer umfangreichen Abfolge von Sedimenten im Wesentlichen unverändert bleiben. Wenn solche Arten heute noch leben, nennt man sie „lebende Fossilien“. Dieses Phänomen wird als evolutionäre „Stasis“ (Stillstand) bezeichnet. Manchmal werden solche Befunde als Argumente gegen Evolution gewertet. Allerdings gibt es auch unter Annahme einer evolutiven Entstehung der Arten keinen „Evolutionsschwang“; daher steht Stasis nicht notwendigerweise im Widerspruch zu einer Evolutionsgeschichte der Lebewesen.

Stasis kann dennoch zum Problem für die Theorie von einer allgemeinen Evolution werden, wenn sie 1. vorherrschend ist und 2. auch dann beobachtet wird, wenn es massive Umweltänderungen gegeben haben muss. Denn üblicherweise wird Stasis damit erklärt, dass die betreffenden Arten in konstanten Umwelten leben bzw. gelebt haben, folglich ohne nennenswerten Wechsel von Selektionsbedingungen, und es daher keinen Druck zur Veränderung gegeben hat. Unter stark wechselnden Umweltbedingungen wird evolutionär dagegen eher ein Formenwandel erwartet.

Von einem ausgesprochen hartnäckigen Fall von Stasis berichtet der Paläontologe Donald R. Prothero auf dem Blog skeptical.com (Prothero 2012; dort finden sich Angaben zu Fachartikeln). Er schreibt (in teilweise freier Übersetzung): „Bei vier der größten Veränderungen von Klima und Vegetation der letzten 50 Millionen Jahre zeigen die Säugetiere und Vögel keine beobachtbare Veränderung als Antwort auf das veränderte Klima. Wo immer ich diese Daten vorstelle, hat bisher niemand (ich eingeschlossen) eine gute Erklärung für eine solche verbreitete Stasis trotz der offensichtlichen Selektionsdrücke durch verändertes Klima.“¹

Das letzte Beispiel von den vier, die Prothero anführt, sind die letzten 2 Millionen (radiometrischen) Jahre der Eiszeit mit dramatischen Klimaänderungen, die jedoch nicht zu Artbildungen führten, sondern zu Wanderungen der betroffenen Tiere in andere Gegenden. Eine detaillierte Analyse der fossilen Fauna von La Brea bei Los Angeles ergab: „Keines der allgemein vorkommenden eiszeitlichen Säugetiere und Vögel reagierte auf irgendwelche Klimaänderungen bei La Brea während der letzten 35 000 Jahre.“

Das sind eindrucksvolle Bestätigungen für die Aussagen des 1972 veröffentlichten Klassikers von Niles Eldredge und Stephen Jay Gould über die Hypothese des „unterbrochenen Gleichgewichts“ („punctuated equilibrium“; auch als Punktualismus bekannt). Prothero schrieb seinen Beitrag anlässlich des 40-jährigen Jubiläums der Veröffentlichung dieses Artikels. Gould & Eldredge (1977) machten fünf Jahre nach der Veröffentlichung ihres bahnbrechenden Artikels eine erste Bestandsaufnahme und kamen – in den Worten von Prothero – zu folgendem Ergebnis: „Die erste große Entdeckung war, dass Stasis weitaus

vorherrschender im Fossilbericht war als es zuvor vorausgesagt worden war. Viele Paläontologen meldeten sich und zeigten auf, **dass die geologische Literatur ein einziges gewaltiges Monument der Stasis sei**, und es nur relativ wenige Fälle gebe, in denen jemand eine graduelle Evolution beobachtet hätte“ (Hervorhebung nicht im Original).

Gould & Eldredge (1993) nahmen auch das 20-jährige Jubiläum ihres Artikels von 1972 zum Anlass für eine weitere Bilanz und resümierten: „Weil Arten während so intensiver klimatischer Änderungen wie eiszeitlichen Abkühlungen oft stabil bleiben, muss Stasis als aktives Phänomen betrachtet werden, nicht als eine passive Antwort auf unveränderte Umwelten.“³ **Das ist das Gegenteil von dem, was mit dem Konzept der Stasis ursprünglich verknüpft wurde.**

Für Prothero ist dieser komplett unerwartete, weit verbreitete Befund übrigens kein Grund zur Irritation. Es sei gut, wenn wir statt Antworten mehr Fragen hätten. Wissenschaft komme voran, wenn wir bisher unbekannte Dinge entdecken und merken, dass unsere bisherigen einfachen Antworten nicht funktionieren. Soweit Prothero. Aber es besteht auch die Möglichkeit, dass eine falsche Spur verfolgt wird. Hat der *systematische* Befund der Stasis den Grund darin, dass der Evolvierbarkeit Grenzen gesetzt sind und außerdem eine Fehleinschätzung der real verflossenen Zeit vorliegt?

Quellen

Prothero DR (2012) Darwin's Legacy. <http://www.skeptic.com/eskeptic/12-02-15/#feature>

Eldredge N & Gould SJ (1972) Punctuated equilibria: an alternative to phyletic gradualism. In: Schopf T (ed) Models in paleobiology. Freeman, Cooper and Co., San Francisco, pp 82-115.

Gould SJ & Eldredge N (1977) Punctuated equilibria: the tempo and mode of evolution reconsidered. *Paleobiology* 3, 115-151.

Gould SJ & Eldredge N (1993) Punctuated equilibrium comes of age. *Nature* 366, 223-227.

Originalzitate

¹ „In four of the biggest climatic-vegetational events of the last 50 million years, the mammals and birds show no noticeable change in response to changing climates. No matter how many presentations I give where I show these data, no one (including myself) has a good explanation yet for such widespread stasis despite the obvious selective pressures of changing climate.“

² „The first major discovery was that stasis was much more prevalent in the fossil record than had been previously supposed. Many paleontologists came forward and pointed out that the geological literature was one vast monument to stasis, with relatively few cases where anyone had observed gradual evolution.“

³ „Moreover, because species often maintain stability through such intense climatic change as glacial cooling, stasis must be viewed as an active phenomenon, not a passive response to unaltered environments.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n237.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.11.14 Evolution von Komplexität über Fehlentwicklungen?

Können Missbildungen und Abnormitäten das Rohmaterial für eine Zunahme der Komplexität im Laufe von Evolution sein? Nach einem in *Spektrum der Wissenschaft* vorgestellten Modell einer „selektionsfreien Evolution“ soll dies tatsächlich möglich sein. Doch stellen sich einige Fragen, ob dieser Ansatz realistisch ist.

Unter der Überschrift „Evolution ohne Selektion“ veröffentlichte der bekannte Wissenschaftsjournalist Carl Zimmer in der viel gelesenen Zeitschrift *Spektrum der Wissenschaft* im Mai 2014 einen Artikel über eine neue Idee, wie Komplexität im Laufe der hypothetischen Evolution entstehen könnte. „Evolution ohne Selektion“ ist als Schlagwort nicht neu; schon im Jahr 1988 veröffentlichte A. Lima-de-Faria ein Buch unter dem Titel „Evolution without selection“. Eine neue Grundidee zu „Evolution ohne Selektion“ wird im kurzen Intro-Text so zusammengefasst: **„Nach Ansicht mancher Forscher können auch ohne Selektionskräfte komplexere biologische Strukturen und Lebewesen entstehen – quasi als Nebeneffekt von zunächst unbedeutenden Fehlentwicklungen.“**

In den letzten Jahrzehnten wurde eine ganze Reihe neuer Ansätze entwickelt, mit denen man dem Problem Makroevolution – die Entstehung konstruktiver und funktioneller Neuheiten – zu Leibe rücken möchte (eine kurzgefasste Übersicht findet sich bei Cabej 2013, 249ff.). Das ist ein Indiz dafür, dass hier ein Problem gesehen wird; entgegen oft geäußerten Beteuerungen, die Frage nach den Evolutionsmechanismen sei im Wesentlichen beantwortet. Auch Zimmer (2014, 26) meint, im Großen und Ganzen bestätige die moderne Biologie Darwins Gedanken zur Entstehung von Komplexität, wonach neue Organe unter dem Wirken der natürlichen Auslese schrittweise aufgebaut würden. (Das zur Illustration angeführte Beispiel des Linsenauges ist dafür aber denkbar schlecht geeignet, vgl. Ullrich et al. 2006.) Doch sei fraglich, ob Komplexität immer auf solche Weise entsteht. Zum einen gebe es eine dem Leben innewohnende Tendenz zur Komplexitätssteigerung. Was das sein soll und woher diese kommt, wird allerdings nicht gesagt.

Zum anderen soll eine Komplexitätssteigerung auch ohne Selektion als Nebeneffekt von Mutationen möglich sein. Das sind richtungslose Änderungen des Erbguts. Manchmal entstünden auf diese Weise „einfach so“ komplexe Phänomene. Das klingt zwar fast wie Zauberei, aber Zimmer nimmt hier Bezug auf das Buch „Biology’s First Law“ von McShea und Brandon (2010). Darin wird die Entstehung neuer Komplexität als eine Art „Gesetz“ gefasst, das sie als „zero-force evolutionary law“ bezeichnen, was man als „kraftfreies Evolutionsgesetz“ übersetzen kann. Getestet haben sie dieses Gesetz – so berichtet Zimmer weiter – an Laborstämmen der Taufliege *Drosophila*. Diese wurden dauerhaft rundum versorgt und hatten somit ein stressfreies Leben bzw. sind vergleichsweise wenig mit Selektionsdrücken konfrontiert. Anders als bei wild lebenden Populationen, die unterschiedlichen Selektionsfaktoren unterworfen sind, können bei Wegfall von Selektion Individuen mit Mutationen, die ihre Vitalität einschränken, überleben und werden nicht ausgemerzt. Denn gewisse Schäden durch Mutationen sind unter den günstigen Lebensbedingungen verkraftbar, während sie unter den härteren Freilandbedingungen nachteilig wären und die betreffenden Formen der Auslese zum Opfer fallen würden. Also müssten die Laborfliegen „allmählich komplexer geworden sein als ihre Artgenossen in der Wildnis“ (Zimmer 2014, 28) – so die Hypothese, weil sich mehr Mutationen ansammeln und weniger durch Auslese verloren gingen.

McShea und seine Doktorandin Leonore Fleming haben die wissenschaftliche Literatur zu 916 Laborlinien der Taufliege nach „Missbildungen“ durchgeforstet und stießen dabei auf eine große Zahl von Abnormitäten, z. B. auf Tiere „mit ungleichen Beinen, mit ungewöhnlich gemusterten oder deformierten Flügeln oder mit ‚verkehrt‘ gebildeten Fühlern (Antennen) und so weiter.“ Diesen (eigentlich altbekannten) Befund werten die Forscher als Bestätigung dafür, dass die Fliegen bei Abwesenheit oder Minderung der Selektion komplexer geworden seien als ihre wild lebenden Verwandten und mithin als Beleg für ihre Hypothese. Zimmer untermauert diese Deutung mit einer Abbildung, in der eine deformierte *Drosophila* einer normalen gegenübergestellt wird und interpretiert dies in der Legende so: „In der Wildnis sind Taufliegen starken Anpassungszwängen ausgesetzt, die bei einer Laborhaltung wegfallen. Dadurch treten bei Laborstämmen auffallend viele Abweichungen von Körperstrukturen auf, die sich erhalten, weil sie den Tieren nicht schaden (rechts sind Beispiele zusammengestellt). Verglichen mit Wildformen (links) sind die Laborstämme nach Ansicht von Forschern komplexer“ (Zimmer 2014, 27).

Man nimmt es verwundert zur Kenntnis, denn **worin besteht überhaupt die Zunahme an Komplexität?** Zugenommen hat die Vielfalt an unterschiedlichen Ausprägungen von Körpermerkmalen. Von diesen schränken aber viele die Vitalität des entsprechenden Individuums nachhaltig ein. Ist dann aber der Begriff „Komplexität“, verstanden als formale Steigerung der Vielfalt an Strukturen, überhaupt hilfreich, wenn keine Bewertung der neuen Vielfalt vorgenommen wird? Offenbar wird die größere Anzahl an gestaltlichen Ausprägungen als „Komplexitätszunahme“ bezeichnet, doch besteht kein Zweifel daran, dass es sich dabei um mehr oder weniger ausgeprägte *Missbildungen* handelt; Zimmer selbst spricht von „Abnormitäten“. In Bezug auf die eigentlich relevante Frage nach einer Erklärung für die Entstehung evolutionärer struktureller oder funktionelle Neuheiten wird dagegen mit diesen Befunden nichts gewonnen.

Kritik

Zimmer erwähnt denn auch in seinem *Spektrum*-Artikel einige Kritiker dieses Konzepts, die noch andere Einwände bringen. So weist der Paläontologe Douglas Erwin darauf hin, dass auch bei den umhertagenden *Drosophila*-Fliegen in vielerlei Hinsicht Selektion massiv wirke und dass schon bei der Larvalentwicklung hunderte Gene genau aufeinander abgestimmt sein müssten, damit die Gewebe und Organe sich funktionsfähig entwickeln könnten. Hier seien schon kleinere Störungen meist tödlich; sie werden durch die so genannte „innere Selektion“ ausgemerzt (auch im Labor sterben viele *Drosophila*-Mutanten während der Embryonalentwicklung aufgrund von Mutationen).

Auch die Handhabung des Begriffs „Komplexität“ wird von manchen kritisch gesehen. McShea und Brandon entgegnen – so Zimmer (2014, 29) –, sie würden „eine Komplexität betrachten, aus der die andere Komplexität erwachsen könne. Die bei *Drosophila* beobachteten Veränderungen stellten Ausgangsmaterial für mögliche anschließende Selektionsprozesse dar – seien also eine Grundlage, aus der dann funktionale komplexe Strukturen entstehen könnten, die dem Überleben dienen.“ **Doch das ist bestenfalls Hoffnung, kein Ergebnis von Experimenten.** Und ob sich diese Hoffnung, gewisses „Ausgangsmaterial“ – und zwar ausgerechnet mehr oder weniger stark ausgeprägte Missbildungen – könne Grundlage für später entstehende neue funktionale Strukturen sein, muss erst noch geprüft werden. Aber die Qualität des Ausgangsmaterials nach dem „zero-force evolutionary law“ gibt nicht zu Hoffnung Anlass, dass es sich dabei um Startrampen für echte evolutionäre Neuheiten handeln könnte (wobei mit „echt“ neue funktionale Strukturen gemeint sind, die auch nicht latent angelegt waren).

Dennoch wird dieser Ansatz auch im molekularen Bereich verfolgt. Zimmer berichtet vom Beispiel der V-ATPase, einer speziellen, aus mehreren Molekülen zusammengesetzten Protonenpumpe, die Ionen durch Zellmembranen schleust. Zur V-ATPase gehört ein Ring aus sechs Proteinen, der bei Hefen aus drei verschiedenen Proteinen besteht (vier Vma3- und je ein Vma11- und Vma16-Protein). Bei Tieren enthält der Sechsering dagegen nur *zwei* verschiedene Proteine (fünf Vma3- und ein Vma16-Protein). Diese Unterschiede werden evolutionstheoretisch darauf zurückgeführt, dass sich früh in der Evolution der Pilze eine Genverdoppelung ereignete. Eines der beiden Gene wurde später zum Gen für das Vma11-Protein. Man könnte die V-ATPase der Pilze als komplexer betrachten, weil es aus *drei* verschiedenen Vma-Proteinvarianten besteht. Der Weg dahin – ausgehend von zwei Varianten – kann modellhaft als selektionsfrei dargestellt werden, was das Modell einer selektionsfreien Zunahme von Komplexität stützen würde. Aber abgesehen davon, dass die Komplexitätszunahme sehr geringfügig ist, wird sie damit erkauft, dass zwei der drei V-ATPase-Proteine der Pilze nicht so vielseitig verknüpfbar sind wie die entsprechenden Proteine der Pumpe bei den Tieren. Insgesamt kann daher kaum von einer Komplexitätszunahme die Rede sein.

Fazit

Gemessen am Erklärungsziel einer Komplexitätszunahme *mit neuer Struktur und Funktion* von Organen, Stoffwechsellaskaden oder molekularen Maschinen sind die im Artikel von Zimmer erwähnten Beispiele in keiner Weise beweiskräftig. **Geringfügige, z. T. nur hypothetische Änderungen oder regelrechte Missbildungen können nicht als Rohmaterial für evolutionäre Neuheiten interpretiert werden.** Eine nicht mehr ganz so neue Idee, die anhand der gewählten Beispiele nicht überzeugend präsentiert wird, wird hier mit umfangreichen Hoffnungen verknüpft. Ob diese sich zukünftig erfüllen werden, wird sich zeigen müssen.

Literatur

Cabej N (2013) Building the most complex structures on earth. An epigenetic narrative of development and evolution of animals. Amsterdam: Elsevier.

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

Zimmer C (2014) Evolution ohne Selektion. Spektr. Wiss., Mai 2014, 26-31.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n220.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

23.04.13 Neue Texte zur Pferdereihe

Pferde haben den Menschen seit frühester Zivilisation begleitet und fossile Pferde erlauben faszinierende Einblicke in die Paläontologie. Fossile Pferde und deren Stammesgeschichte sind dank Thomas Huxley eine Art Kultbild der Evolution. Seit der Fossilbefund mehr datenbezogen als von Hypothesen gesteuert untersucht wird, wurde das frühere Verständnis von der Evolution des Pferdes jedoch ins Wanken gebracht. Zu den fossilen Pferden und den evolutionstheoretisch diskutierten Vorfahren informiert seit kurzem ein neuer Artikel (Pferdereihe, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42861&Sprache=de&l=1>) von Nigel Crompton. Neben der „Interessierten“-Version gibt es auch eine ausführliche Version zum Herunterladen als PDF (Pferdereihe, [https://www.genesisnet.info/pdfs/Die Entstehung der Pferdartigen.pdf](https://www.genesisnet.info/pdfs/Die%20Entstehung%20der%20Pferdartigen.pdf)).

Die Interpretation des Fossilbefunds mit Hilfe von Modellen hat anfänglich zur Platzierung der Hyracotherier mit dem berühmten „Urpferdchen“ *Hyracotherium* („Eohippus“) und ähnlichen Formen innerhalb der Pferdefamilie (Equidae) geführt, womit diese als die ältesten Pferdeartigen galten. *Hyracotherium* und andere Hyracotherier-ähnliche Tiere des Eozäns (älteres Tertiär) gelten heute jedoch allgemein als primitive Glieder *verschiedener* Unpaarhufergruppen. Es gibt aber auch gute Gründe, sie als abgegrenzten, erweiterten Grundtyp („Eufamilie“) zu interpretieren, der stammesgeschichtlich unabhängig von anderen Unpaarhufern ist, also keine Vorfahrenstellung zu den Pferdeartigen einnimmt. (Zu „Grundtypen“ vgl. Heutige Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1> und Fossile Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1242&Sprache=de&l=1>.)

Die ältesten Fossilien, die mit guten Gründen zu den Pferden gerechnet werden können, gehören anchitheren Gattung *Mesohippus* im Eozän. Die Bemühungen, die Anchitherier (laubäsende Pferde) mit den Hyracotheriern zu verbinden, sind spekulativ und werden durch den Fossilbefund nicht ausreichend unterstützt. Die Einbeziehung der Unterfamilie der Hyracotheriinen zu den Equiden (Pferdeartigen) macht die Familie daher **polyphyletisch***. Nicht sicher zu beantworten ist die Frage, ob die Anchitheriinen eine eigene **monophyletische*** Gruppe unabhängig von den Equiden und damit möglicherweise einen eigenen Grundtyp darstellen. Fossile **morphologische*** Anhaltspunkte lassen vermuten, dass die gesamte anchither-equine Gruppe eine monophyletische Eufamilie darstellt. Die Gründe für diese Deutung werden in den beiden Artikeln erläutert. Der Hauptunterschied zwischen den anchitheren und equinen Fossilien besteht im typisch hochkronigen Status der Zähne der letzteren, allerdings scheint der Übergang zwischen nieder- und hochkronigen Zähnen nur in der rein equinen Gattung *Merychippus* stattgefunden zu haben. Im Rahmen des Grundtypmodells können die fossilen Pferdeartigen als vielseitiger Grundtyp mit großem Variationspotential interpretiert werden (vgl. Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>).

*Begriffe:

- polyphyletisch (= mit mehreren Ursprüngen)
- monophyletisch (= mit nur einem gemeinsamen Vorfahren)
- morphologisch (= die Gestalt betreffend)

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n196.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

31.08.11 Über den Ursprung der Fledermäuse

Fledermäuse beeindrucken durch ihre außergewöhnlichen Flugkünste und hervorragende Fähigkeit, sich mittels Echoortung zu orientieren. Ein neuer Genesisnet-Artikel (Entstehung der Fledermäuse, [https://www.genesisnet.info/pdfs/Der Ursprung der Fledermaeuse.pdf](https://www.genesisnet.info/pdfs/Der_Ursprung_der_Fledermaeuse.pdf)) beschreibt diese Fähigkeiten und diskutiert Hypothesen über ihre Entstehung.

Mit etwa 1100 Arten in ca. 200 Gattungen und 18 Familien sind die Fledermäuse nach den Nagetieren die zweitgrößte Säugetierordnung und die einzige, zu der aktiv flugfähige Arten gehören. Der überaus wendige Flug der Fledermäuse fasziniert die Wissenschaftler ebenso wie das ausgefeilte Echoortungssystem. Sowohl Flugfähigkeit als auch Echoortung sind bei den Fledermäusen unter den Wirbeltieren unübertroffen. Die Echoortung ist so gut ausgebildet, dass die Fledermäuse unter Einsatz von Ultraschall-Rufen mit ihren Ohren gleichsam sehen können (Echo-Bildsehen). Mit der Flugfähigkeit sind zahlreiche Besonderheiten des Bauplans gekoppelt, die z. B. das Achsen skelett, den Schultergürtel, die seitliche Orientierung der Hinterbeine und die kopfstehende, hängende Ruhestellung betreffen.

Klassisch wurden die Fledermäuse in Kleinfledermäuse und Großfledermäuse unterteilt. Letztere werden wegen der Kopfform vieler Vertreter auch als Flughunde bezeichnet und sind bis auf eine Gattung nicht zur Echoortung befähigt. Aufgrund molekularer Analysen haben sich die Kleinfledermäuse überraschenderweise als paraphyletisch herausgestellt (d. h. sie können nicht alle von einem gemeinsamen Vorfahren abgeleitet werden). Daher muss angenommen werden, dass die Fähigkeit des Echo-Bildsehens zweimal unabhängig entstanden oder bei den Flughunden sekundär verlorengegangen ist. Beide Deutungen sind evolutionstheoretisch sehr problematisch.

Auch viele andere Merkmale sind unter den Fledermäusen so unsystematisch verteilt, dass vielfach mit **Konvergenzen*** gerechnet werden muss, z. B. bei den Designs der Rufe, die nicht in ein **phylogenetisches**** Schema gebracht werden können. Die Annahme gleichsinniger Selektionsdrücke ist hypothetisch und erklärt für sich alleine nicht das Auftreten konvergenter Merkmale.

*Konvergenzen (= unabhängige Entstehung trotz Ähnlichkeit)

** phylogenetisch (= stammesgeschichtlich)

Im Fossilbericht erscheinen die Fledermäuse ziemlich unvermittelt im unteren Eozän in weiter geographischer Verbreitung und großer Vielfalt. Erst 2008 wurde eine fossile Gattung (*Onychonycteris*) entdeckt, deren Merkmale wahrscheinlich darauf hinweisen, dass – evolutionstheoretisch interpretiert – die Flugfähigkeit vor der Fähigkeit zur Echoortung entstanden ist.



Abb. 1: *Onychonycteris*. (Wikimedia: Von Matthew Dillon - <https://www.flickr.com/photos/ruggybear/49172089546/>, CC BY 2.0)

Aufgrund des Fehlens von Übergangsformen zwischen Fledermäusen und anderen Säugetieren können aufgrund fossiler Funde und des Baus heutiger Fledermäuse keine nennenswerten Hinweise auf die Entstehung der Flugfähigkeit und des Echoortungssystems gewonnen werden. Neuerdings hofft man aber, aus genetischen Untersuchungen Rückschlüsse auf die Entstehungsweise ziehen zu können. So wurden einige Regulationsgene entdeckt, die eine wichtige Rolle bei der Regulation der Größe der Fingerglieder, der Ausbildung der Flughaut und des Echoortungssystems spielen und deren Ausfall größere Auswirkungen hat. Daher wird spekuliert, dass geringfügige Änderungen von Regulationsgenen zu einer sprunghaften Entstehung der Flügel und vielleicht auch des Echoortungssystems beigetragen haben könnten. Solche Überlegungen erscheinen aber sehr voreilig angesichts der Tatsache, dass ein funktionierender Flugapparat weit mehr benötigt als verlängerte Fingerglieder und einen Ausfall des programmierten Zelltods zwischen den Fingern. Zum Flugapparat gehören zahlreiche neue Muskeln, Bänder und eine spezielle Beschaffenheit der Flughaut, ein ganzes System von Flughäuten und vieles mehr, dessen sukzessives Entstehen unplausibel erscheint. Entsprechendes gilt für das Echoortungssystem.

Der Artikel liegt in drei unterschiedlich ausführlichen Versionen vor und erschien in ähnlicher Form in zwei Folgen in der Zeitschrift *Studium Integrale Journal* (<http://www.wort-und-wissen.de/sij>).

„Interessierten“-Version: Entstehung der Fledermäuse, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=175>

„Experten“-Version: Entstehung der Fledermäuse, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42846&Sprache=de&l=2>

PDF: Entstehung der Fledermäuse, [https://www.genesisnet.info/pdfs/Der Ursprung der Fledermaeuse.pdf](https://www.genesisnet.info/pdfs/Der_Ursprung_der_Fledermaeuse.pdf)

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n175.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.07.11 Eine Mosaikform besiegelt die Konvergenz des Schlangenkörpers

Ein Fossilfund der Echse *Cryptolacerta* aus der Grube Messel deutet stark darauf hin, dass Schlangen und die schlangenartigen Doppelschleichen unabhängig voneinander entstanden sind. Ihre gemeinsamen Merkmale, die früher als Hinweise auf gemeinsame Vorfahren gewertet wurden, müssen somit als Konvergenzen interpretiert werden. Als Übergangsform zwischen Eidechsen und Doppelschleichen eignet sich *Cryptolacerta* nur bedingt.

Rein äußerlich sehen sie sich sehr ähnlich: Schlangen (Serpentes) und Doppelschleichen (Amphisbaenia) haben einen meist beinlosen, stark verlängerten, dünnen Körper. Nur wenige Schlangenarten haben als Extremitäten sogenannte Aftersporne und auch bei den Doppelschleichen gibt es nur eine Untergruppe, die Handwühlen, die Extremitäten besitzen. Merkmalsvergleiche des Körperbaus legten trotz mancher deutlicher Unterschiede – beispielsweise atmen Doppelschleichen mit dem linken, Schlangen mit dem rechten Lungenflügel – einen gemeinsamen Vorfahren beider Gruppen nahe (Müller et al. 2011, 365 unter Hinweis auf mehrere Studien). Molekulare Studien sprechen jedoch in neuerer Zeit für einen stammesgeschichtlichen Zusammenhang mit den Eidechsen (Lacertidae). Diese Verbindung wurde nun durch ein jüngst beschriebenes, sehr gut erhaltenes Fossil aus der berühmten Fossilagerstätte Grube Messel bei Darmstadt unterstützt. Es handelt sich um *Cryptolacerta hassiaca*, was „verborgene Echse aus Hessen“ bedeutet. Eine computertomographische Untersuchung erlaubte eine detaillierte Darstellung kleinster Strukturen im Inneren des Skeletts. Es zeigte sich, dass der Schädel sehr kräftig gebaut und als Bohrkopf ausgebildet ist. Besonders dieses Kennzeichen verbindet *Cryptolacerta* mit den Doppelschleichen, die sich mit dem Schädel ins Erdreich bohren und unterirdisch leben. Insgesamt fanden die Forscher im ganzen Skelett 19 gemeinsame Merkmale von *Cryptolacerta* und den Doppelschleichen. Sie weisen allerdings darauf hin, dass es häufig Konvergenzen bei Echten gibt (also Merkmalsübereinstimmungen trotz fehlender Verwandtschaft), doch gebe es auch Merkmale, die nur oder fast nur bei *Cryptolacerta* und den Amphisbaenia vorkommen (Müller et al. 2011, 366).

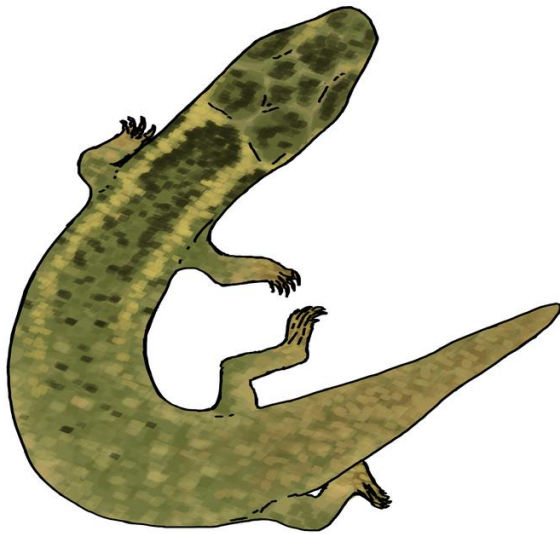


Abb. 1: Künstlerische Rekonstruktion von *Cryptolacerta*. (Wikimedia: Paleo Miguel, CC BY-SA 4.0)

Die Forscher verglichen die Körperproportionen von *Cryptolacerta* mit denen moderner Eidechsen und schließen aus den Ähnlichkeiten, dass das Tier unter abgestorbenem Laub auf dem Waldboden lebte und nur gelegentlich im Boden grub. *Cryptolacerta* besaß voll entwickelte Beine, die Füße sind jedoch im Vergleich zu den Beinen relativ klein, aber es sind keine Zehen reduziert. Bisher war man davon ausgegangen, dass beim mutmaßlichen Übergang zur grabenden Lebensweise zuerst der schlangenhafte Körper entstand. Wenn *Cryptolacerta* tatsächlich eine evolutionäre Übergangsform gewesen sein sollte, muss dagegen angenommen werden, dass zuerst die Ausbildung der Schädel als Bohrkopf erfolgte und sich erst später der Schlangenkörper bildete. Müller et al. (2011) untersuchten auch Gen-Sequenzen zweier Gene des Kern-Genoms, auch diese sprechen wie bisherige molekulare Studien für eine Verbindung der Doppelschleichen mit den Eidechsen. *Cryptolacerta* reiht sich in die große Zahl von Formen ein, die als Mosaikformen bezeichnet werden können, da es mosaikartig Eidechsen-typische und Doppelschleichen-typische Merkmale verbindet. Mosaikformen lassen verschiedene *Deutungen* zu, so können sie unter bestimmten Bedingungen als evolutionäre Übergangsformen gedeutet werden. Dazu sollten zum einen möglichst viele Merkmale Übergangscharakter aufweisen, zum anderen sollte die stratigraphische Position, also die zeitliche Einordnung einigermaßen passen. Bezüglich der Merkmale schneidet *Cryptolacerta* insgesamt offenbar relativ gut ab. Was die Merkmalsübereinstimmungen angeht, beschreiben Müller et al (2011, 366) allerdings eine Reihe von Merkmalen, die *Cryptolacerta* mit jeweils verschiedenen Gruppen verbinden. Die Kopf-Rumpf-Länge ist mit 7 cm relativ kurz; heutige Doppelschleichen sind meistens 20-30 cm lang. Da der Schwanz jedoch nur unvollständig erhalten ist, ist ein sicherer Größenvergleich nicht möglich. *Cryptolacerta* hat ein heterodontes Gebiss (verschieden geformte Zähne), während sowohl Eidechsen als auch Doppelschleichen ein homodontes Gebiss besitzen (alle Zähne etwa gleich gestaltet). Dieses abgeleitete Gebissmerkmal passt nicht in eine Übergangstellung. **Was die zeitliche Einordnung betrifft, passt *Cryptolacerta***

aus dem Eozän nicht gut, denn aus Nordamerika sind fossile Doppelschleichen bereits aus dem älteren Paläozän bekannt (Hembree 2007). Natürlich ist die zeitliche Stellung kein zwingendes Gegenargument, aber um *Cryptolacerta* als passende Übergangsform deuten zu können, müssen einige Zusatzannahmen gemacht werden. Mit dem Fund von *Cryptolacerta* und der damit verbundenen Deutung ist nach Auffassung der Bearbeiter endgültig klar, dass Schlangen und Doppelschleichen auf getrennten Wegen entstanden sind. Ihre gemeinsamen Merkmale, die früher als Hinweise auf gemeinsame Vorfahren gewertet wurden, müssen somit unabhängig entstanden sein (Konvergenz).

Literatur

Hembree DI (2007) Phylogenetic Revision of Rhineuridae (Reptilia: Squamata, Amphisbaenia) from the eocene to miocene of North America. University of Kansas Paleontological Contributions No. 15, p. 1-20.

Müller J, Hipsley CA, Head JJ, Karjilov N, Hilger A, Wuttke M & Reisz RR (2011) Eocene lizard from Germany reveals amphisbaenian origins. *Nature* 473, 364-367.

Bilder gibt es hier:

http://www.spektrumdirekt.de/artikel/1071895&template=d_sdwv_bildergalerie&z=859070

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n172.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.04.10 Wie ähnlich sind Mensch und Schimpanse?

Neue Daten zum Y-Chromosom des Schimpansen

Molekularbiologische Forschung produziert mit einer ungeheuren und sich steigenden Geschwindigkeit neue Daten. Diese beeinflussen und prägen unser naturwissenschaftliches Verständnis und Bild vom Menschen. In der öffentlichen Wahrnehmung hat die Ähnlichkeit des Genoms zwischen Mensch und Schimpansen (ca. 98 %) etablierte Vorstellungen von deren Abstammungsverhältnissen weitgehend bestätigt. Jüngste Daten zeigen allerdings ein Bild, das eine differenzierte Betrachtung und Interpretation bedarf. Die Genomanalysen hatten zunächst vergleichsweise grobe und lückenhafte Datensätze geliefert.

Inzwischen wurden das Chromosom 21 und das Y-Chromosom des Menschen sehr viel sorgfältiger untersucht und ein Team unter der Leitung von David Page legte kürzlich eine sehr genaue Analyse des Y-Chromosoms von Schimpansen vor (Hughes et al. 2010). Dieses Geschlechtschromosom enthält u. a. Gene, die für die Entwicklung von Spermien von Bedeutung sind. Der Aufbau dieses Chromosoms weist Besonderheiten (z. B. gespiegelte Bereiche, inkl. Palindrome) auf, die eine DNA-Sequenzierung deutlich erschweren.

Zur evolutionären Geschichte des Y-Chromosoms wird üblicherweise davon ausgegangen, dass es seinen Ursprung in Autosomen (paarweise auftretenden Chromosomen) hat.

Hauptsächlich durch Genverlust soll aus einem ursprünglichen Chromosomenpaar (mit Ähnlichkeiten zum X-Chromosom) das Y-Chromosom entstanden sein. Dabei gehen Theorien vom abklingenden Gen-Zerfall davon aus, dass mit zunehmender Zeitdauer die Geschwindigkeit des Genverlusts immer langsamer wurde.

Page und seine Mitarbeiter haben die DNA des Geschlechtschromosoms mit einer Genauigkeit von einem Nukleotid pro einer Million Basenpaare analysiert. Beim Genvergleich auf der Basis der aktuellsten bekannten Sequenzdaten des Y-Chromosoms von Mensch und Schimpanse können nach Aussagen der Autoren ca. 30 % der DNA-Sequenzen überhaupt nicht direkt miteinander verglichen werden, d. h. manche Abschnitte fehlen beim Schimpansen oder sind durch andere ersetzt, sodass kein Alignment möglich ist.

Das Y-Chromosom des Schimpansen weist eine komplexere Struktur auf (z. B. mehr Palindrome) und enthält dabei weniger funktionsfähige Gene (diese sind durch Mutation inaktiviert).

Nach gängigen Vorstellungen haben sich die Entwicklungslinien von Mensch und Schimpansen von einem hypothetischen gemeinsamen Vorfahren vor ca. 6 Millionen Jahren getrennt. Bisherige Genomvergleiche mit geringen Unterschieden (ca. 2 %) scheinen dies zu bestätigen. Die jetzt bei Y-Chromosomen dokumentierten Unterschiede entsprechen dagegen einer unabhängigen Entwicklung seit ca. 310 Millionen Jahren.

In einem Gespräch benutzt Page einen bildhaften Vergleich: wenn man das Chromosom 21 vom Menschen mit dem des Schimpansen vergleicht, dann erscheint das wie wenn man ein

Spiegelbild vor sich hätte. Beim Vergleich der Y-Chromosomen dagegen sei der Spiegel zersplittert.

Die heute bekannten DNA-Sequenzen von Mensch und Schimpansen verlangen eine sehr differenzierte Erklärung und unterstützen nicht einfach ein etabliertes Bild von der gemeinsamen Abstammung von einem gemeinsamen Vorfahren. Die Datenlage ist komplexer geworden und es ist interessant, dass das Genom gerade dort, wo die Fortpflanzung betroffen ist, eine auffällige Spezifität aufweist. Die mittlerweile ermittelten Daten von Y-Chromosomen sperren sich somit gegen eine Vereinnahmung für eine klassische Vorstellung der Abstammung von Mensch und Schimpanse von einem hypothetischen gemeinsamen Vorfahren. Die gravierenden Unterschiede in der Struktur des Y-Chromosoms werfen neue Fragen nach deren Ursprung auf; die bekannten und üblicherweise angenommenen Mechanismen würden eine deutlichere Ähnlichkeit erwarten lassen. Man kann darauf gespannt sein, was zukünftige Untersuchungen zum komplexer werdenden Bild der Ähnlichkeit des Menschen mit anderen Lebewesen beitragen werden.

Literatur

Hughes JF, Skaletsky H, Pyntikova T, Graves TA, van Daalen SKM, Minix PJ, Fulton RS, McGrath SD, Locke DP, Friedman C, Trask BJ, Mardis ER, Warren WC, Repping S, Rozen S, Wilson RK & Page DC (2010) Chimpanzee and human Y chromosomes are remarkably divergent in structure and gene content. Nature doi:10.1038/nature08700

Hinweis: Ein ausführlicherer Artikel zu diesen Befunden wird in der kommenden Ausgabe von „Studium Integrale Journal“ erscheinen. (Zum Journal siehe: <http://www.wort-und-wissen.de/sij>)

Autor dieser News: Harald Binder

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n147.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters: Dinosaurier und Vögel im Besonderen

06.12.23 Alte Vogelspuren in Gondwana

Kürzlich wurden 27 Vogel-Fußspuren in Schichten der Unterkreide Australiens gefunden, die unsere Kenntnisse über das Vorkommen von Vögeln auf der Südhalbkugel erheblich erweitern. Bisher waren fossile Überreste von Vögeln in Jura und Kreide fast nur auf der Nordhalbkugel gefunden worden. Dies lässt auf umfangreiche fossil nicht überlieferte Lebensräume schließen, was in einem geologischen Langzeitrahmen schwer verständlich ist.

Unsere Kenntnisse über fossile Vögel in Sedimenten des Jura und der Kreide stammen fast ausschließlich von Funden auf der Nordhalbkugel, dem damaligen Nordkontinent Laurasia. Dagegen sind Funde auf dem Südkontinent Gondwana ausgesprochen selten; nur wenige Federn sowie einige Knochen und Fußspuren waren bisher in Australien und Brasilien gefunden worden. Dabei ist zu bedenken: Nach dem plattentektonischen Konzept lagen alle heutigen Kontinente früher deutlich näher beieinander. Dabei bildeten Nordamerika mit Grönland und dem größten Teil Eurasiens den Kontinent *Laurasia*, während Südamerika, Afrika, Indien, Australien und die Antarktis zum Südkontinent *Gondwana* gehörten.

Vor diesem Hintergrund sind kürzlich gemachte Funde von 27 einzelnen Vogel-Fußspuren in der Unterkreide Australiens bemerkenswert (Martin et al. 2023; s. Abb. 1). Die Spuren aus der auf 120–128 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datierten Wonthaggi-Formation zeigen drei dünne lange Zehen, die deutlich voneinander abgewinkelt sind, scharfe Krallen und in wenigen Fällen auch Spuren eines Hallux (1. Zehe). **Diese Merkmale sind vogeltypisch; andere Verursacher kommen nach Einschätzung der Forscher nicht in Frage** (Martin et al. 2023, 16). Die unterschiedliche Größe der Abdrücke und unterschiedliche Winkel zwischen den Zehen lassen erkennen, dass die Spuren von verschiedenen Arten stammen. Die größten Fußabdrücke sind knapp 12 Zentimeter lang und ca. 14 Zentimeter breit, was ungewöhnlich groß ist für Vögel, die aus Kreideschichten bekannt sind. Es sind zwar keine Fahrten unter den Spuren, doch ihre engen Abstände sprechen für eine Geselligkeit der Vögel.

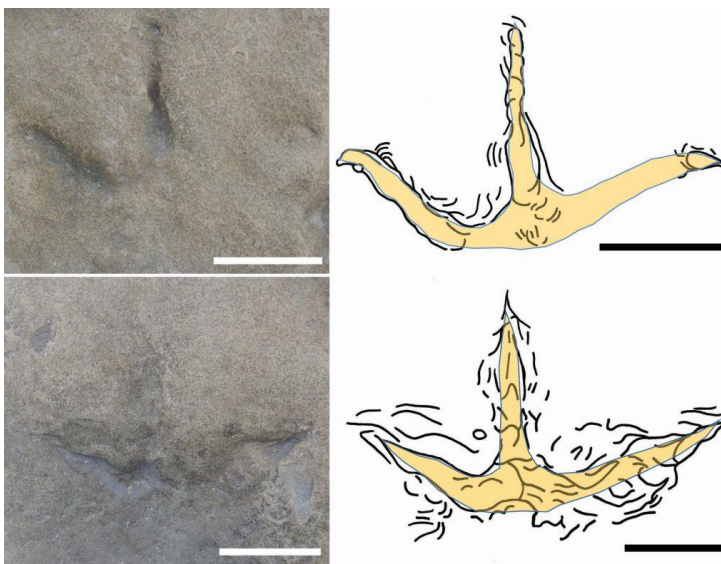


Abb. 1: Versteinerte Fußabdrücke urzeitlicher Vögel (links) und zeichnerische Rekonstruktion. Balken: 5 mm. (© Martin et al./ PLOS ONE, CC-BY 4.0)

Martin et al. (2023) schließen, dass es auf Gondwana im damals polaren Australien vor 120 MrJ eine größere Urvogel-Vielfalt gab als bisher abgenommen. Da in der auf 106 MrJ datierten Eumerella-Formation Australiens bereits zwei Vogel-Fußspuren entdeckt worden waren, gehen die Forscher davon aus, dass Vögel mindestens 15 bis 20 Millionen Jahre lang in der Gegend lebten. Die Fußspuren wurden in verschiedenen, insgesamt ca. neun Meter mächtigen Gesteinsschichten eines Überschwemmungsgebietes gefunden, was darauf hinweisen könnte, dass die Vögel nur saisonal in den Frühlings- oder Sommermonaten nach der Schneeschmelze dort gelebt haben (Martin et al. 2023, 20). Möglicherweise seien Urvögel und vogelähnliche Dinosaurier auf dem einstigen Südkontinent Gondwana häufiger vorgekommen als bislang angenommen. Die Autoren schreiben: „Die morphologische Ähnlichkeit einiger Vogelspuren aus der Wonthaggi-Formation mit denen, die aus Ostasien gemeldet wurden, könnte auch die Ausbreitung der frühkreidezeitlichen flugfähigen Vögel aus Laurasia in andere Teile Gondwanas widerspiegeln, bevor sie nach Australien gelangten.“

Kommentar

Es stellt sich die Frage, warum die fossilen Zeugnisse von Vögeln im Jura und in der Kreide auf der Nordhalbkugel (Laurasia) und der Südhalbkugel (Gondwana) so extrem unterschiedlich häufig sind. „Im Gegensatz zu Gondwana sind Vogelspuren aus der frühen und späten Kreidezeit in den ehemaligen laurasischen Landmassen wie Nordamerika und Asien reichlich und vielfältig vorhanden, auch in den Schichten der frühen Kreidezeit“ (Martin et al. 2023, 19). **Man sollte erwarten, dass sich die Vögel aufgrund ihrer Fortbewegungsmöglichkeiten schnell weltweit verbreiten konnten.** Man muss folglich davon ausgehen, dass es in großem Umfang und über mehrere zehn MrJ *fossil nicht überlieferte Lebensräume* gab. Die Autoren halten eine Verzerrung bei der fossilen Erhaltung („preservation bias“) für eine mögliche Erklärung. In einem geologischen Langzeitmodell ist dies jedoch schwer zu verstehen. Sollten die durch die Jura- und Kreideschichten repräsentierten Zeiträume aber in Wirklichkeit viel kürzer sein, wäre das Fehlen einer reichhaltigeren Fossilüberlieferung vielleicht leichter verstehbar. Wahrscheinlich fehlen – unabhängig vom zugrunde gelegten geologischen Zeitmodell – zu viele paläontologische Daten, um die enormen Unterschiede in der Fossilüberlieferung der Vögel in Laurasia und Gondwana verstehen zu können. Dies mahnt zur Vorsicht bei der Deutung auf der Grundlage weniger Fossilien – insbesondere, wenn es um weitreichende Herkunftsmodelle geht.

Literatur

Martin AJ, Lowery M, et al. (2023) Earliest known Gondwanan bird tracks: Wonthaggi Formation (Early Cretaceous), Victoria, Australia. PLoS ONE 18(11): e0293308. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0293308>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n326.php

13.11.23 Ein neues Bindeglied zwischen Dinosauriern und Vögeln?

Erneut wurde ein Fossil entdeckt, dessen Merkmalskombination zwischen Dinosauriern und Vögeln vermitteln soll – *Fujianvenator prodigiosus*. Die neue Art hat relativ vogelähnliche Vorderextremitäten, jedoch ungewöhnlich lange Beine. Dieses auffällige Merkmal war von „Urvögeln“ bisher weder bekannt noch erwartet worden; und es passt auch nicht in bisherige evolutionäre Vorstellungen. Die Beschreiber deuten die Merkmalskombination als „evolutionären Mosaizismus“ (evolutionär bedingte mosaikartige Verteilung von Merkmalen). Damit wird jedoch nichts erklärt und das dahinterstehende Problem für evolutionäre Erklärungen wird verschleiert.

Als evolutionäres „Bindeglied zu den Vögeln“ stellt *wissenschaft.de* die neu entdeckte langbeinige Dinosaurier-Art *Fujianvenator prodigiosus* vor (Bernard 2023; Xu et al. 2023). **Welche Anforderungen sollte eine Art erfüllen, damit sie als Bindeglied in einer evolutiven Abfolge interpretiert werden kann?** Als eine Minimalbedingung kann genannt werden: Die Merkmalskombination eines Bindeglieds sollte einigermaßen widerspruchsfrei zwischen zwei Arten passen, zwischen denen die betreffende verbindende Art vermittelt. Und wenn die Baupläne des Lebens auf evolutivem Wege entstanden sind, sollte man zahlreiche solche passenden Bindeglieder finden.

Die fasanengroße neue Art, deren Name „bizarrer Jäger aus Fujian“ bedeutet und die als Bindeglied angesehen wird, wurde in Schichten des Oberjura entdeckt und hat demnach ein ähnliches Alter wie der berühmte Urvogel *Archaeopteryx*. Das Fossil ist relativ gut erhalten; es fehlen aber Kopf, Hals und das Ende des Schwanzes.

Rekonstruktionen von *Fujianvenator* zeigen ein prächtig entwickeltes Federkleid aus flächigen Federn. Das Fossil selbst weist jedoch gar keine Federn auf. Der Besitz von Federn wird nur angenommen, weil seine nächsten Verwandten der Anchiornithidae Federn besitzen (Dunham 2023). Als vogelartig wird das Fossil eingestuft, da sein Körperbau eine Mischung aus Merkmalen der Avialae (Vögel und nächste Verwandte) sowie zu den Dinosaurierfamilien der Troodontidae und Dromaeosauridae aufweist (Xu et al. 2023). Sein Becken besitzt Merkmale, die zur Diagnose von *Anchiornis* und der Troodontidae verwendet werden (zur Systematik s. Abb. 1).

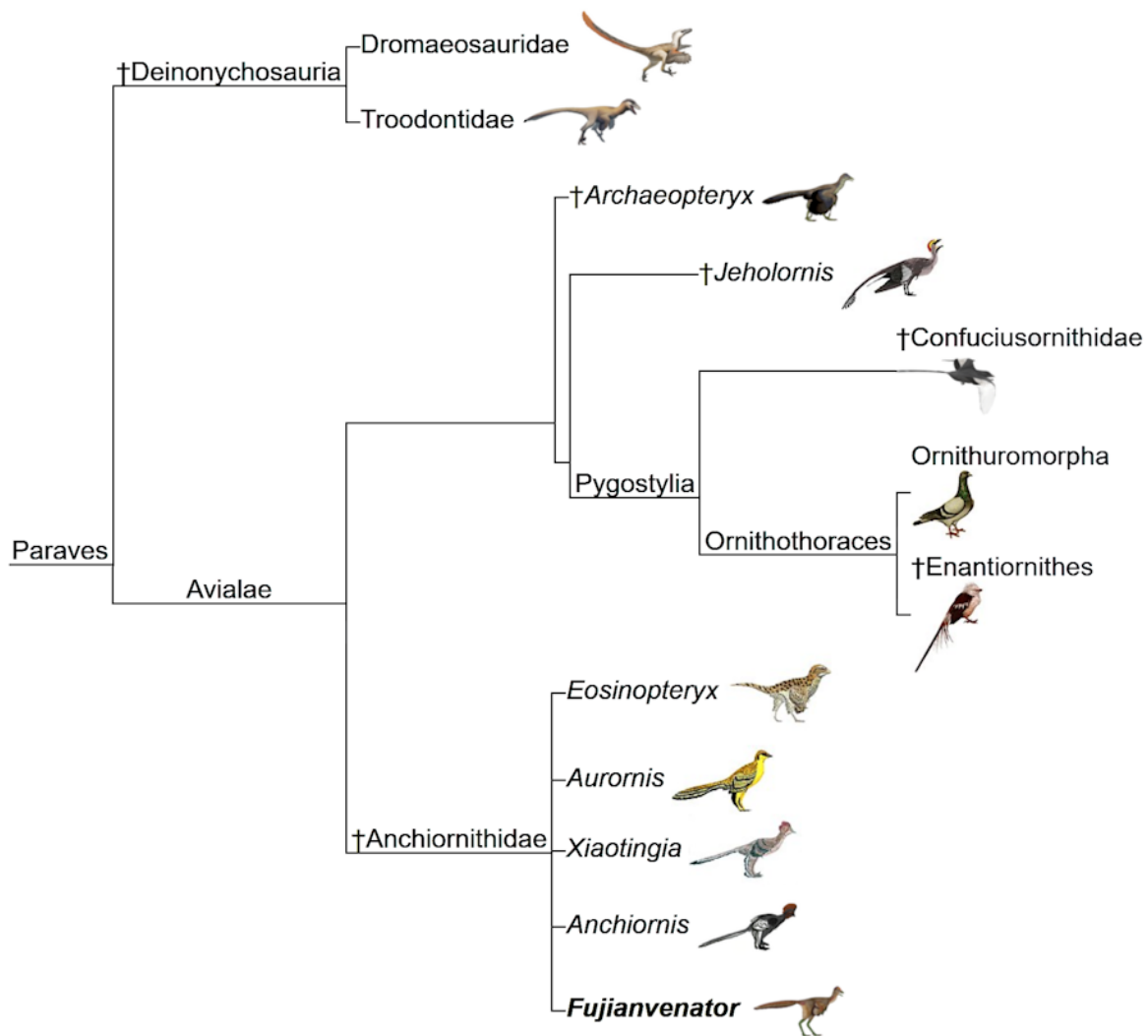


Abb. 1: Stellung von *Fujianvenator* im Cladogramm nach Xu et al. (2023). (Wikimedia: CC BY-SA 4.0: Audrey.m.horn; Fred Wierum; UnexpectedDinoLesson; Luxquine; CC BY 4.0: PaleoNeolithic; CC BY-SA 3.0: Matt Martyniuk; El fosilmaníaco; Cladogramm nach: <https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Fujianvenator&oldid=1176509176>, CC BY-SA 4.0)

Die Vorderextremitäten von *Fujianvenator* sind im Wesentlichen wie das Skelett eines Vogelflügels gebaut, allerdings mit drei Krallen an den Fingern, die bei heutigen Vögeln ebenso wie bei den meisten fossilen Formen fehlen. Eine Ausnahme stellen die Kletterkrallen bei Jungvögeln des Hoatzins dar (s. Abb. 2): „[...] Krallen charakterisierten *Archaeopteryx* [...]. Seltsamerweise haben die Jungtiere des Hoatzins (*Opisthocomus hoazin*) ähnliche Krallen an ihren Flügeln, verlieren sie aber im Erwachsenenalter“ (Naeem & Post 2019). Auch die Proportionen der Handknochen von *Fujianvenator* ähneln denen von *Archaeopteryx*. Aufgrund der Merkmale des gesamten Skeletts ist *Fujianvenator* dennoch wahrscheinlich nicht flugfähig. So hat *Fujianvenator* ein relativ kleines Schulterblatt, was gegen Flugfähigkeit spricht, da ein vergrößertes Schulterblatt mit den Muskeln verbunden ist, die für den Kraftflug erforderlich sind. Details der Mittelhandknochen deuten darauf hin, dass *Fujianvenator* flexible Greiffinger besaß, die beim Ergreifen von Beutetieren hilfreich gewesen sein könnten, während bei verwandten Vogelarten die Mittelhandknochen eine einzige unbewegliche Einheit bilden, an denen die Flugfedern befestigt sind (Xu et al. 2023, 341). **Nimmt man alle diese Merkmale zusammen, sind die Rekonstruktionen von**

***Fujianvenator* mit einem Federkleid irreführend. Die Einstufung als Bindeglied steht schon von daher auf schwachen Beinen.**



Abb. 2: Jungtier des Hoatzin mit Krallen. (Amazon-Images / Alamy Stock Photo)

Apropos Beine. Diesbezüglich ist *Fujianvenator* außergewöhnlich. Denn das Tier besaß sehr lange Beine und ähnelte daher heutigen Lauf- oder Watvögeln. Das Schienbein ist etwa doppelt so lang wie der Oberschenkelknochen. „Betrachtet man [...] nur die Hinterbeine, so liegt *Fujianvenator* weit entfernt von allen anderen Theropoden, einschließlich anderer jurassischer Avialae“, stellen Xu et al. (2023, 341) fest. Ob die Merkmale der Beine eher auf eine Lebensweise im Sumpf oder auf schnelles Laufen hinweisen, ist mangels schlechter Erhaltung der Zehen nicht entscheidbar (Xu et al. 2023, 342; Coleman 2023). **Weitere Fossilien aus der gleichen Fundstelle deuten aber darauf hin, dass *Fujianvenator* in einem sumpfigen Ökosystem lebte.** Damit unterscheidet er sich von anderen Formen, die als Vorfahren der Vögel diskutiert werden und die an ein Leben auf Bäumen und in der Luft angepasst waren. Diese ökologische Nische war bisher bei den Avialae unbekannt.

Fujianvenator wird von den Forschern zu den Anchiornithidae gestellt (Xu et al. 2023), die innerhalb der Avialae eine Schwestergruppe zu *Archaeopteryx* und allen anderen Vogelarten darstellen (s. o. Abb. 1). In evolutionäre Interpretation befindet sich *Fujianvenator* also auf einem Seitenast.

Kommentar

Min Wang, einer der Bearbeiter, wird mit den Worten zitiert: „Auf die Frage nach einem Wort, das *Fujianvenator* beschreiben würde, würde ich sagen ‚bizarr‘. *Fujianvenator* ist weit davon entfernt, modernen Vögeln zu ähneln“ (zit. in Coleman 2023). **Einmal mehr wurde mit *Fujianvenator* ein Fossil entdeckt, dessen Merkmalskombination evolutionär nicht**

erwartet wurde. Offensichtlich ist *Fujianvenator* kein Bindeglied hin zu modernen Vögeln, dafür ist er zu „bizarrr“ – konkret: Die langen Beine und der mutmaßliche Lebensraum passen nicht für eine Interpretation als Bindeglied. *Fujianvenator* erweitert somit unsere Formenkenntnis über Dinosaurier und Vögel, doch er füllt *keine bisher vorhandene evolutionäre Lücke*. Vielmehr führt das Fossil in evolutionärer Perspektive zu einer zusätzlichen Lücke im evolutionären Stammbaum – nämlich von den bereits bekannten Anchiornithidae hin zu *Fujianvenator* mit seinem einzigartigen Merkmalsmosaik.

***Fujianvenator* steht hingegen – wie viele andere Gattungen auch – dafür, dass Merkmale frei kombinierbar sind.** Davon kann aber nur in einem Schöpfungsmodell ausgegangen werden. Xu et al. (2023, 340) sprechen von einem „evolutionären Mosaizismus“: „Die einzigartige Kombination postkranialer (Körperskelett-)Merkmale, die *Fujianvenator* mit frühen Paraves gemeinsam hat, zeigt, wie stark die Phylogenie [Stammesgeschichte] der Avialier durch evolutionären Mosaizismus beeinflusst wurde“ (zu „Paraves“, inklusive Deinonychosauria, und „Avialae“ siehe oben Abb. 1). Doch das ist nur ein Schlagwort, das nichts erklärt und das evolutionäre Problem verschleiern. Wie kann „Mosaizismus“ – mosaikartige Verteilung von Merkmalen – etwas beeinflussen? Es ist die *freie Kombinierbarkeit von Merkmalen*, die zu einer mosaikartigen Verteilung von Merkmalen verschiedener Arten oder größerer Gruppen führt und gerade nicht bekannte evolutionäre Prozesse; daher ist dies evolutionär nicht zu erwarten. „Mosaizismus“ bedeutet bei einer „Übersetzung“ in ein Cladogramm bzw. in einen Stammbaum, dass *Konvergenzen* angenommen werden müssen, also das *mehrfach unabhängige* Auftreten gleicher Merkmale. **Durch einen evolutionären Prozess, der nicht zielorientiert verläuft, sind Konvergenzen aufgrund der fehlenden Steuerung aber gerade nicht zu erwarten** (vgl. Junker 2016).

Quellen

Bernard E (2023) Langbeiniger Dinosaurier als Bindeglied zu den Vögeln, vom 06.09.2023, <https://www.wissenschaft.de/erde-umwelt/langbeiniger-dinosaurier-als-bindeglied-zu-den-voegeln/>

Coleman L (2023) ‘Weird’ dinosaur prompts rethink of bird evolution. Nature News, doi: 10.1038/d41586-023-02757-5.

Dunham W (2023) ‘Bizarre’ long-legged bird-like dinosaur has scientists enthralled, vom 06.09.2023 <https://www.reuters.com/science/bizarre-long-legged-bird-like-dinosaur-has-scientists-enthralled-2023-09-06/>.

Naeem S & Post K (2019) How wings lost their claws. Science 364, 746–748, doi: 10.1126/science.2019.364.6442.twis.

Junker R (2016) Evolution „erklärt“ Sachverhalte und ihr Gegenteil. Stud. Integr. J. 23, 4–12.

Xu L, Wang M et al. (2023) A new avialan theropod from an emerging Jurassic terrestrial fauna. Nature 621, 336–343, doi:10.1038/s41586-023-06513-7.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n324.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

31.03.23 Cratonavis: Mosaik aus T. rex und Vogel?

Vom Umgang mit unerwarteten Vogel-Fossilfunden

Ein jüngst entdecktes Fossil überrascht mit einer ungewöhnlichen Merkmalskombination: Ein Kopf, der in seiner Form *Tyrannosaurus rex* ähnelt, kombiniert mit einem Vogelrumpf. Der Fund wird zwar als weiteres Puzzlestück der Vogel-Evolution bezeichnet, steht wegen ausgeprägter Konvergenzen tatsächlich aber quer zu stammesgeschichtlichen Hypothesen. Wie gehen die Forscher damit um?

Einführung

In populären Darstellungen wird oft behauptet, Fossilfunde bestätigten laufend die Vorstellung von einer Evolution der Lebewesen und neue Funde füllten Lücken im Stammbaum. Dass ein Fossil irgendeine Lücke füllt, ist trivial, wenn man voraussetzt, dass es einen Stammbaum überhaupt gibt. Die Frage ist hingegen: Füllen neuentdeckte Fossilien *bisher vorhandene* Lücken? Das ist in sehr vielen Fällen – vielleicht sogar in der Mehrzahl – durchaus nicht der Fall. Nicht umsonst erhalten neue Fossilfunde regelmäßig das Etikett „überraschend“, oder die Merkmale oder Merkmalsmosaiken neuer Funde werden als „sonderbar“ oder „bizar“ beschrieben. Das heißt, die betreffenden Merkmalskonstellationen waren evolutionstheoretisch nicht vorhergesagt worden und sind unerwartet. Natürlich widerlegen sie Evolutionstheorien als solche nicht, aber sie bestätigen sie auch nicht. Der vermutete historische Ablauf wird umfangreicher und komplexer und die Erklärungsleistung des Konzeptes damit geringer. Schließlich kann man immer den bisher bevorzugten Stammbaum ändern und an neue Funde anpassen – allerdings mit dem „Preis“, dass immer mehr **Konvergenzen*** angenommen werden müssen, also das unabhängige Auftreten ähnlicher Merkmale. Nicht selten kommt es vor, dass Merkmale, deren Ähnlichkeit zunächst als abstammungsbedingt interpretiert wurde (Homologien), später als Konvergenzen neu interpretiert werden müssen. Eine logische Schlussfolgerung dieser Situation ist, dass Bauplanähnlichkeiten kein sicherer Indikator für Evolution sein können.

***Konvergenzen** (= gleichartige Ausprägung von Strukturen abstammungsmäßig nicht verwandter Organismen, die evolutionstheoretisch als unabhängig entstanden interpretiert werden)

Cratonavis

Ein aktuelles Beispiel für diese Situation ist ein kürzlich gemachter Fossilfund eines knapp habichtgroßen Vogels, der etwas schrill als „Urvogel mit Dino-Kopf“ (Manz 2023) oder als „seltsamer primitiver Vogel mit einem T. rex-Kopf“ (Puiu 2023) bezeichnet wurde. Das vollständig erhaltene Fossil wurde von Forschern der *Chinese Academy of Sciences* untersucht und als neue Art *Cratonavis zhui* beschrieben; sie haben es der neu aufgestellten Gattung *Cratonavis* zugeordnet (Abb. 1).



Abb. 1: Künstlerische Darstellung von *Cratonavis zhui*. (Bild: Chuang Zhao, CC BY-SA 3.0)

Cratonavis wurde in den Jiufotang-Schichten Nordchinas entdeckt, die auf 120 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datiert werden (Li et al. 2023). **Sein Körper war vogelähnlich, der Kopf jedoch ausgesprochen untypisch für Vögel und dinosaurierartig.** Insgesamt war der Kopf dem des *Tyrannosaurus rex* recht ähnlich hinsichtlich reptilientypischen Schläfenfenstern (**diapsid*** Ausprägung), Gaumenregion sowie unbeweglichem Oberkiefer. *Cratonavis* konnte daher seinen Oberschnabel nicht unabhängig von Hirnschale und Unterkiefer bewegen, anders als die meisten heute lebenden Vögel.

*diapsid (= mit zwei Schläfenfenstern des Schädeldachs ausgestattet)

Zusammen mit den Gattungen *Jinguoformis* und *Chongmingia* wird *Cratonavis* in die erst vor wenigen Jahren aufgestellte Familie Jinguoformisidae gestellt. Diese Familie wird in den Bereich zwischen *Archaeopteryx* und der Vogelgruppe der Ornithothoraces (Gruppe aus ausgestorbenen Gegenvögeln (Enantiornithes) und **Ornithuromorpha***) eingeordnet (s. Abb. 2).

*Ornithuromorpha (= Vögel mit Fächerschwanz, zu denen auch die heutigen Vögel gehören)

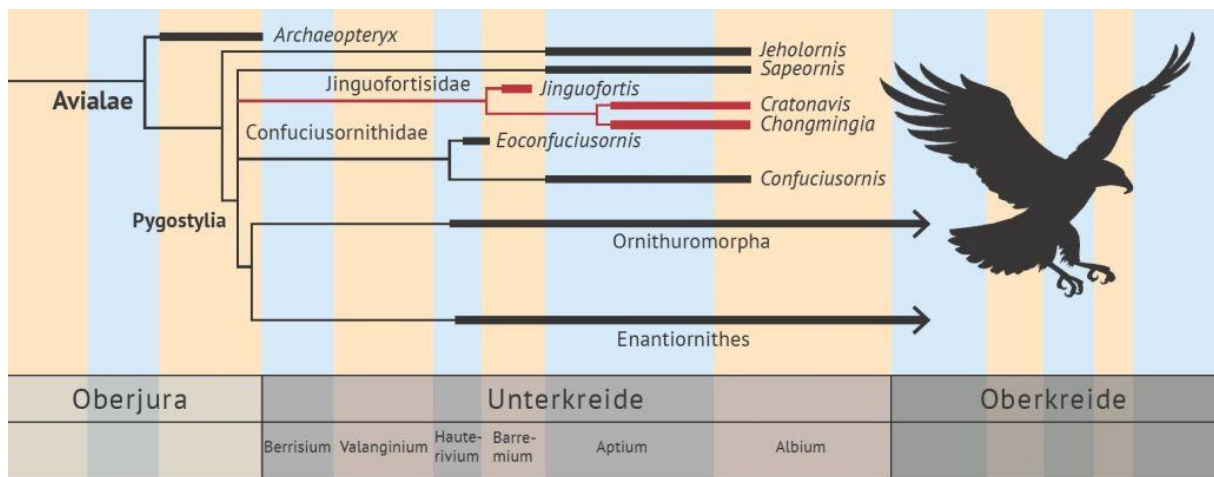


Abb. 2: Einfaches Cladogramm der Vögel mit der erst vor kurzem aufgestellten Familie Jinguofortisidae, zu der der neue Fund *Cratonavis* gestellt wird. (Ausschnitt eines umfangreichen Cladogramms nach Li et al. 2023)

In der Meldung von *scinexx.de* (Manz 2023) wird behauptet, dass ausgehend von zweibeinigen Raub-Dinosauriern (Theropoden) die Formen, die zu den Vögeln führten, „Schritt für Schritt mehr den heutigen Vögeln ähnelten“. Diese Behauptung findet sich auch in der Fachliteratur (z. B. Brusatte et al. 2014). Der neue Fund scheint das auf den ersten Blick zu bestätigen: Dino-Kopf und Vogelkörper. Eine detaillierte Analyse der Merkmalsverteilungen der Theropoden-Familien zeigt jedoch, dass ein „schrittweiser“ Übergang nicht den Fossilbefunden entspricht, **denn die vogelartigen Merkmale bei Dinosauriern sind sehr unsystematisch unter den verschiedenen Gruppen der Theropoden verteilt, was sich in einer auffällig großen Zahl von Konvergenzen äußert** (Junker 2019, Tab. 2 und 3, S. 46). Viele der untersuchten Vogelmerkmale, die bei Theropoden vorkommen, sind gar nicht bei denjenigen Formen ausgebildet, die als unmittelbare Vogelvorläufer angesehen werden. Stattdessen müssten sie – unter Voraussetzung von Evolution – konvergent entstanden sein und zwar zu einem Zeitpunkt, als es längst schon Vögel gab. Und die meisten anderen untersuchten Merkmale gelten als allgemeine und verbreitet vorkommende Theropodenmerkmale und sind daher ebenfalls nicht gut geeignet, eine schrittweise Entstehung von typischen Vogelmerkmalen bei Theropoden zu belegen.

Der neue Fund *Cratonavis* bestätigt dieses Bild von großen Unstimmigkeiten: Es handelt sich zwar um eine ausgeprägte Mosaikform, aber sie passt nicht in eine lineare Reihe, die „Schritt für Schritt“ von Dinosauriern zu Vögeln führt. Denn **der „Dino-Kopf“ steht gleichsam quer dazu, weil der etwa 30 MrJ ältere „Urvogel“ *Archaeopteryx* einen deutlich vogeltypischeren Schädel hatte** (Martin 1985; Elzanowski & Wellnhofer 1995; 1996; Wellnhofer 2009), **während sein Rumpf umgekehrt weniger vogeltypisch war als der von *Cratonavis***. Letzterer besaß ein **Pygostyl***, das *Archaeopteryx* fehlte, der stattdessen einen lange Schwanzwirbelsäule hatte (s. Abb. 3).

*Pygostyl (= Durch die Verschmelzung mehrerer Wirbel gebildeter Knochen am Ende der Wirbelsäule von Vögeln)



Abb. 3: Neuere Rekonstruktion von *Archaeopteryx*. Sie berücksichtigt die in jüngeren Studien gezogene Schlussfolgerung, dass mindestens ein Teil des Gefieders mit hoher Wahrscheinlichkeit schwarz war. (Nobu Tamaura, CC BY-SA 3.0)

Dazu kommt, dass *Cratonavis* einzigartige Merkmale (sog. Autapomorphien) besaß, die nicht in eine Evolutionsreihe hin zu den heutigen Vögeln passen: Die Schulterblätter und die Mittelfußknochen waren ungewöhnlich stark verlängert, so dass auch der vogeltypisch abstehende Hallux (großer Zeh) ziemlich lang war. Diese Ausprägungen werden als konvergente Bildungen angesehen; man kennt verlängerte Schulterblätter sonst bei nicht näher verwandten Ornithomorphen* und verlängerte Mittelfußknochen beim Dromaeosauriden *Balaur* aus der Oberkreide (Li et al. 2023, 25, 26). *Cratonavis* könnte seine langen Zehen benutzt haben, um wie die heutigen Raubvögel zu jagen. Und die Ausbildung eines stark verlängerten Schulterblatts könnte das Fehlen eines verknöcherten Brustbeinkiels kompensiert haben, da es eine zusätzliche Fläche für die Befestigung des Brustmuskels (Pectoralis-Muskel) bietet (Li et al. 2023, 26).

Das komplette Merkmalsmosaik verkleinert insgesamt nicht eine vorhandene Lücke, sondern erfordert evolutionstheoretisch einen zusätzlichen Ast im hypothetischen Stammbaum (Familie Jinguoformidae; s. o. Abb. 2).

Jinguoformis

Cratonavis wird zusammen mit der 2016 erstmals beschriebenen Gattung *Jinguoformis* und der Gattung *Chongmingia* in die neu aufgestellte Familie Jinguoformidae gestellt. **Auch *Jinguoformis* überraschte die Forscher mit einer ungewöhnlichen Merkmalskonstellation von theropoden- und vogeltypischen Merkmalen** (Wang et al. 2016; 2018). Einerseits besaß diese Gattung ein Pygostyl und stark reduzierte Finger, andererseits Krallen an den Fingern der Flügel, ein bumerangförmiges, vermutlich starres Gabelbein und ein verschmolzener Schultergürtel (Schulterblatt und Rabenbein). Letzteres Merkmal erscheint zwar ungünstig für das Fliegen, weil es die Flexibilität für den Schlagflug einschränkt,

dennoch waren die breiten, kurzen Flügel von *Jinguoformis* typisch für Vögel, die gut zwischen Bäumen manövrieren können. Vielleicht war eine bisher unbekannte Art des Fliegens verwirklicht. Der verschmolzene Schultergürtel (Schulterblatt und Rabenbein) ähnelt zwar der Situation bei einigen Theropoden-Dinosauriern, trotzdem eignet sich dieses Merkmal nicht als Beleg für eine stammesgeschichtliche Verbindung von Dinosauriern und Vögeln, weil beim über 20 MrJ älteren *Archaeopteryx* diese beiden Knochen nicht verschmolzen waren. Daher wird eine unabhängige (konvergente) Entstehung angenommen.

Wang et al. (2018, 10708) bemerken, dass *Jinguoformis* die bekannte Diversität (Vielfalt) früher Pygostylier (Vögel mit Pygostyl) vergrößere, und vermuten, dass Entwicklungs-Plastizität eine wichtige Rolle spielte und die mutmaßliche Evolution mosaikartig verlief. Die Jinguoformisidae trügen zum verbreiteten Vorkommen von Mosaik-Evolution bei (Wang et al. 2018, 10710).

Li et al. (2023, 24) stellen fest, dass diese Situation durch *Cratonavis* noch komplizierter werde. **Die Unstimmigkeiten in den Merkmalsverteilungen haben mit dieser Gattung weiter zugenommen.**

Evolutionstheoretische Deutung und die Alternative

Li et al. (2023, 20, 26) interpretieren den neuen Fossilfund so, dass er den „Einfluss von Mosaik-Evolution und biologischer Experimentierung“ im Flugverhalten widerspiegeln würde. Die Vögel, die sich nahe am mutmaßlichen evolutionären Ursprung befinden, zeigten unterschiedliche Merkmale, mit denen sie den vermeintlich unterentwickelten Flugapparat kompensieren konnten, von denen einige bei heutigen Vögeln unbekannt seien. **„Mosaik-Evolution“ und „Experimentierung“ sind jedoch Fremdkörper in einem evolutionären Szenario. Denn Experimente sind absichtsvolle Unternehmungen zur Klärung von konkreten Fragestellungen;** die gewählten Begriffe verschleiern einen evolutionstheoretisch unerwarteten Befund. Die Merkmalsverteilung passt nicht in ein hierarchisches eingeschachteltes System; daher müssen in großem Maße Konvergenzen angenommen werden, was als „Mosaik-Evolution“ bezeichnet wird. Aber warum und auf welchem Wege gelangt ein natürlicher, zukunftsblinder evolutionärer Prozess vielfach unabhängig zu ähnlichen Konstruktionen? Und was soll es bedeuten, dass Mosaik-Evolution einen „Einfluss“ gehabt habe?

Noch weiter geht Puiu (2023) in seinem Newsbeitrag. Die Evolution verlaufe auf einem verschlungenen Pfad, auf dem sie oft einen Schritt vorwärts, aber zwei Schritte zurück machen müsse. Der Dino-Vogel-Mischmasch sei nicht völlig unerwartet. Es gebe immer mehr Belege dafür, dass der Übergang von den Theropoden zu den Vögeln weder glatt noch nahtlos war, sondern durch zahlreiche Wiederholungen und evolutionäre Experimente erfolgte, die zu einer Reihe primitiver Vögel mit mosaikartigen Merkmalen führten.

Genau das würde man aber wegen der Richtungslosigkeit evolutionärer Mechanismen *nicht* erwarten, weil diese Situation mit zahlreichen Konvergenzen einhergeht – ein Befund, der früheren evolutionstheoretischen Erwartungen diametral entgegensteht. Doch nun wird der Bock zum Gärtner gemacht: **Unerwartete Befunde werden kurzerhand als Erwartungen umgedeutet – ohne jede Begründung.** Man könnte auch sagen: Weil man schon öfter nicht passende Funde hatte, erwartet man solche auch zukünftig, bezeichnet diese dann aber neuerdings als Bestätigungen der eigenen Perspektive.

Es gibt allerdings eine konsistente alternative Deutung: die freie Verwendbarkeit und Kombinierbarkeit von Merkmalen. Diese Freiheit besitzt nur ein Schöpfer. Evolution ist dagegen an einen natürlichen Prozess und an natürliche Mechanismen gebunden. Ein evolutionärer Prozess ohne eingebaute Ziele lässt aber – selbst wenn er überhaupt funktionieren würde – keine ähnlichen komplexen Merkmale erwarten, die mehrfach und unabhängig voneinander auftreten.

Quellen

Brusatte SL, Lloyd GT, Wang SC & Norell MA (2014) Gradual assembly of avian body plan culminated in rapid rates of evolution across the dinosaur-bird transition. *Curr. Biol.* *24*, 2386–2392.

Elzanowski A & Wellnhofer P (1996) Cranial morphology of *Archaeopteryx*: evidence from the seventh skeleton. *J. Vert. Paleont.* *16*, 81–94.

Elzanowski A & Wellnhofer P (1995) The skull of *Archaeopteryx* and the origin of birds. *Archaeopteryx* *13*, 41–46.

Junker R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. Internetartikel. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf

Li Z, Wang M, Stidham TA & Zhou Z (2023) Decoupling the skull and skeleton in a Cretaceous bird with unique appendicular morphologies. *Nat. Ecol. Evol.*, doi: 10.1038/s41559-022-01921-w.

Manz A (2023) Urvogel mit Dino-Kopf entdeckt. <https://www.scinexx.de/news/biowissen/urvogel-mit-dino-kopf-entdeckt/>.

Martin LD (1985) The relationship of *Archaeopteryx* to other birds. In: Hecht MK, Ostrom JH, Viohl G & Wellnhofer P (Hg) *The beginnings of birds*. Eichstätt: Freunde Jura-Museums, pp. 177–183.

Puiu T (2023) This weird primitive bird with a T. rex head has scientists puzzled. <https://www.zmescience.com/science/news-science/this-weird-primitive-bird-with-a-t-rex-head-has-scientists-puzzled/>.

Wang M, Wang X, Wang Y & Zhou Z (2016) A new basal bird from China with implications for morphological diversity in early birds. *Sci Rep.* *6*:19700, doi: 10.1038/srep19700.

Wang M, Stidham TA & Zhou Z (2018) A new clade of basal Early Cretaceous pygostylian birds and developmental plasticity of the avian shoulder girdle. *Proc. Natl. Acad. Sci.* *115*, 10708–10713.

Wellnhofer P (2009) *Archaeopteryx. The icon of evolution*. München: Pfeil.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n312.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

23.11.22 Flugsaurier mit Federn?

Begriffsverwirrung führt zu verwirrenden Aussagen

Bei einigen Flugsaurierfossilien wurden haarartige, büschelige und fiederige Strukturen auf der Haut entdeckt, die als „Federn“ interpretiert werden. Demnach sollen Federn schon lange vor dem Auftreten von Vögeln entstanden sein. Die betreffenden Körperanhänge sind jedoch sehr klein. Sie als „Federn“ zu bezeichnen, ist evolutionstheoretisch motiviert und durch den Aufbau der Strukturen nicht gerechtfertigt. Die Bezeichnung „Feder“ ist daher irreführend; das führt zu entsprechend irrigen Schlussfolgerungen. Tatsächlich waren Flugsaurier nach gegenwärtigem Kenntnisstand nicht befiedert. Zudem spricht die Verteilung der Ausprägungen von Hautstrukturen für eine freie Kombinierbarkeit von Merkmalen, die einem Schöpfer zur Verfügung steht, nicht aber einer Evolution, die an bestimmte Mechanismen gebunden ist.

Flugsaurier gehören zu den seltsamsten und ausgefallensten Geschöpfen. Ihre Körperproportionen sind ungewöhnlich: Ein großer Kopf, teils mit extravaganter Ornamentierung und oft mit spitzer Schnauze, gepaart mit einem langen Hals und einem kleinen Körper und kurzen Beinen. Ihre Flugfähigkeit verdanken sie einer Flughaut, die vor allem am extrem langen vierten Finger und am Arm sowie an der kurzen Körperseite aufgespannt war. Schon seit der Entdeckung der ersten Flugsaurier ist bekannt, dass die Körperhaut und teilweise auch die Flughaut mit haarartigen Auswüchsen, sog. Pyknofasern, bedeckt war. Pyknofasern sind kurz, weisen einen in der Mitte verlaufenden Kanal auf und sind nicht in die Haut eingesenkt wie die tief verwurzelten Haare der Säugetiere (Anonymus 2018, 301). Vermutlich dienten sie der Wärmeisolierung.

Federn bei spatzengroßen Flugsauriern?

Die Pyknofasern erhielten in den letzten Jahren neue Aufmerksamkeit. Yang et al. (2019) berichteten von vier verschiedenen Typen haarartiger (oder federartiger?) Körperbedeckung bei zwei Exemplaren der Flugsaurier-Familie der Anurognathidae, deren Alter mit 160 Millionen radiometrischen Jahren (MrJ) bestimmt wurde. Die Anurognathidae gehören zu den kleinsten Flugsauriern und waren nur spatzengroß. Bei ihrer Körperbedeckung handelte sich zum einen um die schon lange bekannten einfachen Fasern, zum anderen wurden andere Typen von Anhängen entdeckt, die bisher bei Flugsauriern unbekannt waren. **Es handelt sich 1. um pinselförmig gebündelte Fasern, 2. um Anhänge, die auf halber Höhe büschelig werden, und 3. um daunenförmig verzweigte Anhänge an den Flügelhäuten.** Solche Strukturen sind auch bei Vögeln oder bei Dinosauriern bekannt, die als Vogelvorläufer gelten. Darüber hinaus wurden im Inneren der Fasern und in der Haut Melanosomen in verschiedenen Formen entdeckt. Diese Strukturen enthalten den Farbstoff Melanin und bestimmen bei heutigen Vögeln die Farbe des Gefieders. Die Autoren interpretieren diese Befunde insgesamt als Belege dafür, dass bereits Flugsaurier Federn besaßen, und vermuten einen gemeinsamen Ursprung von Federn beim gemeinsamen Vorfahren der Dinosaurier und Flugsaurier vor etwa 250 MrJ. Eine unabhängige Entstehung der „Federn“ wäre zwar auch denkbar, wurde von den Autoren jedoch wegen der Ähnlichkeiten mit Integumentstrukturen (= Strukturen auf der Körperhülle) von Dinosauriern als unwahrscheinlich eingestuft. Die Deutung der Strukturen als Körperanhänge erfuhr zwar Kritik (Unwin & Martill 2020), diese wurde aber von den Autoren Punkt für Punkt zurückgewiesen (Yang et al. 2020).

Tupandactylus

Nun wurde jüngst von einem weiteren Typ einer Körperbedeckung bei einem anderen, sehr viel größeren Flugsaurier berichtet. Es handelt sich um den Fund eines unvollständigen Schädels von *Tupandactylus imperator* aus der Unterkreide Brasiliens (113 MrJ). *Tupandactylus* besaß eine Flügelspannweite von 3–5 Metern. Auffällig ist ein von zwei Knochensporen aufgespannter, mehrere Dezimeter langer Hautkamm auf dem Kopf, der wahrscheinlich eine Art Schau-Element darstellte. **An dessen Basis fanden sich Überreste von teils fädigen, teils flauschigen, verzweigten Strukturen.** Eine elektronenmikroskopische Untersuchung offenbarte, dass von einem zentralen, schwer erkennbaren Schaft, der sich zur Spitze hin verjüngte, über fast die gesamte Länge kurze gerade Fasern abgingen (Abb. 1).

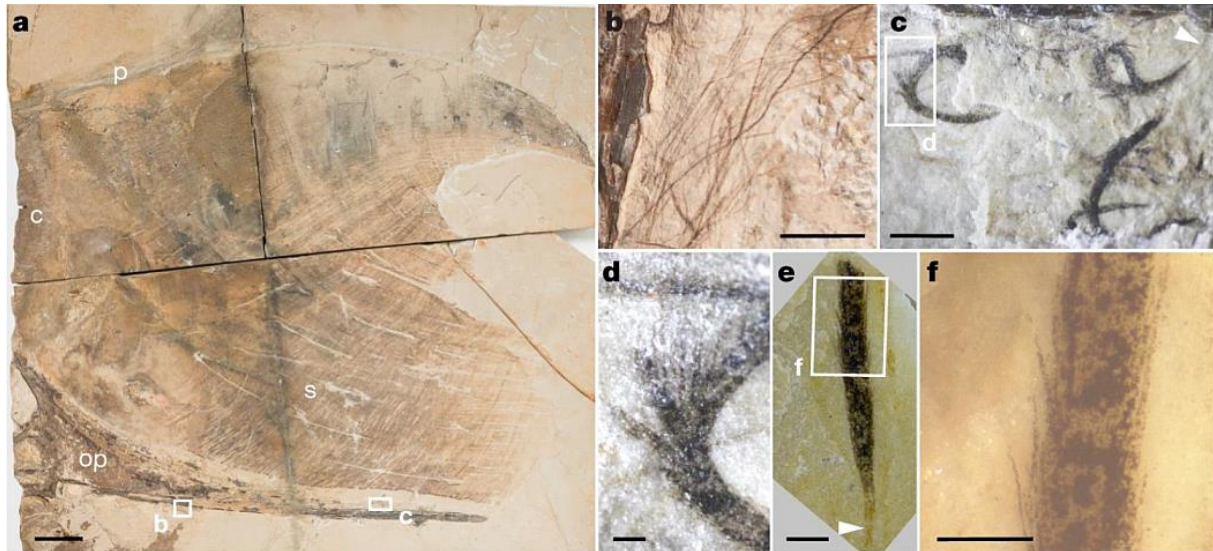


Abb. 1: a Unvollständiger Schädel mit erhaltenem Weichteilkamm; b-f Detail der mit dem hinteren Teil des Schädels verbundenen Integumentstrukturen; b Monofilamente; c verzweigte Federn; d Detail der gebogenen verzweigten Feder in c; e, f gerade verzweigte Feder (e) mit Detail (f). Die weiße Pfeilspitze in e zeigt den basalen Calamus an (der Calamus ist der eingesenkte Teil des Federschafts). Balken: 50 mm (a), 5 mm (b), 2 mm (c), 0,25 mm (d-f). (Aus CINCOTTA et al. 2022, CC BY 4.0)

Die Autoren bezeichnen diese Strukturen daher als „Federn“, die dem Stadium 3b des evolutionären Feder-Entstehungsmodells von Prum (1999) gleichen, weil hier Federäste regelmäßig von einem zentralen Schaft abzweigen (vgl. Abb. 2).

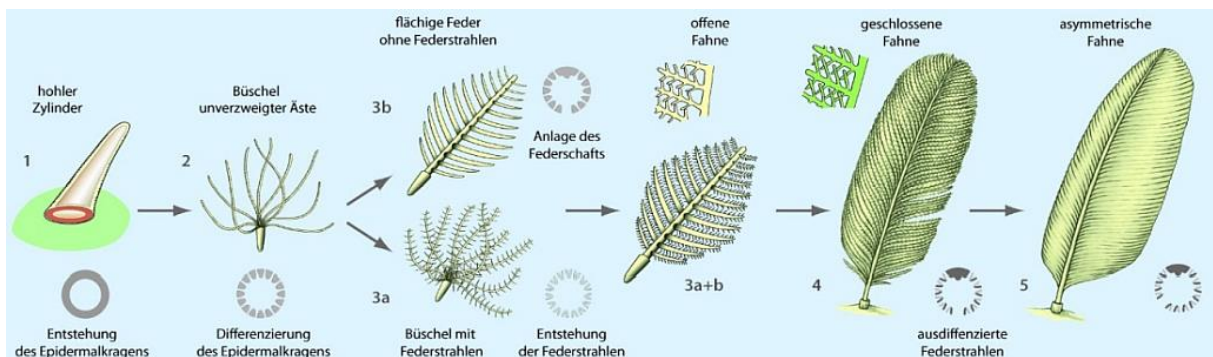


Abb. 2: Evolutionäres Feder-Entstehungsmodell nach PRUM (1999). Relevant für die Diskussion um den besonderen Federtyp von *Tupandactylus* ist Stadium 3b (bei CINCOTTA et al. als IIIa benannt) mit fiederiger Verzweigung. (Nach PRUM & BRUSH 2003 und PERRICHOT et al. 2008; 4-5 von Emily WILLOUGHBY, <https://emilywilloughby.com>, mit freundlicher Genehmigung)

Entsprechend lauteten die Pressemeldungen, dass „Flugsaurier mit Federn“ entdeckt worden seien. Auch hier wurden Melanosomen entdeckt. Dabei befinden sich in den Fasern, in den verzweigten Anhängen und in der Haut verschiedene Formen von Melanosomen. Da die Melanosomen mit der Farbmusterung zusammenhängen, wird aus diesem Befund geschlossen, dass verschiedene Regionen des Hautkamms von *Tupandactylus* unterschiedlich gefärbt waren, was dessen Signalwirkung verstärkt haben dürfte. Es könnte eine fleckige Verteilung von Farben auf der Oberfläche des Hautkamms gegeben haben (Benton 2022; vgl. Abb. 3).

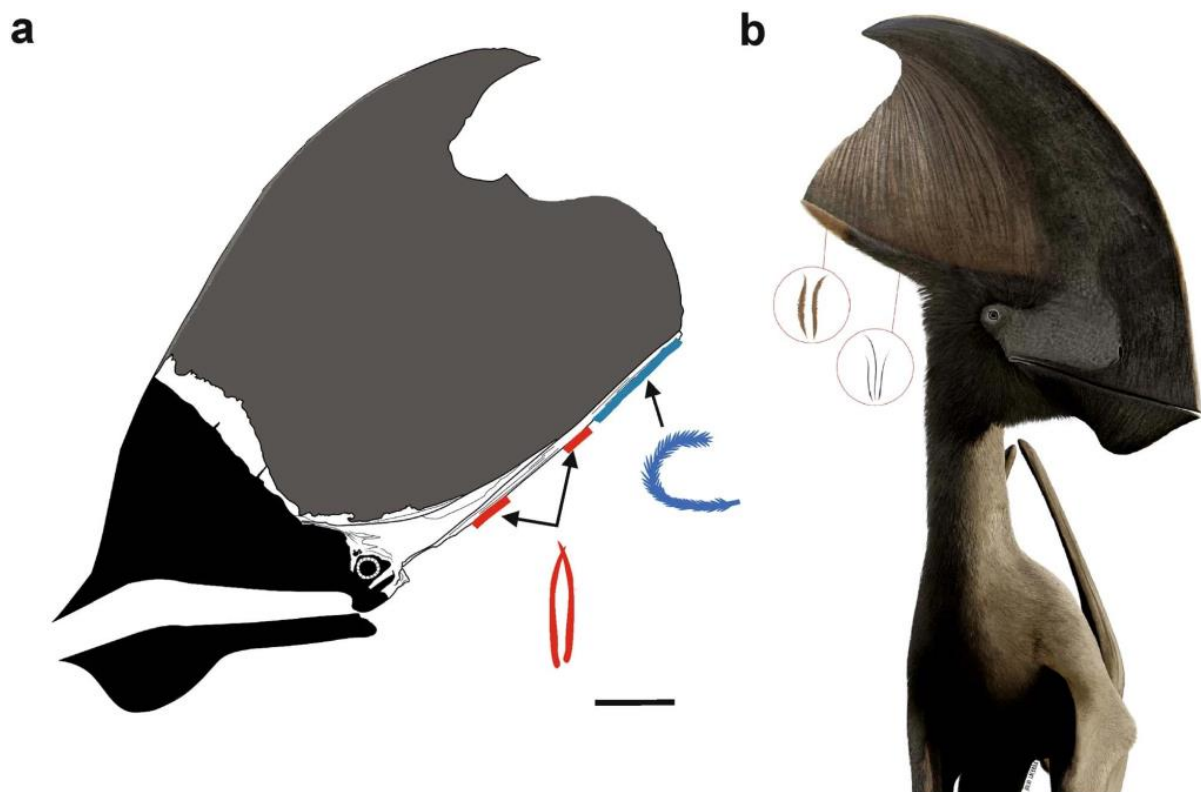


Abb. 3: Rekonstruktion des Kopfes von *Tupandactylus*. (Julio Lacerda, CC BY 4.0)

Cincotta et al. (2022) kommen wie Yang et al. (2019) zum Schluss, dass federartige Strukturen bereits vorhanden waren, bevor sich die Linien der Flugsaurier und der Dinosaurier trennten – vor etwa 250 MrJ. Dass zumindest die fädigen und büscheligen Anhänge auf einen gemeinsamen Vorfahren beider Sauriergruppen zurückgehen, wurde durch eine Stammbaumanalyse mit 84-prozentiger Wahrscheinlichkeit (unter Annahme einer gemeinsamen Evolutionsgeschichte der Lebewesen) unterstützt. Komplexere Strukturen sollen aber in beiden Gruppen unabhängig entstanden sein (Cincotta et al. 2022). Auch diese Autoren vermuten, dass die „Federn“ der Wärmeisolation dienten und vielleicht auch als Elemente der visuellen Kommunikation fungierten.

Diskussion

Wer denkt bei „Federn“ nicht zuerst an die flächigen Vogelfedern, die Teil eines komplexen Flugapparats bilden? **Meldungen wie „Federn bei Flugsauriern“ wirken daher irreführend. Die Strukturen, die Cincotta et al. (2022) als Federn identifizierten, sind sehr klein, insbesondere im Verhältnis zu dem gewaltigen Kopfkamm des Tieres, an dessen Rückseite sie gefunden wurden.** Der zentrale Schaft besaß einen Durchmesser von etwa 60 µm; die abzweigenden Fasern waren etwa 0,1–0,2 mm lang. Die Verankerung im

Körper ist unklar. Cincotta et al. verweisen darauf, dass ein Calamus (der eingesenkte Teil des Schafts) zu sehen sein könnte (s. o. Abb. 1e, weißer Pfeil). Die Art der Verankerung wäre ein wichtiges Indiz für eine Vergleichbarkeit mit Federn (es sei an die oberflächlichen Verankerungen von Pyknofasern erinnert; s. o.).

Die Anhänge der von Yang et al. (2019) beschriebenen vier Typen von Körperanhängen sind ähnlich klein. **Ohne die evolutionäre Sichtweise, dass Vögel von Dinosauriern abstammen, würde man auf der Basis des morphologischen Befundes an sich, also aufgrund der Formen dieser Gebilde, wohl kaum auf die Idee kommen, man habe es mit „Federn“ zu tun.** Nun aber ähneln die verzweigten Fasern solchen, die beim Dromaeosauriden *Sinornithosaurus millenii* gefunden wurden (Abb. 4). Die Dromaeosauriden wiederum werden in einen weiteren Abstammungszusammenhang mit Vögeln gestellt (obwohl sie in deutlich jüngeren Schichten gefunden wurden als Formen mit echten, flächigen, flugtauglichen Federn). Auf diese indirekte Weise wird somit der theoretische Zusammenhang zu „Federn“ bei Flugsauriern hergestellt.

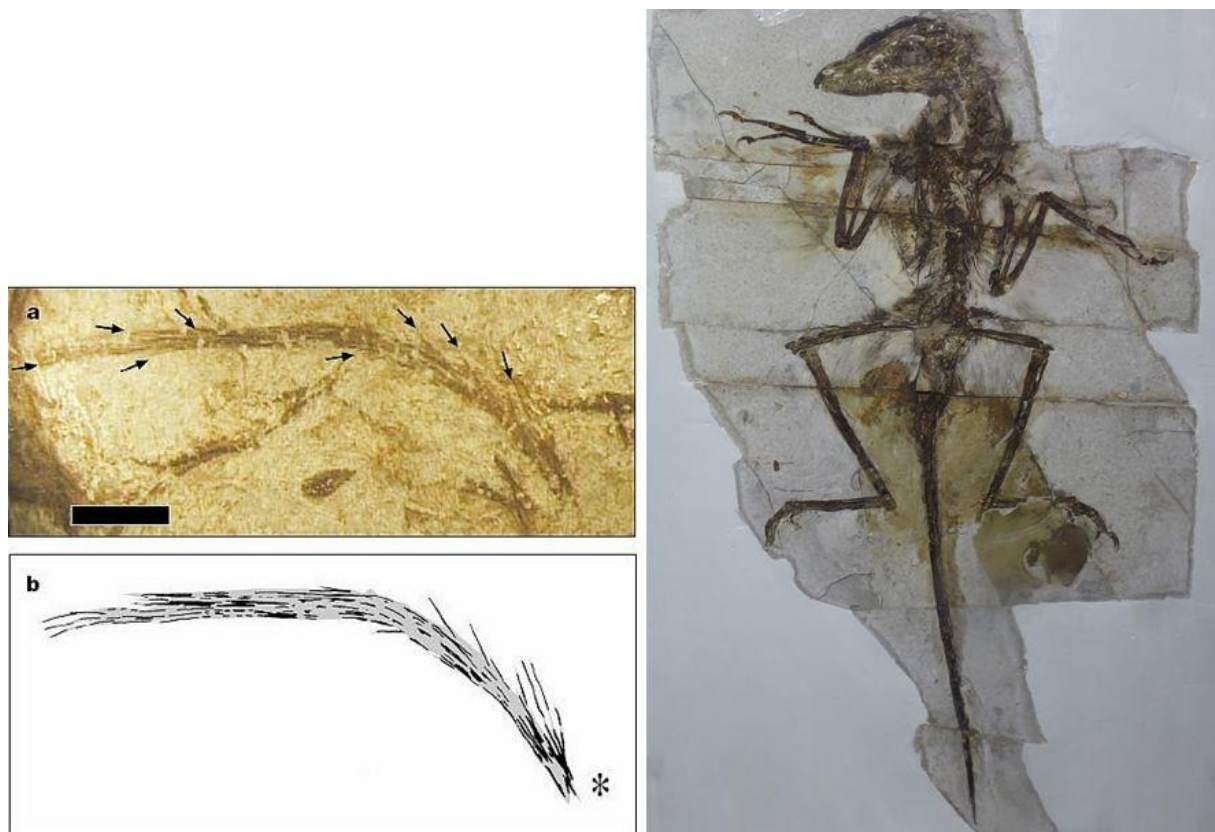


Abb. 4: Links: Integumentstrukturen von *Sinornithosaurus millenii* mit gefiederter Verzweigung, ähnlich Typ 3b nach PRUMs Feder-Entstehungsmodell. Rechts: Vollständiges *Sinornithosaurus*-Exemplar „Dave“. (Links: Aus XU et al. 2001; mit freundlicher Genehmigung; Fossil: Jonathan Chen, CC BY-SA 4.0)

Man kann hier durchaus von Begriffsverwirrung sprechen. Sie entsteht dadurch, dass „Federn“ letztlich nicht vorrangig aufgrund der morphologischen Merkmale definiert werden, sondern aufgrund vermuteter evolutionärer Zusammenhänge. Das Vorhandensein verschieden geformter Melanosomen und winziger verzweigter Fasern auf der Haut wird als ausreichend betrachtet, um von „Federn“ zu sprechen (Cincotta et al. 2022, 687¹). Das erscheint reichlich fragwürdig. Die Autoren schließen allerdings die Hypothese nicht vollständig aus, dass die fadenförmigen Integumentstrukturen der Flugsaurier eine dritte Art von Wirbeltier-Integumentauswüchsen (neben Haaren und Federn) darstellen, die in der

Lage sind, eine auf Melanin basierende Färbung zu vermitteln und zu variieren. Sie halten diese Deutung (vermutlich wegen des evolutionären Denkrahmens) aber für unwahrscheinlich.

Eine Folge der Begriffsverwirrung ist die verwirrende Aussage, Flugsaurier hätten Federn besessen. Man wird hier unwillkürlich denken, das habe etwas mit ihrer Flugfähigkeit zu tun. Aber wozu sollen Federn dienen bei einem Spezialisten, der mit einer ausgefeilten Flughaut exzellent fliegen kann (vgl. Pittman et al. 2021)? **Zu einer Flugfähigkeit tragen diese Gebilde offensichtlich nichts bei.**

Aufgrund der Verteilung der „Federn“ des Typs 3b am Körper müsste man – wie von Cincotta et al. auch angemerkt – von einer konvergenten Entstehung bei Flugsauriern und Dromaeosauriden ausgehen. Selbst wenn man also evolutionstheoretisch argumentiert, könnte gerade das interessante Stadium 3b, dem die Integumentstrukturen von *Tupandactylus* ähneln, nicht als Vorläufer von echten Federn interpretiert werden.

Der Befund an sich legt eher nahe, dass die dichte und auch verzweigte Behaarung eine flugsaurierspezifische Form der Wärmeisolierung war und eventuell Signalwirkung ermöglichte. **Ein evolutionärer Zusammenhang drängt sich nicht auf. Im Gegenteil: Wenn „Federn“ vom Typ 3b konvergent auftreten, sind sie kein verlässliches Argument für eine gemeinsame Abstammung von Theropoden-Dinosauriern und Vögeln.** Wahrscheinlich sind sie hingegen eines von vielen Merkmalen, die wie aus einem Baukastensystem von einem Schöpfer frei kombiniert wurden.

Anmerkung

¹ Über die Anwesenheit verschieden geformter Melanosomen schreiben sie: „This further supports the hypothesis that the branched integumentary structures in pterosaurs are feathers.“

Literatur

Anonymus (2018) Fur and fossils. *Nature* 564, 301–302.

Benton MJ (2022) A colourful view of the origin of dinosaur feathers. *Nature* 604, 630–631.

Cincotta A, Nicolai M et al. (2022) Pterosaur melanosomes support signalling functions for early feathers. *Nature* 604, 684–688.

Pittman M, Barlow LA, Kaye TG & Habib MB (2021) Pterosaurs evolved a muscular wing–body junction providing multifaceted flight performance benefits: Advanced aerodynamic smoothing, sophisticated wing root control, and wing force generation. *PNAS* 118, e2107631118.

Prum RO (1999) Development and evolutionary origin of feathers. *J. Exp. Zool.* 285, 291–306.

Perrichot V, Marion L, Neraudeau D, Vullo R & Tafforeau P (2008) The early evolution of feathers: fossil evidence from Cretaceous amber of France. *Proc. R. Soc.* 275B, 1197–1202.

Prum RO & Brush AH (2003) Zuerst kam die Feder. *Spektr. Wiss.* 10/03, 32–41.

Unwin DM & Martill DM (2020) No protofeathers on pterosaurs. *Nat. Ecol. Evol.* 4, 1590–1591.

Xu X, Zhou ZH & Prum RO (2001) Branched integumental structures in *Sinornithosaurus* and the origin of feathers. *Nature* 410, 200–204.

Yang X, Jiang B et al. (2019) Pterosaur integumentary structures with complex feather-like branching. *Nat. Ecol. Evol.* 3, 24–30.

Yang Z, Jiang B et al. (2020) Reply to: No protofeathers on pterosaurs. *Nat. Ecol. Evol.* 4, 1592–1593.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n308.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.06.22 Stummelarme bei *T. rex*

„Aber *Tyrannosaurus* – warum sind deine Arme so schrecklich kurz?“ - „Damit meine Kumpels nicht aus Versehen reinbeißen.“

Wissenschaft ist oft anstrengend, kann aber auch manchmal erheiternd sein. Jedenfalls hatte ein aktueller Vorschlag zur Lösung eines paläontologischen Rätsels auf mich diese Wirkung. Über den betreffenden Wissenschaftler will ich mich aber keineswegs lustig machen – im Gegenteil: Seine Kreativität in der Suche nach der Antwort auf die ur-biologische Frage „Wozu“ finde ich bewundernswert. **Die Wozu-Frage, also die Frage nach dem Zweck einer biologischen Struktur, ist eine Haupttriebfeder biologischer Forschung.** Diesbezüglich stellen die Lebewesen die Wissenschaftler häufig vor Herausforderungen. Zur Klärung der Bedeutung einer biologischen Struktur ist die Lebensweise von zentraler Bedeutung. Allerdings ist diese bei Lebewesen, die wir nur fossil kennen, oft schwer herauszufinden.

Bei den heutigen Lebewesen waren manche Evolutionsbiologen in der Vergangenheit zu schnell dabei, die Frage „wozu ist das gut?“ mit einem „zu gar nichts *mehr*“ zu beantworten. *Nicht mehr* zweckmäßig seien viele Strukturen von Lebewesen, weil sie im Laufe der angenommenen Evolution ihre Funktion *verloren* hätten. Das wohl berühmteste Beispiel ist der Wurmfortsatz (Appendix) des menschlichen Blinddarms, der keinen Nutzen zu haben schien – bis genauere Untersuchungen dies widerlegten (Bollinger et al. 2007; Smith et al. 2013; Ullrich 2013). Überhaupt ist die Annahme, es gebe funktionslose Organe, nicht bestätigt worden. Der Neugier der Wissenschaftler sei Dank.

Die Biologie lebt also gewissermaßen davon, Wozu-Fragen zu beantworten. Das ist ihr Spezifikum. **Dahinter steht – meist unausgesprochen – die Auffassung, dass in der Biologie nichts dem Zufall überlassen ist, jedenfalls nichts Wesentliches.** Andernfalls würde sich die Frage nach der Funktion eigentlich erübrigen. Da sich die Lebewesen die Zwecke ihrer Organe aber kaum selber ausgedacht haben, steht im Hintergrund der Frage „Wozu“ letztlich immer auch die Frage nach einem zielgerichtet denkenden und handelnden Schöpfer.

Ein schönes Beispiel dafür, dass biologische Forschung sich keinesfalls damit zufrieden gibt, nur zu beschreiben, was man vorfindet, ist einer der bekanntesten Dinosaurier: kein geringerer als der „König der Herrscherechsen“ – *Tyrannosaurus rex*. Dieser beeindruckende König scheint jedoch einen ausgeprägten und unübersehbaren Makel zu haben. Seine Vorderextremitäten sind allzu klein und sehen am mächtigen Körper geradezu kurios, ja fast lächerlich aus (s. Abb. 1). Sie reichten nicht einmal bis zum Maul. **Die kurzen Arme sind deshalb „seit langem Gegenstand von Verwunderung, Spekulationen und sogar Spott von Seiten der Paläontologen und der Öffentlichkeit gewesen“** (Padian 2022, 63). Und natürlich begnügen sich die Biologen nicht mit der Feststellung: „Es ist halt so.“ Selbstverständlich wollen sie wissen, warum das so ist. „Biologischen Theorien zufolge müssen die verkürzten Ärmchen dem *T. rex* irgendwelche Vorteile verschafft haben“, kommentiert das Online-Wissenschaftsmagazin *scinexx* (Podbregar 2022). Aber welche Funktion hatten diese derart kurzen Arme?

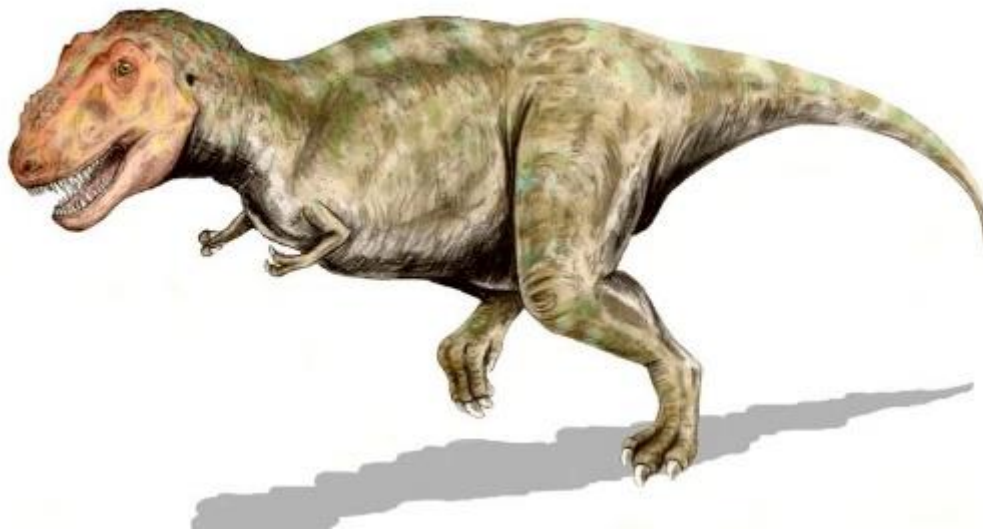


Abb. 1: Rekonstruktion von *T. rex* (Wikimedia: © Nobu Tamura, CC BY 2.5)

Genau das ist bis heute ein Rätsel, an dem sich die Paläontologen bisher vergeblich die Zähne ausgebissen haben. Alle bislang vorgeschlagenen Antworten sind nicht überzeugend, wie Padian (2022) in einem aktuellen Beitrag erläutert. Dienten die klauenbewehrten Arme dem Festhalten der Beute? Kaum, denn die Schnauze verbiss sich wohl längst tief in der Beute, bevor die kurzem Ärmchen diese überhaupt zu fassen bekamen. Eine Bedeutung bei der Paarung ist ebenfalls ausgeschlossen, da die Ansatzpunkte der beiden Arme viel zu eng zusammen liegen, um den über einen Meter breiten Brustkorb eines Weibchens umfassen zu können. Zudem konnte *T. rex* seine Arme gar nicht zur Seite bewegen. Auch vorgeschlagene Funktionen in der Kommunikation oder als Signalstruktur sind unwahrscheinlich; auch dafür sind die Arme einfach zu unscheinbar.

Im Rahmen phylogenetischer Hypothesen über Abstammungsverhältnisse muss zudem angenommen werden, dass die Vorderextremitäten im Laufe der Evolution kürzer geworden sind – dies gilt auch bei zwei anderen Dinosaurierlinien, den Abelisauriden und den Carcharodontosauriden (Padian 2022, 63; Abb. 2). „Es ist schwer zu erklären, warum es für die Abstammungslinie von Vorteil sein soll, kleinere Arme zu entwickeln, anstatt größere beizubehalten“, stellt Padian (2022, 67) fest. **Für alle vorgeschlagenen Funktionen wären größere Arme deutlich effektiver gewesen** (S. 63).



Abb. 2: *Carnotaurus* (Links) aus der Gruppe der Abelisauriden sowie Tyrannotitan aus der Gruppe der Carcharodontosauriden (Mitte) besaßen ebenso wie *Tyrannosaurus* (rechts) extrem verkürzte Arme, standen aber

zueinander in keinem verwandtschaftlichen Verhältnis. (Wikimedia: Packa & Hic et nunc, CC BY-SA 3.0; Tecnópolis Argentina, CC BY 2.0; Billion, CC BY-SA 3.0)

Was also kann die kleinen Arme von *Tyrannosaurus* erklären? Padian sieht eine neue heiße Spur, die mit der Lebensweise zusammenhängt: Es gibt nämlich paläontologische Hinweise darauf, dass mehrere Tyrannosaurier gemeinsam an einer Beute fraßen. Möglicherweise jagten sie auch im Rudel. Wenn sich nun mehrere Tiere gleichzeitig über einen Kadaver hermachten und dabei eng beieinander standen, könnte es bei einem solchen Getümmel leicht passieren, dass versehentlich die Arme eines Artgenossen erwischt wurden. Mit kurzen Armen waren die Tiere vor dieser unter Umständen tödlichen Gefahr geschützt. Die Kürze der Arme an sich hätte demnach keine direkte Funktion, würde aber indirekt vor Schaden bewahren.

Padian sieht Möglichkeiten, diese ausgefallene Hypothese anhand von paläontologischen Befunden zu überprüfen. So sind Bissspuren am Schädel und anderen Teilen des Skeletts von Tyrannosauriern und anderen Raubdinosauroiern bekannt. Es wäre zu klären, ob Bissspuren bei *T. rex* weniger häufig auftreten. Das wäre eine indirekte Bestätigung seiner Hypothese. Padian diskutiert weitere Testmöglichkeiten, die aber insgesamt kein besonders klares Bild ergeben und teilweise auch nicht besonders zielgenau in Bezug auf die vorgeschlagene Hypothese sind. Jedenfalls hält Padian es für wichtig, beim Verständnis des Körperbaus – hier also der kleinen Ärmchen – auch soziale Aspekte, Fressverhalten und andere ökologische Faktoren zu berücksichtigen.

Diskussion

Die vorsichtige Argumentation von Padian und die ausführliche Diskussion von Möglichkeiten, seine Hypothese zu testen, sind durchaus lobenswert. Die Lösung des Rätsels der kurzen Ärmchen des „königlichen Herrschers“ kann einen dennoch zum Schmunzeln bringen. Man stelle sich die Szenerie einer gierig fressenden *Tyrannosaurus*-Horde vor und wie sie Gefahr laufen, sich dabei gegenseitig schwer zu verletzen. Wenn das kein starker Selektionsdruck ist, die Arme schnellstmöglich zurückzubilden! Dass man dabei wichtige Funktionen der Vorderextremitäten verliert, muss man eben in Kauf nehmen. Aber im Ernst: Ein solches Szenario wirft doch einige schwerwiegende Fragen auf. **Der mutmaßliche Nutzen der starken Verkürzung – bzw. das Fehlen eines Schadens – ist ja erst dann gegeben, wenn die Arme schon kurz sind. Wie aber verlief der Weg dahin?** Die Rückbildung der Vorderextremitäten wäre hinsichtlich anderer Funktionen zunächst ein Selektionsnachteil; was soll sie also selektiv gefördert haben?

Vielleicht ist beim gegenwärtigen Stand des Wissens die Feststellung angemessener, dass wir *Tyrannosaurus* einfach nicht verstehen. Es sind vermutlich noch zu viele unbekannte Aspekte im Spiel. Das gilt auch dann, wenn man die Perspektive wechselt und annimmt, der Grundtyp der Tyrannosauriden sei geschaffen worden. Die Frage „Wozu?“ stellt sich dann genauso. Allerdings erübrigen sich in dieser Sichtweise die Fragen nach Selektionsdrücken für die Rückbildung der Arme, weil ein Schöpfer von vorneherein die Gefahr gegenseitiger Verletzung mit einkalkulieren und von Beginn an kurze Arme schaffen kann.

Literatur

Bollinger RR, Barbas RS, Bush EL, Lin SS & Parker W (2007) Biofilms in the large bowel suggest an apparent function of the human vermiform appendix. *J. Theor. Biol.* 249, 826–831.

Padian K (2022) Why tyrannosaurid forelimbs were so short: An integrative hypothesis. Acta Palaeont. Polon. 67, 63–76.

Podbregar N (2022) Warum hatten Tyrannosaurier so kurze Arme? (4. April 2022)
<https://www.scinexx.de/news/biowissen/warum-hatten-tyrannosaurier-so-kurze-arme/>.

Smith HF et al. (2013) Multiple independent appearances of the cecal appendix in mammalian evolution and an investigation of related ecological and anatomical factors. C. R. Palevol., doi:10.1016/j.crpv.2012.12.001.

Ullrich H (2013) Der Wurmfortsatz: Vom Nichtsnutz zum Mysterium. Stud. Integr. J. 20, 111–115.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2022, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n301.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.06.21 *Ambopteryx*: Dinosaurier mit Fledermausflügeln?

Eine Merkmalskombination aus Flughäuten und Federn – gleichsam ein Mix aus Fledermaus und Vogel – hätte man früher bei realen Lebewesen im Rahmen von Evolutionstheorien ausgeschlossen. Die beiden fossilen Arten *Yi qi* und *Ambopteryx longibrachium* weisen aber eine solche Kombination auf – allerdings nicht mit echten, flächigen Federn. Beide Arten werden zur Dinosaurier-Gruppe der vermutlich in Bäumen lebenden Scansoriopterygidae („Kletterflügel“) gestellt. Ihre Existenz wirft für evolutionstheoretische Modelle einige schwerwiegende Fragen auf.

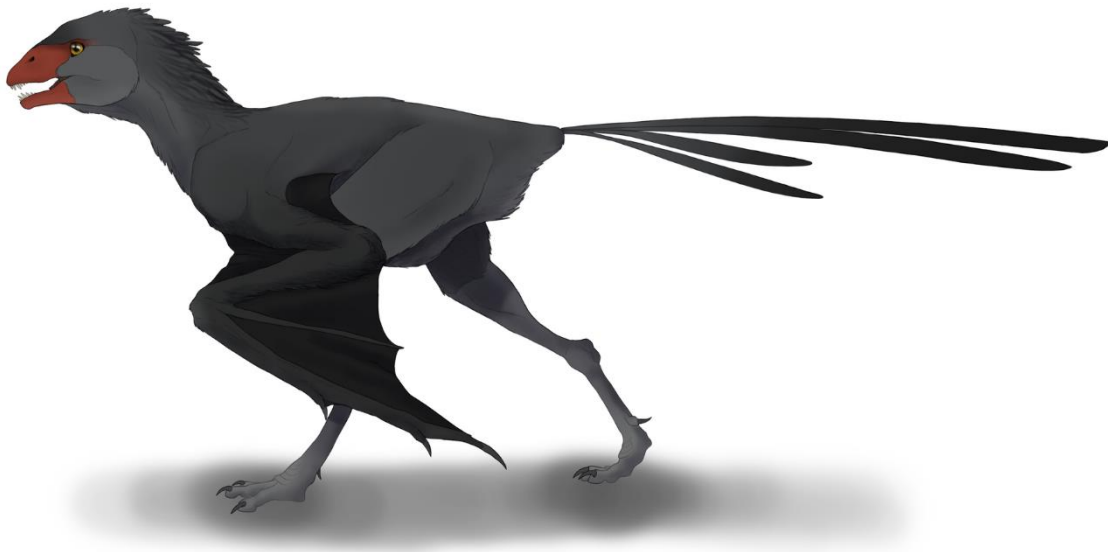


Abb. 1 Rekonstruktion von von *Ambopteryx longibrachium* auf der Grundlage bekannter fossiler Elemente. (Wikimedia: Audrey.m.horn, CC BY-SA 4.0)

Als Kriterium für Wissenschaftlichkeit gilt weithin Falsifizierbarkeit. Das heißt: Es sollten Befunde denkbar sein, die der aufgestellten Hypothese widersprechen und ihre Änderung oder Verwerfung erfordern. Allerdings funktioniert dieses Kriterium bei naturhistorischen Hypothesen kaum und wird in der Praxis auch nicht so gehandhabt (vgl. Junker 2021a). Das gilt auch für Evolutionshypothesen, wie das Beispiel der Hypothesen zur Entstehung des Vogelflugs eindrucksvoll zeigt (Junker 2021b). Es können zudem viele Beispiele von Vorhersagen im Rahmen von Evolutionstheorien genannt werden, die nicht eingetreten sind, ohne dass Evolution als Rahmenparadigma angetastet wurde. Innerhalb dieses Deutungsrahmens gibt es zwar häufig Änderungen im Detail, aber der Rahmen selbst steht nicht zur Disposition.

Zu den von der Standard-Evolutionstheorie (StET) gleichsam verbotenen Befunden gehört laut Beyer (o. J.) das „unabhängige Auftreten spezifischer Ähnlichkeiten. ... Daher dürfen mehrteilige und komplizierte Merkmalskomplexe ... wie die Vogelfeder, der Wirbeltierknochen oder die Wirbeltierextremität nicht mehrfach und voneinander unabhängig entstanden sein. Falls man derlei findet (z. B. die erwähnte ‚Fledermaus mit Vogelfedern‘), wäre dies ein extrem starkes Falsifikationskriterium für die StET.“

Wenn es so wäre, wären die beiden zur Dinosauriergruppe der baumbewohnenden Scansoriopterygidae („Kletterflügel“) gestellten Gattungen *Yi* und *Ambopteryx* ein schwerwiegendes Problem für die Standard-Evolutionstheorie. Im Jahr 2015 war *Yi qi* („merkwürdiger Flügel“) beschrieben worden (Xu et al. 2015). *Yi* besaß einen bei anderen Dinosauriern bislang unbekanntem langen stabförmigen Knochen, der vom Handgelenk ausging und an dem vermutlich eine Flughaut aufgespannt war, die wahrscheinlich einen Gleitflug ermöglichte. Wie bei anderen Scansoriopterygiden war der dritte Finger verlängert. Darüber hinaus wurden aber auch „Federn“ nachgewiesen – allerdings keine flächigen flugtauglichen Federn, sondern dünne, büschelige, pinselartige Fasern, die kaum eine aerodynamische Bedeutung haben konnten. **Die Bezeichnung „Feder“ ist fragwürdig und tendenziös, denn sie ist nicht durch den morphologischen Befund begründet, sondern motiviert durch evolutionstheoretische Hypothesen zur Federentstehung ausgehend von haarartigen Körperbedeckungen bei Dinosauriern.** So gesehen könnte also in Bezug auf eine Falsifikation einer Entstehung durch Evolution auch in dieser Hinsicht Entwarnung gegeben werden.

Neuer Fund. Nun wurde eine weitere Gattung mit dieser ungewöhnlichen Merkmalskombination von Flughaut, langem stabförmigem Knochen, langem dritten Finger und haarartigen „Federn“ entdeckt – *Ambopteryx longibrachium* (Wang et al. 2019), wie *Yi* in Schichten des Oberjura geborgen (163 Millionen radiometrische Jahre und damit älter als der „Urvogel“ *Archaeopteryx*). Die „Federn“ sind dicht um den Kopf, den Hals und die Schulterregionen erhalten. Der Gattungsname bedeutet „zweifach geflügelt“. Um den stabförmigen Knochen ist membranartiges Gewebe erkennbar. Die auffallenden Ähnlichkeiten mit *Yi* rechtfertigen die Zuordnung zu den Scansoriopterygiden. *Ambopteryx* weist aber auch deutliche Unterschiede zu *Yi* auf. Beispielsweise ist der leicht gebogene und sich verjüngende stabförmige Knochen anders als bei *Yi* kürzer als der Oberarmknochen. Die gerade Elle ist kürzer als der Oberarmknochen und hat fast den doppelten Durchmesser im Vergleich zur Speiche, was in starkem Kontrast zum geringen Unterschied zwischen Elle und Speiche bei anderen Scansoriopterygiden steht. Bemerkenswert ist der Besitz einer im Vergleich zu *Yi* kürzeren Schwanzwirbelsäule mit einem Pygostyl; das sind verschmolzene Schwanzwirbel, an denen bei Vögeln kräftige Muskulatur und fächerförmig angeordnete Schwanzfedern ansetzen. Das Pygostyl ist bei den Scansoriopterygiden als Konvergenz (unabhängig entstandenes Merkmal) zu werten und kann nicht als Hinweis auf eine nähere Verwandtschaft mit den Vögeln interpretiert werden.

Leider erlaubt die Qualität der Erhaltung von *Ambopteryx* und *Yi* nicht, die Beschaffenheit des membranösen Gewebes zu rekonstruieren, so dass eine Beurteilung seiner genauen Funktion nicht möglich ist; es ist nach wie vor nicht gesichert, dass die Membran eine Gleitflugfunktion besaß. Diskutiert wird auch eine Unterstützung einer anderen Art der Fortbewegung oder die Funktion als Schmuckelement.

Insgesamt unterscheiden sich die Scansoriopterygiden deutlich von anderen Dinosauriergruppen (Wang et al. 2019, 258). Evolutionstheoretisch müssen sie als spezielle, von anderen Dinosauriern und Vögeln unabhängige Linie interpretiert werden. Anders als die Vögel besaßen die Scansoriopterygiden ungewöhnlich kurze Mittelhandknochen; die Verlängerung der Vorderextremität wird in erster Linie durch die Verlängerung von Oberarmknochen und Elle erreicht, während bei den Vögeln Handwurzel- und Mittelhandknochen zum Carpometacarpus verschmolzen und verlängert sind. Wang et al. (2019, 259) fassen zusammen: „Das gemeinsame Auftreten von kurzen Mittelhandknochen mit membranösen Flügeln – im Gegensatz zu langen Mittelhandknochen und gefiederten Flügeln – zeigt, wie diese beiden deutlich unterschiedlichen Flugapparate die Gesamtstruktur

der Vordergliedmaßen beeinflussen können. Membranflügel sind bei den Theropoden der Kreidezeit unbekannt, was darauf hindeutet, dass die Kombination eines vogelähnlichen Körperbaus (z. B. lange Vordergliedmaßen und ein kurzer Schwanz) mit Membranflügeln, die sich bei den Scansoriopterygidae entwickelt hat, eine bisher unbekannte Anpassung von Wirbeltieren mit Flugverhalten darstellt.“

Nach einer neuen Untersuchung der für den Flug relevanten Körperteile von Scansoriopterygiden mittels laserinduzierter Fluoreszenz war ihre Flugmuskulatur schwach, das Brustbein klein und der deltopectorale Kamm am Oberarmknochen, ein Ansatzpunkt für Oberarmmuskeln, nur schwach entwickelt (Dececchi et al. 2020). Daher seien aktiver Flugstart und dauerhafter aktiver Flug praktisch unmöglich gewesen und nur ein suboptimaler Gleitflug denkbar, so Dececchi et al. (2020, 12).

„Experimentierfreudige Evolution“. Eine Merkmalskombination wie bei *Yi* und *Ambopteryx* ist evolutionstheoretisch unerwartet. Der „Spiegel“ bringt es populär auf den Punkt: „*Ambopteryx longibrachium* wirkt wie ein Mix aus Fledermaus, Vogel und Mini-Raubosaurier – als hätte man das Tier aus Teilen verschiedener Puzzles montiert.“¹ Nur gibt es in der Evolution keinen Monteur. Die Merkmalskombination passt nicht zwanglos in einen Stammbaum, vielmehr müssen in großem Umfang Konvergenzen, also eine unabhängige Entstehung ähnlicher Merkmale angenommen werden. Das ist eigentlich ein Problem für evolutionäre Hypothesen; nicht umsonst versucht man bei der Konstruktion von Cladogrammen (Ähnlichkeitsbäumen) die Anzahl von Konvergenzen zu minimieren. Aber aus dieser Situation versucht man dennoch, für Evolutionstheorien Kapital zu schlagen: mit der Idee der „Experimentierung“. Die FAZ kommentiert: „An dem Saurier lässt sich ablesen, dass die Natur bei der Erfindung des Fliegens äußerst experimentierfreudig gewesen war und mehrere Lösungen ausprobierte.“² In der Originalarbeit bei Wang et al. (2019, 256) hört sich das so an: „Die häutigen Flügel, die bei den Scansoriopterygiden durch verlängerte Vordergliedmaßen gestützt werden, stellen wahrscheinlich ein kurzlebiges Experimentieren mit Flugverhalten dar, und gefiederte Flügel wurden schließlich während der späteren Evolution der Paraves bevorzugt.“ Auch Dececchi et al. (2020) sprechen von „Experimentierung“.

Gemessen an den bekannten Evolutionsmechanismen ist das allerdings unhaltbar, weil Mutation, Selektion und andere Evolutionsfaktoren ungerichtet sind, wie gerade die Befürworter der Evolutionslehre immer wieder betonen. Ein Evolutionsprozess wird als natürlicher Vorgang betrachtet, der als solcher keine Ziele verfolgen kann. Warum die Scansoriopterygiden „kurzlebig“ waren und ausgestorben sind, ist in Wirklichkeit unbekannt. Sie hätten jedenfalls nicht entstehen können, wären sie nicht lebens- und konkurrenzfähig gewesen. Man kann davon ausgehen, dass sie ihre eigene ökologische Nische innehatten, die bisher allerdings nicht im Einzelnen aufgeklärt ist. Aus der Sicht der Schöpfungslehre gab es zwar auch keinen Experimentator, jedoch einen Schöpfer, der offenbar eine große Vielfalt an Art und Weisen des Fluges erfunden und verwirklicht hat. Die Frage nach dem Grund des Aussterbens bleibt aber auch hier ohne sichere Antwort.

Anmerkungen

¹ <https://www.spiegel.de/wissenschaft/natur/forscher-finden-bizarren-fledermausfluegel-saurier-a-1266124.html>

² <https://www.faz.net/aktuell/wissen/archaeologie-altertum/flugsaurier-16177567/ambopteryx-longibrachium-im-16176843.html>

Quellen

Beyer A (o. J.) Wissenschaft im Rahmen eines Schöpfungsparadigmas? – eine Replik auf ein Positionspapier von „Wort und Wissen“. www.ag-evolutionsbiologie.de/app/download/5785603750/creationscience.pdf

Dececchi TA, Roy A et al. (2020) Aerodynamics show membrane-winged theropods were a poor gliding dead-end. *iScience* 23(12), 101574, <https://doi.org/10.1016/j.isci.2020.101574>

Junker R (2021a) Methodologie der Naturgeschichtsforschung. In: Junker R & Widenmeyer M (Hrsg.) *Schöpfung ohne Schöpfer? Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie*. Studium Integrale. Holzgerlingen, S. 65–81.

Junker R (2021b) Erklärungen in der Naturgeschichte am Beispiel der Entstehung von Vogelfeder und Vogelflug. In: Junker R & Widenmeyer M (Hrsg.) *Schöpfung ohne Schöpfer? Eine Verteidigung des Design-Arguments in der Biologie*. Studium Integrale. Holzgerlingen, S. 83–107.

Wang M, O'Connor JK, Xu X & Zhou Z (2019) A new Jurassic scansoriopterygid and the loss of membranous wings in theropod dinosaurs. *Nature* 569, 256–259.

Xu X, Zheng X, Sullivan C, Wang X, Xing L, Wang Y, Zhang X, O'Connor JK, Zhang F & Pan Y (2015) A bizarre Jurassic maniraptoran theropod with preserved evidence of membranous wings. *Nature* 521, 70-73, doi: 10.1038/nature14423.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n292.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.04.21 Brutverhalten bei einem Dinosaurier – ein Vogelmerkmal, aber keine evolutionäre Entwicklung

Vogelmerkmale sollen sich unter Dinosauriern schrittweise evolutiv „angesammelt“ haben. Zu diesen Merkmalen soll sich nun auch das Brüten von Gelegen gesellen. Doch für dieses Merkmal muss eine unabhängige Entstehung bei den Dinosauriern angenommen werden; es passt daher nicht als *Vorläufermerkmal*. Das gilt auch für viele andere Vogelmerkmale bei Dinosauriern.

Dass die Vögel die letzten Überlebenden der Dinosaurier aus der Gruppe der Theropoden („Wildtierfüße“) seien, hat sich als ziemlich fester Bestandteil von Evolutionstheorien etabliert. Darüber hinaus soll der Übergang von Theropoden-Dinosauriern zu Vögeln nachweislich *schrittweise* erfolgt sein. Die Merkmale, die charakteristisch für Vögel sind, seien im Wesentlichen in unterschiedlicher Häufigkeit bereits bei verschiedenen Dinosaurier-Gattungen aus mehreren Familien der Theropoden ausgebildet gewesen. Man könne daher heute keine Grenze mehr zwischen Dinosauriern und Vögeln ziehen (Brusatte 2017, 55).

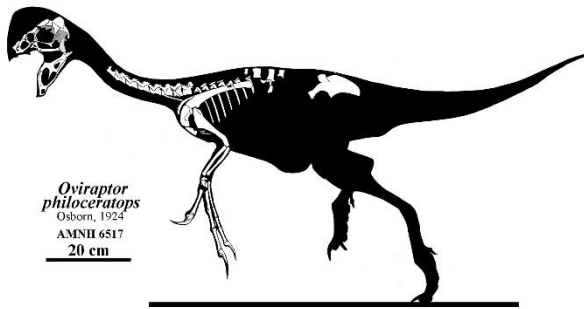


Abb. 1: Skizze eines *Oviraptor philoceratops*. (Wikimedia: Jaime A. Headden (User:Qilong) - <http://qilong.wordpress.com/2011/06/05/better-know-an-oviraptorid-the-first-egg-thief/>, CC BY 3.0).

Zu den auch bei Dinosauriern vorkommenden Vogelmerkmalen wird seit Kurzem auch das Brüten des Geleges aufgenommen. Zwar waren schon länger Fossilien der Theropodenfamilie der Oviraptoridae („Eierräuber“) bekannt, bei denen fossile Skelette zusammen mit Gelegen gefunden wurden; bei den bisherigen Funden gab es aber Indizien dafür, dass das Elterntier beim Eierlegen oder beim bloßen Bewachen des Geleges überrascht und sedimentiert wurde, ohne dass ein Brutverhalten sicher nachweisbar war (Bi et al. 2020, 1). Nun aber berichtet eine Forschergruppe von einem bisher nicht benannten teilweise erhaltenen Oviraptoriden-Fossil aus der oberen Oberkreide (auf ca. 70 MrJ datiert), bei dem ein erwachsenes Skelett über einem Gelege mit 24 Eiern erhalten ist, von denen mindestens sieben embryonale Überreste enthalten. Die Lage des erwachsenen Tieres in Bezug auf das Gelege, die fortgeschrittenen Wachstumsstadien der Embryonen und die aus den fossilen Befunden (Verhältnisse der Sauerstoffisotope) erschlossenen hohen geschätzten Bebrütungstemperaturen unterstützen klar die Bruthypothese. „Da die Embryonen in späten Entwicklungsstadien starben, hatte das erwachsene Tier das Nest offensichtlich über einen längeren Zeitraum gepflegt und ist nicht beim Akt der Eiablage umgekommen, im Gegensatz zu dem, was bisher für andere Funde angenommen wurde“, schreiben die Autoren (Bi et al. 2020, 6). Bemerkenswert ist darüber hinaus, dass sich die Embryonen im Gelege in unterschiedlichen Entwicklungsstadien befanden, was auf ein asynchrones Schlüpfen hinweist, wie es sonst nur bei „hochentwickelten“ Vögeln bekannt ist.



Abb. 2: Ein Dinosaurier-Gelege. (Wikimedia: Steve Starer; Uploaded by FunkMonk, CC BY 2.0)

Ein weiteres Vogelmerkmal bei einem Dinosaurier-Vorläufer? Die Autoren deuten zunächst ihre Befunde als Unterstützung dafür, dass vogeltypische Merkmale bereits bei Dinosauriern auftreten (Bi et al. 2020, 6f.). Dennoch sei die Entdeckung des asynchronen Schlüpfens bei Oviraptorosauriern unerwartet, da dieses Verhalten selbst unter den Vogelgruppen mit heute lebenden Arten (sog. Kronengruppe), erst spät auftrat. Sie schließen daraus, dass sich dieses Merkmal bei einigen Vögeln der Kronengruppe und zumindest bei den Oviraptorosauriern unabhängig entwickelt habe. Das heißt aber nichts anderes, als dass das Brüten bei den Oviraptoriden gar nicht als Vogelvorläufermerkmal gedeutet werden kann, sondern unabhängig von den Vögeln vorkommt. Dafür spricht auch das relativ geringe geologische Alter; schließlich soll der „Urvogel“ *Archaeopteryx* mehr als doppelt so alt sein.

Das Indiz der Brutpflege bei Oviraptoriden kann somit nicht als Argument für einen Evolutionsweg von Dinosauriern zu Vögeln gewertet werden, sondern ist im Gegenteil für Evolutionsvorstellungen ein problematischer Befund: Konvergente Entstehungen von nicht-trivialen Ähnlichkeiten sind „unerwartet“.

Bi et al. (2020, 1) drücken das etwas verklausuliert aus, wenn sie in der Zusammenfassung schreiben: „Diese Befunde zeigen, dass die Evolution der Fortpflanzungsbiologie bei den Archosauriern der Vogelgruppe eher ein komplexer als ein linearer und schrittweiser Prozess war, und sie legen nahe, dass einige Aspekte der Fortpflanzung bei den nicht-vogelartigen Theropoden einzigartig für diese Dinosaurier waren.“ Die Autoren schreiben außerdem, dass „die unabhängige Evolution des asynchronen Schlüpfens bei einem nicht-vogelartigen Theropoden“ ein weiteres Beispiel für das „Vorherrschen von Homoplasien bei diesem großen evolutionären Übergang“ sei.

Mit dem Begriff „Homoplasien“ werden Konvergenzen und Parallelismen (unabhängige Entstehung) und Rückentwicklungen zusammengefasst, also Ähnlichkeiten, die nicht als Folge gemeinsamer Abstammung (Homologie) gedeutet werden können. Die Autoren schreiben sogar von einem „Vorherrschen“ der Homoplasien. Tatsächlich ist es der Regelfall, dass vogeltypische Merkmale bei Theropoden-Dinosauriern aufgrund ihrer unsystematischen Verteilung mehrfach unabhängig entstanden sein müssten, wenn sie auf evolutivem Wege entstanden wären. In vielen Fällen sind sie bei mutmaßlichen Vogel-Vorläufern gar nicht nachgewiesen, sondern nur in bestimmten Dinosaurier-Gruppen, die als ganze Gruppe in die Vogelverwandtschaft gestellt werden. Das gilt beispielsweise für verschiedene Federtypen, den Schnabel, das Gabelbein (Furcula), ein großes Brustbein, verknöcherte Brustbeinplatten, ein nach hinten gerichtetes Schambein, ein reduziertes Wadenbein oder für verschmolzene Schwanzwirbel (Junker 2019).

Literatur

Bi S, Amiot R et al. (2020) An oviraptorid preserved atop an embryo-bearing egg clutch sheds light on the reproductive biology of non-avian theropod dinosaurs. Sci. Bull., <https://doi.org/10.1016/j.scib.2020.12.018>

Brusatte S (2017) Taking wing. Sci. Am. 316, 48–55.

Junker R (2019) Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde. Internetartikel. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b-19-4_dinos-voegel.pdf

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n291.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.01.20 *Asfaltovenator vialidadi* – ein Dinosaurier so seltsam wie sein Name

Erneut weist eine Fossilform einen unerwarteten Merkmalsmix auf. *Asfaltovenator vialidadi* wird an die Basis der Dinosaurier-Gruppe der Tetanurae gestellt, besitzt aber auch eine Reihe bunt gemischter abgeleiteter Merkmale, die sonst typisch für verschiedene Gruppen sind. Die Merkmale dieser und anderer Gattungen sind so unsystematisch verteilt, dass extrem viele Konvergenzen bei einer evolutionären Deutung angenommen werden müssen. Als Folge davon können Abstammungsverhältnisse nicht sicher ermittelt werden.

Erst kürzlich berichteten wir an dieser Stelle über einen Fossilfund, der zeitlich, d. h. in der geologischen Schichtenabfolge, im Bereich der Basis einer größeren Gruppe steht, dessen Merkmale aber insgesamt für diese Position nicht passen (s. *Parmastega* – neuer erster Vierbeiner?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=273>).

Solche Funde sind nicht selten. Immer wieder stellt sich heraus, dass basale evolutionäre Formen einerseits zwar sogenannte „primitive“ Merkmale besitzen, andere Merkmale jedoch nicht zu dieser Stellung passen. Von einem weiteren solchen Fund – *Asfaltovenator vialidadi* – berichten der Münchner Paläontologe Oliver Rauhut und der argentinische Paläontologie Diego Pol. Es handelt sich um einen gut erhaltenen Dinosaurier aus mitteljurassischen Schichten, der zur Gruppe der Tetanurae gestellt wird und zu deren geologisch ältesten Fossilfunden gehört. „Tetanurae“ bedeutet „starre Schwänze“, eine größere Gruppe zweibeiniger Dinosaurier, zu denen bekanntere Formen wie *Tyrannosaurus rex*, *Allosaurus* oder *Velociraptor* gehören; aus dieser Gruppe sollen auch die Vögel entstanden sein. *Asfaltovenator* war etwa 8 m lang; erhalten sind außer dem 80 cm langen Schädel die gesamte Wirbelsäule, vollständige Arme und Teile der Beine.

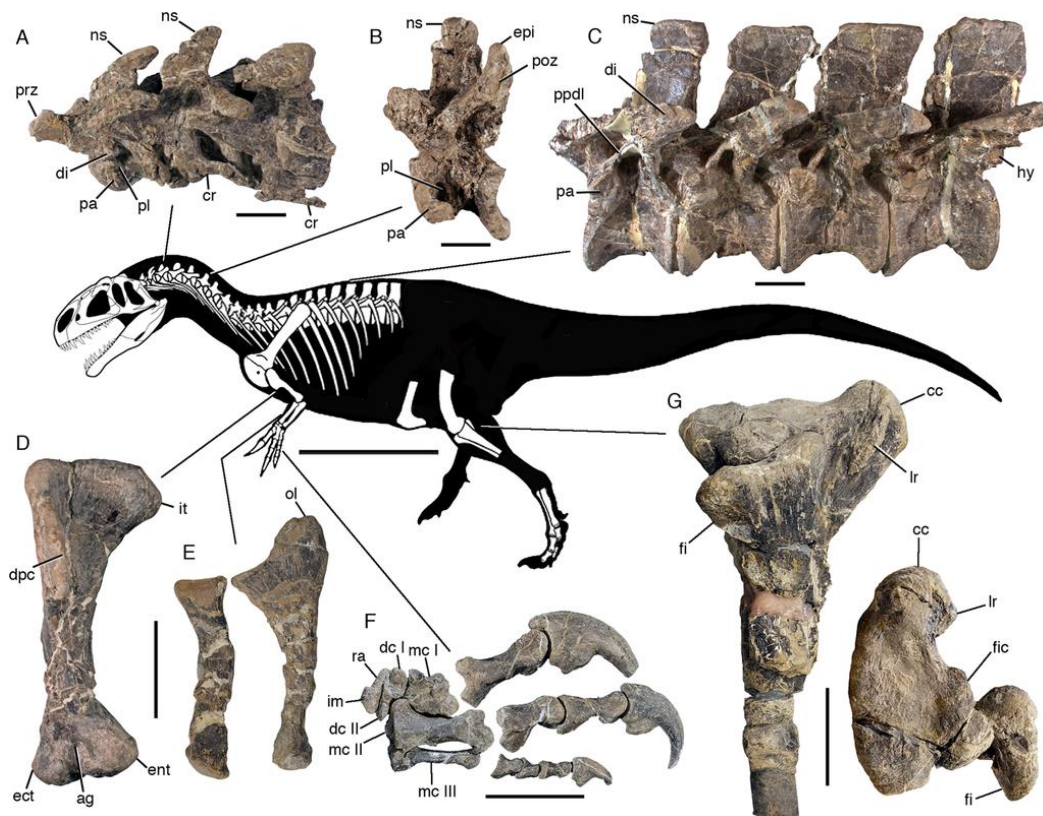


Abb. 1: Skelettrekonstruktion und Anatomie des Körperskeletts von *Asfaltovenator validadi*. (Wikimedia: Oliver W. M. Rauhut & Diego Pol based on a skeletal reconstruction of Allosaurus by Scott Hartman (Uncredited) - <https://www.nature.com/articles/s41598-019-53672-7>, CC BY 4.0)

Ungewöhnlich und für die Wissenschaftler überraschend ist die Kombination von Merkmalen, die bisher als apomorph (evolutionär abgeleitet, spezialisiert) für verschiedene Gruppen gehalten wurden. So vereinigt *Asfaltovenator* Merkmale der Megalosauroidea, der Allosauroidea und verschiedener einzelner Gattungen (Rauhut & Pol 2019, 6). Eine Gattung, die an die Basis einer Gruppe gestellt wird, sollte aus evolutionstheoretischer Sicht jedoch idealerweise nur primitive (ursprüngliche) Merkmale besitzen. Und von diesen beginnend sollten sich in verschiedenen Linien allmählich unterschiedliche abgeleitete Merkmale entwickeln, aus denen die Abstammungsverhältnisse erschlossen werden. **Stattdessen findet sich bei *Asfaltovenator* eine zusammengewürfelte Mischung von abgeleiteten Merkmalen.** In Beziehung zur Verteilung der Merkmale bei anderen Gattungen erfordert der Befund die Annahme extrem häufiger Konvergenzen und Parallelismen bei den verschiedenen Dinosauriergruppen (Rauhut & Pol 2019, 7). Das heißt: Viele Merkmale müssten sich mehrfach unabhängig in verschiedenen Linien entwickelt haben. Ihre Verteilung stellt sich ziemlich unsystematisch dar. Folge ist, dass Ähnlichkeiten keine sicheren Indizien hinsichtlich eines gemeinsamen Vorfahren sind. Das liegt daran, dass manche Ähnlichkeiten, die bisher als homolog (abstammungsbedingt) gehalten wurden, nun als konvergent (unabhängig entstanden) eingestuft werden müssen. Die Autoren stellen selber fest, dass diese Situation es schwierig mache, Abstammungszusammenhänge an der Basis größerer Linien zu ermitteln. Verlässliche Rückschlüsse auf die stammesgeschichtlichen Beziehungen der Hauptgruppen und ihrer Untergruppen seien derzeit nicht möglich. Und dies sei auch bei anderen Hauptgruppen der Wirbeltiere verbreitet der Fall.

Rauhut & Pol (2019) vermuten schnelle, fast explosive Evolutionsprozesse infolge eines vorangegangenen Aussterbeereignisses (des sog. „Toarcian Anoxic Event“) als Ursache dieser eigenartigen Merkmalsverteilung. Aufgrund der freigewordenen Lebensräume und damit einhergehender geringerer Selektionsdrücke habe es als Resultat eine experimentelle Phase der Evolution gegeben. Bemerkenswert ist auch, dass die in Abb. 4A ihrer Arbeit gezeigte chronostratigraphische Tabelle nicht nur das explosive Auftreten zeigt, sondern auch, dass Phylogenie (vermutete Abstammungsbeziehungen) und Stratigraphie (fossiles Auftreten in der Schichtenfolge) weithin nicht zusammenpassen.

Kommentar. Weder verursachen unbesetzte Nischen oder geringe Selektionsdrücke evolutive Neuheiten noch gibt es im Rahmen von Evolution „Experimente“. Solche Begriffe und Mutmaßungen kaschieren ein grundsätzliches evolutionstheoretisches Problem: Warum sollten auf der Basis ungerichteter Prozesse vielfach ähnliche Bauplanmodule entstehen, die unsystematisch auf verschiedene Linien verteilt sind? Genau solche Befunde werden evolutionstheoretisch nicht erwartet (deshalb sind sie für die Wissenschaftler überraschend). Es ist keine neue kausale Theorie der Evolution als Lösung in Sicht, die eine solche durch vielfache Konvergenzen geprägte Merkmalsverteilung erklären könnte.

Dagegen könnten solche Befundkonstellationen recht gut zum Konzept polyvalenter Grundtypen im Rahmen eines Schöpfungsmodells passen. Ausgehend von Tiergruppen mit einem großen Potenzial bereits angelegter Merkmalsausprägungen könnten schnelle Radiationen im Rahmen einer Neubesiedlung katastrophisch zerstörter Ökosysteme verständlich gemacht werden. Das wäre dann aber kein evolutiver Prozess im klassischen Sinne, sondern ein Ausschöpfen bereits vorhandener Anlagen, ausgelöst möglicherweise durch Umweltreize. Dafür gib es aus der heutigen Biologie empirisch nachvollziehbare Beispiele (vgl. Crompton 2019).

Literatur

Crompton N (2019) Mendel'sche Artbildung und die Entstehung der Arten. Internetartikel, http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-3_mendel.pdf

Rauhut OWM & Pol D (2019) Probable basal allosauroid from the early Middle Jurassic Cañadón Asfalto Formation of Argentina highlights phylogenetic uncertainty in tetanuran theropod dinosaurs. *Sci. Rep.* 9:18826; doi:10.1038/s41598-019-53672-7

Zitate aus Rauhut & Pol (2019); Hervorhebungen hinzugefügt.

„These results highlight the complex morphological evolution in the early radiation of tetanuran theropods, in which **convergences and parallelisms were extremely common**. This pattern seems to be a common feature in rapid radiation events of major clades of vertebrates and might explain the **common difficulties to unravel phylogenetic relationships of important lineages at the base of major clades**.“

„*Asfaltovenator* furthermore shows characters previously regarded as autapomorphies of different taxa ...“

„The abundance and concentration of parallelisms and convergences during the early radiation of the clade explains the difficulties in the establishment of interrelationships of major clades of Tetanurae.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n274.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.10.19 Sind Vögel Dinosaurier? Eine kritische Analyse fossiler Befunde

Eine Untergruppe der Dinosaurier, die Theropoden, gilt heute weitgehend unangefochten als Vorläufer der Vögel. Ein Großteil der vogeltypischen Merkmale soll Schritt für Schritt bereits innerhalb der sogenannten „Nicht-Vogel-Dinosaurier“ evolviert sein; es gebe einen durch Fossilien belegten kleinstufigen Weg von Dinosauriern zu Vögeln. Das wird in zahlreichen Fachartikeln behauptet. Eine detaillierte Analyse offenbart jedoch ein deutlich anderes Bild: Für zahlreiche vogeltypische Merkmale muss eine mehrfach konvergente Entstehung angenommen werden und gemäß aktueller Phylogenien waren viele vogeltypische Merkmale gar nicht an der Basis des mutmaßlichen Vogelstammbaums ausgebildet. Viele weitere Befunde zeigen: Der Weg von Dinosauriern zu Vögeln war – evolutionstheoretisch gesehen – alles andere als linear, und zahlreiche Befunde passen besser zu einem Schöpfungsmodell. Reinhard Junker hat dazu ein „Special Paper“ verfasst, dessen Zusammenfassung nachfolgend in modifizierter Form an dieser Stelle publiziert wird.

Vögel gelten heute in der Fachwelt als „lebende Dinosaurier“. In den letzten Jahrzehnten hat sich die mutmaßliche Abstammung der Vögel von Dinosauriern als einer der populärsten evolutionären Übergänge etabliert. In den letzten Jahren wurden zunehmend vogeltypische Merkmale bei Theropoden-Dinosauriern nachgewiesen. Es hat sich herausgestellt, dass ein Großteil von Vogelmerkmalen bei verschiedenen Dinosauriergruppen vertreten ist. Daher gilt ein *schrittweiser* Übergang von Dinosauriern zu Vögeln als fossil gut belegt. Nur wenige Merkmale eignen sich demnach, um zwischen Vögeln und Dinosauriern zu unterscheiden. **Man könne daher heute keine Grenze mehr zwischen Dinosauriern und Vögeln ziehen.**

In welchen Theropodengruppen kommen die betreffenden Merkmale vor und welche phylogenetische und welche stratigraphische Position nehmen die betreffenden Gattungen ein? Bewahrheitet es sich, dass die Vogelmerkmale Schritt für Schritt hinzugekommen sind? Untersucht werden folgende Merkmale bzw. Merkmalskomplexe: Federtypen und Flugfähigkeit, Zähne und Schnabel, Gehirn und Encephalisations-Quotient, Furkula, Gastralia (Bauchrippen), Rippenkorb, Brustbein, hohle Knochen, Luftsacksystem und Atmung, Becken und rückwärts orientiertes Schambein, Pygostyl, Wadenbein, Handgelenk sowie Eier, Gelege und Brutpflege.

Ergebnisse. Die Analyse zeigt, dass eine Reihe von vogeltypischen Merkmalen, die bei Theropoden-Dinosauriern vorkommen, mehrfach konvergent entstanden ist und in Phylogenien an der Basis der jeweiligen Gruppen mutmaßlich gar nicht ausgeprägt war. **Bei nahezu allen untersuchten Merkmalen müssen aufgrund der mosaikartigen Verteilungen mehr oder weniger häufig Konvergenzen* angenommen werden.** Dabei werden teilweise je nach zugrundgelegtem Merkmal verschiedene, sich widersprechende Verwandtschaftsverhältnisse nahegelegt. Dies äußert sich z. B. darin, dass eine Reihe von Gattungen gemessen an etablierten Phylogenien widersprüchliche Merkmalskombinationen aufweist, die eine phylogenetische Einordnung mehr oder weniger stark erschweren. Diese häufig mosaikartige Verteilung begünstigt auch die umstrittene Deutung, dass manche Gattungen, die als Vogelvorläufer interpretiert werden, sekundär flugunfähige Vögel sein könnten. **Deren Merkmale würden in diesem Falle als Belege für einen schrittweisen Übergang von Dinosauriern zu Vögeln ausscheiden.** Bei einigen Merkmalen sind weiterhin deutliche Sprünge zu verzeichnen.

*Konvergenzen (= mehrfach unabhängige Entstehung)

Aufgrund dieser Befunde ist die Behauptung eines schrittweisen evolutionären „Aufbaus“ des Vogelbauplans anhand des Fossilbefundes stark in Frage gestellt und wird bei einigen Merkmalen durch den Fossilbefund nicht unterstützt.

Darüber hinaus entsprechen diese und andere häufig anzutreffenden Befunde nicht evolutionstheoretischen Erwartungen und können als Anomalien angesehen werden:

- Auf der Basis der Merkmalskonstellationen bei frühen Vögeln und den ihnen nahestehenden Dinosauriern und ihrer stratigraphischen Positionen ergibt sich ein Bild aus unterschiedlichen Mosaiken und folglich eines Netzwerkes von Ähnlichkeitsbeziehungen.
- Es ist nicht klar, welche Gruppe an der Basis der Vögel steht.
- Das große Ausmaß an Konvergenzen hat zur Folge, dass die Cladogramme nicht stabil sind und neue Funde zu größeren Änderungen führen können.
- Die ältesten Vogelgruppen sind schon an der Basis stark differenziert und es gibt teilweise auch „moderne“ Merkmale bei den ältesten Vertretern einer Gruppe.
- Speziell bei Gefiedermerkmalen zeigt sich das größte Ausmaß an Vielfalt nahe der Basis der Vogelgruppen.
- Die meisten Theropoden-Dinosaurier-Gattungen, die vogelartige Merkmale besitzen, sind geologisch jünger als die geologisch ältesten Vögel.

Einige Befunde sind evolutionstheoretisch gut interpretierbar. Manche (aber bei weitem nicht alle) Mosaikformen könnten evolutionären Übergangsformen nahestehen. In einigen Gruppen können im Verlaufe der Kreide Tendenzen der Veränderung von Merkmalsausprägungen nachvollzogen werden. Auch die Tatsache, dass viele Vogelmerkmale bei verschiedenen Dinosaurier-Gruppen der Theropoden vorkommen, kann mit gewissen Einschränkungen (z. B. Konvergenzproblematik) evolutionär gedeutet werden.

„**Evolutionäre Experimente.**“ Der Mosaikcharakter der Merkmalsverteilungen und besonders die Vielfalt an früh etablierten Federtypen und Arten des Flugs (mit vierflügeligen Formen und teilweise unklaren Flugfähigkeiten) veranlasst viele Forscher, eine Art „evolutionäre Experimentierung“ anzunehmen. **Diese Begrifflichkeit ist jedoch evolutionstheoretisch fragwürdig, da sie eine Zielorientierung impliziert, die einem Naturprozess jedoch nicht innewohnt.** Die Rede von experimentellen Phasen in der Evolution kaschiert das evolutionstheoretische Problem einer schnell etablierten Vielfalt von unterschiedlichen Mosaiken.

Schöpfung. In den Ursprungsfragen der Biologie werden gewöhnlich nur Erklärungen diskutiert, die dem naturalistischen Paradigma verpflichtet sind. Für diese Festlegung gibt es weder eine naturwissenschaftliche noch eine philosophische Begründung, sondern es handelt sich um eine Konvention, die auch verlassen werden kann. **Unter der Annahme einer Erschaffung flexibler, anpassbarer Grundtypen lassen sich die evolutionstheoretisch problematischen Befunde erklären:**

- as explosive Auftreten der Formenvielfalt spiegelt die Existenz von Grundtypen wider, die in fertig ausgeprägter und vielfältiger Form erschaffen wurden.
- Die zahlreichen, unterschiedlichsten Mosaikformen sind Ausdruck vielfältiger Kombinationen von Merkmalen, deren Ausprägung durch die jeweilige Lebensweise und nicht durch eine vorausgegangene Evolution erklärt wird.
- Die Schwierigkeiten, die sich für evolutionstheoretische Modellierungen der Entstehungsweise der verschiedenen Mosaikformen ergeben, erübrigen sich, wenn die

Merkmale frei und entsprechend der Anforderungen für bestimmte Lebensweisen und Lebensräume kombiniert werden können.

- Die diskutierte Problematik einer „Experimentierung“ entfällt. Es gibt keine „Experimente“, sondern eine anfängliche Vielfalt von Formen, die ursprünglich in mancher Hinsicht am größten war (besonders bei Federtypen und Flugformen).

Der komplette Artikel (93 Seiten, PDF) kann hier heruntergeladen werden:

http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-19-4_dinos-voegel.pdf

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n271.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.05.19 Neues Vogelfossil: Wird der „Urvogel“ Archaeopteryx als „ältester Vogel“ abgelöst?

Ein neu beschriebener Vogel aus dem Oberjura – etwa gleichalt wie der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* – weist einige moderne Merkmale auf. Muss nun eine schnellere Evolution des Vogelfluges angenommen werden?

Erneut macht ein Urvogel-Fund aus den Solnhofener Plattenkalken (Altmühltal, Frankenalb) von sich reden. Nachdem erst Ende letzten Jahres *A. albersdoerferi* als neue *Archaeopteryx*-Art beschrieben worden war (Kundrát et al. 2019), wird nun von einer neuen Gattung – *Alcmonavis* – berichtet, deren fossile Reste in denselben Oberjura-Schichten geborgen wurden, denen auch eines der *Archaeopteryx*-Fossilien entstammt (Rauhut et al. 2019). Benannt wurde *Alcmonavis* nach seinem Fundort: Alcmona ist der keltische Name der Altmühl. Der Artname *poeschli* ist vom Entdecker Roland Pöschli abgeleitet.



Abb. 1: Das Fossil, das als *Alcmonavis* beschrieben worden ist. (Wikimedia: Oliver Rauhut - <https://elifesciences.org/articles/43789>, CC BY-SA 4.0)

Gefunden wurde allerdings nur der rechte Flügel, aber er ermöglicht einige interessante Beobachtungen. So sind zwar viele Merkmale ähnlich wie beim „Urvogel“, einige jedoch werden als „moderner“ eingestuft. Die Muskelansatzstellen am Flügel deuten nach Ansicht der Forscher darauf hin, dass *Alcmonavis* besser für den aktiven Flatterflug gerüstet war als *Archaeopteryx*. Der Ansatz des Brustmuskels, die Form der Speiche und ein robuster zweiter Finger gelten ebenfalls als „abgeleitete“ Merkmale, die von modernen Vögeln bekannt sind. *Alcmonavis* teilt somit mit *Archaeopteryx* den Rang als geologisch ältester Urvogel. Bemerkenswert ist auch, dass *Alcmonavis* größer war als alle bekannten Exemplare des *Archaeopteryx*, nämlich gut 10% größer als der größte und mehr als doppelt so groß als der kleinste fossil bekannte *Archaeopteryx* (Rauhut et al. 2019, 18).

Welche Schlussfolgerungen ziehen die Forscher aus dem neuen Fund? „Die Anpassungen des Urvogels zeigen, dass die Evolution des Fluges relativ schnell vorangeschritten sein muss“, wird Co-Autor Christian Foth auf [wissenschaft.de](http://www.wissenschaft.de) zitiert (Albat 2019). Unter evolutionstheoretischen Vorgaben müsse der aktive Flug früher entstanden sein als bisher angenommen. Außerdem zeige sich, dass die Vielfalt der Vogelwelt im Oberjura größer war als bisher bekannt. Die Forscher werfen auch die Frage auf, ob der neue Fund Hinweise darauf gebe, wie der Vogelflug entstanden sein könnte – direkt oder über ein Gleitflugstadium. Der Fund scheine eher für die direkte Variante zu sprechen, doch es seien zur Klärung weitere Funde erforderlich.

Kommentar. Eine schnelle Entstehung des Vogelflugs ist evolutionstheoretisch nicht zu erwarten. Denn die Erfordernisse für den Flug sind immens (Junker 2016) und der Erwerb der Flugfähigkeit müsste auf der Basis bekannter Evolutionsmechanismen große Zeiträume beanspruchen und ließe viele Zwischenstufen in Bezug auf Flugapparat und Flugfähigkeit erwarten. Die meisten mutmaßlichen Zwischenformen stammen aber aus der geologisch jüngeren Kreide (ausführliche Diskussion zu diesen Formen bei Junker 2017). In der Schichtenfolge tauchen fossile Zeugnisse flugtüchtiger Formen mit dem neuen Fund noch abrupter auf. Einige älter datierte, zur Dinosauriergruppe der Troodontiden gestellte Gattungen aus dem Oberjura wie z. B. *Anchiornis* waren zwar offenbar voll gefiedert (vgl. Saitta et al. 2017; vgl. Junker 2018), doch deren Merkmalskombinationen erschweren eine Interpretation als Vorfahrenstadien und sprechen eher dafür, dass es sich aus evolutionstheoretischer Sicht um eine unabhängige Linie handelt. Der neue Fund vergrößert weiter die Vielfalt fossiler Formen, die schon bisher nur mit Annahme zahlreicher Konvergenzen in ein Baumschema gebracht werden kann, und eher netzförmige Beziehungen aufweist. Zum Modus des Flugerwerbs kann der neue Fund nichts aussagen, denn mit ihm verkleinern sich die enormen Probleme aller Flugentstehungshypothesen (vgl. Junker 2017, 59ff.) in keiner Weise.

Quellen

Albat D (2019) Gesellschaft für den Archaeopteryx. <https://www.wissenschaft.de/erde-klima/gesellschaft-fuer-den-archaeopteryx/>

Junker R (2016) Vogelfedern und Vogelflug. 1. Was eine Evolutionshypothese erklären müsste. *Stud. Integr. J.* 23, 75-82. <http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij232/sij232-2.html>

Junker R (2017) Dino-Federvieh. Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-17-1_feder-und-flug.pdf

Junker R (2018) Neuartiger Federtyp bei mutmaßlichem Dinosaurier. Neuartiger Federtyp bei mutmaßlichem Dinosaurier, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=257>.

Kundrát M, Nudds J, Kear BP, Lue J & Ahlberg P (2019) The first specimen of *Archaeopteryx* from the Upper Jurassic Mörnsheim Formation of Germany. *Hist. Biol.* 31, 3-63

Rauhut OWM, Tischlinger H & Foth C (2019) A non-archaeopterygid avialan theropod from the Late Jurassic of southern Germany. *eLife* 2019;8:e43789. doi: 10.7554/eLife.43789.

Saitta ET, Gelernter R & Vinther J (2017) Additional information on the primitive contour and wing feathering of paravian dinosaurs. *Paleontology*, DOI: 10.1111/pala.12342

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n267.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.02.19 Archaeopteryx albersdoerferi – ein weiterentwickelter Urvogel?

Die genauere Untersuchung des achten Exemplars des berühmten Urvogels *Archaeopteryx* erwies so viele Unterschiede zu den anderen Funden, dass eine neue Art *Archaeopteryx albersdoerferi* aufgestellt wurde. Sie erscheint „fortschrittlicher“ als *Archaeopteryx lithographica*, wird evolutiv jedoch als blinder Seitenzweig gedeutet und nicht als Übergangsform zu anderen Vögeln.

Der berühmte fränkische „Urvogel“ *Archaeopteryx lithographica* aus Schichten des Oberjura gilt als gut passende Übergangsform zwischen Dinosauriern und Vögeln und hat diesbezüglich geradezu ikonenhaften Charakter. Allerdings sind einige Merkmale z. B. des Schädels oder der Beine zu spezialisiert für eine Übergangsstellung (z. B. Shipman 1998, 116; Hou 2001, 7; Xu & Pol 2013, 331), weshalb *Archaeopteryx* eher als Übergangsformnah oder als modellhaft für eine Übergangsform angesehen wird.



Abb. 1: Das „achte Exemplar von *Archaeopteryx*“ – beschrieben als neue Art *Archaeopteryx albersdoerferi*. (Wikimedia: H. Raab (User:Vesta), CC BY-SA 3.0)

Nun wurde das Exemplar 8 von *Archaeopteryx*, das im Gemeindegebiet von Daiting gefunden worden war, genauer untersucht (Kundrát et al. 2019). Dieses Exemplar wird um 400.000 radiometrische Jahre jünger datiert als die anderen *Archaeopteryx*-Funde. Und es weist eine Reihe von Merkmalsausprägungen auf, die als fortschrittlicher gewertet werden als die entsprechenden Ausprägungen bei den anderen Funden: Es sind weniger Zähne ausgebildet, die Schädelknochen sind stärker verschmolzen, die Furkula (Gabelbein, mutmaßlich verschmolzene Schlüsselbeine) besitzt eine größere Ansatzstelle für die Flugmuskeln, die Handgelenksknochen sind verstärkt und die Knochen sind mehr pneumatisiert (Ausbildung von Hohlräumen) und dadurch vermutlich leichter. Aufgrund dieser Unterschiede wurde Exemplar 8 nun in eine eigene Art *Archaeopteryx albersdoerferi* gestellt (nach dem Fossilienhändler Raimund Albersdörfer, der das Exemplar der Öffentlichkeit präsentierte).

Die Merkmalsausprägungen von *A. albersdoerferi* könnten eine verbesserte Flugfähigkeit ermöglicht haben.

Auf den ersten Blick scheint *A. albersdoerferi* einen evolutiven Wandel in Richtung moderner Vögel zu belegen. Doch auch Kundrát et al. (2019) sehen die Gattung *Archaeopteryx* auf einem Seitenzweig, der letztlich nicht zu den heutigen Vögeln führte. Die Änderungen von *A. albersdoerferi* gegenüber *Archaeopteryx lithographica* seien als Konvergenzen zu werten, also als unabhängige gleichsinnige Änderungen, so die Forscher. Sie sprechen von einer „Mosaikrevolution“ und mutmaßen, dass sich wiederholende „Erkundungen“ typisch seien für große Übergänge¹ – eine fragwürdige Deutung im Rahmen der Evolutionstheorie, weil sie eine Zielorientierung beinhaltet („Erkundungen“). Werden dagegen evolutionstheoretische Voraussetzungen einer ungerichteten Entwicklung konsequent zugrunde gelegt, sind Konvergenzen grundsätzlich unwahrscheinlich und umso unwahrscheinlicher, je häufiger sie auftreten und je komplexer sie sind. Denn ohne Zielorientierung sind ähnliche neuartige komplexe Konstruktionen, die auf unabhängigen Wegen erreicht werden, nicht zu erwarten und auch nicht durch Selektionsdrücke oder Konstruktionszwänge zu erklären (vgl. Braun 2012). **Die Option auf einen Flugerwerb (Selektionsdruck) erklärt schließlich nicht dessen Realisierung.**

Befindet sich also *Archaeopteryx* in evolutionstheoretischer Interpretation auf einem blinden Seitenzweig, würde das auch für *A. albersdoerferi* gelten.

Es ist allerdings nicht ausgeschlossen, dass es sich bei manchen *Archaeopteryx*-Funden um Jungtiere handeln könnte. Vielleicht ist auch *A. albersdoerferi* ein ontogenetisches Stadium (z. B. ein Jugendstadium). Denkbar ist auch innerartliche Variation, die nicht evolutionäre Tendenzen widerspiegelt. Die Gattung *Archaeopteryx* kann auf der Grundlage ihres gesamten Merkmalskomplexes als variabler Grundtyp² gewertet werden, der zur gestaltlichen Verschiedenartigkeit der mesozoischen Vögel beigetragen hat.

Literatur

Braun HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 12, 12-19.

Hou L (2001) Mesozoic Birds of China. Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology. Phoenix Valley Provincial Aviary of Taiwan.

Kundrát M, Nudds J, Kear BP, Lüe J & Ahlberg P (2019) The first specimen of *Archaeopteryx* from the Upper Jurassic Mörnsheim Formation of Germany. Hist. Biol. 31, 3-63.

Shipman P (1998) Taking Wing: *Archaeopteryx* and the evolution of bird flight. New York: Simon and Schuster.

Xu X & Pol D (2013) *Archaeopteryx*, paravian phylogenetic analyses, and the use of probability-based methods for palaeontological datasets. J. Syst. Paleol. 12, 323–334.

Anmerkungen

¹ „These innovations appear to be convergent on those of more crownward avialans, suggesting that Bavarian archaeopterygids independently acquired increasingly bird-like traits over time. Such mosaic evolution and iterative exploration of adaptive space may be typical for major functional transitions like the origin of flight“ (Kundrát et al. 2019, 3).

² Zu Grundtypen werden alle Biospezies zusammengefasst, die durch Kreuzungen direkt und indirekt miteinander verbunden sind, wobei die Mischlinge nicht fruchtbar sein müssen. So gehören z. B. alle Entenartigen oder Hundeartigen zu einem Grundtyp. Bei nur fossil bekannten Formen kann das Grundtypkriterium zwar nicht angewendet werden, doch geben heutige Grundtypen eine gute Orientierung, welche Vielfalt innerhalb eines Grundtyps ausgeprägt sein kann.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n266.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.03.18 Neuartiger Federtyp bei mutmaßlichem Dinosaurier

Die zu Dinosauriern gestellte befiederte Gattung *Anchiornis* („nahe bei Vögeln“) besaß einen bisher unbekanntem Federtyp, weder daunenartig noch flächig, der diesem Tier wahrscheinlich ein zotteliges Aussehen verlieh. Die gesamte Merkmalskombination von *Anchiornis* ist evolutionstheoretisch unerwartet, passt jedoch in ein Schöpfungskonzept. Allerdings ist das Merkmalsmosaik dieses Tieres ohne genauere Kenntnis seiner Lebensweise und seines Lebensraums schwer zu verstehen, so dass Deutungen vorläufig bleiben müssen.

Fossilfunde sogenannter „Nicht-Vogel-Dinosaurier“ und fossiler Vögel waren in den letzten Jahren für zahlreiche Überraschungen gut. Bei einer ganzen Reihe oft nicht näher verwandter Dinosaurier-Arten wurden flaumig-haarige Körperbedeckungen nachgewiesen, die meist als „Protofedern“ bezeichnet werden (was allerdings tendenziös ist, da typische Kennzeichen von Federn fehlen). Eine Reihe von Dinosaurier-Arten besaß dagegen echte, flächige Federn, wobei die Meinungen darüber auseinander gehen, ob es sich dabei bei einigen von ihnen um sekundär flugunfähige Vögel handelt. Überraschend war dabei die Vielfalt von Feder- und Bauplantypen, die das heutige Spektrum deutlich übertrifft. So gab es auch vierflügelige Formen, z. T. wahrscheinlich Doppeldecker-Flieger, die – anders als heutige Vögel – auch an den Beinen kräftig befiedert waren. Und es wurden mehrere speziell ausgeprägte Federtypen nachgewiesen, die bei heutigen Arten ebenfalls nicht bekannt sind. So wurden Konturfedern mit körpernaher bandartiger Ausprägung („proximately ribbon-like pennaceous feathers“) entdeckt, wobei aufgrund der unsystematischen Verteilung von Arten mit diesem Federtyp evolutionstheoretisch eine mindestens vier Mal unabhängige Entstehung angenommen werden muss (Xu et al. 2010). Ein weiterer Federtyp sind verlängerte breite fadenförmige Federn („elongate broad filamentous feathers“; Xu et al. 2009); bei beiden Federtypen wird eine Schaufunktion vermutet. Erst jüngst wurde bei der neu beschriebenen Unterkreide-Gattung *Cruralispennia* aus der Gruppe der Gegenvögel ein weiterer neuer Federtyp beschrieben (Wang et al. 2017a). Diese Federn waren im körpernahen Bereich drahtartig und besaßen distal fädige Spitzen („proximally wire-like part with a short filamentous distal tip“). **Eine Vielfalt von Federtypen war früh etabliert und diese trat recht abrupt auf.** Und sie lässt sich nicht ohne Weiteres in ein evolutionstheoretisches Schema einfügen.

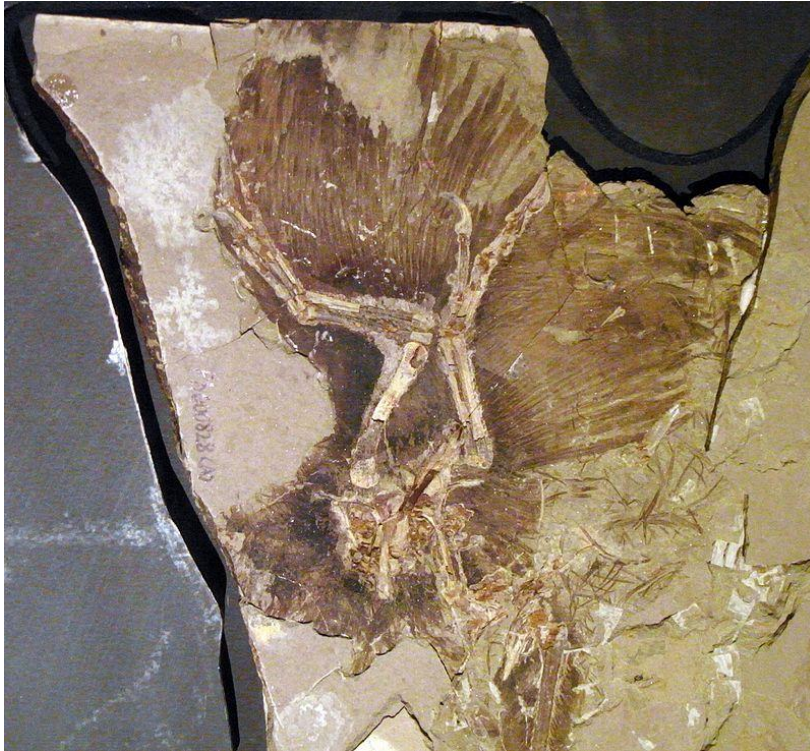


Abb. 1: Flügel von *Anchiornis*. (Wikimedia: ★Kumiko★, CC BY-SA 2.0)

Neuer Federtyp bei *Anchiornis*. Einen weiteren neuen Federtyp beschreiben nun Saitta et al. (2017) bei der Paraves-Gattung *Anchiornis* („nahe einem Vogel“), die im Jahr 2009 erstmals beschrieben wurde. Zu den Paraves werden Vögel und deren nach evolutionstheoretischen Vorstellungen nächstverwandte Dinosauriergruppen gerechnet. *Anchiornis* besaß an Armen, Beinen und am Schwanz kräftige flächige symmetrische Federn; ungewöhnlich daran war ihre Anordnung in mehreren Lagen (Longrich et al. 2012), wofür es kein Vorbild aus der heutigen Vogelwelt gibt. Kürzlich waren Flughäute nachgewiesen worden, die auf eine bessere Flugfähigkeit als zuvor angenommen hinweisen (Wang et al. 2017b). Am ehesten kann *Anchiornis* demnach als spezialisierter Gleitflieger interpretiert werden. Nun fanden Saitta et al. durch hochauflösende Photographie heraus, dass neben den mit flächigen Federn bedeckten Bereichen einige Körperpartien mit einem bisher unbekanntem Federtyp bedeckt waren, den sie als „zottelig“ („shaggy“) beschreiben: Von einer kurzen Achse gehen beidseitig mehrere lange Äste ab. **Dieser Federtyp ist weder typisch daunenartig noch weist er in seiner Form typische Kennzeichen einer Konturfeder auf noch ist er eine intermediäre Ausprägung dieser beiden Federtypen.** Diese Art von Befiederung dürfte für ein insgesamt krauses Aussehen gesorgt haben, war mutmaßlich geeignet für Thermoregulation und Wasserabweisung, aber aerodynamisch ungünstig und gegen Nässe nicht gut geeignet (s. Link zu Bild weiter unten). Diese Eigenschaften machen das Verständnis der Lebensweise dieser zunehmend ungewöhnlichen Gattung nicht leichter.

Die Federstrahlen der Flugfedern erwiesen sich als zumindest teilweise vorne offen, was die Flugtauglichkeit stark mindert. Diese Minderung könnte dadurch ausgeglichen worden sein, dass mehrere Lagen von Deckfedern ausgebildet waren. Das allerdings führt zu Gewichtsvergrößerung, was dem Fliegen wiederum abträglich ist. **Die Ausstattung des Tieres mit Federn und deren Bau erscheint insgesamt rätselhaft.**

Evolutionstheoretische Betrachtungen. *Anchiornis* besaß ein sehr spezielles Merkmalsmosaik, das insgesamt nicht als Übergangsform zwischen unbefiederten

Dinosauriern und Vögeln passt. Weder die Art der Befiederung noch die ungewöhnlichen, „zotteligen“ Federn wurden evolutionstheoretisch vorhergesagt und passen auch nicht in die gängigen Federentstehungsmodelle. Interessanterweise bringen Saitta et al. (2017, 13, 14) wie schon andere Autoren bei anderen „Nicht-Vogel-Dinosauriern“ die Möglichkeit einer sekundären Flugunfähigkeit ins Spiel, also die Abstammung von flugfähigen Formen (Vögeln?).¹ Aber manche Merkmale von *Anchiornis* wie die mehrlagige Federanordnung und der neu entdeckte Federtyp passen gar nicht gut als Zeugen einer Rückbildung. Das Merkmalsmosaik passt aufgrund der speziellen, nicht-intermediären Merkmale auch nicht zu einer Evolution ausgehend von ungefederten Formen. Dazu kommt, dass ein Gleitflug (wie bei *Anchiornis* am ehesten anzunehmen) als Vorstufe zum Schlagflug mit vielen Problemen behaftet (Überblick dazu bei Junker 2017, Abschnitt 4.2).

Doch es könnte auch ganz anders sein: *Anchiornis* mit seinem speziellen Merkmalsmosaik war vermutlich für eine spezielle ökologische Nische und Lebensweise geschaffen. Wenn weder eine „Aufwärts-“ noch eine „Abwärtsevolution“ plausibel sind, ist diese Möglichkeit neben anderen guten Gründen im Spiel. Letztlich scheinen die Kenntnisse über die Lebensweise und den Lebensraum von *Anchiornis* zu bruchstückhaft und unsicher zu sein, um die komplette Biologie dieses Dinosauriers oder Vogels verstehen zu können, so dass alle Deutungen vorläufig bleiben müssen. Die anatomisch besondere und bisher einzigartige Ausprägung des „zotteligen“ Federtyps sperrt sich gegen eine Ableitung in Form der klassisch-linearen Evolutionsmodelle und kann im Sinne des Schöpfungsansatzes so interpretiert werden, dass es von Anfang an eine Merkmalsvielfalt der Federn gab.

Anmerkung

¹ „If a consensus can be built to demonstrate that some non-avian dinosaurs were secondarily flightless, then caution must be had when using their feather morphologies to reconstruct feather macroevolution with regards to the appearance of fully modern feathers and flight. ... When examining feather evolution in the future, the impact of secondary flightlessness on feather morphology also needs to be more carefully considered if support for secondary flightlessness in non-avian dinosaurs or basal avialans can be demonstrated based on multiple lines evidence, including quantitative biomechanical evidence“ (Saitta et al. 2017, 14).

Link zu Bild (Neue Rekonstruktion und neuer Federtyp):

<http://www.bristol.ac.uk/media-library/sites/news/2017/november/dino-bird-article.jpg>

Weitere Artikel über *Anchiornis* in Genesisnet

- Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>
- Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>, auch mit Ausführungen über *Anchiornis*.

Literatur

Longrich NR, Vinther J, Meng Q, Li Q & Russell AP (2012) Primitive Wing Feather Arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. *Curr. Biol.* 22, 2262-2267.

Junker R (2017): Dino-Federvieh. Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug. W+W Special Paper, http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-17-1_feder-und-flug.pdf

Saitta ET, Gelernter R & Vinther J (2017) Additional information on the primitive contour and wing feathering of paravian dinosaurs. *Paleontology*, DOI: 10.1111/pala.12342

Wang M, O'Connor JK, Pan Y & Zhou Z (2017a) A bizarre Early Cretaceous enantiornithine bird with unique crural feathers and an ornithuromorph plough-shaped pygostyle. *Nat. Comm.* 8:14141, doi: 10.1038/ncomms14141

Wang X, Pittman M, Zheng X, Kaye TG, Falk AR, Hartman SA & Xu X (2017b) Basal paravian functional anatomy illuminated by high-detail body outline. *Nat. Comm.* 8:14576, doi: 10.1038/ncomms14576

Xu X, Zheng X & You H (2009) A new feather type in a nonavian theropod and the early evolution of feathers. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 106, 832-834.

Xu X, Zheng X & You H (2010) Exceptional dinosaur fossils show ontogenetic development of early feathers. *Nature* 464, 1338-1341.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n257.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.02.18 Caihong – ein Konkurrent für den „Urvogel“?

Erstmals wurde ein gefiederter Dinosaurier entdeckt, der nicht nur älter datiert wird als der „Urvogel“ *Archaeopteryx*, sondern auch asymmetrische Flugfedern besaß. Damit hat *Archaeopteryx* den Status als ältestes Fossil auch in Bezug auf dieses Merkmal verloren. Die Merkmalskombination der neu beschriebenen Gattung *Caihong* ist dennoch evolutionstheoretisch – einmal mehr – unerwartet, füllt keine evolutionäre Lücke und vergrößert die im Oberjura überlieferte Vielfalt gefiederter Formen.

Die Serie interessanter Fossilfunde von gefiederten Formen – seien es Vögel oder Dinosaurier mit Federn – reißt nicht ab. Erneut wurde über einen Fund mit unerwarteten Mosaikmerkmalen berichtet. Bisher war der berühmte *Archaeopteryx* das stratigraphisch älteste Fossil, bei dem *asymmetrische*, flugtaugliche Federn nachgewiesen worden waren. Nachdem schon seit einigen Jahren ältere Formen mit *symmetrischen* Federn bekannt sind (*Anchiornis*, *Eosinopteryx*), wurde mit der Gattung *Caihong* nun erstmals eine Gattung entdeckt, die auch bezüglich der *Asymmetrie* flächiger Federn den bisherigen Altersrekord überbietet (Hu et al. 2018). **Aus evolutionstheoretischer Sicht sollte man unter den Fossilien, die stratigraphisch älter sind als *Archaeopteryx*, Formen mit einfacheren Federtypen finden.** Solche sind auch bekannt: Einfache haar- oder flaumartige Köperanhänge, die als Federn interpretiert werden, sind bei zahlreichen Theropoden-Dinosauriern überliefert – doch diese Gattungen sind fast durchweg jünger als die echt gefiederten Formen aus dem Oberjura und selten etwa gleich alt. Viele Gattungen mit Flaumbesatz sind sogar deutlich jünger (Unter- oder Oberkreide). Daher eignen sich alle diese Formen aufgrund ihrer stratigraphischen Position nicht als Vorstufen von Formen mit echter Fiederung.



Lucas Attwell 2018

Abb. 1: Rekonstruktion von Caihong. (Wikimedia: Lucas-Attwell, CC BY-SA 4.0)

Caihong juji – „Regenbogen mit großem Kamm“ – wurde in den Yanliao-Biota des unteren Oberjura Nordostchinas (Oxfordium, 161 Millionen radiometrische Jahre) gefunden und erhielt seinen Namen wegen mutmaßlich schillernder Federn und auffälligen Kammstrukturen

(vermutlich Ornamente) auf den Tränenbeinen (Ossa lacrimales; diese liegen bei Theropoden-Dinosauriern direkt vor und über den Augenhöhlen). Es handelt sich um einen zweibeinigen Räuber mit scharfen Zähnen. Sein Wadenbein ist kurz – eine Besonderheit, die *Caihong* von verwandten Formen der Paraves (mit den Vögeln nächstverwandte Formen) unterscheidet. Mit ca. 40 cm Länge war das Tier etwa so groß wie eine Ente. Die Vorderextremitäten sind relativ zu den Hinterextremitäten kurz (deutlich kürzer als bei verwandten Formen), während das Längenverhältnis Unter-/Oberarm typisch für heutige Vögel ist (Hu et al. 2018, 2). Der längliche, schmale Schädel weist einige sogenannte autapomorphe (abgeleitete, spezielle) Merkmale auf wie z. B. einige Schädelöffnungen und die erwähnten Knochenkämme. ***Caihong* unterscheidet sich somit insgesamt deutlich von nächstverwandten Formen.**

Die Arm- und Fußfedern sowie Deckfedern und Schwanzfedern sind ungewöhnlich lang und länger als beim gleich alten *Anchiornis*. Die Schwanzfedern haben asymmetrische Federfahnen und bilden eine größere Schwanzfläche als die Federn von *Archaeopteryx*. Möglicherweise bildeten Federn am Daumen eine Art Alula (Daumenfittich), ein aerodynamisch wichtiges „modernes“ Merkmal. **Die recht vielfältige Kombination von Federmerkmalen bei *Caihong* war bisher nicht bekannt und könnte auf einen besonderen Flugstil hinweisen.** Die mögliche Ausbildung einer Alula würde aufgrund der unsystematischen Verteilung dieses Merkmals unter den Paraves eine konvergente (mehrfach unabhängige) Entstehung erfordern (Hu et al. 2018, 8).

In den Federresten wurden als Melanosomen interpretierte, unterschiedlich ausgeprägte Nanostrukturen gefunden. Sie gleichen solchen Strukturen in heutigen Federn, die dunkle und helle schillernde Farben hervorrufen; teilweise erinnern sie an Strukturen, wie sie bei hell schillernden Federn von Kolibris bekannt sind; es fehlen ihnen aber die Luftbläschen, mit denen die Melanosomen der Kolibri-Federn ausgestattet sind.¹

Diskussion. Den ungewöhnlichen Merkmalsmix vom *Caihong* interpretieren Hu et al. (2018) als Folge einer schnellen Merkmalsevolution mit einer erheblichen Vielfalt in Signalgebung und Fortbewegungsstrategien in der Nähe des Ursprungs der Vögel.² Die Evolution der Federn und besonderer Merkmale der Federn sei schneller verlaufen als die Evolution anatomischer Merkmale. **Dabei handelt es sich um eine typische Formulierung zur Deutung eines Befundes, der evolutionstheoretisch unerwartet ist.** Denn „schnelle Merkmalsevolution“ entspricht weder evolutionstheoretischen Vorstellungen noch sind dafür plausible Mechanismen bekannt. Der Befund ist: Formen mit unterschiedlichen Merkmalsmosaiktauchen relativ plötzlich auf; es gibt überraschend viele verschiedene Gefiederausprägungen und anstelle einfacherer Federtypen im Vergleich zu *Archaeopteryx* mit dessen unbestritten „moderner“ Federform tauchen unter den Formen, die stratigraphisch älter sind als *Archaeopteryx*, neue Mosaiktauche auf. ***Caihong* füllt keine evolutionstheoretische Lücke, sondern vergrößert die Formenvielfalt der im Oberjura fossil überlieferten gefiederten Gattungen.** Die äußert sich in recht großen Unsicherheiten der rekonstruierten Verwandtschaftsverhältnisse und je nach Untersuchung unterschiedlichen Cladogrammen der basalen Paraves.

Hu et al. (2018, 9) äußern die Idee, dass die schillernden Federn knöcherne Ornamente in der Signalgebung abgelöst haben könnten³, doch ist *Caihong* dafür kein passender Kronzeuge, da diese Gattung beide Optionen in sich vereinigt. Solche Knochenornamente sind sonst bei vielen Dinosauriern bekannt, nicht aber in der näheren Verwandtschaft von *Caihong*, was den Mosaikcharakter dieser Gattung weiter unterstreicht.

Anmerkungen

¹ „Although *Caihong*'s platelet-like structures are most similar in shape to hummingbird melanosomes of the included taxa (...), the interior of hummingbird melanosomes is pitted with air bubbles (...) while the fossilized structures show no evidence of hollowness“ (Hu et al. 2018, 9).

² The new species indicates the presence of bony ornaments, feather colour and flight-related features consistent with proposed rapid character evolution and significant diversity in signaling and locomotor strategies near bird origins“ (Hu et al. 2018, 1).

³ Integumentary structures may largely replace the signalling role of bony features close to the origin of aerial locomotion“ (Hu et al. 2018, 9).

Literatur

Hu D, Clarke JA, Eliason CM, Qiu R, Li Q, Shawkey MD, Zhao C, D'Alba L, Jiang J & Xu X (2018) A bony-crested Jurassic dinosaur with evidence of iridescent plumage highlights complexity in early paravian evolution. Nat. Comm. 9:217.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n256.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.01.18 „Dino-Duck“ Halszkaraptor – „rätselhaft und bizarr“

Erneut wurde ein Dinosaurier-Fossil gefunden, dessen Merkmale in kein systematisches Schema passen, sondern einen unerwarteten Mix repräsentieren. Überraschend ist das aber nur, wenn man von einer evolutionären Geschichte des Lebens ausgeht. Aus der Schöpfungsperspektive sind ungewöhnliche Merkmalskombinationen durchaus zu erwarten. Denn ein Schöpfer hat die Freiheit, Mosaikformen hervorzubringen, die nicht von Zwängen hypothetischer Abstammungsprozesse bestimmt werden.

Das Tier ist so seltsam und seine Merkmalskombination so sperrig wie sein Name klingt. Einer der Entdecker, der Paläontologe Andrea Cau (Bologna), beschreibt es als „rätselhaft und bizarr, mit einem völlig unerwarteten Mix aus außergewöhnlichen Merkmalen; die aufregendste Herausforderung für einen Paläontologen“.¹ Die Rede ist von der zur Dinosaurier-Familie Dromaeosauridae gestellten Art *Halszkaraptor escuillie*, die nach der polnischen Paläontologin Halszka Osmólska und dem Fossilienforscher François Escuillié benannt ist; der Namensteil „raptor“ steht für „Räuber“. Das Tier war etwa so groß wie eine Ente und an eine Ente erinnern auch manche seiner Merkmale (s. u.). Da in der „Branche“ Fälschungen nicht ausgeschlossen sind, unterzogen die Forscher das Fossil einer umfassenden 3-D-Analyse und sind aufgrund der Ergebnisse von seiner Echtheit überzeugt. Das Fossil ist komplett in der Gesteinsmatrix eingebettet und vollständig intakt.



Abb. 1: Skelett von *Halszkaraptor*. (Wikimedia: Ghedoghedo, CC BY-SA 3.0)

Überraschend ist die ungewöhnliche Kombination von Merkmalen. Einerseits besaß das Tier einen langen Hals (50% der Länge von Schnauze bis Kreuzbein) und ans Schwimmen angepasste kurze Vorderextremitäten mit flachen, dünnwandigen Knochen und verlängerten Fingern. Andererseits hatte es lange Beine und war zweibeinig als Läufer unterwegs. Der Kopf war entenartig, aber der Kiefer war mit für einen Dinosaurier ungewöhnlich vielen spitzen Zähnen besetzt, die zum Greifen von Beute geeignet waren. Die Wissenschaftler beschreiben die zweibeinige Körperhaltung als analog der Situation heutiger Vögel.² Die Forscher schließen auf eine amphibische Lebensweise, wobei der lange Hals zum Gründeln

verwendet worden sein dürfte. Dafür spricht auch das Vorhandensein eines gut ausgebildeten Netzwerks von Kanälen (vermutlich mit Nerven und Blutgefäßen) im Zwischenkieferknochen, das dem Tier ein gutes Tastvermögen verliehen haben dürfte. Der Bau der Wirbelkörper lässt auf eine biegsame Wirbelsäule schließen und ist typisch für undulierende (wellenförmig sich fortbewegende) Schwimmer.

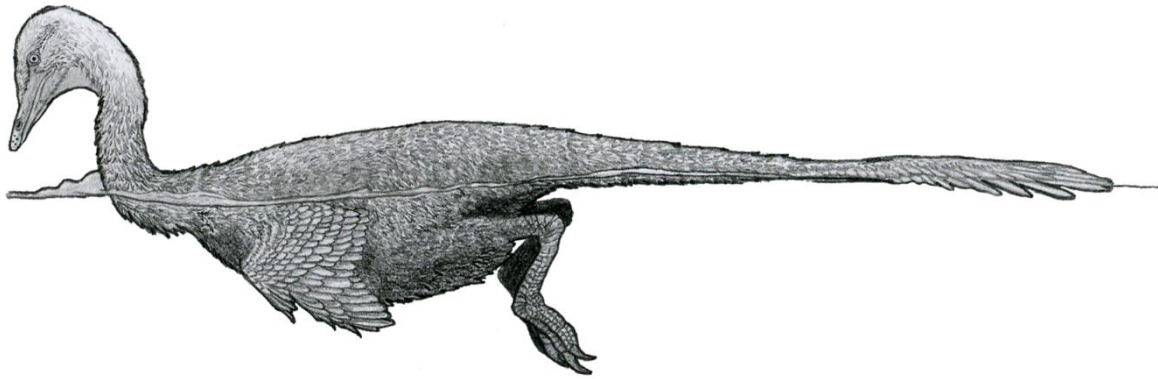


Abb. 2: Lebensrekonstruktion von *Halszkaraptor*. (Wikimedia: Tomopteryx, CC BY-SA 4.0)

Die neue Gattung wird zu den Dromaeosauriden gestellt, einer Gruppe der Maniraptoren („Handräuber“). Zu den Maniraptoren gehören die mit den Vögeln nächstverwandten Dinosaurier-Familien. Nach Cau et al. (2017, 397) handelt es sich bei *Halszkaraptor* um das erste Beispiel eines Dinosauriers mit „doppeltem Fortbewegungsmodul“; Bau und Ökologie weichen markant von anderen Maniraptoren ab.

In Pressemeldungen ist auch von Federn die Rede und Rekonstruktionen werden entsprechend gezeichnet (s. Link unten), doch sind in der Originalarbeit keine Informationen dazu zu finden. Vermutlich wird aufgrund der Position im Cladogramm auf eine flaumige Körperbedeckung geschlossen, die häufig irreführend als „Federkleid“ bezeichnet wird.

Warum ist ein solcher Merkmalsmix unerwartet? Cau et al. (2017) schreiben, dass die meisten Merkmale von *Halszkaraptor* bei den Maniraptoren nicht vorkommen, obwohl diese gemäß der Evolutionstheorie den Vögeln nahestehen. Sie teilen jedoch einige Merkmale mit Reptilien und Vögeln mit aquatischer oder semiaquatischer Ökologie, sind also typisch für am oder im Wasser lebende Tiere.³ Ein solches Merkmalsmosaik steht quer zu etablierten evolutionären Abstammungszusammenhängen. Natürlich kann auch *Halszkaraptor* wie jede andere Art in ein Cladogramm eingefügt werden; sie steht an der Basis der Dromaeosauriden, doch das ist nur bei Annahme vieler Konvergenzen möglich (mehrfache unabhängige Entstehung ähnlicher Merkmale).

Zudem steht das stratigraphische Alter dazu in klarem Widerspruch: *Halszkaraptor* stammt von der Fossilagerstätte Ukhaa Tolgod in der Wüste Gobi in der Mongolei aus der oberen Oberkreide. Viele Dromaeosauriden, aber auch viele abgeleitete Formen und Dutzende Vogelgattungen der Gegenvögel und der Ornithurae (also deren mutmaßliche Nachfahren) sind bereits aus Gesteinen der unteren Unterkreide überliefert und weisen damit ein deutlich höheres stratigraphisches Alter auf. Der berühmte *Archaeopteryx* stammt sogar aus noch älteren Schichten des Oberjura und einige eindeutig gefiederte Dino-Gattungen mit unklarer Flugfähigkeit werden noch älter eingestuft. **Insgesamt ist verständlich, dass der Merkmalsmix und die stratigraphische Position von *Halszkaraptor* unerwartet ist, wenn man von einer evolutionären Ableitung der Vögel von den Dinosauriern ausgeht.**

Betrachtet man die neue Gattung aus der Perspektive einer Schöpfungsanschauung, kann Folgendes gesagt werden: Ein Schöpfer hat die Freiheit, von ihm geschaffene Merkmale in einer für uns unerwarteten Weise zu kombinieren. Man kann daher durchaus erwarten, dass der theoretisch denkbare Formenraum möglicher Gestalten von Pflanzen und Tieren durch den Schöpfer vielseitig gefüllt werden kann, völlig unabhängig von irgendwelchen Zwängen, die sich aus hypothetischen Abstammungs- und Aufspaltungsprozessen ergeben. Aus dieser Sicht sind weder ungewöhnliche Merkmalsmosaiken noch unpassende stratigraphische Positionen überraschend.

Wichtig ist: *Halszkaraptor* ist kein Einzelfall. Gerade im Formenkreis Dinosaurier – Vögel sind unterschiedlichste Merkmalsmosaiken bekannt, was sich in einer geradezu ausufernden Anzahl von Konvergenzen in Cladogrammen bemerkbar macht, worauf viele Kenner des Sachverhalts immer wieder hinweisen; *Halszkaraptor* ist nur ein besonders markantes Beispiel. (Vergleiche auch ► [Buntes Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern](#))

Literatur

Cau A, Beyrand V, Voeten DFAE, Fernandez V, Tafforeau P, Stein K, Barsbold R, Tsogtbaatar K, Currie PJ & Godefroit P (2017) Synchrotron scanning reveals amphibious ecomorphology in a new clade of bird-like dinosaurs. *Nature* 552, 395-399.

Bilder und Rekonstruktion:

http://www.huffingtonpost.ca/2017/12/07/newly-discovered-dinosaur-halszkaraptor-escuilliei-looks-like-a-mix-of-a-penguin-duck-and-swan_a_23300819/

http://cdn.sci-news.com/images/enlarge4/image_5516e-Halszkaraptor-escuilliei.jpg

Anmerkungen

¹ „so enigmatic and bizarre, with a completely unexpected mix of strange features. It was the most exciting challenge for a paleontologist!”

(<https://news.nationalgeographic.com/2017/12/duck-dinosaur-amphibious-halszkaraptor-fossil-mongolia-science>)

² „... it developed postural adaptations convergent with short-tailed birds” (Cau et al. 2017, 395). „... a body posture that was more erect on land, which is analogous to the postures of modern birds“ (Cau et al. 2017, 397).

³ „... revealed a mosaic of features, most of them absent among non-avian maniraptorans but shared by reptilian and avian groups with aquatic or semiaquatic ecologies“ (Cau et al. 2017, 395).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n254.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.01.18 Zum Ursprung von Vogelfeder und Vogelflug

Vogelfedern sind die komplexesten Körperanhänge im Tierreich und der Vogelflug gehört zu den faszinierendsten Fähigkeiten von Tieren. Seit Mitte der 1990er-Jahre wurden zahlreiche Dinosaurier-Gattungen mit feder- oder flaumartigen Körperbedeckungen entdeckt. Und es wurden in dieser Zeit neue Modelle der Federentstehung entwickelt. Auf dieser Basis gilt die Entstehung von Vögeln ausgehend von Dinosauriern evolutionstheoretisch als gut begründet. Kürzlich veröffentlichte die Studiengemeinschaft Wort und Wissen ein „Special Paper“ von Reinhard Junker, in dem die evolutionstheoretischen Fragen rund um die Entstehung von Vogelfeder und Vogelflug kritisch diskutiert werden. Wir bringen nachfolgend eine Zusammenfassung dieser Arbeit.

Federn als synorganisierte Gebilde. Vogelfedern sind die komplexesten Körperanhänge im gesamten Tierreich. Für ihre Flugtauglichkeit werden höchste Ansprüche an Material, Bau und Steuerung gestellt, damit Leichtigkeit, Robustheit, Bielsamkeit und Beweglichkeit gewährleistet sind. Der Feinbau mittels Fasern und Faserbündeln aus beta-Keratin ist äußerst komplex und von der im Follikel befindlichen Spule bis zur Spitze unterschiedlich. Das Bogen-Hakenstrahlen-System ermöglicht kontrolliertes Öffnen und leichtes Schließen. Ein komplexes Geflecht aus Muskeln, Sehnen, Nervenbahnen, Sinneskörperchen und Fettgewebe ermöglicht eine abgestimmte Bewegung und straffe Verankerung der Federn. Zur Gewährleistung der Funktionalität der Federn müssen die verschiedenen Aspekte der Federfeinstruktur und des Federbaus fein aufeinander abgestimmt sein (Synorganisation). Die Federn selbst sind nur ein Teil der notwendigen Voraussetzungen für die Flugfähigkeit der Vögel. Auch zahlreichen anatomischen, physiologischen und verhaltensbiologischen Erfordernissen muss Rechnung getragen werden.

Entstehungsmodelle. Evolutionäre Modelle müssen die Details des Federbaus und des Flugsystems sowie ihrer Steuerung berücksichtigen. Das heute gängige Federentstehungsmodell von Prum (1999) und ähnliche Modelle orientieren sich an den ontogenetischen Abfolgen des Federwachstums. Mit 5-8 Stadien sind sie allerdings viel zu grob, um eine evolutionäre Entstehung realistisch modellieren zu können. Ein Großteil der histologischen und anatomischen Verhältnisse bleibt unbeachtet. Ein Abgleich der Modelle mit den einzelnen Erfordernissen für Federn und Flug erweist die Modelle als untauglich. Es ist daher im Wesentlichen ungeklärt, wie flugtaugliche Federn allein durch zukunftsblinde Variation und Selektion und andere rein natürliche Prozesse entstanden sein könnten.

Fossilien. Seit Mitte der 1990er-Jahre ist mehr als ein Dutzend fossiler Gattungen mit flaumartiger Körperbedeckung (sog. „Dino-Flaum“) gefunden worden, die zu verschiedenen Gruppen von Dinosauriern gehören, darunter zu solchen, die in die Nähe der Vögel gestellt werden (sog. „Nicht-Vogel-Dinosaurier“). Daher werden diese faserigen, z. T. büscheligen oder gering verzweigten Körperanhänge meistens als einfache Federn interpretiert und als Protofedern bezeichnet. Es ist aber nicht erkennbar, ob überhaupt Follikel (im Körper eingesenkter Teil der Federn) erhalten waren, und es ist nicht sicher nachweisbar, ob manche dieser Gebilde hohl waren. Die Bezeichnung „Feder“ ist daher fragwürdig. Aufgrund der sehr weiten systematischen Verteilung von „Dino-Flaum“ wird diskutiert, ob eine faserige bzw. haarartige Körperbedeckung ein allgemeines Kennzeichen der Dinosaurier sein könnte, womit es seinen Indiziencharakter als mögliche Federvorstufe einbüßen würde.

Bei einer Reihe von sog. Nicht-Vogel-Dinosauriern unterschiedlicher systematischer Zugehörigkeit wurden auch flächige Konturfedern nachgewiesen. Diese sind im Wesentlichen

heutigen Federn vergleichbar. Es ist nicht auszuschließen, dass es sich dabei um sekundär flugunfähig gewordene Vögel handelt. Im Fossilbericht zeigt sich eine deutliche Kluft zwischen Gattungen mit Dino-Flaum und solchen mit Konturfedern.

Stratigraphische Abfolge. Nicht-Vogel-Dinosaurier mit Flaumbedeckung oder Konturfedern sind nicht nur im cladistischen System recht unsystematisch verteilt, sondern treten in den geologischen Stufen ohne klar erkennbare Ordnung auf. Die geologisch ältesten Gattungen mit Konturfedern sind etwa gleich alt wie die ältesten bekannten Gattungen mit Flaum. Viele Nicht-Vogel-Dinosaurier-Gattungen mit Flaum sind geologisch deutlich jünger als eine Reihe von Gattungen mit flächigen Federn und auch jünger als zahlreiche Vogel-Gattungen der Enantiornithes (Gegenvögel) und Ornithurae („Vogelschwänze“). Gemessen an der stratigraphischen Abfolge ist kein Trend einer Federevolution erkennbar.

Hypothesen zu Vogelflug. Bezüglich der Entstehung des Vogelflugs stehen sich die Cursorialtheorie (evolutiver Beginn des Fluges mit schnellen Läufern vom Boden aus) und die Arborealtheorie (Beginn von Bäumen aus) gegenüber. Die Begründungen für die konkurrierenden Modelle sind ziemlich vage und beruhen vor allem auf Gegenargumenten gegen das jeweils konkurrierende Modell. Die Einwände sind so zahlreich und grundlegend, dass beide Szenarien unglaublich sind. Neuere Ansätze wie Flugentstehung auf dem Weg über das „WAIR“-Verhalten („wing-assisted incline running“) oder ein „Sturzflug-Modell“ (Pouncing-Proavis-Modell) scheitern ebenfalls an zahlreichen Einwänden. Wie bei den Federentstehungsmodellen bleiben viele relevante Details unberücksichtigt, weshalb auch die Flugentstehungsmodelle unrealistisch sind.

Selektionsfaktoren. Bis auf wenige Ausnahmen sind die Wissenschaftler der Auffassung, dass Federn nicht von Anfang an auf Flugfähigkeit selektiert wurden, sondern zunächst eine andere Funktion erfüllt haben und später für Flugzwecke kooptiert wurden. Über eine mögliche Erstfunktion (und damit zusammenhängend anfängliche Selektionsdrücke) gibt es verschiedene Auffassungen, ein Konsens ist nicht in Sicht, und Fossilien ermöglichen dazu keine Klärung. Mit dem Umweg über eine andere Erstfunktion von Federn als die der Flugtauglichkeit wird zudem nur sehr wenig gewonnen, weil ein Großteil der für das Fliegen erforderlichen Einrichtungen für alle anderen diskutierten Zwecke nicht benötigt wird.

Methodische Fragen. Die Frage nach der Testbarkeit von Feder- und Flugentstehungstheorien wird in der Fachliteratur nur selten behandelt. Ein direkter (experimenteller) Test ist grundsätzlich nicht möglich, da es sich um historische Prozesse handelt, die anders als im experimentellen Bereich durch möglichst viele bestätigende Befunde (im Vergleich zu konkurrierenden Hypothesen) geprüft werden. Diskutiert werden folgende Kriterien: Änderungsschritte müssen realistisch, kontinuierlich und in der zeitlichen Abfolge passend sein, zu Cladogrammen passen, die funktionelle Ganzheit der Organismen muss berücksichtigt werden. Diese Testkriterien sind jedoch weich, in der Praxis meist vage. Vor allem fallen die vorgeschlagenen Modelle dem Kriterium der Kontinuität und der Berücksichtigung der funktionellen Ganzheit durch.

Schöpfung. Ein grundlegendes Kennzeichen von Wissenschaft ist Wahrheitsorientierung und somit Offenheit auch für grundsätzlich verschiedene Ansätze. Die Möglichkeit einer Schöpfung – einer willentlichen, zielorientierten Hervorbringung durch einen geistbegabten Schöpfer – kann nicht grundsätzlich ausgeschlossen werden. Die Festlegung auf den naturalistischen Ansatz, wonach nur Naturgesetze, Zufall und plausible Randbedingungen in Erklärungen zugelassen, ist wissenschaftstheoretisch nicht zu rechtfertigen und führt zu Zirkelschlüssen. Zahlreiche Befunde im Bau von Federn und in der Fossilüberlieferung sowie

das nachhaltige Scheitern naturalistischer Entstehungshypothesen zur Entstehung von Vogelfeder und Vogelflug können als Indizien für einen Schöpfer gewertet werden.

Der Artikel (PDF, 9,2 MB) ist unter http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-17-1_feder-und-flug.pdf frei verfügbar.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n253.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.11.17 Serikornis – Dinosaurier mit halbfertigen Federn?

Die kürzlich beschriebene Dinosaurier-Gattung *Serikornis* besaß sowohl flaumartig-büschelige als auch einfach gefiederte Körperanhänge. Die Deutung als Zwischenform, die zu Vögeln überleitet, ist dennoch problematisch. Das Merkmalsmosaik von *Serikornis* ist evolutionstheoretisch unerwartet und wesentliche Fragen zur Entstehung flugtauglicher Federn kann das Fossil nicht klären.

Die Serie interessanter Fossilfunde von Vögeln und Dinosauriern, die in die Nähe der Vögel gestellt werden, reißt nicht ab. In den letzten Jahren gab es dabei einige Überraschungen. Statt passender Bindeglieder wurden Formen entdeckt, die unerwartete Merkmalsmosaiken aufwiesen wie z. B. *Yi qi* (mit einer fledermausartigen Flughaut) oder *Chilesaurus*, oder andere, deren Merkmale oder Fähigkeiten „moderner“ waren als bis dahin angenommen (z. B. bei *Anchiornis* oder *Confuciusornis*); siehe Links am Ende des Artikels.



Abb. 1: Rekonstruktion von *Serikornis*. (Wikimedia: Emily Willoughby (e.deinonychus@gmail.com, <http://emilywilloughby.com>), CC BY-SA 4.0)

Im Sommer dieses Jahres wurde eine neue fossile Gattung beschrieben, die in einem wichtigen Merkmal evolutionstheoretischen Erwartungen teilweise entspricht, wenn man einen evolutionären Übergang von Dinosauriern zu Vögeln annimmt (was der Auffassung der klaren Mehrheit der Paläontologen entspricht). Die Rede ist von einem nahezu vollständig erhaltenen Exemplar der Art *Serikornis sungei* aus der Gruppe der sogenannten Paraves (Bilder hier: <http://novataxa.blogspot.de/2017/08/serikornis.html>). Die Bezeichnung „Paraves“ kann man mit „neben den Vögeln“ übersetzen. Diese Gruppe umfasst eine recht bunte Mischung von zweibeinig sich fortbewegenden Gattungen aus verschiedenen Familien, deren Verwandtschaftsbeziehungen oft unklar sind und entsprechend kontrovers diskutiert werden.¹

Entdeckt wurde die neue Gattung in der oberjurassischen Tiaojishan-Formation (Liaoning-Provinz, China), in der schon andere Gattungen der Paraves gefunden wurden, darunter mit *Anchiornis* auch eine vierflügelige Gattung mit eindeutig flächigen Federn; nach neueren Erkenntnissen konnte *Anchiornis* wahrscheinlich recht gut fliegen (Wang et al. 2017). *Serikornis* war etwa 60 cm groß und damit so groß wie ein Fasan, vermutlich ein Waldbewohner, der wahrscheinlich auch auf niedriges Geäst klettern konnte (wofür die Existenz stark gebogener Klauen sprechen könnte) (Lefèvre et al. 2017, 11).

Das evolutionstheoretisch interessanteste Merkmal von *Serikornis* ist der Besitz von unterschiedlich gestalteten flaumigen oder fiederigen Körperanhängen, die den ganzen Körper, auch Beine und Füße bis zu den Fußphalangen bedeckten (Lefèvre et al. 2017). Neben Regionen mit flaumartigen, unverzweigten und dünnen, büscheligen Haaren (evolutionstheoretisch als „Protofedern“ bezeichnet, die man aber nicht unbedingt als „Federn“ bezeichnen muss) sind an den Armen, Beinen, auf dem Rücken und am Ende des Schwanzes auch flächig-fiederige Anhänge mit zentraler Achse (Schaft) überliefert, die man als einfach gebaute Federn interpretieren kann; *Serikornis* war also sozusagen vierflügelig. Die Vorderflügel waren mit mehreren Lagen relativ kurzer, schlanker, symmetrischer und wenig differenzierter federartiger Anhänge besetzt (eine ähnliche Situation wie bei *Anchiornis*, bei dem aber wie angemerkt echte Federn ausgebildet waren). Die Autoren erwähnen auch ein großes Propatagium (Flughaut); dessen Existenz scheint aber nur indirekt erschlossen und nicht fossil nachgewiesen zu sein (Lefèvre et al. 2017, 7²). Schwung- und Deckfedern – wenn man von „Federn“ sprechen möchte – sind nicht unterscheidbar (anders als beim „Urvogel“ *Archaeopteryx*, bei der vierflügeligen Gattung *Microraptor*, bei *Confuciusornis* und bei modernen Vögeln).

Aufgrund der sehr guten Erhaltung und der erkennbaren feinen Details kann man nach Auffassung der Beschreiber ausschließen, dass Federstrahlen (Bogen- und Hakenstrahlen) ausgebildet waren. Das System aus Federstrahlen ist zwingend notwendig für die Flugfähigkeit; sonst kann der Luft nicht genügend Widerstand entgegengesetzt werden. Vermutlich waren die Federn zudem nicht leicht und nicht steif genug, um ausreichend Schub zu erzeugen.

Darüber, wie die Anhänge im Körper verankert waren, ist offenbar nichts bekannt; die Autoren äußern sich nicht dazu. Damit besteht über ein wichtiges Kennzeichen echter Federn Unklarheit. Ob man also von Federn oder von gefiederten Haaren sprechen will, ist Definitionssache; jedenfalls fehlen wesentliche Merkmale flugtauglicher Federn.³ Die flächigen Federn waren klein, schlank und symmetrisch (ein weiteres Kennzeichen für das Fehlen von Flugtauglichkeit).

Da die Körperanhänge also mit großer Wahrscheinlichkeit nicht für Flugzwecke genutzt werden konnten und auch die Fähigkeit zum Gleitflug wahrscheinlich nicht gegeben war – allenfalls könnten die Federn bei einem Sturzflug bremsend gewirkt haben –, stellt sich die Frage nach ihrer Funktion. Die Forscher diskutieren Isolierung (Thermoregulation) und Zurschaustellung („display“, für die Balz); erst später seien die „Federn“ für den Flug kooptiert worden.

Auch der Skelettbau zeigt keine Anpassung an einen Flug und spricht für ein Leben am Boden. Insbesondere waren die Vorderextremitäten viel zu kurz für eine Flugfunktion. Die für einen Flügelschlag erforderlichen Bewegungen waren aufgrund der geraden Form von Elle und Speiche kaum möglich; die Beinmerkmale sprechen für eine Fortbewegung als Läufer (Lefèvre et al. 2017, 10f.).

Diskussion

Kann *Serikornis* als Bindeglied zwischen „noch nicht“ flugfähigen befiederten Dinosauriern und Vögeln interpretiert werden? Lefèvre et al (2017, 8) sehen das – wenig überraschend – genau so. Dafür werden zwei Befunde ins Feld geführt: Die einfach gefiederten Anhänge und das stratigraphische Alter (die Position im geologischen System). Die Körperanhänge von *Serikornis* kommen im Vergleich zu den Körperanhängen von Gattungen mit „Dino-Flaum“ (flaumige, faserige oder büschelige haarartige Anhänge) echten Federn strukturell am nächsten. Und *Serikornis* gehört zu den geologisch ältesten Gattungen mit „Dino-Flaum“. Diese Punkte gehen an evolutionstheoretische Deutungen. Die Tatsachenaussage der Artikelüberschrift („China documents a transitional step“) ist aber nicht gerechtfertigt, wie die nachfolgenden Aspekte zeigen.

Selektionsdrücke. *Serikornis* ist nämlich in einem evolutionstheoretischen Rahmen schwer einzuordnen. Die Merkmalskombination aus einfachen Federn, befiederten Beinen, kurzen Vorderextremitäten und Merkmalen, die auf ein Bodenleben hinweisen, ist evolutionstheoretisch unerwartet.⁴ Denn für einen Bodenstart eines schnellen Läufers sind befiederte Beine nachteilig; für den Baumstart passen die kurzen Vorderextremitäten und das Leben auf dem Waldboden nicht. Problematisch sind die Selektionsdrücke, ohne die evolutionstheoretische Modellierungen kaum auskommen⁵, und zwar in zweierlei Hinsicht: 1. Welcher Selektionsdruck könnte die Art der Befiederung bei *Serikornis* begünstigt haben; 2. wie könnte es Richtung Flugfähigkeit weitergegangen sein? Für eine Schaufunktion (Balz) und Thermoregulation erscheinen die fiederigen Anhänge und ihre Art ihrer Anordnung auf der Körperoberfläche nicht notwendig zu sein; sexuelle Selektion als Erklärung ist ein Notbehelf. Selektion auf zukünftige Flugfähigkeit ist nicht möglich, da auf potentiellen zukünftigen Nutzen nicht ausgelesen werden kann. *Serikornis* ist aus diesen Gründen als Startpunkt für spätere Flugfähigkeit wenig überzeugend.

In einem nicht-evolutionären Deutungsrahmen entfällt die Frage nach Selektionsdrücken, die eine erstmalige Entstehung begünstigt haben könnten. Arten müssen einfach nur überlebensfähig sein, während die sich Frage nach der Überlebensfähigkeit hypothetischer Vor- oder Zwischenformen gar nicht stellt, weil diese nicht benötigt werden. Außerdem müssen nicht alle Merkmale unbedingt unter dem Zweckmäßigkeitsaspekt gesehen werden, es können auch Schönheit oder Phantasieerichtum eine Rolle spielen (hier wird wie oben angedeutet evolutionstheoretisch mit sexueller Selektion argumentiert).

Von *Serikornis*-„Federn“ zu flugtauglichen Federn. Der Schritt zu flugtauglichen Federn wäre von *Serikornis* ausgehend immer noch enorm. Die einfache Fiederung bringt – gemessen an den zahlreichen Anforderungen für Flugtauglichkeit – gegenüber einfachen oder büscheligen Haaren kaum etwas. Zur Flugtauglichkeit gehören das ausgefeilte Bogen-/Hakenstrahlen-System, eine geeignete Verankerung im Körper mit der Fähigkeit der Federbewegung (das ist bei *Serikornis* unbekannt, s. o.), vielfältige Steuerungsmechanismen und vieles mehr (vgl. Junker 2016 und „Wunderwerk Feder“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=248>).

Vielfalt von Oberjura-Formen. Aus dem Oberjura stammt bekanntlich auch *Archaeopteryx*, der „moderne“ Federn besaß (dessen Flugfähigkeit aber umstritten ist). Die Juraschichten, in denen er geborgen wurde, sind allerdings stratigraphisch relativ jünger als die Schichten der chinesischen Tiaojishan-Formation; *Serikornis* ist stratigraphisch älter (s. o.). Aus diesen Schichten und anderen etwa gleich alten Schichten Chinas stammt eine ganze Reihe

verschiedener echt befiederter Formen wie z. B. der oben erwähnte *Anchiornis*, die kletternden Scansoriopterygiden (u. a. der mit einer besonderen Flughaut ausgestattete *Yi qi*), die Gattung *Pedopenna* mit langen symmetrischen Konturfedern, die an ganzer Länge am Mittelfuß ansetzen (bei dieser Gattung sind nur die Hinterbeine fossil überliefert (Xu & Zhang 2005) und weitere Gattungen; sie tauchen in ihrer Vielfalt recht plötzlich auf, und ihre Merkmalsmosaik können nicht ohne Weiteres in ein evolutionstheoretisches System gebracht werden. Entsprechend zeigt das von Lefèvre et al. veröffentlichte Cladogramm zahlreiche Konvergenzen bzw. Merkmalswidersprüche und es unterscheidet sich von zuvor publizierten Cladogrammen.

Vermutlich ist über die Lebensweise und die Ökologie von *Serikornis* wie auch von anderen fossilen Formen, die zu den Paraves gestellt werden, einfach zu wenig bekannt, um sich einen klaren Reim auf die Merkmalskombinationen dieser Gattungen machen zu können. In gewisser Hinsicht erinnert *Serikornis* an die flugunfähigen Kiwis, die ebenfalls einfach gefiederte Körperanhänge – Federn ohne Federstrahlen – haben, die als rückgebildet interpretiert werden. Es spricht zwar einiges dafür, dass *Serikornis* auf dem Waldboden lebte, doch die Beinbefiederung erscheint dafür eher hinderlich. Aber auch für ein Klettern sind Federn an den Beinen nicht förderlich. Wie hat *Serikornis* also gelebt? Hier muss wohl einiges offen bleiben.

Weitere thematisch verwandte Artikel auf Genesisnet

- Bunt Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=227>
- Yi qi – „merkwürdiger Flügel“ eines (Dino-?)sauriers, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=225>
- Mosaikform der Gegenvögel passt erneut nicht ins evolutionäre Bild, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=247>
- Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=226>
- Alte Vögel mit moderner Flugkunst, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=233>
- Urvogel Confuciusornis unerwartet „modern“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=244>
- Zhenyuanlong – befiederter Dinosaurier, flugunfähiger Vogel oder ...?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=230>
- Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>

Anmerkungen

¹ Man vergleiche beispielsweise die Cladogramme in Godefroit et al. (2013a; 2013b), Xu et al. (2011) und Hu et al. (2009).

² Lefèvre et al. (2017, 7) schreiben: „... forelimb feathers are arranged in several rows in *Serikornis*, suggesting the presence of a large propatagium, ... The development of a large propatagium in basal paravians is therefore supported by the presence of numerous layers of feathers along the forearm in *Serikornis* ...“

³ Chuong et al. (2003) definieren Federn als komplexe Integumentanhänge, die hierarchisch verzweigt sind, aus Rachis, Federästen und Federstrahlen bestehen und aus einem Follikel heraus wachsen und besondere biochemische, morphologische und entwicklungsbiologische Eigenschaften besitzen.

⁴ Vgl. Pickrell (2017): „The distribution and type of feathers on its body are not consistent with the currently preferred scenario about the evolution of bird feathers and flight. That scenario assumes that long pennaceous feathers on arms and legs originated with arboreal four-winged gliders such as *Microraptor*.“

⁵ Evolution ohne Selektion wäre noch problematischer, weil in diesem Fall davon ausgegangen werden müsste, dass sich Voraussetzungen für die Flugfähigkeit latent zufällig entwickelt hätte, was angesichts der Fülle der dafür erforderlichen Voraussetzungen völlig unglaublich wäre.

Literatur

Chuong CM, Wu P, Zhang FC, Xu X, Yu M, Widelitz RB, Jiang TX & Hou L (2003) Adaptation to the sky: Defining the feather with integument fossils from Mesozoic China and experimental evidence from molecular laboratories. *J. Exp. Zool.* 298B, 42-56.

Godefroit P, Cau A, Hu DY, Escuillié F, Wu W & Dyke G (2013a) A Jurassic avialan dinosaur from China resolves the early phylogenetic history of birds. *Nature* 498, 359-362.

Godefroit P, Demuynck H, Dyke G, Hu D, Escuillié F & Claeys P (2013b) Reduced plumage and flight ability of a new Jurassic paravian theropod from China. *Nat. Comm.* 4:1394,1-6, doi:10.1038/ncomms2389.

Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.

Lefèvre U, Cau A, Cincotta A, Hu D, Chinsamy A, Escuillié F & Godefroit P (2017) A new Jurassic theropod from China documents a transitional step in the macrostructure of feathers. *Sci. Nat.* 104:74.

Pickrell J (2017) New Feathered Dinosaur Had Four Wings but Couldn't Fly. <https://news.nationalgeographic.com/2017/08/feathered-dinosaur-four-wings-species-serikornis-science/>

Wang X, Pittman M, Zheng X, Kaye TG, Falk AR, Hartman SA & Xu X (2017) Basal paravian functional anatomy illuminated by high-detail body outline. *Nat. Comm.* 8:14576, doi: 10.1038/ncomms14576.

Xu X, You H, Du K & Han F (2011) An *Archaeopteryx*-like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465-470.

Xu X & Zhang F (2005) A new maniraptoran dinosaur from China with long feathers on the metatarsus. *Naturwissenschaften* 92, 173-177.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n251.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

rechte Ulna; sk, Schädel; st, Sternum; sy, Synsacrum; tv, Brustwirbel. Die weißen Kreise (nummeriert 1-5) und der Kasten zeigen die Lage der Federn bzw. der histologischen Proben an. Maßstabsbalken, 10 mm.“
(Wikimedia: Wang, Minet al. (2017) A bizarre Early Cretaceous enantiornithine bird with unique crural feathers and an ornithuromorph plough-shaped pygostyle. Nature Communications. 8: 14141.
doi:10.1038/ncomms14141., CC BY 4.0)

Wie so oft zeigt sich auch bei den Vögeln der Unterkreide, dass mit der Zunahme von Funden mögliche Abstammungsverhältnisse nicht klarer werden, sondern immer schwieriger zu rekonstruieren sind. Die Anzahl der evolutionstheoretisch anzunehmenden Konvergenzen von wichtigen Merkmalen nimmt zu, so dass sich Merkmalswidersprüche häufen. Das heißt es muss mehrfache Entstehung weitgehend baugleicher Merkmale angenommen werden – evolutionstheoretisch problematisch.

Der neue Fund. Ein jüngst beschriebener Fund aus der Huajiying-Formation Nordwestchinas (Unterkreide, 131 Millionen radiometrische Jahre), der aufgrund zahlreicher anatomischer Merkmale zu den Gegenvögeln gestellt wurde (Wang et al. 2017, 6), trägt weiter zu diesen Merkmalswidersprüchen bei. Die Huajiying-Formation ist die geologisch älteste Schicht, in der fossile Vögel geborgen wurden, nur übertroffen vom fränkischen Oberjura mit seinen *Archaeopteryx*-Fossilien. Der neue Fund wurde aufgrund seiner ungewöhnlich befiederten Beine *Cruralispennia* genannt (crus = Schenkel, pennae = Federn). Außerdem handelt es sich trotz seines geologischen Alters um eine abgeleitete („höherentwickelte“) Form. Das heißt: Sie steht gemäß phylogenetischer Analysen nicht im Bereich der Basis der Gruppe, sondern tief eingeschachtelt weiter oben im Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum). Nach Auffassung der Bearbeiter ist dies „unerwartet“ (Wang et al. 2017, 1), weil evolutionär an der Basis einer Gruppe natürlich mit „primitiven“ Formen gerechnet wird. Die Autoren sprechen von einer „stratigraphisch-phylogenetischen Diskrepanz“ (Wang et al. 2017, 7).

Besonders überraschend ist der Besitz eines pflugförmigen Pygostyls, dessen Form für Ornithurae typisch ist (Gegenvögel haben sonst ein längliches Pygostyl).¹ Wang et al. nehmen an, dass es konvergent zu den Ornithurae entstanden ist, was die homoplastische Natur der frühen Vogelevolution aufzeige. (Homoplasie ist ein Sammelbegriff für Konvergenzen, Parallelismus und Rückentwicklungen.) Ebenfalls bisher nicht bekannt unter den Gegenvögeln der Unterkreide war die Ausbildung eines extrem schlanken Coracoids (Rabenbein) bei *Cruralispennia*; bisher war diese Form des Coracoids nur bei Formen aus der Oberkreide bekannt. Übergangsformen zwischen Formen mit Fiederschwanz und den Pygostylia sind nicht bekannt (Wang et al. 2017, 8).²

Ungewöhnlich sind auch die bereits erwähnten Federn an den Schenkeln, die im körpfernahen Bereich drahtartig sind und distal fädige Spitzen besitzen. **Diese Federform war bisher unbekannt und erweitert das ohnehin bereits reichhaltige Spektrum von Federformen bei frühen Vögeln, das die Vielfalt heutiger Federtypen noch übersteigt.** Wang et al. bezeichnen sie als „PWFDTs“ – „proximally wire-like part with a short filamentous distal tip“. Ansonsten ist fast das ganze Skelett von verkohlten Federresten umgeben, neben haarartigen Körperfedern sind auch flächige asymmetrische Schwungfedern erhalten.

Auffällig ist schließlich der Besitz von 14 Zähnen auf dem Dentale, was den Artnamen *C. multidentata* motiviert hat. Fast alle Gegenvögel besitzen weniger Zähne (einzige Ausnahme ist *Eopengornis* mit 12-14 Zähnen). Interdentalplatten (dreieckige Zwischenzahnwände), wie sie bei *Archaeopteryx* und theropoden Dinosauriern und z. T. auch bei anderen Sauriern bekannt sind, wurden nicht nachgewiesen. Histologische Befunde an den Knochen deuten darauf hin, dass *Cruralispennia* schnell wuchs und vermutlich binnen eines Jahres ausgewachsen war; für die Gegenvögel ein weiteres ungewöhnliches, als abgeleitet interpretiertes Merkmal.

Der neue Fund trägt zum Bild eines plötzlichen fossilen Erscheinens einer erheblichen Formenvielfalt in der Unterkreide bei. Auch unter den Ornithurae (ebenfalls Unterkreide) findet sich eine abgeleitete Gattung – *Archaeornithura* – ausgerechnet unter den geologisch ältesten Formen (vgl. Wang et al. 2015; Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=226>).

Literatur

Wang M (2015) et al. The oldest record of ornithuromorpha from the early cretaceous of China. Nat. Comm. 6:6987, doi: 10.1038/ncomms7987

Wang M, O'Connor JK, Pan Y & Zhou Z (2017) A bizarre Early Cretaceous enantiornithine bird with unique crural feathers and an ornithuromorph plough-shaped pygostyle. Nat. Comm. 8:14141, doi: 10.1038/ncomms14141

Anmerkungen

¹ „Although detailed features are obscured by compression and two-dimensional preservation, the general shape of the pygostyle of *Cruralispennia* is indistinguishable from that of ornithuromorphs, particularly with regards to the upturned distal end“ (Wang et al. 2017, 8).

² „Unfortunately, little is known about this dramatic transition, and it is unclear when this feature evolved.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n247.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.03.17 Anfangs explosiv – dann nur noch Fine-Tuning: Vielfalt der Vogelschnäbel

Eine umfangreiche Analyse mittels 3D-Scans von Schnäbeln von etwa 2000 heutigen Vogelarten legt den Schluss nahe, dass am Anfang der fossilen Überlieferung der heutigen Vogelordnungen (Neornithes) sehr rasch eine enorme Vielfalt von Schnabelformen etabliert war. Danach erfolgte im Wesentlichen – von wenigen Ausnahmen abgesehen – eine Art Fine-Tuning. Dieser Befund ermöglicht die Deutung im Rahmen eines Schöpfungsansatzes mit programmierter Variabilität.

Die heute existierenden Vogelordnungen (Neornithes) erscheinen im Fossilbericht plötzlich in großer Vielfalt in den ältesten Schichten des Tertiärs. Wie bei vielen anderen Tier- und Pflanzengruppen ist von einer explosiven Entfaltung oder Radiation die Rede. In den letzten Jahren wurde zwar immer wieder über Funde von Vertretern der Neornithes auch in der Oberkreide berichtet, doch ändern diese nichts daran, dass die Vielfalt der Vogelbaupläne – gemessen an den Fossilfunden – nach der berühmten Kreide-Tertiär-Grenze abrupt und in einem geologisch kurzen Zeitraum zunimmt. Ein gemeinsamer Vorfahr ist nicht bekannt und der Fossilbericht gibt über die Anfänge der Neornithes fast keine Auskunft (Zhou 2004, 456, 467).¹ Vergleichend-biologische Studien der heutigen Vogelordnungen bestätigen dieses Bild: Cladogramme (Ähnlichkeitsbäume) lassen sich auf der Ebene der Ordnungen kaum auflösen (vgl. z. B. Thomas 2015). Sie gleichen daher in den unteren Teilen eher einem Busch als einen Baum.

Eine solche vergleichende Studie führen Cooney et al. (2017) anhand von 3D-Scans von Schnäbeln von 2028 heutigen Vogelarten aus 194 Familien durch, die im Natural History Museum Tring (England) und im Manchester Museum archiviert sind und einen Großteil des Systems der Vögel abdecken. Das charakteristische Merkmal des Vogelschnabels ist für seine faszinierende Vielfalt von Gestaltungen bekannt. Die unterschiedlichen Schnabelformen ermöglichen den Vögeln, sehr verschiedene Nahrungsquellen zu nutzen. **Durch die Kombination der Ergebnisse der Untersuchungen der Schnabelformen mit neueren DNA-basierten Cladogrammen ergab sich, dass die Vielfalt der Schnäbel sehr schnell in der mutmaßlichen evolutionären Geschichte aufgetreten ist, also innerhalb kurzer Zeit stark zunahm.** Evolutionstheoretisch folgt daraus, dass ein extrem schneller evolutiver Wandel angenommen werden muss – die Autoren sprechen von „früher schneller Quanten-Evolution“ (Cooney et al. 2017, 345), das bedeutet eine anfänglich sehr schnelle Divergenz (Aufspaltung und Verschiedenwerden) in neue Formen und Funktionen. Von wenigen Ausnahmen abgesehen änderten sich die Schnabelformen nach der Anfangsdivergenz nur noch relativ geringfügig in der Art eines Fine-Tunings und durch ökologische Anpassungen (vgl. Bhullar 2017).

Fossilfunde wurden in die Untersuchung nicht einbezogen. Bhullar (2017) weist aber darauf hin, dass der Fossilbericht den Befund von Cooney et al. unterstützt, dass eine große Vielfalt von Schnabelformen nach der Kreide-Tertiär-Grenze rasch präsent war, ja dass es anfangs noch weitere Schnabelformen gab, die heute nicht mehr vertreten sind. Die Gründe für dieses Muster mutmaßlicher evolutionärer Sprünge und anschließender Stabilität seien nicht bekannt.

Mikroevolution, Makroevolution und Schöpfung. Die Autoren stellen fest, dass es einen qualitativen Unterschied zwischen Mikroevolution (z. B. Fine-Tuning) und Makroevolution (neuartige Baupläne oder Bauplan-Elemente) gibt. Sie schreiben: „Auf welche Weise

mikroevolutionäre Prozesse addiert werden, um die Ausweitung der gestaltlichen Vielfalt über viel größere evolutionäre Zeiträume hinweg zu formen, ist unklar“ (Cooney et al. 2017, 344). Und weiter: „Untersuchungen an kleineren (evolutiven) Zweigen haben Einsichten in die Rolle der natürlichen Auslese als verändernde Kraft ermöglicht, sie können aber nicht den Prozess erhellen, der die Vielfalt und Diskontinuitäten von Radiationen über längere evolutionäre Zeiträume formen“ (ebd.).² Das entspricht vielen ähnlich lautenden Einschätzungen zum Unterschied von Mikro- und Makroevolution (vgl. Entstehung evolutionärer Neuheiten – ungelöst!, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=243>).

Das Muster der Entfaltung der Schnabelformen kann bei Zugrundelegung eines Schöpfungsansatzes mit programmierter Variabilität gut erklärt und eingeordnet werden. Dass innerhalb einer Formengruppe eine große Vielfalt relativ plötzlich auftaucht und Cladogramme an der Basis kaum auflösbar sind bzw. anfangs sehr enge Verzweigungen beinhalten, könnte als Indiz dafür gewertet werden, dass es gar keine Abstammung der größeren Einheiten gab, sondern dass diese in fertiger Form durch Schöpfungsakte ins Dasein kamen und sich anschließend ein anfangs bereits angelegtes Potential an Ausprägungs- und Spezialisierungsmöglichkeiten entfaltet hat.

Für die biblische Schöpfungslehre bleibt jedoch die Frage offen, warum zum einen Vögel heutiger Grundtypen fossil weitgehend erst ab dem unteren Tertiär überliefert sind, aber auch, weshalb Vögel, die im älteren geologischen System der Kreide fossil überliefert sind, andere Baupläne besitzen als die tertiären und heute lebenden Vögel.

Anmerkungen

¹ „[R]elatively little is known about the origin and the immediate ancestor of all extant avian groups“ (Zhou 2004, 456). „[Y]et there is still no fossil evidence indicating the origin of modern groups in the Mesozoic“ (Zhou 2004, 467).

² „[B]ut how microevolutionary processes scale up to shape the expansion of phenotypic diversity over much longer evolutionary timescales is unclear“ (Cooney et al. 2017, 344).

„Studies of small clades have provided insights into the role of natural selection as a diversifying force, but cannot illuminate the processes that shape the diversity and discontinuities of radiations over longer evolutionary time frames“ (ebd.).

Literatur

Bhullar BAS (2017) Catastrophe triggers diversification. *Nature* 542, 304-305.

Cooney CR, Bright JA et al. (2017) Mega-evolutionary dynamics of the adaptive radiation of birds. *Nature* 542, 344-347.

Zhou Z (2004) The origin and early evolution of birds: discoveries, disputes and perspectives from the fossil record. *Naturwissenschaften* 91, 455-471.

Thomas GH (2015) An avian explosion. *Nature* 526, 516-517.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n245.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.02.17 Urvogel *Confuciusornis* unerwartet „modern“

Der „Konfuzius-Vogel“ – *Confuciusornis sanctus* – gehört aufgrund zahlreicher fossiler Funde zu den am besten bekannten Vögeln der Unterkreide und nach *Archaeopteryx* auch zu den stratigraphisch ältesten. Neue Untersuchungstechniken brachten neue Einsichten in die Weichteilanatomie des Flugapparats. *Confuciusornis* war demnach ein besserer Flieger als bisher gedacht – angesichts der zahlreichen Anforderungen an aktiven Flug ist das letztlich nicht überraschend.



Abb. 1: *Confuciusornis sanctus*, Naturhistorisches Museum Wien. (Wikimedia: Tommy from Arad, Uploaded by FunkMonk, CC BY 2.0)

Die Vogelgattung *Confuciusornis* gehört nach dem berühmten oberjurassischen „Urvogel“ *Archaeopteryx* zu den **stratigraphisch*** ältesten Vögeln. Im Jahr 1995 wurden gut erhaltene fossile Exemplare dieser Gattung in großer Zahl in Süßwasserablagerungen der unteren Kreide im Nordosten Chinas gefunden. Während manche Merkmale (z. B. Becken, Finger, Schädel mit zwei Schläfenfenstern) als „ursprünglich“ eingestuft werden, besaß *Confuciusornis* – anders als *Archaeopteryx* und viele andere „Urvögel“ – einen Hornschnabel und eine Reihe weiterer „fortschrittlicher“ Merkmale. So hatte er keinen langen, reptilienähnlichen Schwanz, sondern wie heutige Vögel ein Pygostyl (mehrere verschmolzene Schwanzwirbel), an dem die Schwanzfedern fächerförmig ansitzen. Bei einigen Exemplaren ist auf dem Brustbein ein niedriger Kiel in der hinteren Hälfte zu erkennen; das Rabenbein ist ähnlich wie bei heutigen Vögeln lang und strebenförmig. Wie bei heutigen Vögeln dürften Ellbogen- und Handwurzelgelenk mechanisch gekoppelt gewesen sein, was ebenso wie das gut ausgebildete Federkleid mit asymmetrischen Flugfedern für eine Fähigkeit zu aktivem Flug spricht.

*stratigraphisch (= die geologische Schichtenfolge betreffend)

Die Lebensweise und die Art der Flugfähigkeit von *Confuciusornis* wurden dennoch kontrovers diskutiert (Wang et al. 2011, 1229). Peters & Ji (1998) hielten den Konfuzius-Vogel wegen der großen Schwingen für einen ausdauernden Segler; ob *Confuciusornis*

klettern konnte, war bisher ebenfalls umstritten (z. B. Feduccia 2001, 143; Chiappe et al. 1999, 1). Nudds & Dyke (2010) hatten eine Studie veröffentlicht, wonach die Schäfte der Federn von *Confuciusornis* zu schwach für eine Tauglichkeit zu aktivem Flug gewesen seien, doch ihre Schlussfolgerungen wurden wegen methodischer Fehler zurückgewiesen (Paul 2010; Longrich et al. 2012; Lingham-Soliar 2015).

Neue Einsichten zu diesen Fragen und weitere Erkenntnisse über die Flug- und Kletterfähigkeit brachten nun Untersuchungen mit Laser-unterstützter Fluoreszenzmikroskopie (Falk et al. 2016). Damit konnten bisher unbekannt Details der Weichteil Anatomie (Bänder, Muskeln, Sehnen) gewonnen werden. Sie zeigen, dass *Confuciusornis* „moderner“ gebaut war als bisher angenommen. Die Autoren stellen fest, dass *Confuciusornis* „eine Reihe relativ moderner Weichgewebe-Strukturen besaß, die fortschrittlicher waren als erwartet werden konnte“ (Falk et al. 2016, 6).¹ Außerdem konnten gut entwickelte und widerstandsfähige Flughäute (Pro- und Postpatagium an Innen- und Außenseite der Flügel) nachgewiesen werden, was laut Falk et al. enormen Auftrieb ermöglicht haben müsse und zusammen mit den robusten Federschäften für die Fähigkeit zum aktiven Flug spreche. **Die Autoren schließen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen, dass das Flughautsystem früh entstand und ein gemeinsames Merkmal (Synapomorphie) aller Vögel sein könnte** (Falk et al. 2016, 8).²

Auch zur Flügelform konnten neue Erkenntnisse gewonnen werden; diese sei einzigartig gewesen, folgern Falk et al. aus dem erhaltenen Federkleid. Die Breite des Flügels unterstreiche einen anderen Flugstil als bisher angenommen und sei typisch für Vögel, die in einem dicht bewachsenen Lebensraum vorkommen und daher ein hohes Maß an Manövrierbarkeit benötigen, oder auch für Segler. Sie schließen aus der Flügelstreckung (aspect ratio), dass *Confuciusornis* in seinem Lebensraum eher Manövrierbarkeit als Geschwindigkeit benötigte.³

Netzförmige Schuppen auf den Beinen, kräftige Fingerpolster und stark gebogene Klauen an den Zehen unterstützen nach Falk et al. nachhaltig die Rekonstruktion als baumlebender Vogel. Die netzförmigen Schuppen sind mehr abgerundet als schildförmig, was die Flexibilität der Zehen verbessert.

Aus den neuen Befunden schließen die Forscher insgesamt, dass *Confuciusornis* Kurzstrecken gut fliegen konnte und dass dieser Urvogel viele relativ „fortschrittliche“ („advanced“) vogeltypische anatomische Merkmale besaß. Insgesamt war der Konfuzius-Vogel also keinesfalls primitiv, weshalb die Autoren evolutionstheoretisch mutmaßen, dass seine modernen Merkmale viel früher als bisher angenommen entstanden sein müssten; ältere Gesteinsschichten könnten vielleicht entsprechende Antworten über Vorstufen bringen.⁴

Erst kürzlich waren bei einem anderen Vogel aus Schichten der Unterkreide ebenfalls Weichteilmerkmale identifiziert worden, die als überraschend modern charakterisiert wurden und für eine sehr gute Flugfähigkeit sprechen (Navalón et al. 2015), so dass auch in diesem Fall eine Revision bezüglich der Flugfähigkeit vorgenommen wurde: Die Gegenvögel, zu welchen der Fund gerechnet wird, werden nun als gute Flieger angesehen. (Vgl. Alte Vögel mit moderner Flugkunst, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=233>)

Diese Befunde und Interpretationen sind letztlich aber nicht überraschend. Der Besitz asymmetrischer Federn wie bei *Confuciusornis* und anderen Vögeln aus Kreideschichten macht nur Sinn, wenn die betreffenden Arten flugfähig wären; dafür aber benötigen sie zugleich auch eine ausgefeilte passende Weichteil Anatomie. Flugfähigkeit erfordert einen

Komplex an Merkmalen und Fähigkeiten – vom geeigneten „Baumaterial“ für die Federn bis zum Verhalten mit den dafür erforderlichen Gehirnleistungen und Rückkopplungsmechanismen. Eine schrittweise Entstehung einer Grundausstattung ist hier kaum denkbar. Die neuen Daten zu *Confuciusornis* bestätigen diese Sicht.

Literatur

Chiappe LM, Ji SA, Ji Q & Norell MA (1999) Anatomy and systematics of the Confuciusornithidae (Theropoda, Aves) from the late Mesozoic of northeastern China. Bull. Amer. Mus. Nat. Hist. 242, 1-89.

Falk AR, Kaye TG, Zhou Z & Burnham DA (2016) Laser fluorescence illuminates the soft tissue and life habits of the Early Cretaceous bird *Confuciusornis*. PLoS ONE 11(12): e0167284. doi:10.1371/journal.pone.0167284

Feduccia A (2001) The problem of bird origins and early avian evolution. J. Ornithol. 142 Sonderheft 1, 139-147.

Hou, L, Zhou Z, Gu Y & Zhang H (1995a) Confuciusornis sanctus, a new late Jurassic sauriurine bird from China. Chinese Sci. Bull. 40, 1545-1551.

Hou L, Zhou Z, Martin, LD & Feduccia A (1995b) A beaked bird from the Jurassic of China. Nature 377, 616-618.

Lingham-Soliar T (2014) Feather structure, biomechanics and biomimetics: the incredible lightness of being. J. Ornithol. 155, 323-336.

Longrich NR, Vinther J, Meng Q, Li Q & Russell AP (2012) Primitive wing feather arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. Curr. Biol. 22, 2262-2267.

Navalón G, Marugán-Lobón J, Chiappe LM, Sanz JL & Buscalioni A (2015) Soft-tissue and dermal arrangement in the wing of an Early Cretaceous bird: Implications for the evolution of avian flight. Sci. Rep. 5:14864.

Paul GS (2010) Comment on „Narrow Primary Feather Rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* Suggest Poor Flight Ability“. Science 330, 320b.

Peters D & Ji Q (1998) The diapsid temporal construction of the Chinese fossil bird *Confuciusornis*. Senckenbergiana lethaea 78, 153-155.

Wang X, Nudds RL & Dyke GJ (2011) The primary feather lengths of early birds with respect to avian wing shape evolution. J. Evol. Biol. 24, 1226-1231

Originalzitate

¹ „This new information indicates that *Confuciusornis* has a suite of relatively modern soft tissue structures that are more advanced than may be expected.“

² „This suggests that the patagial system in birds developed early in their evolution and, when available for study, may be a uniting synapomorphy. ... The extensive and robust propatagium in Confuciusornis would have generated a large amount of lift.“

³ The wider, broader wing in Confuciusornis confirms a flight style different than previously suggested (see [6]) (Fig 6). Wide, broad wings are found in 1) birds that live in a densely vegetated area requiring high maneuverability and 2) broad-winged soaring birds such as hawks and vultures. ... implies Confuciusornis required more maneuverability and stability than speed in flight“ (FALK et al. 2016, 6). „The aspect ratio of Confuciusornis is between 6.4 (including tertial feathers) and 7.7 (excluding tertial feathers), indicates that it was not a dynamic soarer (e.g., seabirds), long-distance migrant (e.g., shorebirds), or a long-duration fast flyer (FALK et al. 2016, 6f.).

⁴ „If *Confuciusornis*, a primitive bird quite basal on the avian tree (e.g. see [39]), possessed a suite of characters so modern, it suggests that these features arose much earlier than perhaps previously implied. If that is so, then earlier rocks may contain the answers to many questions about the origin and early evolution of birds“ (FALK et al. 2016, 13).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n244.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.12.16 Dino-Federn in Bernstein?

Ein neuer Bernsteinfund sorgt für Furore: Erstmals wurden federähnliche Strukturen zusammen mit Knochenstrukturen in Bernstein entdeckt. Die Zuordnung des eingeschlossenen Schwanzwirbelsäulenfragments zu einem Dinosaurier aus der Gruppe der Coelurosaurier erscheint allerdings nicht gesichert. Der Federaufbau entspricht keiner bekannten Federstruktur und passt nicht gut zum derzeit favorisierten Federentstehungsmodell. Mit 99 Millionen radiometrischen Jahren (mittlere Kreide) ist der Fund viel zu jung, um Auskunft über eine hypothetische Evolution von Federn zu geben, da bereits der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* und andere Gattungen aus dem Oberjura und der Unterkreide moderne Federn besaßen.

Bernstein-Einschlüsse (Inklusen) bieten faszinierende Einblicke in die frühere Lebewelt. Ungezählte Insekten, Spinnentiere, Pflanzenteile, Mikroorganismen und in selteneren Fällen sogar Fröschen, kleine Echten oder Federn sind dadurch erhalten. Nun wurde erstmals ein kurzer Abschnitt (ca. 36 mm) eines (Dinosaurier-?)Schwanzes, an dem sich Wirbel abzeichnen, in einem Bernstein beschrieben (Xing et al. 2016a); das Stück wurde auf einem Bernsteinmarkt in Myanmar erworben und stammt aus einer der dortigen Bernsteinminen. **Das Besondere an dieser Inkluse: Der Schwanz ist nicht nur von Wirbeln durchzogen; an seiner Oberfläche ist auch ein Besatz von federähnlichen Anhängen erhalten.** Damit wurden erstmals federähnliche Strukturen *zusammen mit Knochen in Bernstein* entdeckt. Außerdem bietet der Fund Einblicke in die räumliche Anordnung der fiederigen Strukturen. Auch in dieser Hinsicht ist der detailreiche Fund aus Schichten der mittleren Kreide Myanmars, die radiometrisch auf 99 Millionen Jahre datiert werden, interessant.

Bei den zahlreichen bisher beschriebenen Dinosaurierfossilien mit flaumartiger Körperbedeckung sind wegen schlechter Erhaltung die Details der Körperanhänge oft nicht genau rekonstruierbar, außerdem handelt es sich dabei um Kompressionsfossilien, d. h. deren Überreste sind zusammengedrückt und quasi nur 2-dimensional erhalten.

Aufgrund von wenigen und wenig spezifischen Merkmalen der erkennbaren Wirbel wagen die Autoren eine Zuordnung des Fossils zu den Coelurosauriern („Hohlschwanzechsen“); die abgeleitete geringe Größe interpretieren sie als Hinweis ein Jugendstadium. Xing et al. vermuten, dass das Tier spatzengroß war; wie groß es in ausgewachsenem Zustand war, ist schwer abzuschätzen. Coelurosaurier sind eine größere Gruppe unter den Dinosauriern; sie werden in zahlreiche Untergruppen unterteilt, zu denen auch die Deinonychosauriden gehören, die als nächstverwandt mit den Vögeln gelten (sie werden von den meisten Forschern als Schwestergruppe der Vögel angesehen). Auch die Tyrannosauriden gehören zu den Coelurosaurier; diese Gruppe ist also sehr vielseitig. Eine präzisere Zuordnung zu einer Familie innerhalb der Coelurosaurier ist nicht möglich.

Aus Größe und Form der Wirbel des erhaltenen Bruchstücks schließen die Autoren, dass das Tier mindestens 15, wahrscheinlich über 25 Wirbel besaß. Zum Vergleich: Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* besaß 23 Schwanzwirbel, der Urvogel *Jeholornis* bis zu 27 (Zhou & Zhang 2003); deren Schwänze waren daher als Fiederschwänze ausgebildet. Die Autoren halten es aufgrund morphologischer Details der Wirbel allerdings für unwahrscheinlich, dass der Fund zu solchen Fiederschwanz-Vögeln gestellt werden könnte. (Heutige Vögel besitzen einen Fächerschwanz, der an einem Pygostyl – einige verwachsene Schwanzwirbel – ansetzt; das trifft auch auf die meisten fossilen Vögel aus der Kreide zu.)

Das Schwanzfragment ist an beiden Seiten dicht mit Reihen von wenige Millimeter langen Federn besetzt (<http://www.cell.com/action/showImagesData?pii=S0960-9822%2816%2931193-9>; Figure 1). Sporadisch sind Weichgewebe, vermutlich Muskeln, Bänder und Haut erkennbar.

Die Federn wurden mikroskopisch analysiert sowie einer computertomographischen Untersuchung unterzogen und weisen einen Aufbau auf, der in dieser Form bisher nicht bekannt war. Ein Schaft ist nur undeutlich ausgebildet, im Durchmesser kaum verschieden von den Federästen; die Federäste sind wechselständig (alternierend) und nur an der Basis fast gegenständig, zur Spitze hin ist die Verzweigung fast dichotom (gabelig) (<http://www.cell.com/action/showImagesData?pii=S0960-9822%2816%2931193-9>; Figure 3). Die ebenfalls gut erhaltenen, ca. 0,1 mm langen Federstrahlen sitzen nicht nur an den Ästen, sondern in gleicher Ausprägung auch an der Rachis; das kennt man bei heutigen Federn nur von der Basis des Schafts.

Die Autoren erwähnen mehrmals auch Follikel; das ist der in die Körperhülle eingesenkte Bereich der Federn. Eine nähere Beschreibung findet sich dazu nicht in ihrer Arbeit; auch aus den Abbildungen geht nicht hervor, woran deren Existenz erkennbar ist.

Ist die Bezeichnung „Feder“ für die fiederigen Strukturen gerechtfertigt? Es hat sich eingebürgert, jeglichen Körperbesatz von Dinosauriern als Federn oder Vorfedern zu bezeichnen. In vielen Fällen ist das nicht gerechtfertigt, sondern ausschließlich evolutionstheoretisch motiviert, wonach Vögel von Dinosauriern abstammen. Einfache Körperanhänge von Dinosauriern wiederum als Belege für diese populäre These zu verwenden, stellt einen Zirkelschluss dar.

Die Federn des von Xing et al. (2016a) beschriebenen Bernsteinfundes sind allerdings deutlich komplexer strukturiert als alle bekannten flaumartigen Strukturen bei Kompressionsfossilien. Denn immerhin gibt es zwei Ordnungen von Verzweigungen, wenn auch nicht in einer Ausgestaltung wie bei eindeutig flächigen Federn. Chuong et al. (2003) definieren Federn als komplexe Integumentanhänge, die hierarchisch verzweigt sind, aus Rachis, Federästen und Federstrahlen bestehen, aus einem Follikel heraus wachsen und besondere biochemische, morphologische und entwicklungsbiologische Eigenschaften besitzen. Die neu beschriebenen Bernsteinfedern erfüllen diese Kriterien nur zu einem kleinen Teil oder es ist unsicher, ob die Kriterien erfüllt sind. Klar ist, dass die Federn nicht flugtauglich waren. Über ihre Funktion kann nur spekuliert werden und die Funktion dürfte ohne Kenntnis des ganzen Tieres nicht bestimmbar sein.

Ist die Zuordnung des Fundes zu einem Dinosaurier gesichert? Xing et al. (2016, 3) stellen fest, dass nur zwei Wirbelkörper gut zu erkennen seien, da das erhaltene Weichgewebe so hoch verdichtet ist, dass es nur schwer von den weiteren Skelettelementen unterscheidbar ist. Daher blieben viele diagnostische Details der Knochen unklar. Der Schluss auf die Existenz von acht oder neun Wirbeln im erhaltenen Bernsteinstück erscheint daher unsicher und die Extrapolation auf die Existenz von wahrscheinlich mehr als 25 Wirbeln steht somit auf schwachem Fundament.

Dass die Form der Wirbel auf einen Theropoden hinweise, begründen die Autoren mit dem Nachweis einer bauchseitigen Kerbe auf dem Centrum (Wirbelzentrum) der Wirbelkörper, was typisch für Theropoden sei; im online-Zusatzmaterial merken die Autoren allerdings an, dass nicht ausgeschlossen werden könne, dass eine solche Kerbe auch bei *Archaeopteryx* und *Jeholornis* ausgebildet war. Auch die sehr geringe Größe des Tieres ist für einen Theropoden

ungewöhnlich. Die Bestimmung des Fossils als Coelurosaurier-Theropode kann daher nicht als sicher gelten.

Was trägt der Fund zur Klärung der Entstehung von Vogelfedern bei? Xing et al.

(2016a) ordnen die Federstruktur des neuen Fundes in das derzeit favorisierte Federentstehungsmodell von Prum (1999) ein. Die Struktur der beschriebenen „Schwanzfedern“ passen aber zunächst einmal zu keiner der dort hypothetisch angenommenen Formen; die Autoren ordnen sie in die Nähe von Stadium IIIB dieses Modells ein (vgl. <http://www.cell.com/action/showImagesData?pii=S0960-9822%2816%2931193-9>; Figure 4). Dieses Stadium ist durch Ausbildung von Federästen und Federstrahlen gekennzeichnet. Die Autoren sehen die Bernsteinfedern als Beleg dafür, dass zuerst Federstrahlen entstanden sind, bevor die Federn flächig wurden. Allerdings sind die Federn wie beschrieben einzigartig ausgebildet und passen nicht in jeder Hinsicht in Prums Modell, sie stehen eher im Zwischenbereich der als Alternativen beschriebenen hypothetischen Stadien IIIA und IIIB. Xing et al. (2016a, 7) halten es daher für möglich, dass es sich um eine spezialisierte Federform handelt, die außerhalb der Federevolutionslinie steht.

Die Bedeutung des neuen Fundes für Hypothesen zur Entstehung von Vogelfedern muss aber ohnehin als sehr gering eingestuft werden. Denn der Fund ist nach gängiger zeitlicher Einordnung ca. 60 Millionen Jahre (radiometrisch) jünger als die älteste Vogelgattung, die unzweifelhaft flächige Federn heutiger Bauart besaß (*Anchiornis*) und ca. 50 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) jünger als *Archaeopteryx*, dessen Federn von Federn heutiger Vögel kaum zu unterscheiden sind. Aus der Unterkreide sind ab etwa 130 MrJ mit den sogenannten Gegenvögeln (Enantiornithes) und den Ornithurae („Vogelschwänze“) Dutzende von Vogelgattungen mit „fertigen“ Federn bekannt. Daher kann dem auf 99 MrJ datierten Bernsteinfund kaum eine Bedeutung für die Federevolution zugemessen werden. Darstellungen in der Wissenschaftspresse, wonach der Fund zeige, dass der Federschaft später entstand als die feinsten Federhärchen (<http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-20926-2016-12-09.html>), sind daher fehl am Platz.

Problematisch ist auch, dass nur ein kleines Bruchstück erhalten ist, das zudem vermutlich von einem noch nicht ausgewachsenen Tier stammt. Rekonstruktionen eines ganzen Tieres, wie sie in Pressmeldungen verbreitet werden, sind nicht seriös. Hatte das Tier vielleicht an anderen Körperstellen „moderne“ Federn wie sie bei einer anderen Gattung aus denselben Schichten gefunden wurden (Xing et al. 2016b)? Wie waren die Federn beim ausgewachsenen Tier ausgebildet? Angesichts der Existenz verschiedenster Mosaikformen ist auch die Frage angebracht, ob es sich wirklich um einen Dinosaurier handelt. **Acht oder neun Schwanzwirbel sind zu wenig, um auf den Körperbau und die Befiederung des ganzen Tieres schließen zu können.**

Literatur

Chuong CM, Wu P, Zhang FC, Xu X, Yu M, Widelitz RB, Jiang TX & Hou L (2003) Adaptation to the sky: Defining the feather with integument fossils from Mesozoic China and experimental evidence from molecular laboratories. *J. Exp. Zool.* 298B, 42-56.

Prum RO (1999) Development and evolutionary origin of feathers. *J. Exp. Zool.* 285, 291-306.

Xing L, McKellar RC et al. (2016a) A feathered dinosaur tail with primitive plumage trapped in mid-Cretaceous amber. *Curr. Biol.* 26, 1-9, <http://dx.doi.org/10.1016/j.cub.2016.10.008>

Xing L, McKellar RC, et al. (2016b) Mummified precocial bird wings in mid-Cretaceous Burmese amber. Nat. Comm. 7:12089, doi: 10.1038/ncomms12089.

Zhou Z & Zhang F (2003) *Jeholornis* compared to *Archaeopteryx*, with a new understanding of the earliest avian evolution. Naturwissenschaften 90, 220-225.

Bilder:

<http://www.cell.com/action/showImagesData?pii=S0960-9822%2816%2931193-9>

<http://www.zeit.de/wissen/2016-12/dinosaurier-bernstein-fund-myanmar>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n242.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.12.15 Alte Vögel mit moderner Flugkunst

Eines der ältesten Fossilien aus der nur in der Kreide überlieferten Gruppe der „Gegenvögel“ (Enantiornithes) weist eine Reihe von Merkmalen auf, die für eine sehr gute Flugfähigkeit sprechen – trotz deutlich verschiedener Anatomie im Vergleich mit heutigen Vögeln. Gemessen am Fossilbericht sind die Gegenvögel somit gute Flieger von Anfang an.

Die fossile Überlieferung der Vögel zeigt zwei Phasen eines plötzlichen Erscheinens vielfältiger Formen. Die eine liegt am Beginn des Tertiärs (wo die auch heute vorkommenden Vogelordnungen explosiv im Fossilbericht auftauchen), die andere in der Unterkreide, in deren geologischen Schichten ebenfalls ziemlich abrupt eine große Vielfalt von Vögeln mit anderer Anatomie als den heutigen überliefert ist. Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura datiert noch ca. 20 Millionen radiometrische Jahre älter; es ist aber nach wie vor umstritten, ob er aktiv fliegen konnte oder eher ein Gleiter war (s. *Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?*, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>). Andere eindeutig befiederte Formen aus dem Oberjura (z. B. *Anchiornis*) gelten als flugunfähig (s. *Vierflügelige Vögel am Anfang?*, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>).

Die Kreidevögel unterscheiden sich anatomisch mehr oder weniger deutlich von den tertiären Vögeln und zeigen manche Gemeinsamkeiten mit zeitgleich lebenden Theropoden-Dinosauriern (zweibeinige Raubdinosaurier), die als ihre stammesgeschichtlichen Vorfahren gelten. Sie werden in zwei Gruppen unterteilt, die Enantiornithes („Gegenvögel“¹; sind am Ende der Kreide ausgestorben) und die Ornithurae („Vogel-Schwänze“²), zu denen u. a. auch die heutigen Vögel gehören.

Eine Forschergruppe hat nun herausgefunden, dass die Enantiornithes trotz deutlich verschiedener Anatomie im Vergleich zu heutigen Vögeln überraschenderweise vergleichbare Fähigkeiten zu einem versierten Flug besaßen. Nachgewiesen wurde dies anhand eines sehr gut erhaltenen vorderen Teils einer Vorderextremität aus einem Kalkstein von Las Hoyas, Spanien (datiert auf 125 Millionen radiometrische Jahre), die aufgrund ihres Baus von einem enantiornithinen Vogel stammt (Navalón et al. 2015). Erhalten sind auch Hand- und Armschwingen. Das Besondere an dem Fund: Es sind Details von Muskeln, Bändern und Follikeln (in der Haut befindliche Basis der Federn) aus den Bereichen zwischen den Flügelteilen und Fingern (Propatagium, Postpatagium und Patagium der Alula³) in Form von Abdrücken erhalten. Der Fund aus Las Hoyas lässt auch Verbindungen von Bindegewebsstrukturen mit den Ansätzen der Flugfedern erkennen; **das gesamte komplizierte Netzwerk weist große Ähnlichkeiten mit den anatomischen Verhältnissen heutiger Vögel auf.** Ein solch komplexes System aus Sehnen, Bändern, Bindegewebe und Muskeln ermöglicht eine ausgefeilte Manövrierbarkeit während des Fluges. Aus ihren Beobachtungen schließen die Autoren, dass die „Gegenvögel“ der Kreidezeit ebenso gut wie viele moderne Vögel „über den Köpfen der Dinosaurier“ fliegen konnten, wie der Leiter der Forschergruppe, L. M. Chiappe, es formuliert.⁴ „The anatomical match between the muscle network preserved in the fossil and those that characterize the wings of living birds strongly indicates that some of the earliest birds were capable of aerodynamic prowess like many present-day birds“ (Chiappe⁵). Bislang war man davon ausgegangen, dass die Gegenvögel der Unterkreide eher schlechte Flieger waren; das kann in dieser Pauschalität mit diesem Fund als widerlegt gelten. Die Gegenvögel starteten gleichsam als gut ausgebildete Flieger; eine Evolution der Flugfähigkeit ist innerhalb dieser Gruppe somit nicht dokumentiert. Das Beispiel zeigt auch, dass es zu Fehlschlüssen kommen kann, wenn man die Funktionalität nur anhand von Knochenüberresten erschließen möchte (bzw. kann).

Navalón et al. (2015) stellen allgemein über die Gegenvögel am Schluss ihres Artikels fest, dass obwohl die Enantiornithinen eine Anzahl von primitiven Skelettelementen aufwiesen, bereits die frühesten unter ihnen (*Propteryx fengningensis*) Vorderextremitäten mit modernen Proportionen besaßen, außerdem ein gekieltes Brustbein, einen „fortschrittlichen“ Schultergürtel mit einem Kanal für die Passage der Flugmuskeln (triosseal canal), was alles auf die Fähigkeit zu aktivem Flug und Flügelschlag ähnlich dem heutiger Vögel hinweise. Auch Ähnlichkeiten der Körperbedeckung mit heutigen Vögeln mit identischer Federanordnung würden in diese Richtung weisen.

Es sei noch angemerkt, dass auch unter den Ornithurae eine der ältesten Formen als guter Flieger angesehen wird (vgl. Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=226>).

Literatur

Navalón G, Marugán-Lobón J, Chiappe LM, Sanz JL & Buscalioni A (2015) Soft-tissue and dermal arrangement in the wing of an Early Cretaceous bird: Implications for the evolution of avian flight. *Sci. Rep.* 5:14864.

Anmerkungen

¹ Es gibt in der Fachliteratur keine einheitliche Begründung für die Bezeichnung „Gegenvögel“. Es wird auf zwei anatomische Besonderheiten hingewiesen, die die Enantiornithes von anderen Vögeln unterscheiden: Zum einen die Art der Verwachsung einiger Fußknochen, zum anderen der Bau des Gelenks zwischen Schulterblatt und Rabenbein. Bei den Gegenvögeln sind Gelenkkopf und Gelenkpfanne im Vergleich zu allen anderen Vögeln sozusagen vertauscht. Es ist schwer denkbar, wie die eine anatomische Ausprägung in die andere evolutiv überführt werden könnte.

² Es gibt keine eingebürgerte deutsche Bezeichnung, der Name bezieht sich auf den kurzen knöchernen Schwanz, wie er auch für die heutigen Vögel typisch ist.

³ Daumenfittich, wichtig z. B. für Manöver beim Landen.

⁴ <http://www.sciencenutshell.com/the-bird-who-flew-above-dinosaurs-heads/>

⁵ http://www.eurekalert.org/pub_releases/2015-10/nhmo-taf100615.php

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n233.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.11.15 Dino-Doppelgänger des Vogel Strauß

Ein jüngst veröffentlichter Dinosaurier-Fund bestätigt, dass die Ornithomimiden („Vogel-Nachahmer“) befiedert waren, und dokumentiert darüber hinaus eine sehr ähnliche Befiederung wie bei heutigen großen Laufvögeln – eine bemerkenswerte Parallele ohne nähere Abstammungsverwandtschaft. In die bisher favorisierten evolutionären Abstammungsfolgen passt der Fund nicht gut bzw. nur mit Zusatzannahmen, insbesondere der Annahme einer unabhängigen Entstehung typischer Elemente des Laufvogel-Bauplans und eventuell der Federn.

Die „Vogel-Nachahmer“ unter den Dinosauriern, die Ornithomimidae, sind schon seit langem bekannt, vor allem aus den geologischen Schichten der Oberkreide Ostasiens und des westlichen Nordamerikas. Sie gehörten zu den Theropoden (zweibeinig laufende Raubdinosaurier), besaßen einen schlanken Körperbau, wurden meist 3-6 Meter lang, und man vermutet, dass sie schnelle Läufer waren, vergleichbar den heutigen Laufvögeln (dafür spricht z. B., dass die Unterschenkel länger waren als die Oberschenkel, was ein Indiz für schnelles Laufen ist). Vogeltypisch war auch der zahnlose Schnabel. Der Schädel war langgestreckt und relativ klein, mit großen seitlich platzierten Augen und vermutlich gut entwickeltem Gehirn; Hirnschädel und Schnauzenregion besaßen luftgefüllte Hohlräume.



Abb. 1: Skelett von *Ornithomimus*. (Wikimedia: Sebastian Bergmann, <https://www.flickr.com/photos/90237600@N00/64228455/>, CC BY-SA 2.0)

Erst vor kurzem sind bei einigen Exemplaren auch Reste federartiger Anhänge und eine flügelartige Struktur mit verlängerten Federn (ein sogenanntes „Pennibrachium“) nachgewiesen worden (Zelenitsky et al. 2012). Die schlechte Erhaltung erlaubt keine sichere Klärung darüber, ob es sich bei den Anhängen um flächige Federn handelt. Die neuen Befunde waren insofern überraschend, als die Ornithomimiden zwar aufgrund ähnlicher Merkmale als „Vogelnachahmer“ bezeichnet (s. o.), aber ansonsten mit den Vögeln nicht als näher verwandt betrachtet werden. (Der evolutive Weg zu den Vögeln soll über andere Gruppen gelaufen sein.) **Daher wurde die evolutionstheoretische Hypothese formuliert, dass schon bei den gemeinsamen Vorfahren der Ornithomimiden und der Vögel Federn ausgebildet waren.**¹ Daraus würde allerdings folgen, dass viele Formen danach die Federn wieder zurückgebildet oder verloren hätten. Außerdem müssten diese gemeinsamen Vorfahren im evolutionären Modell mehr als doppelt so alt wie die befiederten Formen der Ornithomimiden gewesen sein – alles Befunde, die evolutionstheoretisch nicht gut passen. Heute ist aber auch die Annahme nicht mehr tabu, dass Federn in verschiedenen evolutionären Linien mehrfach unabhängig entstanden sein könnten (Brusatte et al. 2015,

R892), was nicht-zielgerichtete evolutionäre Mechanismen vor noch größere Herausforderungen stellt als die Erklärung einer einmaligen Entstehung.

Nun berichten van der Reest et al. (2016) von einem neuem *Ornithomimus*-Fund. Er stammt wie die anderen *Ornithomimus*-Funde mit Federresten aus der Oberkreide Nordamerikas (Dinosaur Park Formation of Alberta, Kanada). Das Tier war bis zu vier Meter lang; Kopf und Vorderextremitäten sind allerdings nicht erhalten. Das Besondere an diesem bereits 2009 gemachten Fund: Nicht nur Federn sind in sehr guter Erhaltung überliefert, sondern es ist auch klar erkennbar, welche Körperteile nicht befiedert waren, da im Bereich des Fußes auch fossile Spuren von Hautresten sehr gut sichtbar sind. **Die Anordnung der Befiederung an Schwanz und an den Beinen und die nackten Bereiche ähneln stark den Verhältnissen heutiger großer Laufvögel wie Strauß oder Emu** (Bild eines rekonstruierten Tieres z. B. hier: <http://cdn.phys.org/newman/gfx/news/hires/2015/preshistoric.jpg>). So sind die Unterseite des Schwanzes und die Beine ab etwa der Mitte des Oberschenkels ungefiedert. Die Forscher schließen aus der gesamten Befundsituation auf eine ähnliche Thermoregulation bei *Ornithomimus* wie bei den heutigen Straußen. „Die federlose Haut unter dem Körper deutet darauf hin, dass die Tiere sogar den gleichen Mechanismus nutzen, um überschüssige Wärme loszuwerden. Auch die Chemie der Federn sei von modernen Vögeln praktisch nicht zu unterscheiden, betont van der Reest.“²

Da die Ornithomimiden und die heutigen großen Laufvögel im aktuell favorisierten Evolutionsmodell auf relativ weit entfernten Ästen angeordnet sind, werden die genannten weitreichenden Ähnlichkeiten als **Konvergenzen*** interpretiert; sie werden also nicht als Indizien für gemeinsame Abstammung gewertet. **Erstaunlich ist vor diesem Hintergrund die Auffassung eines der Autoren, der Fund erhärte die klassische These, nach der Vögel eine Gruppe innerhalb der Dinosaurier darstellen.**³ **Das ist aus zwei Gründen schwer nachvollziehbar:**

* Konvergenzen (= unabhängig entstandene Ähnlichkeiten)

1. Die Schichten, in denen *Ornithomimus* gefunden wurde, werden auf etwa 72 Millionen radiometrische Jahre datiert (Oberkreide, Campanium). Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* mit unbestritten „moderner“ Befiederung hat das doppelte radiometrische Alter, und zahlreiche eindeutig flugfähige Vogelgattungen der Unterkreide sind ebenfalls deutlich älter datiert als *Ornithomimus*.

2. Da die Ornithomimiden auf einen systematischen Ast gestellt werden, der nicht zu den Vögeln überleitet, können sie auch nicht in eine enge phylogenetische Beziehung zu den Vögeln gebracht werden. Eine evolutive Verbindung Vögel-Dinosaurier wird durch die Ornithomimiden allenfalls sehr indirekt unterstützt (z. B. durch die Annahme mutmaßlicher entfernterer gemeinsamer Vorfahren; s. o.), und zweifellos gibt es für eine solche Verbindung bessere Kandidaten unter den Theropoden. Die Ornithomimiden sind für den Übergang von den Dinosauriern zu den Vögeln jedenfalls keine geeigneten Kronzeugen – im Gegenteil: Sie zeigen, dass auch die genannten weitreichenden Ähnlichkeiten nicht ohne weiteres als Hinweise auf eine gemeinsame Abstammung gedeutet werden können, sondern unter Umständen (wie hier) als Konvergenzen anzusehen sind. An die steigende Zahl von Konvergenzen auch von Schlüsselmerkmalen scheint man sich im Rahmen des Evolutionsmodells zwar zu gewöhnen; die damit verbundenen evolutionstheoretischen Fragen nach ihrer unabhängigen Entstehung bleiben dennoch ungelöst und fordern komplett neue Evolutionsmechanismen (Diskussion dazu bei Braun 2012).

Keine Auskunft kann der neue Fund geben, wie im Verlauf der Evolution Federn entstanden sind. Das gilt insbesondere deshalb, weil das Federkleid von *Ornithomimus* als zurückgebildet interpretiert wird. Eine evolutionäre Neubildung von Federn bei *Ornithomimus* wäre noch unwahrscheinlicher, da dann noch weiter reichende Konvergenzen angenommen werden müssten.

Literatur

Braun HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. Stud. Integr. J. 19, 12-19.

Brusatte SL, O'Connor JK & Jarvis ED (2015) The origin and diversification of birds. Curr. Biol. 25, R888-R898.

Van der Reest AJ, Wolfe AP & Currie PJ (2016) A densely feathered ornithomimid (Dinosauria: Theropoda) from the Upper Cretaceous Dinosaur Park Formation, Alberta, Canada. Cretaceous Res. 58, 108-117.

Zelenitsky DK, Therrien F, Erickson GM, DeBuhr CL, Kobayashi N, Eberth DA & Hadfield F (2012) Feathered non-avian dinosaurs from North America provide insight into wing origins. Science 338, 510-514.

Anmerkungen

¹ vgl.: „Alberta researcher’s discovery offers insight into feathered dinosaurs“, <http://www.theglobeandmail.com/news/national/alberta-researchers-discovery-offers-insight-into-feathered-dinosaurs/article27024287/>

² „Dino hatte Schwanzfedern und nackte Beine“, <http://www.spektrum.de/news/dino-hatte-schwanzfedern-und-nackte-beine/1373283>

³ „Ornithomimus dinosaur with preserved tail feathers and skin tightens linkages between dinosaurs and birds“, <http://phys.org/news/2015-10-ornithomimus-dinosaur-tail-feathers-skin.html>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n232.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.07.15 Zhenyuanlong – befiederter Dinosaurier, flugunfähiger Vogel oder ...?

Mit über 1,50 m Größe ist *Zhenyuanlong* die größte Dinosaurier-Gattung mit Federn, die der Fiederung heutiger Vögel gleicht – falls diese Gattung wirklich ein Dinosaurier war. Einige Merkmale sprechen eher dafür, dass es sich um einen sekundär flugunfähigen Vogel handelt. Wahrscheinlich sind bislang zu wenig Details bekannt, um die seltsame und unerwartete Merkmalskombination dieses Fossilfundes erklären zu können. Wie auch in anderen Fällen passt das neu entdeckte Fossil nicht in bisherige evolutionstheoretische Vorstellungen.

Erneut wurde in Unterkreide-Schichten in der Liaoning-Provinz Chinas ein ungewöhnliches Fossil entdeckt, das als befiederter Dinosaurier interpretiert wird (Lü & Brusatte 2015). Das Fossil besitzt eine ungewöhnliche Merkmalskombination, die keineswegs evolutionstheoretischen Erwartungen an Übergangsformen zwischen Dinosauriern und Vögeln entspricht. Es geht um *Zhenyuanlong suni*; diese neue Art wird zu den Dromaeosauriden gestellt, eine Dinosaurier-Familie, die von den meisten Paläontologen in nächste Nähe zu den Vögeln gebracht wird. Diese Stellung ist aber aus guten Gründen umstritten und *Zhenyuanlong* dürfte Kritiker der Dino-Vogel-Theorie bestärken. Denn *Zhenyuanlong* besitzt zwar einerseits Federn wie heutige Vögel, mehrlagig angeordnet, mit Schaft, Feinstrukturen und z. T. mit asymmetrischer Form, was als Indiz für die Flugtauglichkeit zu werten ist (die Asymmetrie ist eine entscheidende Voraussetzung, dass Auftrieb erzeugt werden kann).¹ Andererseits aber sind seine Vorderextremitäten viel zu kurz, um einen Flug zu ermöglichen. Wofür dienten dann die gut ausgebildeten Federn?

Dazu kommt, dass *Zhenyuanlong* mit einer Größe von über 1,5 m für einen gefiederten Dinosaurier ungewöhnlich groß war – der größte mit unzweifelhaften Federn, aber auch deutlich zu groß, um in eine engere Vorfahrenschaft zu den Vögeln gestellt werden zu können, da ein evolutiver Übergang zu Vögeln nur bei kleinen Formen flugtechnisch denkbar erscheint (worüber unter den Fachleuten Konsens besteht). Erst vor etwa einem Jahr erschien eine Studie, wonach die Dinosaurier-Gattungen, die evolutionär in eine Reihe zu den Vögeln gestellt werden, zunehmend kleiner geworden seien – ein Trend der als wesentliche Voraussetzung für die Entstehung von Vögeln gewertet wird (Lee et al. 2014). *Zhenyuanlong* passt deshalb (neben anderen Formen) gar nicht ins Bild.

Wenn die neue Gattung trotz Besitz „moderner“ Federn nicht in eine Vorfahrenstellung zu den Vögeln einzugliedern ist und flugunfähig war, was bleibt als Erklärung für den Besitz der Federn? Die Forscher neigen zur Auffassung, die Federn hätten als Schauorgane eine wichtige Rolle bei der Balz gespielt. Aber weshalb sollten sich zu diesem Zweck asymmetrische, eigentlich flugtaugliche Federn evolutiv herausbilden? Die Schaufunktion könnte auch durch ein gefärbtes, gemustertes Schuppenkleid oder durch einfache Haare erfüllt werden, wie sie bei vielen Dinosaurier-Gattungen bekannt sind. Ausgefeilte Federstrukturen tragen dazu nichts bei. Die Idee, dass die Flügel zum Schutz des Geleges vor ungünstiger Witterung² oder vor Feinden³ evolviert seien, ist aus demselben Grund unglaublich. Auch dafür bräuchte es keine komplexen, flugtauglichen Federn.

Die Deutung, dass *Zhenyuanlong* sich auf einem evolutiven Weg zur Flugfähigkeit befand, kann ebenfalls ausgeschlossen werden. Denn der Erwerb ausgefeilter flugtauglicher Federn erfordert unter anderem entsprechende Selektionsdrücke. Diese sind aber nicht gegeben,

solange es nicht wenigstens eine rudimentäre Flugfähigkeit gibt. Diese Deutung wird allgemein und auch von Lü & Brusatte (2015) als sehr unwahrscheinlich angesehen.

Es bleibt als weitere Deutungsmöglichkeit, dass es sich um eine sekundär flugunfähige Form handelt. Diese Möglichkeit wird von einigen Forschern auch bei kleineren, gefiederten Dinosauriern wie *Caudipteryx* und *Protarchaeopteryx* diskutiert (z. B. Ruben & Jones 2000, Olson 2002, Feduccia & Czerkas 2015). Das würde heißen, dass *Zhenyuanlong* kein Dromaeosaurier und folglich kein befiederter Dinosaurier ist, sondern Abkömmling eines Vogels. Flugunfähige Formen, die von flugfähigen abstammen, sind aus der heutigen Vogelwelt zahlreich bekannt. Mit diesem Status würde *Zhenyuanlong* genauso wie manche andere „gefiederte Dinosaurier“ nichts zum Verständnis der Evolution der Vögel beitragen.

Angesichts der ungewöhnlichen und unerwarteten Merkmalskombination von *Zhenyuanlong* erscheint es angebracht, mit Deutungen vorsichtig zu sein. **Möglicherweise wissen wir immer noch einfach zu wenig über die Struktur- und Funktionsbeziehungen und über die Ökologie bei dieser und anderen rätselhaften Formen.** So ist auch der Streit über die Flugfähigkeit des „Urvogels“ *Archaeopteryx* aus dem älteren Oberjura nicht beigelegt (vgl. Longrich et al. 2012; Carney et al. 2012, Foth et al. 2014; vgl. *Archaeopteryx* – Gleitflieger und Bindeglied?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>; Immer rätselhafter: Der „Urvogel“ *Archaeopteryx*, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=216>). Auch die Gefiederausstattung des ebenfalls im Oberjura entdeckten *Anchiornis* ist ziemlich rätselhaft (Hu et al. 2009; vgl. Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>).

Für *Zhenyuanlong* gilt schließlich wie für die meisten befiederten Dinosaurier (sofern diese überhaupt tatsächlich Dinos waren), dass sie stratigraphisch (in der Schichtenfolge) deutlich zu spät überliefert sind, um als Vorfahren der Vögel gelten zu können. Für eine Vorfahrenform könnten die Unterkreide-Gattungen allenfalls modellhaften Charakter haben, aber mit den Fragezeichen, die besonders (aber nicht nur) bei *Zhenyuanlong* anzubringen sind (s. o.).

Lu & Brusatte (2015) weisen noch darauf hin, dass die Merkmalskombination von *Zhenyuanlong* die Abstammungsverhältnisse unter den Dromaeosauriden verkompliziert, weniger stimmig als zuvor mache und die Annahme einer großen Zahl von Homoplasien (**Konvergenzen*** oder Rückentwicklungen) erfordere; so müsse nun z. B. angenommen werden, dass kurze Arme mehrfach unabhängig entstanden sind (Lü & Brusatte 2015, 9). Das heißt, *Zhenyuanlong* passt nicht in bisherige Stammbaumrekonstruktionen. Auch in dieser Hinsicht ist der Fund evolutionstheoretisch eine Überraschung.

*Konvergenzen (= ähnliche, aber unabhängig entstandene Merkmale)

Literatur

Carney RM, Vinther J, Shawkey MD, D’Alba L & Ackermann J (2012) New evidence on the colour and nature of the isolated *Archaeopteryx* feather. *Nature Comm.* 3, Art.-No. 637, doi:10.1038/ncomms1642.

Feduccia A & Czerkas SA (2015) Testing the neoflightless hypothesis: Propatagium reveals flying ancestry of oviraptorosaurs. *J. Orn.*, doi:10.1007/s10336-015-1190-9.

Foth C, Tischlinger H & Rauhut OWM (2014) New specimen of *Archaeopteryx* provides insights into the evolution of pennaceous feathers. *Nature* 511, 79-82.

Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.

Lee MSY, Cau A, Naish D & Dyke GJ (2014) Sustained miniaturization and anatomical innovation in the dinosaurian ancestors of birds. *Science* 345, 562-566.

Lü J & Brusatte SL (2015) A large, short-armed, winged dromaeosaurid (Dinosauria: Theropoda) from the Early Cretaceous of China and its implications for feather evolution. *Sci. Rep.* 5:11775, doi: 10.1038/srep11775.

Longrich NR, Vinther J, Meng Q, Li Q & Russell AP (2012) Primitive wing feather arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. *Curr. Biol.* 22, 2262-2267.

Olson SL (2002) Review: New perspectives on the origin and early evolution of birds. *Proceedings of the International Symposium in Honor of J.H. Ostrom. The Auk* 119, 1202-1205.

Ruben JA & Jones TD (2000) Selective factors associated with the origin of fur and feathers. *Amer. Zool.* 40, 585-596.

Genesisnet-Newsbeiträge zu Urvögeln:

- Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>
- Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174>
- Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>
- Immer rätselhafter: Der „Urvogel“ Archaeopteryx, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=216>
- Der älteste „echte“ Vogel: überraschend modern, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=226>

Anmerkungen

¹ „Sie waren wie bei einem Adler oder Geier“, sagt Co-Autor Steve Brusatte von der University of Edinburgh.“ http://www.wissenschaft.de/erde-weltall/palaeontologie/-/journal_content/56/12054/7294559

² <http://www.spektrum.de/news/bislang-groesster-dino-mit-fluegeln-gefunden/1356293>

³ <http://www.theguardian.com/science/2015/jul/16/zhenyuanlong-suni-biggest-ever-winged-dinosaur-discovered-china>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n230.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.06.15 Hühnchen mit Dinosaurier-Schnauze?

Durch eine Manipulation von Hühnerembryonen ist es Wissenschaftlern gelungen, die Schnäbel in ihrer Entwicklung im Hühnerei so zu verändern, dass sie in mancher Hinsicht Schnauzen von manchen Dinosauriern ähneln. Für eine mutmaßliche evolutive Abstammung der Vögel von Dinosauriern gibt dieses Experiment aber keine nennenswerten Anhaltspunkte.

„Kiefer statt Schnäbel: Forscher erschaffen ‚Dino-Hühner‘ im Labor“; „Rückbau der Vögel zu Dinos“; „Forscher züchten Hühner-Embryos mit Dino-Schnauzen“ – das eine kleine Auswahl von Überschriften der Tages- und Wissenschaftspresse¹, mit denen kürzlich auf ein interessantes Experiment aufmerksam gemacht wurde. Was haben die Wissenschaftler herausgefunden?

Mit den enormen Fortschritten in der Erforschung des Erbguts verschiedenster Arten von Lebewesen sind Wissenschaftler heute in der Lage, zunehmend die genetischen Grundlagen von Organen und ihrer korrekten Ausformung herauszufinden. Es muss aber beachtet werden, dass es bei den dabei genutzten Genen nur um einen notwendigen Teilaspekt, aber nicht um hinreichende Erklärung der Formbildung in der Embryonalentwicklung handelt: Wann werden welche Gene aktiviert? Das **Genom*** ist nicht *der Bauplan*, wie man heute weiß. Dennoch verhilft die Erforschung genetischer Zusammenhänge zunehmend zu einem besseren Verständnis der Entwicklungszusammenhänge während der **Ontogenese****. Das gilt auch für die Erforschung der bei der Schnabelbildung bei Vögeln beteiligten Gene. Hier konnten Wissenschaftler um Bhart-Anjan Bhullar von der Yale University zeigen, dass in der zukünftigen Gesichtsregion von Vögeln zwei Proteine, Fgf8 (Fibroblast growth factor 8) und Lef1 (das zum Wnt-Signalweg gehört) sowie die nachgeschalteten Kaskaden eine wichtige Rolle bei der Ausbildung des Schnabels spielen. Diese beiden Proteine werden im Vergleich zu Reptilien in einer sehr viel größeren Region im Kopfbereich produziert. Das hat zur Folge, dass zwei Knochen, die bei anderen Wirbeltieren paarig ausgebildet sind, nämlich die Praemaxillarknochen, miteinander zu einem einzigen Knochen verwachsen, die den Schnabel bilden. Dieser Befund motivierte die Idee, dass eine Änderung in der Produktion dieser Proteine zur Bildung des Vogelschnabels beigetragen haben könnte.

*Genom (= das gesamte Erbgut einer Art)

**Ontogenese (= Entwicklung bis zum ausgewachsenen Organismus)

Bhart-Anjan Bhullar und Mitarbeiter führten nun folgendes Experiment an Hühnerembryonen durch (Bhullar et al. 2015): Sie unterdrückten die **Expression*** der die beiden Proteine codierenden Gene in der Mitte des sich entwickelnden Gesichts mithilfe von Chemikalien, womit sie gleichsam einen mutmaßlichen Evolutionsschritt zurückgingen. **Diese Prozedur führte tatsächlich dazu, dass der Bereich des Gesichtes seine Form änderte, so dass anstelle des typischen Vogelschnabels ein Gebilde entstand, das teilweise eher der Schnauze eines Alligators oder eines Dinosauriers mit langer Schnauze ähnelte.** Die Praemaxillarknochen wuchsen nicht zusammen und auch die Form des Gaumens änderte sich in einer Weise, die den Gaumenknochen von Dinosauriern ähnelte (vgl. Pennisi 2015²). Dazu verglichen die Forscher die Ausformung der betreffenden Knochen der manipulierten Hühnerembryonen mit den entsprechenden Knochen verschiedener Reptilienarten.

*Expression (= Ablesung eines Gens, „Übersetzung“ in mRNA bzw. Proteine)

Ist damit ein Schritt zurück in der Evolution gelungen? Die Details des Experiments sprechen dagegen. So weist der Entwicklungsbiologe Ralph S. Marcucio darauf hin, dass die eingesetzte Gen-unterdrückende Substanz schädliche Nebenwirkungen hat und meint, sie führe lediglich zum Absterben von Gewebe.³ Außerdem gehe die Produktion von Fgf8 im Bereich des Gesichts schon zurück, bevor überhaupt die Praemaxillarknochen gebildet werden, womit die Bedeutung von Fgf8 für die Schnabelbildung in Frage gestellt sei. Die genetischen Grundlagen der Schnabelbildung seien viel komplizierter.

Ein Vergleich des manipulierten Hühnchenschädels mit dem Schädel eines Alligators (siehe Abbildung bei Pennisi 2015, online z. B. hier: www.nature.com/news/dino-chickens-reveal-how-the-beak-was-born-1.17507) unterstreicht den Eindruck, dass durch die Manipulation der Forscher dem Vogelschädel notwendiges Material vorenthalten wird: Insgesamt sieht er nach wie vor deutlich vogelähnlicher als reptilähnlich aus und ist viel komplexer als der Reptilschädel. Der Vergleich des normalen Vogelschnabels mit dem manipulierten erweckt gleichsam den Eindruck, als versuche der Organismus, mit dem unzureichenden Material zum bestmöglichen Ergebnis zu gelangen. Im Bild gesprochen: Die Grundstruktur der „Baustelle“ Vogelschnabel ist dieselbe und deutlich verschieden von der Baustelle „Reptilschnauze“, doch es fehlt teilweise am nötigen Baumaterial. In diesem Sinne äußert sich auch Bhullar: „The altered chicks still had a flap of skin over their would-be beaks, so the difference is not obvious, ... Looking at these animals externally, you would still think it's a beak. But if you saw the skeleton, you'd just be very confused, ... **I would not say we gave birds snouts**“ (Callaway 2015; Hervorhebung nicht im Original). **Außerdem ist das Versuchsergebnis nicht einheitlich:** manche manipulierten Embryonen haben deutlich geteilte und verkürzte Praemaxillarknochen, bei anderen sind sie teilweise verwachsen, wieder andere zeigen gar keine besonderen Unterschiede zur normalen Situation (Callaway 2015).

Anders ist die Situation beim veränderten Gaumenknochen, der in den manipulierten Embryonen stärker mit Nachbarknochen verwachsen ist als in den normalen Individuen. In diesem Fall könnte eher von einem Rückschlag in die hypothetische evolutionäre Vergangenheit gesprochen werden. Hier ist eine vogeltypische Differenzierung gestört, die sonst einen Beitrag zur Beweglichkeit des Schnabels leisten würde (vgl. Pennisi 2015).

Die Situation ist ähnlich wie bei Atavismen (Als Atavismen bezeichnet man Rückschläge in mutmaßliche frühere stammesgeschichtliche Stadien, s. <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41304&Sprache=de&l=1>): Es gibt eine enorme Anzahl verschiedener Missbildungen, doch nur ganz wenigen davon könnte evolutionsbiologische Aussagekraft zugestanden werden, nämlich denjenigen, die mehr oder weniger zufällig auch einmal an Strukturen der angenommenen Vorfahren erinnern; in diesem Beispiel ausgelöst durch eine experimentelle Manipulation. Pro Evolution kann hier somit nur sehr selektiv argumentiert werden.

Spektrum der Wissenschaft bemerkt, dass „noch offen sei“, „welche genetischen Mechanismen einstmals die veränderte Genaktivität bewirkten“.⁴ **Aus evolutionsbiologischer Sicht ist das die entscheidende Frage.** Aber nicht nur das ist kritisch anzumerken. Es sei an die von Marcucio geäußerten Einwänden erinnert (s. o.). Es ist klar, dass mit den beiden Genen *fgf8* und *lef1* nur einige Elemente der gesamten genetischen Grundlagen erfasst sein können, die zur korrekten Ausformung des Vogelschnabels notwendig sind. Das Ausschalten oder die Manipulationen einzelner Gene bringen Erkenntnisse über deren Rolle im komplexen Ganzen. Aber es wäre angesichts der Komplexität der Formbildungsprozesse unsachgemäß, allein daran wesentliche evolutionäre Schritte zur Umbildung von Reptilienschnauzen zu Vögeln festmachen zu wollen.

Angesichts der Details der Forschungsergebnisse und der genannten kritischen Anmerkungen, die die Bearbeiter zum Teil selber äußern, ist auch klar: **Die eingangs zitierten reißerischen Überschriften sind nicht seriös und geben auch nicht wieder, was die Wissenschaftler selber behaupten.** Sie sind eher geeignet, an Forschung interessierte Zeitgenossen irrezuführen, womit der Wissenschaft letztlich ein Bärendienst erwiesen wird.

Literatur

Bhullar BA, Morris ZS et al. (2015) A molecular mechanism for the origin of a key evolutionary innovation, the bird beak and palate, revealed by an integrative approach to major transitions in vertebrate history. *Evolution*, doi: 10.1111/evo.12684

Callaway E (2015) 'Dino-chickens' reveal how the beak was born Chicken embryos have been altered so that the birds grow dinosaur-like snouts. *Nature News*, doi:10.1038/nature.2015.17507

Pennisi E (2015) How birds got their beaks. *Science* 348, 744.

Anmerkungen

¹ <http://derstandard.at/2000015769961/Kiefer-statt-Schnaebel-Forscher-erschaffen-Dino-Huehner-im-Labor>; diepresse.com/home/science/4730284/Ruckbau-der-Vogel-zu-Dinos; http://www.nachrichten.de/panorama/Zurueckdrehen-der-Evolution-Forscher-zuechten-Huehner-Embryos-mit-Dino-Schnauzen-aid_5821237407263981857.html (Zugriff jeweils 5. 6. 15)

² „In many vertebrates, this bone is flat and fused to surrounding bones. But in birds, it’s reduced and disconnected, which frees the top part of the bill to move upward, expanding birds’ gape. In the treated chick embryos, the palate looked more like it does in other vertebrates: flat and seemingly reconnected to the jaw bones.“

³ <http://www.nytimes.com/2015/05/12/science/reverse-engineering-birds-beaks-into-dinosaur-bones.html> (Zugriff 5. 6. 15)

⁴ <http://www.spektrum.de/alias/bilder-der-woche/ein-huehnchen-mit-dino-schnabel/1346081>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n228.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.05.15 Bunt es Merkmalsmosaik: Ein „Schnabeltier“ unter den Raubdinosauriern

Als „Schnabeltier der Dinosaurier“ wird eine neu beschriebene Theropoden-Gattung aus Chile beschrieben. Denn wie das Schnabeltier mit Haaren, Milchdrüsen, Eierlegen und einem Hornschnabel eine ungewöhnliche Merkmalskombination aufweist, so vereinigt auch *Chilesaurus* eine „bizarre“ Mischung von Merkmalen. Einmal mehr entspricht dies nicht evolutionstheoretischen Erwartungen und wirft die Frage auf, inwiefern Merkmale des Körperbaus verlässliche Indizien für Verwandtschaftsverhältnisse sein können, aber auch, wie ein solcher Merkmalsmix auf evolutionärem Wege entstehen kann.

Die „eierlegende Wollmilchsau“ gibt es zwar nur sprichwörtlich, aber manche Geschöpfe verbinden durchaus recht unterschiedliche Merkmale zu einem kuriosen Mix. Relativ bekannt ist das heute lebende Schnabeltier, ein Säugetier mit Haarkleid und Milchdrüsen, aber auch mit einer eierlegenden Fortpflanzungsweise, einem eigenartigen Hornschnabel, einem Ruderschwanz und mit Giftspornen an den Hinterbeinen; Merkmale, die sonst verschiedenen Tiergruppen zugeordnet werden.

Kürzlich ist nun bekannt geworden, dass auch die Dinosaurier eine Art „Schnabeltier“ in ihren Reihen haben: ein pflanzenfressender Theropode – eigentlich ein Widerspruch in sich, da es bislang zum Kennzeichen dieser zweibeinigen Dinosaurier gehört, räuberisch zu leben. Populär wurden die Theropoden nicht zuletzt durch den Science-Fiction-Film *Jurassic Park*, vor allem aber auch, weil aus ihren Reihen eine evolutionäre Linie zu den Vögeln führen soll.

Die Art, um die es geht, wurde schon vor einigen Jahren von einem Jungen namens Diego Suarez in Chile in Schichten des oberen Jura entdeckt. Neuerdings wurde sie anhand weiterer, gut erhaltener Funde genauer untersucht und zu Ehren des Finders *Chilesaurus diegosuarezi* genannt (Novak et al. 2015). Die Fundschicht entspricht altersmäßig etwa den Solnhofener Plattenkalken, in denen der „Urvogel“ *Archaeopteryx* gefunden wurde.



Abb. 1: Skelett von *Chilesaurus*. (Wikimedia: Evelyn D'Esposito - <https://www.flickr.com/photos/zigzagfrenetico/25980265823/>, CC BY-SA 2.0)

Wie bei allen Theropoden handelt es sich bei *Chilesaurus* um einen Zweibeiner; er lief aufrecht auf kräftigen Hinterbeinen. Ungewöhnlich ist zunächst sein Pflanzenfressergebiss; die Zähne waren klein und spatelförmig; aber *Chilesaurus* hatte noch weitere Überraschungen parat. Eine phylogenetische Analyse (basierend auf Merkmalsvergleichen) ergab einerseits, dass *Chilesaurus* an die Basis der Gruppe der Tetanurae¹ zu stellen ist, andererseits erscheinen die einzelnen Merkmale gleichsam aus ganz verschiedenen Gruppen zusammengesetzt. Novas et al. (2015) verglichen einzelne Körperregionen von *Chilesaurus* gesondert mit den entsprechenden Ausprägungen verschiedener Dinosauriergruppen. Dabei stellte sich heraus: Die kräftigen Beine samt Fuß und Fußgelenk waren wie bei Sauropoden ausgebildet (Sauropoden sind große vierbeinige Dinosaurier mit langem Hals und langem Schwanz, z. B. *Brontosaurus*), dazu passt auch der relativ kleine Kopf. Das Achsenskelett gleicht dem von Ceratosauriern (zweibeinig laufende Fleischfresser, die häufig Kopffornamente besaßen); die Vorderbeine, der Schultergürtel und Hinterbeine passen zu den Tetanuren; das Becken wiederum ist typisch für Coelurosaurier²; der Bau der Wirbel ist theropodenartig. Die Vorderextremitäten wurden als Arme benutzt; allerdings hatte *Chilesaurus* statt der für Theropoden üblichen Klauen nur zwei stumpfe Finger.

Angesichts dieser völlig unerwarteten Merkmalskombination wundert es nicht, dass die Bearbeiter (Novas et al. 2015) *Chilesaurus* als „bizarrr“ bezeichnen; er repräsentiere einen extremen Fall einer „Mosaik-Evolution“ unter den Dinosauriern. Koautor Martin Ezcurra von der Universität Birmingham hält ihn für einen „der interessantesten Fälle von konvergenter Evolution in der gesamten Geschichte des Lebens“.³ Und ein weiterer Mitautor, Alexander Vargas, lässt verlauten: „Ich denke, er hat es verdient, als das Schnabeltier der Dinosaurier bezeichnet zu werden.“⁴

Kommentar

Der bunte Merkmalsmix von *Chilesaurus* erfordert im Rahmen des Evolutionsmodells die Annahme mehrerer Konvergenzen oder Rückentwicklungen (Letzteres im Bereich des Fußes [Novas et al. 2015, 4]). Das heißt: Eine Reihe von Merkmalen müsste sich unabhängig in verschiedenen Linien evolutionär herausgebildet haben, z. B. die pflanzenfressende Ernährungsweise. Auf wissenschaft.de³ wird Martin Ezcurra mit dem Satz zitiert, *Chilesaurus* liefere ein gutes Beispiel dafür, wie Evolution funktioniert. Das ist eigentlich ein überraschendes Statement. **Denn ein solcher Merkmalsmix war nicht erwartet worden, und zwar gerade deshalb, weil man von einer Evolution der Lebewesen ausgeht.** Die Tatsache, dass man Arten und größere Gruppen problemlos in ein hierarchisches, eingeschachteltes System einordnen kann, ist (oder *war* nur noch?) eines der klassischen Argumente für Evolution. Das scheint, je mehr man über die Lebewesen weiß, desto weniger möglich zu sein, was folglich das Argument für Evolution schwächt. *Chilesaurus* ist diesbezüglich ein besonders eindrucksvolles Beispiel. **Dass Evolution so funktionieren soll, dass es viele Konvergenzen gibt, stellt lang vertretene Überzeugungen auf den Kopf.** Und wenn Evolution wirklich so funktionieren würde, wie könnte man dann überhaupt noch auf der Basis von Merkmalsvergleichen Abstammungsverhältnisse ermitteln? Wenn ähnliche Merkmale gleichermaßen durch Abstammung von einem gemeinsamen Vorfahren wie auf unabhängigen Wegen entstehen können (ohne Abstammungsbeziehung), wie könnten sie dann noch Marker für Abstammungsverwandtschaft sein?

Das Statement von Ezcurra ist auch aus einem zweiten Grund fragwürdig: Der unerwartete Merkmalsmix mit den anzunehmenden Konvergenzen sagt an sich gar nichts darüber aus, wie Evolution *funktioniert*. Auf galileo.tv heißt es dazu: „Grund für die Ausprägung so verschiedener Merkmale ist wohl konvergente Evolution.“⁵ Das ist natürlich

keine Erklärung – kein Grund –, sondern nur eine Beschreibung bzw. Benennung bzw. Zuschreibung. Wie es dazu kommen kann, dass vielfach in einer Art konvergente Merkmalsausprägungen auftreten, ist nicht Gegenstand der Arbeit von Novak et al., aber für evolutionäre Hypothesen ist das eine Herausforderung.

Das Beispiel *Chilesaurus* mahnt abgesehen von diesen grundsätzlichen Fragen auch zur Vorsicht bei der Deutung unvollständig erhaltener Fossilien: Die Ähnlichkeit verschiedener Arten in einem Teil des Bauplans lässt nicht sicher schließen, dass auch die restlichen Teile bauplanähnlich sind. Der gut erhaltene *Chilesaurus* zeigt, dass das nicht so sein muss.

Literatur

Novas FE, Salgado L, Suárez M, Agnolín FL, Ezcurra MND, Chimento NSR, de la Cruz R, Isasi MP, Vargas AO & Rubilar-Rogers D (2015) An enigmatic plant-eating theropod from the Late Jurassic period of Chile. Nature, doi: 10.1038/nature14307.

Video

<http://www.faz.net/aktuell/wissen/chilesaurus-diegosuarezi-t-rex-hatte-einen-vegetarischen-cousin-13565820.html>

Anmerkungen

¹ Ein Taxon, das eine Reihe von Untergruppen der Theropoden umfasst; der Name bedeutet "starre Schwänze".

² Novas wird bei nationalgeographic.com jedoch so zitiert: „Pelvic bones from the fossils, which dated to about 150 million years ago, at first appeared to be from the ornithischian group, which includes Stegosaurus and Triceratops“ (<http://news.nationalgeographic.com/2015/04/150427-theropod-dinosaur-vegetarian-rex-science/>).

³ http://www.wissenschaft.de/home/-/journal_content/56/12054/6454192/Skurreil:-Ein-vegetarischer-Raubosaurier/

⁴ <https://www.wired.de/collection/latest/das-schnabeltier-unter-den-dinosauriern>

⁵ <http://www.galileo.tv/science/das-schnabeltier-der-urzeit-der-kleine-bruder-von-t-rex-war-vegetarier/>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n227.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Zur besseren Einordnung dieser neuen Art, von der zwei sehr gut erhaltene Exemplare fossil überliefert sind, muss ein wenig ausgeholt werden. Die Vögel werden in zwei Gruppen unterteilt, die Enantiornithes und die Ornithurae. Die Enantiornithes (deutsch: „Gegenvögel“) werden den anderen Vögeln (den Ornithurae) „gegenübergestellt“, weil bei ihnen die Gelenke zwischen dem Schulterblatt und dem Rabenbein im Vergleich mit den heute lebenden Vögeln (und den anderen Ornithurae) genau anders herum angeordnet sind: Bei den Enantiornithinen liegt am Schulterblatt eine Gelenkpfanne und am Rabenbein ein Gelenkzapfen vor; bei den Ornithuren ist es genau umgekehrt. Diese beiden gegensätzlichen Konstellationen können kaum auseinander hervorgegangen sein; deshalb werden die Enantiornithes und die Ornithurae in evolutionär zwei getrennte Linien gestellt.¹

Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* wird keiner der beiden Gruppen zugeordnet, sondern als phylogenetisch älter eingestuft als der mutmaßliche gemeinsame Vorfahr der Enantiornithinen und Ornithurinen und wie einige andere Gattungen aus dem Jura und der Unterkreide auf ein evolutionäres „Nebengleis“ gestellt. (Die Diskussion über seine stammesgeschichtliche Position und der überaus umfangreiche und kontroverse Gelehrtenstreit über die Art des Fluges bei *Archaeopteryx* sind bis heute nicht beigelegt; vgl. auch Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174> und Immer rätselhafter: Der „Urvogel“ *Archaeopteryx*, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=216>.)

Die Enantiornithes bilden eine formenreiche Gruppe (Chiappe 1995, 352) meist baumlebender Formen, die relativ plötzlich in großer Vielfalt in Schichten der Unterkreide auftauchen, aber am Ende der Kreide vollständig aus dem Fossilbericht verschwinden und vermutlich ausstarben. Dagegen lebten die gleichzeitig existenten Ornithurae in Wassernähe; diese Gruppe überlebte die Kreide-Tertiär-Grenze.

Archaeornithura besaß ein ziemlich modernes Federkleid mit asymmetrischen Schwungfedern und gut entwickelter Alula (Daumenfittich) mit mindestens drei Federn und fächerförmigen Schwanzfedern, die heutigen Vögeln erstaunlich ähnlich sind (Wang et al. 2015, 7). Beide Merkmale sind bei heutigen Vögeln für langsamen Flug und Manövrierbarkeit aerodynamisch wichtig. *Archaeornithura* dürfte daher ein guter Flieger gewesen sein. Die Knochen am Ende der Flügel sind stark verschmolzen und es ist eine U-förmige Furcula (verwachsenes Schlüsselbein) ausgebildet (Balter 2015) – beides Kennzeichen auch heutiger Vögel. Seine langen Beine waren nicht befiedert, was darauf hinweist, dass es sich um einen Watvogel gehandelt haben dürfte, der im flachen Wasser herum stakste und dort nach Nahrung suchte.

Archaeornithura gehört zu den Ornithurae und innerhalb dieser Gruppe zur Familie der Hongshanornithidae. Sein Alter wurde auf 130,7 Millionen (radiometrische) Jahre bestimmt, womit diese Gattung die älteste bisher bekannte ornithurine Form ist und das bisherige Höchstalter dieser Gruppe um ca. 5 Millionen (radiometrische) Jahre heraufsetzt. **Man sollte erwarten, dass die älteste bekannte Form zu den eher primitiven Gattungen gehört, doch genau das Gegenteil ist der Fall.** *Archaeornithura* ist im Cladogramm (Ähnlichkeitsbaum) der Gruppe tief eingeschachtelt (Wang et al. 2015, 6); die neue Gattung ist innerhalb der Hongshanornithidae eine spezialisierte Form, wobei diese Familie ihrerseits innerhalb der Ornithuromorpha ebenfalls tief eingeschachtelt ist, anders als andere Taxa aus

jüngeren Schichten (entgegen der zu erwartenden Reihenfolge). **Wang et al. (2015, 6) sprechen von Inkonsistenzen zwischen Stratigraphie und Phylogenie, was die Annahme sogenannter Geisterlinien erforderlich mache.** Außerdem müsse angenommen werden, dass der Ursprung der Ornithurae in die Zeit zurück verlegt werden muss. „Geisterlinien“ bedeutet, dass aufgrund der Stammbaumrekonstruktion (phylogenetische Analyse, die auf Merkmalsvergleichen beruht) die Existenz evolutionärer Linien zwar angenommen werden muss, dass dafür aber in größerem Umfang fossile Nachweise fehlen. (Das gilt natürlich nur, falls Evolution abgelaufen ist.)

Kommentar

Sowohl die Ornithurae als auch die Enantiornithes erscheinen in der Fossilabfolge nicht in Form einer wachsenden Verschiedenartigkeit, sondern relativ ausdifferenziert. Man sagt in solchen Fällen, die evolutionäre Aufspaltung sei rasch erfolgt (Balter 2015). Dass es – unter der Annahme von Makroevolution – Lücken in der Fossilüberlieferung gibt, ist nachvollziehbar. Wenn solche Lücken aber systematischer Natur zu sein scheinen und in größerem Umfang Geisterlinien angenommen werden müssen, ist aufgrund der fossilen Daten ein kritische Rückfrage an das zugrundeliegende Evolutionsmodell angebracht. Das gilt erst recht, wenn Geisterlinien auch bei anderen Tier- und Pflanzengruppen angenommen werden müssen (vgl. dazu Frühe fossile Fährten rangieren Übergangsformen aus, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=141> zur Entstehung der Vierbeiner, Neuer Text über die kambrische Explosion, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=215> über die kambrische Explosion oder Ullrich (2015) zur Entstehung der Säugetiere).

Literatur

Balter M (2015) When modern birds took flight. *Science* 348, 617.

Chiappe LM (1995) The first 85 million years of avian evolution. *Nature* 379, 349-355.

Feduccia A (2012) Riddle of the feathered dragons. Hidden birds of China. Yale University Press. New Haven and London.

Padian K & Chiappe LM (1998) The origin an early evolution of birds. *Biol. Rev.* 73, 1-42.

Ullrich H (2015) Wann entstanden die modernen Säugetiere? Einsichten aus Fossilien, Molekülen und Datierungen. *Stud. Integr. J.* 22, 23-29.

Wang M (2015) et al. The oldest record of ornithuromorpha from the early cretaceous of China. *Nat. Comm.* 6:6987, doi: 10.1038/ncomms7987

Anmerkung

¹ Weitere markante Unterschiede sind unter anderem: Die Knochen haben im Vergleich mit anderen Vögeln ein einzigartiges Muster in der histologischen Struktur; es gab zyklische Pausen beim Knochenwachstum (Chiappe 1995, 352f.); die Zähne sind nicht gezackt und habe eine eingeschnürte Basis (Padian & Chiappe 1998, 27). Außerdem unterschied sich die Flugarchitektur (Feduccia 2012, 111).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n226.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.05.15 Yi qi – „merkwürdiger Flügel“ eines (Dino-?)sauriers

Ein seltsam gebauter mutmaßlicher Dinosaurier verwundert die Fachwelt. Die neu entdeckte Art wurde *Yi qi* genannt, das heißt „merkwürdiger Flügel“ in der Mandarin-Sprache. Merkwürdig ist vor allem ein langer stabförmiger Knochen, der vom Handgelenk ausgeht und an dem vermutlich eine Flughaut aufgespannt war (was aber nicht ganz gesichert ist). Der auch mit büscheligen haarartigen Anhängen („Federn“?) ausgestattete *Yi qi* vergrößert die Vielfalt der Formen im Verwandtschaftsumfeld von Dinosauriern und Vögeln, passt aber nicht gut in evolutionäre Szenarien.

Als „obskur und merkwürdig“ bezeichnet Kevin Padian (2015) ein neu beschriebenes Dinosaurier-Fossil, das in den weiteren Verwandtschaftskreis von Urvögeln gestellt wird. Es stammt aus Schichten aus dem Grenzbereich Mittel-/Oberjura der Tiaojishan-Formation in der Hebei-Provinz in China (Xu et al. 2015). Verwunderung löst vor allem eine lange, knöcherne Struktur aus, die vom Handgelenk ausgeht, und fossilisierte Reste membranartiger (häutiger) Strukturen im Bereich der Hand und der Vorderextremitäten. Für das lange, leicht gebogene und sich etwas zuspitzende Skelettelement ist keine Entsprechung bei irgendwelchen anderen Organismen bekannt. Es hat keine Gelenke und kann von seiner Lage her wahrscheinlich nicht als regulärer vierter Finger der Hand interpretiert werden.¹ Wie die Verbindung mit dem Handgelenk erfolgte, ist unklar, daher kann auch nicht ermittelt werden, wie das stabförmige Element bewegt wurde und welche Lage es genau hatte. Die Forscher sind sich auch nicht sicher, ob es sich um einen Knochen oder einen kalzifizierten (verkalkten) Knorpel handelt. Ziemlich klar scheint aber zu sein, dass es sich um ein Stützelement für eine Flughaut gehandelt hat; dafür spricht auch die Kombination mit den erhaltenen Hautresten. **Der eigenartige Knochenfortsatz dürfte als Aufspannsporn für eine Gleitflügelmembran fungiert haben; aufgrund der schlechten Erhaltung der mutmaßlichen Flughaut bleibt diese Deutung aber unsicher.**

Darüber hinaus wurde an vielen Körperteilen eine haarartige Körperbedeckung nachgewiesen. Diese Körperanhänge werden von den Forschern zwar als „Federn“ bezeichnet, aber es handelt sich nur um extrem dünne, büschelige, pinselartige Fasern, die kaum eine aerodynamische Bedeutung haben konnten. Die Federnatur der Körperanhänge wird auch durch den mutmaßlichen Nachweis von Melanosomen sehr unterschiedlicher Größe begründet (Xu et al. 2015). Melanosomen sind Organelle, die Farbstoffe enthalten, für die Gefiederfärbung sorgen und als typisch für Federn gelten. Der Nachweis, dass es sich bei solchen rundlichen bis länglichen Gebilden bei Fossilien tatsächlich um Melanosomen handelt, ist allerdings schwierig und umstritten (Moyer et al. 2014, worauf Xu et al. selber hinweisen).

Die mutmaßliche Flughaut mit dem „Zusatzfinger“ spricht dafür, dass sich das Tier gleitend fortbewegen konnte; seltsamerweise passt aber der sonst bekannte Körperbau nicht so recht zu dieser Fortbewegungsweise, wie die Beschreiber Xu et al. (2015) bemerken. So sei der Körperschwerpunkt zu weit hinten, was zu einem Abkippen führe. Allerdings fehlen Überreste des Beckens und der meisten Teile der unteren Körperhälfte, deren Bau durch Vergleich mit ähnlichen Formen erschlossen wird (s. u.). Eine aktive Flugfähigkeit erscheint dagegen ausgeschlossen (Padian 2015). Der Dinosaurier mit der mutmaßlichen Flughaut ist also ein wirklich seltsames und rätselhaftes Tier, was sich auch in seiner Benennung niedergeschlagen hat: *Yi qi* – wohl der kürzeste Arname überhaupt – bedeutet in der Mandarin-Sprache „merkwürdiger Flügel“. Das Tier war ziemlich klein, nicht einmal

taubengroß und es hatte kleinere und weniger Zähne als mit ihm verwandte² Dinosaurier und als der bezahnte „Urvogel“ *Archaeopteryx*, der aus jüngeren Schichten des Oberjura stammt.



Abb. 1: Rekonstruktion von *Yi qi* mit seinen Membran-Flügeln. (Wikimedia: Emily Willoughby, (e.deinonychus@gmail.com, emilywilloughby.com), CC BY-SA 4.0)

Yi qi wird zur Gruppe des Scansoriopterygiden („kletternde Flügel“) gestellt, von der bisher drei Arten bekannt waren. Diese Gruppe ist auch ohne *Yi qi* schon ungewöhnlich, weil der dritte Finger der zu ihr gehörenden Arten deutlich der längste ist, während bei verwandten Formen (Dinosauriern und Vögeln) sonst immer der zweite Finger der längste ist. Außerdem sind die Arme ungewöhnlich lang und der Kopf ziemlich klein. Dies alles verbindet *Yi qi* mit dieser Gruppe, weshalb die Zuordnung gesichert scheint – der dritte Finger ist bei *Yi qi* besonders lang, womit er als zusätzliche Stütze für die mutmaßliche Flughaut gedient haben könnte. Aufgrund der Zuordnung zu den Scansoriopterygiden kann man vermuten, dass die bei *Yi qi* fossil nicht erhaltenen Körperteile ähnlich waren wie bei den anderen Mitgliedern dieser Gruppe (daraus wird auch der oben erwähnte Körperschwerpunkt ermittelt).

Die Scansoriopterygiden waren sehr wahrscheinlich kletternde Formen (Zhang et al. 2002) und befiedert; allerdings sind die Federn zu schlecht erhalten, um ihre aerodynamische Bedeutung sicher einschätzen zu können. Ihre taxonomische Stellung wird unterschiedlich bestimmt, mehrheitlich zu Theropoden (zweibeinige Raubdinosaurier) an der Basis der Avialae (Vögel und unmittelbar verwandte Formen), alternativ von einer Minderheit aber auch zu den Archosauriern³ ohne phylogenetischen Zusammenhang mit theropoden Dinosauriern (Zhang et al. 2002; Czerkas & Juan 2002; Feduccia 2012, 149ff.; Czerkas & Feduccia 2014; Xu et al. 2015).

Kommentar

Padian (2015) bezeichnet *Yi qi* als einen gefiederten Dinosaurier von einem völlig unerwarteten Zweig des Dinosaurier-Stammbaums. Da der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura Federn eines modernen Typs besaß, werden Vorläuferformen in älteren Schichten gesucht. Gefunden wurde eine Reihe gefiederter Dinosaurier jedoch in *jüngeren* Schichten der Kreide-Formation, was stratigraphisch folglich nicht passt. *Yi qi* wäre von der Position in der stratigraphischen Tabelle her zwar als Vorläufer geeignet, aber diese eigenartige Form passt vom Körperbau überhaupt nicht und man hätte eine solche Form evolutionstheoretisch an der mutmaßlichen Basis der Vögel keinesfalls erwartet (Xu et al. 2015, 4).⁴ **Einmal mehr taucht eine eher spezialisierte Form einer Gruppe relativ früh in der Schichtenabfolge auf.** Und mutmaßliche Vorläuferformen müssen daher einmal mehr zurückverlegt werden.

Yi qi fällt unter den Dinosauriern und Vögeln der Kreidezeit völlig aus dem Rahmen.⁵ Statt Hinweise auf Vogelvorfahren zu geben erweitert *Yi qi* das Spektrum verschiedenartiger Formen aus Mittel-/Oberjura und Unterkreide, die kaum in evolutionäre Abfolgen zu bringen sind. Cladogramme (Ähnlichkeitsbäume) beinhalten entsprechend in großem Umfang **Konvergenzen*** und **Reversionen****; so müsste bei *Yi qi* aufgrund seiner phylogenetischen Position angenommen werden, dass es sich bei seinen einfachen federartigen Körperanhängen um rückgebildete Strukturen handelt. Czerkas & Feduccia (2014) halten die Scansoriopterygiden gar nicht für Dinosaurier und sind – als allerdings viel kritisierte Minderheit – der Auffassung, dass die Evolution der Vögel nicht über Dinosaurier, sondern über phylogenetisch ältere Archosaurier verlief. Sie stellen die kletternden Scansoriopterygiden an die Basis der Vögel und sehen sie als Beleg dafür, dass der Vogelflug nicht von laufenden Theropoden-Dinosauriern, sondern von kletternden Formen ausging. Doch der neue Fund *Yi qi* mit seinem eigentümlichen Körperbau steht auch quer zu diesem Szenario.

*Konvergenzen (= unabhängige Entstehung baugleicher Merkmale)

** Reversionen (= Rückentwicklungen)

Die Bearbeiter Xu et al. (2015, 1, 4) interpretieren *Yi qi* als Beispiel eines evolutionären Experiments – ein Deutungsversuch, der in der Wissenschaftspresse aufgegriffen wurde und auch in vielen vergleichbaren Situationen bei anderen Tier- und Pflanzengruppen zur Anwendung kommt. „**Experiment**“ ist aber eigentlich ein evolutionstheoretisches Unwort, da dieser Begriff eine Zielsetzung impliziert, ein Ausprobieren, um gute Lösungen zu finden. Doch nach dem evolutionären Ansatz gibt es weder einen Experimentator noch irgendeine Zielorientierung. Daher verschleiert der im Originalartikel verwendete Begriff „experimentation“ eher ein evolutionstheoretisches Problem, als dass er irgendeine Erklärung beinhaltet.

Xu et al. (2015, 4) merken an, dass es sich bei der mutmaßlichen Flughaut, die an dem langen „Zusatzfinger“ aufgespannt ist, um ein eindrucksvolles Beispiel einer Konvergenz handelt, der Bau sei mit den Flugsauriern vergleichbar, die einen einzigen stark verlängerten Finger zum Aufspannen der Flughaut besaßen, aber die Ähnlichkeit sei nur oberflächlich. Eine genauere Entsprechung liege auch zu anderen gleitenden Tieren nicht vor. Ohnehin muss angenommen werden, dass die Fähigkeit zum Gleitflug in verschiedenen Wirbeltiergruppen mehrfach unabhängig entstanden ist.

Insgesamt zeigt sich einmal mehr, dass die vielzitierte Auffassung des Evolutionsbiologen Theodosius Dobzhansky, *nichts ergebe Sinn außer im Licht der Evolution, fragwürdig ist.* Evolutionäre Zusammenhänge liegen im Falle von *Yi qi* nicht ohne weiteres auf der Hand; das neue Fossil wirft für evolutionäre Rekonstruktionen mehr neue Fragen auf, als dass es alte beantworten würde.

Anzumerken ist noch, dass der genaue Fundort nicht bekannt ist; das Fossil wurde nicht durch die Paläontologen *in situ** geborgen, sondern von einem Bauern erworben. Die Autoren haben sich aber große Mühe gegeben, den Fundort zu rekonstruieren und sicherzustellen, dass es sich nicht um eine Fälschung handeln kann.

*in situ (= an Ort und Stelle, am ursprünglichen Fundort)

Literatur

Czerkas SA & Feduccia A (2014) Jurassic archosaur is a non-dinosaurian bird. *J. Orn.* 155, 841-851.

Czerkas SA & Yuan C (2002) An arboreal maniraptoran from Northeast China. The Dinosaur Museum, Blanding, Utah. http://www.dinosaur-museum.org/featheredinosaurs/arboreal_maniraptoran.pdf.

Feduccia A (2012) *The riddle of the feathered dragons*. New Haven & London: Yale Univ. Press.

Moyer AE et al. (2014) Melanosomes or microbes: testing an alternative hypothesis for the origin of microbodies in fossil feathers. *Sci. Rep.* 4, 4233.

Padian K (2015) Dinosaur up in the air. *Nature* 521, 40-41, doi:10.1038/nature14392.

Xu X, Zheng X, Sullivan C, Wang X, Xing L, Wang Y, Zhang X, O'Connor JK, Zhang F & Pan Y (2015) A bizarre Jurassic maniraptoran theropod with preserved evidence of membranous wings. *Nature* 521, 70-73, doi: 10.1038/nature14423.

Zhang F, Zhou Z, Xu X & Wang X (2002) A juvenile coelurosaurian tetrapod from China indicates arboreal habits. *Naturwissenschaften* 89, 394-398.

Anmerkungen

¹ „... the styliform element of *Yi qi* has no joints and comes directly off the carpal bones without the intermediary of a metacarpal (palm bone), so it is probably not a finger“ (Padian 2015).

² mit „verwandt“ ist hier nicht im deutenden Sinne „abstammungsverwandt“ gemeint, sondern im beschreibenden Sinne „im Körperbau insgesamt ähnlich“.

³ ab dem Oberperm fossil überlieferte Gruppe, die u.a. Krokodile, Dinosaurier, Flugsaurier und Vögel umfasst.

⁴ „... the evident occurrence in this taxon of a membranous wing supported by a styliiform element represents an unexpected aerodynamic innovation close to the origin of birds ...“ (Xu et al. 2015, 4).

⁵ „... that *Yi* had membranous aerodynamic surfaces totally different from the archetypal feathered wings of birds and their closest relatives. ... Indeed, no equivalent of the rod-like bone is known in any other dinosaur even outside Theropoda, but similar structures are present in a diverse array of extant and extinct flying or gliding“ (Xu et al.)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n225.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

24.07.14 Immer rätselhafter: Der „Urvogel“ *Archaeopteryx*

Im Jahr 2011 wurde das elfte fossile Exemplar des „Urvogels“ *Archaeopteryx* aus einer Privatsammlung bekannt und seither wissenschaftlich untersucht. Kürzlich wurden Details in einem *Nature*-Artikel genauer beschrieben (Foth et al. 2014). Erstmals ist das komplette Gefieder erhalten, auch die Befiederung von Rumpf, Beinen und Schwanz. Ein Vergleich mit anderen gefiederten Fossilformen aus Oberjura und Unterkreide lässt die Wissenschaftler schließen, dass Federn ursprünglich nicht zum Fliegen entstanden sind, sondern andere Aufgaben hatten. Erst später seien sie *zusätzlich* zum Fliegen verwendet worden und das wahrscheinlich mehrmals unabhängig. Die frühen Vögel und gefiederten Theropoden-Dinosaurier zeigen eine komplexe und verworrene Vielfalt unterschiedlicher Mosaik, deren Anordnung in einem Cladogramm (= Ähnlichkeitsbaum) nicht mit den zeitlichen (stratigraphischen) Positionen der betreffenden Gattungen zusammenpasst.

Vor etwa 20 Jahren war der **paläontologische*** (Befund im hypothetischen evolutionären Übergangsbereich zwischen Reptilien und Vögeln noch relativ überschaubar. Der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* aus dem Oberjura, auf etwa 150 Millionen radiometrische Jahre datiert, stand dort als Vogel recht verloren da. Doch er galt schon immer als guter Beleg für einen evolutionären Übergang von zweibeinigen Raubdinosauriern zu Vögeln. Mit ersteren verbindet ihn eine Reihe morphologischer Merkmale wie z. B. ein bezahnter Kiefer oder ein langer Wirtelschwanz. Die Verbindung mit Vögeln war vor allem durch den Besitz von Federn begründet, die lange Zeit als typisch für flugtaugliche Federn heutiger Vögel galten.

*paläontologisch (= Fossilien betreffend)

Diese Situation hat sich in den letzten beiden Jahrzehnten grundlegend gewandelt. Vor allem in der Unterkreide Chinas wurden zahlreiche Fossilien befiederter Dinosaurier und eindeutiger Vögel wie z. B. *Confuciusornis* gefunden. Die Federnatur der Körperbedeckungen von Dinosauriern wurde allerdings teilweise in Frage gestellt (z. B. Feduccia et al. 2005), und bei einigen dieser Formen dürfte es sich um sekundär flugunfähige Arten handeln. Alle diese Formen hatten allerdings – in evolutionstheoretischer Perspektive – den „Makel“, dass sie deutlich jünger waren als *Archaeopteryx*, der vorerst das älteste Federtier blieb.

In den letzten Jahren hat sich auch das geändert, denn es wurden z. B. mit *Haplocheirus* (Choiniere et al. 2010, 571) eine möglicherweise und mit *Anchiornis* (Hu et al. 2009) eine eindeutig befiederte Gattung entdeckt, die älter als *Archaeopteryx* datiert wurden (vgl. Löst Haplocheirus das Zeit-Paradox der Vogelevolution?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=143> und Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>). Im Jahr 2011 machte dann die neu entdeckte Gattung *Xiaotingia* in Bezug auf *Archaeopteryx* von sich reden, denn sie schien den „Urvogel“ aus der Linie, die zu den Vögeln führt, abzudrängen (Xu et al. 2011), was später revidiert wurde bzw. sich evolutionstheoretisch vorerst als nicht klar entscheidbar herausstellte (Lee & Worthy 2011; vgl. Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174>). Es wurde also richtig gesellig um *Archaeopteryx*; **der „Urvogel“ ist heute sowohl in morphologischer Hinsicht als auch hinsichtlich seiner zeitlichen Stellung nur noch einer unter vielen** und seine Position als erster Vogel ist dadurch fraglich geworden.

Darüber hinaus kamen Zweifel an der Flugfähigkeit von *Archaeopteryx* auf. Die Federschäfte seien dafür zu schwach gewesen (Nudds & Dyke 2010). Eine Analyse von Longrich et al. (2012) zeigte, dass bei *Archaeopteryx* (wie auch bei der befiederten Gattung *Anchiornis*) eine bisher unerkannte und überraschende Anordnung von mehreren stark überlappenden Lagen dünner Federn vorlag. Moderne und fast alle fossil bekannten Vögel besitzen dagegen nur zwei Federlagen, die sich nur teilweise überlappen. Die Forscher schlossen aus den Gefiedermerkmalen auf eine eingeschränkte Flugfähigkeit bei *Archaeopteryx* (während *Anchiornis* ganz flugunfähig gewesen sein soll). (vgl. Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>)

Das elfte *Archaeopteryx*-Exemplar. Nun wurden jüngst Untersuchungen an einem erst im Jahr 2011 bekannt gewordenen 11. Exemplar von *Archaeopteryx* veröffentlicht (Foth et al. 2014), das im Besitz eines privaten Sammlers ist. Dieses Exemplar weist einige Merkmale auf, die bisher nicht bekannt waren und das Bild von *Archaeopteryx* erneut verändern. Es ist das erste Exemplar, bei dem das komplette Gefieder fossile Spuren hinterlassen hat, so dass nun mehr als bisher oder überhaupt etwas über das Federkleid des Rumpfes, der Beine und des Schwanzes bekannt ist. Zudem sind die Details der Federstrukturen gut erhalten. **Der Fund belegt, dass der ganze Körper mit Konturfedern bedeckt war, wie sie bei heutigen Vögeln bekannt sind.** Der Federschaft war leicht gebogen. Die Form der Flügel entspricht der heutiger Vögel. Die bis zu 4,5 Zentimeter langen Deckfedern an den Beinen sind als so genannte Federhose ausgebildet und erinnern damit an die Ausprägung bei rezenten Raubvögeln. Sie ziehen in parallelen Reihen von den Oberschenkeln bis zum Knöchel. Die hinteren Schwanzfedern sind mit über 10 cm Länge extrem lang, ebenso die Federn an den Seiten des leicht gegabelten Schwanzes und zeigen eine aerodynamische Form, was neben den anderen genannten Gefiedermerkmalen für die Flugfähigkeit spricht. Auch die Federhose könnte den Nebeneffekt einer vertikalen Gleithilfe beim Landen gehabt haben, ähnlich heutigen Greifvögeln (<http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-17738-2014-07-03.html>), könnte aber auch einen Schutz vor Bissen gewährt haben.

Die Schwungfedern weisen kräftige Schäfte auf. Foth et al. (2014, 80) halten daher die oben erwähnte Deutung von Nudds & Dyke (2010) und Longrich et al. (2012), die Federn seien angesichts eines schwach entwickelten Federschaftes kaum flugtauglich gewesen, für falsch und möglicherweise auf schlechte Erhaltung der von ihnen untersuchten fossilen Federabdrücke zurückzuführen.

Ursprüngliche Funktion von Federn? Die Forscher verglichen die Befiederung von *Archaeopteryx* mit dem Federkleid anderer früher fossiler Formen. Welche Federtypen kommen bei den einzelnen Gattungen in welchen Körperregionen vor? Es zeigte sich, dass auch bei flugunfähigen Formen eine große Variation von Federtypen und Befiederung vorliegt. Daraus schließen die Wissenschaftler, dass die Federn ursprünglich nicht zum Fliegen, sondern in anderen funktionellen Zusammenhängen entstanden sind. Die Vielfalt von Federn und der Befiederung spreche gegen eine anfängliche Selektion auf Flugfähigkeit, da diese Variationen sonst vermutlich eingeschränkt worden wären.

Die Frage nach der anfänglichen Funktion in der hypothetischen Federevolution wird schon lange diskutiert. Eine Auslese direkt auf Flugtauglichkeit wird nämlich als schwierig angesehen, weil dabei – salopp gesagt – zu viel *auf einmal* gegenüber Vorläuferstrukturen geändert werden müsste. Zwischenschritte auf dem Weg zu flugtauglichen Federn und einem flugtauglichen Federkleid sind also gefragt. Foth et al. (2014, 81) vermuten, dass das Federkleid anfangs im Zusammenhang mit der Balz evolvierte. Federn können aber auch zur Wärmeisolation genutzt werden, sie helfen außerdem beim Brüten und können zur Tarnung

eingesetzt werden. *Archaeopteryx* und andere Arten nutzten die Armschwingen vielleicht, so die Autoren weiter, als Balancehilfe beim schnellen Laufen (wie das bei heute sekundär flugunfähigen Vögeln vorkommt). Der Umweg dieser Federn oder federartigen Strukturen, die primär die o.g. Aufgaben erfüllen, erscheint den Autoren eher gangbar als der direkte Weg zur Flugtauglichkeit.

Funktionswechsel hin zur Flugtauglichkeit? Die Vorstellung, dass Federn in der Evolution zunächst gar nichts mit dem Flug zu tun hatten und erst im Laufe der Zeit gleichsam zweckentfremdet wurden (Foth et al. sprechen von Exaptation), wirft jedoch andere Fragen auf. Zum einen stellt sich die Frage nach den *Mechanismen* der Federentstehung auch dann, wenn die Federn anfangs nichts zur Flugfunktion beigetragen haben sollten. Für die Funktionen Wärmeisolation, Balz oder Schutz werden des Weiteren keine Federn benötigt, dafür genügen einfachere Strukturen, und es ist nicht klar, weshalb bei Selektion auf diese Funktionen überhaupt Federn in einer Ausprägung entstehen sollten, die später nebenbei auch Flugtauglichkeit garantieren. Außerdem würde Selektion auf Wärmeisolation oder auf andere Funktionen hin dazu führen, dass *diese* Funktionen verbessert werden, nicht aber die andere Funktion der Flugtauglichkeit. Diese wird bei Selektion z. B. auf Wärmeisolation eher verschlechtert, weil sich die jeweiligen Erfordernisse an die Federstruktur widersprechen. Dass unter diesen Umständen plötzlich durch einen glücklichen Umstand die Federn auch zum Fliegen genutzt werden konnten, ist sehr unwahrscheinlich. Dafür brauchen die Federn besondere Eigenschaften wie z. B. Steifheit und aerodynamische Form. Es kommt noch hinzu, dass fürs Fliegen oder Gleiten nicht nur passend strukturierte Federn benötigt werden, sondern auch weitere konstruktive Neuheiten und physiologische Anpassungen wie eine geeignete Muskulatur und Körperform, ein leistungsfähiges Atmungs- und Kreislaufsystem, spezialisierte Sinnesorgane, Leichtbau der Knochen, entsprechende Verhaltensweisen u. v. m. Diese Aspekte und die Problematik gegenläufiger Selektionsdrücke je nachdem, welche Funktion der Federn optimiert werden soll, müssen bedacht werden. Vergleichende Studien fossiler und rezenter Vögel tragen bei diesen Fragestellungen nach den *Mechanismen* der Entstehung des Vogelfluges nichts zum Verständnis bei.

Mehrfache Entstehung des Vogelflugs? Der Vergleich des Vorkommens verschiedener Federtypen und der Befiederung bei verschiedenen Gattungen bringt unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen ein problematisches Ergebnis: Werden die verglichenen Gattungen in ein Cladogramm (= Ähnlichkeitsbaum) gebracht und wird dieses stammesgeschichtlich interpretiert, muss angenommen werden, dass der Übergang von Federtypen, die z. B. zur Wärmeisolation oder als Schmuck verwendet wurden, zu flugtauglichen Federn mehrfach unabhängig erfolgt sein müsste (Foth et al. 2014; Details dort auf S. 80f.). Ein solches Szenario hätte man früher ausgeschlossen, denn die oben angedeuteten Probleme für einen solchen Übergang vermehren sich nicht nur, sondern vergrößern sich: Denn man muss sich immer wieder vor Augen halten, dass Evolution, im bisher verstandenen Sinne, völlig richtungslos verläuft und keine wie auch immer geartete Zielorientierung beinhaltet. Beispielsweise ist zu bedenken, dass ein flugunfähiges Tier weder die fürs Fliegen erforderlichen morphologischen und physiologischen Begleitmerkmale besitzt noch die geringste „Ahnung“ vom Flugverhalten hat (die fürs Fliegen erforderlichen Verhaltensweisen). Wie kann mehrfach auf der Basis richtungsloser Änderungen (Mutationen) und Auslese auf Verbesserung aktueller (nicht zukünftiger) Funktionen (z. B. Wärmeisolation oder Balz) dasselbe, primär nicht durch eine Selektion bewertete „Ergebnis“ in Form der Flugfedern erreicht werden, deren Herausbildung offenkundig viele tiefgreifende Änderungsschritte erfordern?

Die Forscher kommentieren diese Situation damit, dass der Ursprung und die Evolution des Vogelflugs komplexer ablief als zuvor gedacht und nicht auf linearen Wegen. Die damit verknüpfte Frage nach den Selektionsdrücken wird im Artikel von Foth et al. (2014) nicht aufgeworfen.

Rätselhaftes Merkmalsmosaik. Insgesamt erscheint das Merkmalsmosaik *Archaeopteryx* immer rätselhafter und widersprüchlicher: Einige Merkmale weisen auf Flugtauglichkeit hin, andere passen nicht gut dazu. Man kann daraus wohl schließen, dass die Biologie des „Urvogels“ zu wenig verstanden ist. Das ist Grund genug, Vorsicht bezüglich evolutionstheoretischer Schlussfolgerungen walten zu lassen. Hat *Archaeopteryx* seine Flugfähigkeit vielleicht teilweise eingebüßt? Diese Hypothese brachte Michael Habib (2013) von der University of Southern California beim Jahrestreffen der Society of Vertebrate Paleontology in Los Angeles ins Spiel (Kaplan 2013). Er schließt dies aus dem Vergleich von Beinlängen und Federsymmetrien bei *Archaeopteryx* und heutigen Vögeln; diese seien bei *Archaeopteryx* ähnlich wie bei heutigen sekundär flugunfähigen Vögeln. Natürlich ist diese Hypothese umstritten, und der Biologe Ahsley Heers stellt fest, dass ein besseres Verständnis des Zusammenhangs von Anatomie und Lebensweise erreicht werden müsse, um den Fossilbericht besser interpretieren zu können; außerdem müsse berücksichtigt werden, dass viele heutige Vögel im Jugendstadium besser fliegen könnten als im erwachsenen Zustand (Kaplan 2013).

Schlussfolgerungen bezüglich Evolution und Schöpfung. Die Fossilüberlieferung früher Vögel hat sich in den letzten 20 Jahren grundlegend verbessert. Die zuvor noch relativ „einsame“ Ikone *Archaeopteryx* findet sich heute in einem bunten Mosaik von Formen mit verschiedensten Federkleidern, seien es Vögel, die zum Teil sekundär flugunfähig sind, oder befiederte Dinosaurier. Kandidaten für evolutionäre Übergangsformen in Bezug auf *Einzelmerkmale* gibt es durchaus. Paradoxerweise erlaubt aber gerade die mosaikartige Merkmalsvielfalt der neu entdeckten Tiere keine Benennung von Übergangsformen auf der Ebene der Arten oder Gattungen. Die Formenvielfalt führt bei evolutionstheoretischer Deutung zu einer widersprüchlichen Verteilung von Einzelmerkmalen im Stammbaum, was die Annahme zahlreicher **Konvergenzen*** erfordert. **Auch der Übergang zum Flug wird mittlerweile nicht mehr unbedingt als ein einmaliges evolutionäres Ereignis betrachtet.** Warum dies problematisch ist, wurde oben erläutert.

*Konvergenzen (= unabhängig entstandene ähnliche Merkmale)

Foth et al. (2014) veröffentlichen ein Cladogramm der Maniraptoren-Theropoden (Fig. 3 ihres Artikels), in dem die verschiedenen Federmerkmale der einzelnen Gattungen bzw. höherer Taxa eingetragen sind. (Dabei zeigen sich die oben erwähnten Konvergenzen.) Trägt man in dieses Cladogramm auch die Zeitpunkte des fossilen Auftretens der betreffenden Formen ein, ergibt sich, dass sehr viele Vertreter von vermeintlichen *Vorläuferlinien* paradoxerweise deutlich später als die Vertreter der vermeintlichen *Nachfahrenlinien* erscheinen. **Es gibt in diesem Bereich keinerlei Tendenz einer Parallelität zwischen dem zeitlichem Auftreten eines Fossils und seiner morphologischen Komplexität.** Das heißt: Bereits im Oberjura und in der Unterkreide erscheint insgesamt eine sehr bunte Vielfalt unterschiedlichster Mosaikformen von flugfähigen und (evtl. sekundär) flugunfähigen Formen. Das zeigt beispielhaft, dass ein Cladogramm nicht ohne weiteres stammesgeschichtlich gedeutet werden kann bzw. dass dies nur möglich ist, wenn in großem Umfang sogenannte Geisterlinien angenommen werden. (Von Geisterlinien spricht man, wenn die Merkmalsverteilung in evolutionstheoretischer Deutung die Annahme längerer Zeiträume erfordert, in denen die betreffenden Formen existiert haben müssten, diese aber fossil nicht belegt sind.)

Wie im Artikel Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174> angemerkt, kann man in einer schöpferorientierten Perspektive den Befund häufiger Mosaikformen, die zudem bezüglich ihres zeitlichen Nachweises nicht in Abstammungsfolgen hineinpassen, als Ausdruck eines designerspezifischen Baukastensystems werten. Merkmale sind dann beliebig kombinierbar, sofern der Gesamtkomplex eine lebensfähige Art ergibt. Das Nebeneinander verschiedener Mosaikformen und das verbreitete Fehlen einer zeitlichen Passung ist aus dieser Perspektive kein grundsätzliches Problem. Für die biblische Schöpfungslehre, sofern sie von einer kurzen Erdgeschichte ausgeht, bleibt aber die Frage nach den Ursachen der stratigraphisch geordneten Abfolgen *größerer Gruppen*: Warum ist die Vogelwelt in den Ablagerungen des Jura und in der Kreide eine ganz andere als die des Tertiärs?

Literatur

Choiniere JN, Xu X, Clark JM, Forster CA, Guo Y & Han F (2010) A Basal Alvarezsaurid Theropod from the Early Late Jurassic of Xinjiang, China. *Science* 327, 571-574.

Feduccia A, Lingham-Soliar T & Hinchliffe JR (2005) Do feathered dinosaurs exist? Testing the hypothesis on neontological and paleontological evidence. *J. Morphol.* 266, 125-166.

Foth C, Tischlinger H & Rauhut OWM (2014) New specimen of *Archaeopteryx* provides insights into the evolution of pennaceous feathers. *Nature* 511, 79-82.

Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.

Kaplan M (2013) Theory suggests iconic early bird lost its flight. *Nature*, doi:10.1038/nature.2013.14142

Lee MSY & Worthy TH (2011) Likelihood reinstates *Archaeopteryx* as a primitive bird. *Biol. Lett.* doi: 10.1098/rsbl.2011.0884

Longrich NR, Vinther J, Meng Q, Li Q & Russell AP (2012) Primitive Wing Feather Arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. *Curr. Biol.* 22, 2262-2267.

Nudds RL & Dyke GJ (2010a) Narrow primary feather rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* suggest poor flight ability. *Science* 328, 887-889.

Xu X, You H, Du K & Han F (2011) An *Archaeopteryx*-like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465-470.

Überblick über weitere Genesisnet-Newsbeiträge zu Urvögeln:

- Löst Haplocheirus das Zeit-Paradox der Vogelevolution?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=143>
- Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>
- Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174>
- *Archaeopteryx* – Gleitflieger und Bindeglied?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=193>

Anmerkungen

¹ Bei *Archaeopteryx* und *Anchiornis* seien wegen der schlanken Federschäfte die einzelnen Federn zu schwach für eine Flugtauglichkeit gewesen, nur ihre ungewöhnliche Zusammenlagerung zu mehreren Lagen habe eine dicke, robuste Tragfläche ermöglicht. Allerdings dürfte weder das Spreizen noch das Schrägstellen der Schwungfedern bei den Flügeln möglich gewesen sein, so dass *Archaeopteryx* sich möglicherweise nur gleitend durch die Lüfte bewegen konnte, während *Anchiornis* flugunfähig war.

² „Wären Federn primär für das Flugvermögen entstanden, dann hätte das die Variation aus funktionalen Gründen vermutlich eingeschränkt. So sehen wir in den Flügeln früherer Vögel weniger Variation als in den Hinterbeinen oder am Schwanz“, erklärt Foth“ (http://www.uni-muenchen.de/informationen_fuer/presse/presseinformationen/2014/rauhut_archaeopteryx.html).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n216.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.01.13 Archaeopteryx – Gleitflieger und Bindeglied?

Eine neue Analyse des Federkleids des berühmten „Urvogels“ *Archaeopteryx* und des befiederten Dinosauriers *Anchiornis* weist bei diesen beiden Gattungen eine bisher unerkannte und überraschende Anordnung von mehreren Lagen dünner Federn auf. Die Forscher schließen daraus auf eine eingeschränkte Flugfähigkeit bei *Archaeopteryx*, während *Anchiornis* flugunfähig gewesen sein dürfte. Diese Befunde eignen sich jedoch aus verschiedenen Gründen nicht als Indizien dafür, dass es sich um Übergangs-Merkmalausprägungen handelt. Das gesamte Merkmalspektrum lässt sich besser verstehen, wenn man die beiden Gattungen als spezialisierte Formen betrachtet. Aufgrund der nicht sicher bestimmbar Struktur-Funktions-Beziehungen müssen weitergehende Schlussfolgerungen unsicher bleiben.

Man könnte meinen, dass über *Archaeopteryx*, den berühmten Urvogel aus dem Oberjura bereits alles gesagt ist. Schließlich konnte er 150 Jahre lang untersucht werden und es erschienen zahllose Artikel über diesen „komischen Vogel“. Dennoch konnte ein Forscherteam um Nicholas R. Longrich von der Yale University New Haven (USA) kürzlich neue überraschende Befunden der Öffentlichkeit vorstellen (Longrich et al. 2012). Bisher war angenommen worden, dass das Federkleid von *Archaeopteryx* ähnlich angeordnet war wie das heutiger Vögel. Eine erneute genaue Analyse der Lage der Federn zeigte jedoch, dass die bisherige Rekonstruktion des Federkleids teilweise auf einem Deutungsfehler der fossilen Federabdrücke beruhte. **Es zeigte sich, dass *Archaeopteryx* und der ebenfalls untersuchte befiederte Dinosaurier *Anchiornis huxleyi* mehrere Lagen von dünnen, stark überlappenden Federn besitzen und nicht wie moderne und fast alle fossil bekannten Vögel nur zwei Lagen, die sich nur teilweise überlappen.** Heutige Vögel (Neornithes) besitzen über den langen, asymmetrischen Flugfedern kurze Deckfedern. Diese gestaffelte Struktur macht es den Vögeln möglich, „die Schwungfedern gezielt auseinander zu spreizen, um bei langsamem Flug mehr Auftrieb zu erzeugen. Zudem können die heutigen Vögel ihre Schwungfedern schräg stellen, sodass beim Aufwärtsschwingen der Flügel Lücken entstehen. Dadurch kann Luft hindurchfließen, und der Kraftaufwand vor allem beim flatternden Langsamflug reduziert sich“ (<http://www.zeit.de/wissen/2012-11/archaeopteryx-fliegen-federn-gleiten>).

Aus ihren Befunden schließen Longrich und Mitarbeiter, dass aufgrund der schlanken Federschäfte von *Archaeopteryx* und *Anchiornis* zwar die einzelnen Federn schwach waren; ihre Zusammenlagerung zu mehreren Lagen aber eine dicke, robuste Tragfläche ermöglicht habe. Allerdings dürfte weder das Spreizen noch das Schrägstellen der Schwungfedern bei den Flügeln der beiden Gattungen möglich gewesen sein. Die Folgen waren sehr wahrscheinlich ein erschwerter Start vom Boden aus und Einschränkungen beim langsamen Flug. Die Vielfalt der Funktionen heutiger Flügel dürfte also gefehlt haben, so dass die Flugfähigkeit insgesamt eingeschränkt gewesen sein muss. Möglicherweise konnte *Archaeopteryx* sich nur gleitend durch die Lüfte bewegen. Aus evolutionstheoretischer Sicht würde das dafür sprechen, dass die ersten gefiederten Dinosaurier und Vögel von Bäumen aus durch die Luft glitten (Arborealtheorie), während der Flugerwerb durch schnelles Laufen vom Boden aus nicht in Frage käme (Cursorialtheorie).

Bei *Anchiornis* ist die Situation ähnlich wie bei *Archaeopteryx*, kann aber insofern als „primitiver“ gewertet werden, als diese Gattung einfache, bandartige Federn besaß, und zwar in großer Zahl und dichter Überlappung. Eine ähnliche Situation sei unter den heutigen Vögeln nur bei Pinguinen bekannt, wird Longrich in Pressemeldung zitiert. Bei *Anchiornis*

war schon früher angenommen worden, dass er flugunfähig war, was allerdings einige Fragen aufwirft (s. u.).

Weitere Untersuchungen. Schon vor einigen Jahren war eine Analyse der Federschäfte der Handschwingen von *Archaeopteryx* veröffentlicht worden, wonach – verglichen mit heute lebenden Vogelarten – die Schäfte deutlich zu schwach für einen kontinuierlichen Ruderflug waren (Nudds & Dyke 2010a), obwohl die Länge der Handfedern der Größe bei vergleichbar großen heute lebenden Vögeln entspricht. Die Forscher schließen daraus, dass die untersuchten fossilen Vögel nur kurze Strecken gleiten, aber nicht aktiv fliegen konnten. Sonderbar ist aber, dass der Bau der Flügel im Ganzen nicht zum längeren Gleiten passt (Nudds & Dyke 2010a, 889), obwohl weitere anatomische Befunde (z. B. Anatomie des Schultergürtels, Federinnervation) bei *Archaeopteryx* dafür sprechen. An dieser Schlussfolgerung wurde kritisiert, dass Nudds & Dyke (2010a) falsche Körpermassen zugrundegelegt hätten, und dass nicht berücksichtigt worden sei, dass viele Merkmale von *Archaeopteryx* für die Fähigkeit zum aktiven Flug sprechen (Paul 2010; vgl. auch die Kritik von Longrich et al. 2012, 2264, aber auch die Antwort von Nudds & Dyke [2012b]). Anfang 2012 wurde dann eine Untersuchung veröffentlicht, wonach die Federn von *Archaeopteryx* wie die Federn moderner Vögel Melanosomen (Strukturen in farbstoffproduzierenden Zellen) besaßen, die zur Festigkeit und Haltbarkeit der Federn beitragen (Carney et al. 2004), was von den Forschern als weiteres Indiz dafür gewertet wurde, dass der Urvogel aktiv fliegen konnte. Carney et al. (2012) zeigten außerdem, dass die Struktur der Federn mit der von heutigen Vögeln identisch war.

Das Problem der fehlenden Analogie. Offenbar ergeben die Merkmale von *Archaeopteryx* in Bezug auf seine Flugfähigkeit also kein einheitliches Bild. Woran liegt das? Es ist gut möglich, dass die Struktur-Funktions-Beziehungen nicht genügend aufgeklärt sind und vielleicht sogar im Dunklen bleiben müssen, weil wir unter den heutigen Arten keine Analogie für das *gesamte* Merkmalspektrum haben. Dieser Umstand sollte vor vorschnellen evolutionären Interpretationen warnen, bei denen mit „Primitivität“ argumentiert wird. So könnte man zwar auf den ersten Blick *Anchiornis* und *Archaeopteryx* als Übergangsformen interpretieren, insbesondere wenn man *einzelne* Merkmale wie den Aufbau des Federkleids zugrundelegt. Dem stehen aber zwei Probleme entgegen.

Die erste Schwierigkeit ist das bereits erwähnte Fehlen eines heute lebenden Vorbilds für die Merkmalskombination von *Archaeopteryx* und die scheinbare (?) Widersprüchlichkeit der Daten, insbesondere bei *Anchiornis*. Die Schädelanatomie und die davon abgeleiteten neurologischen Fähigkeiten und andere oben bereits erwähnte Merkmale sprechen für die Fähigkeit zum aktiven Flug (Alonso et al. 2004), während Federstruktur und Art des Federkleids dieser Deutung entgegenstehen (s. o.). Eine Einschätzung der Lebensweise und Ökologie aufgrund des gesamten Merkmalsmosaiks ist daher unsicher. Von dieser Einschätzung hängt aber auch eine evolutionstheoretische Interpretation ab, die daher ebenfalls unsicher bleiben muss. **Die ungewöhnliche Merkmalskombination deutet darauf hin, dass die beiden Gattungen spezialisierte Formen mit im Einzelnen nicht sicher rekonstruierbarer Lebensweise sind.**

Offen bleiben auch die Fragen nach **Selektionsdrücken** und Umbaumechanismen. Wenn dünne Federn nur im Verband eine gewisse Flugfähigkeit (inklusive Gleitflug) ermöglichen, müssen sie auch im Verband vorliegen, damit sie einen Selektionswert im Hinblick darauf haben. Zwar wird angenommen, dass Federn zunächst andere Funktionen wie Wärmeregulation oder als Signalgeber hatten, aber eine selektionsgesteuerte Veränderung auf

diese Funktionen hin steht teilweise im Widerspruch zur Selektion auf Flugfähigkeit und würde eine Veränderung in Richtung auf Flugtauglichkeit eher verhindern.

Erst recht problematisch bezüglich des Verständnisses der Lebensweise ist *Anchiornis*. (Vergleiche dazu Vierflügelige Vögel am Anfang?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=137>) Diese Gattung, von der nahezu vollständig erhaltene Fossilfunde bekannt sind, hatte sehr lange Unterschenkel, was auf eine laufende Lebensweise hinweist; dazu passen aber das lange und umfassende Federkleid und die Befiederung der Beine nicht, da diese beim Laufen eher hinderlich wären. Federn können eine Vielfalt verschiedener Funktionen ausüben (Stettenheim 2000). Wozu also hatte diese Gattung ein ausgebildetes Federkleid mit Konturfedern an Arm- und Handschwingen wie bei modernen Vögeln und war dennoch möglicherweise flugunfähig? (Hu et al. 2009) Der Bau der Federn und des Federkleides als Ganzes sowie der lange Steuerschwanz sprechen am ehesten für eine gemischte Boden-Baum-Lebensweise als Gleitflieger. Weitere Federmerkmale könnten Balz- und Territorialfunktion gehabt haben. Ein ausdauernder Läufer kann *Anchiornis* nicht gewesen sein. **Es ist fraglich, ob diese ungewöhnliche Merkmalskombination eine weitere Evolution in Richtung Vögel überhaupt gefördert haben kann.**

Handelt es sich vielleicht um eine Rückbildung, wie das auch bei einigen kreidezeitlichen Formen vermutet wird? Das aber wäre insofern evolutionstheoretisch problematisch, als *Anchiornis* auf ca. 160 Millionen Jahre und damit ca. 10 Millionen Jahre älter als *Archaeopteryx* datiert wird. Denn dann kämen ausgerechnet Formen mit rückgebildeten Federn in der stratigraphischen Abfolge unter den eindeutig befiederten Formen als erste, was eine evolutionäre Abfolge auf den Kopf stellen würde. Darauf deuten möglicherweise auch phylogenetische Analysen hin, wie im Folgenden dargestellt wird.

Vorläufer oder Rückbildung? Longrich et al. (2012) diskutieren eine zweite Schwierigkeit: Die phylogenetischen Positionen von *Archaeopteryx* und *Anchiornis* sind unsicher. Nach gegenwärtig gut begründeter, wenn auch unsicherer Deutung sind beide Gattungen am nächsten mit den Deinonychosauriden verwandt und befinden sich daher nicht in der Linie, die zu den Vögeln führt (vgl. Xu et al. 2011 und Fällt eine Ikone vom Sockel?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=174>). Sollte diese Position zutreffen, wären die langen, asymmetrischen Schwungfedern bei *Archaeopteryx* einerseits und bei modernen Vögeln andererseits konvergent entstanden (also zweimal unabhängig). Oder die kurzen symmetrischen Schwungfedern von *Anchiornis* sind abgeleitet (d. h. somit rückgebildet), mithin keine Vorläufer-Ausprägung. Es könnte aber auch das mehrlagige Feder-Arrangement für den *Archaeopteryx*-Deinonychosaurier-Zweig abgeleitet und nicht primitiv sein. Zudem hat der Dromaeosauride *Microraptor gui* lange, asymmetrische Handschwingen wie *Archaeopteryx* und wie die heute lebenden Neornithes (Deckfedern sind bei *Microraptor gui* unbekannt). *Microraptor* könnte die fortschrittliche Federmorphologie unabhängig erworben haben oder die Situation bei *Anchiornis* sich erneut als Rückbildung herausstellen (Longrich et al. 2012, 2264). Auf der Basis des gegenwärtigen Kenntnisstandes kann unter diesen Alternativen nicht die zutreffende bestimmt werden. Sie sind aber allesamt evolutionstheoretisch nicht unproblematisch.

Alternative? Aus den genannten Gründen bietet sich ein alternativer Ansatz an: Die Vielfalt von Formen hängt mit einer hohen Diversität von Lebensräumen zusammen, ohne eine phylogenetische Bedeutung zu haben. Die Lebensräume sind uns teilweise unbekannt, was das Verständnis der teilweise widersprüchlich erscheinenden Merkmalskonstellationen (s. o.) der jurassischen und unterkretazischen Formen aus dem mutmaßlichen „Dinosaurier-Vogel-

Übergangsfeld“ erschwert. Die Formenvielfalt erfordert jetzt bereits ein erhebliches Ausmaß an Konvergenzen und/oder Reversionen (mit Parallelentwicklungen als „Homoplasien“ begrifflich zusammengefasst). So müssen die Gattungen mit befiederten Vorder- und Hinterbeinen (*Anchiornis*, der Dromaeosauride *Microraptor* und die zu den Avialae gerechnete Gattung *Pedopenna*) verschiedenen Linien zugeordnet werden. Evolutionäre Mechanismen, die dieses gehäufte Auftreten von Homoplasien durch konkrete Szenarien plausibel machen könnten, sind bislang nicht beschrieben (vgl. Braun 2012; Junker 2003).

Es gibt Prüfmöglichkeiten für evolutionäre und ökologische Deutungen: Führen weitere Funde zu noch komplexeren Verwandtschaftsbeziehungen und einer weiteren Vernetzung von Merkmalsübereinstimmungen oder kristallisieren sich zunehmend stammesgeschichtliche Linien heraus? Und, sollte ersteres der Fall sein: Können evolutionäre Mechanismen nachgewiesen werden, die zu widersprüchlichen Merkmalsverteilungen führen?

Literatur

Alonso DP, Milner AC, Ketcham RA, Cookson JM & Rowe TM (2004) The avian nature of the brain and inner ear of *Archaeopteryx*. *Nature* 430, 666-669.

Braun HB (2012) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Int. J.* 19, 12-19.

Carney RM, Vinther J, Shawkey MD, D’Alba L & Ackermann J (2012) New evidence on the colour and nature of the isolated *Archaeopteryx* feather. *Nature Comm.* 3, Art.-No. 637, doi:10.1038/ncomms1642

Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.

Junker R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Int. J.* 10, 3-11.

Longrich NR, Vinther J, Meng Q, Li Q & Russell AP (2012) Primitive Wing Feather Arrangement in *Archaeopteryx lithographica* and *Anchiornis huxleyi*. *Curr. Biol.* 22, 2262-2267.

Nudds RL & Dyke GJ (2010a) Narrow Primary Feather Rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* Suggest Poor Flight Ability. *Science* 328, 887-889.

Nudds RL & Dyke GJ (2010b) Primary Feather Rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* Suggest Poor Flight Ability”. *Science* 330, 320d.

Paul GS (2010) Comment on “Narrow Primary Feather Rachises in *Confuciusornis* and *Archaeopteryx* Suggest Poor Flight Ability”. *Science* 330, 320b.

Stettenheim PR (2000) The integumentary morphology of modern birds; *Am. Zool.* 40, 461-477.

Xu X, You H, Du K & Han F (2011) An *Archaeopteryx*-like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465-470.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n193.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.12.11 Verzwickte Biogeographie des Hoatzins

Neue Fossilfunde der ungewöhnlichen Hoatzins (Schopfhühner) werfen Fragen nach ihrer Entstehung auf. Bisher hatte man angenommen, dass sie erst nach der Trennung von Afrika und Südamerika entstanden sind, doch Funde aus Namibia lassen nur zwei Schlussfolgerungen zu: Entweder die Hoatzins entstanden schon viel früher, sind dann aber über den größten Teil ihrer Geschichte fossil nicht belegt, oder sie haben den Atlantik auf Treibholz überquert, was aber fast schon einem Wunder gleich käme. Insgesamt passt die (paläo)geographische Verteilung der Hoatzins kaum zu Evolutionsszenarien.

Eine ungewöhnliche Vogelart in den tropischen Regenwäldern des nördlichen Südamerika ist der Hoatzin, auch Schopfhuhn genannt. Auffällig sind der kleine Kopf und eine mehrere Zentimeter lange Haube, dazu sind Hals und Schwanz sehr lang. Hoatzins erreichen eine Länge von bis zu 70 cm und werden bis zu knapp 1 kg schwer. Bei der Gefiederfärbung dominieren beige und braune Töne. Wegen ihrer schwachen Flugmuskulatur sind Hoatzins schlechte Flieger, aber auch die Beine werden kaum zur Fortbewegung genutzt, obwohl sie kräftig sind. Stattdessen kriechen sie und schieben sich durch das Geäst, eine für Vögel sehr eigenartige Fortbewegungsweise. Als weitere ungewöhnliche Merkmale besitzen Jungvögel Krallen an den Flügeln, die ihnen erlauben, auf allen Vieren im Geäst herumzuklettern, außerdem ein unter Vögeln einmaliges Verdauungssystem, das an Wiederkäuer erinnert. Die Verdauung der pflanzlichen Nahrung (hauptsächlich Blätter) findet im muskulösen Kropf und in der unteren Speiseröhre statt, nicht im Magen. Entsprechend ist der Kropf fünfzigmal so groß wie der Magen und macht 13 % des Gesamtgewichts des Vogels aus (Niethammer 1993). In diesen Merkmalen unterscheidet sich der Hoatzin von allen anderen Vögeln. Die schwach ausgeprägte Flugfähigkeit ist kein Ausdruck von Primitivität, sondern hängt mit dieser Ernährungsweise zusammen, da sie eine deutliche Verkleinerung des Brustbeins und damit der Flugmuskulatur erfordert. Auch die Krallen sind eher sekundäre Spezialisierungen als evolutionäre Überbleibsel (vgl. Niethammer 1993, 77).

Die Verwandtschaft des Hoatzins ist ungeklärt, auch unter Einbeziehung molekularer Merkmale (Hackett et al. 2008, Mayr et al. 2011). Daher wird er meist in eine eigene Ordnung (Opisthocomiformes) gestellt. Diverse vermutete Zugehörigkeiten (z. B. zu den Turakos, den Kuckucksvögeln, den Tauben oder den Hühnervögeln) wurden durch genetische Untersuchungen widerlegt (Hackett et al. 2008). Die evolutionäre Geschichte der Hoatzins ist unbekannt (Mayr et al. 2011). Bis vor kurzen war nicht nur das Verbreitungsgebiet der heute lebenden Opisthocomiformes auf Südamerika beschränkt, sondern auch das der fossilen Formen. Doch nun beschreiben Mayr et al. (2011) zwei neue Funde fossiler Opisthocomiformes aus Brasilien und – überraschenderweise – aus Namibia. Jeweils ein Oberarmknochen, Schulterblatt und Rabenschnabelbein aus dem Oligo-Miozän (22-24 Millionen Isotopenjahre) Brasiliens sind dem Schultergürtel des heutigen Hoatzin sehr ähnlich. Die Forscher schließen daraus, dass die spezialisierte Ernährung der Hoatzins bei dieser fossilen Form bereits verwirklicht war. Besonders bemerkenswert ist aber der Fund der Gattung *Namibiavis* aus dem Miozän Namibias (auf etwa 17 Millionen Isotopenjahre datiert). Fossile Knochen (drei Rabenschnabelbeine, sechs Oberarmknochen und ein Unterschenkelknochen) dieser Gattung waren schon seit einigen Jahren bekannt und bislang zu einer ausgestorbenen Familie der Kranichvögel gestellt worden. Eine genauere Untersuchung zeigte, dass diese Klassifikation fehlerhaft war, denn die Fossilien weisen charakteristische Knochenmerkmale von Hoatzins auf. Nun vermuten die Forscher, dass die Hoatzins nicht in Südamerika, sondern in Afrika entstanden sind.

Die geographische Verteilung wirft allerdings Fragen auf: **Wie gelangten die Hoatzins bzw. nah verwandte Vögel über den Atlantik von einem Kontinent zum anderen?** Afrika und Südamerika waren nach geologischen Befunden bereits vor 100 Millionen Isotopenjahren zur Kreidezeit weit voneinander getrennt. Dass diese Vogelgruppe damals schon existierte, wird im evolutionstheoretischen Rahmen nicht angenommen. Die Bewältigung einer so großen Flugdistanz ist für die kaum flugfähigen Vögel nicht möglich, auch wenn man annehmen würde, dass die miozänen Formen etwas besser fliegen konnten. Aufgrund des fossilen Materials schließen Mayr et al. (2011) jedoch aus, dass sie gute Flieger waren. Die Forscher nehmen daher an, dass sie den weiten Weg auf Treibholz-Inseln schafften; es handle sich um das erste Beispiel eines transatlantischen Raftings bei Vögeln. Doch diese Lösung des biogeographischen Problems ist nur aufgrund evolutionstheoretischer Voraussetzungen gefordert und kaum glaubwürdig. Die sich von Blättern ernährenden Vögel müssten einen ordentlichen Nahrungsvorrat auf ihrer Reise gehabt haben. Der Hinweis von Mayr et al., dass Rafting über eine so große Strecke schon länger auch bei Säugetieren und Reptilien angenommen werde, macht diese Annahme nicht glaubwürdiger, da die Begründung dieselbe ist: durch Ozeane getrennte geographische Verbreitung, nicht aber Kenntnisse darüber, dass und wie dies tatsächlich möglich ist. Heads (2009, 108) hält eine solche Überquerung für Primaten, bei denen ozeanweite Ausbreitung ebenfalls diskutiert wird, für ausgeschlossen.

Alternativ könnte man der Spur nachgehen, dass nicht fossil belegte Hoatzins schon viel früher als fossil belegt in geologisch nicht überlieferten Lebensräumen existierten, und zwar bereits vor der Kreidezeit, als die Kontinente noch nicht getrennt waren. Heads (2009) hält aufgrund der biogeographischen Verteilung die Annahme für geboten, dass ein Vorläufer der Primaten bereits im Jura vor 185 Millionen Isotopenjahren gelebt haben könnte. Das würde allerdings bedeuten, dass bei mehreren Formengruppen während der meisten Zeit ihrer Existenz fossile Belege fehlen. Ob solche Szenarien im Rahmen großer Zeiträume glaubhaft sind, kann man bezweifeln.

Literatur

Hackett SJ, Kimball RT, Reddy S, Bowie RCK, Braun EL, Braun MJ, Chojnowski JL, Cox WA, Han K-L, Harshman J, Huddleston CJ, Marks BD, Miglia KJ, Moore WS, Sheldon FH, Steadman DW, Witt CC & Yuri T (2008) A phylogenomic study of birds reveals their evolutionary history. *Science* 320, 1763-1767.

Heads M (2009) Evolution and biogeography of primates: a new model based on molecular phylogenetics, vicariance and plate tectonics. *Zoologica Scripta* 39, 107-127; doi: 10.1111/j.1463-6409.2009.00411.x

Mayr G, Alvarenga H & Mourer-Chauviré C (2011) Out of Africa: Fossils shed light on the origin of the hoatzin, an iconic Neotropical bird. *Naturwissenschaften* 98, 961-966.

Niethammer G (1993) Unterordnung Hoatzins. In: Grzimek B u. a. (Hg) Grzimeks Tierleben. Vögel 2. München, S. 76-78.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n179.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.08.11 Fällt eine Ikone vom Sockel?

Ein neuer Fund könnte den berühmten Urvogel *Archaeopteryx* degradieren

Ein neuer Fossilfund eines befiederten, etwa huhn großen Dinosauriers aus der Gruppe der Theropoden zeigt deutliche Ähnlichkeiten mit dem berühmten „Urvogel“ *Archaeopteryx*. Eine Merkmalsanalyse unter Einbeziehung dieser neuen Gattung führt zum Ergebnis, dass *Archaeopteryx* in die Gruppe der Deinonychosauria gestellt werden muss, die evolutionstheoretisch nicht als Vorläufergruppe der Vögel betrachtet werden kann. Damit würde *Archaeopteryx* seinen Status als „Urvogel“ verlieren. Dennoch sind die Konsequenzen für evolutionstheoretische Interpretationen eher gering. Die neue Gattung *Xiaotingia* vergrößert die Vielfalt früher befiederter Dinosaurier. Aufgrund des häufigen Auftretens von Mosaikformen mit Merkmalswidersprüchen und damit einhergehenden verbreiteten Konvergenzen* ergeben sich Probleme für das Verständnis evolutionärer Abläufe, andererseits ist diese Situation aus der Sicht des Schöpfungsparadigmas leichter verstehbar.

*Konvergenzen (= Entstehung ähnlicher Strukturen von unähnlichen Vorstadien)

Ausgerechnet zum 150. Geburtstag seiner Erstbeschreibung gibt es schlechte Nachrichten für den berühmten Urvogel *Archaeopteryx*: Er soll gar kein Vogel gewesen sein. Das gilt jedenfalls, wenn man den Untersuchungen an einem neuen Fund eines hühnergroßen, befiederten Dinosauriers – *Xiaotingia zenghi* – und den daran anknüpfenden Deutungen folgt, die eine chinesische Forschergruppe veröffentlicht hat (Xu et al. 2011; Bild unter <http://scienceblogs.com/pharyngula/upload/2011/07/xiaotingia.php>). *Xiaotingia* gehört zu den Theropoden, das sind zweibeinige, meist relativ kleine Raubdinosaurier, die evolutionstheoretisch in die nähere Verwandtschaft zu den Vögeln gestellt werden. Die stratigraphische und damit zeitliche Einordnung ist unsicher, da das Fossil von einem Fossilienhändler erworben wurde und daher der genaue Fundort unbekannt ist. Nach Auffassung von Xu et al. (2011) stammt der Fund aus der Tiaojishan-Formation des Oberjuras in der chinesischen Provinz Liaoning, diese Formation wird auf etwa 155 Millionen Jahre datiert, womit *Xiaotingia* geringfügig älter ist als *Archaeopteryx*.

„An icon knocked from its perch“ – Eine Ikone wurde von ihrem Ast gestoßen – mit dieser reißerischen Zeile überschreibt denn auch der Paläontologie Lawrence M. Witmer seinen Kommentar zur Originalarbeit von Xu et al. in *Nature*. Mit der „Ikone“ ist *Archaeopteryx* gemeint, von dem seit 1861 mindestens zehn Exemplare in den Plattenkalken des fränkischen Altmühltals gefunden wurden. In der Tat ist *Archaeopteryx* das Sinnbild für eine evolutionäre Übergangsform. Seinen Merkmalsmix aus reptiltypischen und vogeltypischen Merkmalen muss jeder Gymnasiast lernen, der das Fach Biologie bis zum Abitur belegt.

Warum soll *Archaeopteryx* „kein Vogel mehr“ sein?¹ Wie aber kommt es, dass *Archaeopteryx* seinen prominenten Platz als Urvogel verliert, ohne dass es eine einzige neue Erkenntnis über ihn gibt? Die Antwort liegt im Procedere der Cladistik, einem systematischen Verfahren, das auf der Basis von Merkmalsvergleichen die Organismen in ein Verzweigungsschema (ein sog. Cladogramm) bringt. Dieses stellt in evolutionstheoretischer Interpretation ein hypothetisches Abstammungsschema (ein Phylogramm) dar. (Für die nachfolgenden Ausführungen sei ein Blick auf das Cladogramm unter http://scienceblogs.com/pharyngula/upload/2011/07/bird_phylo.php sehr empfohlen!)

Bislang war *Archaeopteryx* an der Basis der Avialae (Vögel und verwandte Formen) platziert und damit evolutionstheoretisch als Urvogel interpretierbar. Durch den neuen Fund *Xiaotingia* verschieben sich jedoch die cladistischen Verwandtschaftsbeziehungen. *Xiaotingia* weist deutliche Ähnlichkeiten mit *Anchiornis* auf, der zu den Deinonychosauria gestellt wird, einer Gruppe der theropoden Dinosaurier, die nicht zu den Vögeln gehört und auch nicht zu den Vogelvorläufern gestellt wird. Aber auch mit *Archaeopteryx* teilt *Xiaotingia* so viele gemeinsame Merkmale, dass nun nach den Regeln der Cladistik auch der Urvogel – anders als bisher – ebenfalls zu den Deinonychosauria gestellt werden muss. Die drei Gattungen *Anchiornis*, *Xiaotingia* und *Archaeopteryx* werden innerhalb der Gruppe der Deinonychosauria als Archaeopterygidae zusammengefasst. **Die Archaeopterygidae und damit auch *Archaeopteryx* repräsentieren somit einen Zweig des Stammbaums, der nicht zu den Vögeln führt** (vgl. Abb. http://scienceblogs.com/pharyngula/upload/2011/07/bird_phylo.php).

Für die nahe Verwandtschaft von *Xiaotingia* mit *Archaeopteryx* werden u. a. die flache Schnauze, eine ausgedehnte Region hinter der Augenhöhle, die Form des Schlüsselbeins, extrem lange mittlere und letzte Fingerknochen, die spezialisierte zweite Zehe und Merkmale des Beckens genannt. (Details bei Xu et al. 2011, 467ff.) Frühe Vögel der Avialae haben deutlich andere Schädel.² Außerdem zeigt sich, dass viele Merkmale, die bislang als vogeltypisch galten, darunter die langen und robusten Vordergliedmaßen und der Besitz von Federn, weiter verbreitet waren und für die größere Gruppe der Paraves charakteristisch sind (Xu et al. 2011, 465). (Die Paraves umfassen die Avialae und die Deinonychosauria.)

Von *Xiaotingia* ist nur ein Exemplar bekannt, das insgesamt relativ gut erhalten ist. *Xiaotingia* hatte scharfe Zähne und Krallen am Ende der Vordergliedmaßen. Um das ganze Skelett herum sind schwache Federabdrücke erhalten, auch an den hinteren Extremitäten und in der Nähe von dessen Zehen, was auch von *Anchiornis* bekannt ist. *Xiaotingia* war also anders als *Archaeopteryx* vierflügelig. Vierflügelige Formen sind schon seit einigen Jahren auch aus der Gattung *Microraptor* bekannt (Xu et al. 2003). Leider sind die Federn zu schlecht erhalten, um irgendwelche Details an den Abdrücken erkennen zu können. Die Federn in der Nähe des Femur (Schienbein) sind mit über 5 cm Länge sehr lang.

Konsequenzen. Aus wissenschaftlicher Sicht sind die Konsequenzen aus dem neuen Fund eher gering. Verschiebungen in den Dendrogrammen aufgrund neuer Funde oder nochmaligen genaueren Untersuchungen gab es immer wieder und schon manche Arten wurden hin und her geschoben (Witmer 2011). **Wenn *Archaeopteryx* nicht mehr an der Basis der Avialae steht, vergrößert sich die Lücke im Bereich der frühen Vögel**, bemerkt P. Z. Myers auf seinem Blog (http://scienceblogs.com/pharyngula/2011/07/xiaotingia_zhengi.php). Andererseits löst sich ein Merkmalswiderspruch auf. *Archaeopteryx* hatte das Gebiss eines Räubers, während andere frühe Vogelfossilien Pflanzenfresser waren und in dieser Hinsicht besser mit mutmaßlichen Theropoden-Vorfahren verknüpft werden können (Witmer 2011, 459).

Die Bedeutung der Neupositionierung liegt jedoch eher darin, dass mit *Archaeopteryx* eine der bekanntesten fossilen Gattungen von einer solchen Umgruppierung betroffen ist und dies den Status als „Urvogel“ tangiert. Bei oberflächlicher Betrachtung könnte man meinen, dass ein evolutionäres Bindeglied gefallen ist, doch die Situation ist komplizierter. Denn *Archaeopteryx* stand schon lange nicht mehr alleine im Übergangsbereich von Reptilien und Vögeln. In den letzten etwa 30 Jahren wurden vor allem in China zahlreiche neue Fossilien von Vögeln und vogelähnlichen Dinosauriern entdeckt, so dass die Vielfalt der fossilen Formen an der Basis des evolutionären Stammbaums sich mittlerweile als schwer zu

entwirrendes Gestrüpp darstellt. *Modelle* für evolutionäre Übergangsformen sind also vorhanden. Die Indizien- und Deutungslage bezüglich der Frage nach Übergangsformen hat sich seit einiger Zeit bereits deutlich verschoben. Wo die evolutionstheoretischen Probleme heute liegen, sei nachfolgend erörtert.

Witmer (2011) schreibt in seinem Kommentar, die Grenzen zwischen den verschiedenen Gruppen, die an die Basis der Vogelevolution gestellt werden, seien zunehmend verwischt worden. Auf seinem Blog (<http://witmerlab.wordpress.com>) behauptet er darüber hinaus: „Eine Vorhersage von Evolution ist, dass die Arten sich zunehmend ähnlich und die Unterschiede unbedeutender werden, wenn wir in der Zeit zurück gehen und uns einem gemeinsamen Vorfahren annähern.“ Doch das stimmt so nicht mit der fossilen Befundsituation überein. Witmer selber setzt fort: „Es gab in einem massiven Umfang unabhängige Evolution (Homoplasie) verschiedener ausgetüftelter Eigenschaften, was es schwierig macht, den Knoten dieses evolutionären Beginns aufzutrennen ...“ Unter **Homoplasien** werden Konvergenzen*, Parallelentwicklungen und Rückentwicklungen zusammengefasst, also solche Ähnlichkeiten, die nicht auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden.

*Konvergenzen (= Entstehung ähnlicher Strukturen von unähnlichen Vorstadien)

Der fossile Befund zeigt also nicht zunehmende Ähnlichkeit an der Basis des mutmaßlichen evolutionären Stammbaums, es gibt vielmehr verschiedene Mosaikformen und **das erzwingt die Annahme zahlreicher Konvergenzen – diese machen ihrerseits die Taxonomie und die Zuordnung zu einzelnen Gruppen schwierig**. Xu et al. (2011, 465) schreiben, dass viele basale Avialae (Gruppe, die zu den häutigen Vögeln führt) sich „beträchtlich“ von *Archaeopteryx* unterscheiden. Die Forscher diskutieren eine Reihe von Merkmalen, die die Archaeopterygidae (*Archaeopteryx*, *Anchiornis* und *Xiaotingia*) einerseits mit anderen Deinonychosauria teilen, die sie andererseits von anderen basalen Avialae-Gruppen unterscheiden (Xu et al. 2011, 468f.). Xu et al. stellen aber auch wie Witmer fest, dass es viele funktional signifikante Homoplasien gebe und dass Homoplasien weit verbreitet seien. Viele auffällige anatomische Merkmale von *Xiaotingia* gebe es in verschiedenen Gruppen der Paraves. Und dieses Phänomen sei auch bei anderen größeren Übergängen bekannt.³ Vor einem Jahr berichteten Choiniere et al. (2010) über einen befiederten Alvarezsauriden (*Haplocheirus sollers*), der trotz der Befiederung weit von den mutmaßlichen Vogelvorläufern entfernt ist; auch diese Forscher konstatieren „extreme morphologische Konvergenzen“ (vgl. Junker 2010). Es muss immer wieder darauf hingewiesen werden, dass diese Situation evolutionstheoretisch unerwartet ist und Fragen nach den Mechanismen aufwirft, die *häufig* zu gleichen Merkmalen hätten führen können. Xu et al. (2011, 469) weisen darauf hin, dass wegen der zahlreichen Homoplasien der neue Stammbaum nur schwach gestützt ist. Witmer (2011, 459) bemerkt, dass der nächste Fund das Bild wieder umdrehen könnte.

All dies zeigt, dass Merkmale an sich keine verlässlichen Verwandtschaftsanzeiger sein können. Je nach Gesamtbefund werden bestimmte Ähnlichkeiten als Homologien (d. h. als Belege für gemeinsame Abstammung) oder als Homoplasien gewertet; das Pendel kann hin und her schlagen. Witmer schließt seinen Kommentar damit, dass evolutionäre Ursprünge nun mal chaotische Angelegenheiten („messy affairs“) seien.

Ob nun *Archaeopteryx* ein Vogel war oder nicht, ist Definitionssache und auch eine Frage der Methode, wie die Merkmalspektren der Arten dargestellt werden. Nach der cladistischen Analyse von Xu et al. befindet sich *Archaeopteryx* auf einem evolutionären Seitenast, der zu

einer Gruppe (Deinonychosauria) gehört, die nicht zu den heutigen Vögeln leitet. Wie erwähnt, kann der nächste Fund dies schon wieder ändern. Das Merkmalspektrum von *Archaeopteryx* ändert sich freilich nicht, solange keine neuen Funde von ihm gemacht werden. Und daher bleibt es dabei, dass *Archaeopteryx* flugtaugliche Federn, den Federn heutiger Vögel vergleichbar, und manche anderen vogeltypischen Merkmale hatte. Bevor weitreichende Schlüsse gezogen werden, sollte die monografische Bearbeitung abgewartet werden. Unklar ist auch, wie die paläobiogeographische Verteilung der Archaeopterygidae erklärt werden kann. *Archaeopteryx* sollte also nicht vorschnell als die „Urfeder“ abgeschrieben werden.

Und aus der Sicht der Schöpfungslehre? Zunächst muss auf eine eigentlich banale Selbstverständlichkeit hingewiesen werden: Ein Cladogramm ist nicht notwendigerweise ein Phylogramm. Man benötigt weder die Voraussetzung von Evolution, um ein Cladogramm aufzustellen, noch besteht die Notwendigkeit, ein Cladogramm als Phylogramm zu interpretieren. Cladogramme sind Ordnungsschemata, die evolutionstheoretisch interpretiert werden können. Und weiter ist das cladistische Verfahren zwar Standard, aber nicht konkurrenzlos. Wenn Homoplasien überhand nehmen, werden cladistische Ergebnisse unsicher (vgl. Anm. 3 und die von Xu et al. konstatierte schwache Stützung des neuen Cladogramms, s. o.). Cladogramme werden so konstruiert, dass möglichst wenige Homoplasien auftreten, da Homoplasien als relativ unwahrscheinlich gelten. Dies hängt mit den zugrundegelegten Vorstellungen über Evolutionsmechanismen zusammen. Könnte man Evolutionsmechanismen plausibel benennen, die Homoplasien wahrscheinlich machen, wäre dagegen dem Cladismus der Boden entzogen. In einer schöpfungsorientierten Perspektive kann man den Befund der verbreiteten Mosaikformen mit anderen Augen sehen und als Ausdruck eines Baukastensystems werten. Merkmale sind dann beliebig kombinierbar, sofern der Gesamtkomplex eine lebensfähige Art ergibt. Das Nebeneinander verschiedener Mosaikformen ist hier kein grundsätzliches Problem.

Es bleibt für die Schöpfungslehre aber – wie schon zuvor – die Frage nach den stratigraphischen Abfolgen: Warum ist die Vogelwelt im Jura und in der Kreide eine ganz andere als die im Tertiär?

Literatur

Choiniere JN, Xu X, Clark JM, Forster CA, Guo Y & Han F (2010) A Basal Alvarezsaurid Theropod from the Early Late Jurassic of Xinjiang, China. *Science* 327, 571-574.

Junker R (2010) Löst *Haplocheirus* das Zeit-Paradox der Vogelevolution? *Stud. Int. J.* 17, 36-38.

Witmer LM (2011) An icon knocked from its perch. *Nature* 475, 458-459.

Xu ZZ, Wang X, Kuang X, Zhang F & Du X (2003) Fourwinged dinosaurs from China. *Nature* 421, 335-340.

Xu X, You H, Du K & Han F (2011) An *Archaeopteryx*--like theropod from China and the origin of Avialae. *Nature* 475, 465-470.

Anmerkungen

¹ „In other words, *Archaeopteryx* was no longer a bird“ (Witmer 2011, 458).

² Vgl. auch <http://www.nature.com/news/2011/110727/full/news.2011.443.html>.

³ „This low support is partly caused by various homoplasies, many of which are functionally significant, that are widely distributed across coelurosaurian phylogeny. *Xiaotingia* possesses salient anatomical features also seen in different paravian taxa, further highlighting the phenomenon of widespread homoplasy. This phenomenon is also seen in some other major transitions, including the origins of major mammalian groups, and creates difficulties in recovering robust phylogenies“ (Xu et al. 2011, 467).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n174.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.02.10 Löst Haplocheirus das Zeit-Paradox der Vogelevolution?

Der Fund eines Alvarezsauriden der Gattung *Haplocheirus* scheint ein Paradox der Vogelevolution zu lösen, das darin besteht, dass die am ehesten als Vogelvorfahren geeigneten Formen später in der Fossilabfolge auftauchen als die ältesten Vögel. *Haplocheirus* könnte einfache Federn gehabt haben und wird etwa 15 Millionen Jahre älter datiert als der „Urvogel“ *Archaeopteryx*. *Haplocheirus* kann jedoch aufgrund spezialisierter Merkmale nicht zu den Vogelvorfahren gestellt werden. Für die Frage nach der evolutiven Entstehung der Vögel ist mit dem neuen Fund außer einer gewissen Entschärfung des Zeit-Paradoxons nichts gewonnen. Vielmehr trägt *Haplocheirus* weiter dazu bei, dass „extreme morphologische Konvergenzen“ (Choiniere et al. 2010, 571), also die unabhängige Entstehung gemeinsamer Merkmale, angenommen werden müssen.

Kürzlich berichteten Wissenschaftler um Xing Xu vom Institute of Vertebrate Paleontology Beijing von einem in mehrfacher Hinsicht bemerkenswerten Fund eines Alvarezsauriers (Choiniere et al. 2010). Diese Gruppe wird zur Theropoden-Dinosaurier-Gruppe der Maniraptora gestellt, aus denen sich nach verbreiteter Auffassung die Vögel entwickelt haben sollen. Bislang wurden die schlanken und langbeinigen, wegen ihrer kurzen, spezialisierten Vorderextremitäten rätselhaften Alvarezsauriden allerdings als flugunfähig gewordene Nachkommen von Vögeln angesehen, denn sie weisen im Skelettbau eine Reihe von Gemeinsamkeiten mit den Vögeln auf: ein kleines Brustbein mit einer Brustbeinleiste, die Verschmelzung von Handwurzel- und Mittelhandknochen und federartige Strukturen bei der Gattung *Shuvuuia*. Die Vorderextremitäten sind aber für einen Flug viel zu kurz. Die Alvarezsauriden kannte man bislang erst aus Schichtfolgen, die sehr viel jünger sind als die ältesten Vögel. Die Vorderbeine waren, unterstützt von starken Brust- und Armmuskeln, sehr wahrscheinlich zum Graben nach staatenbildenden Insekten geeignet. Der stark vergrößerte Daumen besaß eine Klaue, während die beiden anderen Finger stark reduziert waren.

Eine zum Graben spezialisierte Hand besaß auch der neue Fund aus dieser Gruppe, *Haplocheirus sollers*; der Name bedeutet etwa „einfache geschickte Hand“. Dieser Fund ist deshalb besonders bemerkenswert, weil er in Schichtfolgen des unteren Oberjura der Wüste Gobi (China) gefunden wurde, die auf etwa 160 Millionen Jahre datiert werden (Choiniere et al. 2010). Diese Schichten sind damit ca. 15 Millionen Jahre älter als der berühmte Urvogel *Archaeopteryx* aus dem obersten Oberjura (Tithonium-Stufe) Frankens. Bislang waren gut erhaltene Fossilien, die am ehesten als Vorfahrenkandidaten der Vögel interpretiert werden konnten, in Schichtfolgen gefunden worden, die *jünger* (oft deutlich jünger) als der Oberjura sind. Das betraf auch Fossilien, die Federn oder federartige Strukturen besaßen (deren Interpretation teilweise umstritten ist). Dieses „Zeit-Paradox“ – vereinfacht: Die Vorfahren der Vögel erscheinen fossil *nach* den Vögeln – ist viel diskutiert

worden. Solche unpassenden Abfolgen können natürlich immer auf Lücken in der Fossilüberlieferung zurückgeführt werden. Für manche Kritiker ist dieses Zeit-Paradox aber auch einer der Gründe, die evolutive Abfolge Dinosaurier -> Vögel anzuzweifeln; die Gemeinsamkeiten vieler Theropoden mit den Vögeln werden von ihnen als Konvergenzen angesehen (also als unabhängig entstandene Gemeinsamkeiten, die keine Hinweise auf gemeinsame Vorfahren sind). (Dass diese Gemeinsamkeiten auch abgesehen von den stratigraphischen Fundhorizonten genausogut Konvergenzen sein könnten, wird auch durch eine neue cladistische Studie gezeigt [James & Pourtless 2009].)

Nun scheint dieses Zeit-Paradox mit dem Fund von *Haplocheirus* aufgelöst zu sein, und zwar „ein für alle Mal“, wird der Paläontologe Hans-Dieter Sues von Stone (2010) zitiert. Auch die Deutung, es handle sich um flugunfähig gewordene Vögel sei damit definitiv erledigt, zumal *Haplocheirus* einige vogelähnliche Merkmale fehlen, die die viel jüngeren Funde zeigen (Choiniere 2010; Stone 2010). *Haplocheirus* besitzt möglicherweise federartige Strukturen an den Armen (so in einer Rekonstruktion bei Stone 2010). **Die zahlreichen Gemeinsamkeiten zwischen den jüngeren Alvarezsauriden und Vögeln müssen daher konvergent entstanden sein.** Einmal mehr wird deutlich, wie unsicher die Schlüsse sind, die aus Merkmalsübereinstimmungen gezogen werden.

Doch ist das Zeit-Paradox damit wirklich gelöst? Ja – insofern, als ein Vertreter aus der Gruppe der Maniraptora in älteren Schichtfolgen gefunden wurde. In dieser Gruppe werden am ehesten die Vogelvorfahren gesucht. Die Beschreiber des Fundes, Choiniere et al. (2010), stellen *Haplocheirus* jedoch nicht in die verwandtschaftliche Nähe von *Archaeopteryx* und der Linie, die zu den Vögeln führen soll. Die zum Graben spezialisierten Vorderbeine, die auch *Haplocheirus* besaß, sind zudem nicht gerade eine passende Vorläuferstruktur für Flügel. Als Form, die zu den Vögeln überleitet, kann *Haplocheirus* also nicht interpretiert werden. Ungewöhnlich ist auch die Größe. Der Schwanz ist zwar nicht erhalten, aber aus dem Kopf und Rumpf kann eine Körpergröße von 190-230 cm geschlossen werden, womit diese Gattung die größte unter den Alvarezsauriden ist. Daraus ergibt sich in dieser Gruppe ein phylogenetischer Trend hin zu kleineren Formen, was unter Dinosauriern ungewöhnlich ist. Bemerkenswert bei diesem Fund ist auch die große zeitliche Lücke zu den kreidezeitlichen Formen dieser Familie; sie beträgt 63 Millionen Jahre nach radiometrischen Datierungen, womit eine lange sogenannte „Geisterlinie“ („ghost range“) angenommen werden muss.

Für die Frage nach der evolutiven Entstehung der Vögel ist mit dem neuen Fund außer einer gewissen Entschärfung des Zeit-Paradoxons nichts gewonnen. Es ist nun klar, dass die Alvarezsauriden als eine zur Vogellinie parallele Linie angesehen werden müssen, deren Merkmalsübereinstimmungen nicht auf Abstammung von den Vögeln zurückgeführt werden können. Vielmehr müssen sie als „extreme morphologische Konvergenzen“ (Choiniere et al. 2010, 571) interpretiert werden – ein Umstand, der evolutionäre Deutungen nicht gerade erleichtert. Der Fund hilft aber zum Verständnis der (Mikro-?)Evolution der Alvarezsauriden, da die Vorderbeine (mit längerem Arm und etwas kürzerer Klaue) und andere Merkmale als

Vorfahrenstadium der oberkreidezeitlichen Vertreter dieser Gruppe angesehen werden können.

Literatur

Stone R (2010) Bird-Dinosaurier Link Formed Up, And in Brilliant Technicolor. *Science* 327, 508.

Choiniere JN, Xu X, Clark JM, Forster CA, Guo Y & Han F (2010) A Basal Alvarezsauroid Theropod from the Early Late Jurassic of Xinjiang, China. *Science* 327, 571-574.

James FC & Pourtless IV JA (2009) Cladistics and the Origin of Birds: A Review and Two New Analyses. *Ornithological Monographs* 66, 1-78.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n143.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.10.09 Vierflügelige Vögel am Anfang?

Der Fund eines vierflügeligen Vogels scheint eine evolutionstheoretische Vorhersage zur Entstehung der Vögel zu bestätigen, aber er stellt auch bisherige Vorstellungen in Frage. Das neu entdeckte Exemplar aus der Gattung *Anchiornis* besaß gut ausgebildete Federn und ist älter als der bisher älteste unumstrittene Vogel, der „Urvogel“ *Archaeopteryx*. Ein solcher Fund war erwartet worden. Das „zeitliche Paradox“, dass Formen mit gut ausgebildeten Federn vor solchen mit sogenannten Protofedern fossil auftauchen, löst dieser Fund jedoch nicht. *Anchiornis* stützt die Hypothese, dass am Anfang der Vogelevolution vierflügelige Formen standen. Die zuletzt favorisierte Hypothese, dass der Vogelflug ausgehend von schnell laufenden zweibeinigen Dinosauriern erworben wurde, wird damit in Frage gestellt.

In den letzten Monaten wurde eine Reihe von Entdeckungen gemacht, die neue Bausteine zur Kenntnis über die ältesten Vögel beisteuerten. Manche entsprechen teilweise evolutionstheoretischen Erwartungen, andere sind diesbezüglich eher überraschend (vgl. „Vögel doch nicht Nachfahren der Dinos?“ <http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-10026-2009-06-10.html> und Wellnhofer 2009).

Als lang gesuchter Mosaikstein in der Evolution der Vögel wird die Gattung *Anchiornis* gewertet, von der kürzlich ein sehr gut erhaltenes Exemplar beschrieben wurde (Hu et al. 2009). Bisher hatte die unter Evolutionsforschern fast einhellig vertretene Theorie, dass Vögel von zweibeinig sich fortbewegenden Raubdinosauriern (Theropoden) abstammen, mit einem „zeitlichen Paradox“ zu kämpfen. Denn es sind zwar zahlreiche Theropoden bekannt, die Federn oder (z. T. umstrittene) federähnliche Strukturen besaßen, aber sie wurden alle in meist deutlich jüngeren Schichten als der sogenannte „Urvogel“ *Archaeopteryx* entdeckt. Dessen Federn aber gleichen im Wesentlichen den Federn heutiger Vögel. Man konnte daher erwarten, dass Formen mit Federvorstufen in Schichten zu finden sein sollten, die älter sind als die Oberjuraschichten des Altmühltals, in denen die *Archaeopteryx*-Fossilien entdeckt wurden.

Der als vogelähnlicher Dinosaurier bezeichnete *Anchiornis huxleyi* erfüllt nun einerseits diese Erwartung, denn der neue Fund dieser Gattung stammt aus Schichten, die etwas älter als *Archaeopteryx* sind (Beginn des Oberjura, datiert auf 151-161 Millionen Jahre). **Andererseits ist diese Gattung vierflügelig, was nicht ohne Weiteres den Erwartungen für Vogelvorfahren entspricht** (s. u.). Das zur Familie der Troodontidae gerechnete Tier hatte gut ausgebildete Federn an Armen und Beinen und damit vier Flügel, ähnlich wie der Dromaeosaurier *Microraptor*. und die Gattung *Pedopenna*, die zu den Avialae gerechnet wird. Vorderarm, Hand, Unterschenkel und Fuß hatten jeweils 10-13 lange Schwungfedern. Anders als bei *Archaeopteryx* und bei *Microraptor* lag der breitere Teil des Flügels zum Körperzentrum hin. Dennoch halten die Beschreiber Hu et al. (2009) *Anchiornis* nicht für flugfähig, da die sehr langen Unterschenkel eher auf eine laufende

Lebensweise hinweisen würden. Das lange und umfassende Federkleid passe allerdings wiederum dazu nicht.

Federn an den Beinen kommen bei vielen heutigen Vögeln wie auch sehr wahrscheinlich bei *Archaeopteryx* vor und haben Schutzfunktion und dienen dem Wärmehaushalt. Sie sind dort aber nicht wie bei *Anchiornis*, *Microraptor* und *Pedopenna* in einer zusammenhängenden ebenen Oberfläche angeordnet. Daher ist zu vermuten, dass die Beinfedern dieser fossilen Formen eine andere Funktion hatten, vermuten Hu et al. (2009).

Da die Federn gut ausgebildet sind, bleibt es aber auch mit diesem neuen Fund beim oben erwähnten zeitlichen Paradox, dass Fossilien mit als Protofedern interpretierbaren Strukturen erst deutlich später bekannt sind als solche mit „fertigen“ Federn. (Die Interpretation als „Protofedern“ ist zudem nicht gesichert; vgl. <https://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-5.html>.)

Die bisher bekannten vierflügeligen Formen unter den vogelähnlichen Dinosauriern sind nicht näher miteinander verwandt (Hu et al. 2009, Witmer 2009). Ihre weite taxonomische Verbreitung spricht evolutionstheoretisch betrachtet dafür, dass die Vorfahren der Vögel vierflügelig waren. Diese Hypothese war mit der 2003 entdeckten Gattung *Microraptor* diskutabel geworden (damals übrigens eine völlig unerwartete Entdeckung, wie Witmer vermerkt). Solange mit *Microraptor* nur eine einzige vierflügelige Gattung bekannt war, neigte man dazu, vierflügelige Formen als gescheitertes frühes „Experiment“ der Vogelevolution anzusehen. Mit den weiteren Funden hat sich die Situation nun geändert. Allerdings ist damit die Vorstellung fragwürdig geworden, dass die Vögel von zweibeinig laufenden Theropoden abzuleiten sind. Denn gut ausgebildete Federn an den Beinen passen kaum zu schnellen Läufern. Schneller Lauf gilt aber eine Voraussetzung für die Entstehung des Flugs, ausgehend vom Boden. Damit steigt die Baumtheorie der Flugentstehung wieder im Kurs. Witmer hält die Frage nach der Entstehungsweise des Vogelflugs wieder für offen. Wie *Anchiornis* geschickt und schnell mit langen Federn laufen konnte (wofür eigentlich die langen Beine sprechen), erfordere „ernsthafte Überlegungen“.

Bemerkenswert ist auch, dass es offenbar mosaikartig verteilte

Merkmalskonstellationen bei den frühen vierflügeligen Formen gibt; Witmer spricht von einem „mix-and-match“ und Hu et al. (2009, 462) konstatieren ein komplexes Muster der **morphologischen** (= die Gestalt betreffend) Evolution und eine schnelle **Diversifizierung** (= Verschiedenwerden) im Mittel- und frühen Oberjura, die im Zusammenhang mit **paläogeographischen** (= Geographie in geologischer Vergangenheit) Veränderungen stehen könnte. Die drei vierflügeligen Gattungen sind nach cladistischen Analysen auf verschiedenen evolutiven Ästen angesiedelt; der neue Fund kommt als Vorfahre von *Archaeopteryx* nicht in Frage (Witmer 2009).

Die rasch auftretende Formenvielfalt früher Vögel und die mosaikartige Merkmalsverteilung könnten als Indizien für ein nicht-evolutionäres, ökologisches Szenario gewertet werden: Das Heraustreten bereits existenter Formen aus geologisch nicht überlieferten Lebensräumen

(Stephan 2002) und eine anfangs größere Vielfalt von Formen. Gerade die in den letzten Jahrzehnten explosiv zugenommene Vielfalt fossiler Vögel und vogelähnlicher Dinosaurier zeigt bunte Merkmalsmosaiken, die evolutionstheoretisch zahlreiche Konvergenzen und Rückentwicklungen (z. B. auch den mehrfachen Verlust von Flugfähigkeit) erfordern. Außerdem muss eine schnelle Differenzierung angenommen werden (s. o.). Kürzlich wurde auch eine Studie über vogelartige Spuren veröffentlicht, die am ehesten und zwanglos als Spuren von Strandvögeln interpretiert werden können (Genise et al. 2009). Sie werden aber ca. 50 Millionen Jahre älter datiert als *Archaeopteryx* und der hier vorgestellte *Anchiornis* – ein Hinweis auf geologisch nicht überlieferte Lebensräume? Ein solches Szenario würde unterstützt, wenn gezeigt werden könnte, dass die betreffenden Fundschichten schnell entstanden sind und das Auftreten der Formenvielfalt in einen kurzen Zeitrahmen gestellt werden kann. Dies kann derzeit aber nur als Projekt für die Schöpfungsforschung formuliert werden.

Literatur

- Genise JF, Melchor RN, Archangelsky M, Bala LO, Straneck R & de Valais S (2009) Application of neoichnological studies to behavioural and taphonomic interpretation of fossil bird-like tracks from lacustrine settings: The Late Triassic–Early Jurassic? Santo Domingo Formation, Argentina. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 272, 143-161.
- Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.
- Stephan M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Holzgerlingen.
- Wellnhofer P (2009) Protofedern bei Vogelbeckensauriern? *Nat. Rdsch.* 62, 311-312.
- Witmer LM (2009) Feathered dinosaurs in a tangle. *Nature* 461, 601-602.
- Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n137.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.07.09 Proteinfragmente aus Dino-Fossilien klar bestätigt

Ein Team um die Paläontologin Mary Schweitzer hatte 2007 mit einer Veröffentlichung Aufsehen erregt, in der sie Analysen eines fossilen Oberschenkelknochens von *Tyrannosaurus rex* aus der Kreide so interpretieren, dass in den ca. 68 Millionen Jahre alten Fossilien noch **Fragmente** (= Bruchstücke) von Proteinen erhalten seien (vgl. **Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von Tyrannosaurus rex**,

<https://www.genesisnet.info/index.php?News=82>). Nachdem bereits zuvor flexibles Gewebe aus dem fossilen Knochen isoliert und beschrieben worden war, hatten die Autoren mit massenspektrometrischen Methoden **Peptide** (= kurze Kette aus Aminosäuren) von **Kollagen** (= Strukturprotein des Bindegewebes) identifiziert. Die Arbeit löste intensive und kontroverse Diskussionen aus, da nach bisherigen Erkenntnissen und Erfahrungen die chemisch wenig stabilen Proteine die Prozesse der Fossilisierung und lange Lagerzeit in den Sedimentschichten nicht überdauern.

Nun legen Schweitzer et al. (2009) eine weitere Arbeit nach, in der sie den fossilen Hadrosaurier *Brachylophosaurus canadensis* (Entenschnabelsaurier) aus der Oberkreide untersuchen. Das Alter geben die Autoren mit ca. 80 Millionen radiometrischen Jahren an. Die Fossilien wurden unter größtmöglichen Vorsichtsmaßnahmen geborgen, im Labor präpariert und untersucht. Auch aus den *B. canadensis*-Fossilien konnte flexibles Gewebe isoliert werden, das aufgrund seiner mikroskopischen Charakterisierung nicht auf Mikroorganismen (Biofilm) zurückzuführen ist, die das Fossil besiedelt haben.

Immunologische Studien an Extrakten oder an demineralisierten Proben des Fossils ergaben, dass verschiedene Antikörper gegen Kollagen sowie auch solche gegen Proteine, die in Blutgefäßen vorkommen (Elastin, Laminin und Hämoglobin) positive Reaktionen zeigten. Zur Absicherung der Ergebnisse wurden die Untersuchungen unabhängig in verschiedenen Laboratorien vorgenommen; sie erbrachten weitgehend übereinstimmende Resultate.

Schweitzer et al. versuchten dann massenspektrometrisch Hinweise auf Proteinfragmente in Extrakten aus den Fossilien zu finden. Sie konnten acht Peptide mit insgesamt 149 Aminosäuren finden, die sie aufgrund umfangreicher Analysen als Kollagenfragmente identifizieren konnten. In einem zweiten Labor konnten drei der acht Peptide ebenfalls nachgewiesen und damit das Resultat bestätigt werden. Alle Peptide enthalten Hydroxyprolin, das aus Proteinen von Mikroorganismen nicht bekannt ist. Dies werten die Autoren ebenfalls als Hinweis darauf, dass die Peptide tatsächlich aus Dinosauriergewebe stammen.

In vergleichenden Sequenzanalysen wurden die Kollagenfragmente der beiden Dinosaurier tatsächlich den Archosauria zugeordnet, dazu gehören auch Vögel und Alligatoren, dies stützt ebenfalls die behauptete Authentizität der Peptide.

Mit dieser eindrucksvollen Arbeit, die in Kommentaren auch von Kritikern der ersten Veröffentlichung ausdrücklich geschätzt wird, haben Schweitzer et al. die Anwendbarkeit

molekularbiologischer Methoden in der paläontologischen Forschung bestätigt. Die Autoren stellen jedoch auch in dieser Publikation abschließend fest, dass die Chemie dieser außerordentlichen Erhaltung von Peptiden noch nicht verstanden ist und weiterer Forschung bedarf. Denn bisherige Erkenntnisse lassen nicht erwarten, dass Proteinverbindungen über einen Zeitraum von Jahrmillionen erhalten bleiben können.

Quelle:

Schweiter MH, Zheng W, Organ CL, Avci R, Suo Z, Freimark LM, Lebleu VS, Duncan MB, Vander Heiden MG, Neveu JM, Lane WS, Cottrell JS, Horner JR, Cantley LC, Kalluri R & Asara JM (2009) Biomolecular characterization and protein sequence of the Campanian hadrosaur *B. canadensis*. *Science* 324, 626-630.

Hinweis: Eine ausführliche Beschreibung und Wertung der Befunde wird in der Herbstausgabe von *Studium Integrale Journal* veröffentlicht.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n134.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.08.08 Gewebereste in Dinosaurier-Fossilien – kontroverse Diskussion der Befunde

Die Aufsehen erregende Publikation von Schweitzer et al. (2005; s. auch Binder 2005, 2007) über flexible Gewebereste aus dem Oberschenkelknochen eines *T. rex* wurde 2006 auf einer Tagung der Society of Vertebrate Paleontology in Ottawa kontrovers diskutiert (Stokstad 2006). Wir berichteten auch an dieser Stelle („Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von Tyrannosaurus rex“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=82>). Nun haben Kaye und Mitarbeiter (2008) eigene Studien vorgestellt, die alternative Interpretationen nahelegen scheinen. Die Autoren untersuchten Fossilien aus verschiedenen Lagerstätten mit elektronenmikroskopischen Techniken. Damit konnten sie zunächst die Befunde von Schweitzer et al (2005) bestätigen: auch sie fanden zellähnliche Strukturen innerhalb kleiner Kanälchen. Die zellähnlichen Kugeln fanden sie jedoch ebenfalls in wesentlich schlechter erhaltenen Fossilien und auch in Ammoniten, was eine Identifikation mit Blutzellen nicht unterstützt bzw. sogar ausschließt. Kaye et al. (2008) sprechen sie als Framboide an, das sind himbeerförmige Pyrit (FeS_2)-Strukturen, die mit einem Durchmesser von ca. 20 μm im Größenbereich von Zellen liegen. In den mit Fossilien assoziierten Framboiden kann allerdings kein Schwefel nachgewiesen werden. Aus geologischen Studien sind Framboide aus der Umgebung von „Black Smokers“ (mineralreiche heiße Tiefseequellen), Algenmatten und Sedimenten beschrieben, wobei auch Hinweise vorliegen, dass der Schwefelanteil in Folge von Verwitterungsprozesse komplett durch Eisenoxid (Fe_xO_y) ersetzt sein kann.

Für ihren Vorschlag, dass die als flexible Gewebereste interpretierten Komponenten aus den *T. rex*-Fossilien auf **Biofilme*** zurückzuführen seien, legen die Autoren ebenfalls entsprechende Befunde vor. Kaye et al. interpretieren rissartige Strukturen, die in mikroskopischen Aufnahmen an im Labor aufgebrochenen Fossilien dokumentiert sind, als von Mikroorganismen in einem Biofilm verursachte Rinnen, die auch Verzweigungen aufweisen können. Auch sie konnten durch Auflösen der Mineralbestandteile der Fossilien z.T. flexible, verzweigte, röhrenartige Strukturen isolieren. Eine radiometrische Datierung (^{14}C) ergab jedoch ein modernes Alter. Nach den Vorstellungen von Kaye et al. (2008) sind solche Biofilme, die Kanäle von Gefäßen auskleiden, Ursache für den Befund von flexiblen gewebeartigen Rückständen in den Fossilien nach Auflösung ihrer mineralischen Anteile.

*Biofilme (= eine dünne Schleimschicht, die sich an Grenzflächen in wässrigen Systemen bildet. Sie besteht neben verschiedenen Mikroorganismen (Bakterien, Algen, Pilze, ...) aus von diesen ausgeschiedenen Polymeren (Polysaccharide, Proteine, Lipide, Nukleinsäuren), die eine kompakte Matrix bilden in der die Mikroben auch widrige Umweltbedingungen überleben können.)

Sind Framboide mit Biofilmen überzogen, so ist deren Identifikation erschwert.

Die Beteiligung von Biofilmen beim Prozess der Fossilisation wird bereits seit langer Zeit diskutiert, wobei die komplexen Abläufe nach wie vor wenig verstanden sind.

Mit dieser jüngsten Arbeit präsentieren also Kaye et al. mit ihren Befunden den Vorschlag, dass diese hauptsächlich durch mikrobiologische Aktivität (Biofilm) und anorganische geochemische Prozesse (Framboide) zu erklären sind. Mary Schweitzer dagegen verteidigt in ersten Stellungnahmen (Zimmer 2008, Hecht 2008) ihre ursprüngliche Interpretation der flexiblen Bestandteile als erhaltenes Gewebe von Dinosauriern. Sie hält Kaye et al. entgegen, dass mikrobielle Biofilme nicht erklären, warum vogelähnliche Proteinfragmente

nachgewiesen werden könnten; auch bezweifelt sie, dass Bakterien die mikroskopischen Röhren gebildet haben können.

Man darf also gespannt auf Resultate weiterer Untersuchungen warten. Selbst wenn sich mikrobielle Aktivität als Ursache für die flexiblen Bestandteile der Fossilien in zukünftigen Untersuchungen bestätigen sollte, bleiben viele offene Fragen, z. B.: Wie können sich unter solchen Bedingungen überhaupt ausnehmend gut erhaltene Fossilien bilden? Warum sind Fragmente (ursprünglicher?) Proteine noch nachweisbar? Wenn Pyrit kristallisieren (Framboidbildung) und anschließend mit Biofilm überzogen werden kann, wie kann unter solchen Bedingungen fossile Erhaltung erfolgen?

Die gegenwärtige Diskussion zeigt jedoch einmal mehr, dass man bei der Interpretation fossiler Befunde – auch gerade dort, wo modernste und hochempfindliche Analysemethoden zum Einsatz kommen – sehr vorsichtig vorgehen und viele Aspekte berücksichtigen muss. Die Diskussion belegt ebenso aufs Neue, wie wenig wir im Grunde genommen die an der Fossilisation beteiligten Prozesse verstanden haben. Hier ist ein unabsehbar weites Feld für weitere Forschung offen.

Quellen

Binder H (2005) Elastisches Gewebe aus fossilen Dinosaurierknochen. *Stud. Int. J.* 12, 72-73. (online: <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg12/heft2/sij122-5.html>)

Binder H (2007) Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von *Tyrannosaurus rex*. *Stud. Int. J.* 14, 72-73.

Hecht J (2008) T. rex 'tissue' may be bacterial scum. New Scientist.com news service.

http://www.newscientist.com/article/dn14427-t-rex-tissue-may-just-be-bacterial-scum.html?DCMP=ILC-hmts&nsref=news4_head_dn14427

Kaye TG, Gaugler G, Sawlowicz Z (2008) Dinosaurian Soft Tissues Interpreted as Bacterial Biofilms. *PLoS ONE* 3(7): e2808. doi:10.1371/journal.pone.0002808

Schweitzer MH, Wittmeyer JL, Horner JR & Toporski JK (2005) Soft-tissue vessels and cellular preservation in *Tyrannosaurus rex*. *Science* 307, 1952-1955.

Stokstad E (2006) Soft Tissue in dinosaur fossils? The evidence hardens. *Science* 314, 920.

Zimmer C (2008) Is dinosaur 'soft tissue' really slime? *Science* 321, 623.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n117.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.06.08 Dinohand zu Vogelflügel?

Ein kontroverses Thema der Evolutionsforschung ist die hypothetische stammesgeschichtliche Verbindung zwischen Theropoden-Dinosauriern und Vögeln. Dass die heutigen Vögel der letzte übriggebliebene Ast des Dinosaurier-Stammbaums sind, gilt für viele als nahezu bewiesen. Doch manche Merkmale sperren sich gegen diese Deutung. Dazu gehört der Bau der Dinohand, aus der der Vogelflügel evolutionstheoretisch abgeleitet wird. Henrik Ullrich hat die einschlägigen Arbeiten zu diesem Thema gesichtet und die Ergebnisse kürzlich in der Zeitschrift *Studium Integrale Journal* (<http://www.wort-und-wissen.de/sij>) veröffentlicht. Er kommt zum Ergebnis, dass die Befunde eine vielfältige und sehr kontroverse Deutung erlauben und kein klares Bild ergeben. Einmal mehr zeigt sich, dass je nach Perspektive verschiedene, sich widersprechende Homologiezuweisungen resultieren. (Zum Thema „Homologie“ siehe „Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>) Ein Schlüssel zur Bestimmung der „korrekten“ stammesgeschichtlich relevanten Homologie liegt aber nicht vor. **Damit liefert der Vergleich von Dinohand und Vogelflügel keinen unabhängigen Beleg für eine gemeinsame Abstammung.**

Wir veröffentlichen nachfolgend die Zusammenfassung seines Artikels.

„**Zusammenfassung:** Die phylogenetische Ableitung der Vögel aus einer Gruppe der Theropoden-Dinosaurier zählt zu einem häufig zitierten und wichtigen Baustein in evolutionären Modellvorstellungen. Betrachtet man aber im Detail die dafür relevanten Befunde, trübt sich das scheinbar klare Bild schnell ein, denn die Befunde erlauben eine vielfältige und kontroverse Deutung. In diesem Artikel werden relevante Daten aus der Embryologie zur Gliedmaßen-Entwicklung bei Wirbeltieren vorgestellt. Deren Bedeutung für Homologie-Betrachtungen und für kausale Erklärungsansätze im Rahmen moderner Evo-Devo Konzepte werden diskutiert. Die große Spannweite der diesbezüglich in der Literatur äußerst kontrovers vertretenen hypothetischen Vorstellungen führt beim gegenwärtigen Stand des Wissens zu folgenden Schlussfolgerungen:

1. Es fehlt ein methodisch sicheres Kriterium, um aus mehreren möglichen Homologie-Zuweisungen auf der Basis embryologischer und paläontologischer Daten die phylogenetisch relevante zu extrahieren. Keine der vorgestellten Ansätze kann deshalb für sich ein höheres Maß an Plausibilität beanspruchen als andere. Die Homologie-Beziehungen zwischen dem Vogelflügel und der vorderen Extremität von Dinosauriern bleiben unter phylogenetischer (= stammesgeschichtlicher) Perspektive auch nach 150 Jahren Evolutionsforschung unklar.

2. Die kausalen Erklärungsversuche zur Entstehung des Grundbauplans des Vogelflügels auf der Grundlage der Synthetischen Evolutionstheorie sowie unter Rückgriff auf neue Ansätze der evolutionären Entwicklungsbiologie („Evo-Devo“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>) sind als spekulative Extrapolationen von Details des verfügbaren embryologischen bzw. molekulargenetischen Wissens zu werten.

3. Alle vorgelegten Hypothesen zur Evolution des Vogelflügels sehen sich drei defizitären Situationen ausgesetzt: Fehlendes Wissen über Wirkmechanismen bzw. die Wechselbeziehungen von äußeren und inneren Selektionsdrücken auf den evolutionären Umbau der vorderen Extremität und die vielfach noch unverstandenen genetischen und epigenetischen Regulationskaskaden der Gliedmaßen-Entwicklung während der

Individualentwicklung bei Wirbeltieren. Drittens muss offen gelassen werden, welche Kausalitäten den phylogenetischen Wandel ontogenetischer Entwicklungsprogramme bedingen und ermöglichen.

4. Die wissenschaftliche Klärung der homologen Beziehungen zwischen den Fingerstrahlen an Vogelflügeln und denen bei anderen Landlebewesen (insbesondere Echsen und Säugetieren) und ihre kausale Begründung bleibt eine der größten Herausforderungen für die Evolutionsforschung.

5. Das ontogenetische und phylogenetische Modellobjekt „Flügelentwicklung“ ist exemplarisch für grundsätzliche Probleme und Grenzen der evolutionsgeleiteten Hypothesenbildung sowie darauf aufbauender Homologiebetrachtungen.“

Die neue Ausgabe von *Studium Integrale Journal* kann bei der Studiengemeinschaft Wort und Wissen bezogen werden (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/studium-integrale-journal/>).

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n114.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.05.07 Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von *Tyrannosaurus rex*

In Fossilien, denen ein hohes Alter (ca. 70 Millionen Jahren) zugeordnet wird, haben Wissenschaftler wiederholt flexibles Gewebe isoliert und auch zellähnliche Strukturen nachgewiesen. Jetzt wurden mit leistungsfähigen Analysemethoden Fragmente von Proteinen festgestellt. Dieser Befund steht im Widerspruch zu den etablierten Erfahrungen über die chemische Stabilität von Proteinen. Danach sollten diese biologisch bedeutsamen Makromoleküle nach einer Zeitspanne, die deutlich unter einer Million Jahre liegt, nicht mehr analytisch nachweisbar sein. Zur Lösung dieser Diskrepanz könnten bisher unbekannte Mechanismen zur Langzeitstabilisierung von Polypeptiden beitragen. Solange solche nicht aufgezeigt werden können, stehen die hier vorgestellten Befunde im Widerspruch zu den konventionellen Altersangaben der Fossilien.

Einleitung. Nachdem Schweitzer et al. (2005) aus fossilen Dinosaurierknochen flexible Gewebefragmente isolieren konnten (s. auch Binder 2005), legten sie jetzt Untersuchungen zum Nachweis von Proteinfragmenten aus demselben Material vor (Schweitzer et al. 2007, Asara et al. 2007). Wenn sich die Befunde und deren Interpretation bestätigen, bedeutet das, dass Proteine - zumindest Teile davon - innerhalb von fossilen Knochen unter besonderen Bedingungen aus der unteren Kreide (hier konkret von der Basis der Hell Creek Formation in Ost Montana / USA) bis heute erhalten geblieben und nachweisbar sind. Angesichts des Alters der Probe ist dieser Befund für die Wissenschaftler überraschend.

Die fossilen Überreste stammen von *Tyrannosaurus rex* (Museum of Rockies specimen, MOR 1125) und umfassen u.a. Schädel, Wirbel, beide Oberschenkel- (Femur) und Schienbeinknochen (Tibia) in außergewöhnlich guter Erhaltung. Die Fossilien waren in mittelkörnigem Sandstein eingesedimentiert, der mit feinkörnigem Schlamm (muds) verzahnt ist. Aufgrund dieser Befunde wird als Ablagerungssystem ein Strömungskanal (stream channel) angenommen.

Die Proben. Für die Untersuchungen wurden Proben aus beiden Oberschenkelknochen teilweise demineralisiert, d.h. die Mineralbestandteile wurden durch Zugabe eines Komplexbildners (EDTA) in Lösung gebracht. Die dadurch freigelegten Gewebe würden bei frischen Knochen der extrazellulären Matrix (Osteoid) entsprechen, deren Hauptbestandteil Kollagen I ist.

Als Strukturprotein des Bindegewebes hat Kollagen einen hohen Anteil am Proteingehalt des Körpers; beim Menschen sind ca. 30 % der Eiweißmasse Kollagen. Kollagen besteht typischerweise aus drei Polypeptidketten, die je aus einigen hundert bis mehreren tausend Aminosäuren aufgebaut sind. Typisch für Kollagen ist der hohe Anteil an Glycin – jede dritte Aminosäure ist ein Glycin; auch Prolin und Lysin kommen verhältnismäßig häufig vor.

Nachweis von Kollagen aus *Tyrannosaurus*-Material. Die Aminosäuresequenz von Kollagen I ist stark konserviert, d.h. die Sequenzen zeigen beim Vergleich zwischen verschiedenen Lebewesen nur geringe Abweichungen. Daher können Antikörper, welche sich in immunologischen Reaktionen spezifisch an Kollagen binden können, mit Kollagenen aus verschiedenen Organismen reagieren.

Bereits 2005 hatten Schweitzer et al. (supporting online material) erste Hinweise auf positive Befunde von immunologischen Tests veröffentlicht. Dabei hatten sie mit Antikörpern gegen Kollagen I vom Huhn und gegen Osteocalcin vom Rind – einem weiteren Protein, das einen hohen Anteil der organischen Knochensubstanz ausmacht – schwache, aber signifikante Reaktionen mit Präparationen aus Dinosaurierknochen erhalten. Kontrollexperimente mit dem umgebenden Sediment oder mit Pflanzenresten, die mit den Fossilien zusammen eingebettet waren, ergaben dagegen keine Reaktion. Das ist ein starker Hinweis dafür, dass das Kollagen aus dem Fossil stammt.

In den jüngsten Arbeiten konzentrierten sich Schweitzer et al. (2007) auf Nachweise für Kollagen, da dies in großen Mengen in Knochenmaterial lebender Organismen vorkommt, vergleichsweise stabil gegen Abbauprozesse ist und mit verschiedenen Methoden analytisch nachgewiesen werden kann. Die Extrakte aus den fossilen Knochen reagierten mit Antikörpern gegen Kollagen I vom Huhn. Die Reaktionen waren im Vergleich zu Extrakten aus frischen Knochen schwach und variierten stark in der Intensität, waren aber mindestens doppelt so stark wie negative Kontrollen. Diese Ergebnisse konnten durch weitere immunohistochemische Tests am fossilen Material bestätigt werden, die an Dünnschnitten von demineralisierten Proben aus dem äußeren Bereich des Knochen (Cortex) und dem Bereich, in dem sich bei lebenden Tieren das Knochenmark (Medulla) befindet, vorgenommen wurden. Wiederholt wurden schwache Antikörperreaktionen nachgewiesen. Diese konnten durch Zugabe von Kollagen vom Huhn unterbunden werden. Wurden die fossilen Proben mit Kollagenase – einem Kollagen abbauenden Enzym – vorbehandelt, war die Immunreaktion deutlich abgeschwächt. Die mittels Fluoreszenzaufnahmen dokumentierten Immunreaktionen waren verglichen mit Negativkontrollen deutlich stärker und im Gewebe lokalisiert. Die Verteilungsmuster waren vergleichbar mit entsprechenden Proben aus frischen Emu-Knochen. Wie bereits bei den ersten Untersuchungen waren die Kontrollexperimente an Sedimentproben negativ. Diese Befunde zeigen, dass die Konzentration von Erkennungsbereichen für die Antikörper (Epitope) in den *Tyrannosaurus*-Fossilien (MOR 1125) sehr gering ist. Der *in situ*-Nachweis an Dünnschnitten ist deutlicher im Vergleich zu den Ergebnissen, die mit Extrakten erhalten werden konnten. Insgesamt stützen die Ergebnisse den Befund, dass das Kollagen aus dem Fossil stammt.

Absicherung der Befunde. Zur weiteren Absicherung der Befunde wurden massenspektrometrische Untersuchungen (time-of-flight secondary ion mass spectrometry; TOF-SIMS) an demineralisiertem fossilem Gewebe vorgenommen. Diese Analyse, bei der sowohl Ionen von der Probenoberfläche als auch deren Fragmente mit hoher Auflösung analysiert werden können, ergab Signale für die Aminosäuren Glycin (mit 33 % häufigste Aminosäure in Kollagen), Alanin (ca. 10 % in Kollagen), Prolin, Lysin und Leucin bzw. Isoleucin. Mit anderen MS-Techniken konnten auch hydroxylierte Aminosäuren nachgewiesen werden, welche mit TOF-SIMS nicht nachweisbar waren (Asara et al. 2007). Das Verhältnis von Glycin : Alanin für Kollagen a1 Typ 1 des Huhns wird in der Literatur mit 2,5:1 angegeben. Schweitzer et al. (2007) fanden in ihrer fossilen Probe ein Verhältnis für Glycin : Alanin von 2,6:1. In Sandsteinproben aus dem Sediment, in dem das Fossil eingeschlossen war, konnten keine Aminosäuren oder nur Spuren davon nachgewiesen werden. Es gelang auch noch der Nachweis anderer Stickstoff-(N)-haltiger Molekülfragmente in Fossilproben wie z. B. C₇H₁₈N₂, welche in Proben aus dem umgebenden Sediment fehlten. In den Proben aus den *T. rex*-Fossilien waren außerdem Eisen-(Fe)-haltige Ionen enthalten (FeCH, FeCH₂, FeCH₃). Die Autoren konnten solche Ionen auch in Sedimentproben in der Matrix der Fossilien finden, nicht jedoch in *frischen* Knochenproben. Sie vermuten, dass es sich dabei um Produkte von Mikroorganismen handelt und

interpretieren diese als Hinweise darauf, dass Fe-Ionen an der fossilen Erhaltung von Gewebe durch Auslösen von intra- und intermolekularen Quervernetzungen beteiligt sind.

Weitere Ergebnisse. Die Menge an Protein oder proteinähnlicher Substanz in MOR 1125 ist nach Aussagen der Autoren minimal (0,62 % aus dem Cortex und 1,3 % aus dem Medulla-Bereich, jeweils nach Extraktion und Gefriertrocknung). Schweitzer et al. berichten auch von sehr unterschiedlichen Mikrobereichen in den Fossilien, d.h. die einzelnen Proben unterscheiden sich in ihrem Gehalt an extrahierbarem organischem Material erheblich. Ein interessanter Befund ist auch, dass über den Zeitraum der Untersuchungen die jeweilige Intensität der Signale für die nachgewiesenen organischen Bestandteile immer geringer wurden, d.h. Extraktionen in jüngster Zeit lieferten geringere Mengen an organischem Material. Dies zeigt einen fortschreitenden Abbau des Knochenmaterials seit der Bergung der Fossilien an.

Aus diesem Grund haben Schweitzer et al. umfangreiche Vorsichtsmaßnahmen für die Untersuchungen getroffen. Ein Resultat wurde nur als positiv in die Publikation aufgenommen, wenn es mehrfach (mindestens dreimal) gemessen werden konnte. Außerdem wurden die Untersuchungen in mindestens drei verschiedenen Labors von zahlreichen Wissenschaftlern durchgeführt.

Mögliche Ursachen der außergewöhnlichen Konservierung. Schweitzer et al. (2007a) stellen Befunde vor, die belegen, dass in Sandstein eingebettete Fossilien häufiger Weichteile und Zellstrukturen erhalten. Die Autoren vermuten, dass durch die Poren in der Sandsteinmatrix die flüssigen, den Abbau fördernde Komponenten abgeführt werden können und so aufgrund der Porosität des Sandsteins die Kontaktzeit des fossilisierenden Kadavers mit zerstörenden Flüssigkeiten im Vergleich zu in Ton eingebetteten Organismen reduziert wird (Schweitzer et al. 2007).

Befunde und bisherige Erfahrungen. Schweitzer und Mitarbeiter haben in ihrer jüngsten Publikation (Schweitzer et al. 2007) mit umfangreichen, sorgfältig durchgeführten und durch entsprechende Kontrollexperimente gut abgesicherten Studien deutliche Hinweise für die Erhaltung von Proteinfragmenten aus Fossilien der Kreide vorgelegt. Die Autoren weisen darauf hin, dass ihre Befunde und Interpretationen aufgrund verschiedener Untersuchungen, wie z. B. Lindahl (1993), Bada et al. (1999), Stankiewicz et al. (2000) unerwartet sind. Deren Veröffentlichungen (und auch andere Studien) unterstützen die Vermutung, dass ursprüngliche Gewebebestandteile von Organismen durch Prozesse während der Fossilisierung innerhalb einer relativ kurzen Zeitspanne (die deutlich unter 1 Million Jahren liegt) zerstört oder mindestens so stark verändert sein sollten, dass sie nicht mehr analytisch nachweisbar sind. In diesen Studien waren u. a. Untersuchungen zur Kinetik der Hydrolyse von Proteinen und Nukleinsäuren in wässrigen Lösungen unter verschiedenen Bedingungen extrapoliert worden. Bereits 1992 hatten Muyzer et al. mit verschiedenen immunologischen Reaktionen Hinweise auf Osteocalcin in Knochen von Dinosauriern und anderen fossilen Wirbeltieren aus verschiedenen geologischen Schichten vorgelegt. Der analytische Nachweis sowohl von Glutaminsäure als auch von Peptidbindungen bestätigte das Vorkommen von Protein (-fragmenten). Die Erhaltung des Proteins in den fossilen Knochen war nach Ansicht der Autoren stark von den Umständen der Ablagerung abhängig und nicht einfach vom Alter. Als Reaktion auf den kritischen Einwand, dass aufgrund kinetischer Untersuchungen von Abbaureaktionen ein solcher Befund nicht zu erwarten sei, legten die Autoren eine weitere experimentelle Arbeit vor (Collins et al. 2000). Frisches Knochenmaterial wurde pulverisiert und erhitzt (75 °C, 85 °C, 95 °C) und mittels monoklonaler Antikörper die Abbaukinetik von darin enthaltenem Osteocalcin untersucht. Die Extrapolation der erhaltenen Daten zeigt, dass

bei Ablagerungstemperaturen von durchschnittlich unter 10 °C eine Erhaltung von Peptidfragmenten aus dem Mesozoikum möglich erscheint. Eine Kontrolle an fossilen Knochen aus Neolithikum (ca. 6000 Jahre) zeigt jedoch, dass die Erhaltung über weite Bereiche streut und stark vom Zustand des Mineralanteils abhängt. Die Zulässigkeit der Extrapolation erscheint daher zur Zeit noch wenig belastbar und bedarf der Bestätigung durch weitere Studien. Osteocalcin ist in jüngerer Zeit wiederholt in fossilen Knochen unterschiedlichen Alters nachgewiesen worden, nicht zuletzt aus fossilen Knochen von Neandertalern (Nielsen-Marsh et al. 2005).

Schlussfolgerungen. Die widersprüchlichen Befunde, einerseits reproduzierbar nachgewiesene Proteinfragmente in Fossilien mit einem hohen Alter von ca. 70 Millionen Jahren, andererseits die Erfahrung, dass Makromoleküle wie Proteine oder Nukleinsäuren unter kontrollierbaren Laborbedingungen in vergleichsweise kurzer Zeit abgebaut werden, weisen auf die dringende Notwendigkeit weiterer Untersuchungen hin. Solange die Wechselwirkungen zwischen Makromolekülen und Mineralien bzw. deren Oberfläche nicht im Detail verstanden sind und deren Beitrag zur Konservierung unter extremen Bedingungen bzw. über extrem lange Zeiträume mechanistisch aufgezeigt werden können, hinterlässt die Behauptung vom Nachweis ursprünglicher Proteinfragmente in sehr alten Fossilien (einige Zehner Millionen Jahre) viele offene Fragen. Die Vermutung von Muyzer et al. (1992), dass die fossile Erhaltung von Fragmenten organischer Makromoleküle (Osteocalcin) nicht einfach vom Alter abhängig ist, sollte ebenfalls zu weiterer Forschung motivieren. Ein detailliertes Verständnis der Wechselwirkung zwischen Mineralien und Makromolekülen während der Ablagerungsgeschichte ist dringend erforderlich, um die offenen Fragen gründlicher diskutieren und vielleicht beantworten zu können.

Derzeit kann jedenfalls die zeitliche Zuordnung der geologischen Systeme aufgrund der Diskrepanz zwischen etablierten Erfahrungen aus der Proteinchemie und der behaupteten extremen Stabilität von Proteinen in Fossilien beim gegenwärtigen Kenntnisstand begründet in Frage gestellt werden.

Literatur

Asara JM, Schweitzer MH, Freemark LM, Phillips M & Cantley LC (2007) Protein Sequences from Mastodon and *Tyrannosaurus Rex* revealed by Mass Spectrometry. *Science* 316, 280-285.

Bada JL, Wang XS & Hamilton H (1999) Preservation of key molecules in the fossil record: current knowledge and future challenges. *Philos. Trans. R. Soc. London Ser. B* 354, 77-87.

Binder H (2005) Elastisches Gewebe aus fossilen Dinosaurierknochen. *Stud. Int. J.* 12, 72-73.

Collins MJ, Gernaey AM, Nielsen-Marsh CM, Vermeer C & Westbroek P (2000) Slow degradation of osteocalcin: Green light for fossil bone protein? *Geology* 28, 1139-1142.

Lindahl T (1993) Recovery of antediluvial DNA. *Nature* 365, 700.

Muyzer G, Sandberg P, Knappen MHJ, Vermeer C, Collins M & Westbroek P (1992) Preservation of the bone protein osteocalcin in dinosaurs. *Geology* 20, 871-874.

Nielsen-Marsh CM, Richards MP, Hauschka PV, Thomas-Oates JE, Trinkaus E, Pettitt PB, KaravaicI, Poinar H & Collins MJ (2005) Osteocalcin protein sequences of Neanderthales and modern primates. *Proc. Nat. Acad. Sci USA* 102, 4409-4413.

Schweitzer MH, Wittmeyer JL, Horner JR & Toporski JK (2005) Soft-tissue vessels and cellular preservation in *Tyrannosaurus rex*. *Science* 307, 1952-1955. (supporting online material: www.sciencemag.org/cgi/content/full/307/5717/1952/DC1)

Schweitzer MH, Suo Z, Avci R, Asara JM, Allen MA, Arce FT & Horner JR (2007) Analyses of Soft Tissue from *Tyrannosaurus rex* Suggest the Presence of Protein: *Science* 316, 277-280.

Schweitzer MH, Wittmeyer JL, Horner JR (2007a) Soft tissue and cellular preservation in vertebrate skeletal elements from the Cretaceous to the present. *Proc. R. Soc. London Ser. B* 274, 183-197.

Stankiewicz BA, Briggs DEG, Michels R, Collins ME, Flannery MB & Evershed RP (2000) Alternative origin of aliphatic polymer in kerogen. *Geology* 28, 559-562.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n82.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Paläontologie: Fossilien des Erdmittelalters allgemein

18.12.20 Chamäleon-ähnlicher Beutefang mit Zungenschleuder bereits in der Kreide

Die vor allem auf dem afrikanischen Kontinent und angrenzenden Gebieten beheimateten Chamäleons fangen ihre Beute mit einer sehr speziellen und komplexen Methode. Haben sie ein entsprechendes Insekt fixiert, so können sie es mit ihrer Zunge erfassen, die sie bis zum 2,5-fachen ihrer Körperlänge herausschleudern und sie in ihr Maul befördern. Bernsteininkluden aus der Kreide von Myanmar zeigen, dass solche Mechanismen bereits damals etabliert waren.

Ein faszinierender Bernsteineinschluss zeigt fossile Hinweise auf einen bei heute lebenden exotischen Tieren bekannten Jagdmechanismus. Im Rahmen einer Studie an zwölf fossilen Eidechsen in Bernstein aus der Kreide (ca. 100 Millionen radiometrische Jahre; MrJ) von Myanmar beschrieben Daza et al. (2016) auch eine kleine Eidechsen-Inkluse (10,6 mm Länge). Diese Eidechse hatte einen relativ großen Kopf, kaum erkennbare Schuppen, gut erhaltene Klauen und wies einen auffallend kurzen, gebogenen Schwanz auf. Die Autoren sahen darin ein neugeborenes (neonatal) Tier, das aufgrund von Ähnlichkeitsvergleichen als zur Stammgruppe der Chamäleons gehörig interpretiert wurde.

Kürzlich berichteten Daza et al. (2020) von einem in Bernstein eingeschlossenen Kopf eines Amphibiums aus der Familie der Albanerpetontidae ebenfalls aus der Kreide von Myanmar. Die Albanerpetontidae sind eine nur fossil bekannte Amphibienfamilie, die den Schwanzlurchen zugerechnet wird und deren Arten kleinen Salamandern ähnlich sehen (Gardner & Böhme 2008). Der dreidimensional erhaltene Schädel ist von der Schnauzenspitze bis zum Hinterkopf 12,2 mm lang. Die Autoren schätzen die Körperlänge (Schnauze bis Becken) durch Vergleich mit einem anderen fossilen Albanerpetontiden (*Celtedens ibericus*; McGowan & Evans 1995) auf 52 mm. Das Tier wurde *Yaksha peretti*¹ benannt. Im Bernstein ist der enthaltene Kopf nicht wirklich gut zu sehen. Ein hochaufgelöstes computertomographisches Bild lässt allerdings erstaunliche Details erkennen. Am bezahnten Unterkiefer ist die Verwachsung (Symphyse) von linkem und rechtem Unterkieferteil (am Kinn) verzahnt, was auf eine gewisse Flexibilität schließen lässt. Sehr auffällig ist eine knorpelartige Verlängerung des Zungenbeins (hyoid entoglossal process, *hep*). Dieselbe Struktur war bei dem von Daza et al. (2016) beschriebenen neugeborenen Tier aufgefallen und war der Hauptgrund, warum es als zur Stammgruppe der Chamäleons gehörig eingestuft wurde.

Das Zungenbein ist bei Wirbeltieren nicht direkt mit dem übrigen Skelett verknüpft, sondern bildet Ansatzstellen für Muskeln und wird dadurch in seiner Position gehalten. Der Fortsatz des Zungenbeins spielt bei der für Chamäleons typischen Art, Beute zu fangen, eine grundlegende Rolle. **Sie können ihre Zunge herausschleudern und dabei eine Beute in einer Entfernung von ein bis 2,5 Körperlängen zielsicher treffen und ins eigene Maul befördern.** Der gesamte Prozess hat eine extreme Dynamik und läuft im Bereich von wenigen Millisekunden ab, so dass den Beutetieren nur sehr geringe Fluchtchancen bleiben.

Der Mechanismus der Zungenschleuder von Chamäleons ist intensiv untersucht worden, auch mit dem Ziel, diesen für technische Problemlösungen zu nutzen. Im Aufbau zeigt der Zungenapparat eines Chamäleons, dass unmittelbar auf dem Fortsatz des Zungenbeins mehrere Lagen aus Bändern von Kollagenfasern liegen, die ihrerseits von einem Muskelschlauch umgeben sind. Zunächst war nicht klar, wie das Chamäleon seine Zunge mit einer Geschwindigkeit von bis zu 500 m s^{-1} in Richtung des erspähten Beutetiers abschießen kann, denn allein mit der von den vorhandenen Muskeln gelieferten Energie ist eine solche Beschleunigung nicht zu erreichen. Beobachtungen und entsprechende Modellversuche haben gezeigt, dass der Muskelschlauch den *hep* nicht komplett bedeckt, sondern das *hep* zur Mundöffnung hin noch aus dem Muskelschlauch herausragt. (Weiteres, über dem Muskelschlauch liegendes Zungengewebe umschließt den *hep* vollständig und mündet in der Zungenspitze, dem Zungenpolster.)

Hat das Chamäleon nun ein Beutetier erspäht, so kontrahiert es den Muskelschlauch, der sich dadurch verlängert und sich dem Vorderende des *hep* nähert. Beim Tier beobachtet man, dass es den Mund öffnet und die Zunge mitsamt dem vorderen Teil des *hep* aus dem Mund hervorsteht. Durch die Muskelkontraktion und die dadurch bewirkte Verlängerung des Muskelschlauchs werden die Kollagenbänder direkt über dem *hep* vorgespannt und speichern damit bereits Muskelarbeit. Der Abschuss der Zungenschleuder erfolgt in dem Moment, wenn der Muskelschlauch die abgerundete Spitze des *hep* erreicht. Dieser wird im selben Moment noch weiter durch die Mundöffnung nach außen geschoben. Durch weitere Kontraktion trägt der Muskelschlauch zu Beschleunigung des Zungengewebes bei. Ein wesentlicher Teil der Beschleunigungsenergie kommt aus der Vorspannung der Kollagenschichten. Durch entsprechende Muskelstränge wird der Zungenapparat – im Erfolgsfall mit der Beute – dann wieder in das geöffnete Maul befördert. Der Rückholvorgang ist verglichen mit dem Herausschleudern langsamer.

Kleine, lungenlose Salamander (Plethodontidae) nutzen eine interessante und noch schnellere Variante zum Beutefang ein. Sie können ihr *hep* falten und schießen es beim Zungenschuss wie ein Projektil mit dem Zungenapparat so heraus, dass es den Mund komplett verlässt. Dadurch erreichen diese kleinen Salamander noch höhere Geschwindigkeiten bei ihrem Zungenschuss.

Es ist nun sehr interessant, dass die CT-Aufnahmen des *Yaksha peretti*-Schädels den *hep* und sogar noch einen Teil des Zungenpolsters an der Spitze des *hep* abbilden. Daza et al. (2020) interpretieren diesen Befund als Hinweis, dass *Y. peretti* in ähnlichen Lebensräumen gelebt und mit ähnlichen Methoden Beute gejagt haben, wie wir das von Chamäleons heute kennen. Für die Albanerpetontiden wurden auch schon unterirdische Lebensräume diskutiert; dort würden solche Lebens- und Ernährungsweisen aber keinen Sinn ergeben.

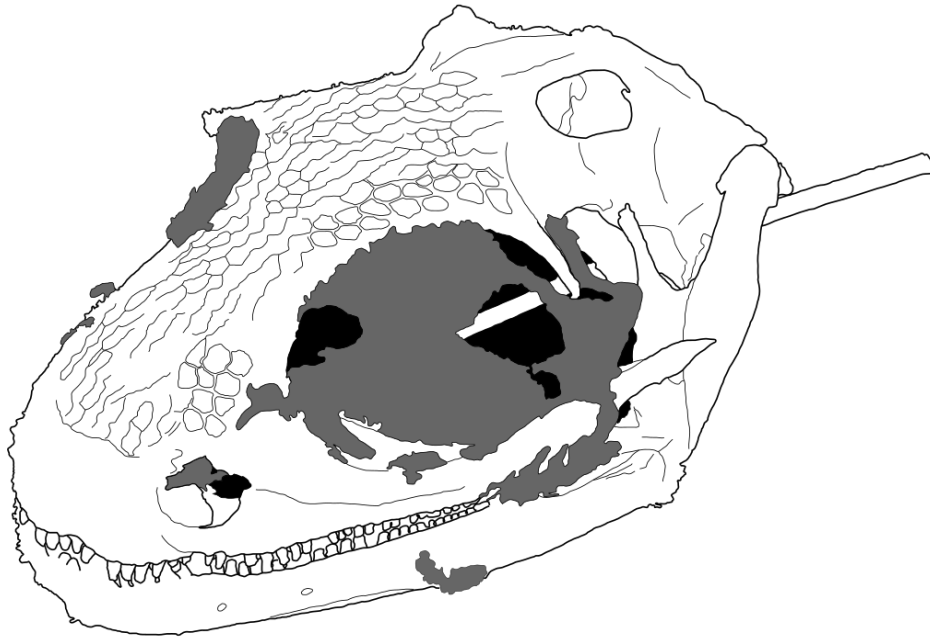


Abb. 1: Schädel des ausgestorbenen Albanerpetontiden *Yaksha peretti*, neu gezeichnet nach einem Bild aus der Pressemitteilung; das dunkle Grau steht für erhaltene organische Substanz. (Wikimedia: Hemiauchenia, CC BY-SA 4.0)

Es ist sehr interessant, dass wir schon aus der Zeit der Kreide Befunde haben, die eine hochspezialisierte Jagdtechnik wie die Zungenschleuder belegen und dass der zugrundeliegende Mechanismus heute die Bionik herausfordert und bereichert.

Literatur

Daza JD, Stanley EL, Wagner P, Bauer AM & Grimaldi DA (2016) Mid-Cretaceous amber fossils illuminate the past diversity of tropical lizards. *Sci. Adv.* 2: e1501080.

Daza JD, Stanley EL, Bolet A, Bauer AM, Arias JS, Cernansy A, Bevitt JJ, Wagner P & Evans SE (2020) Enigmatic amphibians in mid-Cretaceous amber were chameleon-like feeders. *Science* 370, 687-691.

Gardener JD & Böhme M (2008) Review of Albanerpetontidae (Lissamphibia) with comments on the paleoecological preferences of European Tertiary Albanerpetontids. In: Sankey JT & Baszio S (Hg.) *Vertebrate Microfossil Assemblages – Their Role in Paleocology and Paleobiogeography*. University of Indiana Press, Bloomington, 2008, p. 178-218.

McGowan G & Evans SE (1995) Albanerpetontid amphibians from the Cretaceous of Spain. *Nature* 373, 143-145.

Anschauliche Erklärung des Zungenschuss von Chamäleons:

<https://www.madcham.de/de/der-zungenschuss/>

Anmerkung

¹ „*Yaksha*“ ist ein Geist, ein Wächter natürlicher Kostbarkeiten, der in der Erde oder in Baumwurzeln verborgen ist; mit „*peretti*“ wird Adolf Peretti für seine Verdienste im Zusammenhang mit der Erforschung von Bernstein inklusen geehrt. Dieser gründete 1996 das GEM RESEARCH SWISSLAB (GRS; gemresearch.ch). Der hier vorgestellte Schädel ist als Holotyp dort gelagert und wird als Herzstück der dortigen Ausstellung präsentiert. Eine Dokumentation der Arbeit ist online verfügbar:
<https://www.youtube.com/watch?v=jO2cHlujLDM&feature=youtu.be>

Autor dieser News: Harald Binder

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n283.php

30.01.18 Paradebeispiel für Co-Evolution in Frage gestellt

Bisher galt als Lehrmeinung, dass Schmetterlinge und bedecktsamige Blütenpflanzen „Hand in Hand“ evolvierten. Doch nun zeigen fossile Reste von Schmetterlingsschuppen, dass die einen Saugrüssel tragenden Schmetterlinge sehr viel früher existiert haben. Der Fall zeigt beispielhaft: Stimmige „Geschichten“ sind keine Erklärungen und es muss mit umfangreichen geologisch nicht überlieferten Lebensräumen gerechnet werden.

Schmetterlinge (Lepidoptera) sind der Inbegriff für Symbiose, d. h. eine Vergesellschaftung von Individuen zweier verschiedener Arten, die für beide Partner vorteilhaft ist. Die nektarsaugenden Falter nehmen mit ihrem Saugrüssel beim Blütenbesuch auch Pollen auf bzw. geben ihn ab und ermöglichen auf diese Weise bei vielen Pflanzen die Bestäubung. Sie selber erhalten nahrhaften Nektar aus den Blüten. Was liegt im Rahmen einer evolutionären Weltansicht näher als die Annahme, dass die Entstehung von Schmetterlingen und nektarproduzierenden Blütenpflanzen (Angiospermen) Hand in Hand ging? Diese Geschichte war bisher Lehrmeinung und mit den bekannten Fossilfunden vereinbar. Allerdings ist der Fossilbericht dieser Insektengruppe sehr dürftig. Der bislang älteste Fund stammte aus der Unterkreide und wird auf 129 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datiert. Molekulare Studien sprechen unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen jedoch dafür, dass die Lepidopteren schon sehr viel früher entstanden sind als die Angiospermen, nämlich (je nach verwendeter Methode) im Perm oder in der oberen Trias (> 200 MrJ), während eindeutige Angiospermen-(Makro-)Fossilien erst ab der Unterkreide bekannt sind.

Nun wurden in der Nähe von Braunschweig in einem Sedimentbohrkern aus dem Bereich der Grenze Trias / Jura unter anderen Mikrofossilien zarte, schuppenähnliche Gebilde entdeckt (Van Eldijk et al. 2018). Etwa 70 Schuppen konnten genauer analysiert werden. Die Untersuchung ergab, dass einige von diesen Schuppen Merkmale besaßen, die typisch sind für Flügelschuppen der Gruppe der Glossata, den Motten und Schmetterlingen mit Saugrüssel. Der Besitz solcher Schuppen, die Flügel, Beine und den Körper bedecken, ist das namensgebende Merkmal der Lepidoptera – „Schuppenflügler“ (gr. *lepis*, Schuppe). Besonders die auf den Flügeln sitzenden Schuppen sind taxonomisch informativ, d. h. sie erlauben eine recht genaue Zuordnung zu einer bestimmten Gruppe. Damit ist nun der fossile Nachweis erbracht, dass Schmetterlinge 70 MrJ früher existiert haben als bisher bekannt und ca. 50 MrJ vor dem ersten Nachweis von Angiospermen. Die Geschichte von der Co-Evolution von zwittrigen, nektarführenden Blüten und Insekten mit Saugrüssel passt also nicht mehr zum fossilen Befund.

Wie könnte eine neue „Geschichte“ aussehen? Die Forscher mutmaßen, dass der Saugrüssel anfangs als Trinkwerkzeug evolvierte, mit welchem Tropfen von pflanzlichem Saft aufgenommen werden könnten (z. B. Bestäubungstropfen von Nadelbäumen, mit denen Pollen aufgefangen werden, oder bei Verletzungen von Pflanzen austretende Flüssigkeit). Es gibt Hinweise auf große Trockenheit in jener Zeit, weshalb der Besitz eines Saugrüssels vorteilhaft gewesen sei. Der Nutzen war zuerst einseitig nur beim Insekt. Erst später sei der Saugrüssel dann für die Aufnahme von Nektar mit gegenseitigem Nutzen (Bestäubung) verwendet worden.

Diskussion. Die Umwandlung der zuvor beißenden Mundwerkzeuge in ein Saugorgan wird von Van Eldijk et al. (2018) als evolutionäre Antwort auf Trockenheit beschrieben. Wie die Umwandlung erfolgte, wird nicht thematisiert. Es ist einfach eine neue Geschichte, die an die Stelle der alten getreten ist. Solche Geschichten sind keine Erklärungen, sie können sich

jederzeit durch neue Funde als falsch erweisen. Sie sind vage, gehen nicht in Details und wirken geradezu „undarwinistisch“, weil der Eindruck erweckt wird, dass als Folge veränderter Bedürfnisse (hier Trockenheit) passende Reaktionen zielgerichtet möglich seien.¹ Das erinnert sehr an Lamarcks hypothetischen Ansatz, wonach Umweltreize einen direkten Einfluss auf den optimalen und angepassten Gestaltwandel der Organismen ausgeübt haben sollen. Die neue Geschichte ist zudem wenig glaubwürdig, da viele andere Insekten zur gleichen Zeit ohne saugende Werkzeuge auskamen. **Warum also sollte sich gerade in der Linie, die die Lepidopteren hervorbrachte, ein Saugrüssel bilden? Das ist völlig unklar, zumal Angebote von Flüssigkeit zum Saugen auch schon vorher vorhanden waren.** Sowohl die bisherige als auch die neue Geschichte sind typische Beispiele von „adaptivem Storytelling“. Die bisherige Geschichte ist im Übrigen gar nicht widerlegt, wie behauptet wird. Würde man nämlich in Schichten der Trias Angiospermen finden, würde sie wieder passen. Dafür gibt es sogar Hinweise (Hochuli & Feist-Burkhardt 2013; vgl. Kutzelnigg 2014), auf die die Autoren selber hinweisen (van Eldijk et al. 2018, 5²).

In jedem Fall zeigen die neuen Funde, dass mit umfangreichen fossil nicht überlieferten Lebensräumen gerechnet werden muss, da es eine Lücke von 70 MrJ zwischen den stratigraphisch ältesten und zweitältesten fossilen Nachweisen der Lepidopteren gibt. Auch der große zeitliche Versatz zwischen dem erstmaligen fossilen Auftreten von angiospermenartigem Pollen und dazu passenden Makrofossilien deutet auf fossil nicht überlieferte Lebensräume hin.

Die Daten laden darüber hinaus auch dazu ein, über einen prinzipiell anderen Deutungszugang bezüglich der geologischen Überlieferung nachzudenken, der u.a. ohne Evolution und lange Zeiträume als paradigmatischen Rahmen auskommt. Der Autor ist sich bewusst, dass dazu im Rahmen der Schöpfungsforschung bisher nur sehr wenig vorgelegt werden konnte.

Anmerkungen

¹ „The transition to exclusively feeding on liquids was most likely an evolutionary response to widespread heat and aridity during the Norian ... substitution of mandibulate mouthparts by a sucking proboscis could be seen as an adaptation to adequate maintenance of body water balance of small, short-lived moths. ... short and simply composed proboscides of ancestral Glossata must have been used initially to drink from water droplets or sap from injured leaves“ (Van Eldijk 2018, 4).

„Um an den Nektar in den Blüten heranzukommen, wandelten einige Insektengruppen, darunter auch die Schmetterlinge, ihre zuvor beißenden Mundwerkzeuge in einen Saugrüssel um.“ (<http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-22292-2018-01-11.html>)

² „It should be noted that the wide morphological diversity of the dispersed Triassic-Jurassic pollen record strongly suggests that, perhaps, entire families or orders of seed plants have still escaped sampling in the coeval megafossil record. Some pollen types have angiosperm-like morphological characters. Although affinity to angiosperm crown groups remains questionable, notably, the presence of a reticulate wall structure might be functionally linked to pollination by flying insects“ (Van Eldijk et al. 2018, 5).

Literatur

Hochuli PA & Feist-Burkhardt S (2004) A boreal early cradle of Angiosperms. Angiosperm-like pollen from the Middle Triassic of the Barents Sea (Norway). *J. Micropalaeontol.* 23, 97-104.

Kutzelnigg H (2014) Sind Blütenpflanzen 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen?
Stud. Integr. J. 21, 41-43.

Van Eldijk TJB, Wappler T et al. (2018) A Triassic-Jurassic window into the evolution of
Lepidoptera. Sci. Adv. 2018;4: e1701568.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n255.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.04.14 Königsfarn – 180 Millionen radiometrische Jahre lang unverändert

Der Fund eines fossilen Königsfarns aus dem schwedischen Unterjura (180 Millionen radiometrische Jahre) stellt bisher bekannte Beispiele lebender Fossilien aufgrund detaillierter Erhaltung selbst von subzellulären Strukturen in den Schatten. Dass auch zelluläre Details über einen mutmaßlich so großen Zeitraum nahezu unverändert bleiben, wirft einige Fragen auf.



Abb. 1: Königsfarn (*Osmunda regalis*). (Wikimedia: Christian Fischer, CC BY-SA 3.0)

Lebewesen, die als Fossilien bekannt sind, aber auch heute in sehr ähnlicher Form existieren, üben eine besondere Faszination aus. Der Zahn der Zeit scheint ihnen nichts anhaben zu können. Solche „lebenden Fossilien“ werden in evolutionärer Perspektive eher als Ausnahmen angesehen – widerstanden sie doch viele Millionen Jahre lang dem scheinbar unausweichlichen Drang der Natur zur Veränderung, der – so die Ansicht der Evolutionsbiologie – zur immensen Vielfalt an Formen geführt haben soll. Wenn also Evolution das Normale ist, wären unverändert lebende Fossilien als Ausnahme zu kennzeichnen. Was aber, wenn die Ausnahme zur Regel wird? Denn lebende Fossilien sind keineswegs so selten, mindestens wenn man den Vergleich zwischen heute lebend und fossil nicht zu eng auf der Art-Ebene ansetzt, sondern auf der Ebene von Grundtypen. Wie kommt es, dass der mutmaßlich lang anhaltende Prozess der Evolution bei so vielen Organismen irgendwann zum weitgehenden Dauerstillstand gekommen ist? Ist eine *innovative* Evolution wirklich eine Grundeigenschaft des Lebens? Oder bestätigen lebende Fossilien nicht gerade das Gegenteil, dass den Veränderungen der Organismen Grenzen gesetzt sind?

Aus der Sicht der Schöpfungslehre ist das häufige Vorkommen lebender Fossilien nicht überraschend, ja dies kann sogar als eine Voraussage verstanden werden, die durch Forschung belegt oder auch widerlegt werden kann.

Auch wenn lebende Fossilien also keineswegs selten sind, ist der Fund eines „lebenden Fossils“ eines Königfarne, über den Bomfleur et al. (2014) berichten, bisher einzigartig und höchst erstaunlich. Dass Königfarne (Familie Osmundaceae) sich seit dem unteren Mesozoikum (220 Millionen radiometrische Jahre) in ihrem Bau fast nicht verändert haben, ist schon länger bekannt. Der jüngst beschriebene Fund aus dem schwedischen Unterjura (180 Millionen radiometrische Jahre) stellt bisher bekannte Beispiele lebender Fossilien aufgrund detaillierter Erhaltung selbst von subzellulären Strukturen jedoch in den Schatten. Ein etwa 6 cm langes Rhizom (Erdspross) von ca. 7 mm Durchmesser und zahlreichen Ansätzen von Blattwedeln lässt aufgrund besonderer Erhaltung nicht nur die Zellwände sehr gut erkennen, sondern auch Zellkerne und Zellorganellen. Und es kommt noch besser: Einige der Zellen waren gerade in Teilung begriffen, so dass sogar spezifische Chromosomen in verschiedenen Teilungsstadien identifiziert werden können. Die Größe der fossilen Zellkerne während der Interphase entspricht der Größe heutiger Osmundaceae. Die Autoren schließen daraus, dass sich die Genomgröße 180 Millionen Jahre lang nicht geändert hat, ein „hervorragendes Beispiel eines evolutionären Stillstands“ (Bomfleur et al. 2014, 1376). Weder Vervielfachung des Erbguts noch nennenswerte Genverluste seien vorgekommen – der evolutionäre Stillstand ist nahezu total. **„Wenn wir die feinen Zellstrukturen dieses 180 Millionen Jahre alten Fossils mit denen heute lebender Königfarne vergleichen, sind sie eigentlich identisch“**, wird Bomfleur im Deutschlandfunk zitiert (<https://www.deutschlandfunk.de/lebende-fossilien-koenigsfarne-haben-sich-ueber-100.html>).

Möglich wurde die hervorragende Erhaltung dadurch, dass durch eine vulkanische SchlammLawine vermutlich 70-120°C Grad Celsius heiße, mit Mineralen beladene vulkanische Wässer Kontakt mit den Pflanzen bekamen und dadurch Kalzit auskristallisiert wurde. Das ermöglichte die Konservierung des Inhalts der Zellen bis in feinste Details. Die Fossilisierung muss ungewöhnlich schnell innerhalb weniger Minuten abgelaufen sein.

Lebende Fossilien wie die Königfarne sind eine Herausforderung für den Geltungsanspruch einer evolutionsbiologischen Interpretation des Lebens. Darüber hinaus ergeben sich aber auch Fragen dahingehend, ob die ermittelten Zeiträume wirklich reale Zeitabschnitte repräsentieren. Diese Anfrage wiegt umso schwerer, je vehementer man auf die Evolution als eine Grundeigenschaft des Lebens verweist.

Literatur

Bomfleur B, McLoughlin S & Vajda V (2014) Fossilized nuclei and chromosomes reveal 180 million years of genomic stasis in royal ferns. *Science* 343, 1376-1377.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n209.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.11.13 Sind Blütenpflanzen 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen?

Gastbeitrag von Herfried Kutzelnigg

„Blütenpflanzen sind 100 Millionen Jahre älter als bisher angenommen“ – so oder ähnlich lauten verschiedene Pressemitteilungen über Funde von 240 Millionen Jahre altem Pollen, den Peter A. Hochuli (Universität Zürich) und Susanne Feist-Burkhardt (Ober-Ramstadt) in Bohrkernen der Nordschweiz gefunden haben. Die sehr bemerkenswerten Ergebnisse wurden vor kurzem in der Zeitschrift „Frontiers in Plant Science“ vorgestellt (Hochuli & Feist-Burkhardt 2013). Sie sind gut dokumentiert, und ihre mögliche Bedeutung für die Abstammung der Bedecktsamigen Blütenpflanzen wird sorgfältig diskutiert. Der immense zeitliche Unterschied zwischen der fossilen Überlieferung von Pollen und dazu gehörenden Makrofossilien legt nahe, dass es in erheblichem Umfang geologisch nicht überlieferte Lebensräume gibt.

Hintergrund: Bedecktsamige Blütenpflanzen (Angiospermen) sind im Fossilbericht erst seit der unteren Kreide nachgewiesen, also seit ca. 140 Millionen rJ (= Jahren gemäß radiometrischer Datierung). Dabei stellen Pollenkörner die ältesten fossilen Angiospermen-Reste dar. Das lässt sich leicht dadurch erklären, dass Pollen sehr umweltbeständig ist, in großer Menge produziert wird, und leicht an Standorte gelangen kann, wo die Pflanzen selber nicht wachsen. Die bislang ältesten Angiospermen-Pollenkörner sind aber nur ca. 5 Mio. rJ älter als die ältesten Angiospermen-Makrofossilien. (Makrofossilien sind Überreste kompletter Pflanzen bzw. Pflanzenteile wie Blätter, Stängel oder Wurzeln.) Der zeitliche Versatz ist also relativ gering, ganz anders als bei den jüngst beschriebenen Funden (s. u.).

Während verschiedene Gruppen von Nacktsamigen Blütenpflanzen (Gymnospermen) schon viel länger fossil bekannt sind (z. T. schon seit dem Karbon), tauchen die Bedecktsamer – wie gesagt – fossil erstmals in der Unterkreide auf. Dort aber treten sie ziemlich von Beginn ihrer Überlieferung in großer Formenfülle auf. Gleichzeitig fehlt ein überzeugender morphologischer Anschluss an irgendeine andere Pflanzengruppe. Schon Darwin hatte erkannt, dass dieses unvermittelte Auftreten der Angiospermen, immerhin die artenreichste Pflanzengruppe überhaupt, ein großes Problem für seine Abstammungslehre bedeuten würde. Er nannte das ein „abominable mystery“, also ein „abscheuliches Geheimnis“. Bis heute ist man trotz intensiven Bemühens der Lösung des Problems nicht wirklich nähergekommen. Man vergleiche dazu etwa den Übersichtsartikel in *Stadium Integrale Journal* (Kutzelnigg 2000, 2001), den Kurzbeitrag in genesisnet.info im Darwinjahr 2009 (Das „abscheuliche Geheimnis“ im Darwinjahr, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=131>) oder Abschnitt VI.14.10 der soeben erschienenen Neuauflage von „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>). Interessanterweise wird der Begriff „abominable mystery“ noch heute gerne von Evolutionsvertretern benutzt.

Natürlich hat man intensiv nach Angiospermen-Resten in älteren geologischen Systemen als der Kreide gesucht, vor allem im Jura als dem nächst älteren. Es gab auch entsprechenden Meldungen, aber sie konnten allesamt nicht bestätigt werden.

Da man keine Fossilien fand, bekam eine auf Axelrod (1952) zurückgehende, nicht gerade alltägliche Hypothese Auftrieb. Danach sollen die Angiospermen wesentlich älter sein, als sie fossil belegt sind, weil sie zunächst an Standorten lebten, die fossil nicht erhalten wurden (vgl. Stephan 2002).

Solche Überlegungen bekamen Unterstützung durch molekulare Untersuchungen. Hier wurde versucht, nach dem Prinzip der molekularen Uhren das „tatsächliche“ Alter der frühesten Angiospermen zu berechnen. Hochuli & Feist-Burkhardt referieren den neuesten Stand entsprechender Bemühungen. Die Ergebnisse sind je nach Methode und verwendetem Datensatz sehr verschieden. So reicht der Beginn der Angiospermen entweder zurück bis in Jura (193.8 Mio. rJ), Trias (221.5 Mio. rJ) oder Perm (275 Mio rJ), um nur einige Beispiele zu nennen. – Am Rande sei bemerkt, dass solche gewaltigen Diskrepanzen Fragen über die Aussagekraft molekularer Datierungen aufwerfen.

Die aktuellen Funde: Die Pollenfunde von Hochuli & Feist-Burkhardt sind insofern sehr bemerkenswert, als sie aus der Trias (247-242 Mio. rJ) stammen und somit – wie gesagt – die ersten fossilen Reste unterhalb der Kreide darstellen, die wahrscheinlich Angiospermen zuzuordnen sind. Die sehr gut erhaltenen und mit modernsten Methoden optisch gut erfassten Pollenkörner zeigen im Feinbau der Pollenwand (Exine) sehr große Übereinstimmungen mit Angiospermen. Wie die ersten sonst nachgewiesenen Angiospermen-Pollenkörner besitzen sie nur eine Falte (Einfurchen-Pollen). Allerdings ist ein deutlicher Unterschied zu diesen durch die extrem dünne innerste Schicht gegeben. Sechs verschiedene Typen wurden festgestellt. Sie alle konnten keinem bisher bekannten Pollentyp zugeordnet werden. Außerdem wurde in den Trias-Schichten Pollen des *Afropollis*-Typs gefunden. Dieser konnte verschiedentlich auch in der Kreide nachgewiesen werden. Aber auch hierbei ist unklar, ob es sich um Gymnospermen oder Angiospermen handelt.

Die große Ähnlichkeit in der äußeren Pollenwand spricht bei den Neufunden sehr für die Zugehörigkeit zu den Angiospermen. Als Alternative bliebe eine bisher nicht bekannte Gruppe von Gymnospermen; aber das ist eher unwahrscheinlich. Entscheidend aber ist, dass die neu gefundenen Pollenkörner nicht als Vorläufer der Angiospermen betrachtet werden können, da sie vom Feinbau der Pollenwand her keinen Anschluss an frühe Angiospermen-Pollen darstellen. Im Übrigen sprechen auch einige andere Befunde gegen diese Denkmöglichkeit. Dazu gehört die beobachtete große Bandbreite der verschiedenen Typen und die aus den Begleitfunden von Gymnospermen-Pollen in den betreffenden Schichten zu schließende große Unterschiedlichkeit der zugehörigen Standorte. Außerdem hatten die Autoren schon früher in ähnlichen Trias-Abfolgen der Barentssee (Norwegen) vergleichbare Pollenkörner gefunden (Hochuli & Feist-Burkhardt 2004). Dabei ist bemerkenswert, dass die dort als Begleitelemente gefundenen Sporen ein feuchtes Klima dokumentieren, während für die Schweizer Funde ein eher trockenes Klima anzunehmen ist.

Fazit: Die neuen mit ca. 240 Mio. rJ datierten Pollenfunde aus der Mittleren Trias der Nordschweiz und der Barentssee sind sehr bemerkenswert, da sie höchstwahrscheinlich Angiospermen zuzuordnen sind. Im Vergleich dazu stammen die ältesten bis dahin bekannten Pollenfunde und Makrofossilien von Angiospermen aus der Unterkreide (ca. 140-135 Mio. rJ). Es klafft also eine enorme Überlieferungslücke von ca. 100 Mio. rJ. Wie die zugehörigen Pflanzen ausgesehen haben, ist völlig unklar. Sicher ist aber von der Feinstruktur der Pollenwand her, dass es sich nicht um Vorläufer jener Pollentypen handelt, die man bei den für ursprünglich gehaltenen Angiospermen findet. Auch bleibt die Frage offen, wieso es über einen Zeitraum, der den gesamten Jura und die Untertrias umfasst, keine fossilen Nachweise gibt. Der Gedanke an geologisch nicht überlieferte Lebensräume liegt hier nahe (vgl. Stephan 2002). Außerdem passt die ökologische Bandbreite nicht ohne weiteres zu dem oben genannten Konzept von Axelrod, wonach Angiospermen-Fossilien in älteren Systemen als Kreide nur deshalb fehlen, weil sie zu der Zeit an sehr speziellen Standorten wuchsen.

Insofern sind die Neufunde sehr bemerkenswert, weil sie darauf hinweisen, dass ganze Organismengruppen über große Zeiträume bzw. über viele geologische Schichtglieder hinweg ohne fossile Dokumentation existieren können. Zur Frage der Abstammung der Angiospermen bringen sie aber keine entscheidende Klärung.

Literatur

Axelrod DI (1952) A theory of angiosperm evolution. *Evolution* 6, 29-60.

Hochuli PA & Feist-Burkhardt S (2004) A boreal early cradle of Angiosperms. Angiosperm-like pollen from the Middle Triassic of the Barents Sea (Norway). *J. Micropalaeontol.* 23, 97-104.

Hochuli PA & Feist-Burkhardt S (2013) Angiosperm-like pollen and *Afropollis* from the middle triassic of the Germanic basin (Northern Switzerland). *Frontiers in Plant Science*. doi: 10.3389/fpls.2013.00344.

Kutzelnigg H (2000, 2001): Das „abscheuliche Geheimnis“. Woher kommen die Angiospermen? *Stud. Int. J.* 7, 51-58; 8, 10-15. (<http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij72/sij72-1m.html>)

Stephan M (2002) *Der Mensch und die geologische Zeittafel*. Holzgerlingen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n203.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.10.11 Über den Ursprung der Schildkröten

Schildkröten haben einen unverwechselbaren Bauplan, der sich deutlich von den Bauplänen aller anderen Wirbeltiere absetzt. Ein neuer Genesisnet-Artikel (Artikel ► Entstehung der Schildkröten, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42847&Sprache=de&l=2>) diskutiert Hypothesen über ihre Entstehung.

Schildkröten haben den ungewöhnlichsten Bauplan unter den Wirbeltieren. Er ist so verschieden von anderen Tiergruppen, dass über die **taxonomische*** Zuordnung keine eindeutige Aussage möglich ist. Nachdem **morphologische**** Merkmale eher Verwandtschaftsbeziehungen mit stammesgeschichtlich alten Gruppen unterstützten, wiesen neuere molekularbiologische Untersuchungen ab Ende der 1990er Jahre in eine neue Richtung, nämlich einer Verwandtschaft mit diapsiden Formen, die als abgeleitet und jünger gelten. Morphologische und molekulare Analysen passen nicht zusammen.

*taxonomisch (= die Ordnung der Lebewesen betreffend)

**morphologisch (= gestaltliche)

Über die Entstehung des hervorstechendsten Merkmals, den Panzer, werden unterschiedliche Hypothesen vertreten. Nach der *Transformationshypothese* entstand der Panzer allmählich aus Hautknochen durch Fusion mit den Rippen und Wirbelfortsätzen unter der Wirkung der natürlichen Selektion. Nach der *Emergenzhypothese* ist der Panzer dagegen zunächst unabhängig von Anpassungsprozessen durch Neuerschaltungen von Steuergenen und Entwicklungsmodulen, also durch Veränderungen in der **ontogenetischen*** Entwicklung entstanden. Eine besondere Rolle spielt nach dieser Hypothese eine nur in der Ontogenese* der Schildkröten vorkommende Aufwölbung aus Ektoderm und Mesoderm, die sich oberhalb der Extremitätenknospe in Längsrichtung auf der Körperflanke bildet, die Carapaxfalte. Beiden Hypothesen stehen schwerwiegende Probleme entgegen. Das Für und Wider der beiden Hypothesen wird erläutert.

*Ontogenese (= individuelle Entwicklung vom Ei zum ausgewachsenen Organismus)

In der Fossilüberlieferung erscheint der Schildkrötenbauplan ziemlich abrupt. Neuere Fossilfunde könnten die Lücken zu anderen Tiergruppen verringern. Die in den Jahren 2008 und 2009 neu beschriebenen Gattungen *Odontochelys* und *Chinlechelys* werden im Rahmen der konkurrierenden Panzer-Entstehungshypothesen diskutiert. Diese beiden Gattungen besaßen Merkmale, aus denen Hinweise auf ihre hypothetische Evolution entnommen werden können. So besaß *Odontochelys* keinen verknöcherten Rückenpanzer, und der Panzer von *Chinlechelys* war sehr dünn und nur teilweise mit den Rippen verwachsen. Es ist aber in beiden Fällen nicht sicher, ob es sich dabei um phylogenetische Primitivmerkmale handelt. *Odontochelys* könnte auch eine spezialisierte wasserlebende Gattung gewesen sein. Und die fossilen Reste von *Chinlechelys* sind möglicherweise zu spärlich, um sichere Schlussfolgerungen zu erlauben.

Anschließend wird eine Reihe von Fragen zur Evolution der Schildkröten zusammenfassend diskutiert: Ontogenetische Befunde und die Bedeutung der Carapaxfalte, die uneinheitliche systematische Stellung der ältesten Fossilfunde, molekulare Daten und der Fossilbefund, einzigartige Merkmalskombinationen und **Konvergenzen***, Probleme des Umbaus zum Panzer und die Ontogenese als fragwürdiges Modell für die Stammesgeschichte.

Abschließend werden kurz einige spekulative Ideen für die Möglichkeit einer nicht-evolutionären Deutung der Fossilüberlieferung der ältesten Schildkröten diskutiert.

*Konvergenzen (= unabhängig entstandene Ähnlichkeiten)

Der Artikel liegt in zwei unterschiedlichen Versionen vor und erschien in ähnlicher Form in zwei Folgen in der Zeitschrift *Studium Integrale Journal* (<http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg17/heft1/sij171-3.html>).

„Experten“-Version: ► Entstehung der Schildkröten

PDF: ► Entstehung der Schildkröten

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n177.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.06.09 Das „abscheuliche Geheimnis“ im Darwinjahr

Aktuell im Darwinjahr: Die Frage nach der Abstammung der Blütenpflanzen ist nach wie vor ungeklärt

Gastbeitrag von Herfried Kutzelnigg

Eines der großen Probleme der Darwinschen Abstammungslehre ist die Herkunft der Bedecktsamigen Blütenpflanzen (Angiospermen), die heute mit ihren fast 300.000 Arten den weitaus größten Teil der grünen Pflanzen ausmachen. Sie treten schlagartig und ohne erkennbare Zwischenstufen zu Beginn der Kreideformation vor ca. 100 Millionen Jahren herkömmlicher Zeitrechnung auf und haben in vergleichsweise kurzer Zeit die bekannte Formenfülle erreicht. Darwin erkannte in selbstkritischer Weise, dass dieses Problem seine Theorie erheblich in Frage stellen würde und bezeichnete daher einem Kollegen gegenüber in einem Brief aus dem Jahre 1879 die Situation als „abominable mystery“, also als abscheuliches Geheimnis. Vor allem störte ihn das sprunghafte Auftreten dieser Pflanzen, das so gar nicht in das Konzept einer Evolution passte, die lange Zeiträume zu ihrer Realisierung erfordert.

Nach nunmehr 130 Jahren intensiver Forschung ist das Geheimnis nach wie vor ungelüftet. Umso erstaunlicher ist es, dass der Ausdruck „abominable mystery“ auch von Evolutionsbefürwortern gerne benutzt wird. Offenbar ist man so unerschütterlich fest von der Theorie überzeugt, dass man es nur für eine Frage der Zeit hält, wann das Geheimnis gelüftet sein wird.

Entsprechend ist auch im Darwinjahr mehrfach über das Thema geschrieben worden, z. B. in einem Artikel von Elizabeth Pennisi in der führenden Wissenschaftszeitschrift *Science* in der Ausgabe vom 3. April 2009 mit dem Titel „On the Origin of Flowering Plants“. Es ist in solchen Artikeln immer wieder eindrucksvoll, wie ausführlich darüber berichtet wird, dass man trotz moderner Forschung in all den verschiedenen Teildisziplinen noch nicht weiter ist, aber gleichzeitig mit beachtlichem Selbstbewusstsein darauf hingewiesen wird, dass man kurz vor dem Ziel sei.

Nun kurz zu einigen Teilaspekten der Problematik: Woher die Bedecktsamer kommen, ist weiterhin völlig offen. Hoffnungen, die Vorfahren bei irgendwelchen Gruppen der Nacktsamer (Gymnospermen) zu finden, wurden sämtlich zerschlagen. Dies gilt sowohl für die Suche nach Fossilfunden, die man als Zwischenstufen interpretieren könnte, als auch für theoretische Ableitungen der Blütenherkunft und auch für Überlegungen aufgrund des Vergleichs von molekularen Daten. Als unbefriedigende Lösung blieb nur übrig, das Problem zeitlich zurück zu verschieben und jetzt von einem gemeinsamen Ahnen der Angiospermen und Gymnospermen auszugehen.

Wie die ursprüngliche Angiospermenblüte ausgesehen haben könnte, ist wegen der explosionsartigen Ausbreitung dieser Pflanzengruppe nach wie vor unklar. Es scheint jetzt nur klar zu sein, dass die jahrzehntelang gelehrt Lehrbuchmeinung, wonach die primitiven Blüten in der Verwandtschaft der Magnolien zu suchen sind, aufgegeben werden muss.

Neuere Arbeiten über die Abstammung der Angiospermen nennen regelmäßig als großen Wissenschaftsfortschritt die in den letzten Jahren aufgestellten „Stammbäume“, die aufgrund morphologischer und vor allem molekularer Analysen konstruiert wurden. Dabei wird oft

übersehen, dass es sich lediglich um die graphische Darstellung von Merkmalsvergleichen handelt und nicht um den Nachweis von Abstammung. Ohne Zweifel ist die gebotene Datenfülle eindrucksvoll, und es gibt beachtliche Erkenntnisse über abweichende Pflanzengruppen, die in solchen „Stammbäumen“ an die Basis gestellt werden. Hierzu zählen z. B. die Seerosen und ihre Verwandten und der viel zitierte, nur in Neukaledonien vorkommende Strauch *Amborella*. Was aber diese Abweichungen wirklich bedeuten, ist eine offene Frage.

Eine Zeitlang galt eine fossile Pflanze mit Namen *Archaeofructus* als möglicher Kandidat einer frühen Angiosperme. Dann aber stellte sich heraus, dass nicht nur das angenommene Alter von ca. 144 Millionen Jahren zu hoch gegriffen war, sondern auch die Blütenreste falsch interpretiert worden waren, so dass jetzt auch dieser Hoffnungsträger ausscheidet.

So bleibt die Hoffnung, dass entwicklungsbiologische Untersuchungen aus der neuen Forschungsrichtung „Evo-Devo“ die Wissenschaft vielleicht der Problemlösung näher bringen. Allerdings ergaben erste molekulargenetische Untersuchungen zur Frage der Blütenentwicklung das interessante Ergebnis, dass die wesentlichen Aspekte der Blütenentwicklung seit den frühesten Linien konserviert sind. Daher führt auch dieser Befund bei der Suche nach ursprünglichen Formen nicht weiter.

Somit ist also Darwins „abscheuliches Geheimnis“ einer Lösung immer noch nicht näher gekommen, und es ist daher umso erstaunlicher, dass namhafte Wissenschaftler davon sprechen, dass sie eine Lösung des „abominable mystery“ in Reichweite sehen.

Literaturhinweise

Wer sich für nähere Einzelheiten interessiert, sei auf folgende Publikationen hingewiesen:

Kutzelnigg H (2000, 2001): Das „abscheuliche Geheimnis“. Woher kommen die Angiospermen? Stud. Int. J. 7, 51-58; 8, 10-15.

Kutzelnigg H (2008) Neues zum explosionsartigen Auftreten der Bedecktsamer. Stud. Int. J. 15, 88-92.

Pennisi E (2009) On the origin of flowering plants. Science 324, 28-31.

Autor dieser News: Herfried Kutzelnigg

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n131.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.03.09 Von Schildkröten, Makroevolution und Kreationismus

Im Newsbeitrag „Schildkröten-Übergangsform?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=121> wurde über einen Schildkröten-Fossilfund berichtet, der als evolutionäre Übergangsform diskutiert wird. In einem Beitrag zum Thema „Kreationismus und ‘Intelligent Design’“ im jüngst erschienenen Band „Evolution. Der Fluss des Lebens“ des Staatlichen Museums für Naturkunde Stuttgart geht Hansjörg Hemminger auf diesen Fund ein. Seine Ausführungen sollen hier kurz kommentiert werden.

Hemminger thematisiert nur die Deutung des neuen Fundes *Odontochelys semitestacea* als evolutive Übergangsform (vgl. Li et al. 2008). In derselben *Nature*-Ausgabe erschien jedoch auch eine Kritik dieser Deutung von Reisz & Head (2008, 451), wonach es sich bei *Odontochelys* nicht um eine primitive Form, sondern im Gegenteil um eine an das Leben im Wasser spezialisierte Anpassung handeln könnte, bei der sekundär der Rückenpanzer verloren ging. **Da es sich bei *Odontochelys* um das älteste bekannte Schildkrötenfossil handelt, würde sich bei dieser Deutung die Frage nach der Entstehung der Schildkröten verschärfen.** Im oben genannten Newsbeitrag wird diese Frage offen gelassen, da sie anhand der vorliegenden Daten offenbar nicht entschieden werden kann. Von der *Kritik* der Deutung als Übergangsform ist bei Hemminger nichts zu lesen, er präsentiert die wissenschaftliche Diskussion also selektiv und begeht damit eine Unterlassung, die er selber oft den Kreationisten vorwirft. Er schreibt dann ausgerechnet, dass der Fall „bezeichnend“ sei „für die Art, wie der Kreationismus argumentiert“, und behauptet: „Lücken im Fossilbericht werden dazu genutzt, riesige und durch die Evolutionstheorie scheinbar nicht erklärbare Entwicklungssprünge festzustellen.“ Tatsächlich ist von „nicht erklärbar“ im Text der Studiengemeinschaft Wort und Wissen, auf den sich Hemminger hier ausdrücklich bezieht, nirgends die Rede, sondern nur von *nicht erklärt* – ein großer Unterschied! Das gilt auch für andere Texte, insbesondere auch für „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“. Und die Kennzeichnung „riesige“ ist eine Übertreibung der Aussagen von Wort und Wissen. Die Lücken und die Erklärungsprobleme werden im Falle der Schildkröten auch von Evolutionsbiologen thematisiert. Wenn Funde gelingen, die diese Lücken teilweise schließen oder schließen könnten, wurde das bei Wort und Wissen häufig thematisiert, z. B. auf dem Gebiet des Übergangs von Fischen zu Vierbeinern (s. z. B. „Entstehung der Vierbeiner“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42843&Sprache=de&l=1> und „Tiktaalik – ein erstklassiges Bindeglied?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=63> oder die Monographien der Reihe STUDIUM INTEGRALE, <https://www.wort-und-wissen.org/shop/>, und viele Beiträge in *Studium Integrale Journal*, <https://www.si-journal.de/>). Was ist hier also „bezeichnend“? Nur durch eine selektive Auswahl von Detailaussagen und ihre verzerrte Wiedergabe kann Hemminger seine Argumentation plausibel durchhalten und Wort und Wissen auch noch „Propaganda gegen die Naturwissenschaft“ vorwerfen (S. 177).

Weiter ist für Hemminger „unerfindlich“, warum es sich beim Übergang zu den Schildkröten um Makroevolution handeln sollte. Er zitiert in diesem Zusammenhang aus dem Genesisnet-Artikel „Evo-Devo“, <https://www.genesisnet.info/pdfs/Evo-Devo.pdf>, leider ohne Quellenangabe, so dass es dem Leser nicht möglich ist, das Zitat im Zusammenhang zu lesen. Dort findet sich auch eine *Begründung*, warum die Entstehung der Schildkröten einen makroevolutiven Schritt fordert und ebenso, warum es für diesen Schritt keine evolutionstheoretische Erklärung gibt. Hemminger teilt seinen Lesern diese Begründung nicht

mit, obwohl sie im selben Artikel zu finden ist wie das Zitat, das er anführt. So schreiben Gilbert et al. (2001, 47): „Insgesamt enthält der Panzer über 50 Hautknochen, die bei keiner anderen Wirbeltier-Ordnung bekannt sind, und die Anwesenheit dieser Knochenhülle erforderte aufwändige Veränderungen des Vierfüßerbauplans. ... Der Hals, der Schädel und der Kopulationsapparat sind ebenfalls in hohem Maße verändert.“ Die Neuorganisation des Bauplans betrifft auch Atmung und Fortbewegung „radikal“, und sie ist von allen anderen Wirbeltieren verschieden (Burke 1989, 364). Kein Wunder also, dass Rieppel (2001, 987) feststellt: „Die Evolution der stark abgeleiteten adulten (= erwachsenen) Anatomie der Schildkröten ist ein Paradebeispiel eines makroevolutiven Ereignisses, das durch Veränderungen in der frühen Embryonalentwicklung ausgelöst wurde.“ Ob Änderungen in der Ontogenese (= Individualentwicklung) makroevolutive Erklärungen wirklich ermöglichen, wird im Evo-Devo-Artikel (<https://www.genesisnet.info/pdfs/Evo-Devo.pdf>) diskutiert; das soll hier nicht wiederholt werden.

Angesichts dieser Tatsachen ist die Behauptung Hemmingers, dass Funde wie *Odontochelys* die Lücken schließen und die Evolutionstheorie bestätigen, nicht gerechtfertigt. Unabhängig von der Tatsache, dass es „die Evolutionstheorie“ nicht gibt, beruhen seine Darstellungen hier nachweislich auf einem selektiven, oberflächlichen und unkritischen Umgang mit den vorliegenden Befunden und Argumenten. Leider ist das kein Einzelfall; vielmehr scheint diese Art der Behandlung von Fachproblemen bei Hemminger System zu haben, wenn es ihm darum geht, „kreationistische“ Positionen z. B. als „Calvinball“ zu diskreditieren (z. B. EZW-Text 195, „Mit der Bibel gegen die Evolution“; siehe dazu dessen Besprechung unter <https://www.wort-und-wissen.org/disk/d08-2/>).

Literatur

Burke AC (1989) Development of the Turtle Carapace: Implications for the Evolution of a Novel Bauplan. *J. Morphol.* 199, 363-378.

Gilbert SF, Loredó GA, Brukman A & Burke AC (2001) Morphogenesis of the turtle shell: the development of a novel structure in tetrapod evolution. *Evol. Dev.* 3, 47-58.

Hemminger H (2009) Kreationismus und „Intelligent Design“. In: Schmid U & Bechky G (Hg) *Evolution. Der Fluss des Lebens. Stuttgarter Beiträge zur Naturkunde _Serie C 66/67, S. 173-179.*

Li C, Wu XC, Rieppel O, Wang LT & Zhao LJ (2008) An ancestral turtle from the Late Triassic of southwestern China. *Nature* 456, 497-501.

Reisz RR & Head JJ (2008) Palaeontology: Turtle origins out to sea. *Nature* 456, 450-451.

Rieppel O (2001) Turtles as hopeful monsters. *BioEssays* 23, 987-991.

Originalzitate

„Altogether, the shell contains over 50 dermal bones found in no other vertebrate order, and the presence of this bony casing has necessitated extensive modifications of the tetrapod body plan. ... The neck, skull, and copulatory apparatus are also greatly modified“ (Gilbert et al.).

„The evolution of the highly derived adult anatomy of turtles is a prime example of a macroevolutionary event triggered by changes in early embryonic development“ (Rieppel).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n126.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.12.08 Schildkröten-Übergangsform?

Schildkröten (Testudines) sind faszinierende Tiere. Ihr ungewöhnlicher Bauplan ist sehr verschieden von den Bauplänen anderer Echsen. Der einzigartige Panzer ist aus zahlreichen Knochenplatten zusammengesetzt, die von ca. 50 Hornschilden oder lederartiger Haut bedeckt sind. Er entsteht durch Verschmelzung von Wirbelsäule, Rippen, Teilen des Schultergürtels und spezialisierten Hautknochen. Rückenpanzer (Carapax) und Brustpanzer (Plastron) sind durch eine Knochen- oder Knorpelbrücke miteinander verbunden. Der eigenartige Bau erfordert entsprechende bauliche und funktionale Abstimmungen mit anderen Organen, zum Beispiel bei der Atmung und Fortbewegung. Einzigartig ist auch die Lage des Schultergürtels, der sich innerhalb der Rippen entwickelt. Der Körperbau ist so ungewöhnlich, dass nur wenige Merkmale benutzt werden können, um die Schildkröten mit irgendwelchen anderen Tiergruppen zu verbinden und daraus Hinweise auf mögliche stammesgeschichtliche Beziehungen zu entnehmen. Da auch die bislang ältesten fossilen Schildkröten der Gattung *Proganochelys* aus der Obertrias Deutschlands (auf 204-206 Millionen Jahre datiert) den typischen Schildkröten-Bauplan bereits besaßen (Li et al. 2008), gaben Fossilien bis vor kurzem keine Hinweise auf den Ursprung der Schildkröten.

Neuer Fund. Li et al. (2008) berichten nun von Fossilfunden einer Schildkröte, die einen Zwischenschritt in der Evolution des Panzers dokumentieren soll. Die neue Art *Odontochelys semitestacea* wurde in Schichten in der südwestchinesischen Provinz Guizhou in Küsten-Ablagerungen entdeckt, die mit datierten 220 Millionen Jahren noch älter sind als *Proganochelys*. Der Artname bedeutet sinngemäß „Halbpanzerschildkröte mit Zähnen“, womit zwei wesentliche Unterschiede zu heutigen Schildkröten angedeutet sind. Zum einen waren Ober- und Unterkiefer des Tieres bezahnt und hatten keine schnabelartigen Kieferleisten heutiger Schildkröten. Zum anderen war zwar der Bauchpanzer des etwa 40 cm großen Tieres voll entwickelt; der Rückenpanzer bestand aber nur aus Neuralplatten; die rückenseitigen Rippen waren lediglich verbreitert. Hautknochen („osteoderms“) waren nicht ausgebildet. Li et al. (2008) schließen daraus, dass sich der bauchseitige Panzer vor dem Rückenpanzer entwickelt hat und dass der erste Schritt der Entstehung des Rückenpanzers in der Verknöcherung von Neuralplatten und Verbreiterung der Rippen bestand. Diese Abfolge stimmt mit dem Verlauf der frühen Embryonalentwicklung der heutigen Schildkröten überein. Bisher war ein Zusammenwachsen verknöcherner Hautschuppen als erster Schritt favorisiert worden. Gegen die Deutung, es handle sich um ein jugendliches Exemplar spricht nach Li et al. (2008, 499) die Verschmelzung von Sprungbein (Astragalus) und Fersenbein (Calcaneum).

Alternative Interpretation. Der Interpretation von Li et al. stellen Reisz & Head (2008) in einem Kommentar jedoch eine andere entgegen: Lange, verbreiterte Rippen sind Bestandteile des Rückenpanzers aller Schildkröten. Deren Vorkommen bei *Odontochelys* sei ein Hinweis darauf, dass das embryonale Gewebe, welches die Bildung des Carapax kontrolliere, ebenfalls vorhanden gewesen sei. Ebenso sei die Verbindungsbrücke zwischen Carapax und Plastron ausgebildet, was ebenfalls für die Anwesenheit eines Carapax spreche. Zusammengenommen spreche das für die alternative Interpretation, dass ein Carapax doch ausgebildet gewesen sei, jedoch einige seiner Teile nicht verknöchert gewesen seien. Diese Interpretation von *Odontochelys* führe zur Möglichkeit, dass dessen Panzer nicht primitiv, sondern stattdessen eine spezialisierte Anpassung durch einen sekundären Verlust gewesen sei (Reisz & Head 2008, 451), also keine Ausprägung, die einem frühen Ontogenesestadium entspricht. Eine Reduktion der Hautknochen ist bei wasserlebenden Schildkröten verbreitet; die Deutung einer Spezialisierung passt also zum vermutlichen Lebensraum von *Odontochelys* im küstennahen Wasser. Diese Ausprägung könne durch ein Stehenbleiben der Entwicklung auf einem jugendlichen Stadium (sog. Paedomorphose) zustande gekommen sein.

Allerdings passt die Bezahnung, die evolutionstheoretisch als ursprüngliches Merkmal gelten muss, nicht ohne Weiteres zu dieser Deutung. Insgesamt handelt es sich also um ein Merkmalsmosaik, das nicht leicht in ein stammesgeschichtliches Schema eingeordnet werden kann. Wie in vielen anderen Fällen auch zeigt sich, dass Mosaikformen nicht mit evolutiven Übergangsformen gleichzusetzen sind.

Ursprungsfrage verschärft? Die alternative Interpretation der Befunde durch Reisz & Head würde die Frage nach dem Ursprung der Schildkröten unverändert offen lassen, wenn nicht sogar verschärfen: Denn demnach wäre ausgerechnet eine spezialisierte Form die bislang älteste. Die Funde von *Odontochelys* machen auch beispielhaft deutlich, wie schwierig die Interpretation fossiler Funde sein kann.

Literatur

Li C, Wu XC, Rieppel O, Wang LT & Zhao LJ (2008) An ancestral turtle from the Late Triassic of southwestern China. *Nature* 456, 497-501.

Reisz RR & Head JJ (2008) Palaeontology: Turtle origins out to sea. *Nature* 456, 450-451.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n121.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.04.05 Konvergenz der Gehörknöchelchen der Säugetiere

Ein neuer Fossilfund eines Kloakentiers (Untergruppe der Säugetiere) zeigt deutliche Hinweise darauf, dass die säugertypischen Gehörknöchelchen Hammer, Amboss und Steigbügel bei diesem Säuger nicht ausgebildet waren. Daraus muss gefolgert werden, dass diese Konfiguration, die als eines der wichtigsten Schlüsselmerkmale der Säugetiere betrachtet wird, mindestens zweimal unabhängig (konvergent) entstanden ist. Befunde wie diese bleiben nicht ohne Folgen für Phylogenetik (= Stammbaumforschung), wie weiter unten kurz erläutert werden soll.

Die drei Gehörknöchelchen leiten im Mittelohr der Säugetiere die Schwingungen des Trommelfells zum ovalen Fenster des Innenohrs. Nach evolutionstheoretischen Vorstellungen leiten sie sich von Knochen her, die bei Echsen das Kiefergelenk bilden. Der Bau des Säuger-Mittelohrs ist so komplex und einzigartig, dass einige Forscher die Ablösung der Mittelohrknochen vom Kiefer sogar als wichtigste Synapomorphie (abgeleitetes Merkmal) der heutigen Säugetiere betrachten (Martin & Luo 2005, 861).

Das neuerdings von Rich und Mitarbeitern (2005) beschriebene Fossil erzwingt nun aber eine neue Sicht. Die Konfiguration des Unterkieferknochens des jüngst entdeckten, bisher ältesten bekannten Kloakentiers *Teinolophus trusleri* (auf 115 Millionen Jahre datiert) zeigt klare Hinweise auf das Vorhandensein eines Angulare, Artikulare und Quadratum und ihre Verbindung mit dem Unterkiefer. Da gleichzeitig lebende Säugetiere den typischen Bau des Kiefergelenks und des Mittelohrs aufweisen und die heutigen Kloakentiere (mit drei Gehörknöchelchen) aus dem beschriebenen Fossil hervorgegangen sein sollen, muss aufgrund dieses Fundes geschlossen werden, dass die Mittelohrknochen zweimal unabhängig voneinander bei den Säugetieren entstanden sind – in der Gruppe der Theria (Beuteltiere und Plazentatiere) vor ca. 215-225 Millionen Jahren und etwa 100 Millionen Jahre später in der Gruppe der Kloakentiere. Bisher war man der Auffassung, dass die Auswanderung der Gehörknöchelchen aus dem Kiefergelenk vor der Aufspaltung der Kloaken-, Beutel- und Säugetiere erfolgte. Die Mittelohrknochen Hammer, Amboss und Steigbügel verlieren damit nach Rich et al. (2005) ihre Bedeutung als charakteristisches Kennzeichen der Säugetiere. Konvergenz eines Schlüsselmerkmals: das ist ein Vorgang, den Biologen bisher höchstwahrscheinlich ausgeschlossen hätten. Ist eine solche Situation evolutionstheoretisch noch plausibel deutbar?

Die Konvergenz der Gehörknöchelchen demonstriert beispielhaft die Problematik des evolutionären Homologie-Arguments. Wenn selbst einzigartige Schlüsselmerkmale mehrfach unabhängig entstehen können, ist das Homologie-Argument am Ende. Denn offenbar kann aufgrund von Bauplanähnlichkeiten nicht auf gemeinsame Abstammung geschlossen werden. Daher gibt es auch keinen Homologiebeweis der Evolution (vgl. „Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>; für eine ausführliche Diskussion dieses Sachverhalts siehe Junker 2002, 28-45). Ein verschachteltes, hierarchisches System von Schlüsselmerkmalen (das enkaptische System) wurde häufig als einer der stärksten Belege für Makroevolution genannt. Dieser Beleg wird mit zunehmender Kenntnis der Formenvielfalt in Frage gestellt.

Literatur

Junker R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.

Martin T & Luo ZX (2005) Homoplasy in the Mammalian Ear. *Science* 307, 861-862.

Rich TH, Hopson JA, Musser AM, Flannery TF & Vickers-Rich P (2005) Independent Origins of Middle Ear Bones in Monotremes and Therians. *Science* 307, 910-914.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n35.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Paläontologie: Fossilien des Erdaltertums (z. B. Entstehung Vierbeiner und Kambrische Explosion)

02.05.23 Das Monster, das in kein Schema passt: Das Tully-Monster

Es sieht aus wie ein Phantasiewesen und seine Merkmalkombination hat es in sich: Das Tully-Monster (*Tullimonstrum gregarium*) lässt sich bis heute nicht schlüssig in das System der Lebewesen einfügen – nach einer neuen Studie gilt dies mehr denn je. Es ist ein Paradebeispiel für eine freie Kombinierbarkeit von tierklassen- und sogar tierstammübergreifenden Merkmalen. Eine solche Freiheit besitzt allerdings nur ein Schöpfer.

Zu den vielzitierten Belegen für Evolution gehört das eingeschachtelte System der Lebewesen. Verschiedene Arten lassen sich auf der Basis von Merkmalsübereinstimmungen zu Gattungen zusammenfassen (z. B. Katzen), Gattungen zu Familien (z. B. Katzenartige), Familien zu Ordnungen (z. B. Raubtiere), Ordnungen zu Klassen (z. B. Säugetiere) und Klassen zu Stämmen (z. B. Chordatiere; vgl. Abb. 1).

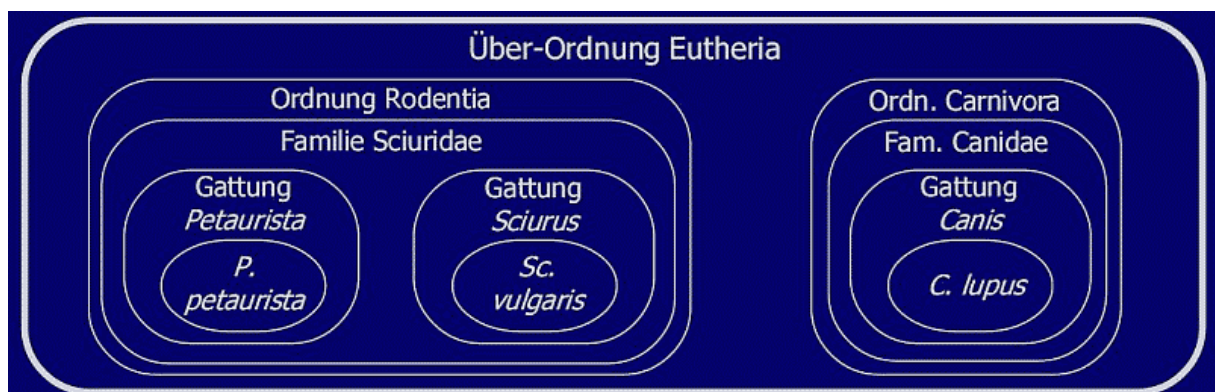


Abb. 1: Enkaptsches System: Ordnung der Lebewesen in einem hierarchischen, enkaptschen (eingeschachtelten) System, am Beispiel von Riesengleithörnchen (*Petaurista petaurista*), Eichhörnchen (*Sciurus vulgaris*) und Wolf (*Canis lupus*). (Nach Peters & Gutmann 1971)

Ein eingeschachteltes System lässt sich problemlos in eine Baumdarstellung übersetzen, die sich evolutionstheoretisch wiederum im Sinne der gemeinsamen Abstammung aller Lebewesen interpretieren lässt. Bei manchen Tiergruppen funktioniert das tatsächlich recht gut. Aber mit zunehmenden Kenntnissen über die Verteilung von Merkmalen bei verschiedenen Arten und höheren Taxa (umfassenderen Gruppen) wuchs die Anzahl von Merkmalswidersprüchen, insbesondere unter fossil bekannten Formen, aber auch bei heute lebenden Gruppen. In solchen Fällen erweisen sich netzartige Darstellungen von Merkmalsbeziehungen als deutlich widerspruchsfreier als die allgemein üblichen Baumdiagramme. Das aber widerspricht dem genannten Evolutionsbeweis und evolutionstheoretischen Vorhersagen. Die Folge ist aber in der Regel nicht, dass deshalb Evolution als Rahmentheorie in Frage gestellt wird. Vielmehr sucht man nach neuen, unbekanntem Mechanismen, die zur unerwarteten Merkmalsverteilung geführt haben sollen.

Evolution als Rahmentheorie steht nicht zur Disposition, eine Falsifizierungsmöglichkeit wird gar nicht erst in Betracht gezogen. Nicht zu vermeiden ist aber die Schlussfolgerung, dass damit ein wissenschaftlicher Beleg für Evolution – das eingeschachtelte System – geschwächt wird.

***Tullimonstrum gregarium* – das „Tully-Monster“**

Ein extremes Beispiel dafür, dass die Merkmalskombination einer Art in kein evolutionäres Schema passt, ist das Tully-Monster (*Tullimonstrum gregarium*). Seinen Namen hat dieses nur fossil erhaltene Tier nicht umsonst. Man könnte es leicht für ein Phantasiewesen halten, wenn man eine der zahlreichen Rekonstruktionen betrachtet (s. Abb. 2).



Abb. 2: Rekonstruktion von *Tullimonstrum*. (Nobu Tamura, CC BY-SA 4,0, <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/deed.en>)

Tatsächlich aber wurden Tausende von Exemplaren entdeckt – ausschließlich in der oberkarbonischen Mazon-Creek-Formation (Illinois/USA; auf ca. 290 Millionen radiometrische Jahre datiert). Das Tier hatte einen spindelförmigen Körper und war ca. 30–35 cm lang, manche Individuen waren aber deutlich kleiner. Es besaß ein Paar vertikaler Bauchflossen am Schwanzende seines Körpers, einen langen Rüssel (Proboscis), der in einer Art Maul endete, das bis zu je acht kleine scharfe Zähne an jedem „Kiefer“ trug, was auf eine räuberische Lebensweise hinweist. Sehr ungewöhnlich sind auch die dünn gestielten Augen. Entlang des Körpers ist eine Segmentierung zu erkennen – auch in der Kopfreion vor den Augen, was ebenfalls ungewöhnlich ist. Hartteile wurden nicht nachgewiesen.

Es wundert nicht, dass die Einordnung des im Jahr 1966 erstmals beschriebenen Tieres ins System der Tiere Probleme bereitet und bis heute kontrovers diskutiert wird. Sein Körperbau unterscheidet sich von allen anderen bekannten Tierbauplänen. *Tullimonstrum* wurde mit Schnecken (Gastropoda), mit der ebenfalls ungewöhnlichen kambrischen Gattung *Opabinia* mit unklarer systematischer Stellung, mit fossilen Conodonten („Kegehzähler“), Vielborstern (Polychaeta-Würmer), Schnurwürmern (Nemertea) und Nektocariden (Gruppe der Kopffüßer) verglichen (Mikami et al. 2023, 1).

Ein Wissenschaftlerteam glaubte, eine Chorda (langer, dünner und biegsamer Stab im Rückenbereich), ein dreiteiliges Gehirn, Kiementaschen, Muskelsegmente wie bei Neunaugen und anderen Chordatieren sowie Zähne, die denen von Neunaugen und Schleimaalen ähneln, nachgewiesen zu haben (McCoy et al. 2016). Dieses Team schlug vor, *Tullimonstrum* als ursprüngliches Wirbeltier zu klassifizieren. Daran wurde postwendend Kritik geäußert (Sallan et al. 2017). Wichtige wirbeltiertypische Merkmale wie Ohrkapseln und Körperpigmentierung würden fehlen; es sei bekannt, dass viele Merkmale konvergent (evolutionär unabhängig) auftreten und daher phylogenetisch (in Bezug auf die Stammesgeschichte) nicht aussagekräftig seien. Durch eine chemische Analyse der Fossilien wurden dann allerdings Überreste von Proteinen gefunden, aus denen das Keratin und Kollagen von Wirbeltieren besteht (McCoy et al. 2020), was die Forscher wiederum als Hinweis auf eine Wirbeltierverwandtschaft werteten.

Eine aktuelle Untersuchung von Mikami et al. (2023) erbrachte nun neue Befunde, die eine Entscheidung in dieser Kontroverse herbeiführen könnten. Mikami und sein Team analysierten 153 fossile Exemplare des Tully-Monsters mithilfe eines hochauflösenden 3D-Laserscanners und mittels Mikro-Röntgentomografie. Dabei stellte sich heraus, dass sich die von McCoy et al. (2016) beschriebenen, vermeintlich wirbeltierähnlichen Merkmale (dreigeteiltes Gehirn, segmentierte Muskeln und Strahlenflossen) deutlich von Wirbeltieren unterscheiden. „Unsere Analysen [...] deuten auf das Vorhandensein von Segmenten in der präoptischen Region und das Fehlen von Tektaknorpeln [Knorpel im Bereich des Gehirns], wirbeltierähnlichen Gehirnen, Kiemendeckeln und Flossenstrahlen hin, was Zweifel an der Wirbeltierzugehörigkeit von *Tullimonstrum* aufkommen lässt“ (Mikami et al. 2023, 7). Die vordere Körperregion zeigte auch im Kopf und im langen Mundfortsatz (Proboscis) eine Segmentierung, was untypisch für Wirbeltiere, dagegen typisch für Wirbellose ist. Zudem unterscheiden sich die schmalen, scharfen Zähne des Rüssels von den Hornzähnen von Neunaugen und Schleimaalen, zu deren Verwandtschaft *Tullimonstrum* von McCoy et al. (2016) gestellt worden waren. Die Forscher kommen zum Schluss, dass *Tullimonstrum* weder ein Wirbeltier war noch mit ihnen enger verwandt ist. Stattdessen schlagen sie vor, *Tullimonstrum* entweder zu den nicht-wirbeltierartigen Chordatieren oder zu den Urmundtieren (Protostomier) zu stellen. In letzterem Fall müsste man allerdings einen radikal veränderten Bauplan mit einzigartigen Merkmalen annehmen (Mikami et al. 2023, 10) und damit eine isolierte Stellung im System der Lebewesen.

Die Autoren diskutieren die Merkmalsbeziehungen von *Tullimonstrum* zu unterschiedlichen Tiergruppen. Der Einordnung als Stammchordat mit Segmentierung auch im Kopfbereich vor den Augen steht allerdings das Fehlen eines Nachweises einer mit den Pharyngealbögen (Schlundbögen) verbundenen Struktur in *Tullimonstrum* entgegen. *Tullimonstrum* könnte diese Struktur allenfalls sekundär verloren haben (Mikami et al. 2023, 10).

Die Autoren halten auch eine Nähe von *Tullimonstrum* zum weiteren Verwandtschaftsbereich der Gliederfüßer (Panarthropoden) für unwahrscheinlich, denn die Körpersegmentierung ist anders als die sklerotisierten (ausgehärteten) Segmente der Gliederfüßer-Fossilien aus Mazon

Creek. Die Körpersegmentierung von *Tullimonstrum* unterscheidet sich auch von der eines untersuchten Stummelfüßers (*Onychophora*) aus Mazon Creek. Eine nähere Verwandtschaft von *Tullimonstrum* komme daher nur außerhalb der Panarthropoda in Frage. Doch auch eine Verwandtschaft mit Ringelwürmern (Anneliden), Weichtieren (Mollusken) und Schnurwürmern (Nemertea) sei unwahrscheinlich, da ihnen eine vergleichbare Körpersegmentierung wie *Tullimonstrum* fehlt. Zwar besitzen Anneliden und Nemerteen sich wiederholende Strukturen im Rumpf, sie erstrecken sich aber nicht wie bei *Tullimonstrum* auf die Kopfregion. Außerdem unterscheiden sich die Rüssel von Anneliden und Nemerteen von denen von *Tullimonstrum* dadurch, dass sie einklappbar oder einziehbar sind. Darüber hinaus haben Mollusken im Allgemeinen keine segmentale Wiederholung in ihren Körpern – und soweit das doch der Fall ist (bei den Polyplacophora und Monoplacophora), sind sie nicht mit denen von *Tullimonstrum* vergleichbar, da ihnen klare Grenzen fehlen (Mikami et al. 2023, 11).

Fazit

Es bleibt nach Mikami et al. (2023, 12) dabei: Der einzigartige Körperbau von *Tullimonstrum* ist kaum mit dem eines anderen bekannten Tieres vergleichbar. Eine eindeutige systematische bzw. phylogenetische Zuordnung des Tully-Monsters ist weiterhin unklar. Die neuen Untersuchungen, die bisher nicht bekannte Details sichtbar gemacht haben, unterstreichen die Einzigartigkeit von *Tullimonstrum*. Die Merkmalskombination dieses merkwürdigen Tieres ist ein Paradebeispiel für eine freie Kombinierbarkeit von tierklassen- und sogar tierstammübergreifenden Merkmalen. Eine solche Freiheit besitzt aber nur ein Schöpfer.

Quellen

Mikami T, Ikeda T et al. (2023) Three-dimensional anatomy of the Tully monster casts doubt on its presumed vertebrate affinities. *Palaeontology* 62, e12646; doi:10.1111/pala.12646.

McCoy VE, Saupe EE et al. (2016) The ‘Tully monster’ is a vertebrate. *Nature* 532, 496–499.

Sallan L, Giles S et al. (2017) The ‘Tully Monster’ is not a vertebrate: characters, convergence and taphonomy in Palaeozoic problematic animals. *Palaeontology* 60, 149–157.

McCoy VE, Wiemann J et al. (2020) Chemical signatures of soft tissues distinguish between vertebrates and invertebrates from the Carboniferous Mazon Creek Lagerstätte of Illinois. *Gebiology* 18, 560–565.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n313.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.03.21 Lungenfische – Genome und ihre Interpretation

Lungenfische sind – darauf weist bereits ihr Name hin – Fische mit ungewöhnlichen Eigenschaften, z. B. der Fähigkeit, mit lungenähnlichen Organen Luft zu atmen. Ihr bisher unzugängliches Erbgut wurde jetzt von zwei verschiedenen Arbeitsgruppen an zwei verschiedenen Arten mit Hilfe modernster Sequenzierungsmethoden analysiert. Die Autoren interpretieren ihre Resultate in auffälliger Weise als Bestätigung etablierter Evolutionsvorstellungen für den Übergang vom Leben im Wasser zum Festland. Hier werden die Ergebnisse vorgestellt und ihre Interpretationen kritisch gewürdigt.

Lungenfische und ihre vermutete Bedeutung in der Stammesgeschichte (Phylogenese)

Die Lungenfische (Dipnoi)¹ weisen neben den für Fische typischen Kiemen, die ihnen die Sauerstoffaufnahme aus dem Wasser ermöglichen, vergleichsweise einfach gebaute Lungen auf. Diese erlauben ihnen z. B. bei extremer Sauerstoffarmut im Wasser, auch an der Wasseroberfläche zu atmen. Fossil sind Lungenfische in erstaunlicher Vielfalt aus Süß- und Meerwasser seit dem Devon (Paläozoikum) überliefert. Derzeit sind verschiedene heute lebende Lungenfischarten aus Südamerika (*Lepidosiren paradoxa*), Afrika (*Protopterus aethiopicus*, *P. amphibius*, *P. annectens* und *P. dolloi*) und Australien (*Neoceratodus forsteri*) bekannt. Sie werden als träge Tiere beschrieben, die in stehenden oder langsam fließenden Gewässern andere Wasserlebewesen erbeuten und als Nahrung nutzen. Der Südamerikanische und die Afrikanischen Lungenfische können in Trockenzeiten, wenn der Wasserspiegel ihrer Gewässer sinkt und diese evtl. sogar ganz austrocknen, röhrenförmige Löcher in den Untergrund graben. Mit dem Kopf zur Öffnung begeben sie sich dort hinein, und wenn der Wasserspiegel weiter sinkt, scheiden sie große Mengen an Schleim aus, der fest wird und sie wie ein Kokon in der Röhre umgibt; so können sie sich vor dem kompletten Austrocknen schützen. **Diese Lungenfische können durch kleine Öffnungen in ihrem Schleimkokon Luft atmen und so Wochen und Monate, ja sogar bis zu einigen Jahren überleben.**

Lungenfische werden taxonomisch der Klasse der Fleischflosser (Sarcopterygii) zugeordnet (wie auch die Quastenflosser, Coelacanthiformes). Das für diese Zuordnung maßgebliche Merkmal sind die fleischigen Flossen, die an den paarigen Flossen (bei den Quastenflossern auch bei der 2. Rücken- und Afterflosse) Skelettstrukturen aufweisen, die bei Landwirbeltieren dem Oberarm- (Humerus) bzw. dem Oberschenkelknochen (Femur) entsprechen und durch diese Beziehung als homolog bezeichnet werden. In der Systematik und vergleichenden Anatomie wird Homologie bereits mit evolutionären Vorstellungen verknüpft. Das heißt: Die Homologie ähnlicher Strukturen wird auf vermutete evolutionäre Zusammenhänge zurückgeführt. So wird die mutmaßliche Homologie der Skelettstrukturen in den Flossen der Lungenfische mit derjenigen der Extremitäten von Tetrapoden (= Vierbeiner) in evolutionären Betrachtungsweisen als bedeutungsvoller Hinweis für einen Übergang vom Wasserlebewesen zur vierbeinigen Fortbewegung an Land bewertet. Da nun Lungenfische darüber hinaus auch noch einfach gebaute Lungen besitzen, ist leicht nachzuvollziehen, dass diesen Organismen in evolutionärer Perspektive eine bedeutende Schlüsselstellung bei der Eroberung des Festlandes zugesprochen wird.

Das Erbgut der Lungenfische

Der molekularbiologischen Erforschung dieses evolutionären Übergangs stand bisher die schiere Größe des Genoms (= gesamten Erbgutes) der Lungenfische entgegen. **In bisherigen Untersuchungen war gezeigt worden, dass das Erbgut der Lungenfische einen riesigen Umfang hat und mehrfach so groß ist wie das Humangenom.** Mit bisherig verfügbaren

Methoden war es deshalb nicht analysierbar. Jetzt haben ein internationales und ein chinesisches Forscherteam das Genom des Australischen Lungenfisches (*Neoceratodus forsteri*) bzw. das eines afrikanischen Lungenfisches (*Protopterus annectens*) veröffentlicht. Sowohl Meyer et al. (2021) als auch Wang et al. (2021) heben bereits in den Titelformulierungen ihrer Veröffentlichung die Bedeutung des von ihnen ermittelten Genoms für den Übergang der Wirbeltiere vom Wasser ans Land hervor. In beiden Projekten wurde zur Analyse des Erbguts von Lungenfischen modernste Sequenzierungstechnologie eingesetzt wie z. B. die Nanopore-Sequenzierung. Dabei wird an einer technischen Membran mit einer minimalen Öffnung (Nanopore) ein Potenzial angelegt, das einen konstanten Ionenstrom durch die Membran bewirkt. Vor der Pore wird der zu analysierende DNA-Doppelstrang durch eine dort fixierte Helicase aufgetrennt und ein Einzelstrang in die Pore eingeführt. Jede der vier DNA-Basen verändert den Ionenstrom spezifisch und so kann mit dieser Technologie während der DNA-Strang durch die Pore gefädelt wird, dessen Sequenz aufgrund der sich ändernden Stromsignale bestimmt werden. Mit dieser Technik können sehr lange DNA-Stränge sequenziert werden. Beide Autorentams präsentieren ein Genom der Lungenfische von bisher nicht sequenziertem Umfang von 43 Gb (Gigabasen) (Meyer et al.) und 40 Gb (Wang et al.), was etwa dem 13-Fachen der Menge an Basen im Humangenom (ca. $3,2 \times 10^9$) entspricht. Das größte bisher sequenzierte Genom war das des Axolotls (*Ambystoma mexicanum*) mit 32 Gb.

Das Genom von *Neoceratodus forsteri*

In der Arbeit über das Genom des Australischen Lungenfischs (*N. forsteri*) beschreiben Meyer et al. zunächst die Sequenzierungsarbeit und die Zusammenstellung (assembly) des Genoms. Mit den Sequenzbereichen, die 30 x gelesen worden waren (30 x coverage), konnten sie 37 Gb und damit 88,2 % des Genoms aufklären. Der Verteilung des Genoms auf die 17 Makro- und 10 Mikrochromosomen widmeten Meyer et al. viel Aufmerksamkeit und verglichen die Resultate mit denjenigen von Knochenhecht (*Lepisosteus oculatus*), Küken (*Gallus gallus*) und einer Eidechse (Rotkehlantilope, *Anolis carolinensis*). Die Resultate werden dahingehend interpretiert, dass die Mikrochromosomen bereits auf die ersten Wirbeltiere zurückgehen, wohingegen die Makrochromosomen sich im Verlauf des unterstellten Evolutionsgeschehens stark vergrößert haben. Im Genom finden sich Hinweise darauf, dass dieser Größenzuwachs vor allem auf dem Einbau von großen DNA-Abschnitten basiert, sogenannten LINEs (Long Interspersed Nuclear Elements) zurückgeht. Diese enthalten Gene, die es den Abschnitten erlauben, sich im Genom selbstständig an verschiedenen Stellen einzubauen (Transposons). Die Autoren vermuten eine ausgedehnte Wirksamkeit eines Kopier- und Einfüge- (copy-and-paste) Mechanismus im Verlauf der Stammesgeschichte.

Nach diesen eher allgemeinen und grundsätzlichen Untersuchungen widmen sich Meyer et al. in ihrer Studie intensiv speziellen Aspekten der mutmaßlichen Evolutionsverlaufs, nämlich der Lungenatmung, dem Geruchssinn und der Entwicklung von Gliedmaßen. Aus den Daten geht hervor, dass die Zahl der Gene, die für lungenspezifische Oberflächenproteine kodieren, in der typischen Größenordnung für Tetrapoden (vierbeinige Landwirbeltiere) und im Vergleich zu Knorpel- und Knochenfischen zwei- bis dreimal höher sind. Ein Gen zur Steuerung der Lungenentwicklung (*shh*) wird während der Embryonalentwicklung von *N. forsteri* im Gewebe der sich entwickelnden, einflügeligen Lunge sehr stark ausgeprägt. Die Autoren bewerten dies als notwendige Entwicklung zur Eroberung des Festlandes. Gene für Rezeptoren von in der Luft enthaltenen Geruchsstoffen gibt es in Fischen nur wenige, in Tetrapoden dagegen sind sie vielfältig. Auch die Anzahl dieser Genklasse ist im Vergleich zu anderen Fischen beträchtlich erhöht, was aus Sicht der Autoren wieder den Übergang vom Wasser ans Land anbahnt und begünstigt.

Hinsichtlich der für Tetrapoden typischen Gliedmaßen weisen Meyer et al. auf das erstmalige Auftreten von 31 dafür typischen Verstärker-Genen (Enhancer) in Fleischflossern hin. Einige davon werden in Embryonen von Lungenfisch in einem Muster ausgeprägt, das mit dem in Tetrapoden vergleichbar ist. Auch von den vier in *N. forsteri* vorkommenden Hox-Genclustern (Steuer- und Regulationsgene) werden einzelne (z. B. *hoxc13*) in auffälliger Weise am äußeren Ende der paarigen Flossen ausgeprägt, was dann in den Worten von Meyer et al. von den Tetrapoden für die Ausbildung von Nägeln, Hufen und Klauen übernommen wurde (man spricht in solchen Fällen von Kooptation). Die Autoren verwenden interessanterweise bei der Interpretation ihrer Resultate die Formulierung, dass es sich bei den jeweils genannten genetischen Besonderheiten um „genomische Vor-Anpassungen im Lungenfisch für den Übergang der Wirbeltiere vom Wasser ans Land“² handle. Die Autoren bemerken abschließend, dass diese Neuheiten die Fleischflosser auf die Eroberung des Festlandes vorbereitet hätten. Dies zeige, wie die Kenntnis des Genoms des Lungenfisches dazu beitragen kann, diesen Hauptübergang in der Evolution der Wirbeltiere besser zu verstehen.

Das Genom von *Protopterus annectens*

Wang et al. haben das Erbgut eines der Afrikanischen Lungenfische (*Protopterus annectens*) sequenziert und auf chromosomaler Ebene ein Genom mit ca. 40 Gb in hoher Qualität (50 x coverage) und mit nur wenigen Lücken veröffentlicht (Wang et al. 2021). Sie konnten DNA-Stränge von 862 Megabasen (Mb) bis 5,28 Gb auf 17 Chromosomen bestimmen und 12 640 Fragmente, die nicht lokalisiert werden konnten, mit 126 Mb. Auch die Studie an diesem Lungenfischgenom ergab, dass die enorme Größe des Genoms wohl vor allem auf Transposons zurückzuführen ist. Die Autoren bezeichnen 15 Gb des Genoms als funktionslos (aufgrund von mutmaßlichen Degenerationsphasen in der Evolution; Wang et al. zitieren hier eine andere Arbeit, in der diese Befunde als „Friedhof der transponierbaren Elemente“³ bezeichnet worden war). Als auffällig wird in der Veröffentlichung auch vermerkt, dass das Erbgut des Lungenfisches sehr lange Gene (18 Mb) enthält. Während das Erbgut des Menschen nur 91 Gene enthält, die umfangreicher als 1 Mb sind enthält das Erbgut des Lungenfisches davon mehr als 5 000. Da auch die langen Gene mit vergleichbarer Effektivität wie die kleinen Gene ausgeprägt werden, muss dieser Prozess im Lungenfisch sehr fein austariert sein; da der Aufwand, umfangreiche Gene korrekt und zuverlässig zu nutzen, deutlich höher ist.



Abb. 1: Afrikanischer Lungenfisch (*Protopterus annectens*). (Wikimedia: Vassil, CC0)

Auch Wang et al. legen bei ihrer Studie über das Erbgut des Afrikanischen Lungenfisches (*P. annectens*) das Hauptaugenmerk auf stammesgeschichtliche Aspekte. Im Blick auf die namensgebende Lunge finden die Autoren vier Gene, die im Lungengewebe von *P. annectens* wie auch im Krallenfrosch und der Maus stark ausgeprägt werden, dagegen nicht in der Schwimmblase von Flössel- und Alligatorhecht. Diese vier Gene stehen im Zusammenhang

mit Oberflächenkomponenten der Lunge; sie sind an der Steuerung und Regulation der Eigenschaften der Lungenoberfläche beteiligt. Wang et al. stellen sich die Evolution der Lungenatmung aufgrund ihrer Ergebnisse wie folgt vor: Die ersten Ansätze zur Luftatmung sind bereits beim Vorläufer der Knochenfische angelegt, denn bei allen ist ein spezielles Gen (*Sftpc*) bereits vorhanden. Der zweite Schritt erfolgt durch weitere in der Lunge wirksame Gene, die bei den Fleischflossern auftreten, und im dritten Schritt erlangen dann die Tetrapoden durch weitere Gene eine leistungsfähige Lunge. Auch die Entwicklung zur Fünffingrigkeit der Gliedmaßen und der Übergang von Flossen zu den Gliedmaßen der Tetrapoden bringen Wang et al. mit dem Expressionsmuster von *Hox*-Genen in Verbindung. Verschiedene *Hoxa*- und *Hoxd*-Gene werden bei Tetrapoden ausschließlich in den Gliedmaßen ausgeprägt, während sie bei der Entwicklung der Flossen nach einem zeitlichen Muster an unterschiedlichen Orten ausgeprägt werden. Auch anhand anderer Genabschnitte, die nicht für Proteine kodieren und in verschiedenen Organismen dieselbe Sequenz aufweisen, was in evolutionärer Perspektive als „konserviert“ interpretiert wird, lassen sich ähnliche Zusammenhänge aufzeigen. Die Autoren werten das als weiteren Beleg für ihre Sicht der großen Zusammenhänge; sie sind aufgrund ihrer genetischen Analysen davon überzeugt, dass der Übergang von Flossen zu Gliedmaßen in drei Schritten verlaufen sei, diese sollen von proximal nach distal verlaufen sein, d. h. zunächst sollen die Gliedmaßenabschnitte in unmittelbarer Körperrnähe verändert worden sein und danach die weiter vom Körperstamm entfernten Abschnitte.

Auch in Bezug auf die Innervierung der Gliedmaßen führen Wang et al. *Hox*-Gene an, die vor allem für die Motoneuronen bedeutend erscheinen, also die Nerven, durch die die Muskeln angeregt werden können. Diese *Hox*-Gene waren bei den Fleischflossern nachweisbar, nicht jedoch bei anderen Fischen. Zwei neue Gene, die für Neurotransmitterproteine kodieren, treten bei Fleischflossern auf und werden in deren Gehirn und Rückenmark ausgeprägt. Bei Tetrapoden werden diese Neuroproteine im Zusammenhang mit Stressmanagement und Angstauflösung diskutiert; und so passt dies aus Sicht der Autoren zur Stellung, die sie den Lungenfischen bei der Eroberung des Festlandes zugeordnet haben.

Zusammenfassend skizzieren Wang et al. ihre Vorstellung vom Übergang der Lebewesen vom Wasser ans Land in drei Stufen: der Vorläufer der Knochenfische entwickelte die ersten Anlagen zur Luftatmung, in einem zweiten Schritt konnten Lungenfische und Tetrapoden durch weitere Anpassungen das Wasser zeitweise verlassen, um dann in einem dritten Schritt Atmung und Fortbewegung für ein Leben an Land zu verbessern.

Dasselbe chinesische Autorenteam hat in derselben Ausgabe des Journals *Cell* „die genetischen Spuren des Landgangs“⁴⁴ noch weiter bis zu den Strahlenfischen zurückverfolgt (Bi et al. 2021). Sie konzentrieren sich dabei auf den Geruchssinn, die Brustflossen, die Lunge und das Herz. In dieser Studie werden vier neue Genome von Strahlenflossern beschrieben, nämlich von Flösselhecht (*Polypterus senegalus*), Löffelstör (*Polyodon spathula*), Kahlhecht (*Amia calva*) und Alligatorhecht (*Atractosteus spatula*). Die Resultate der vergleichenden und bioinformatischen Genanalysen werden nach demselben Muster wie oben präsentiert und die Argumentation verläuft analog. Die Autoren behaupten aufgrund von vergleichenden Analysen des Transkriptoms verschiedener Organgewebe von Vertretern von Fleischflossern, Strahlenflossern und Knochenfischen, dass dadurch Darwins Hypothese bestätigt würde, dass Schwimmblase und Lunge homologe Organe seien. Nun lässt sich die Auffälligkeit, dass viele gleichartige Gene im Gewebe von Schwimmblase und Lunge ausgeprägt werden auch gut durch deren ähnliche Funktion erklären. Tatsumi et al. (2017)

sehen das differenzierter und erklären, dass es „schwierig sei Lunge und Schwimmblase auf der aufgrund der Gene, die ausgeprägt werden und der Luftatmung zu definieren.“⁵

Kritische Würdigung der vorgestellten Studien

Zunächst einmal sei gewürdigt, dass in den hier vorgestellten Studien die Leistungsfähigkeit der modernsten Technologie zur Genomsequenzierung demonstriert und für das Studium der bislang umfangreichsten Genome angewendet wird. Es wird erwartet, dass es mit diesen Methoden (Nanopore-Sequenzierung) noch in diesem Jahr gelingen könnte, das Humangenom tatsächlich lückenlos von Anfang bis Ende zu sequenzieren (Eisenstein 2021).

Auffällig ist, dass beide Autorenteam ihre Studien zum Genom von Lungenfischen unter den Leitgedanken evolutionärer Konzepte stellen und nicht den naheliegenden ersten Schritt gehen, die neu gewonnene Einsicht in das Genom zu einem vertieften Verständnis der Lungenfische und deren Lebensweisen zu nutzen. **Dabei ist es für den kritischen Leser auffällig und befremdlich, dass der Eindruck erweckt wird, als bestätigten die Resultate etablierte Evolutionsvorstellungen, was aber gar nicht der Fall ist.**

Genomdaten geben zunächst einfach Auskunft über die genetische Ausstattung eines Lebewesens. Es ist noch viel Arbeit zu leisten, um zu verstehen, wie diese Ausstattung durch heutige Lebewesen genutzt wird und welches Potential darin für den Organismus liegt. Anhaltspunkte für Interpretationen genetischer Daten hinsichtlich dynamischer Entwicklungsprozesse oder gar zur Rekonstruktion vermuteter historischer Prozesse bietet das Genom nicht. Dieser Umgang mit den Daten entspringt einem „Voreingenommensein“, das nicht unüblich ist, aber in den oben vorgestellten Fällen zu einer starken Verzerrung führt, wenn der Eindruck erweckt wird, dass hier starke Bestätigungen für einen Übergang von Wasser- zum Landleben vorliegen. **Die Genomdaten sagen im Blick auf ihr Gewordensein zunächst einmal gar nichts aus.** Evolution, hier konkret der Übergang vom Leben im Wasser zum Festland, wird vorausgesetzt und isolierte genetische Befunde aus der Genomsequenz werden in diesen Zusammenhang eingefügt und dann die etablierte Geschichte neu erzählt. Die Genomdaten dokumentieren zunächst einmal einfach den molekulargenetischen Hintergrund der Lungenfische; inwieweit diese Daten dann in einem weiteren Schritt evolutionsbiologisch plausibel interpretiert werden können, steht auf einem anderen Blatt. **Vergleichende bioinformatische Analysen basieren auf Modellen, die bereits Evolutionskonzepte beinhalten und sind daher keine unabhängigen Belege für evolutionäre Prozesse.**

Die von Meyer et al. (2021) und Wang et al. (2021) dargestellten Befunde und ihre Interpretation als Beleg für einen Übergang vom Leben im Wasser ans Festland greifen einzelne Gene bzw. Genklassen heraus und stellen sie in besagten Zusammenhang. Für einen Übergang vom Wasser- zum Landleben reichen sie aber bei weitem nicht aus; dafür ist noch sehr viel mehr nötig. Vor allem wird von diesen Autoren – wie auch von vielen anderen – die grundlegende Frage nicht gesehen und bedacht, was denn Lebewesen wie die Lungenfische, die für ein Leben in ihrem Lebensraum hervorragend ausgestattet sind, veranlassen sollte, ihre Anlagen für die Eroberung eines neuen Ökosystems zu erweitern. Die Autoren gehen davon aus, dass es zunächst ausschließlich Leben im Wasser gab und Landlebewesen sich aus diesen Lebensformen entwickelt haben müssen. Sie können zeigen, dass eine kleine Auswahl der Daten sich in ein solches Szenario einfügen lässt. Sie vernachlässigen aber, dass die Daten an sich einen solchen Prozess nicht erforderlich erscheinen lassen und dass andere, alternative Szenarien denkbar sind.

Anmerkungen

¹ Das griechische Wort *dipnos* könnte man etwa Doppelatmer wiedergeben.

² “Genomic preadaptions in lungfish for the water-to-land transition of vertebrates”

³ „cemetery of TEs“

⁴ So die Titelformulierung der Autoren: Tracing the genetic footprints of vertebrate landing in non-teleost ray-finned fishes.

⁵ „Therefore, it is difficult to define the lung and gas bladder based on the genes that are expressed and the air-breathing function“ (Tatsumi et al. 2016, 6).

Literatur

Bi X et al. (2021) Tracing the genetic footprints of vertebrate landing in non-teleost ray-finned fishes. *Cell* 184, 1–15; <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.046>

Eisenstein M (2021) Closing in on a complete human genome. *Nature* 590, 679–681.

Meyer A et al. (2021) Giant lungfish genome elucidates the conquest of land by vertebrates. *Nature* 590, 284–289.

Tatsumi N et al. (2016) Molecular developmental mechanism in polypterid fish provides insight into the origin of vertebrate lung. *Sci. Rep.* 6, 30680; doi:10.1038/srep30580

Wang W et al. (2021) African lungfish genome sheds light on the vertebrate water-to-land transition. *Cell* 184, 1–15. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.047>

Autor dieser News: Harald Binder

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n289.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.11.19 Parmastega – neuer erster Vierbeiner?

Der neu entdeckte fossil erhaltene Vierbeiner (Tetrapode) *Parmastega* weist ein unerwartetes Merkmalsmosaik auf. Unter den gut erhaltenen Tetrapoden ist *Parmastega* zwar die geologisch älteste Gattung und steht gemäß einer cladistischen Analyse (Stammbaum-Rekonstruktion) an der Basis der Tetrapoden, weist aber mehrere markante Merkmale auf, die einer basalen Position deutlich widersprechen, allen voran ein weitgehend knorpeliges Skelett und ungewöhnlich hochstehende Augen. Das gesamte Merkmalsmosaik passt nicht in bestehende evolutionstheoretische Modellierungen, ist jedoch leichter verständlich, wenn man wie im Rahmen von Schöpfungsmodellen von einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen ausgeht.

Wenn fossile Arten neu entdeckt werden, wird häufig behauptet, sie würden immer wieder die Evolutionstheorie bestätigen oder füllen Lücken im evolutionären Stammbaum. **Diese Aussage ist fast trivial, denn wenn man von einem gemeinsamen Stammbaum aller Arten ausgeht, wird jeder Fund automatisch eine Lücke füllen.** Die interessantere Frage ist aber, ob neue Fossilien *an zuvor erwarteten Stellen* im bis dato geltenden Stammbaum eingeordnet werden können. **Diese Frage muss bei neuen Funden sehr oft verneint werden.** Vielmehr erfordern sie häufig die Hinzunahme eines neuen Astes im hypothetischen Stammbaum. Und nicht selten muss angenommen werden, dass bestimmte Merkmale konvergent entstanden sind, also zwei- oder mehrfach unabhängig, weil das gesamte Merkmalsmosaik der betreffenden Art nicht an eine Stelle des bisherigen Stammbaumes passt, oder es muss eine Rückentwicklung (Reversion) postuliert werden. Solche Fälle, in denen Ähnlichkeiten nicht auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden (können), werden unter „Homoplasien“ zusammengefasst. Sowohl das Auftreten von Homoplasien als auch die Notwendigkeit, eine zusätzliche evolutionäre Linie annehmen zu müssen, kann jedoch nicht als „Bestätigung der Evolutionstheorie“ gelten (wenn man umgekehrt auch nicht von Widerlegung sprechen kann).

Man kann immer, egal welche Merkmalsmosaiken neue Funde liefern, Cladogramme erstellen; das sind Ähnlichkeitsbäume, die nach bestimmten Vorschriften bzw. Verfahren auf der Basis einer Merkmalsanalyse und der Verteilung von Merkmalen und Merkmalsausprägungen erstellt werden. Bestehende Cladogramme werden durch neue Funde oft umorganisiert. Eine Infragestellung der zugrunde liegenden Evolutionsanschauung ist auf diese Weise methodisch aber nicht möglich. Man kann nur eine Art Gütekriterium anwenden: **Je mehr Homoplasien in einem Cladogramm auftreten, desto problematischer ist eine solche Situation für evolutionstheoretische Modellierungen.**¹

***Parmastega*.** Die geschilderte Situation trifft beispielhaft auf einen neuen Fund eines geologisch alten Vierbeiners (Tetrapoden) zu: den auf 372 Millionen radiometrische Jahre (MrJ) datierten *Parmastega aelidae* aus dem Oberdevon (unteres Famennium) Russlands (Beznosov et al. 2019). (Bild einer Rekonstruktion hier:

<https://www.scinexx.de/news/geowissen/aeltester-gut-erhaltener-tetrapode-entdeckt/>) Der Fund gilt als das älteste gut erhaltene Fossil eines frühen Tetrapoden; es wurden allerdings deutlich ältere Vierbeiner-Fußspuren (s. u.) und einige geringfügig ältere kleinere Knochenfragmente mutmaßlicher Tetrapoden gefunden, die jedoch keine Rekonstruktionen des Körperbaus ermöglichen. Zu den bisher geologisch ältesten gut erhaltenen Tetrapoden-Fossilien gehören das berühmte *Ichthyostega* und *Acanthostega*, die auf 360 MrJ datiert werden.



Abb. 1: Künstlerische Rekonstruktion von *Parmastega aelidae*. (Wikimedia: Entelognathus, CC BY-SA 4.0)

Von *Parmastega* wurden mehr als 100 gut erhaltene Knochen vor allem des Schädels und des Schultergürtels gefunden, die von vielen Individuen stammen und aus denen sich ein ca. ein Meter langes Tier rekonstruieren lässt, das wesentliche Merkmale der Tetrapoden im Bereich des Schädels aufwies. Allerdings fällt ein Merkmal des Schädels ziemlich aus dem Rahmen: Auf der Oberseite des Kopfes saßen größere Augen in einer Position, wie man sie bei Krokodilen kennt. **Daher vermuten die Forscher, dass *Parmastega* an der Wasseroberfläche schwamm, ähnlich wie heute die Krokodile, und dort vermutlich auf Beute lauerte.** Für seine räuberische Lebensweise spricht sein großes Maul mit spitzen, langen Zähnen.

Anders als bei heutigen Krokodilen war die Position der Nasenöffnung jedoch tief in der Nähe der Kiefer und somit im Wasser, woraus eine Kiemenatmung erschlossen wird. *Parmastega* besaß in seinem Schädel aber auch ein großes Atemloch (Spiraculum, Spritzloch), was eine Luftatmung ermöglicht haben könnte.

Beine anstelle paariger Flossen wurden allerdings nicht gefunden; ihre Existenz wurde vielmehr aus dem Bau der erhaltenen Teile des Schultergürtels erschlossen (Beznosov et al. 2019). Da die Schultern nur teilweise und Wirbel gar nicht verknöchert waren, glauben die Wissenschaftler, dass *Parmastega* trotz Besitz von Beinen nicht an Land gehen konnte. Auffällig sei außer der Abwesenheit von Beinknochen auch das Fehlen von Rippen, Wirbeln oder Hüftknochen trotz augenscheinlich guter Erhaltungsbedingungen. Wären diese Skeletteile verknöchert gewesen, wären also auch fossile Reste davon zu erwarten. Die fossile Abwesenheit dieser Skeletteile spreche daher dafür, dass auch diese Skelettelemente nicht verknöchert, sondern knorpelig waren. **Wenn *Parmastega* aufgrund eines relativ weichen Skeletts nicht auf Land gehen konnte, stellt sich allerdings die Frage, wozu unter diesen Umständen Tetrapodenbeine ausgebildet waren.** Für ein Leben im Wasser spricht, dass im Bereich des Schädels das Seitenlinienorgan gut ausgebildet war; dieses Organ enthält Sensoren, mit denen Wasserströmungen wahrgenommen werden können.

Insgesamt ist die Lebensweise von *Parmastega* etwas rätselhaft: Die hochstehenden Augen machen nur Sinn, wenn der Blick über die Wasseroberfläche ging und es eine Interaktion mit der Umgebung auf dem Land gab (Beznosov et al. 2019, 530). Aber was soll *Parmastega* dort gesucht haben? Da das Tier vermutlich nicht landgangtauglich war, mutmaßen die Forscher, dass es im Wasser gelauert und am Ufer trinkende oder ruhende Beute ins Wasser gezogen haben könnte – ähnlich wie Krokodile das heute tun. Nach gängigen evolutionstheoretischen Vorstellungen gab es aber noch keine größeren Landlebewesen als geeignete Beute (Fröbisch

& Witzmann 2019, 494). Die Ausstattung mit großen Reißzähnen spricht jedenfalls klar dafür, dass größere Tiere erbeutet wurden; vielleicht auch am Ufer liegende Kadaver. Hier gibt es offensichtlich noch ein Rätsel zu lösen: **Wie war die Fortbewegungsweise von *Parmastega* wirklich, und gab es wirklich noch keine größeren landlebenden Tiere?** Immerhin sind eindeutige Vierbeinerspuren bekannt, die auf bis zu 390 Millionen radiometrische Jahre und somit 18 Millionen Jahre älter als *Parmastega* datiert werden (Niedzwiedzki et al. 2010; Ahlberg 2018; vgl. Junker 2019).

Evolutionstheoretische Betrachtungen. In der von Beznosov et al. (2019) durchgeführten cladistischen Analyse wird *Parmastega* an der Basis aller anderen Tetrapoden platziert, allerdings ist diese Position nicht sonderlich stabil und die Auflösung des Cladogramms schwach. Die Position von *Parmastega* im Cladogrammen wird auf der Basis des gesamten vorliegenden Merkmalspektrums ermittelt und auf dieser Basis passt sie zu den gegenwärtigen evolutionstheoretischen Vorstellungen. Nimmt man jedoch *einzelne Merkmale* in Augenschein, ergibt sich ein deutlich anderes Bild: Einen teilweise krokodilartigen Kopf hätte man bei einem frühen Tetrapoden evolutionstheoretisch sicher nicht erwartet. Fröbisch & Witzmann (2019, 494) kommentieren überrascht: „This eye shape and position is surprising because it indicates that this water dweller was looking above the surface of the water.“ Noch rätselhafter finden Beznosov et al. (2019, 530), dass ein größerer Teil des Skeletts knorpelig ausgebildet ist, denn **alle näher verwandten Formen – mutmaßliche Vor- und Nachfahren – haben ein gut verknöchertes Skelett², so dass *Parmastega* in dieser Hinsicht völlig aus dem phylogenetischen Rahmen fällt.**

Der Hirnschädel von *Parmastega* ist morphologisch zwischen dem von *Ichthyostega*, von *Acanthostega* und *Ventastega* angesiedelt und könnte als hypothetische Ausprägung eines Vorfahren dieser recht verschiedenen Gattungen interpretiert werden, doch eine darauf aufgebaute Phylogenie führt zu einer „nicht-trivialen Homoplasie“ entweder beim Hirnschädel oder bei anderen Teilen des Skeletts (Beznosov et al. 2019, 530), d. h. zu Merkmalswidersprüchen. Beznosov et al. (2019, 530) kommen daher zum Schluss, dass *Parmastega* phylogenetisch zwar am ehesten an der Basis der gut erhaltenen Tetrapoden steht, jedoch nicht unbedingt charakteristisch für die primitiven Bedingungen für die Gruppe sei.³ Und sie sprechen von „erheblichen morphologischen Homoplasien unter devonischen Tetrapoden“ (S. 530f.).

Damit erweist sich *Parmastega* als ausgeprägte Mosaikform, die keineswegs eine bisher bestehende Lücke im Stammbaum füllt, sondern eher neue Lücken aufreißt und evolutionstheoretisch als weitere Seitenlinie angesehen werden muss. Das gilt auch, weil wie oben erwähnt viel ältere eindeutige Tetrapoden-Fußspuren bekannt sind. Auch daher scheidet *Parmastega* genauso wie andere frühe Tetrapoden als evolutionäre Übergangsform aus. Allem Anschein nach war *Parmastega* adaptiv für eine bestimmte Lebensweise optimiert und nicht „auf dem Weg zu irgendetwas“ (eine Formulierung von Ahlberg 2018, der dies über die den Tetrapoden nahe stehenden Elpistostegiden sagt). Fröbisch & Witzmann (2019, 495) kommentieren: „Diese Entdeckung erinnert uns auch daran, dass im nächsten spannenden Kapitel dieser Detektivgeschichte noch viel zu lernen bleibt.“⁴

Das Merkmalsmosaik von *Parmastega* passt besser zur Vorstellung einer freien Kombinierbarkeit von Merkmalen bzw. Merkmalskomplexen und zu netzförmigen Ähnlichkeitsbeziehungen, die aus einer Schöpfungsperspektive leichter verständlich sind. Dagegen haben stammesgeschichtliche Rekonstruktionen mit *Parmastega* mit weiteren teils schwerwiegenden Homoplasien zu kämpfen, was nicht den evolutionstheoretischen Erwartungen entspricht (vgl. Anmerkung 1).

Literatur

Ahlberg PE (2018) Early Vertebrate Evolution. Follow the footprints and mind the gaps: a new look at the origin of tetrapods. *Earth Environ. Sci. Trans. R. Soc. Edinb.*, 1–23.
doi:10.1017/S1755691018000695

Beznosov PA, Clack JA, Lukševičs E, Ruta M & Ahlberg PD (2019) Morphology of the earliest reconstructable tetrapod *Parmastega aelidae*. *Nature* 574, 527-531.

Fröbisch NB & Witzmann F (2019) Early tetrapods had an eye on the land. *Nature* 574, 494-495.

Junker R (2019) Entstehung der Vierbeiner – doch kein glatter Übergang. *Stud. Integr. J.* 26, 106-108.

Niedzwiedzki G, Szrek P, Narkiewicz K, Narkiewicz M & Ahlberg PE (2010) Tetrapod trackways from the early Middle Devonian period of Poland. *Nature* 463, 43-48.

Anmerkungen

¹ Der Grund dafür ist: Bei der Erstellung von Cladogrammen soll die Anzahl der anzunehmenden Konvergenzen bzw. Homoplasien minimiert werden, weil Homoplasien als evolutionstheoretisch unwahrscheinlich gelten. Cladogramme werden auf der Basis gemeinsamer abgeleiteter („höherentwickelter“) Merkmale erstellt, die als Marker für gemeinsame Vorfahren verwendet werden. Diese werden als Synapomorphien bezeichnet. Wenn Synapomorphien genauso wahrscheinlich wären wie Homoplasien, könnten cladistische Analysen gar nicht stammesgeschichtlich interpretiert werden.

² „Even more puzzling is the fact that this poorly ossified postcranial skeleton is apomorphic: elpistostegids are well-ossified, as are the majority of tetrapodomorph fishes.“

³ „*Parmastega* is phylogenetically the least-crownward of all of the non-fragmentary tetrapods, but it is not necessarily representative of the primitive conditions for the group.“

⁴ „This discovery also reminds us that much still remains to be learnt in the next gripping chapter of this detective story.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n273.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

08.12.17 Komplexaugen: Komplex von Anfang an

In den ältesten Schichten des Unterkambriums und – evolutionstheoretisch – somit an der Basis der „kambrischen Explosion“ wurden bei einem Trilobiten erstmals zellulär erhaltene Komplexaugen entdeckt. Sie zeigen im Wesentlichen den gleichen grundsätzlichen Aufbau eines Komplexauges wie bei Augen heutiger Bienen oder Libellen.

Die Entstehung von Augen ist eines der Lieblingsbeispiele von Evolutionstheoretikern, mit denen sie zeigen möchten, dass mittlerweile im Wesentlichen verstanden sei, wie ein komplexes Organ schrittweise evolutiv entstehen konnte. Auch in der Wikipedia wird dieser Eindruck vermittelt. Er entspricht jedoch in keiner Weise den Tatsachen. Die Aneinanderreihung von sechs unterschiedlich komplexen Augentypen werden der Komplexität dessen, was evolutionstheoretisch durch blinde Prozesse erklärt werden müsste, in keiner Weise gerecht (Ullrich et al. 2006). Augenserien, mit denen eine evolutive Entstehung plausibel gemacht werden soll, entsprechen zudem nicht einmal hypothetischen stammesgeschichtlichen Abfolgen konkreter Organismen, sondern sind theoretische Modellreihen. Zudem müsste aufgrund der sehr unsystematischen Verteilung von Augentypen im Tierreich im Rahmen evolutionstheoretischer Modellbildungen angenommen werden, dass etwa der Linsenaugen-Typ, wie ihn z. B. Wirbeltiere besitzen, vielfach unabhängig aus einfacheren Augentypen entstanden sein müsste (Jonasova & Kozmik 2008, fig. 1). Ähnliches gilt auch für andere Augentypen.

Weniger bekannt scheint zu sein, dass der Fossilbericht eine Evolution komplexer Augen in keiner Weise unterstützt – im Gegenteil: Sowohl Linsenaugen des Kameratyps als auch Komplexaugen (Facettenaugen) sind unter den ältesten vielzelligen Tieren der „kambrischen Explosion“ anzutreffen. Der räuberisch lebende *Anomalocaris* aus dem Unterkambrium besaß sogar Facettenaugen, die zu den größten und bestauflösenden bekannten Facettenaugen gehören und diesbezüglich nur von den Komplexaugen einiger Libellen übertrumpft werden (Paterson et al. 2011).



Jun (@ni075)

Abb. 1: Rekonstruktion von *Anomalocaris*. (Wikimedia: Junnn11, CC BY-SA 4.0)

Bislang konnte man anhand der fossilen Erhaltung der kambrischen Fossilien allerdings nur die äußere Struktur von Komplexaugen untersuchen. Ein neuer hervorragend erhaltener Fund mit zellulär erhaltenen Augenstrukturen erlaubt nun aber auch Einblicke in den inneren Feinbau eines Trilobiten-Auges. Die Zoologin Brigitte Schoenemann von der Universität Köln und ihre Kollegen beschreiben die Details eines Komplexauges des Trilobiten *Schmidtiellus reetae*, der in den untersten Schichten des unteren Kambriums in Estland gefunden wurde. Trilobiten sind eine im Kambrium weit verbreitete Gruppe der Gliederfüßer. Die fossilen Augen zeigen, dass ihr Aufbau im Wesentlichen dem Bau heutiger sogenannter Appositionsaugen wie z. B. von Bienen oder Libellen entspricht. Bei Appositionsaugen ist jedes Einzelauge (Ommatidium) durch Pigmente von seinen Nachbargaugen abgeschirmt. Es fehlt bei *Schmidtiellus* allerdings die Linse, was jedoch durch einen besonderen Bau der Einzelaugen ausgeglichen wird, so dass nach Abschätzung der Wissenschaftler die Lichtstärke des Auges nicht geringer war als bei vergleichbaren heutigen Einzelaugen. „There is an elegant physical solution, however, of how to develop a quality image of modern type“ (Schoenemann et al. 2017, 1); „So, in total, the system of the trilobite *S. reetae* is in a state similar to modern aquatic arthropods, even without a lens“ (Schoenemann et al. 2017, 5).

Das Auge besteht aus etwa 100 Einzelaugen, die im Vergleich zu heutigen Formen relativ weit auseinander stehen. Jedes Ommatidium bestand wie in modernen Facettenaugen aus acht Sinneszellen: ein zentrales Lichtleiterstäbchen (Rhabdom) und sieben sich darum gruppierende Elemente. Der Fund zeige, dass „hochentwickelte (,sophisticated‘) Augen schon zu Beginn des Fossilberichts höherer Organismen existierten“, stellen die Wissenschaftler fest (Schoenemann et al. 2017, 1).

Mit nur etwa 100 „Pixeln“ war die Sehleistung freilich gering, doch ermöglichte die Anordnung der ca. 1 x 0,5 cm großen Augen ein breites Sichtfeld nach vorne und zur Seite, innerhalb dessen Bewegungen und Helligkeitsverteilungen wahrgenommen werden konnten. Doch wie erwähnt sind aus dem Unterkambrium auch ausgesprochen hochauflösende Komplexaugen bekannt; Schoenemann et al. (2017, 5) weisen selbst auf einen weiteren baltischen Trilobiten, *Holmia kjerulfi*, hin, der in nur wenig jünger datierten Schichten gefunden wurde und hochauflösende Augen mit dicht gepackten Einzelaugen besaß, eine Konstellation, die den Augen heutiger Libellen vergleichbar war.

Schoenemann et al. (2017, 1) merken an, dass der Ursprung der Trilobiten insgesamt unklar sei. Der fossile Nachweis von Facettenaugen, deren Grundaufbau im Wesentlichen „modern“ ist, in den ältesten kambrischen Schichten entspricht ziemlich dem Gegenteil dessen, was evolutionstheoretisch zu erwarten wäre.

Literatur

Jonasova K & Kozmik Z (2008) Eye evolution: Lens and cornea as an upgrade of animal visual system. *Sem. Cell Dev. Biol.* 19, 71-81.

Paterson RJ, García-Bellido DC, Lee MSY, Brock GA, Jago JB & Edgecombe GD (2011) Acute vision in the giant Cambrian predator *Anomalocaris* and the origin of compound eyes. *Nature* 480, 237-240.

Schoenemann B, Pärnaste H & Clarkson ENK (2017) Structure and function of a compound eye, more than half a billion years old. *Proc. Natl. Acad. Sci.*, doi:10.1073/pnas.1716824114.

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2006) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. Stud. Integr. J. 13, 3-14. <http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij131/sij131-1.html>

Genesisnet-Artikel zur "Kambrischen Explosion

- Kambrische Explosion,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42842&Sprache=de&l=1>
- Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?News=202>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n252.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.10.16 Von Fischen zu Vierbeinern? Neues von *Acanthostega*

Ein Fisch mit Fingern – *Acanthostega*, mutmaßliches Bindeglied zwischen Fischen und Vierbeinern – wurde neu untersucht. Dabei stellte sich heraus, dass fast alle Funde von noch nicht ausgewachsenen Tieren stammen. Es bleibt dabei: *Acanthostega* war allem Anschein nach ausschließlich wasserlebend und passt nicht gut als Übergangsform.

Der sogenannte „Spitzpanzer“ – *Acanthostega* – aus dem Oberdevon spielt eine prominente Rolle in evolutionären Hypothesen zur Entstehung der Tetrapoden (Vierbeiner) ausgehend von Fischen. Denn er lebte zwar wie Fische ausschließlich im Wasser, besaß aber Finger und damit ein typisches Vierbeiner-Merkmal.

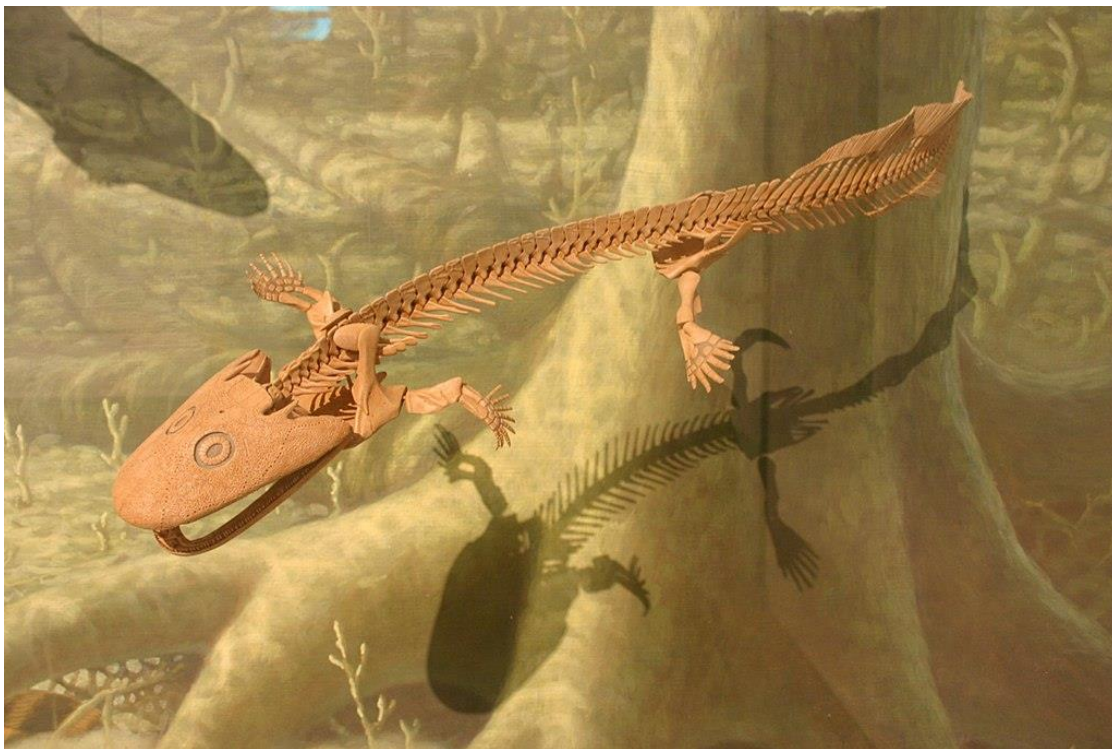


Abb. 1: Rekonstruktion des Skeletts von *Acanthostega gunnari*. (Wikimedia: Ryan Somma, CC BY-SA 2.0)

Eine detaillierte Neu-Untersuchung von 200 fossilen *Acanthostega*-Knochen und 14 Schädel-Fossilien dieser Gattung zeigte nun, dass es sich dabei fast ausnahmslos um Jungtiere handelt (Sanchez et al. 2016; vgl. Fröbisch 2016). Das macht die Beurteilung der Lebensweise der ausgewachsenen Formen schwieriger als sie ohnehin schon war. Die neuen Befunde sprechen dafür, dass die Tiere im Jugendstadium nicht in der Lage waren, an Land zu kriechen. Die Funde stammen von mindestens 20 Individuen und befinden sich alle von einem kleinen Areal der Britta-Dal-Formation des Oberdevons Ostgrönlands; Sanchez et al. (2016) vermuten, dass sie gemeinsam bei einer Dürre nach einer Schichtflut verendet sind.

Anders als in populärwissenschaftlichen Darstellungen behauptet, ist das aber keine neue Erkenntnis. **Denn schon bisher deuteten viele anatomische Merkmale darauf hin, dass *Acanthostega* ausschließlich wasserlebend war – trotz des Besitzes von acht Fingern, eine ungewöhnliche Merkmalskombination** (vgl. zusammenfassende Darstellung bei Junker 2004). Gründe dafür waren u. a.: Die Bezaehrung gleicht insgesamt zeitgenössischen

Fleischflosser-Fischen und keinem Tetrapoden, der Schädel ist mit dem Schultergürtel relativ fest verbunden, *Acanthostega* ähnelt im Kiemenskelett kiemenatmenden Lungenfischen, die Wirbelsäule ist von vorne bis hinten auffallend gleichförmig, ähnlich wie bei Fischen wie dem Quastenflosser *Eusthenopteron*, eine Verbindung Becken-Wirbelsäule bestand vermutlich nur durch Bänder; die Hüfte konnte dadurch kaum das Körpergewicht tragen; insgesamt wirken die Extremitäten eher als Paddel denn als Füße (Clack 2002, 122-127; vgl. Zusammenfassung bei Junker 2004). Clack (2002, 124) stellt als Gesamteindruck fest: Fast alle Merkmale von *Acanthostega* legen ein ausschließliches Wasserleben nahe. Die relativ starren Extremitäten waren vermutlich gut geeignet, um mit kräftigen Paddelstößen plötzlich aus der Ufervegetation Beute zu erhaschen. Vermutlich lebte *Acanthostega* in vegetationsreichen Uferzonen, in denen eine tetrapodenartige Extremität passend war. Wie alle anderen oberdevonischen Tetrapoden ist auch *Acanthostega* ausschließlich zusammen mit Fischen fossil überliefert (Clack 2002, 110).

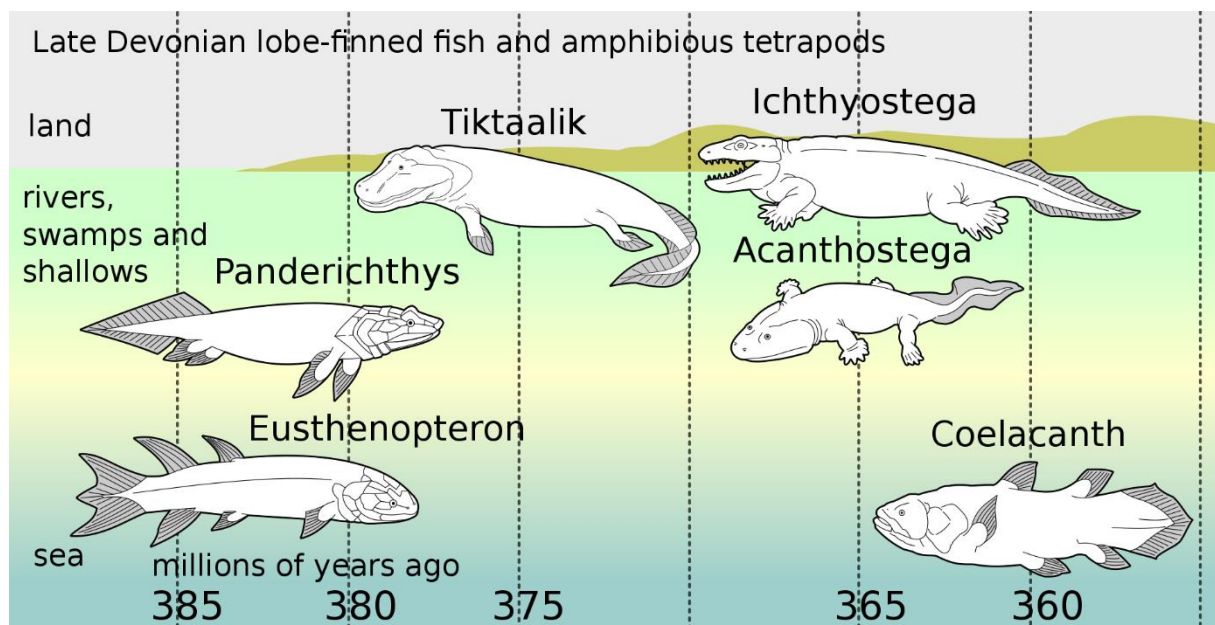


Abb. 2: Rekonstruktionen von verschiedenen Tetrapoden sowie von deren vermeintlichen Vorfahren samt (radiometrisch datieren) Fundalter. (Wikimedia: Original: Dave Souza Vector: Pixelsquid - derived from: Fishapods.jpg: Dave Souza, CC BY-SA 3.0)

Dass es sich um Jungtiere handelt, schließen die Forscher daraus, dass das Oberarmskelett der Tiere noch nicht verknöchert war. Außerdem zeigte eine Untersuchung der inneren Feinstruktur der Knochen mit einem Röntgensynchrotron, dass die Tiere zwar schon sechs Jahre und älter waren, ihre Beinknochen aber noch keine Anzeichen für eine Verlangsamung des Wachstums zeigten – ebenfalls ein Hinweis darauf, dass die Tiere noch nicht ausgewachsen waren. Ein knorpeliger Oberarmknochen wäre für die Bewegung an Land ungeeignet gewesen. Sanchez et al. (2016) stellten weiter fest, dass es zwei Größenklassen gab, möglicherweise bedingt durch Entwicklungs-Plastizität (d. h. unterschiedliche Ausprägungen werden durch verschiedene Umweltreize ausgelöst).

Dass *Acanthostega* wasserlebend war, ist also nicht das Überraschende, wohl aber, dass es sich bei den (nur) in Grönland gefundenen Fossilien um Jungtiere handelt. Damit ist unklar, wie die erwachsenen Tiere ausgesehen haben, welche Rolle sie bei der Entstehung der Vierbeiner gespielt haben könnten und ob sie vielleicht doch auch an Land leben konnten. Die neuen Befunde stellen bisherige Hypothesen in Frage, wonach vermutet worden war, dass die

Larven der ersten Tetrapoden die ersten Landgänger waren. Dazu waren die *Acanthostega*-Jungtiere jedenfalls kaum in der Lage.

Zur Frage nach der Evolution der Vierbeiner steuern die neuen Befunde nichts

Wesentliches bei, das nicht schon bekannt war. Es bleibt dabei, dass einzelne Merkmale markant verändert im Vergleich zu potentiellen Vorläufern auftauchen (z. B. im Bereich des Hirnschädels oder der Besitz von Fingern). Das Handgelenk von *Acanthostega* war späteren Tetrapoden sehr unähnlich (Clack 2002, 137). Neben Merkmalen, in denen *Acanthostega* abgeleitet ist als das berühmte *Ichthyostega* (Carroll 1992, 60), gibt es auch Eigenschaften, bei denen das Umgekehrte zutrifft. Die Wangen und das Schädeldach sind bei *Acanthostega* und *Ichthyostega* fest verbunden, im Gegensatz sowohl zu den möglichen Fisch-Vorfahren als auch zu anderen frühen Tetrapoden (Carroll 1992, 60). Das heißt, evolutionär gesehen wäre hier ein Zickzackkurs gefahren worden. Carroll (1992, 60) bemerkt: Verschiedene Spezialisierungen schließen die Möglichkeit einer direkten Vorfahrenschaft für spätere Tetrapoden aus.

Interessant ist auch die Einschätzung von Sanchez zur Bedeutung der neuen Erkenntnisse: „Unsere Studie gibt uns nur einen allerersten Einblick in die Lebensweise eines frühen Tetrapoden. ... Wir wollen nun auch die Lebensgeschichte anderer früher Vierbeiner untersuchen. Möglicherweise stoßen wir dabei auf Erkenntnisse, die unser Lehrbuchwissen völlig verändern“ (<http://www.scinexx.de/wissen-aktuell-20592-2016-09-08.html>).

Literatur

Carroll RL (1992) The primary radiation of terrestrial vertebrates. *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.* 20, 45-84.

Clack JA (2002) *Gaining ground. The origin and evolution of Tetrapods.* Bloomington and Indianapolis: Indiana University Press.

Fröbisch NB (2016) Evolution: Teenage tetrapods. *Nature* 537, 311-312.

Junker R (2004) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 2: *Ichthyostega*, *Acanthostega* und andere Tetrapoden des höheren Oberdevons. *Stud. Integr. J.* 11, 59-66.

Sanchez S, Tafforeau P, Clack JA & Ahlberg PE (2016) Life history of the stem tetrapod *Acanthostega* revealed by synchrotron microtomography. *Nature* 537, 408-411.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n240.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.07.16 Amphibische Fische: Mindestens 33-mal unabhängig entstanden

Eine detaillierte Untersuchung über das Vorkommen von Fischen, die zeitweise auch an Land gehen, zeigt, dass diese Fähigkeit mindestens 33-mal unabhängig entstanden sein muss. Aus evolutionstheoretischer Sicht war ein solcher Befund nicht erwartet worden. Die Erklärung, dass der Erwerb dieser Fähigkeit gar nicht so schwierig sei, beruht auf einem Zirkelschluss.

Bei Amphibien, also Tieren, die teils an Land und teils im Wasser leben, denkt man an Frösche, Kröten, Unken oder Salamander. Dass auch unter Fischen amphibisch lebende Arten vertreten sind, ist weniger bekannt; doch es gibt eine ganze Menge davon. Manche von ihnen verbringen nur einige Sekunden oder Minuten an Land, andere dagegen Stunden oder sogar Tage. Besonders bekannt unter Letzteren sind die Schlammpringer (Gattung *Periophthalmus*), die mehr Zeit an Land als im Wasser verbringen und dafür eine Reihe spezieller Bauplanbesonderheiten besitzen, oder die Aale, die längere Wanderungen auf Land durchführen können und dabei über die Haut atmen.



Abb. 1: Der Schlammpringer *Periophthalmus modestus*. (Wikimedia: Alpsdake, CC BY-SA 4.0)

Wegen der besonderen Anforderungen für ein zeitweiliges Leben an Land könnte man denken, dass amphibische Fische auf evolutivem Wege eher selten entstanden sind; das bringt auch Terry Ord, der mit Georgina Cooke jüngst eine Studie über deren Vorkommen durchgeführt hat, explizit zum Ausdruck („Because of the challenges fish face in being able to breathe and move and reproduce on land, it had been thought this was a rare occurrence“, <http://phys.org/news/2016-06-fish-common-thought.html>). Doch schon Coates & Clack

(1995, 301) erwähnen, dass unter den Strahlflosser-Fischen, die nicht eine Verbindung zum Landgang der Vierbeiner gebracht werden, 59 amphibisch lebende Arten aus 16 **marinen*** und **limnischen*** Familien bekannt seien, von denen keine **tetrapodenartige*** Beine entwickelt hat.

*Begriffe:

- marine (= im Meer lebend)
- limnisch (= im Süßwasserbereich vorkommend)
- tetrapodenartig (= vierbeinerartig)

In einer jüngst veröffentlichten detaillierten phylogenetischen Studie wiesen Ord & Cooke (2016) insgesamt sogar 130 amphibisch lebende Fischarten nach. **Diese sind auf 33 Familien verteilt, und die Autoren interpretieren diesen Befund so, dass damit auch die Mindestanzahl einer unabhängigen (konvergenten) Entstehung amphibischer Fische bei 33 liegt.** Vermutlich ist diese Zahl noch deutlich höher, denn alleine bei der genauer untersuchten Familie der Blenniidae schließen die Autoren auf eine siebenmalige konvergente Entstehung eines „in hohem Maße amphibischen Lebensstils“. Die Fisch-Familien, bei denen es amphibische Arten gibt, sind ökologisch z. T. sehr unterschiedlich und kommen sowohl in Süß- als auch Salzwasser vor.

Aus diesem unerwarteten Befund schließen die Autoren, dass die evolutive Entstehung der amphibischen Lebensweise nicht so schwer sein könne wie bisher angenommen, da sie sich so häufig ereignet habe. Diese Schlussfolgerung ist unlogisch. Denn die *Häufigkeit* des Vorkommens dieser Lebensweise hat mit der Frage, wie schwierig die dafür nötigen Voraussetzungen zu erfüllen sind, nichts zu tun. Schließlich war es beispielsweise auch nicht deshalb leichter als gedacht, eine Mondrakete zu bauen, weil das sowohl Russen als auch Amerikaner unabhängig geschafft haben. Vielmehr handelt es sich hier um einen evolutionären Zirkelschluss; er funktioniert wie folgt: 1. Eigentlich ist es für einen Fisch schwierig, evolutiv eine amphibische Lebensweise zu entwickeln. 2. Daher ist zu erwarten, dass das nicht oft vorkommt. 3. Es kommt aber oft vor, daher kann es doch nicht so schwierig sein. Diese Logik funktioniert natürlich nur, wenn man Evolution schon voraussetzt. In Wirklichkeit ist der Befund des häufigen Vorkommens der amphibischen Lebensweise jedoch eine schwerwiegende Herausforderung für evolutionsbiologische Hypothesen, da auf der Basis zukunftsblinder Mechanismen ein vielfacher Übergang zu anspruchsvollen *ähnlichen* Fähigkeiten nicht zu erwarten ist.

Interessant sind die Ergebnisse von Ord & Cooke auch in einer weiteren Hinsicht. Die zahlreichen amphibischen Fischarten sind keine Vorstufen zu landlebenden Formen. Die amphibische Lebensweise von Fischen scheint also keinen Startvorteil für einen Übergang an ein dauerhaftes Landleben darzustellen, wie es bei den Landwirbeltieren verwirklicht ist. Auf dieses Paradox weist auch Clack (2002, 103) in ihrer Monographie zum Ursprung der Landwirbeltiere hin: **Es gibt Strahlflosser mit Anpassungen ans Landleben und solche, die fingerartige Strukturen von Flossenstrahlen ausgebildet haben. Diese zwei Gruppen überlappen sich nahezu nicht.** Fische mit Fingern sollen – auch aus evolutionärer Sicht – nicht dauerhaft an Land gegangen sein, und solche, die es im evolutionären Verlauf geschafft haben sollen, zweitweise auf Land zu überleben, haben keine fingerartigen Strukturen an ihren Extremitäten.

Literatur

Clack JA (2002) Gaining Ground. The origin and evolution of Tetrapods. Bloomington and Indianapolis.

Coates MI & Clack JA (1995) Romer's gap: tetrapod origins and terrestriality. In: Arsenault M, Lelièvre H & Janvier P (eds) Studies on early vertebrates (VIIth International Symposium, Miguasha Parc, Quebec). Paris: Bull. Mus. Natl. Hist. Nat. 17, 373-388.

Ord JJ & Cooke GM (2016) Repeated evolution of amphibious behavior in fish and its implications for the colonization of novel environments. Evolution, early view, DOI: 10.1111/evo.12971.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n239.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.07.15 Collinsium – am Anfang war die Komplexität

Einer der ältesten fossil erhaltenen Lobopoden, *Collinsium ciliosum*, ist ausgesprochen komplex gebaut. Die Fossilüberlieferung zeigt bei dieser Gruppe keine Abfolge von „einfacher“ zu „komplexer“. Das stellt die evolutionstheoretisch zu erwartende Abfolge auf den Kopf.

Evolution verläuft vom Einfacheren zum Komplexeren; mindestens müssen alle Baupläne des Lebens einmal einfach begonnen haben, auch wenn im weiteren Verlauf wieder Rückbildungen erfolgen können. Es zeigt sich aber immer wieder, dass bereits sehr früh in der Fossilüberlieferung Tiergruppen mit komplexen Formen überliefert sind. Die ältesten Formen einer Gruppe sind oft komplexer als jüngere. Über ein eindrucksvolles Beispiel dieser Art berichten Yang et al. (2015). Die Forscher beschreiben *Collinsium ciliosum*, einen ungewöhnlich gepanzerten, ca. 8,5 cm langen Lobopoden aus der unterkambrischen Xiaoshiba-Lagerstätte in Südchina (Rekonstruktion z. B. unter http://cdn4.sci-news.com/images/enlarge/image_2962_1e-Collinsium-ciliosum.jpg). Lobopoden sind ausgestorbene wurmartige Organismen mit füßchenartigen Anhängen; sie haben im Meer (marin) gelebt und werden gewöhnlich zu den auch heute lebenden Stummelfüßern (Onychophora, „Würmer mit Füßchen“) gerechnet und als deren mögliche Vorfahren diskutiert. Die etwa 180 heute lebenden Stummelfüßer sind recht einheitlich gebaut und bilden einen eher wenig bedeutenden Anteil am Ökosystem von Regenwäldern (Yang et al. 2015, 1). Eine stammesgeschichtliche Verbindung zu den marinen kambrischen Formen erscheint aufgrund der Ökologie der heute bekannten Formen nicht naheliegend.

Nicht nur in Bezug auf den Lebensraum fallen die Unterschiede auf, auch der Körperbau des kambrischen *Collinsium* ist für einen Lobopoden ungewöhnlich komplex. Am vorderen Teil des wurmartigen Körpers befindet sich ein Paar antennenartiger Anhänge, es folgen sechs Paare verlängerter Anhänge mit feiner Fiederung, die als Filtriereinrichtung gedeutet werden, mit der Kleinlebewesen erbeutet werden. Dahinter befinden sich bis zum Körperende neun Beinchen mit Klauen, mit denen sich *Collinsium* vermutlich auf fester Unterlage (Felsen oder auch auf Schwämmen) festhalten konnte. Doch damit nicht genug. Auf dem Rücken und an der Seite war das Tier mit insgesamt 72 harten, spitzen Stacheln unterschiedlicher Größe ausgestattet, die dem Tier Schutz gegen Räuber boten. Im Vergleich zu anderen Gattungen der Lobopoden ist *Collinsium* deutlich die komplexeste und gehört zugleich zu den ältesten und wird in die Familie der Luolishaniidae gestellt. Diese Familie steht im Dendrogramm (Ähnlichkeitsbaum) an abgeleiteter („hochentwickelter“) Position, obwohl sie in der geologischen Schichtenfolge an der Basis der Überlieferung der Lobopoden auftritt. Die Luolishaniidae weisen das größte Ausmaß an Spezialisierung der Körperanhänge von Lobopoden des Paläozoikums („Erdaltertum“ von Kambrium bis Perm) auf und sind sehr viel verschiedenartiger als Vertreter der (später fossil überlieferten) Kronengruppen der Stummelfüßer (Yang et al. 2015). **Eine Abfolge von „einfach“ Richtung „komplex“, wie evolutionär ursprünglich verlaufen sein müsste, ist damit auf den Kopf gestellt.** Warum diese Gruppe trotz üppiger Ausstattung ausgestorben ist, darüber kann nur spekuliert werden. Man spricht in solchen Fällen häufig (und so auch hier) von gescheiterten „evolutionären Experimenten“, womit aber nichts erklärt wird. Eine denkbare – aber spekulative – Erklärung könnte die Zerstörung des Lebensraumes der kambrischen Formen sein.

„Alle modernen Stummelfüßer sind ziemlich ähnlich in ihrem allgemeinen Körperbau und nicht so aufregend in ihrer Lebensweise. Aber im Kambrium waren ihre entfernten Verwandten erstaunlich vielfältig und traten in einer überraschenden Vielfalt bizarrer Formen

und Größen auf“, wird einer der Mitautoren, Javier Ortega-Hernández von der Universität von Cambridge, UK, zitiert (<http://www.sci-news.com/paleontology/science-collinsium-ciliosum-cambrian-spiky-worm-02962.html>). Die Lobopoden sind nicht die einzige Gruppe, deren Fossilüberlieferung in maximaler Verschiedenartigkeit startet; Yang et al. (2015, 5) nennen als weitere Beispiele die Crinoiden (Seelilien und Haarsterne) und Brachiopoden (Armfüßer), bei denen dies auch der Fall ist. Es könnten noch mehr Gruppen genannt werden.

Literatur

Yang J, Ortega-Hernández J, Gerber S, Butterfield NJ, Hou JB, Lan T & Zhang XG (2015) A superarmored lobopodian from the Cambrian of China and early disparity in the evolution of Onychophora. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 112, 8678-8683.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n229.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.09.14 Evolution vom Wasser ans Land: Gar nicht so schwer?

Lebewesen sind in der Lage, auf Umweltänderungen durch Veränderungen im Bau, in der Physiologie oder im Verhalten zu reagieren (Plastizität). Das Erbgut enthält also Variationsprogramme, die bei Bedarf abgerufen werden. Diese Fähigkeit machten sich Forscher zunutze und ließen lungenatmende Flösselhechte (*Polypterus*) auf Land aufwachsen. In der ungewohnten Umgebung zeigten die Fische als plastische Reaktion veränderte Verhaltensweisen und Änderungen im Bau einiger Knochen, die auf dem Land eine Verbesserung der Fortbewegung ermöglichen. Könnte diese plastische Fähigkeit in der angenommenen Evolution von Fischen zu Vierbeinern eine wichtige Rolle gespielt haben?

Lebewesen haben die faszinierende und anspruchsvolle Fähigkeit, sich unterschiedlichen Umweltbedingungen individuell anpassen zu können. Bestimmte Umweltreize können Veränderungen im Körperbau, in der Physiologie oder im Verhalten auslösen, die das Überleben ermöglichen oder erleichtern. Das Erbgut wird dabei nicht geändert, vielmehr sind im Erbgut Variationsprogramme verankert, die bei Bedarf abgerufen werden können. Diese Fähigkeit nennt man Plastizität („Formbarkeit“), im deutschen Sprachraum wird auch der Begriff Modifikation verwendet. Plastizität gehört sozusagen zur Standard-Ausstattung von Lebewesen. Ein typisches Beispiel ist die Bildung von Hornschwielen an Händen oder Füßen aufgrund verstärkter mechanischer Beanspruchung der Haut.

Plastizität und Evolution. In der Evolutionsforschung hat das Phänomen Plastizität in den letzten Jahren vermehrt Aufmerksamkeit gefunden. Dabei wird der Frage nachgegangen, ob plastische Reaktionen das Potential beinhalten könnten, zu evolutionären Neuheiten zu führen. Auf den ersten Blick erscheint das wenig plausibel, denn plastische Änderungen sind keine Merkmale, die erst neu erworben wurden, sondern gehören bereits zum Repertoire der Lebewesen. Dennoch lautet eine Idee in Bezug auf Evolution wie folgt: Unter extremen Umweltbedingungen könnten aufgrund einer plastischen Reaktion Merkmale ausgeprägt werden, die sonst nicht zum Vorschein kommen und Ansätze zu einer weitergehenden Evolution darstellen könnten. Doch mehr als eine Idee ist dieser Ansatz bisher nicht.

Flösselhechte als Modell. Eine Forschergruppe hat diese Idee kürzlich angewendet auf die Frage, wie aus Fischen Vierbeiner geworden sein könnten (Standen et al. 2014). Es sind hierzu zwar einige Fossilien bekannt, doch liefern diese kaum Information zur Beantwortung der Frage, *wie* die zahlreichen für diesen Übergang notwendigen Änderungen abgelaufen sein könnten. Dazu machten die Forscher nun Versuche mit dem Senegal-Flösselhecht (*Polypterus senegalus*). Flösselhechte gelten als urtümliche Strahlflosser-Fische, die an der Basis des Strahlflosser-Fisch-Stammbaums stehen, also unweit der Abzweigung der Fleischflosser, zu denen die mutmaßlichen Landwirbeltiervorläufer gehören. In gewissem Sinne stehen sie also den vermuteten ersten Landgängern nahe.



Abb. 1: Senegal-Flösselhecht (*Polypterus senegalus*) in Albino-Färbung. (Wikimedia: 5snake5, CC0)

Flösselhechte besitzen eine paarige Lunge, die zugleich als Schwimmblase fungiert, und sind zur Luftatmung befähigt. Sie leben zwar fast ausschließlich im Wasser in krautigen Uferbereichen, können aber an Land überleben und von einem Wasserloch zum nächsten gelangen. Das schaffen sie, weil sie sich mit Hilfe ihrer kräftigen Brustflossen auf Land fortbewegen können und in der Lage sind, ihren Kopf etwas anzuheben. An dieser Fähigkeit knüpften die Wissenschaftler an. Sie zogen die Fische acht Monate lang außerhalb des Wassers auf und machten dabei bemerkenswerte Beobachtungen: Im Vergleich zur im Wasser aufgezogenen Kontrollgruppe setzten die Fische ihre Flossen näher an der Körpermitte auf und machten kürzere Schritte, wodurch sie weniger abrutschen. Außerdem hielten sie ihren Kopf höher und bewegten Flossen und Schwanz weniger, was die Fortbewegung verbessert und Energie spart. Das veränderte Verhalten sei wahrscheinlich durch das häufige Üben erlernt, so die Forscher. Noch erstaunlicher sind Veränderungen in der Anatomie. Schlüsselbeine und Cleithrum (ein Knochen des Schultergürtels von Knochenfischen und einiger Vierbeiner) waren verlängert, wodurch der Platz zwischen dem Kiemendeckel und der Flosse vergrößert wird, was der Flosse mehr Bewegungsraum verleiht. Dies stellt ein typisches Beispiel von Plastizität dar. Interessanterweise schwimmen die auf Land aufgezogenen Fische nicht schlechter als die im Wasser aufgezogene Kontrollgruppe.

Die bei den Flösselhechten beobachteten Veränderungen ähneln den Ausprägungen bei einigen fossilen Formen, die als Vorläufer der Landwirbeltiere diskutiert werden (s. u.). Daher spekulieren die Forscher, dass auch bei diesen Formen zur Zeit des Devons (vor ca. 400 Millionen radiometrischen Jahren) die beim Flösselhecht beobachtete phänotypische Plastizität eine Rolle gespielt haben könnte.

Ein Beitrag zur Erklärung von Makroevolution? Das Experiment von Standen et al. (2014) liefert interessante Ergebnisse. Es erinnert an ein unfreiwilliges Experiment mit einer Ziege, die von Geburt an nur Vorderbeine hatte, es aber lernte damit umzugehen, was ebenfalls auch anatomische Veränderungen zur Folge hatte (Slijpers Ziege; Beschreibung z. B. bei West-Eberhard 2005, 611). Kirschner & Gerhart (2005) nennen diese Fähigkeit von Geweben und Organen, auf äußere Reize flexibel reagieren zu können, „exploratives Verhalten“. Explorative Systeme sind „antwortend“, d. h. sie reagieren auf äußere Signale.

Allerdings entstehen dadurch keine neuen Bauelemente und keine sonstigen Neuerungen wie z. B. neue Muskelansatzstellen oder neue Knochelemente.

Zur Einschätzung der möglichen Bedeutung von Plastizität für Evolution, insbesondere zur Frage, wie evolutionäre Neuheiten entstehen könnten (Makroevolution), sollen nachfolgend einige Aspekte zusammengestellt werden:

- Die Änderungen betreffen keine Neuheiten, sondern sind Variationen vorhandener Konstruktionselemente und Verhaltensweisen. Die Flösselhechte besaßen anfangs bereits die Fähigkeit, auf Land zu gehen und auf Land zu überleben. Über den Ursprung dieser Fähigkeit geben die Experimente keinen Aufschluss.
- Die Fische würden das experimentell hervorgerufene Verhalten in ihrem natürlichen Lebensraum nicht zeigen. Dort graben sie sich bei Wasserknappheit in den Schlamm. Das im Experiment erzwungene Verhalten der Tier wurde unter natürlichen Bedingungen noch nicht beobachtet.
- Standen et al. (2014) ziehen Vergleiche der Knochenveränderungen mit dem fossilen Quastenflosser *Eusthenopteron* und mit den Tetrapoden (Vierbeinern) *Acanthostega* und *Ichthyostega*, die zu den ältesten Tetrapodengattungen gehörten. *Eusthenopteron* war ein reines Wassertier und seine Merkmalsausprägungen sind daher kaum geeignet, eine beginnende Landanpassung zu belegen. Ähnliches gilt auch für *Acanthostega*. Dieser war zwar ein Vierbeiner und besaß acht Finger, wird bisher aber aufgrund verschiedener anatomischer Merkmale ebenfalls als ausschließlich im Wasser lebend interpretiert (Clack 2002, 124). Aussagekräftiger ist dagegen der Vergleich mit *Ichthyostega*, da diese Gattung sehr wahrscheinlich auch an Land ging und klassisch als das „erste Amphibium“ gilt. Dennoch: *Ichthyostega* war sehr ungewöhnlich konstruiert mit stark überlappenden Rippen und ist in dieser und anderer Hinsicht ganz einzigartig gebaut (Ahlberg et al. 2005). Diese Autoren betrachten *Ichthyostega* als eines von mehreren kurzlebigen evolutionären Experimenten; diese Gattung wäre daher ebenfalls kein idealer Kandidat für eine Modellierung des Übergangs von Wasser ans Land.
- Für die anatomischen Veränderungen, die fossilen Formen entsprechen, welche als Vorläufer der Vierbeiner diskutiert werden, gibt es eine funktionelle Notwendigkeit. Die Ähnlichkeiten sind daher wenig überraschend.
- Für einen Übergang vom Leben im Wasser zu einem Leben an Land sind zahlreiche sehr viel grundlegendere Änderungen notwendig als die hier vorgestellte Plastizität, die bei den Flösselhechten beobachtet wurde.
- Hutchinson (2014) weist darauf hin, dass Flösselhechte trotz ihrer Plastizität keine landlebenden Nachfahren haben.
- Ob die plastisch aufgetretenen Merkmale bei *Polypterus* an die Nachkommen weitergegeben werden, ist derzeit nicht geklärt; das soll eine Fortsetzung des Experiments über mehrere Generationen zeigen. Plastische Änderungen gehen bei Wegfall der betreffenden Bedingungen wieder verloren; sie müssen im Laufe vieler Generationen fixiert werden, um evolutive Bedeutung zu erlangen. Ob dies bei *Polypterus* möglich ist, ist nicht bekannt; Pennisi (2014) meint, das sei ein „Geheimnis“.

- Zahlreiche Studien zur Plastizität der Lebewesen zeigen übereinstimmend, dass es einen Trend von anfangs hoher Plastizität in Richtung verringerter Plastizität gibt (Überblick bei Junker 2014). Diese Beobachtung machten die Forscher auch bei den außerhalb des Wassers aufgezogenen Flösselhechten: Ihre Gehbewegungen weisen eine verringerte Variabilität auf (Standen et al. 2014, 56). Interessant wird hier sein, welche Tendenz sich bei den geplanten Mehr-Generationen-Experimenten zeigen wird.

- Der Ursprung der Plastizität ist hier, wie auch in anderen Fällen unbekannt (Hutchinson 2014); klar ist aber, dass sie im normalen Lebensraum der Flösselhechte nützlich sind.

Schlussfolgerungen. In der Tagespresse wurden die Befunde zur Plastizität der Flösselhechte teilweise stark überbewertet. Eine der Überschriften lautete: „Evolution in acht Monaten: Wie Fische laufen lernen“.¹ Was bisher Theorie gewesen sei, sei nun in der Praxis ansatzweise nachgewiesen worden. Das ist irreführend und auch keineswegs die Aussage des Originalartikels. Standen et al. (2014, 54) schreiben vielmehr: „Unsere Resultate eröffnen die Möglichkeit, dass umweltinduzierte Entwicklungs-Plastizität die Entstehung der Land-Merkmale, die zu den Vierbeiner führten, erleichtert haben.“² Ob sie wirklich zu dieser Entstehung beigetragen haben, ist angesichts der oben genannten Befunde und Probleme mehr als fragwürdig.

Anmerkungen

¹ <http://www.ruhr-lippe-marktplatz.de/news/artikel/detail/20143454-evolution-in-acht-monaten-wie-fische-laufen-lernen.html>

² „Our results raise the possibility that environmentally induced developmental plasticity facilitated the origin of the terrestrial traits that led to tetrapods.“

Literatur

Ahlberg PE, Clack JA & Blom H (2005) The axial skeleton of the Devonian tetrapod *Ichthyostega*. *Nature* 437, 137-140.

Clack JA (2002a) *Gaining Ground. The origin and evolution of tetrapods*. Bloomington and Indianapolis: Indiana University Press.

Hutchinson J (2014) Dynasty of the plastic fish. *Nature* 513, 37-38, doi:10.1038/nature13743.

Junker R (2014) Plastizität der Lebewesen: Baustein für Makroevolution? W+W Special Paper B 14-2. <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/sp/b-14-2-plastizitaet.pdf>

Kirschner MW & Gerhart JC (2005) *The Plausibility of Life. Resolving Darwin's Dilemma*. New Haven and London.

Pennisi E (2014) Fish raised on land give clues to how early animals left the seas. <http://news.sciencemag.org/biology/2014/08/fish-raised-land-give-clues-how-early-animals-left-seas>.

Standen EM, Du TY & Larsson HCE (2014) Developmental plasticity and the origin of tetrapods. *Nature* 513, 54-58; doi:10.1038/nature13708

West-Eberhard MJ (2005a) Phenotypic accommodation: Adaptive innovation due to developmental plasticity. *J. Exp. Zool.* 304B, 610-618.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n217.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.07.14 Neuer Text über die kambrische Explosion

Ein neuer ausführlicher Artikel ist seit kurzem als PDF verfügbar: <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/zur-neueren-diskussion-ueber-die-kambrische-explosion/>

Im unteren Teil der erdgeschichtlichen Periode des Kambriums ist eine große Anzahl von Tiergruppen in enormer *Verschiedenartigkeit* fossil überliefert, während vergleichbare Formen oder passende Vorstufen in älteren Schichten des Präkambriums weitgehend fehlen. Diese markante fossile Diskontinuität – das ziemlich abrupte Erscheinen einer vielgestaltigen Tierwelt – wird als „kambrische Explosion“ bezeichnet.

Es ist mittlerweile zwar eine erhebliche Anzahl von Vielzellern auch im Präkambrium entdeckt worden, doch handelt es sich dabei häufig um Formen, die nicht als Vorstufen der kambrischen Tierwelt gewertet werden, sondern eigene Linien repräsentieren, die früh ausgestorben sind (v. a. die Ediacara-Fauna). Die präkambrischen Formen erscheinen ihrerseits in drei Faunenvergesellschaftungen ebenfalls relativ abrupt. Auch die vielfältigen winzig kleinen (< 2mm) beschalten Fossilien im untersten Kambrium (sog. „small shelly-Fauna“) eignen sich nur teilweise als mögliche Vorläufer; für ihr Auftreten können ökologische Gründe wahrscheinlich gemacht werden. In den unterkambrischen Stufen des Tommotiums und Atdabaniums (Stufen 2 und 3 in der neueren Nomenklatur) nimmt die Verschiedenartigkeit der Formen rasant zu; diese Phase von ca. 6-10 Millionen radiometrischen Jahren wird meistens als eigentliche kambrische Explosion bezeichnet. Radiationen im jüngeren Kambrium und Ordovizium führen zu keiner markanten Erhöhung der Verschiedenartigkeit der Tierstämme mehr; während des Kambriums wird in der Regel bereits das Maximum an Verschiedenartigkeit *der Tierstämme* erreicht. Nur relativ wenige Formen werden als mögliche Vorläufer der kambrischen Tierstämme diskutiert, ihre Natur ist meist umstritten. Eine Anzahl neuerer Fossilfunde vergrößert die kambrische Vielfalt noch weiter.

Worauf die kambrische Explosion zurückzuführen ist, konnte im Rahmen evolutionärer Modelle bisher nicht geklärt werden. Diskutiert werden genetische, ökologische und geologische Ursachen. Die Vielfalt der nachweisbaren Baupläne erfordert das Vorhandensein entsprechender genetischer Grundlagen. Ein Zusammenhang mit dem Auftreten von Hox-Genen oder mit Genduplikationen ist eher unwahrscheinlich. Häufig werden zahlreiche Neuerschaltungen von Genen als Ursache angenommen, doch ist experimentell nicht gezeigt, dass auf diese Weise neue Bauplanelemente entstehen können; im Gegenteil ist bekannt, dass Änderungen in Kernbereichen von Gen-Regulations-Netzwerken zu schweren Schädigungen führen. Dass dies zur Zeit des Kambriums grundlegend anders gewesen sein könnte, ist spekulativ und wenig plausibel. Zudem kann allgemein aus der Art der Unterschiede zwischen verschiedenen Organismen nicht auf den Modus ihrer Entstehung (und auch nicht auf Evolution) geschlossen werden, da Unterschiede keinen Mechanismus begründen können. Aufgrund von Genvergleichen heute lebender Formen verschiedener Tierstämme wird evolutionstheoretisch allgemein ein genetisch komplexer Vorfahre angenommen. Wie dieser hypothetische Organismus entstanden ist, ist unbekannt. Weiter stellt sich die Frage, wofür er die vielen Gene primär benötigte, die bei den später entstandenen kambrischen Tierstämmen für die Ausbildung von Organen genutzt werden, die beim gemeinsamen genetisch komplexen Vorfahren noch nicht existiert haben können.

Die Auffassung, der Fossilbericht des Kambriums und Präkambriums könnte sehr unvollständig sein (Artefakt-Hypothese), ist angesichts zahlreicher für Fossilisierung geeigneter Sedimentgesteine* sowie des Vorkommens von sehr kleinen Fossilien und von

fossilisierten Weichteilen unplausibel. Molekulare Daten (Gensequenzvergleiche von Tieren aus verschiedenen heutigen Tierstämmen) lassen zwar den Schluss auf eine mehr oder weniger tief präkambrische Entstehung der Tierstämme zu (die dann erst im Kambrium fossil in Erscheinung treten). Daraus resultiert jedoch keine Erklärung für die Entstehung der kambrischen Formen, sondern die Befunde dokumentieren eine Diskrepanz zwischen morphologisch-paläontologischen und molekularen Daten.

Neben genetischen werden auch ökologische und geologische Veränderungen als Auslöser der kambrischen Explosion in Betracht gezogen. Aber auch diese beantworten nicht die offenen Fragen, sondern liefern lediglich ein Spektrum der zu berücksichtigenden Begleitumstände. So ermöglichen weder ein freier Raum, abiotische Faktoren wie Klimaänderungen oder ein hypothetisches Räuber-Beute-Wettrüsten *an sich* eine Evolution der Baupläne, sondern könnten allenfalls als Triebfedern dafür gewertet werden. Davon abgesehen sind alle Vorschläge für ökologische und / oder geologische Auslöser umstritten.

Zahlreiche Belege und ausführliche Begründungen dieser zusammenfassenden Aussagen finden sich im Artikel: <https://www.wort-und-wissen.org/artikel/zur-neueren-diskussion-ueber-die-kambrische-explosion/>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n215.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.04.14 Ein weiterer Baustein der kambrischen Explosion: Gliederfüßer als Filtrierer

Die kambrischen Gesteinsschichten bergen eine große Anzahl verschiedenster Baupläne, die recht abrupt in der Fossilüberlieferung erscheinen. Die dort auch vertretenen Anomalocariden galten bisher als furchterregende Räuber. Nun hat sich herausgestellt, dass einige von ihnen Filtrierer waren, die Kleinstlebewesen aus dem Wasser siebten. Damit sind sie ein weiterer Baustein der kambrischen Tier-Vielfalt und wieder einmal ein Beispiel für Konvergenz – die mehrmalige unabhängige Entstehung eines komplexen Bauplanelements.

Im Jahr 1989 beschrieb der unvergessene Paläontologe Stephen J. Gould in seinem Buch „Wonderful Life“ (deutsch 1991) die ungewöhnliche Tierwelt des Kambriums, besonders des mittelkambrischen Burgess-Schiefers in Britisch-Kolumbien (Kanada). Unter dessen Fossilien klassifizierte er 20 neue Tierstämme mit großen Bauplan-Unterschieden, die er als „irre Wundertiere“ bezeichnete; die äußerst vielgestaltigen Tiere nannte er „einzigartige Gliederfüßer“ mit einem „Maximum an anatomisch leistungsfähigen Möglichkeiten“. Seiner Meinung nach übertreffen die Burgess-Fossilien „wahrscheinlich das gesamte Spektrum des wirbellosen Lebens in den heutigen Ozeanen“.

Zu diesen „irren Wundertieren“ gehören die Anomalocariden („ungewöhnliche Garnelen“). Mit einer Länge von bis zu zwei Metern waren die unter den größten Tieren der kambrischen Gewässer. Sie werden zu den Gliederfüßern (Arthropoda) gerechnet. Mit ihren Seitenlappen am segmentierten Rumpf waren sie wahrscheinlich gute und wendige Schwimmer.

Die Anomalocariden galten bislang als formidable Räuber, doch neuere Untersuchungen stellen das teilweise in Frage und liefern ein überraschendes Ergebnis.

Neue Fossilfunde aus Nordgrönland legen nahe, dass einige Arten der Anomalocariden sich mit Hilfe einer ausgeklügelten Filtriertechnik von Plankton ernährten – ähnlich wie die heutigen Bartenwale wie z. B. der Blauwal. Untersucht wurden fünf fossil erhaltene, stachelbewehrte, ca. 12 cm lange Anhänge und zwei mit dem Kopfschild verbundene Anhänge von *Tamisiocaris borealis* aus der unterkambrischen Sirius-Passet-Konservat-Lagerstätte (Bild einer Rekonstruktion hier: <http://d.ibtimes.co.uk/en/full/1370642/tamisiocaris.jpg>). Dabei wurden die beiden langen, stachelbewehrten Anhänge am Kopf genauer unter die Lupe genommen. Die Greifer erwiesen sich als beweglich und die filigranen Fortsätze besitzen feine, ineinander greifende Stacheln. Diese interpretieren die Forscher als Werkzeuge, mit deren Hilfe *Tamisiocaris* Organismen ab einer Größe von etwa ½ Millimeter aus dem Wasser gefischt hat (Vinther et al. 2014). „Ausgestreckt bilden sie eine Art Kamm, den der Urzeit-Gliederfüßer durch das Wasser gezogen haben könnte wie eine Art Netz. Rollte er dann die Anhänge zum Mund hin ein, bildeten ihre Borsten einen dichten Käfig, in dem gefangene Organismen hängenblieben“ (Podbregar 2014).

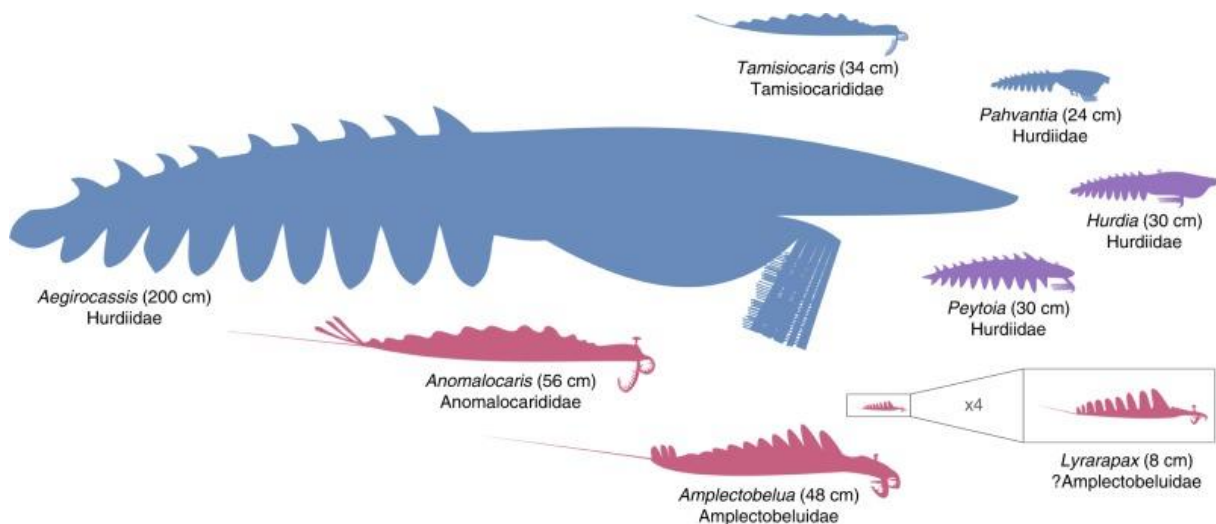


Abb. 1: Grafische Darstellung der Vielfalt der Größen und Ernährungsgewohnheiten bei Radiodonta (zu denen auch die Familie Anomalocarididae gehört). (Wikimedia: Rudy Lerosey-Aubril and Stephen Pates - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6138677/>, CC BY 4.0)

Aufgrund der Filtrierer-Fähigkeit stellen die Forscher *Tamisiocaris* in die neue Gruppe der Cetiocaridae (Walgarnele; *cetus*, lat. = Wal; „caris“ steht für Garnele). Die Autoren schließen, dass ein vielfältiges Ökosystem mit gut entwickelten Nahrungsketten in den offenen Meeren ausgeprägt gewesen sei.¹ Denn um als Filtrierer leben zu können, ist eine hohe Primärproduktion und ausreichend Plankton Voraussetzung. Vinther et al. (2014) geben auch eine Übersicht über die Vielfalt des Baus der Anhänge der Anomalocariden, z. B. solche mit dreizackigen Stacheln oder mit scherenartigen Anhängen und stellen fest (S. 498), dass die außerordentliche morphologische Vielfalt der Anhänge zeige, dass es sich bei den Anomalocariden nicht um ein gescheitertes Evolutionsexperiment handle, sondern um eine umfangreiche Radiation im Laufe der kambrischen Explosion.²

Die Untersuchung ist in zweierlei Hinsicht bemerkenswert. Zum einen vergrößern die Beobachtungen an *Tamisiocaris* die Vielfalt an ausgeklügelten Einrichtungen, die bereits im Unterkambrium ohne erkennbare Vorfahren präsent waren. **Zum anderen zeigen sie einmal mehr, dass komplexe Einrichtungen mehrfach (oft vielfach) unabhängig auftauchen** – in diesem Fall die Fähigkeit der Nahrungsfiltrierung. Eine ganze Reihe von Filtrierern gibt es außer den bereits erwähnten Bartenwalen auch unter den Gliederfüßern; und die Filtrierer sind nun um ein interessantes Mitglied erweitert worden, das diese Fähigkeit unabhängig erworben haben muss (Konvergenz). Vinther et al. (2014) erwähnen, dass bei den Cetiocaridae ähnliche Einrichtung zum Filtrieren verwirklicht sind wie bei anderen Filtrierern unter den Gliederfüßern (z. B. den Rankenfußkrebse, Cirripedia). Dabei muss bedacht werden, dass diese Fähigkeit sehr anspruchsvoll ist und viele Details zusammenstimmen müssen. Ein allmählicher Erwerb oder – wie man evolutionstheoretisch vermutet – ein Umbau von einer räuberisch lebenden Ausgangsform sind sehr fragwürdig. **Denn um ernährungsmäßig über die Runden kommen zu können, muss die Filtrierfunktion gut ausgebaut sein.** Und der Verlust des räuberischen Nahrungserwerbs kann selektiv wohl kaum begünstigt werden, solange die neue Art des Nahrungsgewinns nicht ausreichend funktioniert.

Vinther et al. (2014, 499) dagegen werten die Existenz der filtrierenden Gattung *Tamisiocaris* und das Ausmaß unabhängiger (konvergenter) Entstehung ähnlicher Konstruktionen als Beleg für Vorhersagbarkeit und Kanalisierung der Evolution. **Worin diese Kanalisierung aber bestehen soll, ist völlig unklar und wird nicht thematisiert.** Die Annahme einer zielorientierten, sprich schöpferischen Verursachung ist viel naheliegender.

Literatur

Gould SJ (1989) Wonderful Life. New York: W. W. Norton & Co. (dt. 1991: Zufall Mensch. München – Wien)

Vinther J, Stein M, Longrich NR & Harper DAT (2014) A suspension-feeding anomalocarid from the Early Cambrian. *Nature* 507, 496-500.

Podbregar N (2014) Sanfte Riesen im Urzeitmeer. http://www.wissenschaft.de/erde-weltall/palaeontologie/-/journal_content/56/12054/3250966/Sanfte-Riesen-im-Urzeitmeer/.

Anmerkungen

¹ „The Cambrian pelagic food web was therefore highly complex containing multiple trophic levels, including pelagic predators and multiple tiers of suspension feeders” (Vinther et al. 2014, 499).

² „This extraordinary range of appendage morphologies shows that, far from being a failed experiment, anomalocarids staged a major adaptive radiation during the Cambrian explosion, evolving to fill a range of niches as nektonic predators, much like the later radiations of vertebrates and cephalopods, including suspension feeders“ (Vinther et al. 2014, 498).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n210.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.01.14 Eichelwürmer – vom Kambrium bis heute unverändert

Eichelwürmer aus dem Mittelkambrium ähneln heutigen Formen in erstaunlichem Maße. Nachdem kürzlich in der Antarktis erstmals Eichelwürmer entdeckt wurden, die Röhren bilden, ist die Ähnlichkeit mit den ebenfalls röhrenbildenden fossilen Formen perfekt. Die zwischenzeitlich diskutierte Vorstellung, die fossilen Eichelwürmer könnten Bindeglieder zu den Flügelkiemern (Pterobranchia) sein, ist damit nach Ansicht der Entdecker nicht haltbar.

Anfang des Jahres wurden schon länger fossil bekannte wurmartige Organismen aus dem mittelkambrischen Burgess-Schiefer eindeutig als Eichelwürmer identifiziert (Caron et al. 2013; Gee et al. 2013). Die betreffende Art wurde als *Spartobranchus tenuis* klassifiziert und gleicht heutigen Formen aus der Gruppe der Harrimaniiden bis in Details.¹ Sie sind damit auch ein Beispiel für *Stasis* – das nahezu unveränderte „Stehenbleiben“ eines Bauplans über geologische Zeiträume hinweg. Der Nachweis von Eichelwürmern im Kambrium vergrößert die ohnehin immense Vielfalt der während der kambrischen Explosion auftretenden Formen noch weiter (vgl. Kambrische Explosion, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42842&Sprache=de&l=1> und Kambrische Explosion: Darwins Dilemma, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=200> gelöst?).

Die **Eichelwürmer** (Enteropneusta) werden zusammen mit den **Flügelkiemern** (Pterobranchia) zu den Hemichordaten gestellt. Die Arten dieser auch als Kiemenlochtiere benannten Gruppe besitzen einen weichen, wurmhähnlichen, aber innen ungegliederten Körper und sind äußerlich in Kopfschild, Kragen und Rumpf dreigeteilt. Die bis zu 10 cm langen Eichelwürmer leben am Meeresboden und graben Gänge. Sie bewegen sich im Meeresboden durch wellenförmige Muskelkontraktionen vorwärts und leben von im Schlamm enthaltenen organischen Partikeln mit Hilfe eines Nahrungstrichters am Vorderende. Da auch die Pterobranchia aus dem Kambrium bekannt sind, ist klar, dass der Ursprung der Hemichordaten entsprechend ins Unterkambrium verlegt werden muss (Caron et al. 2013, 503). Einen Unterschied schien es jedoch bei den fossilen Formen im Vergleich zu den heutigen zu geben. Bei den Fossilien wurden häufig faserige Röhren gefunden; in einem Fall war ein Eichelwurm mit dieser Röhre assoziiert. Daher wurde angenommen, dass die kambrischen Eichelwürmer anders als die heutigen zeitweise in Röhren lebten. Dieser Befund wurde von S. Conway Morris, einem der Bearbeiter so interpretiert, dass es sich hier um einen Hinweis handle, dass die fossilen Eichelwürmer Übergangsformen zu den Pterobranchia seien (<http://www.bbc.co.uk/nature/21745029>), die generell solche Röhren bilden. Es wurde allerdings auch diskutiert, dass auch die Eichelwürmer ursprünglich ebenso wie die Pterobranchia solche Röhren ausgebildet haben könnten, diese später aber verloren haben (Caron et al. 2013, 505).

Die letztere Deutung erhielt jüngst Unterstützung. Denn es wurden heute lebende Eichelwürmer in der Tiefsee der Antarktis entdeckt, die ebenfalls Röhren ausbilden und in eine neue Eichelwürmer-Familie, Torquaratoridae, gestellt werden (Halanych et al. 2013). Die Autoren nehmen in ihrem Artikel Bezug auf die mittelkambrischen Eichelwürmer, die ebenfalls Röhren bilden, **und stellen die enorme Ähnlichkeit der kambrischen mit den heutigen Formen heraus**. Der faserige Bau der fossilen Röhren konnte durch den Vergleich mit den heutigen Formen als Erhaltungsartefakt erklärt werden. Denn einige Röhren waren mit Sediment bedeckt, was ihnen ein geripptes Aussehen verleiht, das der fossilen Erhaltung ähnlich ist. Die Autoren schließen aus dem ähnlichen Röhren-Design zwischen *S. tenuis* und

den antarktischen Torquaratoridae auf ähnliche Verhaltensweisen, die sich demnach über einen Zeitraum von etwa 500 Millionen Jahren erhalten hätten.

Damit sei die Vorstellung, dass *S. tenuis* ein Bindeglied zwischen den Eichelwürmern und Pterobranchiern sei, unglaublich geworden. Die Autoren schreiben: „Da die Trennung zwischen Eichelwürmern und Pterobranchiern vor dem Mittelkambrium erfolgt sein muss, ist die Röhre von *S. tenuis* kein Vorläufer des Coeneciums [Röhren] der Pterobranchier“ (Halanych et al. 2013). Es sei anzunehmen, dass bereits der gemeinsame Vorfahre Röhren gebildet habe. Fossile Spuren dieses hypothetischen Vorfahren sind nicht bekannt.

Am Rande sei vermerkt, dass die Deutung der kambrischen Eichelwürmer als mögliche Bindeglieder in der Wissenschaftspresse mehrfach aufgegriffen wurde, nicht aber das nachfolgende Dementi.

Literatur

Caron JB, Conway Morris S & Cameron CB (2013) Tubicolous enteropneusts from the Cambrian period. *Nature* 495, 503-506.

Gee H (2013) Tubular worms from the Burgess Shale, *Nature* 495, 458-459.

Halanych KM, Cannon JT, Mahon AR, Swalla BJ & Smith CR (2013) Modern Antarctic acorn worms form tubes. *Nature Communications* 4, No. 2738, doi: 10.1038/ncomms3738.

Anmerkung

¹„Es ist fast so, als wenn man ein Foto eines heutigen Exemplars machen würde“ wird Christopher Cameron zitiert, der heutige Eichelwürmer untersucht (<http://www.cbc.ca/news/technology/story/2013/03/13/science-phallus-fossil-acorn-worm.html>).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n205.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.12.13 Frühe Verschiedenartigkeit

Eine systematische Studie über die Fossilabfolgen verschiedener Organismengruppen zeigt – entgegen evolutionstheoretischen Erwartungen – einen klaren Trend: Das größte Ausmaß der Verschiedenartigkeit¹ der untersuchten Gruppen wird frühzeitig erreicht und nimmt im Laufe der Fossilüberlieferung ab.

In Charles Darwins Hauptwerk *On the origin of species* ist eine einzige Abbildung abgedruckt: Ein Baum mit allmählich zunehmender Verzweigung und zunehmender Verschiedenartigkeit¹. Die aufgezweigten Formen werden also im Laufe der Zeit allmählich unterschiedlicher. Am Anfang sind die Unterschiede zwischen den aufgespaltenen Formen noch gering, doch mit der Zeit nimmt die Verschiedenartigkeit immer mehr zu. Diese Darstellung ist folgerichtig, wenn die Lebewesen durch graduelle Evolution entstanden sind. Die experimentelle Forschung der Evolutionsmechanismen unterstützt die Erwartung gradueller Veränderungen. Größere sprunghafte Änderungen (wie z. B. vier- statt zweiflügelige Taufiegen) kommen zwar auch vor, ihre Träger sind aber weniger konkurrenzfähig, falls sie überhaupt lebensfähig sind. Neuere Hypothesen, wonach selbst **morphologische*** Evolution sprunghaft durch Änderungen in der Verschaltung von (Regulations-)Genen ablaufen könne, sind weitgehend spekulativ, da nicht durch experimentelle Daten gedeckt.

*morphologische (= die Gestalt, den Bau betreffend)

Dementsprechend könnte man erwarten, dass die Fossilüberlieferung von Tier- und Pflanzengruppen einem sich allmählich verzweigenden Baum ähnelt. Doch wie die paläontologische Fachliteratur schon lange zeigt, trifft das nicht zu. Vielmehr scheinen die Stammbäume in gewisser Hinsicht auf dem Kopf zu stehen. Besonders ausgeprägt ist das bei der sogenannten „kambrischen Explosion“ der Fall (Valentine 2004, Erwin & Valentine 2013, vgl. Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=202>). Nun haben Hughes et al. (2013) diesen Befund durch eine umfangreiche Studie bestätigt.

Die Autoren führten eine Meta-Analyse von 98 Vielzellergruppen durch und ermittelten das Ausmaß an Verschiedenartigkeit der Gruppen im Laufe der Zeit. Sie stellten fest, dass eine früh etablierte *große Verschiedenartigkeit* das vorherrschende Muster während des gesamten Phanerozoikums² ist, d. h. seit Beginn der fossilen Vielzeller-Überlieferung (kambrische Explosion) bis zur Gegenwart. Dabei nimmt die Verschiedenartigkeit nach einem frühen Maximum im Laufe der Zeit wieder ab. Es sei auch kein Trend in den Verschiedenartigkeitsprofilen während dieser gesamten Zeitspanne erkennbar. Ausnahmen von diesem Befund gebe es nur bei Massenaussterbeereignissen sowie bei Formengruppen, die sich erst in jüngerer erdgeschichtlicher Zeit entfaltet haben und gegenwärtig noch existieren.

Dieser Befund steht den evolutionstheoretischen Erwartungen entgegen. Als Erklärung schlagen die Autoren vor, die schnell etablierte große Verschiedenartigkeit sei Folge der Evolution von Schlüsselneuheiten. Weniger wahrscheinlich seien dagegen Änderungen, die Umweltbedingungen als Ursache hatten, oder die durch katastrophische Umweltveränderungen eingetreten seien.

Kommentar. Alle genannten Erklärungsversuche sind jedoch ungeeignet, da sie nur als *Begleiterscheinungen* und nicht als *Ursachen* gelten können. **Mit dem Nachweis von**

Begleitumständen ist aber niemals eine kausale Begründung gegeben. Wenn z. B. das Auftreten evolutionärer Neuheiten mit großer Verschiedenartigkeit am Beginn der Entfaltung einhergeht, resultiert daraus keine Erklärung, *woher* diese Neuheiten kommen und wie sie entstanden sind. Vielmehr wird das Ausmaß an Verschiedenartigkeit gerade an der Zahl unterschiedlicher Baupläne gemessen, die in evolutionstheoretischer Perspektive natürlich mit dem Auftreten von Neuheiten korreliert. Darin eine Ursache für das Phänomen der schnell etablierten Verschiedenartigkeit zu sehen, wäre ein Zirkelschluss.

Dass die Verschiedenartigkeit im Laufe der Zeit tendenziell eher abnimmt, könnte – so die Autoren – mit wachsenden Entwicklungszwängen (developmental constraints) zusammenhängen. Das heißt, je mehr die verschiedenen Organe der Lebewesen im Laufe der Zeit miteinander in Wechselwirkung treten, desto weniger konnte das Gesamtgefüge geändert werden. Auch diese Vorstellung ist spekulativ, darüber hinaus wenig plausibel, denn evolutionstheoretisch gesehen müssten vielfach Konstruktionszwänge wieder aufgebrochen worden sein. Wie dies funktioniert und wie anschließend auf diese Weise immer wieder vergleichsweise schnell eine große Verschiedenartigkeit relativ frühzeitig in der (Fossil-)Geschichte von Organismengruppen etabliert wurde, ist unbekannt. Zudem ist unbekannt, wie komplexere Lebewesen mit deutlich geringeren Konstruktionszwängen existieren könnten.

Anmerkungen

¹ Mit **Verschiedenartigkeit** (*disparity*) wird die morphologische Variation, also die Unterschiedlichkeit von Bauplänen innerhalb einer größeren Formengruppe bezeichnet, im Gegensatz zur **Vielfalt** (*diversity*) innerhalb eines engen Verwandtschaftskreises. Beispielsweise würde man zehn Hunderassen als *vielfältig* bezeichnen, dagegen zehn sehr verschiedene Säugetierarten (etwa von Fledermaus bis Blauwal) als *verschiedenartig*.

² Das **Phanerozoikum** umfasst alle geologischen Systeme, die in nennenswertem Umfang Vielzeller-Fossilien bergen, das sind alle Systeme vom Kambrium bis heute. „Phanerozoikum“ bedeutet „das Leben erscheint“ (in fossil erhaltener Form). Mittlerweile sind auch im jüngeren Präkambrium eine Reihe von Vielzellergruppen entdeckt worden; diese zeigen im Großen und Ganzen jedoch wenige Ähnlichkeiten mit den Fossilien seit dem Kambrium.

Literatur

Erwin D & Valentine JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado.

Hughes M, Gerber S & Wills MA (2013) Clades reach highest morphological disparity early in their evolution. Proc. Natl. Acad. Sci. 110, 13875-13879.

Valentine JW (2004) On the origin of phyla. Chicago and London.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n204.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.11.13 Kambrische Explosion: Darwins Dilemma gelöst?

Das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tierstämme und vieler ihrer Untergruppen im Kambrium („kambrische Explosion“) wird auch als „Darwins Dilemma“ bezeichnet. Die Ergebnisse einer Studie über die Geschwindigkeit der Evolution der Gliederfüßer zur Zeit des Kambriums sollen Darwins Dilemma auflösen. Diese Behauptung ist jedoch durch die präsentierten Daten aus verschiedenen Gründen nicht gedeckt, vor allem da die Entstehung der Tierstämme gar nicht Gegenstand der Untersuchung war.

Das plötzliche fossile Erscheinen verschiedenster Tierstämme zu Beginn des Kambriums wird bis heute als „kambrische Explosion“ bezeichnet (Erwin & Valentine 2013). Für Charles Darwin war dieser Befund ein Problem, es wurde auch bekannt als „Darwins Dilemma“, denn ein abruptes Auftreten ganz verschiedener Baupläne passte nicht zu seinen Vorstellungen einer graduellen Evolution. Es gibt viele Versuche, dieses Problem zu lösen oder wenigstens zu entschärfen – ohne befriedigendes Ergebnis (Meyer 2013). Nun behaupten Lee *et al.* (2013), dass die Resultate einer von ihnen durchgeführten Studie über die Geschwindigkeit der Evolution zur Zeit des Kambriums Darwins Dilemma auflösen könnten. Sie ermittelten, unter Voraussetzung von Evolution, evolutionäre Veränderungsraten beim größten Tierstamm, den Gliederfüßern (Arthropoda; dazu gehören vor allem Insekten, Spinnentiere und Krebse). Es wurden Evolutionsraten von verschiedenen Merkmalen ermittelt: Sowohl von morphologisch-anatomischen (gestaltlichen, phänotypischen) als auch molekularen (genetischen). Die Änderungsraten dieser Merkmale während des Kambriums verglichen sie mit den Raten in nachfolgenden Zeiträumen und gelangten zum Ergebnis, dass es im Kambrium eine ca. 4-fach schnellere phänotypische und ca. 5,5-fach schnellere molekulare Evolution gab, verglichen zu Veränderungen in jüngeren Abschnitten des Phanerozoikums¹. Für manche Tiergruppen innerhalb der Gliederfüßer ermittelten sie eine bis zu 10-fach erhöhte molekulare und bis zu 16-fach höhere morphologische Änderungsrate im Kambrium.

Die Ergebnisse basieren auf 395 morphologischen und 62 molekularen Merkmalen der *heute lebenden* Gliederfüßer. Die zeitliche Einordnung der mutmaßlichen Gabelungspunkte der jeweiligen Gruppen erfolgte anhand von Fossilfunden. Mit dieser Datenbasis konnten unter Voraussetzung von Evolution die Evolutionsraten in den verschiedenen Zeiträumen abgeleitet werden.

Die Autoren kommen zum Schluss, dass auch noch die höchsten Evolutionsraten im Einklang mit der Entstehung durch natürliche Selektion stünden, womit Darwins Dilemma letztlich gelöst sei. Diese Einschätzung ist insofern überraschend, als ihre Untersuchungen überhaupt nichts zu den *Mechanismen* der Entstehung der kambrischen Baupläne aussagen, unabhängig davon, wie schnell die Veränderungen abgelaufen sind. Welche Rolle natürliche Selektion hatte, kann aus den Daten nicht abgeleitet werden. Allenfalls kann eventuell aus den Daten gefolgert werden, dass die kambrische Explosion nicht so markant ist wie oft dargestellt.

Aber auch diese Schlussfolgerung ist durch die von Lee *et al.* präsentierten Daten nicht gedeckt – aus mehreren Gründen (Luskin 2013a): Zunächst **betrifft die Untersuchung gar nicht den zentralen Aspekt der kambrischen Explosion, nämlich den Ursprung der Tierstämme und vieler Tierklassen.** Vielmehr geht es in ihrer Untersuchung um Veränderungen innerhalb eines einzigen Tierstamms (der Gliederfüßer), nachdem dieser bereits entstanden ist. Die *Entstehung der Stämme* und die Geschwindigkeit *dieser* Evolution ist jedoch nicht der Gegenstand der Analysen von Lee *et al.* Die Unterschiede innerhalb von

Tierstämmen sind aber deutlich geringer als zwischen verschiedenen Tierstämmen. Die Evolutionsraten innerhalb der Gliederfüßer wurden zudem durch Vergleiche heutiger Arten und mittels Eichung durch Fossilfunde erschlossen (s. u.). Raten innerhalb nur fossil bekannter Formen (wie z. B. Trilobiten) wurden nicht bestimmt, was z. B. vom Paläontologen Douglas Erwin kritisiert wird, denn diese Daten könnten Einfluss auf die ermittelten Evolutionsraten haben (Servick 2013).

Im Übrigen tauchen die Gliederfüßer fossil abrupt im Unterkambrium auf; dieser Sachverhalt wird durch die Studie von Lee *et al.* nicht berührt. Sie nehmen zwar an, dass die Gliederfüßer im Ediacarium, dem letzten geologischen System vor dem Kambrium entstanden sind, eindeutige fossile Belege dafür sind jedoch nicht bekannt. Unklar ist, welchen Zeitraum die Autoren genau unter „frühes Kambrium“ und „kambrische Explosion“ fassen, es scheint ein Zeitraum von etwa 40 Millionen Jahren zu sein (Lee *et al.* 2013, 1890). Die meisten Experten sind jedoch der Auffassung, dass sich die eigentliche „Explosion“ während nur 5-10 Millionen Jahren ereignete (Belege bei Luskin 2013b), was die von Lee *et al.* ermittelten Evolutionsraten entsprechend vervielfachen würde.

Es gibt noch einen ganz anderen Kritikpunkt an den Schlussfolgerungen, die aus den Ergebnissen von Lee *et al.* gezogen werden, nämlich die Auswahl der zugrundeliegenden Gene. Die Autoren haben die Datenbasis aus einer anderen Untersuchung entnommen, deren Ziel es war, die Abstammungs- bzw. Verwandtschaftsverhältnisse unter den sehr unterschiedlichen Gliederfüßern aufzuklären. Zu diesem Zweck sind (unter evolutionstheoretischen Vorgaben) solche Gene besonders geeignet, deren Änderungsraten möglichst klein sind, und das trifft auf Gene zu, die wichtige Grundfunktionen im Zellgeschehen haben (sog. „housekeeping genes“). Bei solchen Genen sammeln sich nur (nahezu) neutrale Mutationen an, die wenig Einfluss auf die Funktion haben, und dies geschieht relativ konstant während der Evolutionsgeschichte (sofern sich die Unterschiede überhaupt auf evolutivem Wege etabliert haben). Nun sind aber gerade solche Gene mit großer Wahrscheinlichkeit von der Entstehung neuer morphologischer Baupläne, wie sie während der kambrischen Explosion entstanden sind, kaum oder gar nicht beeinflusst. Viel wichtiger sind laut Evolutionstheoretikern vor allem Regulationsgene, um neue Baupläne zu erzeugen (vgl. Erwin & Valentine 2013, 252²). Daraus folgt, dass die Untersuchung von Evolutionsraten-Änderungen im Zuge der kambrischen Explosion mittels der von Lee *et al.* verwendeten 62 Gene denkbar ungeeignet ist.

Fazit: Die Studie von Lee *et al.* (2013) bietet weder Klärungen noch Hinweise auf die Ursachen der kambrischen Explosion; daher ist die Behauptung, die erhöhten Evolutionsraten im Kambrium, und damit auch die kambrische Explosion, sei mittels natürlicher Selektion erklärbar, durch die präsentierten Daten nicht gedeckt. Die Untersuchung legt den Fokus nicht auf die Entstehung der Stämme (die eigentliche „Explosion“), sondern auf Untergruppen innerhalb des Stamms der Gliederfüßer. Daher haben die Ergebnisse eine nur sehr eingeschränkte Aussagekraft zur kambrischen Explosion der Tierstämme.

Anmerkungen

¹ Das Phanerozoikum umfasst alle geologischen Systeme, die in nennenswertem Umfang Vielzeller-Fossilien bergen, das sind alle Systeme vom Kambrium bis heute. „Phanerozoikum“ bedeutet „das Leben erscheint“ (in fossil erhaltener Form). Mittlerweile sind auch im jüngeren Präkambrium eine Reihe von Vielzellergruppen entdeckt worden; diese zeigen im Großen und Ganzen jedoch wenige Ähnlichkeiten mit den Fossilien seit dem Kambrium.

² „When it comes to understanding the genetic bases of the morphological richness and disparity of the Cambrian explosion, our primary interest is in the genes involved in specifying the development of body plans and other morphological features. That is to say, it is not the genes that control basic cellular functions (so-called housekeeping genes) that are of interest, but the genes that regulate the development of morphology from egg to adult.“

Literatur

Erwin DH & Valentine JW (2013) The Cambrian explosion. The construction of animal biodiversity. Greenwood Village, Colorado.

Lee MSY, Soubrier J & Edgecombe GD (2013) Rates of Phenotypic and Genomic Evolution during the Cambrian Explosion. *Curr. Biol.* 23, 1889-1895.

Luskin C (2013a) *Current Biology* Paper's Assumptions and Methodology Dramatically Underestimate "Rates of Change" in the Cambrian Explosion.
http://www.evolutionnews.org/2013/10/current_biology078581.html

Luskin C (2013b) How "Sudden" Was the Cambrian Explosion? Nick Matzke Misreads Stephen Meyer and the Paleontological Literature; *New Yorker* Recycles Misrepresentation.
http://www.evolutionnews.org/2013/07/how_sudden_was_074511.html

Meyer SC (2013) Darwin's Doubt. The explosive origin of animal life and the case for intelligent design. New York.

Servick K (2013) Evolution's Clock Ticked Faster at the Dawn of Modern Animals. *Science NOW*, <http://news.sciencemag.org/evolution/2013/09/evolution%E2%80%99s-clock-ticked-faster-dawn-modern-animals>

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n202.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.11.13 Gliederfüßergehirn: Von Beginn an „modern“

Einmal mehr zeigt sich, dass Organe von Tieren, die während der „kambrischen Explosion“ fossil auftauchen, in ihrer Komplexität heutigen Formen gleichen, diesmal beim Gehirn eines Gliederfüßers aus Chengjiang (Südwestchina) mit spinnentypischer Struktur.

Vergleichende Studien und Fossilfunde haben in der jüngeren Vergangenheit wiederholt nahegelegt, dass unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen eine früh etablierte große Komplexität von Organen angenommen werden muss und dass sich deren Bau bis heute nicht mehr wesentlich verändert hat. Beispiele aus jüngerer Zeit sind das Gehirn von Fliegen (Strausfeld & Hirth 2012), das Nervensystem von Gliederfüßern (Ma et al. 2012) oder Komplexaugen (Lee et al. 2011). Erst kürzlich stellte sich heraus, dass das Gehirn des kambrischen Krebses *Fuxianhuia* in Proto-, Deutero- und Tritocerebrum gegliedert ist – genauso wie bei vielen heute lebenden Höheren Krebsen und Insekten. Nun bestätigt ein weiterer Gliederfüßer aus der Zeit der „Kambrischen Explosion“ ([► Kambrische Explosion](#)) die frühe Etablierung eines modernen Gliederfüßer-Gehirns von Beginn der Fossilüberlieferung der betreffenden Tiergruppe an. Es handelt sich dabei um *Alalcomenaeus* sp. aus der berühmten unterkambrischen Chengjiang-Lagerstätte in Südwestchina (Alter: ca. 520 Millionen radiometrische Jahre). Gengo Tanaka (Japan Agency for Marine-Earth Science and Technology, Yokosuka) und Mitarbeiter beschrieben dieses Fossil kürzlich in einem *Nature*-Artikel.

Der fossile ca. 3 cm lange Gliederfüßer gleicht einigen typischen Vertretern der damaligen Fauna. Sein Körper ist segmentiert und das Tier besitzt ein Dutzend Beinpaare mit leicht verbreiterten Anhängen, die sowohl ein Krabbeln auf dem Meeresgrund als auch das Schwimmen ermöglichten. Erhalten sind auch paarige Augen mit einem Durchmesser von je 0,75 mm und zusammengesetzt aus 15 Mikrometer großen Facetten. Am Kopf trug das Tier zwei mit großen Klauen ausgestattete Anhänge, aufgrund derer es zu den Megacheira („große Hände“) gestellt wird.

Bei Fossilien ist es allerdings schwer zu entscheiden, ob die Scheren vom Krebstyp oder vom Spinnentyp sind. Die Scheren beider Gruppen sind zwar ähnlich, entstehen ontogenetisch aber auf verschiedene Weisen und entsprechen verschiedenen Körperteilen. Bei *Alalcomenaeus* half jedoch die spinnentypische Struktur des Gehirns, eine Entscheidung bezüglich der Zugehörigkeit zu treffen. Es konnte nachgewiesen werden, dass die großen, paarigen Scheren vom gleichen Hirnteil kontrolliert wurden wie bei den heutigen Spinnentieren (Webspinnen, Weberknechte, Skorpione und Milben) und Pfeilschwanzkrebse, die als Kieferklauen- oder auch Scherenträger (*Chelicerata*) zusammengefasst werden. Somit ist klar, dass die Megacheira als die bislang ältesten bekannten Vorfahren der heutigen Spinnentiere angesehen werden können.

Mittels Computertomografie und einer Laser-Scanning Technik konnten Tanaka et al. (2013) die Anatomie des Nervensystems von *Alalcomenaeus* genau untersuchen – dank der sehr guten Erhaltung des Fossils. **Der Urzeit-Gliederfüßer aus dem Kambrium ist so gut erhalten, dass sein Gehirn und Nervensystem weitgehend intakt konserviert sind. Dabei zeigten sich große Ähnlichkeit mit Gehirn und Nervensystem der heutigen Cheliceraten („Scherenträger“).** Die Ähnlichkeiten betreffen die Anordnung der paarigen optischen Neuropile (Sehzentrum), das Gehirn (eine Art Vorhirn sowie ein aus vier Nervenknotten verschmolzenes Gehirn) und die Ganglien (Tanaka et al. 2013, 364).

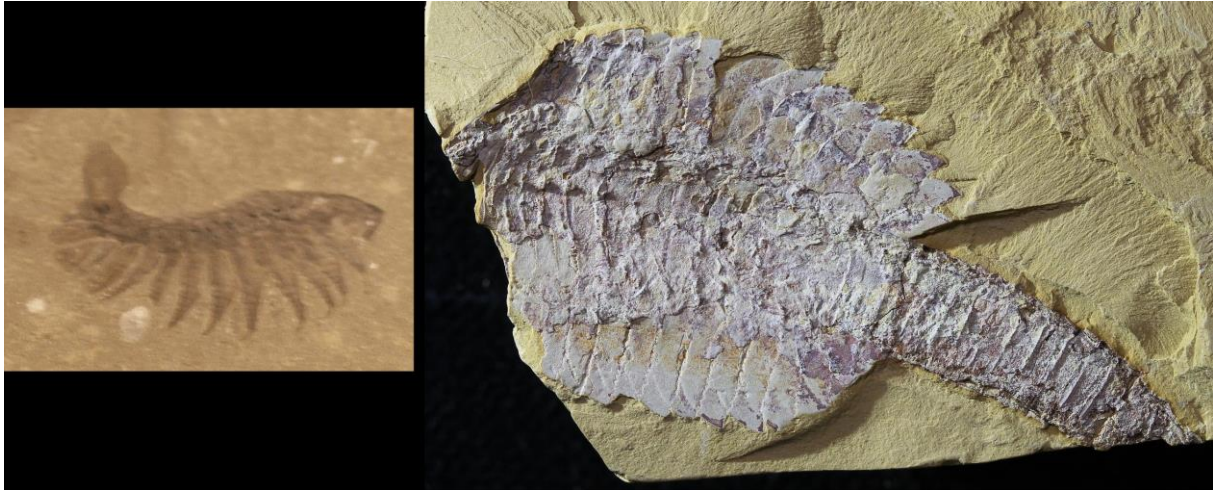


Abb. 1: *Alalcomenaeus cambricus* (links) und *Fuxianhuia protensa* (rechts). (Wikimedia: Captmondo, CC BY-SA 3.0; Jessica Utrup - <https://www.gbif.org/occurrence/351363777>, CC0)

Einmal mehr zeigt sich, dass Organe von Tieren, die während der „kambrischen Explosion“ fossil auftauchen, in ihrer Komplexität heutigen Formen gleichen. Mit *Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia* sind nun aus Chengjiang Fossilien überliefert, deren Gehirn modernen Vertretern der beiden Hauptgruppen der Gliederfüßer ähnelt. Die Autoren stellen fest: „***Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia protensa* zeigen, dass die beiden Hauptkonfigurationen des Gehirns, wie wir sie bei modernen Gliederfüßern kennen, nämlich der Chelicerata und Mandibulata, im frühen Kambrium evolviert waren.**“¹ Damit ist auch klar, dass diese beiden Gruppen bereits im Unterkambrium getrennt waren, denn *Alalcomenaeus* und *Fuxianhuia* lebten gleichzeitig, sind aber den beiden verschiedenen Gruppen zuzuordnen.

Anmerkung

1 „*Alalcomenaeus* and *Fuxianhuia protensa* demonstrate that the two main configurations of the brain observed in modern arthropods, those of Chelicerata and Mandibulata, respectively, had evolved by the early Cambrian“ (p 364). Zu den Mandibulata gehören Krebse, Insekten und Tausendfüßer; sie gehören zusammen mit den Chelicerata zu den Gliederfüßern.

Literatur

Lee MSY, Jago JB, García-Bellido DC, Edgecombe GD, Gehling JG & Paterson JR (2011) Modern optics in exceptionally preserved eyes of Early Cambrian arthropods from Australia. *Nature* 474, 631-634.

Ma X, Hou X, Edgecombe GD & Strausfeld NJ (2012) Complex brain and optic lobes in an early Cambrian arthropod. *Nature* 490, 258-261.

Strausfeld NJ & Hirth F (2012) Deep Homology of Arthropod Central Complex and Vertebrate Basal Ganglia. *Science* 340, 157-161.

Tanaka G, Hou K, Ma X, Edgecombe GD & Strausfeld NJ (2013) Chelicerate neural ground pattern in a Cambrian great appendage arthropod. *Nature* 502, 364-367.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n201.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.10.13 Fisch mit Gesicht stellt Abstammung auf den Kopf

Bestätigen neue Fossilfunde immer wieder Evolution? Der Fund eines Fischfossils aus dem oberen Silur Chinas stellt eine etablierte Abstammungsvorstellung auf den Kopf: Knochenfische sollen nun vor den Knorpelfischen entstanden sein. Das hätte allerdings evolutionstheoretisch zur Folge, dass ein knöcherner Kiefer zweimal unabhängig entstand oder dass die Entstehung der Knorpelfische mit zahlreichen Rückbildungen einherging. Beides ist nicht gerade plausibel.

Die Einschätzung, dass eine allgemeine Evolution der Lebewesen eine Tatsache sei, wird häufig damit begründet, dass neue Befunde sich immer wieder in das evolutionstheoretische Theoriegebäude einfügen ließen und aus Evolutionstheorien abgeleitete Vorhersagen sich erfüllten. So wird beispielsweise auf passende fossile Übergangsformen verwiesen. Tatsächlich aber entsprechen viele neue Fossilfunde jedoch gerade nicht den evolutionstheoretisch motivierten Erwartungen.

Ein jüngst entdecktes Fossil verlängert die Reihe evolutionstheoretisch völlig unerwarteter Formen. Von diesem Fund, der den Stammbaum der Wirbeltiere kräftig „durcheinanderwirbelt“ (<http://www.dradio.de/dlf/sendungen/forschak/2266356/>) berichteten Min Zhu und Kollegen von der Chinesischen Akademie der Wissenschaften in der Wissenschaftszeitschrift *Nature*. Es handelt sich dabei um das Fossil eines etwa 20 cm langen Fisches, der die etablierte Theorie über die stammesgeschichtlichen Beziehungen von Knochen- und Knorpelfischen komplett in Frage stellt (Zhu et al. 2013).

Bisher war man davon ausgegangen, dass Knorpelfische ähnlich den heutigen Haien Vorfahren der Knochenfische seien. Die beiden Gruppen bilden zusammen mit den ausgestorbenen Panzerfischen (Placodermi) und den Acanthodii die Kiefermäuler (Gnathostomata). Zu den Knorpelfischen gehören Haie, Rochen und Seekatzen. Sie besitzen keine Knochen; ihr Skelett ist aus Knorpel aufgebaut, der jedoch durch Kalkeinlagerung eine hohe Festigkeit erreicht, die die enorme Größe mancher Haie erlaubt. Richtiges Knochengewebe wird nur ganz selten bei großen alten Haien in den Wirbeln ausgebildet. Der Großteil der Fische (über 95 % der Arten) hat dagegen ein knöchernes Skelett, das als evolutionäre Weiterentwicklung betrachtet wird. Im Kopfbereich besitzen die Knochenfische anders als die Knorpelfische feste Platten und hochentwickelte Kieferknochen, was den Fischen sozusagen ein „richtiges Gesicht“ verleiht. Dagegen besitzen die Knorpelfische im Schädelbereich nur winzige Schuppen.

Der Fund des neuen Fossils, das den Gattungsnamen *Entelognathus* erhielt, stammt aus dem oberen Silur der Yunnan-Provinz Chinas und wurde auf 419 Millionen Jahre datiert. *Entelognathus* ähnelt mit seiner knöchigen Schulter- und Schädelpartie den Panzerfischen, die als frühe Abspaltung der Linie gelten, aus denen sich Knorpel- und Knochenfische entwickelt haben sollen. Es stellte sich jedoch heraus, dass die neu entdeckte Art auch differenzierte Kieferknochen besaß, wie sie bisher nur von Knochenfischen bekannt sind, ein komplexes Arrangement kleinerer Knochen, die als Prämaxilla und Maxilla im Oberkiefer, als Dentale im Unterkiefer und als Wangenknochen bekannt sind (Zhu et al. 2013). Es handelt sich also um einen Fisch mit Gesicht, der damit der älteste bekannte Fisch mit Gesicht ist.



Abb. 1: Künstlerische Rekonstruktion von *Entelognathus primordialis*. (Wikimedia: Entelognathus, CC BY-SA 4.0)

Das hat weitreichende Folgen für die stammesgeschichtliche Einordnung: *Entelognathus* könnte zu einer Schwestergruppe der Panzerfische gehören oder eng mit dem letzten gemeinsamen Vorfahren von Knorpel- und Knochenfischen verwandt sein (siehe Abbildung http://www.nature.com/nature/journal/vaop/ncurrent/images_article/nature12690-f1.jpg). In jedem Fall kann der hochentwickelte Kiefer nicht mehr als Alleinstellungsmerkmal der Knochenfische angesehen werden. Der knöcherne Kiefer als Struktur könnte somit zweifach unabhängig (konvergent) entstanden sein. Oder aber, und dazu scheinen die Wissenschaftler zu neigen, die Schädelknochen sind in der Knorpelfisch-Linie wieder verlorengegangen, wenn die Knochenfische vor den Knorpelfischen entstanden sein sollen (Friedman & Brazeau 2013). Beide Möglichkeiten sind wenig plausibel – nicht umsonst wurde die Stammesgeschichte der beiden großen heute lebenden Fischgruppen bisher genau anders herum rekonstruiert: Knorpelfische vor Knochenfischen.

Unerwartete Funde und Evolution

Auf der Basis etablierter stammesgeschichtlicher Hypothesen war das neue Fossil mit der Kombination von Merkmalen aus Placodermen und Knochenfischen nicht vorhergesagt worden. Es erfordert die Annahme einer Umkehr der Evolutionsrichtung gegenüber den bisher favorisierten Hypothesen. Natürlich kann die (Re-)Konstruktion von Stammbäumen immer an neue Fossilfunde angepasst werden; Fossilien können die Evolution als konzeptionelle Vorgabe nicht „umstürzen“. Aber die Anpassung der Theorie an die Befunde erfordert, hier wie in vielen anderen Fällen, eine Verkomplizierung evolutionstheoretischer Hypothesen: Entweder muss eine zweimal unabhängige Entstehung von knöchernem Kiefer und Knochenplatten oder deren Verlust bei den Knorpelfischen angenommen werden. Man kann schwerlich behaupten, dass der neue Fund das evolutionäre Paradigma einmal mehr bestätigt hätte.

Literatur

Zhu M, Yu X et al. (2013) A Silurian placoderm with osteichthyan-like marginal jaw bones. *Nature*, doi:10.1038/nature12617.

Friedman M & Brazeau MD (2013) A jaw-dropping fossil fish. *Nature*, doi:10.1038/nature12690.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n199.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.01.13 Modernes Denken im Kambrium

Nicht nur bei Fossilien von vermuteten Vorfahren des Menschen ist es schwierig, die Leistungsfähigkeit des Gehirns einzuschätzen. Größe allein zum Beispiel kann spätestens seit dem Fund des sogenannten „Hobbit-Menschen“ (*Homo floresiensis*) kein verlässlicher Indikator mehr sein, die strukturelle Architektur hingegen lässt eher Aussagen zur Leistungsfähigkeit zu (falls Schädel-Innenabdrücke vorhanden sind). Aber auch bei einfacheren Lebewesen, wie z. B. Krebstieren, war die Situation nicht leichter. Neue Beschreibungen ungewöhnlich gut erhaltener Fossilien sehr früher Gliederfüßer lassen allerdings auf ein bereits sehr modernes Nervensystem schon im Kambrium schließen.

Rückschlüsse auf Fähigkeiten oder die Organisation des Nervensystems bei frühen, fossil erhaltenen Gliederfüßern (Arthropoden, zu ihnen gehören Insekten, Spinnen, Krebstiere u. v. a.) zu ziehen, war bisher nicht einfach, man war auf indirekte Hinweise angewiesen. Ausgehend von der Gehirn-Organisation bei heute lebenden Krebstieren ging man davon aus, dass der letzte gemeinsame Vorfahr aller Gliederfüßer wahrscheinlich ein einfaches, zweigliedriges Gehirn aufwies, wie man es heute noch bei Branchiopoden (Kiemenußkrebse, z. B. der Wasserfloh, *Daphnia*) findet. Fossile Funde von großen leistungsfähigen Komplexaugen bei sehr frühen, kambrischen Lebewesen (*Anomalocaris*) legten allerdings schon einige Zeit die Annahme nahe, dass die neurologischen Fähigkeiten ihrer Träger nicht wesentlich geringer sein konnten, als die der heutigen Vertreter, denn die Komplexaugen waren denen heutiger Lebewesen weder in Größe noch in der Form, noch in der optischen Auflösung unterlegen (Paterson et al. 2011; vgl. [„Moderne Optik“ im frühen Kambrium](#)).

Sehr gut erhaltene kambrische¹ Fossilien von Gliederfüßern aus der südwestchinesischen Provinz Yunnan gewähren nun detaillierte Einblicke in die Organisation des Nervensystems von Lebewesen, die man als dem letzten gemeinsamen Vorfahren aller Gliederfüßer sehr nahe stehend einstuft (*Fuxianhuia*). Sie werden auf mehr als eine halbe Milliarde radiometrische Jahre datiert (520 Millionen Jahre). Schon an Fossilien des berühmten kanadischen Burgess Schiefers (ebenfalls Kambrium) konnte gezeigt werden, dass fossilisierte interne Strukturen sehr gut vergleichbar sind mit Gehirn und Ganglien (Ansammlung von Nervenzellen) heutiger Gliederfüßer. Offensichtlich konnte ihr Nervengewebe, obwohl es als sehr anfällig für schnellen Zerfall angesehen wird, in seltenen Fällen doch gut fossil erhalten werden. An den ca. 7,5 cm langen Fossilien der Art *Fuxianhuia protensa* aus China lässt sich die Gliederung dieses Nervensystems jetzt besonders gut studieren.

Ganglien und Nervenstränge sind in den in Kalkstein erhaltenen Fossilien als dunkle, eisenhaltige Strukturen erkennbar. **Erstaunlicherweise ist das Gehirn von *Fuxianhuia* wie bei vielen heute lebenden Höheren Krebsen und Insekten dreigliedert in Proto-, Deutero- und Tritocerebrum, und nicht nur zweigliedrig, wie eigentlich erwartet.** Paarige Nervenstränge versorgen die auf Stielen sitzenden Komplexaugen, die dahinter liegenden Antennen und eine dritte, noch nicht eindeutig identifizierte paarige Struktur, wahrscheinlich Anhänge des Verdauungssystems. An der Basis der Stielaugen kann man insgesamt drei untereinander verbundene optische Neuropile erkennen, signalverarbeitende Nervenstrukturen mit einer hohen Dichte an Nervenfasern, die wiederum typisch sind für heutige höhere Krebse und Insekten. Sie fehlen dagegen bei den als primitiver eingestuften Kiemenußkrebse. Die relativ großen Augen besitzen einen gegliederten optischen Aufbau und sind offensichtlich wie bei heutigen Krebsen auf ihren Stielen gut beweglich. Außerdem haben diese Komplexaugen vorne einen größeren Radius als seitlich, was eine bessere Auflösung in die Hauptsehrichtung erlaubt, wiederum genau wie man es bei heutigen Insekten

und Krebstieren findet. Der Körperbau von *Fuxianhuia* ist ansonsten deutlich unterschiedlich von heute lebenden Gliederfüßern, recht einfach, aus ca. 30 Segmenten aufgebaut, was dann mit dem Etikett „primitiv“ versehen wird, wobei die ersten Kopfsegmente von einem zweigeteilten Schild geschützt sind.



Abb. 1: *Fuxianhuia protensa*. (Wikimedia: Jessica Utrup - <https://www.gbif.org/occurrence/351363777>, CC0)

Die hohe Komplexität im Gehirn sehr früher, äußerlich einfach gebauter Gliederfüßer, die bisher als dem postulierten letzten gemeinsamen Vorfahren aller Gliederfüßer sehr nahestehend eingestuft wurden, ist evolutionstheoretisch unerwartet. Ein Stammbaum der Gliederfüßer, der sich am Merkmal „Komplexität des Nervensystems“ orientiert, lässt sich nicht in Einklang bringen mit dem Stammbaum, der vom Merkmal „Komplexität der äußeren Erscheinung“ abgeleitet wird. Das hat zur Konsequenz, dass entweder heute neurologisch einfacher strukturierte Gliederfüßer, wie die oben genannten Kiemenfußkrebse, aber auch Spinnen und Skorpione, die zuvor evolvierte Komplexität im Laufe der Zeit wieder eingebüßt haben müssten. Andernfalls müsste, wenn man die einfach strukturierten Kiemenfußkrebse weiterhin als „primitiv“ und Modell für den letzten gemeinsamen Vorfahren der Gliederfüßer einstufen will, das dreigliedrige Gehirn heutiger höherer Krebse und Insekten als konvergent zu dem von *Fuxianhuia* angesehen werden, das heißt, es muss sich später noch einmal unabhängig von *Fuxianhuia* entwickelt haben.

Beide Szenarien sind wenig plausibel. Vielmehr zeigen sie, zu welcher problematischen Hypothesen der hier diskutierte objektive Datenbefund zwingt, wenn man eine Evolution von nichts zu etwas, von einfach zu komplex, wie sie gemäß dem naturalistischen Weltbild als gegeben gesetzt ist, bei Berücksichtigung aller Merkmale aufrechterhalten will.

Interessanterweise ist es ein Spezialist auf dem Gebiet der kambrischen (Burgess Schiefer) Fossilien, der sich angesichts der Merkmalverteilung in der belebten Natur genötigt sieht, diese Verkomplizierung der Hypothesen (in diesem Fall die Annahme vielfacher konvergenter Evolution) zum System zu erheben (Braun 2012a).

Die mehrfach zitierte² Pressemitteilung der Universität von Arizona (Adresse eines der Hauptautoren) ist bezogen auf die beschriebenen Fossilien irreführend, sie spricht von *Fuxianhuia* als einem „missing link“, während in der gleichen Mitteilung konstatiert wird: „Niemand hatte erwartet, ein so hochentwickeltes Gehirn bei einem so frühen Lebewesen zu finden.“³ **Es handelt sich hier sicher nicht um ein lang gesuchtes Bindeglied bzw. ein fehlendes definiertes Puzzleteil.** Die Originalarbeit enthält darauf keinerlei Hinweis, sondern schildert das genaue Gegenteil, einen völlig unerwarteten Befund, ein Mosaik einfacher und komplexer Merkmale, wie er gemäß der bisher angenommenen Evolutionsgeschichte der Gliederfüßer nicht erwartet worden ist.

In populärwissenschaftlichen Veröffentlichungen wird oft der Eindruck erweckt, Evolution und Höherentwicklung seien die unwiderlegbare, naheliegende und zwingende Schlussfolgerung aus dem Fossilbefund und aus vergleichenden Untersuchungen an heutigen Organismen. Auf den ersten Blick scheint der allgemeine Fossilbefund durch äußerlich einfachere Fossilien in älteren Schichten tatsächlich eine Entwicklung von einfachen zu „höheren“ Organismen nahelegen. Dagegen zeigt sich wie im hier beschriebenen Fall bei neuen Fossilfunden regelmäßig an vielen Details, dass selbst äußerlich einfach erscheinende Lebewesen hochkomplex sind und dies bereits zu Beginn ihrer fossilen Überlieferung. Ein weiteres sehr aktuelles Beispiel findet sich bei Zhang (2013), wonach Kelchtiere (Entoprocta) ebenfalls schon im frühen Kambrium nachgewiesen wurden (520 Millionen Jahre, wie *Fuxianhuia*), wobei diese Fossilien sogar auf einen komplexeren Körperbau hinweisen, als ihn die heutigen Vertreter des Stammes haben. Die Evolution hin zu diesen komplexen Strukturen muss noch früher in der Erdgeschichte postuliert werden, ohne dass dazu bisher fossile Hinweise existieren. Sie wird im Evolutionsmodell vorausgesetzt, bisher ist sie nicht durch Daten gestützt.

Fuxianhuia jedenfalls zeigt, dass das dreigliedrige Gehirn der heutigen höheren Krebse und Insekten schon seit mehr als einer halben Milliarde radiometrischen Jahren existiert und sich zumindest morphologisch nicht erkennbar geändert hat. Man könnte es damit als ein weiteres Beispiel für sogenannte „lebende Fossilien“ anführen, analog zu Quastenflosser und Pfeilschwanzkrebs.

Beide Befunde sind sperrig gegenüber einem Modell allmählicher Evolution im Sinne einer Höherentwicklung von einfach zu komplex. Wie auch schon bei ähnlichen Beobachtungen (Braun 2012b) können sie einfacher schöpfungstheoretisch, im Sinne eines der geschaffenen Natur zugrunde liegenden „Baukastensystems“ gedeutet werden, dessen Komponenten keine größeren Abwandlungen über die Zeit mehr erfahren.

Literatur

Ma X, Hou X, Edgecombe GD & Strausfeld NJ (2012) Complex brain and optic lobes in an early Cambrian arthropod. *Nature* 490, 258-261, doi:10.1038/nature11495.

Braun HB (2012a) Warten auf einen neuen Einstein. *Stud. Int. J.* 19, 12-18.

Braun HB (2012b) Kryptische Krebse: Moderne Crustaceen-Fossilien aus dem Kambrium. *Stud. Int. J.* 19, 93-94. (vgl. Kryptische Krebse: Moderne Crustaceen-Fossilien aus dem Kambrium, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=186>).

Budd GE (2012) Cambrian nervous wrecks. *Nature* 490, 180-181.

Paterson RJ, García-Bellido DC, Lee MSY, Brock GA, Jago JB & Edgecombe GD (2011) Acute vision in the giant Cambrian predator *Anomalocaris* and the origin of compound eyes. *Nature* 480, 237-240.

Zhang Z, Holmer LE et al. (2013) A sclerite-bearing stem group entoproct from the early Cambrian and its implications. *Scientific Reports* 3, doi:10.1038/srep01066.

Anmerkungen

¹ Das Kambrium besteht aus geologischen Schichten, die konventionell auf etwa eine halbe Milliarde Jahre datiert werden. Bekannt ist dieses geologische System vor allem durch die sogenannte „Kambrische Explosion“, das unvermittelte Auftreten von Fossilien der meisten bekannten Tierstämme ohne klar zuordenbare Vorläufer im Präkambrium, den unmittelbar darunterliegenden Schichten. (vgl. Kambrische Explosion, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42842&Sprache=de&l=1>)

² <http://www.welt.de/wissenschaft/umwelt/article109746112/Gliederfuesser-der-Urzeit-besass-modernes-Gehirn.html>;
<http://www.wissenschaft.de/wissenschaft/hintergrund/316281.html>

³ <http://uanews.org/story/cambrian-fossil-pushes-back-evolution-complex-brains>: “No one expected such an advanced brain would have evolved so early in the history of multicellular animals,” said Strausfeld, a Regents Professor in the UA department of neuroscience.

Autor dieser News: Hans-Bertram Braun

© 2013, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n192.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.08.12 Kryptische Krebse: Moderne Crustaceen-Fossilien aus dem Kambrium

Einmal mehr zeigen sehr alt eingestufte Fossilfunde, in diesem Fall von Krebsartigen aus dem Kambrium, große Ähnlichkeit zu heute lebenden Organismen. Fast eine halbe Milliarde Jahre lang und seit ihrem ersten Auftreten haben sich damit einige der hier beschriebenen Krebsartigen nicht sichtbar weiterentwickelt.

Crustacea (Krebsartige) sind die dominante Form der Gliederfüßer im heutigen Meer, während die Insekten das Land dominieren. Krebsartige sind bekannt für ihre große Diversität, Verschiedenartigkeit, Komplexität und ökologische Breite. Sie reichen vom kleinen Wasserfloh bis zu riesigen Tiefseekrabben, landlebend von der Kellerassel bis zum Palmendieb. Die frühe Geschichte der Krebsartigen ist von Lücken im Fossilbericht geprägt. Ihr Fossilnachweis ist vor allem auf Formen beschränkt, die selbst mineralisierte Gehäuse bilden, im Gegensatz zu normalerweise schlecht fossilisierenden Chitinpanzern. Krebsartige wurden bisher vor allem in Schichten beschrieben, die jünger als das Kambrium sind. Das Kambrium besteht aus geologischen Schichten, die konventionell auf etwa eine halbe Milliarde Jahre datiert werden. Bekannt ist dieses geologische System vor allem durch die sogenannte „Kambrische Explosion“, das unvermittelte Auftreten von Fossilien der meisten bekannten Tierstämme ohne klar zuordenbare Vorläufer im Präkambrium, also in den unmittelbar darunterliegenden Schichten. In kambrischen Schichten selbst wurden bisher nur sehr kleine (<2mm) „Orsten-Type“ Formen der Krebsartigen entdeckt (sehr gut dreidimensional erhaltene Fossilien; siehe <http://www.core-orsten-research.de/01%20intro%201.html>), die allerdings keine große Vielfalt bei der Differenzierung der Körperanhänge zeigen, wie sie sonst bei Crustaceen zu finden ist.

Neue Funde geben nun weitere Aufschlüsse über frühe Krebstiere (Harvey et al. 2012). Es handelt sich dabei nicht um Fossilien kompletter Tiere, sondern um sehr kleine Körperanhänge, die, obwohl nicht im Verbund gefunden, unzweifelhaft von Krebstieren stammen. Die Funde dieser Small Carbonaceous Fossils (SCFs) wurden im Nordwesten Kanadas in Flachmeer-Ablagerungen aus dem mittleren bis späten Kambrium gemacht. Sie wurden aus Bohrkernen von Ölbohrungen herauspräpariert. Aus geringen Mengen Bohrkernmaterial konnten mehrere tausend Körperanhänge ausgewaschen werden. Die verkalkten Fossilien (man schätzt die Körpergröße der ehemaligen Besitzer auf ca. 10-15 mm Gesamtgröße) sind zwar flachgedrückt und klein, aber dennoch mit sehr vielen Details erhalten. Es handelt sich um Mundwerkzeuge (mindestens vier unterschiedliche Typen von Mandibeln), um sehr gut erkennbare komplexe Filteranhänge und andere Extremitäten. Sowohl durch ihre allgemeine Form als auch anhand detaillierter Ornamentierung konnten sie verschiedenen Typen von Krebsartigen zugeordnet werden, z. B. Branchiopoden (Blattfuß- oder „Urzeitkrebse“), Copepoden (Ruderfußkrebse) und Ostracoden (Muschelkrebse). Durch Vergleiche kann man darauf schließen, dass die relativ größeren Typen sich von pflanzlicher Nahrung ernährten, während die kleineren Formen eher Allesfresser waren. Trotz des angenommenen hohen Alters und trotz der Tatsache, dass es sich hier z. T. um erste fossile Dokumentationen der Gruppen handelt, zeigen sie teils überraschende Ähnlichkeit zu heute lebenden Formen. Selbst ausgeprägte Rechts- oder Links-„händig“keit, die noch heute bei Krebsen beobachtet wird (z. B. besonders deutlich bei der Winkerkrabbe) findet man bei den hier beschriebenen Fossilien. Damit lässt sich dieses Merkmal unverändert über einen Zeitraum von einer halben Milliarde Jahren nachweisen. Nach Ansicht der Autoren verleitet das „moderne“ Aussehen der SCF dazu, ihre Träger als abgeleitete (d. h. höher evolvierte

Formen) einzustufen, obwohl sie wegen ihrer Fundlage theoretisch eigentlich eher ursprünglich sein sollten.

Die detaillierten Ähnlichkeiten zu heute lebenden Formen zeugen von einem frühen Ursprung und anschließender im Wesentlichen unveränderter Überdauerung mehrerer komplexer Futterbeschaffungs-Anpassungen vom Kambrium bis heute, einschließlich der oben erwähnten mandibularen Asymmetrie. Die Fossilien zeigen aber auch deutliche Änderungen in der Ökologie bezüglich Körpergröße und ökologischer Verteilung. Blattfußkrebse leben heute vor allem im Süßwasser, und Ruderfußkrebse sind heute eher kleiner als die hier fossil beschriebenen. Während diese Änderungen potentiell durch mikroevolutive Anpassungen erklärbar sind, bleibt es weiter rätselhaft, warum sich nicht nur in Ausnahmefällen, sondern durchaus häufig wie auch hier im Falle der kambrischen Krebse Organismen vom ersten fossilen Auftreten an zumindest makroskopisch über hunderte Millionen Jahre nicht nennenswert verändert haben.

Die Autoren stellen fest, dass die früheste Radiation von Krebsartigen, die zu den oben beschriebenen verschiedensten Formen geführt haben muss, „im Fossilbericht kryptisch“ sei. Mit anderen Worten, sie existiert im Fossilbericht nicht, es gibt keine Hinweise, wie sich die verschiedenen Untergruppen der Crustaceen herausgebildet haben. Sie erscheinen plötzlich, eine Teil-Explosion der großen kambrischen Explosion, die sie ins Dasein katapultiert, und sie mehr oder weniger unverändert bis heute erfolgreich sein lässt.

Literatur

Harvey THP, Vélez MI & Butterfield NJ (2012) Exceptionally preserved crustaceans from western Canada reveal a cryptic Cambrian radiation. *PNAS* 109, 1589-1594. Published online before print January 17, 2012, doi: 10.1073/pnas.1115244109.

Autor dieser News: Hans-Bertram Braun

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n186.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.07.12 Eine Lücke weniger? Vierbeiner aus der Romer-Lücke

Im unteren Teil des Karbons waren bisher fast keine Wirbeltierfossilien bekannt. Nach dem berühmten Paläontologen Alfred S. Romer wird diese Fossilücke als Römerlücke bezeichnet. Nun wurden einige Fossilien aus dieser Lücke beschrieben. Die neuen Funde dehnen die Zeiträume, in denen einige Gattungen existierten, aus, schließen aber keine morphologischen* Lücken.

*morphologisch (= die Gestalt bzw. Baupläne betreffend)

Der Schritt vom Wasser ans Land gehört zu den populärsten Übergängen in der hypothetischen Evolution der Wirbeltiere (vgl. Entstehung der Vierbeiner, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42843&Sprache=de&l=1>). Wie wurden aus Fischen landlebende Vierbeiner (Tetrapoden)? Die ältesten Tetrapodenfossilien sind aus dem Oberdevon bekannt, es handelt sich um relativ große Formen (ca. 1 m lang und noch größer) wie das achtfingerige wasserlebende *Acanthostega* oder das berühmte „erste Amphib“ *Ichthyostega*, das auch wasserangepasst war. Tetrapodenspuren, die eindeutig auf dem Land hinterlassen wurden, sind bereits aus dem untersten Mitteldevon bekannt (Niedzwiedzki et al. 2010; vgl. Frühe fossile Fährten rangieren Übergangsformen aus, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=141>). Am Ende des Oberdevons gab es ein größeres Massensterben, dem auch viele Wirbeltiere zum Opfer fielen. Die dem Oberdevon folgende Fossilüberlieferung ist zunächst äußerst dürftig. Die Schichtfolgen des unteren Unterkarbons lieferten bisher nur wenige Fossilfunde. Bis auf wenige Ausnahmen werden erst nach einer zeitlichen Lücke von etwa 20 Millionen Jahren wieder Tetrapodenfossilien gefunden, dann aber in einer großen Vielfalt von Formen, die komplett an das Leben an Land angepasst waren. Benton (2007, 101) spricht von „völlig anders zusammengesetzten Wirbeltierfaunen des Oberdevons“ gegenüber der ältesten bekannten unterkarbonischen terrestrischen (landlebenden) Wirbeltiergemeinschaft. Sogar Stammgruppen von Amnioten (Tiere mit einer Amnionhöhle, hier sind Reptilien gemeint) „mit einem im Wesentlichen modernen Aspekt“ (Smithson et al. 2012, 4532) und hochspezialisierte sekundär wasserlebende Formen sind darunter.

Die Überlieferungslücke ist so markant, dass sie eigens eine besondere Benennung erhielt: „Romer-Lücke“ – nach dem berühmten Wirbeltierpaläontologen Alfred S. Romer. Für den Großteil der Fossilgruppen beträgt die Lücke sogar 30 Millionen Jahre: „Im Gegensatz zu unseren detaillierten Kenntnissen über *Acanthostega* und *Ichthyostega* ist der Fossilbericht der ersten 30 Millionen Jahre des Karbons karg und verwirrend“ (Carroll 2009, 61).

Bisher war unklar, ob es sich um eine reine *Überlieferungslücke* handelt – dass also in der betreffenden Zeit viele Vierbeiner lebten, jedoch nicht fossil überliefert wurden – oder ob es in der betreffenden Zeit in Wirklichkeit kaum Vierbeiner gab und aus diesem Grunde fast keine Fossilien gefunden wurden. Als Gründe für letztere Deutung des Fehlens von Fossilien gab es nur Mutmaßungen, z. B. ungünstige Atmosphärenbedingungen. Nun berichten Smithson et al. (2012) von einer größeren Anzahl von Funden von Tetrapoden und Gliederfüßern an vier Lokalitäten im Süden Schottlands. Sie werden geologisch ins Tournaisium und damit zeitlich in die Romer-Lücke gestellt. Unter den Fossilien waren sowohl wasser- als auch landlebende Formen, und unter den Tetrapoden-Fossilien kleine und große Formen. Zu den Wirbeltierfunden zählen neben den Vierbeinern auch Lungefische. Die Funde stammten aus mehreren verschiedenen Horizonten. Damit ist für die Forscher klar,

dass die Romer-Lücke ein Artefakt ist und auf einen bisher mangelnden Erfolg der Fossiliensucher zurückzuführen ist.

Was wurde gefunden? Smithson et al. (2012) heben unter den Funden in Burnmouth eine kleine, fünffingrige Extremität hervor, die bekannten unterkarbonischen Gattungen, aber auch einer oberkarbonischen Gattung ähnele. Ein Unterkieferbruchstück kann der Gattung *Crassigyrinus* zugeordnet werden, die bisher erst ab dem späten Viséum bekannt war. Die Fossilien von Burnmouth gleichen damit eher späteren karbonischen als früheren devonischen Formen, so die Autoren. Am Fundort „Willie’s Hole“ wurden zwei neue Formen gefunden, die in einigen Merkmalen Ähnlichkeiten teils mit *Pederpes*, teils mit *Crassigyrinus* aufweisen. *Pederpes* war bisher eine der wenigen gut erhaltenen Gattungen aus der Romer-Lücke (Clack & Finney 2005). Die Autoren fassen zusammen, dass die Existenz einiger Linien weiter in die Vergangenheit gezogen werden müsse, und zwar bis zu 20 Millionen Jahre; das gilt insbesondere für die Fünffingrigkeit. Man muss daher evolutionstheoretisch annehmen, dass viele Tetrapodenlinien sehr viel früher entstanden sind als bisher angenommen. Die Tetrapoden hätten sich nach dem Massenaussterben am Ende des Devons deutlich schneller erholt als bisher gedacht.

Bewertung. Gleichgültig, ob es sich um eine Überlieferungslücke handelt oder ob tatsächlich nur wenige Vierbeiner existierten: der Ursprung der Vielfalt der ab dem Viséum (mittleres Unterkarbon) überlieferten Formen bleibt so rätselhaft wie zuvor. Die neuen Funde dehnen die Zeiträume, in denen einige Gattungen existierten, aus, schließen aber keine morphologischen (die Baupläne betreffenden) Lücken. Im *zeitlichen* Sinne wird die Romer-Lücke daher mit einigen Formen gefüllt. Die *morphologischen* Lücken zwischen den wassergebundenen, großen oberdevonischen Tetrapoden und den kleineren, vollständig landlebenden Formen des Karbons bleiben aber im Wesentlichen unverändert. Die Vielfalt der Formen als dem Viséum ist unverändert sehr viel größer als das Spektrum der älteren karbonischen Formen aus dem Tournaisium. Formulierungen der Tagespresse über „spektakuläre Entdeckungen“, die Lücken schließen, sind daher missverständlich.

Literatur

Benton MJ (2007) Paläontologie der Wirbeltiere. München. Carroll R (2009) The rise of amphibians. 365 million years of evolution. Baltimore.

Clack JA & Finney SM (2005) *Pederpes finneyae*, an articulated tetrapod from the tournaisian of Western Scotland. J. Syst. Pal. 2, 311-346.

Niedzwiedzki G, Szrek P, Narkiewicz K, Narkiewicz M & Ahlberg PE (2010) Tetrapod trackways from the early Middle Devonian period of Poland. Nature 463, 43-48.

Smithson TR, Wood SP, Marshall JEA & Clack JA (2012) Earliest Carboniferous tetrapod and arthropod faunas from Scotland populate Romer’s Gap. Proc. Natl. Acad. Sci. 109, 4532-4537.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n185.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.07.11 „Moderne Optik“ im frühen Kambrium

Die Evolution der Augen ist ein vieldiskutiertes Thema in der Evolutionsbiologie und unter Evolutionskritikern (vgl. Ullrich et al. 2005). Dabei stehen Vergleiche verschiedener Augentypen heutiger Arten und theoretische Überlegungen über Neuerwerb einzelner Bestandteile komplexer Augen z. B. durch sogenannte **Kooptionen*** im Vordergrund. Welchen Beitrag aber liefern Fossilfunde? Hier ist weitgehend Fehlanzeige zu verzeichnen. „Der Fossilbericht war bis jetzt unzureichend, um Einblicke in die frühe Evolution der Augen während der anfänglichen Radiation vieler Tiergruppen zu ermöglichen, die als kambrische Explosion bekannt ist“ (Lee et al. 2001, 631). Außer von Trilobiten-Augen sei kaum etwas über die Details des optischen Designs der kambrischen Tierwelt, aus der die ältesten fossil erhaltenen Augen stammen, bekannt, trotz z. T. sehr guter fossiler Erhaltung. Nun berichten Lee et al. (2011) von sehr gut erhaltenen fossilen Augen aus dem Frühen Kambrium des Emu Bay-Schiefers in Australien (auf 515 Millionen Jahre datiert), die sie als „sehr hochentwickelte“ (highly advanced) Komplexaugen (Facettenaugen) charakterisieren. Sie sind in fein geschichtetem Tonstein eingebettet.

*Kooptionen (= Übernahme, Wiederverwendung in einem neuen Zusammenhang)

Es handelt sich um mehrere isolierte Augen, die aus jeweils über 3.000 ommatidischen Linsen in dichter und in ausgeprägt sechseckiger Anordnung bestehen, was die kompakteste und effizienteste Anordnung darstellt. (Als Ommatidien werden die Einzelelemente von zusammengesetzten Augen bezeichnet, wie sie in der heutigen Tierwelt bei Gliederfüßern vorkommen.) Der Durchmesser der Augen beträgt 7-9 mm. Die Forscher ordnen die Augen aufgrund ihrer Größe einem Gliederfüßer zu, der vermutlich räuberisch lebte und unter schwachen Lichtverhältnissen sehen konnte. Eine genauere Zuordnung ist nicht möglich. Die Augen sind komplexer als fossile Augen zeitgleich existierender Trilobiten und so hochentwickelt wie die Augen vieler heute lebender Formen. Die Augen besitzen im Zentrum große ommatidische Linsen, die eine besonders lichtempfindliche „helle Zone“ („bright zone“ oder „acute zone“) bilden, während die Linsen in den Randbereichen kleiner sind. Diese Spezialisierungen seien für viele moderne Taxa charakteristisch. Die Wissenschaftler schließen aus der Anordnung der verschiedenen Linsengrößen, dass die Augen auch im Lebenszustand flach waren. Die extrem reguläre Anordnung der Linsen übertrifft sogar die Anordnung bei manchen heute lebenden Formen wie dem Pfeilschwanz *Limulus*. Damit besaßen einige der ältesten Gliederfüßer optische Systeme, die denen heutiger Formen glichen.

Literatur

Lee MSY, Jago JB, García-Bellido DC, Edgecombe GD, Gehling JG & Paterson JR (2011) Modern optics in exceptionally preserved eyes of Early Cambrian arthropods from Australia. *Nature* 474, 631-634.

Ullrich H, Winkler N & Junker R (2005) Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für „Intelligent Design“ in der Kritik. *Stud. Int. J.* 13, 3-14; online: <http://www.sij-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n173.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.05.11 Eintagsfliege hinterlässt fossile Spuren

Eintagsfliegen treten vergleichsweise früh im Fossilbefund auf. Sie werden als ursprüngliche Fluginsekten angesehen und stellen heute eine Ordnung der Insekten mit weltweit mehr als 2500 bekannten Arten dar (Europa: ca. 300). Hier wird ein fossiler Abdruck eines Insektes vorgestellt, den die Autoren mit guten Gründen den Eintagsfliegen zugeordnet haben. Diese Insektengruppe ist von Beginn ihres fossilen Nachweises als solche erkennbar.

Fossilien, ausgegrabene Reste und Spuren vergangener Lebewesen, erwecken immer wieder öffentliches Interesse oder sind Objekt der Sammelleidenschaft von Menschen. Die Wahrscheinlichkeit, mit der ein Lebewesen Spuren hinterlässt, die in irgendeiner Art und Weise erhalten bleiben, hängt von unüberschaubar vielen Faktoren ab. Für Lebewesen mit beständigen, mineralisierten Körperbestandteilen würde man eher mit fossiler Erhaltung rechnen als beispielsweise bei Weichtieren. Lebewesen können aber auch indirekte fossile Hinweise hinterlassen, wie z. B. Trittsiegel (von Dinosauriern, aber auch von Menschen) oder Fraßspuren, Koprolithen („Kotsteine“) und vieles andere mehr. Unter **Spurenfossilien** (Seilacher 2007) versteht man eine ganz besondere Klasse von Fossilien, die indirekte Hinweise auf Organismen oder deren Aktivitäten überliefern, die oft nur schwer oder gar nicht einem spezifischen Urheber zugeordnet werden können.

Aus der Wamsutta-Formation (Oberes Karbon) aus dem Südosten von Massachusetts, USA beschreiben Knecht et al. (2011) in einem roten sehr feinen Sandstein den Abdruck, den eine Eintagsfliege durch die Landung in weichem Schlamm hinterlassen hat. Sehr gut abgebildet sind die Bauchseite des Insektenkörpers und Eindrücke der Beine bzw. deren verschiedene Bodenkontakte (und möglicherweise darüber hinaus noch Spuren von Flügelschlägen). **Es ist also nicht das Insekt selbst fossil erhalten, sondern nur der Eindruck, den das Tier bei der Landung hinterlassen hat**, was sehr spezielle Umstände erforderte. Der fossile Abdruck liegt nun in einem Stück (ca. 10 x 6 x 1 cm) und zwar sowohl die Platte mit den Vertiefungen (Epirelief) als auch die zugehörige überlagernde Platte mit deren Ausfüllungen (Hyporelief). Die Platten enthalten auch zwei leicht asymmetrische Rippelmarken.

Die im Sandstein abgebildete Körperstruktur der Eintagsfliege hat eine Länge von 3,6 cm und enthält schwache Andeutungen des Kopfbereichs, an den sich durch einen kurzen (1,5 mm) Übergangsbereich (Prothorax) die Brust (Thorax) 0,5 mm tief ins Sediment eingedrückt hat. Die drei Beinpaare sind in Thoraxnähe ebenfalls abgebildet. Im segmentierten Hinterleib (Abdomen, Länge: 20,6 mm) ist durch die Abbildung der (mindestens 10 unterscheidbaren) Segmente angedeutet, dass der am tiefsten liegende Körperbereich bei Segment 8 liegt und das Ende angehoben wurde. Am Ende des Abdomens sind möglicherweise Körperanhänge (Cerci) abgebildet.

Aufgrund der abgebildeten Merkmale identifizieren die Autoren den Verursacher dieser eingedrückten Spuren als Vertreter der Eintagsfliegen (*Ephemeroptera*). Weiter stellen sie fest, dass es sich bei der Eintagsfliege um ein erwachsenes, d. h. geschlechtsreifes Exemplar oder eines im letzten Lavenstadium handeln sollte. Aufgrund der fehlenden Information über die Flügelstruktur kann eine genauere Zuordnung nicht vorgenommen werden, da die paläozoischen *Ephemeroptera* vor allem nach dem Muster der Flügeladern klassifiziert werden. Knecht et al. spekulieren darüber, dass *Syntonopteridae* und *Protereismatidae* aufgrund biogeographischer Gegebenheiten die wahrscheinlichsten Kandidaten sind.

Im frühen Karbon ist fossil eine Vielfalt von fliegenden Insekten belegt (typischerweise durch isolierte Flügel). Die Befunde eröffnen allerdings keine Einsicht in die Lebenszusammenhänge dieser Lebewesen.

Bei dem von Knecht et al (2011) vorgestellten fossilen Körperabdruck (full-body impression) handelt es sich um den frühesten eines fliegenden Insekts. Aus dem unter dem Karbon liegenden Perm sind indirekte fossile Hinweise gefunden worden (*Rhyniognatha*: Mandibeln, Mundwerkzeuge), die aufgrund ihrer Ausprägung fliegenden Insekten zugeordnet werden (Engel & Grimaldi 2004; Grimaldi & Engel 2005).

Es ist interessant, dass der älteste bekannte Körperabdruck eines Insekts genügend spezifische Hinweise beinhaltet, dass der Verursacher erstaunlich genau eingegrenzt werden kann. Hier liegt also ein weiterer Beleg dafür vor, dass Organismen beim ersten fossilen Auftreten einer bestimmten Gruppe zugeordnet werden können, weil sie deren charakteristische Merkmale aufweisen. Fossile Hinweise auf eine evolutionäre Vorgeschichte fehlen bisher.

Literatur

Engel MS & Grimaldi DA (2004) New light shed on the oldest insect. *Nature* 427, 627–630.

Grimaldi D & Engel MS (2005) *Evolution of the Insects*. Cambridge.

Knecht RJ, Engel MS & Benner JS (2011) Late Carboniferous paleoichnology reveals the oldest body impression of a flying insect. *Proc. Nat. Acad. Sci USA*, doi: 10.1073/pnas.1015948108

Seilacher A (2007) *Trace Fossil Analysis*. Berlin.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n167.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.04.11 Erhebliche Unterschiede in der Hirnphysiologie

Biochemische Charakterisierung des menschlichen Gehirns und Vergleich zu anderen Primaten

Die komplexen Leistungen des Gehirns spiegeln sich nicht nur in seiner Struktur sondern auch im Stoffwechsel des neuronalen Netzwerkes wieder. Die bisher umfangreichste vergleichende Studie von Metaboliten in verschiedenen Gehirnbereichen von Primaten zeigt interessante Besonderheiten des menschlichen Gehirnstoffwechsels. Dies wirft Fragen nach ihrer Entstehung auf.

Mit immer leistungsfähigeren Methoden werden ungeheure Mengen an molekularbiologischen Daten produziert. Diese Datenfülle kann trotz riesiger Rechnerkapazitäten und unterschiedlichster Programme bisher nur eingeschränkt genutzt werden. Gegenwärtig haben sich die Hoffnungen, den Menschen auf der Basis seiner stofflichen Beschaffenheit zu charakterisieren und letztlich zu verstehen (noch?) nicht erfüllt. Die wachsenden Fossilbefunde und vergleichende Genomuntersuchungen haben Einblicke in verschiedenste hoch interessante Aspekte des Menschen eröffnet, ohne jedoch die erhoffte Lösung um die Rätsel seines Wesens liefern. **Es ist derzeit nicht absehbar wie und ob mit naturwissenschaftlichen Methoden die Frage: „Was macht den Mensch zum Menschen?“ beantwortet werden kann.**

Fu et al. (2011) haben nun eine Untersuchung vorgestellt, bei der ein internationales Team unter Leitung von Willmitzer und Khaitovich vom Max Planck Institut für Evolutionäre Anthropologie in Leipzig mehr als 100 Stoffwechselprodukte (Metabolite) im vorderen Bereich der Großhirnrinde (Gehirnlappen, Cortex), dem Präfrontalen Cortex (genauer: Gyrus frontalis superior) und aus dem Kleinhirn des Menschen, Schimpansen und Rhesusaffen analysiert wurden.¹ Aus Gewebeprobe von je 100 mg wurden die Metabolite extrahiert, chemisch modifiziert und dann gaschromatographisch und massenspektrometrisch untersucht. Für die Untersuchung standen Proben von 49 Menschen (0-98 Jahre), 11 Schimpansen (0-40 Jahre) und 45 Rhesusaffen (*Macaca mulatta*) (0-28 Jahre) zur Verfügung. Fu et al konzentrierten sich auf 118 Stoffwechselprodukte, wovon 61 chemisch identifiziert wurden und 57 unbekannt sind, d.h. letztere konnten nicht eindeutig Standardsubstanzen zugeordnet werden.

Die möglichen Veränderungen der Konzentrationen der Substanzen nach Eintritt des Todes diskutieren die Autoren detailliert, beziehen das in ihre Überlegungen mit ein und argumentieren entsprechend vorsichtig. Sie versuchen den Einfluss dieser empirischen Unsicherheiten durch Anwendung statistischer Methoden zu verringern.

Nach Angaben von Fu et al. sind 49 % der Unterschiede im Vorkommen der Metabolite auf Unterschiede zwischen den Arten zurückzuführen, 17 % auf das Alter und 9 % auf die Entnahme aus den zwei unterschiedlichen Gehirnregionen. **Es ist also möglich, den Unterschied im Metabolismus verschiedener Arten von Lebewesen wie auch verschiedener Alter anhand von Analysen von Stoffwechselprodukten aus beiden Gehirnbereichen darzustellen.**

Fu et al. untersuchten dann artspezifische Unterschiede, indem sie auf der Basis der Daten für Schimpansen die Unterschiede der Stoffwechselprodukte zwischen Menschen und Rhesusaffen in spezifisch menschlich, spezifisch für Makaken und unspezifisch zu kategorisieren versuchen. Im Kleinhirn konnten sie 6 für Menschen und 33 für Rhesusaffen

spezifische Unterschiede im Stoffwechsel ermitteln. Im präfrontalen Cortex dagegen fanden sie 24 für Menschen spezifische und 20 für Rhesusaffen spezifische Unterschiede im Metabolismus. Das bedeutet, dass im vorderen Bereich der Großhirnrinde – die nach Standard-Lehrbuch-Aussagen evolutionär jünger und beim Menschen im Vergleich zu anderen Primaten besonders ausgeprägt ist – die 4-fache Anzahl an Stoffwechseländerungen im Vergleich zum – evolutionär „älteren“ – seitlichen Teil der Großhirnrinde vorliegt. **Weder bei Schimpansen noch bei Rhesusaffen konnten ähnliche Unterschiede zwischen den beiden Gehirnbereichen festgestellt werden.**

Legt man eine gemeinsame Abstammung der Primaten zugrunde, dann sprechen diese Befunde für eine erstaunlich intensive und vergleichsweise schnelle Veränderung im Gehirn des Menschen im Vergleich zu den andern Primaten. Die biochemischen Veränderungen sind besonders im evolutionär jung gedachten und beim Menschen besonders ausgeprägten präfrontalen Cortex. **Die Daten an sich belegen zunächst aber einfach einmal bemerkenswerte Unterschiede in der Gehirnphysiologie zwischen Menschen Schimpansen und Rhesusaffen.** Sie werfen im evolutionstheoretischen Rahmen aber auch neue Fragen nach den zugrundeliegenden Mechanismen für die schnellen Veränderungen auf.

In einer weiteren Versuchsreihe wurden die biosynthetisch erzeugten (exprimierten) Proteine, die als Enzyme am Stoffwechsel beteiligt sind, in Proben aus dem Präfrontalen Cortex untersucht. Fu und Mitarbeiter bestimmten 2747 Proteine bei Menschen, 2343 bei Schimpansen und 2842 bei Rhesusaffen, wobei 1951 in allen Arten vorkommen.

Die Autoren fanden eine signifikante Übereinstimmung zwischen den spezifisch menschlichen Stoffwechselprofilen in der vorderen Großhirnrinde und den entsprechenden exprimierten Enzymen.

Für alle drei untersuchten Primatenarten stellen die Autoren fest, dass sich der Gehirnstoffwechsel im Verlauf der Individualentwicklung mit dem Alter signifikant verändert, für 88 % der Metabolite ändert sich die Konzentration während der Lebensdauer in mindestens einer der untersuchten Arten oder in einer Gehirnregion.

Fu et al. betont besonders die 4-fache Änderung des Stoffwechsels im Frontalbereich der Großhirnrinde im Vergleich zum Kleinhirn.

In der Diskussion ihrer Ergebnisse fokussieren Fu und Mitarbeiter auf Glutaminsäure (Glutamat) als einem für den Menschen spezifischen Metaboliten von besonderer Bedeutung sowohl im Energiestoffwechsel als auch Weiterleitung von Nervenimpulsen. In der menschlichen Großhirnrinde stellt der Stoffwechsel von Glutamat, d.h. dessen Synthese, Freisetzung und das Recycling den bedeutendsten Anteil dar, für ihn werden 60-80 % der Energie, die durch Oxidation von Glucose gewonnen wird, aufgewendet. Glutamat-Dehydrogenase ist ein wichtiges Enzym im Glutamat- und Energiestoffwechsel der Zelle. Fu et al. interpretieren Befunde aus anderen Arbeiten über dieses Enzym als Hinweis auf Genduplikation und Veränderung in der Funktionalität in einem postulierten gemeinsamen Vorfahren von Menschen und Affen, die zu einem für Affen und Menschen spezifischen Gen (GLUD2) geführt haben. Die Untersuchungen der hier vorgestellten Arbeit zeigen, dass weitere Veränderungen des Glutamatstoffwechsels bei Menschen in dessen Präfrontalen Cortex, nicht aber im Kleinhirn stattgefunden haben.

Die Autoren erhoffen sich von weiteren und umfangreicheren Studien dieser Art Einblicke in die gesamten Änderungen des Stoffwechsels, die sich im Verlauf der Evolution des Menschen

ereignet haben. Man darf auf weitere Untersuchungen und die daraus resultierenden Erkenntnisse über molekulare Charakterisierungen des Menschen in unterschiedlichen Lebensaltern und im Vergleich zu anderen Lebewesen gespannt sein.

Festzuhalten aber bleibt, dass derzeit nicht zu erkennen ist, wie durch diese Art von Einsichten wesentliche Antworten auf die Frage: „Was macht den Menschen zum Menschen?“ erzielt werden können. Mit den hier vorgestellten Befunden und Erkenntnissen werden deutliche Unterschiede zwischen Mensch und anderen Primaten dokumentiert, die eine Herausforderung für evolutionäre Erklärungen darstellen und mit einer Begriffswahl, wie „Turboevolution“² verschleiert werden.

Literatur

Fu X, Giavalisco P, Liu X, Catchpole G, Fu N, Ning Z-B, Gou S, Yan Z, Somel M, Pääbo S, Zeng R, Willmitzer L & Khaitovich P (2011) Rapid metabolic evolution in human prefrontal cortex. *Proc Nat. Acad. Sci.* 108, 6181-6186; doi/10.1073/pnas.1019164108, mit umfangreichem zusätzlichen Datenmaterial unter: www.pnas.org/lookup/suppl/doi:10.1073/pnas.1019164108/-/DCSupplemental.

Anmerkungen

¹ Das Autorenteam benutzte Gewebeproben von toten Organismen, die keine relevanten pathologischen Erscheinungen aufwiesen von verschiedenen Gewebebanken auf der ganzen Welt. Für alle Proben von Menschen lagen schriftliche Einverständniserklärungen von deren nächsten Angehörigen vor.

² Dieser Begriff wurde in populärwissenschaftlichen Darstellungen dieser Untersuchung und in Meldungen der Tagespresse verwendet.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n165.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.03.10 Täuschen Verwesungsstadien evolutionäre Abfolgen vor?

Der Erhaltungszustand und der Informationsgehalt von Fossilien hängen stark von ihrem Verwesungsgrad und dem Zeitpunkt ihrer Überdeckung durch Sediment ab. Besonders die nicht-mineralisierten Weichteile wie Muskeln, innere Organe oder Hautstrukturen zersetzen sich schnell, während Skelett und Zähne länger widerstehen und darum auch öfter gefunden werden.

Bisher war allgemeine Meinung, dass der Zerfall der Weichteile verendeter Organismen keiner speziellen Regel folge und damit ohne Konsequenzen für deren systematische Einordnung bei der Rekonstruktion ihrer Phylogenese sei. Untersuchungen von Sansom et al. (2010) zeigten jetzt, dass diese Annahmen falsch sind (vgl. auch den Kommentar von Briggs 2010). Sansom et al. töteten Lanzettfischchen (*Branchiostoma lanceolatum*, ein relativ einfach gebautes Chordatier) und Larven des Flussneunauges (*Lampetra fluviatilis*, ein einfaches Wirbeltier) ab, lagerten sie in Meerwasser und beobachteten, in welcher Reihenfolge die Körperteile verwesten. So zeigte sich, dass Teile des Kopfes regelhaft vor denen des Körperstammes verwesten. Beim Flussneunauge im Speziellen war das mehrkammerige Herz nach 11, die Augen nach 64 und Darm und Leber erst nach 130 Tagen verschwunden. Beim Lanzettfischchen ging zuerst der Augenfleck verloren, während wie beim Flussneunauge die Muskelblöcke (Myomere) des Körperstammes am längsten nachweisbar blieben.

Das interessanteste Ergebnis ist, dass die grundlegenden, bauplantypischen Merkmale, die als stammesgeschichtlich alt bewertet werden mit dem Zeitpunkt ihres Verschwindens während des Verwesungsprozesses auffällig korrelieren: Die nach evolutionären Hypothesen zuletzt erworbenen Merkmale (apomorphe Merkmale) verwesten bis auf wenige Ausnahmen regelhaft zuerst, die phylogenetisch alten und von gemeinsamen Vorfahren übernommenen Merkmale (plesiomorphe Merkmale) lösen sich zuletzt auf. **Je länger also die Kadaver des Lanzettfischchens oder des Flussneunauges ungestört zerfallen konnten, umso mehr ähnelten sie ihrer gemeinsamen hypothetisch-evolutionären Stammform.**

Aus diesen empirischen Befunden ergeben sich, so die Autoren, tiefgreifende Konsequenzen für die Interpretation des Fossilberichtes *bezüglich der Herleitung der Wirbeltiere*. Die bereits existierende Unsicherheit *bei der Interpretation von Fossilien von Chordatieren und verwandten Formen* und damit bei der Erstellung evolutionärer Stammbäume wird noch weiter verschärft. Da anzunehmen ist, dass die am Flussneunauge und am Lanzettfischchen beobachtete Phänomene – die evolutionär „jüngeren“ Merkmale verwesten zuerst und die evolutionär „älteren“ zuletzt – auch für die fossil bekannten Formen gelten, sind wahrscheinlich viele Fossilien zu Unrecht als zu „einfach“ beschrieben worden. **Das heißt „moderne“ Formen können auch die Quelle für Fossilien sein, die bisher als**

repräsentativ für primitive Formen galten. Die auf der Basis des **morphologischen** (= gestaltlichen) Vergleichs von Fossilien rekonstruierten stammesgeschichtlichen Abfolgen von „primitiv“ zu „komplex“ könnten deshalb in bestimmten Fällen einen evolutionären Wandel nur vortäuschen. Die Autoren machen klar, dass bisher keine methodischen Werkzeuge verfügbar sind, um zwischen evolutionär bedingter und einer durch den Zerfall eines toten Körpers hervorgerufenen Bauplaneinfachheit zu unterscheiden.

Die durch diese Zusammenhänge mögliche Fehlbewertung von Lebensformen als evolutionär primitiv bzw. ursprünglich („stem-ward-slippage“, etwa „Stammgruppenschlüpfrigkeit“, wie die Autoren sie nennen), erschwere die Erstellung der evolutionären Stammbäume insbesondere für die basalen („ursprünglichen“) Gruppen der großen Tierstämme erheblich.

Literatur

Briggs DEG (2010) Decay distorts ancestry. *Nature* 463, 741-743.

Sansom RS, Gabbott SE, Purnell MA (2010) Non-random decay of chordate characters causes bias in fossil interpretation. *Nature* 463, 797- 800.

Autor dieser News: Wolfgang Lindemann

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n144.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.01.10 Frühe fossile Fährten rangieren Übergangsformen aus

Fossile Fußabdrücke von Tetrapoden (Vierbeinern) aus dem unteren Mitteldevon Polens sprengen das bisherige Bild von der evolutiven Entstehung der Vierbeiner. Die bisher als Übergangsformen interpretierten tetrapodenähnlichen Fischgattungen *Panderichthys* und *Tiktaalik* (Elpistostegalia) verlieren diesen Status und rücken auf einen Seitenzweig, da sie in deutlich jüngeren Schichten gefunden wurden. Auch die bisherigen Vorstellungen über die ökologischen Bedingungen der Entstehung der Vierbeiner sind mit den neuen Funden sehr in Frage gestellt. Für die frühen Tetrapoden wie das bekannte *Ichthyostega* und andere Gattungen sowie die tetrapodenähnlichen Fische muss nun angenommen werden, dass sie als „ghost taxa“ lange Zeit in geologisch bislang nicht überlieferten Lebensräumen existierten. Die neue Situation erlaubt noch mehr als bisher, die Abfolge der devonischen Fossilien ausschließlich unter ökologischen Gesichtspunkten zu interpretieren. Die Funde reihen sich in die große Zahl von Fossilien ein, die evolutionstheoretisch nicht vorhergesagt worden waren.

Eine Sensation. Überraschend frühe fossile Fußabdrücke von Tetrapoden (Vierbeiner) werden in der ersten Ausgabe 2010 der führenden Wissenschaftszeitschrift „Nature“ beschrieben. Sie stammen aus dem tiefsten Teil des unteren Mitteldevons und werden auf ca. 395 Millionen Jahre datiert. Damit sind sie ca. 18 Millionen Jahre älter als die ältesten bisher bekannten Körperfossilien von Tetrapoden, aber auch ca. 10 Millionen Jahre älter als ihre mutmaßlichen fischartigen Vorfahren der Elpistostegalia wie *Panderichthys* (s. Abb. 1) und *Tiktaalik* (Ahlberg & Clack 2006; Daeschler et al. 2006, Shubin et al., vgl. Junker 2006 und den Artikel **Tiktaalik – erstklassiges Bindeglied?**, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=63> sowie Abb. 2).



Abb. 1: *Panderichthys* aus dem unteren Oberdevon. nach Clack JA (2002) Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods. Bloomington, IN.

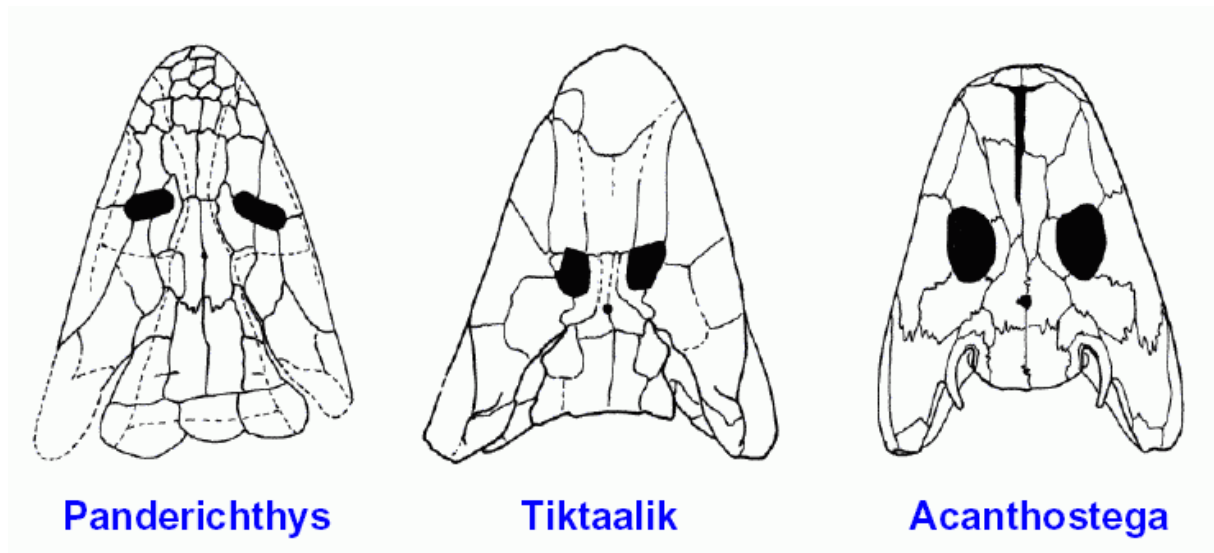


Abb. 2: Schädel von *Panderichthys*, *Tiktaalik* und *Acanthostega*. Nach Clack JA (2002) *Gaining Ground*. Bloomington and Indianapolis, sowie Daeschler EB, Shubin NH & Jenkins FA (2006) A Devonian tetrapod-like fish and the evolution of the tetrapod body plan. *Nature* 440, 757-763.

Das polnisch-schwedische Forscherteam um Grzegorz Niedzwiedzki hält aufgrund dieser Funde eine „radikale Neubewertung“ des Zeitpunktes und der ökologischen Umstände des Übergangs von den Fischen zu den Vierbeinern für zwingend geboten (Niedzwiedzki et al. 2010). Janvier & Clément (2010) kommentieren die Funde so, als hätten die Forscher eine „Granate“ in das bisherige Bild der Evolution der Vierbeiner geworfen.

Die Funde. Die fossilen Fußspuren waren zwischen 2002 und 2007 in einem aufgelassenen Steinbruch im Heiligkreuzgebirge bei Zachelmie im Südosten Polens entdeckt worden. Es handelt sich um mehrere Fährtenzüge und um einige einzelne größere Fußabdrücke. Bei einem Fährtenzug sind unterschiedlich große Vorder- und Hinterfüße zu erkennen. Aufgrund der Größe und des Abstands der Fährten-Abdrücke schließen die Forscher auf eine Größe des Tieres von 40-50 cm. Die einzelnen Spuren dagegen sind sehr viel größer und dürften von einem Tier stammen, das ca. 2,5 m lang war. Bei einigen Abdrücken sind die Zehen deutlich erkennbar. Die Spuren können daher nur von einem Tetrapoden stammen, der zu Landgängen in der Lage war. Auch Janvier & Clément (2010) halten diese Deutung in einem Kommentar für überzeugend. Die Spuren passen „beeindruckend“ gut zur Fußanatomie von *Ichthyostega*; wären sie auf Schichtflächen des Oberdevons gefunden worden, würde man sie ohne Zögern einem *Ichthyostega*-ähnlichen Tier zuordnen, meinen diese beiden Autoren (zu *Ichthyostega* siehe Abb. 3 und Artikel **Entstehung der Vierbeiner**, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42843&Sprache=de&l=1>). (Bilder gibts bei [http://scienceblogs.com/pharyngula/2010/01/tetrapods are older than we th.php](http://scienceblogs.com/pharyngula/2010/01/tetrapods%20are%20older%20than%20we%20th.php)).

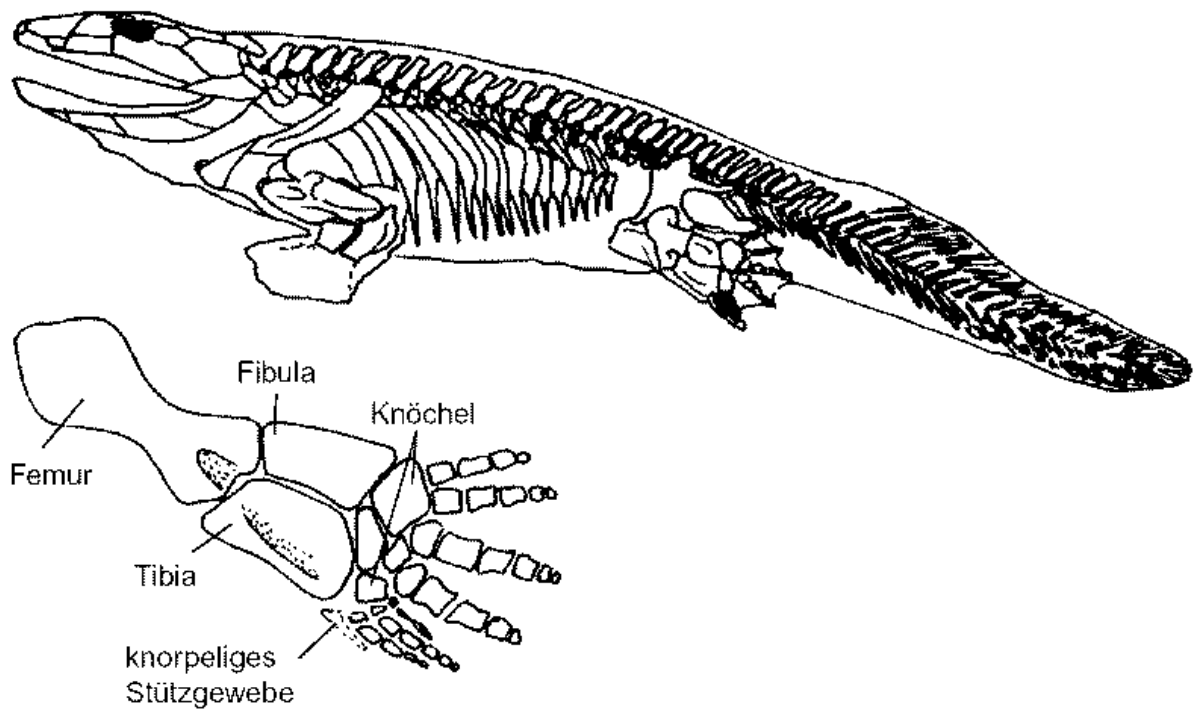


Abb. 3: *Ichthyostega* aus dem Oberdevon mit 7 Fingern an der Hinterextremität. Quelle: Clack JA (2002) *Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods*. Bloomington, IN.

Schleifspuren von Körper oder Schwanz wurden nicht beobachtet, was nach Ansicht der Wissenschaftler als Hinweis zu werten ist, dass die Tiere sich im seichten Wasser fortbewegt haben. Die Sedimente, die die Spuren enthalten, weisen aber auch viele Feinschichten (Laminite) mit Trockenrissen und fossilisierten Regentropfeneinschlägen auf. Die Forscher schließen daher auf eine extrem flache marine, vielleicht lagunenartige Umgebung. Es handelt sich nicht nur um die ältesten zweifelsfreien Tetrapodenspuren, sondern auch um die bei weitem reichsten im Devon. Die zeitliche Einordnung wurde anhand von Conodonten-Leitfossilien bestimmt und gilt als sicher, zumal sie auch durch biostratigraphische Einordnung der über- und unterlagernden Sedimente bestätigt wurde.

Evolutionstheoretische Konsequenzen. Die fossilen Fußspuren aus Polen passen in mehrerer Hinsicht nicht zur bisher etablierten Sicht der Evolution der Tetrapoden. Wie schon erwähnt wurden sie dafür in deutlich zu alten Schichten gefunden. Das hat zur Folge, dass sowohl die bislang als ältesten Tetrapoden geltenden Gattungen *Ichthyostega*, *Acanthostega* (s. Abb. 4) und andere als auch ihre evolutionstheoretisch-hypothetischen Vorfahren, die Elpistostegalia, in geologisch bislang nicht überlieferten Lebensräumen als sog. „Geisterlinien“ („ghost lineages“) gelebt haben müssen. (Solche Linien müssen aufgrund der mutmaßlichen Stammesgeschichte zu einer bestimmten Zeit existiert haben, sind aber nicht als Fossilien dokumentiert.) Für *alle* frühen Tetrapoden und für alle Elpistostegalia, die tetrapodenähnlichsten Fische – das sind insgesamt über zehn Gattungen – müssen „ghost ranges“ von ca. 10-20 Millionen Jahren angenommen werden.

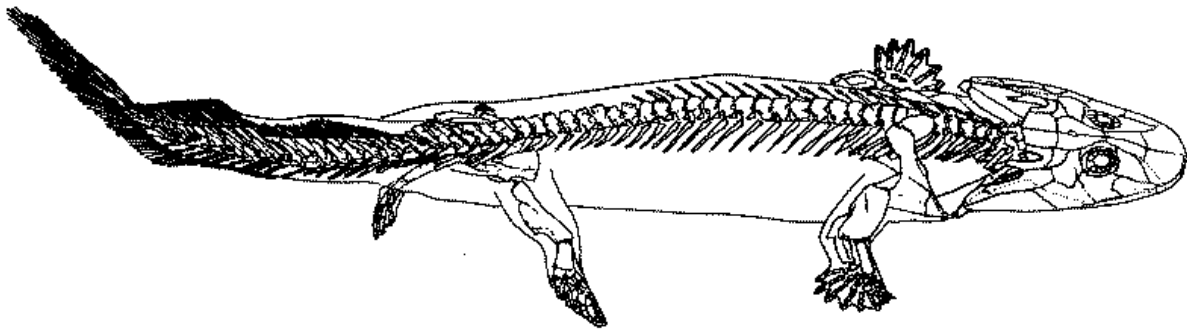


Abb. 4: *Acanthostega* nach Clack JA (2002) *Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods*.
Bloomington, IN.

Bislang war man davon ausgegangen, dass die Elpistostegalia eine kurzlebige „Übergangsstufe“ von Fischen zu Vierbeinern darstellten und dass ihre Ablösung ein evolutionäres Ereignis war. Aufgrund der nun anzunehmenden langen Koexistenz mit Tetrapoden ist diese Deutung nach Auffassung von Niedzwiedzki et al. (2010, 46) nicht mehr haltbar. Die Autoren schreiben: „Das bedeutet, dass der Körperbau der Elpistostegiden kein kurzes Übergangsstadium war, sondern selber ein stabiler angepasster Rang.“¹ Diese Situation erinnert sie an die ähnlichen Verhältnisse unter den frühen Vögeln, wo ebenfalls eine sehr lange Koexistenz mit mutmaßlichen Vorfahren zu verzeichnen ist.²

Die Entstehung von Beinen und Fingern muss nun mindestens ins obere Unterdevon (Ems-Stufe) wenn nicht noch früher vorverlegt werden. Aus diesen Schichten sind aber kaum Fossilien von den Fleischflosser-Fischen bekannt, die aufgrund ihrer Anatomie als Vorfahrengruppe am ehesten in Frage kämen, und von diesen eignet sich keines gut als möglicher Vorfahre der Tetrapoden oder Elpistostegalier (Janvier & Clément 2010, 41). Schließlich müssen auch die ökologischen Vorstellungen über die Begleitumstände der Entstehung der Vierbeiner revidiert werden. Galt es zuletzt als ausgemacht, dass der Übergang zu Vierbeinern im Wasser im Süßwasser-Uferbereich und Brackwasser mit starkem Pflanzenbewuchs stattfand, wo der Besitz von Extremitäten mit Fingern sinnvoll erscheint, plädieren Niedzwiedzki et al. (2010, 47) nun für eine Entstehung im Lagunen-Schlick von Korallenriffen (s. auch Janvier & Clément 2010, 41). Dieser Lebensraum sei für den Übergang ans Land günstig, weil gezeitenbedingt durch die Flut in diesem Lebensraum zweimal täglich Nahrung aus dem Meer herangespült wird.

Ökologische Deutung. Niedzwiedzki et al. (2010, 47) stellen die Frage, warum einerseits die Elpistostegalier (also die mutmaßlichen letzten Tetrapodenvorfahren unter den Fischen) gleichzeitig mit den frühen Tetrapoden gelebt haben, diese andererseits in der Fossilabfolge früher als letztere auftauchen, also in einer Abfolge, die zu einem evolutionären Nacheinander passen würde. Warum passt z. B. die Abfolge „*Tiktaalik* (u. a.) --> *Ichthyostega* (u. a.)“ stratigraphisch zu einer vermeintlichen Phylogenie, die aber gar nicht mehr stimmen kann?

Die Stratigraphie täuscht sozusagen Evolution vor. Die Autoren sprechen von „falscher stratophylogenetischer Abfolge“! Diese irreführende Abfolge sei „mehr als ein Rätsel“, vielleicht ist die Abwesenheit von Tetrapodenfossilien in den älteren Schichten „einfach Ausdruck ökologischer Präferenz“. „Wenn ihr erstes Erscheinen als Körperfossilien die Zeit widerspiegelt, in der sie erstmals Lebenswelten mit Potential zur Erhaltung besiedelt haben, wie es zu sein scheint, kamen die Elpistostegiden offenbar den Tetrapoden zuvor. Der Grund dafür ist wahrscheinlich ökologisch, kann derzeit aber nicht ermittelt werden“ (S. 47).³ Für eine ökologische Deutung der Fossilien des Devons sprachen schon bisher manche Befunde (es sei dazu auf die zusammenfassende Darstellung von Junker [2005] verwiesen); z. B. die Tatsache, dass die karbonischen Tetrapoden sich nicht leicht an die devonischen anschließen lassen. Benton (2007, 101) spricht von „völlig anders zusammengesetzten Wirbeltierfaunen des Oberdevons“ gegenüber der ältesten bekannten unterkarbonischen terrestrischen Wirbeltiergemeinschaft. Entsprechend wurden viele devonische Tetrapoden auch schon als tote Seitenzweige der Evolution interpretiert; vielleicht gilt das – selbst unter evolutionstheoretischen Vorgaben – für alle.⁴

Zeitlicher Rahmen. Dass Spurenfossilien zeitlich deutlich vor Körperfossilien fossil erscheinen, ist in einem Kurzzeitszenario und in ökologischer Perspektive viel leichter zu verstehen als in einem Jahrmillionen-Zeitraum. Ein einziges Tier kann fast beliebig viele Spuren hinterlassen, es ist also zu erwarten, dass häufig Spurenfossilien vor Körperfossilien auftauchen (s. u.). Dass aber dazwischen große Zeiträume liegen, ist nicht plausibel und nicht zu erwarten, auch wenn hier nicht zwingend argumentiert werden kann. Eindeutige Schlussfolgerungen verbieten sich schon deshalb, weil der Fossilbefund nur eine Momentaufnahme sein kann – ob er nun zu bestimmten theoretischen Vorstellungen passt oder nicht. Die Fußspuren aus dem polnischen Mitteldevon haben nach Ansicht der Bearbeiter und wissenschaftlichen Kommentatoren erhebliche Konsequenzen für das Verständnis der Evolution der Vierbeiner – neue Funde können jederzeit auch für weitere Überraschungen gut sein.

Weitere Beispiele: Fußspuren lange vor Körperfossilien. *Fährten* verschiedener Reptilien (z. B. Stammwurzeltzahner-Reptilien, „Urkrokodile“, Echsenbecken-Dinosaurier) treten erheblich früher auf als ihre *Skelettreste* – nach herkömmlicher Datierung 3-10 Millionen Jahre (Stephan 2002, 141). Beispielsweise äußert Haubold (1984, 150) über *Fährten* mehrerer Reptilienformen der Newark-Gruppe (Trias; östliche USA): „Sie alle eilen wiederum den bis dato durch Skelettreste bekannt gewordenen Formen um Jahrmillionen voraus.“ Das gilt auch für das erste Auftreten von Dinosaurier-*Fährten überhaupt*. Denn *Fährten* dreizehiger Dinosaurier erscheinen weltweit erstmals im Benker Sandstein Oberfrankens (unterster Mittel-Keuper, unterste Obertrias), mit ca. 231 Millionen Jahre angegeben.⁵ Die ältesten Dinosaurier-Skelettreste liegen mit mehreren Arten aus Argentinien (*Herrerasaurus*, *Eoraptor* und *Pisanosaurus*) und ähnlichen Formen in New Mexiko (USA) vor; sie werden in die obere Karn-Stufe (untere Obertrias) datiert (Haubold & Klein 2000, 61) deren Obergrenze

mit ca. 220 Millionen Jahren angegeben wird.⁶ Im Interpretationshorizont der Historischen Geologie liegen dazwischen ca. 10 Millionen Jahre – zwischen den ersten Fährten und den ersten Körperfossilien! Das Problem wird von Schoch (2007, 33) auch für Süddeutschland gesehen; hier ist ebenfalls „das erste Auftreten der Dinosaurier besonders rätselhaft, denn zunächst finden sich nur ihre Fährten“, also ab dem Benker Sandstein (s. o.), und erst im „Unteren Stubensandstein treten dann die ersten Skelettreste auf.“

Übergangsformen kommen und gehen – oder warum historische Evolutionsforschung sich mit Vorhersagen schwer tut. Der Elpistostegialier *Tiktaalik* wurde vielfach als grandioser Erfolg evolutionärer Theoriebildung und als hervorragende Bestätigung evolutionstheoretischer Vorhersagen gefeiert (so z. B. Shubin 2009, 34). Diese Vorhersage ist mit den neuen Funden stark relativiert. Wenn man überhaupt von „Vorhersagen“ sprechen kann, hätte man dieses Fossil auch im Kontext einer ökologischen Deutung vorhersagen können, denn in Übergangsökologien sind auch am ehesten „Übergangsformen“ zu erwarten, und auch am ehesten dort, wo man bislang schon fündig war – auch dann, wenn man die Fossilabfolge nicht in einen evolutionären Kontext stellt. Das Beispiel der Tetrapodenfährten aus dem Mitteldevon zeigt beispielhaft, dass die historische Evolutionsforschung allenfalls vage Vorhersagen machen kann, was dem Charakter historischer Theorien entspricht. Natürlich widersprechen die von Niedzwiedzki et al. beschriebenen fossilen Spuren nicht einer evolutiven Entstehung, aber weder ihre stratigraphische Position noch ihr Fundgebiet noch ihre Ökologie wurden vorhergesagt. Man hätte eher vorhergesagt, dass man diese Spuren nicht im unteren Mitteldevon und nicht im heutigen Europa findet, wenn man *Tiktaalik* als stratigraphisch, geographisch und ökologisch vorhergesagtes Bindeglied interpretiert. Genauso wenig wurden vierflügelige Vögel im Oberjura (Hu et al. 2009; Witmer 2009) und Vogelspuren im Grenzbereich Obertrias/Unterjura (Genise et al. 2009) vorgeschagt, und diesen Beispielen ließen sich beliebig viele weitere anfügen. Historische Evolutionsforschung deutet Indizien (Fossilien, Merkmale geologischer Schichten usw.) *im Nachhinein* und passt ihre theoretischen Entwürfe den Indizien immer wieder neu an. Diese Vorgehensweise ist auch in einem schöpfungstheoretischen Ansatz möglich.

Dank: Den Abschnitt „Weitere Beispiele: Fußspuren lange vor Körperfossilien“ sowie einige Hinweise verdanke ich Manfred Stephan.

Anmerkungen

¹ „This implies that the elpistostegid morphology was not a brief transitional stage, but a stable adaptive position in its own right.

² „It is reminiscent of the lengthy coexistence of non-volant but feathered and ‘winged’ theropod dinosaurs with volant stem-group birds during the Mesozoic.“

³ „If their first appearance as body fossils reflects the time when they first colonized environments with preservation potential, as seems likely, the elpistostegids evidently arrived

in advance of the tetrapods. The reason was presumably ecological but cannot be determined at present.“

⁴ Vgl. Carroll (1992, 49): „It has long been clear that none of the early tetrapod groups are ideal ancestors for any of the rest. All exhibit a mosaic of primitive and derived characters that indicate significant periods of independent evolution since the initial divergence of each group.“

⁵ Der Benker Sandstein ist nach Haubold & Klein (2000, 60) in die höchste Ladin-Stufe einzustufen; der erste Fährten-Horizont liegt noch unter dem Niveau der Bleiglanzbank nahe der Basis des Unteren Gipskeupers (= Basis Grabfeld-/Benk-Formation). Menning & Hendrich (2005, Tab. VII) stufen dieses Niveau mit ca. 231 Millionen Jahren ein.

⁶ Nach Menning & Hendrich (2005, Tab. VII) liegt die Karn-Obergrenze bei ca. 220 Millionen Jahren.

Literatur

- Ahlberg PE & Clack JA (2006) A firm step from water to land. *Nature* 440, 747-749.
- Benton MJ (2007) Paläontologie der Wirbeltiere. München.
- Carroll RL (1992) The primary radiation of terrestrial vertebrates. *Annu. Rev. Earth Planet. Sci.* 20, 45-84.
- Daeschler EB, Shubin NH & Jenkins FA (2006) A Devonian tetrapod-like fish and the evolution of the tetrapod body plan. *Nature* 440, 757-763.
- Genise JF, Melchor RN, Archangelsky M, Bala LO, Straneck R & de Valais S (2009) Application of neoichnological studies to behavioural and taphonomic interpretation of fossil bird-like tracks from lacustrine settings: The Late Triassic–Early Jurassic? Santo Domingo Formation, Argentina. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology* 272, 143-161.
- Haubold H (1984) Saurierfährten. Neue Brehm-Bücherei, 479. Wittenberg-Lutherstadt.
- Haubold H & Klein H (2000) Die dinosauroiden Fährten *Parachirotherium* – *Atreipus* – *Grallator* aus dem unteren Mittelkeuper (Obere Trias: Ladin, Karn, ?Nor) in Franken. *Hallesches Jb. Geowiss. B* 22, 59-85.
- Hu D, Hou L, Zhang L & Xu X (2009) A pre-*Archaeopteryx* troodontid theropod from China with long feathers on the metatarsus. *Nature* 461, 460-463.
- Janvier P & Clément G (2010) Muddy tetrapod origins. *Nature* 463, 40-41.
- Junker R (2005) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 3: Tetrapoden des Unterkarbons, unklare Selektionsdrücke und evolutionstheoretische Probleme. *Stud. Int. J.* 12, 11-18. (Vgl. auch **Entstehung der Vierbeiner**, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42843&Sprache=de&l=1>)
- Junker R (2006) *Tiktaalik* – ein erstklassiges Bindeglied? *Stud. Int. J.* 13, 88-91.
- Menning M & Hendrich A (Hg, 2005) Erläuterungen zur Stratigraphischen Tabelle von Deutschland (ESTD) 2002. *Newsl. Strat.*, 41 (1-3).

Niedzwiedzki G, Szrek P, Narkiewicz K, Narkiewicz M & Ahlberg PE (2010) Tetrapod trackways from the early Middle Devonian period of Poland. *Nature* 463, 43-48.

Schoch R (2007) Die Erfolgsgeschichte der Dinosaurier. In: Schoch R (Hg) Saurier. Ostfildern, 27-34.

Shubin N (2009) Der Fisch in uns. Eine Reise durch die 3,5 Milliarden Jahre alte Geschichte unseres Körpers. Frankfurt/M.

Shubin NH, Daeschler EB & Jenkins FA (2006) The pectoral fin of *Tiktaalik roseae* and the origin of the tetrapod limb. *Nature* 440, 764-771.

Stephan M (2002) Der Mensch und die geologische Zeittafel. Holzgerlingen.

Witmer LM (2009) Feathered dinosaurs in a tangle. *Nature* 461, 601-602.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n141.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.04.09 Zur Entstehung von Kohle – es kann ganz schnell gehen

Kohle hat in der wirtschaftlichen Entwicklung der Bundesrepublik Deutschland eine bedeutende Rolle gespielt. Beschreibungen von Kohlevorkommen und deren Erklärungen fanden infolgedessen auch entsprechend Eingang in Lehrbücher. Joachim Scheven hat in verschiedenen Publikationen eine Reihe von geologischen Befunden zusammengetragen, die nicht mit gängigen Vorstellungen der Kohleentstehung in langen Zeiträumen in Einklang stehen. Ebenso hat er auch Modelle zur Entstehung von Kohleflözen vorgestellt (Scheven 1982, 1986, 1988). Auch wenn man nicht allen Äußerungen und Schlussfolgerungen des Autors folgt, so bleibt dennoch eine ganze Reihe von Befunden, die etablierte Erklärungen und Modelle in Frage stellen und herausfordern.

Im Folgenden sollen kurz einige Aspekte zur Chemie der Kohleentstehung, dem als Inkohlung bezeichneten Prozess, dargestellt werden.

Friedrich Bergius experimentierte im Rahmen seiner Habilitation (1913) mit Hochdruckverfahren. Ihm wurde 1931 zusammen mit Karl Bosch der Nobelpreis für Chemie verliehen für „ihre Verdienste um die Entdeckung und Entwicklung der chemischen Hochdruckverfahren“. Bergius (1928) fasste seine Untersuchungen zur Inkohlung organischen Materials in einem Artikel zusammen und stellte dabei folgende Punkte heraus:

1. Physikalisch-chemische Prozesse der Inkohlung können im Labor unter definierten Bedingungen modellhaft nachgestellt werden.
2. Der Reaktionsverlauf und die chemische Beschaffenheit des Endprodukts sind unabhängig von den Ausgangsmaterialien.
3. Die Produkte verändern sich nach einer bestimmten Reaktionszeit nicht mehr nachweisbar („Endkohle“).
4. Die Analyse der kohleartigen Produkte weist große Ähnlichkeiten zu natürlichen Kohlen auf.

Er hatte mit seinen Mitarbeitern experimentell gezeigt, dass unter entsprechend hohen Drücken und hoher Temperatur organisches Material innerhalb weniger Stunden in kohleartiges Material umgewandelt werden kann. Die von ihm als Endkohle bezeichnete Substanz weist dabei die Qualität von Steinkohle auf.

Unter der Leitung vom Markus Antonietti wurden am Max-Planck-Institut für Kolloid- und Grenzflächenforschung in Potsdam Untersuchungen zur Erzeugung von Nanostrukturen aus Kohlenstoff durchgeführt (Yu et al. 2004, Cui et al. 2006). Dabei handelte es sich im Grunde genommen um eine Wiederholung der Experimente von Bergius vom Beginn des 20. Jahrhunderts. Dessen Ergebnisse wurden dabei bestätigt. In einem Hochdruckautoklaven wurden verschiedene Pflanzenmaterialien innerhalb weniger Stunden in einem Prozess – den die Autoren als „hydrothermale Carbonisierung“ bezeichnen – in kohleartige Substanz umgewandelt. Abhängig von der Reaktionsdauer konnten Antonietti und seine Mitarbeiter torf- bis steinkohleartige Substanzen erzeugen (Titirici et al. 2007a, b).

Damit ist wiederholt in Laborexperimenten, die man durchaus als Modelle zur Entstehung von Kohle betrachten kann, gezeigt worden, dass für die Inkohlung nicht die Zeit, sondern vor allem der Druck-Temperaturbereich entscheidend ist. Bei hohem Druck und entsprechenden Temperaturen kann organisches Material innerhalb von Stunden in Kohle umgewandelt werden. Wie schnell sich die Kohlevorkommen in der Vergangenheit gebildet haben, ist damit nicht gezeigt. Dazu müsste man nach Hinweisen auf die Druck- und Temperaturbedingungen suchen. Man kann aber aufgrund chemischer Erfahrungen feststellen, dass sich Kohle innerhalb sehr kurzer Zeit bilden kann, wenn entsprechende Randbedingungen – Druck und Temperatur – vorliegen.

Literatur

Bergius F (1913) Anwendung hoher Drucke bei chemischen Vorgängen und die Nachbildung des Entstehungsprozesses der Steinkohle (Habilitationsschrift). Knapp, Halle a.d. Saale.

Bergius F (1928) Beiträge zur Theorie der Kohleentstehung. *Naturwissenschaften* 16, 1-10.

Cui XJ, Antonietti M, Yu SH (2006) Structural effects of iron oxide nanoparticles and iron ions on the hydrothermal carbonization of starch and rice carbohydrates. *Small* 2, 756-759.

Scheven J (1982²) Daten zur Evolutionslehre im Biologieunterricht. Neuhausen-Stuttgart.

Scheven J (1986) *Karbonstudien*. Neuhausen-Stuttgart.

Scheven J (1988) *Mega-Sukzessionen und Klimax im Tertiär*. Neuhausen Stuttgart.

Titirici M-M, Thomas A, Antonietti M (2007) Back in the black: hydrothermal carbonization of plant material as an efficient chemical process to treat the CO₂ problem? *New. J. Chem.* 31, 787-789.

Titirici M-M, Thomas A, Yu S-H, Müller J-O, Antonietti M (2007) A direct synthesis of mesoporous carbon with bicontinuous pore morphology from crude plant material by hydrothermal carbonization. *Chem. Mater.* 19, 4205-4212.

Yu SH, Cui XJ, Li LL, Li K, Yu B, Antonietti M, Colfen H (2004) From starch to metal/carbon hybrid nanostructures: Hydrothermal metal-catalyzed carbonization. *Advanced Materials* 16, 1636-1640.

Online-Veröffentlichungen der Max-Planck Gesellschaft (Zugriff am 2. 4. 2009):
<http://www.mpg.de/bilderBerichteDokumente/dokumentation/pressemitteilungen/2006/pressemitteilung200607121/index.html>

Film: Kohle aus Biomasse:

<http://www.mpg.de/bilderBerichteDokumente/multimedial/filmeWissenschaft/2006/07/KochKohle/film3.mov>

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n128.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.04.06 Tiktaalik – ein erstklassiges Bindeglied?

Ein neues Bindeglied schickt sich an, Berühmtheit zu erlangen – *Tiktaalik roseae*, ein Fisch mit einigen Merkmalen, die typisch für Vierbeiner (Tetrapoden) sind. Anfang April wurde diese neue Fischgattung in zwei ausführlichen Artikeln in *Nature* beschrieben (Daeschler et al. 2006, Shubin et al. 2006). Überreste mehrerer Exemplare wurden in der kanadischen Arktis auf der Insel Ellesmere gefunden; geologisch gehören die Fundschichten zum untersten Oberdevon (Unterfrasn). Erhalten sind Schädel, Halsbereich, Schultergürtel, Brustflossen, Rippen und ein größerer Teil der Wirbelsäule. Die Tiere waren ca. 1,2-2,7 m groß, hatten einen flachen Körper und einen krokodilähnlichen Kopf und waren mit ihren scharfen Zähnen vermutlich gefährliche Räuber. Erik Ahlberg und Jennifer Clack, zwei ausgewiesene Spezialisten für frühe Tetrapoden, halten es für möglich, dass der neue Fund eine ähnliche Bedeutung erlangen könnte wie der berühmte „Urvogel“ *Archaeopteryx* (Ahlberg & Clack 2006, 747), und Neil Shubin kreierte anlässlich dieses Fundes den Begriff „fishopod“. Der Gattungsname *Tiktaalik* entstammt der Sprache der Inuit (Eskimos) und bedeutet „großer Fisch aus seichtem Gewässer“ in Anlehnung an den mutmaßlichen Lebensraum (s. u.); den Artnamen *roseae* verdankt der Fund einem anonymen Sponsor.

Was macht diesen Fund so interessant? *Tiktaalik* weist eine ausgeprägte Kombination aus eindeutig fischtypischen Merkmalen und typischen Tetrapodenmerkmalen auf. Fischartig sind die großen Kiemenhöhlen, die ausgeprägten Flossenstrahlen, die Schuppenhaut, der Unterkiefer und der Gaumen. Dagegen sind das verkürzte Schädeldach, der flache Schädel mit nach oben gerichteten Augen, die Ohrregion, die Beweglichkeit der Halsregion, das Fehlen von Kiemendeckeln, der relativ kräftige Brustkorb mit überlappenden Rippen, der flache Körperbau und der Besitz eines Handgelenks Merkmale, die eher zu Tetrapoden hinweisen. Die Forscher schließen aus der Anatomie der Brustflossen, dass sie ähnlich gebeugt und gestreckt werden konnten wie die Gliedmaßen der Landwirbeltiere. Damit war wahrscheinlich ein Kriechen auf dem Grund des Gewässers möglich, vermutlich auch ein Sich-Hochstemmen im Uferbereich und nach Meinung der Wissenschaftler auch kurze Landgänge. Kein Zweifel: *Tiktaalik* besitzt ein Merkmalsmosaik, das gut in einen Übergangsbereich zwischen Fischen und Vierbeinern passt – hier geht ein Punkt an die Evolutionstheorie.

Was nicht so gut passt. Dass Merkmale von *Tiktaalik* besonders hervorgehoben werden, die als „Übergangsmerkmale“ gedeutet werden können, ist legitim. Dennoch zeigt die Brustflosse insgesamt doch eher einen fischartigen Charakter (Ahlberg & Clack 2006, 748). Ein Vergleich mit anderen Formen aus dem Übergangsbereich Fische – Vierbeiner macht dies deutlich. Bisher galt *Panderichthys* (Abb. 1) als tetrapodenähnlichster Fisch; dessen Flossen sind aber deutlich anders gebaut, ihrerseits aber nicht gut als Vorläufer für Tetrapodenextremitäten geeignet. Die Unterschiede zwischen *Tiktaalik* und gefingerten Gattungen wie *Acanthostega* sind erheblich (Abb. 2). Ahlberg & Clack (2006, 748) weisen darauf hin, dass der Erwerb von Fingern, von *Tiktaalik* ausgehend, eine erhebliche Umorganisation („developmental repatterning“) erfordern würde. Der achtfingrige oberdevonische Tetrapode *Acanthostega* (Abb. 3) war höchstwahrscheinlich ausschließlich wasserlebend; seine Extremitäten waren relativ unbeweglich. Insgesamt eignet sich diese Gattung daher nicht als vermittelnde Form zwischen *Tiktaalik* und landlebenden Tetrapoden. Man kann es so sagen: *Tiktaalik* hatte deutlich andere „Übergangsmerkmale“ auf dem Weg zum Landleben als *Acanthostega*. Der Weg aufs Land konnte nicht über beide Formen zugleich führen, es sei denn, er wurde mindestens zweimal unabhängig durchlaufen, womit dann aber die Vierbeinigkeit nicht mehr als Schlüsselmerkmal (d. h. als Hinweis auf gemeinsame Vorfahren) gelten könnte, sondern konvergent entstanden wäre. Schon länger ist

klar, dass auch das berühmte *Ichthyostega* (Abb. 4), vor noch nicht langer Zeit die Ikone für den Übergang vom Wasser- zum Landleben, deutlich von einer vermittelnden Position entfernt ist (Clack 2002, Ahlberg et al. 2005; zusammenfassend Junker 2004, 2006).



Abb. 1: *Panderichthys* aus dem unteren Oberdevon. Nach Clack JA (2002) Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods. Bloomington, IN.

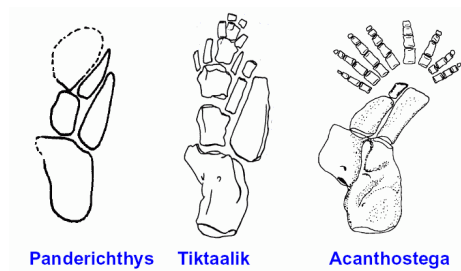


Abb. 2: Vorderextremitäten von *Panderichthys*, *Tiktaalik* und *Acanthostega*. Nach Clack JA (2002) Gaining Ground. Bloomington and Indianapolis, sowie Shubin NH, Daeschler EB & Jenkins FA (2006) The pectoral fin of *Tiktaalik roseae* and the origin of the tetrapod limb. Nature 440, 764-771.

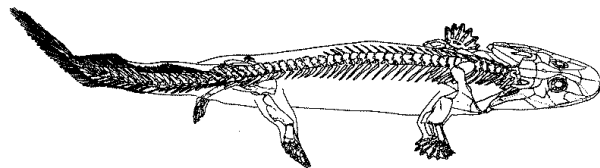


Abb. 3: *Acanthostega*. Nach Clack JA (2002) Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods. Bloomington, IN.

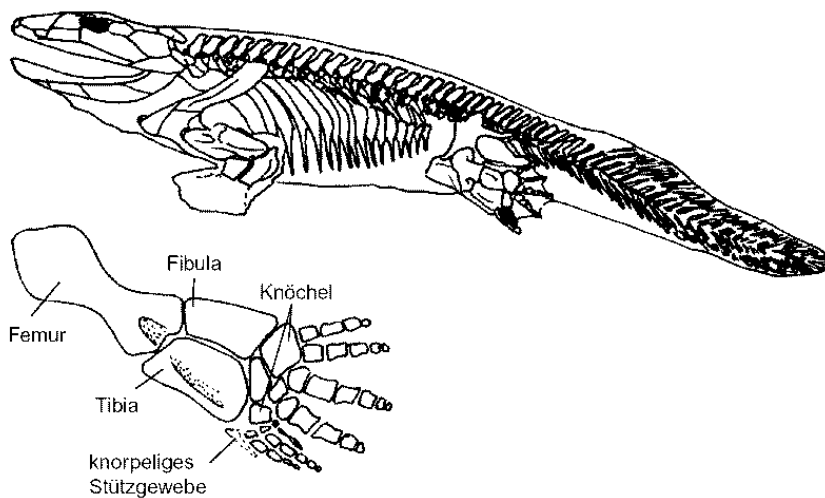


Abb. 4: *Ichthyostega* aus dem Oberdevon mit 7 Fingern an der Hinterextremität
 Quelle: Clack JA (2002) Gaining Ground. The Origin and Evolution of Tetrapods.
 Bloomington, IN.

Nicht nur der Bau der Flossen, sondern auch der Schädelbau passt insgesamt nicht in eine evolutive Reihe von tetrapodenähnlichen Fischen hin zu frühen Tetrapoden. Auch in dieser Hinsicht würde sich *Acanthostega* auf einer anderen „Schiene“ bewegen, wenn man die relevanten fossilen Gattungen in evolutionäre Linien einfügen wollte (Abb. 5).

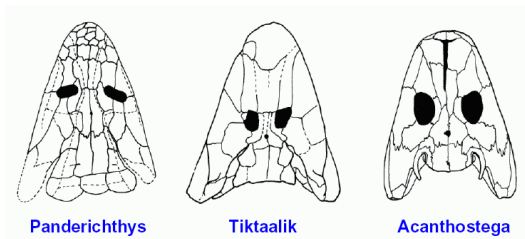


Abb. 5: Schädel von *Panderichthys*, *Tiktaalik* und *Acanthostega*.

Nach Clack JA (2002) Gaining Ground. Bloomington and Indianapolis, sowie Daeschler EB, Shubin NH & Jenkins FA (2006) A Devonian tetrapod-like fish and the evolution of the tetrapod body plan. Nature 440, 757-763.

Lebensraum. Die Deutung von *Tiktaalik* als evolutionäre Übergangsform muss mit einigen Unbekannten leben, da die hinteren Teile des Tieres fossil nicht überliefert sind. Über den Bau des Beckens, der Hinterextremitäten und des Schwanzes verraten die Funde leider nichts. Daher kann auch die Lebensweise nicht sicher rekonstruiert werden. (Man sollte in diesem Zusammenhang nicht vergessen, dass lange vermutet wurde, dass die Quastenflosser ihre kräftigen Flossen zur Bewegung auf dem Grund genutzt haben könnten, bis Filmaufnahmen des „lebenden Fossils“ *Latimeria* diese Vermutung widerlegten.) Wie alle anderen oberdevonischen Vierbeiner und vierbeinerähnlichen Gattungen ist auch *Tiktaalik* zusammen mit Fischen eingebettet worden (Daeschler et al. 2006, 758). Vermutlich war er ein Beutelauerer im Uferbereich; die lange Schnauze war zum Schnappen nach Beute geeignet, und die beweglichen Extremitäten und der relativ bewegliche Halsbereich erlaubten in diesem Lebensraum eine gute Beweglichkeit. Junker (2004) diskutiert für andere Gattungen, dass es in Uferbereichen eine Vielfalt ökologischer Nischen gegeben haben könnte, „darunter möglicherweise auch (damalige) Lebensräume, die es in dieser Form heute nicht mehr gibt. Dieser Vielfalt könnte eine anatomische Formenfülle mit unterschiedlichen Konstruktions-Mosaiken des Kiemenapparats, der Extremitäten, der Wirbelsäule, des Schwanzes usw. entsprechen.“ In diesem Sinne kann möglicherweise auch *Tiktaalik* interpretiert werden, als Form, die für einen bestimmten (nicht mehr genau rekonstruierbaren Lebensraum) optimal konstruiert war.

Übergang bisher schlecht belegt? Etwas verwundert stellt man fest, dass Autoren und Kommentatoren *Tiktaalik* als langgesuchtes Bindeglied zwischen wasser- und landlebenden Wirbeltieren begrüßen. Hieß es nicht schon seit Jahrzehnten, die wesentlichen fossilen Belege für diesen Übergang seien gefunden worden? Nun aber schreiben Ahlberg & Clack, bis vor kurzem sei die morphologische Lücke „frustrierend weit“ geblieben – trotz *Panderichthys*, *Acanthostega* und *Ichthyostega* und anderen oberdevonischen Tetrapoden-Gattungen. Ähnlich meinen auch Daeschler et al. (2006, 757), dass die Verwandtschaft zwischen Tetrapoden und Fleischflossern (Sarcopterygier) zwar gut begründet, der Ursprung der wichtigen Tetrapodenmerkmale jedoch in Dunkeln verblieben sei. Und Pennisi (2006) stellt in ihrem Kommentar in *Science* fest, dass die bislang bekannten Fossilien entweder vornehmlich

fischartig oder tetrapodenartig waren statt wirklich intermediär zu sein. Offenbar erlaubt erst die verbesserte Datenlage, den bisherigen Stand des Wissens weniger geschönt darzustellen.

Schlussfolgerungen. Zusammenfassend kann man sagen, dass *Tiktaalik* das Spektrum von Fischen mit tetrapodenartigen Merkmalen erweitert und in diesem Sinne einerseits einen Baustein für evolutionäre Übergangshypothesen darstellt. Die morphologische Lücke zwischen manchen Formen wird mit dem neuen Fund verkleinert. Andererseits wird nicht die Lücke zwischen den bisher nächststehenden fossilen Gattungen verkleinert (das wäre zwischen *Panderichthys* und *Acanthostega*), sondern im Übergangsbereich Wasser – Land eine neue Mosaikform hinzugefügt. Das Merkmalsmosaik von *Tiktaalik* passt gut zu einem im Uferbereich lauerten Räuber. Ahlberg & Clack (2006, 748) schließen ihren Kommentar mit der Feststellung, dass fast nichts über den Schritt zwischen *Tiktaalik* und den frühesten Tetrapoden bekannt sei. Bei diesem Übergang habe die Anatomie die „dramatischsten Änderungen“ erfahren. Außerdem weisen sie auf die markante Lücke zu den karbonischen landlebenden Tetrapoden hin (dazu siehe zusammenfassend Junker 2005).

Es sei noch angemerkt, dass die in Junker (2005) anhand der Fachliteratur zusammengestellten evolutionstheoretischen Probleme mit dem neuen Fund nicht verkleinert werden. Interessierte Leser seien auf diese Publikation oder auf Clack (2002) verwiesen.

Ein ausführlicherer Artikel ist für die Herbstausgabe von *Studium Integrale Journal* (<http://www.wort-und-wissen.de/sij>) geplant.

Literatur

Ahlberg PE & Clack JA (2006) A firm step from water to land. *Nature* 440, 747-749.

Ahlberg PE, Clack JA & Blom H (2005) The axial skeleton of the Devonian tetrapod *Ichthyostega*. *Nature* 437, 137-140.

Clack JA (2002) *Gaining Ground. The origin and evolution of Tetrapods*. Bloomington and Indianapolis.

Daeschler EB, Shubin NH & Jenkins FA (2006) A Devonian tetrapod-like fish and the evolution of the tetrapod body plan. *Nature* 440, 757-763.

Junker R (2004) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 2: *Ichthyostega*, *Acanthostega* und andere Tetrapoden des höheren Oberdevons. *Stud. Int. J.* 11, 59-66.

Junker R (2005) Vom Fisch zum Vierbeiner – eine neue Sicht zu einem berühmten Übergang. Teil 3: Tetrapoden des Unterkarbons, unklare Selektionsdrücke und evolutionstheoretische Probleme. *Stud. Int. J.* 12, 11-17. (Siehe auch ► [Entstehung der Vierbeiner](#))

Junker R (2006) Neue Rekonstruktion bestätigt: *Ichthyostega* ist kein Bindeglied. *Stud. Int. J.* 13, 35-36 (im Druck).

Pennisi E (2006) Fossil shows an early fish (almost) out of water. *Science* 312, 33.

Shubin NH, Daeschler EB & Jenkins FA (2006) The pectoral fin of *Tiktaalik roseae* and the origin of the tetrapod limb. *Nature* 440, 764-771.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n63.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.01.05 Neuer Artikel über die „kambrische Explosion“ des Lebens

Die Fossilüberlieferung vielzelliger Tiere beginnt mit einer fast schlagartig auftauchenden breiten Vielfalt verschiedenster Baupläne im Unterkambrium (zum Überblick über die geologischen Systeme siehe Abb. 1).

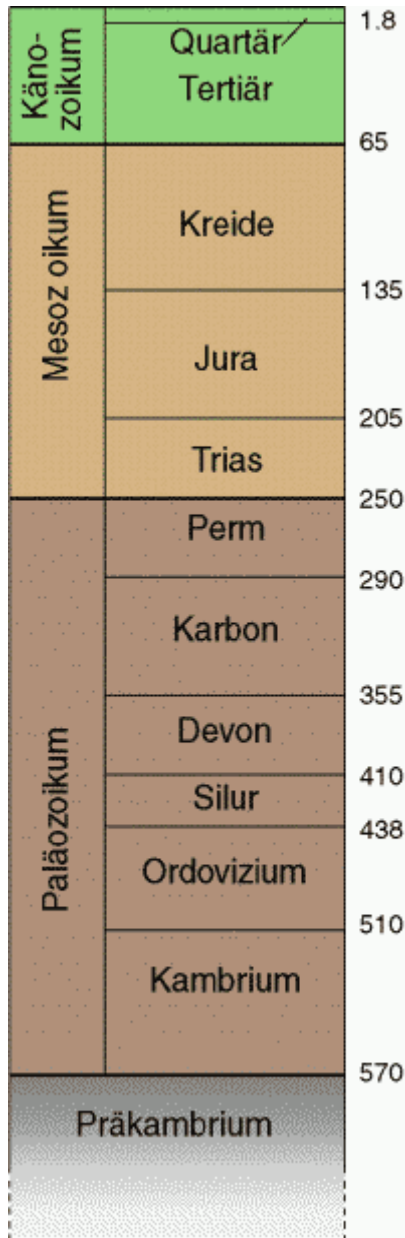


Abb. 1: Vereinfachte geologische Säule. Am Rande befinden sich Altersangaben in Millionen Jahren gemäß radiometrischer Datierungen.

Dieses Phänomen wird heute meist als „kambrische Explosion“ bezeichnet. Es wird auch vom „Urknall der Paläontologie“ gesprochen. Lebewesen aus allen bekannten Tierstämmen, die Hartteile besitzen, sind im Kambrium (meist bereits im Unterkambrium) vertreten. Dazu gehören z. B. Schwämme, Hohltiere, Ringelwürmer, Armfüßer, Gliederfüßer, Weichtiere, Stachelhäuter und auch Chordatiere (darunter als erste Wirbeltiere auch kieferlose Fische). Diese Tierstämme sind zudem von Beginn ihres fossilen Nachweises in der Regel in

verschiedene, deutlich abgrenzbare Untergruppen (Klassen) aufgespalten und geographisch meist weit verbreitet. In tieferen Schichten des obersten Präkambriums wurden dagegen nur sehr wenige Vielzeller gefunden, so z. B. einige Hohltiere oder Schwämme (s. u.). Im Artikel „Kambrische Explosion“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42842&Sprache=de&l=1>) wird ein Überblick zur kambrischen Explosion gegeben und es werden Vorschläge zur Erklärung des plötzlichen Auftauchens der Tierwelt kritisch diskutiert. Im Experten-Teil „Kambrische Explosion“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42842&Sprache=de&l=2>) werden außerdem einige diskutierte Vorläufer der kambrischen Tierwelt vorgestellt und Ergebnisse von Untersuchungen mit „molekularen Uhren“ diskutiert. Gut geeignete Vorläuferformen sind nicht bekannt. In einer 2004 erschienenen Monographie stellt der Paläontologe James Valentine, Experte auf diesem Gebiet, fest, dass von keinem einzigen Stamm die Vorläufer bekannt sind, ebenso ist der Weg der Entstehung aller Klassen der Wirbellosen unbekannt.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n31.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Evolution der Vielzelligkeit

19.05.23 Capsaspora – ein Modell für die Entstehung der Vielzelligkeit?

Der Einzeller *Capsaspora* wird als Modell für die evolutive Entstehung von Mehrzelligkeit diskutiert. Oder verlief die Entwicklung andersherum? Ein Einzeller verlor seine Fähigkeit, vielzellige Stadien zu bilden?

Es wird allgemein angenommen, dass das erste einfache einzellige Leben vor etwa 3,5 bis 4 Milliarden radiometrischen Jahren entstanden ist. Komplexere Formen – mehrzellige Lebewesen – sollen sehr lange für ihre Entstehung gebraucht haben, wobei Tiere erst vor etwa 600 Millionen radiometrischen Jahren auftraten. Wie sich mehrzellige tierische Lebensformen entwickelt haben, ist nicht bekannt. Es bedurfte jedenfalls der Erfindung eines neuen Zelltyps, der eukaryotischen Zelle. Im Gegensatz zu den Prokaryoten wie Bakterien, aus denen sie entstanden sein sollen, haben eukaryotische Zellen mehrere membrangebundene Organellen. Sie besitzen einen Zellkern, der die DNA enthält und sozusagen als Betriebszentrum fungiert. Endoplasmatisches Retikulum und Golgi-Apparat sind an der Produktion, Reifung und dem Transport von Proteinen beteiligt. Und es gibt Mitochondrien, membrangebundene Organellen, die Energie (ATP) bereitstellen. Vakuolen als Speicherräume scheiden Abfallstoffe ab und erhalten den Wasserhaushalt aufrecht. Dennoch glauben Evolutionsforscher, dass Eukaryoten sich aus einfacheren, einzelligen Mikroben entwickelt haben, höchstwahrscheinlich durch Endosymbiose, d. h. durch die Verschmelzung mehrerer einzelliger Mikroben (Martin 2015; Borger 2020).

Nach evolutionstheoretischer Auffassung sollen sich die Tiere (Metazoa) aus einem eukaryotischen Einzeller entwickelt haben – denn alle Tiere sind vielzellige Gebilde aus eukaryotischen Zellen. Das ist jedoch nicht so einfach, denn in mehrzelligen Organismen müssen verschiedene Zellen unterschiedliche Aufgaben übernehmen; es gibt eine Aufgabenteilung. **Die Zellen müssen daher kooperieren und zusammenarbeiten, damit der Organismus als Ganzes funktionieren kann. Dies erfordert unter anderem eine viel größere Steuerungs- und Organisationsleistung der DNA, da nicht alle genetischen Programme gleichzeitig in denselben Zellen aktiv sein müssen.** Deshalb ist die Mehrzelligkeit im Vergleich zu Einzellern immer mit einer größeren regulatorischen Komplexität der DNA verbunden. So ist die DNA um Histon-Proteine gewickelt und es gibt einen Histon-Code, um die richtigen Programme in den jeweiligen unterschiedlichen Zellen zu aktivieren. Um mehrzellige Tiere bilden zu können, die aus funktionell unterschiedlichen Zellen bestehen, ist außerdem ein Kommunikationssystem zwischen den Zellen erforderlich. Neue Forschungsergebnisse, die in den *Proceedings of the National Academy of Sciences* (PNAS) vorgestellt wurden, zeigen nun außerdem, dass es einer chemischen Sprache bedarf, um von einem einzelligen Organismus zu einem mehrzelligen Vorfahren der Tiere werden zu können (Ros-Rocher 2023).

Die Studie befasste sich mit *Capsaspora owczarzaki*, einem einzelligen Eukaryoten (einen so genannten Protisten). Es handelt sich um eine winzige Amöbe von etwa 3 bis 5 Mikrometern Länge mit Zellfortsätzen, den so genannten Filopodien, mit denen sie sich am Substrat festhält. Ursprünglich wurde der als Symbiont bekannte Einzeller aus der Hämolymphe („Blut“) einer Süßwasserschnecke in Puerto Rico isoliert. Evolutionstheoretiker betrachten *Capsaspora* als einen engen einzelligen Verwandten der Tiere, da diese Gattung

sehr ähnliche Merkmale im Erbgut aufweist – einschließlich Histon-assoziiierter DNA in einem Zellkern. Außerdem kann *Capsaspora* mehrzellige Aggregate bilden – Zellen, die sich zusammenballen und aneinanderhaften, ähnlich wie bei Schwämmen oder Süßwasserpolyphen (*Hydra*). Da *Capsaspora* im Labor leicht gedeiht und als aneinanderheftende Kette schnell in die Länge wächst, ist dieser Einzeller zu einem Modell geworden, um den Ursprung der Mehrzelligkeit zu untersuchen (Ferrer-Bonet 2017).

In der in PNAS vorgestellten Studie wurden chemische Methoden wie Massenspektrometrie und Kernspinresonanzspektroskopie eingesetzt, um zu entschlüsseln, welche Moleküle kooperative bzw. konkurrierende Reaktionen zwischen einzelnen *Capsaspora* auslösen. Für ihre Studie fügten die Forscher systematisch Komponenten eines flüssigen Wachstumsmediums zu *Capsaspora* hinzu und entfernten sie wieder, um festzustellen, welche Komponenten das Zusammenhaften der Zellen regulierten. Es zeigte sich, dass die vielzellige Aggregation von *Capsaspora* durch Kalzium-Ionen und Lipide in Lipoproteinen angeregt wird. Sie entdeckten auch, dass die *Capsaspora*-Aggregation ein reversibler Prozess ist, der von der Konzentration dieser Faktoren abhängt (Ros-Rocher 2023).

Einer der führenden Forscher, J. P. Gerdt, Assistenzprofessor für Chemie am *IU Bloomington College of Arts and Sciences*, sagte: „Wir haben jetzt ein besseres Verständnis dafür, wie die Vorfahren der Tiere diese Veränderung mit Hilfe von chemischen Signalen vollzogen haben könnten.“ Roach (2023) kommentierte, die Studie zeige den ersten Schritt „zur Entdeckung der chemischen ‚Sprachen‘ von Mikroorganismen.“

Es ist schon länger bekannt, dass amöbenartige Eukaryoten mehrzellige Aggregate bilden können, insbesondere während der Phase der sexuellen Fortpflanzung. Dies erfordert eine Fülle neuer genetischer Information im Vergleich mit ausschließlich einzellig lebenden Protisten. Frühere Arbeiten an *Capsaspora* haben auch gezeigt, dass der einzellige Vorfahre der Tiere – evolutionstheoretisch gesehen – genetisch viel komplexer gewesen sein müsste als bisher angenommen. Er verfügte demnach vermeintlich nicht nur über viele Gene, die an der Anheftung von Zellen und Signalweitergabe beteiligt sind, sondern auch über eine komplexe und zelltypspezifische phosphatvermittelte Signalübertragung, die an der Regulierung der Genexpression beteiligt ist. So besitzt *Capsaspora* die typische Ausstattung mehrzelliger Organismen wie Integrine und Protein-Tyrosin-Kinasen, die für den Zellkontakt und die Signalübertragung verwendet werden (Ferrer-Bonet 2017).

Ein entscheidendes Merkmal mehrzelliger Tiere ist ihre Fähigkeit, durch zeitlich und räumlich regulierte Entwicklungsprogramme mehrere spezialisierte Zelltypen hervorzubringen. **Der Einzeller *Capsaspora* verfügt über ein komplexes Repertoire an Genen, welche mit vielzelligen Prozessen verbunden sind.** Dazu gehören auch Histone, die den für die zelluläre Differenzierung und die Mehrzelligkeit erforderlichen Histon-Code bereitstellen. Histone bilden die so genannten Nukleosomen (d. h. Proteinkomplexe, um die die DNA gewickelt wird) und bestehen aus 8 Histon-Proteinen (2xH2a, 2xH2b, 2xH3 und 2xH4). Die jeweiligen Histone können chemisch modifiziert werden, so dass sie wie ein Code funktionieren, der die Zugänglichkeit der DNA regelt (eine lockere Verpackung der DNA ermöglicht das Ablesen der Gene). Offensichtlich ist der Histon-Code, insbesondere der von H3 und H4, zwischen *Capsaspora* und allen anderen Eukaryoten in hohem Maße konserviert (Sebé-Pedrós 2016), also sehr ähnlich. **Diesen Befund kann man auch so deuten, dass der Histon-Code nicht evolvierte, sondern einfach von Beginn des eukaryotischen Lebens an vorhanden war.** In der Tat tauchen („emerge“) spezifische Enhancer- und Promotor-Merkmale gemäß phylogenetischer Analysen an der Basis der Metazoa auf, zusammen mit der Expansion und Umgestaltung von Transkriptionsnetzwerken und nicht-kodierenden RNA-

Systemen, die eine fein abgestimmte räumlich-zeitliche Kontrolle der Genexpression ermöglichen. All dies ist bei dem einzelligen Symbiont *Capsaspora* vorhanden. **Dies lässt sich aus Schöpfungsperspektive so deuten, dass *Capsaspora* gar kein Modell für die Evolution der Vielzelligkeit ist, sondern dass es sich um einen degenerierten Organismus handelt, der gerade dabei ist, Information zu verlieren, die er möglicherweise einst für mehrzellige Stadien genutzt hat.** Die symbiotische Lebensweise von *Capsaspora* könnte tatsächlich darauf hindeuten, dass die Evolutionsbiologen die Reihenfolge der Ereignisse verkehrt herum interpretieren. Die Fähigkeit, Aggregate (mit unbekannter Funktion) zu bilden, könnte das letzte Überbleibsel der sich sexuell fortpflanzenden Stadien sein. Ein Relikt aus einer einst guten Schöpfung.

Quellen

Borger P (2020) Rezension: Der Funke des Lebens, Nick Lane. https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/Rezension_Lane-1.pdf.

Ferrer-Bonet M & Ruiz-Trillo I (2017) Quick Guide: *Capsaspora owczarzaki*. *Current Biology* 27, R825–R832. [https://www.cell.com/current-biology/pdf/S0960-9822\(17\)30640-1.pdf](https://www.cell.com/current-biology/pdf/S0960-9822(17)30640-1.pdf).

Martin WF et al. (2015) Endosymbiotic theories for eukaryote origin. *Philos. Trans. R Soc. Lond. B Biol. Sci.* 370, 20140330.

Ros-Rocher N et al. (2023) Chemical factors induce aggregative multicellularity in a close unicellular relative of animals, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 120, e2216668120, <https://dx.doi.org/10.1073/pnas.2216668120>.

Roach A (2023) Earliest animal likely used chemical signaling to evolve into multicellular organism. *Phys.org*, 25.04.2023, <https://phys.org/news/2023-04-earliest-animal-chemical-evolve-multicellular.html>.

Sebé-Pedrós A et al. (2016) The Dynamic Regulatory Genome of *Capsaspora* and the Origin of Animal Multicellularity. *Cell* 165(5):1224-1237. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC4877666/>.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n315.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.02.09 Der einfachste Vielzeller kommt groß heraus

Besondere Aufmerksamkeit erhielt Anfang des Jahres der sehr einfach gebaute Vielzeller *Trichoplax adhaerens* (Abb. siehe <https://idw-online.de/de/news297821>). Der zu den Placozoa („Plattentiere“) gehörende Organismus (der einzige Vertreter dieses Stammes) soll der „Urvater“ der Tiere sein. Das nur wenige Millimeter große Geschöpf ist in allen warmen Meeren zu Hause. Ungewöhnlich einfach gebaut ist *Trichoplax* insofern, als nur vier somatische Zelltypen vorkommen (der Mensch besitzt über 200) und es das kleinste Vielzeller-Erbgut besitzt. Das Tier besitzt keine Körperachse, keinen Kopf, keinen Fuß und keine Organe. Daher nimmt *Trichoplax* eine isolierte Stellung im Vergleich zu allen anderen Vielzeller-Stämmen ein (Schierwater et al. 2009, 0036). Aufgrund des überaus einfachen Baus war *Trichoplax* natürlich schon zuvor ein Kandidat für die evolutionäre Position als Urahn der heute lebenden Vielzeller.

Neue umfangreiche Analyse. Nun hat eine umfangreiche Analyse von etwa 9400 genomischen, mitochondrialen, RNA-Struktur- und morphologischen Merkmalen zu neuen überraschenden Erkenntnissen geführt. Unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen ist es nach diesen Daten nicht mehr möglich, eine evolutive Reihe von *Trichoplax* über die Nesseltiere (Cnidarier) und Rippenquallen (Ctenophoren) zu den Bilateriern (zweiseitig symmetrische Tiere) zu rekonstruieren, sondern beide Gruppen müssen als verschiedene Entwicklungsäste innerhalb der Vielzeller interpretiert werden, die sich sehr früh aufgespalten haben (Abb. bei <https://idw-online.de/de/news297821>).

Entgegen mancher Behauptungen in der Presse, dass damit eine bisherige Lücke geschlossen würde, wird eine neue und größere Lücke aufgerissen: Denn nach den neuen Daten müssen *zwei parallele* Übergänge von einem *Trichoplax*-ähnlichen hypothetischen Vorfahren ausgehend erfolgt sein: Zum einen zu einer Gruppe bestehend aus den Schwämmen, Nesseltieren und Rippenquallen und zum anderen zu den Bilateriern, zu denen alle anderen Tiere gehören und die den Großteil aller vielzelligen Tiere ausmachen. Die Lücke zwischen den Placozoa und den Bilateriern ist dadurch größer geworden als zuvor, während die Lücke zu den anderen Gruppen geblieben ist.¹

Die stammesgeschichtliche Position der basalen Vielzeller (Metazoa) (die einfacheren Bilateria, Nesseltiere, Rippenquallen, Schwämme und Placozoa) war bisher sehr kontrovers diskutiert worden, da es viele einander widersprechende Datensätze gibt (Schierwater et al. 2009, 0036 und dortige Fig. 1; vgl. Blackstone 2009). Die Mittlerrolle dieser Gruppen zu den Bilateriern war also bis zuletzt schon problematisch. Die Widersprüche werden durch die neue umfangreiche Analyse nicht aus der Welt geschafft. Der neue Gesamtbefund spricht nun aber für einen neuen, überraschenden Stammbaum mit zwei Hauptästen, die sich *direkt an der Basis* aufzweigen (s. Abb. bei <http://idw-online.de/pages/de/news297821>).

Parallelentwicklung. Warum hatte man bisher eine einzige Evolutionsreihe primitiver Vielzeller angenommen? Der Grund ist, dass eine frühe Trennung der beiden Gruppen eine unabhängige Parallelentwicklung der komplexen Baupläne in beiden Ästen des Baums erfordert. Die Körperachse, das Nervensystem, Sinnesorgane u. a. müssen also zweimal unabhängig (parallel) entstanden sein. Das hatte man nicht erwartet, es muss aber aufgrund der neuen Phylogenie so angenommen werden. Immerhin weisen die Organsysteme der Tiergruppen der beiden Hauptäste durchaus auch deutliche Unterschiede auf, was die Deutung als Parallelentwicklung etwas erleichtert.

Wie konnte es zu einer so weitreichenden Parallelentwicklung kommen? „Die auffallenden Ähnlichkeiten bei mehreren komplexen Merkmalen (wie den Augen) resultierten daraus, dass beide Linien denselben genetischen Baukasten nutzen, der bereits im gemeinsamen Vorfahren vorhanden war“ (Schierwater et al. 2009, 0037).² Wird also das heute lebende *Trichoplax* als Modell für den hypothetischen gemeinsamen Vorfahren aus dem Stamm der Placozoa zugrundegelegt, bedeutet dies, **dass die genetischen Grundlagen bereits vor der morphologischen Komplexität der anderen Vielzellergruppen vorhanden waren.** Auf dieser Basis sei eine Parallelentwicklung der Organe und der Herausbildung der Körperachse nachvollziehbar.²

Ein genetisch komplexer Vorfahr wurde schon seit einiger Zeit angenommen, weil sich gezeigt hat, dass bei verschiedensten Tiergruppen die gleichen Regulationsgene, die für die Bildung von Organen erforderlich sind, aktiv sind (vgl. „Evo-Devo“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41266&Sprache=de&l=2>). Der neue Befund passt in diese Entwicklung, wirft aber wie zuvor schon die Frage auf, wie sich dieser genetisch komplexe Vorfahr entwickeln konnte und wofür er die überraschend reiche genetische Ausstattung überhaupt hat. In einer Pressemitteilung der Stiftung Tierärztliche Hochschule Hannover wird Schierwater zitiert: „Die zugrunde liegenden genetischen Anlagen sind bei allen Tieren sehr ähnlich. Placozoa haben alle Anlagen in ihrem Genom, um ein Nervensystem auszubilden, aber sie machen es nicht. Sie könnten, aber sie müssen nicht.“ Sind die Placozoa also genetisch komplexer als nötig? Kritisch anzumerken ist auch: Der schon in *Trichoplax* vorhandene (und entsprechend beim hypothetischen Placozoa-Vorfahr angenommene) genetische Baukasten ist nur eine notwendige, aber keinesfalls hinreichende Voraussetzung für die (sogar parallele) Entwicklung eines Nervensystems.

Widerspruch zu evolutionärem Grundprinzip. Schierwater erklärt in der genannten Pressemitteilung außerdem: „Diese sehr überraschende Parallelentwicklung von niederen und höheren Tieren widerspricht einem bisherigen Grundprinzip evolutionsbiologischen Denkens, nämlich, dass sich komplexere Formen graduell aus einfacheren Formen ableiten. ... Hier müssen wir wohl umdenken.“ Das Paradigma „von einfach nach komplex“ muss aus zwei Gründen überdacht werden: Zum einen muss der anzunehmende gemeinsame Vorfahre aller Vielzeller unerwartet komplex gewesen sein (s. o.). Zum anderen betrifft das Umdenken die Stellung der „niederen Tiere“ (Nesseltiere, Rippenquallen und Schwämme): Sie stehen nun nicht mehr an der Basis der Bilaterier. Die „höheren Tiere“ können auf der Basis der Ergebnisse von Schierwater und Mitarbeitern nicht mehr von diesen abgeleitet werden. Die oben erwähnten Unterschiede im Bau der Organe erscheinen unter dem Eindruck der neuen Befunde und des dadurch erforderlichen Umdenkens offenbar in einem neuen Licht.

Dieses Umdenken zeigt einmal mehr die Flexibilität von Evolutionstheorien, die sich hier darin zeigt, dass sogar ein „Grundprinzip evolutionsbiologischen Denkens“ (Schierwater) widerlegt werden kann, ohne dass der Theorie der geringste Schaden entsteht. Durch die neuen Erkenntnisse wird das Problem der Entstehung weiter zurückverlegt, doch dabei wird es immer schwerer, die erstmalige evolutive Entstehung der ursprünglich schon vorhandenen Komplexität nachzuvollziehen.

Man kann gespannt sein, wie die weitere Entwicklung der Forschung verlaufen wird. Zur Stammesgeschichte der Tiere ist sicher das letzte Wort noch lange nicht gesprochen.

Anmerkungen

¹ Vergleiche dazu die Statements von Blackstone (2009): „Certainly, a broad literature supports the notion that there are enormous differences between bilaterians and these other early evolving animals. Considerations of regulatory gene evolution, the evolution of the germ line, and patterns of development and aging all suggest a wide gulf between bilaterians and other basal groups.“ Und: „While Schierwater and colleagues have set a new methodological standard for subsequent studies, their results also suggest a gap in our current knowledge: we need a clearer picture of the base of the bilaterian tree to fully understand animal evolution.“

² „The striking similarities in several complex characters (such as the eyes) resulted from both lineages using the same basic genetic tool kit, which was already present in the common ancestor. The study identifies Placozoa as the most basal diploblast group and thus a living fossil genome that nicely demonstrates, not only that complex genetic tool kits arise before morphological complexity, but also that these kits may form similar morphological structures in parallel.“

Quellen

Blackstone NW (2009) A New Look at Some Old Animals. PLoS Biol 7(1):
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000007>

Schierwater B, Eitel M, Jakob W, Osigus HJ, Hadrys H, Dellaporta SL, Kolokotronis SO, DeSalle R (2009) Concatenated Analysis Sheds Light on Early Metazoan Evolution and Fuels a Modern „Urmetazoon“ Hypothesis. PLoS Biol. 7(1):
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pbio.1000020>

Von Brethorst S (2009) Unerwartete Evolution.
<http://idw-online.de/pages/de/news297821> (Pressemitteilung)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n122.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.06.06 Die Endosymbiontenhypothese: Makroevolution oder Intelligent Design?

Nach der Endosymbionten-Hypothese (ESH) sind die Zellorganellen **Mitochondrien** und **Plastiden** durch die Aufnahme (**Endosymbiose**) eines zellkernlosen Einzellers in einen anderen Einzeller entstanden. Diese beiden Organismen sind demnach eine Partnerschaft eingegangen, die zur gegenseitigen Abhängigkeit führte. Die ESH wird vor allem durch vergleichende Studien begründet (zellulärer Aufbau, Biochemie, Erbgut von Wirt und Endosymbiont). Der hypothetische Vorgang der erstmaligen Aufnahme eines Endosymbionten wirft nach heutiger verbesserter Kenntnislage jedoch mehr Fragen auf als noch vor 20 Jahren. Als bewiesen kann die ESH derzeit nicht gelten und sie bietet auch keine Hinweise für die *Mechanismen* einer Makroevolution.

Zu dieser Einschätzung gelangt Genesisnet-Autor Gregor Wagner in einem ausführlichen Beitrag zur ESH (Experten-Text: Endosymbionten-Hypothese, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41308&Sprache=de&l=2>), der seit kurzem online ist. Einen kurz gefassten Überblick bietet der ebenfalls mittlerweile verfügbare Interessierten-Text: Endosymbionten-Hypothese, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41308&Sprache=de&l=1>. Die Schlussfolgerungen dieses kürzeren Textes seien hier wiedergegeben:

Morphologische und biochemische Merkmale sowie Sequenzvergleiche von Genen und Proteinen oder gesamten Genomen (= Erbgut) und Proteomen (= Gesamtheit aller Proteine eines Organismus) – und somit das Ähnlichkeitsargument (vgl. Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>) – gelten als hauptsächliche Belege für die ESH. Eine zentrale Schwäche der ESH ist der Wegfall ihrer ursprünglichen Grundlage – der Vorteil der Symbiose eines Wirtes mit einem energieliefernden Endosymbionten. Mitochondrien unterscheiden sich von ihren mutmaßlichen Vorfahren, den Prokaryoten, in einem Großteil ihrer funktionellen Einheiten. Ein hochkomplexes und miteinander verwobenes System aus Expression (= Ausprägung des Erbguts), Translation (= Übersetzung Gene in Proteine), und Protein-Import benötigt neue Transporter, Translokasen und Proteasen, die selbst aus komplizierten Proteinkomplexen bestehen. **Nach einem Transfer vom Endosymbionten in das Kerngenom müsste eine aufwändige Co-Evolution dieser sämtlichen Komponenten erfolgt sein. Deren Ablauf ist unbekannt.** Aufgrund von Merkmalswidersprüchen sind bei den Mitochondrien sowohl die Identität des Wirtsorganismus als auch die des Endosymbionten unklar.

Der Autor gelangt im Experten-Text „Endosymbionten-Hypothese“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41308&Sprache=de&l=2>) unter anderem zu folgenden Schlussfolgerungen, die im Einzelnen ausführlich begründet und mit zahlreichen aktuellen Literaturzitatzen aus der evolutionstheoretischen Forschung belegt werden:

- **Die Endosymbionten-Hypothese (ESH) erlebte im Laufe der vergangenen Jahrzehnte einen erheblichen Wandel in ihren stützenden Argumenten.** Mechanismen, die lange Zeit plausibel erschienen, verloren durch fortlaufende Forschung ihre Aktualität. Der Wegfall der Bereitstellung von Energie als Initiator der Endosymbiose und ihrer Triebfeder stellt eine deutliche Schwächung der ESH dar. Die Hauptargumente für Verwandtschaft von Prokaryoten und Organellen basieren weiterhin auf Ähnlichkeit.
- **Auf der Suche nach Vorläufer-Kandidaten für einen hypothetischen Wirt und einen Endosymbionten wurden kaum Fortschritte erzielt,** obwohl in den letzten zwei

Jahrzehnten zu den morphologischen und biochemischen Markern eine große Zahl vergleichender Genom- und Proteom-Daten hinzugekommen sind. Es muss weiterhin nach dem „mysterious symbiont“ gesucht werden.

- **Der evolutionäre Graben zwischen Prokaryoten und Eukaryoten ist derzeit tiefer und die Beschaffenheit des Endosymbionten, der ein Mitochondrium aufgenommen hat, ist unklarer als je zuvor.** Im Gegenzug etabliert sich zunehmend die Sicht, dass die Entstehung der Eukaryoten und das Auftreten von Mitochondrien als Organellen Teil desselben Ereignisses sind.
- **Entgegen sämtlicher Erwartungen der ESH ergibt die aktuelle Menge an unterschiedlichen Daten keine genaueren Stammbäume als früher, und die Entstehung von Mitochondrien ist in ihren Details heute weitaus weniger verstanden als sie in den 1990er Jahren zu sein schien.** Die unterschiedlichen Analyse-Methoden brachten keine übereinstimmenden Ergebnisse, weshalb die Verwandtschaft der eukaryotischen Hauptgruppen unklar bleibt.
- **Gleichzeitig stellt sich jedoch auch immer mehr eine enorme Komplexität der physiologischen Zusammenhänge zwischen Eukaryoten-Zelle und Organellen heraus.**
- **Trotz der aktuellen Daten- und Ergebnis-Situation, trotz der Widersprüchlichkeit vieler Resultate und trotz der Verlustes wesentlicher Schlüssel-Argumente nehmen viele Autoren in Nebensätzen die ESH als grundsätzlich bewiesen an.** Es scheint, als ob die hier zusammengestellten Ergebnisse der ESH-Literatur und deren Schlussfolgerungen nicht wahrgenommen werden. Vielmehr fungiert die Evolutionsanschauung offenbar als Voraussetzung für alle Deutungen, und ein kritisches Hinterfragen dieser Voraussetzung scheint nicht zulässig zu sein.

Schließlich stellt der Autor auch einige Überlegungen zu einer alternativen Interpretation der Datenlage im Rahmen der **Schöpfungslehre** an. Gerade eine Reihe neuerer Befunde legt Planung und durchdachte Konstruktionen und Mechanismen nahe. Diese Befunde widerlegen einen häufig vorgebrachten Kritikpunkt am Konzept des „Intelligent Design“ (ID), dass nämlich dieser Ansatz Forschung verhindere. Das Gegenteil ist der Fall: **Der ID-Ansatz braucht und fördert Forschung, weil nur dadurch Indizien für Planung gefunden werden können – oder auch nicht:** der Ausgang ist – wie bei jedem wissenschaftlichen Ansatz – offen; der ID-Ansatz kann scheitern.

Der Autor schließt seinen Artikel mit der Feststellung: „Auch wenn die ESH weiterhin in einigen Aspekten einen guten und interessanten Erklärungsansatz bietet, weist sie doch erhebliche Schwächen auf und ist nicht als die einzig denkbare Hypothese zu verstehen.“

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n66.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Abiogenese: Herkunft des Lebens

08.09.23 Hat sich die Minimalzelle weiter entwickelt?

In den Medien wurde in letzter Zeit mehrfach über „die Evolution der einfachsten Zelle“ berichtet (Moger-Reischer et al. 2023; Menne 2023). Es handelt sich um eine Variante des Bakteriums *Mycoplasma mycoides*, ein im Stoffwechsel reduzierter Endoparasit. Mit 901 Genen ist *M. mycoides* der kleinste der Wissenschaft bekannte Organismus, der aber nicht selbständig in der Natur, sondern nur im Darm von Wiederkäuern überlebt. Davon leiteten Wissenschaftler durch Kürzungen im Erbgut die sogenannte Minimalzelle, JCVI-syn3B, mit 493 Genen ab (Pelletier et al. 2021). Entwickelte sich diese Variante im Labor nun weiter? Oder geschieht etwas, was wir von sich reproduzierenden Systemen erwarten: die Optimierung der Replikation? Es stellt sich heraus, dass „die Evolution der Minimalzelle“ nichts anderes ist als der Gewinn des Reproduktionswettbewerbs ohne einen Nettogewinn an biologischer Information.

Ein Gedankenexperiment: Was ist Evolution?

Beginnen wir mit einem Gedankenexperiment, um festzustellen, was in der experimentellen Forschung üblicherweise mit „Evolution“ gemeint ist. Wir starten mit einem lebenden Bakterium in einem mit Brühe gefüllten Laborkolben, dem jedoch eine Kohlenstoffquelle fehlt, d. h. wir verwenden eine Brühe, die alle für das Bakterium notwendigen Nährstoffe außer z. B. Glukose enthält. Glukose ist ein Zucker, den das Bakterium als Baustoff- und Energiequelle für die Bildung neuer Zellen verwendet. In einem Medium ohne Glukose wird sich das Bakterium nicht vermehren können; es wird sich nicht teilen. Anschließend stellen wir einen Hebel um, damit Glukose in den Kolben hineinfließen kann. Weil es jetzt eine essenzielle Bau- und Energiequelle gibt, beginnt sich die Mikrobe zu teilen. Unter optimalen Bedingungen benötigt das Bakterium nur zwanzig Minuten, um eine Tochterzelle zu produzieren. Das Bakterienwachstum ist exponentiell. Nach einem Tag haben wir eine Brühe mit Milliarden von Bakterien. Sie sind nicht identisch, weil Bakterien eine natürliche Tendenz zur Veränderung haben. Die Genome (das komplette Erbgut) von Bakterien sind in einem kontinuierlichen *State of Flux*, das heißt, die Genome werden ständig neu angeordnet. Einige Bakterien können genetisches Material verlieren, während andere Bakterien Teile ihres Genoms verdoppeln. **Obwohl das Experiment mit einem einzigen bakteriellen Genom begann, wird nach mehreren Runden Zellteilung keines der bakteriellen Genome gleich sein.** Mit einem Mikroskop kann man das zwar nicht feststellen, aber genetisch und biochemisch sind sie verschieden. Sie sind nicht mehr genauso wie das Bakterium, mit dem das Experiment begonnen wurde. Und in der Brühe gibt es nach einem Tag kaum noch zwei Mikroben, die genau gleich sind.

Wenn wir nun den Zu- und Ablauf zu bzw. von dieser Brühe entsprechend regulieren, können wir eine stationäre Kultur schaffen, in der die Zuckerkonzentration und die Bakterienkonzentration konstant sind. Unter diesen Bedingungen ist der einzige relevante Parameter, durch den sich die Bakterien unterscheiden, die Fähigkeit, Glukose im Stoffwechsel zu verarbeiten. Jetzt wird der Organismus mit der kürzesten Teilungsperiode – das ist der schnellste Replikator – in der Häufigkeit zunehmen. Einfache mathematische Überlegungen zeigen, dass die Anzahl der schnellsten Replikatoren viel schneller zunimmt als die der langsameren, so dass erstere nach einiger Zeit die gesamte Population dominieren. Wenn wir die Mikroorganismen weiter kultivieren, stellen wir fest, dass die Mikrobenmasse

größtenteils aus schnellsten Replikatoren besteht. Da die Teilungszeit ein messbares Merkmal ist, werden die Biologen nun sagen, dass ein Organismus mit einer erhöhten Fortpflanzungsrate (oder einer verkürzten Fortpflanzungsperiode) evolviert ist. Wenn es einem der Bakterien gelingt, seine Fortpflanzungszeit auch nur minimal zu verkürzen, wird diese Variante nach einer ausreichenden Anzahl von Replikationsrunden die gesamte Kultur ausmachen. Das Ergebnis dieses Gedankenexperiments ist klar: Die Selektion wirkt sich dahingehend aus, wie schnell sich Organismen innerhalb einer Population vermehren.

Erweitern wir das Experiment: Was würde passieren, wenn wir ein Antibiotikum, das die Reproduktion der Mikroben beeinträchtigt, in das System einführen würden? Es ist jetzt nicht nur wichtig, Glukose abbauen zu können, sondern ebenso wichtig, mit diesem Antibiotikum umgehen zu können. Wir lassen den Glukose-Zufluss unverändert und beginnen mit der Zugabe von Antibiotika in einer sehr niedrigen Konzentration. Wenn wir zu viel auf einmal hinzufügen, würden alle Mikroben sofort sterben. Um eine natürliche Selektion zu realisieren, müssen wir mit einer geringen Konzentration an Antibiotika beginnen, damit genügend Mikroben am Leben bleiben. Obwohl die Teilungszeit aufgrund des Vorhandenseins des Antibiotikums etwas länger ist, wird es immer noch einige Bakterien geben, die sich schneller vermehren als andere und dadurch mehr Nachkommen produzieren als die anderen Bakterien. Und wieder sind es die schnellsten Zellteiler, die nach gewisser Zeit in der gesamten Zuchtkultur vorherrschen werden. Anscheinend ist das Tempo, mit dem sich Organismen unter den gegebenen Umständen multiplizieren, das Auslese Kriterium. Es stellt sich heraus, dass die Reproduktionsfähigkeit – Evolutionsbiologen reden von *Fitness* – immer das Kriterium ist, welches das Ergebnis der Auslese-Experimente bestimmt, zumindest in Bakterienkulturen unter den gegebenen Randbedingungen.

Das Replikatorgesetz

Mit diesen Gedankenexperimenten haben wir eine wesentliche Gesetzmäßigkeit reproduzierender Systeme verdeutlicht: Die Auslese (Selektion) begünstigt unter sonst gleichen Bedingungen diejenigen Organismen, die sich am schnellsten vermehren. Das ist auch in natürlichen Populationen so. Die Existenz einer Population wird letztlich nur gesichert durch Fortpflanzung. „Reproduziere oder krepriere“ ist ein wichtiger biologischer Grundsatz. Würde die Reproduktionsrate die Sterberate nicht übertreffen, wäre eine Population von Organismen schnell dezimiert und würde schließlich aussterben. Dieses Gesetz gilt für alle biologischen Systeme und Populationen, sonst würden wir diese Lebewesen nicht vorfinden. Es gilt für rezidivierende (wiederkehrende) Krebszellen, für die klonale Selektion von Immunzellen, für Viren, und ebenso für die Bildung von Geschlechtszellen. Die schnellsten Replikatoren gewinnen immer das Rennen! Nicht die komplexesten Varianten, die die meisten Gene besitzen, sondern die, die sich (unter den vorherrschenden Umweltbedingungen) am schnellsten vermehren, gewinnen. Dies ist das Prinzip des Überlebens des Fittesten („survival of the fittest“).

Die Forscher, die in der Zeitschrift *Nature* über die Evolution der Minimalzelle berichteten, stellten fest, dass die Minimalzelle, JCVI-syn3B, eine außergewöhnlich hohe Mutationsrate aufweist (Moger-Reischer et al. 2023). Dies ist nicht überraschend, da alle Gene, die nicht direkt für die Fortpflanzung benötigt werden, in dieser Variante entfernt wurden, also auch diejenigen Gene, die normalerweise die DNA ordnungsgemäß reparieren würden. Durch diesen Wegfall treten Mutationen häufiger auf. Außerdem stellten sie fest, dass der neue Stamm im Vergleich zu den ursprünglichen Minimalzellen (Ausgangsstamm JCVI-syn3B) eine um 39 Prozent höhere Reproduktionsrate aufwies: Als die Evolutionsbiologen die „weiterentwickelten“ Zellen mit „ursprünglichen“ Minimalzellen kultivierten, übernahmen

die „weiterentwickelten“ JCVI-syn3B die Kontrolle und verdrängten sie. Die Autoren schreiben, dass der neu entwickelte Stamm „die gesamte Fitness“ wiedererlangt hat, die verloren ging, als das Genom künstlich verkleinert wurde und dadurch viele seiner Gene verloren gingen.

Es ist offensichtlich, dass der Begriff „Fitness“ mit der Reproduktionsrate unter den gegebenen, in diesem Fall künstlichen, Umweltbedingungen korreliert und nicht mit dem Erwerb neuer Fähigkeiten. Die Daten dieses Laborexperiments stimmen also mit dem überein, was wir nach dem Gesetz der sich reproduzierenden Systeme erwarten würden: Die Selektion betrifft immer die Reproduktionsrate. Die schnellsten Replikatoren ersetzen die jeweils langsameren (Borger 2018).

Schlussfolgerung

Für einen innovativen Evolutionsprozess, in dem sich der Mensch aus niederen Organismen entwickelt hat, muss es einen kontinuierlichen Eintrag neuer genetischer Informationen geben, also codierte Anweisungen, die dem Organismus einen Fortpflanzungsvorteil (erhöhte Fitness) verschaffen. Mit anderen Worten: Sie erfordert neue biologische Information und damit auch neuartige Gene. In der Veröffentlichung in *Nature* werden weder neue Gene noch neue codierte Information oder neue genetische Anweisungen erwähnt. Letztes Jahr, als der Vorabdruck dieses Artikels bei BioArXiv veröffentlicht wurde, habe ich mich mit den Autoren in Verbindung gesetzt und sie gefragt, ob die beobachtete erhöhte Fitness mit der Evolution neuer Gene zusammenhängt. Leider haben sie auf meine wiederholte Bitte, meine einfache Frage zu beantworten, nie geantwortet. Ich vermute daher, dass dieses Experiment, das eine erhöhte Fitness zeigt, nicht mit neuen Genen verbunden ist. Demgemäß bestätigt dieses Experiment nur das Gesetz der Replikatoren. Mit innovativer Evolution hat es nichts zu tun. Die JCVI-Syn3B Zellen haben sich also nicht innovativ weiterentwickelt, sondern lediglich ihre Replikationszeit verkürzt, wie man es nach dem oben beschriebenen Replikatorgesetz erwarten würde. **Innovative Evolution ist nicht einfach nur eine erhöhte Reproduktionsrate.** Von einer tatsächlichen Weiterentwicklung könnte nur gesprochen werden, wenn die Reproduktionsrate mit einer erhöhten biologischen Komplexität einherginge. Das ist aber nicht die beobachtete biologische Realität, sondern lediglich eine Annahme.

Quellen

Borger P (2018) Darwin Revisited – Or how to understand Biology in the 21st century. Scholars Press, pp 30–45.

Moger-Reischer RZ et al. (2023) Evolution of a minimal cell. *Nature* 620, 122–127, <https://www.nature.com/articles/s41586-023-06288-x>.

Menne K (2023) Auch mit wenig Erbgut gelingt Evolution. *Spektrum. News* 08.07.2023, <https://www.spektrum.de/news/auch-mit-wenig-erbgut-gelingt-evolution/2157744>.

Pelletier JF et al. (2021) Genetic requirements for cell division in a genomically minimal cell. *Cell* 184, 2430–2440, <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.03.008>.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n319.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.06.23 Die Sauerstoffkatastrophe: Revolution oder Storytelling?

Nach gängiger Evolutionslehre soll in der «großen Sauerstoffkatastrophe» vor 2,4 Milliarden Jahren die Erdatmosphäre mit Sauerstoff angereichert worden sein. Doch Indizien sind dürftig und die Probleme groß.

Viele Dinge, die wir für selbstverständlich halten, erweisen sich bei näherer Betrachtung als überaus staunenswert. Da ist zum Beispiel der Umstand, dass das Universum dank einer äußerst exakt eingestellten Architektur von Naturgesetzen besteht oder die verwunderliche Tatsache, dass dies anhand der Sprache der Mathematik für uns Menschen verstehbar ist. Im Hinblick auf Letzteres sprach der Physik-Nobelpreisträger Eugene Wigner von «einem Geschenk, das wir weder verstehen noch verdienen». Ebenso wenig Verwunderung gibt es bezüglich der Zusammensetzung der Erdatmosphäre. Unzählige Menschen atmen ihr ganzes Leben lang Tag für Tag, ohne sich auch nur einen Moment bewusst zu werden, dass wir dies einer absolut einmaligen, privilegierten Situation unseres Planeten zu verdanken haben: dem hohen Atmosphärenanteil an *molekularem* Sauerstoff (O₂) von knapp 21 Prozent. Das chemische Element Sauerstoff ist im Universum zwar vergleichsweise häufig, doch liegt es nur sehr selten in der molekularen Form vor. Und ausgerechnet auf unserem Planeten haben wir so viel davon.

Das Molekül O₂ weist einige Besonderheiten auf: Es ist chemisch eher labil und geht leicht Reaktionen mit anderen Molekülen ein. Es würde daher relativ schnell verschwinden, wenn es nicht durch Organismen ständig nachproduziert wird. Aufgrund seiner Eigenschaften ist O₂ für Lebewesen beides zugleich: Segen und Fluch – lebensnotwendig und doch ein Gift. Dabei ist nicht O₂ selbst giftig, sondern dessen Abbauprodukte in der Zelle, die wegen ihrer hohen chemischen Reaktivität als reaktive Sauerstoffspezies (reactive oxygen species, ROS) bezeichnet werden. ROS gehen leicht chemische Reaktionen mit vielen Proteinen und DNA ein und verändern dadurch deren Struktur und Funktion. Die Belastung von Lebewesen durch ROS wird als «oxidativer Stress» bezeichnet und ist der hauptsächliche Grund dafür, dass Lebewesen altern. Um es bildhaft zu beschreiben: Wir rosten ständig – ob wir rasten oder nicht. Darüber hinaus darf es weder zu wenig noch zu viel Sauerstoff in der Atmosphäre geben. Sinkt der Volumenanteil an O₂ unter 17 Prozent, überleben viele Organismen nicht lange. Steigt der Anteil auf 30 Prozent oder mehr, kommt es häufig zu spontanen Waldbränden. Es stellt sich also die naheliegende Frage: Wie ist es dazu gekommen, dass die Erdatmosphäre einen so hohen Gehalt an O₂ hat?

Die große Sauerstoffkatastrophe

Da molekularer Sauerstoff von Organismen (Pflanzen, Cyanobakterien, Kieselalgen) erzeugt wird, liegt es nahe, dass dessen Ursprung mit der Herkunft des Lebens zusammenhängt. Die Standardantwort auf Lebensursprungsfragen in Wissenschaft, Medien und Bildungsinstituten lautet aktuell «Evolution». Aus simplem soll durch natürliche Vorgänge komplexes geworden sein, aus defizitärem vollkommenes. Aus kleinen organischen Molekülen sollen durch chemische Reaktionen Bausteine des Lebens entstanden sein, die sich anschließend zu hochkomplexen Zellen organisierten. Es gibt eine große Vielfalt an untereinander konkurrierenden Erklärungsversuchen, wie das geschehen sein soll. Einigkeit besteht lediglich darin, dass der Ursprung des Lebens ausschließlich in natürlichen Prozessen verortet werden kann.

O₂ stellt dabei jedoch ein schwerwiegendes Problem dar, da es die Entstehung molekularer Bausteine des Lebens wie Proteine, DNA (Erbguts substanz), Vitamine, Fette und Zucker wirksam verhindert. Viele organische Moleküle, aus denen die Bausteine des Lebens entstehen könnten, reagieren nämlich unter Abgabe von Elektronen an O₂. Dadurch verändern sich ihre Gestalt und chemische Eigenschaften derart, dass sie nicht mehr zu Proteinen, DNA etc. reagieren können. Ebenso neigen aber auch die Bausteine des Lebens selbst zu Elektronenübertragungsreaktionen mit Sauerstoff, sodass sie in einer sauerstoffreichen Atmosphäre nicht lange erhalten bleiben können. Der Glaube an eine Entstehung erster Zellen durch eine Verkettung chemischer Reaktionen (chemische Evolution) setzt daher zwingend voraus, dass die frühe Erdatmosphäre höchstens äußerst geringe Mengen O₂ enthielt. Davon waren auch die Pioniere der Lebensursprungsforschung A. I. Oparin und J. B. S. Haldane in den 1920er Jahren überzeugt – ohne ihre Hypothesen experimentell geprüft zu haben. Oparins Werk beeinflusste maßgeblich die berühmt gewordenen Miller'schen «Ursuppen-Experimente» in den 1950er Jahren, die damals eine große Euphorie unter Wissenschaftlern und Journalisten auslösten. Die Entstehung zweier biologisch relevanter Aminosäuren in nennenswerter Menge und einiger weiterer Aminosäuren in Spurenmengen waren ausreichend für eine weltweite Begeisterung in der Wissenschaftler-Community. Dass S. L. Miller dabei ebenso wie Oparin eine sauerstofffreie Erdatmosphäre zu Beginn der Erdgeschichte annahm, weil er die Entstehung erster Organismen durch chemische Evolution einfach voraussetzte, war offenbar kein Hinderungsgrund für die breite Akzeptanz der Hypothese.

Miller selbst kündigte nach seinen Versuchen optimistisch an, dass das wohl größte Rätsel der Wissenschaft – die Frage nach dem Ursprung des Lebens – in circa 25 Jahren gelöst werden würde. Gegen Ende seiner Laufbahn gestand er allerdings ein, dass alle Hypothesen zum Ursprung des Lebens nicht überzeugend seien. Miller bezeichnete sie als «Unsinn» oder «chemische Kopfgeburten».1 Von der breiten Öffentlichkeit wurden solche Einsichten aber nicht wahrgenommen und das evolutionstheoretische, als wissenschaftlich bezeichnete Narrativ etablierte sich praktisch kritiklos. Nur wenige wundern sich über die durchweg positive Darstellung der Miller-Experimente. Der Hamburger Professor für Polymerchemie, Hans R. Kricheldorf, äußert dazu eine ansonsten kaum vertretene Position: «Fasst man die [...] Kritikpunkte zusammen, bleibt nur die Schlussfolgerung, dass die Versuche von Miller vor allem gezeigt haben, wie eine chemische Evolution von Proteinen *nicht* stattgefunden haben kann. Es ist schon erstaunlich, dass auch noch in Büchern, die in den letzten 20 Jahren geschrieben wurden, die Miller'schen Experimente *nur* in positivem Licht präsentiert werden [...]»2 (Hervorhebungen hinzugefügt).

Inzwischen halten viele Wissenschaftler es für unkontrovers (besser «gegeben»?), dass vor etwa vier Milliarden Jahren, als die ersten Organismen entstanden sein sollen, eine nahezu sauerstofffreie Atmosphäre den Erdball umschloss. Im Verlauf von ungefähr einer Milliarde Jahren sollen Einzeller entstanden sein, die mithilfe einer angeblich primitiven Form der Photosynthese Licht als Energiequelle nutzten, ohne dabei Sauerstoff zu erzeugen. Durch Evolution sollen dann Photosynthese betreibende Organismen entstanden sein, die Sauerstoff als Abfallprodukt generierten. Diese Kleinstlebewesen werden aktuell mehrheitlich als Cyanobakterien identifiziert. Sie sollen vor ca. 2,4 Milliarden Jahren eine Anreicherung der Atmosphäre mit Sauerstoff bewirkt haben – und folglich ein Massensterben nicht sauerstoff-resistenter Organismen. Dieser hypothetische Vorgang wird als «große Sauerstoffkatastrophe» oder auf Englisch als «Great Oxygenation Event» bezeichnet.

Aus der Perspektive der Evolutionslehre kann die Relevanz dieses angenommenen Ereignisses kaum überschätzt werden. Glaubt man an eine gemeinsame Abstammung aller

Lebewesen, dann ist die Entwicklung der Sauerstoff-generierenden Biochemie bedeutend wichtiger als diejenige des Skeletts von Wirbeltieren oder des Vogelflugs. Dementsprechend sparen Autoren wissenschaftlicher Fachartikel nicht an rhetorischen Zuspitzungen, wenn sie auf die Bedeutung der «großen Sauerstoffkatastrophe» zu sprechen kommen. Beispielsweise beschreiben die Biologen Hohmann-Marriott und Blankenship das hypothetische Szenario in einem Artikel wie folgt: «Die *Erfindung* der sauerstofferzeugenden Photosynthese und der anschließende Anstieg des atmosphärischen Sauerstoffs vor etwa 2,4 Milliarden Jahren haben die energetischen und enzymatischen Grundlagen des Lebens *revolutioniert*»³ (Hervorhebungen hinzugefügt).

Eigentlich fällt die Frage, ob es zu Beginn der Erdgeschichte eine sauerstofffreie Atmosphäre gab und später eine Anreicherung mit Sauerstoff stattfand, stärker in den Zuständigkeitsbereich von Geowissenschaftlern als Chemikern oder Biologen. Doch unter Geologen vor der Zeit von S. L. Miller war die Lehrmeinung, es habe eine große Sauerstoffkatastrophe vor 2,4 Milliarden Jahren gegeben, unbekannt. Erst nach dem Rummel um die Miller-Experimente in den 1950er Jahren gewann diese Sichtweise an Bedeutung. Eine der frühesten Arbeiten zu diesem Thema stammt aus dem Jahr 1965.⁴ Die Autoren der Arbeit spekulierten, dass der Anstieg der Sauerstoffkonzentration einige Entwicklungssprünge in der Evolution erklären würde und es ermögliche «die Geschichte der Erde aus einer ganz neuen und fortschrittlicheren Perspektive zu betrachten».

Indizien?

Befunde, die als Indizien für die «größte biologische Revolution» gewertet werden sind eher bescheiden und alles andere als sicher. Fossil erhaltene Mikroorganismen sind sehr selten und erlauben keine sicheren Schlussfolgerungen bezüglich ihrer biochemischen Ausstattung. Daher beruhen Hypothesen zur «Sauerstoffkatastrophe» allesamt auf indirekten Rückschlüssen aus chemischen Markern, das heißt dem Vorkommen bestimmter Mineralien oder dem Verteilungsmuster von Isotopen in Gesteinsschichten. Für einen wichtigen «Zeugen» der Sauerstoffanreicherung der Erdatmosphäre halten viele das Vorkommen von mächtigen Gesteinsschichten mit einem hohen Anteil an dem eisenhaltigen Mineral Hämatit – so genannte präkambrische Bändereisenerze. Es wurde vermutet, dass diese Schichten in der frühen Erdgeschichte durch Reaktion eisenhaltiger Erdkrustenbestandteile mit dem entstehenden Sauerstoff gebildet wurden. Allerdings gibt es auch einige andere Prozesse, die zur Entstehung solcher Gesteinsschichten beitragen können – sogar die Stoffwechselaktivität bestimmter Bakterien. Daher geben einige Wissenschaftler zu, dass es unklar ist, wie Bändereisenerze entstanden sind.

Ähnlich verhält es sich auch mit einigen anderen geochemischen Markern. Ihre Interpretation als Hinweise auf eine «Sauerstoffkatastrophe» ist alles andere als zwingend. Nicht selten eilt zudem die Verwendung einer Methode der gründlichen Kenntnis der zugrundeliegenden Mechanismen voraus, wie zwei Wissenschaftler über die Auswertung von Isotopenmustern des Schwefels berichten: «Die Unsicherheiten [der Methode] haben ihre Verwendung als geochemische Marker jedoch nicht verhindert ...»⁵

Probleme

Der spekulative Charakter dieser Forschungsrichtung ist deutlich erkennbar an den aufgestellten Modellen für den Verlauf des Atmosphärenumschwungs. Einige sprechen von mehreren Sauerstoff-Schüben, die der endgültigen allmählichen Anreicherung im Zuge von etwa einer Milliarde Jahre vorangegangen sein sollen. Andere befürworten dagegen eine

schnelle Änderung der Zusammensetzung der Erdatmosphäre im Verlauf von 1-10 Millionen Jahren. Es gibt eine Bandbreite an weiteren Schätzungen, die zwischen den zwei genannten Dauern des Übergangs liegen. Auch hier kann gesagt werden, dass die Einigkeit unter vielen Wissenschaftlern lediglich darin besteht, dass es einen solchen Übergang gegeben haben soll.

Ein weiteres schwerwiegendes Problem ist die notwendige, aber unhaltbare Annahme, die Photosynthese sei durch Evolution entstanden. Notwendig ist diese Annahme, da ohne Photosynthese kein molekularer Sauerstoff beständig nachgebildet werden kann. Die molekularen Apparate, welche die Photosynthese ermöglichen, sind jedoch derart komplex in ihrem Aufbau und effizient in ihrer Funktionsweise, dass eine Entstehung durch evolutionäres «trial and error» völlig absurd erscheint. Jüngste Untersuchungen zeigen, dass der Energietransfer von Photonen (Lichtteilchen) auf Elektronen in den Photosyntheseapparaten mit einer Effizienz von 99 Prozent einhergeht.⁶ Von solchen Konstruktionen können Ingenieure nur träumen. Darüber hinaus versetzt die Gesamtarchitektur der Photosyntheseapparate Wissenschaftler immer wieder in tiefes Staunen. Winzige Abweichungen um einige Angström (ein Angström entspricht dem zehnmillionsten Teil eines Millimeters) von der räumlichen Anordnung der Bauteile würden das System funktionsuntüchtig machen. Das liegt daran, dass bestimmte Elektronenübertragungen (Quantentunnel-Prozesse) nur auf sehr kurzen Distanzen funktionieren.

Außerdem ist der Sauerstoff, wie schon erwähnt, ein Zellgift und die Ursache für so genannten «oxidativen Stress». Versuche an *E. coli* Bakterien haben gezeigt, dass die Hälfte aller wichtigen Organe in nur 20 Minuten beschädigt wird. Daher besitzen alle Lebewesen zugleich mehrere hochkomplexe Abwehr- und Reparaturmechanismen gegen «oxidativen Stress». Wenn also die ersten Kleinstlebewesen Sauerstoff-erzeugende Photosyntheseapparate generiert haben sollen, müssten sie zuvor bereits über die entsprechenden biomolekularen Schutzvorrichtungen verfügt haben. Wenn es aber vorher keinen molekularen Sauerstoff gab, dürfte der Grund fehlen, solche Schutzvorrichtungen zu evolvieren.

Unsere sauerstoffreiche Atmosphäre ist nach bisherigem Wissen im Universum einmalig. Die Erklärung ihrer Entstehung durch Evolution erscheint unhaltbar. Vielmehr bezeugen die zutiefst faszinierenden Zusammenhänge und intelligent angelegten Systeme sowohl in der Geosphäre als auch in den Lebewesen das Werk eines genialen Schöpfers.

Literatur

1. J. Horgan (2000), An den Grenzen des Wissens – Siegeszug und Dilemma der Naturwissenschaften, Fischer Taschenbuch.
2. H. R. Kricheldorf (2019) Leben durch chemische Evolution? Eine kritische Bestandsaufnahme von Experimenten und Hypothesen. Springer Spektrum, Berlin.
3. M. F. Hohmann-Marriot & R. E. Blankenship (2011) Evolution of Photosynthesis. *Annu Rev. Plant Biol.* 62, 515–548.
4. L. V. Berkner & L. C. Marshall (1965), On the Origin and Rise of oxygen concentration of Earth's atmosphere, *J. Atmospheric Sciences*, 22, 225–261.
5. N. Dauphas & E. A. Schauble (2016) Mass-independent effects, and isotopic anomalies. *Annu. Rev. Earth. Planet. Sci.* 44, 709–783.

6. R. Croce & H. van Amerongen (2020) Light harvesting in oxygenic photosynthesis: structural biology meets spectroscopy. *Science* 369, doi:10.1126/science.aay2058.

Dieser Artikel ist unter ähnlicher Überschrift in der Zeitschrift factum 22/6 (<https://factum-magazin.ch/>) erschienen und wurde uns freundlicherweise zur Verfügung gestellt.

Autor dieser News: Boris Schmidtgall

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n317.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.10.21 Evolution der Mehrzelligkeit im Labor: vorprogrammierte Anpassung gegen Fressfeinde?

Aus evolutionstheoretischer Sicht ist die Entstehung der Mehrzelligkeit eine Notwendigkeit für die Evolution höherer Organismen, weil sie die Aufgabenteilung zwischen verschiedenen Zellgruppen ermöglicht. Nach der vorherrschenden Lehrmeinung haben sich mehrzellige Organismen 20-30 mal unabhängig voneinander entwickelt. Daher sollte dieses Merkmal ganz einfach entstehen können. In einer neuen Studie mit Grünalgen wurde kürzlich berichtet, dass sich die Mehrzelligkeit im Labor in weniger als 500 Generationen entwickelt hat. Ein genauer Blick auf die Daten zeigt jedoch, dass es sich um eine programmierte Anpassung handelt, die in der Gegenwart von Raubtieren induziert und/oder selektiert wird.

Kürzlich wurde in *Nature Communications* eine Arbeit mit einem etwas schwer verständlichen Titel veröffentlicht: „The evolution of convex trade-offs enables the transition towards multicellularity“ (Übersetzt: Die Evolution konvexer Trade-offs ermöglicht den Übergang zur Mehrzelligkeit). (Bernardes 2021). Es geht dabei um den Übergang von Einzelligkeit zu Vielzelligkeit.

Der Begriff „Trade-off“ lässt sich am besten mit „Ausgleich“ oder „Abhängigkeit“ übersetzen und ist der englische Begriff für eine gegenläufige Abhängigkeit, d.h. nimmt die eine Größe zu, dann nimmt zugleich die andere ab. Um welchen Trade-off handelt es sich hier? Anders gesagt: was genau ist hier die Abhängigkeit? Die Wissenschaftler fanden heraus, dass sich die Algen in Zellverbänden zwar weniger stark reproduzierten als die einzelligen Varianten, sie das aber durch eine höhere Gesamtüberlebensrate ausgleichen.

Herausforderungen der Vielzelligkeit

Im Rahmen der Evolutionslehre wird davon ausgegangen, dass Mehrzelligkeit entstand, als sich Einzeller in Kolonien zusammenschlossen, um ihre Überlebenschancen zu erhöhen. Dies wird heutzutage auch bei Bakterien in Biofilmen beobachtet. **Damit aus einer Einzellerkolonie aber ein höherer Organismus entsteht, bedarf es einer ganzheitlichen Umstrukturierung der Zellen, denn die Vielzelligkeit stellt große physikalische und biologische Herausforderungen dar.** Zudem muss auch ihr genetisches Informationssystem neu organisiert werden, damit die Programme in den verschiedenen Zellen reguliert werden können. Dies geschieht durch epigenetische Programmierung. Außerdem müssen die Zellen aufeinander abgestimmt sein und miteinander kommunizieren. Große Organismen können nicht einfach als riesige Einzeller existieren, die zu immensen Größen heranwachsen, weil biophysikalische Gesetzmäßigkeiten (Diffusion, Austausch von Signalen usw.) und bioenergetische Beschränkungen (abnehmendes Volumen-Oberflächen-Verhältnis) dies unmöglich machen. Um diese physikalischen Probleme zu überwinden, bedarf es präziser Lösungen. Die zu erfüllenden Funktionen müssen auf verschiedene Zellen aufgeteilt werden, wozu es einer genauen Organisation bedarf. In einzelligen eukaryotischen Organismen geschieht dies mit Hilfe von Organellen wie z. B. Mitochondrien, die auf die Energiegewinnung spezialisiert sind. Um größere Organismen zu bilden, sind spezialisierte Zellgruppen, Gewebe und Organe erforderlich, also mehrzellige Systeme aus spezialisierten Zellen. Mehrzelligkeit ist also eine notwendige Voraussetzung für alle höheren Lebensformen, und dies erfordert neben einem völlig anderen Zelltyp (mit Zellkern und Zellorganellen) auch Abstimmungen zwischen den verschiedenen Zelltypen.

Wie entstand die Vielzelligkeit im Experiment?

Ausgangspunkt für die Studie von Bernardes et al. waren Einzelzelllinien der Grünalge *Chlamydomonas reinhardtii*, ein kernhaltiger, eukaryotischer, photoautotropher Organismus mit allen erforderlichen Zellorganellen. Sie wurden in An- beziehungsweise Abwesenheit eines Räubers, des Rädertierchens *Brachionus calyciflorus*, jeweils sechs Monate lang in einem Medium kultiviert. Nach sechs Monaten (das entspricht etwa 500 Generationen) zeigten alle zehn Zelllinien, die in Anwesenheit des Rädertierchens wuchsen, Kolonien, während in Abwesenheit des Räubers nur 4 von zehn diese Eigenschaft entwickelten. Was bedeuten diese Befunde für die Evolution der Vielzelligkeit? Überhaupt nichts. Es ist vielmehr ein weiteres Beispiel für die Selektion von Merkmalen, die schon zuvor vorhanden waren und dadurch leicht abgerufen werden können, wenn die Algen durch Räuber befallen werden.

Eine naheliegende Frage ist, warum die Forscher mit *Chlamydomonas reinhardtii* begonnen haben, um die Evolution der Vielzelligkeit zu dokumentieren. Diese Gattung (*Chlamydomonas*) ist dafür bekannt, dass sie unter Stressbedingungen mehrzellig werden kann. Die Bildung von Zellgruppen in *C. reinhardtii* kann zum Beispiel durch organische Säuren oder Salzstress ausgelöst werden, schreiben die Autoren. Handelt es sich also um ein bereits vorhandenes, vorprogrammiertes Merkmal, das ohne weiteres aktiviert werden kann? Und damit um einen Weg, der in Gegenwart von Fressfeinden leicht gefunden werden kann, wie der Evolutionsbiologe Andreas Wagner ausführlich darlegte? (Wagner 2017). **Was wäre passiert, wenn die Wissenschaftler um Bernardes von einem Einzeller ausgegangen wären, von dem wir wissen, dass die Gattung, der er angehört, nicht in der Lage ist, Mehrzelligkeit zu erzeugen?** In „The edge of evolution“ sagt Michael Behe voraus, dass sich nichts entwickeln wird, was mehr als vier gleichzeitig auftretende zufällige Mutationen erfordert. Wenn die Evolution der Vielzelligkeit innerhalb dieser Reichweite liegt, sollte sich das Merkmal nach Behe entwickeln können. Sie kann dann als ein vorgegebener Weg betrachtet werden, der Lebewesen hilft, in Stresssituationen zu überleben. Experimentell wäre festzustellen, ob die Veränderung umkehrbar ist, d. h. ob sie mit der Zeit verschwinden und wieder auftauchen kann. Die Umkehrbarkeit würde mit dem übereinstimmen, was wir von einem molekularbiologischen Mechanismus, wie z. B. der Umlagerung von **Transposonen***, erwarten würden. Leider gibt es hierzu bisher keine Daten.

*Transposonen (= Genetisches Element (DNA-Sequenz), das sich im Genom umlagern und somit neue genetische Zusammenhänge erzeugen kann)

Programmierung der Anpassung

Bei verschiedenen Stämmen fanden die Forscher dasselbe Merkmal der Entstehung von Kolonien, das sich mehrmals unabhängig voneinander entwickelte. Dies zeigt, dass diese Anpassung an Fressfeinde kein zufälliger Prozess ist, sondern vorprogrammiert. Von Beginn des Experiments an war klar, dass diese Anpassung in der Population stattfinden würde. Das ist etwas anderes als die ursprüngliche Idee, dass die Wege der Evolution nicht vorhergesagt werden können. Neuere Studien zur molekularen Evolution zeigen ein ähnliches Ergebnis. In dem bekannten Langzeitevolutionsexperiment mit *E. Coli* Bakterien von Richard Lenski wurde ebenfalls beobachtet, dass mindestens zwei Linien separat evolvierender Bakterien unabhängig voneinander zu genau demselben Genregulationsmuster gelangten. Unter mehreren Tausend Genen, die im Genom der beiden Bakterienlinien vorhanden sind, befanden sich lediglich 59, deren Aktivität sich im Lauf des Experiments geändert hatte. Ihre Aktivitäten waren aber nicht willkürlich verändert. Stattdessen war die **Expriemierung** (= Ablesen und Nutzen von Genen) der Gene in beiden Organismen auf genau dieselbe Weise

verändert. Wenn die Aktivität eines bestimmten Gens in Stamm eins zugenommen hatte, dann war das auch in Stamm zwei auch der Fall. Wenn die Aktivität eines anderen Gens in Stamm eins verringert war, dann war das auch in Stamm zwei der Fall – dieses Muster wurde öfter beobachtet. Lenskis Ergebnisse waren beachtenswert, da die genetischen Änderungen eine vorgegebene Richtung anzustreben schienen. (Cooper 2003).

Um die Vielzelligkeit in Grünalgen zu bewirken, war ebenfalls nur die Veränderung einer begrenzten Anzahl von Genen erforderlich. Transkriptomunterschiede zwischen Zellgruppen und Einzelzellen ergaben 76 unterschiedlich exprimierte Gene (57 hochregulierte und 19 herunterregulierte in Gruppen-bildenden Grünalgen). Und der begrenzte Zeitrahmen des Experiments von nur sechs Monaten (<500 Generationen) für die Entwicklung der Mehrzelligkeit ist extrem schnell und bedarf keiner großen Zeiträume, wie sie oft für die Darwin'sche Evolution postuliert werden. Kann dies aber durch Mutation und Selektion geschehen? Obwohl die Forscher eine Sequenzierung des gesamten Genoms durchgeführt haben, berichten sie nicht über die Beteiligung von transponierbaren Elementen, die in Lenskis Experiment die meisten der adaptiven Phänotypen hervorgerufen haben. Dennoch sind sich die Autoren dieser Arbeit darüber im Klaren, dass es sich nicht um einen zufälligen Prozess handeln kann. Die Autoren kommen zu dem Schluss, dass „der ziemlich hohe Grad an Wiederholbarkeit und die geringe Anzahl an Generationen auf einen gewissen Grad an Determinismus für die phänotypische und genomische Reaktion von *C. reinhardtii* auf Druck durch Fressfeinde schließen lassen.“

Das ist eine beeindruckende Aussage, die in der Wissenschaftspresse zu diesem Thema so nicht zu lesen war (Bernard 2021). Vorhersagbare genetische Veränderungen in der Genexpression sind auch bei den Flügelmustern von Schmetterlingen zu beobachten (Larter 2018). Ist also Abruf vorhandener Programmierungen die Erklärung, die die Evolutionsbiologie liefern kann, nachdem die Molekularbiologie und die genetischen Mechanismen der Anpassung aufgedeckt wurden? **In der Tat zeigt die neue Ära der Molekularbiologie immer deutlicher, dass Anpassungen im Voraus festgelegt sind!** Dies steht im Einklang mit der Hypothese, dass das Leben das Produkt eines vorausschauenden Designers ist.

Quellen

Bernard E (2021) Evolution in Echtzeit. Einzellige Grünalge vollzieht in nur 500 Generationen die ersten Schritte zur Mehrzelligkeit.

<https://www.scinexx.de/news/biowissen/evolution-in-echtzeit/>

Bernardes JP et al. (2021) The evolution of convex trade-offs enables the transition towards multicellularity. Nat. Comm. 12, 4222, <https://doi.org/10.1038/s41467-021-24503-z>

Cooper TF, Rozen DE & Lenski RE (2003) Parallel changes in gene expression after 20,000 generations of evolution in *Escherichiacoli*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 100, 1072–1077.

Larter M, Dunbar-Wallis A, Berardi AE & Smith SD (2018) Convergent Evolution at the Pathway Level: Predictable Regulatory Changes during Flower Color Transitions. Mol. Biol. Evol. 35, 2159–2169.

Wagner A (2014) Arrival of the fittest. One World Publications.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n296.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.10.21 Fossile Mikroorganismen in sehr alten Sedimentschichten?

Die wohl größte Lücke im Fossilbericht befindet sich im Bereich der ältesten, d.h. der unten liegenden Sedimentschichten. Dort werden Mikroorganismen als frühe Lebensform vermutet. Daher gibt es seit einigen Jahrzehnten Bemühungen, fossile Hinweise auf Mikroorganismen zu finden. Kürzlich behauptete eine internationale Forschungsgruppe um Barbara Cavalazzi, die bisher ältesten fossilen Überreste von Archaeen gefunden zu haben. Die Arbeit verdeutlicht die Tendenz zur theoriegeleiteten Auswahl und Beurteilung von Daten zu mutmaßlich frühen Lebensformen.

Von der Schwierigkeit, Fossilien von Mikroorganismen zu finden

Fossilien dienen als Stützpunkte für die Rekonstruktion hypothetischer Verläufe der Naturgeschichte. Allerdings sind das Fehlen von Fossilien in einem großen Teil der geologischen Schichten sowie die offenen Fragen, wie vollständig und repräsentativ die gefundenen Fossilien für die entsprechenden Abschnitte der Vergangenheit sind, wiederholt als problematisch konstatiert worden. Mikroorganismen haben eine sehr geringe Aussicht, fossil überliefert zu werden. Besonders ausgeprägt ist der Mangel an Fossilien von Einzellern (Mikrofossilien). Um diese große Lücke im evolutionär gedachten frühen Bereich der Geschichte des Lebens, also im unteren Teil des Fossilberichts zu schließen, werden viele Bemühungen unternommen, Mikrofossilien zu finden.

Diese Suche ist jedoch besonders erschwert, da die Fossilisation von Einzellern im Vergleich zu vielzelligen Organismen, insbesondere solchen mit Hartteilen, bedeutend weniger wahrscheinlich ist. Ein weiteres Problem bei der Suche nach Spuren früher Mikroorganismen stellen Kontaminationen dar, die sowohl von heutigen Organismen als auch von den Forschern selbst stammen können (Gold et al. 2017); auch die Verwechslung mit anorganischen Strukturen ist eine Herausforderung. Außerdem sind Befunde, die als fossile Hinterlassenschaften von Bakterien oder Archaeen gewertet werden, wenig aussagekräftig bezüglich Eigenschaften wie Stoffwechsel oder molekulare Ausstattung. Befunde zu Mikrofossilien sind daher nicht selten umstritten.

Älteste fossile Rückstände von Mikroorganismen?

Eine internationale Forschergruppe um Barbara Cavalazzi (2021) präsentierte vor kurzem einige Funde und stellte sie als sichere und bisher älteste fossile Rückstände von Mikroorganismen dar. Wie viele andere Gruppen zuvor analysierten sie Gesteinsproben aus der in Südafrika gelegenen geologischen Schichtenfolge mit der Bezeichnung „Onverwacht-Gruppe“. Sie entnahmen magmatisches Quarzgestein aus der Kromberg-Formation aus ca. 7-8 km Tiefe und identifizierten in dessen feinen Kanälen Strukturen, die sie als fossile Rückstände von Archaeen deuteten. Nach allgemeiner Auffassung soll die geologische Schicht, aus der die Proben stammen, vor 3,4 Milliarden Jahren¹ auf einer Flachmeer-Vulkan-Plattform entstanden sein. Mit der Zeit soll sich darin durch hydraulische Risserzeugung ein hydrothermales Kanalsystem² herausgebildet haben.

Die Autoren interpretierten die Funde als fossile Rückstände von Mikroorganismen aufgrund von Analysen ihrer Form und der chemischen Bestandteile. Hinsichtlich der Form handelt es sich um unverzweigte Filamente ($\varnothing = 0,77 \mu\text{m}$) mit einigen Unterbrechungen, was als typisches Erscheinungsbild fossilisierter mikrobiologischer Kulturen gilt. Die

Unterbrechungen werden als Folge von Zellteilungen oder vor der Fossilisation stattfindendem Abbau der Zellen erklärt. Die gute Erhaltung der 3D-Struktur dieser Filamente wurde auf einen schnellen Versteinerungsvorgang zurückgeführt.

Durch Analyse der chemischen Bestandteile der Strukturen wurde Kohlenstoff als eine der Hauptkomponenten ermittelt, wobei auch die Elemente Wasserstoff, Sauerstoff und Stickstoff nachgewiesen werden konnten. Die Autoren schlossen daraus, dass es sich um Rückstände mineralisierter Zellwandbestandteile handelt. **Überraschenderweise fehlte jedoch ein für alle Lebewesen essentielles und häufig vorkommendes Element: Phosphor.**

Darüber hinaus wurden mittels Massenspektrometrie und Röntgenstrahlung Spuren von Schwefel und Nickel nachgewiesen. Durch weitere Analysen mittels Röntgenstrahlung wurden Rückschlüsse auf die Energie des K-Schalen-Niveaus des Nickels gezogen. Die Ergebnisse passten nach Auffassung der Autoren am besten zu Organonickel-Verbindungen mit Ni in den Valenzstufen II/III. Die Messung der Nickel-Konzentration in den Filamenten ergab ähnliche Werte, wie sie auch in heute vorkommenden methanerzeugenden Mikroorganismen vorgefunden werden.

Auf der Grundlage dieser Daten nehmen Cavalazzi et al. an, dass es sich bei den von ihnen untersuchten Strukturen um fossile Rückstände von methanerzeugenden Archaeen handelt. Das Hauptargument für die Zuschreibung des methanerzeugenden Stoffwechsels ist, dass heutige methanogene Archaeen Nickel-haltige Enzyme für diesen biochemischen Vorgang verwenden.

Zur Deutung der Funde

Insgesamt ist die Deutung der vorgefundenen Strukturen als fossile Rückstände von Mikroorganismen auf den ersten Blick plausibel, wobei die zeitliche Einordnung der Entstehung dieser Fossilien auf dem allgemein angenommenen Alter von 3,4 Milliarden Jahren der Kromberg-Formation beruht und ohne weiteres vorausgesetzt wird. **Problematisch ist allerdings das komplette Fehlen des Phosphors in den Filamenten, da dieses Element in sehr vielen biologisch relevanten Molekülen vorhanden ist.** Die Autoren kommentierten diesen problematischen Sachverhalt mit nur einem einzigen Satz: „Die Abwesenheit von P könnte das Ergebnis von Aufnahme [durch andere Organismen] oder Auswaschung dieses bioessentiellen Elements sein.“, Diese Ad-hoc-Erklärung leistet keinen Beitrag zu einem tieferen Verständnis des untersuchten Sachverhalts. Es ist überraschend, dass das im peer-review-Prozess des Journals *Science* offenbar nicht angemahnt worden ist. Es stellt sich automatisch die Frage, warum andere biologisch relevante Elemente wie Nickel oder Schwefel noch erhalten geblieben sind, während der Phosphor selektiv entfernt wurde.

Sollte es sich tatsächlich um fossile Reste von Mikroorganismen handeln, ist außerdem fraglich, ob sie tatsächlich von methanerzeugenden Archaeen stammen, da diese Schlussfolgerung ausschließlich auf den Daten bezüglich des Vorkommens von Nickel beruht. Da Nickel kein seltenes Element in der Erdkruste ist, rechtfertigt dessen Nachweis und Konzentration in den mineralisierten Strukturen allein nicht den Rückschluss auf einen methanogenen Stoffwechsel früher Organismen. Weitere Daten zur Stützung der These wären zwingend notwendig. Stattdessen berufen die Autoren sich wiederholt auf die allgemeine Annahme, dass methanogene Mikroorganismen zu den ältesten Lebensformen gehören. **Zudem setzen sie wie viele andere Autoren völlig unkritisch voraus, dass die frühe Erdatmosphäre sauerstofffrei war – ungeachtet vieler Ungereimtheiten dieser Hypothese** (Schmidtgal 2021).

In diesem Zusammenhang ist es auffällig, dass in einer Reihe von früheren Arbeiten zu Mikrofossilien über oxygene³ Photosynthese betreibende Organismen berichtet wurde, die bereits vor 3,1–3,4 Milliarden Jahren existiert haben sollen (Schopf 1993, Tice & Lowe 2004). Einige dieser Befunde wurden später aus fragwürdigen Gründen bestritten (Hohmann-Marriott & Blankenship 2011). Es wurde allgemein in Frage gestellt, ob der Fundort ungestört und für mikrobielles Leben geeignet sei. Solche Zweifel bei Mikrofossilfunden können aber prinzipiell immer angeführt werden können und sind daher nicht ausreichend, um eine ganze Reihe an Befunden in Frage zu stellen. Gegenwärtig finden Veröffentlichungen über oxygene Mikroorganismen vor 3,4 Milliarden Jahren kaum Beachtung und wurden auch von Cavalazzi et al. vernachlässigt. Interpretationen wie diejenige von Cavalazzi et al. ereilt dieses Schicksal dagegen vielleicht deshalb nicht, weil sie mit der Annahme einer frühen sauerstofffreien Atmosphäre zusammenpassen, die für die Evolutionstheorie unverzichtbar ist. Aufgrund von theoretischen Vorgaben wird hier offenbar bezüglich der Qualität der vorgebrachten Argumente mit unterschiedlichem Maß gemessen. Jedenfalls ist es überraschend, dass aus dem unspezifischen Vorkommen von geringen Mengen an Nickel weitreichende Schlussfolgerungen bezüglich des Stoffwechsels der vermuteten Mikroorganismen gemacht werden, während das komplette Fehlen des viel wichtigeren Phosphors, dessen Vorkommen in nennenswerter Konzentration zu erwarten wäre, praktisch ignoriert wird. **Es liegt die Vermutung nahe, dass es für Cavalazzi et al. bei ihrer Dateninterpretation mehr auf die Kompatibilität der Ergebnisse zur Evolutionstheorie ankam als auf die tatsächliche Relevanz der Daten.**

Anmerkungen

¹ Die hier angeführten Altersdatierungen beruhen letztlich auf radiometrischen Datierungen. Daher sind Altersangaben i. S. v. radiometrischen Jahren und nicht tatsächlichen Jahren zu verstehen.² Systeme, die heißes Wasser aus tiefen Schichten führen. Typische Beispiele hierfür sind Geysire. ³ Sauerstoff-erzeugende

Literatur

Cavalazzi B et al. (2021) Cellular remains in a 3,42-billion-year-old subseafloor hydrothermal environment. *Sci. Adv.* 7, eabf3963.

Gold DA et al. (2017) Paleoproterozoic sterol biosynthesis and the rise of oxygen. *Nature* 543, 420-423.

ohmann-Marriott MF & Blankenship RE (2011) Evolution of photosynthesis. *Annu. Rev. Plant. Biol.* 62, 515-548.

Schmidtgall B (2021) Die „Sauerstoffkatastrophe“, *Stud. Integr. J.* 28, 13-21.

Schopf JW (1993) Microfossils of the early archean apex chert: new evidence of the antiquity of life. *Science* 260, 640-646.

Tice MM & Lowe DR (2004) Photosynthetic microbial mats in the 3,416-Myr-old ocean. *Nature* 341, 549-552.

Autor dieser News: Boris Schmidtgall

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n295.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.07.21 Ganz oder gar nicht: Die sich teilende Zelle benötigt mindestens 492 Gene

Im Jahr 2010 berichteten die Medien, dass Forscher die erste lebende Zelle im Labor synthetisiert hätten. Tatsächlich hatten sie aber keine Zelle konstruiert, sondern das Erbgut eines *Mycoplasma*-Bakteriums synthetisch nachgebaut und in eine andere mikrobielle Zelle transplantiert. 2016 wurde das ursprüngliche Genom (= gesamtes Erbgut) mit einem Umfang von 1,08 Millionen Basenpaare (bp) auf 531.000 bp reduziert. Eine weitere Verkleinerung des Genoms war nicht möglich, da die Zelle sich dann nicht mehr teilen konnte und somit nicht mehr lebendig war. Im Jahr 2021 berichten dieselben Forscher, dass für eine korrekte Teilung mindestens 492 Gene erforderlich sind.

Manche Biowissenschaftler (Forscher im Bereich der Biologie) glauben, dass eine lebende Zelle hergestellt werden kann, wenn man nur die richtigen Biomoleküle zusammenbringt. Dieses sogenannte *Bottom-up-Prinzip* ist genau das, was J. Craig Venter sich vorgenommen hatte, um eine minimale Zelle herzustellen. Auch bekannt als *genome warrior* (Genom-Krieger) legte er als visionärer Biologe die Basis für eine sehr schnelle DNA-Sequenzierung. Er machte sich einen Namen, weil ihm die Entschlüsselung des menschlichen Genoms zu langsam voranging. Um hier schneller zum Ziel zu kommen, entwickelte eine neue revolutionäre Strategie, mit der man neue Gene sehr schnell sequenzieren konnte und nahm sein eigenes Genomprojekt mit seiner eigenen DNA in Angriff. Damit wollte er der *Human Genome Organisation* (HUGO), dem offiziellen internationalen Konsortium, das sich mit der Sequenzierung des menschlichen Genoms beschäftigte, um einiges voraus sein. Seine Anstrengungen wirkten tatsächlich wie ein Katalysator für das HUGO-Projekt. Drei Jahre vor dem erwarteten Abschluss des offiziellen Programms, im Jahr 2000, präsentierte Venter zusammen mit Francis Collins dem damaligen Direktor des HUGO-Projektes, die Kartierung des kompletten menschlichen Genoms.

Erbgut-Austausch in einer Mikrobe

Später, im Jahr 2010 synthetisierte (bzw. kopierte) Venter die aus 901 Genen bestehende DNA der Mikrobe *Mycoplasma mycoides* im Labor und brachte sie in die Hülle einer anderen nahe verwandten Mikrobe, *Mycoplasma capricolum*, ein (Gibson et al. 2010). Das synthetische Genom ersetzte dessen originale DNA und die so mit fremder DNA ausgestattete Mikrobe war erstaunlicherweise lebensfähig. Die DNA von *M. mycoides* wurde damit das neue Erbgut des Bakteriums (*M. capricolum*). **Damit gelang ihm ein erstaunlicher Durchbruch innerhalb der synthetischen Biologie, denn er hatte das DNA-Molekül Buchstabe um Buchstabe, Segment um Segment, im Labor synthetisiert und unter Anwendung von biotechnischen Methoden zusammengefügt.** Unbestritten lieferte sein Team mit der Synthese des bakteriellen DNA-Moleküls eine enorme Leistung ein, dennoch ist bei diesem Experiment nicht Leben erschaffen worden.

Wiewohl diese Angelegenheit in den Medien viel Aufsehen erregte – „Wissenschaftler schaffen künstliches Leben“ schrieben Journalisten – machte Venter grundsätzlich etwas Vergleichbares wie ein Autobastler, der in ein funktionsfähiges E-Mobil einen neuen Elektromotor einbaut, dessen Spule er selbst von Hand gewickelt hat und sich darüber freut, dass das modifizierte Automobil funktioniert. Genau genommen fertigte Venter überhaupt kein künstliches Leben an, sondern er transplantierte das synthetisch nachgebaute Erbgut

einer Mikrobe in eine andere, sehr ähnliche Mikrobe. Eine verfahrenstechnisch imponierende Leistung, so aufsehenerregend wie die erste Herztransplantation.

Der nächste Schritt

Von seinem Erfolg beflügelt wollte Venter noch einen Schritt weitergehen. Er teilte sein Team in zwei Gruppen ein und beauftragte beide, unter Verwendung des gesamten verfügbaren biologischen Wissens und modernster Labortechnologie ein minimales DNA-Molekül zu entwerfen, das ein lebensfähiges Bakterium ermöglicht. Bald darauf wurden die beiden Entwürfe, die die Teams entwickelt hatten, im Labor synthetisiert, um dann die jeweils konstruierten Minimalgenome in Bakterien zu übertragen, denen zuvor die DNA entnommen worden war. Zu Venters Überraschung konnte keine der am Computer aufgrund molekularbiologischer Erkenntnisse entworfenen Genome das gesteckte Ziel erfüllen. Keine der beiden synthetischen Genomvarianten konnte die Zellen nach einer entsprechenden Transplantation funktionsfähig und lebendig erhalten. Venter selbst hielt unsere heutige Kenntnis bezüglich der Biologie für nicht ausreichend, um einen lebenden Organismus zu erschaffen. Ironischerweise war die Arbeit der Wissenschaftler, die das Genom von *M. mycoides* 2010 kopiert hatten, sehr prägend und die Forscher zitierten eine leicht gekürzte Version von Richard Feynmans Ausspruch: *Was ich nicht schaffen kann, verstehe ich nicht.* 2016 zeigte sich wie angemessen dieses Zitat war: Venters Teams hatte es nicht geschafft, ein lebensfähiges DNA-Molekül zu entwerfen. Sie verstanden tatsächlich selbst vergleichsweise einfache Lebewesen zu wenig, um den Entwurf des Lebens nachvollziehen zu können.

Nach der ernüchternden Erfahrung von Venter und seinem Team versuchten die Forscher – in der Hoffnung auf ein spektakuläres Resultat –, das synthetische Genom zu reduzieren, verfahren also nach einer *top-down*-Strategie. Dazu verwendeten sie die selbe *Mycoplasma*-Art mit ihren 901 Genen, mit der sie bereits experimentiert hatten (s. o.). Aus fragmentierten Genomen erzeugten sie kleinere Genome, die weniger Gene enthielten und testeten diese nach entsprechender Transplantation auf die Fähigkeit, unter Laborbedingungen fortpflanzungsfähige Zellen zu erhalten, d. h. die genetisch verarmten Bakterien wurden auf Vitalität getestet. **Dabei entdeckten die Forscher, dass die minimale lebende Zelle – „lebend“ definiert als die Fähigkeit zur selbständigen Reproduktion – mindestens 473 Gene benötigt** (Hutchinson 2016). Würde man noch irgendein beliebiges anderes einziges Gen löschen, verliert der Organismus das Vermögen der Zellteilung und ist leblos. Erstaunlicherweise ist bisher von 149 der benötigten Gene, also etwa einem Drittel, überhaupt nicht bekannt, welche Funktionen sie erfüllen – man weiß nur, dass sie unverzichtbar sind. Darunter gibt es sogar 79 Gene, die noch nie jemandem aufgefallen sind. Die Schlagzeilen im National Geographic berichteten: „Wir haben die einfachste Zelle der Welt gebaut – aber wir wissen nicht, wie sie funktioniert“ (Kruglwich 2016).

Die Bedeutung von Venters Experimenten

Venters Experimente sind sehr bedeutsam für die Biologie und das Verständnis der Lebewesen, da sie darauf hinweisen, dass es Bakterien mit weiter reduziertem Genom nicht mehr reproduzieren können. Lebende Systeme, wie wir sie kennen, sogar die einfachsten Mikroben, können nur dank mehrerer Hundert Gene existieren – das sind mehr als eine halbe Million DNA-Buchstaben, die sehr genau aufeinander abgestimmt sein müssen. Hätte Venter die *Mycoplasma*-Gene nicht sehr exakt nachgebaut und diese dann genau nach dem natürlichen Vorbild miteinander verknüpft, hätten sich die transplantierten Zellen nicht vermehrt – und die Schlagzeilen in den Zeitungen wären ausgeblieben. Die transplantierte

Mikrobe konnte sich teilen („sie lebte“) dank der in den Genen vorhandenen Information, die schon immer im Genom von *Mycoplasma* existierte.

Doch bei weiteren Untersuchungen der sich teilenden Minimalzelle stellten Venter und seine Kollegen fest, dass sie keine identischen Tochterzellen produzierten, wie es alle natürlichen Bakterien tun. Stattdessen produzierten sie Tochterzellen mit bizarren Formen und Größen. **Nach weiteren fünf Jahren des Experimentierens stellen Pelletier et al. (2021) nun fest, dass die Minimalzelle 19 zusätzliche Gene benötigt, um sich korrekt teilen und ausgewogen wachsen zu können.**

Mit somit insgesamt 492 Genen hat diese Minimalzelle 33 Gene weniger als der „Minus-Rekordhalter“ der Natur mit dem kleinsten Genom, *Mycoplasma genitalium*, das 525 Gene enthält. Die *Mycoplasmen* selbst sind aber parasitär lebende Endomikroben, die für ihre Existenz eine Wirtszelle benötigen. Sie verfügen nicht über genügend genetische Information, um selbständig und autark zu leben. Die einfachsten autonomen, frei lebenden Mikroben benötigen noch viel mehr Gene als die parasitären Mycoplasmen. Zurzeit hält *Actinomarina minuta*, eine Mikrobe der marinen Actinobakterien, den Minusrekord mit etwa 800 Genen (Ghai 2013). Die 492 Gene in Venters Minimal-Zelle – eine enorme Menge Information – sind essentiell: Fehlt nur ein einziges Gen, ist die Mikrobe lebensunfähig.

Venters Versuche zeigen, dass lebende, sich reproduzierende Organismen nicht auf einzelne Gene zurückzuführen sind und dass lebende Organismen genetisch nicht beliebig reduzierbare holistische Informationssysteme beinhalten. Wie eine schrittweise Entwicklung verlaufen sollte, bei der ein Gen nach dem anderen entsteht, ist nach bisherigen Erkenntnissen vollkommen unklar. Ein einziges Gen hat für sich alleine keine Funktion. Zwei oder drei Gene bringen ebenso nichts. Sogar 300 Gene sind noch immer wirkungslos. Erst 492 Gene, etwa eine halbe Million DNA-Buchstaben in der richtigen Reihenfolge, ermöglicht einen sich selbst reproduzierenden Organismus (unter Labor-, d. h. optimierten Lebensbedingungen). Nur ein Gen weniger und es gibt keine DNA-Verdopplungen; und wenn es nicht zu DNA-Verdopplungen kommt, kommt es ebenfalls nicht zu Mutationen. Ohne Venters 492 Gene gebe es für die natürliche Auslese keine Arbeit, keine Weiterentwicklung, keine neuen Organismen.

Reproduzierende Organismen sind die wichtigste Voraussetzung für einen evolutiven Vorgang gemäß Darwins Theorie. Die Weiterentwicklung des Lebens kann erst mit einem Minimum von 492 Genen anfangen. Eine lebendige Zelle ist ein holistisches System!

Venter selbst kommentierte: „Vielleicht ist das Leben nicht aus unabhängigen Teilen aufgebaut, so wie man eine Maschine in einer Werkstatt aufbaut. Vielleicht kann man nicht einen Haufen bekannter Gene nehmen, sie zusammenklemmen, wobei jedes sein eigenes Ding macht, und dann, wenn man die letzte Schraube anzieht, entsteht plötzlich – Tadaaa – ein neues Lebewesen. Anstatt sich auf die Gene zu konzentrieren, sollten wir vielleicht das ganze Betriebssystem betrachten – nicht die Gene, sondern das ‚Genom‘, ein funktionierendes Ganzes“ (Krulwich 2016). Dabei lebt ja auch ein komplettes Genom nicht, wenn es nicht in einer genau darauf abgestimmten komplexen Zelle steckt, denn nach wie vor ist eine Zelle die kleinste uns bekannte Einheit, die das Phänomen „Leben“ zeigt.

Literatur

Krulwich B (2016) We built the world's simplest cell – but dunno how it works.
<https://www.nationalgeographic.com/science/article/we-built-the-worlds-simplest-cell-but-dunno-how-it-works>

Ghai R et al. (2013) Metagenomics uncovers a new group of low GC and ultra-small marine Actinobacteria. *Sci Rep* 3:2471, doi: 10.1038/srep02471.

Gibson DG et al. (2010) Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science* 329, 52-56.

Hutchinson III CA, et al. (2016) Design and synthesis of a minimal bacterial genome. *Science* 351, aad6253; doi: 10.1126/science.aad6253

Pelletier JF et al. (2021) Genetic requirements for cell division in a genomically minimal cell. *Cell* 184, 2430-2440.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n293.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.02.21 Leben auf der Venus – doch nur eine leere Sensationsmeldung?

Gelegentliche Meldungen, es gäbe gute Hinweise auf außerirdisches Leben, werden medial euphorisch verbreitet. Im vergangenen Herbst wurde behauptet, es könnte Leben auf der Venus geben, obwohl der Planet aufgrund seiner extremen Atmosphärenbedingungen wohl kaum als habitabel (= lebensstauglich) gelten könnte. Interessanterweise musste die wissenschaftliche Gruppe, auf die diese Meldung zurückgeht, vor Kurzem die Interpretation ihrer Befunde deutlich korrigieren – ein mediales Echo blieb hier jedoch aus.



Abb. 1: Darstellung der Venus. (Wikimedia: NASA/JPL - <http://photojournal.jpl.nasa.gov/catalog/PIA00104>, Public Domain)

Der Nachweis von Lebewesen auf einem anderen Planeten – das wäre nicht nur eine Sensation, sondern auch eine Bestätigung der Erwartung vieler Astrobiologen. Ausgehend von der evolutionstheoretischen Annahme, dass Leben durch bloße physikalisch-chemische

Vorgänge entstehen kann, äußerte Cairns-Smith vor etwa vierzig Jahren folgende Annahme: „Andere, möglicherweise einfachere und bessere [Lebens]systeme könnten irgendwo anders evolviert sein.“ Andere Forscher wie etwa Steven Benner bemühten sich darum, vorherzusagen, welche molekularen Spuren von außerirdischem Leben künftig gefunden werden könnten (Benner 2002). In einigen Veröffentlichungen und auf Konferenzen wurde darüber spekuliert, wie die Biochemie von Aliens aussehen könnte. Kurzum, die Erwartungshaltung, Leben auf anderen Planeten zu finden, ist ausgehend von evolutionstheoretischen Überlegungen hoch. Daher ist es nicht überraschend, dass selbst unsichere Hinweise auf Lebewesen auf anderen Planeten sehr euphorisch aufgenommen und eilig verbreitet werden. So wurde im vergangenen Jahr gemeldet, eine Forschergruppe habe Proteine in einem Meteoriten nachgewiesen (McGeoch et al. 2020; Crane 2020). Bei näherer Betrachtung erwies sich der Befund jedoch als pure Spekulation auf einer äußerst dünnen Datenbasis (Schmidtgal 2020).

Deutlich mehr Aufsehen erregte eine andere Meldung: Im September vergangenen Jahres wurde in vielen Zeitungen, Onlineportalen und Nachrichtensendungen überraschend behauptet, es gäbe möglicherweise Leben auf der Venus. Schlagzeilen wie „Hinweise auf Leben in der Venus-Atmosphäre versetzen Forschern einen ‚Schock‘“ (stern.de) waren keine Seltenheit. In einem ZDF-Video vom 14. 9. 2020 sagt die deutsche Astrophysikerin Dr. Suzanna Randall sogar: „Auf der Venus könnte es über 3 Milliarden Jahre lebensfreundliche Bedingungen gegeben haben.“ Und weiter: „Die Hinweise auf Leben in der venusischen Atmosphäre verdichten sich. [...] Aber das Monophosphan gibt den Ausschlag: Es könnte durchaus Leben auf der Venus geben.“

Das von Randall erwähnte Monophosphan (auch Phosphin genannt) ist eine chemische Verbindung, die dafür bekannt ist, dass sie auf der Erde entweder von Chemikern im Labor oder von Mikroorganismen erzeugt wird. Hingegen konnte die Entstehung von Phosphin bisher nicht durch geologische Ursachen erklärt werden, weswegen es als „Biosignaturgas“ bezeichnet wird – als Hinweis auf das Vorhandensein von Lebewesen. **Nun behauptete im September 2020 eine Gruppe von Wissenschaftlern um Jane S. Greaves, Hinweise auf das für Menschen giftige Gas in der Venusatmosphäre erhalten zu haben.** Sie beschrieben in einem Artikel in *Nature Astronomy* ein angeblich für Phosphin typisches, langwelliges Absorptionssignal, das mithilfe zweier hochempfindlicher Radioteleskope detektiert worden sei. Da es als gesichert gilt, dass Phosphin in der Venusatmosphäre relativ schnell durch oxidative Vorgänge (Reaktionen mit Sauerstoff) abgebaut würde, stellte sich unmittelbar die Frage nach der Quelle des Gases. Im Unterschied zu den Massenmedien waren die Wissenschaftler jedoch in ihrer Schlussfolgerung weit vorsichtiger: „Auch wenn es sich bestätigt hat, betonen wir, dass der Nachweis von PH_3 (Phosphin) kein zuverlässiger Hinweis auf Leben ist, sondern auf eine ungewöhnliche und unerklärte Chemie“ (Greaves 2020a). Ungeachtet solcher mahnender Sätze löste die Publikation viele Spekulationen darüber aus, wie das Phosphin auf der heißen und von Schwefelsäure-Wolken umgebenen Venus entstanden sein könnte: Es wurden unter Berufung auf frühere hypothetische Überlegungen (Sousa-Silva 2020) Vermutungen angestellt, dass in einer Höhe von 40-60 km eine „habitable Zone“ existieren könnte, in der eventuell Mikroorganismen leben könnten, die Phosphin erzeugen.

Doch so sensationell die Meldung von „möglichen Hinweisen auf Leben“ auf der Venus auch war, sie musste vor kurzem erheblich abgeschwächt werden. Zunächst übten andere Wissenschaftler scharfe Kritik an den Befunden von Greaves et al. Eine kritische Betrachtung der Befunde wurde von Villanueva et al. in Form eines Vorabdrucks veröffentlicht. Darin wurde in Frage gestellt, dass das Absorptionssignal von Phosphin sauber detektiert werden

könne, da das sehr häufig auf der Venus vorkommende Schwefeldioxid ein sehr ähnliches Signal erzeugt. Die beiden Rotationsübergänge (spektralen Signaturen) lägen so nah beieinander (Phosphin PH_3 ($J=1-0$): 266.944513 GHz, Schwefeldioxid SO_2 ($J = 30_{9,21}-31_{8,24}$): 266.943329 GHz), dass eine spektroskopische Trennung der beiden Signale nicht möglich sei. Des Weiteren wurde angeführt, dass Abweichungen in der Form der spektroskopisch beobachteten Linien zu groß seien, als dass eine sichere Unterscheidung der beiden Gase anhand der Detektionsmethoden möglich sei. Kritik wurde auch von einer Forschergruppe um Therese Encrenaz geäußert, die schon im Jahr 2015 versucht hatte, Phosphin in der Venusatmosphäre nachzuweisen. Die Forscher bezweifelten ebenfalls, dass die Befunde von Greaves et al. einen sicheren Nachweis von Phosphin in der Venusatmosphäre bedeuten: „Jedenfalls bräuchte es unbedingt mindestens einen weiteren PH_3 -Übergang (d. h. ein weiteres Absorptionssignal) im Infrarot- oder Millimeter/Submillimeter-Bereich, um die Detektion von PH_3 auf der Venus zu bestätigen.“

Kaum einem Menschen fällt es leicht, früher sicher vorgetragene Behauptungen zu entkräften oder sogar zurückzunehmen. Gerade Wissenschaftler neigen dazu, eigene Theorien mit großem Eifer zu verteidigen, selbst wenn die Indizienlage schlecht ist. Im Fall des angeblichen Phosphin-Nachweises war die Kritik verschiedener Experten jedoch so überwältigend, dass eine erneute Überprüfung der Befunde durch Greaves et al. unumgänglich war. **Nun mussten sie jedoch in einer neueren Veröffentlichung zugeben, dass das Phosphin-Signal deutlich schwächer ist als zuvor angenommen** (Greaves et al. 2020b). Sie schätzten die Phosphin-Konzentration nunmehr um den Faktor sieben kleiner ein als bei der ersten, euphorisch aufgenommenen Publikation. Ferner gestanden sie ein, dass es Fehler bei der Datenverarbeitung und -Interpretation gab und bezeichneten ihre Entdeckung von Phosphin in der Venus-Atmosphäre anderslautend als zuvor als „vorläufig“.

Insgesamt wird also deutlich, dass die Schlussfolgerung, es gäbe ein „Biosignaturgas“ in der Venusatmosphäre und damit Hinweise auf irgendeine außerirdische Lebensform, eher spekulativen Charakters sind. Es ist jedoch bezeichnend, dass die Richtigstellung der sensationellen Meldung kein nennenswertes Echo in den Massenmedien auslöste. Meldungen, die Zweifel an evolutionstheoretischen Erwartungen auslösen, sind nun einmal unbeliebt.

Literatur

Cairns-Smith AG (1975) A case for an alien ancestry, *Proc. R. Soc. Lond. B* 189, 249-247.

Encrenaz T et al. (2020) A stringent upper limit of the PH_3 abundance at the cloud top of Venus, *Astronomy & Astrophysics* 643, L5.

Greaves JS et al. (2020) a. Phosphine gas in the cloud decks of Venus. *Nature Astronomy*, <https://doi.org/10.1038/s41550-020-1174-4>; b. Re-analysis of Phosphine in Venus' Clouds. arXiv:2011.08176.

McGeoch MW et al. (2020) Hemolithin: a Meteoritic Protein containing Iron and Lithium, arXiv:2002.11688

Crane L. (2020) Have we really found an alien protein inside a meteorite? *Newscientist*, <https://www.newscientist.com/article/2235981-have-we-really-found-an-alien-protein-inside-a-meteorite/#ixzz6IZ0PeUUV>

Schmidtgall B (2020) Proteine in Meteoriten – heiße Spur außerirdischer Lebewesen?
Studium Integrale Journal 27, 129-130.

Sousa-Silva C et al. (2020) Phosphine as a Biosignature Gas in Exoplanet Atmospheres.
Astrobiology 20, 235-268.

Autor dieser News: Boris Schmidtgall

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n287.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.04.20 Was sind Viren und woher stammen sie?

Seit dem Ausbruch des RNA-Virus SARS-CoV2 (COVID-19), das eine gefährliche Lungenkrankheit auslösen kann, gibt es Interesse an grundsätzlichen Fragen zu Viren. Was sind Viren? Wo haben sie ihren Ursprung? Werden sie sich weiter verändern? Besteht unser Erbgut wirklich zu einem großen Teil aus eingefangenen Viren, wie von Evolutionsbiologen oft behauptet wird? Woher kommen die Reversen Transkriptasen? Diese Fragen waren bis vor kurzem sehr schwer zu beantworten, sowohl in einem Schöpfungsrahmen als auch in einem Evolutionsrahmen. Seit etwa einem Jahrzehnt haben wir ein viel besseres Verständnis.

Viren sind Molekularparasiten. Viren sind nicht selbständig lebensfähig. Sie können sich nur vermehren, indem sie das Genom (= Erbgut) einer Wirtszelle „hacken“. Sie injizieren ihr Informationsmolekül (DNA oder RNA) in die Wirtszelle und nutzen so deren genetische Maschinerie, um Kopien ihres eigenen Erbguts herzustellen und sich unter Ausnutzung des **Translationsapparats*** zu vervielfältigen. Manchmal zerstören sie die Wirtszelle. Viren könnten nach evolutionären Vorstellungen einfache Vorformen erster Lebewesen sein [1]. Obwohl diese Sichtweise nicht von allen Wissenschaftlern geteilt wird, ist es diejenige, die in Zeitungen und Zeitschriften popularisiert wird [2]. Da Viren aber ohne ihre Wirte nicht existieren können, d.h. nicht vermehrungsfähig sind und daher als molekulare Parasiten angesehen werden müssen, können sie nicht zuerst existiert haben, sondern müssen nach ihren Wirten entstanden sein.

*Translationsapparat (= molekulare Maschinen, die DNA über mRNA in Proteine übersetzen)

In den letzten 10-20 Jahren wurden immer mehr Viren entdeckt. Heute sind mehrere tausend verschiedene Viren identifiziert. Fast alle sind für den Menschen harmlos. Wir verstehen erst seit kurzem, dass das Virom (die Gesamtheit der Bakteriophagen und Viren in einem Organismus) eine wichtige Rolle bei der Regulierung der Anzahl und Arten von Bakterien in Organismen spielen [3]. Viren, die Bakterien nutzen, werden Bakteriophagen genannt; es gibt im Darmtrakt davon mehr als Bakterien. Es hat sich herausgestellt, dass Viren die Anzahl der Mikroben kontrollieren. Jedes Bakterium hat sogar seinen eigenen spezifischen Bakteriophagen! Wäre das nicht der Fall, gäbe es zu viel von einer Bakterienart, und das wäre für den Wirtsorganismus schädlich bis katastrophal. Auf dieser Ebene sind Viren also eine Art Regulierungssystem. Alles in der Biologie wird kontrolliert und reguliert. Manchmal auf eine Art und Weise, die wir überhaupt nicht erwartet hatten oder noch nicht verstehen. Aus der Sicht der Schöpfung ist anzunehmen, dass solche Viren als Regulatoren Bestandteil der Schöpfung sind, um die Anzahl der Mikroorganismen im Gleichgewicht zu halten. Ein Argument für diese Einschätzung ist die erwähnte Tatsache, dass die meisten bekannten Viren für Pflanzen, Tiere und den Menschen harmlos sind.

Doch gibt es auch gute Gründe für die Sichtweise, dass nicht alle Viren erschaffen worden sind. Denn bekanntlich sind nicht alle harmlos. Einige sind erst vor kurzem entstanden, wie die RNA-Viren in Eukaryonten* – insbesondere die in Säugetieren und Menschen.

*Eukaryonten (= Lebewesen, die aus Zellen mit Zellkern bestehen)

Die Viren können in verschiedene Gruppierungen eingeteilt werden. So spricht man von DNA-Viren und RNA-Viren, deren Erbgut in Form von DNA bzw. RNA in den Viruspartikeln enthalten ist. Daneben kennt man Makroviren und Mikroviren. Mikroviren können entweder DNA- oder RNA-Viren sein. Makroviren sind immer DNA-Viren und

lassen sich oft auf degenerierte Mikroorganismen zurückführen, wie z. B. das DNA-Virus „Mimivirus“. Dieses hat ein Genom, das fast so groß ist wie das eines Bakteriums, und weitere Analysen ergaben, dass solche Viren wahrscheinlich von harmlosen Bodenbakterien abstammen [4]. Durch den Einbau einiger viraler Gene, die für die Hülle kodieren, sieht es wie ein riesiges Virus aus.¹ Und da es enorm degeneriert ist, kann es nur noch als Parasit in einer Wirtszelle existieren und ist wie alle Viren nicht selbständig lebensfähig (s. o.). Inzwischen sind Dutzende solcher degenerierter Makroviren entdeckt worden. Einige der Makroviren enthalten mehr DNA als vom Genom der kleinsten Bakterien bekannt ist.

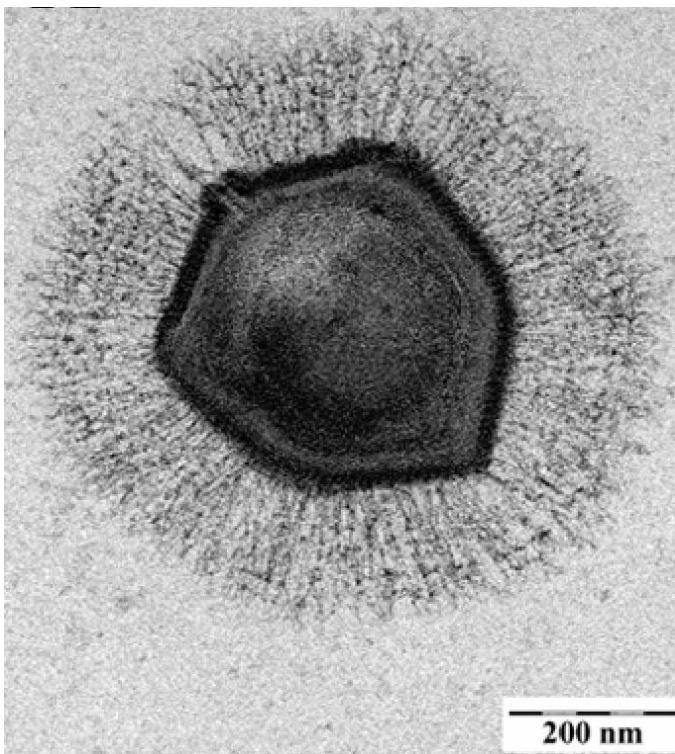


Abb. 1: EM-Aufnahme eines Virions der Gattung *Mimivirus*. (Wikimedia: Ghigo E, Kartenbeck J, Lien P, Pelkmans L, Capo C, Mege JL, Raoult D. - <http://www.plospathogens.org/article/info%3Adoi%2F10.1371%2Fjournal.ppat.1000087> PLoS Pathog. 2008 Jun 13;4(6):e1000087. doi: 10.1371/journal.ppat.1000087, CC BY 2.5)

Winzige RNA-Viren. Diese viel kleineren RNA-Viren haben nur wenige Gene (normalerweise nicht mehr als ein Dutzend), sind aber oft sehr gefährlich für den Menschen. Das Coronavirus COVID-19 (SARS-CoV2) ist ein solches RNA-Virus. Andere bekannte Beispiele sind das Grippevirus (Influenza-Virus) und HIV (das AIDS verursacht). Der Ursprung dieser Viren liegt noch nicht lange zurück. Woher stammen sie? Sehr wahrscheinlich haben sie ihren Ursprung im Genom von Wirbeltieren. Sie entstehen hier aus genetischen Elementen, die fast genauso ausgestattet sind wie echte RNA-Viren: **Endogene Retroviren** (ERV). ERV machen etwa 8% des menschlichen Genoms aus. Manchmal verläuft die Umlagerung der ERV (oder: „gag-pol-Elemente“) fehlerhaft. Dadurch können RNA-Viren entstehen. Ein Beispiel ist ein RNA-Virus der Vögel, das Rous Sarcoma Virus (RSV) [5]. Dieses Virus verursacht eine Form von Krebs. Bei genauerem Hinsehen entpuppt sich das RSV-Virus als ein ERV, das dem Wirtsgenom ein kleines Stück zusätzliches genetisches Material entnommen hat. Dieses kleine zusätzliche Stück genetischen Materials ist eine Domäne (= Abschnitt) eines Proteins (SRC genannt), das ungebremst die Zellteilung ankurbelt. Und so entsteht in einem Schritt ein Onco-Virus, das Krebs auslöst. Während meiner Forschung an mehreren Universitäten habe ich versucht, ein besseres Verständnis der sogenannten endogenen Retroviren zu bekommen. Ich bin zu der Schlussfolgerung

gekommen, dass sie keine Überbleibsel der RNA-Viren sind, sondern ein funktioneller Teil des Genoms. Meiner Meinung nach ist die gängige Meinung, dass die Genome von Tieren und auch das Genom des Menschen aus den Überresten von uralten RNA-Viren aufgebaut sind, falsch. Höchstwahrscheinlich ist es umgekehrt: RNA-Viren sind entgleiste „gag-pol-Elemente“ (normalerweise ERV genannt), biologische Werkzeuge, die mehrere wichtige biologische (Transport)-Funktionen erfüllen [6-8].²

Was spricht dafür, dass die gängige Meinung über die Entstehung von RNA-Viren falsch ist? Ein starkes Argument ist das RNA-Virus-Paradoxon. Es besagt, dass nach der molekulargenetischen Phylogenie der RNA-Viren alle diese Viren, einschließlich der oben erwähnten ERV, nicht älter als etwa 50.000 Jahre alt sein können [9]. Zudem gibt es die Beobachtung, dass Viren sich in ihrer Wirkung im Laufe der Zeit immer mehr abschwächen durch genetische Entropie (Verlust von nutzbarer Information) und nicht gefährlicher werden [10]. Darüber hinaus zeigen die Details in der Genetik von genauer bekannten RNA-Viren oft, dass ihr natürlicher Ursprung rekonstruiert und zurückverfolgt werden kann. Und dies führt ihren Ursprung zurück ins Genom der heutigen Wirte. Beispielsweise kann das oben erwähnte RSV auf ein ERV plus einen Teil des *SRC*-Gens (ein Proto-Onco-Gen) im Genom des Vogels zurückverfolgt werden. Es integrierte nur den On-Switch des Gens und so verwandelte es in ein Onco-Virus. Ebenso beobachteten wir eine kleine (mensenähnliche) IL8-Sequenz beim HIV (RNA-Virus, das AIDS verursacht), die zum Eindringen in die menschlichen Immunzellen verwendet wird. Und das RNA-Virus, das Influenza (Grippe) verursacht, hat einen Teil des (mensenähnlichen) Neuramidase-Gens integriert. RNA-Viren haben also sehr wahrscheinlich ihren Ursprung im Genom komplexerer Organismen, und zwar in ERV. Man kann die ERV mit einem von Menschen gemachten selbstfahrenden Automobil vergleichen. Aufgrund eines Programmierfehlers kann es einen Menschen überfahren und töten. Wenn keine Maßnahmen ergriffen werden, um das Auto aus dem Verkehr zu ziehen, kann es immer wieder töten. Allerdings wurde das Auto sicherlich nicht mit der Absicht des Tötens hergestellt. Bei ERV ist das genau so. Sie können zu RNA-Viren werden, sind aber nicht so ursprünglich entworfen worden.

Es wird behauptet, dass manche RNA-Viren ein Enzym enthalten, das nur in RNA-Viren existiert: die Reverse Transkriptase (RT). Dieses Enzym wird dazu verwendet, das einzelsträngige RNA-Molekül in DNA zu übersetzen, damit es sich in das Wirtsgenom integrieren kann. Bei allen RNA-Viren wird die RT durch das so genannte „pol“-Gen kodiert. Es codiert für ein Polyprotein, das in vier Enzyme gespalten wird: Protease (die die Spaltung vornimmt³, RNase, Integrase und RT. Interessanterweise findet man das „pol“-Gen nicht nur bei RNA-Viren, sondern auch in allen ERV („gag-pol-Elemente“). Dies ist der Grund, warum viele Evolutionsbiologen davon ausgehen, dass ERV die Überreste alter RNA-Virus-Invasionen ins Erbgut von Wirtsorganismen sind. Dennoch gibt es in den Genomen der höheren Lebewesen mehrere RT-Enzyme, die in allen Genomen vorkommen. Es gibt Hunderttausende von RT-Genen im Genom, und zwar in ERV, die sehr ähnlich dem der RNA-Viren sind. Es gibt auch Hunderttausende von RT-Genen in LINEs (Long Interspersed Nucleotide Elements), transposonähnliche genetische Elemente (= „springende Gene“), die die Genexpression (= Ablesung von Genen) und Zelldifferenzierung kontrollieren [6, 11]. Die in LINEs gefundenen RT unterscheiden sich von denen von ERV. Und es gibt TERT, ein RT, das zur Verlängerung der Telomere (= Endstücke der Chromosomen) benötigt wird [12]. Es gibt also drei unterschiedliche RT-Enzyme im Genom. Die Behauptung, das Vorkommen von RT sei spezifisch für RNA-Viren, ist also falsch. RT-Gene werden überall im Genom der höheren Lebewesen vorgefunden; das ist ein weiteres starkes Argument dafür, dass RNA-Viren ihren Ursprung im Genom haben. RNA-Viren sind also nicht die Schöpfer des Genoms, wie man heutzutage oft behauptet, sondern Degenerationsprodukte des geschaffenen Genoms.

Quellen

- [1] Villarreal LP (2005) *Viruses and the Evolution of Life*. Washington, DC: ASM Press, xv, 395 pp. <http://www.loc.gov/catdir/toc/ecip0419/2004013977.html>
- [2] Aktuelles Beispiel: <https://www.tagesspiegel.de/wissen/ursprung-des-lebens-am-anfang-war-das-virus/11867530.html>
- [3] Francis JW, Ingle M & Wood TC (2018) Bacteriophages as beneficial regulators of the mammalian Microbiome. *Proc. Int. Conf. Creationism* 8, 152–157.
- [4] Raoult D et al. (2004) The 1.2-megabase genome sequence of Mimivirus. *Science* 306, 1344–1350.
- [5] Terborg P (2009) The design of life: part 3 – an introduction to variation-inducing genetic elements. *J. Creation* 23, 99-106.
- [6] Terborg P (2018) ERVs and LINEs – along novel lines of thinking. *J. Creation* 32, 8–11.
- [7] Pastuzyn ED et al. (2018) The neuronal gene ARC encodes a repurposed retrotransposon gag protein that mediates intercellular RNA transfer. *Cell* 172, 275–288.
- [8] Ashley J et al. (2018) Retrovirus-like gag protein ARC1 binds RNA and traffics across synaptic boutons. *Cell* 172, 262–274.
- [9] Holmes EC (2003) Molecular clocks and the puzzle of RNA virus origins. *J. Virology* 77, 3893–3897.
- [10] Carter RW & Sanford JC (2012) A new look at an old virus: patterns of mutation accumulation in the human H1N1 influenza virus since 1918. *Theor. Biol. Med. Model.* 9:42; doi: 10.1186/1742-4682-9-42.
- [11] Jachowicz JW et al. (2017) LINE-1 activation after fertilization regulates global chromatin accessibility in the early mouse embryo. *Nature Genetics* 49, 1502–1510.
- [12] Sui X, Kong N, Wang Z & Pan H (2013) Epigenetic regulation of the human telomerase reverse transcriptase gene: A potential therapeutic target for the treatment of leukemia (Review). *Oncol. Lett.* 6, 317–322. Epub 2013 May 29.

Anmerkungen

¹ Die viralen Gene, aus denen die Hülle besteht, stammen wahrscheinlich von einem Virus, das sich in das Genom des Bakteriums integriert hat.

² Zu diesem Thema ist ein Artikel für die Herbstausgabe 2020 von *Studium Integrale Journal* geplant.

³ Die pol-RNA wird sofort abgeschrieben und dadurch entsteht zuerst die Protease, die die andere Enzyme spaltet. Das Gen codiert für vier Proteine.

Autor dieser News: Peter Borger

© 2020, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n278.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.07.19 DNA als Retter der RNA-Welt-Hypothese?

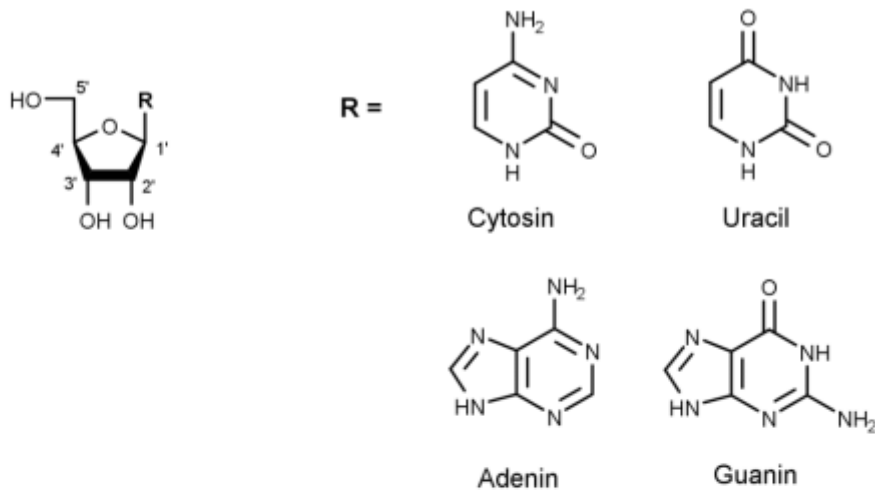
Ungeachtet ihrer Beliebtheit weist die RNA-Welt-Hypothese als Erklärung des Ursprungs der ersten Organismen große Defizite auf. Im Sinne einer Ergänzung dieser Hypothese veröffentlichte die Forschungsgruppe um Oliver Trapp eine Arbeit zur präbiotischen Synthese von Desoxy-Nukleosiden (DNA-Bausteine). Diese Arbeit wurde auf der populärwissenschaftlichen Seite *scinexx* recht euphorisch kommentiert und als Erklärung für den natürlichen Ursprung der DNA vorgestellt. Eine genauere Analyse zeigt jedoch, dass sich ein gänzlich anderes Bild ergibt.

Nach Ansicht der meisten Lebensursprungs-Forscher stellten sich selbst vervielfältigende molekulare Systeme auf der Basis von RNA-Molekülen das Vorstadium zu den ersten Organismen dar. Die RNA gilt als der beste Kandidat für einen möglichst einfachen Ursprung des Lebens, weil sie als einziges Biomolekül zugleich zwei wichtige Eigenschaften in sich vereint: sowohl die Fähigkeit zur Informationsspeicherung und -übertragung als auch zur Katalyse (Beschleunigung) bestimmter chemischer Reaktionen. Damit wären zumindest hypothetisch chemische Verbindungen in einer „RNA-Welt“ vorhanden, die sowohl Stoffwechsel als auch Vererbung ermöglichen (Gilbert 1986).

Allerdings sind gravierende Schwächen des RNA-Welt-Modells in der Fachwelt allgemein bekannt. Weder für die Möglichkeit der Entstehung der notwendigen Bausteine der RNA, der Ribonukleotide, noch für ihre anschließende Polymerisation (Verknüpfung) zu RNA-Strängen sind plausible präbiotische Bedingungen aufgezeigt worden. Noch weit größer ist die Herausforderung, die anschließend erforderliche Replikation (Vermehrung) der RNA in einem wässrigen, annähernd natürlichen Milieu zu realisieren. Das Kernproblem dabei ist die ausgeprägte Labilität sowohl der RNA-Bausteine als auch des Makromoleküls RNA selbst in wässriger Lösung. Behauptungen, dass diese Probleme schon gelöst seien, sind nicht überzeugend, denn die Publikationen, auf die dabei oft verwiesen wird (Powner 2009, Ferris 2006, Deck 2011), beschreiben Kunstgriffe, die auf chemischer Erfahrung beruhen und die keinerlei Bezug zu realistischen Bedingungen auf einer Erde haben. Diese offenkundigen Schwächen des RNA-Welt-Modells veranlassen Forscher immer wieder dazu, das bestehende Modelle abzuwandeln oder neue Ideen für einen hypothetischen Anfang des Lebens zu entwickeln. Kritische Kommentare dazu wurden bereits früher publiziert (Binder 2009, Schmidtgall 2014).

Eine Möglichkeit, die bereits früher erwogen worden ist, besteht in der stabilisierenden Wirkung des chemisch verwandten Biopolymers der RNA, der DNA (Lindahl 1993). Allerdings galt ihre Entstehung bisher als problematisch, weil nach den gängigen Vorstellungen DNA aus RNA gebildet worden sein soll und dazu das komplexe Enzym Ribonukleotid-Reduktase erforderlich ist. Dieses entfernt die Hydroxy-Gruppe an der 2'-Position der Ribose und wandelt sie in 2-Desoxyribose um (s. Abb. 1). Das wäre aber kein *einfacher* Anfang des Lebens.

RNA-Bausteine: Ribonucleotide



DNA-Bausteine: Desoxy-Ribonucleotide

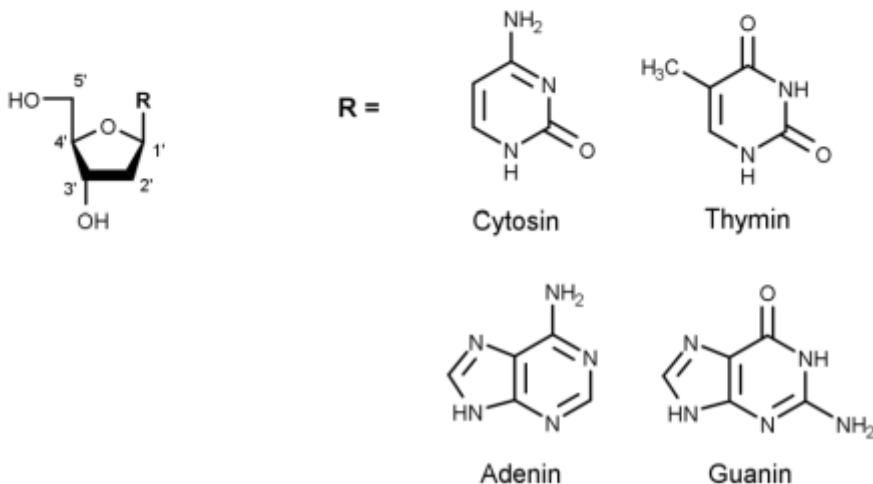


Abb. 1: Strukturformeln der Bausteine der RNA (Ribonucleotide) und der DNA (Desoxy-Ribonucleotide). Die zwei strukturellen Unterschiede zwischen den Bausteinen sind die fehlende OH-Gruppe an der 2'-Position bei den DNA-Bausteinen und das Thymin anstelle des Uracil als eine der kanonischen Nucleobasen. Damit also Desoxy-Ribonucleotide hergestellt werden können, muss die 2'-OH Gruppe der Ribonucleotide entfernt werden. In Organismen ist dafür das Enzym Ribonucleotid-Reduktase zuständig.

Überraschenderweise wurde kürzlich in einem Artikel auf der populärwissenschaftlichen Internetseite *scinexx* berichtet, dass es einer Forschergruppe an der LMU München gelungen sei zu zeigen, wie DNA ohne Beteiligung von Enzymen unter natürlichen Bedingungen entstanden sein kann. **Träfe diese Behauptung zu, hätten wir es mit einem gewaltigen Fortschritt in der Lebensursprungsforschung zu tun.** Der „Alptraum der Präbiotiker“ – eine Bezeichnung der RNA, die von S. A. Benner stammt (Benner 2013) – hätte möglicherweise bald ein Ende. Denn wenn DNA unter natürlichen Bedingungen ohne Enzyme gebildet werden kann, dann ist es naheliegend, dass das auch für RNA möglich ist.

Die *scinexx*-Autorin bezog sich in ihren Ausführungen auf einen kürzlich in der chemischen Fachzeitschrift *Angewandte Chemie* erschienenen Artikel der Forschungsgruppe um Oliver Trapp (Teichert et al. 2019). In diesem Artikel ist allerdings an keiner Stelle die Rede davon, dass tatsächlich DNA entstanden sei. Die Autoren der Originalarbeit befassten sich ausschließlich mit der Entstehung von DNA-Nukleosiden – das heißt den Einzelbausteinen der Erbsubstanz – durch Reaktion dreier chemischer Verbindungen (Nucleobasen, Acetaldehyd und D-Glycerinaldehyd, vgl. Abb. 2). Dass sich die Einzelbausteine anschließend zur DNA zusammenfügen, ist aber alles andere als selbstverständlich. Man könnte geneigt sein, der *scinexx*-Autorin einen Schreibfehler zu unterstellen, wenn im Rest des Artikels eine auch nur ansatzweise kritische Reflektion der Originalarbeit erkennbar wäre. Dies ist allerdings nirgendwo der Fall.

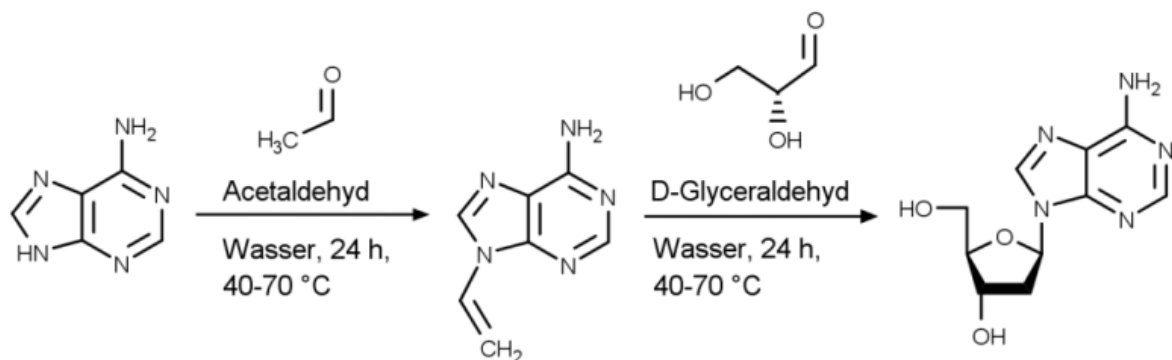


Abb. 2: In der Arbeit von Trapp et al. untersuchter Reaktionsweg ausgehend von Nucleobasen, Acetaldehyd und D-Glycerinaldehyd. Hier ist der Reaktionsweg exemplarisch am Adenin gezeigt. Die Reaktion ergibt aber ebenso auch Desoxy-Nucleotide bei Verwendung der anderen drei Nucleobasen. Die Ausbeuten der Reaktionen waren mit unter einem Prozent (Adenosin, Guanosin, Thymidin) bzw. 2,5% für Cytidin recht niedrig.

Weiter heißt es in dem *scinexx*-Artikel, dass für den entscheidenden Schritt zum DNA-Gerüst „normale Reaktionsbedingungen“ ausreichend seien, wobei hier mit „normal“ so viel wie „nah an natürlichen Bedingungen“ bedeutet. Diese Aussage ist nur zum Teil richtig. Es trifft zwar zu, dass die Versuchsbedingungen im Vergleich zu vielen anderen Simulationen der Entstehung von Makromolekülen des Lebens relativ einfach waren. Die Versuche wurden in wässrigem Milieu durchgeführt und es wurden keine zwischenzeitlichen Aufreinigungsschritte von Zwischenprodukten vorgenommen. Auch waren keine Veränderungen der Temperatur oder anderer Parameter (pH, Konzentration) nötig. Das klingt in der Tat nach einem beachtlichen Erfolg auf der Suche nach einem plausiblen Szenario für den Ursprung erster Biomoleküle. **Allerdings fällt bei näherer Betrachtung der experimentellen Details auf, dass die Versuche geradezu meisterhaft geplant wurden, um DNA-Nucleotide zu erhalten.**

Es bedarf keiner vertieften Erörterung, dass die Verwendung hochreiner chemischer Verbindungen (Nucleobasen, Acetaldehyd und D-Glycerinaldehyd) in demineralisiertem Wasser – wie in den Versuchen von Teichert et al. geschehen – keineswegs eine Nähe zu natürlichen Bedingungen darstellt. Zudem wurden die Versuche stets in geschlossenen Ampullen durchgeführt, da anderenfalls der flüchtige Acetaldehyd (Siedepunkt 20 °C) aus der Reaktionsmischung schnell entweichen würde. In dem Originalartikel wird der Einsatz geschlossener Ampullen damit begründet, dass auf der frühen Erde ein deutlich höherer Atmosphärendruck geherrscht haben soll – eine kaum überprüfbare Vermutung.

Außerdem wurde mit D-Glyceraldehyd gezielt ein Molekül gewählt, das von seiner geometrischen Beschaffenheit (Konfiguration) her für das anvisierte Resultat genau passend ist. Das Spiegelbild-Molekül L-Glyceraldehyd findet weder in dem *scinexx*-Artikel noch in der Publikation von Teichert et al. Erwähnung, obwohl dessen Entstehung unter natürlichen Bedingungen genauso wahrscheinlich ist wie diejenige des D-Glyceraldehyds. Die Verwendung von L-Glyceraldehyd anstelle des D-Glyceraldehyds ist problematisch, weil seine entsprechende Reaktion Nucleoside hervorbringt, die für die Bildung von Erbmolekülen aufgrund ihrer Geometrie ungeeignet sind. Selbst wenn der L-Glyceraldehyd nur einen Teil des Gemischs ausmacht, würde das die Synthese von funktionsfähigen DNA-Molekülen wirksam verhindern. Für einen erfolgreichen Reaktionsverlauf ist es also nötig, dass der D-Glyceraldehyd in reiner Form vorliegt. Hier wird also das Problem der Entstehung enantiomerenreiner (nur D-Form oder nur L-Form liegt vor) chemischer Verbindungen ohne gezielte Steuerung durch einen Experimentator schlicht übergangen. Dabei ist jedem Chemiker bekannt, dass die Herstellung enantiomerenreiner chemischer Verbindungen selbst mit fortschrittlichen Methoden der Synthesechemie oft eine Herausforderung ist. Die angebliche Spezifität der von Teichert et al. aufgezeigten Synthese wird auch durch mögliche Reaktionen mit anderen Carbonylverbindungen eingeschränkt. Warum sollten neben D-Glyceraldehyd nicht auch andere Aldehyde vorhanden sein und damit den resultierenden Cocktail in seiner Zusammensetzung komplex werden lassen? Im Hinblick auf die beabsichtigte Synthese von DNA wäre ein solches Gemisch unbrauchbar.

Ein weiteres Problem sind die Ausbeuten der von Teichert et al. veröffentlichten Reaktionen. Während in dem *scinexx*-Artikel behauptet wird, dass die Ausbeuten „ausreichend“ seien, sieht es in der Originalarbeit nach einem eher dürftigen Ergebnis aus. Die angesprochene Reaktion wurde für alle vier kanonischen Nucleoside durchgeführt. Dabei ergaben sich für drei 2'-Desoxy-Nucleoside (Adenosin, Guanosin, Thymidin) Ausbeuten von unter einem Prozent. Nur im Fall von 2'-Desoxy-Cytidin lag die Ausbeute bei immer noch mageren 2,5%. Angesichts des schwerwiegenden präbiotischen „Verdünnungsproblems“ sind diese Resultate in keiner Weise überzeugend.

Es ist noch wichtig zu erwähnen, dass die Reaktion in Gegenwart von Magnesium-Salzen kaum abläuft, wie der Originalliteratur entnommen werden kann. Das aber bedeutet, dass ein in der Erdkruste häufig vorkommendes Ion abwesend sein müsste, damit die Reaktion stattfindet – ein praktisch unüberwindbares Problem für dieses hypothetische Szenario der Entstehung der Bausteine der DNA. Schließlich stellt sich die Frage, warum Teichert et al. die Entstehung von DNA-Bausteinen ohne angefügte Phosphatgruppen simulierten. Denn ohne Phosphatgruppen ist die Weiterreaktion der Bausteine zu DNA-Makromolekülen absolut ausgeschlossen.

Es ist bezeichnend, wie dieses Thema auf der Seite von *scinexx* dargestellt wurde. Zum einen wurden die Ergebnisse des Originalartikels beschönigt bis hin zu glatten Falschaussagen. **Zum anderen wurden kritische Aspekte der Originalarbeit komplett ausgeblendet.** Auf diese Weise wirkt der Kommentar manipulativ und nicht im Sinne einer ausgewogenen Berichterstattung. Denn die Originalarbeit von Teichert et al. liefert kein gutes Argument für eine mögliche Entstehung von DNA noch von Desoxy-Nucleosiden unter plausiblen präbiotischen Bedingungen. Vielmehr verdeutlicht die Arbeit erneut, dass Moleküle des Lebens nur mithilfe von ausgefeilter Experimentierkunst hergestellt werden können.

Quellen

Benner SA (2013) Asphalt, Water, and the Prebiotic Synthesis of Ribose, Ribonucleotides and RNA. *Acc. Chem. Res.* *12*, 2025-2034.

Binder H (2009) Neue Synthese für Nukleinsäure-Bausteine- ein plausibler Weg zu ersten Nukleinsäuren? *Stud. Integr. J.* *16*, 111-113.

Deck C, Jauker M & Richert C (2011) Efficient enzyme-free copying of all four nucleobases template by immobilized RNA. *Nature Chemistry* *3*, 603-608.

Ferris JP & Huang W (2006) One-Step, Regioselective Synthesis of up to 50-mers of RNA Oligomers by Montmorillonite Catalysis. *J. Am. Chem. Soc.* *128*, 8914-8919.

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

Lindahl T (1993) Instability and decay of the primary structure of DNA. *Nature* *362*, 709-715.

Powner MW, Gerland B & Sutherland JD (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. *Nature* *459*, 239-242.

Schmidtgall B (2014), RNA-Welt: Krise überwunden? *Stud. Integr. J.* *21*, 22-28.

Teichert JS, Kruse FM & Trapp O (2019) Directed prebiotic pathway of DNA nucleosides. *Angew. Chem.* *131*, 10049-10052; *Angew. Chem. Int. Ed.* *58*, 9944-9947.

Autor dieser News: Boris Schmidtgall

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n268.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.01.19 Schritte zum Leben ohne Enzyme?

Als Erklärungsansatz für eine natürliche Entstehung des Lebens wird derzeit die sogenannte RNA-Welt-Theorie favorisiert. Aufgrund ihrer Defizite wird aber auch ein prinzipiell anderer Ansatz untersucht: die „Stoffwechsel-zuerst“-Theorie. Demnach sollen nicht RNA-Moleküle, sondern Reaktionsnetzwerke oder -zyklen (Stoffwechsel) aus kleinen organischen Molekülen zuerst entstanden sein. Die Forschungsgruppe um Joseph Moran veröffentlichte kürzlich zwei Artikel, in denen Prozesse, die im Zusammenhang mit der Kohlenstofffixierung stehen, als mögliches Modell für einen urtümlichen Stoffwechselweg vorgeschlagen werden. Die Autoren behaupten in ihren Ausführungen, wichtige Hinweise auf geochemisch plausible Vorgänge erhalten zu haben, die am Anfang des organismischen Lebens, wie wir es kennen, gestanden haben könnten. Hält das Modell einer kritischen Untersuchung stand?

Alle bekannten Lebensformen beruhen auf hochgradig komplexen und vernetzten biochemischen Vorgängen. Der reibungslose Ablauf dieser Vorgänge ist allerdings nur unter Beteiligung hochspezifischer und anspruchsvoll gebauter Proteine (Enzyme) möglich, die wiederum ihrerseits anhand der Information des Erbguts zusammengebaut werden. Zusammen mit weiteren unverzichtbaren molekularen Bausteinen (Cofaktoren, Fette, Zucker) erscheint die minimal erforderliche Komplexität von Organismen außerordentlich groß. Die unmittelbare Entstehung einer Urzelle („LUCA“, last universal common ancestor) durch natürliche Vorgänge erscheint daher keinem Wissenschaftler als plausibel. Folglich wird im Rahmen von evolutionstheoretischen Modellen angenommen, dass schrittweise chemische Vorgänge zunächst die unverzichtbaren molekularen Bausteine des Lebens hervorgebracht haben sollen, welche sich dann zu den aktuell bekannten biochemischen Funktionseinheiten und schließlich zu Organismen organisiert haben sollen. **Hierbei haben sich im Wesentlichen zwei gegensätzliche Herangehensweisen zur Erklärung des Lebensursprungs herausgebildet: die „RNA-Welt“-Theorie¹ und die „Stoffwechsel-zuerst“-Theorie.²**

Auch wenn die Mehrheit der Lebensursprungsforscher die „RNA-Welt“ als Modell für den Anfang des Lebens bevorzugt, motivieren dessen mannigfaltige Erklärungsdefizite (Schmidtall 2013), z. B. die ausgeprägte Labilität der RNA-Bausteine, zur Untersuchung der alternativen Idee, die allerdings auch zahlreiche schwerwiegende Schwächen aufweist. Die kritische Frage für „Stoffwechsel-zuerst“-Theorien stellt sich in Bezug auf katalytisch wirksame Proteine: Wie können Stoffwechselvorgänge am Anfang des Lebens gestanden haben, wenn alle derzeit bekannten vergleichbaren Vorgänge auf hochkomplexe Enzyme (katalytische Proteine) angewiesen sind? Ausgehend von dieser Fragestellung werden daher so genannte „enzymfreie“ Stoffwechselvorgänge untersucht, die als mögliche Modelle für einen Ursprung des Lebens ohne komplexe Proteine dienen sollen.

Aktuell befasst sich die Forschungsgruppe um Joseph Moran an der Universität Strasbourg (Frankreich) mit Experimenten, die wichtige experimentelle Daten für das Stoffwechsel-zuerst-Modell liefern sollen. Der Konzeption ihrer experimentellen Arbeit liegt die Annahme zugrunde, dass aktuell bekannte zentrale Stoffwechselvorgänge den erdgeschichtlich frühen Vorläufern sehr ähnlich oder gar mit ihnen identisch sind. Die Auffassung, dass die Chemie der urtümlichen Stoffwechselnetzwerke von derjenigen heutiger Organismen wesentlich verschieden war und sich erst später zur heutigen entwickelte, lehnt Morans Gruppe ab: **„Obwohl diese Herangehensweise wichtig ist, schafft sie unvermeidlich eine tiefe Kluft zwischen der angeführten präbiotischen Chemie und der Biochemie heutiger Organismen, die sie eigentlich zu erklären sucht“** (Muchowska et al. 2017).

Als Untersuchungsgegenstand wählte die Gruppe um Moran Vorgänge, die mit der Kohlenstofffixierung im Zusammenhang stehen. Dabei handelt es sich um molekulare Prozesse, bei denen Kohlenstoffdioxid aus der Atmosphäre aufgenommen wird, damit daraus Stoffe gebildet werden, aus denen Gewebe aufgebaut werden kann, wie es auch heute in Pflanzen und einigen Mikroorganismen geschieht. Die dabei gebildeten chemischen Verbindungen sind energiereich und dienen deshalb vielen anderen Organismen als Nahrungsquelle. Die Kohlenstofffixierung kann daher als Basis des heute existierenden Lebens aufgefasst werden und gilt deshalb auch als guter Kandidat für den chemischen Vorgang, der den Anfang für organismisches Leben, wie wir es heute kennen, gelegt haben könnte.

Da davon ausgegangen wird, dass die Atmosphäre zu Beginn der Erdgeschichte frei von Sauerstoff war, werden CO₂-Fixierungsvorgänge in anaerob (ohne Sauerstoff) lebenden Mikroorganismen als mögliche „Wiege des Lebens“ betrachtet. Als besonders gut geeignete Kandidaten gelten hierbei der reverse Citratzyklus (rCZ) und der Wood-Ljungdahl-Weg (auch reduktiver Acetyl-CoA-Weg). Diese beiden physiologischen Vorgänge werden von anaerob lebenden Bakterien zur Synthese des chemischen Grundbausteins Acetat aus CO₂ genutzt. In beiden Fällen handelt es sich um Stoffwechselwege, die nur in Abwesenheit von Sauerstoff ablaufen, da einige der beteiligten Enzyme sehr empfindlich gegenüber Oxidation durch Sauerstoff sind. Da alle beteiligten Enzyme bei weitem zu komplex für ein plausibles präbiotisches Szenario sind, wurden in der Gruppe um Moran Versuche unternommen, hypothetische enzymfreie Versionen des rCZ (zumindest teilweise) aufzubauen (s. Abb. 1). Der rCZ ist zudem von besonderer Relevanz, weil er autokatalytisch ist, d. h. dass in diesem Zyklus ein molekularer Baustein seine eigene Vermehrung katalysiert – in Analogie zu Organismen, die sich unter Aufnahme von Materie und Energie vermehren.

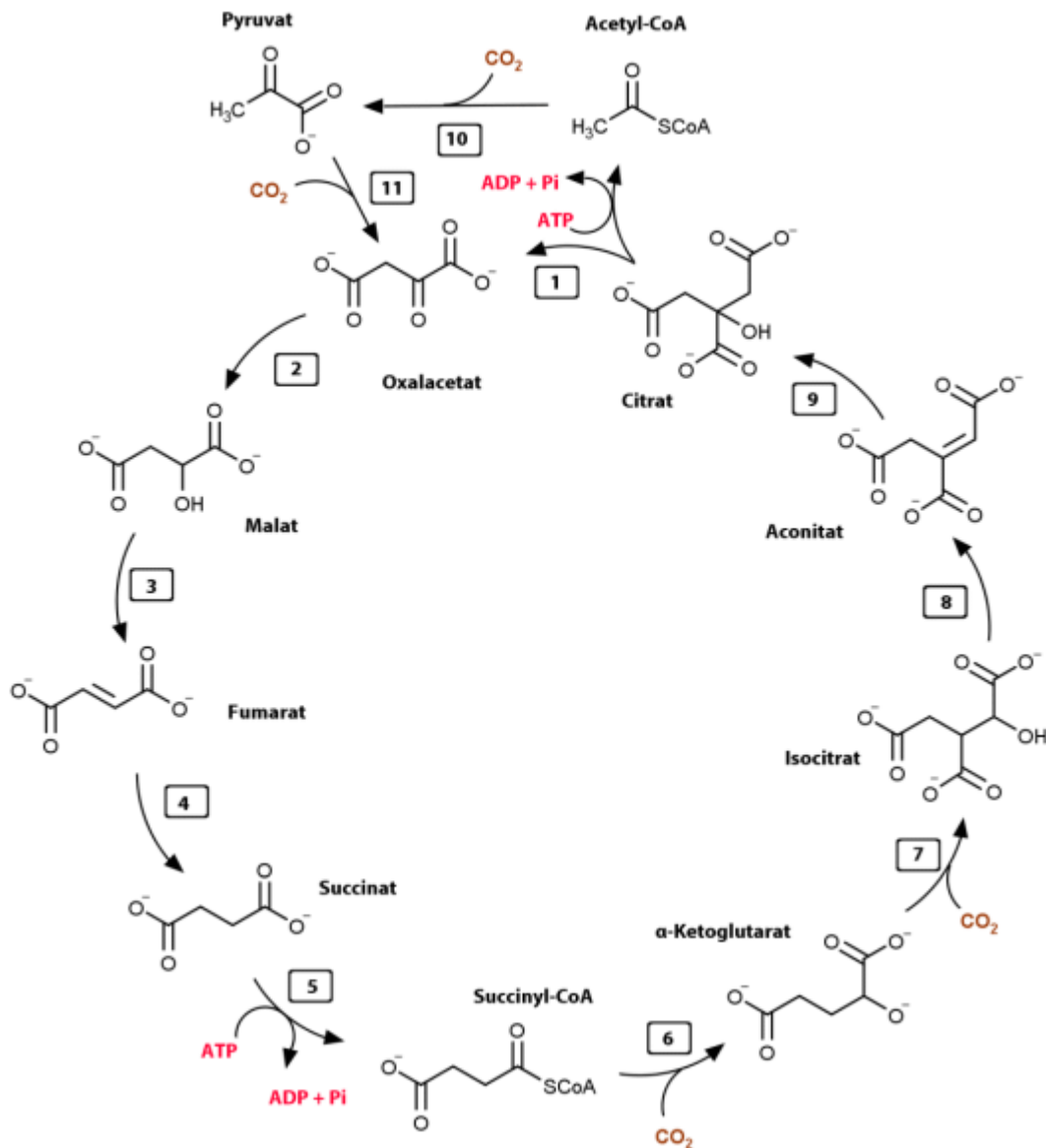


Abb. 1: Schematische Darstellung des reversen Citratzyklus.

Befunde der Arbeit

In einer ersten Publikation zu diesem Thema (Muchowska et al. 2017) behaupten die Autoren, dass es ihnen gelungen sei, einen großen Teil des reversen Citratzyklus ohne Enzyme aufzubauen. Sie geben dabei an, sechs der elf Reaktionen, aus denen der reverse Citratzyklus aufgebaut ist, ohne Beteiligung von Enzymen und in Gegenwart weniger verschiedener Metallionen realisiert zu haben. Die Reaktionen konnten bei hohen Temperaturen (140 °C) und in stark saurem Milieu (pH = 0-1) durchgeführt werden. Die Autoren um Moran folgern, dass dieser Befund die Plausibilität eines enzymfreien rCZ-Wegs als präbiotischem Vorgang stützt und sind überzeugt, dass diese Ergebnisse Anlass zu der Hoffnung gäben, dass es – im Sinne einer zukunftsweisenden Perspektive – gelingen könnte, ein präbiotisches Reaktionsnetzwerk ohne Beteiligung von Enzymen zu charakterisieren, welches den AcCoA-Weg und den rCZ-Weg beinhaltet.

In einer weiteren Arbeit befasste sich die Gruppe um Moran (Varma et al. 2018) mit dem Aufbau essentieller C₂ und C₃-Bausteine (Acetat und Pyruvat, s. Abb. 1) aus CO₂ an der

Oberfläche von Partikeln verschiedener Metalle in elementarer Form (Fe^0 , Ni^0 , Co^0). Dabei wurden Versuche unternommen, Bedingungen zu finden, die mit denjenigen der zuvor beschriebenen Arbeit zum enzymfreien rCZ kompatibel wären. Auf diese Weise sollte ein vollständiges Modell für die Entstehung eines urtümlichen biochemischen Vorgangs aufgestellt werden. Die Reaktionen der Versuchsreihe wurden in den meisten Fällen bei einem hohen Druck von 35 bar³ CO_2 (ohne andere Gase) und einer Temperatur von 140°C in wässriger Lösung geführt. Bei den Versuchen konnte tatsächlich die Bildung von Acetat und Pyruvat an der Oberfläche der elementaren Metalle nachgewiesen werden. Diesen Befund werteten die Autoren als sicheren Hinweis dafür, dass es „auffällige Parallelen zwischen einer plausiblen präbiotischen Chemie und frühen chemischen Prozessen der Kohlenstofffixierung, die von primitiven, autotrophen Organismen genutzt wurden“ gäbe. Dies stütze die Hypothese, so die Autoren, dass die Geochemie eine wichtige Rolle in der Entstehung des Lebens gespielt habe.

Kritik

Auch wenn die angesprochenen Experimente der Gruppe um Moran wohl durchdacht und elegant sind, können die zugrundegelegten Bedingungen in keiner Weise als präbiotisch bezeichnet werden. Wie in der Laboratoriumschemie üblich, wurden ausschließlich gereinigte Chemikalien verwendet (z. B. Metalle mit über 99% Reinheit, hochreines Wasser). Für die Experimente zum Aufbau präbiotischer Zyklen wurden chemische Verbindungen am Anfang in fertiger Form vorgelegt. Eine der Verbindungen (Oxalosuccinat) war so empfindlich, dass sie durch aufwändige chemische Synthese kurz vor dem Versuch hergestellt werden musste, da sie sich auch bei schonender Lagerung schnell zersetzte. In einigen Fällen wurden den Reaktionen bestimmte Verbindungen portionsweise zugesetzt. Auch die Behauptung, dass die Reaktionsbedingungen, die im Reaktor eingestellt wurden, mit heißen Untersee-Quellen („Schwarze Raucher“) vergleichbar wären, ist nicht gerechtfertigt, da keine unterseeischen Quellen bekannt sind, in deren Umgebung ein pH-Wert von ca. 0-1 gegeben ist. Zudem sind solche Quellen angefüllt mit einem Reichtum an verschiedenen Mineralien, unter denen sicherlich auch solche vorliegen, die die Bildung chemischer Reaktionsnetzwerke stören würden. Dagegen wurden von Morans Gruppe nur Versuche mit einer oder zwei Ionensorten durchgeführt. Interessanterweise wurde auch festgestellt, dass die Reaktionsketten in Gegenwart von Molybdän-Ionen überhaupt nicht ablaufen. Es wäre sicherlich auch interessant zu sehen, wie die Reaktionen bei Vorhandensein verschiedener Kombinationen von drei oder vier oder auch einer größeren Anzahl an Metallionen verlaufen wären. Doch ist kein solcher Versuch protokolliert worden. Die Vermutung, dass unter solchen Bedingungen, die der Realität deutlich näher wären, nicht das aus Sicht der Autoren gewünschte Ergebnis eingetreten wäre, liegt nahe.

Bei den Reaktionen von CO_2 im Druckreaktor mit verschiedenen Metallen konnten zwar mit Acetat und Pyruvat biologisch wichtige Verbindungen nachgewiesen werden, allerdings erst, nachdem die Metalloberfläche mit hochkonzentrierter, wässriger Natriumhydroxid-Lösung (7.5 M!) behandelt wurde. Bei Verzicht auf diesen Schritt hafteten die chemischen Verbindungen (Pyruvat, Acetat) weiterhin an der Metalloberfläche und konnten nicht nachgewiesen werden. Es bedarf keiner näheren Erläuterung, dass derart hohe Konzentrationen an Natriumhydroxid keinerlei Bezug zu einem realistischen Szenario für die Entstehung der ersten Lebewesen haben.

Angesichts der unrealistischen Versuchsbedingungen ist die durchweg optimistische Interpretation der Befunde durch die Autoren kaum nachvollziehbar. Zunächst einmal ist zu konstatieren, dass überhaupt kein Stoffwechselzyklus beobachtet worden ist. Es wurden

lediglich zwei getrennte Reaktionsabfolgen zu je drei Reaktionsschritten konstruiert (Schritte 2-4 und 7-9, s. Abb. 1). Zudem handelte es sich bei den Reaktionsschritten um relativ leicht zu realisierende chemische Reaktionen: Dehydratisierung, Reduktion einer C-C-Doppelbindung bzw. einer Keto-Gruppe. Hierbei handelt es sich um Reaktionen, die nicht notwendigerweise einer Enzym-Katalyse bedürfen, weswegen sie möglicherweise als vielversprechender Forschungsgegenstand für enzymfreie „präbiotische“ Stoffwechselwege ausgesucht worden sind. Dagegen wurden die anspruchsvollen Reaktionen wie die reduktiven Carboxylierungen (Schritte 6 und 10, s. Abb. 1) oder die Lyase-Reaktion (Schritt 1, s. Abb. 1) in den Artikeln kaum thematisiert. Es ist nicht schwer zu verstehen, weshalb über präbiotische Analoga solcher Reaktionen auch in den Publikationen der Gruppe um Moran keine Information zu entnehmen ist: Es handelt sich um sehr anspruchsvolle Reaktionen, die über labile Thioester-Intermediate und unter ATP⁴-Verbrauch verlaufen. Solche Reaktionen können unter wässrigen Bedingungen nicht realisiert werden, es sei denn in Gegenwart hochkomplexer Enzyme, da Thioester sich im wässrigen Medium rasch zersetzen (Hydrolyse). Enzyme hingegen können in speziellen hydrophoben Kavitäten unter Wasserausschluss solche Vorgänge verwirklichen.

Ein weiterer kritischer Punkt, der bereits von Orgel (2008) diskutiert worden ist, wurde von der Gruppe um Moran nicht genügend gewürdigt: Der rCZ-Zyklus setzt sich aus Komponenten zusammen, die hinsichtlich Struktur und Reaktivität sehr ähnlich sind. **Daher ist zu erwarten, dass in es Abwesenheit von Enzymen zu einer Vielzahl an unerwünschten Reaktionen und schließlich zum Erliegen des Reaktionsnetzwerks kommt, wenn alle Verbindungen in demselben Raum vorliegen und identischen Bedingungen ausgesetzt sind.** Gemäß den Schilderungen der Gruppe von Moran wurden verschiedene Teile des rCZ *getrennt* durchgeführt. In Organismen dagegen liegen alle Verbindungen in einem Raum vor. Das zentrale Problem hierbei ist die fehlende Spezifität der chemischen Reaktionen in Abwesenheit von Enzymen. Orgel kommentierte dies wie folgt: „Es ist eher das Fehlen der Spezifität als ein Mangel an Effizienz, das die wesentliche Barriere für die Existenz komplexer autokatalytischer Zyklen von beliebiger Art darstellt.“

Doch ein Kernproblem der „Stoffwechsel-zuerst“-Hypothese wird sowohl von Moran als auch von Orgel nicht erwähnt: **Für die Entstehung eines Organismus bedarf es gleichzeitig sowohl der katabolischen (abbauenden) als auch der anabolischen (aufbauenden) Stoffwechselwege.** Zudem sind in Lebewesen unzählige Stoffwechselwege miteinander verknüpft. Wie es zur Entstehung eines solchen Systems durch ungerichtete chemische Reaktionen gekommen sein soll, scheint angesichts der schwerwiegenden Probleme selbst relativ einfache präbiotische Analoga physiologischer Prozesse zu modellieren weit außerhalb des Erklärbaren zu liegen.

Der grundsätzliche Irrtum, der hier vorliegt, geht aus folgender Aussage von Moran (2018) hervor: „Es ist daher möglich, sich viele plausible geologische Szenarien vorzustellen, [...] in genereller Übereinstimmung mit der Idee, dass der Stoffwechsel entstand, damit aufgestaute Redoxgradienten zwischen dem reduzierten Eisen der Erdkruste und einer vergleichsweise stark oxidierten CO₂-reichen Atmosphäre sich entladen können.“ Zur Veranschaulichung des Inhalts dieser Aussage sei folgende Analogie angeführt: „Es gibt viele denkbare Szenarien, in denen eine Turbine mitsamt einem Kraftwerk durch natürliche Prozesse entstand, damit die potentielle Energie eines Stausees sich ins Tal entladen konnte.“ Auch wenn letztere Aussage unsinnig klingt, hat sie im Prinzip eine vergleichbare Bedeutung wie das Zitat von Moran. Das Vorliegen eines energetischen Potentialgefälles und dessen Entladung sind für die Entstehung eines komplexen Energieverwerters bei weitem nicht hinreichend.

Literatur

Muchowska KB et al. (2017) Metals promote sequences of the reverse Krebs cycle. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 1716-1721.

Orgel LE (2008) On the implausibility of metabolic cycles on the prebiotic earth. *PloS Biology* 6, e18.

Schmidtgall B (2013) RNA-Welt: Krise überwunden? *Studium Integrale Journal* 20, 16-22. (<http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij211/sij211-3.html>)

Varma SJ et al. (2018) Native iron reduces CO₂ to intermediates and endproducts of the acetyl-CoA pathway. *Nat. Ecol. Evol.* 2, 1019-1024.

Anmerkungen

1 Nach dieser Theorie entstanden zunächst genetische Moleküle, RNA (engl. ribonucleic acid), die fähig waren, sich selbst zu replizieren. Anschließend soll sich um diese „RNA-Welt“ allmählich ein vollständiger Stoffwechsel entwickelt haben.

2 Gemäß dieser Denkweise standen Netzwerke aus chemischen Reaktionsketten (Stoffwechselfvorgänge) kleiner organischer Moleküle am Anfang des Lebens. Diese Reaktionsnetzwerke sollen dann durch das Hinzukommen genetischer Moleküle stabilisiert worden sein.

3 Der gewöhnliche Atmosphärendruck liegt bei 1 bar.

4 Adenosintriphosphat, die allgemeine „molekulare Energiewährung“ in Organismen.

Autor dieser News: Boris Schmidtgall

2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n264.php

24.11.18 Ursuppe richtig gemischt? Große Sicherheit bei unklarer Faktenlage

Für eine glaubwürdige Hypothese zum Ursprung des Lebens bedarf es eines realistischen Modells für die geochemischen Randbedingungen. Vor kurzem wurde in einer Publikation der Zeitschrift *Astrobiology* von Computersimulationen zu einem Szenario berichtet, in welchem Schwefeldioxid eine wichtige Rolle spielt. Die Untersuchungen wurden durchgeführt, um die Plausibilität eines früher beschriebenen Modells des Lebensursprungs (Patel et al. 2015) zu verbessern. Die Ergebnisse wurden kurz darauf auf der Internetseite *wissenschaft.de* kommentiert. Es zeigt sich einmal mehr, dass zwischen den tatsächlichen Inhalten wissenschaftlicher Artikel und der populärwissenschaftlichen Berichterstattung eine erhebliche Diskrepanz vorliegt: Den Lesern werden die Schwierigkeiten und spekulativen Annahmen von Modellen zum Ursprung des Lebens regelmäßig verschwiegen.

Die Bezugnahme auf übernatürliche Kräfte in wissenschaftlichen Artikeln ist eher unüblich. In populärwissenschaftlichen Berichten verhält es sich jedoch manchmal anders, insbesondere dann, wenn es um die Frage nach dem Ursprung des Lebens geht. Vor einigen Monaten wurde auf der Internetseite *wissenschaft.de* in dem Text „Brodende Ursuppe“ (Burczyk 2018) kurz darüber berichtet, dass wichtige Hinweise auf die Chemie des Lebensursprungs erhalten wurden. Dabei war die Rede von „höllischen Verhältnissen“, die den Eindruck erwecken, dass „hier der Teufel kocht“.

So dramatisch wie der Einstieg in den kurzen Text war allerdings der wissenschaftliche Befund, von dem berichtet wurde, bei weitem nicht. Es handelte sich lediglich um Resultate relativ trockener Computersimulationen zu möglichen geochemischen Bedingungen, die zur Zeit der ersten Lebensformen auf der Erde geherrscht haben sollen (Ranjan et al. 2018). In dem Fachartikel wurde anhand von rein theoretischen Berechnungen die Hypothese aufgestellt, dass dem Gas Schwefeldioxid eine wichtige Rolle bei der Entstehung der chemischen Systeme des Lebens zukomme. Das Ziel der Arbeit war eine Verbesserung der Plausibilität des Lebensursprungs-Modells von Patel et al. (2015). Dass dieses Modell auf falschen Voraussetzungen gegründet ist und folglich irreführende Schlussfolgerungen gezogen wurden, hat Herkert (2015) treffend analysiert. Unter anderem wurde von Patel ohne stichhaltige Begründung angenommen, dass das Hydrogensulfidion (HS^-) eine wesentliche Rolle in den ersten chemischen Netzwerken, aus denen drei der wichtigsten Bausteine des Lebens (Nukleotide, Lipide und Aminosäuren) hervorgegangen sein sollen, gespielt habe. Nun ging auch aus den Berechnungen von Ranjan et al. hervor, dass die Anreicherung urzeitlicher Gewässer mit Hydrogensulfid-Salzen nicht ausreichend gewesen sein dürfte, weswegen SO_2 als alternative Schwefel-Quelle angenommen wurde.

Die Berechnungen von Ranjan et al. sind dabei alles andere als trivial und betreffen chemische Gleichgewichte und Zusammensetzungen der Atmosphäre und der Gewässer. Dabei ist eine Vielzahl an Parametern wie UV-Strahlung, pH-Wert, chemische Reaktionen, Temperatur, Löslichkeit in Wasser, Vorkommen bestimmter Mineralien etc. zu berücksichtigen. Selbst heute dürfte eine genaue Erklärung und Vorhersage der Dynamik von Atmosphäre und Geosphäre eine fortwährende Herausforderung für viele Expertenteams sein – wie viel mehr gilt das für Zustände, die lange vor unserer Zeit liegen und deren genaue Bedingungen unbekannt sind. Daher konnten die Autoren um Ranjan es nicht vermeiden, für ihre Berechnungen starke Vereinfachungen anzunehmen. So gehen sie z. B. davon aus, dass das Gewässer, in dem die chemischen Bestandteile des Lebens entstehen, absolut homogen ist

– eine unrealistische, aber für das erhoffte Ergebnis nötige Voraussetzung. Es wurden noch weitere gewagte Annahmen gemacht, z. B. ein hoher atmosphärischer CO₂- Gehalt von 0,9% (heute: 0,04%), damit die Berechnung am Ende zum gewünschten Ergebnis führt, worauf hier nicht detailliert eingegangen werden soll. Jedoch kann festgehalten werden, dass die Schlussfolgerungen des Artikels keineswegs zuverlässig sind.

Die Autorin des Berichts auf *wissenschaft.de* erwähnt solche solche „Details“ allerdings mit keinem Wort. Sie beschreibt die Schlussfolgerungen von Ranjan et al., als gäbe es keinen Grund, sie zu hinterfragen. Dabei wird das gängige erdgeschichtliche Narrativ erneut, wie so oft in vergleichbaren Artikeln, mantraartig wiederholt: Zu Beginn enthielt die Atmosphäre keinen Sauerstoff, es gab eine intensive Aktivität der Vulkane, die eine große Vielfalt an chemischen Verbindungen ausspielen. Die Moleküle bildeten anschließend lebenswichtige Bausteine usw. **Dass dieser hypothetische Verlauf auf vielen unbegründeten Annahmen und Spekulationen beruht, kommt dabei nicht zur Sprache.**

Der Artikel von Ranjan et al. ist ein weiteres gutes Beispiel dafür, wie erwünschte Ergebnisse mithilfe passender Annahmen erzeugt werden. Die spekulative Natur der Arbeit von Ranjan et al. hätte in dem Bericht auf *wissenschaft.de* im Sinne einer objektiven und der Wahrheitssuche dienenden Berichterstattung zumindest erwähnt werden müssen. So aber bestätigt sich ein weiteres Mal die erhebliche Kluft zwischen tatsächlichen Befunden der Lebensursprungsforschung und ihrer unrealistisch optimistischen Wiedergabe in populärwissenschaftlichen Artikeln.

Literatur

Burczyk J (2018) Brodelnde Ursuppe. <https://www.wissenschaft.de/bildervideos/bild-der-woche/brodelnde-ursuppe/>, abgerufen am 11. 10. 2018.

Herkert J (2015) Herkunft von RNA, Proteinen und Fettsäuren aufgeklärt? *Studium Integrale Journal* 22, 114-116. (<http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij222/sij222-10.html>)

Patel et al. (2015) Common origins of RNA, protein and lipid precursors in a cyanosulfidic protometabolism. *Nat. Chem.* 7, 301-307.

Ranjan S et al. (2018) Sulfidic anion concentrations on early earth for surficial origins-of-life chemistry. *Astrobiology* 18, 1023-1040.

Autor dieser News: Boris Schmidtgal

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n263.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

31.03.18 Lebensspuren unter extremen Wüstenbedingungen – auch auf anderen Himmelskörpern?

In den Medien erregen Meldungen mit Hinweisen auf Leben irgendwo im All große Aufmerksamkeit. Die Lektüre offenbart dann, dass die Hinweise in sehr optimistischen Interpretationen von wenigen Befunden beruhen und somit eher Wunschträumen oder Erwartungshaltungen der Öffentlichkeit entspringen. Hier einige aktuelle Forschungsergebnisse und deren Einordnung und Bewertung.

Gebiete in der Atacama-Wüste im Westen Südamerikas (im Süden Perus und in Chile) zählen zu den trockensten Lebensräumen der Erde. Nach den äußerst seltenen Niederschlägen zeigt sich, dass sich auch hier Leben entfalten kann, wenn die entsprechenden Wüstenregionen für begrenzte Zeit aufblühen. Die meiste Zeit aber stellt diese Region enorme Herausforderung an jegliche Art von Lebewesen.

Ein umfangreiches internationales Wissenschaftlerteam hat nun untersucht, ob unter den in der Atacama-Wüste vorherrschenden Bedingungen wie extreme Trockenheit, sehr salzige Böden und ausgeprägter Nährstoffmangel mikrobielles Leben dauerhaft möglich ist. Die Forscher sammelten Proben im Jahre 2015 – nach dem letzten nennenswerten Niederschlagsereignis – sowie in den beiden darauffolgenden Jahren (2016 und 2017), in denen keine Niederschläge verzeichnet worden waren. Sie konnten anhand von Proben an verschiedenen geographischen Regionen zeigen, dass sowohl die Biomasse als auch die Vielfalt der Mikroorganismen mit zunehmender Trockenheit abnimmt. Unter den extremen Lebensbedingungen ist es schwierig, Leben überhaupt zuverlässig nachzuweisen. Daher verwendeten die Autoren unterschiedliche Kriterien für den Nachweis von mikrobiellem Leben. Sie konnten vier verschiedene Hinweise auf dauerhaft lebende Mikroben (neben den sehr robusten Sporen, die manche Bakterien bilden) aufzeigen: (a) die physikalisch-chemische Beschaffenheit des Bodens, der durch Pflanzen nach einem der sehr seltenen Regenereignisse nutzbar ist; (b) den Nachweis von Biomolekülen, die auf aktive Zellen hinweisen, wie ATP, Phospholipide, Stoffwechselprodukte und enzymatische Aktivität; (c) messbare Verdopplungsraten von Genomen in Bodenproben und (d) spezifische Zusammensetzung der Mikrobengemeinschaften, abhängig von Qualität des Bodens und der Tiefe, aus der die Proben genommen wurden.

Aus ihren Befunden leiten die Autoren ein Arbeitsmodell für den Mars ab, obwohl sie davon ausgehen, dass die dort herrschenden Bedingungen noch extremer sind. Sie gehen davon aus, dass wenn sich je Leben auf dem Mars entwickelt haben sollte, Überreste davon in Nischen unter der Oberfläche zu finden sein könnten. Für die Erde wissen wir, dass es hier Lebewesen gibt, die uns immer wieder mit erstaunlichen Eigenschaften überraschen. Belege dafür, dass es auf dem Mars jemals Leben gegeben hat, fehlen allerdings bisher!

Über die Möglichkeiten außerirdischen Lebens wird nicht nur im Zusammenhang mit dem vergleichsweise erdnahen Planeten Mars spekuliert, auch andere Himmelskörper werden unter astrobiologischen Fragestellungen ins Blickfeld genommen. In einer NASA-Mission (2004-2017) wurden mit der Raumsonde Cassini (und Huygens) Saturn und seine Monde untersucht. Im Rahmen dieser Mission wurden am Südpol des Saturnmondes Enceladus Wasserdampf-Fahnen dokumentiert. Diese Befunde führten bereits 2008 zu Spekulationen über Leben auf

diesem Mond (McKay et al. 2008). Weitere Daten wurden als Hinweise auf hydrothermale Prozesse interpretiert, die unter der Eisdecke dieses Himmelskörpers ablaufen könnten. In jüngeren Publikationen werden neben Wasser auch Methan (CH₄), Kohlenstoffdioxid (CO₂), Ammoniak (NH₃), molekularer Stickstoff (N₂) und Wasserstoff (H₂) nachgewiesen (Waite et al. 2017) und damit die Vermutung hydrothermaler Vorgänge auf Enceladus erhärtet.

Taubner et al. (2018) haben jetzt unter der Annahme, dass zwischen dem als steinern angenommenen Kern und der vereisten Oberfläche des Saturnmondes in flüssigem Wasser geochemische Prozesse bei gemäßigten Temperaturen (< 100 °C) ablaufen, die Idee geprüft, ob ein Teil des Methans biologischen Ursprungs sein könnte. Sie konnten im Labor unter simulierten Enceladus-Bedingungen zeigen, dass Methan produzierende Archaeobakterien unter den dort angenommenen Drücken CO₂ in CH₄ umwandeln. Damit könnte, so schlussfolgern die Autoren, ein Teil des nachgewiesenen CH₄ biologischen Ursprungs sein und damit auf Leben hinweisen.

Auch dieser indirekte Hinweis, dass es auf Enceladus möglicherweise Lebewesen geben könnte, ist stark von der Überzeugung geprägt, dass biologische Systeme auch an anderen Orten im Universum unter geeigneten Bedingungen zu erwarten sind, ohne Absicht und entsprechende Steuerung. Für diese Überzeugung gib es jedoch keinen Anlass und bisher liegt auch kein empirischer Beleg für extraterrestrisches Leben vor.

Literatur

McKay CP, Porco CC, Altheide T, Davis WL & Kral TA (2008) The possible origin and persistence of life on Enceladus and detection of biomarkers in the plume. *Astrobiology* 8, 909–919.

Schulze-Makuch et al. (2018) Transitory microbial habitat in the hyperarid Atacama desert. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*; doi: 10.1073/pnas.1714341115.

Taubner R-S, Pappenreiter P, Zwicker J, Smrzka D, Pruckner C, Kolar P, Bernacchi S, Seifert AH, Krajete A, Bach W, Peckmann J, Paulik C, Firneis M, Schleper C & Rittmann SK-MR (2018) Biological methane production under putative Enceladus-like conditions. *Nat. Comm.* 9, 748; doi: 10.1038/s41467-018-02876-y.

Waite JH et al. (2017) Cassini finds molecular hydrogen in the Enceladus plume: evidence for hydrothermal processes. *Science* 356, 155–159.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n258.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

3.03.17 Mikrofossilien: Hinweis auf sehr frühe Lebensspuren?

Eine jüngst erschienene Publikation von Geowissenschaftlern zu mikroskopischen Strukturen in einer der vermutlich frühesten Gesteinsformationen, die auf der Erde verfügbar ist, ist von den Tagesmedien aufgenommen worden. Dabei wurden die fachliche Interpretation der Befunde und die Überlegungen zu deren möglicher Entstehung in einer Weise popularisiert, als wären Fossilien mit spektakulärem Alter entdeckt worden. Im Folgenden soll verdeutlicht werden, dass die Interpretation durchaus nicht trivial ist und dass sie weitreichende Fragen eröffnet, die weder in den Medien noch im Original angesprochen werden.

Das Gestein des Nuvvuagittuq-Gürtels in der Nähe von Quebec (Kanada) birgt nach derzeitigen Erkenntnissen eine der ältesten eisenhaltigen Strukturen unserer Erde. Das Alter dieser Formation wird von Fachleuten kontrovers diskutiert – manche geben aufgrund von radiometrischen Uran-Blei (U-Pb)-Messungen an Zirkonkristallen ein Alter von 3,774-3,751 Milliarden radiometrischen Jahren an, während andere aufgrund von Samarium-Neodym (¹⁴⁶Sm-¹⁴²Nd)-Daten für bestimmte Einheiten von einem Alter von bis zu 4,280 Milliarden radiometrischen Jahre ausgehen. Die Zusammensetzung der Mineralien unterstützt eine Vorstellung, nach welcher der Ursprung dieser Gesteine im Meerwasser in der Nähe von hydrothermalen Quellen liegt sowie unter dem Einfluss von Vulkanismus gestanden hat.

Dodd et al. 2017 haben aus dieser Formation Proben genommen und untersucht. **Sie dokumentieren Befunde, die sie als fossile Hinweise auf sehr frühe mikrobische Lebensformen interpretieren.** So fanden sie mikroskopische faserartige Strukturen aus Hämatit, einem Eisenoxid (Fe₂O₃), 2 bis 14 µm breit und bis zu 0,5 mm lang, in einer Jaspis-Matrix. Ähnliche Strukturen sind aus dem Phanerozoikum („Zeitalter sichtbarer Lebewesen“, ca. 541 Millionen rad. Jahre bis heute) bekannt: aus Lokken, Norwegen (ca. 480 Millionen rad. Jahre) und dem Franciscan-Komplex in Kalifornien (ca. 180 Millionen rad. Jahre). Die beschriebenen Filamente ähneln ebenso Strukturen in heutigen Ablagerungen an hydrothermalen Quellen mit niedriger Temperatur, bei denen diese Strukturen bekanntermaßen von Eisen-oxidierenden Bakterien gebildet werden.

Weiter dokumentieren die Autoren zylindrische Röhren aus feinkörnigem Hämatit, die von Quarzkörnern umgeben und ausgefüllt sind. Ähnliche Röhren finden sich auch in Jaspis aus anderen fossilen Überresten von hydrothermalen Quellen, wo sie Eisen-oxidierenden Bakterien zugeschrieben werden. Dodd et al. fassen die Beobachtungen an den mikroskopischen Strukturen in Jaspis in 5 Punkten zusammen:

1. Die Röhren enthalten im Inneren Hämatit-Filamente,
2. am Ende mancher Röhren finden sich Hämatitknoten, wie sie von Röhren, die von Mikroben gebildet werden, in der geologischen Überlieferung bekannt sind,
3. der Röhrendurchmesser ist mit 16-30 µm relativ gleichförmig, vergleichbar mit anerkannten fossilen Mikrofossilien,
4. wie bei heutigen Eisen-oxidierenden Bakterien weisen die Röhren ungefähr dieselbe Ausrichtung auf und

5. die Röhren treten zusammen mit unterschiedlichen Mineralien wie Apatit und Karbonat auf.

Um zu prüfen, ob diese mikroskopischen Strukturen tatsächlich biogenen Ursprungs sind (also von Lebewesen stammen), suchten die Autoren nach rein abiogenen Mechanismen für deren Entstehung (d. h. sie wählten als Nullhypothese, dass die beschriebenen Strukturen *nicht* von Lebewesen stammen). Doch keiner der heute bekannten Prozesse oder deren Kombination, wie z. B. Fließsysteme, Fällungsreaktionen, Selbstanordnungen, Diagenese konnten die Entstehung der beschriebenen Strukturen befriedigend erklären. Daraufhin verwarfen die Autoren die Nullhypothese der rein anorganischen Entstehung der mikroskopischen Strukturen.

Gründe für Deutung als Lebensspuren. Dodd et al. schreiben, dass sie aufgrund des Aktualismus davon ausgehen, dass auch die von ihnen beschriebenen fossilen Strukturen mineralisierte Überreste mikrobiologischer Aktivitäten sind.¹ Sie begründen dies mit vielen Beispielen in der ganzen geologischen Überlieferung und auch aus der Gegenwart, dass Mikroorganismen Hämatitrohren in der Umgebung hydrothermalen Quellen verursachen.

Die Entscheidung, dass es sich um Lebensspuren handelt, wird aus Sicht der Autoren durch weitere Befunde gestützt: Organischer Kohlenstoff von Mikroorganismen kann durch bio- und geochemische Prozesse zu Karbonat oxidiert werden. So kann man in entsprechenden Formationen kleine, ringförmige Plättchen (Rosetten) aus Karbonatmineralien finden, in die noch kohlenstoffhaltige (graphitartige) Partikel eingestreut sind. Dodd et al. beschreiben mikroskopische Kalzit-Rosetten, in denen sie durch Raman-Spektroskopie auch Graphitpartikel nachweisen konnten. Auch die Isotopenverteilung von ¹³C in Karbonaten und Graphit sind verträglich mit der Vorstellung eines mikrobiologischen Ursprungs der Fossilien. Die Autoren führen auch das Vorkommen von Phosphaten – biochemisch bedeutsame Verbindungen – in Form von Apatit an. Die einzelnen Phänomene können aber unter bestimmten geochemischen Bedingungen auch ohne Beteiligung von Organismen, also rein anorganisch entstehen.

In jüngeren Ablagerungen sind kleine Graphitpartikel, die mit Magnetit, einem Eisenoxidmineral (Fe₃O₄) überzogen sind, bekannt (z. B. aus der Mozaan-Gruppe in Südafrika; Progonium: 2,9 Milliarden rad. Jahre). Für deren Entstehung werden Eisenoxidierende Mikroben angenommen. Ähnliche Partikel mit einem Durchmesser von 100-500 µm finden sich auch in den von Dodd et al. untersuchten Jaspis-Proben. Die Autoren fügen ihrem Artikel eine Vielzahl von mikroskopischen Aufnahmen bei, anhand derer sie Vergleiche zu jüngeren Fossilien anstellen, bei denen eine Beteiligung von Organismen bei der Entstehung angenommen wird.

Die Erfahrung zeigt, dass mikroskopische Strukturen für unterschiedliche Interpretationen offen sind und so ist damit zu rechnen, dass dieser Befund kontrovers diskutiert werden wird, vor allem auch aufgrund seines angegebenen spektakulären Alters von 3,77 (oder vielleicht sogar 4,28) Milliarden rad. Jahren.

Bewertung. Zunächst einmal soll hier festgehalten werden, dass die vorgelegten Belege keineswegs zwingend oder unwiderleglich für eine Beteiligung von Lebewesen bei der Entstehung der untersuchten Proben sprechen. Die Versuchung, spektakulär alte fossile Hinweise auf Leben zu präsentieren, kann den Blick trüben für Aspekte, die dem eher widersprechen. Die zu erwartende kritische Diskussion der Fachleute wird diese Aspekte – vermutlich weniger spektakulär – ans Licht bringen. Die Diskussion um die Interpretation der

vorgelegten mikroskopischen Gesteinsstrukturen hat erst begonnen und ist nicht zuletzt auch von der Faszination gefährdet, etablierte Grenzen mutig und öffentlichkeitswirksam zu überschreiten (wobei der Effekt durch grenzwertig plakative Formulierungen und Darstellungen in populären Medien noch verstärkt wird²).

Worin liegt eigentlich die Brisanz dieses Befundes und seiner Interpretation als derzeit ältester fossiler Beleg für Leben auf der Erde? Die derzeitigen lehrbuchmäßigen Modelle gehen davon aus, dass die Erde ca. 4,6 Milliarden Jahre alt ist. Angesichts der gängigen Vorstellungen zur Planetenentstehung ist es sehr erstaunlich und bisher nicht verstanden, wie bereits zu einem so frühen Zeitpunkt in der Geschichte der Erde Leben vorkommen und fossil erhalten bleiben kann. Das würde bedeuten, dass in den ältesten Gesteinsformationen bereits vorhandenes Leben fossil dokumentiert ist. Es wäre quasi von Anfang an da! Wenn einige der Autoren in Interviews, von denen Ausschnitte in Zeitungen³ und per Video⁴ weite Verbreitung finden, sich dahingehend äußern, dass der Befund auch so verstehbar sei, dass Leben ganz einfach entstehen kann und deshalb vielleicht auch an anderen Orten im Universum zu erwarten sei, dann gibt es dafür derzeit keinen empirischen Beleg; solche Aussagen sind unbegründet und von Zirkelschlüssen geprägt. Zum anderen ist die Behauptung, dass Leben womöglich ganz einfach entsteht, ein Schlag ins Gesicht derer, die sich seit den ersten naturalistischen Spekulationen von Oparin (1938) vergeblich bemühen, Möglichkeiten der Entstehung von Leben im Labor nachzuvollziehen. Es ist erstaunlich und aufgrund etablierter Vorstellungen schwer verständlich, dass fossile Lebensspuren sehr früh auftauchen. Woher kommt dieses Leben? Wie könnte es zustande gekommen sein? Das bleiben offene und zu erforschende Fragen! Jedenfalls ist es wünschenswert, dass Proben dieser Art weiter intensiv untersucht werden. **Sollte sich der bisherige Trend bestätigen, dass sehr früh in der Erdgeschichte Lebensspuren auftreten, dann sind etablierte Vorstellungen herausgefordert und gezwungen, eine wie auch immer geartete „natürliche“ Entstehung des Lebens von der Erde weg an einen andern Ort im Universum zu verlegen.** In einem an biblischen Texten orientierten schöpfungstheoretischen Ansatz dagegen sind Gegebenheiten, wie sie durch die hier vorgestellten Interpretationen nahegelegt werden, zu erwarten.

Literatur

Dodd MS, Papineau D, Grenne T, Slack JF, Rittner M, Pirajno F, O'Neil J & Little CTS (2017) Evidence for early life in earth's oldest hydrothermal vent precipitates. *Nature* 543, 60-64.

Anmerkungen

¹ „Uniformitarianism, epitomised by younger examples of microbially produced haematite tubes in hydrothermal vent precipitates throughout the geological record, leads us to conclude that the haematite tubes and filaments within the NSB jaspers are the mineralized remains of bacterial sheaths and extracellular filaments.“

² Spektrum: Sind das die ältesten Spuren des Lebens? <http://www.spektrum.de/news/sind-das-die-aeltesten-spuren-des-lebens/1440080>

NZZ: Hinweis auf Leben vor 4 Milliarden Jahren.

<https://www.nzz.ch/wissenschaft/biologie/fossilienfund-hinweis-auf-leben-vor-vier-milliarden-jahren-ld.148740>

FAZ: Fossilienfund deutet auf Leben vor vier Milliarden Jahren hin.

<http://www.faz.net/aktuell/wissen/erde-klima/revolutionaerer-fossilienfund-deutet-auf-leben-vor-vier-milliarden-jahren-hin-14904999.html>

Spiegel online: <http://www.spiegel.de/wissenschaft/natur/fossilien-sollen-mindestens-3-7-milliarden-jahre-alt-sein-a-1136922.html>

³ Video von University College, London, z. B.:

<https://www.youtube.com/watch?v=3E83c8yoID0> (9.3.2017)

⁴ Z.B.: Washington Post vom 1.3.2017 (dort ist ebenfalls das oben genannte Video verlinkt):

https://www.washingtonpost.com/news/speaking-of-science/wp/2017/03/01/newfound-3-77-billion-year-old-fossils-could-be-earliest-evidence-of-life-on-earth/?utm_term=.9afad26a4308

Die Journalisten Sarah Kaplan schreibt dort: „If their results are confirmed, they will boost a belief that organisms arose very early in the history of earth – and may find it just as easy to evolve on worlds beyond our own.“ Weiter zitiert sie Matthew Dodd: „The process to kick-start life may not need significant length of time or special chemistry, but could actually be a relatively easy process to get started“ said Matthew Dodd, a biogeochemist at University College London and lead author of the paper. „It has big implications for whether life is abundant or not in the universe.“

Autor dieser News: Harald Binder

© 2017, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n246.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.05.16 Chemie der Lebensentstehung: Tiefseeschlote im Brennpunkt

Hydrothermalen Tiefseequellen nahe der Mittelozeanischen Rücken wird in vielen Szenarien zur Lebensentstehung eine bedeutende Rolle zugeschrieben. Nachdem die besonderen Bedingungen in den porösen Schloten bereits für die Synthese von RNA-Molekülen modelliert worden sind, wurde das Modell jetzt für kleinere Moleküle durchgerechnet. Offene Fragen und Hindernisse für eine plausible Wirksamkeit der Systeme bleiben aber unberücksichtigt.

Hydrothermale Tiefseequellen, die schwarzen oder auch weißen Raucher im Bereich der Mittelozeanischen Rücken, tauchen seit ihrer erstmaligen Beschreibung Mitte der 1970-er Jahre regelmäßig in Szenarien zur Entstehung des Lebens auf. Die in dem bis zu über 400° C heißen Wasser gelösten Mineralien werden ausgefällt, wenn die heiße Lösung durch Kontakt mit dem kalten Ozeanwasser (ca. 3° C) rasch abkühlt und sich so der namengebende „Rauch“ bildet. Aus diesen ausgefallten Mineralien bauen sich dann mit der Zeit die Schlote auf, aus denen das stark aufgeheizte, mit Mineralien übersättigte Wasser aus der Tiefe an die Oberfläche des Ozeanbodens aufsteigt. Der poröse Aufbau dieser Schlote inspirierte Dieter Braun und seine Kollegen dazu, die Porenräume genauer zu studieren und die Auswirkungen von Temperaturgradienten in Röhren mit kleinen Querschnitten zu modellieren. Sie konnten zeigen, dass durch Thermophorese, also einem durch die Temperaturunterschiede verursachten Transport, kurze Nukleinsäuremoleküle in kapillaren Röhren angereichert werden können (Baaske et al. 2007). Diese Erkenntnisse wurden ebenso zur Entwicklung technischer Geräte genutzt wie auch zum Etablieren von Mechanismen zur Anreicherung von Biomolekülen im Zusammenhang mit der Chemie zur Lebensentstehung (Binder 2011, Imming 2015).

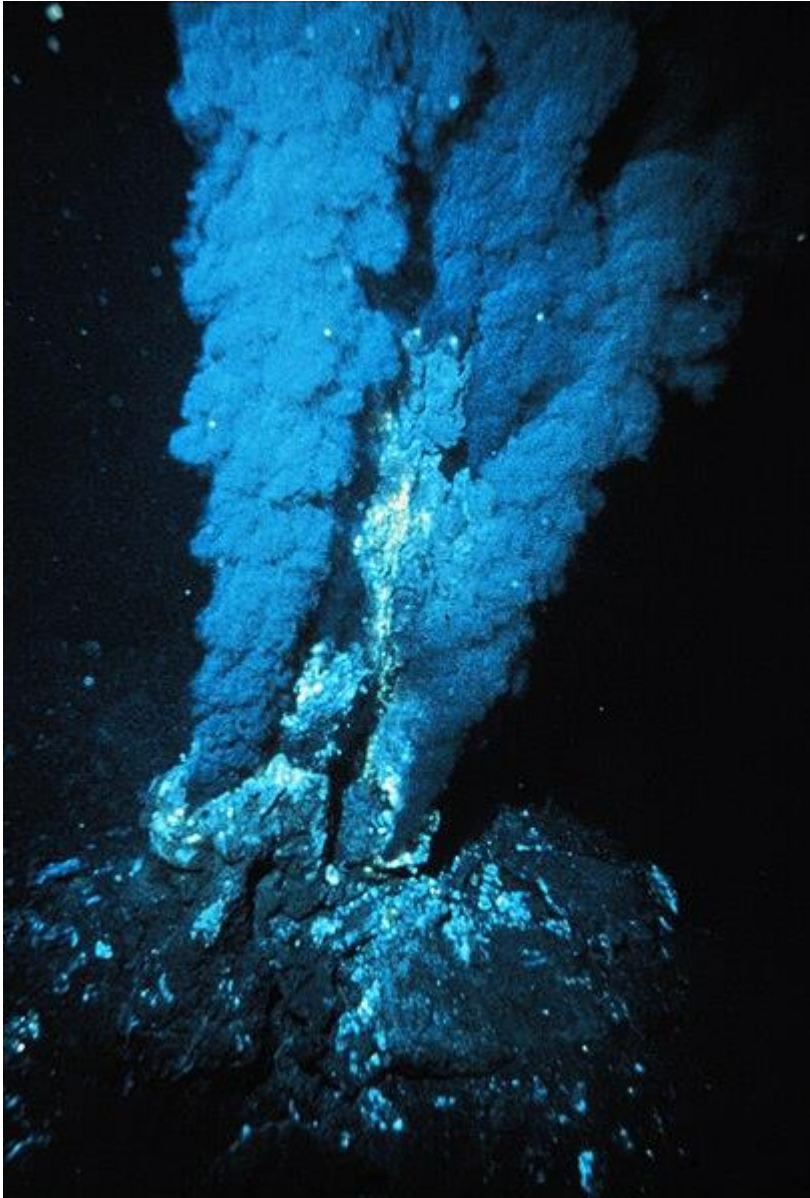


Abb. 1: Unterseeischer Vulkan vom Typ „Schwarzer Raucher“. (Wikimedia: P. Rona / OAR/National Undersea Research Program (NURP); NOAA - NOAA Photo Library, Public Domain)

Nun hat eine Gruppe von Wissenschaftlern ein solches thermophoretisches System in einer Modellrechnung genutzt, um die Anreicherung von Formamid (NH_2CHO) zu modellieren (Niether et al. 2016). Formamid hat in den Spekulationen zu präbiotischen Synthesen von Biomolekülen eine lange Tradition. Es lässt sich zwar analytisch fast überall nachweisen, jedoch in so geringen Konzentrationen, dass nicht nachvollziehbar ist, wie es bei der Synthese von Biomolekülen von Bedeutung sein kann. Die numerischen Modellierungen ergeben wie für die Nukleinsäuremoleküle unter entsprechenden Randbedingungen eine Anreicherung aus sehr verdünnten Formamidlösungen (10^{-3} Gewichts-%) auf 85 Gewichtsprozent. Bei Konzentrationen dieser Größenordnung scheint die Synthese z. B. von Stickstoffheterozyklen wie den Basen der Nukleinsäuren vorstellbar, wie die Autoren das im Titel ihrer Arbeit zum Ausdruck bringen.

Damit kann man die Veröffentlichung als ein weiteres Beispiel dafür betrachten, dass nur in begrenztem Umfang neue Erkenntnisse dokumentiert werden, diese aber durch die Verknüpfung mit dem die Fantasie anregenden Themenfeld der präbiotischen

Lebensentstehung an prominenter Stelle erscheinen und damit die Chance haben, große Öffentlichkeitswirkung zu erzielen.

Bei einer kritischen Reflexion der Bedeutung der Thermophorese in porösen Schloten von heißen Tiefseequellen für die präbiotische Synthese von Biomolekülen bleibt eine Reihe von Fragen bisher unbeantwortet. Inwieweit spiegeln die modellierten Prozesse reale Abläufe in den Tiefseeschloten wieder? Ist thermophoretische Anreicherung von Stoffen im Allgemeinen und organischer Verbindungen im Besonderen dort nachweisbar? Sollte das der Fall sein, dann erhebt sich weiter die Frage, ob dieser Anreicherungsprozess irgendwelche Selektivität zeigt. Sollten sich die bisherigen Modellrechnungen bestätigen, dann scheint die Anreicherung eher allgemeinen Charakter zu haben. Das aber würde zu einer Lösung führen, die eine höhere Konzentration an *vielen* vorhandenen Chemikalien enthält und damit wenig zu einer *spezifischen* Synthese von erforderlichen Biomolekülen beitragen kann.

Insofern bleibt festzuhalten, dass thermophoretische Anreicherung in kapillaren Systemen ein sehr interessantes Phänomen ist, das technisch manche interessante Anwendung zu ermöglicht. **Ob dieser Prozess tatsächlich in der Natur abläuft, bleibt ebenso zu zeigen wie auch, ob er das Potential hat, präbiotische Synthesen in irgendeiner Weise nachhaltig und spezifisch zu beeinflussen.**

Literatur

Baaske P, Weinert FM, Duhr S, Lemke KH, Russell MJ & Braun D (2007) Extreme accumulation of nucleotides in simulated hydrothermal pore systems. Proc. Natl. Acad. Sci. USA *104*, 9346-9351.

Binder H (2012) Wurde die RNA-Welt am Grunde des Ozeans etabliert? Stud. Int. J. *19*, 61-62.

Imming P (2015) Schritte ungeplanter, un gelenkter Entstehung von DNA und RNA? Stud. Int. J. *22*, 42-45.

Niether D, Afanasenkau D, Dhont JKG & Wiegand S (2016) Accumulation of formamide in hydrothermal pores form prebiotic nucleobases. Proc. Natl. Acad. Sci. USA *113*, 4272-4277.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2016, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n236.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.01.15 Chemie im Kosmos – Moleküle für das Leben?

Populäre Medien verbreiten nicht selten irreführende Meldungen über aktuelle Forschungsergebnisse. Ein aktuelles Beispiel ist die Behauptung, man habe Leben in den Tiefen des Weltalls gefunden. Tatsächlich wurden nur relativ kleine organische Moleküle nachgewiesen, die allenfalls indirekt in einem Zusammenhang mit Leben stehen könnten. Auch aus dem interstellaren Raum sind derzeit keine chemischen Prozesse bekannt, die die nötigen Bausteine lebender Zellen bereitstellen.

Über chemische Vorgänge im Kosmos haben wir vergleichsweise wenig **empirische*** Erkenntnisse. Auf der Erde gefundene Überreste von Meteoriten können untersucht werden, außerdem sind durch menschliche Aktivitäten im Weltraum von dort Proben verfügbar und wir können elektromagnetische Strahlung, die die Erde aus dem Kosmos erreicht, spektroskopisch analysieren und die Spektren interpretieren.

*empirische (= durch Erfahrung gewonnene)

Aus dem **interstellaren Raum*** sind derzeit etwa 180 organische Moleküle aufgrund ihrer Spektren dokumentiert. Das Physikalische Institut der Universität Köln präsentiert auf einer Internetseite eine Zusammenstellung der Moleküle (<http://www.astro.uni-koeln.de/cdms/molecules>) sowie der Literaturzitate, in denen ihr Nachweis beschrieben wird. Mit dem derzeit weltgrößten Radioteleskop (Atacama Large Millimeter/submillimeter Array, ALMA) haben Belloche et al. (2014) in einer Region mit der Bezeichnung Sagittarius B2(N) erfolgreich nach weiteren Molekülen gesucht. Diese Region befindet sich nahe des Zentrums unserer Galaxie und fällt durch massive Sternenproduktion auf.

*interstellarer Raum (= Raum zwischen den Sternen bzw. den Galaxien)

Bereits zuvor hatten Belloche et al. (2009) in dieser Region den Nachweis für Propylcyanid erbracht. Dieses und weitere vergleichsweise kleine Moleküle werden häufig hinsichtlich ihres Potentials zur Synthese komplexerer Moleküle diskutiert, die dann in einen Zusammenhang mit biologischen Systemen (Astrobiologie) gestellt werden. **Bislang sind das rein hypothetische Konzepte, es wurden bisher im interstellaren Raum noch keine biologischen Systeme gefunden.**

In ihrer jüngsten Arbeit dokumentieren Belloche et al. (2014) den spektralen Nachweis von iso-Propylcyanid. Dies gelang durch Vergleich von Spektren aus dem oben genannten interstellaren Bereich und modellierten (berechneten) Spektren. Die Autoren diskutieren, dass i-Propylcyanid ein geeigneter Baustein zur Synthese von Aminosäuren mit verzweigter C-Kette wie z. B. Valin und Leucin sein könnte und damit eventuell einen bedeutsamen Beitrag zur Astrobiologie leisten könnte.

Mit großem Erstaunen kann man dann allerdings in populären Medien von „Biomoleküle in der Milchstraße“ (Der Tagesspiegel, 26. 9. 2014) lesen oder gar „Deutsche Forscher entdecken Leben in den Tiefen des Alls“ (BILD 26. 9. 2014). **Titel dieser Art mögen zwar Leser animieren, haben aber mit wissenschaftlichen Befunden nichts zu tun.**

Das im interstellaren Raum spektroskopisch identifizierte i-Propylcyanid ist kein biologisch relevantes Molekül. Der astrobiologische Aspekt kommt erst durch die entsprechende Diskussion ins Blickfeld und damit wird ein eigentlich wenig spektakulärer Befund

popularisiert. Wenn das aber von der Tagespresse noch ins Extreme getrieben wird, ist das irreführend.

Literatur

Belloche A, Garrod RT, Müller HSP & Menten KM (2014) Detection of a branched alkyl molecule in the interstellar medium: iso-propyl cyanide. *Science* 345, 1584-1587.

Belloche A, Garrod RT, Müller HSP, Menten KM, Comito C & Schilke P (2009) Increased complexity in interstellar chemistry: detection and chemical modeling of ethyl formiate and n-Propyl cyanide in Sagittarius B2(N). *Astron. Astrophys.* 499, 215-232.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n223.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

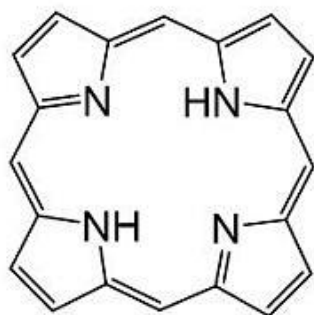
30.09.14 Tetrapyrrole – Biokatalysatoren der ersten Stunde?

Zahlreiche Schlüsselfunktionen im Ablauf von physiologischen Vorgängen heutiger Organismen werden von zyklischen Molekülen übernommen, die als Tetrapyrrol-Makrozyklen bezeichnet werden. Daher besteht großes Interesse an der Formulierung einer schlüssigen Hypothese für deren Abiogenese*. Bisherige Versuche der Simulation von Vorgängen, die zur Bildung dieser Verbindungen geführt haben sollen, ergeben jedoch keine gute Basis für ein plausibles Modell der erstmaligen Bildung von Tetrapyrrol-Makrozyklen.

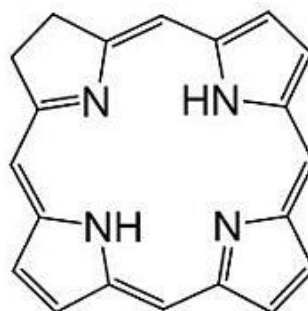
*Abiogenese (= erstmalige Entstehung auf physikalisch-chemischem Weg, ohne Voraussetzung von Leben)

Relevanz von Tetrapyrrol-Makrozyklen

Aufgrund ihres häufigen Vorkommens in unterschiedlichen biochemischen Funktionseinheiten, ihrer auffälligen Geometrie und der faszinierenden chemischen und physikalischen Eigenschaften sind Tetrapyrrole seit langem Gegenstand intensiver Untersuchungen. Zu den bekanntesten Beispielen gehören die Aufklärung der Struktur des grünen Blattfarbstoffs Chlorophyll (Willstätter & Fischer 1913) und des „roten Blutfarbstoffs“ Hämoglobin (Fischer & Zeile 1929). Bei Tetrapyrrolen handelt es sich um flache (planare), ringförmige Moleküle, die aus vier gleichen Untereinheiten zusammengesetzt sind. Zu den in der Natur am häufigsten vorkommenden Makrozyklen dieses Typs zählen Porphin **1**, Chlorin **2** und Corrin **3** (s. Abb. 1).



1
Porphin



2
Chlorin



3
Corrin



M-1
M = Mg²⁺, Fe^{2+/3+}, Co²⁺, Ni²⁺

Abb. 1: In Organismen häufig vorkommende Tetrapyrrol-Makrozyklen und der Metallion-Komplex M 1.

Aufgrund ihrer Stabilität kommen diese Verbindungen in größerer Menge in Sedimenten, Kohle und Erdöl vor (Schaeffer et al. 1993). Ihre ringförmige Struktur ermöglicht das Binden bestimmter Metallionen (s. Abb. 1), die einen Radius von 60-70 pm aufweisen (z. B. Mg²⁺ im Chlorophyll oder Co²⁺ im Vitamin B₁₂). Größere Metallionen wie Pb²⁺ (Blei), passen nicht ins Zentrum der cyclischen Verbindungen, während zu kleine Ionen wie Be²⁺ (Beryllium) oder Al³⁺ (Aluminium) nicht fest gebunden werden. Verbindungen aus Tetrapyrrolen und Metallionen werden als "Komplexe" bezeichnet und spielen bei zahlreichen physiologischen Vorgängen in Organismen eine zentrale Rolle. Für die Photosynthese ist das Chlorophyll (Mg²⁺-Porphyrin-Komplex) als Bestandteil des Lichtsammelkomplexes unverzichtbar. Der Sauerstoff-Transport im Blut vieler Lebewesen erfolgt durch das Hämoglobin, ein Enzym, in dessen Zentrum ein Fe²⁺-Porphyrin Komplex als Bindestelle für molekularen Sauerstoff fungiert. Weitere wichtige Funktionen von Metall-Tetrapyrrol-Komplexen sind die Beteiligung an Entgiftungsprozessen in der Leber (Monooxygenasen) und der Elektronentransport in der Atmungskette (Q-Cytochrom-c-Oxidoreduktase und Cytochrom-c-Oxidase).

Das Vorkommen porphinoider Ni²⁺-Komplexe bei Archaeobakterien gilt als Indiz dafür, dass diese Verbindungen bereits in einem frühen Stadium der angenommenen schrittweisen Lebensentstehung eine wichtige Rolle gespielt haben könnten (Eschenmoser 1988). Der Weg

zur Entstehung von Tetrapyrrolen galt jedoch lange Zeit als ungeklärt. In den vergangenen Jahren hat die Forschungsgruppe um Lindsey Hypothesen für die präbiotische Entstehung dieser Verbindungen auf der Basis von experimentellen Untersuchungen etabliert (Lindsey et al. 2009, Lindsey et al. 2011).

Analyse der Plausibilität des Modells zur Biogenese von Tetrapyrrol-Makrozyklen

Schon die gezielte Laborsynthese von Porphin **1** (s. Abb. 1) stellte bis vor kurzem noch eine beträchtliche Herausforderung dar. Im Jahr 1959 wurde eine Porphin-Synthese mit einer Ausbeute von mageren 5% in einer Publikation des *Journal of Organic Chemistry* beschrieben (Krol 1959). Vermutlich galten deshalb experimentelle Arbeiten zu Hypothesen über die präbiotische Entstehung dieser Verbindungen lange als wenig attraktiv. Erst im Jahr 2007 gelang es der Arbeitsgruppe um Lindsey, den Magnesium-Komplex **Mg-1** des Porphins in einer Ausbeute von 30% herzustellen (Lindsey 2007). Allerdings handelte es sich dabei um eine reine Laborsynthese, die für eine Diskussion potentieller präbiotischer Vorgänge ungeeignet ist. Der erste Versuch, eine Entstehung von Tetrapyrrol-Verbindungen unter als präbiotisch bezeichneten Bedingungen zu simulieren, wurde von Mauzerall durchgeführt (Mauzerall 1960). Bei diesen Versuchen wurde jedoch eine organische Verbindung (Porphobilinogen **PBG**) eingesetzt, deren abiogenetische Entstehung nicht als gegeben betrachtet werden kann. Zudem wurde nur eine Vorstufe (Uroporphyrinogen III, s. Abb. 3 unten) der physiologisch relevanten Makrozyklen Porphin **1**, Chlorin **2** und Corrin **3** erhalten. In einer Reihe von aktuellen Publikationen beschrieb die Gruppe um Lindsey nun Ergebnisse ihrer experimentellen Arbeiten, die eine mögliche Lösung für das zuerst genannte Problem der früheren Arbeiten (Entstehung von **PBG**) darstellen sollen.

Als Rahmenbedingungen für die Simulationen wurden eine anaerobe Atmosphäre, die Abwesenheit von Enzymen und das Vorhandensein höherer Konzentrationen an Aminolävulinsäure (**ALA**) und eines β -Ketoesters (**KE**) (Reaktion I, s. Abb. 2) oder eines 2,4-Diketons (**1-AcOH**) (Reaktion II, s. Abb. 2) in einer wässrigen Lösung angenommen. **ALA** wurde als Ausgangsverbindung in den Experimenten gewählt, da dieses Molekül auch in der Biosynthese (in lebenden Zellen) stets der Ausgangspunkt für die Bildung von Tetrapyrrol-Makrozyklen ist (Marks 1966). Auf diese Weise sollte demonstriert werden, dass heutige physiologische Vorgänge ihren Ursprung in chemischen Reaktionsabläufen ohne Beteiligung von Enzymen haben. Allerdings sind weder **KE** noch **1-AcOH** in der Biosynthese von Porphyrinen involviert. Diese Verbindungen wurden bei den Simulationsexperimenten eingesetzt, da die Kondensation von **ALA** mit sich selbst ohne Steuerung durch Enzyme hauptsächlich zum Dihydropyrazin (**DHP**) führt und nicht zum **PBG** (Reaktion III, s. Abb. 2).

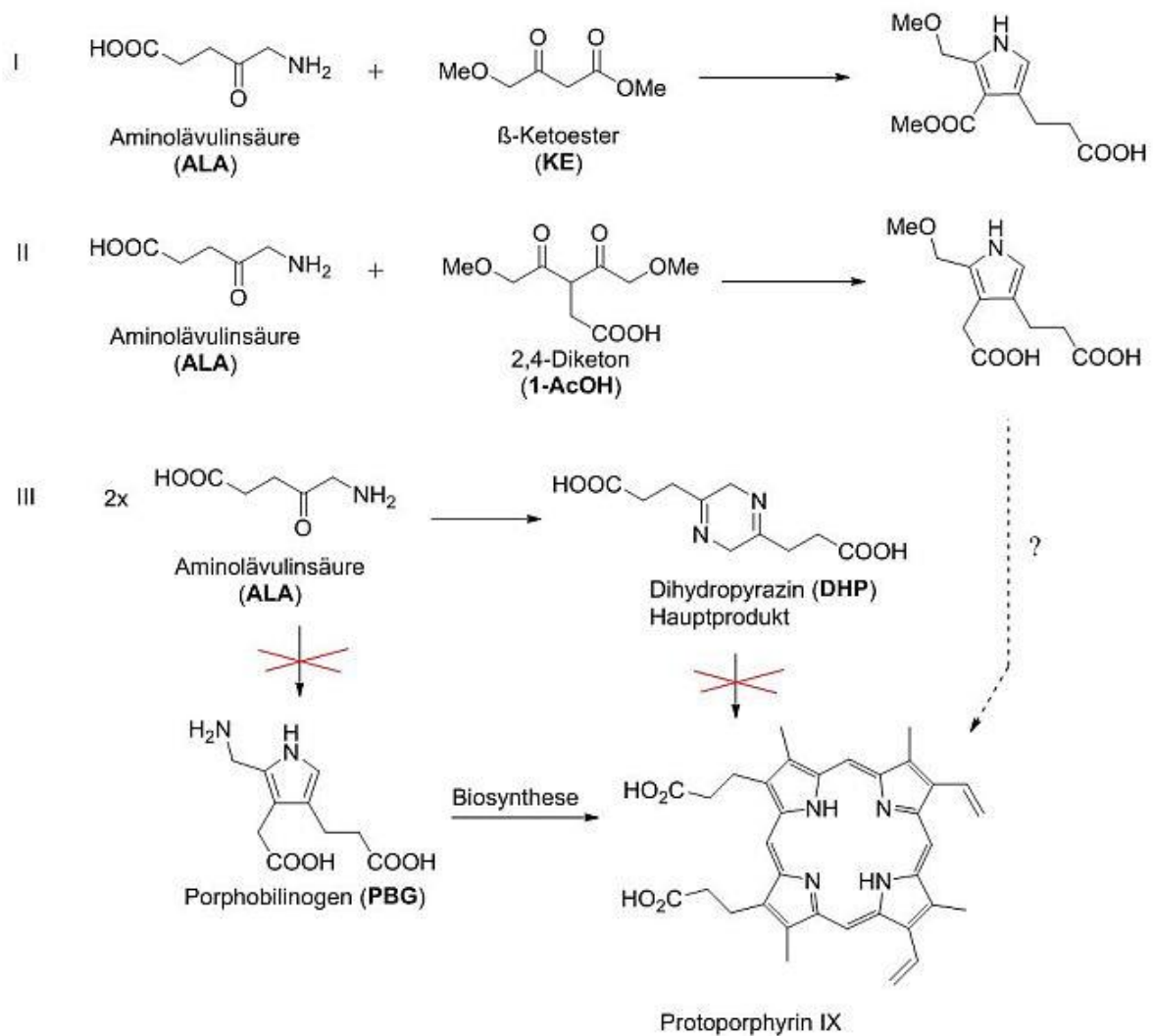


Abb. 2: Von LINDSEY untersuchte Reaktionen zur Bildung von PBG und dessen strukturelle Analoga.

Die Reaktionsbedingungen wurden hinsichtlich der Parameter Temperatur (70-100 °C bzw. 28-85 °C), pH-Wert (5-7) und Konzentration der Reaktionspartner (2-40 mM bzw. 5-240 mM) variiert, um zu belegen, dass diese Reaktionen keiner allzu spezifischen Bedingungen bedürfen (robuste Reaktion). Bei den durchgeführten Reaktionen konnte in einer maximalen Ausbeute von 10% der Makrozyklus Uroporphyrinogen III (s. Abb. 2) als Gemisch mit einigen Nebenprodukten erhalten werden. In diesen Versuchen wurde folglich die spontane Organisation von acht einfachen, acyclischen Molekülen zu einer relativ komplexen Verbindung (Tetrapyrrol) nachgewiesen. Nach Ansicht der Autoren eignen sich diese Befunde als Indiz für die Plausibilität der spontanen Selbstorganisation von Katalysatoren, metabolischen Zyklen und Vorläufern von Photosynthese-Systemen.

Gemäß Lindsey handelt es sich bei der untersuchten Reaktion um ein beeindruckendes Beispiel der Selbstorganisation von acht acyclischen Molekülen (4 x ALA + 4 x KE oder 4 x ALA + 4 x 1-AcOH) zu einem Tetrapyrrolgerüst (Lindsey 2011). Allerdings deutet die Ausbeute von maximal 10% an, dass die Reaktion nicht der hauptsächlich ablaufende Prozess ist. Die tatsächliche Hauptreaktion ist die Polymerisation. Zudem ist mit diesen Befunden keinesfalls der Nachweis für die Abiogenese von Tetrapyrrolen erbracht, die in den bereits erwähnten biologischen Funktionseinheiten vorkommen. Bei allen beschriebenen Experimenten wurde kein Protoporphyrin IX (s. Abb. 2) erhalten, sondern nur die

metabolische Vorstufe Uroporphyrinogen III (s. Abb. 3). Für die Weiterreaktion zum Protoporphyrin IX (unmittelbare Vorstufe vom Häm bzw., Chlorophyll) wären noch einige weitere Schritte notwendig, darunter vier regioselektive Decarboxylierungen und zwei Oxidationsschritte (s. Abb. 3).

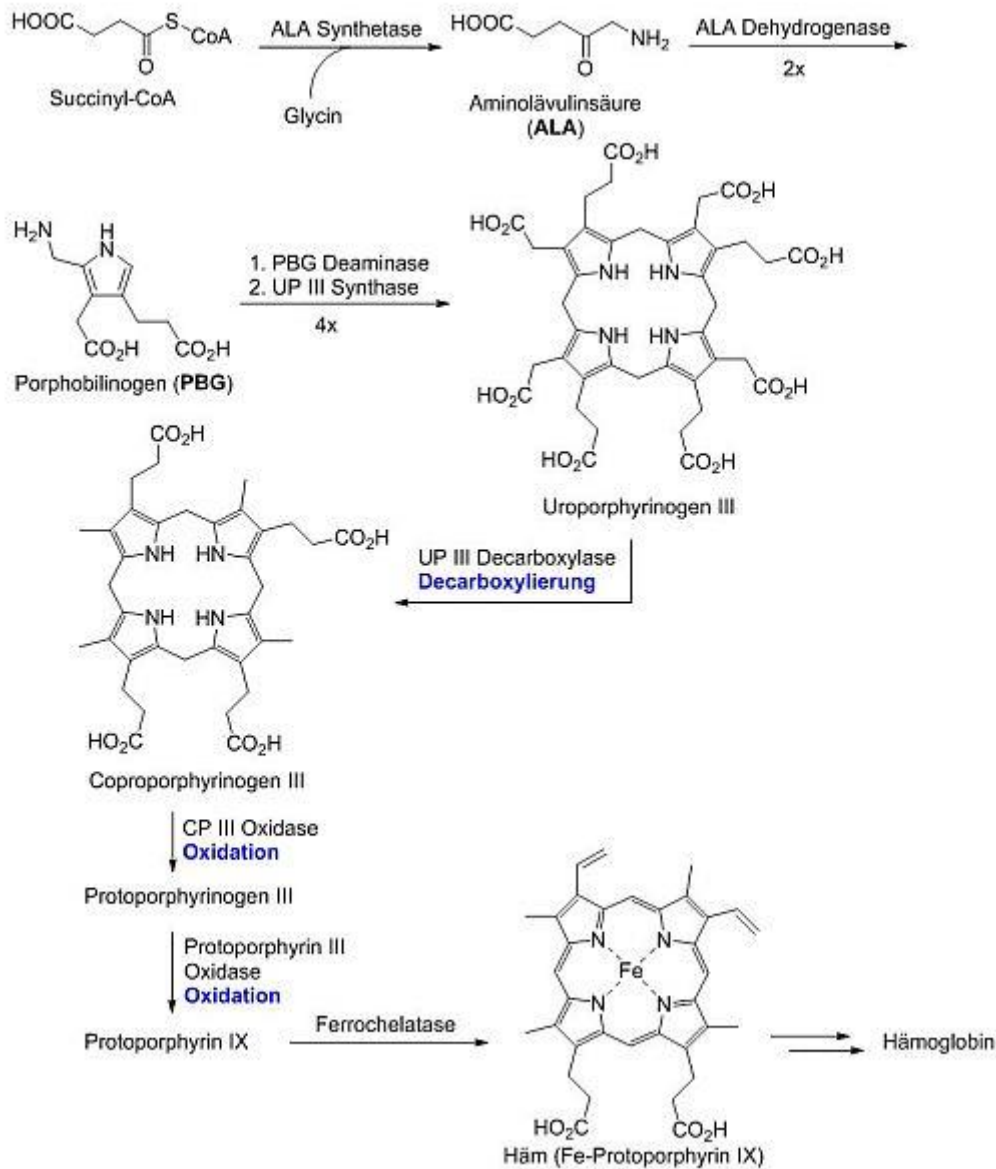


Abb. 3: Biosynthese des Häm-Systems als Beispiel für die biologische Entstehung von Porphyrinen.

Diese Reaktionen verlaufen in Zellen in unterschiedlichen Kompartimenten und unter Beteiligung von Enzymen. Besonders die Katalyse der Decarboxylierungen durch das Enzym Uroporphyrinogen III-Decarboxylase erweist sich als spektakulär, denn die Beschleunigung der Reaktionsgeschwindigkeit beträgt $6 \times 10^{24} \text{ M}^{-1}$. Es handelt sich dabei um die effizienteste Reaktionsbeschleunigung durch ein Enzym, die bisher bekannt geworden ist (Lewis 2008). Das bedeutet aber auch im Umkehrschluss, dass die entsprechende unkatalysierte Reaktion extrem langsam ist. Folglich ist dieser Vorgang auf die Katalyse angewiesen. Dazu passt auch der Befund (With 1975), dass die unkatalysierte Decarboxylierung nur unter sehr harschen Bedingungen abläuft (200 °C, 5 min). Auch die darauf folgenden Oxidationen von Coproporphyrinogen III und Protoporphyrin IX sind unter den von Lindsey gewählten Bedingungen problematisch, da in Gegenwart oxidierender Reagenzien die

Ausgangsverbindung **ALA** nicht beständig wäre. Überhaupt ist die chemische Verbindung **ALA** nur bei niedrigem pH-Wert (2.3) und unter anoxischen Bedingungen wenige Monate haltbar. Auch Lindsey und Mitarbeiter berichteten, dass diese Verbindung bei einer Temperatur von -15 °C aufbewahrt werden musste (Lindsey 2009). Diese Eigenschaft zeichnet sie als hochgradig ungeeignet für eine längere Verweildauer in einer präbiotischen Welt aus. Zumindest kann **ALA** nicht in einer von Lindsey vorausgesetzten „warmen Welt“ als Ausgangsverbindung angenommen werden.

Das entscheidende Problem ist jedoch die nicht einmal im Ansatz behandelte Fragestellung, wie porphinoide Verbindungen sich mit anderen Makromolekülen zu den eigentlich wirksamen biologischen Strukturen (Photosysteme, Hämoglobin, Porphyrin-haltige Enzyme) verknüpft haben könnten. Enzyme, die z. B. Häm-Einheiten enthalten, sind auf die Proteinhülle angewiesen, da anderenfalls die Spezifität der Reaktionen nicht gegeben wäre. Im Zusammenhang mit der Stoffwechsel-zuerst-Hypothese bezeichnete Orgel das Fehlen der Spezifität einfacher Vorgänger von späteren komplexeren Enzymen als das ungelöste Kernproblem (Orgel 2008): „Die größte Herausforderung für Verfechter von Metabolismus-zuerst-Hypothesen – die durch das Fehlen der Spezifität nichtenzymatischer Katalysatoren verursachten Probleme – sind generell nicht berücksichtigt worden.“¹ Verknüpfende Reaktionen mit porphinoiden Verbindungen dürften allerdings ohne geeignete Katalysatoren äußerst schwer zu realisieren sein, da Porphyrine aufgrund ihrer hohen thermodynamischen Stabilität ausgesprochen reaktionsträge sind. Sie stellen folglich eher eine Sackgasse auf dem Weg zu komplexen biologischen Strukturen dar als eine realistische Zwischenstufe.

Die Bildung porphinoider Verbindungen bedarf einer spezifischen Katalyse

Zusammenfassend gesagt **kann auf der Grundlage bisheriger Experimente kein schlüssiges Modell für die Entstehung porphinoider Verbindungen formuliert werden.** Trotz ihrer thermodynamischen Stabilität **bedarf es einer gezielten Steuerung der chemischen Reaktionen** durch komplexe und spezialisierte Enzyme, damit aus einfachen Vorläufern wie **ALA** die Tetrapyrrole **1-3** gebildet werden können.

Anmerkung

¹ „The most serious challenge to proponents of metabolic cycle theories – the problems presented by the lack of specificity of most nonenzymatic catalysts – has, in general, not been appreciated.“

Literatur

Eschenmoser A (1988), Vitamin B₁₂: Experimente zur Frage nach dem Ursprung seiner molekularen Struktur, *Angew. Chem.* 100, 5-40.

Fischer H & Zeile K (1929), Synthese des Hämatoporphyrins, Protoporphyrins und Haemins, *Justus Liebig's Ann. Chem.* 468, 98-116.

Krol S (1959), A New Synthesis of Porphyrin, *J. Org. Chem.* 24, 2065–2067. Lewis CA & Wolfenden R (2008). Uroporphyrinogen decarboxylation as a benchmark for the catalytic proficiency of enzymes, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 105, 17328–33.

Dogutan DK, Ptaszek M & Lindsey JS (2007), Direct Synthesis of Magnesium Porphine via 1-Formyldipyrromethane, *J. Org. Chem.* 72, 5008-5011.

Lindsey JS et al. (2009), Simple Formation of an Abiotic Porphyrinogen in Aqueous Solution, *Orig. Life Evol. Biosph.* 39, 495-515.

Lindsey JS et al. (2011), Abiotic formation of uroporphyrinogen and coproporphyrinogen from acyclic reactants, *New J. Chem.* 35, 65-75.

Marks GS (1966), The biosynthesis of heme and chlorophyll, *The Botanical Review* 32.1, 56-94.

Mauzerall D (1960), The condensation of porphobilinogen to uroporphyrinogen. *J. Am. Chem. Soc.* 82, 2605-2609.

Orgel LE (2008), The Implausibility of Metabolic Cycles on the Prebiotic Earth, *PLoS Biology* 6, e18.

Schaeffer P et al. (1993), Extraction of bound porphyrins from sulfur-rich sediments and their use for reconstruction of palaeoenvironments, *Nature* 364, 133.

Willstätter R & Fischer M (1913), Untersuchungen über Chlorophyll XXIII. Die Stammsubstanzen der Phylline und Porphyrine, *Justus Liebigs Ann. Chem.* 400, 182-194.

With TK (1975), Decarboxylation of Uroporphyrin by Heating at Atmospheric Pressure, *Biochem J.* 147, 249-251.

Gastbeitrag von Boris Schmidtgall

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n218.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.05.14 Eiserner Zugang zu ersten Stoffwechselreaktionen?

In Modellen zur Entstehung des Lebens wird nach Hinweisen gesucht, ob die genetische Information oder Stoffwechselreaktionen für eine erste Phase von größerer Bedeutung sind. Die uns bekannten Zellen als kleinste Einheiten von Lebewesen benötigen immer beides und noch viel mehr. Liefern die hier vorgestellten chemischen Reaktionen wirklich neue Einblicke in Prozesse, die zu ersten Zellen führen?

Lebende Systeme – von einfachen Zellen bis zu komplexen vielzelligen Organismen – sind u.a. dadurch charakterisiert, dass sie Biomakromoleküle enthalten, mit deren Hilfe sie Information speichern, replizieren und nutzen können, und Stoffwechsel betreiben. Durch vernetzte chemische Reaktionsabläufe werden in Zellen Nährstoffe umgewandelt, zum Teil in Komponenten, die am Aufbau der Zelle beteiligt sind. Dabei werden auch nutzbare Energie und Reduktionsäquivalente gewonnen.

In Diskussionen über den Ursprung des Lebens werden häufig Positionen einander gegenübergestellt, in denen entweder die zeitliche Priorität der informationsspeichernden Nukleinsäuren oder die des Stoffwechsels behauptet wird. Alle bekannten Lebewesen – ohne Ausnahme – weisen aber gleichzeitig beides auf, und wir haben Leben bisher nie anders kennengelernt!

Die Glykolyse und der Pentosephosphat-Zyklus sind zwei im Stoffwechsel bedeutsame Reaktionsabfolgen. Die beiden Reaktionsabfolgen ermöglichen es den allermeisten Lebewesen, Kohlenhydrate abzubauen bzw. sie zu verwerten. Keller et al. (2014) haben mit einer von ihnen etablierten Analyse-methode (Flüssigkeitschromatographie mit einem Massenspektrometer gekoppelt; LC-MS) 12 phosphathaltige Zucker-komponenten in wässrigen Lösungen bei erhöhter Temperatur untersucht. Zunächst untersuchten die Autoren jede der 12 Verbindungen in reinem Wasser bei 70°C nach 5 Stunden. Unter diesen Bedingungen wandeln sich manche der untersuchten Chemikalien in andere um – sie zerfallen. Die gebildeten Zersetzungsprodukte lassen den Rückschluss zu, dass 17 Reaktionsschritte abgelaufen sind, die auch an der Glykolyse und am Pentosephosphat-Zyklus beteiligt sind. Wenn Keller und Mitarbeiter das reine Wasser durch simuliertes Ozeanwasser ersetzen, fanden sie 28 Reaktionen, die in den beiden genannten biochemischen Reaktionszyklen auch stattfinden. Um Ozeanwasser zu simulieren, wurden reinem Wasser verschiedene Metallsalze zugefügt. Wenn Eisen (Fe) als zweiwertiges Eisen (Fe^{2+}) zugefügt und der Sauerstoffgehalt (O_2) stark verringert wurde, konnten sogar 29 verschiedene Reaktionen nachgewiesen werden. Unter diesen Bedingungen liefen alle nachgewiesenen Reaktionen im Vergleich zu höherem O_2 -Gehalt und Fe^{3+} sehr viel schneller ab, es ergaben sich also höhere Reaktionsgeschwindigkeiten. Die phosphathaltigen Zuckerverbindungen wurden in den Versuchen in Konzentrationen eingesetzt (100 μM), die typischerweise etwas geringer sind als die Konzentrationen der Verbindungen in Zellen.

Unter Bedingungen mit simuliertem Ozeanwasser wurden insgesamt 12,3 % des gesamten Kohlenstoffs (C) aus den Ausgangsstoffen in Stoffwechselprodukte der Glykolyse und des Pentosephosphat-Zyklus umgewandelt; 37,6 % waren in Form der eingesetzten Ausgangsstoffe erhalten geblieben und 51,1 % lagen nach der 5-stündigen Reaktionszeit in nicht identifizierter Form vor, also als Verbindungen, die im betrachteten Zusammenhang keine Rolle spielen sollten. Wurde das Eisen im simulierten Ozeanwasser als Fe^{2+} eingesetzt und O_2 stark verringert, dann fanden sich 11,9 % des C in neu gebildeten phosphathaltigen

Zuckerverbindungen, 49,9 % der Ausgangsverbindungen lagen nach 5 Stunden bei 70°C noch vor und 38,2 % in Form von nicht identifizierten Stoffen. Die Autoren bezeichnen die Bedingungen mit Fe²⁺ und nur Spuren von O₂ als urzeitlich („Archean ocean“).

Nun mag diese Studie unter bestimmten Gesichtspunkten interessant sein, aber **wenn z. B. Luisi (2014) in einem begleitenden Kommentar zu der Arbeit von Keller et al. von „einem enzymfreien, stoffwechselähnlichen Reaktionsnetzwerk“¹ schreibt, dann handelt es sich dabei vornehmlich um suggestive Formulierungen.** Etwa 12 % des eingesetzten C lässt sich in phosphathaltigen Verbindungen nachweisen, die durch thermodynamisch begünstigte Zerfallsreaktionen aus den Ausgangsverbindungen entstanden sind. Bis zur Hälfte des C wird dagegen in nicht relevante Verbindungen umgewandelt. Der von Keller et al. verwendete Begriff der Spezifität ist durch nichts in dieser Untersuchung gerechtfertigt (vielleicht am ehesten noch im Blick auf die Wirkung von Fe²⁺ mit wenig O₂ im Vergleich zu Fe³⁺ bei normalem O₂-Gehalt). Da von möglichst reinen Substanzen ausgegangen wird, sind viele Nebenreaktionen überhaupt nicht im Blickfeld; über Spezifität kann also gar keine Aussage gemacht werden. Ob die gebildeten phosphathaltigen Verbindungen in Gegenwart von vielen anderen Verbindungen überhaupt entstehen und unter den gewählten Bedingungen stabil sind, ist zu bezweifeln. **Die elementare Frage nach der Synthese (und Aufreinigung zu den erforderlichen Konzentrationen) der in dieser Studie eingesetzten Ausgangsstoffe ist darüber hinaus völlig offen.** Wir haben derzeit keine plausible Erklärung, woher diese kommen könnten.

Überhaupt scheint die Diskussion, ob Nukleinsäuren oder Stoffwechsel zuerst entstanden sind, das eigentliche Problem gar nicht im Fokus zu haben. Wir benötigen für die einfachsten bekannten lebenden Zellen beides und noch viel mehr! Und wir kennen derzeit weder für eine ungesteuerte Synthese von Nukleinsäuren noch für die Entstehung einfacher, vernetzter stoffwechselähnlicher Reaktionssysteme eine Erklärung, in der nur die bekannten Naturgesetze, ohne weitere – notwendige – Randbedingungen eine Rolle spielen. Eine Besprechung der Arbeit von Keller et al. auf der Internetseite eines populärwissenschaftlichen Journals (Osterkamp 2014) wird mit folgenden Worten eröffnet: „So viel ist klar: Leben ist nichts als eine kurze, regelmäßig aus sich selbst heraus wiederholte Phase geordneter chemischer Reaktionen auf engem Raum; diesen nennt man dann gewöhnlich ‚Lebewesen‘; im einfachsten Fall auch schlicht ‚Zelle‘.“ Mit derart stark reduktionistischen Konzepten werden „geordnete chemische Reaktionen“ als „Leben“ definiert. Das Explanandum² wird auf diese Weise kurzerhand wegdefiniert – eine Vorgehensweise, mit der in den Naturwissenschaften kein Erkenntnisgewinn zu erwarten ist.

Anmerkungen

¹ „In their recent work Keller et al. (2014) observe an enzyme-free, metabolism-like reaction network under conditions reproducing a possible prebiotic environment.“

² Das zu Erklärende

Literatur

Keller MA, Turchin AV & Ralser M (2014) Non-enzymatic glycolysis and pentose phosphate pathway-like reactions in a plausible Archean ocean. Mol. Syst. Biol. 10, 725; DOI: 10.1002/msb.20145228.

Luisi PL (2014) Prebiotic metabolic networks? Mol. Syst. Biol. 10, 729; DOI 10.1002/msb.20145351.

Osterkamp J (2014) Das Henne-Ei-Problem von der Entstehung des Lebens. <http://www.spektrum.de/alias/chemische-evolution/das-henne-ei-problem-von-der-entstehung-des-lebens/1283602>.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2014, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n211.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.01.12 Frühe Erdatmosphäre – ungünstige Bedingungen für chemische Synthesen

Wie unter mutmaßlichen Bedingungen einer hypothetischen frühen Erde Leben entstehen konnte, ist unbekannt (vgl. z. B. Entstehung von Proteinen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42061&Sprache=de&l=1> oder Entstehung von Nukleinsäuren, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42062&Sprache=de&l=1>). Nun scheint sich herauszustellen, dass dafür auch keine geeigneten Atmosphären-Bedingungen geherrscht haben.

In den derzeit diskutierten Modellen über die Zusammensetzung der Atmosphäre auf der frühen Erde gehen die meisten Wissenschaftler davon aus, dass die Gaszusammensetzung vor über 4 Milliarden Jahren hauptsächlich von Gasen beeinflusst war, die durch vulkanische Aktivität aus dem Erdinnern in die Atmosphäre gelangten (Kasting 1993). Für die Szenarien zur Lebensentstehung und die Synthesereaktionen der dafür notwendigen Moleküle hat die Zusammensetzung der Erdatmosphäre großen Einfluss.

Die Herausforderung besteht nun darin, Daten zu finden, anhand deren die Vorstellungen über die Zusammensetzung der Erdatmosphäre getestet werden können. Als sehr alte geologische Proben kennt man Mineralien, die als Zirkon (Zirkonsilikat, $ZrSiO_4$) bezeichnet werden. Dieses Mineral ist in abkühlendem Magma auskristallisiert. Dabei wurden auch andere Elemente in den Kristall eingebaut. Die ältesten Zirkonkristalle werden auf ca. 4,4 Milliarden Jahre datiert. Trail et al. (2011) haben das Element Cer in diesen alten Zirkonkristallen untersucht. Das Seltenerdenmetall Cer kommt in verschiedenen Oxidationsstufen vor (Ce^{3+} und Ce^{4+}) und das Verhältnis dieser beiden Formen könnte Auskunft darüber geben, wie die Redox-Bedingungen zur Zeit der Kristallbildung waren. Um dies herauszufinden haben die Autoren im Labor Zirkonkristalle unter verschiedenen Oxidationsbedingungen gezüchtet.

Die Resultate ergaben, dass die Oxidationsbedingungen zur Zeit der Zirkonbildung vergleichbar mit den heutigen waren. Dies hätte zur Folge, dass in der Atmosphäre die für die Synthese von organischen Molekülen bedeutsamen Elemente Kohlenstoff (C), Wasserstoff (H), Stickstoff (N) und Schwefel (S) überwiegend als CO_2 , H_2O , N_2 und SO_2 vorliegen, also in oxidierter Form.

Für die Experimente zur Simulation der Lebensentstehung (z. B. Ursuppen-Experimente von Miller) war man zunächst von einer reduzierenden Atmosphäre (CH_4 , H_2 , NH_3) ausgegangen. Diese Ausgangsverbindungen würden die Synthesen von Aminosäuren und Bausteinen der Nukleinsäuren begünstigen. Selbst unter dermaßen günstigen hypothetischen Bedingungen konnte aber bisher die spontane Entstehung elementarer Biomoleküle nicht plausibel gemacht werden.

Neuere Befunde – wie auch die hier vorgestellten – deuten nun darauf hin, dass die Bedingungen noch ungünstiger waren als ursprünglich gedacht. Einer der Autoren formulierte das in einem Gespräch folgendermaßen: „**Wir können nun mit einiger Sicherheit sagen, dass viele Wissenschaftler, die die Entstehung des Lebens auf der Erde erforschen, einfach die falsche Atmosphäre ausgewählt haben.**“¹

Die Untersuchungen von Trail et al. (2011) liefern nur Anhaltspunkte über die Redox-Bedingungen zur Zeit der Bildung der Zirkonkristalle, über den Sauerstoffanteil in der Atmosphäre geben sie keine Auskunft.

Vergleiche auch Hypothesen zur Uratmosphäre,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42041&Sprache=de&l=1>.

Literatur

Kasting JF (1993) Earth's early atmosphere. *Science* 259, 920-926.

Trail D, Watson EB & Tailby ND (2011) The oxidation state of Hadean magmas and implications for early earth's atmosphere. *Nature* 480, 79-82.

Anmerkung

¹ „We can now say with some certainty that many scientists studying the origins of life on Earth simply picked the wrong atmosphere.“

(<http://www.sciencedaily.com/releases/2011/11/111130141855.htm>)

Autor dieser News: Harald Binder

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n180.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

04.04.11 Zur Problematik sehr alter Mikrofossilien

Fossilien dokumentieren Lebensspuren vergangener Erdzeitalter. Mit besonderem Engagement wird nach immer älteren Spuren von Organismen gefahndet. Einzelne Befunde werden durchaus kontrovers diskutiert. Nun hat ein Team von amerikanischen Geologen Untersuchungen vorgelegt, die nahe legt, dass es sich bei Mikrofossilien aus Australien mit einem angegebenen Alter von ca. 3,5 Milliarden Jahren um Pseudo-Mikrofossilien, also nicht um ehemalige Lebewesen handelt.

Vor mehr als 20 Jahren beschrieben Schopf & Parker (1988) Mikrofossilien in der Apex Chert Formation in Australien. Die Autoren hatten anhand von Dünnschliffen (300 µm) in dem silikatreichen Gestein (Chert; Hornstein) des Pilbara Kratons in Westaustralien Strukturen gefunden und vermutet, dass es sich bei diesen um fossile Cyanobakterien handeln könnte. Brasier, ein englischer Geologe und Lehrbuchautor („Microfossils“) stellte diese Interpretation der ältesten Fossilien aufgrund eigener Untersuchungen in Frage (Brasier et al. 2002). Während Schopf & Parker die Mikrofossilien ausschließlich in gerundeten Gesteinsbruchstücken (Klasten) fanden und diesen Befund als Hinweis auf flachmarines Milieu als Bildungsbedingungen für die Fossilien vermuten, führen Brasier et al. Hinweise für hydrothermale¹ Umgebung an. Beide Autorenteam konnten übereinstimmend im Zusammenhang mit den undurchsichtigen Strukturen im Gestein mit Hilfe spektroskopischer Methoden (Raman-Spektroskopie) kohlenstoffhaltige Komponenten diagnostizieren. In der Interpretation der Befunde, darüber ob die Strukturen einen biogenen Ursprung haben, also von Lebewesen herrühren, konnte allerdings keine Übereinstimmung erzielt werden, und so entspannte sich eine anhaltende kontroverse Diskussion (s. Literaturangaben in Marshall et al. 2011, Binder 2005).

Nun haben sich Marshall et al. (2011) mit einer neuen Studie in die Diskussion eingeschaltet und sehr überzeugende Daten vorgelegt, die gegen eine Interpretation der Strukturen als Fossilien sprechen. Aus Proben, die die Autoren selbst gesammelt hatten, stellten sie sowohl 300 µm als auch 30 µm dicke Dünnschliffe für Untersuchungen her. Sie dokumentieren Erscheinungen, die denen in den älteren Arbeiten vergleichbar sind: die Mikrostrukturen sind rötlich bis dunkelbraun.

In den 30 µm Dünnschliffen erscheinen die Strukturen bei mikroskopischen Untersuchungen als Störungen, Brüche (fractures) im Gefüge, die teilweise mit einem hellen und teilweise mit dunklem Mineral gefüllt sind. Die 30 µm Dünnschliffe lassen unterschiedliche Kristallgrößen erkennen: 4-65 µm (durchschnittlich 17,3 µm) für die hellen und 0,3-6 µm (durchschnittlich 2,2 µm) für die dunklen Mineralien. In den 300 µm „Dünnschliffen“ verschwimmen die unterschiedlichen Kristalle und das Material erscheint amorph (gestaltlos).

Mit Hilfe von Raman-Spektroskopie identifizierten Marshall et al. das dunkle Material als Hämatit (ein Eisenoxidmineral: Fe₂O₃) und das helle als Quarz (Siliciumdioxid: SiO₂). In den Untersuchungen, die der bisherigen Diskussion zugrunde lagen, waren die Mikrostrukturen mit Kohlenstoff(C)-haltigem Material in Verbindung gebracht worden (ebenfalls aufgrund von Resultaten mit Raman-Spektroskopie). **Die Diskussion ging bisher vor allem darüber, ob der nachgewiesene C biogenen* oder anorganischen Ursprungs sei.**

*biogen (= von Lebewesen stammend)

Marshall et al. halten fest, dass in der gesamten Matrix sowohl mit Hilfe der Raman-Spektroskopie als auch mit Synchrotron-Strahlung Kohlenstoff nachgewiesen werden kann,

aber nicht in Verbindung mit den bisher als Mikrofossilien interpretierten Strukturen. **Die Autoren bestreiten, dass in der bisherigen Diskussion genannte Kriterien für Mikrofossilien charakteristisch für diese seien und verweisen darauf, dass auch rein mineralogische Phänomene sich entsprechend äußern können.** Allein das Kriterium, dass bei vollständiger Mineralisierung (permineralisation) die Zentren von Fossilien Hohlräume aufweisen, lassen sie gelten, was aber für die zur Debatte stehenden „Mikrofossilien“ nicht überzeugend nachgewiesen sei.

Marshall et al. (2011) halten andere Mikrofossilien aus dem frühen Archaikum von Südafrika² für glaubwürdiger und stellen Lebewesen in dieser Zeit nicht in Frage, ja sie sehen auch in dem diffusen Kohlenstoff im Apex Chert von Australien einen Hinweis auf Lebensformen, deren Struktur allerdings nicht fossil überliefert ist. Die Autoren weisen zurecht darauf hin, dass man sowohl die strukturellen Daten als auch die chemischen Analysen gerade im Blick auf sehr alte „Fossilien“ sehr nüchtern und kritisch beleuchten sollte, um falsche positive Meldungen zu vermeiden (s. Binder 2005).

In einem Überblicksartikel fassen Schopf et al. (2007) Arbeiten zusammen, in denen 48 Fundstellen von Stromatoliten und 14 Fundstellen von Mikrofossilien aus dem Archaikum (> 2500 Millionen Jahre) beschrieben werden. **Sie kommen zu dem Schluss, dass auch wenn einige dieser Befunde kontrovers diskutiert werden, erste Lebensspuren aus dieser Epoche mit einem Alter von ca. 3,5 Milliarden Jahren gut begründet sind.**

Die naturwissenschaftlichen Befunde zu fossilen Überlieferungen frühester Lebensformen werden also auch zukünftig von kontroversen Diskussionen begleitet bleiben.

Anmerkungen

¹ Hydrothermal: unter hydrothermalen Bedingungen versteht man den Sachverhalt, dass Wasser unter erhöhtem Druck auch bei Temperaturen weit über 100° C in flüssigem Aggregatzustand vorkommt (bis zum kritischen Punkt bei 374,15°C). Unter diesen Umständen kann Wasser viele Stoffe, z. B. Mineralien lösen, die bei niedrigeren Temperaturen nicht oder nicht in derselben Menge löslich sind. Beispiele für hydrothermale Quellen sind die schwarzen oder weißen Raucher in der Nähe der mittelozeanischen Rücken.

² Aus der Onverwacht Group, Barberton Mountain Land, Südafrika, deren Alter mit ca. 3,5 Milliarden Jahren angegeben wird (Literaturangaben s. Marshall et al. 2011 und Binder 2005)

Literatur

Binder H (2005) Anhaltender Streit um älteste Lebensspuren. *Stud. Int. J.* 12, 92-93.

Brasier MD, Green OR, Jephcoat AP, Kleppe AK, van Kranendonk MJ, Lindsay JF, Steel A & Grassineau NV (2002) Questioning the evidence for earth's oldest fossils. *Nature* 416, 76-81.

Marshall CP, Emry & Marshall AO (2011) Haematite pseudomicrofossils present in the 3,5-billion-year-old Apex Chert. *Nature Geosci.* doi: 10.1038/NGEO1084

Schopf JW & Parker BM (1988) Early Archeans (3,3 billion to 3,5 billion years old) microfossils from Warrawoona Group, Australia. *Science* 237, 70-73.

Schopf JW, Kudryavtsev AB, Czaja AD & Tripathi AB (2007) Evidence of Archean life: Stromatolites and microfossils. *Precambrian. Res.* 158, 141-155.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n164.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

24.03.11 Millers Simulationsexperimente erneut unter der Lupe

Stanley L. Miller, Chemiker, der die berühmten Ursuppen-Experimente durchgeführt hat um zu demonstrieren, wie chemische Bestandteile von biologischen Zellen entstanden sein könnten, hat mit weiteren Simulationen experimentiert, die er sorgfältig protokolliert, aber nicht veröffentlicht hat. Nun haben Chemiker die Originalproben aus Millers Experimenten mit modernen Analysemethoden untersucht und deren Ergebnisse veröffentlicht. Dabei werden die bekannten Ergebnisse bestätigt, aber auch die Probleme, die die synthetisierten Produktgemische für nachfolgende Peptidsynthesen hervorrufen.

Stanley S. Miller gilt als der Chemiker, der als Pionier Mitte des 20. Jahrhunderts erste experimentelle Untersuchungen zur Chemie der Lebensentstehung angestellt hat. Er veröffentlichte 1953 eine Aufsehen erregende und bis heute unverändert populäre Arbeit, in der er in eindrucksvoller Weise demonstrierte, dass man im Labor aus einem einfachen Gasgemisch Aminosäuren, die Bausteine für Proteine synthetisieren kann. Miller, der im Mai 2007 im Alter von 77 Jahren gestorben ist, hat sich lebenslang mit den Fragen des chemischen Ursprungs von Leben beschäftigt. **Auch wenn er hinsichtlich einer naturwissenschaftlichen Klärung dieser Frage optimistisch war, so hat er doch gleichzeitig nüchtern und kritisch die bislang vorgeschlagenen Szenarien analysiert und kommentiert.**

Jeffrey L. Bada – ehemaliger Schüler von Miller und heute Professor für Marine Chemie an der Scripps Institution of Oceanography der University of San Diego – beschäftigt sich ebenfalls mit Aminosäuren und deren Beiträgen in Modellen zur Lebensentstehung.

Nach dem Tod von Miller fanden Bada und Mitarbeiter Probengefäße aus dessen Ursuppen-Experimenten. Anhand von Millers Protokollen konnten sie die Proben entsprechenden Experimenten zuordnen und haben diese mit modernen Analysemethoden erneut untersucht. Aus Experimenten aus den Jahren 1953-54 hatte Miller (1955) fünf Aminosäuren und verschiedene Substanzen, die er nicht identifiziert hatte (Papierchromatographie), beschrieben.

Johnson et al. (2008) identifizierten in Proben 22 Aminosäuren (neben vielen nicht **proteinogenen*** Aminosäuren auch Glycin, Alanin, Serin, Asparaginsäure, Valin, Glutaminsäure und Phenylalanin) und fünf Aminoverbindungen. Sie zeigten damit, dass die klassischen Ursuppen-Experimente hinsichtlich der Vielfalt an gebildeten Aminosäuren ergiebiger waren, als Miller dies erkennen konnte, aber auch, dass viele Verbindungen entstehen, die hinsichtlich biologischer Funktionen keine erkennbare Bedeutung haben oder für die Bildung von Peptiden hinderlich sind.

*proteinogen (= in heutigen Proteinen vorkommend)

Bada und ein Team von Mitarbeitern veröffentlichten nun erneut Analysenergebnisse von Proben aus Millers Simulationsexperimenten, die dieser 1958 durchgeführt, aber nie veröffentlicht hatte (Parker et al. 2011). Aus einem Gasgemisch bestehend aus Methan (CH₄), Ammoniak (NH₃), Schwefelwasserstoff (H₂S) und Kohlendioxid (CO₂) hatte Miller in einer modifizierten Miller-Apparatur (im Vergleich zur Originalapparatur war eine konisch zulaufende Glasspitze als Düse vor dem eigentlichen Reaktionsraum eingebaut: Glaskolben

mit eingeschmolzenen Elektroden) Simulationsexperimente unter besonderer Berücksichtigung von Vulkanausbrüchen durchgeführt.

Insgesamt konnten Parker et al. 23 Aminosäuren und vier Aminoverbindungen identifizieren. Dabei enthielten 6 der Aminosäuren Schwefel (S) ebenso wie eine der Aminoverbindungen. Bei den nachgewiesenen 6 S-haltigen Aminosäuren handelt es sich nicht um solche, die am Aufbau von Proteinen beteiligt sind. Die Aminosäuren waren aus 2 bis 6 C-Atomen aufgebaut und alle, sowohl die proteinogenen als auch die anderen Aminosäuren waren racemisch, d. h., die spiegelbildlichen Isomere waren innerhalb der Messgenauigkeit im Verhältnis 1:1 vorhanden ($D/L = 1 \pm 10\%$). Diesen Befund werten die Autoren auch als Hinweis darauf, dass die Proben während der Lagerung nicht oder höchstens in Spuren verunreinigt wurden (zumindest nicht durch Verunreinigungen biologischen Ursprungs). Cystein, die einzige S-enthaltende Aminosäure, die in Proteinen vorkommt, konnte nicht nachgewiesen werden, oxidierte verwandte Verbindungen dagegen sehr wohl. Die Autoren spekulieren deshalb darüber, dass Cystein möglicherweise ursprünglich bei diesen Experimenten produziert worden war, aber während der Lagerung (ohne Schutz vor Oxidation) chemisch verändert worden ist.

Die Autoren diskutieren die mögliche Bedeutung von Vulkanen, die in der Erdgeschichte zumindest lokal und für gewisse Zeit reduzierende Gasmischungen einschließlich Schwefelwasserstoff produziert haben könnten.

Im Vergleich zu den anderen klassischen Simulationsexperimenten von Miller ist die Vielfalt an Aminosäuren größer (die proteinogenen Aminosäuren Threonin, Leucin und Isoleucin werden dort nicht beschrieben). Die Ausbeute an Aminosäuren ist in dem Experiment mit Schwefelwasserstoff (H_2S) – vor allem bei den nicht proteinogenen Aminosäuren – im Vergleich zu den anderen Experimenten größer.

Parker et al. (2011) vergleichen die Verteilung der Aminosäuren und deren relative Häufigkeit in den von ihnen untersuchten Proben mit Analysendaten von kohligen Chondriten, der häufigsten Klasse von Meteoriten, die – wie die Bezeichnung andeutet – C-haltige Verbindungen aufweisen.

Solche Vergleiche hatte bereits Miller (Wolman et al. 1972) angestellt. Die zumindest teilweise vorhandene Ähnlichkeit nehmen die Autoren zu Anlass über vergleichbare Synthesebedingungen im interstellaren Raum bzw. an den Herkunftsorten der Meteoriten und in den Simulationsexperimenten, sowie über die Bedeutung der Gegenwart von H_2S bei der Synthese von Aminosäuren zu spekulieren.

Mit dieser späten Analyse, Auswertung und Publikation von Millers Simulationsexperimenten ist dokumentiert, dass Stanley Miller dabei erstmals die Synthese von S-haltigen Aminosäuren gelungen ist.

Damit ist die Vielfalt an Aminosäuren, die in Simulationsexperimenten zur präbiotischen Chemie größer als bisher bekannt. Sie weicht aber auch deutlicher vom Spektrum der proteinogenen Aminosäuren ab. Die Untersuchungen bestätigen gleichzeitig die Probleme auf dem Weg zu biologisch aktiven Peptiden und Proteinen (Junker & Scherer 2006, Kapitel IV.7; Binder 2003). Im Blick auf deren Synthese stellen die bisher bekannten Resultate der Simulationsexperimente nach wie vor eine Sackgasse dar. Mit anderen Worten, die Herkunft biologisch aktiver Peptide für erste biologische Systeme (Zellen) ist bisher unbekannt.

Literatur

Binder H (2003) Miller-Experimente zur Chemie der Lebensentstehung - 50 Jahre danach. Stud. Int. J. 10, 65-73.

Johnson AP, Cleaves HJ, Dworkin JP, Glavin DP, Lazcano A & Bada JL (2008) The Miller volcanic spark discharge experiment. Science 322, 404.

Junker R & Scherer S (2006) Evolution ein kritisches Lehrbuch. Gießen.

Miller SL (1955) Production of some organic compounds under possible primitive earth conditions. J. Am. Chem. Soc. 77, 2351-2361.

Parker ET, Cleaves HJ, Dworkin JP, Glavin DP, Callahan M, Aubrey A, Lazcano A & Bada JL (2011) Primordial synthesis of amines and amino acids in a 1958 Miller H₂S-rich spark discharge experiment. Proc. Nat. Acad. Sci. USA; doi/10.1073/pnas.1019191108.

Wolman Y, Haverland WJ, Miller SL (1972) Nonprotein amino acids from spark discharges and their comparison with the Murchison meteorite amino acids. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 69, 809-811.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n163.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.06.10 Künstliche Zellen - oder wurde gar Leben erzeugt?

Ende Mai dieses Jahres erregte eine Veröffentlichung von J. C. Venter und einem umfangreichen Team aus seinen Instituten großes Aufsehen (Sciencexpress: doi 10.1126/science.1190719). Die Wissenschaftler beschrieben darin den erfolgreichen Versuch, ein konstruiertes, im Labor erzeugtes Erbgut (DNA) in Bakterien einzubauen, so dass deren Eigenschaften von der künstlichen DNA geprägt werden. Venters Arbeiten werden in diesem Newsbeitrag beschrieben und bewertet.

Nachdem die Forscher zunächst das Erbgut von *Mycoplasma*-Bakterien (*Mycoplasma genitalium* 1995; später weitere Arten) analysiert und sequenziert hatten, haben sie in den vergangenen Jahren Methoden entwickelt, um nicht nur einzelne Gene herzustellen, sondern das gesamte Erbgut (Genom) im Labor zu erzeugen. Dazu haben sie auch *E. coli*-Bakterien und Hefezellen benutzt. Mit erheblichem technischem Aufwand kann man DNA-Fragmente mit einer vorgegebenen Sequenz von der Länge von ca. tausend Nukleotiden (Basenpaare, bp) synthetisieren. Diese Bausteine wurden von einer Firma industriell gefertigt. Das Genom von *Mycoplasma mycoides* umfasst allerdings mehr als 1 Million bp. Um ein Genom dieser Größe herzustellen nutzten die Autoren *E. coli*-Bakterien und veränderte Hefezellen. In mehreren Durchgängen konnten sie so größere DNA-Konstrukte aus 10 000 bp, 100 000 bp und schließlich das gesamte Genom mit 1 077 947 bp herstellen. Das künstliche Genom, das weitgehend dem natürlichen Vorbild nachgebaut worden war, enthielt auch Abschnitte, die als „Wasserzeichen“ dienten, und weitere Gene zur Selektion und Identifizierung des semisynthetischen Genoms.

Nun wurde das nachgebaute *M. mycoides*-Genom in die Zellen eines nahe verwandten Bakteriums (*Mycoplama capricolum*) verpflanzt. Die Autoren konnten nachweisen, dass unter den ausgewählten Bedingungen *M. capricolum*-Kulturen wuchsen, die sich unter dem Einfluss des *M. mycoides*-Genoms wie *M. mycoides* verhielten.

Die einzelnen Schritte dieses Projekts waren über Jahre entwickelt worden, dabei wurde eine Vielzahl neuer Methoden etabliert und eine Fülle von Problemen musste überwunden und gelöst werden. In dieser jüngsten Veröffentlichung sind nun alle diese Schritte in einem Projekt mit dem derzeit umfangreichsten künstlich hergestellten Genom durchgeführt worden. Das stellt eine ungeheure innovative technische Leistung dar und zeigt die Spitze dessen, was mit großem Aufwand heute im Labor machbar ist.

Qualitätskontrolle. Die Autoren beschreiben ein Detail, das die Herausforderungen, die bei einem solchen Projekt auftreten, erahnen lässt. Die Synthese des Genoms muss fortlaufend mit einer leistungsfähigen Qualitätskontrolle gekoppelt sein. Das Projekt war mehrere Wochen blockiert, da eine einzige Base (in einem Genom von mehr als einer Million bp!) in einem essentiellen Gen fehlte. Diese eine Base machte das gesamte Genom inaktiv, d. h. es konnte nicht erfolgreich in Empfängerzellen übertragen werden.

Mit diesem Projekt wurde nun nicht nur ein Organismus gentechnisch manipuliert, indem ein bzw. wenige Gene verändert wurden, sondern hier wurde ein komplettes Genom im Labor hergestellt und dann in eine (lebendige!) Empfängerzelle übertragen und zwar unter Bedingungen, die diese Zelle dazu veranlassen, das neue, semisynthetische Genom zu aktivieren. Dies wurde z. B. dadurch demonstriert, dass man die gesamten Proteine (Proteom), die die Zellen biosynthetisch herstellen, bei beiden Bakterienarten mit einander verglichen

hat. Die *M. capricolum*-Zellen mit dem künstlichen Erbgut zeigten tatsächlich das für *M. mycoides* typische Proteom-Muster.

Wie ist diese Arbeit zu bewerten? Zuerst muss die technisch innovative Leistung der Autoren nochmals betont und anerkannt werden, mit der die Autoren die Biotechnologie in verschiedenen Bereichen vorangetrieben und damit neue Dimensionen eröffnet haben. Andererseits ist schon die Frage, ob es sich bei dem künstlichen *M. mycoides*-Genom um ein „synthetisches“ handelt, differenziert zu beantworten. Man kann derzeit ein Genom selbst dieser für Lebewesen bescheidenen Größe von ca. einer Million bp nicht allein durch chemische Synthese herstellen. Für den Zusammenbau der synthetisierten Fragmente wurden lebende Kulturen von *E. coli* und modifizierten Hefezellen eingesetzt.

Des Weiteren sind die Empfängerzellen selbst lebendig, sie werden nur in einem bisher ungeahnten Umfang manipuliert (indem ihr Genom gegen ein anderes, künstlich hergestelltes ausgetauscht wird). Das Ergebnis fordert unsere etablierten Vorstellungen von Lebewesen heraus, wenn man ein Bakterium durch die Einführung eines anderen Genoms in Bakterien eines anderen Stamms umwandeln kann. Die Autoren betonen zwar, dass mit ihrer Arbeit gezeigt worden sei, dass man Zellen konstruieren könne, indem man ihr Genom im Computer entwirft. Diese Aussage ist insofern einzuschränken, als das in der Arbeit hergestellte Genom weitestgehend (!) dem natürlichen Vorbild des *M. mycoides*-Genom entspricht. Um Genome selbst zu entwerfen zu können, verstehen wir eine lebende Zelle noch viel zu wenig und wissen wir zu wenig darüber.

Venter und seine Mitarbeiter bezeichnen die von ihnen erzeugten Bakterien als „synthetische Zellen“. Dieser Anspruch erscheint nicht gerechtfertigt und irreführend. Das biochemisch erzeugte Proteinstmuster der Zellen ist zwar durch das künstliche Genom bestimmt und nach mehr als 30 Zellteilungen sind praktisch keine Proteine der ursprünglichen Empfängerzelle mehr vorhanden. Der Begriff „synthetische Zellen“ spiegelt jedoch eine extrem stark reduktionistische Betrachtungsweise wieder, die davon ausgeht, dass das Genom das Wesentliche einer lebenden Zelle darstellt. Das ist zwar ein äußerst populärer Gedanke, aber zum jetzigen Zeitpunkt alles andere als erwiesen. Die gesamte biochemische Grundausstattung der Empfängerzelle bringt diese mit und ohne diese wäre eine erfolgreiche Genom-Transplantation nicht erfolgreich durchzuführen. Leben hat Venter also nicht erschaffen, sondern Teile von Lebewesen als Vorlage genutzt und nachgebaut sowie sich des Lebens selbst bedient, um die so synthetisierten Bausteine erfolgreich zu verknüpfen.

Literatur

Gibson DG, Glass JI, Lartigue C, Noskov VN, Chuang R-Y, Algire MA, Benders GA, Montague MG, Ma L, Moodie MM, Merryman C, Vashee S, Krishnakumar R, Assad-Garcia N, Andrews-Pfannkoch C, Denisova EA, Young L, Qi Z-Q, Segall-Shapiro TH, Calvey CH, Parmar PP, Hutchinson III CA, Smith HO & Venter JC (2010) Creation of a bacterial cell controlled by a chemically synthesized genome. *Science*, doi: 10.1126/science.1190719.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n152.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.09.09 Neue Impulse für die präbiotische Synthese von Pyrimidin-Nukleotiden

Englische Chemiker haben eine neue Idee vorgestellt, wie erste Bausteine von Nucleinsäuren präbiotisch, d.h. ohne die heute bekannte Biochemie entstanden sein könnten. Ihre Versuche, Nucleotide zu synthetisieren, folgen neuen Konzepten und zeigen interessante Reaktionsverläufe. Aber bei allen überraschend günstigen Syntheseschritten bleibt das Problem, dass für die chemischen Reaktionen reine Ausgangsstoffe verwendet werden und Randbedingungen, wie pH-Wert, Temperaturen und Reaktionszeit geregelt werden müssen. Damit müssen bei allem Optimismus, den diese Veröffentlichungen hervorgerufen haben, einige grundlegende Probleme für eine plausible Erklärung für die Entstehung erster Nucleinsäuren noch gelöst werden.

Nucleinsäuren in Form von DNS und RNS sowie deren Bausteine sind in allen bekannten Lebensformen von grundlegender Bedeutung, z. B. zur Repräsentation, Speicherung und Vermittlung der Erbinformation.

Trotz der Popularität der RNS-Welt-Hypothese (s. Artikel **RNS-Welt**, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42101&Sprache=de&l=1>) erbrachten die Untersuchungen zur **präbiotischen*** Synthese von Nucleinsäuren bisher eher ernüchternde Resultate. Publikationen englischer Chemiker mit neuen Konzepten erregen umso mehr Aufsehen und verursachen manchen optimistischen Kommentar. Trotz einiger interessanter chemischer Details in den neuen Studien warten allerdings grundsätzliche Probleme der präbiotischen Chemie weiterhin darauf, gelöst zu werden.

*präbiotisch (= vor der Existenz von Leben)

Im Zusammenhang mit der chemischen Entstehung lebender Systeme müssen irgendwann erste Nucleinsäuren entstanden sein. Die bisherigen Vorschläge zur präbiotischen Synthese von Nucleinsäuren, d.h. ohne die Unterstützung durch die heute bekannte Biochemie, sind sehr ernüchternd. Der Anspruch an die Qualität und Reinheit der Ausgangsverbindungen, die komplexen, mehrstufigen Synthesereaktionen und die dabei notwendige feine Regulierung der Reaktionsbedingungen und -abläufe, lassen die bisherigen Modelle nicht als wirklich plausible Erklärungen erscheinen. Dabei ist die Frage nach der Information in Nucleinsäuren, wie wir sie aus den heutigen Organismen kennen, noch nicht einmal berührt.

Sutherland und Mitarbeiter haben in einer Reihe von Publikationen ein neues Konzept zur Synthese von Pyrimidin-Nucleotiden vorgestellt. Am Ausgangspunkt dieser Synthesen stehen Stoffe, deren Vorkommen im Weltraum spektroskopisch nachgewiesen worden ist, damit werden sie zu möglichen Kandidaten für präbiotische Reaktionen.

In bisherigen Konzepten wurde versucht, die N-Heterocyclen mit den separat synthetisierten Ribosezuckern zu verknüpfen und diese Verbindung dann mit Phosphatgruppen zu versehen. Powner et al. (2009) zeigen nun, dass es über bisher wenig beachtete Zwischenstufen möglich ist, Pyrimidin-Nucleotide direkt in Phosphatpuffer herzustellen (Details dazu s. Binder 2009).

Für die Plausibilität einer solchen Synthese unter präbiotischen Gesichtspunkten müssen jedoch u. a. auch folgende Fragen geklärt werden:

Wie kommen die Ausgangsstoffe in geeigneter Konzentration und Reinheit an den Reaktionsort? Wie verlaufen die Reaktionen in Gegenwart weiterer Chemikalien? Wie erfolgt die Regulation der Synthesen (pH-Wert, Temperatur, Reaktionszeit)?

Das von Powner et al. (2009) vorgestellte Synthesekonzept kann einen lang erhofften Impuls für die präbiotische Synthese von elementaren Molekülen zum Aufbau erster lebender Systeme liefern. Die chemische Erfahrung zeigt aber, dass auch bei den vorgestellten Synthesen „geeignete Bedingungen“ für erfolgreiche Reaktionen gewährleistet werden müssen. Dies schränkt die Plausibilität des Konzepts unter präbiotischen Bedingungen ein. Die von Vielen erhoffte Antwort für die Frage nach der Entstehung der ersten Nukleinsäuren konnten Powner et al. (noch) nicht geben, aber vielleicht eröffnen ihre Studien neue Denkwege und führen schließlich zu neuen Erkenntnissen.

Binder H (2009) Neue Synthese für Nukleinsäure-Bausteine – ein plausibler Weg zu ersten Nukleinsäuren? Studium Integrale Journal (in Vorb.)

Powner MW, Gerland B & Sutherland JD (2009) Synthesis of activated pyrimidine ribonucleotides in prebiotically plausible conditions. Nature 459, 239-242.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n136.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.04.09 Neues über die Entstehung biochemischer Komplexität

In *Studium Integrale Journal* (<http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg14/heft2/sij142-1.html>) erschien im Oktober 2007 ein Artikel von Imming & Bertsch, der mehrere zuvor publizierte Arbeiten von Trevors, Abel, Voie und anderen umfassend rezensierte und kommentierte. Jene Aufsätze in verschiedenen anerkannten Journalen der Biochemie und Molekularbiologie hatten zum Ausdruck gebracht, dass die erstmalige Entstehung lebender Zellen nicht allein durch Zufall und Notwendigkeit erklärbar sei und die Biologie völlig anderer Denkansätze bedürfe, wenn sie der Beantwortung ihrer Ursprungsfragen näher kommen wolle. Tendenzen zur aktiven Unterstützung der „Intelligent Design“ Bewegung waren in den Publikationen nicht erkennbar. Ein ausdrückliches Ziel schien vielmehr zu sein, solche Bestrebungen durch neue biologische Erkenntnisse abzuwehren.

David Abel von der Origin of Life Foundation (Greenbelt, Maryland, USA) hat nun wiederum – dieses Mal im *International Journal of Molecular Sciences* – einen Artikel über ein ähnliches Thema veröffentlicht. Seine Schlussfolgerungen sind dieselben wie zuvor. Wir möchten an dieser Stelle keine ausführliche Rezension vorlegen, sondern nur den Inhalt grob wiedergeben und den Leser auf die Originalliteratur verweisen. Der Artikel von Abel nimmt seinerseits Bezug auf über 300 Publikationen, die zu einem erheblichen Teil erst in den letzten Jahren erschienen sind.

Abel erörtert zunächst bekannte Definitionen der Begriffe Komplexität, Ordnung und Struktur sowie deren Anwendung auf biologische Fragestellungen. Für einige dieser Begriffsbildungen ist die Informationstheorie von Shannon eine wichtige Grundlage, die um zusätzliche Aspekte wie etwa ein quantitatives Maß der Funktionalität von Sequenzen erweitert werden kann. Interessant – jedoch nicht neu – ist dabei, dass Ordnung als das Gegenteil von Komplexität aufgefasst werden kann. Weder Ordnung noch Komplexität garantieren allerdings so etwas wie Selbst-Organisation. Diese hat ganz andere Qualität.

„Organisation ist ungleich Ordnung. Disorganisation ist ungleich Unordnung. Selbst-Ordnung erfolgt spontan und alltäglich in der Natur ohne jegliche Organisation. Spontane, echte Selbst-Organisation wurde andererseits nie beobachtet“ (Abel 2009, 269).

Der Autor vertritt die Auffassung, dass Tausende von Publikationen über angebliche Selbstorganisation eigentlich Selbstordnung erörtern und damit die oft direkt oder indirekt einbezogene biologische Fragestellung nach dem Ursprung selbstorganisierter Systeme nicht beantworten können. Ein interessantes Zitat aus dem vorletzten Abschnitt ist das folgende: „Die Natur (physicality) kann nichts planen. Die Natur kann nicht Nützlichkeit gegenüber Nutzlosigkeit vorziehen. Sie kann nicht einmal Funktion von Funktionslosigkeit unterscheiden. Physikalische Dynamik allein ist blind gegenüber Nützlichkeit; und ihr ist es egal, ob irgend etwas im formalen Sinne funktioniert“ (S. 275).

Abel ist der Meinung, dass die Fähigkeiten nicht-linearer dynamischer Modellsysteme wie Fraktale, natürliche Attraktoren, chaotische Systeme, komplexe adaptive Systeme und so weiter völlig überschätzt werden. Es gibt nach bisheriger Erkenntnis keinen rein natürlich ablaufenden physikochemischen Mechanismus, der „programmieren“, also optimale Algorithmen, konfigurierte Schalter und integrierte Schaltkreise erzeugen kann. **Abel warnt vor metaphysischer Überhöhung, die aus einem gewissen Wunschenken folgt, alles in seiner Entstehung „natürlich erklären“ zu wollen.** Wir schließen uns dieser Warnung vor

einer metaphysischen Überhöhung von Naturvorgängen an: Die Natur steht nicht über sich selbst als ihr Schöpfer.

Wir möchten hinzufügen, dass die Beschäftigung mit den Naturprozessen immer mehr und immer deutlicher auf einen außer ihr liegenden Ursprung und Grund verweist, den wir mit dem Gott der Bibel identifizieren.

Weitergehende Überlegungen zu diesen Fragen finden sich bereits in dem genannten Artikel von Studium Integrale Journal (Imming & Bertsch 2007).

Literatur

Abel DL (2009) The capabilities of chaos and complexity. *Int. J. Mol. Sci.* 10, 247-291.

Abel DL, Trevors JT (2006) Self-organization vs. self-ordering events in life-origin models. *Physics Life Rev.*, doi: 10.1016/j.plrev.2006.07.003

Dixon T (2001) A synthesis that failed. *Science* 294, 1467-1468.

Imming P & Bertsch E (2007) „Zufall und Notwendigkeit erklären den Ursprung des Lebens nicht.“ *Stud. Int. J.* 14, 55-65.

Voie ØA (2006) Biological function and the genetic code are interdependent. *Chaos Solitons Fractals* 28, 1000-1004.

(Der Artikel wurde zusammen mit Peter Imming verfasst)

Autor dieser News: Eberhard Bertsch

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n129.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.04.09 Ursprung der Homochiralität durch Meteoriten?

In biologischen Systemen weisen chemische Stoffgruppen wie Aminosäuren oder Kohlenhydrate von zwei spiegelbildlichen Strukturvarianten (Enantiomeren) fast ausschließlich nur die eine Form auf. Dieses Phänomen bezeichnet man als Homochiralität („gleichartige Händigkeit“, Imming 2006). So sind z. B. Proteine aus L-Aminosäuren aufgebaut. Würde man darin einzelne L-Aminosäuren durch deren Spiegelbilder (D-Aminosäuren) ersetzen, so wäre die dreidimensionale Faltung des Proteins gestört und damit würde auch die entsprechende Funktion verloren gehen. Wie kam es zur Festlegung auf L-Aminosäuren und D-Zucker oder worin liegt die Ursache für das Phänomen der Homochiralität? **Diese Frage wird bereits seit vielen Jahren kontrovers diskutiert, ohne dass bisher überzeugende Vorschläge unterbreitet worden wären.**

Die Chiralität könnte durch chemische Komponenten, die aus dem Kosmos auf die Erdoberfläche gelangen, bestimmt worden sein; so lautet ein bereits seit längerem diskutierter Vorschlag. Eine ganze Reihe von Untersuchungen von Meteoriten auf biologisch interessante Moleküle wurde vor diesem Hintergrund bereits veröffentlicht.

Pizzarello et al. (2003) hatten mittels Gaschromatographie verschiedene Bruchstücke des am 28. 9. 1969 in Victoria, Australien gefallenen Murchison-Meteoriten auf Aminosäuren untersucht. Dabei fanden sie für die Aminosäure Isovalin einen Überschuss an L-Isovalin von bis zu 15,2 % gegenüber D-Isovalin. Isovalin ist ein Isomer (Isomere: Moleküle gleicher Summenformel, die aber unterschiedliche Verknüpfungen und räumliche Anordnung aufweisen) zur in Proteinen vorkommenden (proteinogenen) Aminosäure Valin, eine Aminosäure mit 5 C-Atomen (Abb. 1).

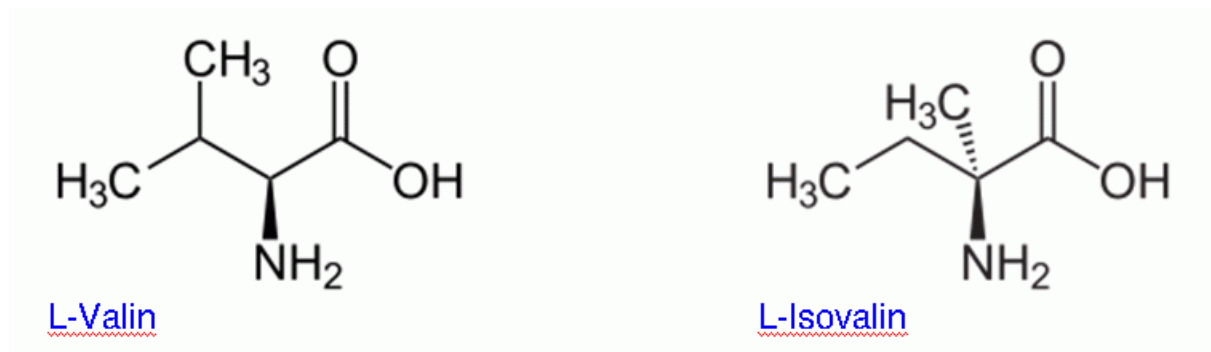


Abb. 1: L-Valin und L-Isovalin

Man hat also auf einem Meteoritenfragment einen deutlichen Überschuss einer L-Aminosäure gegenüber deren D- Form gefunden. Die betreffende Aminosäure ist zwar nicht am Aufbau von Proteinen beteiligt, sie könnte aber, so wird spekuliert, irgendwie daran beteiligt sein, dass bevorzugt auch solche L-Aminosäuren synthetisiert werden, die in Proteinen der Lebewesen vorkommen. Verschiedene Bruchstücke des Meteoriten zeigten jedoch sehr unterschiedliche Verhältnisse (0-15 %).

Nun haben Glavin und Dworkin (2009) Fragmente des Murchison-Meteoriten und anderer Meteoriten auf die Verteilung von enantiomeren Aminosäuren mit einer anderen Methode (Flüssigkeitschromatographie) untersucht und dabei ebenfalls für die Aminosäure Isovalin einen deutlichen Überschuss des L-Enantiomeren von bis zu 18,5 % gefunden. Damit bestätigen sie die Resultate von Pizzarello et al. (2003) hinsichtlich des hohen Überschusses

an L-Isovalin im Murchison-Meteoriten (18,5 %) und auch in einem zweiten, bisher noch nicht in dieser Hinsicht untersuchten Meteoriten (Orgueil; 1864 in Frankreich gefallen) weisen sie einen L-Isovalinüberschuss von 15,2 % nach.

Isovalin ist - wie bereits erwähnt - nicht am Aufbau von Proteinen beteiligt. Die proteinogene, isomere Aminosäure L-Valin kann durch Abspaltung des Protons am α -C-Atom (dort ist bei Isovalin eine Methylgruppe (-CH₃)) in D-Valin umgewandelt werden; ein Vorgang, den man als Racemisierung bezeichnet.

Isovalin ist gegen Racemisierung vergleichsweise stabil, da die Bindung zur CH₃-Gruppe sehr viel stabiler ist. Ausgehend von L-Enantiomeren erhält man also bei den proteinogenen Aminosäuren im Laufe der Zeit aufgrund von H-Abspaltung am α -C-Atom ein Gemisch aus 50 % L- und 50 % D-Aminosäure; diese 1:1 Mischung bezeichnet man als Racemat.

Wie kann also nun ein Überschuss an L-Isovalin in Bruchstücken von Meteoriten zustande kommen und erklärt werden? Eine Verunreinigung durch irdische Komponenten ist wenig wahrscheinlich, da Isovalin nur in geringen Konzentrationen in der Umgebung der Fundstelle nachzuweisen ist und auch generell auf der Erde eher selten vorkommt.

Die Autoren sehen einen Zusammenhang zwischen mineralogischer Zusammensetzung der Meteoriten (konkret deren Wassergehalt) und dem Überschuss an L-Isovalin. Sie schlagen keinen chemischen Mechanismus vor, sondern verweisen auf eine (auf vergleichsweise wenigen Daten basierende) Korrelation, wonach mit zunehmender mineralischer Veränderung durch Wasser der Überschuss an L-Isovalin steigt.

Dabei ist allerdings zu berücksichtigen, dass z. B. beim Murchison-Meteoriten (bei einer Fundmenge von ca. 100 kg) sowohl die mineralische Zusammensetzung als auch die organischen Komponenten nicht einheitlich sind, sondern große Heterogenität aufweisen.

Somit liegt durch die Arbeit von Glavin und Dworkin (2009) eine Bestätigung für zumindest gelegentliche Überschüsse von L-Aminosäuren in Meteoriten vor, ohne dass bisher deren Entstehung verstanden wäre. Bei den bisher vorgelegten Untersuchungen und Betrachtungen sind die extremen Bedingungen nicht berücksichtigt, denen die Meteoriten beim Eintritt in die Erdatmosphäre ausgesetzt sind und die typischerweise den größten Teil des Materials verdampfen lassen. Wie weit werden dadurch die mineralogische Zusammensetzung und die organischen Komponenten verändert? Waren die Bedingungen zur Zeit der hypothetischen frühen, noch unbelebten Erde vergleichbar?

Grundsätzlich können bei chemischen Synthesen in Gegenwart chiraler Komponenten Produkte erzeugt werden, die einen Enantiomerenüberschuss aufweisen. Wenn man gezielt bestimmte enantiomere Moleküle herstellen will, muss man chirale Information in das Reaktionssystem einbringen. Das könnte beispielsweise durch einen chiralen Katalysator geschehen, z. B. eine L-Aminosäure. Solche stereospezifischen Synthesen müssen erfahrungsgemäß sehr sorgfältig geplant werden und für gute Ausbeuten müssen die Randbedingungen optimal eingestellt sein.

Was bisher aus der Analyse von Meteoriten vorliegt, sind wiederholte Nachweise von Überschüssen von solchen L-Aminosäuren, die keine oder allenfalls geringe biologische Bedeutung haben. Um beurteilen zu können, ob dadurch ein Effekt auf die stereospezifische Synthese von biologisch bedeutsamen Komponenten erhofft werden kann, benötigen wir Einsicht in und Verständnis von kosmochemischen Prozessen und sehr viel mehr Daten.

Auch die hier vorgestellten Arbeiten ändern nichts daran, dass wir derzeit keine naturalistische Erklärung für die Entstehung der Homochiralität haben (Imming 2006).

Literatur

Imming P (2006) Die fehlenden Spiegelbilder. Stud. Int. J. 13, 14-21.

Glavin DP & Dworkin JP (2009) Enrichment of the amino acid L-isovalin by aqueous alteration on CI and CM meteorite parent bodies. Proc Nat. Acad. Sci USA.

Pizzarello S, Zolensky M, Turk KA (2003) Nonracemic isovaline in the Murchinson meteorite: chiral distribution and mineral association. Geochim. Cosmochim Acta 67, 1589-1595.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n127.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.02.09 „Fast lebendige Moleküle“

RNA-Moleküle – hohe Erwartungen für die Lebensentstehung

Zu Beginn des Jahres wurde in den Tagesmedien die jüngste Veröffentlichung von G.F. Joyce über Experimente mit RNA aufgenommen und mit Schlagzeilen versehen, die den Eindruck erwecken, es seien neue Erkenntnisse im Zusammenhang mit der Entstehung erster genetischer Information gewonnen worden. Da war z. B. zu lesen von „fast lebendigen Molekülen“, von „Evolution im Labor“ und davon, dass Forscher der Vision vom Leben im Reagenzglas einen Schritt näher gekommen seien.

Welche Experimente wurden für die Untersuchungen durchgeführt und wie können die Resultate interpretiert werden? Die Arbeit von Lincoln & Joyce (2009) ist Teil eines Projekts, in dem ein Reaktionssystem etabliert werden soll, in welchem RNA-Moleküle ihre eigene Synthese katalysieren* (Autokatalyse) und sich dadurch selbst vermehren.

*katalysieren (= eine Reaktion ermöglichen)

Autokatalytische RNA-Synthese. In ersten Ansätzen waren RNA-Moleküle mit enzymatischen Eigenschaften (synthetische Ribozyme) entwickelt worden. Für die Reaktion werden diese RNA-Moleküle (R) mit zwei kleineren RNA-Fragmenten (A und B) versetzt, die sich über Watson-Crick-Basenpaarung spezifisch zu einem Komplex RAB verbinden. In diesem Komplex werden die Fragmente A und B katalytisch miteinander verknüpft und so ein neues Ribozym synthetisiert ($A + B \rightarrow R$), so dass ein Komplex RR entsteht (Paul & Joyce 2002).

Weiterentwicklung des Reaktionssystems. Die Leistungsfähigkeit dieses Reaktionssystems war jedoch sehr eng begrenzt, die Verdopplungszeit betrug ca. 17 Stunden und es wurden nur zwei aufeinander folgende Verdopplungen erreicht. Dieses System wurde nun weiter entwickelt und eine höhere Leistungsfähigkeit erreicht. Lincoln & Joyce konzipierten ein verzweigtes Reaktionssystem, in dem das RNA-Enzym 1 nicht direkt seine eigene Synthese katalysierte, sondern aus den beiden Fragmenten A und B ein RNA-Molekül 2 herstellte, das seinerseits wieder aus den komplementären Fragmenten A' und B' die Produktion von RNA-Enzym 1 ermöglicht. Dieses Reaktionssystem war zunächst noch 10 mal langsamer im Vergleich zur ursprünglichen Anordnung. Durch *gezielten* Austausch bestimmter Nukleotide konnte deren Wirksamkeit jedoch optimiert werden (*in vitro* Evolution). Nun konnte eine stabile exponentielle Vermehrung nachgewiesen werden mit einer 25-fachen Vermehrung innerhalb von 5 Stunden bei 42 °C. Die Autoren konnten auch zeigen, dass wenn die für die Synthese benötigten RNA-Fragmente im Reaktionsgefäß erschöpft waren, weil sie nahezu vollständig für die Synthese verbraucht waren, man die Reaktion wieder neu initiieren kann, indem man einen Anteil der Reaktionsmischung (welche die synthetisierten RNA-Enzyme 1 und 2 enthält) zu einem neuen Ansatz aus den Fragmenten (A, A', B und B') gibt. Damit ist demonstriert, dass diese Reaktion läuft, solange die entsprechenden Fragmente vorhanden sind, und dass sie auch in aufeinander folgenden Schritten ausführbar ist.

Potential dieser RNA-Synthese. Durch den Austausch von Nukleotiden in bestimmten Bereichen der RNA-Moleküle konnten Lincoln & Joyce Varianten erzeugen, ohne deren Fähigkeit zur indirekten Selbstvermehrung wesentlich zu beeinträchtigen. Diese Varianten können im Experiment miteinander hinsichtlich ihrer Leistungsfähigkeit verglichen (Konkurrenz) und entsprechend selektiert werden.

Das von Joyce und seinen Mitarbeitern entwickelte gekoppelte autokatalytische Reaktionssystem ist hinsichtlich einer biotechnologischen Nutzung von großem Interesse. Die Autoren weisen darauf hin, dass man weitere enzymatische Funktionen integrieren und so Systeme mit höherer Komplexität etablieren kann, die dann durch gezielte Selektionskriterien für entsprechende Anwendungen optimiert werden können.

Lincoln & Joyce (2009) verweisen außerdem darauf, dass ihr Konzept durch weiteren Ausbau des Reaktionssystems die Möglichkeit zur Entdeckung neuer biochemischer Funktionen bietet. **Sie halten es jedoch nicht für wahrscheinlich, dass dies auf der Erde seit der postulierten Etappe der RNA-Welt passiert sein könnte.** Die Autoren begründen diese Vermutung zwar nicht ausdrücklich, aber fehlende Hinweise in der bekannten Molekularbiologie und der Aufwand, welcher zu Etablierung eines solchen Systems zu leisten ist, weisen sehr deutlich in diese Richtung.

Bewertung. Damit zeigen sie sehr nüchtern, dass solche chemischen Systeme auf der Basis von RNA-Molekülen zwar ein interessantes und innovatives Werkzeug in den Händen von Chemikern sind, dass aber – anders als das in manchen populären Darstellungen behauptet – in diesen RNA-Molekülen nicht (genetische) Information entsteht und vermehrt wird. **Die Eigenschaften der verwendeten Komponenten wurden absichtsvoll entwickelt und für die Optimierungsprozesse (*in vitro* Evolution) die nötigen Randbedingungen sehr genau geplant und entsprechend eingestellt.**

Im Blick auf die spontane Entstehung von RNA-Molekülen brachte Robert Shapiro, ein erfahrener (Nukleinsäure-) Chemiker folgende Analogie zum Ausdruck: „Das zentrale Problem lässt sich anhand einer Analogie erläutern: Nachdem ein Golfer einen 18-Loch-Kurs erfolgreich absolviert hat, behauptet er, der Ball hätte das auch ohne ihn schaffen können – unter der Einwirkung natürlicher Kräfte wie Erdbeben, Stürmen, Regengüssen und so weiter – , wenn man ihm nur genügend Zeit gelassen hätte. Ähnlich wie in diesem Vergleich widerspräche die spontane Entstehung von RNA keinem Naturgesetz; nur wäre sie extrem unwahrscheinlich gewesen“ (Shapiro 2007). (siehe auch „RNS-Welt und Replikation“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42100&Sprache=de&l=1>)

Lincoln & Joyce (2009) haben also die Weiterentwicklung eines sehr interessanten Synthesystems für RNA-Moleküle vorgestellt. Die Erfahrungen mit diesem System zeigen aber deutlich, dass

- es sich um ein anspruchsvolles Laborsystem handelt, welches Chemie-know how und Kreativität von Chemikern voraussetzt,
- RNA-Moleküle synthetisiert werden können (und nur RNA!), solange die notwendigen Ausgangsstoffe und Reaktionsbedingungen gewährleistet sind,
- RNA-Moleküle hinsichtlich gewählter Kriterien optimiert werden können durch entsprechend geänderte Reaktionsbedingungen,
- neue Funktionen (von Chemikern) integriert werden müssen.

Mit dem Reaktionssystem konnte bisher kein Weg aufgezeigt werden, wie neue Funktionen (Information) generiert werden könnten. Wollte man ähnliche Reaktionen im Zusammenhang mit ungesteuerter (präbiotischer) Chemie diskutieren, müsste zuerst untersucht werden, ob sie in Gegenwart von Verunreinigungen, Nebenprodukten, ... überhaupt nennenswerte Mengen an gewünschtem Produkt liefern.

Quellen

Lincoln TA & Joyce GF (2009) Self-sustained replication of an RNA enzyme. Science 10.1126/science.1167856

Paul N & Joyce GF (2002) A self-replicating ligase ribozyme. Proc. Nat. Acad. Sci USA 99, 12733-12740.

Shapiro R (2007) Ein einfacher Ursprung des Lebens. Spektrum der Wissenschaft (11) 64-72.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n123.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.07.08 Evolutionäre Entstehung von Holinen

Sind verschobene Leseraster ein Design-Signal?

Auf der Internetseite von „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ wurde kürzlich ein ausführlicher Artikel über „**Hypothesen zur Evolution von Bakteriophagen-Holinen**“ von Siegfried Scherer veröffentlicht (http://evolutionslehrbuch.wort-und-wissen.de/teil-7/kapitel-16-06/kapitel_16_6_2_zusatz.pdf; 23 Seiten, 15 Abb., 615 KB). Darin geht es unter anderem um die Frage, wie das Vorkommen verschiedener Leseraster im selben DNA-Abschnitt evolutionär entstanden sein könnte. In „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ wird eine solche Doppel- oder gar Mehrfachnutzung als mögliches „Design-Signal“ vorgestellt und behauptet, die evolutive Entstehung überlappender Gene sei unbekannt. In dem nun veröffentlichten ausführlichen Artikel zeigt Scherer, dass und warum diese Behauptung nach wie vor dem Stand des Wissens entspricht. Nachfolgend wird an dieser Stelle die Zusammenfassung wiedergegeben.

Zu diesem Beitrag wurde auch ein **Interview mit dem Autor** unter <http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2008/07/interview-von-christoph-heilig-mit.html> veröffentlicht. Darin erklärt Scherer zunächst, worum es in dem Holine-Artikel geht, und geht dann auf schwerwiegende Anschuldigungen ein, die im Zusammenhang mit Abschnitt 16.6.2 „Überlappende Gene“ von „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>) an seine Adresse gerichtet wurden. Leser, die den Wissenschafts- und Publikationsbetrieb nicht kennen, erhalten durch dieses Interview wichtige Informationen, um selbst die Stichhaltigkeit dieser Vorwürfe einschätzen zu können. Auch als Einleitung zum Holine-Artikel ist die Lektüre dieses Interviews sehr zu empfehlen.

Zusammenfassung des Holine-Artikels: Bakteriophagen sind Viren, welche Bakterienzellen befallen und sich auf Kosten dieser Wirtszellen vermehren. Die Zelle wird am Ende des Infektionszyklus lysiert und die Bakteriophagen-Nachkommen werden freigesetzt. Die Lyse der Wirtszelle hängt häufig von einem **Holinprotein** ab, welches Läsionen in der Cytoplasma-Membran erzeugt. Durch diese „Löcher“ können zellwandlytische Endolysine des Bakteriophagen die Zellwand erreichen und zerstören, was dann zur schnellen Zellyse führt. **Holine** sind eine diverse Gruppe von Membranproteinen mit mehr als 50 Familien, was als Beleg für eine einfache Evolvierbarkeit angesehen wurde. Allerdings sind Bakteriophagen auch hinsichtlich der anderen Proteine die diverseste Gruppe aller „Lebewesen“.

Sind natürliche Prozesse bekannt, welche eine Entstehung von Holinen plausibel erscheinen lassen? **Und wie könnte man sich die Entstehung eines Holingens erklären, welches komplett in das Gen eines zellwandlytischen Proteins eingebettet ist, aber in einem anderen Leseraster („out-of-frame“) abgelesen wird?** Am Beispiel bekannter Holinstrukturen wird eine phantasievolle evolutionäre Geschichte zur Entstehung dieser Proteine erzählt. Diese Geschichte wird dann anhand verfügbarer experimenteller Daten zur Struktur-Funktionsbeziehung von Holinen einem „reality check“ unterworfen. Dabei ergibt sich, dass die Wahrscheinlichkeit der Entstehung von Holinen durch bekannte biologische Prozesse sehr klein ist. Aufgrund von Datenmangel ist aber selbst eine semi-quantitative Abschätzung der Entstehungswahrscheinlichkeit nicht sinnvoll möglich. Deshalb kann derzeit nur festgestellt werden, dass man nicht weiß, wie ein Holin-Gen *de novo* entstanden sein könnte. Diese Schlussfolgerung gilt auch für das Holin-ähnliche Protein Hol187 des *Staphylococcus aureus* Phagen 187, das in einem anderen Leseraster innerhalb eines Gens völlig verschiedener Funktion codiert wird.

Die Erzählung einer evolutionären Geschichte zur Holin-Entstehung ist ein wichtiger Teil des wissenschaftlichen Erkenntnisprozesses, weil sie zur Konzeption von Experimenten führen kann, welche die Geschichte bestätigen oder zum Widerspruch führen. Die experimentelle Prüfung steht bezüglich der Holine noch weitgehend aus. Es liegt eine Wissenslücke der Evolutionsbiologie vor. Wissenslücken sind jedoch nicht geeignet, um die „Unmöglichkeit“ eines postulierten Evolutionsprozesses zu beweisen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n116.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.06.07 Stanley L. Miller - Pionier der Ursuppenforschung gestorben

Am Sonntag, 20. Mai 2007 starb in einem Pflegeheim in der Nähe von San Diego der Chemiker Stanley Miller (* 7. März 1930). 1953 erschien in der Wissenschaftszeitschrift *Science* unter seinem Namen eine Aufsehen erregende Arbeit über die Herstellung von Aminosäuren unter präbiotischen (= vor der Existenz von Leben) Bedingungen. Mit dieser Arbeit betrat der junge Chemiker die wissenschaftliche Bühne und kann als Pionier der experimentellen Erforschung chemischer Prozesse zur Lebensentstehung gelten. Theoretische Überlegungen dazu hatten zuvor bereits der russische Biochemiker Alexander Oparin (1924), der britische Physiker John D. Bernal (1949) sowie der Nobelpreisträger und Doktorvater von Miller, Harold C. Urey (1952) veröffentlicht. Auch wenn sich die euphorischen Hoffnungen, die mit dieser und den nachfolgenden Veröffentlichungen von Miller verknüpft wurden, bis heute bei weitem nicht erfüllt haben, fanden sie doch große Resonanz in der wissenschaftlichen Diskussion und Eingang in Lehrbücher, in letzteren meist in sehr unkritischer Form.

In den Ursuppenexperimenten nach Miller entstehen in wässrigen Systemen aus einfachen Gasmischungen unter dem Einfluss unterschiedlicher Energiequellen komplexe Produktgemische, diese enthalten u.a. auch einige proteinogene (= in den Proteinen der Lebewesen vorkommende) Aminosäuren. Diese Befunde werden bis in die aktuellen Auflagen von Schul- und anderen Lehrbüchern zitiert und so dargestellt, als sei damit historisch der entscheidende Durchbruch zum Verständnis der Lebensentstehung gelungen.

Miller hat im Gegensatz zu vielen Lehrbuchautoren die experimentellen Untersuchungen zur Chemie der Lebensentstehung stets kompetent und nüchtern kritisch diskutiert. **In Publikationen und Tagungsbeiträgen hat er immer wieder deutlich gemacht, dass die entscheidenden Fragen der Lebensentstehung nach wie vor offen sind und dass die 1953 geweckten Erwartungen bisher unerfüllt geblieben sind** (Binder 2003). Die von ihm durchgeführte Synthese von Aminosäuren stellt auch in allen bis heute getesteten Varianten keine plausible Ausgangsbasis für die Entstehung von Oligo- oder Polypeptiden (= aus vielen Aminosäuren zusammengesetzte kettenförmige Verbindung) (Eiweiß) dar. Das wässrige System steht einer Kondensationsreaktion (= Verknüpfung der Aminosäuren unter Wasserabspaltung) entgegen und die monofunktionellen Bestandteile des Produktgemisches verhindern Polymerisationsreaktionen (Kettenbildung) sehr effektiv (Details siehe „Entstehung von Proteinen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42061&Sprache=de&l=1>). Auch das Problem der Homochiralität (Imming 2006) von Biomakromolekülen ist nach wie vor ungelöst (siehe auch Kurzübersicht in „Die fehlenden Spiegelbilder“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=1>).

Miller hat auch andere Lösungsansätze zur Frage der Lebensentstehung mit seinen Mitarbeitern kritisch geprüft und z. B. gezeigt, dass für die derzeit populäre RNA-Welt Hypothese die geringe chemische Stabilität der RNA-Bausteine ein derzeit noch ungelöstes Problem darstellt und einfachere Vorstufen notwendig macht (zur detaillierten Diskussion s. Junker & Scherer 2006 und Binder et al. 2007; siehe außerdem „RNS-Welt und Replikation“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42100&Sprache=de&l=1>).

Nach einem öffentlichkeitswirksamen Start seiner wissenschaftlichen Karriere hat Stanley Miller 1954 unter H. C. Urey an der University of Chicago seine Dissertation abgeschlossen.

Er war nach den Zwischenstationen California Institute of Technology und Columbia University seit 1960 im Department of Chemistry der University of California, San Diego tätig. Neben anderen Auszeichnungen erhielt Miller 1983 nach C. Ponnampereuma (1980) als zweiter Preisträger die Oparin-Medaille der ISSOL – The International Astrobiology Society (früher: International Society for the Study of the Origin of Life). Die letzten Veröffentlichungen mit Stanley Miller als Autor erschienen 2000 (seit 1999 hat er mehrere Schlaganfälle erlitten).

Die von Stanley Miller mit ausgelöste und maßgeblich geprägte naturwissenschaftliche Erforschung der Lebensentstehung konnte bis heute die geweckten und hochgesteckten Erwartungen – in klarem Gegensatz zu vielen populären Darstellungen – nicht erfüllen. Miller ging es bei aller persönlichen Popularität in seinen Publikationen, Vorträgen und bei Diskussionen darum, dass in der Erforschung der Chemie der Lebensentstehung kompetent, gründlich und nüchtern gearbeitet wird. Er hat dazu wichtige Beiträge geleistet, und es bleibt zu wünschen, dass er in dieser Hinsicht für die zukünftige Arbeit Vorbild bleibt.

Literatur

Binder H (2003) Miller-Experimente zur Chemie der Lebensentstehung – 50 Jahre danach. Stud. Int. J. 10, 65-73. (online: <http://www.sijournal.de/index2.php?artikel=jg10/heft2/sij102-3.html>)

Binder H, Scherer S & Imming P (2007) Was ist über die Entstehung des Lebens bekannt? Religion - Staat - Gesellschaft 7 (2), 389-416.

Imming P (2006) Die fehlenden Spiegelbilder. Erklärungsversuche für das Phänomen der natürlichen Homochiralität. Stud. Int. J. 13, 14-21. (in ähnlicher Form online: „Die fehlenden Spiegelbilder“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=2>)

Junker R & Scherer S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. 6. Aufl. Gießen, Kapitel IV.7.

Autor dieser News: Harald Binder

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n84.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.04.07 Artikel über Chiralität: Wurde wichtige neuere Literatur unterschlagen?

Im Internet erschien vor kurzem eine Kritik an der Interessierten-Version des Artikels „Die fehlenden Spiegelbilder“ von Peter Imming. Die Kritik lautete:

„So werden neuere Erklärungsansätze bezüglich des ‘Chiralitätsproblems’ (wie etwa die bevorzugte Anreicherung eines bestimmten Stereoisomers an Mineralien oder die Möglichkeit eines auf ‘enantiomerreine’ Proteine oder homochirale Nucleinsäuren zusteuern den Selektionsprozesses, der aus Stabilitätsgründen alle ‘Mischvarianten’ aus dem Rennen wirft) in dem Artikel von Imming (s. Die fehlenden Spiegelbilder, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=1>) gar nicht erwähnt, und die am Textende allen Ernstes angebotene ‘Erklärung’, irgendein Schöpfer habe das Enantiomergemisch irgendwie ‘manipuliert’ (!), ist unter wissenschaftslogischen Gesichtspunkten geradezu haarsträubend.“ (Dr. A. Beyer auf http://www.evolutionbiologen.de/loennig_witten2.html, Stand: 27. 3. 2007)

Dazu ist zu sagen:

1. Die Anreicherung von Stereoisomeren an Mineralien ist kein „neuerer“ Erklärungsansatz, sondern wurde bereits 1975 diskutiert (z. B. Bonner WA et al. (1975) Asymmetric adsorption by quartz: A model for the prebiotic origin of optical activity. *Origin Life* 6, 367-376). Der Kritiker hat offenbar die Expertenversion des Artikels nicht oder zu flüchtig gelesen: Im Abschnitt „Spontaner Symmetriebruch“ wird genau darauf eingegangen (siehe „Bevorzugte Adsorption eines Enantiomers an eine chirale Oberfläche (z. B. an Calcit- oder Quarzkristalle)“ usw.).
2. Genausowenig „neu“ ist der Gedanke eines „Selektions“prozesses bei Proteinen und Nucleinsäuren (z. B. für Peptide: Blair NE & Bonner WA (1981) A model for the enantiomeric enrichment of polypeptides on the primitive Earth. *Origins Life* 11, 331-335). In der Expertenversion von „Die fehlenden Spiegelbilder“ ([►Die fehlenden Spiegelbilder](#)) wird mit der folgenden Passage darauf eingegangen: „Präbiotisch besteht keine Konkurrenz von Molekülen, und in einer achiralen Umgebung hat kein Enantiomer einen Vorteil gegenüber einem anderen. Das auf biologischer Ebene wichtige Konkurrenz-Konzept gilt hier nicht. Wenn zum Beispiel behauptet wird, die alpha-Helix eines enantiomerenreinen Proteins habe den Vorteil, weniger leicht hydrolysiert zu werden, so gilt dasselbe für das ebenso existenzfähige Spiegelbild dieser alpha-Helix, die aus den spiegelbildlichen Aminosäuren zusammengesetzt ist.“ Wie unter 1. in dieser Replik ist das Phänomen der Homochiralität in seinem Ursprung nicht erklärt, sondern auf ein anderes Beispiel verschoben.
3. Auch neueste Fachliteratur sagt klar, dass es einen akzeptierten Mechanismus für die Entstehung der Homochiralität nicht gibt. Beispiel: „Warum benutzen Organismen nur L-Aminosäuren, um Proteine herzustellen? Das ist gegenwärtig eins der größten Rätsel der Naturwissenschaft“ (DiGregorio BE (2006) *Microbe* 10, 471-475). Alte Mechanismen als neu auszugeben und so implizit zu unterstellen, das Phänomen sei naturalistisch erklärt, hilft nicht weiter.
4. Als plausible Erklärungsmöglichkeit für das Phänomen der Homochiralität bleibt ein absichtliches Vorgehen seitens eines Schöpfers, so wie man auch heute durch gezieltes geplantes Vorgehen im Labor reine Enantiomere herstellen oder Racemate in Enantiomere

trennen kann. Ein solches Vorgehen oder Eingriff kann man als „Manipulation“ bezeichnen. Wer „manipulierte“ und welcher Methodik er sich bediente, ist der Untersuchung natürlich nicht zugänglich. (Man beachte, dass „manipuliert“ bereits im kritisierten Artikel mit Bedacht in Anführungszeichen gesetzt wurde.) Eine „Wissenschaftslogik“, die Eingriffe von außen und planmäßiges Vorgehen von vornherein ausschließt, ist innerhalb ihrer Begrenzung ein sehr nützliches methodisches Werkzeug. Verabsolutiert wird sie zur *Weltanschauung* des Naturalismus, den sie nur im Sinne eines Zirkelschlusses „beweisen“ kann, weil sie von ihm definitionsmäßig gesetzt wurde. Damit aber würden die Grenzen der Methodik zur Grenze dessen, was wirklich sein kann.

Nachtrag vom 11. 4. 2007

5. Inzwischen wurde ich darauf hingewiesen, dass der genannte Text von Dr. Beyer verändert wurde. Mit der Angabe „Last update: 30.03.07“ lautet er nun: „So werden neuere Erklärungsansätze bezüglich des ‘Chiralitätsproblems’ (wie etwa die bevorzugte Anreicherung eines bestimmten Stereoisomers an bestimmten Mineralien) nur unzureichend diskutiert und die Möglichkeit einer enzymatischen Razematspaltung oder eines auf ‚enantiomerreine‘ Proteine oder homochirale Nucleinsäuren zusteuernden Selektionsprozesses, der z. B. aus Stabilitätsgründen alle ‚Mischvarianten‘ aus dem Rennen wirft (enantioselektive Replikation), in dem Artikel von Imming gar nicht erst erwähnt. (Zur Frage der Entstehung von Chiralität siehe auch Plankensteiner K.; Reiner, H.; Rode, BM. (2004): From earth’s primitive atmosphere to chiral peptides – the origin of precursors for life. Chem Biodivers. 1(9), pp. 1308-15.)“

a. Es ist erfreulich, dass die Kritik sehr rasch aktualisiert wurde und sich nun vorsichtiger gibt. Natürlich gibt es immer Artikel und Aspekte, die man nicht erwähnen kann, wenn man ein Thema zusammenfassend behandelt. So hätte Dr. Beyer auch den aktuellen Review der Rode-Gruppe nennen können (Fitz D et al. Curr. Chem. Biol. 2007, 1, 41-52).

b. Die stichwortartige Aufzählung unterschiedlicher Versuche, Homochiralität naturalistisch zu erklären, könnte suggerieren, es gäbe viele Erklärungsmöglichkeiten. Das Gegenteil ist der Fall: Weil es bisher kein akzeptiertes Modell gibt, werden regelmäßig eine Reihe mindestens bisher gescheiterter Ansätze aufgezählt.

c. Die Paritätsverletzung auf atomarer Ebene als Erklärung für die natürliche Homochiralität ist in „Die fehlenden Spiegelbilder“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=2>) behandelt und vor allem Bonners relevanter Review aus dem Jahr 2000 zitiert worden einschließlich seiner negativen Schlussfolgerung. Neuerdings wird die Paritätsverletzungs-Hypothese von der Arbeitsgruppe um B.M. Rode wieder aufgegriffen: Schwerere Atomkerne, z. B. Kupfer, führen zu größeren Energiedifferenzen aufgrund der Paritätsverletzung als leichtere Atome wie Kohlenstoff. Bei der Synthese von Dipeptiden in Gegenwart von Kupfer-Ionen durch wiederholtes Eindampfen und Wiederaufnahmen einer wässrigen Lösung entstand z. B. aus rac-Alanin ein Überschuss von ca. 10% des L-L-Dipeptids. Die Autoren postulieren, dieses Resultat sei möglicherweise auf Energieunterschiede durch Paritätsverletzung zurückzuführen. Jedenfalls sind auch diese Experimente sehr weit weg von einer Erklärung der natürlichen Homochiralität. Es seien nur einige wenige Schritte – eigentlich Sprünge – angedeutet, die gegangen werden müssten, um einer Erklärung näherzukommen:

– Wie verhalten sich Gemische von Aminosäuren? Lösungen reiner Aminosäuren sind äußerst artifiziell, so artifiziell, dass solche Experimente keineswegs auf den realeren Fall einer

Mischung von Aminosäuren, Carbonsäuren und vielen anderen Molekülen extrapoliert werden können.

– Die Experimente führen nicht zu einem „Verschwinden“ der D-Aminosäuren, sondern dazu, dass etwas mehr L-Form am Kupfer-Ion komplexiert ist oder als Dimer vorliegt. (Die Ausbeute an Dipeptiden betrug nur ca. 2%.) Der „Rest“ ist nicht etwa „wegselektiert“ worden, sondern liegt in Lösung vor. Wie soll aus einer Mischung von monomeren und dimeren Aminosäuren erstens eine echte Kompartimentierung resultieren und zweitens ein Verschwinden der D-Isomere? Die „Möglichkeit einer enzymatischen Razematspaltung oder eines auf 'enantiomereine' Proteine oder homochirale Nucleinsäuren zusteuernden Selektionsprozesses“ (A. Beyer) ist mehr als spekulativ.

Die Fragen könnten fortgesetzt werden. Weitere Forschungen sind also unbedingt nötig. Aber man sollte nicht kategorisch vertreten, dass der naturalistische Ansatz genügt, und nicht ausschließen, dass dieser Ansatz durch einen planenden Einfluss mindestens ergänzt werden muss.

Autor dieser News: Peter Imming

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n80.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.11.05 Neuer Artikel zum Thema „Entstehung des Lebens“

Eine wichtige Voraussetzung für Leben betrifft die genaue räumliche Gestalt lebensnotwendiger Moleküle. Aminosäuren, Zucker und sehr viele andere Lebens-Bausteine kommen in der Natur nur in einer von zwei spiegelbildlichen Formen vor bzw. nur die eine Form ist in einem bestimmten Organismus oder für eine bestimmte Funktion brauchbar. Diese molekulare Asymmetrie der Natur nennt man **Homochiralität**. Chiralität ist die Erscheinung, dass Moleküle oder sonstige Gegenstände in zwei zueinander spiegelbildlichen, nicht kongruenten (nicht identischen) Formen existieren können. Chiralität heißt übersetzt Händigkeit; denn die Hände sind ein Beispiel für chirale Objekte. Zwei zueinander spiegelbildliche Moleküle heißen **Enantiomere**, ein 1:1-Gemisch zweier Enantiomere **Racemat**.

So ähnlich sich Enantiomere sind – sie können sich gegenseitig nicht ersetzen. Eine Diät, die statt L- nur D-Aminosäuren enthielte, würde rasch zum Tode durch Mangelernährung führen. „L“ und „D“ bezeichnen eine von zwei gängigen chemischen Nomenklaturen, um sprachlich Enantiomere zu unterscheiden. Reine Enantiomere können im Labor hergestellt werden. Geht man von achiralen (nicht-chiralen) Ausgangsmaterialien aus, so muss man die chirale Information in irgendeiner Weise chemisch hineinbringen, sonst entstehen wieder nur Racemate. Eingebracht wird die Information, indem man auf enantiomerenreine Hilfsreagenzien, Katalysatoren o.ä. zurückgreift, die letztlich aus der Natur stammen.

Aber wie entstanden die enantiomerenreinen Substanzen, die wir in der Natur finden? **Genau das ist eines der großen Naturrätsel**. Vor der Entstehung von Lebewesen muss irgendwann die Entscheidung zugunsten der einen Sorte Enantiomere gefallen sein. Auf der Ebene lebender Organismen führt die Konkurrenz von Individuen und Arten zu Selektionsprozessen. Bei Enantiomeren mit chemisch gleichem Energiegehalt existiert ein auf Konkurrenz basierender Selektionsprozess nicht. **Daher ist prinzipiell unklar, wie es in einer hypothetischen präbiotischen* Welt zu einer Selektion kommen kann**. Beide Alternativen sind dort gleich wahrscheinlich.

*präbiotisch (= vor der Existenz von Leben)

Eine natürliche Ursache dieses Naturphänomens ist schwer vorstellbar, wird aber gesucht. Dazu wurden verschiedene Erklärungshypothesen aufgestellt. Sie lassen sich in vier Gruppen einordnen, die im Artikel „Die fehlenden Spiegelbilder“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=1>) erläutert werden. Im Expertenteil (Die fehlenden Spiegelbilder, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42081&Sprache=de&l=2>) werden diese Hypothesen ausführlich dargestellt. Es zeigt sich, dass alle diese Hypothesen ungeeignet sind, den Ursprung der lebensnotwendigen Homochiralität zu erklären.

Der Autor des Artikels, Professor Peter Imming, gelangt zu folgenden Schlussfolgerungen:

„Das Phänomen der Homochiralität wird ... sofort verständlich, wenn wir nicht auf der Basis unseres Nicht-Wissens, sondern unseres *Wissens* an die Fragestellung herangehen. Wir *wissen* sehr genau, wie man reine Enantiomere und überhaupt die Moleküle des Lebens (Aminosäuren, Zucker, Proteine, RNS, DNS usw.) herstellen kann, unter welchen

Bedingungen sie entstehen können, stabil sind oder zerfallen. Wir wissen auch, unter welchen Bedingungen sie eben nicht entstehen können. Wir können sie selbst herstellen und sehen, welche Chemie dafür erforderlich ist und welche es verhindert. Wir wissen, dass beispielsweise reine Enantiomere nicht von allein entstehen, sondern mittels gezielter Auswahl von Reagenzien, Reaktionsbedingungen, Reaktionsaufarbeitung und -abfolgen durch einen Experimentator.

Auf der Basis dieses unseres *Wissens* können wir schließen, dass auch die erste Entstehung der Moleküle des Lebens und ihr Zusammenbau zu einer Zelle gezielte Planung und Kreativität erforderte. Zielsetzung, Planung und Kreativität sind hier *nicht* 'Lückenbüßer' für etwas (noch) Unverstandenes, sondern logische Folgerung aus unserem experimentellen, in unzähligen Versuchen wissenschaftlich erworbenem Wissen um die Eigenschaften und Erfordernisse für die Moleküle des Lebens und für lebende Zellen. Wir wissen, dass es dafür absolut notwendig und unerlässlich ist, gezielt und geplant vorzugehen.

Die beste Erklärung für die Entstehung der Homochiralität ist also diejenige, die auf unserem Wissen um die Möglichkeiten der Entstehung dieses Phänomens basiert statt auf Spekulationen und Hypothesen. Die beste Erklärung ist: Jemand – ein Schöpfer – hat 'manipuliert', so wie es auch Chemikern durch kreative, gezielte Versuchsplanung und -durchführung gelingt, enantiomerenreine Substanzen herzustellen. **Wir wissen, wie man reine Enantiomere herstellen kann – von alleine, de novo, ohne Voraussetzung von Leben, geschieht es nicht.** Deshalb kann es nach allem, *was wir wissen*, auch 'ganz am Anfang' nicht von allein geschehen sein.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n53.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

28.10.04 Fünf neue Beiträge zum Thema „Entstehung des Lebens“

Wie könnte das Leben entstanden sein? Diese Frage hat die Phantasie des Menschen schon immer beschäftigt und ist bis heute eine Herausforderung für den menschlichen Verstand. In fünf neuen Beiträgen werden einige Aspekte dieser für die Evolutionslehre grundlegenden Frage behandelt.

Was ist „Leben“ überhaupt und welche Methoden stehen zur Erforschung der Frage zur Verfügung? ist das Thema von „Eingrenzung der Fragestellung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42021&Sprache=de&l=1>). In „Geschichtliches zur präbiotischen Chemie“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42022&Sprache=de&l=1>) werden ein kurzer Überblick über frühere Vorstellungen zur Lebensentstehung gegeben und neuere Bemühungen, die Entstehung des Lebens aufzuklären, geschildert.

Weshalb die Frage der Entstehung der Nukleinsäuren (DNS-Molekül, das die Erbinformation trägt) völlig ungelöst ist, wird in „Entstehung von Nukleinsäuren“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42063&Sprache=de&l=1>) erläutert.

In einem weiteren Beitrag geht es um die „Entstehung von Zellmembranen“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42063&Sprache=de&l=1>). Ohne Abgrenzung von der Umwelt wäre Leben unmöglich. Mit der Abgrenzung ist zugleich aber auch die Fähigkeit zum Stoffaustausch mit der Umgebung erforderlich. Abgrenzung und Stoffaustausch werden *gleichzeitig* benötigt. Wie solche Gebilde erstmals zufällig entstanden sein könnten, ist unbekannt.

Das „Henne-Ei-Problem“ (Was war zuerst da: Henne oder Ei?) gibt es auch in der präbiotischen Chemie*: Was war zuerst da: Proteine oder Nukleinsäuren? Beide Komponenten sind in allen heute bekannten Zellen unverzichtbare Bestandteile und werden ebenfalls gleichzeitig benötigt. Es ist unverständlich, wie dieses Problem unter präbiotischen Bedingungen gelöst werden kann. Das wird im Artikel „RNS-Welt“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42101&Sprache=de&l=1>) gezeigt.

*präbiotische Chemie (= Forschungsweig, in dem chemische Prozesse untersucht werden, die vor dem Auftreten erster Lebewesen abgelaufen sein und damit die materielle Basis für die Entstehung erster lebender Systeme liefern könnten)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n27.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.05.04 Erste Artikel im Fachgebiet Entstehung des Lebens (Präbiotische Chemie)

Die Frage nach der erstmaligen Entstehung des Lebens gehört zu den grundlegenden Themen der Evolutionsbiologie. Heute gilt: Alles Leben entsteht nur aus Leben: *Omne vivum ex vivo*. Etwas anderes wurde nie beobachtet. Dennoch soll es auf der hypothetischen frühen Erde anders gewesen sein: Leben soll dort durch natürliche Vorgänge aus nichtlebenden Stoffen entstanden sein.

In einem ersten Artikel zu dieser Thematik wird die Zusammensetzung der Uratmosphäre diskutiert („Hypothesen zur Uratmosphäre“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42041&Sprache=de&l=1>). Eine geeignete Uratmosphäre ist eine notwendige (nicht ausreichende!) Bedingung für die abiotische Entstehung des Lebens (abiotisch heißt: ohne Vorgabe des Lebens).

Darauf aufbauend wird in Simulationsexperimenten versucht, Moleküle der Lebewesen aus anorganischen Ausgangsstoffen unter Energieeinwirkung herzustellen („Ursuppen-Simulationsexperimente“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42042&Sprache=de&l=1>). Bei solchen „Ursuppen“-Simulationsexperimenten entstehen u. a. Aminosäuren, die in Lebewesen vorkommen. Darüber hinaus bilden sich immer auch zahlreiche Stoffe, die nachfolgende Schritte zu Proteinen (Eiweißen) verhindern. Es hat sich gezeigt, dass solche Experimente in Sackgassen führen („Entstehung von Proteinen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42061&Sprache=de&l=1>).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n18.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Geologie

23.08.19 Totes Meer: Neuer Mechanismus zur Entstehung von Salzablagerungen beschrieben

Die Bedingungen und Prozesse, die zur Entstehung mächtiger Salzlager wie des Norddeutschen Beckens (< 1000 m mächtig, Zechstein) oder der Mittelmeer-Region (> 1000 m mächtig, Miozän) führten, sind nicht hinreichend bekannt. Als modernes Analogon für hypersaline* Ablagerungsbereiche, die mächtige Salzlager hervorbrachten, schlagen Arnon et al. (2016) und Ouillon et al. (2019) den aktuellen Salzbildungsprozess im Toten Meer vor. Dort werden die Salzausfällungen dynamischen kleinskaligen Vermischungsprozessen im Grenzbereich von Oberflächenwasser zu Tiefenwasser zugeschrieben.

*hypersalin (= Salzgehalt größer 50 g/l; die Definition ist allerdings nicht einheitlich)

Von Michael Kotulla

Beobachtung und Mechanismus

Das Tote Meer (Nordteil) ist ein einzigartiges Seebecken auf der Erde: es ist hypersalin (etwa 277 g/kg; Salz zu Salzwasser), tief (bis 280 m), relativ groß (Oberfläche > 600 km²) und weist aktuell eine Salz-Produktions- bzw. -akkumulationsrate von etwa 10 cm/Jahr auf (errechnet, entspricht etwa 220 kg/m²/Jahr) (Lensky et al. 2005, Sirota et al. 2018).

Seit den 1980er-Jahren – verbunden mit einer Abnahme des Frischwasserzuflusses – haben sich die Zustände im Toten Meer verändert. Reihenummessungen der Jahre 2013 bis 2015 in Tiefen von 10 und 50 m haben ergeben, dass sich periodisch – d. h. im Sommer – eine thermohaline Schichtung einstellt. Dabei liegt ein wärmeres und salzigeres Oberflächenwasser (Epilimnion) mittelbar (über eine Sprungschicht, Metalimnion; etwa in 20-30 m Tiefe) einem relativ kühleren und salzärmeren Tiefenwasser (Hypolimnion) auf (Arnon et al. 2016). Da das Tiefenwasser eine höhere Dichte hat, dürfte – statisch betrachtet – kein Austausch zwischen Oberflächenwasser und Tiefenwasser geschehen. Allerdings ist zu beobachten, dass sich im obersten Teil des Tiefenwassers und darunter Salzkristalle (Präzipitate) bilden, die in größerer Menge wie Schnee zu Boden sinken (Video 1; s. u.).

Arnon et al. (2016) schlugen folgenden Austausch- und Ausfällungsmechanismus vor: „Finger“ aus Salz-gesättigtem Oberflächenwasser, die in das Tiefenwasser absinken, kühlen ab und fällen dabei Salzkristalle aus. „Finger“ aus dem Tiefenwasser, die in das Oberflächenwasser aufsteigen, nehmen Wärme auf, werden dadurch Salz-untersättigt und haben dann das Potential, Steinsalz aufzulösen. Dieser Vermischungsprozess wird als diapyknischer* doppeldiffusiver Fluss (double diffusion diapycnal flux) bezeichnet, eine „Salzfingerkonvektion“. Mit einer Simulation konnten Ouillon et al. (2019) nun die Diffusionsprozesse bestätigen (Video 2, s. u.). Es sind wohl geringste Turbulenzen im See, die durch Wellen oder andere Bewegungen verursacht werden, die zu einer Instabilität des Grenzbereiches (Metalimnion) führen und die Diffusionsprozesse in Gang setzen bzw. halten (AGU 2019). Physisch sind die mutmaßlich millimeter- bis zentimetergroßen Salzfinger allerdings noch nicht registriert worden, z. B. mit einer optischen Sonde.

*diapyknisch (=Transport senkrecht zu den Flächen konstanter Dichte (Isopyknen))

Bildung mächtiger Salzlager

Das dokumentierte „Herabschneiden“ der Salzkristalle ist beeindruckend (Video 1). Ob der beschriebene Mechanismus, der einem periodischen, sensiblen Gleichgewichtszustand zu Grunde liegt, für eine großskalige Steinsalz-Produktion und -Sedimentation infrage kommt, ist sehr fraglich. Im Falle des mittelmeerischen Salzgiganten handelt es sich um eine Fläche von etwa 1 Million km² und einem Volumen von > 1 Million km³. Die aktuelle Tote-Meer-Situation basiert auf Entzug von Wasser (Evaporation). Bei einer großskaligen Produktion bedarf es aber wohl hauptsächlich einer (externen) Zufuhr von hochkonzentriertem Salzwasser (Salzsolen), z. B. durch hydrothermale Wasser. Dabei ist vorstellbar, dass in hochproduktiven Phasen die durchschnittliche Sedimentationsrate in der Größenordnung von Zentimetern pro Stunde gelegen haben könnte – vergleichbar mit Schneeakkumulationen extrem starker und anhaltender Schneefallereignisse (Kotulla 2017).

Literatur

AGU (2019) New study solves mystery of salt buildup on bottom of Dead Sea. Pressemitteilung vom 1. Juli 2019. <https://news.agu.org/press-release/new-study-solves-mystery-of-salt-buildup-on-bottom-of-dead-sea/>

Arnon A, Selker JS & Lensky NG (2016) Thermohaline stratification and double diffusion diapycnal fluxes in the hypersaline Dead Sea. *Limnology and Oceanography* 61, 1214-1231.

Kotulla M (2017) Salzlagerstätten: War das Mittelmeer einst ausgetrocknet? *Studium Integrale Journal* 24, 22-30. <http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij241/sij241-3.pdf>

Lensky NG, Dvorkin Y, Lyakhovskiy V, Gertman I & Gavrieli I (2005) Water, salt, and energy balances of the Dead Sea. *Water Resources Research* 41, 1-13.

Ouillon R, Lensky NG, Lyakhovskiy V, Arnon A & Meiburg E (2019) Halite precipitation from double-diffusive salt fingers in the Dead Sea: Numerical simulations. *Water Resources Research* 55, 4252-4265.

Sirota I, Enzel Y & Lensky NG (2018). Halite focusing and amplification of salt layer thickness: From the Dead Sea to deep hypersaline basins. *Geology* 46, 851-854.

Video

Video 1: „Halite settling along the Dead Sea water column“ (0:52 Min., mit englischer Bildbeschriftung) unter <https://www.youtube.com/watch?v=LYw4FjduZFo&feature=youtu.be>

Video 2: „Why is the Dead Sea so salty?“ (2:27 Min., in Englisch) unter <https://www.youtube.com/watch?v=qIipINltwUk>

Autor dieser News: Michael Kotulla

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n269.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

24.01.19 Möglicherweise jüngster großer Impakt-Krater unter dem Grönland-Eis

Gezielte Radarblicke durch die grönländische Eisdecke lassen eine typische Struktur eines Impakt-Kraters erkennen. Der mutmaßliche Impakt-Krater ist möglicherweise geologisch jung und könnte neue Erkenntnisse über die Dynamik und Dimension großer Impakt-Ereignisse liefern.

Gastbeitrag von Michael Kotulla

Krater von Hiawatha

Die Hohlform, die Kjær et al. (2018) unter dem Hiawatha-Gletscher in NW-Grönland entdeckt haben, ist gewaltig: Der Durchmesser beträgt 31 km, die Eintiefung im Verhältnis zum Rand rund 300 m. Im Zentrum ist eine leichte Aufwölbung ausgebildet. Die Autoren interpretieren die Struktur als Impakt-Krater, also als Krater, der durch Einschlag eines kosmischen Körpers (Meteorit) entstanden ist. Als weitere Impakt-Indizien – neben der Kraterform – präsentieren sie u. a. Funde von Quarzkörnern aus Sedimenten des Gletscher-Vorlandes, die „geschockt“ sind. Dieser Begriff steht für die Ausbildung planarer Deformationslamellen (engl. Abkürzung: PDF), die durch sehr hohe Stoßwellendrucke – wie sie bei Impakten auftreten können – entstehen.

Demnach könnte es sich um ein Impakt-Ereignis handeln, das – bezogen auf den Durchmesser – dem Ries-Ereignis ähnelt. Der Ries-Krater (Nördlinger Ries, Süddeutschland) hat einen Durchmesser von 24 km; das Impakt-Ereignis wird dem Miozän zugerechnet.¹

Verglichen mit anderen großen Impakt-Kratern ist die Struktur des Hiawatha-Kraters gut erhalten („frisch“). Aufgrund der Ausbildung des Kraterreliefs wird allerdings vermutet, dass der Kraterrand und die zentrale Aufwölbung teilweise erodiert wurden und im Krater Seesedimente ausgebildet sind.

Radiostratigraphie und Alter

Der Krater ist von dem bis zu 1 km mächtigen Hiawatha-Gletscher bedeckt (s. Animation in Viñas-García 2018). Die Eisschichten reichen von oben nach unten kontinuierlich bis knapp unterhalb der Pleistozän/Holozän-Grenze. Dann folgt eine gestörte Eiszone, die mit Trümmer (Gestein, Eis?) durchsetzt ist; sie liegt unmittelbar der Oberfläche des Kraters auf. Die zeitliche Interpretation der Eisschichten basiert auf Auswertungen von Tiefenradarmessungen (Radiostratigraphie) in Verbindung mit Vergleichen von Tiefenprofilen des grönländischen Eisschildes insgesamt (s. Kotulla 2016).

Es ist wohl das (stratigraphische) Alter der Eisdecke, die den Erstautor der Studie, Kurt H. Kjær, veranlasst anzunehmen, dass sich der Meteoriten-Einschlag möglicherweise sogar nur „vor 12.000 Jahren“ ereignet haben könnte, zum Ende der Eiszeit (University of Copenhagen (2018)).² Seine Jahreszahl bezieht sich auf ein „etwas älter“ als die Pleistozän/Holozän-Grenze, der ein Alter von 11.700 [Eiskern-]Jahren zugewiesen wird. Zu einer Diskussion dieser Alter siehe Kotulla (2013).

Demzufolge könnte sich das mutmaßliche Hiawatha-„Impakt-Ereignis“ – stratigraphisch korreliert – etwa während oder nach der explosiven Eruption des Laacher-See-Vulkans (40 km südlich Bonn) ereignet haben.

Potenzial für neue Erkenntnisse

Die Rekonstruktion dieses „greifbar nahen“ Impakt-Ereignisses – wenn es sich als solches bestätigt und wenn es sich am Ende der Eiszeit ereignete – hat Potenzial für einen deutlichen Erkenntnisgewinn. Zahlreiche interessante Fragen gilt es zu beantworten, u. a.:

Schlug der Meteorit auf eine eisfreie oder eisbedeckte Oberfläche ein? Welche Spuren hat der Einschlag hinterlassen – lokal, regional, global – auch hinsichtlich Umwelt und Klima? Gibt es Ablagerungen von Auswurfmaterial (Impakt-Ejekta)? In den grönländischen Eisbohrkernen sind bislang Lagen solcher Herkunft nicht aufgefallen. **Hatte der Impakt möglicherweise einen entscheidenden Einfluss auf den raschen Zusammenbruch der Eisschilde? Wie katastrophal war der Impakt insgesamt? Sind die gängigen Vorstellungen über das Zerstörungspotenzial großer Impakte (räumlich und zeitlich) möglicherweise überzogen?** Zum Beispiel auch im Vergleich zum Ries-Ereignis, bei dem eine immense Druck- und Hitzewelle im Umkreis von mehreren Hundert Kilometern angenommen wird.

Es ist davon auszugehen, dass die Erforschung des mutmaßlichen Hiawatha-„Impakt-Ereignisses“ fortgesetzt wird. Wahrscheinlich wird dabei auch eine Tiefbohrung in den Krater in Betracht gezogen werden.

Video

„Massive Crater Discovered Under Greenland Ice“ (4:29, in Englisch) unter https://www.youtube.com/watch?time_continue=261&v=vTr3VdGIFr8

Literatur

Kjær KH, Larsen NK, Binder T, Bjørk AA, Eisen O, Fahnestock MA, Funder S, Garde AA, Haack H, Helm V, Houmark-Nielsen M, Kjeldsen KK, Khan SA, Machgut H, McDonald I, Morlinghem M, Mouginot J, Paden JD, Waight TE, Weikusat C, Willerslev E & MacGregor JA (2018) A large impact crater beneath Hiawatha Glacier in northwest Greenland. *Science Advances* 4, eaar8173. <http://advances.sciencemag.org/content/4/11/eaar8173>

Kotulla M (2013) Grönländische Eiskerndaten und ihre Interpretation: Absolute Datierung durch Zählung von Jahresschichten? *W+W Special Paper G-13-1*, Baiersbronn; <http://www.wort-und-wissen.de/download.html>.

Kotulla M (2016) Radarblick in die grönländische Eisdecke. *Studium Integrale Journal* 23, 125-126. <http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg23/heft2/sij232-s.html>

University of Copenhagen (2018) Massive impact crater from a kilometre-wide iron meteorite discovered in Greenland. Pressemitteilung vom 14. 11. 2018. https://news.ku.dk/all_news/2018/11/massive-impact-crater-from-a-kilometre-wide-iron-meteorite-discovered-in-greenland/

Viñas-García M-J (2018) Crater Lurks Beneath the Ice. Image of the day for November 14, 2018. <https://earthobservatory.nasa.gov/images/144279/crater-lurks-beneath-the-ice>

Endnoten

¹ Siehe z. B. unter <https://www.geopark-ries.de/entstehung-rieskrater/>.

² „So far, it has not been possible to date the crater directly, but its condition strongly suggests that it formed after ice began to cover Greenland, so younger than 3 million years old and possibly as recently as 12,000 years ago – toward the end of the last ice age, says Professor Kurt H. Kjær from the Center for GeoGenetics at the Natural History Museum of Denmark.“ (University of Copenhagen 2018).

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2019, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n265.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.10.18 Neue Beobachtungen zu Gletscherseeausbrüchen

Am Catalina-See in Ostgrönland, einem durch einen Eisdamm aufgestauten Gletschersee, sind für die Periode zwischen 1966 und 2016 vier Seeausbrüche festgestellt worden. Diese Flutereignisse gehören zu den größten ihrer Art seit 1811, seitdem wissenschaftlich-historische Aufzeichnungen vorliegen. Sie sind aber im Vergleich zu den Megafluten am Ende der Eiszeit um Größenordnungen kleiner.

Der Catalina-See befindet sich auf der ostgrönländischen Halbinsel Renland, die von einem eisbedeckten, teilweise über 2 km hohen und steilabfallenden Hochplateau dominiert wird. Ein Teil des Eises der Eisdecke wird hauptsächlich über den etwa 40 km langen Edward-Bailey-Gletscher bis nahe zum Scoresbysund-Fjord im Südosten transportiert. In einem Seitental bzw. Seitenarm des Gletschers liegt der etwa 10 km lange und 2 km breite Catalina-Gletschersee.

Die Beobachtungen von Grinsted et al. (2017) basieren auf Auswertungen von Satellitenaufnahmen und -vermessungen. Demnach fanden zwischen 1966 und 2016 vier Ausbruchereignisse statt: zwischen 1966 und 1972, im Winter 1988/89, im Winter 2003/04 und im Winter 2011/2012. Dabei sei der See bis zu einer maximalen Schwellenhöhe von 734 m ü. d. M. angestiegen und schließlich bis zu einer Minimalhöhe von 591 m ü. d. M. entwässert (drainiert). Bei jedem Flutereignis wurde eine Wassermasse zwischen 2,6 und 3,3 Gt rasch freigegeben. Dies entspricht annähernd dem Rückhaltevermögen des Oroville-Stausees in Kalifornien von 4 km³; 2017 waren dort wegen eines drohenden Dammbrochs 200.000 Einwohner evakuiert worden (s. Kotulla 2017).

Für die Gletscherseeausbrüche schlagen Grinsted et al. (2017) folgenden Mechanismus vor (siehe Video): 1. Der Schmelzwassereintrag in den Eisdamm-aufgestauten See lässt den Wasserspiegel ansteigen. 2. Bei Erreichen einer Schwellenhöhe wird der Gletscherdamm angehoben (gefloated). 3. Das Seewasser dringt unterhalb des Gletschers ein und beginnt den Gletscher von unten her zu schmelzen. 4. Dabei muss es eine Schwelle überwinden (aufwärts strömen), bevor es nach 6 km unter dem Edward-Bailey-Gletscher weiterfließen kann. 5. An der Gletscherfront tritt das Seewasser schließlich aus und strömt über die dem Gletscher vorgelagerten Sanderfläche (Schmelzwasserebene) in den Scoresbysund-Fjord.

Für die Flutereignisse ermitteln die Autoren eine freigesetzte potentielle Energie von bis zu 10¹⁶ Joule (Basis: Seespiegel 591-734 m ü. d. M.), die es erlauben würde, eine zusätzliche Wassermasse von 0,04 Gt zu schmelzen. Dies entspräche einem subglazialen Tunnel von 20 km Länge mit einem Durchmesser von 55 m. Die Schlagartigkeit und Dauer eines Ausbruchereignisses lässt sich allerdings aus den bisherigen Beobachtungen nicht genau bestimmen. Es wird eine maximale Abflussrate von 10⁴ m³/s vorgeschlagen; aufgrund der 4-monatigen Beobachtungslücke wird für das Winter-2003/04-Ereignis eine minimale Abflussrate von 200 m³/s veranschlagt. In der Online-Mitteilung des Niels-Bohr-Instituts werden die Ausbruchereignisse als „gigantisch“ bezeichnet.

Die hier angenommene maximale Abflussrate ist vergleichbar mit kleineren isländischen Gletscherläufen (isl.: *jökulhlaup*) mit Raten von 10³ bis 10⁴ m³/s. Sie ist aber um Größenordnungen niedriger als eine Megaflut mit Raten von $\geq 10^6$ m³/s (vgl. Baker 2013). Bei der späteiszeitlichen Lake-Missoula-Flut wird angenommen, dass ein Eisdamm von 600-700 m Höhe plötzlich brach, die aufgestaute Wassermenge von 2260 km³ schlagartig ausbrach und der See binnen zwei Tage geleert war (Kotulla 2014).

Video (1:48) „Periodische Ausbrüche aus dem Catalina-See, Ostgrönland“ (Grafiken in Englisch): <https://www.youtube.com/watch?v=xDH5GWWTsV0>

Literatur

Baker VR (2013) Global late Quaternary fluvial paleohydrology: With Special Emphasis on paleofloods and megafloods. In: Shroder JF (ed.) Treatise on Geomorphology, vol. 9, 511-527.

Grinsted A, Hvidberg CS, Campos N & Dahl-Jensen D (2017) Periodic outburst floods from an ice-dammed lake in East Greenland. Scientific Reports 7, DOI:10.1038/s41598-017-07960-9. <https://www.nature.com/articles/s41598-017-07960-9> [open]. Siehe auch Artikel des Niels-Bohr-Instituts der Universität von Kopenhagen: <http://www.nbi.ku.dk/english/news/news17/satellite-photos-reveal-gigantic-outburst-floods/>.

Kotulla M (2014) Megafluten. Studium Integrale Journal 21, 4-11. <http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij211/sij211-1.html>

Kotulla M (2017) Neuer Canyon am Oroville-Staudamm – Ausgebrochener Wasserstrom verursacht schnelle Erosion. Studium Integrale Journal 24, 45-48. http://www.wort-und-wissen.de/sij/sij241/sij_24-46-49.pdf

Gastbeitrag von Michael Kotulla

Autor dieser News: Michael Kotulla

© 2018, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n262.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.12.04 Zwischenbericht eines Junge-Erde-Forschungsprojekts

In den USA arbeitet seit einigen Jahren eine Forschergruppe von sechs Wissenschaftlern aus Geologie, Geochemie und Physik an einer Alternative zu den Langzeitdatierungen, die mit Hilfe der Radiometrie durchgeführt werden (Datierung auf der Basis des radioaktiven Zerfalls instabiler chemischer Elemente in Gesteinen). Ziel ist der Nachweis, dass die Befunde der Radiometrie eine Deutung im Kurzzeitraum erlauben, der sich aus der biblischen Überlieferung ergibt. Ein wichtiger Ansatzpunkt ist die Hypothese eines beschleunigten radioaktiven Zerfalls in der Vergangenheit. Dafür gibt es interessante empirische Hinweise. Vor einigen Jahren wurde ein Zwischenbericht veröffentlicht. Er präsentiert eine Bestandsaufnahme der Hypothese vom beschleunigten radioaktiven Zerfall und weiterer vielversprechender Ansatzpunkte, die durch gezielte Untersuchungen überprüft werden sollen.

Das Buch liegt seit kurzem in deutscher Übersetzung unter dem Titel „*Radioisotope und das Alter der Erde*“ vor. Es füllt eine Lücke im Rahmen der biblischen Schöpfungslehre, da bislang kein vergleichbar gründliches und fundiertes Werk zu dieser Thematik vorgelegt wurde.

Das Buch richtet sich an Leser, die sich für Datierungsfragen und deren Eingliederung in ein schöpfungstheoretisches Konzept interessieren.

Vorkenntnisse in einem naturwissenschaftlichen Fach beziehungsweise Begeisterung für die Naturwissenschaften an sich sind für das Verständnis der hier behandelten Fragen erforderlich. Der Schwerpunkt liegt auf den Fachgebieten Chemie, Physik und Geowissenschaften.

Die einzelnen Beiträge bauen nicht aufeinander auf. Da die Datierungen und die damit zusammenhängenden Fragen aus unterschiedlichen Blickwinkeln heraus beleuchtet werden, wird man das Buch je nach Geschmack und Fachinteresse selektiv lesen. Eine Zusammenfassung und ein umfangreiches Glossar helfen dabei.

Das Buch ist mit ca. 300 Seiten im DIN-A-4-Format sehr umfangreich. Auf <http://www.wort-und-wissen.de/buecher/geo/radiso.html> finden sich einige weitere Informationen; über diese Adresse kann das Buch auch online bestellt werden. Hier noch die bibliographischen Daten:

Larry Vardiman, Andrew A. Snelling, Eugene F. Chaffin (Hg.): **Radioisotope und das Alter der Erde**. Aus dem Englischen übersetzt von Thomas Fritzsche. Hänssler-Verlag Holzgerlingen, 308 S., 73 Abb., 18 Tab., Großformat: DIN A 4. 29,95 Euro (A: 30,85 Euro) / 55,- sfr.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n28.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.01.04 Fachgebiet "Biblisch-urgeschichtliche Geologie" aktiviert

Im Bereich „Schöpfung“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=0&Sprache=de&l=1>) wurde heute das Fachgebiet "Biblisch-urgeschichtliche Geologie" aktiviert. Die ersten drei Artikel beschäftigen sich mit „Biblischen Grundlagen zur Erdgeschichte“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=820&Sprache=de&l=1>). Sie sind in der Stufe "Interessierte" und "Experten" verfügbar. Die Expertenstufe unterscheidet sich durch genauere Literaturverweise.

Im Artikel „Die biblische Urgeschichte - wirkliche Geschichte“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=821&Sprache=de&l=1>) wird aufgezeigt, dass die Bibel in ihren Schilderungen von den Anfängen der Menschheit wirkliche Geschichte berichten will. Dies geht aus den Texten klar hervor (was auch viele Ausleger bestätigen). Auch Beziehungen der biblischen Urgeschichte (1.Mose 1-11) mit dem Neuen Testament setzen voraus, dass die beschriebenen Geschehnisse real sind.

Der Artikel „Der kurze Zeitrahmen der Urgeschichte: Nur einige Jahrtausende“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=822&Sprache=de&l=1>) erläutert, warum der biblischen Urgeschichte ein ungefährender Zeitrahmen von einigen tausend Jahren für die Menschheitsgeschichte ab Adam entnommen werden kann. Dies ergibt sich aus den Abstammungsregistern, die zwar lückenhaft sein könnten, aber zeitlich nicht zu stark gedehnt werden können, ohne dass sie ihren Sinn verlieren.

Im dritten Artikel „Die Bindung der Erdgeschichte an den Sündenfall des Menschen“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=823&Sprache=de&l=1>) wird erklärt, warum aus biblischer Sicht ein enger Zusammenhang zwischen der Geschichte der Menschheit und der Geschichte des Lebens insgesamt besteht. Erst durch die Sünde des Menschen kam der Tod in die Welt, auch in die außermenschlichen Schöpfung. Die Fossilüberlieferung als Zeugnis auch des Todes in der Schöpfung muss daher in den zeitlichen Rahmen der Menschheitsgeschichte gestellt werden.

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n13.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Astronomie & Physik

29.08.15 Die Suche nach der zweiten Erde

Im Sommer gingen Bilder von einer zweiten Erde („Kepler-452b“) durch die Presse, die den Eindruck einer recht detaillierten Photographie erwecken. Tatsächlich wissen wir nur durch Helligkeitsschwankungen des Zentralgestirns etwas über diesen Planeten. Die Darstellungen in der Presse sind für Laien, also für die große Anzahl der Leser, irreführend.

Gastbeitrag von Albrecht Ehrmann

Am 23. Juli 2015 veröffentlichte die NASA die Entdeckung des Planeten Kepler-452b¹ mit dem Titel „NASA’s Kepler Mission Discovers Bigger, Older Cousin to Earth“.² In der Presse fand man dazu eine schöne Illustration, die von T. Pyle stammt (<http://images.techtimes.com/data/images/full/115098/kepler-452b-and-earth.jpg?w=600>). Auf ihr sieht man auf der linken Seite die Erde, auf der rechten Seite augenscheinlich den Planeten Kepler-452b. In der Mitte ist ein Trennungsstrich und je die Hälfte der Sonne und des Sterns Kepler-452. Der Planet Kepler-452b ist 60% größer als die Erde. Man ist beeindruckt von der Detailtreue des Bildes von Kepler-452b, sieht dunkle Strukturen, die an Seen und Flussläufe erinnern, weiße Wolken und feste Oberflächenstrukturen in Brauntönen. Leider wird in den Begleittexten dazu nicht klar, was an diesem Bild Phantasie ist und was tatsächlich auf Messdaten beruht, da lediglich das Gesamtbild als Illustration bezeichnet wird. Im Text erfährt man immerhin, dass die Forscher nur *vermuten*, dass Kepler-452b „felsisch“ ist, also eine feste Oberfläche und eine Atmosphäre mit einer geringen Dicke hat.

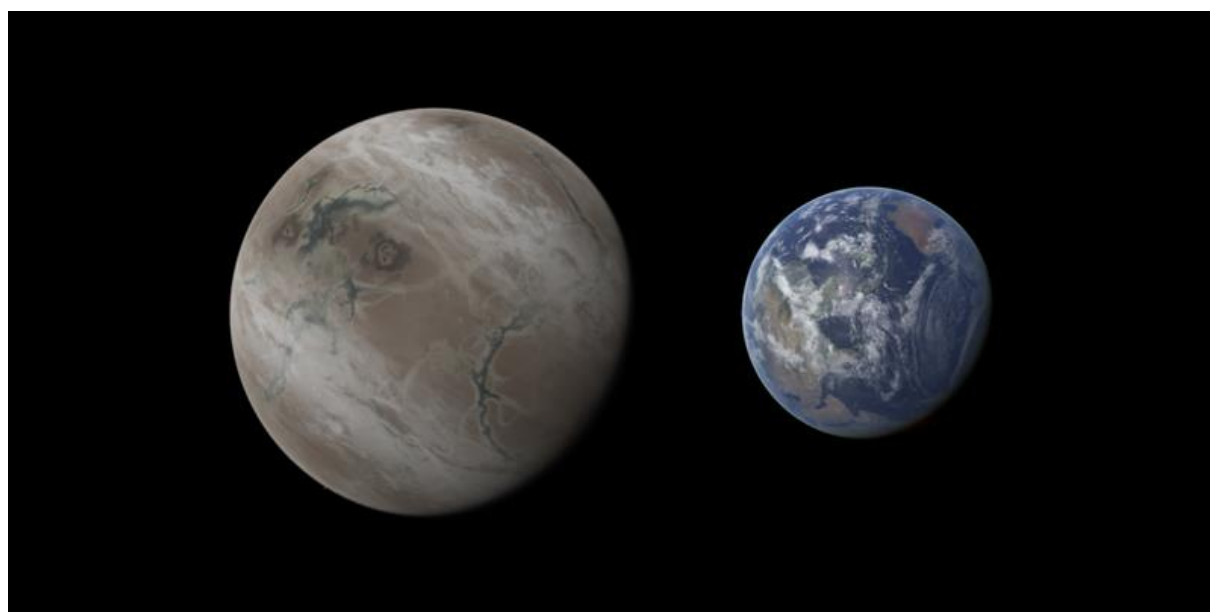


Abb. 1: Künstlerische Rekonstruktion von Kepler-452b im Größenvergleich mit der Erde. (Wikimedia: Ardenau4, CC BY-SA 4.0)

Worin bestehen nun tatsächlich die Messdaten bzw. was lässt sich aus ihnen ableiten?

Das Studium des Fachartikels³ gibt darüber Aufschluss. Der Planet wurde bei der Analyse der Daten des Kepler-Weltraumteleskops mit der so genannten Transitmethode (s. u.) entdeckt.

Das Kepler-Weltraumteleskop hat von 2009 bis 2013 111.800 Sterne gleichzeitig ins Visier genommen und kontinuierlich deren Helligkeit registriert. Bei der Analyse der Daten, die immer noch andauert, wird gezielt auf relativ kurze, periodisch auftretende Verdunkelungsereignisse geachtet. Zieht nämlich ein Planet längs der Sichtlinie zwischen dem Satelliten und dem Stern vorbei (= Transit), verdunkelt er diesen ganz geringfügig für eine gewisse Zeit. Dies ist analog zu den Venustransits in unserem eigenen Planetensystem vor einigen Jahren, als das kleine, dunkle Venusscheibchen von der Erde aus gesehen über die Sonnenscheibe wanderte. Wiederholt sich eine solche Verdunkelung in periodischen Abständen, ist es wahrscheinlich, dass ein Planet, der um diesen Stern kreist, die Ursache ist.

Bei Kepler-452b konnte man vier solcher Verdunkelungen um 0,02 % beobachten.

Bevor man aber die Entdeckung eines neuen Planeten publizieren kann, müssen noch einige Tests gemacht werden, um eine Verwechslung mit anderen Phänomenen auszuschließen. So reicht beispielsweise die optische Auflösung des Kepler-Teleskops nicht aus, um zu prüfen, ob das Licht nur vom Stern Kepler-452 stammt oder ob es mit dem Licht anderer Sterne vermischt ist. Deshalb wurden mit dem 10 m-Spiegel des Keck II-Teleskops auf Hawaii hochaufgelöste Bilder aufgenommen und dabei keine Nachbarsterne gefunden. Außerdem wurden noch weitere Tests bei Kepler-452 durchgeführt und damit alternative Erklärungen für die periodischen Intensitätseinbrüche ausgeschlossen. Als Ergebnis erhielt man den Planeten Kepler-452b mit einer Umlaufdauer von 385 Tagen und einem Durchmesser, der 1,4% des Sternendurchmessers beträgt. Über hochaufgelöste Spektren des Sterns Kepler-452 erhält man durch den Vergleich mit Spektren von Sternen, deren Durchmesser man kennt, dessen Durchmesser von 1,1 Sonnendurchmessern. Damit ergibt sich, dass der Planet Kepler-452b 1,6 mal so groß ist wie die Erde.

Außer diesen wenigen, aus den Helligkeitsschwankungen des Zentralgestirns abgeleiteten Größen weiß man von diesem mutmaßlich erdähnlichen Planeten definitiv nichts.

Von anderen Planeten ähnlicher Größe konnte man die Masse und damit die Dichte bestimmen bzw. herleiten. Aus diesen Angaben folgern die Forscher, dass die Wahrscheinlichkeit, dass der Planet Kepler-452b ein Gesteinsplanet ähnlich der Erde ist, bei 49% bis 62% liegt. Allerdings muss man dazu sagen, dass diese Daten nicht aus einer Gruppe von Planeten mit ähnlicher Konfiguration wie Kepler-452b gewonnen wurden, sondern von Planeten, die um kleinere Sterne in kleinerem Abstand zum Stern kreisen.

Wann wissen wir mehr von Kepler-452b? In absehbarer Zeit wird kein Wissenszuwachs erwartet. Es wird eher erwartet, dass man erdgroße Planeten bei sonnenähnlichen Sternen in deren habitabler Zone⁴ findet, die nicht so weit entfernt sind wie Kepler-452. Von diesen nahen Sternen nimmt man Spektren des Sternenlichts abseits und während der Transits der Planeten auf. Aus der Differenz dieser Spektren erhält man spektrale Information von der Atmosphäre der Planeten, durch die das Sternenlicht während der Transits auf dem Weg zu uns hindurchstrahlt. Chemische Verbindungen wie beispielsweise Methan absorbieren in charakteristischen Linien, man kann also damit herausfinden, welche Gase in der Planetenatmosphäre vorhanden sind.⁵

Um jedoch ein Bild von Kepler-452b zu erzeugen, das so detailliert wie die Illustration ist, bräuchte man ein optisches Teleskop mit Objektivdurchmesser, der etwa sieben Mal so groß ist wie die gesamte Erde. Davon sind wir im wahrsten Sinne des Wortes meilenweit entfernt. Selbst ambitionierte Projektstudien zu Weltraum-Interferometern mit nicht so weitreichenden Zielen wurden eingestellt und erst mal auf unbestimmte Zeit verschoben. **Eine detaillierte Darstellung mit „Bild: NASA“ ist daher grob irreführend.**

Anmerkungen und Quellen

¹ Sterne werden mit Zahlen bezeichnet (also z. B. Kepler-452); entdeckt man bei ihnen Planeten, werden diese mit Kleinbuchstaben markiert, angefangen mit b.

² <http://www.nasa.gov/press-release/nasa-kepler-mission-discovers-bigger-older-cousin-to-earth>; Übersetzung: „NASA’s Kepler Mission entdeckt größeren, älteren Cousin der Erde“

³ Jenkins JM et al. (2015) *The Astronomical Journal* 150 56. doi:10.1088/0004-6256/150/2/56. Preprint arxiv: 1507.06723

⁴ Ein Planet ist in der habitablen Zone seines Planetensystems, wenn die Temperatur auf seiner Oberfläche so ist, dass Wasser flüssig ist, denn dies wird als notwendige Bedingung für Leben erachtet; in der Praxis kennt man nur den Abstand der Planeten von ihrem Zentralgestirn und die abgestrahlte Leistung desselben und weiß nichts über ihre Atmosphäre (Stärke des Treibhauseffekts unbekannt); die „optimistische“ habitable Zone für unser Sonnensystem geht so von der Venusbahn bis kurz vor die Marsbahn.

⁵ Wilson PA et al. (2014) *Monthly Notices of the Royal Astronomical Society* 438 (3), 2395-2405, Preprint in arXiv:1312.1360

Autor dieser News: Albrecht Ehrmann

© 2015, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n231.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.03.12 Eine Nachlese zum OPERA-Experiment und schnellen Neutrinos

Vor einigen Monaten gingen Schlagzeilen durch die Presse, wonach das Weltbild der modernen Physik widerlegt sei. Grund dafür waren Messungen von Überlichtgeschwindigkeit von Neutrinos. Dies würde tatsächlich Modelländerungen erfordern, doch es hat sich mittlerweile herausgestellt, dass ein Messfehler vorliegt.

Gigantische Teilchenbeschleuniger im Stile des LHC (Large Hadron Collider) in der Schweiz oder dem Tevatron in den USA sind als Milliardengräber im wahrsten Sinne des Wortes nicht unumstritten. Zu wenig Nützliches kommt aus den Tunneln als Forschungsergebnisse hervor, lautet oft der Vorwurf.

Es scheint, als ob die Organisationskomitees der jeweiligen Beschleuniger deshalb besonders darauf aus sind, große Schlagzeilen zu machen, um diesen Bedenken zuvorzukommen und den weiteren Betrieb des Projekts zu gewährleisten. Aus den Sensationsmeldungen der Presse kann man dann meist nicht mehr erkennen, welche Bedeutung ein Befund tatsächlich hat.

So war es auch im September 2011, als die Mitarbeiter eines Teilchendetektors namens „OPERA“, der in Mittelitalien liegt, mit der Entdeckung von „Neutrinos schneller als das Licht“ (z. B. Spiegel-online, 23. 10.) überraschte. Die Meldungen überschlugen sich – „Einstein muss zittern“ (6. 10.) schrieb die FAZ, der tagesspiegel meinte gar „Wenn die Ergebnisse[...] stimmen, würde damit das gesamte Weltbild der modernen Physik widerlegt“. Andererseits wurde wild spekuliert, was bei der Messung alles schief gelaufen sein könnte.

Bei Neutrinos handelt es sich um sehr kleine, schnelle, und fast vollkommen unsichtbare Teilchen, die nur selten mit normaler Materie zusammenstoßen. Für das Experiment wurden diese Neutrinos am CERN in der Schweiz künstlich produziert und in einem fokussierten Strahl durch das Gestein nach Italien geschickt, wo die Neutrinos dann in sehr großen Absorberplatten registriert wurden. Der große Streitpunkt des Experiments ist der geringe Geschwindigkeitsüberschuss, der festgestellt wurde: 0,06 μ s waren die Neutrinos auf 700 km Flugstrecke schneller als erwartet, was nur 0,002 % mehr als Lichtgeschwindigkeit bedeutet.

Das Experiment erforderte eine zuverlässige Bestimmung der Flugstrecke und Flugzeit über mehrere Jahre hinweg. Das wurde durch ein ausgeklügeltes System von Atomuhren und GPS-Positionierung bewerkstelligt, welches mit bewährten Methoden geeicht worden war. Nach wiederholter Überprüfung waren sich die Mitarbeiter der OPERA-Teams deshalb sicher, dass der gemessene Effekt außerhalb der üblichen Fehlertoleranzen liegt, also „echt“ ist. Entgegen den Pressemeldungen wurden bei der Analyse alle Effekte der Relativitätstheorie berücksichtigt und statistische Fehlerquellen beachtet oder beseitigt. Nachdem sich die anfängliche Aufregung gelegt hatte, verhielt sich deshalb zwischenzeitlich auch die Mehrzahl der Teilchenphysiker zurückhaltend. Seit wenigen Wochen wird jedoch ein Defekt an einer Kabelverbindung als mögliche Fehlerquelle in Betracht gezogen. Zudem hat die Arbeitsgruppe des ICARUS-Detektors am 15. März eigene Messungen veröffentlicht, die eindeutig den Ergebnissen von OPERA widersprechen, so dass momentan davon auszugehen ist, dass Neutrinos sich nicht mit Überlichtgeschwindigkeit bewegen.

Mit Sicherheit wäre mit dem OPERA-Resultat nicht „das gesamte Weltbild der modernen Physik widerlegt“. Abseits aller experimentellen Herausforderungen würde auch eine eventuell benötigte neue Theorie die bestehenden Modelle erweitern.

Was bleibt, ist die neuerlich bestätigte Gewissheit, dass all unser Wissen Stückwerk ist. Gleichzeitig zeigt der Verlauf der Dinge abermals, wie vorsichtig sensationsheische Meldungen zu behandeln sind.

(aktualisiert am 11.4.2012)

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2012, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n182.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.07.11 Zum Problem langer Lichtlaufzeiten in einem jungen Universum

Die unvorstellbar großen Distanzen im Universum stellen ein Kurzzeitmodell der Kosmosgeschichte angesichts der endlichen Lichtgeschwindigkeit vor gewaltige Herausforderungen. Die in diesem Zusammenhang am häufigsten gestellte Frage lautet: Wie kann uns das Licht von Milliarden Lichtjahren entfernten Galaxien innert einiger tausend Jahre erreichen? Der Artikel „Die Konvention der Lichtkegel-Gleichzeitigkeit“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2421&Sprache=de&l=1>) stellt eine mögliche Antwort auf diese Frage vor, welche von Jason P. Lisle erarbeitet wurde. Sein Ansatz basiert auf dem Umstand, dass die Gleichzeitigkeit zweier räumlich entfernter Ereignisse in der Relativitätstheorie nicht eindeutig festgelegt werden kann. Lisle nützt diese Freiheit aus und schlägt eine Gleichzeitigkeits-Konvention vor, in welcher der Zeitpunkt der Erschaffung der Sterne mit dem Eintreffen von deren Licht auf der Erde zusammenfällt. In dieser Konvention nimmt die Lichtgeschwindigkeit je nach Ausbreitungsrichtung verschiedene Werte an. Die Ausbreitungsgeschwindigkeit von Licht, welches sich auf den Beobachter zubewegt, wird unendlich groß, während sich vom Beobachter wegbewegendes Licht nur mit halber Lichtgeschwindigkeit ausbreitet.

Mit seinem Artikel deckt Jason Lisle auf, dass das Problem langer Lichtlaufzeiten dadurch zustande kommt, dass die Einstein-Konvention, welche auf einer richtungsunabhängigen Lichtgeschwindigkeit beruht, auf den Schöpfungsbericht angewendet wird. Weil dazu weder aus biblischer noch physikalischer Sicht eine Notwendigkeit besteht, kann er einen eleganten Weg zur Lösung dieses Problems aufzeigen. Diese besteht darin, den Schöpfungsbericht innerhalb der oben skizzierten Gleichzeitigkeits-Konvention zu deuten. Für eine solche Interpretation lassen sich gute biblische Gründe vorbringen. Eingebaut in ein einfaches kosmologisches Modell hat dies zur Folge, dass wir alle Himmelskörper in einem Alter von einigen Tausend Jahren wahrnehmen, was den gängigen Vorstellungen des kosmologischen Standardmodells widerspricht. Hier liegt dann auch die große Herausforderung an sein Modell, nämlich aufzuzeigen, wie dieses mit den aktuellen kosmologischen Beobachtungen in Einklang gebracht werden kann.

Im Artikel Lichtkegel-Gleichzeitigkeit stellt Peter Trüb den Lösungsvorschlag von Jason Lisle genauer vor: <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2421&Sprache=de&l=1>.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2011, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n171.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.10.08 LHC: Der neue Beschleuniger des CERN, eine „Urknall-Maschine“?

Am 21. Oktober 2008 soll am Europäischen Kernforschungszentrum der neue Beschleuniger mit dem Namen „Large Hadron Collider“, kurz LHC, eingeweiht werden. Bereits am 10. September schaute die ganze Welt gebannt nach Genf, als zum ersten Mal ein Teilchenstrahl im 27 km langen Beschleuniger zirkulierte.¹ In diesem Zusammenhang war vom LHC häufig als so genannte „Urknall-Maschine“ zu lesen, mit welcher der Urknall simuliert werden soll.² Was ist davon zu halten? **Beweisen die Experimente am CERN, dass die Welt durch einen Urknall entstanden ist? Oder ist das Ganze eine riesige Geldverschwendung ohne jeglichen Nutzen?**

Als erster Schritt zur Beantwortung solcher Fragen ist es zunächst einmal wichtig zu verstehen, wie die Experimente des CERN ablaufen. Der Zweck des LHC ist es, Protonen (also Atomkerne von Wasserstoffatomen) auf möglichst hohe Energien zu beschleunigen und anschließend miteinander zur Kollision zu bringen. Durch die beim Zusammenstoß frei werdende Energie entstehen Hunderte von Elementarteilchen, welche zu einem großen Teil instabil sind und in andere stabile Teilchen zerfallen. Die Eigenschaften dieser Zerfallsprodukte werden von riesigen Detektoren genauestens bestimmt, mit dem Ziel, die bei der Kollision abgelaufenen Vorgänge zu rekonstruieren.

Das große Interesse, mit welchem Teilchenphysiker aus aller Welt die Experimente am CERN mitverfolgen, liegt darin begründet, dass die Teilchen am CERN mit einer Energie aufeinander prallen, die sieben Mal höher liegt als bei allen bisherigen Experimenten. Dadurch erhofft man sich, bisher unbekannte Teilchen zu entdecken, welche aufgrund ihrer großen Masse bei bisherigen Kollisionsexperimenten nicht beobachtet werden konnten. Nebst den bisher unerreicht hohen Energien sticht der LHC auch durch die riesige Anzahl ablaufender Kollisionen hervor, welche es erlaubt, auch extrem selten ablaufende Prozesse zu untersuchen. Dies ist insbesondere bei der Suche nach dem Higgs-Teilchen von großer Wichtigkeit, dessen Existenz erklären soll, weshalb Elementarteilchen eine Masse besitzen. Diese bisher ungeklärte Frage der Teilchenphysik war der wohl wichtigste Beweggrund zum Bau des LHC³ und zeigt, dass dessen Resultate von großem wissenschaftlichem Interesse sind, unabhängig von jeglichen Ursprungsfragen.

Das LHC-Projekt ist also in erster Linie ein Experiment, mit dem Elementarteilchen und ihre Wechselwirkungen bei sehr hohen Energien untersucht werden. Worin besteht nun der Zusammenhang zum Urknall? Dieser kommt dadurch zustande, dass im kosmologischen Standardmodell („Das Standardmodell“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42482&Sprache=de&l=1>) davon ausgegangen wird, dass das Universum kurz nach dem Urknall sehr heiß war, d.h. dass die damals existierenden Teilchen eine sehr hohe Energie besaßen. Um diesen hypothetischen Zustand beschreiben zu können, sind die Kosmologen auf die Resultate der Teilchenphysik angewiesen, wie sie z. B. am CERN gewonnen werden. Die Experimente am CERN beweisen also keineswegs, dass das kosmologische Standardmodell richtig ist. Sie liefern lediglich Erkenntnisse, welche zur konkreten Ausformulierung dieser Theorie benötigt werden.

Das gegenwärtig allgemein akzeptierte kosmologische Standardmodell beinhaltet einige offene Fragen, auf welche man sich durch die Resultate des LHC Antworten erhofft. Beispielsweise wird im Urknallmodell die Existenz so genannter Dunklen Materie („Dunkle Materie und dunkle Energie“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42487&Sprache=de&l=1>) benötigt, um die Entstehung von Galaxien und Galaxienhaufen erklären zu können. Das Potential des LHC, bislang unbekannte Elementarteilchen zu entdecken, weckt die Hoffnung, diese bislang unbekannte Materieform identifizieren zu können. Je nach Ergebnis wird es allerdings sehr schwierig sein, einen direkten Zusammenhang zwischen den Resultaten des LHC und bislang ungeklärten kosmologischen Fragen herstellen zu können. Von einer „Simulation des Urknalls“ kann also nicht die Rede sein.

Die mit Spannung erwarteten Ergebnisse des LHC werden leider noch einige Zeit auf sich warten lassen. Dies liegt nicht nur daran, dass der neue Beschleuniger nach einem Defekt momentan außer Betrieb ist und die ersten Teilchenkollisionen nicht vor Frühling nächsten Jahres stattfinden werden.⁴ Auch die Inbetriebnahme der äußerst komplexen Detektoren und die sorgfältige Analyse der gemessenen Daten werden längere Zeit in Anspruch nehmen. Damit wird mit größter Wahrscheinlichkeit noch mehr als ein Jahr vergehen, bevor erste, eventuell spektakuläre Resultate an die Öffentlichkeit gelangen werden.

¹ <http://press.web.cern.ch/press/PressReleases/Releases2008/PR08.08E.html>.

² So zum Beispiel in „20 Minuten“: <http://www.20min.ch/news/dossier/cern/story/13327165>.

³ <http://public.web.cern.ch/public/en/LHC/WhyLHC-en.html>.

⁴ <http://press.web.cern.ch/press/PressReleases/Releases2008/PR10.08E.html>.

Autor dieser News: Peter Trüb

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n120.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

24.05.07 Erdähnlich – oder venusähnlich?

Anfang Mai 2007 ging es wie ein Lauffeuer durch die Presse: Es gibt sie: erdähnliche Planeten! Kosmisch gesehen direkt um die Ecke in nur 20 Lichtjahren Entfernung im Sternbild Waage (siehe zum Beispiel „*Erster bewohnbarer Exoplanet entdeckt*“¹). Wer träumt da nicht sofort von einer Reise zu diesem exotischen Ort, wo es blaue Ozeane, eine unberührte Natur mit üppiger Vegetation und milde Temperaturen geben soll? Auf jedem Fall die Astronomen, die dieses Bild der Öffentlichkeit präsentierten.

Schauen wir aber, bevor die Euphorie jeden Realitätssinn verdrängt, zunächst mal die Fakten an: Der entdeckte Planet ist 1,5 mal so groß und 5 mal so schwer wie die Erde. Er umrundet alle 13 Tage den roten Zwergstern *Giese 581*. Aufgrund des Spektraltyps des roten Zwerges und des Abstands zwischen Stern und Planet wird die Oberflächentemperatur des Exoplaneten auf 0° - 40° C geschätzt.

Und die Ozeane? Und die bewohnbare Atmosphäre? Die Blumen, Vögel und Fische? Sie sind nichts als reines Wunschdenken! Paul Günter rückt in einem lesenswerten Kommentar von faz.net² die Tatsachen wieder ins rechte Licht:

*„Der Exoplanet könnte genauso eine knochentrockene, von gigantischen Schluchten durchzogene Steinwüste mit extrem giftiger Atmosphäre sein. Tatsächlich weiß niemand, wie der Exoplanet beschaffen ist. Aber mit dem Hinweis auf mögliche Ozeane bringt man die eigene Entdeckung und sich selbst ins Gespräch.“*²

Und damit nicht genug. Um den gedanklichen Irrtum noch klarer zu machen, vergleicht Paul Günter den neuen Exoplaneten bewusst mit unserem Nachbarplaneten, die Venus:

*„Bei diesem blauen Planeten werden die Gedanken gezielt auf eine Erde gelenkt mit zwitschernden Vögeln oder Fischen, die sich in den Ozeanen des Exoplaneten tummeln. Und nicht etwa auf einen andern, ebenfalls erdähnlichen Planeten in unserer direkten Nachbarschaft - die Venus. Erdähnlich bedeutet für die Astronomen ja nur, dass der Planet klein ist und aus Gestein besteht. Bis in die zweite Hälfte des 20. Jahrhunderts hinein waren etliche Astronomen der Meinung, unter der undurchdringlichen Wolkenschicht der Venus könnten sich - wie auf dem Exoplaneten – riesige Ozeane verbergen, die Temperaturen auf ihrer Oberfläche seien nämlich allenfalls 30 oder 50 Grad höher als auf der Erde. Stattdessen registrierten die ersten Venussonden ungefähr 480 Grad.“*²

Kommen wir also wieder auf dem Teppich zurück und belassen es mit der Feststellung, dass die Instrumente der Astronomen inzwischen genau genug geworden sind, um neben einer Reihe von bislang entdeckten Riesenplaneten nun auch kleinere unterscheiden zu können. In fünf bis zehn Jahren wird vielleicht der erste Exo-Mond entdeckt. Dann sind der romantischen Phantasie wohl keine Grenzen mehr gesetzt.

Quellen

¹ <http://science.orf.at/science/news/147958>

² <http://www.faz.net/s/Rub6E2D1F09C983403B8EC7549AB44FA0EF/Doc~E861E410E3FC94AD3A380BED1751383CC~ATpl~Ecommon~Scontent.html>

Autor dieser News: Peter Korevaar

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n83.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.10.06 Physik-Nobelpreis 2006 für Forschungen zum Urknallmodell

Der diesjährige Nobelpreis für Physik ging an die zwei amerikanischen Kosmologen John Mather und George Smoot, die leitende Wissenschaftler des Satellitenexperimentes COBE zur Untersuchung des kosmologischen Mikrowellenhintergrundes waren. In den Medien fand diese Preisvergabe ein ungewöhnlich lautes Echo. Der Grund dafür: Viele sehen im Mikrowellenhintergrund einen Beweis für den Urknall. Der Beitrag der ARD-Tagesschau vom 3. Oktober zur Nobelpreisvergabe endete gar mit den Worten: „Dass sich damals die Materie überhaupt zusammengeballt hat und dass Sterne und ganze Galaxien entstanden sind, dafür waren Temperaturunterschiede von nur wenigen Hunderttausendstel Grad verantwortlich. Ohne diese minimalen Unterschiede gäbe es keinen Sternenhimmel und auch keine Menschheit. Und dass es dafür den Nobelpreis gibt, könnte auch ein deutliches Signal sein an die Zweifler, die gerade in Amerika immer mehr Einfluss gewinnen und solche naturwissenschaftlichen Erkenntnisse bestreiten.“ **Wie kommt es, dass sich das staatliche Fernsehen in einer Nachrichtensendung zu solch einer kommentierenden Aussage veranlasst fühlt und ist sie angemessen?**

Was wurde eigentlich entdeckt? Nach dem Urknallmodell war am Anfang sämtliche Materie auf engstem Raum zusammengeballt. Aufgrund der hohen Dichte war das Universum zu diesem Zeitpunkt sehr heiß, quasi ein einziger großer „Quanten-Feuerball“. In diesem Zustand befand sich die Strahlung im Gleichgewicht mit der Materie und hatte darum ein thermisches Spektrum oder ein sogenanntes Planck- oder Schwarzkörper-Spektrum. Das Gleichgewicht kam dadurch zustande, dass die Lichtteilchen (Photonen) laufend mit freien Elementarteilchen, vorwiegend Elektronen, kollidierten. Das Universum dehnte sich dann kontinuierlich aus und kühlte aufgrund der sinkenden Materiedichte nach und nach ab. Als etwa 380.000 Jahre nach dem Urknall das Universum eine kritische Temperatur unterschritt, konnten sich zum ersten mal neutrale Atome bilden. Das bedeutete, dass die freien Elektronen mit den positiv geladenen Protonen gebunden wurden und damit mit den Photonen praktisch nicht mehr kollidieren konnten. Damit wurde die Schwarzkörperstrahlung von der Materie entkoppelt und kühlte sich seitdem ab, ohne jedoch ihre spektrale Form zu verändern. Damit sagt das Urknallmodell die Existenz einer Schwarzkörperstrahlung voraus, die das ganze Universum gleichmäßig erfüllen sollte. Die Temperatur dieser Strahlung ist jedoch nicht vorhersagbar, sondern muss gemessen werden.

Eine solche Schwarzkörperstrahlung wurde dann auch tatsächlich entdeckt und zwar in Form des sogenannten Mikrowellenhintergrundes mit einer Temperatur von etwa 3 Grad über dem absoluten Nullpunkt. Die Entdeckung wird offiziell den beiden Radioastronomen Arno Penzias und Robert Wilson 1965 zugeschrieben, die dafür 1978 den Nobelpreis für Physik bekommen hatten. Seither wurde dieser Mikrowellenhintergrund intensiv untersucht. Obwohl die nachfolgenden Untersuchungen die Schwarzkörperform des Spektrums zu bestätigen schienen, gab es auch Berichte von signifikanten Abweichungen in gewissen Bereichen des Spektrums. Auf der anderen Seite suchte man nach Fluktuationen in der Temperatur des Mikrowellenhintergrundes. Es wurde zwar aufgrund des Urknallmodells erwartet, dass diese Strahlung sehr gleichförmig sein müsse, jedoch forderten die aktuellen Modelle zur Bildung von Strukturen im Universum wie Galaxien und Galaxienhaufen, dass zumindest Abweichungen mit einer Stärke von ungefähr 0,01% bis 1% in der Temperatur vorhanden sein müssen. Allerdings schlugen alle Versuche fehl, solche Fluktuationen ausfindig zu machen. Immer präzisere Messungen bestätigten vielmehr die überwältigende Gleichmäßigkeit der Temperatur dieser Strahlung. Als man in den 1980er Jahren begann,

Modelle vom Universum zu betrachten, deren Energiehaushalte von Dunkler Materie dominiert sind, konnte die Stärke der nötigen Fluktuationen wenigstens auf 0,001% gesenkt werden, um vorerst einer Falsifikation durch Beobachtungen auszuweichen.

Am 18. November 1989 wurde der Satellit COBE (COsmic Background Explorer) ins All geschossen. Dieser Satellit trug drei Messinstrumente mit sich: DIRBE, DMR und FIRAS. Zwei von diesen Instrumenten wurden genau zu dem Zweck entwickelt, bezüglich der oben genannten Fragen Klarheit zu schaffen: FIRAS, für welches John Mather verantwortlich war, sollte das Spektrum des Mikrowellenhintergrundes im Bereich 0,1-10 mm messen und mit einer Schwarzkörperstrahlung vergleichen und DMR, für welches George Smoot verantwortlich war, suchte nach Temperaturfluktuationen mit einer räumlichen Auflösung von 7 Grad. Und COBE war auch tatsächlich ein Erfolg. FIRAS konnte nachweisen, dass der Mikrowellenhintergrund eine präzise Schwarzkörperstrahlung mit einer Temperatur von 2,723 Grad über dem absoluten Nullpunkt ist und DMR konnte zum ersten Mal die ersehnten Temperaturfluktuationen mit einer Stärke der Größenordnung 0,001% nachweisen. **Die COBE-Mission war eine außerordentliche technische Leistung und es überraschte nicht, dass sie nun mit dem Nobelpreis geehrt wurde.**

Die Bedeutung dieser Entdeckung. Mit den Resultaten von COBE wurde die Tür für eine neue Qualität von Kosmologie geöffnet. Während vorher nur relativ ungenaue Aussagen über das frühe Universum möglich waren, hatte man nun quasi ein „Fossil“ aus der Frühzeit des Universums. Mit den Daten von COBE und nachfolgenden Missionen (z. B. WMAP) konnten dann auch kosmologische Modellvorstellungen geprüft und Modellparameter mit nie da gewesener Genauigkeit bestimmt werden. Dies führte unter Kosmologen zu einem großen Enthusiasmus. So wird berichtet, dass John Mather im Januar 1990 anlässlich einer Konferenz, in der er seine Befunde präsentierte, mit einem Beifallssturm geehrt wurde (Sanderson & Hogan 2006). Der Physiker Stephen Hawking nannte 1992 Smoots Resultate sogar „die größte Entdeckung des Jahrhunderts – wenn nicht aller Zeiten“. Man sprach auch vom „heiligen Gral“ der Kosmologie und George Smoot selbst soll sogar gesagt haben, dass, wenn man die Fluktuationen betrachte, es sei, wie wenn man in das Angesicht Gottes schaue (Sanderson & Hogan 2006).

Das Nobelpreis-Komitee meinte, dass DMR und FIRAS „signifikant dazu beigetragen hätten, Kosmologie zu einer Präzisionswissenschaft zu machen“. Das COBE-Experiment dürfte in der Tat eines der wichtigsten Beobachtungen überhaupt in der Kosmologie sein und hat sicherlich wesentlich dazu beigetragen, die Kosmologie als Zweig der Physik zu etablieren. Dass die Bezeichnung „Präzisionswissenschaft“ angemessen ist, wird jedoch von manchen Kosmologen bezweifelt.

Ist der Mikrowellenhintergrund ein Beweis für den Urknall? Der Kosmologe George Efstathiou wird in Science zitiert (Cho 2006), „das Spektrum [der Temperaturfluktuationen, der Verf.] verifiziere jenseits jeden vernünftigen Zweifels, dass der kosmische Mikrowellenhintergrund im sehr frühen Universum gebildet worden sei“. Ist diese Aussage zutreffend?

Es ist wahr, dass die Kosmologie durch die Beobachtungen von COBE gewaltige Fortschritte gemacht hat. Die Beobachtungen des Mikrowellenhintergrundes wurden 2001 mit dem Satelliten WMAP fortgeführt, was die kosmologische Datenlage wiederum erheblich bereichert hat. Seit wenigen Jahren ist das kosmologische Konkordanzmodell etabliert, was hauptsächlich den Ergebnissen von WMAP zu verdanken ist. **Es ist schwer abzustreiten, dass sich der Mikrowellenhintergrund tatsächlich sehr gut in das Urknallmodell**

einfügen lässt, wenn gewisse Modellparameter geeignet gewählt werden. Bisher ist es keiner alternativen Theorie gelungen, den Mikrowellenhintergrund mit seinem nahezu perfekten Schwarzkörperspektrum und seinen Temperaturfluktuationen so gut zu integrieren wie das Urknallmodell. **Aber das darf nicht über die Tatsache hinwegtäuschen, dass auch das Urknallmodell nur ein Modell ist.** Dieses Modell hat in den vergangenen Jahren immer wieder teils größere Modifikationen erfahren und ist darum nicht über jeden Zweifel erhaben. In diesem Zusammenhang muss auch gesagt werden, dass gerade die Ergebnisse des Mikrowellenhintergrundes fordern, dass der Energiehaushalt unseres Universums zu etwa 96% aus Materie besteht, deren Natur uns völlig unbekannt ist und deren Existenz bislang auch in großen Teilchenbeschleunigern nicht nachgewiesen werden konnte. Von diesen 96% gehören etwa 74% zur sogenannten „Dunklen Energie“ und etwa 22% zur „Dunklen Materie“. Während es Hoffnung gibt, dass die Dunkle Materie in den nächsten Jahren im Teilchenbeschleuniger am CERN gefunden wird, tappen die Forscher bezüglich der Dunklen Energie völlig im Dunkeln. Mit diesen Bedenken soll weder der Verdienst der beiden amerikanischen Forscher geschmälert noch die Erfolge des Standardmodells geleugnet werden, aber sie sollen verdeutlichen, dass bislang wesentliche Fragen, die gerade durch den Mikrowellenhintergrund aufgeworfen wurden, nicht geklärt sind. **Auch das Nobelpreiskomitee äußert sich zurückhaltend. Es akzeptiert zwar den Urknall, weist aber darauf hin, dass „fundamentale Fragen“ unbeantwortet blieben und dass die ersten Ereignisse nach dem Urknall immer noch „Spekulation“ seien.**

Des Weiteren wird in der Primärliteratur auch regelmäßig über Anomalien berichtet, die direkt mit den Temperaturfluktuationen des Mikrowellenhintergrundes zusammenhängen. (Das jüngste Beispiel dazu ist Lieu & Quenby [2006]. In der Literaturliste gibt es einen Link zu einer Pressemeldung darüber.) Es gibt sogar Versuche, den Mikrowellenhintergrund mit Schwarzkörperspektrum und Temperaturfluktuationen gänzlich ohne Urknall zu interpretieren (Narlikar et al. 2003). Das scheint auf Anhieb gar nicht schlecht zu gelingen, jedoch wurde das noch nicht mit den Daten von WMAP versucht.

Was hat das alles mit den Kreationisten zu tun? Das einleitende ARD-Zitat richtet sich zweifelsohne an die amerikanischen Kreationisten, die in der Tat das Urknallmodell zugunsten einer biblischen Schöpfung ablehnen. Es ist aber fragwürdig, ob eine solche Aussage in die Tagesschau eines staatlichen Senders gehört, insbesondere da mit dem Wort „Zweifler“ ein negativer Unterton gegenüber dieser Minderheit in den USA produziert wird. Außerdem bestreiten die amerikanischen Kreationisten die Erkenntnisse von COBE überhaupt nicht. Sie interpretieren sie nur anders (z. B. Hartnett 2001), wenn man in solchen Unterfangen auch fachliche Mängel sehen mag. Das ARD-Zitat erinnert hier an eine Reihe von früheren Fernsehsendungen, die auch tendenziöse Aussagen über den Kreationismus machten. Einige dieser Sendungen wurden kommentiert:

„Arte“ schürt Ängste durch Desinformation und Feindbilder,
<https://www.genesisnet.info/index.php?News=69>

Frontal 21 und die „Wahrheit“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=52>

Kommentar zur ZDF-Sendung „Evolution – die große Lüge?“,
<https://www.genesisnet.info/index.php?News=45>

Meines Erachtens ist es angebracht, Zurückhaltung zu üben bezüglich verabsolutierender Aussagen über das Urknallmodell. Einen „Beweis“ für den Urknall wird es nie geben. Und

man sollte Menschen nicht gering achten, die nach anderen Ursachen für den Mikrowellenhintergrund suchen als den Urknall.

Buchempfehlung

Einen aktuellen kritischen Überblick über Kosmologie und Daten zum Urknallmodell liefert das vor wenigen Monaten erschienene Buch „Der vermessene Kosmos“ der beiden Astrophysiker Norbert Pailer und Alfred Krabbe:

<https://www.wort-und-wissen.org/produkt-kategorie/themen/astronomie/>

Literatur

„Advanced information on the Nobel Prize in Physics 2006: Cosmology and the Cosmic Microwave Background“, The Royal Swedish Academy of Sciences, 3. October 2006.
http://nobelprize.org/nobel_prizes/physics/laureates/2006/phyadv06.pdf.

Cho A (2006) Astrophysicists Lauded for First Baby Picture of the Universe. Science 6. October 2006.

Hartnett J. G. (2001) Recent Cosmic Microwave Background data supports creationist cosmologies. TJ 15(1), p. 8. http://www.answersingenesis.org/docs2003/tj_151_cmb.pdf.

Narlikar JV. et al. (2003) Inhomogeneities in the Microwave Background Radiation Interpreted within the Framework of the Quasi-Steady State Cosmology, ApJ 585, 1-11.

Sanderson K & Hogan J (2006) Cosmic ripples net physics prize. Nature 5. October 2006.

Lieu R & Quenby J (2006) <http://arxiv.org/abs/astro-ph/0607304>. Pressemeldung dazu: Kein Schatten im Kosmos. Studie zur Hintergrundstrahlung von Galaxienhaufen wirft Zweifel auf Urknall-Theorie: <http://www.wissenschaft.de/wissen/news/269621.html>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n70.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

20.09.04 Vier neue Artikel über extragalaktische Astronomie

Die extragalaktische Astronomie beschäftigt sich mit dem Universum außerhalb unserer Milchstraße. Die dabei untersuchten Objekte sind Galaxien, Quasare, großräumige Strukturen, das Universum in sehr großer Entfernung usw. Die Welt außerhalb unserer eigenen Milchstraße ist heute immer noch relativ schlecht verstanden. Dies ist auch kein Wunder angesichts der Tatsache, dass unsere Untersuchungsmöglichkeiten sehr beschränkt sind. Das Einzige, was wir von diesen „fernen Welten“ empfangen, ist Licht in verschiedenen Wellenlängen und verschiedener Intensität. Zudem übertreffen die Dimensionen der extragalaktischen Astronomie unsere Erfahrung aus der Laborphysik und nicht selten auch unser Vorstellungsvermögen bei weitem.

In den vier Artikeln

Galaxien, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42461&Sprache=de&l=1>

Großräumige Strukturen,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42462&Sprache=de&l=1>

Aktive Galaxien, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42463&Sprache=de&l=1>

Der tiefe Blick ins Universum,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42464&Sprache=de&l=1>

werden aktuelle Erkenntnisse aus der extragalaktischen Astronomie vorgestellt. Dabei wird deutlich, dass nicht nur viele Fragen offen sind, sondern dass die Befunde auch nicht immer die Erwartungen des „Standardmodells“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42482&Sprache=de&l=1>), d. h. des Urknallmodells, erfüllen.

Hinweis: Zum Thema „Anomale Rotverschiebung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42484&Sprache=de&l=1>) gibt es jetzt auch einen „Expertenteil“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42484&Sprache=de&l=2>), in welchem die entsprechenden astronomischen Befunde, die nicht gut ins Urknallmodell passen, noch detaillierter besprochen werden.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n26.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.08.04 Sieben neue Artikel im Fachgebiet „Kosmologie“

Kosmologie ist die Wissenschaft vom Universum als Ganzem. Sie versucht, die Entstehung und die Geschichte des Universums zu beschreiben und zu verstehen. Die aktuell vorherrschende und allgemein anerkannte Theorie ist dabei das **Standardmodell**. Laut dieser Theorie hat sich das Universum vor etwa 14 Milliarden Jahren durch einen Urknall gebildet und seither kontinuierlich ausgedehnt. In diesem Ausdehnungsprozess soll sich schließlich durch Strukturformation das heute beobachtete Universum gebildet haben.

Welche Beobachtungen im Universum führten zu dieser Theorie? Gibt es auch andere mögliche Erklärungen für diese Beobachtungen? Stimmt es, dass das Standardmodell zahlreiche erfolgreiche Vorhersagen gemacht hat? Gibt es Befunde, die nicht gut ins Standardmodell passen?

Bereits vor einiger Zeit ist auf *Genesisnet* ein Artikel über die „anomale Rotverschiebung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42484&Sprache=de&l=1>) erschienen. Er legte dar, dass es durchaus astronomische Beobachtungen gibt, die mit dem Standardmodell nicht verträglich sind. Auch die neuen Artikel beschäftigen sich kritisch mit dem Standardmodell. Sie gehören zu einer Serie, die nun vollendet wurde.

Historische Entwicklung der modernen Kosmologie,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42481&Sprache=de&l=1>

Das Standardmodell,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42482&Sprache=de&l=1>

Mikrowellenhintergrund,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42485&Sprache=de&l=1>

Häufigkeit der leichten Elemente im Universum,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42486&Sprache=de&l=1>

Dunkle Materie und dunkle Energie,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42487&Sprache=de&l=1>

Inflation, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42488&Sprache=de&l=1>

Im Artikel „Quasi-steady-state cosmology“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42501&Sprache=de&l=1>) wird eine weitere Alternative zum Standardmodell vorgestellt, die bisher gut zu den Beobachtungen im Universum passt und den Alleinerklärungsanspruch des Standardmodells in Frage stellt.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n24.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

01.04.04 Erste Artikel im Fachgebiet "Astronomie, Astrophysik, Kosmologie"

Im Gebiet der Astrophysik scheint die Meinung der Wissenschaftler auf den ersten Blick recht einheitlich zu sein. Doch auch hier gibt es viele Ungereimtheiten. Die neuen Artikel beschäftigen sich daher mit der „Rotverschiebung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42483&Sprache=de&l=1>) und erklären wie die Daten interpretiert werden können. Der „Anomalen Rotverschiebung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42484&Sprache=de&l=1>) ist dabei ein eigener Artikel gewidmet.

Halton Arp ist ein bekannter Beobachtungsastronom, der zahlreiche Beobachtungen von Objekten gemacht hat, die dem Hubble-Gesetz zu widersprechen scheinen. Durch diese Beobachtungen wurde er zu einem völlig neuen Verständnis des Universums geführt. Seine Kosmologie wird im Artikel „Halton Arp“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=42502&Sprache=de&l=1>) näher betrachtet. Sein Buch "Seeing Red" wird im PDF (https://www.genesisnet.info/pdfs/Buchbesprechung_Seeing_Red_von_Halton_Arp.pdf) zu diesem Artikel ausführlich besprochen.

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n17.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Archäologie

Starke Mauern aus der Zeit Hiskias

Wie Ausgrabungen an einer jahrhundertealten Stadtmauer in Jerusalem einen in der Bibel beschriebenen Verlauf der Mauer nachweisen, beschreiben Andreas Späth und Pieter Gert van der Veen im Rahmen der IDEA-Serie „Biblische Archäologie“.

Dieser Artikel von Andreas Späth wurde uns freundlicherweise von IDEA (17/2022) zur Verfügung gestellt.

Wir schreiben das Jahr 722 v. Chr. Der assyrische König Salmanassar V. zog in die Länder am östlichen Mittelmeer ein und eroberte das von ihm abtrünnig gewordene Nordreich Israel.

Flüchtlingsströme ergossen sich in das Südreich Juda. Viele Israeliten siedelten vor den Stadtmauern Jerusalems. Auch am Westberg, außerhalb der ursprünglichen Stadtmauer, wohnten Flüchtlinge aus dem Norden. Dort befinden sich heute das jüdische Viertel und Teile des armenischen Bezirks. Am Osthang der Stadt wurden ebenso Menschen angesiedelt.

Juda selbst blieb vorerst vor den assyrischen Angriffen verschont. König Ahas hatte mit den Assyriern ein Bündnis geschlossen und sich ihnen als Vasall angedient – obwohl der Prophet Jesaja heftig dagegen protestierte. Um 715 v. Chr. starb Ahas, und sein Sohn Hiskia bestieg den Thron Judas. Er plante, das assyrische Joch wieder abzuschütteln. Dazu traf er zahlreiche Vorbereitungen. Die blieben nicht unbemerkt. 701 v. Chr. führte dann der assyrische König Sanherib ein gewaltiges Heer nach Juda. Zwischen 715 und 701 v. Chr. muss also stattgefunden haben, was die Bibel in den Königsbüchern, den Chroniken und dem Buch Jesaja an Baumaßnahmen berichtet. Eine davon wollen wir hier hervorheben. Die Chronik berichtet: „Und Hiskia ... besserte alle Mauern aus, wo sie Lücken hatten, und führte Türme auf und baute draußen noch eine andere Mauer“ (2. Chronik 32,5).

Die Bibel erwähnt neben den Ausbesserungsarbeiten an der Stadtmauer in 2. Chronik 32,5 und Jesaja 22,10 auch einen Neubau. Der israelische Archäologe Nahman Avigad stieß bei seiner Grabung auf drei eisenzeitliche Stadtmauerstücke, die aus der Zeit Hiskias stammen. Neueste Grabungen brachten weitere Teile von Hiskias Mauern zum Vorschein. So stieß Amit Reem bei seinen Ausgrabungen am Kischle (osmanische Festung am Jaffator) auf die Fundamente einer Stadtmauer aus der Zeit und konnte damit einen weiteren Verlauf der Mauer – wie in der Bibel beschrieben – nachweisen.



Abb. 1: Stadtmauer aus der Zeit Hiskias (links). Teilweise überbaute man mit der Mauer Häuser, die dort zuvor standen (rechts).

Genaue Datierung ist möglich

Tatsächlich fand man Reste einer gewaltigen Stadtmauer, die bis zu sieben Meter breit war. Die Mauer ist deshalb so interessant, weil sie archäologisch genau auf die Zeit Hiskias datiert werden kann. Sie ist direkt auf Felsen und verfüllte Unebenheiten gebaut. Die Keramik aus diesem Bereich stammt aus dem 8. bis 7. Jh. v. Chr. Auch die anderen Mauerreste, die den neuen Stadtteil (2. Könige 22,14) umschlossen, stammen aus dieser Zeit.

Ein weiteres Detail war für die Ausgräber verblüffend. Offenbar war die Mauer mitten durch Häuser gebaut worden, die zu diesem Zweck teilweise eingerissen wurden. Auch diese Häuser sind gut zu datieren: Keines entstand vor dem 8. Jh. v. Chr. Die Mauer windet sich wie eine Schneise durch das kurz vorher durch die Flüchtlinge des Nordreiches bebaute Gebiet. Diese Fundlage stimmt auffällig überein mit der Schilderung Jesajas von den Kriegsvorbereitungen Hiskias. Dabei merkt der Prophet an, dass Häuser abgebrochen wurden, um die Mauern zu befestigen (Jesaja 22,10). Tatsächlich legte Avigad Reste von Häusern frei, die zuvor abgerissen wurden, weil der neue Mauerverlauf durch sie hindurchging. Das ist auch auf dem Foto gut zu erkennen.

Gastbeitrag von Andreas Späth.

Andreas Späth ist Mitglied der von Pieter Gert van der Veen (Universität Mainz) geleiteten „Arbeitsgruppe für Biblische Archäologie“ der Studiengemeinschaft Wort und Wissen.

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n325.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.11.23 Starke Mauern aus der Zeit Hiskias

Wie Ausgrabungen an einer jahrhundertealten Stadtmauer in Jerusalem einen in der Bibel beschriebenen Verlauf der Mauer nachweisen, beschreiben Andreas Späth und Peter Gert van der Veen im Rahmen der IDEA-Serie „Biblische Archäologie“.

Dieser Artikel von Andreas Späth und Peter van der Veen wurde uns freundlicherweise von IDEA (17/2022) zur Verfügung gestellt.

Wir schreiben das Jahr 722 v. Chr. Der assyrische König Salmanassar V. zog in die Länder am östlichen Mittelmeer ein und eroberte das von ihm abtrünnig gewordene Nordreich Israel.

Flüchtlingsströme ergossen sich in das Südreich Juda. Viele Israeliten siedelten vor den Stadtmauern Jerusalems. Auch am Westberg, außerhalb der ursprünglichen Stadtmauer, wohnten Flüchtlinge aus dem Norden. Dort befinden sich heute das jüdische Viertel und Teile des armenischen Bezirks. Am Osthang der Stadt wurden ebenso Menschen angesiedelt.

Juda selbst blieb vorerst vor den assyrischen Angriffen verschont. König Ahas hatte mit den Assyryern ein Bündnis geschlossen und sich ihnen als Vasall angedient – obwohl der Prophet Jesaja heftig dagegen protestierte. Um 715 v. Chr. starb Ahas, und sein Sohn Hiskia bestieg den Thron Judas. Er plante, das assyrische Joch wieder abzuschütteln. Dazu traf er zahlreiche Vorbereitungen. Die blieben nicht unbemerkt. 701 v. Chr. führte dann der assyrische König Sanherib ein gewaltiges Heer nach Juda. Zwischen 715 und 701 v. Chr. muss also stattgefunden haben, was die Bibel in den Königsbüchern, den Chroniken und dem Buch Jesaja an Baumaßnahmen berichtet. Eine davon wollen wir hier hervorheben. Die Chronik berichtet: „Und Hiskia ... besserte alle Mauern aus, wo sie Lücken hatten, und führte Türme auf und baute draußen noch eine andere Mauer“ (2. Chronik 32,5).

Die Bibel erwähnt neben den Ausbesserungsarbeiten an der Stadtmauer in 2. Chronik 32,5 und Jesaja 22,10 auch einen Neubau. Der israelische Archäologe Nahman Avigad stieß bei seiner Grabung auf drei eisenzeitliche Stadtmauerstücke, die aus der Zeit Hiskias stammen. Neueste Grabungen brachten weitere Teile von Hiskias Mauern zum Vorschein. So stieß Amit Reem bei seinen Ausgrabungen am Kischle (osmanische Festung am Jaffator) auf die Fundamente einer Stadtmauer aus der Zeit und konnte damit einen weiteren Verlauf der Mauer – wie in der Bibel beschrieben – nachweisen.



Abb. 1: Stadtmauer aus der Zeit Hiskias (links). Teilweise überbaute man mit der Mauer Häuser, die dort zuvor standen (rechts).

Genaue Datierung ist möglich

Tatsächlich fand man Reste einer gewaltigen Stadtmauer, die bis zu sieben Meter breit war. Die Mauer ist deshalb so interessant, weil sie archäologisch genau auf die Zeit Hiskias datiert werden kann. Sie ist direkt auf Felsen und verfüllte Unebenheiten gebaut. Die Keramik aus diesem Bereich stammt aus dem 8. bis 7. Jh. v. Chr. Auch die anderen Mauerreste, die den neuen Stadtteil (2. Könige 22,14) umschlossen, stammen aus dieser Zeit.

Ein weiteres Detail war für die Ausgräber verblüffend. Offenbar war die Mauer mitten durch Häuser gebaut worden, die zu diesem Zweck teilweise eingerissen wurden. Auch diese Häuser sind gut zu datieren: Keines entstand vor dem 8. Jh. v. Chr. Die Mauer windet sich wie eine Schneise durch das kurz vorher durch die Flüchtlinge des Nordreiches bebaute Gebiet. Diese Fundlage stimmt auffällig überein mit der Schilderung Jesajas von den Kriegsvorbereitungen Hiskias. Dabei merkt der Prophet an, dass Häuser abgebrochen wurden, um die Mauern zu befestigen (Jesaja 22,10). Tatsächlich legte Avigad Reste von Häusern frei, die zuvor abgerissen wurden, weil der neue Mauerverlauf durch sie hindurchging. Das ist auch auf dem Foto gut zu erkennen.

Gastbeitrag von Andreas Späth und Peter van der Veen.

Andreas Späth ist Mitglied der von Peter Gert van der Veen (Universität Mainz) geleiteten „Arbeitsgruppe für Biblische Archäologie“ der Studiengemeinschaft Wort und Wissen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2023, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n325.php

27.09.21 Atrahasis-Epos, Gilgamesch-Epos und die Sintflut

In welcher Beziehung stehen diese Fluterzählungen? Mit Bezug auf einen mutmaßlichen gemeinsamen Ursprung der Fluterzählungen in Mesopotamien ist festzustellen, dass die biblische Sintflut-Erzählung autark ist: Sie ist sehr wahrscheinlich älter als die Fluterzählung im Gilgamesch-Epos, und eine literarische Abhängigkeit von den babylonischen Fluterzählungen ist bisher nicht nachgewiesen.

von Michael Kotulla

1. Babylonische Fluterzählungen, ihre Datierung und Entwicklung

Altorientalische Fluterzählungen sind im Atrahasis-Epos und Gilgamesch-Epos enthalten; daneben existiert noch eine stark fragmentarische sumerische Flutgeschichte. Die maßgeblichen babylonischen Manuskripte stammen aus der Tontafel-, „bibliothek“ des Assyrerkönigs Assurbanipal (669 – ca. 630 v. Chr.). Die Kolophone der drei Atrahasis-Tafeln weisen als Schreiber oder Kopist Ipiq-Ayya und als Schreib- oder Abschlussjahr das zwölfte Jahr der Regierungszeit des Babylonierkönigs Ammi-šaduqa aus (nach Lambert & Millard 1969 ca. 1635 v. Chr.).

Die Flutgeschichte im Atrahasis-Epos (Tafel III; Fragmente BM 78942 + 78971 + 80385) wird als Sturmereignis erzählt. Elemente sind u. a.: Auftrag zum Bau eines Bootes (der sumerische Weisheitsgott Enki an Atrahasis); Atrahasis, der seine Familie in das Boot schickt und bei Aufkommen des Sturms die Tür mit Bitumen verschließt; ein Sturm der Götter, der sieben Tage und Nächte andauert; eine dadurch verursachte Flut; Vernichtung, die über das Volk kommt; der Mensch, der überlebt.

Nach George (2003) erfolgte die Einarbeitung einer Flutgeschichte in das Gilgamesch-Epos erst nach dem zweiten vorchristlichen Jahrtausend. Erst nach der Gewinnung des Atrahasis-Epos sei erkannt worden, dass Tafel XI des Gilgamesch-Epos (babylonische Standard-Version) eine Adaption von Teilen dieses Erzählgedichtes ist.

Chen (2013, 253ff) folgert aus einer Studie des Flutmotivs, die auf Textquellen vom Frühdynastikum III (ca. 2600–2350 v. Chr.) bis zum Ende des ersten vorchristlichen Jahrtausends gründet, dass die mesopotamischen Fluttraditionen mit der Altbabylonischen Periode (ca. 2000–1600 v. Chr.) aufgekommen sind. Eine Analyse der Flutterminologie zeige an, dass die Flutbegriffe hauptsächlich im übertragenen (bildlichen) und mythischen Sinne verwendet wurden. Die Traditionen von der Flut als ein urzeitliches Ereignis in der mesopotamischen Kulturgeschichte gehörten zu dem Typ von ‚Traditionen‘, die alt schienen oder für sich beanspruchten, alt zu sein, aber neueren Ursprungs oder manchmal erfunden seien. Das Flutmotiv und seine literarische Dramatisierung seien in hohem Maße intellektuelle und kulturelle Konstrukte, die in bestimmten soziopolitischen Kontexten geschmiedet worden seien. Die Motivationen hinter diesen Traditionen seien – trotz ihrer ideologischen Funktionen – nicht ausschließlich eigennützige Manipulationen und unbegründete Spekulationen gewesen. Man finde in zahlreichen dieser Traditionen eine moralische Vision, die dazu diene, die Erhaltung und Wiederherstellung der Gesellschaft und Zivilisation zu fördern.

Schließlich können – so Chen (2013, 253ff) mit Fokus auf das Atrahasis-Epos – die verschiedenen Stufen der literarischen Komposition verfolgt werden (S. 255, in Übersetzung): „(...) Von der Konzeption des Flutmotivs, zu der Entwicklung von diversen

antediluvianischen [„vorflutlichen“; MK] Traditionen, zu der Komposition des babylonischen Flut-Epos, und schließlich zu der Adaption des Flut-Epos und verschiedenen antediluvianischen Traditionen in der babylonischen Standardversion des Gilgamesch-Epos.“

2. Sintflut und babylonische Fluterzählungen

Ein Textvergleich von Gilgamesch-Epos (Tafel XI) und Genesis 6–9 zeigt in Teilen Parallelen bzw. Übereinstimmungen bis ins Detail: Zum Beispiel das Aufsetzen des Bootes/des Kastens auf einem Berg/auf dem Gebirge; das Aussenden von Taube/Rabe bzw. Rabe/Taube; Darbringung eines Opfers.

Die Frage nach dem Verhältnis dieser Fluterzählungen zueinander geht zurück bis zur Veröffentlichung des Gilgamesch-Epos durch Smith (1873). Chen (2013, 1) gibt den heutigen Stand gut wieder; mit Bezug auf die [biblische] Sintflut schreibt er (in Übersetzung):

„Angesichts dessen, dass die babylonischen Erzählungen von den meisten Gelehrten für älter betrachtet werden als ihr biblisches Gegenstück und angesichts dessen, dass die Sintflut-Geschichte zu den geohydrologischen Gegebenheiten von Mesopotamien [besser, MK] als zu denen von Palästina passt, wird von den Gelehrten allgemein angenommen, dass die Sintflut-Geschichte in Mesopotamien entstand und schon in der Armana-Periode in der späten zweiten Hälfte des zweiten vorchristlichen Jahrtausends nach Syrio-Palästina übertragen wurde. Die Rezension des Atrahasis-Epos (Ugaritica V 167 = RS 22.421 (...)), das in Ras Shamra entdeckt und um das vierzehnte Jahrhundert v. Chr. datiert wurde, unterstützt diese Sichtweise (Lambert & Millard 1969, 131–133).“ Die wesentlichen Punkte von Chen (2013) werden nachfolgend diskutiert.

Datierung Genesis und Schlussfolgerung. Hinsichtlich der Datierung der Genesis bezieht sich Chen (2013) wohl auf die weit verbreitete Akzeptanz einer späten Abfassung bzw. Endredaktion, etwa 800–400 v. Chr. Diese Sichtweise steht im Zusammenhang mit der traditionellen Urkundenhypothese oder Quellenscheidungshypothese (Wellhausen-Kuenen-System und spätere Modifikationen, vgl. Römer 2015). Unter dieser Voraussetzung wäre das Atrahasis-Epos mindestens 800 bis 1200 Jahre älter (s. o.).

Koorevaar (2017) nennt zahlreiche Argumente dafür, die Endredaktion der Genesis auf ca. 1400 v. Chr. zu datieren, am Ende der Zeit von Moses. Darüber hinaus ist anzunehmen, dass insbesondere die Erzählungen und Geschlechterfolgen in Genesis 1-11 vor ihrer endgültigen Fixierung eine längere Periode mündlicher und schriftlicher (?) Überlieferung gehabt haben.

Da inhaltliche Elemente, die Parallelen bzw. detaillierte Übereinstimmungen zur Sintflut-Erzählung aufweisen, erst im ersten Drittel des ersten vorchristlichen Jahrtausends in das Gilgamesch-Epos eingeflossen sind (s. o.), können diese durchaus der Sintflut-Erzählung entnommen worden sein. Umgekehrt ist festzuhalten, dass eine literarische Abhängigkeit des Sintflut-Berichtes zu den babylonischen Fluterzählungen bisher nicht nachgewiesen worden ist.

Die Flutgeschichte im älteren Atrahasis-Epos (Tafel III) mag – grob und oberflächlich betrachtet – einen ähnlichen Handlungsstrang aufweisen wie die Sintflut-Erzählung. Konkrete inhaltliche Übereinstimmungen sind aber nicht festzustellen. In dem Epos werden mehrere Motive verarbeitet, wobei die Herkunft des Flutmotivs letztlich unklar ist (s. o.).

Geohydrologie und Schlussfolgerung. Chen (2013) vergleicht die (früheren) geohydrologischen Gegebenheiten des Zweistromlandes mit denen des Jordantals. Während in Mesopotamien alljährliche Überschwemmungen von Euphrat und Tigris riesige Flächen unter Wasser setzen können (z. B. 1954; Lenzen 1964), ist dies für den ohnehin vergleichsweise kleinen Jordan nicht bekannt. Wohl deshalb sei es naheliegend, den naturhistorischen Ursprung der Sintflut-Geschichte in Mesopotamien zu suchen. Dabei geht Chen (2013) implizit von einem lokalen Flutereignis aus, obwohl in Gen 6-9 ein universales Flutereignis beschrieben wird (siehe Kotulla 2021).

Atraḥasis-Fragment aus Ugarit. Das Atraḥasis-Fragment aus Ugarit (NW-Syrien, nahe Mittelmeer) datieren Nougayrol et al. (1968, 1) auf ca. 1250 v. Chr., nicht auf das 14. Jh. v. Chr. wie Lambert & Millard (1969, 131). Es hat nur 20 Zeilen, die teilweise unleserlich bzw. nicht vollständig sind. In Zeile 2 wird eine von Göttern verursachte Flut erwähnt. Das Fragment enthält aber keine der Parallelen bzw. detaillierten Übereinstimmungen zur Sintflut-Erzählung, wie sie beim Gilgamesch-Epos (XI) vorliegen.

Dieser Beitrag ist ein Auszug aus Kotulla (2021), „Die Sintflut“: https://www.sijournal.de/jg28/heft1/sij281_4-28.pdf

Literatur

Chen Y (2013) The Primeval Flood Catastrophe: Origins and Early Development in Mesopotamian Traditions. Oxford, UK.

George AR (2003) The Babylonian Gilgamesh Epic. Volume I/II, Oxford (NY).

Koorevaar HJ (2017) Die Bedeutung der Post-Josephica für eine Datierung des Buches Genesis. In: Junker R (Hg.) Genesis, Schöpfung und Evolution. 3. Auflage, 219–240.

Kotulla M (2021) Die Sintflut. Studium Integrale Journal 28, 4–12, http://www.sijournal.de/jg28/heft1/sij281_4-28.pdf

Lambert WG & Millard A (1969) Atra-ḥasīs. The Babylonian Story of the Flood. Oxford.

Lenzen HJ (1964) Zur Flutschicht in Ur. Baghdader Mitteilungen 3, 52–64.

Nougayrol J, Laroche E, Virolleaud C & Schaeffer CFA (1968) Ugaritica V. Mission de Ras Shamra, Tome XVI, Paris.

Smith G (1873) The Chaldean Account of the Deluge. Transactions of the Society of Biblical Archaeology 2, 213–234. <https://www.sacred-texts.com/ane/chad/chad.htm>

Autor dieser News: Michael Kotulla

© 2021, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n294.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

21.04.05 Keine Posaunen vor Jericho?

Wer kennt sie nicht, die Geschichte der Eroberung Jerichos durch die Israeliten unter ihrem Feldherrn Josua? Sieben Tage lang hatte das israelitische Heer immer wieder die Stadt umkreist, als die Mauern unter den Tönen der Posaunen plötzlich „in sich zusammenstürzen“. So imposant die Geschichte ist, die meisten Wissenschaftler halten nicht nur das Wunder, sondern den ganzen Bericht heute für wenig glaubhaft. So argumentierten unlängst die Autoren Israel Finkelstein und Neil Asher Silberman in ihrem Bestseller „Keine Posaunen vor Jericho“, dass die Eroberung Kanaans definitiv nie stattgefunden habe, da im 13. Jahrhundert v. Chr., d.h. in der Zeit, in der das Ereignis hätte stattfinden müssen, jegliche Spuren einer gewaltsamen Zerstörung der Stadt fehlen. Sind die Argumente jedoch tatsächlich so stichhaltig, wie diese Autoren vorgeben?

Finkelstein und Silberman behaupten zu Recht, dass die Israeliten *um 1200 v. Chr.* (am Ende der Spätbronzezeit) Kanaan nicht erobert haben können. Viele der Städte aus dem Josuabuch waren zu dieser Zeit nicht besiedelt. Jericho war bereits seit ca. 1550 v. Chr. (am Ende der Mittleren Bronzezeit) keine befestigte Stadt mehr. Das Städtebild im 13. Jh. v. Chr. passt außerdem nicht zur biblischen Beschreibung der Festungen Kanaans, die als uneinnehmbar dargestellt werden. Damals waren die Städte oft nicht befestigt.

Die Autoren des jüngst erschienenen Sammelbandes „**Keine Posaunen vor Jericho? Beiträge zur Archäologie der Landnahme**“ sind dennoch davon überzeugt, dass es die „kanaanäische“ Stadt Jericho gab und dass sie tatsächlich von den Soldaten Josuas erobert wurde. Dabei nehmen sie Bezug auf die Forschungsergebnisse des britischen Althistorikers John Bimson. Dieser datiert die israelitische Landnahme am Ende der Mittleren Bronzezeit (bisher um 1550 v. Chr.) und schlägt eine zeitliche Verschiebung von ca. 150 Jahren vor. So kommt er zu erstaunlichen Ergebnissen.

Neben der Darstellung der Theorie Bimsons gehen die Autoren aber auch in mehreren Aufsätzen auf eine Anzahl weiterer Fragen bezüglich der Zuverlässigkeit der biblischen Auszug- und Landnahme-Überlieferung ein. Außer einer kritischen und aufschlussreichen Einführung in die Gesamthematik wird neues Licht auf das vieldiskutierte Problem der Größe des Volkes Israel zur Zeit des Auszugs aus Ägypten geworfen. Der hebräische Begriff für „Tausend“ wird eingehend untersucht und mehrere Thesen zu einem alternativen Verständnis werden vorgestellt. Die Autoren gehen außerdem auf die Geschichte der 10 Plagen in Ägypten ein und versuchen, sie aus der religiösen Sicht der alten Ägypter zu verstehen. Im vorliegenden Band behandelt John Bimson in einem separaten Aufsatz weiterhin die Frage, warum die konservative Landnahme-These des amerikanischen Wissenschaftlers Bryant Wood im Licht der jüngsten Forschung nicht standhalten kann.

Keine Posaunen vor Jericho? Die Autoren Uwe Zerbst und Peter van der Veen sind überzeugt, dass die israelitischen Posaunen tatsächlich erklangen und dass trotz scharfer Kritik mit guten Gründen an der biblischen Überlieferung festgehalten werden kann.

Die bibliographischen Daten: Uwe Zerbst & Peter van der Veen (Hg., 2005) Keine Posaunen vor Jericho? Beiträge zur Archäologie der Landnahme. Reihe Studium Integrale. Hänssler-Verlag, Holzgerlingen. 155 Seiten, 60 s/w-Abb., zahlr. Tab., Hardcover, großes Format 16,5 x 24; 17,95 Euro (A: 18,50 Euro) / 32 CHF.

Inhaltsverzeichnis und Vorwort können auf <https://www.wort-und-wissen.org/produkt-kategorie/themen/archaeologie/> eingesehen und als PDF heruntergeladen werden. Dort gibt es auch eine online-Bestellmöglichkeit.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n36.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Wissenschaftstheorie & Philosophie

16.04.10 Naturwissenschaft und Naturgeschichte

Hat die Erforschung der *Naturgeschichte* eine Sonderstellung gegenüber Naturwissenschaft? Haben schöpfungstheoretische Ansätze einen legitimen Platz in der Wissenschaft? Beides wird häufig bestritten und damit Schöpfungshypothesen und grundsätzliche Kritik an Evolutionstheorien *per se* als unwissenschaftlich disqualifiziert.

Bei der Verhältnisbestimmung von „Schöpfung“ und „Naturwissenschaft“ geht es um *Ursprungsfragen*. Ursprungsforschung benötigt zwar die Ergebnisse naturwissenschaftlicher Forschung, ist aber dort, wo sie unvoreingenommen geschieht, mehr als klassische Naturwissenschaft. Denn für die Beantwortung der Frage, welchen Ursprung das Leben hatte, ist die Einengung auf ‚natürliche Faktoren‘ nicht zu rechtfertigen, wenn ergebnisoffen vorgegangen wird. Schöpfung ist willentliche, zielorientierte Handlung, sie lässt sich nicht oder wenigstens nicht ausschließlich mit Naturgesetzen verstehen oder aus Naturgesetzen plus Randbedingungen ableiten. Eine ergebnisoffene Forschung darf die Möglichkeit von „Schöpfung“ nicht vornherein ausschließen.

Martin Neukamm bestreitet in einem Beitrag des Sammelbandes „Evolution im Fadenkreuz des Kreationismus“ die Sonderstellung naturhistorischer Forschung, sie sei nicht anders als andere Naturwissenschaft. Seine Kritik begründet er wie folgt:

1. Sowohl Naturwissenschaft als auch Geschichtswissenschaft haben keinen direkten Zugang zu ihrem Forschungsgegenstand.
2. Historische Evolutionstheorien erlauben gleichermaßen Vorhersagen wie solche Theorien, die gegenwärtige Prozesse beschreiben.
3. In den Naturwissenschaften fallen „Wie“-Fragen und „Woher“-Fragen“ im Falle von Ursprungsfragen zusammen.

In einem Artikel von Thomas Jahn, Reinhard Junker und Markus Widenmeyer, der bei „Wort und Wissen“ veröffentlicht wurde, wird Neukamms Argumentation erläutert und kritisch analysiert. Es wird gezeigt, dass seine Argumentation in vielerlei Hinsicht fehlerhaft ist. Neukamm gleicht die Naturwissenschaft unsachgemäß der Geschichtswissenschaft an (nicht umgekehrt) und vermischt zwei Gründe bzw. Begriffe für „Nichtbeobachtbarkeit“ (bestimmte Entitäten oder Prozesse sind nicht direkt beobachtbar, weil sie nicht direkt zugänglich sind oder aber diese Entitäten und Prozesse existieren gar nicht). Der Rückgriff auf mutmaßliche „verborgene Gesetzmäßigkeiten“ ist nur ein Eingeständnis, dass man die Phänomene mit den bekannten Gesetzen derzeit nicht erklären kann. Weiter wird gezeigt, dass zwischen Retrodiktionen historischer Theorien und echten Prognosen naturwissenschaftlicher Theorien trotz mancher formaler Gemeinsamkeiten große Unterschiede bestehen. Und Neukamms

Beispiele, die zeigen sollen, dass Wie- und Woher-Fragen zusammenfallen, sind allesamt untauglich, da es sich bei ihnen um bloße Gesetzmäßigkeiten handelt, die mit einmaligen historischen Prozessen nicht vergleichbar sind. Diese und weitere Kritikpunkte werden ausführlich erläutert und begründet. Der Artikel kann hier heruntergeladen werden: <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/fadenkreuz-wissenschaftstheorie.pdf> (PDF, 11 Seiten, 205 KB).

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2010, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n146.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.06.09 Evolution und Geist

Benötigt man das Evolutionsparadigma, um naturwissenschaftliche Forschung betreiben zu können? Im Newsbeitrag „Nur Sinn im Licht der Evolution?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=124> wurde dies mit wissenschaftstheoretischen Gründen verneint. Dass diese Einschätzung zutrifft, macht ein *Nature*-Artikel deutlich, der sich der Frage widmet „Can evolution explain how mind works?“ (Kann Evolution erklären, wie Geist / Verstand funktioniert?) (Bolhuis & Wynne 2009). Die Autoren beginnen mit der Feststellung, dass gar nicht klar sei, welche Zusammenhänge zwischen der Theorie Darwins und der Erforschung des Erkenntnisvermögens bestünden. Arten gleicher Abstammung sollten ähnliche Fähigkeiten ihres Erkenntnisapparats besitzen; auch Charles Darwin habe sich dieses Arguments bedient.¹ Doch die Realität sehe nicht so einfach aus.

Vielmehr zeige sich, dass viele kognitive Fähigkeiten konvergent entstanden sein müssen, wenn man Evolution voraussetzt. Das heißt: Es zeigen sich Ähnlichkeiten im Verhalten nicht näher verwandter Arten, so dass eine mehrfach unabhängige Entstehung angenommen werden muss.²

So berichten Bolhuis und Wynne, dass Vögel zu Leistungen fähig sind, die die Fähigkeiten von Affen übertreffen. Beispielsweise reiben Krähen ihre Schnäbel aneinander, wenn eine von ihnen in einer Auseinandersetzung mit einem anderen Vogel war. Ein vergleichbares Verhalten bei Schimpansen würde man als Tröstung bezeichnen. Außerdem gebe es Hinweise auf Ichbewusstsein bei Vögeln. Kaledonische Krähen übertreffen Affen in ihrer Fähigkeit, schwer zugängliche Nahrung aus einer Röhre zu ergattern.³

Seit Jahrzehnten wird versucht, Affen eine einfache Form der Sprache beizubringen, aber **Linguisten seien sich darin einig, dass die Fähigkeiten von Schimpansen und Bonobos nicht als Sprache gelten können** (Bolhuis & Wynne 2009). Eine Voraussetzung für Sprache ist die Fähigkeit zur Nachahmung. Während viele Papageien und Singvögel darin Meister sind, zeigen unsere Primaten-Vettern dazu keine Neigung. Darüber hinaus erfolgt das Erlernen des Singens bei Vögeln auf eine ähnliche Weise wie das Erlernen des Sprechens bei Kindern.

Die Autoren ziehen die Schlussfolgerung, dass das unabhängige Auftreten ähnlicher Fähigkeiten in entfernt verwandten Arten zeige, dass kognitive Fähigkeiten nicht in einer Skala evolutionärer Verwandtschaft angeordnet werden können. Evolution ist nicht der Schlüssel zum Verständnis.

Geschichte der kognitiven Fähigkeiten ist nicht erforschbar. Die Autoren stellen auch fest, dass es extrem schwierig wenn nicht unmöglich sei, die Faktoren herauszufinden, die zur Herausbildung der heutigen Fähigkeiten geführt haben. Mehr als Vermutungen anzustellen sei hier nicht möglich.⁴ Evolutionäre Analysen seien durchgeführt worden, um Fragen in Angriff zu nehmen, für die sie schlecht geeignet seien. „Evolutionäre Untersuchungen können jedoch nicht klären, wie Tiere eine bestimmte Fähigkeit erlangten, weil es sich um Erforschungen der Geschichte handelt.“ Als Beispiel nennen die Autoren das Verhalten mancher Vögel, Nahrung zu bevorraten. Manchmal zeigen nah verwandte Arten hier ein sehr unterschiedliches Verhalten. Es konnte jedoch kein Zusammenhang zwischen den Eigenschaften des Gehirns und dem Verhalten der Nahrungsmittel-Bevorratung nachgewiesen werden.

Fazit. Die Studien über kognitive Fähigkeiten bei Tieren zeigen, dass funktionelle Aspekte zu deren Verständnis genügen, während evolutionäre Zusammenhänge kaum prüfbar sind oder

den Erwartungen sogar widersprachen. Etwas überraschend schreiben die Autoren, es gebe bei der Erforschung der Geschichte kognitiver Fähigkeiten keinen Grund, von vornherein anzunehmen, dass das Auftreten von Konvergenzen (s. o.) wichtiger sei als gemeinsame Abstammung oder umgekehrt. **Das heißt aber nichts anderes, dass in diesem Fall Ähnlichkeiten in Bezug auf evolutionäre Verwandtschaft kein aussagekräftiges Indiz darstellen – ganz im Gegensatz zur üblichen Gepflogenheit, wonach die neuesten entdeckten Ähnlichkeiten als neueste Belege für gemeinsame Abstammung gewertet werden.** Ähnlichkeiten als Ausdruck ähnlicher Erfordernisse ist andererseits aus der Schöpfungsperspektive eine naheliegende Option. Bolhuis & Wynne haben diese Option natürlich nicht auf der Rechnung, aber ihrem Schlusssatz kann man uneingeschränkt zustimmen: „Für den Fortschritt der vergleichenden Psychologie müssen wir tierisches und menschliches Bewusstsein empirisch (= an der Erfahrung orientiert) untersuchen, ohne naive evolutionäre Vorannahmen.“⁵ Nichts macht Sinn außer im Lichte der Evolution?

Literatur

Bolhuis JJ & Wynne CDL (2009) Can evolution explain how minds work? *Nature* 458, 832-833.

Anmerkungen

¹ „In *The Descent of Man*, Darwin proposed that there is ‘no fundamental difference between man and the higher mammals in their mental faculties’ on the basis of his belief that all living species were descended from a common ancestor.“

² „In other words, evolutionary convergence may be more important than common descent in accounting for similar cognitive outcomes in different animal groups.“

³ Das Experiment ist bei YouTube zu sehen:
<http://www.youtube.com/watch?v=M52ZVtmPE9g>

⁴ „Without being able to reconstruct the mind of our hunter-gatherer predecessors, we can only guess at the selection pressures they faced.“

⁵ „For comparative psychology to progress, we must study animal and human minds empirically, without naive evolutionary presuppositions.“

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2009, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n132.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

27.05.05 Neue Artikel zu aktuellen wissenschaftstheoretischen Fragen

Die Auseinandersetzung um Schöpfung und Evolution spielte sich in den letzten Jahren häufig auf wissenschaftstheoretischem Gebiet ab. Gegner des Schöpfungsparadigmas (Paradigma = Leitanschauung) versuchen, alternativen Ansätzen im wissenschaftstheoretischen Vorfeld das Wasser abzugraben. Schöpfungsansätze seien wissenschaftlich belanglos, unfruchtbar, ja sogar für den Wissensfortschritt hinderlich und hätten daher im Wissenschaftsbetrieb nichts zu suchen.

In zwei neuen Artikeln wird auf wissenschaftstheoretische Fragen eingegangen. Zum einen geht es allgemein darum, wie vergangene Abläufe rekonstruiert werden können und welche Grenzen dieser Forschung gesetzt sind. Zu diesem Thema ist nun ein Experten-Artikel erschienen, in welchem auch auf aktuelle Diskussionspunkte eingegangen wird („Methodik der historischen Forschung“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40462&Sprache=de&l=2>). Trotz formaler Ähnlichkeiten von Theorien über Vergangenheit mit Theorien über Gegenwartsprozesse weisen historische Rekonstruktionen eine Reihe von Besonderheiten gegenüber der Erforschung von Gesetzmäßigkeiten gegenwärtig ablaufender Prozesse auf. Dies hat Konsequenzen für die wissenschaftstheoretische Bewertung von Evolutionstheorien, aber auch für die Beurteilung von Theorien, die im Rahmen des Schöpfungsparadigmas aufgestellt werden. Der Artikel zieht folgendes Fazit:

- Historische Theorien können kaum strikt falsifiziert werden, da es nur schwer möglich ist, strikt verbotene Aussagen zu formulieren.
- Historische Theorien sagen bestimmte zu beobachtende Daten in der Regel nicht eindeutig voraus, sondern können meist nur ungefähre Erwartungen angeben. Die Daten werden gewöhnlich erst *im Nachhinein* im Rahmen historischer Theorien gedeutet.
- Historische Theorien können nur auf Plausibilität untersucht werden; dabei können subjektive Einschätzungen nicht ausgeschaltet werden. In der Praxis bemühen sich die Wissenschaftler daher um Verifizierung im Sinne einer Plausibilitätssteigerung.
- Historische Theorien können nicht völlig von Mechanismenfragen abgekoppelt werden.
- Aus erfolgreichen Tests untergeordneter spezieller Hypothesen ergibt sich keine logisch zwingende Bestätigung des zugrunde liegenden Paradigmas, sondern lediglich eine Stärkung der Plausibilität.

Im zweiten neuen Artikel geht es um den wissenschaftstheoretischen Status des Evolutionsparadigmas und von Evolutionstheorien („Evolutionsparadigma und Naturwissenschaft“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40464&Sprache=de&l=1>). Diesen Artikel gibt als Interessierten- und Expertentext. Er schließt an den Artikel „Methodik der historischen Forschung“

(<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40462&Sprache=de&l=1>) an. Folgende Schlussfolgerungen werden gezogen:

- Das Evolutionsparadigma kann nicht strikt falsifiziert werden, da es kaum möglich ist, strikt verbotene Aussagen zu formulieren.
- Das Evolutionsparadigma sagt bestimmte zu beobachtende Daten in der Regel nicht eindeutig voraus, sondern kann meist nur ungefähre Erwartungen angeben. Die Daten werden erst *im Nachhinein* im Rahmen des Evolutionsparadigmas gedeutet.

- Das Evolutionsparadigma kann nur auf Plausibilität untersucht werden; dabei können subjektive Einschätzungen nicht ausgeschaltet werden. In der Praxis bemühen sich die Evolutionsforscher daher um Verifizierung im Sinne einer Plausibilitätssteigerung,
- Das Evolutionsparadigma kann nicht völlig von Mechanismenfragen abgekoppelt werden.
- Tests bestimmter Evolutionstheorien sind nicht logisch zwingend zugleich auch Tests auf das zugrunde liegende Evolutionsparadigma. Erfolgreiche Tests steigern aber die Plausibilität des Paradigmas.

Diese Schlussfolgerungen werden ausführlich begründet. Im Expertenteil wird auch auf andere Auffassungen kritisch eingegangen. Weitere Artikel, in welchen die hier erläuterten Sachverhalte auf Vorgehensweisen im Rahmen des Schöpfungsparadigmas angewendet werden, sind in Vorbereitung.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n38.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

Theologie & Antikreationismus

14.04.08 Die Wetterlehre-Allegorie: doch nicht so „simpel“!

Im Newsbeitrag „Bibel gegen Evolution oder umgekehrt?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=105> wiesen wir auf einen Text von Dr. Hansjörg Hemminger mit dem Titel „Mit der Bibel gegen die Evolution“ hin, der Anfang Dezember 2007 von der Evangelischen Zentralstelle für Weltanschauungsfragen (EZW) veröffentlicht wurde. Darin findet sich am Schluss ein Abschnitt „Entsteht unser Wetter zufällig, oder kommt es von Gott?“, der den Zweck hat, die biblische Motivation und die Arbeitsweise der Studiengemeinschaft Wort und Wissen (W+W) mit einer abwegigen (= hier: Auslegung biblischer Texte) lächerlich zu machen. In der Stellungnahme von W+W (<https://www.wort-und-wissen.org/disk/d08-2/>) wird darauf nur kurz eingegangen, da der Text über das Wetter keine seriöse Auseinandersetzung mit dem biblisch begründeten Anliegen von W+W beinhaltet.

Die AG Evolutionsbiologie fand diesen allegorischen Text jedoch offenbar so treffend, dass sie ihn im Internet auf ihrer Homeoage veröffentlichte (http://www.evolutionsbiologen.de/atheistische_wetterlehre.html) Im entsprechenden Newsbeitrag wird Hemmingers Beitrag am 21. 1. 2008 wie folgt angekündigt: „Der Weltanschauungsbeauftragte der ev. Landeskirche Württemberg H. Hemminger entlarvt die Absurdität evolutionskritischer Argumentationsstrukturen mithilfe einer stringenten wie verblüffend einfachen Allegorie.“

Markus Rammerstorfer hat sich dieser Allegorie nun in einem Beitrag auf dem Blog „Evolution und Schöpfung“ in einem lesenswerten Beitrag gewidmet (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2008/04/atheistische-wettergatter-wir-berlassen.html>). Darin zeigt er, dass die „verblüffend einfache“ Allegorie entscheidende Aspekte übergeht. In dem teilweise mit einem Augenzwinkern geschriebenen Text stellt der Autor drei Probleme heraus:

1. Problem: Die Übertragung auf Wetterereignisse bietet grundsätzlich kein sicheres Refugium vor der Frage nach Planung. „Hemmingers allegorische Konstruktion verliert ... einiges an Witz, da sich offensichtlich sogar bei Wetterphänomenen die Frage nach Planung stellt, unabhängig von der Kraft meteorologischer Wissenschaft.“

2. Problem: Die Übertragung auf Wetterereignisse begünstigt eine Karikatur teleologischer Ansätze als „Epi-Teleologie“ unter Umgehung wesentlicher Fragen. „Epi-Teleologie“ bedeutet das Hineinlesen von Zielorientierung in Vorgänge, die auch ohne Zielsetzung verstehbar sind. Rammerstorfer nennt dies einen „Trick“, indem eine Schein-Teleologie behauptet wird, um diese anschließend zu widerlegen und um damit in einem weiteren Schritt das Teleologie-Problem in der Biologie generell zu erledigen. Doch aus einzelnen Widerlegungen von teleologischen Schlüssen kann man nicht auf die *allgemeine* Abwesenheit von Zielgerichtetheit in der Natur schließen.

3. Problem: Die Übertragung auf die Meteorologie als Gegenwartswissenschaft ist dem Charakter der Fragestellung nach Planung nicht angemessen.

Rammerstorfer zieht folgendes **Fazit**: „Hemmingers Allegorie hat einen gewissen Wert als anregende Polemik. Doch Hemmingers Anspruch ist weit höher und er behauptet: ‘Die skizzierten Positionen, die natürlich fiktiv sind, entsprechen bis in die Details der Begründung hinein denen, die von Kreationisten und Vertretern eines intelligenten Designs vorgetragen werden.’ Hemminger scheitert an diesem Anspruch. Es gelingt ihm nach meiner begründeten Einschätzung nach nicht, einen komplexen Diskurs in eine einfache Allegorie zu übersetzen. Vielmehr gehen bei der Übersetzung entscheidende Merkmale verloren. Interessanterweise immer genau nach einem Muster, welches Intelligent Design-Vertretern und Kreationisten zum Nachteil gereicht. Deshalb liegt nahe, dass Hemmingers Beitrag nicht als sachlich erhellender Beitrag mit guter allgemeiner Verständlichkeit in die Annalen der Ursprungsdebatte eingehen wird, sondern eher Personengruppen bedient, die sich in einem Kulturkampf sehen.“

Wir empfehlen die Lektüre von „Atheistische Wettergötter: 'Wir überlassen nichts dem Zufall'“: <http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2008/04/atheistische-wettergtter-wir-berlassen.html>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n109.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.02.08 Bibel gegen Evolution oder umgekehrt?

Anfang Dezember 2007 veröffentlichte die Evangelische Zentralstelle für Weltanschauungsfragen (EZW) einen Text von Dr. Hansjörg Hemminger mit dem Titel „Mit der Bibel gegen die Evolution“ (EZW-Texte 195; 72 Seiten). Darin wird die Arbeit der SG Wort und Wissen sehr negativ beurteilt und mit schwerwiegender Kritik bedacht. Die Studiengemeinschaft hat dazu eine ausführliche Stellungnahme verfasst, die unter <https://www.wort-und-wissen.org/disk/d08-2/> veröffentlicht wurde. Sie kann dort auch als PDF-Datei heruntergeladen werden.

Im ersten Teil dieser Stellungnahme werden die inhaltlichen Hauptaussagen des Autors und ihre Begründungen kurz zusammengefasst und aus der Sicht von Wort und Wissen kommentiert und, wo nötig, richtiggestellt. Der ausführlichere zweite Teil bringt eine detaillierte Kritik an Hemmingers Darstellungen, die anhand zahlreicher Beispiele erläutert wird.

Zum ersten Teil wird folgendes Fazit gezogen:

„Kirchliche Verantwortungsträger und Mitarbeiter werden ebenso wie interessierte Gemeindeglieder mit dieser EZW-Broschüre ausgesprochen einseitig und z.T. leider auch falsch informiert. Denn über die biblische Motivation der Evolutionskritiker erfahren sie in dieser Broschüre nichts. Der Leser erhält auch keine Antwort darauf, wie die biblischen Zusammenhänge von Schöpfung, Sündenfall und Erlösung in einem evolutionären Rahmen verstanden werden können. Die Darstellung von Evolution als Tatsache oder Faktum wird dem Stand der wissenschaftlichen und philosophischen Debatte nicht gerecht, entspricht aber dem gängigen Muster ihrer medialen Präsentation. Die naturwissenschaftlichen Kritikpunkte an Evolutionstheorien kommen deshalb kaum ins Blickfeld; alternative Ansätze der Evolutionskritiker werden nur am Rande angesprochen (Grundtypenbiologie) oder gar nicht erwähnt (biblisch-urgeschichtliche Geologie). Stattdessen wird der Leser mit einer wenig differenzierten Präsentation und Kritik theologischer und naturwissenschaftlicher Argumentationen des weltweiten Kreationismus konfrontiert, dem die Intelligent Design-Bewegung *de facto* auch zugerechnet wird. Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen ist sich der nur summarisch zusammengestellten Schwachpunkte sehr wohl bewusst und spricht sie auch öffentlich an. Leider wird dies dem Leser vorenthalten.“

Im detaillierteren zweiten Teil werden folgende Themen angeschnitten:

- Viel Evolution – wenig Bibel
- Evolutionskritik = Naturwissenschaftskritik?
- „Strategie der Selbsttäuschung“
- Zur Kritik an „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“
- Das Lehrbuch zurückziehen?
- Polemik gegen Wort und Wissen
- Warum der Kampf gegen Glaubensgenossen?
- Anhang: Wie sicher ist die Baumringmethode (Dendrochronologie)?

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2008, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n105.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

23.10.07 (Anti-)Kreationismus in Deutschland

Im Frühjahr dieses Jahres erschien das von Ulrich Kutschera herausgegebene Buch „**Kreationismus in Deutschland. Fakten und Analysen**“ (Lit-Verlag Münster, 2007). Für Oktober ist ein „geringfügig korrigierter Nachdruck“ angekündigt (Newsticker der AG Evolutionsbiologie vom 29. 8. 2007; <http://www.evolutionsbiologen.de/news.html>).

Das 370 Seiten starke Buch erscheint laut Herausgeber zum „20. Jubiläum“ des von der Studiengemeinschaft Wort und Wissen herausgegebenen Buches „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“, das Ende 1986 erstmals unter dem Titel „Entstehung und Geschichte der Lebewesen“ erschien. „Kreationismus in Deutschland“ möchte u. a. „dunkle Hintergründe der Anti-Evolutionsbewegung erhellen“ und die „Unwissenschaftlichkeit“ kreationistischer Theorien verdeutlichen (S. 7). Außerdem soll gezeigt werden, dass der Naturalismus „für die Realwissenschaften unverzichtbar“ ist. Fast alle Autoren gehören der AG Evolutionsbiologie im Verband Biologie, Biowissenschaften & Biomedizin (<http://www.evolutionsbiologen.de/>) an; einige von ihnen haben sich in zahlreichen Internetbeiträgen zum Thema zu Wort gemeldet.

Reinhard Junker und Henrik Ullrich haben zu diesem Buch eine ausführliche Rezension auf der Homepage der Studiengemeinschaft Wort und Wissen veröffentlicht (<https://www.wort-und-wissen.org/rezension/anti-kreationismus-in-deutschland/>); sie kann auch als PDF heruntergeladen werden (<https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/b29.pdf>). Das Buch bietet eine lose und insgesamt kaum zusammenhängende Sammlung von zehn Beiträgen von acht Autoren, die teilweise in ähnlicher Form schon an anderer Stelle erschienen sind. Das ausführliche Inhaltsverzeichnis kann hier heruntergeladen werden: http://www.evolutionsbiologen.de/kreation_inhalt.pdf. Trotz des großen Umfangs bietet das Buch keine systematische Auseinandersetzung mit Argumenten von Befürwortern der Schöpfungslehre oder Evolutionskritikern. Die Rezensenten dokumentieren anhand zahlreicher Beispiele, dass die Autoren über weite Strecken eine andere Zielsetzung verfolgen, so dass der Titel „*Antikreationismus in Deutschland*“ passender gewesen wäre. Im einzelnen besprechen sie das Buch unter folgenden Überschriften:

- Verneinen einer Kontroverse
- Heraufbeschwören eines Gefahrenpotentials für Wissenschaft und Gesellschaft
- Verwechslung einer Fachdisziplin mit einer ihrer Theorien
- Falsche und irreführende Behauptungen
- Diffamierung
- Vermeidung von Sachauseinandersetzung
- Ignoranz der wissenschaftlichen Arbeit Schöpfungsgläubiger
- Zur Kritik an „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“
- Unterstellung verwerflicher Strategien

Junker und Ullrich stellen als Fazit fest, dass über weite Strecken nicht die Sachauseinandersetzung schwerpunktmäßig der Gegenstand des Buches sei, sondern der Gegner als eine persönliche Zielscheibe.

Hinweis: Eine lesenswerte Analyse der von Ulrich Kutschera maßgeblich beeinflussten Medienkampagne zum Thema „Schöpfung/Evolution“ bietet der Artikel „Götter und Designer bleiben draußen? – eine kritische Diskursanalyse der Medienberichterstattung zu Intelligent Design im deutschsprachigen Raum“ von Robert Schmidt (In: Religion • Staat • Gesellschaft – Zeitschrift für Glaubensformen und Weltanschauungen. Berlin: Duncker &

Humblot, S. 135-184). Eine zusammenfassende Darstellung dieses Artikels findet sich hier: „Götter und Designer bleiben draußen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=95>

Weiterführende Links

Zur Erklärung des Europarats über die vermeintlichen Gefahren des Kreationismus und von „Intelligent Design“: <https://www.wort-und-wissen.org/disk/9-07/>

Informationen zu „Evolution - ein kritisches Lehrbuch“: <http://www.wort-und-wissen.de/presse/main.php?n=Presse.P06-6>

Entgegnungen auf Kritik an „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“: <https://www.wort-und-wissen.org/disk/punkt-fuer-punkt-widerlegt/>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n97.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.10.07 „Götter und Designer bleiben draußen“

Sehr selten kommt es hierzulande vor, dass zwischen zwei Buchdeckeln Beiträge Pro und Contra „Schöpfung“ / „Intelligent Design“ erscheinen. So geschehen dieses Jahr in der Zeitschrift „Religion • Staat • Gesellschaft – Zeitschrift für Glaubensformen und Weltanschauungen“ (erschieden im renommierten Verlag Duncker & Humblot, Berlin). Christoph Heilig stellte den ganzen Band auf seinem Blog „Evolution und Schöpfung“ vor (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2007/09/religion-staat-gesellschaft-7jahrgang.html>). Hier sollen die wichtigsten Inhalte des Eingangsbeitrags von Robert Schmidt zusammengefasst werden: **„Götter und Designer bleiben draußen“ - eine kritische Diskursanalyse der Medienberichterstattung zu Intelligent Design im deutschsprachigen Raum.**“

Der Beitrag ist insofern von besonderem Interesse, als er nicht von einem Protagonisten der Kreationisten oder ID-Anhänger stammt, sondern die mediale Präsentation der neueren Debatte über Schöpfung und Evolution **aus der Sicht eines Soziologen** analysiert. Schmidt stellt im einleitenden Abschnitt fest, dass diese Debatte „auf dem niedrigen Niveau einer Kampagne geführt wird“ (S. 136). Evolution sei zu einem Denkmodell erhoben worden, „das mit dem Anspruch auf Erklärung des Ganzen der Wirklichkeit auftritt“ (S. 135). Vor diesem Hintergrund müsse wohl verstanden werden, warum die Medienberichte über Intelligent Design „einen überwiegend negativen Charakter haben“ (S. 137). „Weshalb reagieren die Medien so ablehnend“ ist denn eine der Fragestellungen, denen Schmidt nachgeht. Angesichts der Involvierung verschiedener Institutionen in die Kampagne wirft der Autor die weitere Frage auf, „nach welchen Mechanismen der Umgang mit Evolutionskritik in der Öffentlichkeit denn funktioniert und wie diese zu bewerten sind“. Außerdem will er den Diskurs sozialwissenschaftlich analysieren.

Der 50-seitige Artikel von Schmidt ist dreigeteilt. Der umfangreiche erste Teil „Intelligent Design im Licht der Medien“ schildert und analysiert zahlreiche Beispiele der Medienberichterstattung, darunter die Berichte über die Sperrung der Website des Genetikers Dr. Wolf-Ekkehard Lönnig, über den Erfurter Dialog und über die Diskussionen um evolutionskritische Unterrichtsinhalte. Es folgen ein Abschnitt „Ergebnisse und Interpretationen“ und eine „Schlußbetrachtung“.

Eingangs stellt Schmidt fest, dass die Massenmedien heute Texte und Bilder erzeugen, „welche zur gesellschaftlichen Wirklichkeitskonstruktion beitragen“ (S. 138). Informationen werden spezifisch gefiltert; dadurch bestimmen sie mit, „was politisch denkbar ist“ und „wer zu den legitimen Akteuren des politischen Spiels zählt“ (S. 138; Zitate des französischen Soziologen Pierre Bourdieu). Dazu gehört die Analyse, mit welchen Strategien Emotionen geweckt, welche Vergleiche gezogen und welche „narrativen Muster“ (Erzählungen, rote Fäden, „Story lines“) entfaltet werden, um öffentliche Aufmerksamkeit und gesellschaftliche Wirkung zu erzielen.

„Wissenschaftsfeinde“ und Bedrohungsszenarien. Ein Großteil der von Schmidt untersuchten Artikel lässt sich auf wenige solcher narrativen Muster zurückführen, allen voran auf die Kennzeichnung von ID-Anhängern als „*Wissenschaftsfeinde*“. Entsprechende *Bedrohungsszenarien* werden heraufbeschworen. Ein krasses Beispiel dieser Art bildete die Schlusssequenz der am 19. 9. 2006 auf *Arte* ausgestrahlten Films „Von Göttern und Designern“ (vgl. „*Arte*“ schürt Ängste durch Desinformation und Feindbilder, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=69>). Dabei finden eine Reihe von Stilmitteln der Auseinandersetzung regelmäßig Anwendung (S. 142-147):

- ein „ganzes Arsenal des Kriegsvokabulars““,
- „einfache Polarisierung zwischen ‚objektiver Wissenschaft‘ und ‚verkleideter Glaubenslehre‘“,
- „verallgemeinernde wertbezogene Etikettierung evolutionskritischer Personenkreise als ‚wissenschaftsfeindlich‘ und ‚antiaufklärerisch‘“, was den Verlust der Errungenschaften der aufgeklärten Gesellschaft herbeiführen könnte,
- Infragestellung der Kompetenz der zwar religiös motivierten, aber wissenschaftlich argumentierenden Akteure (S. 146),
- Hinweis auf christliche Motive der Evolutionskritiker als Grund für Diskursverweigerung auf der Sachebene (das wird ausführlich dargelegt am Beispiel der Geschehnisse um den „Erfurter Dialog“, S. 157ff.),
- fast keine Auseinandersetzung mit wissenschaftlichen Sachargumenten (das trifft insbesondere auf die Schulbuchdebatte oder die Auseinandersetzungen um die Website des Evolutionskritikers Lönnig zu, S. 156, S. 172),
- redaktionelle Positionierung von „Helden und Anti-Helden“, Feindbildszenarien,
- Unterstellung einer subtilen Unterwanderung (S. 147ff.) und Nutzung eines entsprechenden wertenden Vokabulars („versteckte christliche Mission“, „Missbrauch“ von Titeln, „Blenden“, „Umtriebe“ und dergleichen).

Die Evolutionstheorie wird zu den sicheren Grundlagen unserer Gesellschaft gerechnet: „wer diese kritisiert, raubt unserer Kultur somit die Basis“ (S. 145). Schmidt fragt kritisch zurück: „Doch stellt sich dieses ‘Problem’ überhaupt in Wirklichkeit?“ und weist nach, dass diese Gefahrenkonstruktion nur behauptet, nicht aber begründet wird. „In zahlreichen Artikeln wird nicht objektiv recherchiert, sondern das *herrschende* Paradigma als Tatsache deklariert und wissenschaftliche Evolutionskritik für hinfällig erklärt“ (S. 150)

Schule. Die Story line „Wissenschaftsfeinde“ wurde medial beim Thema „Schule und Evolutionstheorie“ ausgezogen in Richtung „*Unterwanderung*“ (S. 152ff.). Fachdidaktische und inhaltliche Probleme der Ursprungslehren werden genausowenig ausgewogen thematisiert wie das Wissenschaftsverständnis der betroffenen Lehrer, stattdessen wird mit Begriffen wie „unterminieren“, „einschüchternde Autorität“ oder „wissenschaftlichem Anstrich“ über die Motive der kritischen Akteure gemutmaßt und damit Stimmungen erzeugt. Evolutionskritische Biologielehrer werden so zu „Anti-Helden“ gemacht. Schmidt geht auch auf die Debatte um „*Evolution - ein kritisches Lehrbuch*“ ein, die u. a. durch die Verleihung des Deutschen Schulbuchpreises angeregt wurde. Nach dem bisher Gesagten kann folgende Feststellung nicht mehr überraschen: **„In der ganzen Story line ‚Schulbuchdebatte‘ bleibt der Inhalt des Buches völlig undiskutiert. Die überwiegende Anzahl der Medien scheinen sich für den Tiefensinn der Debatte gar nicht zu interessieren“** (S. 156).

Erfurter Dialog. Einige Seiten widmet Schmidt den Auseinandersetzungen um den „Erfurter Dialog“, zu welchem der Evolutionskritiker Siegfried Scherer eingeladen war und nach heftigen Protesten wieder ausgeladen wurde. Die Analyse der Aktionen von Wissenschaftlern und Politikern zur Verhinderung der Teilnahme von Scherer schließt Schmidt mit folgenden Feststellungen ab: „Die Begebenheiten um den ‚Erfurter Dialog‘ machen deutlich, daß es sich vermutlich in Deutschland zurzeit keine öffentliche Person mehr leisten kann, eine publikumswirksame, fachlich-kritische Diskussion zur Evolutionstheorie zu organisieren, ohne dabei in die Dynamiken des beschriebenen Macht- und Mediendiskurses zu geraten und Schaden zu nehmen“ (S. 162).

Website von W.-E. Lönnig. Schließlich zeigt Schmidt am Beispiel der Aktivitäten zum Erreichen der Sperrung der Website des Evolutionskritikers und ID-Anhängers Lönnig, dass die Entfernung missliebiger Inhalte aus der wissenschaftlichen Diskussion durch *Einsatz institutioneller Machtmittel* erreicht wurde (S. 162ff.), beispielsweise durch den Appell an den *guten Ruf* von Einrichtungen, den es zu schützen gelte. „Die Durchsetzungsmacht der

herrschenden Theorie wurde hier in *unwissenschaftlicher* Art und Weise mit der medialen Autorität eines *Nature*-Artikels öffentlich legitimiert“ (S. 168). „Mit der Instrumentalisierung des öffentlichen Ansehens einer renommierten Forschungseinrichtung vollzieht sich ein Novum in der Mittelwahl zur Verfolgung evolutionskritischer Standpunkte“ (S. 175) Das zeigten vor allem die machtvollen Auswirkungen eines *Nature*-Artikels auf die Handlungsoptionen des Präsidiums der Max-Planck-Gesellschaft, der offensichtlich als wirkungsvolles Druckmittel fungierte.

Im II. Abschnitt „**Ergebnisse und Interpretationen**“ stellt Schmidt zunächst fest, „daß die Medienberichterstattung zu Intelligent Design nahezu gänzlich ohne wissenschaftliche Argumente auskommt und dennoch viel von sich reden macht“ (S. 174). Es könne „mit relativer Sicherheit gesagt werden, daß die öffentlichen Kampagnen der Evolutionisten gegen ihre Kritiker im deutschsprachigen Raum mit ausschließlich *unwissenschaftlichen Mitteln* erfolgen“ (S. 174). Öffentliche Fachdiskurse zur Evolutionskritik seien aus *politischen Gründen* nicht gewünscht (S. 175).

Hinzu komme eine *Politisierung* der Evolutionskritik durch die „strategische Zusammenführung amerikanischer und deutscher Bedeutungsgehalte über wertbehaftete Impulsbegriffe, wie den des ‘Kreationismus’“ (S. 175). Und weiter: „Vor diesem Hintergrund werden auch die religiösen Motivationen politisiert und der wissenschaftliche Anspruch der Evolutionskritiker in der Vermengung von deren religiöser Motivation und politisch aufgeladener Begriffe entwertet mit dem Ergebnis, daß über wissenschaftliche Inhalte gar nicht mehr gesprochen wird“ (S. 175).

Im Unterabschnitt „Fachwissen oder Gesinnung – Wissenschaft oder Ideologie“ fordert Schmidt eine Offenlegung der Motive der Akteure. **Denn die Evolutionsvertreter umgehen mit Verweis auf die vermeintlichen oder tatsächlichen Motive der ID-Anhänger selber die fachliche Diskussion**; daher sei die Frage erlaubt, „unter welcher Mission denn eigentlich die intervenierenden Evolutionsbiologen agieren“ (S. 178). Schließlich finde sich auf der Website der atheistischen Giordano-Bruno-Stiftung unter „Organisationen mit ähnlichen Zielsetzungen“ auch der Link der AG Evolutionsbiologie. Schmidt schreibt: „Vor dem Hintergrund unserer Analysen ist somit festzustellen, daß eine ganze Anzahl von Evolutionisten die eigentlichen Voraussetzungen ihres Denkens nicht wirklich offenlegen“ (S. 179). Aus manchen Meldungen gehe hervor, dass es nicht um das „gesicherte Wissen unserer Zeit“, sondern um eine *weltanschauliche* Auseinandersetzung gehe. „Das ideologische Wissen des Evolutionismus könnte man in diesem Zusammenhang auch als ‘verschleierndes Wissen’ bezeichnen: die wahren Interessen der Ideenverbreiter, beispielsweise die Zielsetzungen des Evolutionären Humanismus, werden *nicht offengelegt*“ (S. 180).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n95.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

09.10.07 Wo liegen die Grenzen der Evolution?

Elf Jahre nach der Publikation des kontrovers diskutierten Buches „*Darwin's Black Box*“ hat der Biochemiker Michael Behe ein Nachfolgewerk veröffentlicht: „**The Edge of Evolution. The Search for the Limits of Darwinism**“ (Free Press, New York, 2007, 320 Seiten, 28,00 USD). In „*Darwin's Black Box*“ hatte Behe argumentiert, es gebe in der Biochemie der Lebewesen nichtreduzierbare Komplexitäten, die nach allem, was wir wissen, durch bekannte graduelle evolutionäre Prozesse nicht entstehen könnten. **Entgegen anderslautender Behauptungen wurden die Kernaussagen der „Black Box“ nicht widerlegt; stattdessen ging ein Großteil der Kritik an Behes Ausführungen vorbei.** (Eine Zusammenfassung von Gegenargumenten und Entgegnungen darauf bietet der Genesisnet-Artikel „Irreduzible Komplexität“, https://www.genesisnet.info/pdfs/Irreduzible_Komplexitaet.pdf.)

Im neuen Buch greift Behe das Kennzeichen der nichtreduzierbaren Komplexität an einigen Stellen auf und weist darauf hin, dass mit Zunahme der Detailkenntnisse das Argument weiter an Schlagkraft gewonnen habe. Das Hauptanliegen von „*Edge of Evolution*“ ist jedoch ein anderes: Behe will die Grenzen evolutionärer Prozesse genauer bestimmen. Neue Erkenntnisse vor allem der letzten zehn Jahre dienen Behe für eine entsprechende Analyse, die vor allem auf Ergebnisse der Malariaforschung zurückgreift. Malaria ist für Behes Fragestellung besonders geeignet, weil es sehr gut untersucht ist, weil es ein Standardbeispiel für das Wirken von Mutation und Selektion ist und vor allem, weil der untersuchte Organismus, der Erreger *Plasmodium* immense Individuenzahlen erreicht, was eine empirisch begründete Abschätzung evolutionärer Möglichkeiten sehr erleichtert.

In einem Gastbeitrag stellt Reinhard Junker auf dem Blog „Evolution und Schöpfung“ die wichtigsten Inhalte des Buches vor und kommentiert die Argumente Behes (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2007/10/edge-of-evolution-search-for-limits-of.html>). Besonders bemerkenswert: **Behe vergleicht Angriffs- und Abwehrmaßnahmen von Wirt und Erreger nicht mit einem „Wettrüsten“, wie das bei Konkurrenzsituationen oft metaphorisch für das Voranschreiten von Evolution behauptet wurde, sondern mit einem „Grabenkrieg“.** Im Bild gesprochen: Es werden Brücken gesprengt statt dass neue Waffen erfunden werden. Behe begründet das durch empirische Befunde.

Genauso interessant wie Behes Thesen sind die Reaktionen auf die Veröffentlichung und die Entgegnungen darauf, die Behe selbst und andere verfasst haben. Junker schreibt in seinem Blogbeitrag: „Kaum war seine '*Edge of Evolution*' auf dem Markt, wurden bereits Rezensionen in *Science* und *Nature* (und andernorts) veröffentlicht, die – man kann es nicht anders sagen – nur so von Verachtung Behes triefen und sich darin geradezu gegenseitig zu überbieten versuchen, ihn als Person möglichst lächerlich zu machen (...), ohne dass sie Antworten auf die von Behe aufgeworfene Grundfrage zu bieten hätten.“ Er zitiert im folgenden Casey Luskin, der anhand der Rezension von S. B. Carroll beispielhaft aufzeigt, wie und weshalb die Kritiker im Wesentlichen am Inhalt des Buches vorbei geschrieben haben, und der dazu folgende Punkte nennt:

1. Behes Argumente werden elementar falsch dargestellt,
2. Artikel, deren Inhalt Behes Behauptungen angeblich widerlegen, stützen sie in Wirklichkeit,

3. Beispiele für Evolution sind eindeutig *innerhalb* der von Behe markierten Grenzen der Evolutionsmöglichkeiten (Behe nennt selbst in seinem Buch Beispiele von evolutiv nachvollziehbaren Veränderungen) und

4. Vergleichend-biologische Befunde (Sequenzähnlichkeiten von Proteinen) werden fälschlicherweise als Belege für die Entstehung der Proteine durch Zufallsmutation und Selektion gewertet.

Junker schließt: „Wer es genau wissen will, wird sich die Mühe machen müssen, sowohl Behes Buch als auch die zitierten Originalarbeiten zu studieren.“ Dazu hilft eine Linksammlung am Ende des Blogbeitrags.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n94.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

31.08.07 Ein Plädoyer für Wissenschaftszensur?

Der Vorsitzende der AG Evolutionsbiologie des Verbandes Deutscher Biologen, der Kasseler Pflanzenphysiologe Professor Ulrich Kutschera, hat sich in der Zeitschrift *Reports* (Jg. 26, Nr. 4, S. 31ff.) dafür ausgesprochen, evolutionskritische Bezüge zu „Intelligent Design“ (ID) und „Schöpfung“ in wissenschaftlichen Zeitschriften zu unterbinden (http://www.evolutionsbiologen.de/basic_types06.pdf). Er ruft die Welt der Wissenschaft zu entsprechender Wachsamkeit auf. Besonders erstaunlich: Er beschwert sich darüber, dass Artikel von evolutionskritischen Autoren in den Literaturverzeichnissen genannt werden. So geschehen ist das beispielsweise bei einem Artikel von Georg Menting über schnelle Artbildung bei Buntbarschen, der in der *Naturwissenschaftlichen Rundschau* veröffentlicht wurde. Darin zitiert Menting das evolutionskritische Lehrbuch von Junker & Scherer. Der verantwortliche Redakteur habe – so Kutschera – mittlerweile versprochen, dass so etwas nicht mehr vorkommen werde.¹

Kutschera schildert weitere Beispiele: er moniert Passagen einer Veröffentlichung eines Artikels in der renommierten evolutionsbiologischen Zeitschrift *Trends in Ecology and Evolution*, dessen Zweitautor Siegfried Scherer war. Außerdem beschwert er sich darüber, dass in der Zeitschrift *Flora* der von Scherer herausgegebene Sammelband *Typen des Lebens* positiv rezensiert wurde. In dieser rein biologischen Arbeit werden 14 Grundtypen mit ausschließlich biologisch-taxonomischen Methoden beschrieben. In beiden beanstandeten Publikationen ist von Schöpfung nicht die Rede, sie sind noch nicht einmal evolutionskritisch.

Weiter missfällt Kutschera, dass der ID-Anhänger Wolf-Ekkehard Lönning (immerhin zusammen mit Institutsdirektor Prof. Saedler des MPI Köln) in den weltweit angesehenen *Annual Reviews of Genetics* publizieren konnte. Nach Protesten einiger Evolutionsbiologen habe sich einer der Herausgeber für die Entscheidung des Herausgeberkollegiums jedoch entschuldigt und versprochen, dass ein solcher Irrtum nicht mehr vorkommen werde.

Schließlich stößt sich Kutschera an einem Artikel, der in *Physiologia Plantarum* veröffentlicht wurde. Es geht darin um Cyanobakterien; die Autoren Peschek und Mitarbeiter veröffentlichten dort im Rahmen einer Tabelle eine Abbildung vom hebräischen Text von Genesis 1,1 („am Anfang schuf Gott Himmel und Erde“) und schrieben in der Unterschrift: „The crucial steps in the evolution of the universe, of our earth, and of life on this earth. Left-hand side: Original sentence (Moses 1,1) introducing the creation myth described in the Holy Bible (‘At the beginning God made ...’) – and who knows how it really happened ...?“ Wie konnte dieses Dogma von der Erschaffung Eingang in ein internationales botanisches Journal finden, fragt sich Kutschera. Seine Vermutung: Siegfried Scherer könnte seine Hand im Spiel haben, denn sieben Artikel von ihm über Cyanobakterien wurden zitiert. Tatsächlich handelt es sich bei Peschek um einen ehemaligen wissenschaftlichen „Konkurrenten“ von Scherer; die beiden arbeiteten 10 Jahre auf dem Gebiet der Bioenergetik der Cyanobakterien, hatten jedoch laut Scherer seit 15 Jahren keinen Kontakt mehr. Die zitierten pflanzenphysiologischen Experimentalarbeiten Scherers sind alle in referierten Journalen erschienen. Über eine evolutionskritische Haltung Pescheks, so Scherer, sei ihm nichts bekannt.

Offenbar waren die Gutachter der renommierten Journale bei der Begutachtung der Arbeiten zur Überzeugung gelangt, dass die genannten Artikel üblichen wissenschaftlichen Qualitätsstandards genügen. Erst als sie über die weltanschauliche Einstellung der (z. T. nur zitierten) Autoren informiert wurden, wandelte sich ihre Einschätzung.

¹ Anmerkung vom 30. 10. 2007

Georg Menting, dessen Artikel in der „*Naturwissenschaftlichen Rundschau*“ (NR) von Ulrich Kutschera im „*Reports*“-Artikel erwähnt und moniert wird, machte uns auf folgenden Sachverhalt aufmerksam:

„Die NR-Redaktion hat öffentlich nicht versprochen, dass so etwas nicht mehr vorkommen werde, sondern auf den von Mahner erhobenen Vorwurf, dass in meinem Artikel verdeckt kreationistische Positionen bewerben werden, wie folgt Stellung bezogen (NR 06/2002): »Im Artikel wird unter anderem die Position von Junker und Scherer vorgestellt, zugleich werden die Schwierigkeiten ihres »Modells« explizit genannt. Wir überlassen es dem Leser, sich ein eigenes Urteil zu bilden. Bezüglich der Aktivitäten der deutschen Kreationisten verweisen wir auf unsere Januarausgabe.«“

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n92.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

29.08.07 Bemerkenswertes in der „Wirtschaftswoche“ und in der Stuttgarter Zeitung

Interview mit Professor Spaemann. Ein sehr lesenswertes, ausführliches Interview mit Robert Spaemann, emeritierter Professor für Philosophie der Ludwig-Maximilians-Universität in München, veröffentlichte vor kurzem die Wirtschaftswoche (<http://www.wiwo.de/pswiwo/fn/ww2/sfn/buildww/id/133/id/294085/fm/0/SH/0/depot/0/>). Spaemann äußert sich darin zu Kreationismus, Intelligent Design, zum aktuellen Disput zwischen Evolutionsbiologen und Christen. Erfreulich ist zum einen seine Toleranz, die er Andersdenkenden (hier Kreationisten) gegenüber spüren lässt. Er zeigt auf, dass die Naturwissenschaft ihre Grenzen übersieht, wenn Sie Zielgerichtetheit in der Biologie (Teleologie) wegerklärt, und stellt in der Auseinandersetzung um die Ursprungsfragen naturalistische Dogmatismen fest, die mit Wissenschaft nichts zu tun haben. Sanktionen gegen den Kreationismus, wie von einem europäischen Parlamentarier vorgeschlagen (<https://www.wort-und-wissen.org/disk/9-07/>), lehnt er ab und bemerkt dazu: „Solche Auseinandersetzungen muss man führen auf einer intellektuellen Ebene. Was mich ein bisschen stutzig macht ist die Leidenschaft, mit der nun auf der anderen Seite der Evolutionismus verteidigt wird. Ich kann ja verstehen, dass Kreationisten eine bestimmte Vorstellung von Religion verteidigen. Aber der Evolutionismus ist eine wissenschaftliche Theorie, die immer auch Falsifikationsversuchen ausgesetzt werden sollte“, und kritisiert: „Wenn man nun spricht von bewiesenen Theorien – das macht mich schon misstrauisch, denn in der neuzeitlichen Wissenschaft ist alles Hypothese. ... Im Bereich der Evolutionstheorie aber werden Falsifikationsversuche mit großer Nervosität betrachtet. Und es wird ein Kampf geführt, als ginge es um die Grundlage unserer Zivilisation. Also ich würde sagen: Habt ihr's nicht ein bisschen kleiner? Lasst uns doch die Diskussion führen auf der Grundlage von Argumenten und Gegenargumenten.“ In diesem Zusammenhang kritisiert er Tabus, die unter „political correctness“ aufgestellt werden und macht sich Sorgen um eine „Einschränkung der Meinungsfreiheit“.

Wissenschaftler, die „Intelligent Design“ vertreten, nimmt er gegen den Vorwurf der Unwissenschaftlichkeit in Schutz und fragt: „Ist es tatsächlich mit wissenschaftlicher Aufklärung unvereinbar, unbefangene Phänomene zur Kenntnis zu nehmen und zu behaupten, dass die von der Wissenschaft angebotenen Erklärungen die Welt nicht wirklich erklären?“ Die Möglichkeit, dass hinter der Natur ein Wille steht, schließt er mit folgender Überlegung nicht aus: „Gesetzt den Fall, es wäre so. Was wäre das für eine Wissenschaft, die sagte: Ja aber, wir müssen weiter auf unserer Ebene erklären, auch wenn es uns nie gelingt.“ Und: „Aber wenn die Vermutung, hier sei noch etwas anderes im Spiel uns ein zusätzliches Licht aufsteckt, warum dieses Licht abweisen?“

Diese Streiflichter mögen als Motivation dienen, das gesamte Interview zu lesen.

Stuttgarter Zeitung: „Zufallsprodukt der Evolution - oder nicht?“ Ein weiterer aus der Masse unkritischer Beiträge zum Thema „Evolution“ herausragender Artikel erschien am 17. August in der Stuttgarter Zeitung: „Zufallsprodukt der Evolution – oder nicht? Es lohnt sich, über Darwins Lehre zu streiten“ von Rolf Spinnler (<http://www.stuttgarter-zeitung.de/stz/page/detail.php/1494940>). Der Autor schreibt: „Doch was heißt hier Wissenschaft? Gehört zu deren Prinzipien nicht die Bereitschaft, das herrschende Wissen immer neu einer kritischen Revision zu unterwerfen? Warum fürchten die Anhänger der Evolutionstheorie die Auseinandersetzung mit konkurrierenden Deutungsmustern der Naturgeschichte so sehr, dass sie die Kritiker des Darwinismus immer wieder als

hinterwaldlerische religiose Fundamentalisten hinstellen, die keiner ernst nehmen konne? Den Gefallen wollen wir ihnen hier nicht tun.“ Der Autor schliet seinen Artikel mit dem Satz: „Es macht also einen Unterschied, ob wir uns als Zufallsprodukt der Evolution oder als Ziel eines Schopfungsakts verstehen. Eben deshalb muss weiter uber den Darwinismus gestritten werden.“ Dafur an dieser Stelle ein Dankeschon an den Autor und die Redaktion.

Vier Tage danach erschien ein Gegenartikel von Alexander Mader mit dem Titel „Darwin hat keine Konkurrenz. Die Evolutionstheorie kann sich Erklarungslucken leisten“ (<http://www.stuttgarter-zeitung.de/stz/page/detail.php/1497259>). Darin wird der Vergleich zwischen Evolutions- und Gravitationstheorie bemuhrt (dass Vergleiche dieser Art nicht treffend sind, wird im Newsbeitrag „Wie die Evolutionstheorie vor Kritik geschutzt wird“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=56> erlauert) und anhand von Artbildungsvorgangen die Plausibilitat von Evolution demonstriert. Solche Vorgange sind aber auch Teil der Grundtypenbiologie, die sich auch im Rahmen der Schopfungslehre deuten lasst (Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Entscheidend ist dagegen die Frage, ob Makroevolution nachgewiesen ist (siehe dazu Mikro- und Makroevolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41223&Sprache=de&l=1>). Die Argumentation der Theorie des intelligenten Designs wird unvollstandig dargestellt und behauptet, der Pflicht zur Uberprufung wollten und konnten sich IDler nicht stellen. Hierzu sei auf das Buch „Nur eine Illusion? Biologie und Design“ von Markus Rammerstorfer verwiesen (<http://www.wort-und-wissen.de/info/rezens/b25.html>). Dankenswerterweise pladiert der Autor aber dafur, dass man uber Evolution, Schopfung und den Sinn des Lebens reden konnte und sollte.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n91.php

Zuruck zur Artikel-Ubersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.08.07 Grundsatzklärung der Evangelischen Landeskirche Württemberg zum „Kreationismus“

Leider wird die Diskussion um Schöpfung und Evolution seit etwa zwei Jahren in Deutschland heftiger geführt, als es der Sache zuträglich ist. Die Schärfe liegt allerdings in der Grundsätzlichkeit des Themas begründet: Einerseits hat sich die Evolutionstheorie für viele Zeitgenossen als schlagendes Argument gegen den christlichen Glauben etabliert; andererseits ist mindestens nach reformatorischem Verständnis der christliche Glaube nicht von der Gültigkeit der Schilderungen der Heiligen Schrift abtrennbar, und direkt gegen letztere geht es in der Öffentlichkeit leider oft.

Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen möchte zu dieser Debatte in möglichst sachlicher Weise beitragen. Dasselbe kann man von dem Papier sagen, das Herr Dr. Hemminger verfasst hat und das als Stellungnahme der Evangelischen Landeskirche Württemberg veröffentlicht wurde

(http://www.gemeindedienst.info/weltanschauung/texte/inmatkreationismus_Grundsatz.htm).

Zwar teilen wir manche Einschätzung nicht, die in diesem Papier vorgetragen wird, sind aber froh über die christlich-brüderliche Art, in der das Gespräch gesucht wird.

Wir möchten im Hinblick auf drei Punkte Folgendes zur Diskussion stellen:

1. Zur Evolutionstheorie. In der Biologie gibt es „die Evolutionstheorie“ nicht. Ähnlich wie es bei der Auslegung der Texte Genesis 1-3 innerhalb der Christenheit unterschiedliche Auffassungen gibt, die sich aber im Grundsätzlichen einig sind (Gott hat geschaffen, Er ist nicht Teil Seiner Schöpfung usw.), so gibt es sehr unterschiedliche Auffassungen über Makroevolution, also die Frage, wie sich jenseits der Optimierung von bereits Bestehendem Neues ohne Plan und Ziel gebildet haben könnte. Die verschiedenen Evolutionsauffassungen stimmen zwar darin überein, dass sich alles ohne (auch nur indirektes) Wirken eines Schöpfers entwickelt hat. (Jeder Schöpfungsglaube, der sich diese Sicht zu eigen macht, würde seines Inhaltes entleert.) Darüber hinaus jedoch könnten die Vorstellungen über den konkreten Ablauf der Evolution nicht unterschiedlicher sein. Wir möchten dies schlaglichtartig mit zwei neueren Zitaten belegen:

„Trotz all ihrer unbestrittenen Erklärungskraft weist die Synthetische [Evolutions-]Theorie ernste Mängel auf. Die empirische Basis für den Gradualismus ist bestenfalls schwach. Der direkteste Blick in die Vergangenheit des Lebens auf der Erde vermittelt der Fossilbericht. Mit seinen abrupten Übergängen bietet er jedoch wenig Hinweise für eine allmähliche Evolution neuer Formen. ... Außer diesen Erklärungsdefiziten hat die Synthetische Theorie philosophische Unzulänglichkeiten. Wenn behauptet wurde, dass Evolution graduell sein müsse, und dass makroevolutionäre Schemata vollständig durch das Wirken der natürlichen Selektion und durch Anpassung an die Umwelt erklärt werden können, erhob die Synthetische Theorie überzogene Ansprüche und verließ daher den Bereich der Wissenschaft und entwickelte sich zu einer Ideologie“ (Theißen 2006, in Übersetzung).

„In der Welt des Neodarwinismus war der motivierende Faktor für morphologische Veränderung die natürliche Selektion, die für die Modifikation und den Verlust von Teilen verantwortlich gemacht werden kann. Selektion besitzt aber keine innovative Fähigkeit: sie eliminiert oder erhält, was existiert. Die generativen und Ordnungsaspekte der morphologischen Evolution fehlen daher der Evolutionstheorie“ (Müller 2003, 51, in Übersetzung).

Es ist unseres Erachtens wichtig, dass die theologische Seite den innerwissenschaftlichen Konflikt in seiner Grundsätzlichkeit und Ungelöstheit wahrnimmt. Auch das schützt uns Christen sowohl vor Wissenschaftsfeindlichkeit als auch Wissenschaftsgläubigkeit.

2. Verhältnis Glaube – Wissenschaft. Die Verhältnisbestimmung von Glaube und Wissenschaft ist eine vielschichtige Angelegenheit. Ein für Christen sehr wichtiger Aspekt ist darin die Einschätzung der Heiligen Schrift. Dass sie nicht als wissenschaftliches Lehrbuch missverstanden werden darf, ist selbstverständlich; niemand vertritt bei der SG Wort und Wissen ein solches Verständnis. Die Schrift spricht über die uns zugängliche Natur aber nicht nur in Metaphern, sondern berichtet vom realen Handeln Gottes in eben unserer Welt, mit der sich auch Naturwissenschaften befassen. Daher ist die ganz konkrete, reale Frage nach der Korrespondenz von Schrift und jeweiligem Stand der wissenschaftlichen Naturerkenntnis wichtig und nützlich. Die Inhalte der Heiligen Schrift sind real, weil sie vom Schöpfer veranlasst sind. Daher ist sind die biblischen Texte vertrauenswürdig. Von dieser Basis aus ist sicherlich ein fruchtbares Gespräch unter Christen möglich, die Genesis 1-3 verschieden verstehen. Abwehren müssen wir Weltanschauungen – auch wenn sie sich wissenschaftlich geben –, die das Vertrauen in die Schrift unterminieren wollen. Die Abwehr wird sich wissenschaftlicher, vernunftgemäßer und theologischer Argumente bedienen. Sie wird nicht darin bestehen, dass man der bibel- und schöpferkritischen Haltung mit freundlicher unkritischer Zustimmung begegnet.

3. Zur Rolle von Sünde und Tod in der Schöpfung. Mindestens *eine* sehr zentrale Frage, die sich aus dem Glauben an eine göttlich gewollte Evolution ergibt, ist in der Stellungnahme nicht angesprochen und müsste eigens diskutiert werden: Die gegensätzliche Rolle, die der Tod in Evolution und Heiliger Schrift spielt: dort Teil des Schaffensmechanismus, hier der Feind des Lebens und Werkzeug in der Hand des Teufels (Hebr. 2,14), den unser Herr besiegt hat. Der Tod ist nach der Schrift eine Folge des Gerichts Gottes über die Sünde des Menschen. Im Neuen Testament wird Jesus Christus und sein Werk in einen engen Zusammenhang mit dem Beginn der Menschheit gestellt, wie er in Genesis 1-3 geschildert wird. Das Verständnis der Person und des Wirkens Jesu hängt damit unmittelbar auch mit dem biblischen Verständnis der Urgeschichte zusammen (s. Literaturhinweis und Links).

Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen sieht sich nicht als „kreationistisch“ im gegenwärtig öffentlich gebrauchten Sinne des Wortes (vgl. dazu <https://www.wort-und-wissen.org/disk/4-05/>). Vielmehr möchten wir wissenschaftliche Fragestellungen und Befunde in unserer Zeit als Menschen verstehen, die in ihrem Denken vom Glauben an „Gott den Vater, den Allmächtigen, Schöpfer des Himmels und der Erde“ ausgehen und die immer wieder – im Glauben – konkrete Spuren Seines Handelns in der realen Natur wahrnehmen und sich darüber freuen. Zum Begreifen von Schöpfung, ihrer Herkunft, gegenwärtigen Beschaffenheit und Zukunft, reichen nach unserer Überzeugung wissenschaftliche Erkenntnisse nicht aus, sondern es bedarf der Integration im Wort Gottes geoffenbarter Wahrheiten.

Quellen

Müller GB (2003) Homology: The Evolution of Morphological Organization. In: Müller GB & Newman SA (eds) Origination of Organismal Form. Beyond the Gene in Developmental and Evolutionary Biology. Vienna Series in Theoretical Biology. Cambridge, MA, pp 51-69.

Theißen G (2006) The proper place of hopeful monsters in evolutionary biology. Theorie in Biosciences 124, 349-369.

Literaturhinweis und Links

Junker R (2007) Kreationismus: Theologische Motivation und naturwissenschaftliche Aspekte. In: Klünnert L (Hg) Zufall Mensch? Das Bild des Menschen im Spannungsfeld von Evolution und Schöpfung. Darmstadt, 127-146.

Die biblische Urgeschichte im Neuen Testament,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2022&Sprache=de&l=1>

Evolutionsmechanismen als Schöpfungsmethode?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2023&Sprache=de&l=1>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n90.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

26.07.07 Der Fall des Richard Sternberg – Folgen der Veröffentlichung eines „ID“-Artikels, Teil 2

In einem Diskussionsbeitrag der Studiengemeinschaft Wort und Wissen hatte Christoph Heilig einen Überblick über die Geschehnisse zusammengestellt, welche die Veröffentlichung eines für „Intelligent Design“ argumentierenden Artikels in den USA nach sich gezogen hatte (<https://www.wort-und-wissen.org/disk/d07-1/>). „Intelligent Design“ (ID) ist ein Ansatz einiger Wissenschaftler, die Entstehung der organismischen Komplexität durch Bezugnahme auf eine intelligente Ursache zu erklären (vgl. [Einführung in „Intelligent-Design“](https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1), <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>). Die Veröffentlichung dieses ID-Artikels in einem referierten Wissenschaftsjournal brachte den zuständigen Herausgeber des betreffenden Journals, Richard Sternberg, in große Bedrängnis. Autor Christoph Heilig kam zu folgendem Schluss: „Die Sternberg-Affäre ist von mehrfacher Bedeutung: Zum einen zeigt sich, dass selbst in einer modernen, demokratischen Wissenschaftsnation wie den USA Wissenschaftler aufgrund ihrer (vermeintlichen!) privaten Ansichten massiv diskriminiert werden können. Diese Diskriminierung kann soweit gehen, dass der Arbeitsplatz solcher Wissenschaftler ernsthaft in Gefahr gerät, auch wenn dies anhand der nachgewiesenen Arbeitsleistung nicht begründet werden kann. Vermutlich wird es kaum ein Herausgeber eines biologischen Journals nach diesen Ereignissen mehr wagen, einen offen für ID argumentierenden Artikel zu veröffentlichen.“ Diese Schlussfolgerungen stellte Martin Neukamm in einer Gegendarstellung in Frage und warf Heilig eine „selektive Darstellungsweise“ vor, die zu einem beschönigten und von der Realität abweichenden Bild Sternbergs führe (<http://www.evolutionsbiologen.de/sternberg.pdf>). Kürzlich veröffentlichte nun Christoph Heilig auf seinem Blog „Evolution und Schöpfung“ eine ausführliche Replik auf M. Neukamms Ausführungen (<http://evolution-schoepfung.blogspot.com/2007/07/sternberg-neukamm-und-kein-ende.html>) und zeigte, dass Neukamm „mit eben jener Einseitigkeit berichtet“, die er ihm zu Unrecht vorwirft. Die Entgegnung ist sehr lang geraten, zum einen weil Richtigstellungen meistens sehr aufwändig sind, zum anderen, weil der Autor einige Exkurse zu Themen eingeflochten hat, die zum Verständnis der Zusammenhänge nötig oder hilfreich sind. Der Leser erfährt dadurch auch einige Hintergrundinformationen zur Recherche von Heilig. Interessant sind besonders seine Ausführungen zum in mancher Hinsicht ähnlich gelagerten Fall Gonzales. Die Lektüre lohnt sich, weil die Frage wichtig ist, inwieweit wissenschaftliche Forschung und Publikationen in Fachjournals überhaupt noch ohne Gesinnungsprüfungen möglich sind, die an sich mit dem Inhalt der Publikationen und den fachlichen Qualifikationen der betreffenden Personen nichts zu tun haben. Dass Neukamm und andere versuchen, die Aktionen gegen Sternberg zu verharmlosen, ist vor diesem Hintergrund verständlich. Christoph Heilig weist jedoch in seinem Blog-Beitrag detailliert nach, dass seine Darstellung der Geschehnisse um Richard Sternberg im eingangs genannten Diskussionsbeitrag korrekt und ausgewogen ist.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n89.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.03.07 Der Fall des Richard Sternberg - Folgen der Veröffentlichung eines „ID“-Artikels

„Intelligent Design“ (ID) ist ein Ansatz einiger Wissenschaftler, die Entstehung der organismischen Komplexität durch Bezugnahme auf eine intelligente Ursache zu erklären. Kritiker dieses Ansatzes lehnten wiederholt eine Betrachtung auf wissenschaftlicher Ebene ab mit der Begründung, ID-Befürworter würden ihre Argumente nicht in angesehenen wissenschaftlichen Fachzeitschriften publizieren. Im Jahr 2004 wurde jedoch in einem referierten Wissenschaftsjournal ein Artikel von Stephen C. Meyer veröffentlicht, welcher für den ID-Ansatz argumentierte. („Referiert“ bedeutet, dass vor Veröffentlichung ein strenges anonymes Gutachtersystem durchlaufen werden muss.) Der verantwortliche Redakteur des Journals, Richard Sternberg, sah sich daraufhin mit heftigen Reaktionen aus dem Lager der ID-Kritiker konfrontiert. Diese gingen so weit, dass sogar Sternbergs Entlassung an seinen Arbeitsplätzen, der *National Institutes of Health* (NIH) und dem *National Museum of Natural History* (NMNH) gefordert wurden.

Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen veröffentlichte kürzlich eine ausführliche Dokumentation von Christoph Heilig, in der diese Vorgänge dargestellt werden: <http://www.wort-und-wissen.de/disk/d07/1/d07-1.html>. Die Geschehnisse, die sich durch die Veröffentlichung des Meyer-Artikels ereigneten, werden im einzelnen nachgezeichnet.

Autor Christoph Heilig kommt zu folgendem Schluss: „Die Sternberg-Affäre ist von mehrfacher Bedeutung: Zum einen zeigt sich, dass selbst in einer modernen, demokratischen Wissenschaftsnation wie den USA Wissenschaftler aufgrund ihrer (vermeintlichen!) privaten Ansichten massiv diskriminiert werden können. Diese Diskriminierung kann so weit gehen, dass der Arbeitsplatz solcher Wissenschaftler ernsthaft in Gefahr gerät, auch wenn dies anhand der nachgewiesenen Arbeitsleistung nicht begründet werden kann. Vermutlich wird es kaum ein Herausgeber eines biologischen Journals nach diesen Ereignissen mehr wagen, einen offen für ID argumentierenden Artikel zu veröffentlichen. Zum anderen wurde ein fragwürdiger Umgang mit dem ID-Ansatz offenbar. Richard Dawkins behauptete in seiner bekannten Schrift *‘Why I won’t debate creationists’* folgendes: *‘Habe keine Angst, dass der Herausgeber ihn [den wissenschaftlichen Artikel] ablehnen wird, nur weil er gegen Evolution argumentiert. Im Gegenteil, die Zeitschrift, welche den Artikel veröffentlichen würde, der wirklich einen Irrtum der Evolution oder überzeugende Indizien dagegen feststellen würde, hätte den Knüller des Jahrhunderts in wissenschaftlicher Hinsicht. Herausgeber würden einander umbringen, um ihn in ihre Hände zu bekommen.’* Behauptungen dieser Art sind mit der Sternberg-Kontroverse wohl widerlegt.

Zusätzlich hat der Fall einiges über die wirklich an ID gestellten Forderungen offenbart. Ein Zitat von Klinghoffer bringt das auf den Punkt. Seiner Meinung nach habe das ‘Meyer-Fiasko’ eine zirkuläre Argumentationsstrategie offenbart, mit der gegen ID vorgegangen werde: *‘Critics of ID have long argued that the theory was unscientific because it had not been put forward in a peer-reviewed scientific journal. Now that it has, they argue that it shouldn’t have been because it’s unscientific.’*“

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n77.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.07.07 Online-Umfrage der Tagesschau zum Thema "Schöpfungslehre im Unterricht"

Die Streitfrage "Schöpfung oder Evolution" ist inzwischen auch Thema der öffentlich-rechtlichen Nachrichtenprogramme. So hat die "ARD-Tagesschau" kürzlich eine Online-Abstimmung zum Vorschlag von Hessens Kultusministerin Karin Wolff geschaltet, die christliche Schöpfungslehre in den Biologieunterricht einzuführen.

http://www.tagesschau.de/aktuell/meldungen/0,1185,OID6231340_REF2,00.html

Dieser Vorschlag ist auch unter Schöpfungswissenschaftlern umstritten, da jede Art von Ursprungstheorie naturgemäß einen starken philosophischen Anteil hat. Eine objektive Darstellung der Grenzen der Evolutionslehre und das prinzipielle Aufzeigen von Alternativen wird jedoch begrüßt.

Das Ergebnis der Umfrage:

68,4 % stimmten mit "Ja". 31,0 % stimmten mit "Nein". 0,6 % mit "Weiss nicht".

Aufgrund der Erhebungsart sind die Ergebnisse der Umfrage allerdings nicht repräsentativ.

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n88.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.07.07 „Schöpfung und Evolution“ beim „Forum Grenzfragen“

Am 26. Juni 2007 fand im Tagungszentrum Hohenheim der Akademie der Diözese Rottenburg-Stuttgart eine halbtägige Veranstaltung des „Forums Grenzfragen“ zum Thema „Schöpfung und Evolution“ statt (www.forum-grenzfragen.de/grenzfragen/open/webtodate/aktuelles/veranstaltungen/schoepfungundevolution/index.html).

Zunächst sprach Peter Schuster, Professor für Theoretische Chemie an der Universität Wien, zum Thema „Evolution und Design. Versuch einer Bestandsaufnahme der Evolutionstheorie“. Es folgte Robert Spaemann, emeritierter Professor für Philosophie, mit einem Vortrag über „Deszendenz und Intelligent Design“. Diese beiden Vorträge entsprachen weitgehend den Inhalten zweier Kapitel des Buches „Schöpfung und Evolution. Eine Tagung mit Papst Benedikt XVI. in Castel Gandolfo“, hg. von S. O. Horn und S. Wiedenhöfer, Augsburg 2007 (www.sankt-ulrich-verlag.de/index.php/shop/buecher/titel_von_a_bis_z/s/schoepfung_und_evolution) und können unter dem oben angegebenen Link (Forum Grenzfragen) als mp3 heruntergeladen werden.

Nach einer Kaffeepause folgten kurze Statements von drei Theologen (Wolfgang Beiner, emeritierter Professor für Dogmatik und Dogmengeschichte, Ulrich Lüke, Professor für Systematische Theologie an der TH Aachen, und Privatdozent Dr. Dirk Evers, Forschungs- und Studieninspektor am Forum Scientiarum der Universität Tübingen). Abschließend hatte das Publikum (schätzungsweise 70 Besucher) die Möglichkeit, Fragen zu stellen. Viel Raum für eine kritische Diskussion blieb leider nicht, zumal sich die Referenten in ihren Antworten auf die ihnen gestellten Fragen nicht gerade kurz fassten.

Der Tagungsleiter, Dr. Peitz, stellte anfangs die angekündigten Fragen in den Raum:

- Stellt der Papst die Evolutionstheorie in Frage?
- Legt sich die Kirche auf die umstrittene Theorie vom „intelligenten Design" fest?
- Ist es für ein Bündnis zwischen Theologie und Evolutionstheorie noch zu früh?

Um diese interessanten Fragen ging es während der ganzen Veranstaltung insgesamt jedoch nur am Rande.

Zum Vortrag von Peter Schuster. Im Folgenden sollen einzelne Aspekte aus dem Vortrag von Professor Schuster wiedergegeben und kommentiert werden (es war der einzige naturwissenschaftliche Beitrag sowohl auf der Veranstaltung als auch im oben erwähnten Buch). Sein Vortrag thematisierte die Plausibilität der Evolutionstheorie und nur er ging – wenn auch nur kurz – auf „Intelligent Design“ ein (abgesehen von einigen Randbemerkungen der anderen Referenten und der Diskussionsrunde am Schluss, siehe unten).

Peter Schuster hat in Wien Chemie und Physik studiert und nach einem Aufenthalt beim Chemie-Nobelpreisträger Manfred Eigen in Göttingen als Postdoc (1968-1969) ebenfalls in Wien in Theoretischer Chemie habilitiert. 1977/78 hat er gemeinsam mit Eigen das Modell des Hyperzyklus publiziert (vgl. „Was versteht man unter einem Hyperzyklus? Welche Bedeutung hat er im Zusammenhang mit der Entstehung des Lebens?“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=85&FG=105>). Darüber hinaus hat er eine Reihe von Publikationen über Modelle zur molekularen Evolution, zur Replikation (= Verdopplung) von Nukleinsäuren, sowie zu Bioinformatik und RNA-Strukturen veröffentlicht. In seinem Vortrag (bzw. Artikel) fällt zunächst einmal auf, dass Schuster nichts aus seinem eigenen Fachgebiet thematisiert.

Vergleichend-biologische Argumente. Zu Beginn seines Vortrags trug er seine Sicht der geschichtlichen Entwicklung des Evolutionskonzepts in seinen unterschiedlichen Ausprägungen vor. Dabei bezeichnete er es als „kühne Spekulation“, zur *Zeit Darwins* aus morphologischen Vergleichen auf Evolution zu schließen, aber diese Vorstellung habe sich im molekularen Zeitalter bewahrheitet, da die Basisprozesse bei allen Organismen gleich seien, diese „ganz neuen Stützen“ wären der „stärkste Befund“ für die Evolutionstheorie. Hier ist kritisch anzumerken, dass es sich bei der Betrachtung von molekularen Strukturen prinzipiell genauso um Vergleiche von Ähnlichkeiten handelt wie auf morphologischer Ebene. Von der Struktur des Argumentes her ist das also nicht wirklich neu. Ähnlichkeiten können zwar auf gemeinsame Abstammung zurückgeführt werden, sind aber auch zu erwarten, wenn die Lebewesen erschaffen wurden (vgl. „Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>).

Doch das Argument wurde weitergeführt: Zwischen den alten morphologischen Stammbäumen und den heutigen molekularen Stammbäumen, die unabhängig voneinander entwickelt würden, gebe es „vollkommene Übereinstimmung“. Diese Aussage erscheint sehr kühn und bei Kenntnis der entsprechenden Fachliteratur muss man sich über diese Behauptung wundern. So liefern die für den Vergleich von Sequenzdaten angewendeten Algorithmen keine eindeutigen 2-dimensional darstellbaren Stammbäume, sondern eine Vielzahl mathematisch gleichwertiger Bäume. Aus diesen müssen unter Hinzuziehung weiterer Informationen (z. B. morphologische Stammbäume) die „richtigen“ Stammbäume ausgewählt werden. Je mehr molekulare Sequenzdaten bekannt und zur Bestimmung für Verwandtschaftsverhältnisse eingesetzt werden, um so komplexer und zumindest teilweise widersprüchlicher werden die Resultate (vgl. Molekularbiologie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41302&Sprache=de&l=2>). Dies sei mit einem Zitat aus dem einleitenden Artikel eines Sammelbandes über phylogenetische Systematik von Richter & Sudhaus belegt: „Molekular-systematische und morphologische Analysen kommen zu unterschiedlichen Ergebnissen oder aber die molekularen Analysen widersprechen einander genauso, wie das auch bei unterschiedlichen morphologischen Analysen der Fall ist. Auch die Kombination morphologischer und molekularer Daten in einen einheitlichen Datensatz hat in den meisten Fällen noch nicht zu wirklich überzeugenden Verwandtschaftshypothesen geführt“ (Stefan Richter & Walter Sudhaus (Hg, 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. N. F. 43, 1-221; Zitat S. 5f.). Leider war es später nicht möglich, im Plenum darauf einzugehen, da Schuster zu Beginn der allgemeinen Publikums-Fragerunde abreisen musste.

Wahrscheinlichkeitsrechnungen und „Game of Life“. Im folgenden Teil befasste sich Schuster mit Wahrscheinlichkeitsberechnungen. In Anlehnung an das von Fred Hoyle popularisierte Beispiel legte er dar, dass es verfehlt ist, die Entstehung von Lebewesen mit der spontanen Entstehung eines Flugzeuges durch die Wirkung eines Tornados auf einen Schrottplatz zu vergleichen. Das andere Extrem, dass positive Änderungen Schritt für Schritt letztlich zum Leben führen, sei aber auch unrealistisch. Die Realität liege dazwischen. Eine Antwort, ob es zwischen diesen Extremen einen nachvollziehbaren Weg gebe, vermittelte

Schuster durch seine Ausführungen jedoch nicht, wenn sie auch durch den Vergleich mit einer Fitnesslandschaft dem Publikum nahegelegt wurde.

Weiterhin stellte Schuster das „Game of Life“-Programm von John H. Conway vor, das zeige, dass unter Anwendung einfacher Regeln komplexe Strukturen und scheinbar zweckvolle Vorgänge im Computer simuliert werden können. In einer kurzen Verständnisfragen-Runde wurde die Frage aufgeworfen, ob diese Game of Life-Simulationen überhaupt realistisch in Bezug auf Evolutionsprozesse in der Biologie seien. Das verneinte der Referent eindeutig. Die darauf folgende Frage, ob solche Simulationen folglich überhaupt Relevanz für die Einschätzung der Plausibilität evolutiver Prozesse hätten, blieb unbeantwortet; Schuster wiederholte nur das im Vortrag Gesagte. Die Antwort ist aber klar: Solche Simulationen sind irrelevant für Fragen über Evolutionsmechanismen und beeindrucken nur das methodisch nicht geschulte Publikum. Der Transfer solcher Simulationen auf die Biologie benötigte eine eigene Rechtfertigung; dies wurde aber nicht angesprochen.

„Evolutionäres Basteln statt intelligentem Design? Schließlich ging Schuster auf das Konzept des „evolutionären Bastelns“ ein. Die Natur „designt nicht, sondern verwendet, was sie hat“. Einmal mehr wurde die inverse Lage der Netzhaut unseres Linsen Auges als Beleg für das evolutionäre Basteln bemüht: „Man würde das so nicht designen“; es handle sich um das nicht optimale Ergebnis eines irreversiblen evolutiven Bastelprozesses. Dieses Beispiel wurde im Gespräch der Theologen später weiter aufgegriffen unter der Frage, ob denn alles so intelligent sei, wie wir designt sind. „Spricht das evolutive Basteln gegen Intelligent Design?“ Diese Frage ist jedoch hypothetisch, weil ein evolutives Basteln experimentell nicht nachgewiesen wurde, sondern allenfalls vergleichend-biologisch erschlossen wird (Gene tinkering, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1>). Zudem setzt auch der Begriff des Bastelns und das „Verwenden derselben Moleküle für andere Zwecke“ einen zielorientierten Akteur voraus. Dem Gedanken des „Intelligent Design“ entkommt man auf diese Weise nicht. Behauptete Mängel der Organe, etwa des Auges, sind zudem nie nachgewiesen, sondern nur behauptet, und vielfach widerlegt worden (<http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131-1.html>). Schuster erwähnte selber in seinem Vortrag an anderer Stelle, dass sich die Vorstellung einer funktionslosen „Junk-DNA“ („Abfall-DNA“) nicht bewahrheitet habe. Gerade dieses Beispiel war bis vor kurzem ebenfalls häufig gegen die Vorstellung eines intelligenten Designs zitiert worden; nun scheint es selber im Mülleimer unbrauchbarer Argumente zu landen.

Außerdem hat noch niemand durch einen Vergleich verschiedener Konstruktionen demonstriert, dass man die betreffenden Organe tatsächlich besser bauen könnte als sie in der Realität konstruiert sind. In den kurzen Antworten, die zwei der Referenten gaben, wurden diese Einwände nicht entkräftet; vielmehr kam die Entgegnung, dass man sich Gott nicht als Ingenieur vorstellen dürfe; auch Ingenieure würden viel basteln und man wolle nicht einfach von Gott nur „konstruiert“ sein. **Wenn aber auch Ingenieure basteln, wie steht es dann mit dem Basteln in der Evolution?** Das war ja gerade der Einwand, dass hier durch die verwendete Begrifflichkeit eine Steuerinstanz eingeführt wird, die evolutionstheoretisch ausgeschlossen wird.

Der Zeitplan der Tagung erlaubte eine weitere Diskussion nicht; es wäre wünschenswert, dass dies bei einer anderen Gelegenheit nachgeholt werden kann. Eine solche Diskussion muss auch eine realistische Bestandsaufnahme der Belegsituation für Makroevolution zugrunde legen. Es stellt sich nicht nur die Frage, ob Gott in der Evolution irgendwie wirkt, sondern ob er überhaupt durch Evolution geschaffen hat. Auch die damit verbundenen grundlegenden theologischen Fragen wären dann zu diskutieren (vgl. ► [Die biblische Urgeschichte im Neuen](#)

Testament, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2022&Sprache=de&l=1> und
Evolutionismechanismen als Schöpfungsmethode?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2023&Sprache=de&l=1>).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n86.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.04.07 Prof. Dr. Kutschera verbreitet im „Stern“ falsche Tatsachenbehauptungen über die Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.

Die Zeitschrift „Stern“, Ausgabe 13/2007 vom 22. März 2007, druckte auf S. 178 einen Beitrag unter der Überschrift „Der Schöpfer ist ein Käfermacher“, in dem unrichtige Behauptungen, über die Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V. verbreitet werden. Prof. Ulrich Kutschera behauptet, die Kopie eines Briefes in seinen Unterlagen zu haben, in dem ein Wort-und-Wissen-Mitglied einem Schulleiter anbiete, „Geldspenden an die Schule zu geben, unter der Auflage“, dass das Buch ‚Evolution – ein kritisches Lehrbuch‘ von der Schule „doch bitte schön benutzt wird“. Ein Brief mit diesem Inhalt existiert nicht. Richtig ist, dass ein emeritierter Physik-Professor dieses Buch in einer privaten Aktion als Geschenk angeboten hat. Der entsprechende Brief liegt der Studiengemeinschaft inzwischen vor. Darin wird keine Geldspende in Aussicht gestellt und es wird ausdrücklich darauf hingewiesen, dass das Geschenk keinerlei Verpflichtung für die Schule beinhaltet. Mitglieder der Studiengemeinschaft haben nie die Überlassung privater Spenden an die Verwendung des genannten Lehrbuches geknüpft.

Das „Stern“-Interview enthält weitere unrichtige und tendenziöse Behauptungen über Evolutionskritiker, auf die im Folgenden ebenfalls eingegangen wird.

In der aktuellen Ausgabe des „Stern“ (13/2007 vom 22. März) äußert sich Prof. Dr. U. Kutschera, (Biologieprofessor an der Universität Kassel und Vorsitzender der AG Evolutionsbiologie des Verbandes Deutscher Biologen) in einem Interview zum Kreationismus in Deutschland. Da außer der SG Wort und Wissen e.V. keine andere evolutionskritische Gruppierung in dem von Christoph Koch geführten Gespräch genannt wird, müssen alle Aussagen Kutscheras aus der Perspektive des Lesers eine Bewertung der Studiengemeinschaft darstellen. Dieser Eindruck muss auch deshalb entstehen, weil Kutschera auf das von Wort und Wissen herausgegebene Buch „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>) eingeht.

Wir verwarfen uns dagegen, wenn ein Nachrichtenmagazin wie der „Stern“ sich benutzen lässt, um erfundene Geschichten und unbegründete Unterstellungen mit dem Ziel zu kolportieren, Ängste zu schüren und Christen der Lächerlichkeit preiszugeben. Die kritische Haltung gegenüber dem Alleinerklärungsanspruch der Evolutionstheorie als Ausdruck „deutlicher Bildungsdefizite“ zu werten, beleidigt eine Vielzahl von Wissenschaftlern, Lehrern, Schülern und Studenten, die auch aufgrund ihrer naturwissenschaftlichen Kenntnisse diesem Deutungsansatz ablehnend gegenüberstehen.

Entgegen der Behauptung Kutscheras hat die Studiengemeinschaft „Wort und Wissen“ e.V. niemals Versuche unternommen oder gefördert, das Buch „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“ dadurch in Schulen einzuführen, dass den betreffenden Schulen Geldspenden angeboten werden. Der als Beleg dafür zitierte Brief dokumentiert ein solches Vorgehen in keiner Weise. Das Buch wurde von einem emeritierten Professor der Physik Gymnasien zur Schenkung angeboten. Bei dem uns von Herrn Kutschera inzwischen zugesandten Brief, auf welchen sich seine Aussagen im Interview bezogen, handelt es sich um das Bestätigungsschreiben für Interessenten im Raum Thüringen, die sich das Buch im März 2004 gewünscht haben. Dort steht u.a. ausdrücklich, dass mit dem Buchgeschenk keinerlei Verpflichtungen verbunden sind. Von Geldspenden als Auflage ist nirgends die Rede.

Prof. Kutschera gibt im „Stern“-Interview als Strategie unserer vermeintlichen Angriffe gegen die Wissenschaft die Nutzung akademischer Titel von Evolutionskritikern an. Wir stellen fest, dass Prof. Kutschera seinen Professorentitel ohne Bedenken in den Dienst seiner religionskritischen Aktivitäten als Mitglied des wissenschaftlichen Beirates der atheistisch orientierten Giordano Bruno Stiftung stellt. Vor diesem Hintergrund wird vielleicht verständlich, dass Herr Kutschera es im o.g. Interview „in der Tat beunruhigend“ findet, dass 40% der Studienanfänger der Psychologie an die Existenz einer „höheren Intelligenz“ glaubt.

Entgegen der Darstellung von Prof. Kutschera existieren in den von der Studiengemeinschaft Wort und Wissen herausgegebenen Schriften keine Passagen, in denen Andersdenkende „arrogant und polemisch“ als „überheblicher Materialist“ oder gar als „Terrorist“ bezeichnet werden. Wir bitten Prof. Kutschera, uns entsprechende Nachweise zu nennen, damit wir uns ggf. von solcher Art der Auseinandersetzung distanzieren können. Selbst wenn unsere Kritiker mit unsachlichen Argumenten auf unsere Darstellungen eingehen, darf und wird es derart unwürdige Reaktionen unsererseits nicht geben. Eine uns kürzlich zugestellte, Prof. Kutschera grob beleidigende Reaktion eines Lesers des „Stern“-Interviews bedauern wir sehr. Wir haben diese uns unbekannt Person aufgefordert, sich bei Prof. Kutschera in aller Form zu entschuldigen.

Ein völliges Rätsel bleibt uns die von Prof. Kutschera vorgetragene Behauptung: „Die Schöpfungsgläubigen wollen die wissenschaftlichen Denk- und Arbeitsweisen neu definieren.“ Wir haben wiederholt, ausdrücklich und unmissverständlich deutlich gemacht, dass wir die in den Naturwissenschaften üblichen Methoden der Erkenntnisgewinnung ohne Abstriche akzeptieren (<https://www.wort-und-wissen.org/disk/7-06/>). Nur so lernen wir die Regelmäßigkeiten, die Möglichkeiten und Eigenschaften der Natur verstehen. Jedes Detail, das auf diesem wissenschaftlichen Weg herausgefunden wird, ist uns willkommen. Prof. Kutschera sollte das sehr genau wissen. Wir lehnen es jedoch ab, der Naturwissenschaft Antworten in den Mund zu legen, die sie bisher (noch?) nicht gegeben hat, und Hypothesen voreilig in den Rang von Tatsachen zu befördern. Weiterhin gibt es – und das ist philosophisches Grundlagenwissen - keine plausible Begründung dafür, die Existenz und das Wirken Gottes zu leugnen, nur weil dies mit dem methodischen Inventar der Naturwissenschaften nicht erfasst werden kann.

Was die Wissenschaftlichkeit unserer Publikationen anbelangt: Der Leser ist eingeladen, sich mit dem genannten Lehrbuch selber zu befassen. Er wird feststellen, dass es sich um eine sachliche Auseinandersetzung mit der Evolutionstheorie handelt, welche auf dem Boden gegenwärtigen biologischen Wissens ausgetragen wird. Wir verstehen Prof. Kutscheras Zugeständnis, dass wir uns „sogar krampfhaft an alle Fakten“ halten, als Anerkennung des wissenschaftlichen Niveaus unserer Publikationen.

Es bedeutet für Wissenschaft und Gesellschaft keineswegs den Untergang, wenn Erklärungen für das Sein und Werden unserer Welt und des Menschen auch auf übernatürliche Aspekte Bezug nehmen. Die moderne Naturwissenschaft wurde bekanntlich zum großen Teil von schöpfungsgläubigen Wissenschaftlern begründet. Die biblisch begründete Weltanschauung war und ist ein Fundament unserer Gesellschaft und ihrer wissenschaftlichen Erfolge. Fehlentwicklungen und der Missbrauch dieser Weltansicht sind uns dabei durchaus schmerzlich bewusst.

Prof. Kutscheras Interview ist schließlich geeignet, christliche Ärztinnen und Ärzte in Misskredit zu bringen. Das beschämende Szenario, welches von ihm konstruiert wird, um eine hypothetische, lebensgefährdende Vorgehensweise eines „strenggläubigen“ Oberarztes

zu karikieren, ist nicht nur tendenziös, sondern dokumentiert einmal mehr Kutscheras bedauerliche Unkenntnis des christlichen Glaubens.

Die differenzierte, sachlich begründete sowie solide recherchierte Darstellung von Informationen und Meinungen gehört zum Rechtsanspruch des Lesers gegenüber der Wissenschaft und den Medien. Das „Stern“-Interview mit Prof. Kutschera ging leider in die falsche Richtung.

Dr. Henrik Ullrich

(1. Vorsitzender der Studiengemeinschaft Wort und Wissen e.V.)

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n79.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.03.07 Kontroverse über Wissenschaft und „Intelligent Design“

Am 9. November 2006 veröffentlichte ich auf Einladung von Julio Lambing einen Gastbeitrag zum Thema „Sind Kreationismus und Intelligent Design ‘science stopper’?“ auf dessen Blog (<http://axonas.twoday.net/stories/2912241/>). Eine leicht überarbeitete und gekürzte Version findet sich unter Ist „Intelligent Design wissenschaftsfeindlich?“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=86&FG=4>). Zum „axonas“-Artikel schrieb Martin Neukamm einen Kommentar (http://www.evolutionbiologen.de/junker_axonas.pdf). Eine Analyse der Entgegnung zeigt, dass der Autor sich offensichtlich nur halbherzig mit den eigentlichen Inhalten meines Artikels auseinandersetzte und dass somit seine Kritik am aufgeworfenen Thema vorbei geht. Statt sich mit der Frage „Sind Kreationismus und Intelligent Design ‘science stopper’?“ zu befassen, geht Neukamm zunächst auf die (berechtigte) Frage ein, ob der Analogieschluss, der dem ID-Argument zugrundeliegt, gerechtfertigt sei. Das ist sicher eine wichtige Frage, die ich an anderer Stelle (Intelligent-Design, https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p1622.php) ausführlich diskutiere, aber das war *hier* nicht das Thema. Unerfreulich ist zudem, dass Neukamm so tut, als ob ich (und andere) nie auf diese Frage nach der Berechtigung des Analogieschlusses und auf die Gegenargumente gegen diesen Schluss eingegangen wären. In dieser Hinsicht war sein eigener Artikel zu diesem Thema in den „MIZ“ (<http://www.evolutionbiologen.de/miz304c.pdf>) teilweise schon überholt, als er erschien. Es ergeht an dieser Stelle an den Autor der Wunsch, die Argumente gewissenhafter zur Kenntnis zu nehmen, welche im o. g. Genesisnet-Artikel diskutiert werden.

Im Folgenden befasst sich Neukamm dann mit der Frage der *Beweislast* pro ID oder Makroevolution – ebenfalls eine berechtigte und spannende Frage. Aber auch das stand nicht im Fokus meines Artikels „Sind Kreationismus und Intelligent Design ‘science stopper’?“ Wenn Neukamm schon diese Probleme einbezieht, hätte er auch hier auf meine Ausführungen dazu eingehen müssen, die ebenfalls im oben erwähnten Artikel Intelligent-Design (https://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/p1622.php) publiziert sind (siehe dazu auch die Ausführungen zu dieser Frage im Buch „Nur eine Illusion? Biologie und Design“ von Markus Rammerstorfer). Wenn mir resümierend vorgehalten wird „Über all dies liest man bei Junker aus nachvollziehbaren Gründen nichts“, dann hat Neukamm nur deshalb recht, weil ich dies (dem Anliegen des Artikels entsprechend) nicht zum Thema gemacht habe. Andererseits greifen seine Vorwürfe nicht, weil man über die von ihm aufgeworfenen Fragen an anderer Stelle einiges nachlesen kann.“

Erst auf Seite 3 kommt ein zarter Bezug zu meinem Thema, sogar vorsichtig zustimmend: „Die einzigen halbwegs nachvollziehbaren Argumente lauten, dass ID nicht zwangsläufig ‘Forschung verhindere’ und dass es ‘verfehlt wäre, in Ursprungsfragen nur die Suche nach natürlichen, durch Gesetze beschreibbare Ursachen zuzulassen’.“ Q. e. d. Dann kommt freilich ein Einwand: „Gewiss: *Falls* es einen Designer gäbe, hätte Junker Recht.“ Nein, ich hätte schon recht, wenn die *Option* „Planung“ offen gehalten werden muss und das ist unabhängig von der Frage nach der Existenz eines Designers. Neukamm weiter: „Es ist ihm aber nicht gelungen, plausibel zu erklären, welcher Sinn darin bestehen soll, transnaturale oder teleologische Wirkfaktoren, für deren Beschreibung und Erklärung keine Handhabe existiert, die sich jedweder Überprüfung – ja selbst der Forderung nach intersubjektiven Nachvollziehbarkeit – entziehen, in wissenschaftliche Theorien einzubauen.“ Stimmt, das ist mir nicht gelungen, ich habe es nicht einmal versucht und es ist nicht einmal meine

Auffassung, dass teleologische Wirkfaktoren „in wissenschaftliche Theorien einzubauen“ seien. Vielmehr ging es um folgendes (um mich selbst zu zitieren): „In Ursprungsfragen ist es das Ziel, die Ursachen (welcher Art sie auch immer sind, natürlich oder willensgesteuert) für die beobachteten Phänomene herauszufinden.“ Und für willensgesteuerte Ursachen (sprich: Planung) gibt es Kennzeichen, die zu definieren sind (und auch definiert werden) und nach denen eine ergebnisoffene Wissenschaft suchen kann. Ich empfehle zur Vermeidung von Strohmannargumenten die nochmalige Lektüre des Abschnitts „Das Methodeninventar in der Ursprungsforschung“ meines „axonas“-Artikels. Dann erübrigen sich Sätze Neukamms wie die nachfolgenden: „Eine Wissenschaft, die den Anspruch erhebt, die tieferen Schichten der Wirklichkeit unvoreingenommen und so objektiv wie möglich zu rekonstruieren, kann sich nicht auf geglaubte Wahrheiten, die nur auf subjektiven ‘Erkenntnismethoden’, wie Intuition, Offenbarung und mystische Schau beruhen, noch auf teleologische Deutungen oder auf den Vorwurf stützen, der Naturalist könne etwas prinzipiell nicht erklären.“ So richtig diese Aussagen fast alle sind, es finden sich keine Passagen in meinem Text, die diese Urteile erforderlich machen. Ich habe nur dafür plädiert, die Option auf teleologische Deutungen offenzuhalten. *Teleologische Deutung als Option* bedeutet nicht den Einbau teleologischer Elemente in eine wissenschaftliche Theorie, sondern lediglich deren Beschränkung auf das tatsächlich wissenschaftlich Erklärbare und die Suche nach Kennzeichen von Planung.

Schließlich befasst sich Neukamm mit dem von mir thematisierten Vergleich von historischen Prozessen und gegenwärtigen Entitäten. Ich hatte behauptet, dass man Wie-Fragen von Woher-Fragen unterscheiden müsse. Mit „Wie“-Fragen meinte ich das Erforschen von Aufbau und Funktion biologischer Systeme (also „Wie funktioniert?“ / „Wie ist aufgebaut?“). Die Woher-Frage betrifft dagegen den *einmaligen historischen Vorgang der Entstehung*. Wie aus dem Kontext meines Artikels klar hervorgeht, sollte mit dieser Unterscheidung deutlich gemacht werden, dass das Offenhalten der Option „ID“ Forschung nicht blockiert, sondern im Gegenteil anregt. Denn Naturwissenschaften können direkt nur das „Wie“ im o. g. Sinne erforschen, das „Woher“ jedoch nur *indirekt*. *Und um die Option „Planung“ für die Beantwortung des „Woher“ gut begründen zu können, muss möglichst viel über das „Wie“ herausgefunden werden*. Weder die Erforschung des „Wie“ noch die des „Woher“ wird in irgendeiner Weise behindert oder gar verhindert – im Gegenteil: sie ist ergebnisoffener als eine auf den ontologischen Naturalismus festgelegte Forschung.

Als Fazit kann gezogen werden, dass der Kommentar von Neukamm das Grundanliegen meines Artikels – „Sind Kreationismus und Intelligent Design „science stopper“?“ – kaum berührt.

Unerfreulich auch, dass Neukamm mir Behauptungen unterstellt, die ich nicht vertrete. Er schreibt, ich würde den Versuch unternehmen, „Wissenschaft so zu definieren, als sei der Verweis auf transnaturale und teleologische Wirkfaktoren prinzipiell mit wissenschaftlichen Grundsätzen vereinbar, *ja sogar erforderlich*, will man sich nicht dem Vorwurf aussetzen, eine voreingenommene, dogmatisch-naturalistische Wissenschaft zu betreiben“ (Hervorhebung von mir). Nein – „erforderlich“ ist nur eine *Offenheit dafür*, dass es transnaturale Faktoren geben kann oder gegeben hat. Wer diese Offenheit kategorisch verneint, ist dogmatisch festgelegt, was ihm auch gerne zugestanden sei. Nur sollte man diese Dogmatik bitte nicht unter dem Deckmantel der Wissenschaftlichkeit verschleiern!

Eine grob falsche Behauptung muss abschließend noch korrigiert werden. Neukamm gibt vor zu wissen, ich würde die Evolutionstheorie „nicht etwa aufgrund eines rationalen Abwägungsprozesses für unplausibel“ befinden. Wer das von mir mit herausgegebene Lehrbuch wirklich kennt, kann dies nicht behaupten. Bereits in dessen Vorwort wird gesagt: „Weithin

unbekannte Deutungsprobleme und offene Fragen von Evolutionstheorien werden systematisch thematisiert. Sie haben nach unserer Auffassung ein so großes Gewicht, dass Makroevolution als nicht mehr hinterfragbare Leitvorstellung (...) ernsthaft geprüft und nicht als Tatsache vorausgesetzt werden sollte.“ Es sei daher in aller Klarheit gesagt: Ich halte die Evolutionstheorie *aufgrund empirischer Daten* insgesamt für unplausibel. Warum ich zu diesem Schluss komme, wird ausführlich in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ mit *naturwissenschaftlichen* Daten und Argumenten begründet. Daraus wird auch deutlich, weshalb ich der folgenden Behauptung Neukamms nicht zustimme: „Nach heutigem Wissen sind alle notwendigen Komponenten für eine evolutionäre Erklärung vorhanden.“ Was er dazu nennt, erklärt jedoch nur Mikroevolution, wie in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ mit ausschließlich naturwissenschaftlichen Argumenten gezeigt wird (vgl. dazu auch den Artikel „Was erklärt die Evolutionstheorie? Anfragen eines Kritikers“ (<https://www.wort-und-wissen.org/artikel/was-erklart-die-evolutionstheorie/>, PDF 2,6 MB). Wenn man die experimentell nachgewiesenen Mechanismen in die Vergangenheit extrapoliert (wie Neukamm empfiehlt), dann resultiert daraus nicht Makroevolution, sondern eine zunehmende Spezialisierung in die Sackgassen vorgegebener Entwicklungsmöglichkeiten.

Auf die Korrektur weiterer Unterstellungen verzichte ich an dieser Stelle. Ich empfehle es dem Leser, der meine tatsächliche Position verstehen will, meine oben genannten Artikel zur Sache lesen.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2007, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n76.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.11.06 Aufklärung, Evolution und Gewissensfreiheit

Einige zusammenfassende Gedanken

Verleumderische Medienkampagne. Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen erlebt zur Zeit erheblichen Gegenwind aus den Medien. Es wird uns unterstellt, die Errungenschaften der Aufklärung rückgängig machen zu wollen mit dem Ziel, die Gesellschaft in die Unfreiheit des Mittelalters zurückzuführen.¹ Einer christlichen Privatschule in Gießen wurde in dieser Medienkampagne u.a. vorgeworfen, das von der Studiengemeinschaft herausgegebene Werk *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*² zu verwenden. Die Gießener Jungsozialisten (Jusos) meinten hier aufklärend wirken zu müssen und verteilten am Eingang zum Pausenhof der Schule das Reclam-Bändchen mit Beiträgen zum Thema „Was ist Aufklärung?“³ (so geschehen am 30.10.⁴). Es enthält u.a. Texte von Kant, Hamann,⁵ Herder, Lessing, Mendelssohn und Schiller. Damit sollte wohl suggeriert werden, Aufklärung führe direkt zur Evolutionslehre.

Aufklärung, Vernunft und Evolution. Aber so einfach liegen die Dinge nicht. Der berühmte, in der obigen Aufsatzsammlung zu Wort kommende Philosoph Immanuel Kant fragte 1785 im Anschluss an einige Vorgänger⁶, ob die Lebensformen einst „*alle aus einer einzigen Originalgattung ... entsprungen wären*“. Doch bereitete Kant das Schwierigkeiten: „Ihm stand dabei nicht mehr die Bibel im Weg, sondern die Vernunft.“ Deshalb „erklärt er diesen Gedanken damals für so ‚*ungeheuer*‘, dass ‚*die Vernunft [davor] zurückbebt*“.⁷ Vernunft war bekanntlich ein Hauptbegriff der Aufklärung. Hier zeigt sich exemplarisch: Was man als vernünftig ansieht, ist *kultur- und zeitabhängig*. Etwas, das zu einer bestimmten Zeit der Vernunft entspricht, gilt einer anderen Epoche (oder einem anderen Zeitgeist) als unvernünftig.

Wie arbeiten wir bei Wort und Wissen? Der Beitrag von Kant in der genannten Reclam-Sammlung beginnt mit dem viel zitierten Satz: „*Aufklärung ist der Ausgang des Menschen aus seiner selbstverschuldeten Unmündigkeit*“.⁸ Versuchen wir das für die hier diskutierte Situation zu aktualisieren. Die Überzeugung einer kosmischen und biologischen Evolution ist (nicht nur) in der akademischen Welt tief verankert. Ob das fachlich berechtigt ist, wird bezüglich der Evolution des Lebens z. B. in dem o.g. Lehrbuch (1) kritisch auf *wissenschaftlicher Ebene* diskutiert. Dort wie in anderen Veröffentlichungen sagen wir aber auch offen und deutlich vom ersten Punkt unterschieden, (2) wo wir *weltanschauliche Aussagen* machen, und (3) wo sich unseren Positionen auf der Wissenschaftsebene (bisher) *ungelöste Probleme* in den Weg stellen.⁹

Schuld an eigener Unmündigkeit. Trotzdem erleben wir – von erfreulichen Ausnahmen abgesehen¹⁰ – ganz überwiegend weder eine *sachliche* noch eine *fachliche* Auseinandersetzung mit unseren Auffassungen, sondern oft billige Polemik. Wer das genannte Lehrbuch auch nur flüchtig gelesen hat und es z. B. mit den Diffamierungen vergleicht, die in mehreren Fernsehsendungen gegen uns und das Buch erhoben wurden¹¹, kann sich eigentlich nur verwundert die Augen reiben und fragen: Meinen die wirklich *uns*? Man gewinnt den Eindruck: Hier greift eine bestimmte Art der von Kant beklagten *selbstverschuldeten Unmündigkeit* um sich, die sich strikt weigert, eine von der eigenen abweichende Position auch nur zur Kenntnis zu nehmen. Stattdessen sind viele von Vorurteilen und zum Teil von Ängsten gelenkt (s.u.). Also ist hier unbedingt *Aufklärung* nötig – und die ist leicht zu haben: Indem zahlreiche Medienvertreter und leider auch ein Teil der Wissenschaftler sich nicht länger *unaufgeklärt* verhalten, sondern unsere Veröffentlichungen

lesen – selbstverständlich kritisch, aber vorurteilsfrei (!) – *sine ira et studio* (ohne Hass und Eifer).

Sind wir eine Gefahr für die demokratische Gesellschaft? Auch bei einer solchen Unterstellung kann man sich angesichts der Unkenntnis vieler Medienvertreter und selbst von Wissenschaftlern nur wundern. Weiß man heute wirklich kaum (noch) etwas über unsere kirchengeschichtliche Herkunft (und damit über einen Teil der abendländischen Kultur)? Welchen Hintergrund haben Christen, die auch heute der *ganzen* Bibel vertrauen wollen? Wir sind doch nicht vor kurzer Zeit plötzlich vom Himmel gefallen. – Die meisten Freunde von Wort und Wissen kommen aus Kirchen, Freikirchen, freien Gemeinden und Gemeinschaften, die direkt oder indirekt auf die Reformation zurückgeführt werden können. Für sie ist das Bekenntnis grundlegend, mit dem sich Martin Luther 1521 vor dem Reichstag zu Worms verteidigte: „...so bin ich durch die Stellen der Heiligen Schrift, die ich angeführt habe, überwunden in meinem Gewissen und gefangen in dem Wort Gottes. Daher kann und will ich nichts widerrufen, weil wider [gegen] das Gewissen etwas zu tun weder sicher noch heilsam ist.“¹² Lange vor der Aufklärung wird hier die Glaubens- und Gewissensfreiheit eingefordert. Als weiteres Beispiel sei der *Aufruf zur Toleranz an den Straßburger Rat* des täuferischen Christen Leupolt Scharnschlager aus dem Jahr 1534 angeführt. Er schrieb an die Ratsherren der freien Reichsstadt, wenn sie für sich auf Religions- und Gewissensfreiheit pochen, müssen sie auch ihm Glaubens- und Gewissensfreiheit gewähren.¹³

Gewaltfreie Nachfolge Jesu. Die Forderung nach Glaubens- und Gewissensfreiheit gibt es also nicht erst seit der Aufklärung, und die Studiengemeinschaft Wort und Wissen vertritt sie ebenso. Unser Vertrauen in die Wahrheit der ganzen Heiligen Schrift ist ein freiwilliger Glaubensschritt im Rahmen der Nachfolge Jesu. Gemäß seinem Gebot laden wir alle Menschen zum Glauben an Jesus Christus ein, wozu das Vertrauen in die Wahrheit der Bibel gehört. *Dabei lehnen wir jeden Zwang entschieden ab, auch und gerade im gesellschaftlich-politischen Umfeld.* Denn wir sind keine zu Unfreiheit tendierenden Fundamentalisten¹⁴, sondern als Christen der Bergpredigt verpflichtete Nachfolger Jesu.

Anmerkungen

¹ Belege für solche Unterstellungen findet man leicht in unseren Beiträgen unter der Rubrik PRESSE auf der Homepage der Studiengemeinschaft: <https://www.wort-und-wissen.org/disk/>.

² R. Junker & S. Scherer: *Evolution – Ein kritisches Lehrbuch*. 6. Aufl., Gießen 2006 (siehe <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>).

³ Was ist Aufklärung? Thesen und Definitionen, Hg. E. Bahr, Universal-Bibliothek Nr. 9714, Stuttgart 1974 (später Nachdrucke), 85 Seiten.

⁴ Gießener Anzeiger vom 30. 10. 2006.

⁵ J.G. Hamann (1730-1788) war Freund *und* Gegner Kants, bibelgläubiger Christ *und* umfassend gebildet, schrieb aber nicht leicht verständlich. In seinem Beitrag nimmt er als „einer der beredtesten Wortführer gegen die Aufklärung“ Stellung (Anm. 3, S. 17). Ob die genannten Verteiler des Bändchens dieses „Trojanische Pferd“ bemerkt haben?

⁶ Beispiele solcher Vorläufer z. B. bei Junker & Scherer (Anm. 2), 21/22.

⁷ H. Hölder: Kurze Geschichte der Geologie und Paläontologie, Berlin 1989, S. 170; H. Hölder: Die Entwicklung der Paläontologie im 19. Jahrhundert. In: W. Treue & K. Mauel (Hg.): Naturwissenschaft, Technik und Wirtschaft im 19. Jahrhundert, Göttingen 1976, S. 108 (hier mit Zufügung in eckiger Klammer).

⁸ I. Kant: Beantwortung der Frage: Was ist Aufklärung? (1783; hier Anm. 3), S. 9.

⁹ Unter anderem darin und im Verzicht auf Polemik möchte sich die SG Wort und Wissen von bestimmten kreationistischen Organisationen unterscheiden.

¹⁰ Vgl. z. B. unter <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>. Bemerkenswert ist in diesem Zusammenhang auch der am 4. 10. 2006 in der FAZ veröffentlichte Artikel „Das verschleierte Weltbild zu Kassel“ von Patrick Bahners, in welchem einigen Evolutionsbiologen Dogmatismus vorgehalten wird.

¹¹ Belege dafür und unsere Auseinandersetzung damit sowie die Darstellung unserer Position zu Schule und Gesellschaft unter den o.g. Internet-Adressen (Anm. 1 und 10).

¹² Zitiert nach W. v. Loewenich: Die Geschichte der Kirche, Bd. II, Siebenstern-TB 10, 3. Aufl., München-Hamburg 1969, S. 26/29 (eckige Klammer zugefügt). – Der Einwand, dass es auch Verfolgungen Anders- und Ungläubiger durch Staatskirchen gegeben habe, trifft natürlich zu. Bedauerlicherweise wurde hier gegen die eigenen Prinzipien verstoßen. – Ähnliches gilt von der Aufklärung, die nicht nur demokratische Bewegungen stark beeinflusste (USA; Europa). Vielmehr sahen sich auch überaus gewalttätige Bewegungen (französische Revolution) und Diktaturen (russische Revolution samt politischen Nachfolgebewegungen im 20. Jahrhundert) in der Tradition der Aufklärung, u.a. über die philosophisch-politische Linie Aufklärung – Idealismus – Junghegelianer – Kommunismus. Zu dieser hier grob umrissenen Reihe z. B. W. Lütgert: Die Religion des deutschen Idealismus und ihr Ende, Bd. III, Gütersloh 1926, bes. S. 196-228. 419-450; W. Theimer: Der Marxismus, Dalp-TB 328D, 4. Aufl., Bern-München 1963, 28-42.

¹³ Text bei H. Fast (Hg.): Der linke Flügel der Reformation. Klassiker des Protestantismus, Bd. IV, Bremen 1962, S. 119-130. – Zur freikirchlichen Geschichte der Glaubens- und Gewissensfreiheit z. B. E. Geldbach: Freikirchen – Erbe, Gestalt und Wirkung. Göttingen 1989, S. 45-84.

¹⁴ Vgl. E.J. Schnabel: Sind Evangelikale Fundamentalisten? Wuppertal-Zürich 1995; H. Jaeger & J. Pletsch (Hg.): Fundamentalismus – sind bibeltreue Christen Fundamentalisten? Dillenburg-Wetzlar 2003.

Autor dieser News: Manfred Stephan

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n73.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.11.06 Darf die Evolutionstheorie im Biologieunterricht kritisch betrachtet werden?

Kritik der AG Evolutionsbiologie an Kultusministerin Wolff. In einem offenen Brief vom 25. 10. 2006, welcher medienwirksam zum Reformationstag in zahlreichen Medien aufgegriffen wurde, kritisiert Prof. Dr. U. Kutschera im Namen der AG Evolutionsbiologie im Verband deutscher Biologen die hessische Kultusministerin Karin Wolff (<http://www.evolutionsbiologen.de/ProtestschreibenKultusministerium.pdf>).

Anlass waren Äußerungen der Ministerin, die eine Öffnung des Biologieunterrichtes für evolutionskritische Aspekte und alternative Konzeptionen zur Lebensentstehung anmahnte. Dies halten die Unterzeichner für nicht akzeptabel. Aus ihrer Sicht kollidiere Wolffs Auffassung mit dem öffentlichen, durch Steuergelder finanzierten Auftrag, im naturwissenschaftlichen Unterricht die Inhalte und Methoden wissenschaftlicher Erkenntnisse und Theorienbildung zu vermitteln. „Eine diskriminierende Sonderbehandlung der Evolutionsbiologie als ‚infragestellungswürdig‘ darf es – auch unter Bezugnahme auf die Belange einer ‚christlichen Kultur‘ – nicht geben“ heißt es in dem Schreiben weiter.

Tatsächlich plädierte die Ministerin dafür, neben der Evolution auch Aspekte des christlichen Schöpfungsverständnisses im Biologieunterricht zu behandeln, um die Schüler nicht verbindungslos mit unterschiedlichen Theorien im Bio- und im Religionsunterricht zu konfrontieren. Gerade die Erläuterung von fächerverbindenden Bezügen im Falle der Evolutionstheorie und der biblischen Schöpfungslehre seien als besonderer Anreiz zu begreifen. Zahlreiche Persönlichkeiten der Wissenschaft, die an einen Schöpfer glauben, könnten hier als Beispiel dienen. Deutlich distanzierte sich die Ministerin dagegen von der „recht extremen Position des ‚wissenschaftlich‘ daherkommenden Kreationismus“ (IDEA-Spektrum 3. 10. 2006).

Kritik an der „Tatsache der Evolution“ ist innerwissenschaftlich begründet. Der Vorwurf der AG Evolutionsbiologie gegenüber Frau Wolff, es sei nicht legitim, die Evolution und einzelne Evolutionstheorien wissenschaftlich in Frage zu stellen, ist vollkommen unberechtigt. Dies geschieht nicht, wie durch Kutschera wiederholt behauptet, allein auf der Grundlage einer in den Vordergrund gestellten „außerwissenschaftlichen“ Motivation. Die Kritik hat auch nichts mit einer „Diskriminierung“ der Evolutionsbiologie und ihrer Vertreter zu tun. Vielmehr ergeben sich bei Berücksichtigung der heute verfügbaren, „innerwissenschaftlich“ erhobenen Befunde zahlreiche kritische Anfragen an die „Tatsache der Evolution“ wie auch an die spezielleren Entwürfe einzelner Evolutionstheorien. (Eine ausführliche Darstellung dieses Sachverhaltes mit zahlreichen Beispielen liefert das Lehrbuch: „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“, s. u.) Eine Unterdrückung dieser rein innerwissenschaftlichen Kritik widerspricht dem Wesen von Wissenschaft und ist Ausdruck einer ideologischen Festlegung.

Irreführende Vergleiche. Schließlich argumentiert Professor Kutschera im Schreiben an Ministerin Wolff, dass die Infragestellung der Evolutionstheorie vergleichbar wäre mit der Kritik an der „Astronomie durch die Astrologen“ oder der „Geophysik durch Wünschelrutenträger“. Auch diese Argumentation wurde von den Medien wiederholt aufgegriffen.

Vergleiche dieser Art sind jedoch grob irreführend und kategorial falsch. Zum einen handelt

es sich hier um einen Vergleich einer *naturhistorischen biologischen Theorie* mit einem ganzen *Wissenschaftsgebiet*. Zum anderen sind es, wie bereits erwähnt, innerwissenschaftlich erhobene Befunde, die die Kritik begründen. Es stellt sich doch ganz einfach die Frage, ob es empirische und logische Gründe gibt, eine bestimmte Theorie – um welche es auch immer sich handelt – kritisch zu hinterfragen oder nicht. Die genutzten, bewusst diffamierenden Vergleiche dienen dem Schutz der Evolutionstheorie vor wissenschaftlicher Kritik und sind mithin eine Immunisierungsstrategie.

Pauschale Schubladisierungen. Es ist weiterhin nicht zu akzeptieren, dass pauschal dem „Kreationismus“ wie auch dem „Intelligent Design“-Ansatz im genannten offenen Brief der Stempel einer „Pseudowissenschaft“ aufgedrückt wird, die „einhellig als verfehlt und unwissenschaftlich“ von der „gesamten wissenschaftlichen Gemeinschaft“ charakterisiert würden. Damit stellt man die wissenschaftliche Kompetenz fachlich ausgewiesener, aber evolutionskritisch eingestellter Wissenschaftler pauschal in Abrede. Naturwissenschaftliche Aussagemöglichkeiten sind selbstverständlich begrenzt, das ist wissenschaftstheoretisches Allgemeinwissen. Besonders in Fragen der Ursprungsforschung werden von allen beteiligten Seiten auch Behauptungen aufgestellt, die nicht mehr schlüssig durch Daten gedeckt werden können. Die von Kutschera an Ministerin Wolff geübte Kritik trägt diesen allgemein bekannten Zusammenhängen keinerlei Rechnung. Stattdessen schreibt er dem gegenwärtigen Stand der Evolutionsbiologie Kompetenzen zu, die er nicht hat. Wissenschaftliche Methoden werden auf diese Weise weltanschaulich überhöht (vgl. dazu die Stellungnahme „Studiengemeinschaft Wort und Wissen akzeptiert und nutzt Naturwissenschaft“, s. u.).

Fazit. „Der naturwissenschaftliche Fachunterricht hat das gesicherte Wissen unserer Zeit zu lehren und die notwendigen Prinzipien wissenschaftlicher Forschung und Theoriebildung zu vermitteln.“ Dieser Ansicht Kutscheras schließen wir uns uneingeschränkt an. Wenn darüber hinaus gelten soll, dass der naturwissenschaftliche Unterricht „nicht zuletzt in einer weltanschaulich pluralistischen Gesellschaft, in *allen* Fächern rein wissenschaftlich bleiben“ müsse, dann darf die naturalistische Weltanschauung von Professor Kutschera davon nicht ausgenommen werden.

Wir begrüßen die Äußerungen der hessischen Kultusministerin Wolff und hoffen, dass sie dazu beitragen, eine wissenschaftlich saubere und gewinnbringende Diskussionskultur trotz unterschiedlicher weltanschaulicher Anschauungen an unseren Schulen und Universitäten zu fördern

Weiterführende Links

„Evolution – ein kritisches Lehrbuch“: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>

Presstext „Evolution und Schöpfung in der Schule“ der SG Wort und Wissen: <https://www.wort-und-wissen.org/presse/?n=Presse.P05-2>

Presstext „Studiengemeinschaft Wort und Wissen akzeptiert und nutzt Naturwissenschaft“: <https://www.wort-und-wissen.org/oresse/main.php?n=Presse.P06-2>

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n72.php

22.09.06 „Arte“ schürt Ängste durch Desinformation und Feindbilder

Wer die Trennung von Religion und Wissenschaft rückgängig macht, setzt ein hohes Gut aufs Spiel: gesichertes Wissen aufgrund wissenschaftlicher Erkenntnisse, von denen die moderne Gesellschaft lebt. Diese Ansicht ist aus historischer und wissenschaftstheoretischer Sicht falsch. Ihr zugrunde liegt die ebenso beliebte wie verkehrte Vermischung der „Wie“-Frage (der sich die Naturwissenschaft widmet) und der „Woher“-Frage (für deren Beantwortung auch noch andere Erkenntnismethoden benötigt werden). Doch auf diese Schlussfolgerung arbeitete der am 19. 9. 2006 auf ARTE ausgestrahlte Film „Von Göttern und Designern“ von Peter Moers und Frank Papenbrock gezielt hin.¹ Wer ist so gefährlich, dass man derartige „Geschütze“ auffahren muss? Es geht um Evolutionskritiker, Verfechter des „Intelligent Design“ und Kreationisten, die einmal mehr unterschiedslos in einen Topf geworfen wurden, was völlig unsachgemäß ist („Worin unterscheiden sich Kreationismus und „Intelligent Design“?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=78&FG=1>). Die eingangs beschriebene „Gefahr“ hatte Joachim Bublath im vergangenen Dezember im ZDF dem Publikum schon einmal heraufbeschworen und damit gezielt Ängste vor Ideen und Personen geschürt. Ein angeblich „fast unbemerkt sich ausbreitender christlicher Fundamentalismus“ wird dabei instrumentalisiert, um gegen Menschen Stimmung zu machen, die der Bibel auch in ihren historischen Aussagen vertrauen wollen.

Keine wissenschaftlichen Fragen mehr?

Der Film gibt sich große Mühe zu bestreiten, dass eine wissenschaftliche Debatte um Evolution überhaupt existiert. Von Kreationisten werde nur der *Schein* einer Debatte erzeugt. Dass eine solche Debatte vergangenen November dennoch an der Uni Salzburg stattfand, wurde als Missgriff der Veranstalter dargestellt. Durch geschickten Filmschnitt erweckten die Filmemacher den Eindruck, als habe der dort referierende Evolutionskritiker Reinhard Junker veraltete Argumente präsentiert. Dies funktioniert folgendermaßen: Ein Zitat des Referenten wird von einem Hörer aus dem Auditorium (Professor Adam) mit dem Worten zurückgewiesen, der Referent habe 40, 50 Jahre alte Schemata verwendet; daran wird ein Statement eines anderen Referenten (Dr. Wessel) angeschlossen (welches erst einen Tag später abgegeben wurde), in welchem dieser sich beschwert, dass „so jemand wie Herr Junker“ überhaupt zu einer solchen Veranstaltung eingeladen werde. Man könne hier nicht mehr tolerant sein, weil dadurch Wissenschaft „beschädigt“ werde. Dem Zuschauer wurde aber vorenthalten, dass auf den Einwand von Professor Adam aus dem Publikum postwendend der Hinweis kam, dass fast alle Beispiele in Junkers Vortrag aus den letzten fünf Jahren stammten.² Das Publikum erfährt ebenfalls nicht, dass Dr. Wessel seine Behauptung, Wissenschaft werde beschädigt, gar nicht begründet und dass er keinerlei fachliche Einwände gegen Junkers Argumente vorgebracht hat. Zeit dafür wäre in den Diskussionsrunden zur Genüge gewesen.

Diese Sequenz macht beispielhaft deutlich, dass kaum Bereitschaft vorhanden ist, sich den sachlichen Kritikpunkten an der Evolutionstheorie zu stellen; diese Kritik wird vielmehr fast vollständig unterdrückt. Stattdessen wurde im Film darauf abgehoben, dass es den Evolutionskritikern und Kreationisten gar nicht um wissenschaftliche Fragen gehe, sondern dass sie die Zweifel an Evolution nur dazu nutzen wollten, um auf eine Gesellschaft zuzuarbeiten, die von fundamentalistisch-christlichen Werten geprägt sei. Dies laufe auf Unfreiheit, Bevormundung und einen Rückfall ins Mittelalter hinaus. So schürt man auf gekonnte Weise Ängste beim Zuschauer vor bestimmten Anschauungen und ihren Vertretern.

Kreationismus in der Schule

Dass der Kreationismus im Bildungswesen in Deutschland angekommen sei, wurde am Beispiel der christlichen August-Hermann-Francke-Schule und der staatlichen Liebig-Schule in Gießen demonstriert. „Aussteiger“ aus der Francke-Schule kamen zu Wort. Ein Vater äußerte die Sorge, dass seine Kinder, wären sie bis zum Abitur an der Schule geblieben, im Fach Biologie wohl erhebliche Defizite gehabt hätten. Wieder werden wichtige Informationen unterschlagen. Der Zuschauer erfährt nicht, dass die Schüler christlicher Privatschulen im Fach Biologie in Wirklichkeit gar nicht schlechter abschneiden als andere. Etwas anderes könnten sich Privatschulen, deren Schüler dasselbe Abitur wie Schüler an staatlichen Schulen schreiben müssen, gar nicht leisten. Statt Fakten werden also Vermutungen präsentiert, das aber wirkungsvoll in Szene gesetzt. Warum kommen nur zwei Aussteigerfamilien und ein ehemaliger Lehrer im Film zu Wort, nicht aber die große Mehrheit von Eltern und Lehrern, die anders über die Francke-Schule urteilt? Eine den Filmemachern Moers und Papenbroock bekannte Stellungnahme der Studiengemeinschaft Wort und Wissen zum Thema „Evolution und Schöpfung in der Schule“ findet sich unter <https://www.wort-und-wissen.org/presse/?n=Presse.P05-2>.

Ein bisschen Wissenschaft durfte es schon sein

Reinhard Junker „durfte“ an einem Beispiel den Unterschied zwischen Mikroevolution und Makroevolution erklären und Michael Behe das Konzept der nicht reduzierbaren Komplexität als Argument für Intelligent Design (ID) erläutern. Letzteres wurde vom Bestsellerautor und Darwinisten Richard Dawkins, „zerpflückt“, indem er auf die Behinderung wissenschaftlicher Forschung durch den ID-Ansatz abhob: Ja, es gebe noch offene Fragen, aber er höre dann nicht auf zu forschen und sage dann nicht, ein Designer habe gewirkt. Dabei handelt es um das wohl am meisten gebrauchte Strohmann-Argument gegen „Intelligent Design“, es wurde schon so oft widerlegt (siehe Internet-Links am Ende), dass man Dawkins und vielen anderen bedauerlicherweise nur Unkenntnis der Diskussionslage oder Ignoranz bescheinigen kann. Da aber der Zuschauer in der Regel diese Zusammenhänge nicht kennt und er keine den Tatsachen entsprechende Darstellung erhält, wirkt hier der Film erneut beängstigend nicht nur durch das Gezeigte, sondern durch das, was an relevanten Informationen weggelassen wird.

Kreationismus aus USA und England

Relativ ausführlich wurde über ein geplantes Schöpfungsmuseum von „Answers in Genesis“ und einen großen Kongress dieser Gruppe in England berichtet. Die Selbstsicherheit, mit der dort vage Modellvorstellungen als biblisch und wissenschaftlich begründet dargestellt wurden, war in der Tat erschreckend. Aus der Sicht der Schöpfungslehre scheint es dort keine Probleme und offenen Fragen zu geben; das ist unrealistisch. Die Behauptung, nichts spreche aus wissenschaftlicher Sicht gegen ein Erdalter von 6000 Jahren, ist nicht haltbar. Es ist *eine* Sache, sich aus *biblischen* Gründen aus dem Glauben heraus zu einer jungen Erde zu bekennen (was wir bei Wort und Wissen tun), und eine *andere*, das als *wissenschaftlich gut begründet und als widerspruchsfrei zu wissenschaftlichen Fakten* darzustellen. Wer Letzteres behauptet, handelt sich den Vorwurf leider zurecht ein, Fakten zu ignorieren.³ Und wenn die Evolutionslehre tatsächlich als Grundübel der westlichen Welt ausgemacht wird, pauschalisiert und polemisiert man auf bedenkliche Weise. Moers und Papenbroock haben allerdings genau gewusst, dass sowohl bei vielen „Intelligent Design“-Befürwortern als auch bei Bewegungen wie der Studiengemeinschaft Wort und Wissen ganz anders, nämlich sachlich, sauber und die Person und Position des Andersdenkenden achtend argumentiert wird.⁴

Kardinal Schönborn

Bemerkenswert sind auch die im Film gezeigten Äußerungen von Kardinal Schönborn. Dieser hatte durch einen evolutionskritischen Beitrag in der New York Times Anfang Juli 2005 für weltweites Aufsehen und Empörung gesorgt. In der Arte-Dokumentation bezeichnete er die kreationistische Sicht jedoch als „unsinnig, weil sie eine totale Verwechslung von zwei Ebenen ist“.⁵ Es wurde im Film deutlich hervorgehoben, dass die Kirche kein Problem mit der Evolutionstheorie als wissenschaftliche Erklärung der Lebensentstehung habe, solange die geistlich-seelische Komponente des Menschen ein übernatürlicher direkter Schöpfungsakt Gottes bleibt. Die Amtskirchen würden die „wissenschaftlichen Fakten“ anerkennen. Das ist wohl wahr, aber wieder wurde dem Zuschauer die Information vorenthalten, dass auch „Intelligent Design“-Vertreter und die Studiengemeinschaft Wort und Wissen die wissenschaftlichen Fakten uneingeschränkt anerkennen. Sie versuchen aber, diese anders zu interpretieren. Wie soll man Wissenschaft und Schöpfungsglaube voneinander trennen, wenn Gott die Welt durch sein Wort wirklich und real geschaffen hat? Selbstverständlich muss man Argumentationsebenen und Erkenntnisweisen (Offenbarung auf der einen, empirische Erkenntnis auf der anderen Seite) unterscheiden. Aber beides muss aus christlicher Sicht aufeinander bezogen werden. Auch Kardinal Schönborn, dem inzwischen wohl niemand mehr „evangelikalen Fundamentalismus“ unterstellt, praktiziert das auf seine Weise. Das hängt ganz einfach mit dem Realitätsbezug des christlichen Glaubens zusammen.

Der Film wurde mit „Ein Glaubenskrieg erreicht Europa“ untertitelt. Wer gegen wen wie Krieg führt, konnte der kritische Zuschauer anhand dieses Films eindrucksvoll feststellen.

Wichtige Links

Worin unterscheiden sich Kreationismus und „Intelligent Design“?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=78&FG=1>

Fördert der Ansatz der Schöpfungslehre und des „Intelligent Design“ Forschung?,
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=78&FG=1>

Wie die Evolutionstheorie vor Kritik geschützt wird,
<https://www.genesisnet.info/index.php?News=56>

Evolution und Schöpfung in der Schule: <https://www.wort-und-wissen.org/presse/?n=Presse.P05-2>

Studiengemeinschaft Wort und Wissen akzeptiert und nutzt Naturwissenschaft:
<https://www.wort-und-wissen.org/disk/7-06/>

Informationen zu „Evolution - ein kritisches Lehrbuch“:

<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/> sowie
www.evolutionlehrbuch.info

Anmerkungen

¹ Die entsprechenden Schlusszitate des Films lauten wörtlich: „Wenn zugelassen wird, dass sich christlicher Fundamentalismus weiter verbreitet, gefährdet man ein hohes Gut, das Wissen der nächsten Generation und das Vertrauen in ein demokratisches System, das auch mit ungelösten Fragen leben kann. ... Die Trennung von Religion und Naturwissenschaft hat unzählige neue Erkenntnisse gebracht und das Europa von heute entstehen lassen, eine weitgehend demokratische und aufgeklärte Gesellschaft. Wer die Trennung von Religion und Wissenschaft rückgängig macht, setzt nicht mehr und nicht weniger als diese Errungenschaft aufs Spiel.“

² Reinhard Junker hielt den Salzburger Vortrag auch am 11. 10. 2005 auf der Akademischen Woche der Katholischen Akademie in München. Der Vortrag ist in verkürzter Form abgedruckt in: Zur Debatte – Themen der Katholischen Akademie in Bayern. 35. Jg. 2005, München. Eine ausführlichere Version dieses Vortrags kann unter <https://www.wort-und-wissen.org/wp-content/uploads/a03.pdf> (PDF, 2,6 MB) heruntergeladen werden.

³ Allerdings gilt es umgekehrt auch, diejenigen Befunde nicht auszublenden, die im herkömmlichen Langzeitrahmen schwer zu verstehen sind, und ihnen kritisch nachzugehen.

⁴ Dies haben die beiden Filmemacher Herrn Junker gegenüber bei einer eintägigen Begegnung deutlich zum Ausdruck gebracht. Sie bekundeten dabei darüber hinaus auch Sympathie mit dem „Intelligent Design“-Ansatz. Dies ist auch durch emails mit anderen interviewten Personen dokumentiert.

⁵ In Bezug auf manche kreationistische Strömungen ist diese Einschätzung nachvollziehbar.

aktualisiert am 30. 9. 2006

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n69.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.07.06 Hochaktuelle Themen in neuer Ausgabe von „Studium Integrale Journal“

In der von der Studiengemeinschaft Wort und Wissen herausgegebenen Zeitschrift „Studium Integrale Journal“ erschienen jüngst einige Beiträge zu den derzeitigen Kontroversen um Evolution, Schöpfung und „Intelligent Design“. (Für eine Einführung zu letzterem siehe: Einführung in „Intelligent-Design“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1.>)

Einige Artikel nehmen dabei auf besonders aktuelle Themen Bezug:

- **„Zankapfel Auge. Ein Paradebeispiel für ‘Intelligent Design’ in der Kritik.“** Das menschliche Auge diente in der Medienkampagne des letzten Jahres um Schöpfung, Evolution und „Intelligent Design“ als das wohl meistgebrauchte Beispiel, um Evolution als bewiesen darzustellen. Einerseits, so wurde oft behauptet, habe man im Prinzip verstanden, wie durch Darwinsche Prozesse ein erstes Auge entstehen konnte. Weiter sei im Wesentlichen geklärt, wie daraus die vielen verschiedenen Augentypen durch weitere Evolution (auch vielfach konvergent) entstehen konnten. Und schließlich weise das Linsenauge der Wirbeltiere schwerwiegende Mängel auf, die man nur durch ihre evolutive Herkunft verstehen könne und die den Ursprung durch das Wirken eines intelligenten Urhebers ausschließen. Die vorgebrachten Argumente werden analysiert und es wird gezeigt, dass das Gegenteil aller dieser Behauptungen zutrifft: 150 Jahre nach Darwin ist das Auge auf der Basis des heutigen Wissens noch mehr als damals ein Paradebeispiel für Schöpfung.
- **„Ein Mythos des ‘Wissenschaftszeitalters’: Das Weltbild von der Erdscheibe im Mittelalter.“** Die Auffassung vom rückständigen Mittelalter, das die Erde als eine Scheibe betrachtete, ist historisch eindeutig falsch. Das ist unter Historikern schon länger fast unstrittig. Wie konnte dennoch der „Mythos von der mittelalterlichen Vorstellung von einer Erdscheibe“ entstehen? Der Historiker Jürgen Wolf erklärt dies in seinem Buch „Die Moderne erfindet sich ihr Mittelalter – oder wie aus der ‘mittelalterlichen Erdkugel’ eine ‘neuzeitliche Erdscheibe’ wurde“ wie folgt: Zur Zeit der Aufklärung, gegen Ende des 18. Jahrhunderts sei es die Absicht vieler Autoren gewesen, das Mittelalter möglichst rückständig erscheinen zu lassen und sich mit den eigenen Leistungen von einer vormodernen Phase des vermeintlich kulturellen Niedergangs abzugrenzen. Die Folge sei eine gezielte und absichtliche Verfälschung des mittelalterlichen Weltbildes gewesen. Ein Grund mehr, warum der beliebte und oft herangezogene Vergleich Schöpfungsgläubiger mit den Menschen des Mittelalters verfehlt ist. (Siehe dazu auch: „Glaubten die Menschen im Mittelalter, dass die Erde eine Scheibe ist?“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=81&FG=101>)
- **„Gefiederte Dinosaurier – eine Fehldeutung?“** Wohl keine Tageszeitung hat die Meldungen über gefiederte Dinosaurier als Beleg für deren Vorfahrenschaft der Vögel ausgelassen, aber kaum eine dürfte über die umfangreichen experimentellen Studien berichtet haben, die diesen „Befund“ sehr in Frage stellen. Waren die Federn am Ende nur Kollagenfasern in der Unterhaut dieser Reptilien? Drei Biologen legen dazu experimentelle Studien vor, die genau das nahe legen.

Die aktuelle Ausgabe können Sie bei der Studiengemeinschaft Wort und Wissen online bestellen (<http://www.si-journal.de/index2.php?artikel=jg13/heft1/sij131.html>). Dort finden Sie auch das Inhaltsverzeichnis und das Editorial.

Das „Studium Integrale Journal“ wird seit 1994 halbjährlich herausgegeben und bringt aktuelle Artikel auf populärwissenschaftlichem Level. Schwerpunkt sind dabei Ursprungsfragen in den Naturwissenschaften (Schöpfung / Evolution), es erscheinen aber auch Beiträge aus der Archäologie und anderen Gebieten. Beiträge werden nur nach

Begutachtung durch mindestens zwei Fachleute veröffentlicht, die nicht aus den „eigenen Reihen“ stammen müssen.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n68.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

06.04.06 „Falschaussage“ über Giraffenevolution

In einem Internetbeitrag hat Wolf-Ekkehard Lönning Daten zur Fossilüberlieferung der Giraffen zusammengestellt. Hintergrund seiner Recherche waren Aussagen von Professor Ulrich Kutschera zur Giraffenevolution in der Fernsehsendung „Nano“ (3sat). Kutschera hatte in „Nano“ (erstmalig ausgestrahlt am 29. 11. 2005) folgendes behauptet:

„Wir kennen 20 Millionen Jahre alte Fossilien, fossile Giraffen, Kurzhalsformen, aus denen haben sich die Langhalsgiraffen, die die Savanne bewohnen, entwickelt, wie auch die Kurzhalsgiraffen, die Waldbewohner sind. D. h. die Evolution der Langhalsgiraffe lässt sich über Fossilien rekonstruieren. Es handelt sich um eine Falschaussage in diesem Film.“ Beim zitierten Film handelte es sich um den bekannten Videofilm „Hat die Bibel doch recht? Der Evolutionstheorie fehlen die Beweise“ von Fritz Poppenberg (siehe <https://www.wort-und-wissen.org/produkt-kategorie/dvd/>). In der von Kutschera kommentierten Filmsequenz ging es um die Frage, durch welche *Mechanismen* der besondere Bau der Giraffe, insbesondere der lange Hals und die langen Beine entstanden sind. Der oben wiedergegebene Kommentar von Kutschera traf damit im Grunde genommen gar nicht die Aussage des Films, da die Filmsequenz nicht den Fossilbefund behandelte. W.-E. Lönning ging jedoch der Behauptung Kutscheras nach, dass sich die Evolution der Langhalsgiraffe über Fossilien rekonstruieren lasse. Sein Ergebnis präsentiert er seit kurzem unter http://www.weloennig.de/Giraffe_Erweiterung.1a.pdf. Er befasst sich nicht nur mit Kutscheras Behauptung, sondern auch mit Aussagen von Richard Dawkins und Kathleen Hunt zur Giraffenevolution und kommt zu folgenden Ergebnissen (Hervorhebungen von Lönning):

„1. ... Nach den Aussagen der zur Zeit besten Giraffenforscher der Erde *fehlen ... sämtliche fossilen Bindeglieder, die uns die kontinuierliche Evolution der Langhalsgiraffe aus Kurzhalsgiraffen vor Augen führen könnten*, von der unzureichend beantworteten Faktorenfrage einmal ganz abgesehen. Einige Paläontologen postulieren eine ‘neck elongation macromutation’ für die Entstehung der Langhalsgiraffe.

2. Richard Dawkins erwägt ebenfalls – als deutliche Ausnahme in seinem Theoriengebäude – die Entstehung der Langhalsgiraffe durch eine Großmutation. *Diese Annahme wäre natürlich völlig überflüssig, wenn sich die kontinuierliche Evolution der Langhalsgiraffe tatsächlich über Fossilien rekonstruieren ließe*, zumal ihm die Kontinuitätsauffassung sehr viel mehr zusagt. Dawkins lässt das Okapi im Verhältnis zu *Giraffe* fast doppelt so groß zeichnen wie es in Wirklichkeit ist. Damit erscheint das Evolutionsproblem (die Lücke zwischen den beiden Formen) dann auch nur noch halb so groß. Man darf wohl fragen, ob diese Methode der Wahrheitsfindung dienlich ist.

3. Kathleen Hunt lässt in ihrem vielzitierten Beitrag *Transitional Vertebrate Fossils FAQ* jedoch keinen Zweifel daran, dass die Frage nach dem Ursprung der Giraffen eindeutig und vollständig im Sinne der Synthetischen Theorie gelöst ist (kontinuierliche Evolution durch Mutation, Rekombination und Selektion). Sieht man sich ihre Beweisführung jedoch genauer an, dann stößt man auf zahlreiche Lücken und Probleme und *der Fossilnachweis der kontinuierlichen Evolution der Langhalsgiraffen fehlt* – wie erwartet – *völlig*. Eine Detailanalyse ihrer Ausführungen zeigt somit, dass der starke evolutionäre Eindruck, den man beim ersten Lesen ihrer Ausführungen erhält, im klaren Gegensatz zu den bisherigen paläontologischen Tatsachen steht.“

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n61.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

03.04.06 Neuauflage der „Evolutionenbiologie“ von U. Kutschera wiederholt Irreführendes über Evolutionskritiker

Ende März 2006 erschien die 2. Auflage von Ulrich Kutscheras „Evolutionenbiologie“. In „Wort und Wissen Info“ 3/01 war über die erste Auflage dieses Buches berichtet worden, dass es insofern besonders erwähnenswert sei, als sich zwei der 12 Kapitel mit „Kreationismus“ und Einwänden gegen die Evolutionstheorie befassen, was bis dahin mindestens im deutschsprachigen Raum für ein Lehrbuch ungewöhnlich war (http://www.wort-und-wissen.de/info/i01/3/i01-3.html#idx_4). In der Neuauflage finden sich diese beiden Kapitel wieder, einige Abschnitte davon sind (z. T. erheblich) erweitert worden.

Ich hatte seinerzeit dem Autor als Stellungnahme den oben genannten Artikel aus „W+W-Info“ brieflich zugeschickt und zur Antwort u. a. erhalten, ein Dialog sei aus seiner Sicht sinnlos (Schreiben von U. Kutschera vom 26. 9. 2001 an mich). Offenbar hat Kutschera die im „W+W-Info“ zusammengestellten Kritikpunkte ignoriert, denn er wiederholt im Kapitel „Haupteinwände gegen die Evolutionstheorie und Gegenargumente“ seine von mir monierten fragwürdigen oder unwahren Behauptungen. Auf diese Praxis des Umganges mit Kritik soll in diesem Newsbeitrag eingegangen werden, indem die betreffenden Aussagen Kutscheras in der Neuauflage seiner „Evolutionenbiologie“ dem Text des o.g. „W+W-Info“-Beitrages gegenübergestellt werden.

Auf Seite 231 (1. Auflage S. 197) wird als Ziel der Schöpfungsforschungs-Organisationen bezeichnet, „die Evolutionstheorie durch christlich-religiöse Dogmen zu ersetzen“ (in der 1. Auflage stand übrigens das Wort „Evolutionenlehre“). Dagegen ist schon seit Beginn der Arbeit der Studiengemeinschaft Wort und Wissen immer wieder deutlich gemacht worden, dass es nicht um Dogmen gegen Wissenschaft geht, sondern darum, mit der Schöpfungstheorie einen auch auf wissenschaftlichen Daten basierenden Konkurrenten gegen die Evolutionsanschauung zu etablieren.

Als zweites Beispiel sei die Erwähnung eines Beitrags von Thomas Fritzsche in *Studium Integrale Journal* genannt, in welchem auf die berühmte Berechnung des Erdalters durch Bischof Ussher eingegangen wird (S. 246, 1. Auflage S. 210). Dieser Beitrag ist als wissenschaftshistorischer Artikel klar erkennbar, dennoch tut Kutschera in seiner Erwähnung dieses Artikels so, als ob die Auffassung Usshers unverändert akzeptiert würde.

Ein drittes Beispiel: Der Autor zitiert auf S. 247 (1. Auflage S. 212) aus Siegfried Scherers Buch über die Entstehung der Photosynthese eine Rechnung, wonach die Wahrscheinlichkeit, dass eine spezifische Abfolge von 100 Aminosäuren in einem Protein durch zufällige Aneinanderreihung der Aminosäuren bei etwa $1:10^{130}$ liege und kritisiert dies mit dem Hinweis, dass evolutionstheoretisch ja *nicht* angenommen werde, dass eine solche Abfolge *in einem einzigen Schritt* erreicht werden musste. Außerdem seien in der Evolution nicht von vornherein ganz bestimmte Abfolgen (spezifische Sequenzen) als Ziele vorgegeben gewesen, die dann zufälligerweise hätten erreicht werden müssen. Diese Kritik ist berechtigt. **Doch es ist genau die Kritik, die Scherer in seinem Buch auch darlegt**, um anschließend einen anderen Weg zu gehen. Kutschera hat Scherers Ausführungen erneut vollkommen verdreht zitiert; dies wiegt nun um so schwerer, da ich Herrn Kutschera auf diese Verdrehung hingewiesen hatte. Auf die differenzierte Argumentation zu Wahrscheinlichkeitsrechnungen im Photosynthese-Buch und in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (Kap. IV.7.4) geht

Kutschera mit keiner Silbe ein. Dort wird erläutert, wie Wahrscheinlichkeiten unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen korrekt berechnet werden müssen.

Auf S. 252 (1. Auflage S. 222) will Kutschera den Lesern glauben machen, dass Evolutionskritiker nur Experimentalwissenschaft in der Biologie anerkennen würden und zitiert in diesem Zusammenhang aus dem 1. Kapitel unseres evolutionskritischen Lehrbuchs. Genau dort könnte er aber eine Sicht der Biologie finden, die ihre Vielschichtigkeit und Komplexität repräsentiert. Doch er macht sich nicht die Mühe, dies auch nur ansatzweise darzustellen.

Weiter bringt der Autor als Argument von Evolutionsgegnern, kein Mensch habe „jemals mitverfolgt, wie eine neue Art entstanden ist“ (S. 255, 1. Auflage S. 224), dagegen seien doch Evolutionsvorgänge der experimentellen Analyse zugänglich. Richtig! - **Und genau das ist auch ausführlich in „Evolution - ein kritisches Lehrbuch“ nachzulesen** (<http://www.wort-und-wissen.de/lehrbuch/main.html>). Solche Fälle sind Mikroevolution (Grundtypvariation) und auch im Rahmen der Schöpfungslehre verstehbar (vgl. ► [Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen](#)).

Eine weiterer solcher „Strohmann“ findet sich kurz danach auf S. 257 (1. Auflage S. 227), wo Evolutionskritikern die Behauptung unterstellt wird, Mutationen seien „grundsätzlich schädlich“. **Diese Behauptung findet sich nicht in unserem evolutionskritischen Lehrbuch, vielmehr werden dort Fälle vorteilhafter Mutationen besprochen.** Die weitere Bemerkung, dass Mutationen niemals zu einer Neu- und Weiterentwicklung führen, ist dann aber korrekt (das ist auch eine wesentlich weiter gehende Aussage als nur „vorteilhaft“); doch die Gegenargumente, die Kutschera dazu bringt, sind Beispiele von Mikroevolution.

Auf andere Gegenargumente Kutscheras gegen die vorgebrachte Evolutionskritik soll hier nicht eingegangen werden; das soll an anderer Stelle geschehen. Einem Großteil dieser Gegenargumente kann durch Verweis auf entsprechende Passagen des evolutionskritischen Lehrbuchs oder auf die *Studium Integrale*-Bücher der Studiengemeinschaft Wort und Wissen bzw. *Studium Integrale Journal* (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/studium-integrale-journal/>) begegnet werden.

Soweit die Kritikpunkte, die vor viereinhalb Jahren bereits beispielhaft angemahnt worden waren.

Abschließend soll auf eine besonders schwerwiegende Art der Verdrehung der Position von Junker & Scherer hingewiesen werden, die nur in der neuen Auflage von Kutscheras „Evolution“ enthalten ist. Kutschera schreibt auf S. 260 zunächst richtig, dass nach dem Grundtypenmodell der Schöpfungslehre genetisch polyvalente Stammformen als Vorfahren der Grundtypen existiert haben (vgl. dazu: [Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen](#), <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Dies kommentiert er dann wie folgt: „Mit einer derartigen, der Naturwissenschaft Biologie entlehnten Terminologie werden die Leser des ‘Kritischen Lehrbuchs’ vorsätzlich getäuscht. Gemeint ist ein ‘vom biblischen Schöpfer (Designer) eingebautes Vermögen zur Variation (Speziation)’. Hier wird ein außerwissenschaftlicher Glaubenssatz in der Sprache der modernen Biowissenschaften dargeboten – eine äußerst fragwürdige Methode der Wissensvermittlung.“ – Getäuscht werden hier in Wirklichkeit die Leser der „Evolution“ von Kutschera. Denn sowohl in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ als auch allgemein in der Arbeit der Studiengemeinschaft Wort und Wissen wird großer Wert auf die Unterscheidung von Glaubensebene und empirischer Ebene gelegt. Ob es polyvalente

Stammformen der heutigen Arten gegeben haben könnte, ist allein anhand biologischer Daten zu diskutieren; das wird im kritischen Lehrbuch auch gemacht – und diese kritische Diskussion ist unabhängig von Evolutions- oder Schöpfungsanschauungen möglich. Die weitergehende *Deutung* polyvalenter Stammformen *als ursprünglich geschaffene Arten* steht dann aber im kritischen Lehrbuch unübersehbar unter der Überschrift „**Grenzüberschreitung**“. Diese differenzierte Darstellung verschweigt Kutschera seinen Lesern, und damit ist *er* es, der „täuscht“. Dass Kutschera im Satz „Gemeint ist ein ‘vom biblischen Schöpfer (Designer) eingebautes Vermögen zur Variation (Speziation)’“ einen Teil in Anführungszeichen setzt, suggeriert nach üblicher Gepflogenheit, es handle sich um ein wörtliches Zitat von Junker & Scherer, was aber nicht der Fall ist.

Der Vorwurf der vorsätzlichen Täuschung, den Kutschera vorbringt, ist also sachlich falsch, jedoch geeignet, die Autoren des kritischen Lehrbuchs ins moralische und wissenschaftliche Abseits zu stellen. Dass dies nicht berechtigt ist, ist das Urteil vieler Leser, die sich der Mühe unterzogen haben, die Aussagen des kritischen Lehrbuchs im Originalkontext objektiv zu studieren. So sagt zum Beispiel Hans-Dieter Mutschler, Professor für Natur- und Technikphilosophie an der Hochschule Ignatianum in Krakau: „... dieses Lehrbuch aber ist methodisch nicht unsauber. Der größte Teil behandelt rein empirische Fragen. Davon deutlich abgehoben sind die letzten drei Kapitel mit der bezeichnenden Überschrift ‘Grenzüberschreitungen’“ (Hans-Dieter Mutschler: „Intelligent Design. Spricht die Evolution von Gott?“ Herder Korrespondenz Jg. 59, Heft 10/2005, S. 497-500).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n60.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

18.03.06 Evolutionskritik und ID an der Uni Bern

Seit kurzem gibt es für Biologiestudenten an der Universität Bern das Pflichtfach „Philosophie der Biologie“. Für dieses Fach ist unter anderem der Artikel „Was erklärt die Evolutionstheorie? Anfragen eines Kritikers“ von Reinhard Junker Pflichtlektüre. Diesen Artikel (siehe <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a03/a03.pdf>, 2,6 MB) müssen die Studierenden von der Wort und Wissen-Homepage herunterladen, wie uns kürzlich einige Studenten der Uni Bern mitteilten. Die Literaturliste (www.philoscience.unibe.ch/lehre/winter06/philobio/fragen_hilfe_b.pdf) enthält auch einen Artikel des „Intelligent Design“ (ID)-Vertreters Michael Behe, der durch das Buch „Darwin's Black Box“ und das Schlagwort der „irreduziblen Komplexität“ bekannt wurde. Zu den Prüfungsfragen gehören auch einige Fragen über „Intelligent Design“ (www.philoscience.unibe.ch/lehre/winter06/philobio/fragen4.pdf).

Die Einrichtung des Pflichtfachs „Philosophie der Biologie“ ist sehr zu begrüßen, denn ein Nachdenken über Methoden der Erkenntnisgewinnung in der Biologie kann zur Versachlichung der Diskussion über weltanschauliche Fragen im Zusammenhang mit biologischen Theorien beitragen.

Dass ein evolutionskritischer Beitrag von der Wort und Wissen-Homepage ins Pflichtlektüreprogramm aufgenommen wurde, zeigt, dass der Evolutionskritik ein legitimer Platz in der Kontroverse um Ursprungsfragen eingeräumt wird.

Ein Kurzüberblick über den Inhalt des genannten Artikels von Reinhard Junker findet sich unter <http://www.wort-und-wissen.de/artikel/a03/a03.html>.

Nachtrag 10. 5. 2006

Auf <http://www.evolutionsbiologen.de/genesis180306.html> wurde mittlerweile mitgeteilt, dass nach Auskunft des Leiters dieser Lehrveranstaltung, Prof. Dr. G. Grasshoff, den Studierenden im Rahmen wissenschaftsphilosophischer Betrachtungen vermittelt werden solle, „daß und weshalb es sich bei dem Text der Studiengemeinschaft Wort-und-Wissen um ‘unwissenschaftliches Gedankengut von Sektierern’ handle.“ Die Interpretation, Evolutionskritik von Wort-und-Wissen habe einen legitimen Platz in der Kontroverse um Ursprungsfragen, bezeichnete Grasshoff demnach als „grobe Fehlinterpretation und Verdrehung der Lehrabsicht“.

Die von Grasshoff genannte Absicht ging aus der Beschreibung des Lehrstoffs allerdings nicht hervor. Auch die „Frageserie 4: Evolution und ‘Intelligent Design’“ (<http://www.philoscience.unibe.ch/lehre/winter06/philobio/fragen4.pdf>) ist neutral gehalten und lässt nicht erkennen, dass der evolutionskritische Artikel unter „unwissenschaftlich“ und sektiererisch rangiert.

Da „Genesisnet“ keine falschen Tatsachen vorspiegeln möchte, sei hiermit auf die gesamte Stellungnahme der AG Evolutionsbiologie hingewiesen (Link oben).

Sollte Evolutionskritik allerdings tatsächlich keinen legitimen Platz in der Biologie haben, würde sich die Frage stellen, ob die Evolutionstheorie in ihrer Gesamtheit noch als reine *Wissenschaft* gelten kann.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n59.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

14.03.06 Verfehlte Kritik an der Grundtypenbiologie

In der Ausgabe 4/05 des Magazins „Skeptiker“ (publiziert Anfang März 2006) erschien eine relativ ausführliche Kritik der Grundtypenbiologie (<http://www.martin-neukamm.de/grundtyp.html>, Zugriff 14.3.06), einem Konzept, das von Anhängern der biblischen Schöpfungslehre als Modul einer schöpfungsbasierten Schau der Geschichte der Lebewesen eingesetzt wird. Der „Skeptiker“ wird von der Gesellschaft zur wissenschaftlichen Untersuchung von Parawissenschaften (GWUP e. V.) herausgegeben. Der Autor Martin Neukamm ist als Kritiker des von ihm so genannten „Antievolutionismus“ bekannt.

In dem als PDF herunterladbaren Artikel (Kritik an der Grundtypenbiologie, https://www.genesisnet.info/pdfs/Die_Grundtypenbiologie_in_der_Kritik.pdf) wird ausführlich auf den „Skeptiker“-Artikel eingegangen. Einige Kritikpunkte seien an dieser Stelle in Kurzform genannt:

Neukamm gibt die Grundaussagen des Grundtypkonzepts und der Annahme einer Polyvalenz der Grundtyp-Stammformen im Wesentlichen korrekt wieder, seine Kritik ist jedoch in weiten Teilen verfehlt. Seltsamerweise geht er auf den gleichnamigen, im Juni 2005 veröffentlichten Genesisnet-Artikel „Kritik an der Grundtypenbiologie“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1246&Sprache=de&l=2>) gar nicht ein, obwohl er ihn im Literaturverzeichnis anführt. Stattdessen wiederholt er einige Kritikpunkte aus einem Artikel von Gert Korthof, ohne jedoch auf die dazu veröffentlichte Gegenkritik einzugehen. Neukamm thematisiert insbesondere die Frage, ob mit dem Grundtypmodell „Schöpfung“ getestet werde – eine Frage, der sich der genannte Genesisnet-Artikel ebenfalls explizit widmet. Die darin erläuterten Argumente greift Neukamm jedoch auch nicht auf. Damit bleibt er hinter dem erreichten Diskussionsstand zurück.

Darüber hinaus weist der Artikel von Neukamm schwerwiegende Mängel auf:

- Es fehlt eine klare Differenzierung von Paradigma und untergeordneten Hypothesen, wie sie im Genesisnet-Artikel „Schöpfung und Wissenschaft“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=422&Sprache=de&l=1>) und anderen Genesisnet-Artikeln vorgenommen wird.
- Den Vertretern der Grundtypenbiologie werden Positionen unterstellt, die sie nicht vertreten. Drei von zahlreichen weiteren Beispielen seien hier bereits genannt: Von Anhängern der Grundtypenbiologie wird nicht behauptet, „die Idee eines Schöpfergottes“ mit wissenschaftlichen Mitteln untersuchen zu wollen. Falsch ist auch die Behauptung, die Grundtypenbiologie setze sich „bewusst von den bewährten methodologischen Prinzipien der Wissensgewinnung“ ab. Geradezu abwegig ist die Unterstellung, die Postulate der Grundtypenbiologie würden willkürlich gewählt.
- Neukamm verwechselt Grundpostulate der Schöpfungslehre mit Hilfhypothesen der Grundtypenbiologie. Die darauf weithin aufgebaute Argumentation wird dadurch irrelevant.
- Seine Argumentation vermischt Neukamm das öfteren mit spekulativen theologischen Aussagen, die gar keinen Bezug zur Grundtypenbiologie haben.
- Neukamm behauptet in einer Reihe von Fällen evolutionstheoretische Erklärungen, ohne dies schlüssig zu begründen. Ein Beispiel: Er schreibt: „Wie wir oben gesehen haben, ist z. B. eine ‘programmierte Variabilität’ in gewissem Umfang auch im Rahmen der Evolutionsbiologie zu erwarten.“ Weshalb dies evolutionstheoretisch zu erwarten ist, wird nicht gesagt, und „programmierte Variabilität“ ist zudem durchaus keine Erwartung der Evolutionstheorie, da es sich um eine auf Zukunft angelegte Fähigkeit handelt, für welche Selektion „blind“ ist.

Diese Bewertungen der Neukammschen Kritik werden in dem eingangs genannten PDF („Kritik an der Grundtypenbiologie“, https://www.genesisnet.info/pdfs/Die_Grundtypenbiologie_in_der_Kritik.pdf) ausführlich anhand zahlreicher Zitate begründet und erläutert. Um zugleich einen Überblick über die Antworten auf sonstige Kritik an der Grundtypenbiologie zu geben, wurde der Expertentext des gleichnamigen Artikels in die Entgegnung integriert.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n58.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

13.01.06 Sinnentstellende Aussagen über „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“

Die Reihe unwahrer, irreführender oder sinnentstellender Aussagen über „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>) in der Presse und im Internet reißt nicht ab. Ein weiteres Beispiel liefern Wighart von Königswald und Michael Meyer-Blanck in der Ausgabe vom 5. Januar 2006 des Rheinischen Merkur (<http://www.merkur.de/9816.0.html>).

Die Autoren behaupten: „In einem problematischen biologischen ‘Lehrbuch’ von Reinhard Junker und Siegfried Scherer, das sich selbst ‘kritisch’ nennt und 2001 in 5. Auflage erschien, werden so religiöse und biologische Kategorien in atemberaubender Weise vermischt.“ Später fügen Sie noch hinzu, es würden „unkontrollierte Grenzüberschreitungen vollzogen“. Es ist gänzlich unverständlich, wie die Autoren auf diese irreführenden Behauptungen kommen konnten. Ganz genau das Gegenteil ist richtig: Im gesamten Buch werden religiöse und biologische Kategorien sorgfältig und für den Leser jederzeit nachvollziehbar getrennt. Von Königswald und Meyer-Blanck machen den Leser nicht darauf aufmerksam, dass alle ihre Zitate aus dem letzten Kapitel des Buches stammen, welches gerade mit „Grenzüberschreitungen“ überschrieben ist. Eine Grenzüberschreitung wird im kritisierten Buch präzise definiert und ist deshalb sehr genau kontrollierbar: Sie liegt dann vor, wenn naturwissenschaftliche Daten auf dem Hintergrund weltanschaulicher oder philosophischer Prämissen gedeutet werden. In diesem Sinne begehen auch von Königswald & Meyer-Blanck in ihrem Beitrag Grenzüberschreitungen, leider ohne sie zu kennzeichnen.

Die Autoren informieren den Leser nicht darüber, dass die auf die biblische Urgeschichte bezogenen Zitate im Lehrbuch als eine von mehreren Möglichkeiten genannt sind, wie naturwissenschaftliche Daten derzeit unter Vorgabe biblischer Aussagen gedeutet werden könnten. Sie teilen auch nicht mit, dass in diesem Zusammenhang Prüfungsmöglichkeiten genannt werden, sowie deutlich auf solche Daten hingewiesen wird, welche in diesem Deutungsrahmen Probleme bereiten.

Die Autoren verschweigen schließlich, dass sich 90% des Buches mit rein naturwissenschaftlicher, sachlicher Kritik an der Evolutionstheorie befassen und ziehen es vor, sich dieser Kritik nicht zu stellen. Damit reihen sie sich in den üblichen Stil der Auseinandersetzung der letzten Monate ein (siehe dazu <http://www.wort-und-wissen.de/presse/p05/3/p05-3.html> und <http://www.wort-und-wissen.de/presse/p05/4/p05-4.html>). Das ist ein Schritt in die falsche Richtung.

Trotzdem wünschen sich von Königswald & Meyer-Blanck: „Doch für das Gespräch über Naturwissenschaft und Religion braucht es mehr: ein Denken, das nicht gegeneinander ausspielt oder vermischt, wo unterschieden werden muss.“ Diesem Wunsch schließen haben sich die Autoren von „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ in ihrem Buch uneingeschränkt und explizit an.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n57.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

10.01.06 Wie die Evolutionstheorie vor Kritik geschützt wird

In der aktuellen Debatte um Schöpfung, „Intelligent Design“ und Evolution tauchen häufig bestimmte Argumentationsmuster und Strategien auf, mit denen die Evolutionsanschauung vor grundsätzlicher Kritik geschützt wird. Im folgenden ist mit „Evolution“ (auch in den Zitaten) die Gesamtevolution allen Lebens, also die Entstehung neuer Baupläne gemeint (Makroevolution, siehe ► Mikro- und Makroevolution). Dass es zahlreiche Variationsmechanismen bis hin zu Art- und Gattungsbildung gibt, ist unstrittig, kontrovers zu diskutieren ist aber die Frage nach der Makroevolution. Wie wird diese Diskussion zu verhindern versucht?

Makroevolution wird als Tatsache hingestellt und das wird durch irreführende Vergleiche zu untermauern versucht.

So sagt Ulrich Kutschera in „Frontal 21“ (ZDF, 15. 11. 2005): *„Evolution ist eine dokumentierte Tatsache, so sicher wie zum Beispiel, dass die Erde keine Scheibe ist. Die Erde ist rund, Evolution hat stattgefunden, daran zweifelt kein kompetenter, sachkundiger Biologe mehr.“* Die Erforschung der evolutionär gedeuteten Geschichte des Lebens (Makroevolution) wird damit als wissenschaftstheoretisch gleichartig mit der Erforschung der Gestalt der Erde hingestellt. Andere haben die Evolutionstheorie mit der Atomtheorie verglichen. Diese Vergleiche sind wissenschaftstheoretisch unhaltbar. Hier liegt ein entscheidender Fehler in der Argumentation. Eine ausführliche Begründung bietet der Genesisnet-Artikel: Methodik der historischen Forschung, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40462&Sprache=de&l=1>.

Aus diesen irreführenden Vergleichen werden zwei Dinge gefolgert, die folglich genauso falsch sind wie der Vergleich, auf dem sie beruhen:

- Eine kritische Auseinandersetzung darüber, ob Evolution wirklich abgelaufen ist oder nicht sei genauso unsinnig, wie darüber zu debattieren, ob die Erde eine Kugel ist. Damit erübrige sich, sich mit grundsätzlicher Evolutionskritik zu befassen, ja das sei sogar unsinnig.¹ Folglich gebe in der Biologie keine Debatte über Evolution.
- Wer die „Tatsache Makroevolution“ bestreitet, ist wissenschaftsfeindlich, da er feststehende wissenschaftliche Tatsachen negiert. Das erklärt, weshalb beispielsweise der „Spiegel“ in seiner letzten Ausgabe von 2005 Evolutionskritiker als „Wissenschaftsfeinde“ bezeichnet (vgl. dazu Die Evolutionsbeweise des „Spiegel“, <https://www.genesisnet.info/index.php?News=55>).

Aus der vermeintlichen Wissenschaftsfeindlichkeit folgt die weitere, noch schwerer wiegende Schlussfolgerung, der aufgeklärten Gesellschaft solle die Grundlage entzogen werden („Der Spiegel“, 52/2005, S. 136). **Die dahinterstehende Logik:** Wissenschaft ist das Fundament von vielen Lebensbereichen (Medizin, Technik etc.), wer Evolution bestreitet, ist gegen Wissenschaft und damit gegen die Grundlagen unserer Gesellschaft. Daher sind Evolutionskritiker sogar gefährlich, ihre „Einmischung“ in die Wissenschaft ist intolerabel, und sie müssen bekämpft werden.

Der Schluss ist nun klar: Wer will schon, dass unsere Gesellschaft ihrer Grundlagen beraubt wird, zu denen (vermeintlich) auch die Evolutionstheorie gehört? In Wirklichkeit stellt sich diese Frage jedoch gar nicht. **Diese vermeintliche Gefahr wird erst dadurch konstruiert, dass man durch irrige Assoziationen der Evolutionstheorie Qualitäten zuspricht, die sie nicht hat: wissenschaftlich bewiesen und Fundament der Gesellschaft zu sein.**

Das Ergebnis: Die Evolutionsanschauung *als Rahmenparadigma* wird generell vor sachlicher Kritik geschützt.

Es wird zwar eingeräumt, dass die Evolutionstheorie „unvollständig“ und „lückenhaft“ sei; dies begründe aber ihre Ablehnung in keiner Weise und berechtige nicht zu fundamentaler Kritik.

Die Evolutionstheorie wird beispielsweise mit einem Mosaik mit Leerstellen verglichen. Das Motiv des Mosaiks sei jedoch klar. Ist aber dieser Vergleich treffend? Hier muss man differenzieren.

- In der Frage der **Mechanismen für Makroevolution** und in der Frage nach der Entstehung des Lebens ist dieser Vergleich unpassend. Oft wird der Eindruck erweckt, als sei die Mechanismenfrage seit Darwin durch dessen Selektionstheorie im Wesentlichen beantwortet und wer das Gegenteil behauptete, trage die Beweislast. Davon kann aber nicht die Rede sein. Wenn man *hier* mit dem Mosaikvergleich operiert, dann fällt er eher so aus, dass man nur ein paar unbedeutende Teile kennt, aus denen sich das Bild noch nicht einmal ansatzweise abzeichnet. Zur Begründung sei auf die Genesisnet-Artikel zur Präbiotischen Chemie und die Artikel zu den molekularen Mechanismen der Evolution verwiesen (Gene tinkering, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1> und Homeobox-Gene und Evolution, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41265&Sprache=de&l=1>). Ohne einen funktionierenden Mechanismus kann die Evolution der Lebewesen aber nicht als Tatsache gelten (vgl. Evolutionsparadigma und Naturwissenschaft, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40464&Sprache=de&l=2>, Abschnitt „Die Plausibilität der Abstammungslehre ist vom Stand der Ursachenforschung abhängig“).

- Die Ablehnung der „Tatsache der Evolution“ wird aber von den Kritikern nicht nur mit der fehlenden (bzw. vermeintlich nur lückenhaften) Kenntnis der Mechanismen für *Makroevolution* begründet, sondern auch mit der **mangelnden Stichhaltigkeit der für sie vorgebrachten Belege**. Dass viele Daten durch *Makroevolution* *deutbar* sind, wird nicht bestritten, wohl aber der *Absolutheitsanspruch* dieser Deutung. Dass und weshalb die Belege für *Makroevolution* in Frage gestellt werden können, wird in vielen Artikeln in *Genesisnet* sowie ausführlich in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ begründet. Bedenklich ist hier die Aussage Martin Neukamms: „Ist das Fehlen stichhaltiger Beweise also ein wissenschaftlicher Grund, um die Deszendenztheorie abzulehnen? Selbstverständlich nicht!“ (<http://www.evolutionbiologen.de/philssemj.pdf>) Abgelehnt wird nur ein *Absolutheitsanspruch*. Umgekehrt aber: **Warum sollte man trotz Fehlens stichhaltiger Beweise Makroevolution als Tatsache betrachten?** Doch nur dann, wenn die Evolutionsanschauung als Rahmenparadigma *de facto* als Glaubensgrundlage fungiert, die nicht angetastet und vor grundsätzlicher Kritik geschützt wird.

Berufung auf Mehrheiten und persönliche Diffamierungen

Ein weiteres beliebtes Mittel zum Schutz der Evolutionstheorie vor Kritik die Berufung auf die erdrückende Mehrheit der Wissenschaftler; dies kommt beispielsweise im eingangs genannten Zitat von Kutschera zum Ausdruck: „... *daran zweifelt kein kompetenter, sachkundiger Biologe mehr.*“ Stellt sich nur noch die Frage, woran man die Kompetenz von sachkundigen Biologen festmacht.

Schließlich genügt oft schon der Hinweis auf das konservative Bibelverständnis von Evolutionskritikern, um den Diskurs auf der Sachebene erst gar nicht zu eröffnen. Stattdessen wird mit Begriffen wie „sektiererisch“, „fundamentalistisch“, „religiös eifernd“, „wissenschaftsfeindlich“ etc. nicht gespart. Es genügt zu glauben, dass Adam und Eva als Stammelternpaar der Menschheit tatsächlich gelebt haben, um als nicht diskursfähig zu gelten.

Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen ist wissenschaftsfreundlich.

In dem von „Wort und Wissen“ herausgegebenen Lehrbuch („Evolution – ein kritisches Lehrbuch“, <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>) werden die Evidenzen für Evolution ausführlich und respektvoll dargestellt. Ein besonderes Augenmerk wird aber darauf gelegt, wo die Grenzen naturwissenschaftlicher Aussagemöglichkeiten liegen und wo Behauptungen nicht mehr schlüssig durch Daten gedeckt sind. **Das ist wissenschaftsfreundlich, weil der Vorläufigkeit und der Begrenztheit wissenschaftlicher Aussagen Rechnung getragen wird und der Wissenschaft nicht Fähigkeiten zugeschrieben werden, die sie nicht hat.** Wissenschaft wird also nicht weltanschaulich überhöht. Auch der Ansatz des „Intelligent Design“ beinhaltet eine saubere Trennung von Wissenschaft und Weltanschauung. Die Vermischung von beidem wird von uninformierten Kritikern behauptet, um diesen Ansatz *im Vorfeld* einer Sachauseinandersetzung zu diskreditieren bzw. zu verhindern.

Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen ist aber **nicht wissenschaftsgläubig**. Damit ist gemeint, dass Wissenschaft in Ursprungsfragen nicht als *alleinige* Erkenntnisquelle betrachtet wird. In Fragen zur Geschichte des Lebens, zu welchen sich die biblische Überlieferung klar äußert, räumt die Studiengemeinschaft der biblischen Offenbarung bei Widersprüchen mit (immer nur vorläufigen) wissenschaftlichen Theorien mehr Gewicht ein. Die sachlichen Probleme dieses Ansatzes (z. B. junge Erde) werden nicht verschwiegen. Auch darin zeigt sich die Wertschätzung (aber nicht Absolutsetzung) wissenschaftlicher Erkenntnis, da dem eigenen Weltbild widersprechende Befunde weder geleugnet noch verschwiegen werden. Wort und Wissen lehnt ein naturalistisches Weltbild ab, ist aber sicher kein Feind der Wissenschaft.

Anmerkung

¹ Kutschera hält den Terminus „Evolutionskritik“ sogar für einen Unbegriff und wird wie folgt zitiert: „*Man stelle sich nur einmal vor, ein Chemie-Professor würde öffentlich die inhaltlichen und methodischen Grundlagen der Chemie verteidigen, nur weil ein ‘Atom-Kritiker’ aus religiösen Gründen glaubt, den Einfluß von Göttern,*

Geistern oder Dämonen in der Chemie annehmen zu müssen. Das wäre blanker Unsinn“ (<http://www.evolutionbiologen.de/althaus.html>). Hier werden gleich zwei Fehler begangen: 1. Der unhaltbare Vergleich zwischen historischer und empirischer Wissenschaft liegt wiederum zugrunde (Vergleich Evolution – Inhalt der Chemie), 2. Ein *Inhalt* (historische Evolution) wird mit einer *Methode* („methodische Grundlagen der Chemie“) verglichen.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n56.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

07.01.06 Die Evolutionsbeweise des „Spiegel“

In der Weihnachtsausgabe widmete sich der „Spiegel“ (Nr. 24. 12. 2005) ungewöhnlich ausführlich auf 15 Seiten dem Thema „Gott gegen Darwin. Glaubenskrieg um die Evolution“. Unterschiedliche Aspekte der Auseinandersetzung um die Evolutionslehre werden thematisiert, eine Reihe bemerkenswerter Zitate zusammengestellt. Das Blatt präsentiert auch einige „Beweise“ für Evolution. „...die Beweise, die Tausende Wissenschaftler im Verlaufe der letzten 150 Jahre zusammengetragen und gegengeprüft haben, sind überwältigend.“ Um diese „Beweise“ soll es im Folgenden gehen. Man kann davon ausgehen, dass der „Spiegel“ als besonders wichtig erachtete Belege präsentiert hat. Tatsächlich sind sie wenig beweiskräftig. Teilweise wurden dieselben Argumente aufgegriffen wie in der letzten 2005er-Ausgabe des Wissenschaftsmagazins *Science*, welche der „Spiegel“ auch zitiert; dazu sei auf den Newsbeitrag „Charles Darwin, der Held des Jahres 2005“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?News=54>) verwiesen. Im Einzelnen:

Spiegel: „Alltäglich bestätigt sich die Abstammungslehre durch Erbgut-Analysen und Fossilfunde aufs Neue.“

Stellungnahme: Durch Erbgutanalysen können Ähnlichkeiten und Unterschiede zwischen verschiedenen Arten festgestellt werden. Hier werden in der Tat täglich neue Daten produziert. Doch ob diese Ähnlichkeiten auf Evolution zurückgehen, ist keine Sache empirischer Forschung und auch keine Frage der *Menge* dieser Daten. Vielmehr werden diese Befunde unter der *Vorgabe* von Evolution gedeutet, sie stellen keine direkten Belege für Evolution dar, denn das, was man beweisen will, wird schon vorausgesetzt. Einfach ausgedrückt: Man sieht es den Ähnlichkeiten – auch des Erbguts – nicht direkt an, ob sie durch Abstammung entstanden sind oder auf einen Schöpfer zurückgehen. Oder anders gesagt: *Ähnlichkeitsvergleiche* besagen nichts Eindeutiges über die *Herkunft* der verglichenen Dinge (wie z. B. der Genome) und schon gar nichts über *Mechanismen*, die eine *erklärende* Theorie benötigt. **Evolution ist eine mögliche Interpretation von Ähnlichkeiten, aber keine zwingende.** Eine detaillierte Diskussion der evolutionären Interpretation von Ähnlichkeiten kann als PDF-Datei heruntergeladen werden (Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, https://www.genesisnet.info/pdfs/Evolution-Vergleichende_Morphologie_und_Anatomie.pdf), ein einführender (gleichnamiger) Artikel hier zu finden: Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>.

Spiegel: Eine Zehe des „Urvogels“ *Archaeopteryx* „verrät die verblüffend nahe Verwandtschaft des Urvogels mit den bipeden [= zweibeinigen] Raubsauriern“, da sie starke Ähnlichkeiten mit der „Mörderkralle“ des Dinosauriers *Velociraptor* zeigt.

Stellungnahme: Auch hier liegt ein vergleichend-biologisches Argument zugrunde: Der Vergleich *Archaeopteryx* mit *Velociraptor* offenbart Ähnlichkeiten in einem bestimmten Merkmal. In der Tat: Die „Mörderkralle“ kann als Argument für eine Abstammungsverwandtschaft betrachtet werden. Doch in anderer Hinsicht ist *Archaeopteryx* gegenüber zweibeinigen Raubdinosauriern einzigartig, vor allem durch den Besitz von Federn, die den Federn heutiger Vögel im Wesentlichen gleichen. Und wenn schon die neu beschriebene „Mörderkralle“ aus der aktuellen Forschung erwähnt wird, hätte auch eine im Oktober 2005 veröffentlichte experimentelle Studie angeführt werden können, nach welcher die Deutung von „Dino-Federn“ bei verschiedenen kreidezeitlichen Dinosaurier-Gattungen als Belege für Federvorstufen stark in Frage gestellt wird (Feduccia A, Lingham-Soliar T & Hinchliffe JR (2005) Do Feathered Dinosaurs Exist? Testing the Hypothesis on Neontological

and Paleontological Evidence. *Journal of Morphology* 266, 125-166). Damit steht *Archaeopteryx* mit seinen modernen Federn wieder isolierter da, als es in den letzten Jahren der Fall zu sein schien. **Wie so oft werden einseitig nur Daten präsentiert, die Evolutionsvorstellungen stützen.** Solche Daten gibt es, aber auch andere, widersprechende. Es kommt auf einen Gesamteindruck an.

Spiegel: Man könne „direkt im Labor Zeuge des evolutionären Wandels“ werden. „Tagtäglich bestätigt sich dabei das Prinzip von Variation und Auslese. ... Bald wird sich im Detail nachvollziehen lassen, wie geringfügige Unterschiede im Erbgut die Gestalt verändern und Spitz, Dogge oder Schäferhund hervorbringen können.“

Stellungnahme: Wie auch im Newsbeitrag „Charles Darwin, der Held des Jahres 2005“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?News=54>) erläutert, handelt sich bei solchen Beispielen um mikroevolutive Prozesse. Anpassungs- und Spezialisierungsvorgänge wie auch Aufspaltung einer Art (Artbildung) sind jedoch keine exklusiven Bausteine im Gebäude der Evolutionstheorie. Sie sind auch ein wichtiger Bestandteil des Konzepts polyvalenter Grundtyp-Stammformen im Rahmen der Schöpfungslehre (vgl. „Heutige Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1> und „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>).

Spiegel: „Das Prinzip, nach dem die Erbgutverdopplung zur Artenvermehrung beitrug, beschreibt Fischexperte Meyer so: ‘Kopie A macht den normalen Job. Und Kopie B mutiert fröhlich vor sich hin.’ Das eine Genom garantiere also den gewöhnlichen Fortpflanzungs- und Überlebensbetrieb. Mit der Kopie aber konnten die Fische gefahrlos experimentieren.“

Stellungnahme: Was sich locker anhört, ist als Evolutionsmechanismus zur Hervorbringung neuer Merkmale jedoch experimentell nicht nachgewiesen. Das Problem: Damit Erbgutverdopplungen (Genduplikationen) zu einer evolutionären Innovation führen können, müssen duplizierte Gene zunächst inaktiviert werden, damit sie nicht sofort der Selektion zum Opfer fallen. Während die Selektion fehlt, sammeln diese stillen Gene jedoch nicht nur positive Mutationen (für eine zukünftige neue Funktion), sondern weit mehr schädliche Mutationen an. Das Wieder-Einschalten solcher Gene ist zudem im Allgemeinen unwahrscheinlich und zum „richtigen“ Zeitpunkt (wenn die Information für ein neues Protein fertig ist) noch unwahrscheinlicher (Details in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch, Seite 126-127; siehe auch www.weloennig.de/Genduplikationen.html).

Spiegel: „Wie Star-Architekten gebärden sich diese sogenannten Homöoboxgene. Sie entwerfen den großen Plan, sagen den Zellen in Embryos, ob sie Kopf oder Schwanz werden sollen, welche Erbgutstückchen abzulesen und welche besser stillzulegen sind.“

Stellungnahme: Diese Formulierungen sind mehr als schlampig, sie sind falsch. Bei den Homöoboxgenen handelt es sich um Schaltergene, die nachgeschaltete Entwicklungskaskaden an- oder abstellen können. So kontrolliert das *pax6*-Gen die Augenentwicklung auf höchster Ebene und ist in der Lage, eine nachfolgende Kaskade von etwa 2500 Genen in Gang zu setzen, die für die Formbildung des Auges wichtig sind. Diese Gene selber aber entwerfen und sagen nichts, sie sind auch keine Architekten – genauso wenig wie der An/Aus-Knopf eines Computers der Architekt dieses Geräts ist. Im Artikel „Homeobox-Gene und Evolution“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41265&Sprache=de&l=1>) wird erläutert, weshalb die Homöoboxgene nichts Wesentliches zum Verständnis der Mechanismen der Makroevolution beitragen. **Hier wird beispielhaft deutlich, wie den Lebewesen und ihren**

Bestandteilen schöpferische Fähigkeiten zugeschrieben werden, die sie nicht haben. Das Wirken eines Schöpfers lässt sich wohl leugnen, aber in der verwendeten Sprache verrät es sich weiterhin.

Spiegel: „Die Vielfalt (der Lebewesen, Erg.) entspringt nicht so sehr dem Inhalt des Baukastens, sondern dessen Nutzung. ... Nicht der Bauplan des Stoffes selbst hat sich auf dem Weg vom Affen zum Homo sapiens geändert, sondern nur jene Erbgutabschnitte, die regulieren, wie viel wann und wo von ihm hergestellt wird.“

Stellungnahme: Damit wird in keiner Weise die Herkunft der Bauelemente selbst erklärt. Außerdem sind die in diesen Zitaten vorausgesetzten *Mechanismen*, durch welche die Bauelemente anders als bisher zusammengesteckt und reguliert werden, unbekannt (siehe dazu den Artikel über „Gene tinkering“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41264&Sprache=de&l=1>). Umgekehrt sind Baukastensystem und Wiederverwendung von gleichen Bauelementen typische Kennzeichen eines intelligenten Schöpfers. Auch hier drängt sich der Schöpfungsgedanke auf.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2006, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n55.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

22.11.05 Frontal 21 und die „Wahrheit“

Wie man durch Unwahrheiten und selektive Berichterstattung Zuschauer manipuliert

Das ZDF-Magazin Frontal 21 wirbt mit dem Motto „Die Wahrheit ist oft dort, wo niemand hin will.“ Der Beitrag „Missionieren gegen Darwin – Kreationisten verbreiten Zweifel an der Evolutionstheorie“ (<http://www.heute.de/ZDFmediathek/inhalt/8/0,4070,2397000-5,00.html>) demonstrierte dieses Motto eindrucksvoll. Am 15. 11. 2005 befasste sich das Magazin mit der Studiengemeinschaft Wort und Wissen und mit dem Buch „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ von Reinhard Junker und Siegfried Scherer. Einige Behauptungen der Sendung lauteten:

- Die Evolution aller Lebewesen sei ohne jeden Zweifel eine gesicherte Tatsache: *„Evolution ist eine dokumentierte Tatsache, so sicher wie zum Beispiel, dass die Erde keine Scheibe ist. Die Erde ist rund, Evolution hat stattgefunden, daran zweifelt kein kompetenter, sachkundiger Biologe mehr.“* (1)
- Schöpfungsgläubige sind christliche Sektierer und ignorieren die Belege für Evolution: *„Die Idee vom göttlichen Planer, der Adam als ersten Menschen schuf, verbreiten christliche Sektierer in Büchern und Videos“. „Sie leugnen schlicht naturwissenschaftliche Erkenntnisse und Beweise.“* (2)
- Schöpfungsgläubige versuchen *„Glaubensinhalte mit wissenschaftlichen Fakten auf eine Ebene zu bekommen“.* (3)
- Schöpfungsgläubige untergraben die Methodik der Naturwissenschaft; dazu werde auch ein Lehrbuch eingesetzt, und es würden *„wissenschaftsfeindliche, irrationale Denkmodelle“* vertreten. *„... diese Bewegung, die eben durch dieses genannte Schulbuch repräsentiert wird, untergräbt jetzt eben die Methodik der modernen Naturwissenschaften.“* Es gebe *„verstärkt Angriffe der Bibeltreuen auf ihre [der Naturwissenschaftler] Forschungsgrundlagen“* (4)
- *„In seinem Biologie-Lehrbuch stellt Scherer die christliche Schöpfungsidee als wissenschaftlich dar.“* (5)
- Die christliche Schöpfungslehre solle im Biologieunterricht verankert werden: *„Wolfram Ellinghaus ... hält alle Menschen für Nachkommen Adams - und das soll im Biologie-Unterricht gelehrt werden.“* (6)

Diese Behauptungen sind falsch oder irreführend. Wie aber schafft es Frontal 21 trotzdem, sie als Tatsachen zu präsentieren? Dies gelingt durch die Kombination dreier tendenziöser Strategien:

1. Die persönliche Meinung eines profilierten Antikreationisten wird völlig unkritisch dargestellt. In der Sendung gibt es keine Entgegnung auf ihn, er darf seine Meinung über die Schöpfungslehre und über das evolutionskritische Lehrbuch widerspruchlos verbreiten.
2. Aus Interviews mit Evolutionskritikern, aus dem Lehrbuch und aus der Homepage von Wort und Wissen wird extrem selektiv zitiert.
3. Ein Großteil relevanter Informationen wird dem Zuschauer vorenthalten.

Zur Begründung greife ich einige Beispiele aus dem Frontal 21-Beitrag heraus. Dass die o.g. Behauptungen falsch sind, zeigt sich z. B. an folgenden leicht nachprüfbaren Tatsachen:

- Die Studiengemeinschaft legt seit langem in vielen Publikationen größten Wert darauf, die Ebenen von Glaube und Naturwissenschaft zu unterscheiden. (zu 3)

- Die Belege für Evolution werden in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ *ausdrücklich und respektvoll gewürdigt*. Auch die Tatsache, dass diese Belege ausführlich kritisch analysiert werden, zeigt gerade, dass sie eben nicht ignoriert werden. (zu 2)
- Die Methodik der Naturwissenschaft wird *uneingeschränkt anerkannt* (Kapitel I.1 des Lehrbuchs); es wird aber auch auf die Grenzen der Erkenntnismöglichkeiten dieser Methode hingewiesen. (zu 4)
- Die christliche „Schöpfungsidee“ wird im Lehrbuch *gerade nicht* als wissenschaftlich dargestellt. Vielmehr wird sie im Kapitel „Grenzüberschreitungen“ in einen möglichen (!) Bezug zu biologischen Daten gestellt. (zu 5)
- Was als „wissenschaftsfeindlich“ bezeichnet wird, ist in Wahrheit die *Ablehnung des Monopolanspruchs des Naturalismus und Materialismus in der Ursprungsfrage*. (zu 1)

Aus langen Interviews mit Herrn Scherer und Herrn Ellinghaus wurden nur wenige Fragmente herausgegriffen. Nach persönlicher Auskunft von Herrn Scherer und Herrn Ellinghaus waren diese Interviewteile in keinsten Weise repräsentativ für das gesamte Interview.

Sämtliche evolutionskritischen Argumente auf der Homepage der Studiengemeinschaft Wort und Wissen und im Lehrbuch wurden vollständig verschwiegen. 90% des Lehrbuches befassen sich nur mit Evolution und naturwissenschaftlicher Kritik derselben, das wurde den Zuschauern ebenfalls nicht gesagt. **Erst dadurch konnte in der Sendung der Eindruck erweckt werden, man würde Belege für Evolution ignorieren.**

Aus dem Lehrbuch und von der Homepage von Wort und Wissen wurden fast nur solche Seiten gezeigt, in denen die Schöpfungslehre thematisiert wird. Dieser Teil (im Buch sind es 10%) richtet sich vor allem an Christen, an Religionslehrer und an Mitarbeiter in christlichen Gemeinden. Weiter wurde verschwiegen, dass die aus dem Lehrbuch gezeigten Seiten allesamt aus dem Kapitel „Grenzüberschreitungen“ stammen, aus dem Teil also, welcher im Buch explizit als nicht-naturwissenschaftliche Grenzüberschreitung gekennzeichnet ist. Stattdessen kommt der nirgendwo belegbare Satz: „*In seinem Biologie-Lehrbuch stellt Scherer die christliche Schöpfungsidee als wissenschaftlich dar.*“ Richtig wäre gewesen: In diesem Buch wird im Kapitel „Grenzüberschreitungen“ diskutiert, ob und wie Inhalte des christlichen Schöpfungsglaubens und biologische Daten jenseits von Naturwissenschaft miteinander in Beziehung gebracht werden können.

Entgegen der Behauptungen von Frontal 21 soll die christliche Schöpfungslehre nicht im Biologieunterricht verankert werden, diesen Sachverhalt teilte Herr Scherer Redakteur Ulrich Stoll in schriftlicher Form etwa fünf Wochen vor dem Sendetermin ausdrücklich mit. Das wurde von Herrn Scherer auch im Interview gegenüber Frontal 21 ausdrücklich gesagt (vgl. <http://www.wort-und-wissen.de/presse/p05/2/p05-2.html>). (zu 6)

Das alles hätte Frontal 21 ohne Probleme wissen können, schließlich wurde die Homepage der SG Wort und Wissen „gescannt“, und das Lehrbuch sowie schriftliche und mündliche Informationen lagen reichlich vor. Trotzdem wurden die o.g. Unwahrheiten und Verzerrungen einem Millionenpublikum präsentiert. Man muss dem Frontal 21-Slogan wohl zustimmen: „Die Wahrheit ist oft dort, wo niemand hin will.“

Anhang: Zur Trennung von Daten, Deutungen und Weltanschauung in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“

Die saubere Trennung von Daten, Deutungen und Weltanschauung in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ wurde auch von solchen Autoren, Herausgebern oder Reportern positiv hervorgehoben, die unsere Glaubensposition nicht teilen. Nachfolgend einige Beispiele:

„... dieses Lehrbuch ist methodisch nicht unsauber. Der größte Teil behandelt rein empirische Fragen. Davon deutlich abgehoben sind die letzten drei Kapitel mit der bezeichnenden Überschrift „Grenzüberschreitungen“. Hier verweisen die Autoren darauf, dass wir *immer* Neigung haben, das evolutive Geschehen weltanschaulich zu deuten, sei es materialistisch, sei es im Sinn einer christlichen Schöpfungslehre. Solche Deutungen werden von Junker und Scherer nicht als Konsequenzen der Wissenschaft hingestellt, sondern als philosophische oder theologische Optionen.“ (Hans-Dieter Mutschler: „Intelligent Design. Spricht die Evolution von Gott?“ Herder Korrespondenz Jg. 59, Heft 10/2005, S. 497-500)

„Der Naturwissenschaftler und Theologe Dr. Reinhard Junker und der Professor für mikrobielle Ökologie, Siegfried Scherer setzen sich sehr sachlich und anschaulich mit dem Darwinismus auseinander. Ihr Buch „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ trägt seinen Titel zurecht. Darin wird zunächst sehr analytisch Darwins Theorie vorgestellt und mit interessanten und anschaulichen Beispielen aus der Natur verdeutlicht. Sehr kritisch wird in jedem Kapitel aufgezeigt, dass wissenschaftliche Daten entweder im Sinne Darwins oder auch im Sinne einer Schöpfungslehre gedeutet werden können. Diese Anmerkungen werden als Grenzüberschreitungen auch optisch abgesetzt und ermöglichen den Einstieg in eine sachliche Diskussion. Die Fragen, die Reinhard Junker und Siegfried Scherer an die Theorie Darwins stellen, weisen auf derzeit noch ungeklärte Probleme hin.“ (Südwest-Rundfunk, SWR 2 Wissen, „Ist der Darwinismus eine Verdummungskampagne? / 7. 7. 99)

„Was ich als Naturwissenschaftler und absoluter Nichtkreationist aber doch sehr sympathisch fand, ist diese eindeutige Trennung zwischen Wissenschaft und Grenzüberschreitung, die Sie deutlich markieren; ich meine, das würde ich mir bei manchen wissenschaftlichen Büchern auch wünschen, dass ein bisschen deutlicher auf die Lücken und Unsicherheiten hingewiesen wird, so wie Sie das machen.“ (Markus Bohn in einem Radiogespräch mit Friedrich Wilhelm Graf, Reinhard Junker und Thomas Waschke, SWR 2 Forum, 27. 9. 2005, über „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“)

Der 10-seitige Überblicksartikel „Evolution“ in der „Enzyklopädie Naturwissenschaft und Technik“ des renommierten ecomed-Verlags wurde von Reinhard Junker und Siegfried Scherer verfasst. Nach Auskunft des verantwortlichen Redakteurs war der Anlass für die Anfrage für diesen Artikel das Buch „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“. Der Artikel wurde Anfang 2003 veröffentlicht. (Bei der W+W-Geschäftsstelle kann ein Sonderdruck angefordert werden.)

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n52.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.11.05 Darf Evolutionskritik Gegenstand einer öffentlichen Debatte sein?

Zur Entfernung des Genesisnet-Newseintrags „Darf Evolutionskritik Gegenstand einer öffentlichen Debatte sein?“

Der o.g. Text, der auf Herrn Martin Neukamm (<http://www.evolutionsbiologen.de/althaus.html>) antwortete, wurde am 10. 11. 2005 aus dem Internet entfernt, weil er zu einer von mir nicht gewünschten Eskalation in der Auseinandersetzung mit Professor Kutschera und Herrn Neukamm geführt hat. Bedauerlicherweise wurde diese Eskalation auch durch eine teilweise emotionale bzw. scharfe Wortwahl meines Textes verursacht.

Wer sich für die Position von Wort und Wissen interessiert, ist eingeladen, die Webseiten von <https://www.genesisnet.info/> und <https://www.wort-und-wissen.org/> zu besuchen. Dort kann man sich - wenn auch mit ein wenig Aufwand - ein eigenes Bild machen. Dabei wird besonders auf Texte in den Rubriken „Fragen und Antworten“ und „News“ (bei „Genesisnet“) sowie auf die Rubrik „Stellungnahmen“ (auf der Wort und Wissen-Homepage) hingewiesen, welche die Orientierung des Lesers erleichtern. Diese Texte werden nach Notwendigkeit aktualisiert und jeweils mit Datumsangabe veröffentlicht.

Die gegenwärtige Position von Herrn Scherer zu den im Text von Herrn Neukamm angesprochenen Fragen ist dargestellt unter <http://homepage.mac.com/siegfried.scherer/FileSharing3.html>. Dieser Text kann als PDF heruntergeladen werden.

Auf der Wort und Wissen-Homepage stehen auch zahlreiche ältere Texte (bis zu 19 Jahre alt (Stand 2005)) aus der W+W-Arbeit, die teilweise nicht mehr der heutigen Auffassung der jeweiligen Autoren entsprechen. Diese Beiträge werden auf der Homepage belassen, damit interessierte Leser die durchaus wechselvollen Entwicklungen der Studiengemeinschaft nachvollziehen können. Außerdem können damit die aus diesen Beiträgen andernorts zitierten Texte im Originalzusammenhang, der zum Verständnis unbedingt nötig ist, nachgelesen werden. Insbesondere wird in diesem Zusammenhang auf zwei teilweise veraltete Texte von Professor Scherer von 1990 und 1996 verwiesen, welche im Hinblick auf die aktuelle Diskussion wieder auf die Homepage von Wort und Wissen gestellt werden.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n50.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

17.10.05 Streitgespräch über die Evolutionstheorie fällt aus

In der Erfurter Staatskanzlei sollte mit dem Münchner Mikrobiologe Siegfried Scherer über naturwissenschaftliche und naturphilosophische Aspekte der Evolutionslehre auf dem Stand modernster Wissenschaft diskutiert werden. Nach massiven Protesten hat Thüringens Landesregierung die Veranstaltung abgesagt.

Nach dem Rückzieher des ebenfalls als Diskussionsteilnehmer eingeplanten Kasseler Evolutionsbiologen Ulrich Kutschera habe Ministerpräsident Dieter Althaus (CDU) seine Einladung für Scherer nicht aufrechterhalten, teilte ein Regierungssprecher in Erfurt mit. "Wir werden allerdings am Thema festhalten, das auf große Resonanz gestoßen ist."

Die Veranstaltung war auf heftige Kritik von Oppositionspolitikern und Wissenschaftlern gestoßen. Sie warfen Althaus vor, fundamental religiöse Weltbilder zu unterstützen.

Althaus verwehrte sich gegen die "böse Unterstellung", den Kreationismus zu propagieren. Es gebe verschiedenste Theorien, über deren Berechtigung man diskutieren können müsse. Dazu gehöre die Frage, wie sich der christliche Glaube mit der Evolutionslehre vereinbaren läßt.

Anstelle der geplanten naturwissenschaftlichen Diskussion soll am 23. Januar 2006 ein theologisches Gespräch zwischen dem Jenaer Biologiehistoriker PD Dr. Uwe Hoßfeld sowie dem evangelischen Theologen Professor Klaus Tanner und dem katholischen Theologen Professor Michael Gabel als Referenten und Gesprächspartner stattfinden.

Der Auseinandersetzung ausgewichen

Professor Scherer bedauert den Verzicht auf die naturwissenschaftliche Debatte und insbesondere Kutscheras Absage. Damit weiche einer der schärfsten Gegner der Evolutionskritik einer naturwissenschaftlichen Auseinandersetzung aus. Zugleich äußerte er Verständnis für die Haltung von Ministerpräsident Dieter Althaus. Laut Scherer ist es nachvollziehbar, dass der Politiker die „unsinnige“ Debatte beenden wolle, ob die Staatskanzlei religiösen Fundamentalismus fördere. Scherer bedauerte den Medienrummel. Es zeige sich, dass eine sachliche Diskussion solcher Fragen anscheinend kaum möglich sei.

Quellen: Erfurter Staatskanzlei/AFP/idea/Livenet

Text leicht modifiziert mit freundlicher Genehmigung übernommen von www.jesus.ch

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n48.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

19.09.05 Kritik an einem Beitrag des Deutschlandfunk über Kreationisten

In der Sendung „Von Tag zu Tag“ vom 12. 9.05 berichtete der Deutschlandfunk über Kreationisten. Dabei wurden Fragmente eines Interviews verwendet, welches ein Reporter des NDR im Juli mit Reinhard Junker von der Studiengemeinschaft Wort und Wissen geführt hatte. Aus dem ca. 20-minütigen Interview wurden dabei „passende“ Teile herausgeschnitten und in einen vermutlich weitgehend vorgefertigten Zusammenhang gestellt. Die verwendeten Interviewteile waren *für sich genommen* zwar nicht unangemessen gekürzt, aber sie wurden in einen Kontext gestellt, den Reinhard Junker und die Mitarbeiter der Studiengemeinschaft Wort und Wissen oft nicht teilen. Bemerkenswerterweise wurde aus dem längsten Teil des Interviews, der über Evolutionskritik ging, überhaupt nichts gebracht.

In der Sendung wurden als Vertreter des „Kreationismus“ fast nur Herr Junker und die Studiengemeinschaft Wort und Wissen (SG W+W) erwähnt (<http://www.wort-und-wissen.de>). Die Hörer mussten also annehmen, dass alles, was über den Kreationismus gesagt wurde, auf die SG W+W zutrifft, was eindeutig falsch ist. Die nachfolgende Kritik bezieht sich daher ausschließlich auf die Position der SG W+W. Die aus der genannten Sendung zitierten Passagen sind *kursiv* gesetzt.

Moderator: „Und da es von Gott kreiert wurde, entziehe sich die Schöpfung auch der naturwissenschaftlichen Forschung. So die Vorstellung der Kreationisten.“

Antwort: So oder so ähnlich wurde das im Interview nicht gesagt und es ist in dieser Formulierung irreführend, weil suggeriert wird, im Rahmen einer Schöpfungsvorstellung könne nicht geforscht werden. Nur der Schöpfungsvorgang jedoch ist nicht erforschbar, wohl aber die Schöpfung als solche. Und im Rahmen des Schöpfungsparadigmas gibt es viele Fragestellungen, die fruchtbare Forschung anregen (siehe: Schöpfung und Wissenschaft, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=422&Sprache=de&l=1>).

Moderator: „Sie verfolgen strikte Vorgaben: das, was sie in der Bibel steht, wollen sie wissenschaftlich beweisen. Mit ergebnisoffener Forschung hat dies nicht zu tun, sagt Hans Jörg Hemminger.“

Antwort: In diesen beiden Sätzen ist fast alles falsch. Unsere Vorgaben sind nicht strikt, sondern relativ allgemein gehalten. Richtig ist, dass es Vorgaben gibt, die gibt es auch für die Forschung im Rahmen des Evolutionsparadigmas (siehe Evolutionsparadigma und Naturwissenschaft, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=40464&Sprache=de&l=1>). Um einen Beweis biblischer Aussagen geht es keinesfalls. Eine solche Behauptung kann man bei der SG W+W nirgends finden. Sie wäre auch unsinnig, denn man kann nicht etwas beweisen, was man als Vorgabe schon voraussetzt. Die implizite Behauptung, es gebe im Kreationismus daher keine ergebnisoffene Forschung, ist daher ebenfalls falsch. In den *Voraussetzungen* gibt es natürlich keine Ergebnisoffenheit, so wenig wie in der Evolutionsforschung (welche Evolutionsforscher arbeiten mit der Fragestellung, ob Evolution stimmt, oder versuchen diese in Frage zu stellen? Dies wird längst nicht mehr hinterfragt, in dieser Hinsicht gibt es also ebenfalls keine Ergebnisoffenheit in der Evolutionsforschung). Ergebnisoffenheit gibt es aber sehr wohl in den einzelnen Hypothesen im Rahmen des Schöpfungsparadigmas, genauso wie in den

Details der Evolutionsforschung (Näheres dazu in: Biblische Schöpfungslehre und Grundtypenbiologie, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1221&Sprache=de&l=1>).

O-Ton Hansjörg Hemminger. „Das Gefängnis, in dem sie sich befinden, ist aber nicht das biblischer Aussagen an sich, sondern das eines modernistischen Verständnisses biblischer Aussagen, das von der Bibel eine Autorität einfordert, die weder die Bibel noch irgendein anderes religiöses Buch hat und auch nicht haben will, nämlich eine Autorität, jede Frage, die der moderne Mensch haben kann, mit einer absolut richtigen Antwort zu bedenken.“

Antwort: Auf die Mitarbeiter der Studiengemeinschaft Wort und Wissen trifft diese Behauptung nicht zu. Es handelt sich in Wirklichkeit um eine Unterstellung, die geeignet ist, die Position der SG W+W schlechtzureden und lächerlich zu machen.

Moderator: „Die Kreationisten gehen davon aus, dass vorhandene Lebewesen im Laufe der Zeit durchaus zu Variationen fähig waren, aber sie leugnen, dass durch den Prozess der Evolution neue Lebewesen entstanden sind.“

Antwort: Auch diese Aussage ist in dieser Formulierung mindestens irreführend. Die SG W+W vertritt seit Beginn ihrer Arbeit, dass es Artbildung innerhalb von Grundtypen gibt. Details dazu finden sich in „Evolution - ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/studium-integrale-journal/>) und in den von der SG W+W herausgegebenen Fachberichten (<http://www.wort-und-wissen.de/si>). Korrekterweise hätte gesagt werden müssen, dass nach Überzeugung der SG W+W Beweise für die Entstehung neuer synorganisierter Strukturen und neuer biologischer Apparate fehlen. Die Verwendung des tendenziösen Begriffs „leugnen“ suggeriert zudem, es würden Tatsachen abgestritten, was absurd wäre.

Moderator: „Und der Evolutionstheorie werfen sie vor, eben nur eine Theorie zu sein, nur eine Möglichkeit, wie sich die Lebewesen entwickelt haben.“

Antwort: Dieser Satz ist ebenfalls irreführend. Seitens SG W+W wird das Etikett „Theorie“ nicht in einem abwertenden Sinn verstanden („nur“ Theorie), und es ist schon gar kein Vorwurf. Schließlich kann man über einen vergangenen Vorgang grundsätzlich nur theoretische Modelle entwickeln. Der Punkt ist der, dass die Evolutionstheorie *keinen Monopolanspruch* in der Beantwortung der Ursprungsfrage erheben darf.

O-Ton H.-J. Jacobsen: „sie leugnen grundlegende Tatsachen der Physik und der Geologie.“

Antwort: Auch das ist falsch. Bezeichnenderweise wird diese Behauptung nicht belegt.

Moderator: „das Schulbuch 'Evolution - ein kritisches Lehrbuch', das sogar den sogenannten Deutschen Schulbuchpreis erhalten hat. Allerdings haben sich die Kreationisten diesen Preis quasi selbst verliehen, denn die Initiatoren des Preises, der Verein 'Lernen für die deutsche und europäische Zukunft', kommen selbst aus einem fundamentalistisch-christlichen Umfeld.“

Antwort: Dies entspricht nicht den Tatsachen, da der Schulbuchpreis nicht von Kreationisten vergeben wird. Zur Vergewisserung kann man sich bei www.schulbuchpreis.de informieren.

O-Ton H.-J. Jacobsen: „es ist auch eine Welle, die in den letzten Jahren hochkommt: gegen die Evolutionsbiologie gerichtet aus fundamentalistischen Kreisen aus den USA mit sehr viel Geld ausgestattet.“

Antwort: Die SG W+W hat aus den USA noch nie finanzielle Zuwendung erhalten. Anderslautende Behauptungen sind frei erfunden.

O-Ton H. Hemminger: „Ich denke, dass die Kritik an der Evolutionslehre derzeit in Deutschland an Boden gewinnt, da Wissenschaftskritik insgesamt populärer wird, Anti-Rationalismus insgesamt an Boden gewinnt.“

Antwort: Es ist Herrn Hemminger natürlich unbenommen, die Position der SG W+W unter „Anti-Rationalismus“ einzuordnen. Wir haben in Deutschland glücklicherweise das Recht der freien Meinungsäußerung und das darf Herr Hemminger in Anspruch nehmen. Nur: Es wäre interessant zu hören, inwiefern die in der Sendung gebrachten Zitate von Herrn Junker (und auch die vielen nicht zitierten Abschnitte aus dem eingangs erwähnten Interview) oder Publikationen der SG W+W diese Einschätzung rechtfertigen. Hier blieb die Sendung eine Antwort schuldig. Das heißt: Die Behauptung von Herrn Hemminger über „Anti-Rationalismus“ wurde ohne Beleg angeführt und ist nur geeignet, Stimmungen gegen die Position der SG W+W zu erzeugen.

Fazit: Man kann daher insgesamt nur zum Schluss kommen, dass uninformierte Hörer desinformiert und irregeleitet wurden. Informierte Hörer werden andere Schlussfolgerungen ziehen, wie zwei kritische Zuschriften zeigen, die der Studiengemeinschaft zugestellt wurden.

Autor dieser News: Studiengemeinschaft Wort und Wissen

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n46.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

12.07.05 Desinformation über das evolutionskritische Lehrbuch

In einer weiteren Folge ihrer Artikelserie „Streitfall Evolution“ befasst sich die Süddeutsche Zeitung (SZ) in der Ausgabe vom 12. 7. relativ ausführlich mit „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“ (<https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>). Aufhänger des Beitrags „Steter Druck. Kreationismus hat auch in Deutschland einen Nährboden“ von Sebastian Herrmann ist die Vergabe des Deutschen Schulbuchpreises 2002 an die Autoren dieses Buches. Der Artikel ist insofern bemerkenswert, als man zwar manches „Drumherum“ zum evolutionskritischen Lehrbuch erfährt, aber so gut wie nichts über dessen Inhalte. Offenkundig geht es nicht darum, sich einer sachlichen Auseinandersetzung zu stellen.

Das Wenige, das aus dem Buch zitiert wird, ist zudem veraltet. Beide Zitate stammen aus den Auflagen der Jahre 1986-1992, fehlen aber ab der 4. Auflage, seit welcher das Buch nach einer grundlegenden Überarbeitung den Titel „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“ trägt. Dieser Irrtum ist dennoch nicht verwunderlich, denn Autor Herrmann lag das Buch nach eigenen Angaben gar nicht vor; offenbar ist er fehlinformiert worden. Wenige Tage vor Erscheinen des Artikels in der SZ erläuterte ich dem Autor auf dessen telefonische Anfrage ausführlich die Ziele des Buches, so wie sie auch im Vorwort nachgelesen werden können: Dort wird als „Hauptanliegen“ formuliert: „Weithin unbekannte Deutungsprobleme und offene Fragen der Evolutionslehre werden systematisch und umfassend thematisiert. Sie haben nach unserer Auffassung ein so großes Gewicht, daß Makroevolution als Leitvorstellung ernsthaft in Frage gestellt werden muß und schon gar nicht als ‘bewiesenes Faktum’ gelten kann“ (S. 6). Autor Herrmann hat diese aus erster Hand erhaltene Information in seinem Artikel verschwiegen und stattdessen aus dem Vorwort der älteren Auflagen von 1986-1992 zitiert: „Diese Arbeit ist der erste Versuch im deutschen Sprachraum, den in der Schule gebrauchten Argumenten für Evolution eine auf der Schöpfungslehre beruhende Gegenposition beizugeben.“ Dies ist zwar nicht falsch, trifft aber für die aktuelleren Auflagen nur für etwa 15% des Buches zu und ist auch für die früheren Auflagen bei weitem nicht repräsentativ.

Im aktuellen Vorwort wird hingegen wie folgt formuliert: „Zur Makroevolutionslehre existiert eine Alternative. Sie ist von der biblischen Offenbarung her motiviert und wird als Schöpfungslehre in diesem Buch thematisiert, wo direkte Zusammenhänge mit naturwissenschaftlichen Daten gegeben sind. Auf diese Anschauung wird in den Teilen I-VI jedoch nur am Rande in Textkästen hingewiesen, die als ‘Grenzüberschreitung’ gekennzeichnet sind. Erst Teil VII widmet sich diesen Deutungsweisen explizit. Dort wird vorgeschlagen, naturwissenschaftliche Daten unter der Voraussetzung von Schöpfung zu deuten. Dieser Deutungsansatz, dessen Schwächen nicht verschwiegen werden, liefert u.E. fruchtbare Ansätze im Bereich experimenteller Forschung.“ Diese ausführliche Klarstellung ist nötig, um deutlich zu machen, dass dem SZ-Leser das Hauptanliegen und die wesentlichen Inhalte des Buches bewusst vorenthalten werden.

Bemerkenswert ist die zitierte Aussage des Kasseler Biologieprofessors Ulrich Kutschera, wonach der Verband deutscher Biologen „zum Glück“ verhindern konnte, dass das Buch als offizielles Lehrmittel zugelassen wird. Das war auch nicht schwer, denn es gab seit 1987 seitens des Verlags gar keine Bemühungen mehr in diese Richtung und es war auch nichts dergleichen geplant. Es würde ohnehin wenig Sinn machen, eine Genehmigung anzustreben. Für den Unterricht offiziell zugelassene Lehrbücher müssen nämlich mit den Zielen und Inhalten der Lehrpläne übereinstimmen. Dies kann „Evolution – Ein kritisches Lehrbuch“

selbstverständlich nicht leisten, da die Lehrpläne genauso einseitig sind wie die zugelassenen Schulbücher. Denn Kritik an evolutionären Vorstellungen ist dort nicht vorgesehen. Dies ist ja gerade der hauptsächliche Grund für die Herausgabe des kritischen Lehrbuchs (vgl. Hauptanliegen weiter oben).

An dieser Stelle sollen noch in Kurzform einige weitere Fehlinformationen korrigiert werden – ohne Anspruch auf Vollständigkeit. Das Schöpfungsmodell wird nicht auf „religiösen Grundlagen“ entworfen (wie Herrmann schreibt), sondern ist vom biblischen Schöpfungsglauben *motiviert*. Diesen Unterschied habe ich dem Autor auch deutlich am Telefon erklärt, doch hatte dieser offenbar kein Interesse, diese Information auch an seine Leser weiterzugeben. Weiter geht es nicht darum, die Evolutionslehre „aus den Schulbüchern zu verdrängen“. Dieses Märchen wird von vielen Autoren mit Vorliebe tradiert. Es geht im Gegenteil darum, dass Evolution *sachgemäß* erklärt wird und dass dabei auch relevante kritische Aspekte zur Sprache kommen. Keinesfalls soll an „die Stelle von Mutation und Selektion“ „Gott treten“; vielmehr wird auf wissenschaftlicher Basis diskutiert, was diese Faktoren tatsächlich zu leisten vermögen. Ebenso ist es keine Aussage der „Intelligent Design“-Bewegung (auf die auch Bezug genommen wird), dass eine „gestaltende übergeordnete Intelligenz bei jedem Schritt der Natur als Triebfeder wirkt“ (Näheres zum Thema „Intelligent Design“ siehe: Einführung in „Intelligent-Design“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1621&Sprache=de&l=1>) und Kontroverse um „Intelligent-Design“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1622&Sprache=de&l=1>)).

Insgesamt handelt es sich um einen schlecht recherchierten Artikel, dessen vorrangiges Ziel eindeutig nicht darin besteht, den Leser über einen Sachverhalt zu informieren. Dieser Artikel ist der ansonsten sehr gut gestalteten Wissenschaftsseite der Süddeutschen Zeitung unwürdig.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2005, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n41.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

15.12.04 Kontroverse um „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“

Der Verband Deutscher Biologen (www.evolutionsbiologen.de) veröffentlichte Ende November 2004 eine Kritik vermeintlich fehlerhafter Zitierweisen in „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ (Junker & Scherer 2001; <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/lehrbuch/>). Verfasser ist Dr. Andreas Beyer, der diese Kritik auch auf einer Tagung im rheinländischen Brühl am 1. 11. 2004 auf einer Podiumsdiskussion mit Dr. Reinhard Junker vorgetragen hatte (www.evolutionsbiologen.de/evozitate.pdf). Dieser Kritik hat der Verband deutscher Biologen einen Begleitkommentar von Martin Neukamm beigelegt (www.evolutionsbiologen.de/evozitate.html). Den Autoren des evolutionskritischen Lehrbuchs wird vorgeworfen, grob sinnentstellend zitiert zu haben. Zitate seien derart aus dem Zusammenhang gerissen worden, dass der Eindruck entstehe, die zitierten Evolutionsbiologen würden sich in Teilbereichen der Fundamentalkritik der Autoren des kritischen Lehrbuchs anschließen.

Reinhard Junker, Siegfried Scherer und Henrik Ullrich nehmen zu dieser Kritik auf <https://www.wort-und-wissen.org/disk/d04-2/> Stellung. In zwei Fällen räumen sie Fehler bei der Wiedergabe von Zitaten ein, zeigen aber, dass diese Fehler in der Sache insgesamt nicht sinnentstellend sind. Alle anderen Kritikpunkte werden mit einer ausführlichen Begründung zurückgewiesen.

Weiter wird behauptet, im kritischen Lehrbuch würden Theorien, die in die Synthetischen Theorie der Evolution eingebaut worden sind, so dargestellt, als seien sie mit dem „Gesamtparadigma“ Evolution inkompatibel. In der Entgegnung wird anhand mehrerer Belegstellen gezeigt, dass diese Behauptung aus der Luft gegriffen ist. Die Vermutung von Martin Neukamm, die Autoren des Lehrbuchs hätten sich die Zitate oft ohne Rücksicht auf Inhalt und Kontext zusammengesucht, solange nur einige Stichworte daraus ihre Position zu stützen scheinen, erweist sich als gegenstandslos.

Der Versuch, das evolutionskritische Lehrbuch auf diese Weise in Misskredit zu bringen, kann damit als gescheitert gelten.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n29.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

02.09.04 Ideologen im Kampf gegen Ideologie

Beobachtungen auf der Internetseite www.evolutionbiologen.de

Die Arbeitsgruppe Evolutionsbiologie des Verbandes deutscher Biologen e. V. (VDBiol) betreibt eine interessante Internetseite: <http://www.evolutionbiologen.de/>. Unter der Rubrik „Ziele“ wird beklagt, dass es zu einer weitgehenden Entfremdung zwischen dem biologischen Nichtfachmann und Wissenschaftlern, die sich mit dem Thema Evolution befassen, gekommen sei. Diese Lücke hätten sich Gegner der Evolutionstheorie zunutze gemacht, um die moderne Evolutionsforschung zu diskreditieren. Es sei zu befürchten, dass viele Schüler, Studenten und naturwissenschaftlich Außenstehende auf diese Weise ein zentrales Stück Bildung verlieren werden – das Verständnis für unsere biologische Geschichte. Daher will sich die Arbeitsgruppe dafür einsetzen, dass die Evolutionsbiologie an den deutschen Universitäten ein höheres Gewicht erhält.

Gegen eine Verstärkung evolutionsbiologischer Forschung und Lehre ist auch aus unserer Sicht nichts einzuwenden, wenn sie mit offenem Ausgang betrieben werden. So könnten diese Bemühungen – entgegen den Erwartungen von Evolutionsbiologen – möglicherweise dazu führen, dass die Grenzen der evolutionären Veränderungsmöglichkeiten besser ausgelotet werden können, es könnte sein, dass Belege für Evolution an Plausibilität verlieren, oder dass sich Hinweise auf Design in der Biologie deutlich herauskristallisieren. Wissenschaft, deren Ergebnisse nicht von vornherein festgelegt sind (ein beliebter Vorwurf gegen die Schöpfungslehre), wird diese Möglichkeiten nicht ausschließen können. Soweit, so gut.

Bemerkenswert ist auf der Seite *evolutionbiologen.de* aber etwas anderes. Auf der Begrüßungsseite schreibt H.D. Jacobsen, der Präsident des Verbandes Deutscher Biologen und biowissenschaftlicher Fachgesellschaften:

„Vor allem unterstützen wir die Aktivitäten des Arbeitskreises, ideologisch begründeten Strategien gegen moderne Evolutionsbiologie öffentlichkeitswirksam zu begegnen.“ Kampf gegen Ideologie ist ja immer gut, doch muss man aufpassen, dass man dabei nicht selber zum Ideologen wird. Wenn man die auf *evolutionbiologen.de* verlinkten Seiten ansieht, wird offenkundig, dass es den Evolutionsbiologen des Arbeitskreises des VDBiol um weit mehr als um Wissenschaft geht. So werden verlinkt:

- die Homepage des extrem bibelkritischen Theologen Gerd Lüdemann, der u. a. die Auferstehung Jesu leugnet. Theologie bei den Evolutionsbiologen? Das hat man doch bisher der Schöpfungslehre vorgeworfen! (Theologische Argumentation findet man bei Evolutionstheoretikern zwar erstaunlich oft, jedoch im Zusammenhang mit der Ursprungsfrage. Evolution steht bei Lüdemann aber nicht im Vordergrund, daher überrascht die Verlinkung doch.)
- die Homepage der Giordano Bruno Stiftung zur Förderung des evolutionären Humanismus: Deren Ziel ist es, „die Grundzüge eines naturalistischen Weltbildes sowie einer säkularen, evolutionär-humanistischen Ethik zu entwickeln und einer interessierten Öffentlichkeit zugänglich zu machen.“ Der im „alten Europa“ feststellbare Bedeutungsverlust religiöser Heilserzählungen solle *nicht als Gefahr, sondern als Chance für das Projekt einer offenen, an Gleichberechtigung und Toleranz orientierten Gesellschaft verstanden werden.*

Es ist angesichts der Tendenz dieser Verlinkungen zu fragen, ob es hier wirklich um „Gleichberechtigung“ geht und nicht vielmehr um die zunehmende Durchsetzung und Alleinherrschaft eines „naturalistischen Weltbildes“. Dieser Verdacht bestätigt sich bei den folgenden Links:

- die Homepage der „MIZ“, den „Materialien und Informationen zur Zeit“. MIZ versteht sich als „politisches Magazin für Konfessionslose und AtheistInnen, FreidenkerInnen, HumanistInnen und SkeptikerInnen, Ungläubige aller Art.“
- Es wird auf einen neuen Buchtitel von W. Bergmann, „*Ansichten & Erkenntnisse. Mythologie – Glaube – Naturerkenntnis*“ hingewiesen und dessen Klappentext abgedruckt: „Am Anfang war Energie, und die Energie war ‘Gott’. ‘Gott’ war und ist Energie; kein von Menschen in Unkenntnis des gegenwärtigen Weltbildes erdachter Schöpfer, der als personifizierte Gottheit den Menschen hilfreich oder strafend zur Seite stand. Er kann weder durch irgendwelche Opfergaben (gleich ob Menschen, Tier, Pflanze oder Geld) oder gute Werke, wie Gebete und Lobpreisungen, gnädig gestimmt werden. Demnach kann er auch getanes Unrecht nicht verzeihen oder vergeben.“ Das ist Religionskritik im Stil des 19. Jahrhunderts.

Es kann also keinen Zweifel daran geben, dass es dem VDBiol nicht nur um ungerechtfertigte Angriffe gegen die Evolutionsbiologie geht, sondern im Kern um die Verteidigung einer materialistischen oder naturalistischen Ideologie (d. h.: Die Natur ist alles, es gibt keinen souverän wirkenden Schöpfer und keinen Versöhner). Damit zeigt die AG Evolutionsbiologie des VDBiol (unfreiwillig?), worum es in der Auseinandersetzung um die Evolutionslehre bzw. um die Ursprungsfrage schlechthin geht. Hoffentlich registrieren das auch viele Christen und Verantwortliche in den christlichen Gemeinden, aber auch zahlreiche Menschen, die keine naturalistische Weltanschauung vertreten.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n25.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

25.06.04 Grundtypenmodell der Schöpfungslehre widerlegt?

Das Grundtypmodell der Schöpfungslehre (s. „Heutige Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1241&Sprache=de&l=1>) wird in der Biologie kaum beachtet. Bislang wurden nur wenige Beiträge veröffentlicht, die sich mit diesem Konzept kritisch auseinandersetzen. Über die Gründe für dieses weitgehende Schweigen soll hier nicht spekuliert werden. Ende 2003 erschien nun aber in der Lehrerzeitschrift „Praxis der Naturwissenschaften – Biologie in der Schule“ (Heft 8/52, S. 31-34) ein Beitrag von Professor Ulrich Kutschera (Kassel), in welchem auf weniger als einer halben Seite (S. 33) Argumente gebracht werden, die zeigen sollen, dass das Grundtyp-Modell „im Widerspruch zu empirischen Fakten steht“. Um welche Argumente handelt es sich?

1. Kutschera führt die zwei Egelarten *Helobdella stagnalis* und *H. striata* an, die keine Mischlinge bilden, auch nicht bei gemeinsamer Haltung. Daher würden sie verschiedenen Grundtypen angehören. Dies stehe im Widerspruch dazu, dass die Egel (Hirudinea) eine geschlossene Abstammungsgemeinschaft bilden, „wobei die Vertreter der Gattung *Helobdella* besonders nahe miteinander verwandt sind“. – Die Schlussfolgerung von Kutschera ist falsch. Denn im Rahmen der Grundtypenbiologie müssen zwei Arten derselben Gattung (hier: die zwei genannten Egelarten) *nicht* in zwei verschiedene Grundtypen gestellt werden, weil bisher zwischen ihnen keine Kreuzungen vorkamen. Zum einen müsste nach dem Grundtypkonzept getestet werden, ob eine künstliche Kreuzung möglich ist, was vermutlich nicht geschehen ist. Zum anderen muss ein *Gesamtbild eines Taxons* (= Klassifikationseinheit) gewonnen werden, um die Deutung als möglichen Grundtypen zu begründen oder zu verwerfen. Beispielsweise muss geprüft werden, ob zwei in Rede stehende Arten indirekt (über eine dritte Art) kreuzbar sind (das ist Teil der Grundtyp-Definition). Wenn zwei Arten nicht gekreuzt wurden, ist das *für sich alleine* noch nicht besonders aussagekräftig, und keinesfalls ein Beleg dafür, dass das Grundtypmodell „im Widerspruch zu empirischen Fakten steht“, wie Kutschera behauptet. Vielmehr können nur sichere Aussagen gemacht werden, wenn Kreuzungen *gelingen* sind: Was (im Sinne der Grundtypdefinition) kreuzbar ist, gehört sicher zum selben Grundtyp. Bei einem Fehlen von Kreuzungen müssen weitere Untersuchungen durchgeführt werden, um eine (Nicht-)Zugehörigkeit zu klären oder wenigstens plausibel zu machen. Dies wird im Grundtypen-Standardwerk „Typen des Lebens“ (S. Scherer, Hg., Berlin 1993) ausführlich erläutert.

2. Unter den Pflanzen gibt es C3- und C4-Pflanzen, bei denen die Photosynthese unterschiedlich abläuft (Details dazu siehe <http://members.aon.at/evolution/C3C4.htm>). C3-Pflanzen haben eine verminderte Photosyntheseleistung gegenüber den C4-Pflanzen. Kutschera: „Würden perfekt erschaffene ‘Grundtypen’ des Lebens existieren, so gäbe es keine C3-Pflanzen“; außerdem spreche die Existenz von C3-C4-Übergangsformen gegen das Grundtypmodell; diese würden Umbaustadien des Photosyntheseapparats repräsentieren, mithin also Makroevolution belegen. – Es ist jedoch bekannt, dass innerhalb desselben Grundtyps (also bei kreuzbaren Arten) C3- und C4- Pflanzen vorkommen können, ebenso auch Mischformen. Diese Vielfalt kann im Sinne polyvalenter Stammformen im Rahmen des Grundtypmodells sehr gut interpretiert werden; es ist geradezu ein Paradebeispiel für das Grundtypmodell (vgl. dazu „Genetisch polyvalente Stammformen von Grundtypen“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1244&Sprache=de&l=1>). Die „Umbaustadien“ sind demnach verschiedene Ausprägungen innerhalb eines flexiblen, polyvalenten Grundtyps. Die genetische Information zum Bau *sowohl von C3- als auch von C4-Pflanzen* gehörte also nach dem Grundtypmodell zum ursprünglichen Repertoire des

Grundtyps. Der verminderten Photosyntheseleistung von C3-Pflanzen stehen anderweitige Vorteile gegenüber, so dass keinesfalls von Unvollkommenheit gesprochen werden kann (die Kutschera andeutet). Genauere Begründungen finden sich ebenfalls bei <http://members.aon.at/evolution/C3C4.htm>.

3. „Der perfekt erschaffene Mensch würde keine Bandscheibenprobleme bekommen, nicht unter Infektionskrankheiten leiden, niemals an Krebs sterben". – Zunächst: Diese Punkte haben mit dem Grundtypmodell gar nichts zu tun. Weiter: Bandscheibenprobleme sind Folgen einer ungesunden Lebensweise oder von krankhaften Veränderungen. Beim Stichwort „Krankheit" kommen, wenn dieses Thema im Rahmen der biblischen Schöpfungslehre diskutiert wird, theologische Argumente mit ins Spiel (siehe dazu „Biblische Aussagen zur Existenzweise der Lebewesen“,

<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2042&Sprache=de&l=1>). Man kann daraus aber kein Argument gegen das Grundtypmodell konstruieren.

Interessant wäre noch zu hören, wie der Autor die Befunde „Bandscheibenprobleme", „Infektionskrankheiten", „Krebs" im „Lichte der Evolution" erklärt: Er sagt, dies sei möglich, zeigt aber nicht wie. Außerdem sollte der Autor auch *begründen*, weshalb diese Befunde gegen das Grundtypmodell stehen. Der Artikel bietet dazu nichts außer Behauptungen.

4. „Dinosaurier und Ammoniten wären nicht ... ausgestorben." – Aussterben von Arten steht in keiner Weise dem Grundtypmodell entgegen. (Auch hier kommen im Rahmen der Schöpfungslehre theologische Fragestellungen ins Spiel.)

Es sei noch darauf hingewiesen, dass Kutschera in seinem Artikel zwar einen Werbetext zum Buch „Typen des Lebens" (s. o.) zitiert, nicht aber auf den Inhalt des Buches eingeht. Hätte er dessen Inhalte berücksichtigt, wären ihm die fehlerhaften bzw. irrelevanten Argumentationen nicht unterlaufen.

Literatur: Scherer (Hg, 1993) Typen des Lebens. Studium Integrale. Berlin.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n23.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.06.04 Vier neue Artikel zum Thema „Theistische Evolution“

Der Begriff „theistische Evolution“ steht für „theistisch interpretierte Evolutionsauffassung“. Gemeint sind damit Sichtweisen, wonach Gott in irgendeiner Weise mittels Evolution die Lebewesen erschuf, auch den Menschen. Im Einzelnen gibt es darüber verschiedene Vorstellungen, so die Auffassung, dass Gott in den Evolutionsprozess eingegriffen und ihn dadurch gelenkt habe, oder die Vorstellung, dass Gott die Materie „evolutionsfähig“ geschaffen habe, und andere. Allen diesen Konzepten gemeinsam ist, dass eine allgemeine Evolution der Lebewesen, die einige Milliarden Jahre gedauert hat, zugrundegelegt wird. Hierin besteht also kein Unterschied zu einer rein naturwissenschaftlichen Betrachtung. Das Spezifikum einer „theistischen Evolution“ ist die Hinzunahme des Schöpfungsgedankens zum Evolutionsvorgang. Angesichts einer vermeintlich großen Plausibilität der Evolutionsanschauung versuchen viele, durch eine Zusammenschau von Evolution und Schöpfung die naturwissenschaftlichen Befunde mit der biblischen Überlieferung zu harmonisieren.

Die vier Artikel „Biblische Gründe für eine theistische Evolution?“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2021&Sprache=de&l=2>), „Die biblische Urgeschichte im Neuen Testament“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2022&Sprache=de&l=1>), „Evolutionsmechanismen als Schöpfungsmethode?“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2023&Sprache=de&l=1>) und „Evolution des Leibes, aber Erschaffung der Seele?“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2024&Sprache=de&l=1>) befassen sich mit dieser Thematik. Es wird gezeigt, dass die biblische Überlieferung keine Hinweise auf die Vorstellung einer theistischen Evolution gibt und dass die Evolutionsanschauung der biblischen Heilslehre in wesentlichen Punkten widerspricht.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n22.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

16.06.04 Kommentar zur ZDF-Sendung „Evolution – die große Lüge?“

Am 9. Juni 2004 strahlte das ZDF einen halbstündigen Beitrag der Wissenschaftsreihe „Joachim Bublath“ zum Thema Evolution und Schöpfung aus. Diese Sendung sollte laut Ankündigung des ZDF „Licht in den Dschungel von Wissenschaft, Glaube und Politik“ bringen und die Gefahren aufzeigen, „die bei einer Vermischung dieser Bereiche entstehen können“.

Kurze Inhaltsangabe. Einige Filmsequenzen beschäftigten sich mit dem Darwinschen Evolutionsmechanismus (Zufallsmutation und „erbarmungslose Auslese“) und mit Befunden, die als Belege (bzw. eher als Beweise) für eine allgemeine Evolution gewertet werden. Dabei handelte es sich hauptsächlich um Beispiele aus der Vergleichenden Biologie (Ähnlichkeitsargumente) und um Beispiele von Mikroevolution. Beides kann auch im Rahmen der Schöpfungslehre schlüssig gedeutet werden.

Eine Sequenz stellte einige Aussagen des Kreationismus dar. Während kein einziger Kritikpunkt an der Evolutionslehre zur Sprache kam, wurde behauptet, der Kreationismus habe keinerlei Belege für seine Behauptungen.

Die Schlusssequenz schilderte den Lyssenkoismus in der UdSSR, dessen falsche Vorstellungen zur Genetik in den 30er und 40er Jahren des letzten Jahrhunderts zu schweren Hungersnöten geführt habe.

Die Botschaft des Films. Einen Zusammenhang zwischen dem Thema dieser letzten Filmsequenz mit dem Kreationismus stellten die Filmemacher wie folgt her: Kreationismus ignoriere Ergebnisse der Wissenschaft und verwerfe diese zugunsten eines (unbegründeten) fundamentalistischen Bibelverständnisses. Zudem werde er in den USA von der Politik unterstützt. Ebenso habe Lyssenko wissenschaftliche Ergebnisse der Genetik ignoriert und die Forschung der kommunistischen Ideologie unterworfen. So wie damals in der UdSSR die Politik massiv die Wissenschaft bestimmte und auf Abwege führte und dies katastrophale Auswirkungen hatte (schwere Hungersnöte), so sei der Kreationismus auch heute eine Gefahr. Kreationismus schwäche die Forschungsbereitschaft; dies habe auf längere Sicht schlimme Folgen für die Menschheit.

Worum ging es den Produzenten? Es sieht ganz danach aus, dass der *biblische* Glaube an Gott als *souveränen* (!) Schöpfer diskreditiert werden sollte, und zwar vor allem durch das Mittel der Diffamierung. Die Filmemacher hatten offenkundig wenig Interesse, möglichst ausgewogene und seriöse Information weiterzugeben. Dies wird schon an dem konstruierten Vergleich zwischen Lyssenkoismus und Kreationismus deutlich. Denn hier wurde aus einem komplexen Zusammenhang das herausgegriffen, was sich am besten eignete, um den biblischen Schöpfungsglauben schlecht zu machen. Moderator Bublath kritisierte die Kreationisten wegen ihrer einfachen Antworten, um selber eine Antwort zu geben, die an Einfachheit und Platitude kaum zu überbieten ist.

Dass extrem einseitig informiert wurde, wird an weiteren Aspekten deutlich: Bublath erwähnte die deutsche Situation nur in einem einzigen Satz: Man versuche hierzulande, mit Büchern in den Unterricht hineinzukommen. Das ZDF hatte vor etwa einem halben Jahr das evolutionskritische Lehrbuch („Evolution – ein kritisches Lehrbuch“, <http://www.wort-und-wissen.de/lehrbuch>) zur Vorbereitung angefordert. Dessen Inhalte kamen jedoch nicht zur

Sprache, in keinem einzigen Beispiel. Passte das Buch nicht ins Konzept? Überhaupt wurde kein einziges *Argument* der Kreationisten erwähnt (wie auch immer man zu diesen Argumenten steht, man hätte sie ja aufgreifen und kritisieren können). Weiter: Kritikpunkte an der Evolutionstheorie wurden verschwiegen (es gebe nur noch Lücken zu füllen). Außerdem wurde aus dem Spektrum kreationistischer Strömungen nur ein Segment von vielen herausgegriffen (und daraus wiederum sehr selektiv informiert) und unterschwellig als repräsentativ hingestellt. Viel einseitiger und ignoranter hätte man hier nicht mehr vorgehen können. Da die Wissenschaftsredaktion es hätte besser wissen können und müssen (das Buch „Evolution – ein kritisches Lehrbuch“ lag wie erwähnt der Redaktion vor), drängt sich der Eindruck auf, dass bewusste Verdrehung durch Vorenthaltung relevanter Information ein falsches Bild liefern sollte.

Um noch einmal auf den Vergleich Lyssenko – Kreationismus zurückzukommen: Dass der Kreationismus den Wissenschaftsbetrieb überhaupt nicht bestimmt, wurde nicht erwähnt. Vielmehr sind die USA, die fast ausschließlich im Blickfeld der Filmemacher waren, die führende Wissenschaftsnation, obwohl (wie im Film berichtet) der Anteil der Schöpfungsgläubigen dort besonders hoch ist. Die beschworene Gefahr existiert nicht.

Diese Beispiele, denen man weitere anfügen könnte, mögen als Belege genügen, dass Fakten sehr selektiv präsentiert wurden. Joachim Bublath und sein Wissenschaftsteam haben genau das gemacht, was sie kritisierten. Sie haben einfache und verzerrende Antworten gegeben und zwar dadurch, dass sie ein Großteil dessen ihren Zuschauern vorenthielten, was zur einer ausgewogenen Präsentation gehören müsste.

Eine Ironie des Beitrags war übrigens, dass die Vorstellung kritisiert wurde, Gott habe wie aus einem Baukastensystem die Lebewesen geschaffen. Später aber war im Rahmen der Darstellung der Evolutionsanschauung zweimal von einem Baukastensystem die Rede, das in der Evolution zum Einsatz komme (vgl. „Mosaikformen als Grundtypen und Baukastensysteme“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=1261&Sprache=de&l=1>; vgl. auch das Thema „Konvergenz“ im Artikel „Ähnlichkeiten in der Morphologie und Anatomie“, <https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=41301&Sprache=de&l=1>). Wie aber hantiert die Evolution mit einem solchen Bausatz? Und wie ist er überhaupt entstanden? Nicht nachvollziehbar dürfte außerdem für viele der Unterschied zwischen den „richtigen“ Animationen der Evolutionstheoretiker und den „falschen“ der Schöpfungstheoretiker gewesen sein. Sie hatten jedenfalls in mancher Hinsicht eine verblüffende Ähnlichkeit.

Wie soll man reagieren? Es wäre zu wünschen, dass viel mehr Christen durch eine solche Sendung klar wird, dass hier ein Kampf mit unlauteren Mitteln gegen ein biblisches Verständnis der Welt als Schöpfung geführt wird. Und warum wird gekämpft? Wohl kaum, weil Kreationismus für die Wissenschaft gefährlich ist. Nein, sondern – pointiert gesagt – weil die Schöpfungslehre und das darauf aufbauende Evangelium von Jesus Christus gefährlich ist. Wenn der Film von Joachim Bublath dazu beitragen würde, die Relevanz der Ursprungsfrage für das christliche Zeugnis deutlich zu machen, hätte er einen guten Zweck erfüllt.

An die Studiengemeinschaft Wort und Wissen wurde öfter die Frage gestellt, ob man sich beim ZDF für eine Gegendarstellung stark machen sollte. Doch besteht wenig Hoffnung, dass dort Interesse an einer fairen Berichterstattung vorhanden ist, wie gerade diese Sendung eindrucksvoll gezeigt hat. Auch die Reaktion des ZDF auf eine Flut kritischer Stimmen im ZDF-Forum scheint dies zu bestätigen, denn es wurden vom ZDF nur einige Behauptungen des Films sinngemäß wiederholt. Die Studiengemeinschaft Wort und Wissen

(<http://www.wort-und-wissen.de>) sieht ihre Aufgabe primär in guter inhaltlicher Arbeit. Wer mithilft, dass diese bekannt wird, leistet einen wichtigen Beitrag zur Aufklärung.

Anlass zur Selbstkritik? Warum wurde im Titel der Sendung das Wort „Lüge“ verwendet? Ist es eine Anspielung an das Buch „*Evolution – the lie*“ von Ken Ham? Ist solch ein Buchtitel ein hilfreicher Weg, Andersdenkende zu gewinnen? Wohl kaum. Wenn man sich vergegenwärtigt, was weltweit, aber auch hierzulande unter dem Stichwort „Kreationismus“ angeboten wird, muss man traurig feststellen, dass es ein erhebliches Ausmaß an Ignoranz tatsächlich gibt (was den ZDF-Film nicht entschuldigt). Dagegen ist es angebracht, eigene offene Fragen einzuräumen und auch zuzugeben, wenn Evolutionstheoretiker gute Argumente haben. Das tun viele Schöpfungsgläubige nicht, und es ist auch nicht besonders populär. Aber es ist ehrlich und fair und trägt zur Glaubwürdigkeit bei. Das hat nichts damit zu tun, dass Abstriche am Wort Gottes gemacht werden. Ganz im Gegenteil: Gerade wer am Wort Gottes festhält, muss sich mit schwierigen Fragen in der Wissenschaft auseinandersetzen. Hier sollte kein falsches Bild gezeichnet werden, sonst wird man zum Ideologen. Für die Schöpfungsforschung gilt: Das Wort Gottes kommt zuerst und erst danach kommen die fehlbaren und vorläufigen Schöpfungsmodelle.

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n21.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

05.05.04 Vier neue Artikel zum Thema „Sündenfall und Biologie“

Die heutige Schöpfung funktioniert nur auf der Basis von Fressen und Gefressenwerden von Tieren. Die Räuber-Beute- und Wirt-Parasiten-Beziehungen sind sehr komplex. Um sich von anderen Tieren ernähren oder als Parasit leben zu können, benötigen die betreffenden Lebewesen oft ausgeklügelte Einrichtungen. Die ökologischen Verflechtungen werden oft als Argumente gegen die biblische Darstellung einer ursprünglichen Schöpfung, in der es keinen Tod gab, ins Feld geführt.

In vier Beiträgen wird auf diese nicht einfache Problematik eingegangen. In „Todesstrukturen in der Schöpfung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2041&Sprache=de&l=1>) werden beispielhaft heutige ökologische Beziehungen beschrieben, die auf Fressen und Gefressenwerden beruhen. Der Artikel „Biblische Aussagen zur Existenzweise der Lebewesen“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2042&Sprache=de&l=1>) präsentiert die biblische Sicht zu diesem Zustand. Die Todesstrukturen der Schöpfung sind demnach durch einen Umbruch ins Dasein gekommen. Wie man sich das biologisch modellhaft vorstellen kann, stellt der Artikel „Modell für einen Umbruch in der Schöpfung“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2043&Sprache=de&l=1>) zur Diskussion. Hinter dieser Thematik steht schließlich die Frage nach der Gerechtigkeit Gottes, die sog. „Theodizee“-Frage. Ihr widmet sich der Beitrag „Das Theodizee-Problem“ (<https://www.genesisnet.info/index.php?Artikel=2044&Sprache=de&l=1>).

Autor dieser News: Reinhard Junker

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n19.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>

11.02.04 Neue Fragen und Antworten

Heute wurden über 30 neue Fragen und Antworten hinzugefügt. Darunter solche wie:

"Ist eine paradiesische Welt ohne den Tod überhaupt ökologisch möglich?",
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=44&FG=2>

"Sind die hohen Menschenalter, die die Bibel überliefert, biologisch denkbar?",
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=53&FG=1>

"Lassen sich fehlende Übergangsformen durch lückenhafte Fossilienberichte erklären?",
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=34&FG=107>

"Weshalb besitzt der Mensch am Blinddarm einen anscheinend nutzlosen oder sogar gefährliche werdenden Wurmfortsatz?",
<https://www.genesisnet.info/index.php?Sprache=de&Frage=13&FG=5>

Autor dieser News: Torsten Poitzsch

© 2004, http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/n14.php

Zurück zur Artikel-Übersicht: <https://www.wort-und-wissen.org/publikationen/genesisnet/>