

Herausgeber:

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

Redaktion:

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

Korrespondenzadresse:

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

Graphik/Design:

Regine Tholen AGD, Langgöns

Druck und Bindung:

Dönges Druck und Medien, Dillenburg

Erscheinungsweise und Bezugsbedingungen:

Die Zeitschrift erscheint zweimal jährlich.
Jahresbezugspreis € 15,00; für Studenten
€ 10,00; Preise **inkl.** Versandkosten und
MwSt. Auslandspreise auf Anfrage.
Einzelhefte: € 8,50 (inkl. Versandkosten).

Bestellungen richten Sie an den Heraus-
geber. Das Abonnement kann zum Jahres-
ende gekündigt werden. Die Kündigung
muß schriftlich erfolgen.

Alle Rechte vorbehalten.

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

Titelbild: Filigrane Schönheit: Die Rippen-
qualle *Mnemiopsis leidyi*. Der Fund eines
gut erhaltenen Embryos einer Rippen-
qualle wird bereits aus dem frühen Kam-
brium vermeldet (s. S. 100). Foto und ©:
Jan LANGMAACK; www.tauchen24.info;
Abdruck mit freundlicher Genehmigung.

STUDIUM INTEGRALE

journal

14. Jahrgang/Heft 2 – Oktober 2007

I N H A L T

<i>P. Imming & E. Bertsch</i>	„Zufall und Notwendigkeit erklären den Ursprung des Lebens nicht“	55
<i>S. Scherer</i>	Bakterielle Endosymbionten von Pflanzenläusen mit stark reduzierten Genomen	66

Kurzbeiträge

<i>S. Hartwig-Scherer & M. Brandt</i>	KNM-ER 1470 kein Vorfahr des Menschen – Aufstieg und Fall eines Stars	74
<i>H. Binder</i>	Über den genetischen Unterschied zwischen Mensch und Schimpanse – der „1%-Mythos“	77
<i>H. Binder</i>	Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von <i>Tyrannosaurus rex</i>	78
<i>R. Junker</i>	Ist der Stammbaum des Lebens ausgestorben?	82
<i>W. Lindemann</i>	Programmierte Mikroevolution bei Inselfinken?	85
<i>M. Stephan</i>	Großer Meersaurierfriedhof – Zeugnis für Massensterben	88
<i>W. Lindemann</i>	Wasser auf dem Mars	92

Streiflichter

	Jünger als die DNA erlaubt? Morphologie und Moleküle einmal mehr im Konflikt	95
	Homochiralität: astrophysikalischer Mechanismus zur Anreicherung von Aminosäure- Enantiomeren?	
	Mikroorganismen in Bernstein aus der alpinen Trias	96
	Evolution eines Polyphenismus – Beleg für Evolution oder für polyvalente Stammform?	97
	Viren als Nützlinge?	98
	Die Masse macht's? Wie Mann mit 1/10 der Gehirnmasse leben kann	99
	Genomik: Sind Seeanemonen auch nur Menschen?	100
	Rippenquallen aus dem Kambrium	
	Du Wurm? Du Qualle!	101
	Neue Untersuchung zur präbiotischen Synthese von Cytidin	102
	Genom-Transplantation – Schritte auf dem Weg zum Leben aus dem Labor?	103

Rezensionen

<i>R. Junker</i>	Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa (S. Richter & W. Sudhaus)	105
------------------	---	-----

EDITORIAL

Die öffentlichen Debatten um Evolution und Schöpfung reißen nicht ab. In einer kritischen Diskursanalyse der Medienberichterstattung zu „Intelligent Design“ im deutschsprachigen Raum stellt Robert SCHMIDT die häufige Beobachtung heraus, dass dieses Thema zwar in den Medien viel von sich reden mache, die Berichterstattung jedoch „nahezu gänzlich ohne wissenschaftliche Argumente auskommt“ („Religion • Staat • Gesellschaft, Zeitschrift für Glaubensformen und Weltanschauungen“, 7. Jg., Heft 2/2006, S. 174). Wenn Aussagen über die Erklärungskraft der Evolutionstheorie in den Medien gemacht werden, hört sich das meistens etwa so an: „Die Evolutionstheorie ... kommt vollends mit den Kräften aus, die Biologen und Geologen in Gefolge Darwins in Organismen, Populationen und im Erdsystem aufgespürt haben.“ Evolutionsbiologen „sehen sich mit keinen prinzipiellen Verständnislücken konfrontiert wie etwa Physiker, die immer noch nicht wissen, was Schwerkraft ist“ (Christian Schwägerl in der FAZ, 14. 7. 2007).

Diese verbreitete Auffassung steht in scharfem Kontrast zur tatsächlichen (Un-)Kenntnis über Mechanismen der Makroevolution und insbesondere über die Entstehung des Lebens. Unser rapide gewachsenes Wissen über die Vorgänge in den Zellen legt vielmehr nahe, dass es prinzipielle Erkenntnisgrenzen geben könnte, die in der Natur des Phänomens „Leben“ liegen. Diese Schlussfolgerung drängt sich jedenfalls nach der Lektüre unseres ersten Beitrags in dieser Ausgabe auf. „Zufall und Notwendigkeit erklären den Ursprung des Lebens nicht.“ Das ist nicht etwa Propaganda von Wissenschaftsfeinden, sondern die Überschrift einer längeren Fachpublikation in der Zeitschrift *Cell Biology International*. Peter IMMING und Eberhard BERTSCH fassen die wichtigsten Inhalte dieses Artikels und weiterer neuerer Publikationen mit ähnlichem Inhalt zusammen. Wenn Zufall und Notwendigkeit den Ursprung des Lebens nicht erklären, was dann? Handelt es sich um ein „Noch nicht“? Müssen neue Forschungsansätze entwickelt werden? Oder stehen die Wissenschaftler vor einer prinzipiellen Grenze? Könnte man eine solche Grenze überhaupt mit wissenschaftlichen Methoden erkennen? Machen Sie sich Ihr eigenes Bild! Der Beitrag von IMMING und BERTSCH zeigt, dass wachsende Kenntnisse diese Fragen immer klarer hervortreten lassen statt sie zu beantworten.

Mehr Wissen – mehr Fragen: Auf dieses Tandem haben wir an dieser Stelle schon manches Mal hingewiesen. Es trifft auch auf einige weitere Beiträge dieser Ausgabe zu. Siegfried SCHERER gibt einen Überblick über die sprunghaft gewachsenen Kenntnisse über die Größen der Genome DNA-haltiger Organellen, symbiontisch lebender Mikroorganismen und frei lebender Bakterien. Einerseits passt das sich abzeichnende Größenkontinuum der Genome dieser Organellen und Organismen zu den Erwartungen im Rahmen der Endosymbiontenhypothese, andererseits werden neue Fragen bezüglich evolutionärer Mechanismen aufgeworfen.

„Mehr Wissen – mehr Fragen“ gilt auch für die Systematik. In mehreren Beiträgen geht es um neue Erkenntnisse über Verwandtschaftsverhältnisse aufgrund molekularer Analysen. Dieser anfangs vielversprechende Ansatz führt in zahlreichen Fällen zu Merkmalskonflikten. Anstelle der Lösung von Problemen tauchen nicht selten neue auf, wo schon alles klar zu sein schien. Dies geht so weit, dass W. F. DOOLITTLE & E. BAPTESTE in Frage stellen, dass man unter evolutionstheoretischen Voraussetzungen überhaupt einen *Stammbaum* des Lebens erwarten könne. Die Ähnlichkeitsbeziehungen der Organismen gleichen nach ihrer Auffassung viel eher einem Netzwerk, besonders bei den Mikroorganismen. Reinhard JUNKER stellt die Argumente dieser beiden Autoren vor.

Spannend sind auch neue Untersuchungen über einen berühmten Schädel. KNM-ER 1470 wurde als *Homo habilis* bekannt und wird in vielen Schulbüchern als erster Vertreter der Gattung Mensch und oft als fast perfektes Bindeglied präsentiert. Eine Neuuntersuchung des stark fragmentierten Schädels zeigt nun, dass diese Position mit großer Wahrscheinlichkeit nicht gerechtfertigt ist, wie Sigrid HARTWIG-SCHERER und Michael BRANDT berichten.

Revision erfuhr auch der nun als „1%-Mythos“ bezeichnete Befund, dass sich das Erbgut von Mensch und Schimpanse nur um gut 1% unterscheide. Neue Analysen „nicht-codierender“ DNA-Abschnitte zeigen, dass der Unterschied sehr viel größer ist. Harald BINDER stellt diese Befunde vor.

Naturwissenschaft bringt Veränderung mit sich – manchmal in überraschende Richtungen.

Ihre Redaktion Studium Integrale *journal*

„Zufall und Notwendigkeit erklären den Ursprung des Lebens nicht“

Peter Imming, Ulestr. 8, 06114 Halle,
und Eberhard Bertsch, Köhlerwaldstr. 45b, 58300 Wetter

Zusammenfassung: Unter diesem Titel erschien im Jahr 2004 eine längere Fachpublikation in der Zeitschrift *Cell Biology International* (TREVORS & ABEL 2004). Darin wird am Ende konstatiert, dass „auch der ursprünglichste Protometabolismus ein integratives Management benötigt hätte“. In ähnlicher Weise kommt eine Arbeit in der mathematischen Fachzeitschrift *Chaos, Solitons and Fractals* (VOIE 2006) zu dem Schluss, es sei „sehr natürlich, dass viele Wissenschaftler glauben, das Leben sei eher ein Subsystem eines Geistes, der größer als die Menschen ist, oder eines symbolischen Superrechners“ und „nicht ein Subsystem des [materiellen] Universums“. Wie kommen Wissenschaftler unterschiedlicher Disziplinen dazu, solche von anderen verschmähte, ja als wissenschaftsfeindlich stigmatisierte Gedanken gerade aus naturwissenschaftlichen Überlegungen abzuleiten? Gilt nicht das Primat der Materie über den Geist als unveräußerliche Bedingung echter naturwissenschaftlicher Theoriebildung? Die Autoren des vorliegenden Artikels möchten die wissenschaftlichen Überlegungen von TREVORS, ABEL, VOIE und anderen einer breiteren Leserschaft bekanntmachen und zur Lektüre der Originalartikel anregen. Deshalb legen wir eine Zusammenfassung vor, in die wir eigene Überlegungen als Chemiker (P.I.) und Informatiker (E.B.) eingearbeitet haben.

Mindestens vier „Urknalle“

Es gibt mindestens vier Organisationsstufen des Seins, die sich nach Auffassung mancher Naturphilosophen und -wissenschaftler einer Erklärung durch graduelle Entstehung entziehen: (1) Der Übergang vom Nichtsein zum Sein; (2) der Übergang von toter zu lebender Materie; (3) der Übergang zum Bewusstsein; (4) der Übergang von Nicht-Sittlichkeit zu Sittlichkeit. Der erste Übergang gehört zur Frage nach einem kosmischen Urknall (PAILER & KRABBE 2006); der dritte wird oft auf dem Wege von Definitionen wegzuerklären versucht (siehe die Analyse dieser Argumentationen bei SPAEMANN & LÖW 2005); der vierte beinhaltet die Frage nach der Begründung einer Ethik. Der Unterschied von lebender und toter Materie (Übergang 2) beschäftigt Chemiker und Genetiker. Erlauben die bekannten Gesetze der Chemie und Informationstheorie eine Umorganisation von Materie in dem Sinne, dass Biomoleküle und Biomolekül-

verbände („Hardware“) sowie biochemische und zelluläre Organisationsformen („Software“) ohne „integratives Management“ (s. obiges Zitat) entstehen? Diese Fragen werden schon lange diskutiert. In den letzten Jahrzehnten wurde die Detailkenntnis biochemischer und genetischer Prozesse vertieft und erlaubt dadurch nun eine genauere Analyse des Phänomens „Leben“ auf molekularer Ebene.

Eine kurze pointierte Definition von Leben scheint kaum möglich; doch sind viele für Leben notwendige Voraussetzungen und Vorgänge im Detail bekannt. Beispielhaft seien genannt: Als Voraussetzung die Existenz von Proteinen; als Vorgang der Informationsfluss vom Zellkern zum Ribosom. Allgemeiner ist in neuerer Zeit die kybernetische Natur des Lebens hervorgehoben worden. Eine digitale, genetische Steuerung chemischer Vorgänge findet sich nur in Lebewesen (ABEL & TREVORS 2006).

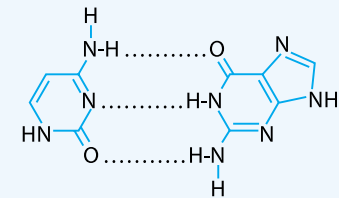
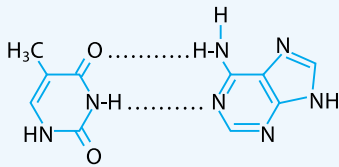
Eine Notwendigkeit kann nicht als
ursächliche Begründung eingesetzt
werden; denn die Notwendigkeit für
einen Organismus, ein bestimmtes
Merkmal zu haben, befähigt ihn nicht,
es auch zu entwickeln.

Die Voraussetzungen und Vorgänge des Lebens können wissenschaftlich analysiert und oft sogar experimentell simuliert werden. So kann stärker eingengt werden, welche Bedingungen für ihre Entstehung und Existenz erstens hinreichend und zweitens notwendig sind. Häufig wird aus der Formulierungsweise jedoch nicht klar, dass eine *notwendige* Bedingung noch keine *hinreichende* ist. Sauerstoff in der Atemluft ist für menschliches Leben notwendig, aber eine Atomsphäre mit 20% Sauerstoff ist nicht hinreichend für Entstehung und Existenz von Menschen. Deshalb betonen wir im Einklang mit grundlegenden logischen und philosophischen Aussagen: *Eine Notwendigkeit kann nicht als ursächliche Begründung eingesetzt werden; denn die Notwendigkeit für einen Organismus, ein bestimmtes Merkmal zu haben, befähigt ihn nicht, es auch zu entwickeln.* Entwickeln kann sich nur, was

Mit * *versehene*
Begriffe werden im
Glossar erklärt.

Thymin (T)

Adenin (A)



Cytosin (C)

Guanin (G)

Abb. 1: Aufbau der DNA. Rechts Doppelhelix, Z = Zucker Desoxyribose, P Phosphatrest. Links die vier Grundbausteine (Basen) der DNA. Je zwei Basen passen genau zueinander und sind daher „komplementär“. Die Basenpaarung erfolgt über Wasserstoffbrücken (gepunktete Linien). Mittels der DNA-Sequenz (Abfolge) werden die Reihenfolgen der Aminosäuren in den Proteinen programmiert. Ein Triplet steht für eine Aminosäure. (Aus JUNKER & SCHERER 2006)



Voraussetzungen für Leben

Es ist unmöglich, alle Voraussetzungen für Leben aufzuzählen. TREVORS & ABEL (2004) beschränken sich auf den Ursprung des Lebens (Urzeugung) und hier wiederum auf die schon für einfachste Einzeller lebensnotwendige biochemisch-genetische Maschinerie. Sie geben zu bedenken, dass man auf der konventionellen Zeitskala nur 200 Millionen Jahre hat, bis auf der abgekühlten Erde das erstmalige Auftreten von Leben nach üblicher Vermutung erfolgte. In dieser vergleichsweise kurzen Zeit hätten also die folgenden notwendigen Voraussetzungen für Leben entstanden sein müssen:

(1) ein genetisches Betriebssystem, um Programmierungsschritte in symbolischer Form darstellen zu können (siehe Textkasten, „Haben lebende Zellen ein Betriebssystem?“);

(2) die einzelnen Programme für die Biosynthese von Biomolekülen unterschiedlicher Größe, die biochemischen Pfade und die metabolischen* Zyklen (Abläufe im Stoffwechsel);

(3) ein Codesystem, um den Triplet-Code der DNA in die Sprache der Aminosäuren zu übersetzen (vgl. Abb. 1 und 2).

Aus dieser Analyse wird sehr deutlich, dass der Sprung von toter Materie und präbiotischer* Chemie zu den Abläufen in Organismen wirklich ein Sprung und kein Gang ist.

Unter dem einen Schlagwort „genetischer Code“ verbergen sich zwei ganz unterschiedliche Dinge, die auseinandergehalten werden müssen: Zum

genetisch angelegt ist. Simplifizierend, aber anschaulich gesagt: Flügel zu haben, wäre für uns Menschen manchmal ein Überlebensvorteil, aber aus der Notwendigkeit erwächst keine Flügelanlage. Notwendigkeit ist nicht hinreichend für das In-Existenz-Kommen.

Haben lebende Zellen ein Betriebssystem?

Der Vergleich zwischen Konzepten aus Informationstechnik und Informatik einerseits und solchen aus der Molekularbiologie andererseits wird in den hier zitierten Veröffentlichungen wiederholt herangezogen. Für Leser mit geringen Vorkenntnissen auf einem oder beiden dieser Gebiete soll die Begründung und Berechtigung des Vergleichs in knapper Form erläutert werden.

Ein Anwendungsprogramm wie etwa ein Computerspiel oder ein Texteditor oder eine Tabellenkalkulation, das seinerseits aus Millionen einzelner Anweisungen (Schaltungsaufforderungen) besteht, kann beispielsweise über eine CD-ROM in den Speicher eines PC geladen werden. Es ist dann auf dem PC lauffähig. Allerdings setzt dies das gleichzeitige Vorhandensein eines Grundprogramms voraus, das ebenfalls aus vielen Millionen einzelner Anweisungen besteht und den ausdrück-

lichen Zweck hat, die Ausführung von Anwendungsprogrammen zu ermöglichen. Man nennt solche Grundprogramme Betriebssysteme (operating systems). Auch die Übersetzung von Computerprogrammen aus einer von Menschen hergestellten Form in eine vom Rechner unmittelbar ausführbare Form (Folge von Instruktionen) kann nur bei Vorhandensein des passenden Betriebssystems geschehen. Auf häuslichen Computern sind heutzutage vorwiegend das Betriebssystem Windows – entwickelt in der von Bill Gates gegründeten Firma Microsoft in Seattle, USA – und verschiedene Varianten von Linux – das frei kopiert werden darf – gebräuchlich. Rechner der Firmen Apple und Sun verwenden Betriebssysteme, die Linux in verschiedener Hinsicht ähnlich sind.

Dieser Sachverhalt entspricht dem Zusammenwirken zwischen Eiweißen und Nukleinsäuren, die einen

bestimmten Zweck in Aufbau und Erhaltung von Lebewesen erfüllen, und solchen anderen Eiweißen und Nukleinsäuren, die das komplizierte Steuerungssystem für die zuvor genannten bilden. Transkription (Abschreiben von Genen) und Translation (Übersetzen in die Sprache der Aminosäuren) erfüllen keine unmittelbar nützlichen Aufgaben des Lebens, sondern stellen lediglich auf sehr indirektem Wege deren organisatorischen Rahmen dar. Diese Unterscheidung ist also ganz ähnlich zu derjenigen zwischen einem Anwendungsprogramm und einem Betriebssystem. Hinzu kommt die Tatsache, dass in beiden Welten die Darstellung der Instruktionen durch Folgen aus Millionen oder Milliarden von Buchstaben eines ganz kleinen Alphabets geschieht: 0 und 1, also niedrige und hohe Spannung, in der Informationstechnik; die einfachen Moleküle A, T, C und G in der Biologie.

einen die Entstehung von Instruktionen („Anweisungen“), zum anderen die Entstehung eines Codesystems mehrerer Programmiersprachen, mittels derer man die Instruktionen notieren und weitergeben kann (TREVORS & ABEL 2004). Zellen müssen beides beherrschen: Algorithmische Programme zu schreiben (einfacher); verschiedene Codesysteme ineinander zu übersetzen (schwieriger). Gene und Gen-Netzwerke sind Beispiele für Programmierung. Damit programmiert werden kann, muss ein Betriebssystem existieren. Anschaulicher mit einer Analogie gesagt: Die Aneinanderreihung von Schriftzeichen (Buchstaben, Wörter, Sätze) ergibt nur dann einen versteh- und ausführbaren Text, wenn so etwas wie Sprache schon existiert. Da man bei natürlichen Prozessen außerhalb lebender Zellen nie beobachtet hat, dass sie Instruktionen innerhalb eines konzeptionellen Systems „aufschreiben“ (programmieren) können, fehlen der Theorie der molekularen Evolution die Mechanismen für die Entstehung schon der grundlegendsten lebensnotwendigen Prozesse zur Informationsspeicherung, Informationsweitergabe und entscheidungsbasierten Informationsverarbeitung:

- (1) Instruktionen für die Organisation des Stoffwechsels;
- (2) ein Code-/Betriebs-System, um diese Instruktionen zu codieren, zu speichern und zu replizieren;
- (3) ein eindeutiges Codierungssystem mit eingebauter Redundanz zur Fehlerunterdrückung, das den genetischen Code der DNA (Abb. 3) mit dem Aminosäurecode der Proteine verknüpft;
- (4) Zellen, die alle diese Codes implementieren und interpretieren können.

Wenn das die unabdingbaren biochemischen und informationstheoretischen Voraussetzungen für einfachstes Leben sind, wie steht es dann mit der Erklärungskraft naturalistischer Entstehungsmodelle?

Natürliche Selektion

Natürliche Selektion ist ein beobachtbarer Mechanismus, der natürlich auch von Schöpfungsgläubigen nicht geleugnet wird (z.B. JUNKER & SCHERER 2006). Er führt zur Auswahl der bestangepassten Organismen durch die Umwelt. Dabei werden Phänotypen ausgewählt, die das fertige Produkt genetischer Algorithmen sind. Dabei gilt: Die Umwelt selektiert nicht Nukleotid- oder Codon-Sequenzen, sondern Phänotypen. TREVORS & ABEL (2004) stellen daher fest: „Die Natur hat nicht die Fähigkeit, ein kybernetisches System auf der Ebene der Entscheidungsknoten (s. Textkasten) zu optimieren“, geschweige denn es zu erzeugen. Physikalisch-chemische Naturgesetze („Notwendigkeiten“) führen nicht zum Aufbau eines kompletten Betriebssystems und programmierter Instruktionen. Etwas

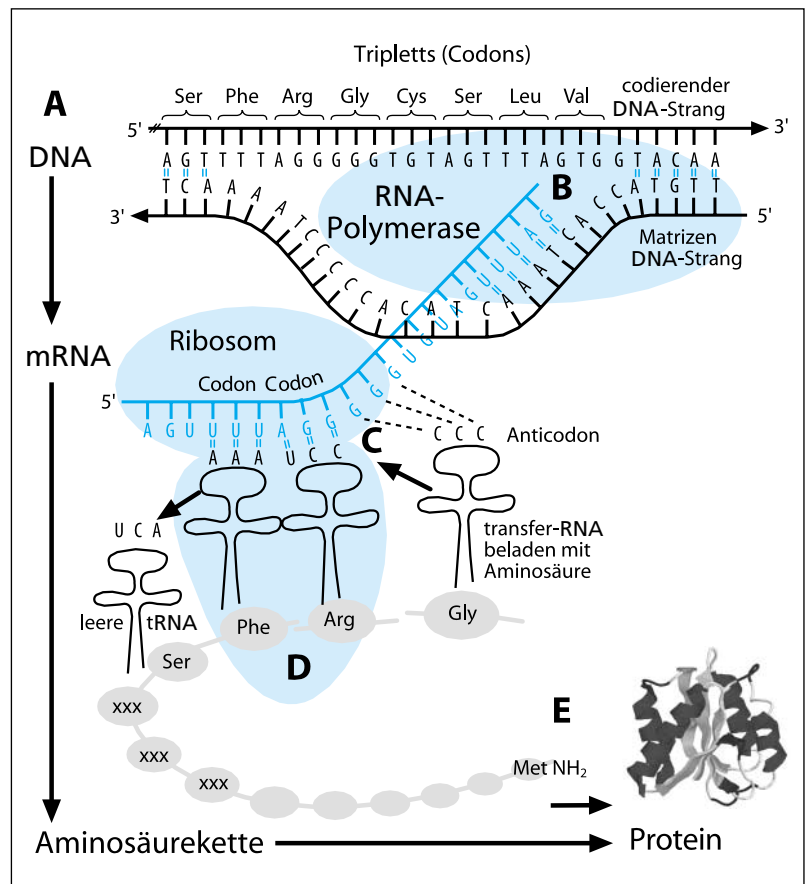


Abb. 2: Vom Gen zum Protein. **A** Die Erbinformation wird in der Sequenz der DNA-Basen A, T, C und G gespeichert und vererbt (vgl. Abb. 1). Wasserstoffbrückenbindungen sorgen dabei stets für korrekte Basenpaarung. **B** Ein komplizierter Enzymkomplex (RNA-Polymerase) stellt eine Arbeitskopie des Gens her, welche als messenger-RNA (mRNA) bezeichnet wird (in RNA wird Uracil statt Thymin verwendet). **C** Eine noch weit kompliziertere molekulare Maschine (Ribosom) ermöglicht, dass aminosäuretragende transfer-RNS-Moleküle an die Basentriplets der mRNA angelagert werden. **D** Diese Aminosäuren werden am Ribosom zu einer wachsenden Kette verbunden. **E** Die Aminosäurekette faltet sich, meist unter Mitwirkung von Hilfsproteinen, zum funktionalen Protein zusammen. (Zeichnung nicht maßstabsgetreu; aus JUNKER & SCHERER 2006)

vereinfacht gesagt erhebt sich die Frage: Wenn die Natur „nur“ fertige Systeme durch Selektion optimieren kann, die aus genetischem Speicher und Genotyp-Phänotyp-Maschinerie bestehen, wie kann sie solche Systeme erzeugt haben? Oder kann sie es nicht allein?

Lange Zeiten

Wie in evolutionstheoretischen Modellen üblich, werden auch für die Urzeugung häufig „lange Zeiträume“ als Lückenbüßer für unbekannte Mechanismen eingesetzt. TREVORS & ABEL (2004) weisen darauf hin, dass für die spontane Entstehung genetischer Instruktionen gar nicht lange Zeiten gebraucht werden, sondern plausible Mechanismen und empirische Hinweise auf die ungesteuerte, naturalistische Entstehung funktionaler Algorithmen. Die Komplexität des innerzellulären Kommunikationssystems erfordert beispielsweise, dass das Proteinbiosynthese-System komplett vorhanden sein muss: RNA zur Synthese

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

Abb. 3: *Der genetische Code in seiner Standardform. Er ist hier auf der mRNA-Ebene angegeben, dort wird statt Thymin die Nukleobase Uracil (U) verwendet. Pyrrolysin und Selenocystein sind selten vorkommende Aminosäuren, die als Bausteine von Proteinen erst in den letzten Jahren entdeckt wurden.* (Aus JUNKER & SCHERER 2006)

der Proteine, Proteine zur Synthese von RNA, sowie Aminosäuren und andere Moleküle als Bausteine. Nur vom kompletten System können biochemische Botschaften (Signale) gesendet werden. Zugleich muss aber auch der korrekte Code für die benötigten Proteine auf DNA- und mRNA-Basis existieren. Modellvorstellungen, die von einfacheren Systemen ausgehend die Entstehung komplexer simulieren sollen, versagen nach Meinung von TREVORS & ABEL (2004) bei detaillierter Betrachtung. Zum Beispiel wurde vorgeschlagen, die Anzahl der Nukleotide pro Codon (heute: drei) hätte sich im Laufe der Entstehungsgeschichte verändert (erhöht). Eine solche Veränderung hätte aber zum kompletten Verlust der bis dahin erworbenen biochemischen Funktionalität geführt, und das Leben hätte wieder von vorn beginnen müssen.

Entscheidungsknoten

Die Verwendung dieses Wortes in der Informatik kommt daher, dass man sich jeden programmierten Ablauf auch als ein Flussdiagramm vorstellen kann, in dem die nacheinander auszuführenden Schritte durch Linien verbunden sind. Wenn auf eine Stelle im Diagramm nur eine Linie hinführt, aber mehrere von ihr weg-führen, dann liegt das an einer Auswahl oder Entscheidung, ob der eine oder der andere Weg weiter verfolgt wird. Das Wort „Knoten“ wird in der Theorie der Graphen, also ursprünglich einem Gebiet der reinen Mathematik, für solche Stellen verwendet. Die Verbindungen der Knoten heißen „Kanten“. (Im Englischen sind es „nodes“ und „edges“.) Im Zusammenhang dieses Artikels ist der Begriff „Entscheidungsknoten“ in einem

übertragenen, abstrakten Sinne zu verstehen. In einem biochemisch gesteuerten System wäre etwa die Anwesenheit oder Abwesenheit von Laktose (Milchzucker) ein Auslöser der Entscheidung, ob ein bestimmtes Gen aktiviert wird oder nicht. Diese Entscheidung stellt innerhalb des gesamten Ablaufs einen sogenannten Knotenpunkt dar.

Die erwähnte „Optimierung“ auf dieser Ebene – deren Erreichbarkeit durch zufällige Vorgänge von den Autoren in Frage gestellt wird – würde beinhalten, dass zufällige Veränderungen einer solchen Struktur zu Abläufen führen können, in denen angemessene Entscheidungen besser erzielt werden als im ursprünglichen Zustand.

Unmögliche Dinge passieren auch dann nicht, wenn man lange wartet. Ab welcher Wahrscheinlichkeit ist etwas unmöglich? Statistische Abschätzungen zur Wahrscheinlichkeit der Entstehung von definierten Proteinsequenzen liefern sehr kleine Zahlen mit sehr begrenzter Aussagefähigkeit. Für viele Chemiker ist die Wahrscheinlichkeit der ungesteuerten Entstehung biochemischer Systeme

Unmögliche Dinge passieren auch dann nicht, wenn man lange wartet.

aber – ganz losgelöst von Statistik – mit der Bewegung eines Backsteins vergleichbar: Er fällt immer nach unten, wenn man ihn loslässt. Keine quantenphysikalische Berechnung kann uns überzeugen, dass er auch einmal nach oben „fällt“, selbst wenn wir es eine Milliarde Mal versuchen. Das ist unmöglich, weil wir es erstens nie beobachtet haben und zweitens keinen natürlichen Mechanismus wissen, der hier auf der Erde eine solche Anomalie verursachen könnte. Analog ist es bei biochemischen Systemen: Dem chemischen Sachverstand erscheint es unmöglich, dass sich Moleküle spontan und ohne äußere Steuerung (egal ob plötzlich oder ganz allmählich) zu Systemen zusammenfinden, die wir lebende Zellen nennen.

Programme und Programm-Systeme

Wie oben erwähnt ist der „genetische Code“ tatsächlich ein System verschiedener Codes:

(1) Zunächst beinhaltet er die Entsprechung eines DNA-Triplett-Codons und einer Aminosäure. Das ist der offensichtliche Aspekt des genetischen Codes: Ein Satz optimierter genetischer Zuordnungen, die nach TREVORS & ABEL (2004) prinzipiell nicht durch Zufallsvariation von Nukleotid-Positionen erklärt werden können.

(2) Der genetische Code im umfassenden Sinne beinhaltet weiterhin:

(a) Die Vorgänge der Verschlüsselung und Entschlüsselung auf dem Weg von der DNA zum Protein;

(b) den vom DNA-Code wesensmäßig verschiedenen Proteincodex. Es gibt keinen direkten physikochemischen Zusammenhang zwischen der DNA-Sequenz und der Aminosäure-Sequenz. Erstere ist ein programmierter Informationsspeicher, letztere für bestimmte Funktionen optimiert. Die Funktion von Proteinen als Baustoffe, Botenstoffe und Biokatalysatoren beruht nämlich nicht auf ihrer Aminosäuresequenz, sondern auf ihrer dreidimensionalen Struktur. Letztere wird auch Tertiärstruktur genannt, beruht auf korrekter Faltung der Kette und wird oft bereits durch Austausch einzelner Aminosäuren inaktiv. Bei Proteinen ist also

die 3D-Struktur der „Code“, und damit ein funktioneller, kein Datenspeicher-Code. Um es in der Sprache der Informatik zu formulieren: DNA-„Sprache“ und Protein-„Sprache“ haben einerseits eine Syntax und Semantik, die völlig unterschiedlich sind. Sie hängen andererseits durch symbolische Repräsentation zusammen. Das kann jedoch nicht durch Ursache-Wirkungsbeziehungen entstehen, schreiben TREVORS & ABEL (2004). Repräsentation kann als „Entsprechung“ angesehen werden; dabei handelt es sich um eine formale, keine physikochemische Beziehung von Molekülen zueinander. „Formal“ wiederum heißt hier nicht „pro forma“. Vielmehr ist das Wort informationstheoretisch zu verstehen: Als Entsprechung oder Abbildung unterschiedlich verschlüsselter Daten.

Im chemischen Detail soll der Sachverhalt durch Beispiele illustriert werden:

(1) Genau wie Buchstaben eines Alphabets fungieren DNA-Codons als Symbole. Das bedeutet: Sie sind *nicht* chemische Reaktionspartner der Moleküle, für die sie codieren. Zwar folgt der Ablauf der Transkription (Abschrift der DNA in Form der mRNA) und Translation (Übersetzung der mRNA in eine Aminosäureabfolge) chemischen Gesetzmäßigkeiten, so wie das Umlegen eines Schalters mechanischen Gesetzen folgt. Aber Intention und Folgen des Schalterumlegens sind genauso wenig von der Mechanik determiniert oder gar „erfunden“ worden wie die codierte Bedeutung der Information auf der DNA und ihre Übersetzung in die Sprache der Proteinwelt von der Chemie.

(2) Aminosäuren reagieren nicht *direkt* mit den Triplettcodons – weder auf der DNA noch auf „ihrer“ tRNA; dennoch gibt es definierte Entsprechungen der Moleküle zueinander. Diese Entsprechungen gehorchen den Gesetzen der Chemie, aber sie sind in ihrer Entstehung nicht aus den Gesetzen ableitbar. Die Gesetze der Physik und Chemie können nicht erklären, warum jede tRNA genau „ihre“ Aminosäure(n) hat.

(3) Eine präbiotische (d. h. vor der Existenz von Leben) ungesteuerte Selektion der Aminosäure-Reihenfolge (Sequenz) für funktionale Proteine ist u. a. aufgrund der folgenden Überlegung zweifelhaft. Die „Buchstaben“ (Aminosäuren) für die „Worte“ (Proteine) müssen ausgewählt werden, bevor sich das Protein so faltet, dass es seine Funktion ausüben kann. Spontane Ursache-Effekt-Mechanismen können jedoch die korrekte Aminosäure nicht auswählen, weil eine präbiotische Umgebung nicht vorhersehen kann, welche Faltung auftritt und welche Bindungsmöglichkeiten oder Funktion das fertige Protein haben muss (ABEL & TREVORS 2006). Folgender Befund stützt die Ansicht, dass physikochemische (naturgesetzliche) Mechanismen bei der Entstehung von Proteinen keine Rolle gespielt haben: 25 in evolutionären Modellen für alt gehaltene Proteine wurden in ihrer

Glossar

Bottom-up-Erklärung: Eine Erklärung, bei der versucht wird, ein Phänomen auf einer höheren Organisationsebene auf Vorgänge einer niedrigeren zurückzuführen. Beispiel: Wenn man versucht, biologische Vorgänge aus physikalischen Gesetzen abzuleiten.

Chiralität, Homochiralität: Objekte können identisch oder nicht identisch (nicht kongruent) mit ihrem Spiegelbild sein. Im letzteren Fall sind sie chiral. Das Wort leitet sich vom griechischen Wort für Hand ab; denn Hände weisen genau diese Eigenschaft auf. Sehr viele für Leben essentielle Moleküle 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. Es ist prinzipiell unklar, wie es in einer hypothetischen präbiotischen Welt ohne äußeren Eingriff zu einer Selektion der einen spiegelbildlichen Form gekommen sein kann.

Dissipative Strukturen: Der Begriff wird in der physikalischen Chemie verwendet. Er benennt Systeme, die nicht im thermodynamischen Gleichgewicht stehen, offen sind und zugleich definierte Strukturen zeigen. Offen meint, dass das System Energie und Stoffe mit der Umgebung

austauscht.

Enantiomerenrein: Zwei zueinander spiegelbildliche Moleküle heißen Enantiomere, ein 1:1-Gemisch zweier Enantiomere Racemat. Enantiomerenrein bedeutet, dass eine Substanzprobe nur aus dem einen Enantiomeren besteht.

Iterativer Prozess: Ein Verfahren, bei dem man schrittweise einen Parameter ändert, um einer Lösung oder einem Ziel näherzukommen.

Präbiotisch: „Vor dem Leben“, gemeint ist ein hypothetischer Zustand der Erde, bevor sie mit lebendigen Organismen besiedelt war. Hypothetisch ist dieser Zustand im Rahmen der Naturwissenschaft, weil er der Beobachtung entzogen ist.

Proteinogene Aminosäuren: Proteine in Lebewesen sind Polymere aus alpha-Aminosäuren. Normalerweise sind es ca. 20 verschiedene alpha-Aminosäuren, die Proteine aufbauen, z.B. Alanin, Cystein, Leucin, Tryptophan.

Metabolismus: Die Summe aller (bio-)chemischen Stoffwechselvorgänge.

Replikation: Die Vervielfältigung der DNA bei der Zellteilung.

Transkription, Translation: Transkription ist die „Umschrift“ der DNA in (messenger) RNA; letztere gelangt zum Ribosom, wo die Translation stattfindet, also die „Übersetzung“ in Proteine.

Aminosäure-Sequenz untersucht (THAXTON et al. 1984, KOK et al. 1988). Aus thermodynamisch-naturgesetzlichen Gründen sollten gewisse Sequenzen gehäuft vorkommen. Das ist nicht der Fall – die „alten“ Sequenzen lassen keine „Vorlieben“ erkennen, die bei Entstehung per naturgesetzlicher Determinierung erwartet wurden.

(4) Es sei hinzugefügt, dass mindestens zwei weitere biochemische Codes bekannt sind, die wiederum anders funktionieren als der DNA- und der Proteincode.

(a) Die epigenetische Programmierung bestimmt, welche Abschnitte welches Chromosoms in welchem Entwicklungs- oder Funktionsstadium einer Zelle transkribiert (übersetzt) werden können. Es handelt sich nach gegenwärtigem Wissen vor allem um chemische Modifikationen (Methylierungen, Acetylierungen) der DNA-Basen und der Histone, auf welche die DNA aufgewickelt ist, sowie um lokale Dichteveränderungen des Chromatins. Man spricht oft von einem „Histon-Code“ (AUSIO 2006).

(b) Auf viele Proteine setzt ein weiterer Code auf in Form von Oligosaccharid-Gruppen (Zuckerresten), die sehr spezifisch kovalent an Proteine gebunden sind. Diesem Code wird ein sehr viel höherer Informationsgehalt zugesprochen als dem DNA-Code (GABIUS 2000). Die Zuckerreste werden posttranslational aufgebracht, also nach der Biosynthese der Proteine am Ribosom. Solche modifizierten Proteine werden Glykoproteine genannt; sie spielen eine große Rolle bei der Erkennung der Individualität auf biochemischer Ebene, z. B. im Immunsystem und für die gegenseitige Erkennung von Zellen eines Organismus. Wenn man sagt, der Oligosaccharid-Code sei irgendwie „genetisch programmiert“, so geht man – wie TREVORS & ABEL für den DNA- und Proteincode zeigen – sprachlich leichtfertig darüber hinweg, dass das eigentliche Erklärungsproblem darin besteht, wie zwei ganz unterschiedliche Programmsprachen mit symbolischer Repräsentation entstehen konnten. Es kommt hinzu, dass auch einfachste Lebensformen nicht auf eine davon verzichten können. Die auf der DNA codierte Information als „Sender“ und die Proteinsynthesemaschinerie als „Empfänger“ benötigen einander.

Vergleich: spontane Synthese von Polypeptiden – Proteinbiosynthese:

Für eine spontane, ungesteuerte Synthese von Polypeptiden (kettenförmige Verbindungen aus vielen Aminosäuren) ist bereits die Verfügbarkeit der Ausgangsstoffe (Aminosäuren) unklar. Unspezifische Synthesen liefern komplexe Stoffgemische von Molekülen mit geringer Molekülmasse. Bisherige Modellversuche belegen, dass in einer „Ursuppe“ einige wenige der bekannten proteinogenen Aminosäuren in geringen Anteilen (Spuren) erwartet werden können. In Aminosäuren stellen die Carboxyl (-COOH)- und Amino(-NH₂)-Gruppen die funktionellen Gruppen dar, die bei einer Peptidsynthese miteinander unter Wasserabspaltung verknüpft werden (Kondensationsreaktion). Viele andere kleine Moleküle weisen ebenfalls solche und weitere funktionellen Gruppen auf, die miteinander reagieren können; diese Moleküle müssten vollständig entfernt werden, da sonst der Aufbau von Polypeptiden nicht möglich ist (JUNKER & SCHERER 2006, IV.7).

Für die gezielte Peptidsynthese werden sorgfältige Strategien entwickelt, bei denen u.a. die funktionellen Gruppen, an welchen keine Reaktion erfolgen soll, selektiv ge-

schützt und die Reaktionspartner für die Kupplungsreaktion fein abgestimmt aktiviert werden.

Der Aufbau von homochiralen* Peptiden, die einen einheitlichen dreidimensionalen Aufbau der Aminosäurebausteine aufweisen, kann bei spontaner Biopolymerisation nicht gewährleistet werden (IMMING 2006). Peptidketten können sich ab einer bestimmten Größe falten, d.h. eine übergeordnete Struktur aufweisen; für Enzyme ist ein spezifisches Faltungsmuster unabdingbar. Hydrolyseprozesse (Spaltung unter Wasseraufnahme) begrenzen die Konzentration an Peptiden, die in spontanen Biopolymerisationsprozessen entstehen. In der Proteinbiosynthese werden Proteine anhand der in der DNA kodierten Information nach Transkription auf RNA an den Ribosomen in einem fein abgestimmten, komplexen Prozess unter Beteiligung von t-RNA synthetisiert. Die sich bildende Polypeptidkette wird z.T. bereits während der Synthese unter Mithilfe anderer Proteine (Chaperone, Aufseher) spezifisch gefaltet und nach entsprechendem Transport am Einsatzort in ein komplexes biochemisches System eingeordnet.

Leben aus dem All

Die konzeptionelle Schwierigkeit, ohne Verletzung physikalischer, chemischer und informationstheoretischer Gesetze und Befunde spontan einfachste Lebensformen entstehen zu lassen, führt zu Vorstellungen, das Leben – „Lebenssporen“ – sei aus dem All auf die Erde gekommen. Gleichzeitig wird postuliert, die Erde habe ab einem gewissen geologischen Stadium die besten Voraussetzungen für Leben geboten. Wenn es jedoch schon unter diesen Bedingungen schwerfällt, den Ursprung des Lebens naturalistisch zu erklären, so dürfte das im All, auf Meteoriten oder auf dem Mars noch wesentlich schwerer fallen. Beispielsweise wird Wasser auf dem Mars als Voraussetzung für Leben angesehen. Auf der Erde gibt es schon sehr lange viel Wasser; wenn die schiere Anwesenheit von Wasser ungesteuerte Urzeugung wahrscheinlich macht, müsste man den Mars nicht bemühen. TREVORS & ABEL (2004) weisen sehr deutlich auf die triviale Überlegung hin: „Die Anwesenheit von Wasser erzeugt oder erklärt Leben nicht.“ Wasser ist eine notwendige, aber keine hinreichende Voraussetzung für Leben. Denselben Status haben viele andere chemische und physikalische Moleküle und Gegebenheiten. Sogar die Existenz langkettiger DNA-Stränge reicht nicht aus, Leben und Lebensentstehung zu begründen (TREVORS & ABEL 2004): Kurz nach dem Tod ist die DNA noch chemisch intakt und näher „am Leben dran“ als irgendeine abiotisch entstandene DNA. Dennoch ist und bleibt die Zelle tot. DNA, Proteine, Polysaccharide und alle Biomoleküle sowie der genetische Code sind notwendige, aber nicht hinreichende Bedingungen für Leben. Würde man eine „funktionierende“ DNA oder RNA in eine abiotische Umgebung verbringen, zum Beispiel auf eine präbiotische Erde, so könnte sie ihre „Botschaft“ (ihren Code) nicht empfangen; somit könnte diese nicht entschlüsselt und verstanden werden. Dafür wird eine Sprache und „Hardware“ benötigt, also die definierte Umsetzung in funktionelle Proteine und der gesamte Proteinsynthese-Apparat – angefangen von der Synthese enantiomerenreiner* proteinogener* Aminosäuren bis zum Ribosom.

Aus denselben Überlegungen und Befunden scheidet laut TREVORS & ABEL (2004) auch ein Lebensbeginn in Form einer RNA-Welt aus. Eine RNA-Sequenz hat erst dann die Qualität eines Codes, wenn die Nukleotidsequenz mit einer Proteinfunktion kommunizieren kann. Ohne letzteres ist eine RNA-Sequenz eine zwar komplexe und geordnete, aber bedeutungslose Anhäufung von Atomen. Die schon vorgetragenen Argumente gelten erneut: Nach welchem rein naturalistischen Mechanismus sollte sich eine RNA-Welt zu dem in Lebewesen angetroffenen verflochtenen System verschiedener Programmsprachen entwickelt haben?

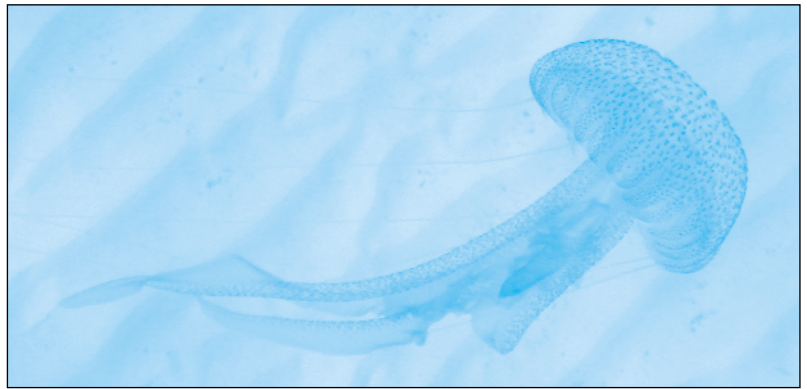
Man trifft hier auf biochemischer und genetischer Ebene mehrfach das altbekannte Henne-Ei-Problem wieder an.

Hennen und Eier

Detaillierte wissenschaftliche Forschung hat uns geholfen, manche naive Vorstellung vom Wesen der Natur abzulegen. Die präzise Definition von Begriffen und die genaue Analyse des detaillierten Ablaufs von Naturvorgängen haben Theorien korrigiert, die sich aus oberflächlicher Betrachtung ergeben. Es ist aber frappierend, dass viele Phänomene und Fragestellungen sowohl bei oberflächlicher als auch bei wissenschaftlicher, sowohl bei systembezogener als auch bei molekularer Betrachtung identisch wiederkehren. Das Henne-Ei-Problem ist ein Beispiel: Sowohl bei Betrachtung des ganzen Tieres als auch bei Analyse biochemischer Abläufe stellt man fest, dass wesentliche Dinge gleichzeitig gebraucht werden. Die Skalierung der Betrachtung auf die submikroskopischen Abläufe lässt das Problem nicht verschwinden, sondern in einer Vielzahl von Einzelfällen und Einzelmechanismen vermehrt wieder auftreten.

Funktion

In den vorigen Abschnitten war mehrmals die Rede von Funktion und Funktionalität. Proteine in lebenden Organismen haben aus Sicht der untersuchenden Wissenschaftler Funktionen. Genau das unterscheidet sie von beliebigen Aminosäure-Polymeren, mit denen sie ansonsten physikochemisch alles gemeinsam haben. Für ein Objekt können verschiedene Funktionen erkannt werden. Umgekehrt kann eine Funktion durch verschiedene Objekte oder Prozesse realisiert werden. Beispielsweise können so unterschiedliche physikalische Prozesse wie Atomzerfall, Wasserbewegung und Schwingungen eines Quarzkristalls dazu dienen, Zeitdifferenzen zu repräsentieren. POLANYI (1970) schrieb: „Eine Maschine ... kann nicht in Begriffen von Physik und Chemie erklärt werden. Maschinen können fehlerhaft arbeiten oder kaputtgehen – das kann den Gesetzen der Physik und Chemie nicht passieren. Ja selbst wenn eine Maschine auseinanderfällt, werden die Gesetze der Physik und Chemie in den Teilen unfehlbar weiterarbeiten, die übrig sind, wenn die Maschine schon nicht mehr existiert. Die Strukturen der Maschine sind nach Prinzipien der Ingenieurtechnik geschaffen worden und machen sich die Gesetze der Physik und Chemie zunutze im Dienste der Zwecke, denen zu dienen die Maschine entworfen wurde. Physik und Chemie können die praktischen Prinzipien des Designs und der Koordination nicht



aufdecken, welche den Bau der Maschine ausmachen.“ Der Grund für die Funktionalität einer Maschine liegt weder in Naturgesetzen noch im Zufall, sondern im Geist des Ingenieurs (VOIE 2006). Ebenso deutlich sagte es ein anderer Nobelpreisträger im Hinblick auf Signal- und Symbolsysteme: „Die Bedeutung der Botschaft wird nicht in den chemischen Bestandteilen der Tinte gefunden werden“ (SPERRY 1990). Auch die detaillierteste chemische Analyse einer Tinte wird nie erkennen lassen, was aufgeschrieben wurde.

Funktion ist ebenso wie Bedeutung keine Eigenschaft, die sich naturgesetzlich ergibt. „Bottom-up“-Erklärungen* semantischer Systeme wie des genetischen Codes aus physikalisch-chemischen Materie-Eigenschaften funktionieren nicht. Selbst wenn wir einen Mechanismus wüssten, durch den in der Vergangenheit ungesteuert Polynukleotide entstanden sind, so erklärt das nicht, wie diese Moleküle ihre Funktion erworben haben, eine von ihrer schieren Existenz qualitativ unterschiedene Eigenschaft. Aus der Existenz ergibt sich nicht automatisch Funktion – diese Aussage entspricht dem bekannten Satz „Das Sollen ergibt sich nicht aus dem Sein“.

Abb. 4: Zweimal Ordnung: Die Sandrippeln sind zwar formschön, jedoch nur Folge von Strömungsgesetzen. Im Unterschied dazu besitzt die Qualle als lebender Organismus eine ganz andere Qualität von Ordnung: Sie nutzt Gesetzmäßigkeiten aus statt ihnen nur ausgeliefert zu sein, kann auch gegen den Strom schwimmen und besitzt eine zielgerichtete Ordnung. Dieser Unterschied hat fundamentale Folgen für das Verständnis des Lebens.

(Foto: Peter IMMING)

Notwendigkeit

Natürliche Prozesse sind in hohem Maße selbstordnend. Damit ist gemeint, dass man sehr komplexe Daten mit sehr kurzen „Formeln“ beschreiben kann. Die Formeln sind Naturgesetze, zum Beispiel Gesetze der Physik oder Chemie. Der hohe Informationsgehalt von Genomen lässt sich nach Auffassung von TREVORS & ABEL (2004) jedoch nicht auf Naturgesetze zurückführen. Er musste nicht – naturgesetzlich „erzwungen“ – entstehen. Diese Unmöglichkeit leitet sich nicht aus empirischen Befunden ab, sondern ist prinzipiell. Naturgesetze sind Beschreibungen von Ursache-Wirkungsvorgängen. Sie sind reduktionistisch, was ihre Stärke und ihre Grenzen bedingt. Vor-schreibende Informationen (englisch „prescriptive information“), also Instruktionen, kann man nicht durch Naturgesetze erklären, sondern nur durch algorithmi-

sche Programmierung. Das bedingt und erfordert eine teilweise Freiheit von naturgesetzlichen Zwängen.

Vereinfacht sei Vorstehendes am Beispiel der Bewegung von totem Sand und einer lebendigen Qualle illustriert (Abb. 4). Der Sand kann nicht anders, als sich nach den Strömungsgesetzen anzuordnen. So entsteht und erklärt sich die komplexe, geordnete Struktur des sandigen Meeresbodens. Die Qualle hingegen kann mit und gegen die Strömung schwimmen. Ihre Schwimmbewegungen verletzen natürlich nicht die Gesetze der Physik (Strömungsmechanik etc.). Sämtliche Lebensäußerungen der Qualle stehen im Einklang mit Physik und Chemie, sind aber nicht darauf reduzierbar. Den Gesetzmäßigkeiten der Physik und Chemie fehlen die notwendigen Freiheitsgrade, um daraus das Sein der Qualle abzuleiten. Somit kann man aus ihnen auch nicht ableiten, wie so etwas wie eine Qualle entstehen konnte.

Allgemeiner formuliert: Jede Weltanschauung, die alles Bestehende und auch die Entstehung des Lebens rein naturgesetzlich (= kausalmechanistisch) beschreiben und erklären will, führt zu einem vollständigen Determinismus. Dieser Determinismus widerspricht der menschlichen Intuition. Über die Intuition hinaus tauchen bei genauer Betrachtung biochemischer und genetischer Prozesse Freiheitsgrade auf, die kausalmechanistisch nicht erklärt werden können. So beinhaltet die Transkriptions-Translations-Proteinsynthese-Maschinerie Redundanzen und Fehlerkorrekturmechanismen, die deterministisch nicht erklärt werden können. (Es sei erinnert, dass die Notwendigkeit für Fehlerkorrekturmechanismen ihre Entstehung nicht erzwingen kann – notwendig ist nicht hinreichend.) Die Physiker haben schon seit einer Weile mit der Quantentheorie die Vorstellung eines physikalisch determinierten Universums verlassen. Die Biochemiker, Genetiker und Molekularbiologen werden ihnen eventuell bald folgen. Dabei reicht es nicht aus, Naturgesetze nur durch den Zufall zu ergänzen, wie der folgende Abschnitt zeigt. Weder Zufall noch Notwendigkeit noch eine Kombination aus beiden erklärt den Ursprung des Lebens.

Zufall

Bisher haben wir, nach TREVORS & ABEL (2004), die fehlende Erklärungskraft von (naturgesetzlicher) Notwendigkeit hinsichtlich der Entstehung von Leben unter verschiedenen Aspekten aufgezeigt. Wie ist es nun mit zufälligen Prozessen? Liefern sie den gesuchten Mechanismus?

Die spontane zufällige Entstehung einer in Organismen angetroffenen DNA-Sequenz ist prinzipiell möglich. Ihre Entstehung ist angesichts des riesigen Datenraumes allerdings sehr unwahr-

scheinlich. Der mögliche Datenraum (Sequenzraum) reduziert sich aber sehr stark, wenn man plausible Einschränkungen zulässt. Beispielsweise erfordern Limitierungen durch die präbiotischen Ressourcen, dass nur eine kleine Anzahl von Kopien entstehen kann oder begrenzte Kettenlängen von beispielsweise RNA-Strängen resultieren. Mit den Einschränkungen nimmt nach unserem Verständnis auch der mögliche Informationsgehalt der Nukleinsäuren ab, und zwar so stark, dass die Stränge für die algorithmische Programmierung von Genen nicht mehr taugen.

Entscheidend ist jedoch die folgende Überlegung. Sogar wenn in einer präbiotischen Umgebung eine unvorstellbar große Anzahl von Nukleinsäure-Sequenzen existiert hätte, so wüssten wir doch keinen Mechanismus, der *präbiotisch* daraus die Sequenzen ausgewählt hätte, die Teil der Programmspeicher- und -ausführungsmaschinerie in Lebewesen sind (ABEL & TREVORS 2006). Naturgesetzliche Einschränkungen des Sequenzraumes, z.B. durch Adsorptionsprozesse an Lehm (RODE 1999), schränken genau das ein, was nicht eingeschränkt werden darf, nämlich dass zunächst an jeder Position jedes beliebige Nukleotid oder jede beliebige Aminosäure stehen können muss. Die verbleibende Alternative würde die Entstehung des Lebens als unausweichliche Notwendigkeit und Folge aus der Existenz der Materie überhaupt postulieren. Das ist als Glaubenssatz möglich, nicht aber als naturwissenschaftliche Aussage.

Weiter ist zu bedenken, dass zufällig entstandene Nukleinsäure-Stränge – *gleichgültig ob sie heute anzutreffende oder irgendwelche anderen Sequenzen hatten* – nicht die erforderliche vorschreibende Information enthalten. Die „Vorschriften“ (Instruktionen) für den Bau von Proteinen ergeben sich nicht zufällig und automatisch aus Nukleotid-Sequenzen. TREVORS & ABEL (2004) illustrieren letzteren Sachverhalt durch eine Analogie: „Die Buchstaben irgendeines Alphabets, mit dem man Worte bildet, haben keine vorschreibende Funktion, wenn der Adressat, der die Worte liest, die Sprachkonvention nicht kennt.“ Komplementär dazu gilt: „Der Möglichkeitsraum eines geschriebenen (oder gesprochenen) Textes wird durch kein Naturgesetz eingeschränkt“ (HOFFMEYER & EMMECHE 1991).

Naturgesetze (Notwendigkeit) und Zufall erklären die Entstehung von Texten mit Bedeutung nicht. Vielmehr wird eine *Konvention* erkennbar, also eine willensgesteuerte Festlegung, die auch anders sein könnte. Wie auch immer die Konvention im Einzelnen lautet: Sie kann sich nicht selbst erfinden.

VOIE (2006) betrachtet in seinen Überlegungen zur möglichen Rolle des Zufalls konkret die zelluläre Proteinsynthese. Zum einen bestehen die Komponenten einer Zelle u.a. aus bestimmten Proteinen, die zur richtigen Zeit in der richtigen Menge exprimiert (gebildet) werden müssen. Zum ande-

ren müssen die Proteine in der richtigen Weise gefaltet sein, da es auf ihre dreidimensionale (3D) Struktur ankommt. Die 3D-Struktur wird von der Sequenz bestimmt, es gibt darüber hinaus Kontrollenzyme für die richtige 3D-Faltung. Die zelluläre Proteinsynthese beinhaltet nämlich einen Kontrollmechanismus, der verhindert, dass sich das Protein faltet, bevor es fertig synthetisiert ist. Eine zufallsgesteuerte Proteinsynthese jedoch kann nur kurze Peptide zustande bringen, bevor die Faltung der Kette einsetzt und die weitere Kettenverlängerung beeinträchtigt. VOIE (2006) sieht sich zu dem Schluss gezwungen, dass es ein „Gedächtnis“ für die richtigen Proteine geben muss (DNA), aus dem die Information ausgelesen (Transkription*) und in die Proteinsprache „übersetzt“ wird (Translation*). Aus informationswissenschaftlicher Sicht sind also zwei gegenseitig voneinander abhängige unterschiedliche Dinge unabdingbar: ein gespeicherter Code (das „Gedächtnis“) und eine Zellmaschinerie. Erörterungen zufälliger Vorgänge betrachten aber nur einseitige Abhängigkeiten.

„Directed Evolution“

Für Replikation*, Transkription* und Reparatur der DNA sind funktionell genau abgestimmte Enzyme nötig. Ihre informationseditierende Arbeit basiert natürlich auch auf algorithmischer Programmierung. Die Abstimmung von Programmierung auf Nukleotid-Ebene und Funktionalität auf Proteinebene kann experimentell nachgeahmt werden. Sie erfordert jedoch einen massiven Eingriff seitens der Wissenschaftler (Biopolymer-„Ingenieure“), damit ein brauchbares gewünschtes

Wenn ein Experiment ‘directed’ ist,
dann ist es nicht evolutionär.

Evolution hat kein Ziel.

Resultat erzielt wird. Das hat mit natürlicher Selektion wenig zu tun, sondern ist zielgerichtetes Arbeiten, das sich iterativer Prozesse* bedient. TREVORS & ABEL (2004) weisen ausdrücklich darauf hin, dass „‘directed evolution’ ein in sich widersprüchlicher Unsinnsausdruck“ sei, „der keinen Platz in der Fachliteratur hat. Wenn ein Experiment ‘directed’ [gerichtet, gelenkt] ist, dann ist es nicht evolutionär. Evolution hat kein Ziel.“ Zwar kann man evolutive Prozesse in bereits existierenden genetischen Instruktionen beobachten, aber alle diese Untersuchungen werfen kein Licht auf die entscheidende Frage: „Wie können stochastische Ensembles [von Nukleotiden] in einer präbiotischen Umgebung die Fähigkeit zu algorithmischer Programmierung erwerben?“ In einem weiteren neuen

Vergleich: Vesikel – Zelle

Vesikel – kugelförmige, von Lipiddoppelschichten umschlossene Strukturen – können in Größen hergestellt werden, die denjenigen von biologischen Zellen ähnlich sind. Solche Vesikel werden als biochemische Reaktoren eingesetzt, d.h. im membranumschlossenen Innenraum laufen entsprechende Reaktionen ab. Solche Systeme können als Modelle für Zellen angesehen werden. Indem man z.B. Zellextrakte und DNA mit der genetischen Bauanleitung für ein fluoreszierendes Protein in Vesikel einbringt, kann man in einem solchen Minireaktor für eine begrenzte Zeit, während der eine ganze Reihe von Randbedingungen aufrecht erhalten werden müssen, eine bestimmte Reaktion (auch mehrere gekoppelte Reaktionen) durchführen. Ein grundlegendes Problem dieser Vesikelmodelle ist, dass die Lipid-Doppelschicht den Reaktionsraum begrenzt und nur Diffusion kleinster Moleküle (z.B. Wasser) zulässt; damit werden während der Reaktion Ausgangsstoffe verbraucht und Produkte angereichert. Die Membran einer Zelle ist

dagegen überaus komplex aufgebaut und enthält z. B. integrale Proteinkomplexe, die als Sensoren oder spezifische Schleusen für den Ex- und Import verschiedenster Stoffe dienen. Glykokonjugate in der Membran dienen der spezifischen Wechselwirkung und Kommunikation mit der Umgebung. Man kann zwar ein Vesikelmodell zunehmend komplexer gestalten und versuchen, sich auf diese Weise lebenden Zellen anzunähern, indem man z.B. durch in der Membran integrierte Proteine Poren einbaut und so einen Austausch von Molekülen bestimmter Größe ermöglicht. Eine lebende Zelle unterscheidet sich aber nicht vorrangig durch einen höheren Komplexitätsgrad vom Vesikelreaktor – obwohl dieser Unterschied derzeit noch unabsehbar groß ist – sondern vor allem dadurch, dass das gesamte System sowohl intern als auch gegenüber der Umgebung eine fein abgestimmte Ganzheit darstellt. Komplexere Vesikel entstehen zudem nur unter Einsatz von chemischem Know-how.

Fachartikel mit dem Titel „Mehr als Metapher: Genome sind objektive Zeichensysteme“ kommen ABEL & TREVORS (2006a) zu dem Schluss, dass das Leben ganz deutlich algorithmische und kybernetische Komplexität aufweist, nicht irgendeine, unklar definierte Komplexität.

Selbstordnung ist nicht Selbstorganisation

Eine Unterscheidung zwischen Selbstordnung und Selbstorganisation wird oft nicht gemacht, obwohl es sich um zwei unterschiedliche Vorgänge handelt (ABEL & TREVORS 2006b). Selbstordnende Phänomene sind wohlbekannt. Sie ereignen sich spontan und sind durch Naturgesetze determiniert, also beschreib- und analysierbar. Beispiele sind Kristallisation und die Entstehung dissipativer* Strukturen. Sich selbst ordnende Prozesse beinhalten jedoch alles das nicht, was man mindestens für die biochemisch-genetische Organisationsebene des Lebens benötigt: Biochemisch beschreibbare Merkmale mit unmittelbarer Entsprechung im Bereich von Hardware und Software. Manchmal werden Modellprozesse als Erklärung herangezogen, beispielsweise Fraktale, Hyperzyklen, neuronale Netze und genetische und evolutionäre Algorithmen. Bei Fraktalen erwecken komplexe Muster den Anschein, es handele sich um komplizierte

Systeme; sie lassen sich aber oft auf ganz einfache mathematische Ausdrücke zurückführen. Alle genannten Modellprozesse organisieren sich jedoch *nicht* spontan zu *funktionell organisierten* Gebilden, wie es echte Zellen sind. Die Komplexität von Organisation kann nicht aus wenig Information hervorgehen (ABEL & TREVORS 2005). Es hat keine Erklärungskraft, wenn man die Definition von Leben so stark vereinfacht, dass auch dynamische molekulare oder physikalische Vorgänge als „lebend“ angesehen werden (SPAEMANN & LÖW 2005, S. 211f.). Vereinfachend, aber anschaulich gesagt: Weder ein Pendel noch eine oszillierende chemische Reaktion noch eine spontane Biopolymerisation noch ein Vesikel noch ein Hyperzyklus „lebt“ (siehe Textkasten). Die genannten Vorgänge sind vielleicht notwendige Bedingungen für Leben, aber für sich nicht schon lebendig. Und: Wenn man für die genannten und ähnliche Prozesse und Gebilde verstanden hat, wie sie sich spontan durch Selbstordnung bilden, so hat man das Wesentliche und Wesensverschiedene einer lebenden Zelle nicht einmal berührt.

Es hat keine Erklärungskraft, wenn man die Definition von Leben so stark vereinfacht, dass auch dynamische molekulare oder physikalische Vorgänge als „lebend“ angesehen werden.

Hier sei nochmals auf den Unterschied zwischen dem Sandboden und der Qualle hingewiesen (Abb. 4). Der Sandboden besteht aus komplexen, naturgesetzlich entstandenen, geordneten Strukturen. Auch die Qualle enthält solche selbstgeordneten Strukturen. Damit ist sie aber weder hinsichtlich ihrer biochemisch-materiellen Substanz noch hinsichtlich ihres Verhaltens vollständig charakterisiert. Substanz und Verhalten lassen Organisation erkennen, die nicht aus Ordnung „emanert“ (hervorgeht), also sozusagen automatisch als höhere Struktur entsteht, sobald eine molekulare Ordnung vorliegt. In der Analogie: Die Bedeutung von Buchstaben als Zeichen emanert nicht aus ihrer chemischen oder physikalischen Struktur. Im Unterschied zu Ordnung beinhaltet Organisation *vorschreibende Information*, zum Beispiel die in RNA-Molekülen enthaltene Information für die Synthese von Proteinen. Vorschriften (vorschreibende Information) benötigen nicht zufällige oder naturgesetzlich determinierte Gegebenheiten, sondern gezielt ausgewählte Gegebenheiten.

Entstehung des Lebens: Die Eine-Million-Dollar-Frage

ABEL & TREVORS (2006b) kommen zu dem Schluss, dass weder selbstordnende noch zufällige Prozesse kybernetische Organisation herstellen können. Sie fordern dazu auf, ihre Schlussfolgerungen zu falsifizieren. Diese Aufforderung steht im Zusammenhang mit einem Preis, den die Origin-of-Life-Stiftung ausgeschrieben hat. Der Preis kann von demjenigen gewonnen werden, der „einen hochplausiblen Mechanismus für die spontane Entstehung genetischer Instruktionen in der Natur vorschlägt“ (<http://lifeorigin.info>). Der Vorschlag bzw. Mechanismus soll geeignet sein, Leben entstehen zu lassen. Als Preis sind 50.000 US\$ pro Jahr über 20 Jahre ausgeschrieben. Weit über 100 auch sehr renommierte Wissenschaftler werden als Gutachter und Juroren genannt. Auf den Webseiten der Stiftung wird ausgeführt, dass der Preis nicht öffentlich in Laienzeitschriften und -medien außerhalb wissenschaftlicher Zeitschriften angekündigt werden soll, da die Stiftung „wünscht, das Projekt so unauffällig („quiet“) wie möglich innerhalb der wissenschaftlichen Gemeinschaft zu halten“.

Dieser Preis ist in gewisser Weise das Gegenteil des Preises, den Louis Pasteur im 19. Jahrhundert errang. Mit einem Zitat aus der 21. Auflage (1998) des Biologie-Schulbuchs „Linder Biologie“ sei an diesen Preis erinnert: „In früheren Zeiten nahm man an, dass Lebewesen auch aus toten Stoffen ... durch Urzeugung entstehen könnten. Der Glaube an eine Urzeugung schränkte sich allmählich auf die Welt der Mikroorganismen ein, bis 1862 Louis Pasteur nachwies, dass bei Abtötung der vorhandenen Keime keine Mikroorganismen in Nährflüssigkeiten entstehen. Damit war erwiesen, dass sich gegenwärtig Lebendes nur aus Lebendem bildet: *Omne vivum ex vivo*.“ Trotz dieser Aussage setzte das Schulbuch fort: „Für die erstmalige Entstehung der Organismen auf der Erde gilt diese Aussage nicht“ (BAYRHUBER & KULL 1998, 411; in der neuesten Auflage 2005 ist die Passage weggefallen). Letztere Behauptung ist eine Glaubensaussage, da nach derzeitigem Stand der Wissenschaft die Erkenntnis gilt, dass sich Lebendes nur aus Lebendem bildet.

Vor dem Hintergrund der wissenschaftlichen Ergebnisse Pasteurs, der Preisausschreibung jetzt und der Beteiligung vieler Fachwissenschaftler als Juroren darf man konstatieren: Im Gegensatz zu vielen öffentlichen Verlautbarungen auch mancher Wissenschaftler liegt eine naturalistische Erklärung der Entstehung des Lebens nicht vor. Im Sinne der Wissenschaftlichkeit wäre es gut, wenn nicht öffentlich etwas anderes behauptet würde und gleichzeitig die Preisausschreibung der Öffentlichkeit möglichst vorenthalten werden soll.

Schlussfolgerungen

Wenn weder Zufall (stochastische Prozesse) noch Notwendigkeit (naturgesetzliche Gegebenheiten) den Ursprung des Lebens erklären, was erklärt ihn dann? Wenn Selbstorganisation keine Erklärung, sondern ein „deus ex machina“ (WÄCHTERSCHÄUSER 2001) ist, woher kommt dann die unzweifelhafte Organisation lebender Systeme? TREVORS & ABEL (2004) konstatieren, dass ganz neue Forschungsansätze benötigt werden. Sie lehnen ausdrücklich Erklärungen ab, die anstelle eines plausiblen Mechanismus' einfach lange Zeiten postulieren. Letzteres würde der Aussage entsprechen: „Es ist eben passiert“, und kommt für sie einem „blind belief“ („blinden Glauben“) gleich. Wenn sich kein Mechanismus findet, so sollte ihrer Meinung nach die Wissenschaft nochmals überlegen, ob die ungesteuerte Entstehung der genetischen Kybernetik wirklich eine bewiesene Tatsache ist, und sich neuen Forschungsansätzen zuwenden, die derzeit nicht naheliegend sind.

Naturgesetze (Notwendigkeit) und Zufall erklären die Entstehung von Texten mit Bedeutung nicht. Vielmehr wird eine Konvention erkennbar, also eine willensgesteuerte Festlegung, die auch anders sein könnte. Wie auch immer die Konvention im einzelnen lautet: Sie kann sich nicht selbst erfinden.

VOIE (2006) meint am Schluss, wir sollten das Leben als ein Axiom betrachten und zitiert Niels BOHR: „Leben stimmt mit Chemie und Physik überein, ist aber von daher nicht entscheidbar.“

Diese mühevollen Überlegungen führen zu einer Erkenntnis, die wir weder verwerfen noch verdrängen oder verwässern möchten: Das Leben ist ein geplantes System. Wir zitieren Blaise PASCAL: „Alles Wahrnehmbare zeigt weder völlige Abwesenheit noch eine offenbare Gegenwärtigkeit des Göttlichen, wohl aber die Gegenwart eines Gottes, der sich verbirgt.“ PASCAL lebte zu einer anderen Zeit. Aber die Diskussion über eine planende Kraft in der Natur ist nicht überholt. Sie wird zwar heute mit einer viel größeren Detailtiefe geführt als früher. Mit den Details verändern sich aber weder Fragestellung noch mögliche Antworten. Wie ähnlich und die Zeiten überdauernd die Grundfragen sind, mit denen sich Religion und Naturwissenschaft beschäftigen, hat DIXON (2001) in der Zeitschrift *Science* formuliert: „Die Themen, um die es

bei den Diskussionen über Wissenschaft und Religion geht, sind bleibende philosophische und theologische Fragen über Natur, Menschsein, Wissen und Gott; Fragen wie die, ob Menschen von Natur aus böse oder gut sind; was Menschen über Gott und die Natur wissen können; ob sie einen freien Willen haben; ob sie gerettet werden müssen; ob sie sich selbst retten können oder ob sie sich dafür an höhere Mächte wenden müssen.“

Wir persönlich möchten über die Naturwissenschaft als faszinierende Suche nach den Mechanismen des Lebens die Suche nach dem Urheber stellen. Im christlichen Kontext ist es der Schöpfer, der seine Geschöpfe sucht und findet, wenn sie sich finden lassen wollen.

Literatur

- ABEL DL & TREVORS JT (2005) Three subsets of sequence complexity and their relevance to biopolymeric information. *Theor. Biol. Med. Model.*, doi: 10.1186/1742-4682-2-29.
- ABEL DL & TREVORS (2006a) More than metaphor: Genomes are objective sign systems. *J. BioSemiotics* 1, 253-267.
- ABEL DL & TREVORS JT (2006b) Self-organization vs. self-ordering events in life-origin models. *Physics Life Rev.*, doi: 10.1016/j.plrev.2006.07.003.
- AUSIO J (2006) Histone variants – the structure behind the function. *Brief Funct. Genomic. Proteomic* 5, 228-243.
- BAYRHUBER H & KULL U (1998/2005) *Linder Biologie*. Hannover, 21./22. Auflage.
- DIXON T (2001) A synthesis that failed. *Science* 294, 1467-1468.
- GABIUS HJ (2000) Biological information transfer beyond the genetic code: the sugar code. *Naturwissenschaften* 87, 108-121.
- HOFFMEYER J & EMMECHE C (1991) *Code-duality and the semiotics of nature. On semiotic modeling*. Berlin & New York: Mouton de Gruyter; S. 117-166.
- IMMING P (2006) Die fehlenden Spiegelbilder. *Stud. Int. J.* 13, 14-21.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) *Evolution – ein kritisches Lehrbuch*. 6. Aufl., Gießen.
- KOK RA, TAYLOR JA & BRADLEY WL (1988) A statistical examination of self-ordering of amino acids in proteins. *Origins Life Evol. Biosphere* 18, 135-142.
- PAILER N & KRABBE A (2006) *Der vermessene Kosmos*. Holzgerlingen.
- PASCAL B (1623-1662) *Gedanken über die Religion* Fr. 556, übersetzt von E. Wasmuth. Frankfurt 1987, Insel-Taschenbuch.
- POLANYI M (1970) Transcendence and self-transcendence. *Soundings* 53, 88-94.
- RODE BM (1999) Peptides and the origin of life. *Peptides* 20, 773-786.
- SPAEMANN R & LÖW R (2005) *Natürliche Ziele*. Stuttgart.
- SPERRY R (1990) *Brain Circuits and Functions of the Mind*. Cambridge (UK).
- THAXTON CB, BRADLEY WL & OLSEN RL (1984) *The mystery of life's origin: Reassessing current theories*. Dallas, TX: Lewis and Stanley.
- VOIE ØA (2006) Biological function and the genetic code are interdependent. *Chaos Solitons Fractals* 28, 1000-1004.
- WÄCHTERSCHÄUSER G (2001) Die Entstehung des Lebens. In: WINNACKER E-L u.a. (Hg.) *Unter jedem Stein liegt ein Diamant. Struktur – Dynamik – Evolution*. Stuttgart.

Bakterielle Endosymbionten von Pflanzenläusen mit stark reduzierten Genomen

Siegfried Scherer, Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie, Department für Grundlagen der Biowissenschaften, Technische Universität München, Weihenstephaner Berg 3, D-85354 Freising

Mit * versehene Begriffe werden im Glossar erklärt.

Zusammenfassung: Die Genomgrößen von DNA-haltigen Organellen (Mitochondrien, Chloroplasten), symbiontisch lebenden Bakterien, Parasiten, Krankheitserregern und frei lebenden Bakterien deuten immer mehr auf ein nahezu lückenloses Kontinuum hin. Dieser Trend hat sich durch einen Bericht über das kleinste bakterielle Genom des Endosymbionten* *Carsonella* bestätigt, der in spezialisierten Organen von Blattläusen lebt und dessen Genom nur 162 kb* lang ist. Dagegen ist das größte Mitochondriengenom der Tabakpflanze mit 439 kb fast drei Mal so lang. Man vermutet, dass *Carsonella* von einem frei lebenden γ -Proteobakterium abstammt und mehr als 90% seiner Gene verloren hat. Dieses Größenkontinuum ist ein gutes vergleichend-biologisches Argument für die Endosymbiontenhypothese, nach welcher Mitochondrien* und Chloroplasten von frei lebenden Bakterien abstammen. Allerdings kennt man bis heute keinen evolutionären Mechanismus, der eine erstmalige Etablierung von Organellen mit funktionalem Gentransfer (z.B. Mitochondrien) befriedigend erklärt.

Es ist derzeit unklar, ob in der Symbiose zwischen *Carsonella* und dem Blattfloh ein Gentransfer vom Bakterium in den Wirt erfolgt sein könnte. Wenn dazu noch aus dem Wirt Proteine in den Symbionten transportiert würden, was ebenfalls unbekannt ist, dann könnte man *Carsonella* als ein Organell mit neuartiger Funktion bezeichnen. Das wäre eine aufregende Entdeckung.

Obgleich lange bekannt, stellen sich Vergesellschaftungen (Metabiosen, Symbiosen) von Bakterien mit Wirbellosen und Wirbeltieren sowie mit eukaryonten* Mikroben als unerwartet häufig und sehr variabel heraus. Vielleicht erweisen sich Bakterien sowie potentielle Wirte sogar generell als prädisponiert für funktionale Interaktionen. Es könnte sein, dass im Rahmen solcher Assoziationen vielfältige mikroevo-lutive Veränderungen möglich sind. So gibt es Argumente, dass ein einmal etabliertes Organell variieren und auch Gene in das Chromosom des Wirtes transportieren kann. Die Erforschung solcher Evolutionsprozesse, deren Reichweite derzeit schwer abzuschätzen ist, bleibt spannend.

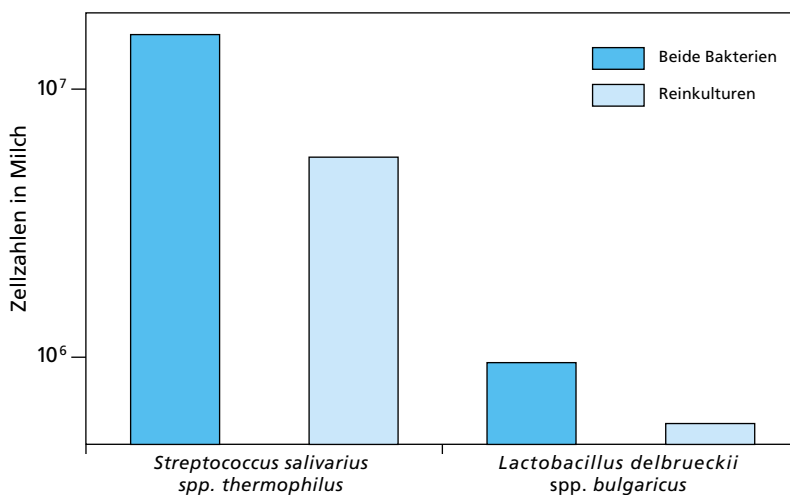


Abb. 1: Metabiose zwischen *Streptococcus salivarius* spp. *thermophilus* und *Lactobacillus delbrueckii* spp. *bulgaricus*, den beiden für die Joghurt-Produktion verantwortlichen Milchsäurebakterien. Wenn Milch mit den einzelnen Bakterien beimpft wird, wachsen sie zu deutlich niedrigeren Zellzahlen heran, als wenn beide zusammen in die Milch gegeben werden. Dafür sind vielfältige metabiotische Interaktionen verantwortlich. (Nach BAUTISTA et al. 1966)

Es ist wenig verwunderlich, dass in ökologisch zusammenhängenden Gefügen alle Lebewesen in mehr oder weniger engen Beziehungen zueinander stehen. Die allseits bekannten Nahrungsketten legen davon ein beredtes Zeugnis ab. Darüber hinaus sind jedoch auch viele spezifischere Assoziationen bekannt. Dazu gehören weit verbreitete *Metabiosen*, bei denen zwei Partner zu gegenseitigem Nutzen zusammenleben. Dabei kann jeder Partner auch alleine existieren, zusammen wachsen sie aber besser. Ein in unserer westlichen Nahrungskultur nahezu allgegenwärtiges Beispiel sind die Joghurt fermentierenden Milchsäurebakterien *Lactobacillus delbrueckii* ssp. *bulgaricus* und *Streptococcus salivarius* ssp. *thermophilus* (Abb. 1). Die negative Variante der Metabiose nennt man *Antagonismus*. Hier hat nur *ein* Partner einen Nutzen, der andere wird mehr oder weniger gezielt und nachhaltig geschädigt. Gute Beispiele finden sich bei der Produktion „biologischer Kampfstoffe“ durch Bakterien (z.B. Bakteriozine), durch welche Konkurrenten beseitigt werden (Abb. 2). Zahlreiche weitere Beispiele finden sich bei bakteriellen Krankheitserregern, die ihren Wirt sogar töten können, jedoch sehr gut ohne Wirt in der Umwelt überle-

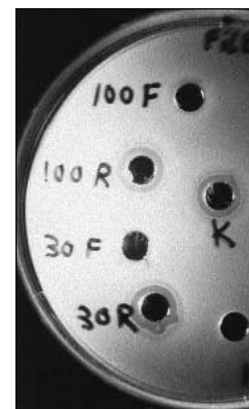
ben (Salmonellen oder Listerien). Wenn die gegenseitige Abhängigkeit obligat ist, also ein Partner nicht mehr ohne den anderen leben kann, dann wird die Metabiose zur klassischen *Symbiose*. Viele Bakterien leben in symbiotischer Beziehung mit ihren Wirten, wir werden in diesem Artikel Beispiele dafür besprechen. Die negative Variante der Symbiose ist der *Parasitismus*, wobei definitionsgemäß nur der Parasit einen Nutzen hat, nicht jedoch der Wirt. Ein Parasit kann nicht ohne Wirt leben, der Wirt kann aber ohne Parasit auskommen. Bekannte Beispiele für Parasiten unter Bakterien sind obligat parasitäre humane Krankheitserreger wie beispielsweise Mycoplasmen oder Chlamydien. Manchmal ist es gar nicht bekannt, ob eine Beziehung obligat symbiotisch oder obligat parasitisch ist (Abb. 3).

Wie alles Leben unterliegen auch diese vielfältigen Beziehungsgefüge zwischen Bakterien und ihren Wirten experimentell zugänglichen mikroevolutiven Prozessen wie Mutations- und Rekombinationsvorgängen verschiedenster Art, Selektion und neutraler Evolution. Auf hohem Niveau sind diese Prozesse beispielsweise in RIDLEY (2005), allgemeinverständlicher in JUNKER & SCHERER (2006) beschrieben. Leben ist nicht statisch und Organismen verändern sich laufend. Die evolutionsbiologische Forschung hat gezeigt, dass Mikroevolution eines der Grundkennzeichen des Lebens ist. Nukleinsäuresequenzen von Genen können sich ändern, Gene können innerhalb eines Genoms oder auch zwischen Genomen verschiedener Individuen hin und her transportiert werden (horizontaler Gentransfer) und DNA-Sequenzen können ganz verloren gehen (Deletion). Der letztgenannte Vorgang gehört zu den reduktiven Evolutionsprozessen, die bei Symbionten und Parasiten häufig sind.

Intrazelluläre Symbionten von Blattflöhen

Zahlreiche Insekten leben mit intrazellulären, obligaten Endosymbionten* (Übersicht in WERNEGREEN 2002 und BAUMANN et al. 2006). Darunter befinden sich auch die Blattflöhe (Psyllida), vierfügelige Insekten der Unterordnung der Pflanzenläuse (Tab. 1). Die kleinen, nur wenige Millimeter großen Tiere (Abb. 4) besiedeln Pflanzen und ernähren sich von Pflanzensaft, den sie durch Anbohren des Phloems mit einem spezialisierten Bohrrüssel gewinnen. Phloemsaft ist reich an Kohlenhydraten, aber arm an Stickstoffverbindungen (z.B. Aminosäuren). Jede Zelle weist ein relativ konstantes Stickstoff : Kohlenstoff-Verhältnis auf. Wird entweder zu viel C oder zuviel N aufgenommen, muss der jeweilige Überschuss ausgeschieden werden. Um ein ausgewogenes N:C-Verhältnis zu erhalten, scheiden Blattflöhe daher Kohlenhydrate in großen Mengen als klebrige, zuckerreiche Flüssigkeit aus.

Abb. 2: *Antagonismus bei Bakterien. In der Abbildung ist die Wirkung eines Bakteriozins gezeigt. Bakteriozine sind Proteine, die von einem Bakterium ausgeschieden werden und andere Bakterien im Wachstum hemmen. In die ausgestanzten Löcher auf der Agarplatte wurde eine Bakteriozinlösung gefüllt. Die Agarplatte ist mit einem Rasen des Krankheitserregers Listeria monocytogenes bewachsen (trübe Fläche). Rings um Bakteriozin-positive Löcher findet sich eine klare, ringförmige Zone, in die das Bakteriozin hinein diffundierte und das Wachstum des Erregers hemmte. In diesem Experiment handelt es sich um das Bakteriozin Linocin M18, das von dem coryneformen Brevibacterium linens gebildet wird (VALDES-STAUBER & SCHERER 1994).*



Diese bedeckt die Pflanzenoberfläche und dient nicht selten als Nahrungsquelle für Pilze. Blattflöhe können massenhaft auftreten und sind als Pflanzenschädlinge gefürchtet.

Seit 1930 ist bekannt, dass Blattflöhe bakterielle Symbionten enthalten, die in einem besonderen Organ (Bacteriom) in der Körperhöhle (Hoemocoel) der Insekten leben (BAUMANN et al. 2006). Dort leben sie intrazellulär in spezialisierten Zellen. Die Bacterioma befinden sich in nächster Nachbarschaft zum Verdauungstrakt der Insekten. Es handelt sich um eine echte Symbiose, die Bakterien sind ohne ihren Wirt nicht lebensfähig und können daher auch nicht auf künstlichen Wachstumsme-

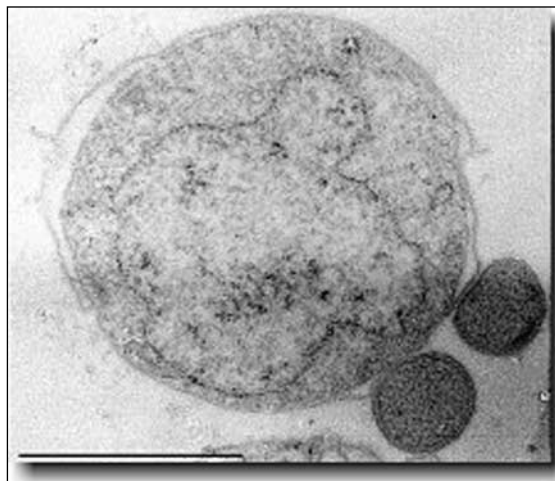


Abb. 3: *Das kleinste bekannte Archaeobakterium Nanoarchaeum equitans („Reitender Urzwerger“) lebt in obligater Symbiose oder Parasitismus auf anderen Archaeobakterien (unten rechts). Sein Genom umfasst nur 490 kb. Es wurde von dem Mikrobiologen Karl O. STETTER entdeckt. Bildrechte: Public domain.*

dien im bakteriologischen Labor angezüchtet werden, was ihre Untersuchung sehr erschwert. Andererseits können die Insekten nicht ohne ihre bakteriellen Symbionten überleben, welche von den Weibchen über „Infektion“ der Eizellen direkt an die Nachkommen weitergegeben werden. Diese Symbionten bezeichnet man auch als primäre Endosymbionten, im Gegensatz zu weiteren im

Tab. 1: *Systematische Stellung der Pflanzenläuse und ihrer Unterordnungen. In diesem Artikel geht es um die Blattläuse und Blattflöhe.*

Stamm	Arthropoda
Klasse	Insecta
Ordnung	Sternorrhyncha (Pflanzenläuse)
Unterordnung	Aphidina (Blattläuse)
Unterordnung	Psyllina (Blattflöhe)
Unterordnung	Coccina (Schildläuse)
Unterordnung	Aleyrodina (Mottenläuse, Weiße Fliegen)

Abb. 4: Blattflöhe (Psyllidae). Foto von John A. WEIDHASS, Virginia Polytechnical Institute and State University, USA. (www.forestryimages.org/images/768x512/1626053.jpg). Abdruck mit Genehmigung des Autors.



Hoemocoel lebenden Bakterienarten, auf die der Wirt verzichten kann. Die DNS-Sequenzanalyse von PCR-Amplifikaten* der ribosomalen DNA der primären Endosymbionten ergab, dass es sich um Gram negative* Arten aus der γ -Unterabteilung der Proteobakterien handelt. Die primären Symbionten aller untersuchten Psylliden-Gattungen gehören zur Art *Carsonella ruddii*, wobei die Gattung nur diese eine Art aufweist (THAO et al. 2000). Neben *Carsonella* leben in Blattflöhen auch noch weitere Endosymbionten (FUKATSU & NIKOH 1998).

Tab. 2: Zusammenstellung der Genomgrößen von ausgewählten Mitochondrien und Bakterien. Quellen: <http://www.ebi.ac.uk/genomes/bacteria.html>, http://www.bch.umontreal.ca/ogmp/projects/other/all_list.html.

Kleinstes „bakterielles“ Genom

Untersuchungen an mehreren Genen von *Carsonella* ergaben Hinweise auf einen extremen „Minimalismus“: Beispielsweise sind die Gene kürzer als die der nächst ähnlichen, frei lebenden Arten, die

Art	Genomgröße (kb)	Einordnung
<i>Homo sapiens</i>	16	Mitochondrium
<i>Axinella corrugata</i>	25	Mitochondrium, Schwamm
<i>Aspergillus niger</i>	31	Mitochondrium, Pilz
<i>Acanthamoeba castellanii</i>	42	Mitochondrium, Amöbe
<i>Ostreococcus tauri</i>	71	Chloroplast, Prasinophyceae, Alge
<i>Mesostigma viride</i>	118	Chloroplast, Prasinophyceae, Alge
<i>Cyanophora paradoxa</i>	136	Chloroplast, Alge, Glaucocystophyceae
<i>Chlorella vulgaris</i>	150	Chloroplast, Grünalge
<i>Coffea arabica</i>	155	Chloroplast, Kaffeepflanze
<i>Carsonella ruddii</i>	160	Endosymbiont von Blattläusen (Psyllidae)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	166	Mitochondrium, Ackerschmalwand
<i>Beta vulgaris</i>	199	Mitochondrium, Rübe
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	204	Chloroplast, Grünalge
<i>Brassica napus</i>	222	Mitochondrium, Kohl
<i>Buchnera aphidicola BCc</i>	422	Obligater Endosymbiont von Blattläusen (Aphidina)
<i>Nicotiana tabacum</i>	439	Mitochondrium, Tabakpflanze
<i>Nanoarchaeum equitans</i>	491	kleinstes bekanntes Archaeobakterium lebt obligat symbiotisch auf anderen Archaeobakterien
<i>Mycoplasma genitalium</i>	578	Obligater Parasit, Pathogen
<i>Baumannia cicadellinitola</i>	686	Obligater Endosymbiont des Grashüpfers <i>Homalodisca coagulata</i>
<i>Mesoplasma florum</i>	793	Symbiont auf Blattoberflächen
<i>Chlamydia muridarum</i>	1069	Obligater intrazellulärer Parasit Humanpathogen
<i>Dehalococcoides ssp. CBDB1</i>	1395	Kleinstes bekanntes frei lebendes Eubakterium
<i>Picrophilus torridus</i>	1546	Kleinstes bekanntes frei lebendes Archaeobakterium

Sequenzen zwischen Genen sind stark verkürzt oder gar nicht vorhanden und der GC-Gehalt (das Verhältnis von Guanin zu Cytosin in der DNS) einiger Gene ist mit 10% extrem niedrig (CLARK et al. 2001). Letzteres bedeutet, dass teilweise nur 5 Aminosäuren die Hälfte der Aminosäuren eines Proteins stellen. (Zum Vergleich: Durchschnittlich sollten 10 Aminosäuren die Hälfte eines Proteins stellen.) Das sind deutliche Hinweise auf eine enge Symbiose zwischen Bakterium und Insekt und ein möglicherweise kleines Genom des Symbionten. Trotz dieser Hinweise brachte die Genomsequenzierung von *Carsonella* eine echte Überraschung: Das Genom hat eine Gesamtlänge von nur 159.662 Basenpaaren, also rund 160 kb* (NAKABACHI et al. 2006). Zum Vergleich: Das nächst größere bekannte bakterielle Genom ist 422 kb groß und gehört zu einer *Buchnera*-Art (PEREZ-BROCAL et al. 2006), einem obligaten Symbionten der Blattlaus *Cinara cedri*. Das *Carsonella*-Genom enthält gerade einmal 182 Gene. Zahlreiche bisher für unverzichtbar gehaltene Gene fehlen, daher sind beispielsweise weder Lipid- noch Zellwandsynthesen möglich. Die Autoren der Studie stellen fest, dass diese Genausstattung für viele erforderliche bakterielle Stoffwechsel-Abläufe (Metabolismus) eines Bakteriums unzureichend ist. Wie bei allen echten Symbiosen ist der Symbiont also darauf angewiesen, dass verschiedene Stoffe (Metabolite) vom Wirt zur Verfügung gestellt werden.

Kontinuum der Genomgrößen von Organellen und Bakterien?

Die DNA von Mitochondrien* von Säugetieren hat mit rund 16 kb nur etwa ein Zehntel der Länge des Genoms von *Carsonella*. Allerdings existieren auch Mitochondrien mit deutlich längerer DNA – die größten Genome von Pflanzenmitochondrien weisen eine Länge von nahezu 500 kb auf (Tab. 2). Die DNA-Größe von Chloroplasten scheint mit 71-200 kb etwas weniger variabel, allerdings ist die verfügbare Datenbasis deutlich geringer als bei Mitochondrien.

Hinsichtlich der Genomgröße deuten die Daten zunehmend auf ein nahezu geschlossenes Kontinuum hin, welches zwischen Mitochondrien, Chloroplasten und frei lebenden Bakterien vermittelt. Genomgrößen unter 1000 kb (= 1 Mb) wurden bisher ausschließlich bei obligaten Parasiten oder Endosymbionten gefunden. Es sieht so aus, als ob die experimentell beobachtete minimale Genomgröße für ein autonom wachsendes Bakterium etwa in dieser Größenordnung liegt, also bei rund 1000 Genen. Die Übergänge sind bezüglich den Genomgrößen eindeutig fließend, es ist keine klare Größengrenze zwischen frei lebenden Bakterien, parasitisch lebenden Arten wie *Mycoplasma geni-*

talium, endosymbiontisch lebenden Arten wie *Buchnera* und Mitochondrien bzw. Plastiden* auszumachen. Die Genomlänge von *Carsonella* ergänzt dieses Kontinuum eindrucklich.

Deutung im Rahmen der Endosymbiontenhypothese

Zunächst ist festzuhalten, dass sich die genannten, vergleichend biologischen Befunde bezüglich der Genomgrößen gut im Sinne der Endosymbiontentheorie deuten lassen, nach welcher Mitochondrien (und andere DNA-haltige Zellorganellen) sich aus frei lebenden Bakterien durch reduktive Evolution gebildet haben (RODRIGUEZ-EZPELETA et al. 2005; CAVALIER-SMITH 2006). Stark divergierende Größen von Chloroplasten- und Mitochondriengenomen würden dazu passen, in Tab. 2 wird nur eine Auswahl bekannter Daten präsentiert. Außerdem könnte man erwarten, verschiedene Stadien des Genomverlustes bei sehr nahe verwandten Arten zu finden. Dies wird durch die vorliegenden Daten gestützt. Unter anderem ist hier der Vergleich von Genomgrößen von Mitochondrien aus Hefen der Gattung *Candida* aufschlussreich (Abb. 5). Sequenzanalysen ergaben Genomgrößen zwischen 20 und 40 kb (Tab. 3). Da diese Hefen einander sehr ähnlich sind, und wahrscheinlich sogar kreuzen, könnte man diesen Befund im Sinne eines erst kurz zurückliegenden Reduktionsvorganges eines mitochondrialen Genoms werten. Allerdings muss noch geklärt werden, welche Gene betroffen sind, welche davon „verschwunden“ sind und welche sich im Kerngenom befinden.

Auch stark unterschiedliche Genomgrößen bei nahe verwandten obligaten endosymbiontischen Bakterien sind bekannt (WERNEGREEN 2002). Ein gut untersuchtes Beispiel sind unterschiedliche *Buchnera aphidicola* Stämme. Diese Bakterien leben ebenfalls in Insekten aus der Gruppe der Pflanzenläuse, jedoch aus der Unterordnung der Aphidina

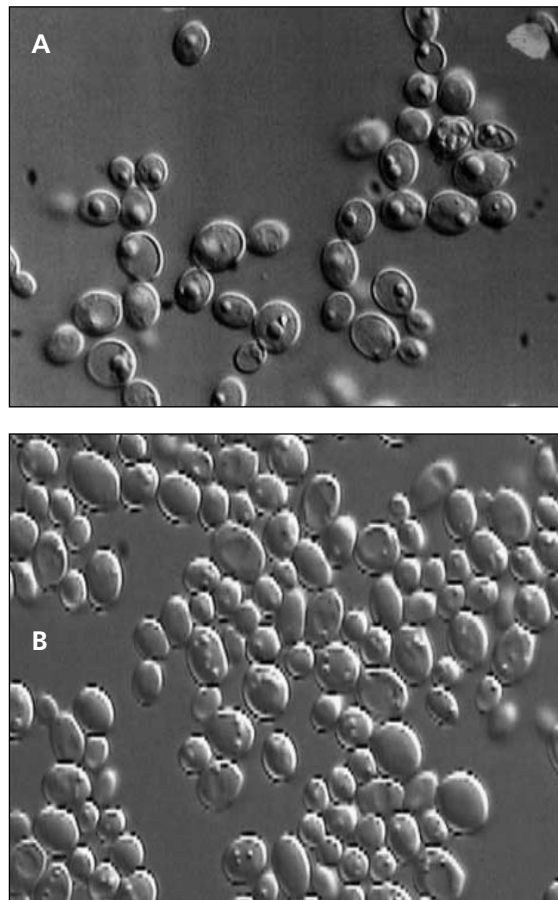


Abb. 5: Die beiden Hefen *Candida albicans* (A) und *Candida glabrata* (B) haben unterschiedliche Größen ihres mitochondrialen Genoms, vergleiche Tab. 3. Beide Arten sind opportunistische Krankheitserreger. Fotos: Herbert SEILER, Lehrstuhl für Mikrobielle Ökologie, Technische Universität München.

Aphidina in die vier untersuchten Arten geschlossen wird; der Vorfahr der vier Arten hatte vermutlich schon ein massiv reduziertes Genom, weil die reduzierte Genausstattung der verschiedenen bakteriellen Endosymbionten ziemlich ähnlich ist. Außerdem scheint zwischen den Endosymbionten nach Trennung der Wirte kein signifikanter Genaustausch mehr stattgefunden zu haben, sonst würde man nicht erwarten, dass die molekularen Stammbäume der Endosymbionten und der Wirte übereinstimmen. Dies ist jedoch der Fall.

Organellen und Endosymbionten

Zurück zu *Carsonella*: Ist *Carsonella* in Wirklichkeit vielleicht gar kein Bakterium, sondern ein Organell, welches sich im Cytoplasma einer eukaryonten* Zelle eines Insektenbacterioms (STEINER et al. 2002) befindet? Dieses Organell hätte dann ganz

Tab. 3: Verschiedene Arten der Hefegattung *Candida* und es Blattlausymbionten (*Buchnera*) divergieren in der Größe ihrer mitochondrialen DNA. Dieser Variabilität steht die außerordentliche Konstanz der DNA-Größe von Säugetiermitochondrien gegenüber, die so gut wie gar nicht von 16 kb abweicht. Die Gründe für solche Unterschiede sind nicht genau bekannt. Daten aus http://www.bch.umontreal.ca/ogmp/projects/other/all_list.html, Zugriff am 13. 1. 2007

<i>Candida glabrata</i>	20 kb
<i>Candida orthopsilosis</i>	22 kb
<i>Candida parapsilosis</i>	33 kb
<i>Candida albicans</i> SC5314	40 kb
<i>Buchnera aphidicola</i> BCc	422 kb
<i>Buchnera aphidicola</i> BBp	616 kb
<i>Buchnera aphidicola</i> APs	641 kb
<i>Buchnera aphidicola</i> Sg	642 kb

Yoon et al. (2006) meinen, es sei „ein Mysterium, wie Organellen zuerst in Eukaryonten etabliert wurden.“

(Blattläuse). *Buchnera* gehört wie *Carsonella* zu den γ -Proteobakterien*. Aus unterschiedlichen Blattläuse-Gattungen wurden die *Buchnera*-Endosymbionten sequenziert (für Referenzen siehe PEREZ-BROCAL et al. 2006). Die Endosymbionten haben teilweise deutlich unterschiedliche Genomgrößen (Tab. 3). Die molekultaxonomische Analyse ergibt aber ähnliche Stammbäume der Wirte und der Endosymbionten, woraus zunächst auf eine primäre Etablierung der Symbiose vor der Aufspaltung der

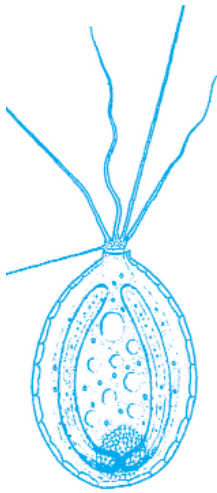


Abb. 6: Oben: *Paulinella chromatophora*, ein Protist in Symbiose mit einem Cyanobakterium (früher: Blaualge). In jeder Zelle liegen zwei „wurstförmige“, DNA-haltige Chromatophoren. Links (zwei dünne Pfeile) ist die Aufsicht auf die kreisförmig erscheinenden „Enden“ eines Chromatophors im Fokus der Aufnahme. Aufnahme: Y. TSUKII, Japan. Unten: Schemazeichnung von *Paulinella* des Entdeckers Robert LAUTERBORN VON 1895 (Zeitschr. Wiss. Zool. 59, 537-544).

andere physiologische Funktionen als Mitochondrien und Chloroplasten. Doch was unterscheidet ein Organell von einem bakteriellen Endosymbionten? Beide sind nicht alleine lebensfähig, und in beiden Fällen existiert ein vitaler Austausch von Metaboliten zwischen den Partnern. Man könnte obligate Endosymbionten und Parasiten mit extrem reduzierter DNA von Organellen vielleicht dadurch unterscheiden, dass bei Organellen Proteine aus dem Cytoplasma des Wirtes in das Organell transportiert werden (THEISSEN & MARTIN 2006), wobei zuvor ein funktionaler Gentransfer* in das Genom des Wirtes im Rahmen der Reduktion des Endosymbionten stattgefunden hat. Das ist allerdings ein außerordentlich komplexer Prozess und es ist unklar, wie ein angenommener Transfer der Bakteriengene in das Genom des Wirtes und vor allem der ebenso notwendige Rücktransport der Genprodukte in den Symbionten erstmalig evolviert sein könnte. YOON et al. (2006) meinen, es sei „ein Mysterium, wie Organellen zuerst in Eukaryonten etabliert wurden.“ Aus diesem Grunde nehmen viele Evolutionsbiologen mit CAVALIER-SMITH & LEE (1985) an, dass ein solch komplexer, primärer Evolutionsprozess nur zweimal in der Geschichte des Lebens erfolgt sei: Endosymbiontische Bakterien sollen zu Mitochondrien und endosymbiontische Cyanobakterien zu Plastiden evolviert sein (RODRIGUEZ-EZPELETA et al. 2005). Für die Diskussion der mechanistischen Probleme primärer Endosymbiosen sei der Leser auf WAGNER (2006) und BODYL et al. (2007) verwiesen.

Hier soll diskutiert werden, inwiefern es aus der vergleichenden Biologie inzwischen Argumente für weitere primäre Endosymbiosen gibt. Die Existenz von typischen Organellen, welche eindeutig keine Ähnlichkeit mit Mitochondrien oder Plastiden und vielleicht sogar andere Funktionen haben, könnte in dem Sinne interpretiert werden, dass die unabhängige Bildung von Organellen doch häufiger postuliert werden muss. Allerdings wüsste man damit noch nicht, wie der unbekannte Mechanismus eines derartigen multiplen funktionalen Gentransfers arbeitet. Aus vergleichend-biologischen Daten kann grundsätzlich nicht sicher geschlossen werden, ob ein evolutionärer Mechanismus existiert, der einen vermuteten Evolutionsvorgang in der Vergangenheit ermöglicht haben könnte.

Carsonella und Paulinella als Beispiele für neuartige Organellen?

Carsonella wäre ein Kandidat für ein neuartiges Organell. Es wird vermutet, dass einige der für das Überleben notwendigen Gene des Endosymbionten in das Genom des Insektes gewandert sind, obgleich es dafür bisher noch keine experimentellen Belege gibt (NAKABACHI et al. 2006). Die Gen-

produkte (Proteine) müssten dann vom Wirtscytoplasma in den Symbionten (zurück)transportiert werden. Man könnte diese Hypothese für *Carsonella* relativ leicht prüfen, indem das Proteom (Gesamtheit aller Proteine) des Endosymbionten analysiert wird. Dabei würde man die gesamte Proteinausstattung isolierter Bacteriome im zweidimensionalen elektrophoretischen Gel auftrennen, die Proteine massenspektroskopisch identifizieren und dann durch Vergleich sehen, ob alle *Carsonella*-Proteine auch auf dem *Carsonella*-Genom codiert sind. „Fremde“ Proteine müssten aus dem Wirt importiert worden sein. Ein weiterer Schritt bestünde in der Sequenzanalyse der gefundenen fremden Gene aus dem Genom des Blattflohs und dem Vergleich mit den nächst ähnlichen Sequenzen. Wenn diese bei nahen frei lebenden Verwandten von *Carsonella* (also Arten aus der γ -Unterabteilung der Proteobakterien) vorhanden wären, dann könnte man die Daten auf einer vergleichenden Ebene sehr gut im Sinne eines weitgehend fortgeschrittenen Endosymbiosevorganges in Richtung eines neuartigen Organells deuten.

Ein zweiter, derzeit intensiv diskutierter Kandidat für eine neue, primäre Organellenbildung ist die Amöbe *Paulinella chromatophora*. Seit vielen Jahrzehnten ist bekannt, dass diese Amöbe mit einem intrazellulären Cyanobakterium obligat vergesellschaftet ist (Abb. 6). Der Endosymbiont wird wegen der Präsenz einer Zellwand aus Peptidoglykan und den typischen photosynthetischen Pigmenten von Cyanobakterien (Phycobilisomen) auch als Cyanelle bezeichnet. Der Endosymbiont liegt frei im Cytoplasma der Wirtsamöbe, ist also nicht von

Aus vergleichend-biologischen Daten
kann grundsätzlich nicht sicher
geschlossen werden, dass ein evolutionärer
Mechanismus existiert, der einen
vermuteten Evolutionsvorgang in der
Vergangenheit ermöglicht haben könnte.

einer Phagocytosemembran der Wirtszelle umgeben. Er kann nicht alleine kultiviert werden und die Zahl der Endosymbionten wird von der Wirtszelle auf unbekannte Weise reguliert. Damit ist die Cyanelle von *Paulinella* kein einfacher „Kleptoplast“, der immer wieder durch Phagocytose* aufgenommen wird und nach einigen Verdopplungen wieder verloren geht. Dieser Endosymbiont ist genetisch sehr verschieden von den echten Organellen der Glaucocystophyta (MARIN et al. 2005), die Phycobilisomen und Zellwandreste tragen und nächstverwandte mit Chloroplasten und Rhodoplasten sind (RODRIGUEZ-EZPELETA et al. 2005). Die Cyanelle

von *Paulinella* steht nach der rDNA*-Sequenz dem gegenüber eindeutig einem Cyanobakterium aus der *Synechococcus*-Gruppe nahe. Die Ergebnisse von MARIN et al. (2005) wurden daher als wichtiger Befund für eine dritte primäre Endosymbiose gewertet (ARCHIBALD 2006; RODRIGUEZ-EZPELETA & PHILIPPE 2006; BODYL et al. 2007). Weitere genetische Analysen der Cyanelle zeigten jedoch, dass es sich nicht um ein Organellengenom, sondern um ein Cyanobakterien-Genom handelt (YOON et al. 2006; MARIN et al. 2007). Ob dieser Endosymbiont ein teilweise reduziertes Genom besitzt, wurde noch nicht generell untersucht, die bisher bekannten DNA-Sequenzen sprechen aber nicht dafür.

Endosymbiose in statu nascendi?

Die besprochenen Endosymbiosen weisen meist extreme Genomreduktionen der Mikrosymbionten auf. Das muss aber nicht immer so sein. Am anderen Ende der Skala stehen obligate Endosymbionten, die sich kaum von frei lebenden, nächstverwandten Isolaten der gleichen Art unterscheiden. Anfang 2007 haben VANNINI et al. (2007) erstmalig ein solches Beispiel beschrieben. Es handelt sich um *Polynucleobacter necessarius*, ein Mitglied der β -Proteobakterien. Diese Art lebt sowohl als obligater Endosymbiont in dem Ciliaten *Euplotes*, aber auch freilebend im Pelagial* von Süßwasserhabitaten. *Euplotes* (Abb. 7) kann nicht ohne den Symbionten leben und endosymbiontisch lebende *Polynucleobacter* sind nicht kultivierbar. 40 freilebende und 5 endosymbiotische Stämme wurden verglichen. Sie unterschieden sich nur in 1,5% ihrer 16S rDNA-Sequenzen und gehören damit sehr wahrscheinlich zur gleichen Spezies. Die Isolate stammen aus Südamerika, Australien, China und Europa. Auffallenderweise gruppieren die endosymbiontischen Isolate nach ihren Wirten und nicht mit ihren frei lebenden Speciesgenossen. Außerdem scheinen die endosymbiontisch lebenden *Polynucleobacter* mit 1700 bis 1800 kb etwas kleinere Genome aufzuweisen als die pelagischen Arten der gleichen Ähnlichkeitsgruppe (2100 bis 2500 kb), obgleich es auch einzelne pelagische Arten mit kleineren Genomen gibt. Diese Daten sprechen bisher dafür, dass VANNINI et al. eine initiale Form der obligaten Endosymbiose gefunden haben. Interessanterweise scheint diese Assoziation spezifisch zu sein, d.h. sowohl *Euplotes* als auch *Polynucleobacter* können nicht mit beliebigen anderen Partnern eine Symbiose eingehen. Welche Grundlage diese Prädisposition hat, ist im Einzelnen unbekannt.

Glossar

Endosymbiont: Ein im Zellinneren eines Wirtes lebender Organismus

Eukaryont: Zelle mit Zellkern

Genom: Das komplette Erbgut eines Organismus

Gentransfer: Übertragung von Genen von einem Organismus in einen anderen oder von einem Organell oder Endosymbionten in den Zellkern

Gram negativ: Gram negative Bakterien sind nach einer bestimmten Färbemethode, die vom Bakteriologen Hans Christian Gram entwickelt wurde, farblos. Nach dieser Färbemethode werden Bakterien in Gram positive und Gram negative Arten unterteilt. Der Unterschied in der Färbung ist durch Zellwandeigenschaften bedingt.

kb: Kilobase = 1000 Basen. „Basen“ ist die Kurzbezeichnung für die Nucleobasen Thymin, Adenin, Guanin und Cytosin, aus denen die DNA kettenförmig zusammengesetzt ist.

Mitochondrium: Membranschlussenes Zellorganell, das als

„Kraftwerk“ der Zelle fungiert und eine eigene DNA besitzt

PCR-Amplifikat: Mittels „polymerase chain reaction“-Methode vervielfältigte DNA

Pelagial: ufernaher Freiwasserbereich in Seen und im Meer.

Phagocytose: Aufnahme von größeren Partikeln in Zellen.

Phloem: Leitgewebe zum Transport von Nährstoffen in Pflanzen

Plastid: Membranschlussene Zellorganelle pflanzlicher Zellen. Beispielsweise findet in den Chloroplasten die Photosynthese statt. Auch die Plastiden besitzen eine eigene DNA.

Proteobakterien: Proteobakterien gehören zu den Gram negativen Bakterien. Zu dieser Untergruppe gehören auch Enterobakterien wie z. B. *Escherichia coli* und *Salmonella*.

rDNA: Diese DNA kodiert für die ribosomale RNA, welche Bestandteil der Ribosomen (Ort der Proteinsynthese) ist.

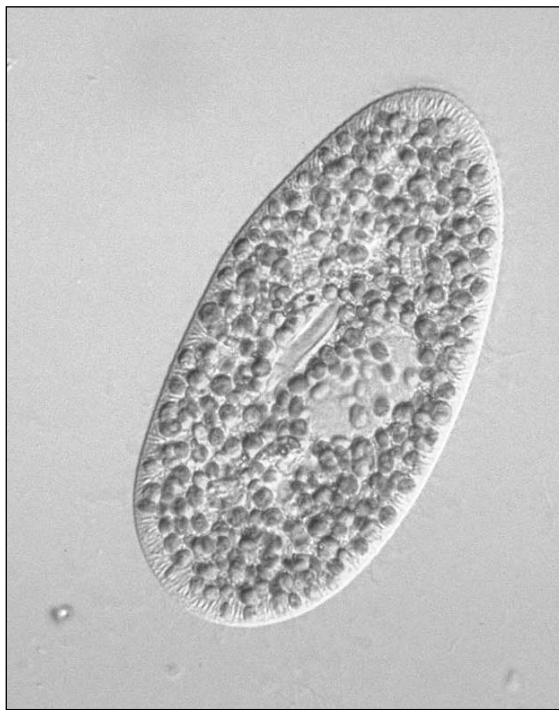
Fähigkeit zur Symbiose als Kennzeichen des Lebens?

Vieles spricht dafür, dass Assoziationen von Mikroorganismen mit Wirten aller Art viel häufiger sind als bisher angenommen wurde. Auch für bisher „unverdächtige“ Bakterien mehren sich Hinweise auf symbiotische und/oder parasitische Beziehungen, besonders zu Wirten von Wirbellosen und eukaryonten mikrobiellen Wirten. So konnten wir kürzlich zeigen, dass der bisher nur aus Umweltisolaten bekannte humane Krankheitserreger *Yersinia enterocolitica* insektentoxische Proteine bildet (BRESOLIN et al. 2006), doch der vermutete Insektenwirt ist nicht bekannt. Solche Interaktionen



Abb. 7: *Euplotes* sp. gehört zu den Ciliophora. Der Protist ist etwa zwischen 0,05 und 0,1 mm lang und kann Bakterien als Endosymbionten beherbergen (vgl. Text). Aufnahme: H. YOSHINO, Japan.

Abb. 8: Dieser Vertreter der Pantoffeltierchen (*Paramecium bursaria*) ist angefüllt mit Grünalgen der Art *Chlorella*. Diese versorgen den Wirt mit Photosyntheseprodukten, der Wirt scheint für Schutz und Transport des Endosymbionten zu sorgen.
Foto: Y. TSUKII, Japan.



erzeugen neue ökologische Nischen und damit interessante Evolutionsprozesse.

Vielleicht gehört es sogar zur genetischen Grundausstattung von mindestens einigen, vielleicht sogar vielen Bakteriengruppen, enge Verbindungen zu verschiedensten Wirten eingehen zu können. Allerdings müssten auch die potentiellen Wirte genetisch dafür prädisponiert sein. Einige wenige Beispiele seien genannt: Methanbildende Bakterien leben in großer Vielfalt in anaeroben Ciliaten und zeigen „ausgeklügelte morphologische Interaktionen“ (EMBLEY & FINLAY 1993), die vermutlich den Stoffaustausch zwischen den Partnern erleichtern. Viele Grünalgen leben intrazellulär vergesellschaftet mit Ciliaten, z. B. dem Pantoffeltierchen (Abb. 8). Bei einer Kieselalge wurde ein intrazellulär lebendes Cyanobakterium gefunden, welches keine Zellwand und keine Photosynthese aufweist, obligat endosymbiontisch lebt und vermutlich als stickstofffixierender Endsymbiont dient (PRECHTL et al. 2004). Überhaupt leben viele stickstofffixierende Bakterien eng mit Insekten, Schnecken, Pilzen oder Pflanzen zusammen (THACKER 2005; VEGA et al. 2006; KNEIP et al. 2007). Es gibt erste Schätzungen, dass mindestens 10% aller Insektenspezies mit obligaten (!) Endosymbionten leben (DALE & MORAN, 2006). Kein Zweifel besteht daran, dass alle Organismen mit einem Magen-Darm-Trakt in enger Verbindung mit zahlreichen, in der Regel unbekannten Mikroben leben, wobei die funktionalen Interaktionen weitgehend unbekannt sind. Das gilt auch für den Menschen (LEY et al. 2006; TURNBAUGH et al. 2006), in dessen Darmtrakt ca. 10^{13} Bakterien mit geschätzten 1000 Arten leben.

Variationspotential durch Gentransfer?

Welche Variabilität ist möglich, wenn die Gen- und Proteintransfermechanismen in einem komplexen System mit Mitochondrien und/oder Plastiden erst einmal vorhanden sind? Ist in einem solchen kompletten System der (funktionale?) Transfer weiterer Gene in den Zellkern der Wirtszelle wahrscheinlich? Die in Tab. 2 dargestellten Variationen der Genomgrößen von Hefen könnten ein Indiz dafür sein. Auch einige an Pflanzenorganellen (ADAMS et al. 1999; PALMER et al. 2000; ADAMS et al. 2000) erhobene Befunde sprechen dafür. Für Mitochondrien von Hefen gibt es inzwischen experimentelle Daten, dass ein Gentransfer vom Mitochondrium in den Kern mit anschließender Transkription (Abschrift) des Gens im Kern und Translation (Übersetzung in die Abfolge der Aminosäuren eines Proteins) im Cytoplasma unter geeigneten Bedingungen im Labor beobachtet werden kann (THORSNESS & FOX 1990; CAMPBELL & THORSNESS 1998; RICCHETTI et al. 1999). Vergleichend-biologische Befunde an Pflanzen wurden so gedeutet, dass dieser Prozess sogar überraschend schnell abläuft (GRAY 2000). Stellen Organellen die funktionalen Mechanismen bereit, die im Rahmen zusätzlicher Endosymbiosevorgänge genutzt werden können? BODYL et al. (2007) vermuten, dass „die anfängliche Etablierung des Mitochondriums eukaryonte Zellen für weitere endosymbiontische bakterielle Assoziationen präadaptiert haben könnte.“

Möglicherweise haben wir erst damit begonnen, die Vielfalt der in Lebewesen realisierten Variationsmechanismen zu verstehen, die mit einer auf Symbiose bzw. Parasitismus programmierten Lebensweise einhergehen könnten. Kein Zweifel: Die Erforschung dieser Variationsprozesse im Rahmen der Evolutionsbiologie wird auf absehbare Zeit spannend bleiben.

Literatur

- ADAMS KL, DALEY DO, QIU YL, WHELAN J & PALMER JD (2000) Repeated, recent and diverse transfers of a mitochondrial gene to the nucleus in flowering plants. *Nature* 408, 354-357.
- ADAMS KL, SONG K, ROESSLER PG, NUGENT JM, DOYLE JL, DOYLE JJ & PALMER JD (1999) Intracellular gene transfer in action: dual transcription and multiple silencings of nuclear and mitochondrial *cox2* genes in legumes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 13863-13868.
- ARCHIBALD JM (2006) Endosymbiosis: double-take on plastid origins. *Curr. Biol.* 16, R690-692.
- BAUMANN P, MORAN NA & BAUMANN L (2006) Bacteriocyte-Associated Endosymbionts of Insects. In *The Prokaryotes*. DWORKIN M (ed) New York: Springer, pp. 403-438, DOI 410.1007/1000-1387-30741-30749_30716.
- BAUTISTA ES, DAHIYA RS & SPECK ML (1966) Identification of compounds causing symbiotic growth of *Streptococcus thermophilus* and *Lactobacillus bulgaricus*. *J. Dairy Res.* 33, 299-307.

- BODYL A, MACKIEWICZ P & STILLER JW (2007) The intracellular cyanobacteria of *Paulinella chromatophora*: endosymbionts or organelles? *Trends Microbiol.* **15**, 295-296.
- BRESOLIN G, MORGAN JA, ILGEN D, SCHERER S & FUCHS TM (2006) Low temperature-induced insecticidal activity of *Yersinia enterocolitica*. *Mol. Microbiol.* **59**, 503-512.
- CAMPBELL CL & THORSNESS PE (1998) Escape of mitochondrial DNA to the nucleus in yme1 yeast is mediated by vacuolar-dependent turnover of abnormal mitochondrial compartments. *J. Cell. Sci.* **111** (Pt 16), 2455-2464.
- CAVALIER-SMITH T (2006) Origin of mitochondria by intracellular enslavement of a photosynthetic purple bacterium. *Proc. Biol. Sci.* **273**, 1943-1952.
- CAVALIER-SMITH T & LEE J (1985) Protozoa as hosts for endosymbioses and the conversion of symbionts into organelles. *J. Protozool.* **32**, 376-379.
- CLARK MA, BAUMANN L, THAO ML, MORAN NA & BAUMANN P (2001) Degenerative minimalism in the genome of a psyllid endosymbiont. *J. Bacteriol.* **183**, 1853-1861.
- DALE C & MORAN NA (2006) Molecular interactions between bacterial symbionts and their hosts. *Cell* **126**, 453-465.
- EMBLEY TM & FINLAY BJ (1993) Systematic and morphological diversity of endosymbiotic methanogens in anaerobic ciliates. *Antonie Van Leeuwenhoek* **64**, 261-271.
- FUKATSU T & NIKOH N (1998) Two intracellular symbiotic bacteria from the mulberry psyllid *Anomoneura mori* (Insecta, Homoptera). *Appl. Environ. Microbiol.* **64**, 3599-3606.
- GRAY MW (2000) Mitochondrial genes on the move. *Nature* **408**, 302-303, 305.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. 6. Aufl., Gießen.
- KNEIP C, LOCKHART P, VOSS C & MAIER UG (2007) Nitrogen fixation in eukaryotes—new models for symbiosis. *BMC Evol. Biol.* **7**, 55.
- LEY RE, TURNBAUGH PJ, KLEIN S & GORDON JI (2006) Microbial ecology: human gut microbes associated with obesity. *Nature* **444**, 1022-1023.
- MARIN B, NOWACK EC & MELKONIAN M (2005) A plastid in the making: evidence for a second primary endosymbiosis. *Protist* **156**, 425-432.
- MARIN B, NOWACK EC, GLOCKNER G & MELKONIAN M (2007) The ancestor of the *Paulinella chromatophore* obtained a carboxysomal operon by horizontal gene transfer from a *Nitrococcus*-like gamma-proteobacterium. *BMC Evol. Biol.* **7**, 85.
- NAKABACHI A, YAMASHITA A, TOH H, ISHIKAWA H, DUNBAR HE, MORAN NA & HATTORI M (2006) The 160-kilobase genome of the bacterial endosymbiont *Carsonella*. *Science* **314**, 267.
- PALMER JD, ADAMS KL, CHO Y, PARKINSON CL, QIU YL & SONG K (2000) Dynamic evolution of plant mitochondrial genomes: mobile genes and introns and highly variable mutation rates. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **97**, 6960-6966.
- PEREZ-BROCAL V, GIL R, RAMOS S, LAMELAS A, POSTIGO M, MICHELENA JM et al. (2006) A small microbial genome: the end of a long symbiotic relationship? *Science* **314**, 312-313.
- PRECHTL J, KNEIP C, LOCKHART P, WENDEROTH K & MAIER UG (2004) Intracellular spheroid bodies of *Rhopalodia gibba* have nitrogen-fixing apparatus of cyanobacterial origin. *Mol. Biol. Evol.* **21**, 1477-1481.
- RICCHETTI M, FAIRHEAD C & DUJON B (1999) Mitochondrial DNA repairs double-strand breaks in yeast chromosomes. *Nature* **402**, 96-100.
- RIDLEY M (2005) *Evolution*. Oxford.
- RODRIGUEZ-EZPELETA N & PHILIPPE H (2006) Plastid origin: replaying the tape. *Curr. Biol.* **16**, R53-56.
- RODRIGUEZ-EZPELETA N, BRINKMANN H, BUREY SC, ROURE B, BURGER G, LOFFELHARDT W et al. (2005) Monophyly of primary photosynthetic eukaryotes: green plants, red algae, and glaucophytes. *Curr. Biol.* **15**, 1325-1330.
- STEINER J, PFANZAGL B, MA Y & LOFFELHARDT W. (2002) Evolution and biology of cyanelles. *Biology and Environment: Proc. Roy. Irish Acad.* **102B**, 7-9.
- THACKER RW (2005) Impacts of Shading on Sponge-Cyanobacteria Symbioses: A Comparison between Host-Specific and Generalist Associations. *Integr. Comp. Biol.* **45**, 369-376.
- THAO ML, MORAN NA, ABBOT P, BRENNAN EB, BURCKHARDT DH & BAUMANN P (2000) Cospeciation of psyllids and their primary prokaryotic endosymbionts. *Appl. Environ. Microbiol.* **66**, 2898-2905.
- THEISSEN U & MARTIN W (2006) The difference between organelles and endosymbionts. *Curr. Biol.* **16**, R1016-R1017.
- THORSNESS PE & FOX TD (1990) Escape of DNA from mitochondria to the nucleus in *Saccharomyces cerevisiae*. *Nature* **346**, 376-379.
- TURNBAUGH PJ, LEY RE, MAHOWALD MA, MAGRINI V, MARDIS ER & GORDON JI (2006) An obesity-associated gut microbiome with increased capacity for energy harvest. *Nature* **444**, 1027-1031.
- VALDES-STAUBER N & SCHERER S (1994) Isolation and characterization of Linocin M18, a bacteriocin produced by *Brevibacterium linens*. *Appl. Environ. Microbiol.* **60**, 3809-3814.
- VANNINI C, POCKL M, PETRONI G, WU QL, LANG E, STACKEBRANDT E et al. (2007) Endosymbiosis in statu nascendi: close phylogenetic relationship between obligately endosymbiotic and obligately free-living *Polynucleobacter strains* (Betaproteobacteria). *Environ. Microbiol.* **9**, 347-359.
- VEGA IA, DAMBORENEA MC, GAMARRA-LUQUES C, KOCH E, CUETO JA & CASTRO-VAZQUEZ A (2006) Facultative and obligate symbiotic associations of *Pomacea canaliculata* (Caenogastropoda, Ampullariidae). *Biocell* **30**, 367-375.
- WAGNER G (2006) Endosymbionten-Hypothese. http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/e41308.php
- WERNEGREEN JJ (2002) Genome evolution in bacterial endosymbionts of insects. *Nat. Rev. Genet.* **3**, 850-861.
- YOON HS, REYES-PRieto A, MELKONIAN M & BHATTACHARYA D (2006) Minimal plastid genome evolution in the *Paulinella* endosymbiont. *Curr. Biol.* **16**, R670-672.

KNM-ER 1470 kein Vorfahr des Menschen – Aufstieg und Fall eines Stars

MrJ: Millionen
radiometrische
Jahre.

Zusammenfassung: Der hochkontroverse Schädel KNM-ER 1470, ursprünglich erster Vertreter der Gattung Mensch, erfuhr im Laufe seiner Erforschungsgeschichte eine Reihe von markanten Veränderungen. Sein Alter reduzierte sich kurz nach dem Fund von fast 3 MrJ auf 1,9 MrJ, seine Artzuordnung wechselte von *Homo spec.* zu *Homo habilis* und dann zu *H. rudolfensis*. Später wechselte sogar seine Gattungszugehörigkeit von *Homo* zu *Kenyanthropus*. Aufgrund einer fehlerhaften Rekonstruktion veränderte sich die Morphologie des Gesichts von orthognath zu prognath, ähnelt im Gesamthabitus eher einem robusten *Australopithecus*, während sein Gehirnvolumen sich von ungewöhnlich hohen 752 auf möglicherweise nur 526 ccm reduzierte. Am Ende wurde – nach einer neuen Publikation eines jahrzehntelang bekannten Sachverhalts – aus dem Hoffnungsträger „ältester Mensch“ ein ganz normaler früher Hominide, der sich nicht wesentlich von anderen Australomorphen unterscheidet.

Hintergrund. Seit über 30 Jahren gehört der Schädel KNM-ER 1470 zu den am meisten kontrovers diskutierten frühen Hominidenschädeln überhaupt. (Als Hominiden werden hier alle Fossilien bezeichnet, die in die direkte Vorläuferschaft des Menschen gestellt werden.) Richard LEAKEY, unter dem Schatten seines erfolgreichen Vaters, fand diesen stark fragmentierten Schädel 1972 am Turkana-See, früher Rudolfsee und führte ihn als *Homo* in die wissenschaftliche Welt ein. Die Zuordnung zum Menschen war jedoch von Anfang an umstritten (siehe MEHLERT 1999).

Die mühselige Rekonstruktion aus über 150 Bruchstücken erfolgte per Hand und aufgrund theoretischer Vorstellungen, dass die Form als ein angenommenes Mitglied der Gattung *Homo* einen großen Gehirnschädel und ein orthognathes (gerades, d.h. nicht hervorstehendes prognathes) Gesicht besessen haben muss.

Der Schädel erhielt ein eher unnatürlich wirkendes gerades Gesicht und kam auf ein geschätztes Gehirnvolumen von 752 ccm. Doch damit unterschied er sich – auch nach der Datierungsrevision – recht drastisch von allen zeitgleichen Hominiden (*Australopithecinen* und *Habilinen*). Dies sollte ihm eine herausragende Position als direkter Vorfahre des Menschen verschaffen.

Schon in den 1970er Jahren erhoben sich gegen die Rekonstruktion kritische Stimmen: vor allem die Anlenkung des Gesichtsschädels an den Gehirnschädel wurde als den biologischen Notwendigkeiten völlig unangemessen kritisiert. Die Mitautorin dieses Artikels erinnert sich, dass dies sogar in Anthropologievorlesungen der Uni Zürich ausführlich thematisiert wurde (Peter SCHMID 1986/1987). Dennoch fand in der populären und Fachliteratur nur sehr vereinzelt etwas davon Eingang. Offensichtlich in Kenntnis dieser Sachlage haben PELLEGRINO 1985 und R. LEAKEY 1995 eine sehr ähnliche Rekonstruktion von KNM-ER 1470 mit etwas stärker prognathem Gesicht in populärwissenschaftlichen Büchern veröffentlicht (MEHLERT 1999).

Wiederholte Kritik an der Rekonstruktion. Tim BROMAGE hat den alten Faden 2007 auf einem hohen fachwissenschaftlichen Niveau medienwirksam wieder aufgenommen, nachdem er bereits Anfang der 1990er Jahre grundlegende Arbeiten dazu vorgebracht und publiziert hatte (BROMAGE 1992a,b, 1993), die aber praktisch folgenlos geblieben sind. BROMAGE demonstriert mittels drei verschiedener teils virtueller Methoden, dass die Rekonstruktion in wesentlichen Merkmalen unakzeptabel ist. Seine Ergebnisse hat er auf Kongressen vorgestellt und plant sie noch in diesem Jahr in einer referierten wissenschaftlichen Zeitschrift zu publizieren. Da sie recht herausfordernd sind, erschienen sie auch in verschiedenen Publikationsorganen, was zu

Bromage demonstriert mit drei
Methoden, dass die Rekonstruktion
in wesentlichen Merkmalen
unakzeptabel ist.

einer großen Breitenwirkung geführt hat. Eigentlich werden solche Befunde erst nach der Publikation in referierten wissenschaftlichen Journalen einer breiteren Öffentlichkeit zugänglich gemacht. Aus diesem Grund weigerte sich auch Meave LEAKEY, vor Drucklegung dieser Arbeit irgendeinen Kommentar zur Kritik der von ihr angefertigten Rekonstruktion abzugeben.

BROMAGE und Mitarbeiter rekonstruierten den Schädel auf drei verschiedene Weisen: ein flexibler Abguss, der verformt werden kann, und zwei unterschiedliche virtuelle Rekonstruktionen, denen der dreiteilige Schädelabguss zugrunde liegt (linke und rechte Schädelkapsel und Gesichtsschädel, Abb. 1). Diese Rekonstruktion knüpft an frühere Erkenntnisse über das Wachstum des Schädels bei Menschen und anderen Säugern an (ENLOW 1966). Donald H. ENLOW hatte bestimmte Wachstumsmuster entdeckt, wie sich bei Säugern Gehirn- und Gesichtsschädel zueinander entwickeln. BROMAGE und Kollegen postulieren darauf aufbauend einen Winkel, der für Säuger allgemeingültig sein soll: der Winkel zwischen einem Höcker auf dem Oberkiefer (der Tuberositas maxillaris) nahe dem letzten Molaren (Backenzahn), der Öffnung des äußeren Gehörgangs und dem Mittelpunkt des unteren Orbita-Randes (unterer knöcherner Augenhöhlenrand). Dieser Winkel betrage ungefähr 45 Grad, was für das Viscerocranium (Gesichtsschädel) mit seinen (Sinnes-)Organen genügend Platz gewähre. Im Gegensatz dazu zeige die Rekonstruktion von Meave LEAKEY einen Winkel von 60-75 Grad, was viel zu wenig Raum für Luft- und Speiseröhre zur Verfügung stellt. Damit sei die Rekonstruktion, wie schon in den 1970ern diskutiert, biologisch nicht haltbar, da lebensnotwendige Funktionen wie Schlucken und Atmen nicht möglich seien.

BROMAGES Kritik liest sich drastisch: „Basierend auf der Prämisse, dass KNM-ER 1470 der älteste Mensch war, führte dieses Vorurteil zu einer Rekonstruktion mit zwei Hauptmerkmalen der Gattung Mensch: einem großen Gehirn und einem flachen Gesicht. Diese Rekonstruktion basiert jedoch keineswegs auf einem biologisch vertretbaren Prinzip und verletzt sämtliche architektonische Verhältnisse von Säugermorphologien so stark, dass es mit dem Leben inkompatibel gewesen wäre“ (BROMAGE et al. 2007).

Reduktion der Gehirngröße. Nun greift BROMAGE nicht nur die Gesichtsrekonstruktion als biologisch irrelevant an, sondern attackiert gleichzeitig die Abschätzung der Gehirngröße von zugegebenermaßen hohen 752 ccm, die sich nach seinen Abschätzungen um 226 ccm reduziert. Möglicherweise traut er der manuellen Rekonstruktion aus den vielen Fragmenten weniger als seiner eigenen rechnerischen Abschätzung, die auf dem Grad der Prognathie beruht, d.h. dem Winkel der Kieferneigung in Relation zur Schädelbasis (THACKERAY & MONTEITH 1997). Dies provoziert verständlicherweise die Kritik von Robert Denis MARTIN, Field Museum, Chicago, der eine Abschätzung aufgrund eines Gesichtswinkels für „verrückt“ hält. („Was sie fordern ist, dass wenn man das Gesicht herausstreckt, das Gehirn dann umso kleiner wird, je mehr das Gesicht nach vorne verlagert ist. Dem kann ich überhaupt nicht folgen“, sagte MARTIN, der nicht an



der Studie beteiligt war; siehe <http://www.foxnews.com/story/0,2933,262500,00.html>)

Eine Reduktion des Gehirnvolumens um 226 ccm ist möglicherweise wirklich zu hoch gegriffen. Die neue Gesichtskonstruktion hat tatsächlich eine reduzierte Gehirngröße zur Folge, da die Schädelbasisknickung nicht mehr so hoch ist wie ursprünglich angenommen, aber es scheint eher unwahrscheinlich, dass die Volumenreduktion dieses Ausmaß hat. Das „neue“ Gehirnvolumen von 526 ccm würde zwar tatsächlich gut ins Gesamtbild der Australomorphen passen, doch sind vorläufig alle Schlussfolgerungen müßig, da das Volumen mittels eines ebenfalls neu rekonstruierten Gehirnschädels neu bestimmt werden müsste. Erst wenn dies das niedrige Volumen bestätigt, kann eine Neueinschätzung vorgenommen werden.

Als vor über 30 Jahren der berühmte Finder Richard LEAKEY von den Reportern bei einer Pressekonferenz befragt wurde, eröffnete er ihnen: „Entweder wir werfen diesen Schädel weg oder unsere Theorien über den frühen Menschen. Er passt ganz einfach in kein Modell vom Anfang der Menschheit.“ Nach der Redatierung wurde der Schädel – trotz damaliger Kritik an der Rekonstruktion – als *Homo* im Stammbaum belassen, weil nun zumindest zeitlich eine Angleichung an das herrschende Modell stattfand.

Tatsächlich jedoch erfuhr dieser hochkontroverse Schädel 1470 im Laufe seiner Erforschungsgeschichte eine Reihe von markanten Veränderungen. Sein Alter reduzierte sich kurz nach dem Fund von fast 3 MrJ auf 1,9 MrJ. Seine Artzuordnung wechselte von *Homo spec.* zu *habilis* und dann zu *rudolfensis* (WOOD 1992), auch seine Gattung wechselte – jedoch mit wenig Akzeptanz – zweimal, zuerst zu *Australopithecus* (WOOD & COLLARD 1999) und dann zu *Kenyanthropus* (LEAKEY et al. 2001), sein Gesicht scheint sich von orthognath zu prognath zu verändern, und sein Gehirnvolumen von 752 auf möglicherweise nur 526 ccm zu

Abb. 1: Das umstrittene Fossil: Fragmente von KNM-ER 1470 (Foto: S. HARTWIG-SCHERER)

schrumpfen. Am Ende steht – zumindest nach der Meinung von BROMAGE – ein ganz normaler früher Hominide, der sich nicht wesentlich von anderen Australomorphen unterscheidet. Schon vor längerer Zeit hat BROMAGE (1992b) nach einer Neurekonstruktion des Gesichtes von KNM-ER 1470 eine provokante Ähnlichkeit mit dem zu *Australopithecus aethiopicus* gestellten KNM-WT 17000 („Black Skull“) festgestellt. *A. aethiopicus* wird aufgrund seiner robusten Merkmale von der menschlichen Stammbaumlinie weit entfernt eingestuft. Damals hielt BROMAGE 1470 aufgrund einiger menschlicher Merkmale noch für *Homo* und bezeichnete das Gehirnvolumen als ungewöhnlich groß.

Die neuen Daten zu einer alten Kritik werden sicherlich nicht unwidersprochen bleiben und ob eine Revision der Position von 1470 in die Primärliteratur Eingang findet, bleibt zu bezweifeln. So präsentiert der bekannte Paläoanthropologe JOHANSON 2006 nach gut drei Jahrzehnten kritischer Anfragen immer noch die ursprüngliche Rekonstruktion mit dem flachen orthognaten Gesicht und schreibt: „Einige Fachleute wiesen auf untergeordnete Aspekte des Schädels und der Gesichtsförmigkeit hin, die den Fund mit *Australopithecus* in Verbindung bringen können, die Mehrzahl seiner Merkmale und das Gehirnvolumen von 775 ccm sprechen hingegen eindeutig für die Einordnung als *Homo*“ (JOHANSON & EDGAR 2006).

Prognose. Trotz der guten Faktenlage könnte selbst eine sorgfältig referierte Publikation von BROMAGE und Mitarbeitern, die im Laufe dieses Jahres erscheinen soll, möglicherweise nichts an dem Status ändern. Vielmehr bleibt zu befürchten, dass Hochschullehrbücher, und umso mehr Schulbücher, den Schädel weiterhin als einen wesentlichen Meilenstein in der Evolution des Menschen anführen statt als einen Vertreter der Australomorphen.

Denn dieser Schädel spielt in der Diskussion um Schöpfung und Evolution eine herausragende Rolle. KNM-ER 1470 wurde nämlich von einigen

werden, gestellt. Diese auffällige Interpretationsdiskrepanz innerhalb der Schöpfungsvertreter wurde von Evolutionsbefürwortern als beste Dokumentation ihrer eigenen Überzeugung angeführt, dass es sich hier um ein Übergangsfossil zwischen Großaffe-Mensch gewertet, die nicht überzeugender hätte ausfallen können („There could be no more convincing demonstration of its transitional status“, www.talkorigins.org/faqs/homs/a_habilis.html, Zugriff am 20. 10. 2000). Und Wallace JOHNSON, ein Vertreter der Schöpfungslehre, fragte 1982, ob mit KNM-ER 1470 nicht schließlich doch ein legitimes „missing link“ zwischen den Australopithecinen und *Homo erectus* gefunden worden sei (MEHLERT 1999).

Mit der nun ziemlich eindeutigen Zuordnung von 1470 zum Formenkreis der Australopithecinen wird die Grenzlinie zwischen den echten Menschen (*Homo erectus* und andere *Homo*-Formen) und den nicht-menschlichen Australomorphen klarer denn je.

Sigrid Hartwig-Scherer & Michael Brandt

Literatur

- BROMAGE TG (1992a) The ontogeny of *Pan troglodytes* craniofacial architectural relationships and implications for early hominids. *J. Hum. Evol.* 23, 235-251.
- BROMAGE T (1992b) Faces from the past. *New Scientist*, January, 38-41.
- BROMAGE TG (1993) Developmental criteria for an empirically based reconstruction of KNM-ER 1470. *Am. J. Phys. Anthropol. Suppl.* 16, 63.
- BROMAGE TG, KULLMER O, SCHRENK F, ROSENBERGER A, THACKERAY JF & HOGG R (2007) Craniofacial architectural constraints resolve major quandary of human evolution. Conference Poster 3001, Congress of International Association for Dental Research (IADR), 21-24.03. 2007, New Orleans.
- ENLOW DH (1966) A morphogenetic analysis of facial growth. *Am. J. Orthod.* 52, 283-299.
- JOHANSON D & EDGAR B (2006) *Lucy und ihre Kinder*. 2., aktualisierte und erweiterte Auflage, München.
- LEAKEY M, SPOOR F, BROWN FH, GATHOGO PN, KIRIE C, LEAKEY LN & McDOUGALL I (2001) New hominin genus from eastern Africa shows diverse middle Pliocene lineage. *Nature* 410, 433-440.
- LEAKEY REF (1973) Evidence for an advanced Plio-Pleistocene hominid from East Rudolf, Kenya. *Nature* 242, 447-450.
- MEHLERT AW (1999) The rise and fall of skull KNM-ER 1470. *CEN Technical Journal* 13, 96-100.
- THACKERAY JF & BD MONTEITH (1997) Relationships between cranial capacity and prognathism in Plio-Pleistocene hominids. *South African J. Sci.* 93, 289-291.
- WOOD B (1992) Origin and evolution of the genus *Homo*. *Nature* 355, 783-790.
- WOOD B & COLLARD M (1999) The human genus. *Science* 284, 65-71.

Dieser Schädel spielt in der Diskussion um Schöpfung und Evolution eine herausragende Rolle.

Schöpfungsverteirern zu *Homo*, von anderen dagegen zu den Australopithecinen, die in der Schöpfungslehre als spezialisierte Großaffen gedeutet

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 ENCODE-Project-Consortiums deutlich (ENCODE: ENCyclopedia Of DNA Elements). Darin legen Mitarbeiter aus 35 kooperierenden Arbeitsgruppen die bisher umfangreichsten Untersuchungen von ca. 30 Mb (Megabasen, Millionen Basen) des menschlichen Genoms 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 bisheriger 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 unverständener 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.

Abb. 1: Dem Menschen genetisch doch nicht so nahe: Der Schimpanse. (Zoo Basel; Foto: Richard Wisikin)



Doch nicht nur „indels“ vergrößern den Unterschied zwischen den beiden Genomen. Auch ganze Gene werden dupliziert oder eliminiert. Diese Vorgänge verursachen nach Berechnungen von HAHN und Mitarbeitern (2006) einen Unterschied von 6,4%. Nach Ansicht der Autoren spielten Genduplikationen (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: 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!

Harald Binder

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.

Proteine aus einem fossilen Oberschenkelknochen von *Tyrannosaurus rex*

Zusammenfassung: In Fossilien, denen ein hohes Alter (ca. 70 Millionen Jahre) 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), leg-

ten sie jetzt Untersuchungen zum Nachweis von Proteinfragmenten aus demselben Material vor (SCHWEITZER et al. 2007a, 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 mittelförnigem 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. (2007a) 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 wur-



Abb. 1: Tyrannosaurus rex (Tyrrell-Museum, Drumheller, Alberta / Kanada. Foto: Richard WISKIN)

den 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

Abb. 2: Oberschenkelknochen (Femur) von T. rex im Fundzustand (weißer Pfeil) vor der Bergung. Aus dem präparierten fossilen Knochen (MOR 1125) konnten Fragmente von Kollagen isoliert und nachgewiesen werden. (Foto: J. R. HORNER; Museum of the Rockies, Montana, USA; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



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. (2007a) 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. $C_7H_{18}N_2$, welche in Proben aus dem umgebenden Sediment fehlten. In den Proben aus den *T. rex*-Fossilien waren außerdem Eisen-(Fe)-haltige Ionen enthalten ($FeCH$, $FeCH_2$, $FeCH_3$). 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. (2007b) 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 fördernden 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. 2007a).

Befunde und bisherige Erfahrungen. SCHWEITZER und Mitarbeiter haben in ihrer jüngsten Publikation (SCHWEITZER et al. 2007a) 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

Ursprüngliche Gewebebestandteile von Organismen sollten durch Prozesse während der Fossilisierung innerhalb einer relativ kurzen Zeitspanne zerstört oder mindestens so stark verändert sein, dass sie nicht mehr analytisch nachweisbar sind.

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

Dieser Artikel wurde nach Veröffentlichung auf www.genesisnet.info von Martin NEUKAMM unter wissenschaftstheoretischen Gesichtspunkten kritisiert (www.evolution-biologen.de/genesis220507.html). Die Kritik berührt die Darstellung der empirischen Befunde nicht. Das Thema wird weiter bearbeitet und eine umfassendere Darstellung ist geplant.

genesis220507.html). Die Kritik berührt die Darstellung der empirischen Befunde nicht. Das Thema wird weiter bearbeitet und eine umfassendere Darstellung ist geplant.

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 dem 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*

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.

Beim gegenwärtigen Kenntnisstand 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 begründet in Frage gestellt werden.

Harald Binder

Literatur

Es besteht eine Diskrepanz zwischen etablierten Erfahrungen aus der Proteinchemie und der behaupteten extremen Stabilität von Proteinen.

weitere Studien. Osteocalcin ist in jüngerer Zeit wiederholt in fossilen Knochen unterschiedlichen Alters nachgewiesen worden, nicht zuletzt in 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)

- ASARA JM, SCHWEITZER MH, FREIMARK 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, KARAVAIĆI, POINAR H & COLLINS MJ (2005) Osteocalcin protein sequences of Neanderthals and modern primates. *Proc. Nat. Acad. Sci USA* 102, 4409-4413.
- SCHWEITZER MH, WITTMAYER 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 (2007a) Analyses of Soft Tissue from *Tyrannosaurus rex* Suggest the Presence of Protein: *Science* 316, 277-280.
- SCHWEITZER MH, WITTMAYER JL, HORNER JR (2007b) 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 & EVERSLED RP (2000) Alternative origin of aliphatic polymer in kerogen. *Geology* 28, 559-562.

Ist der Stammbaum des Lebens ausgestorben?

Zusammenfassung: Auf der Basis einer Evolutionsgeschichte des Lebens wurde erwartet, dass eine (stamm)baumartige Darstellung der Vielfalt der Lebewesen möglich ist („Tree of Life“). Mit zunehmender Datenfülle nehmen jedoch Merkmalswidersprüche in Baumdarstellungen zu. Die Ähnlichkeitsbeziehungen gleichen oft eher einem Netzwerk.

In Charles DARWINS berühmten Buch *Über den Ursprung der Arten* ist eine einzige Abbildung abgedruckt (Abb. 1). Es handelt sich um ein baumförmiges Verzweigungsmuster, welches für Abstammung, Artaufspaltung und zunehmendes Verschiedenwerden steht. Wenn diese drei Vorgänge bei der Entstehung der Lebewesen maßgeblich waren, ist zu erwarten, dass sich deren Vielfalt in einem Baumdiagramm darstellen lässt.¹ Bei einem Abstammungsbaum handelt es sich um ein sogenanntes eingeschachteltes hierarchisches System. Beispielsweise sind Hauskatzen Mitglied in der Gruppe der Katzenartigen, und diese wiederum Mitglied in der nächsten hierarchischen Stufe, der Raubtiere usw. Die Erwartung eines solchen eingeschachtelten hierarchischen Systems (Abb. 1 oben) wurde oft aus der Evolutionstheorie abgeleitet. Es wurde vielfach behauptet, dass die Realität dieser Erwartung auch entspreche, was folglich als ein Beleg für eine allgemeine Evolution der Lebewesen gewertet wurde.

DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) setzen sich kritisch mit dieser Sicht auseinander. Sie bestreiten, dass man die Lebewesen aufgrund unabhängiger Daten tatsächlich in ein eingeschachteltes hierarchisches System einordnen könne, es also eine „natürliche Ordnung“ der Lebewesen in einem „Tree of Life“ gäbe. Insbesondere (aber nicht nur) bei Einbeziehung von Bakterien werde diese Problematik

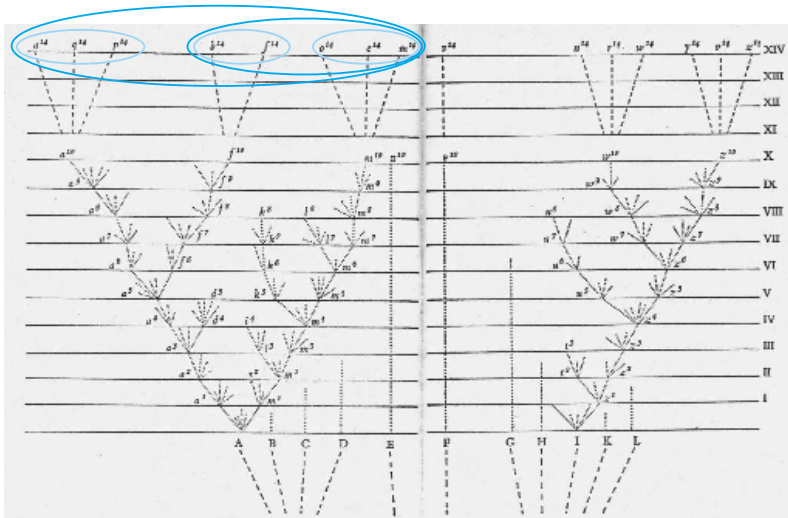
besonders deutlich. Im molekularen Bereich (d.h. auf der Ebene der Gene) kann im Prinzip die gesamte Organismenwelt einer vergleichenden Analyse unterzogen werden, da es Gene gibt, die bei allen Lebewesen vorkommen. Dazu schreiben die Autoren: „Die einzigen Datensätze, aus denen wir eine universale Hierarchie einschließlich der Prokaryoten (Bakterien) konstruieren könnten, nämlich die Gensequenzen, widersprechen sich oft und erweisen sich nur selten als übereinstimmend.“² Damit widersprechen sie der häufig vorgebrachten Behauptung, verschiedene Datensätze ergäben einigermaßen stimmige Ähnlichkeits- oder gar Abstammungsbeziehungen.

Die beiden Autoren wundern dies aber nicht. Denn nach ihrer Auffassung beruhe die Hypothese vom „Tree of Life“ auf der unbewiesenen Annahme eines zu erwartenden Ähnlichkeitsmusters. Diese unbewiesene Hypothese ist natürlich auch die Grundlage, auf der entsprechende Computerprogramme bzw. Algorithmen zur Erstellung von Stammbäumen programmiert werden. Daraus folgt, dass bei der Auswertung die Datensätze zwar immer in eine Baumstruktur überführt werden, doch das spiegle nur ihre Programmierung wider.³

Zusammenhang zwischen dem Ähnlichkeitsmuster und Evolutionsmechanismen. Die Erwartung, dass sich die Merkmalsbeziehungen der Arten baumförmig darstellen ließen, sei Folge der Annahme, Gene würden nur vertikal in der Generationenfolge, also von Eltern auf die Nachkommen, weitergegeben und dabei durch Mutationen verändert werden („descent with modification“). Sollte es jedoch auch häufigen horizontalen (= lateralen) Gentransfer geben (das heißt von einem Lebewesen zum anderen, ohne dass diese miteinander verwandt sind), würde daraus ein Netzwerk von Ähnlichkeitsbeziehungen folgen. Das heißt: Verschiedene Evolutionsmechanismen lassen auch verschiedene Evolutionsmuster bzw. unterschiedliche Arten von Ähnlichkeitsbeziehungen (Baum, Busch, Netzwerk usw.) erwarten. Daher plädieren DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) dafür, aus den mittlerweile anerkannten verschiedenen Evolutionsmechanismen auch verschiedene mögliche Ähnlichkeitsbeziehungen abzuleiten. Die Erwartung eines einzigen Stammbaums des Lebens – überhaupt der eines Baumes – sei aufgrund der heute bekannten Daten nicht mehr realistisch. DOOLITTLE (1999; 2000) hatte sich schon früher in diesem Sinne geäußert.

Ein großes Problemfeld für die Erstellung von Stammbäumen liegt in dem häufigen Auftreten von Konvergenzen. Das heißt, zwei nicht miteinander verwandte Lebewesen kamen im Laufe der hypo-

Abb. 1: Abstammung, Verzweigung, Verschiedenwerden: Darwins Baumdiagramm aus dem „Ursprung der Arten“.



thetischen Evolutionsgeschichte zu genau derselben Lösung – aber auf verschiedenen evolutiven Wegen. Beispielsweise besitzen Ameisenbär, Schuppentier und Erdferkel lange, klebrige Zungen, dazu langgestreckte, schmale Kiefer und Kaumägen („Leimruten“-Bauplan). Trotz dieser tiefgreifenden Ähnlichkeiten sind sie nicht näher miteinander abstammungsverwandt. Denn in anderen Merkmalen unterscheiden sich diese Säuger so sehr, dass sie zu verschiedenen Ordnungen gestellt werden (vgl. Abb. 2)

Die nun oben von DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) gemachte Schlussfolgerung, dass es verschiedene Ähnlichkeitsbeziehungen und nicht nur einen Baum gäbe, liegt angesichts des häufigen Auftretens von Konvergenzen bei höheren Organismen nahe. Simon CONWAY MORRIS (2003) plädiert demzufolge auch für Mechanismen, die ein häufiges Auftreten von Konvergenzen begünstigen (vgl. Abb. 3 und dortige Legende). Das bisherige (Verzweigungs-)System der Ähnlichkeitsbeziehungen, welches zu Stammbäumen führen soll, baut aber auf der Annahme auf, dass Konvergenzen eigentlich unwahrscheinlich sind. Die Konvergenz des Leimruten-Bauplans wird daran erkannt, dass er den einzigen Merkmalskomplex darstellt, welcher die betreffenden Tiere eint. Viel häufiger sind in diesem Beispiel wie auch sonst in vielen Fällen Homologien, also Ähnlichkeiten, die aufgrund ihrer Verteilung im System der Lebewesen auf gemeinsame Vorfahren zurückgeführt werden können.

Treten Konvergenzen jedoch ähnlich häufig auf wie Homologien – was immer öfter beobachtet wird – böten die Merkmale keine objektiven Anhaltspunkte für eine baumförmige Darstellung mehr, denn es wäre gemeinsamen Merkmalen nicht „anzusehen“, ob sie auf gemeinsame Abstammung zurückzuführen (homolog) oder ob sie unabhängig entstanden (konvergent) sind. Dass es kein objektives Kriterium zur Unterscheidung von Homologie und Konvergenz gibt, wurde von Biologen schon häufig festgestellt (Belege in JUNKER 2002). Entsprechend stellte SHUBIN bereits 1998 die Frage, wie man angesichts von zahlreichen Konvergenzen selbst von Schlüsselmerkmalen die Stammesgeschichte überhaupt rekonstruieren könnte. Der Merkmalsvergleich erweist sich dabei jedenfalls als unsicherer Führer. Diese Situation hat sich dabei in den letzten Jahren durch die Analyse von genetischen Datensätzen eher noch verschärft (RICHTER & SUDHAUS 2004).

Festzustellen ist, dass sowohl ein häufiger horizontaler Gentransfer als auch ein häufiges Auftreten von Konvergenzen eine baumförmige Darstellung der Beziehung der Arten (oder der höheren Taxa) durchkreuzen⁴. Kann man vor diesem Hintergrund überhaupt noch eine konkrete Erwartung an das Ähnlichkeitsmuster formulieren, die unabhängig prüfbar wäre? Wir kommen auf diese Frage am Schluss dieses Artikels zurück.

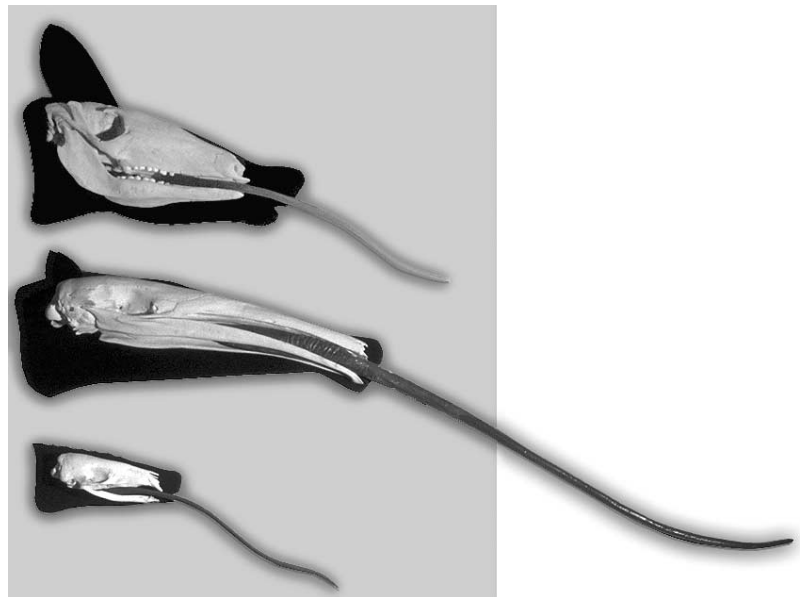


Abb. 2: Fünfmal unabhängig müsste nach evolutionstheoretischer Deutung eine sog. „Leimrute“ entstanden sein, nämlich beim Ameisenbär, Schuppentier, Erdferkel, Specht und Chamäleon (die ersten drei Arten sind abgebildet). Es handelt sich um eine verlängerte klebrige Zunge, mit der kleine Insekten (vornehmlich Ameisen oder Termiten) aufgenommen werden. Zum „Leimruten-Bauplan“ gehören außerdem in den meisten Fällen u. a. ein entsprechend schmaler Bau des Unterkiefers, Reduktion oder Fehlen von Zähnen, eine verengte Mundöffnung, gut ausgebildete Speicheldrüsen, Vorrichtungen für das Einstülpen der Zunge und ein Kaumagen. Das eingeschachtelte System der Arten ist dadurch schwer gestört. (Aus JUNKER & SCHERER 2006; Westfälisches Museum für Naturkunde Münster)

Homologien doch kein Indiz für Abstammung?

DOOLITTLE & BAPTESTE (2007) stellen vor diesem Hintergrund auch den „Homologiebeweis“ der Evolution in Frage. Homologien als unabhängige Belege für eine natürliche Hierarchie seien problematisch, weil „echte“ Homologien nicht von „falschen“ (wie z. B. von Konvergenzen, allgemeiner Homoplasien genannt) unterschieden werden könnten, ohne dass man bereits im Vorhinein eine Annahme über die Hierarchie treffen müsse: „Homologien werden häufiger aus Bäumen er-

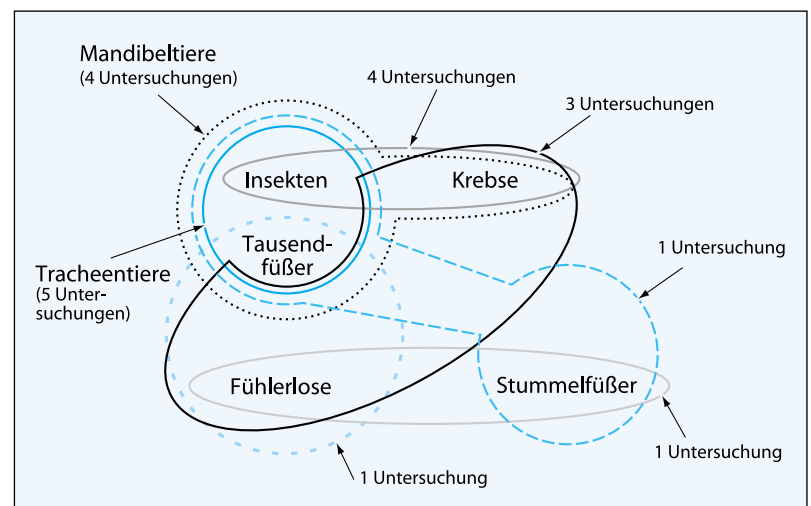


Abb. 3: Ähnlichkeitsbeziehungen unter Lebewesen als Netzwerk: Verwandtschaftsverhältnisse der Arthropoden (Gliederfüßer). Je nach zugrundegelegten Merkmalen ergeben sich unterschiedliche, sich widersprechende Gruppierungen. Ein einigermaßen stimmiges eingeschachteltes System kann nicht entwickelt werden. Die entsprechenden Untersuchungen stammen alle aus den 1990er Jahren. (Nach WÄGELE 2001, 102).

Glossar

Homologie: Gleichwertigkeit von Strukturen oder Organen im Bau und in der Lage im Gesamtorganismus, unabhängig von deren Funktion. Häufig im stammesgeschichtlichen Sinne als Gleichartigkeit von Merkmalen aufgrund gemeinsamer Abstammung interpretiert.

Homoplasie: Unabhängig erworbene ähnliche Merkmale, wobei die Ähnlichkeit durch Konvergenz (s.u.),

Parallelismus oder Reversion (Rückentwicklung) erworben worden sein kann.

Konvergenz: Mehrfach unabhängig (von verschiedenen Ausgangsstrukturen) entstandenes baugleiches Merkmal (eine Form der Homoplasie).

Prokaryot: Einzellige Lebewesen ohne Zellkern, umfasst die eigentlichen Bakterien und die Archaea.

geschlossen, als Bäume aus Homologien. Auf diese Weise, verschmilzt das Erklärende mit dem zu Erklärenden und keines von beiden wird getestet.“⁵

Mehr Klarheit durch molekulare und genetische Daten? Oben wurde bereits angesprochen: Auch molekulare Ähnlichkeiten haben sich nicht als Lösung herausgestellt, bei Merkmalswidersprüchen zu mehr Klarheit über die realen Abstammungsverhältnisse zu gelangen, da verschiedene molekulare Daten sich widersprechende Verwandtschaftsverhältnisse nahelegen. Darüber hinaus äußern DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2045) aber

Auch die molekularen Daten liefern keinen unabhängigen Beweis für Abstammungszusammenhänge.

auch eine methodische Kritik: Aufgrund des Zusammenhangs von Genotyp (Ebene des Erbguts) und Phänotyp (äußeres Erscheinungsbild) hingen molekulare und gestaltliche Ähnlichkeiten miteinander zusammen. Wenn sie zusammenpassen, ist das folglich nicht weiter überraschend; einen unabhängigen Beweis würden die molekularen Daten daher nicht liefern.⁶ Auch hier soll ein Beispiel das illustrieren. Die Gensequenzen zwischen Menschen und Schimpansen sind sich einander sehr ähnlich, was oft als „Beweis“ für eine Abstammung beider Arten von einem Vorfahren verwendet wird. Doch warum sollten sich die Gensequenzen beider Arten nicht gleichen? Sie ähneln sich äußerlich (phänotypisch), dies spiegelt sich offenbar in den Genen (genotypisch) wider. Es ist nur ein Beweis dafür, dass ähnliche Strukturen auch ähnliche Baupläne erfordern. Ob diese Ähnlichkeit auf Evolution zurückzuführen ist oder nicht, bleibt aber nach wie vor offen.

Die Frage nach den Mechanismen. Die Merkmalsverteilungen zwischen den Arten (und höheren Taxa) erzwingen – evolutionstheoretisch gesehen – das Postulat von häufigem horizontalem Gentransfer und bei Vielzellern das häufige Auftreten

von Konvergenzen. Damit stellt sich die Frage nach den Mechanismen für diese Prozesse und nach entsprechenden Selektionsdrücken, die dazu geführt haben. Auf diese eigene Problematik soll hier nicht weiter eingegangen werden, sie wird in Bezug auf das Merkmalsmosaik bei den Mikroorganismen im Lehrbuch von JUNKER & SCHERER (2006, 311-313) erläutert.

Wissenschaftstheoretische Aspekte. Unabhängiger Test für Evolution? DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2046) schließen aus den Befunden, dass die Erwartung eines „Tree of Life“ evolutionstheoretisch nicht gerechtfertigt sei. Bei vielen Tiergruppen sei die Baumdarstellung zwar gut begründet und keineswegs widerlegt (S. 2048), bei anderen Gruppen von Lebewesen aber sei ein Netzwerk eine angemessenere Art der Darstellung der Ähnlichkeitsbeziehungen. Damit aber stellt sich die Frage, ob überhaupt konkrete Erwartungen an das Merkmalsmuster der Arten aus der Evolutionstheorie abgeleitet werden können. Wenn aus der Mechanismenvielfalt eine Mustervielfalt folge, wofür DOOLITTLE & BAPTESTE plädieren, dann kann es keine prüfbare, logische Ableitung zu erwartender Abstammungsmuster geben.

Im Hinblick auf die Deutung des Ähnlichkeitsmusters im Rahmen von Schöpfungsvorstellungen äußerte MAHNER (2002) folgende Kritik: „Gewiss würde auch eine Schöpfungstheorie die abgestufte Ähnlichkeit der Arten, wie sie sich in der biologischen Systematik darstellt, erklären: Gott hat eben ähnliche Arten geschaffen. Und, so fragen die Kreationisten, ist diese Ähnlichkeit nicht gerade Beweis für die Handschrift desselben Baumeisters? Leider nein, denn eine auf Schöpfung basierende Theorie könnte auch den genau gegenteiligen Fall erklären, nämlich den, dass es keinerlei Ähnlichkeit zwischen den Arten gäbe: Gott hätte dann eben unähnliche Arten geschaffen.“ Ob keinerlei Ähnlichkeit eine Option im Rahmen einer Schöpfungsauffassung sei, kann bestritten werden (s. dazu JUNKER 2003), doch ist dies hier nicht das Thema. Hier kommt es vielmehr auf die Feststellung an, dass offenbar auch im Rahmen von Evolutionsauffassungen keine eindeutige *Vorhersage* eines bestimmten zu erwartenden Merkmalsmusters (z.B. dem eines Baumes) gemacht werden kann. Es sind nur Interpretationen *im Nachhinein* möglich. DOOLITTLE & BAPTESTE (2007, 2044) scheinen daher sogar bereit zu sein, diese Testmöglichkeit für Evolution fallenzulassen, da ihrer Meinung nach viele andere Daten für Evolution sprechen würden, die das Gebäude der Evolution auch ohne die teilweise zirkuläre Argumentation mit Baumdiagrammen genügend stützen würden.⁷

Reinhard Junker

Originalzitate

- ¹ „Darwin claimed that a unique inclusively hierarchical pattern of relationships between all organisms based on their similarities and differences [the Tree of Life (TOL)] was a fact of nature, for which evolution, and in particular a branching process of descent with modification, was the explanation“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ² „The only data sets from which we might construct a universal hierarchy including prokaryotes, the sequences of genes, often disagree and can seldom be proven to agree“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
- ³ „Hierarchical structure can always be imposed on or extracted from such data sets by algorithms designed to do so, but at its base the universal TOL rests on an unproven assumption [...]“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2043).
„Arguably, our systematic practices today (especially in microbiology) might look quite different had Darwin (or someone else) not formulated a branching theory of evolution“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁴ „[...] molecular data sets substantially disagree at many levels of analysis, particularly because of LGT“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2046).
- ⁵ „[H]omologies are more often deduced from trees than trees are from homologies. Thus, *explanans* melds with *explanandum*, and neither is tested“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).
- ⁶ „If genotype causes phenotype, then it should not be surprising that trees derived from the former resemble trees based on the later. ... it might be going too far to claim that an independent ‘proof of the reality of macroevolution’ could be obtained by the usual sorts of sequence-based phylogenetic analyses“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2045).

- ⁷ „But we now have ample other evidence supporting the reality of evolution. We could thus dispense with the tree (and such semicircular reasoning), should this particular historical premise about branching fall short, without weakening the solid edifice of evolutionary biology“ (DOOLITTLE & BAPTESTE 2007, 2044).

Literatur

- CONWAY MORRIS S (2003) Life's solution. Inevitable Humans in a Lonely Universe. Cambridge.
- DOOLITTLE WF (1999) Phylogenetic classification and the universal tree. *Science* 284, 2124-2128.
- DOOLITTLE WF (2000) Stammbaum des Lebens. *Spektr. Wiss.* 4/2000, 52-57.
- DOOLITTLE WF & BAPTESTE E (2007) Pattern pluralism and the Tree of Life hypothesis. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 104, 2043-2049.
- JUNKER R (2002) Ähnlichkeiten, Rudimente, Atavismen. Holzgerlingen.
- JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. Ist die evolutionäre Systematik zirkelschlüssig? *Stud. Int. J.* 10, 3-11.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 6. Aufl.
- MAHNER M (2002) Kreationismus. In: SAUERMOST R & FREUDIG D (Red.) *Lexikon der Biologie*, Bd. 8. Heidelberg, S. 202-203.
- RICHTER S & SUDHAUS W (Hg. 2004) Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa. Sitzungsbericht der Gesellschaft Naturforschender Freunde zu Berlin. *N. F.* 43, 1-221.
- SHUBIN NH (1998) Evolutionary cut and paste. *Nature* 394, 12-13.
- WÄGELE JW (2001) Grundlagen der Phylogenetischen Systematik. München (2. Aufl.).

Programmierte Mikroevolution bei Inselfinken?

Zusammenfassung: Einige Finkenvögel wurden von Südamerika auf zwei benachbarte Atlantikinseln verdriftet. Auf beiden Inseln gibt es ähnliche Lebensbedingungen und dementsprechend entwickelten sich auf beiden Inseln ähnliche Unterarten der ursprünglichen Finken. Es handelt sich um ein klassisches Beispiel eines Vorganges, der als Mikroevolution im Kurzzeitrahmen gedeutet werden kann.

Finken standen Pate bei DARWINS Evolutionstheorie und sind auch heute immer wieder für evolutionäre Überraschungen gut, wie RYAN et al. (2007) über Vögel des britischen Tristan da Cunha-Archipels berichten.

Dieses Archipel liegt im Südatlantik – es wird von St. Helena aus verwaltet, wo Napoleon bis zu seinem Tode interniert war, und besteht u.a. aus den unbewohnten Inseln „Inaccessible Island“ und

„Nightingale Island“ (Abb. 1A). Dort sind, neben vier weiteren Vogelarten, die Wilkins-Ammer (*Nesospiza wilkinsi*) und die Acunha-Ammer (*N. acunhae*) endemisch, d. h. diese Arten kommen nur dort vor. Diese beiden Arten gehören, wie auch die Darwinfinken zur Ordnung Passeriformes, Sperlingsvögel. Gleichermäßen wie die Darwinfinken von Galápagos stammen sie von südamerikanischen Ahnen ab, die von den vorherrschenden Westwinden über 3000 km weit über den Ozean verdriftet wurden. Die Acunha-Ammer ist ein sehr häufig vorkommender Nahrungsgeneralist mit kleinem Schnabel, während die Wilkins-Ammer in geringer Anzahl vorkommt und mit ihrem großem Schnabel auf die harten verholzten Früchte der Baumart *Phylica arborea* spezialisiert ist.

Beide Ammer-Arten kommen auf beiden Inseln mit jeweils getrennten Unterarten vor: Auf der Nightingale Island die Wilkins-Ammer mit der



Die Wilkins-Ammer auf einer Briefmarke

Unterart Wilkins und die Acunha-Ammer mit der Unterart Questi, die sich in ihrer Größe deutlich unterscheiden (Abb. 2). Auf Inaccessible Island leben die Wilkins-Ammer mit der Unterart Dunnei und die Acunha-Ammer mit der Unterart Acunha.

Nightingale Island ist eine relativ flache (<300m) Insel und die kleinere der beiden mit 2,6 km², deren vorherrschender Bewuchs aus dem Schlickgras *Spartina arundinacea* und vereinzelt *Phylica arborea*-Bäumen besteht. Inaccessible Island ist mit 10 km² größer und besitzt ein ausge dehntes Plateau von 300 bis 600m über dem Meeresspiegel. Das küstennahe Flachland wird ebenfalls von *Spartina arundinacea* und vereinzelt *Phylica arborea*-Bäumen besiedelt, es gibt aber noch zwei weitere Landschaftsformen: Das geschütztere östliche Plateau hat Waldland aus *Phylica arborea*, während auf dem angrenzenden höheren westlichen Plateau keine *Phylica*-Bäume wachsen, sondern der Baumfarn *Blechnum palmiforme* beherrschend ist. Diese größere Zahl von

Lebensräumen spiegelt sich auch in einer größeren Vielfalt von Unterarten bei den Finken wieder, aber die Größenunterschiede sind aufgrund von Hybridisierungen auf dem östlichen Plateau geringer (Abb. 1A).

Die Schnabelgröße bei Finken ist stark genetisch bedingt und direkt korreliert mit der maximal möglichen zerbeißenden Kraft und damit der Größe der Samen, die die Vögel verwerten können.

Das Grasland mit einzelnen Bäumen hat eine zweigipflige Verteilung der Samengröße, d.h. es gibt entweder kleine (Gras) oder große (*Phylica*) Samen, aber keine mit mittlerer Größe. Dies begünstigt die Entstehung von neuen Arten, die sich jeweils auf eine Samengröße spezialisieren. Eine solche vollständige Artbildung konnte auf Nightingale Island nachgewiesen werden: jede der beiden Arten *Nesospiza wilkinsi questi* und *Nesospiza wilkinsi wilkinsi* hat einen eigenen Gesang, verteidigt ihre Reviere nur gegen Artgenossen und es gibt keine Hinweise auf Hybridisierung. Im Küstenland von Inaccessible Island ist die Lage ähnlich: Von *Nesospiza wilkinsi dunnei* und *Nesospiza acunhae acunhae* wurde nur ein artlich gemischt verpaartes Vogelpaar beobachtet (<0,1 % aller Paare) sowie einige Mischlinge von *N. w. dunnei* und *N. a. acunhae*. Auf dem westlichen Plateau gibt es, wie erwähnt, keine *Phylica*-Bäume mit großen Samen und folglich wenige großschnabelige Vögel. Schlickgras dominiert mit kleinen Samen als *Spartina*-Schlickgras, so dass die Entwicklung eines kleinschnabeligeren Vogels begünstigt wird (sogenannten „Lowland“ Acunha-Ammern) gegenüber den größeren „Upland“ Acunha-Ammern. Im östlichen Plateau dominieren großschnabelige Vögel besonders dort, wo es viele *Phylica*-Bäume gibt. Hier wurden nur Vögel mit Schnabellängen über 10,4 mm bei der Verwertung der *Phylica*-Früchte beobachtet. In den anderen Bereichen der Inseln treten Mischlinge auf, die kleinere Samen und Insekten verwerten.

Die im Vergleich kleinere Schnabelgröße der Wilkins-Ammer, Unterart Dunnei auf Inaccessible Island mit der Wilkins-Ammer, Unterart Wilkins auf Nightingale Island könnte entweder eine Anpassung auf die dort durchschnittlich kleineren Früchte oder Folge der unvollständigen Arttrennung durch weiter stattfindende innerartliche Hybridisierung sein.

Zwei denkbare Entstehungswege. Theoretisch könnte die auf den beiden Inseln vorhandene Artensituation auf zwei Weisen entstanden sein (Abb. 1B und 1C): Die beiden Finkenarten entstanden jeweils anderswo an geographisch getrennten Orten (allopatrisch) und wurden dann auf die Inseln verdriftet, wo sie seitdem zusammen im selben Lebensraum, d.h. sympatrisch vorkommen. Oder sie könnten sympatrisch auf den Inseln selbst aus den erstmals dorthin verschlagenen Fin-

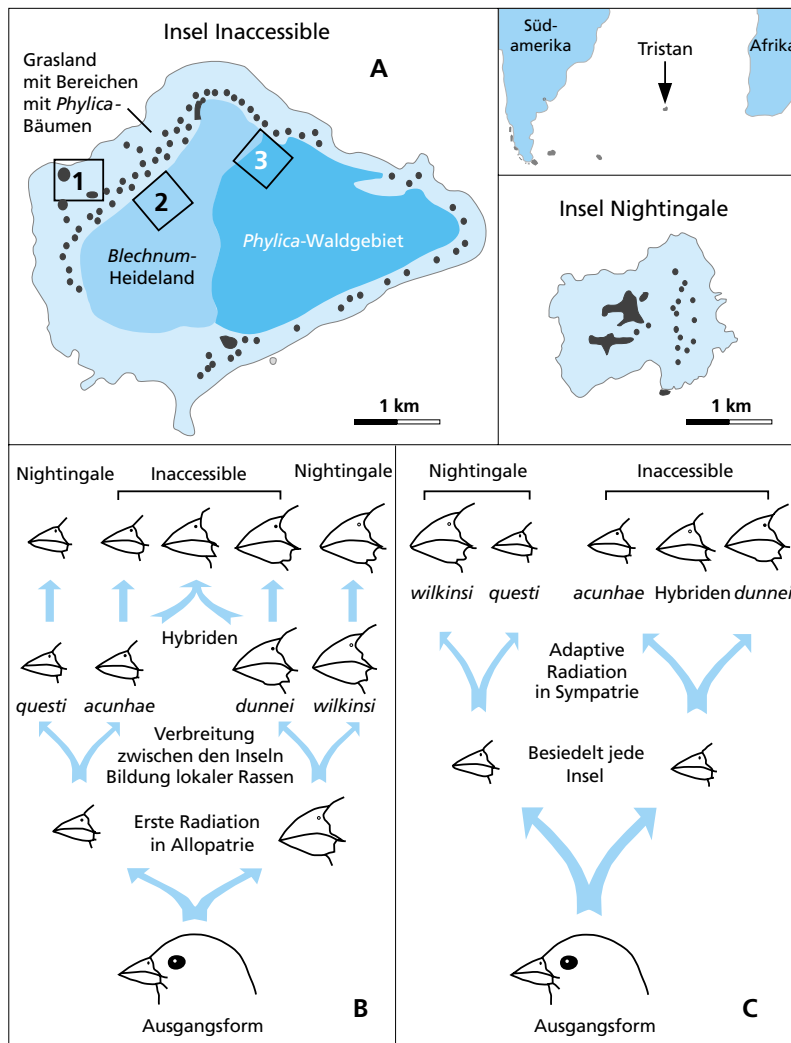


Abb. 1: **A** Die zum Tristan da Cunha Archipel gehörenden Inseln Inaccessible Island und Nightingale Island. **B** und **C**: die beiden prinzipiell möglichen Ursprünge der auf den Inseln endemischen Ammer-Arten: **B** Ausgehend von einer gemeinsamen Stammform erfolgte die Arttaufspaltung außerhalb der Inseln in zwei getrennten Habitaten mit anschließender Verdriftung der neuen Arten auf die Inseln. **C** Ausgehend von einer auf die Inseln verdrifteten Stammform erfolgte die Arttaufspaltung parallel auf beiden Inseln.

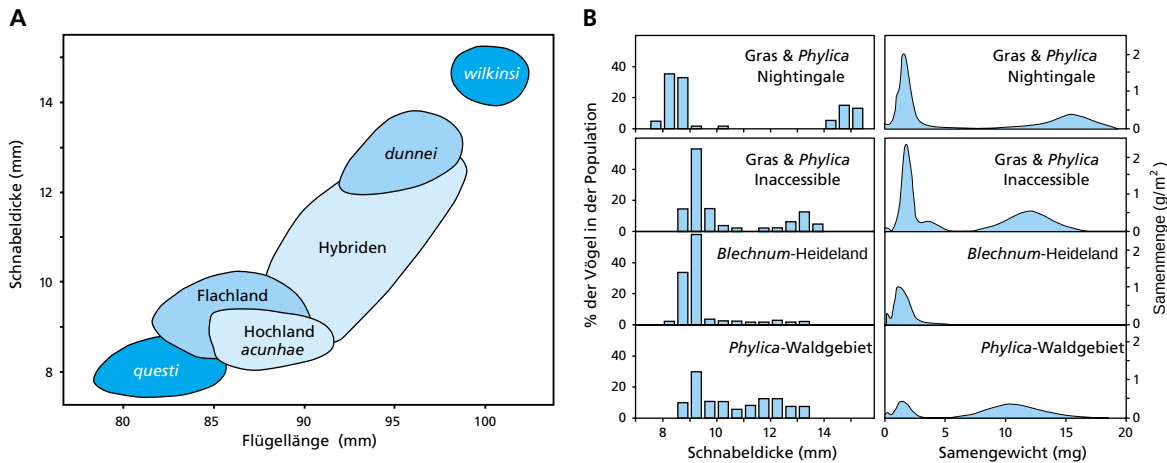


Abb. 2: **A** Körpergröße und Schnabellänge der verschiedenen Ammerarten: *N. acunhae*, *questi* und *N. wilkinsi* leben auf Nightingale Island, die übrigen Arten auf Inaccessible Island.

B Die Verteilung der Schnabelgröße (links) entspricht gut der Häufigkeit verschiedener Samengrößen (rechts). Die Inseln sind mit 212 beobachteten Pflanzenarten artenarm, so dass einzelne Futterpflanzen eine große Bedeutung erlangen können.

kenvögeln entstanden sein.

RYAN und Mitarbeiter (2007) geben als die nächsten Verwandten der beiden Inselammern die Gattung *Sicalis* auf dem südamerikanischen Festland an und bieten folgende Argumente für eine sympatrische Entstehung der Arten bzw. Unterarten:

- Die DNA-Sequenz des mitochondrialen Gens für Cytochrom B von 386 Individuen unterscheidet sich: Auf jeder der beiden Inseln bestehen zwei (fast) vollständig getrennte Linien. Nur ein Vogel von Nightingale Island besaß ein gemeinsames Allel mit Vögeln von Inaccessible Island. Dieser Vogel war größer als seine Artgenossen auf Nightingale Island, was nahelegt, dass er von Inaccessible Island verdriftet wurde. Dies war der einzige Fall einer feststellbaren möglichen Verdriftung zwischen den Inseln bei allen 925 untersuchten Vögeln.

- Ein weiteres Argument betrifft Mikrosatelliten. Das sind Bereiche in der DNA, die nicht für ein Protein kodieren, sondern einfach in der z.T. hundertfachen Aneinanderreihung derselben Buchstabenabfolge bestehen. Die Anzahl der Wiederholungen unterscheidet sich zwischen Individuen verschiedener Gruppen. Bei 372 Vögeln wurden 7 verschiedene Mikrosatelliten untersucht. Die ermittelten Sequenz-Vergleiche von Mikrosatelliten-DNA sprechen für eine sympatrische Entstehung der Arten auf den Inseln.

Sympatrische Artbildung erfordert ein selektives Verpaaren der zunächst im gleichen Gebiet vorkommenden Individuen; die Vögel dürfen sich also nicht wahllos paaren. Wenn sich beispielsweise kleine Vögel bevorzugt mit anderen kleinen Vögeln verpaaren, und große mit großen, können sie sich dadurch in Unterarten auftrennen. Dies wird hier durch drei Faktoren gewährleistet: Jungvögel siedeln nahe ihrer Geburtsregion (niedrige Durchmischung), die Gefiederfärbung wird von der Nahrung bestimmt, die in den verschiedenen Habitaten variiert, und unterschiedliche Gesangsarten sind mit der Körpergröße korreliert: kleine Vögel haben schnellere, höherfrequente Gesänge. Da Gefiederfärbung und Gesangsstruktur die Partnerauswahl wesentlich bestimmen, kann es hier zu einer Aufspaltung kommen.¹

Damit sind auf zwei benachbarten Inseln mit vergleichbaren Lebensräumen parallel aus denselben Vorfahren jeweils zwei neue, sehr ähnliche Biospezies entstanden. Offenbar wurde hier „vorprogrammiertes“ genetisches Potential abgerufen – ein schönes Beispiel für Design im Sinne von auf „Zukunft“ hin angelegter Variabilität. Es ist bereits bekannt, dass bei den Darwinfinken nur ein einzelner „Gen-Schalter“ die Schnabelgröße maßgeblich bestimmt: Je nachdem wo und wann das sogenannte Bmp4-Protein während der Embryonalentwicklung eingeschaltet wird, entstehen verschiedene Formen von Schnäbeln (lang und breit versus kurz und dick) und dieser Mechanismus ist auch für die Schnabelvariation bei 6 verschiedenen Darwinfinkenarten verantwortlich (JUNKER 2006, WU et al 2004, ABZHANOV et al 2004).

Zeitlicher Rahmen. RYAN et al. datieren anhand eines Sequenzunterschiedes von 0,7% zwischen den Inaccessible- und Nightingale-Ammer-Arten im Cytochrom B-Gen deren letzten gemeinsamen Vorfahren auf 300 000 bis 400 000 Jahre vor heute. (Man geht bei Vögeln von einer genomischen Mutationsrate von 2% pro eine Million Jahre aus). Aber zum einen braucht es keine hunderttausende Jahre, um die Expression eines einzigen Gens zu ändern. Vielmehr gibt es genügend Beispiele für viel raschere Mikroevolution in verschiedensten Tiergruppen (z.B. LINDEMANN 2001) und sogar bei Finken (LINDEMANN 2002). Bei den schon genannten Darwinfinken genügte die Mutation eines einzigen Gens. Weiterhin geben RYAN et al. im online-support unter Berufung auf die Fachliteratur eine sehr niedrige Wanderungsrate von etwa 10^{-6} Migranten pro Jahr an – also ein Tier pro eine Million Jahre. Aber sie diskutieren nicht, warum sie offenbar gerade den einen Vogel gefunden haben, der pro eine Million Jahre von Insel zu Insel wandert. Die Befunde von RYAN lassen sich alternativ auch in einem kurzzeitigen Szenario deuten, denn schnelle Artbildungen sind in der Literatur zur Genüge berichtet worden.

Anmerkung

- ¹ Die 14 Darwinfinkenarten auf den Galapagosinseln stammen nach molekularen Stammbäumen, basierend auf dem Cytochrom b sowie aus der „control region“ der Mitochondrien auch von einer einzigen Ausgangsart ab (SATO et al. 1999).

Literatur

- ABZHANOV A, PROTAS M, GRANT BR, GRANT PR & TABIN CJ (2004) Bmp4 and morphological variations of beaks in Darwin's finches. *Science* 305, 1462-1465.
JUNKER R (2006) Schnabelvariation bei Darwinfinken: Nur

- ein Schalter. *Stud. Int. J.* 13, 50-51.
LINDEMANN W (2001) Schnelle Artbildung ohne geographische Trennung bei Fruchtfliegen und Lachsen. *Stud. Int. J.* 8, 31-32.
LINDEMANN W (2002) Rasche Mikroevolution bei Finken. *Stud. Int. J.* 9, 53.
RYAN PG, BLOOMER P, MOLONEY CL, GRANT TJ & DELPORT W (2007) Ecological speciation in South Atlantic island finches. *Science* 315, 1420-1422 (9. März 2007) mit online-support www.sciencemag.org/cgi/content/full/315/5817/1420
SATO A, O'HUIGIN C, FIGUERA F, GRANT PR, GRANT BR, TICHY H & KLEIN J (1999) Phylogeny of Darwin's finches as revealed by mtDNA sequences. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96, 5101-5106.
WU P, JIANG TX, SUKSAWEANG S, WIDELITZ RB & CHUONG CM (2004) Molecular shaping of the beak. *Science* 305, 1465-1468.

Großer Meersaurierfriedhof – Zeugnis für Massensterben

Vergiftung als Ursache der ausgedehnten Umweltkatastrophe?

Zusammenfassung: Im Verlauf einer mehrjährigen Grabungskampagne stellte sich heraus, dass die als Meersaurierfriedhof bezeichnete starke Anreicherung vor allem von Fischesaurierskeletten und -knochen in einer Schicht im Oberen Unterjura bei Eislingen an der Fils (Württemberg) eine Fläche von mindestens 20 Quadratkilometern umfasst. Die Entstehung dieser Fossilagerstätte im Oberen Unterjura wird auf eine große Umweltkatastrophe zurückgeführt: Der Zerfall von Methanhydraten in tiefmeereschen Sedimenten des einstigen südostfranzösischen Dauphiné-Beckens habe bis ins süddeutsche Flachmeer zu einer großräumigen Vergiftung der Lebewelt geführt. Diese Ursache ist jedoch zweifelhaft. Denn Methanhydrate sind nur bei niedrigen Temperaturen und/oder hohen Drücken stabil. Gegen den dafür notwendigen Kaltwasserzufluss ins Dauphiné-Becken sprechen aber sowohl Daten, die auf eisfreie Pole zur Zeit des Unteren Jura hindeuten, als auch der weitgehende Flachmeercharakter im damaligen europäischen Raum, der (kalte) Tiefenströmungen verhinderte. Die Befunde, die auf eine rasche Entstehung der Fossilagerstätte hinweisen, bleiben von der Methanhydrat-Hypothese jedoch unberührt.

Mindestens 20 Quadratkilometer große knochenreiche Schicht – nach und nach entdeckt. Beim Bau der neuen B10-Trasse wurden im Jahr 2002 im Oberen Unterjura bei Eislingen reichlich Knochen von Fischesauriern (Ichthyosaurier), aber auch von anderen Meersauriern entdeckt (HAVLIK et al. 2003, 203-204). Die anschließende Grabungskampagne führten Forscher der Kreisarchäologie Göppingen und des Instituts für Geowissenschaften der Universität Tübingen durch. Sie erbrachte

eine große Menge an Wirbeltierfunden, insbesondere viele Fischesaurierknochen (Überblick über die gefundenen Lebewesengruppen bei RADEMACHER 2006, 53-82). Nach dem gegenwärtigen Stand der Forschung wird angenommen, dass der Meersaurierfriedhof durch eine Umweltkatastrophe im Jura-Meer entstanden ist (vgl. BINDER & STEPHAN 2005, 81-82); das wird im letzten Abschnitt diskutiert.

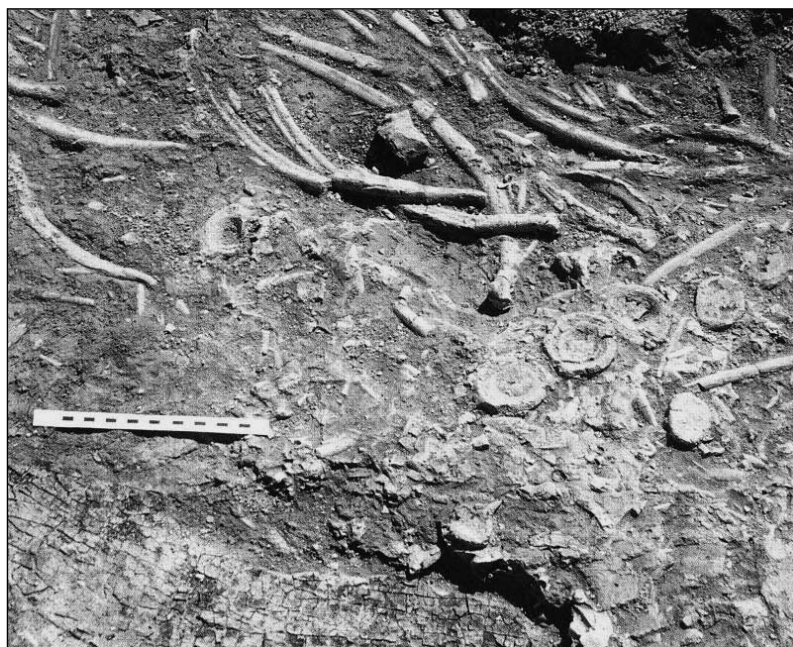
Sehr bedeutsam ist, dass die Schicht mit dem Meersaurierfriedhof nicht nur an mehreren Fundstellen an der B 10-Trasse (Fundstellen Eislingen I-VI), sondern – wie im Verlauf der mehrjährigen Grabungen entdeckt wurde – auch etwa 6 km weiter nordnordwestlich (Fundstellen Bartenbach II/IV) und sogar noch ca. 2 km weiter nordwestlich bei Birenbach vorkommt (Fundstellen Bartenbach I/III; Abb. 2). Deshalb nimmt man inzwischen an, dass der Meersaurierfriedhof über „eine Fläche von mindestens 20 km²“ ausgedehnt ist! (HAVLIK et al. 2006, 11-12; RADEMACHER 2006, 39-48). Die Grabungen, die vorläufig abgeschlossen sind, haben über 2000 Knochen zutage gefördert (RADEMACHER 2006, 84; HAVLIK et al. 2006, 13). Dieser Beitrag konzentriert sich im Wesentlichen auf die Befunde, die zum Verständnis der Entstehung des Fischesaurierfriedhofs notwendig sind.

Saurier-Friedhof liegt im „Belemniten-Schlachtfeld“. Die Schicht, in der die Wirbeltierreste eingebettet sind, ist nur bis zu 10 cm mächtig (RADEMACHER 2006, 39). Das Besondere ist, dass in ihr unzählige Belemniten angereichert sind (das sind fingerförmige, meist spitz zulaufende Innenskelett-Elemente ausgestorbener Tintenfische; vgl. Abb. 1),

und zwar können es über 1000 Exemplare pro Quadratmeter sein. Der stets um Anschaulichkeit bemühte Begründer der schwäbischen Jura-Geologie, F.A. QUENSTEDT (1809-1889), nannte solche Vorkommen drastisch „Belemniten-Schlachtfelder“. Erstaunlich ist, dass zwar die Belemniten-Schicht bei Eislungen seit langem bekannt ist, aber die reichlichen Meersaurierknochen bisher anscheinend übersehen wurden. Auch mit fossilen Kotstücken (Koprolithen) ist die Fundschicht „geradezu übersät“ (RADEMACHER 2006, 24, 82). Die Belemniten zeigen überwiegend deutliche Spuren der Abrollung und dürften anderenorts bei Abtragung der Schichten des Untergrunds aufgearbeitet, das heißt durch heftige Meeresströmungen freigespült und dann umgelagert worden sein (RADEMACHER 2006, 62). Die ausgedehnten Geländearbeiten brachten entgegen früheren Angaben (vgl. BINDER & STEPHAN 2005) keine eindeutigen Hinweise auf eine bestimmte Strömungsrichtung im Unterjura-Meer, da sich bei den Belemniten keine einheitliche Vorzugsrichtung (Einregelung) nachweisen lässt (RADEMACHER 2006, 62-63). Die Wasserbewegungen waren aber zumindest zeitweise intensiv, denn auch die Meersaurier-Skelettelemente wurden teilweise „durch die Strömungsereignisse stark durcheinander gewirbelt“ (RADEMACHER 2006, 42).

Einstufung des Friedhofs in der Schichtfolge. Reste von Ammoniten – ausgestorbene Tintenfische mit spiralig gewundenem Gehäuse – finden sich in der Meersaurier-Fundschicht nur als wieder aufgearbeitete phosphatische Exemplare und Fragmente; es sind nur Arten, die an sich im Schichtpaket darunter vorkommen (Näheres bei BINDER & STEPHAN 2005, 82). Sie wurden also ebenfalls umgelagert und stammen aus der unterlagernden Posidonienschiefer-Formation. Diese Formation wurde benannt nach einer in diesem Schichtpaket häufigen Muschel, die früher *Posidonia* hieß. Die Ammoniten stammen aus der höchsten Ammoniten-Zone des Posidonienschiefers, der *bifrons*-Zone (nach dem Leitammonit *Hildoceras bifrons*; HAVLIK et al. 2003, 207; vgl. RIEGRAF et al. 1984, 21-22). Der Posidonienschiefer, vor allem in der Umgebung von Holzmaden bei Kirchheim/Teck (an der Autobahn Stuttgart-Ulm), ist durch vollständig erhaltene Meersaurier, zum Teil mit mineralisierten Weichteilen, sowie durch komplette Seelilien-Kolonien usw. weltbekannt (OSCHMANN 2000; vgl. Tab. 1).

Der Posidonienschiefer bildet in Süddeutschland den unteren Teil der Toarcium-Stufe (oberste Stufe des Unteren Jura; benannt nach dem Ort Thouars an einem Nebenfluss der Loire in Frankreich). „Erst unmittelbar oberhalb der Fundschicht“ beginnen Ammoniten der Oberen Toarcium-Stufe aufzutreten (HAVLIK et al. 2003, 207; RADEMACHER 2006, 59, 61). Deshalb markiert hier die Oberfläche (Top) der Meersaurierschicht die Grenze zwischen Unterem und Oberem Toarcium (HAVLIK et al.



2005, 198, 202; vgl. Tab.1). Noch detaillierter konnte die Einstufung der Fundschicht mit mikroskopisch kleinen Meeresorganismen (Dinoflagellaten) vorgenommen werden. Das radiometrische Alter der Schicht geben HAVLIK et al. (2006, 23) mit 181 Millionen Jahren an.

Rasche Entstehung der Meersaurier-Schicht. Die Fundschicht ist „mit einzelnen Knochen sowie mit Skelettresten durchsetzt, die durch die Einwirkung der Meeresströmung auseinandergezogen wurden. Mehrfach war jedoch auch noch ein grober körperlicher Verbund erkennbar“ (HAVLIK et al. 2006, 11) – dieser Befund wird öfter betont (RADEMACHER 2006). Man nimmt an, dass die Kadaver oft gegen Baumstämme getrieben wurden, die am Meeresgrund lagen; solche Stämme (jetzt plattgedrückt) finden sich häufig in der Nähe von Skeletten (HAVLIK 2003, 205; RADEMACHER 2006, 53-54; Abb. 1). Während im Posidonienschiefer zwar viele Meersaurierskelette komplett sind (vgl. Tab. 1), aber die Knochen und ihre Position zueinander durch die überlagernden Schichten oft stark gepresst und deformiert wurden, sind sie im Eislunger Fischausruhfriedhof erstaunlicherweise

Abb. 1: Teil des Skeletts eines fast 6 m langen Fischausrufers der Gattung Temnodontosaurus, nach dessen Verwesung viele Skelettbestandteile durch Strömungen stark durcheinander gewirbelt wurden. Unten Teil eines (jetzt plattgedrückten) Baumstamms, gegen den das Skelett vermutlich geschwemmt wurde. Bei einem Teil der kurzen und geraden, spitz zulaufenden Elemente handelt es sich jedoch um Belemniten, die schon vor den Meersauriern abgelagert wurden (s. Text). Abdruck mit freundlicher Genehmigung von Dr. R. RADEMACHER.

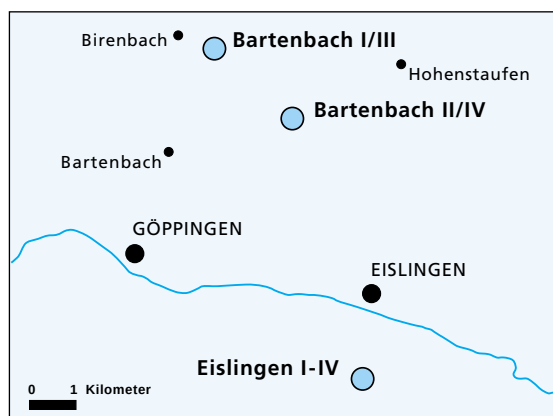


Abb 2: Der „Meersaurierfriedhof“ bei Eislungen besitzt eine enorme Ausdehnung, die sich über mindestens 20 Quadratkilometer erstreckt, wie die Fundstellen an der B 10-Trasse südlich Eislungen (I-VI) sowie 6 km nordnordwestlich bei Bartenbach (II/IV) und noch 2 km weiter nordwestlich bei Birenbach (Bartenbach I/III) zeigen.

Oberer Unterjura			
Posidonienschiefer-Formation	Jurensismergel-Formation		Insgesamt fünf „Belemnitenschlachtfelder“ ohne Anreicherung von Meersaurierknochen
	Obere Toarcium-Stufe	Ammonitenzonen des Oberen Toarcium	
	Untere Toarcium-Stufe	Ältere Ammonitenzonen des Unteren Toarcium	
	<i>bifrons</i> -Ammonitenzone	Meersaurierfriedhof im „Belemnitenschlachtfeld“ (bis 10 cm) In der weiteren Umgebung: Abtragung des oberen Posidonienschiefers (Bereich der <i>bifrons</i> -Ammonitenzone) und Ausspülung seiner Ammoniten und Belemniten; sie wurden verschwemmt und über dem Posidonienschiefer bei Eislingen als sog. „Belemnitenschlachtfeld“ angereichert (oben!)	
		Konservat-Fossilagerstätte mit gut erhaltenen Meersauriern, Fischen und Seelilien (besonders bekannt von Holzmaden bei Kirchheim/Teck)	

Tab. 1: Vereinfachte Tabelle des Oberen Unterjura mit den im Text erwähnten geologischen Bezeichnungen und Ereignissen sowie der Position des Meersaurierfriedhofs in der Schichtfolge bei Eislungen/Fils (Württemberg). Im Gegensatz zu Belemniten und Ammoniten im „Belemnitenschlachtfeld“ wurden u. a. die in der gleichen Schicht eingebetteten Meersaurier und Fische nicht umgelagert. Vielmehr dürfte es sich um Opfer eines enormen Massensterbens infolge einer großen Umweltkatastrophe handeln; ihre Kadaver wurden in der Umgebung von Eislungen direkt abgesetzt.

weitgehend dreidimensional erhalten. Ferner zeigen sie feinste Details der Knochenoberfläche, zum Beispiel die Eintrittskanäle für Blutgefäße oder die Ansatzstellen für die Muskulatur (HAVLIK et al. 2005, 200). Verschiedene, in anatomisch korrekter Position zusammen liegende Skeletteile ermöglichen so neue Erkenntnisse über den Körperbau von Fischeosauriern (HAVLIK et al. 2006, 13-16).

Die zahllosen Belemniten und auch die Ammoniten der Meersaurier-Fundschicht stammen also aus dem darunter liegenden Posidonienschiefer. Nicht aber die gut erhaltenen Meersaurierknochen, denn sonst wäre der einstige Skelettverband (s. o.) nicht mehr erkennbar. Eine Umlagerung wie bei den Ammoniten und Belemniten ist daher nicht denkbar, zumal auch die Knochen nicht abgerollt sind. Die Besonderheit dieser Fossilagerstätte zeigt sich auch darin: In der Schichtfolge über der Saurier-Lagerstätte, der Jurensismergel-Formation (Obere Toarcium-Stufe, Oberster Unterjura) bei Eislungen kommen noch weitere fünf Horizonte mit „Belemniten-Schlachtfeldern“ vor; sie werden aber nicht von Knochenresten begleitet (RADEMACHER 2006, 63; vgl. Tab. 1).

Nur die obersten Lagen der Belemniten zeigen deutliche Spuren von Bewuchs, etwa mit kleinen Röhrenwürmern und Austernschalen (RADEMACHER 2006, 63). Auch einige Knochenreste sind mit Röhrenwürmern bewachsen. HAVLIK et al. (bei RADEMACHER 2006, 57-58) setzen für den Aufwuchs dieser Siedler einige Monate an (vgl. HAVLIK et al. 2003, 205). Bevor die Knochen bewachsen werden konnten, waren natürlich die Weichteile der Saurierkadaver am Meeresboden verwest, was heute

– zumal unter subtropisch-/tropischen Bedingungen – maximal wenige Wochen dauert (vgl. SCHÄFER 1962, 17-48). Teilweise wurden die Knochen durch Strömungen zerstreut (s.o.). Fische sind viel stärker zerfallen; aber auch von ihnen wurden zahlreiche Reste gefunden (HAVLIK et al. 2005, 200). Teilweise sind sie lagig angereichert; am besten blieben die widerstandsfähigen Zähne und die harten Ganoin-Schuppen von Schmelzschuppen erhalten (RADEMACHER 2006, 70, 76, 84). Nachdem das Leichenfeld maximal einige Monate unbedeckt blieb und von Röhrenwürmern und Austern besiedelt war, wurde es samt dem spärlichen Aufwuchs endgültig mit Sediment zugedeckt. HAVLIK et al. (2006, 21) betonen die „rasche Sedimentbedeckung“ für einen bestimmten Fischeosaurier mit teilweise zusammenhängenden Knochen; das trifft jedoch auf den ganzen Meersaurierfriedhof zu. Es ist also plausibel, dass die Saurierschicht „tatsächlich durch ein recht kurzfristig wirkendes Ereignis entstand und nicht durch einen lang andauernden Prozess“. Anschließend wurde die frisch abgelagerte, alles bedeckende Sedimentschicht mit zahllosen Grab- und Fraßspuren durchzogen (RADEMACHER 2006, 55, 67). Die Spurenerzeuger ernährten sich wohl von übrig gebliebenen organischen Resten. Lange muss das nicht gedauert haben; heute werden die obersten 5-8 cm von neu gebildetem Sediment „innerhalb weniger Tage“ vollständig durchwühlt (TUREKIAN 1985, 152).

Gashydrat-Vergiftung als Ursache des Massensterbens? Wie kam es zum Massentod der Meersaurier, Fische usw.? Entscheidend ist nach MONTENARI (bei RADEMACHER 2006, 93-100; vgl. HAVLIK et al. 2006, 24-27), dass in der Fundschicht das Kohlenstoffisotop ^{12}C gegenüber dem Isotop ^{13}C etwa um das Doppelte erhöht ist. Genauso rasch, wie die Werte steigen, fallen sie darüber wieder auf ihre ursprünglichen Beträge. „Die Isotopenanomalie muss also auf ein schnell einsetzendes und auch rasch wieder abklingendes Ereignis zurückzuführen sein“, auf einen „Event“. Die einzige schlüssige Erklärung sei der Zerfall von Methanhydrat; es besteht aus Wasser (H_2O) und Methan (CH_4) „mit extrem starker Anreicherung von ^{12}C “ (MONTENARI bei RADEMACHER 2006, 99). Methanhydrat ist ein Clathrat (von lat. *Clathri*, Gitter), also ein Gashydrat, bei dem Methangas in einem Kristallgitter aus Wassermolekülen als sogenanntes „Methaneis“ eingeschlossen ist. Man findet es sehr reichlich am Rand heutiger Ozeane ab einer Wassertiefe von 500 Metern; es kann bis zu 1000 m tief im Sediment vorkommen. Nur unter hohem Druck und bei niedriger Temperatur sind die „Gitterstrukturen“ stabil – sonst zerfällt Methanhydrat in seine Bestandteile Methan und Wasser. Für Methanhydrate gelten Bildungstemperaturen von 2 °C bis 4 °C und der Druck einer Wassersäule von mehreren Hundert Metern als optimal; KUDRASS et al. (2004,

486) geben mit 4 °C bis 10 °C ein etwas höheres Temperaturfenster und etwas geringere Wassertiefen (unter 300 m) an.

Natürlich war nach MONTENARI das Unterjura-Meer Süddeutschlands bei einer angenommenen Tiefe von 150 bis 200 Metern zu flach und zu warm für die Bildung stabiler Methanhydrate. Es lag damals in den Tropen (so MONTENARI bei RADEMACHER 2006, 99) bzw. in den Subtropen (so HAVLIK et al. 2006, 26). Deshalb müssten sich die Methanhydrate im Dauphiné-Meeresbecken gebildet haben; seine Wassertiefe wird mit 2000 m angegeben. Paläogeographisch betrachtet lag es „vor der Haustür“, nämlich zwischen dem Areal des *heutigen* westlichen Alpenbogens und dem Bereich des *heutigen* französischen Zentralmassivs. Man geht davon aus, dass andere Gebiete aufgrund ihrer paläogeographischen Konstellation (zu weit weg) oder wegen der Nichterfüllung der notwendigen physikalischen Bedingungen ausscheiden.

Es wird also angenommen, dass durch (nicht näher erläuterte) Änderungen von Druck und/oder Temperatur im Dauphiné-Meeresbecken eine große Menge Methanhydrat zerfallen sei; das frei gewordene Methan perlte in der Wassersäule nach oben. „Dabei werden die Schichtungsverhältnisse des Meeres massiv durcheinander gewirbelt.“ Für den bodennahen Wasserkörper des benachbarten Posidonienschiefer-Meeres nimmt man seit langer Zeit weitgehendes Fehlen von Sauerstoff, aber reichlich giftige Schwefelwasserstoffverbindungen an (vgl. RÖHL 1998, 110-116; SCHMIDT-RÖHL 1999, 40-45). Da die Meersaurier-Fundsicht direkt über dem Posidonienschiefer liegt (HAVLIK et al. 198, 202; RADEMACHER 2006, 61, 98), kann man diese lebensfeindlichen Verhältnisse für das Katastrophen-Szenario wahrscheinlich annehmen: Man geht nun davon aus, dass das auferlende Methan die bodennahen, hochgiftigen und weitgehend sauerstofffreien Wassermassen hochriss, so dass sie sich mit dem oberen belebten Wasserkörper mischten. Durch Meeresströmungen gelangte die toxische Wassermasse dann in den Bereich des heutigen Württemberg – dort rissen Schwefelwasserstoffe und Sauerstoffarmut große Teile der Lebewelt des Meeres in den Tod. Für die Meersaurier als Lungenatmer wird vermutet, dass sie „entweder rasch durch Schwefelwasserstoffverbindungen vergiftet“ wurden „und/oder verhungerten“, weil ihre Beutetiere bereits in großer Zahl umgekommen waren. Der sehr hohe Anteil des Kohlenstoffisotops ^{12}C in der Meersaurier-Fundsicht wird also auf das Gas Methan (CH_4) zurückgeführt (s.o.).

Probleme der Gashydrat-Hypothese. Dieses Modell hat jedoch zumindest mit folgendem Problem zu kämpfen: Auch wenn das Meer im Dauphiné-Becken 2000 m tief gewesen sein sollte, ist es sehr unwahrscheinlich, dass sein Bodenwasser nur wenige Grad Celsius über dem Gefrierpunkt lag.

Denn viele Befunde deuten daraufhin, dass sich erst im Alttertiär das ozeanische Tiefenwasser stark abzukühlen begann: Vom Paläozän bis zum Miozän sank es nach WIEGANK (1993, 171) unter Schwankungen auf ca. 6 °C ab (später ging die Temperatur noch weiter zurück), weil zunehmend kaltes Oberflächenwasser in der Umgebung der Antarktis auf den Ozeanboden sank und nach und nach die Tiefseebecken auffüllte (zu den globalen Hintergründen z.B. WEFER & BERGER 2001, 87-96). Der „erste sichere Nachweis von Eisdrift-Sedimenten“ stammt aus dem Oberen Oligozän der Ross-See; das belege „begrenzte lokale Vergletscherungen“ der Antarktis (so WIEGANK 1993, 171). Dagegen wird angenommen, dass bis zum Ende der Kreide die Temperatur der ozeanischen Bodenwassermassen nicht unter 15 °C betragen habe (WIEGANK 1993, 170-171; vgl. KUDRASS et al. 2004, 483-485).

Vereinzelt wurden zwar für den Unteren Jura Vereisungszyklen in Sibirien angenommen (ZIEGLER 1990, 94), aber allgemein geht man für die Zeit der Posidonienschiefer-Formation „mit hoher Wahrscheinlichkeit von eisfreien Polen“ aus (SCHMIDT-RÖHL 1999, 157; ebenso RÖHL 1998, 137). Das gilt nicht nur für die Zeit des Unteren Toarciums, sondern allgemein: „Im Mesozoikum und im beginnenden Känozoikum waren die Polargebiete nach allen geologischen und paläontologischen Erkenntnissen nicht vereist“ (SEIBOLD & THIEDE 1997, 48). Man nimmt an, dass die mittlere Meerestemperatur durchschnittlich 10 °C höher als die heutiger Meere gemäßiger Breiten war (DE WEVER 2000, 68; vgl. BORGER 2000, 170-172). Nach den paläogeographischen Rekonstruktionen bestand damals keine *Tiefwasser*verbindung zwischen dem Dauphiné-Becken und dem weiter südöstlich gelegenen Tethys-Ozean (vgl. ZIEGLER 1990, Fig. 44; DE WEVER 2000, 66). Im heutigen Alpenbereich rekonstruiert man zwar kleinräumige tiefere Becken, die aber durch Flachmeer-Schwellen voneinander getrennt waren (GEYER 1993, 38; vgl. DE WEVER 2000, 69). Weiter gab es eine schmale, flache Meeresstraße nach Norden, wo sich der von Landmassen umgebene, nach Norden offene Bereich des arktischen Meeres anschloss (RÖHL 1998, 137-138). Selbst wenn in der damaligen Tiefsee ein kalter Bodenwasserkörper vorhanden gewesen wäre, was sehr unwahrscheinlich ist, hätte schon wegen der fehlenden Tiefwasserverbindungen das Dauphiné-Becken nicht mit Kaltwasser versorgt werden können. „Im Unterschied dazu leben wir heute in einer Zeit mit kalten, rasch zirkulierenden Ozeanen“ (OSCHMANN 2000, 142). Für das Posidonienschiefer-Flachmeer geben OSCHMANN et al. (1999, 249) Temperaturen von 25 °C bis 30 °C an; darauf deutet u.a. das Vorkommen von Meereskrokodilen hin (SCHMIDT-RÖHL 1999, 162). Zwar dürfte das Tiefenwasser im Dauphiné-Becken deutlich kühler gewesen sein; aber es ist sehr unwahrscheinlich, dass seine Temperatur nur wenige Grad Celsius

über Null betrug, wie es für Methanhydratbildung nötig ist.

Fazit. Der Meersaurierfriedhof von Eislungen belegt deutlich einen katastrophischen Massentod vieler Tiere und die schnelle Entstehung einer Fundschicht. Aber dass dafür „mit an Gewissheit grenzender Wahrscheinlichkeit“ (!) – so sehr selbstgewiss MONTENARI bei HAVLIK et al. (2006, 26; ebenso RADEMACHER 2006, 99) – ein großer Methanhydratzerfall im Dauphiné-Becken verantwortlich ist, dürfte viel weniger gesichert sein.

Manfred Stephan

Literatur

- BINDER H & STEPHAN M (2005) Fossillagerstätten in Süddeutschland – Ursachen für Massensterben. *Stud. Int. J.* 12, 81-84.
- BORGER H (2000) Mikromorphologie und Paläoenvironment. *Boden • Relief • Paläoklima*, Bd. 15; Berlin-Stuttgart: Borntraeger, 243 S.
- DE WEVER P (2000) Europa im Mesozoikum. In: MEISCHNER D (Hg) Europäische Fossillagerstätten. European Palaeontological Association; Berlin etc.: Springer, 65-71.
- GEYER OF (1993) Die Südalpen zwischen Gardasee und Friaul. *Sammlg. Geol. Führer*, Bd. 86; Berlin-Stuttgart: Borntraeger, 576 S.
- HAVLIK P, MAISCH MW, MONTENARI M & RADEMACHER R (2003) Der Ichthyosaurierfriedhof von Eislungen – Freilegung einer paläontologischen Fundstelle mit archäologischen Methoden. *Hohenstaufen/Helfenstein. Hist. Jb. Kreis Göppingen* 12, 2002, 203-208.
- HAVLIK P, MONTENARI M, RADEMACHER R & PFRETZSCHNER H-U (2005) Neue Erkenntnisse zum Phänomen „Fischsaurierfriedhof Eislungen“ – die Ausgrabungen der Jahre 2003 und 2004. *Hohenstaufen/Helfenstein. Hist. Jb. Kreis Göppingen* 13, 2003, 197-206.
- HAVLIK P, MONTENARI M, RADEMACHER R & PFRETZSCHNER H-U (2006) Das Phänomen „Fischsaurierfriedhof Eislungen“ – Neues zu den Ausgrabungen und zum Stand der Forschung. *Hohenstaufen/Helfenstein. Hist. Jb. Kreis Göppingen* 14, 2004, 11-28.
- KUDRASS H-R, ERBACHER J & VOLBERS A (2004) Das Ozean-Bohrprogramm ODP. Bilanz und Ausblick. *Naturwiss. Rdsch.* 57, 477-488.
- OSCHMANN W (2000) Der Posidonienschiefer in Südwest-Deutschland, Toarcium, Unterer Jura. In: MEISCHNER D (Hg) Europäische Fossillagerstätten. European Palaeontological Association; Berlin etc.: Springer, 137-142.
- OSCHMANN W, RÖHL J, SCHMIDT-RÖHL A & SEILACHER A (1999) Der Posidonienschiefer (Toarcium, Unterer Jura) von Dotternhausen. *Jber. Mitt. oberrhein. geol. Ver. NF* 81, 231-255.
- RADEMACHER R (2006, Hg) In einem Meer vor unserer Zeit. Das Jurameer vor 181 Millionen Jahren; Eislungen/Fils, 111 S.
- RIEGRAT W, WERNER G & LÖRCHER F (1984) Der Posidonienschiefer. *Biostratigraphie, Fauna und Fazies des südwestdeutschen Untertoarciums (Lias E)*; Stuttgart: Enke, 195 S.
- RÖHL H-J (1998) Hochauflösende palökologische und sedimentologische Untersuchungen im Posidonienschiefer (Lias E) von SW-Deutschland. *Tübinger geowiss. Arb.* A 47, 170 S.
- SCHÄFER W (1962) *Aktuo-Paläontologie nach Studien an der Nordsee*. Senckenberg-Buch, 41. Frankfurt/M.: Kramer, 667 S.
- SCHMIDT-RÖHL A (1999) Hochauflösende geochemische Untersuchungen im Posidonienschiefer (Lias E) von SW-Deutschland. *Tübinger geowiss. Arb.* A 48, 189 S.
- SEIBOLD E & THIEDE J (1997) Die Geschichte der Ozeane nach Tiefbohrungen. *Akad. Wiss. Lit. Mainz – Abh. Math.-Natwiss. Kl.*, 2; Stuttgart: Steiner, 62 S.
- TUREKIAN KK (1985) Die Ozeane. *Geowissen kompakt*, Bd. 8; Stuttgart: Enke, 202 S.
- WEFER G & BERGER WH (2001) Klima und Ozean. In: HUCH M, WARNECKE G & GERMANN K (Hg) *Klimazeugnisse der Gegenwart. Perspektiven für die Zukunft*; Berlin etc.: Springer, 51-107.
- WIEGANK F (1993) Korrelation und Chronologie paläoklimatischer Ereignisse des Pliozäns und Pleistozäns. *Petermanns Geograph. Mitt.* 137, 169-182.
- ZIEGLER PA (1990) *Geological Atlas of Western and Central Europe*; Amsterdam-Den Haag: Shell Internationale Petroleum Maatschappij B.V., 239 pp.

Wasser auf dem Mars

Zusammenfassung: Die europäische Raumsonde Mars-Explorer hat große Wassermengen auf dem Mars entdeckt. Das ist schon der vierte Ort im Sonnensystem, an dem Wasser vorkommen soll. Vorkommen von Wasser wird aber immer weniger mit Vorhandensein von Leben gleichgesetzt.

Die im Juni 2003 gestartete europäische Raumsonde Mars Express hat jetzt eine kleine Sensation erbracht (PLAUT et al 2007): Es gibt offenbar auch heute riesige Wassermengen auf dem Mars. Damit wäre der Mars wahrscheinlich bereits wenigstens der vierte Ort in unserem Sonnensystem außerhalb der Erde, wo Wasser entdeckt wurde. Kürzlich wurde über Wasser auf dem Saturnmond Enceladus berichtet (NIMMO et al. 2007). Der Jupitermond Europa hat wahrscheinlich ganze Ozeane unter

einer dicken Eisschicht und auf dem Merkur finden sich in Polkratern Eisablagerungen. Dafür, dass früher auf dem Mars Wasser geflossen ist, wurden schon lange geologische Argumente angeführt. Dazu gehören Landschaftsformen, die an ausgetrocknete Flussbetten erinnern, und Rundungen von Steinen, die auf Wassertransport hinweisen (vgl. PAILER & KRABBE 2006). Wie viel Wasser in welcher Marsperiode wirklich geflossen ist, ist jedoch immer noch Gegenstand von Untersuchungen und Debatten. Im Jahr 2002 kamen durch die Analyse von Aufnahmen der Marssonden *Mars Global Surveyor* und *Mars Odyssey* weitere Hinweise dazu, die schließlich auf Oberflächeneis an den Marspolen hindeuteten.

Die Pole des Mars tragen eine etwa 1000 km

durchmessende hellweiße Kappe aus Trockeneis und Wassereis untermischt mit Staubschichten. Diese Kappen wurden zuerst von den Mariner- und Viking-Marssonden untersucht. Das *Mars Advanced Radar for Subsurface and Ionospheric Sounding* (MARSIS) genannte Instrument an Bord des Mars-Express ermöglichte nun aber erstmals, den Marsboden tiefer als einige Meter unter der Oberfläche zu untersuchen. MARSIS arbeitet ähnlich wie ein Sonargerät: Über zwei meterlange Antennen sendet es gleichzeitig Radarpulse auf 4 Wellenlängen zwischen 1,3 bis 5,5 MHz gen Mars und registriert die Echos. Deren Zahl und Laufzeit geben Auskunft über die Struktur des Untergrunds und der Atmosphäre. Es kann bei einer Tiefenauflösung von etwa 100 m bis 5 km in den Boden „hineinsehen“, die seitliche Auflösung ist 10-30 km quer und 5-10 km entlang der Flugrichtung. Vergleichbare Geräte werden auf der Erde bei der Vermessung von Gletschern verwendet. MARSIS kann etwa 26 Minuten während jedes knapp siebenstündigen, elliptischen Marsumlaufs verwendet werden – immer wenn Mars Express zwischen 250 und 800 km über dem Planeten steht.

In mehr als 300 Einzelschnitten und bis in 3,7 km Tiefe durchleuchtete MARSIS die geschichteten Eisdecken am Südpol in der Zeit zwischen November 2005 und April 2006 während 60 Umräumungen (Abb. 1). Die Bahn der Sonde wurde so angepasst, dass ein möglichst großes Areal erfasst werden konnte. Mindestens 90% des gefrorenen Eis-Staub-Sand-Gemisches, das sich über eine Fläche so groß wie der Kontinent Europa erstreckt, besteht aus Wassereis. Gleichzeitig scheint die über 150 km dicke Kruste des Mars so stabil zu sein, dass sie sich unter dem Eispanzer insgesamt nicht merklich durchbiegt, wie es auf der Erde der Fall wäre (Abb. 2). Einige lokale Senken könnten von einer nur dort veränderten geologischen Zusammensetzung oder z.B. Meteoritenkratern herrühren.

Die Nordpolregion des Mars wurde im Juni 2005 während zweier Umräumungen untersucht (PICARDI et al 2005). Auch hier erwies sich die Kruste als vergleichbar fest wie in der Südpolregion und auch hier zeigte sich, dass die Polkappe aus fast reinem Wassereis besteht und stellenweise höchstens 2% Verunreinigungen aufweist. Aufgrund der nur wenigen Messwerte konnte die Gesamtmenge des Wassereises aber nicht berechnet werden. Auch an anderen Stellen gibt es Wasser(eis) auf dem Mars. Der *Mars Global Surveyor* fand sogar deutliche Hinweise auf flüssiges Wasser unweit der Marsoberfläche (MALIN et al 2006).

Die Südpolregion des Mars enthält mit $1,6 \cdot 10^6$ km³ genug Wasser, um den gesamten Planeten mit einer 11 m dicken Schicht zu bedecken. Für Theorien zur evolutionären Entstehung des Lebens ist Wasser von zentraler Bedeutung: „Leben, wie wir es kennen, ist ohne Anwesenheit von Wasser nicht

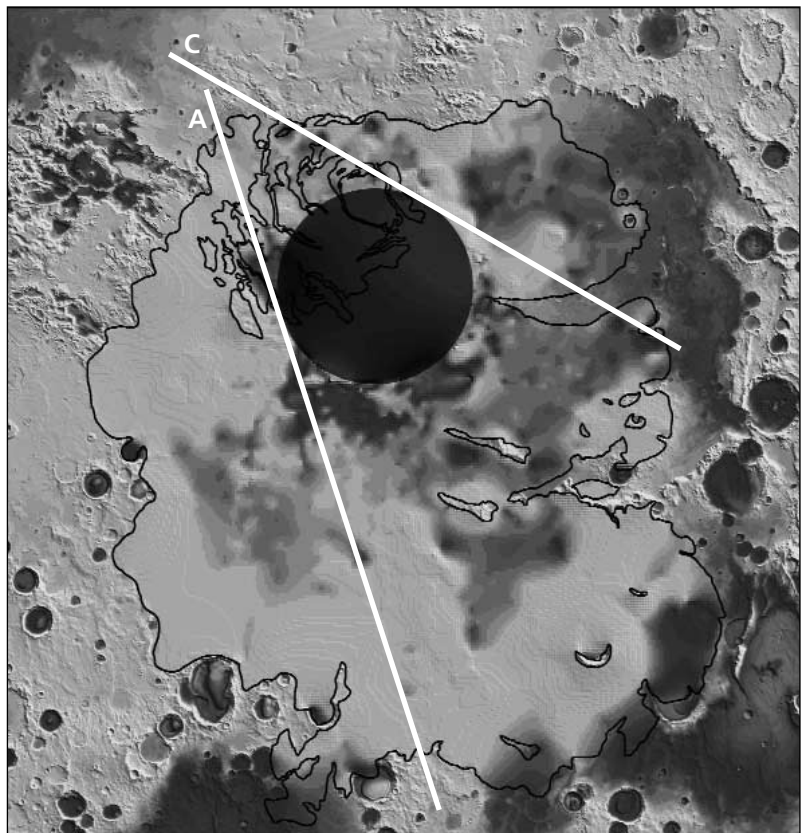


Abb. 1: Zeichnerische Darstellung des Mars Express über der Marsoberfläche. (ESA, vgl. www.esa.int/SPECIALS/Mars_Express/index.html)

denkbar. [...] Daher wurde z.B. über die Anzeichen von flüssigem Wasser auf dem Jupitermond Europa so enthusiastisch berichtet und über mögliches Leben spekuliert. Wesley HUNTRESS, NASA-Chef für Weltraumwissenschaften, brachte diese Haltung damals wie folgt auf den Punkt: „Wo es Wasser in flüssiger Form und chemische Energie gibt, dort gibt es auch Leben – es gibt keine Ausnahme.“ Also: Wasser + Energie = Leben? Flugs wird aus einer notwendigen Voraussetzung eine hinreichende“ (PAILER 1999, 52).

Von evolutionstheoretischer Seite wurden bis heute keine plausiblen Modelle vorgelegt, wie Leben von selbst entstehen könnte (JUNKER & SCHERRER 2006; BINDER 2007). Die Anwesenheit von Wasser und Energie ändern diesen Tatbestand nicht.

Abb. 2: Höhenkarte des Mars-Südpols nach Daten des Mars Global Surveyors. Die mit A und C markierten Linien zeigen die in Abb. 3 dargestellten Messungen während zweier verschiedener Überflüge der Polregion durch die Mars-Express-Sonde der europäischen Raumfahrtbehörde ESA. (NASA/JPL/ASI/HESA/Univ. of Rome/MOLA Science Team, Abdruck mit freundlicher Genehmigung.)



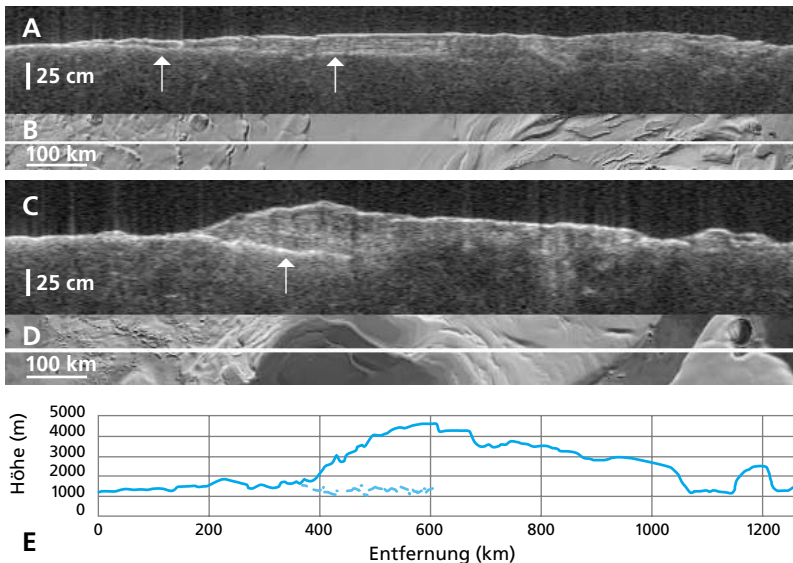


Abb. 3: **A** MARSIS-Messung während Umlauf 2753, die die typische Struktur der Polablagerungen zeigt. **B** Die Marstopographie entlang der Messlinie. Die untere Echoverstärkung (Pfeile in A) wird als die Grenze der Eisablagerungen zur Marskruste gedeutet. Das darüberliegende Eisgebiet zeigt eine gebänderte Struktur von maximal 1,6 km Dicke. **C, D** Dasselbe für Umlauf 2682. Die beiden Gebirgszüge (in A und C) stellen das Relief entlang der weißen Linien in Abb. 2 dar. **E** Marsoberfläche (schwarze Linie) und Marskruste (blaue Linie) am selben Umlauf. Deutlich ist zu sehen, dass Eisablagerungen eine bergartige Struktur auf der eigentlichen Marskruste bilden.
(NASA/JPL/ASI/ESA/Univ. of Rome/MOLA Science Team, Abdruck mit freundlicher Genehmigung; unten nach PLAUT 2007)

Hinzu kommt, dass Leben auf der Erde zwar selbst unter und vielleicht auch in der kilometerdicken Eisdecke antarktischer Seen bekannt ist, diese Orte sind jedoch im Vergleich zu den Bedingungen auf dem Mars noch geradezu paradiesisch. Außerdem ist das dort existierende Leben in nichts „primitiver“ als anderswo auf der Erde (BINDER 2000). Interessanterweise scheinen auch die Pressemeldungen der letzten Jahre immer bescheidener zu werden: Wollte man vor einem Jahrzehnt noch in einem Marsmeteoriten Bakterienfossilien gefunden haben,

was sich nachträglich nicht bestätigte (LINDEMANN 1999), so wurde vor 3 Jahren bakterielles Leben als Quelle für Methanspuren in der Marsatmosphäre nur noch als eine unter mehreren Möglichkeiten angesehen (LINDEMANN 2005). Und bei dieser jüngsten Entdeckung durch MARSIS geschieht nun auch keine publizistische Vermarktung von Wasser als „Beweis für Leben“. Daran ändert selbst die von PLAUT et al. (2007) und PICARDI et al. (2005) als gering eingeschätzte Wahrscheinlichkeit von flüssigem Wasser in der Tiefe der Ablagerungen nichts mehr.

Wolfgang Lindemann

Literatur

- BINDER H (2000) Mikroben unter dicker Eisschicht – Modell für extraterrestrisches Leben? Stud. Int. J. 7, 39-40.
- BINDER H (2007) Entstehung des Lebens – Alternative Modelle in Frage gestellt. Stud. Int. J. 14, 43-44.
- JUNKER R & SCHERER S (2006) Evolution ein kritisches Lehrbuch. Gießen.
- LINDEMANN WB (1999) Hinweise auf Lebensspuren im Mars-Meteoriten ALH84001 nahezu widerlegt. Stud. Int. J. 6, 31-33.
- LINDEMANN WB (2005) Methanproduzierende Bakterien auf dem Mars? Stud. Int. J. 12, 70-72.
- MALIN MC, EDGETT KS, POSIOLOVA LV, MCCOLLEY SM & DOBREA EZN (2006) Present-Day Impact Cratering Rate and Contemporary Gully Activity on Mars. Science 314, 1573-1577.
- NIMMO F et al. (2007) Shear heating as the origin of the plumes and the heat flux on Enceladus. Nature 447, 289-291.
- PAILER N (1999) Neue Horizonte der Planetenerkundung. Unerwartete Ergebnisse durch Weltraumsonden. Neuhausen-Stuttgart.
- PAILER N & KRABBE A (2006) Der vermessene Kosmos. Ursprungsfragen kritisch betrachtet. Neuhausen-Stuttgart.
- PICARDI G et al. (2005) Radar soundings of the subsurface of Mars. Science 310, 1925-1928.
- PLAUT JJ et al. (2007) Subsurface Radar sounding of the South Polar layered deposits of Mars. Science 316, 92-95.

S T R E I F L I C H T E R

Jünger als die DNA erlaubt? Morphologie und Moleküle einmal mehr im Konflikt

Die Untersuchung morphologischer (gestaltlicher) Merkmale und die molekulargenetische Analyse (DNA-Sequenzvergleiche) sind zwei voneinander unabhängige Zugänge zur Erfassung von Verwandtschaftsverhältnissen. Es wurde erwartet und wird oft behauptet, dass die Ergebnisse dieser beiden Disziplinen zusammenpassen. Das heißt: Die Datensätze beider Forschungsgebiete sollten dieselben Auffassungen über den Evolutionsweg stützen. Entsprechend wird die Passung von Morphologie und Molekülen als besonders starker Beleg für Evolution gewertet.

Die Realität ist jedoch vielfach weitaus komplizierter. Die Hoffnung, dass molekular begründete Verwandtschaftsverhältnisse morphologisch und paläontologisch abgeleitete Abstammungsbeziehungen bestätigen würden, hat sich weithin nicht erfüllt. Ein Beispiel dafür liefert die Evolution der Säugetiere. Schon frühere Studien zeigten, dass hier ein Konfliktpotential liegt (KUMAR & HEDGES 1998). Nun haben ein soeben beschriebenes Fossil und eine neue und gleichzeitig die bislang umfangreichste Auswertung, die auf 409 Merkmalen von 69 fossilen und heutigen Säugetiergattungen basiert, den Konflikt verschärft. Denn nach molekularen Daten sollen die Plazenta-Tiere vor 148 Millionen Jahren entstanden sein, während die morphologisch-paläontologische Analyse für ein rattenartiges Säugetier als ältesten Plazentalier spricht, das auf 63 Millionen Jahre datiert wird (WIBLE et al. 2007). CIFELLI & GORDON (2007, 919) kommentieren: Die jüngsten Untersuchungen repräsentierten den „neuesten Volleyschuss“ in der „Moleküle-versus-Morphologie-Debatte“. Die Ergebnisse verkleinern nicht wie erhofft den Graben zwischen den Schlussfolgerungen der beiden Disziplinen, sondern erweitern ihn.

Die größer gewordene Diskrepanz könnte auf zweierlei Weise aufgelöst werden. Zum einen könnten neue Fossilfunde das Bild verändern. CIFELLI & GORDON (2007, 919) weisen jedoch auf Studien hin, wonach der Fossilbericht bei den Säugetieren als ziemlich vollständig betrachtet werden kann. Zum anderen könnten die Annahmen über den Gang der molekularen Uhr falsch sein. Immerhin passen die Geometrien der Verwandtschaftsbeziehungen *grob* zusammen (die Positionen der Afrotheria und Xenarthra bilden jedoch Ausnahmen [WIBLE et al. 2007, 1005]). Ob sich der gegenwärtige Widerspruch auflösen lässt, wird sich zeigen müssen.

Die Analyse von WIBLE et al. (2007) erbrachte

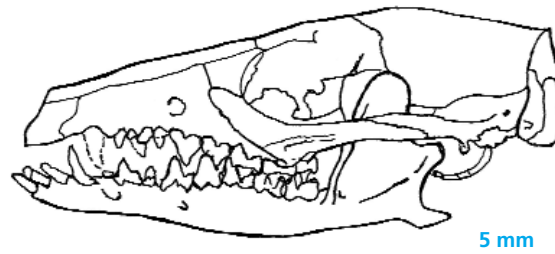


Abb. 1: Schädel von *Maelestes gobiensis* aus der Mongolei. (Nach WIBLE et al. 2007)

noch weitere interessante Ergebnisse. Das von ihnen neu beschriebene Fossil *Maelestes gobiensis* aus der Mongolei (auf 71-75 Millionen Jahre datiert) und sämtliche anderen Säugetiergattungen aus der Kreide müssen auf tote Seitenäste des hypothetischen Stammbaums gestellt werden. Zu Beginn des Tertiärs tauchen dann die meisten „modernen“ Säugetiergruppen in der Fossilüberlieferung explosionsartig auf. CIFELLI & GORDON (2007) ziehen einen Vergleich mit der kambrischen Explosion. Während man aus der Kreide nur 40 fossile Säugetier-Gattungen kennt, sind es im Tertiär über 4000. Die verwandtschaftlichen Beziehungen der Kreide-Gattungen zu den modernen Plazentaliern sind durchweg stark umstritten (WIBLE et al. 2007, 1003). Fazit: Einmal mehr führt die Zunahme an Kenntnissen nicht zu größerer Klarheit in Ursprungs- und Abstammungsfragen.

[CIFELLI RL & GORDON CL (2007) Re-crowning mammals. *Nature* 447, 918-920; KUMAR S & HEDGES BS (1998) A molecular time-scale for vertebrate evolution. *Nature* 392, 917-920; WIBLE JR, ROUGIER GW, NOVACEK MJ & ASHER RJ (2007) Cretaceous eutherians and Laurasian origin for placental mammals near the K/T boundary. *Nature* 447, 1003-1006] R. Junker

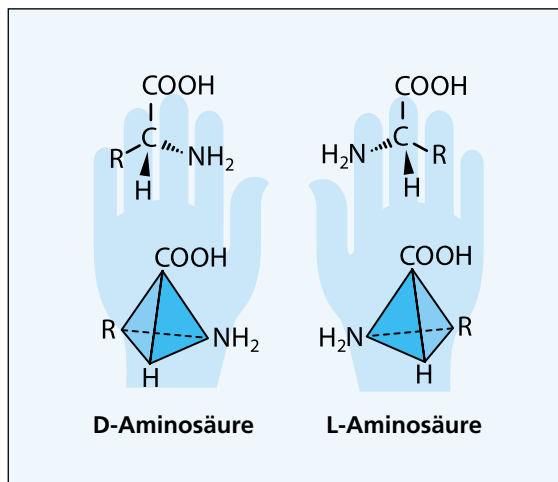
Homochiralität: astrophysikalischer Mechanismus zur Anreicherung von Aminosäure-Enantiomeren?

Für die Entstehung homochiraler Bausteine für die Synthese von Biomakromolekülen liegt nach wie vor keine befriedigende rein kausalmechanistische Erklärung vor (IMMING 2006). Wie können Moleküle, die in spiegelbildlichen Strukturvarianten (Enantiomeren; vgl. Abb. 1) vorkommen und sich in ihren chemischen Eigenschaften praktisch nicht unterscheiden (wie z.B. Aminosäuren und Kohlehydrate) so getrennt werden, dass daraus einheitliche Makromoleküle aufgebaut werden können?

Ohne homochirale Bausteine ist Leben – wie wir es kennen – nicht möglich. Die Trennung von Enantiomeren gelingt im Labor, erfordert jedoch zwingend den Einsatz homochiraler Chemikalien sowie geplante und regulierte Versuchsabläufe.

Schon seit längerem und auch jetzt wieder in neuen Untersuchungen sind Techniken ausgear-

Abb. 1: D- und L-Aminosäure. Die beiden Formen sind spiegelbildlich zueinander. Alle Aminosäuren haben die gleiche Grundstruktur (L-Aminosäuren) und unterscheiden sich nur im Rest R. In Ursuppenexperimenten werden immer beide Formen zu gleichen Teilen gebildet (Razemate). (Aus JUNKER & SCHERER 2006)



beitet worden, um Mischungen mit einem geringen Enantiomerenüberschuss so anzureichern, dass anschließend ein Enantiomer stark überwiegt. PERRY et al. (2007) haben gefunden, dass das D/L-Gemisch der Aminosäure Serin mit einem geringen Enantiomerenüberschuss durch Sublimation angereichert werden kann. Bei der Sublimation geht ein Stoff direkt aus der festen Phase in die Gasphase über (und umgekehrt). Dieses Phänomen ist thermodynamisch gut beschreibbar und wird im Labor z.B. zur Reinigung von Reaktionsprodukten genutzt. KLUSMANN et al. (2006) haben kürzlich gezeigt, dass eine Anreicherung von Aminosäure-Enantiomeren auch durch Nutzung des Phasenübergangs fest – gelöst möglich ist.

Die Publikation von PERRY et al. (2007) veranlasste Ben FERGINGA und Mitarbeiter, eigene Untersuchungen über die Anreicherung von Enantiomeren durch Sublimation zu veröffentlichen (FLETSCHER et al. 2007). Sie sublimierten verschiedene Aminosäuren mit einem geringen Enantiomerenüberschuss von 0,5 bis 10%. Das im Überschuss vorliegende Enantiomer wurde dabei angereichert. Dabei darf nur eine geringe Menge (im Promille-Bereich) des Ausgangsmaterials sublimiert werden. Der Effekt zeigt außerdem eine Abhängigkeit von Druck und Temperatur. In der Überschrift vermitteln die Autoren den Eindruck, einen relevanten astrophysikalischen Mechanismus zur Anreicherung von L-Aminosäuren vorzustellen. Aufgrund der bisher vorliegenden Daten sollte diese Behauptung allerdings kritisch hinterfragt werden. Im Kosmos können lokal hohe Temperaturunterschiede auftreten und es herrscht ein stark reduzierter Druck (Vakuum). Diese Randbedingungen sind für Sublimation günstig, trotzdem wäre zu zeigen, wie gut eine Sublimationsapparatur die Situation im Kosmos modelliert. Nachzuweisen bleibt ebenso, ob der Anreicherungsseffekt auch bei Ausgangssituationen auftritt, in denen nicht reine Aminosäuren vorgelegt werden, sondern komplexe Substanzgemische mit Spuren von Aminosäuren, wie das unter präbiotischen Bedingungen zu erwarten ist. Wie soll außerdem unter ungesteuerten Bedin-

gungen sichergestellt werden, dass nur geringste Anteile (Promille) der Aminosäuren sublimiert werden?

Abschließend sei auf die schon vor längerem von Klaus DOSE (1987) gemachte Feststellung hingewiesen: „Es gibt zwar schwache asymmetrische Kräfte in der unbelebten Natur, aber jedes geringfügige Vorherrschen von D- oder L-Formen bei präbiotischen Prozessen würde in einer geologischen Umgebung durch Razemisierungsreaktionen wieder aufgehoben werden.“ An dieser Einschätzung hat sich bis heute nichts geändert, wie CATALDO (2005) in ihrem Übersichtsartikel belegen, wenn sie schreiben: „The enantiomeric excess found in meteorites usually involves unusual aminoacids which are not common in terrestrial environment and which are much less prone to racemization than the corresponding terrestrial α -aminoacids which instead are usually found as chiral mixtures.“

Unter natürlichen Bedingungen, z.B. im Kosmos, razemisieren Aminosäuren schneller, als dass durch Mechanismen wie die hier beschriebenen Enantiomerenüberschüsse verstärkt werden könnten.

Selbst wenn die aufgezeigten Schwierigkeiten befriedigend gelöst werden könnten, wäre damit immer noch nicht plausibel erklärt, warum in der Natur fast ausschließlich L-Aminosäuren in Proteine eingebaut werden und D-Zucker in Nukleinsäuren. Manche mutig formulierte Überschriften wünschte man sich mit einem Fragezeichen abge-

schlossen.
[CATALDO F, BRUCATO JR & KEHEYAN Y (2005) Chirality in prebiotic molecules and the phenomenon of photo- and radioracemization, J. Phys., Conference Series 6, 136-148; DOSE K (1987) Präbiotische Evolution und der Ursprung des Lebens. Chemie in unserer Zeit 21, 177-185; FLETSCHER SP, JAGT RBC & FERGINGA BL (2007) An astrophysically-relevant mechanism for amino acid enantiomer enrichment. Chem. Commun. 2578-2580; IMMING P (2006) Die fehlenden Spiegelbilder. Erklärungsversuche für das Phänomen der natürlichen Homochiralität. Stud. Int. J. 13, 14-21 und http://www.genesisnet.info/schoepfung_evolution/e42081.php; KLUSMANN M, IWAMURA H, MATHEW SP, WELLS Jr DH, PANDYA U, AMSTRONG A & BLACKMOND DG (2006) Thermodynamic control of asymmetric amplification in amino acid catalysis. Nature 441, 621-623; PERRY RH, WU C, NEFLIU M & COOKS RG (2007) Serine sublimates with spontaneous chiral amplification. Chem. Commun. 1071-1073] H. Binder

Mikroorganismen in Bernstein aus der alpinen Trias

Anfang der 1990er Jahre wurden Aufsehen erregende Berichte über Mikroorganismen in Bernstein aus Süddeutschland veröffentlicht. Nahe dem Schliersee (Bayern) hatte U.-Ch. BAUER, ein Fossilien-sammler, in mesozoischen Schichten kleine Bernsteinstücke gefunden und wissenschaftlicher Bearbeitung zugänglich gemacht. Zunächst war das Bernsteinvorkommen den Raibler Schichten (Karn, Obere Trias, entspricht einem radiometrischen Alter von 220-230 Ma) zugeordnet worden (POINAR 1993). Diese Angaben waren in mehreren

Publikationen zitiert worden. SCHMIDT et al. (2001) legten aufgrund eigener Feldarbeit sowie anhand biostratigraphischer und petrographischer Untersuchungen eine andere geologische Zuordnung des Bernsteinvorkommens vor, nämlich Cenoman (Obere Kreide, entspricht einem radiometrischen Alter von 93-99 Ma). Diese neue Einstufung machte auch eine neue Interpretation der im Bernstein enthaltenen fossilen Mikroorganismen notwendig. So sind z.B. vergebene Namen wie *Paramecium triassicum* und *Triasamoeba alpha* unpassend für Organismen aus der Kreide.

In einer neuen Arbeit beschreiben nun SCHMIDT et al. (2006) Bernstein aus den Südlichen Alpen, dessen Vorkommen sie in die Trias stellen. Die millimetergroßen, tropfenförmigen Bernsteinstücke befinden sich in einem Paläoboden (paleosol) in der Nähe der Italienischen Stadt Cortina d'Ampezzo. Dieses Vorkommen ordnen die Autoren der Heiligkreuz/Santa Croce Formation in den Dolomiten zu. Es war bereits zuvor von ROGHI et al. (2006) beschrieben worden.

Aufgrund ihrer mikroskopischen Untersuchungen der Bernsteintröpfchen beschreiben und dokumentieren SCHMIDT und Mitarbeiter eingeschlossene Bakterien (sie stellen die Mehrheit der eingeschlossenen Mikroorganismen), Pilze (darunter solche, die der heutigen Gattung *Ramularia* ähnlich sind) und Algen. Außerdem konnte unter den Ciliaten (Wimperntierchen) ein Vertreter der modernen Gattung *Coleps* (Colepidae) identifiziert werden. Mehrere Arten beschalteter Amöben (Testacea) aus den Familien Centrooxyidae und Diffugidae wurden nachgewiesen, wobei dies derzeit deren frühester Nachweis für nichtmarine Testacea ist.

Unter ökologischen Gesichtspunkten dokumentieren diese triassischen Bernsteineinschlüsse alle Ebenen einer Mikrobiozönose, also eines kleinen Lebensraums: Bakterien und phototrophe Algen (Produzenten), Protozoen (Verbraucher) und Pilze als (Zersetzer). Aufgrund der Mikrobienzusammensetzung in einzelnen Bernsteintröpfchen vermuten die Autoren, dass sie nicht am Boden, sondern an nassen Stellen auf den harzproduzierenden Pflanzen gelebt haben.

SCHMIDT et al. bemerken, dass die beschriebenen Einschlüsse Einblicke in die Evolution und Paläo-Ökologie von Mikroorganismen aus dem unteren Mesozoikum liefern. Dabei hat es den Anschein, als habe sich auf der untersten Ebene der Nahrungskette seit der Trias morphologisch nichts oder nur wenig verändert. Abschließend unterstreichen die Autoren, dass aufgrund ihrer Befunde Gattungen und sogar Arten von Mikroorganismen in der Lage waren, geologische Epochen zu überleben. Weiter oben hat sich die Nahrungskette aufgrund veränderter Umweltbedingungen (z.B. Massenaussterben an der Grenze Kreide-Tertiär) gewandelt. Seit dem unteren Mesozoikum haben die Protozoen unverändert die Zeit der Dinosauri-

er wie auch die Veränderungen unter den Angiospermen (bedecktsamigen Blütenpflanzen), Vögeln und Säugetieren überlebt. Man darf gespannt sein auf Erklärungsversuche für die unterschiedliche Auswirkung von Selektionsdrücken.

[POINAR GO, Jr, WAGGONER BM & BAUER U-C (1993) Terrestrial soft-bodied protists and other micro-organisms in Triassic amber. *Science* 259, 222-224; ROGHI G, RAGAZZI E & GIANOLLA P (2006) Triassic amber of the Southern Alps (Italy). *Palaios* 21, 143-154; SCHMIDT AR, EYNATTEN HV & WAGREICH M (2001) The Mesozoic amber of Schliersee (southern Germany) is Cretaceous in age. *Cretaceous Res.* 22, 423-428; SCHMIDT AR, RAGAZZI E, COPPELLOTTI O & ROGHI G (2006) A microworld in Triassic amber. *Nature* 444, 835.] H. Binder

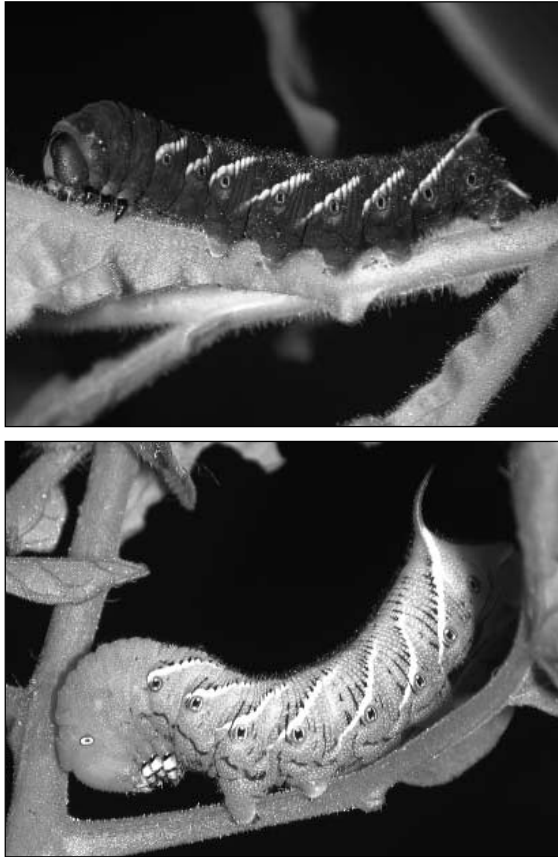
Evolution eines Polyphenismus – Beleg für Evolution oder für polyvalente Stammform?

Viele Lebewesen können unterschiedliche Gestalten ausprägen, je nachdem welche Umwelteinflüsse auf sie während ihrer Ontogenese (individuelle Entwicklung) einwirken. Ein bekanntes Beispiel ist das Landkärtchen, ein Falter, der deutlich verschiedene Sommer- und Herbstformen ausbildet. Solche Gestaltsvariationen, die nicht auf Unterschiede im Erbgut, sondern auf verschiedene Umwelteinflüsse zurückzuführen sind, nennen die Biologen Polyphenismus („Vielgestaltigkeit“).

Über die evolutive Entstehung von Polyphenismus und mithin von Umweltsensitivität ist wenig bekannt. Das Problem dabei: „Es benötigt den Erwerb von komplizierten genetischen Kontrollelementen, die die Umweltbedingungen messen und selektiv verschiedene Gengruppen, abhängig von den Bedingungen aktiviert“ (MYERS 2006). In einer 2006 veröffentlichten Studie konnten SUZUKI & NIJHOUT unter Laborbedingungen diesen Vorgang experimentell demonstrieren. Der Tomatenschwärmer (*Manduca quinquemaculata*) zeigt einen Polyphenismus: im kühleren Norden der USA sind die Raupen schwarz, was vorteilhaft für die Absorption von Sonnenlicht und damit Wärme ist. Im wärmeren Süden sind die Raupen dagegen grün und dadurch besser getarnt.

Die Autoren untersuchten nun die Raupe des nahe verwandten Tabakschwärmers (*Manduca sexta*), die normalerweise immer grün ist. Es existieren aber Mutanten des Tabakschwärmers mit schwarz gefärbten Raupen. Es konnte gezeigt werden, dass die Mutation zu einer Verringerung des Juvenilhormons führt, welches die Färbung der Haut reguliert. Im mutierten Stamm kamen jedoch Raupen vor, die nach einer Hitzeschockbehandlung in einem frühen Entwicklungsstadium unterschiedliche Grünfärbungen aufwiesen. Durch weitere Züchtung mit dieser besonderen Mutante mit sonst schwarzen Raupen erzielten die Wissenschaftler nach nur 13 Generationen einen Stamm, dessen Raupen ab einer bestimmten Temperaturschwelle von 28,5 °C immer grün statt schwarz

Abb. 1: Die schwarze und grüne Form des Tabakswärmers (*Manduca sexta*).
(Fotos: Yuichiro SUZUKI, Abdruck mit freundlicher Genehmigung)



gefärbt waren. Die höhere Temperatur führte zur Produktion von mehr Juvenilhormon, in dessen Folge wieder die grüne Färbung auftritt. Damit war eine bestimmte Umweltsensitivität (hier Sensitivität auf unterschiedliche Temperatur) und damit die Entstehung eines Polyphenismus experimentell demonstriert, ein Vorgang der auch als *genetische Akkomodation* bezeichnet wird.

Die Experimente zeigen, dass es – als Vorstufe zur sichtbaren Variation der Färbung – eine unsichtbare Variation gibt, in unserem Fall die Konzentration des Juvenilhormons. Ist diese niedrig, sind die Raupen schwarz gefärbt, ist sie hoch, dann sind sie grün – erst einmal unabhängig von der Temperatur. Die Variation (viel oder wenig Juvenilhormon) kann nun beim gezüchteten Tabakswärmerstamm bzw. natürlicherweise beim Tomatenschwärmer durch die Temperatur festgelegt und fixiert werden. Es zeigte sich, dass der gezüchtete polyphene Stamm des Tabakswärmers eine mittlere Konzentration an Juvenilhormon aufweist, die nahe beim Schwellenwert für das Umschalten von „schwarz“ auf „grün“ liegt. Durch die Temperaturerhöhung kann – wie genau ist ungeklärt – die Hormonmenge über den Schwellenwert gehoben werden, mit dem Erfolg, dass die Raupen grün statt schwarz sind (PENNISI 2006). Woher allerdings das ganze System kommt, das die Temperatursensitivität ermöglicht, ist durch diese Versuche nicht gezeigt. Offenbar wurde nur die Regulation des (an sich unsichtbaren) Hormontiters verändert (SUZUKI & NIJHOUT 2006, 652).

Die Tatsache, dass der Tomatenschwärmer *natürlicherweise* polyphen ist, kann als Hinweis darauf gewertet werden, dass das Potential zur Umweltsensitivität *ursprünglich* in der Gattung *Manduca* vorhanden ist und beim Tabakswärmer teilweise verlorengegangen war, jedoch unter Laborbedingungen wieder reaktiviert werden konnte. Damit wäre auch diese Umweltsensitivität nur ein Ausdruck der Polyvalenz der Stammform. Die Behauptung von MYERS (2006), man habe direkt die Evolution eines „komplexen, polygenischen, polyphenen Merkmals“ durch genetische Assimilation und Akkomodation im Labor beobachtet, ist durch die experimentellen Daten nicht gedeckt, wenn damit die *de novo*-Entstehung gemeint sein sollte. [MYERS PZ (2006) Evolution of a polyphenism. http://scienceblogs.com/pharyngula/2006/02/evolution_of_a_polyphenism.php; PENNISI E (2006) Hidden genetic variation yields caterpillar of a different color. *Science* 311, 591; SUZUKI Y & NIJHOUT HF (2006) Evolution of a polymorphism by genetic accommodation. *Science* 311, 650-652] R. Junker

Viren als Nützlinge?

Die Gruppe der Herpesviren besitzt eine doppelsträngige DNA als Erbmaterial. Obwohl alle Menschen im Lauf ihres Lebens vielfache Herpesviren-Infektionen haben, kommt es nur in sehr wenigen Fällen zu einer Reihe von Erkrankungen wie Fieberbläschen, Windpocken, Gürtelrose oder auch Tumore. Nach einer akuten Virusinfektion können Herpesviren ihre Erbsubstanz in die Wirts-DNA einfügen und so in einen latenten Status übergehen, der lebenslang andauert (beim Menschen ist z.B. das Epstein-Barr-Virus dafür bekannt). Dieser latente Status kann durch Reaktivierung des Virus wieder zum Ausbruch einer Krankheit führen.

Normalerweise werden Viren nur als lästige Schädlinge (Schnupfen) bis hin zu tödlichen Pathogenen (HIV, Ebola) betrachtet. Abweichend von diesem Bild berichten BARTON und Mitarbeiter über eine positive Wirkung eines Herpesvirusbefalls bei Mäusen. Wenn Mäuse mit einem Herpesvirus latent infiziert wurden, zeigten sie eine überraschende Resistenz gegenüber den Krankheitserregern *Listeria monocytogenes* (vor allem für immungeschwächte Personen und schwangere Frauen gefährlich) und *Yersinia pestis*, dem Pesterreger. Wenn solche Mäuse mit den genannten bakteriellen Krankheitserregern infiziert wurden, überlebten fast alle Herpes tragenden Mäuse, während fast alle „gesunden“ Mäuse (also diejenigen ohne Herpes-Infektion) in den Kontrollgruppen starben (Abb. 1). Dieser Schutz dauerte über einige Wochen an, wurde dann aber schwächer. Die Autoren der Studie konnten nachweisen, dass eine latente Herpesinfektion zu einer deutlichen Stimulation der Produktion bestimmter Signalübertragungsmoleküle (Cytokine) und zur Aktivierung von Fresszellen (Makrophagen) des Immunsystems

führt. Der stimulierte Teil des Immunsystems wird auch angeborenes Immunsystem genannt, weil er nicht spezifisch gegen bestimmte Erreger wirkt. Das erklärt, warum eine Virus-Infektion gegen strukturell ganz andere bakterielle Erreger schützen kann.

Die Autoren der Studie vermuten, dass solche Wirkungen auch beim Menschen vorkommen. Sie plädieren dafür, Herpesinfektionen deshalb nicht nur negativ zu sehen und spekulieren über eine symbiotische Komponente mit generellen Vorteilen für die basale Immunabwehr von infizierten Personen. Viren können übrigens auch auf verschiedene Weise zur Variabilität des Erbgutes von Organismen beitragen und wären insofern ebenfalls positiv zu wertende Evolutionsfaktoren, die eine Anpassung an neue Umweltbedingungen erleichtern könnten. Ähnlich wie bei Bakterien sind die allermeisten Viren keine Krankheitserreger. Könnten Viren vielleicht generell positive Funktionen für den Wirt haben und nur in Ausnahmefällen zu Krankheitserregern entartet sein?

[BARTON et al. (2007) Herpesvirus latency confers symbiotic protection from bacterial infection. *Nature* 447, 236-329.] S. Scherer

Die Masse machts? Wie Mann mit 1/10 der Gehirnmasse leben kann

Das Röntgenbild des Schädels verblüfft nicht nur den kundigen Betrachter: außen klebt eine dünne helle Hirnschicht wie eine Tapete an der Schädelwand und innen – gähnt blanke Leere. Neben dieser feinen Schicht aus Nervenzellen besteht dieser Gehirnschädel zu etwa 90% aus einer mit Liquor (Nervenwasser bzw. Gehirnflüssigkeit) gefüllten Ventrikel (Hirnkammer) ohne ein einziges zusätzliches Neuron. Und das nicht etwa bei einem geistig Behinderten mit hochpathologischem Gehirnschwund, sondern bei einem normalen 44-jährigen Familienvater mit normalen sozialen Beziehungen, der als Verwaltungsbeamter tätig ist. Den Ärzten aus dem Marseiller Spital La Timone, allen voran Lionel Feuillet, einem Neurologen aus der Medizinischen Fakultät der Université de la Méditerranée in Marseille, war so etwas noch nie begegnet.

Dieser Zufallsbefund wurde am 20. 7. 2007 im Fachblatt *Lancet* beschrieben. Aufgrund einer Lähmungserscheinung im linken Bein wurden Kernspin- bzw. Computertomogramme aufgenommen. Als Baby drohte dem Mann ein Hydrocephalus (Wasserkopf), ein relativ häufiges (1 von 1000) pathologisches Geschehen, das in unterschiedlichen Ausprägungen vorkommt. Normalerweise zirkuliert der Liquor und läuft über einen Drainagekanal ab. Bei diesem Patient war er jedoch verengt, was den Abfluss stark erschwerte. Damit der Überdruck nicht weiterhin das motorische Zentrum beeinträchtigte, wurde der überschüssige

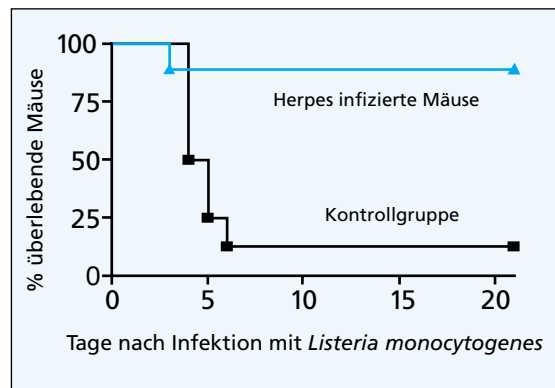


Abb. 1: Mäuse wurden mit einem Herpesvirus infiziert, das in einen latenten Status überging (obere Kurve). Vier Wochen nach der Herpes-Infektion wurde den Mäusen eine Suspension mit dem Krankheitserreger *Listeria monocytogenes* in den Bauchraum injiziert. Während die mit Herpes infizierten Mäuse fast alle überlebten (obere Kurve), starben fast alle Tiere der Kontrollgruppe (untere Kurve). Nach BARTON et al. (2007).

Liquor mittels einer implantierten Drainage („Shunt“) abgeleitet, bis die Beschwerden verschwanden. Auch beim letzten Eingriff führte die Erneuerung der Drainagenimplantation zum Abklingen der Symptome. Den ersten Eingriff dieser Art erhielt er mit 6 Monaten, den zweiten mit 14.

Das Gehirn selbst wurde durch die mit Liquor gefüllte Hirnkammer extrem stark an den Rand gedrängt. Es hat offensichtlich den verbleibenden peripheren Schädelraum jedoch so optimal genutzt, dass alle vitalen Bereiche ausreichend versorgt wurden. Hier ist natürlich von Bedeutung, dass das Gehirn über einen längeren Entwicklungszeitraum, durch eine langsam erfolgende Verschlechterung die Gelegenheit hatte, Funktionen anders bzw. neu zu verteilen, wobei man auch an „Doppelbelegungen“ denken kann. Das zeugt von einer enormen Plastizität in den neuronalen Verschaltungsmöglichkeiten. Der IQ dieses Mannes liegt zwar mit 75 im untersten Bereich der Normalverteilung (100 ist definitionsgemäß Durchschnitt), doch konnten keine auffälligen Beeinträchtigungen festgestellt werden.

Wissenschaftler stehen nach vielen Jahrzehnten Hirnforschung immer noch vor vielen ungelösten Fragen, wie ein Gehirn funktioniert: ein kleines Detail kann das ganze Gehirn lahm legen und eine große Raumforderung, die das Gehirn auf 10% zusammenschrumpfen lässt, hat nur einen vergleichsweise geringen sichtbaren Effekt. Sicher ist nur, dass Neuronendichte und Verschaltung wichtiger sind als Masse.

Allerdings lässt sich aus dem Befund noch etwas für die Paläanthropologie und damit für die Bewertung fossiler Gehirne ableiten: Hier wird eindrucksvoll bestätigt, dass die Gehirngröße weniger Aussagekraft hat, als dies in Lehrbüchern nahegelegt wird. Von dieser Perspektive sollten Differenzen in den Gehirnvolumina bei fossilen Menschen und möglichen Vorformen nicht allzu viel Bedeutung zukommen – eine immer wieder zu beobachtende Feilscherei um 50 ccm hin oder her dürfte oft keine Bedeutung haben. Dieser Einzelbefund ist auch interessant hinsichtlich der umstrittenen Deutung des winzigen Hobbit-Hirns (vgl. HARTWIG-SCHERER 2007): Manche Wissenschaftler vermuteten für die Winzigkeit seines Gesamtschädels als Pathologie einen Microcephalus, wobei es sich im

Gegensatz zum Hydrocephalus mit äußerlich eher zu großer Schädelkapsel um eine primäre oder sekundäre Wachstumsreduktion des Gehirnschädels handelt bei gleich bleibender Gehirnstruktur (HARTWIG-SCHERER 2007).

[FEUILLET L, DUFOUT, H & PELLETIER J et al. (2007) Brain of a white-collar worker. *Lancet* 370, 262; HARTWIG-SCHERER S (2007) Hickhack um den „Hobbit“. *Stud. Int. J.* 14, 35-37; <http://www.nature.com/news/2007/070716/full/070716-15.html>] S. Hartwig-Scherer

Genomik: Sind Seeanemonen auch nur Menschen?

Von allen Tierstämmen setzt sich lediglich der Stamm Porifera – die Schwämme – bereits auf einer sehr grundlegenden Ebene ab: Den Vertretern dieses Stamms fehlt es an echtem Gewebe, was ihnen – in Kombination mit ihrem relativ einfachen Grundbauplan – den wenig schmeichelhaften Namen „Nebentiere“ (Parazoa) einbrachte (vgl. CAMPBELL 2007; 754ff.). Zu den gewebelosen Tieren gesellt sich lediglich noch ein weiterer Tierstamm – Placozoa –, der durch eine einzige Art vertreten wird (neue Ergebnisse legen jedoch eine weitaus größere Vielfalt nahe; vgl. VOIGT et al. [2004]). Die verbliebene Vielfalt der Tierstämme gehört zur Abteilung (Divisio) der Eumetazoa, die also auch alle Würmer, Gliederfüßer wie Insekten, Fische, Dinosaurier, Vögel und Menschen mit einschließt.

Die älteste Gruppe innerhalb der Eumetazoa, denen von der Evolutionsbiologie ein monophyletischer Ursprung bescheinigt wird, sind die Radiata, die aufgrund ihres zentralen Hohlraums auch als „Hohltiere“ bekannt sind. In ihrem Stamm der Cnidaria finden wir neben Quallen und Korallen auch die Seeanemonen als einer der im Evolutionsparadigma frühesten Vertreter der Gewebetiere überhaupt.

Aufgrund dieser Stellung im evolutionären Gesamtgefüge hatten die Seeanemonen immer als sehr primitive Organismen gegolten – diese aus dem gängigen Evolutionsverständnis abgeleitete Ansicht wurde nun durch eine Genom-Sequenzierung der Sternchenanemone *Nematostella vectensis* massiv in Frage gestellt. Die Untersuchungen von PUTMAN et al. (2007) legten eine ungeahnte Komplexität offen, die bis dahin nicht für möglich gehalten worden war. Insgesamt, so die Forscher, sei das komplexe Seeanemonen-Genom dem der Wirbeltiere ähnlicher als beispielsweise dem der Fliegen (untersucht an der Fruchtfliege *Drosophila melanogaster*). Viele der genetischen Eigenschaften der Seeanemone erinnerten gar an das menschliche Erbgut. Diese anfänglich vorhandene und bei den Fliegen und Fadenwürmern im Laufe der vorausgesetzten Evolution wieder verlorene Komplexität widerspricht laut PHILLIPS (2007) dem „weithin vertretenen Standpunkt, dass Organismen durch Evolution komplexer werden“.

Aus der Perspektive der Schöpfungsforschung

ist es eine erklärte Erwartung, dass auch geologisch früher auftretende Lebewesen voll entwickelt sind und große Komplexität aufweisen können. Die Befunde von PUTMAN et al. (2007) passen außerdem zum Konzept des Baukastensystems (JUNKER 2003), wonach genetische Ähnlichkeiten oberhalb der Grundtyp-Ebene nicht auf eine gemeinsame Stammesgeschichte zurückzuführen, sondern durch einen gemeinsamen Urheber, welcher die selben „Bausteine“ für den Aufbau ansonsten ganz verschiedenartiger Baupläne verwenden kann, während diese Organismengruppen im naturalistischen Evolutionsparadigma weit getrennt sein sollten. Diese Interpretation geht jedoch über eine naturwissenschaftliche Interpretation hinaus und bedarf einer gesonderten Betrachtungsweise.

Dass diese hochkomplexen genetischen Strukturen bereits zu Beginn der Geschichte der Eumetazoa vorhanden sind und nicht erst nach einer langen evolutionären Strecke graduell auftauchen, stellt für gängige Evolutionsvorstellungen eine große Herausforderung dar und passt zu einer Interpretation, welche das Auftauchen neuer Eigenschaften nicht von evolutivem Fortschritt abhängig macht. Interessanterweise ist dieser Eindruck so offensichtlich, dass auch solche Wissenschaftler, welche von einem rein naturgesetzlich erklärbaren Ursprung der biologischen Information durch ungelinkte Prozesse ausgehen, gerne auf „Schöpfungsvokabular“ zurückgreifen – so beispielsweise DANIEL ROKHSAR, der oben beschriebenes Phänomen folgendermaßen kommentiert: „We have this basic toolkit now for the whole animal kingdom [...] It gives a kind of unity to all animals that I think is kind of surprising“ (PHILLIPS 2007).

Die Frage jedoch, ob diese Einheit durch einen gemeinsamen Vorfahren erreicht wird, oder vielmehr Ausdruck desselben Urhebers ist, ist angesichts oben vorgestellter Forschungsergebnisse offener denn je.

[CAMPBELL NA (2006) Biologie. Pearson Studium. München; JUNKER R (2003) Baum, Baukasten, Netzwerk. *Stud. Int. J.* 10; 3-11. PHILLIPS ML (2007) Surprises in sea anemone genome. <http://www.the-scientist.com/news/display/53364/>; PUTMAN NH et al. (2007) Organization Eumetazoan Gene Repertoire and Genomic Sea Anemone Genome Reveals Ancestral. *Science* 317, 86; VOIGT O et al. (2004) Placozoa – no longer a phylum of one. *Current Biology* 14, R944-945] C. Heilig

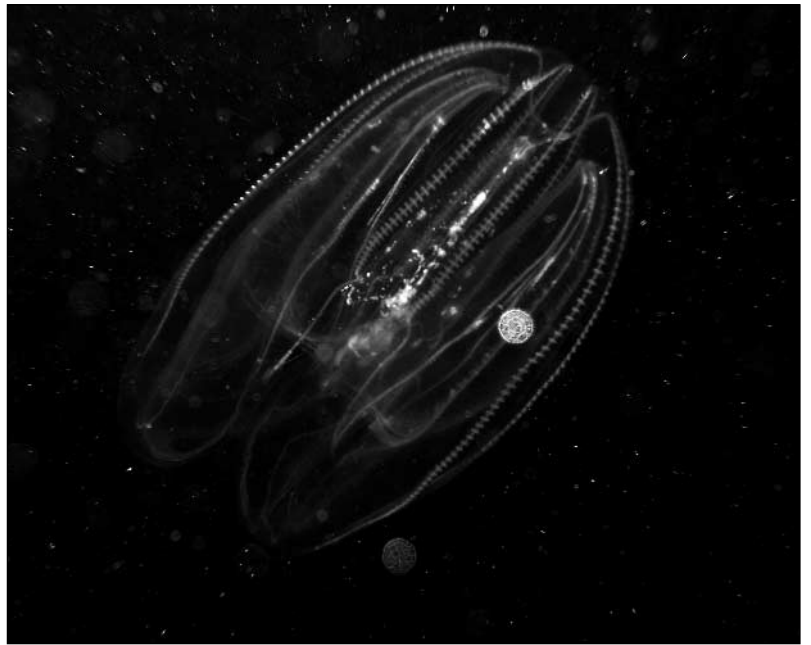
Rippenquallen aus dem Kambrium

Die Kambrische Explosion stellt nach wie vor eines der größten Rätsel in der Geschichte des Lebens dar. Während einer im konventionellen geologischen Rahmen vergleichsweise kurzen Zeitspanne von nur 10 bis 25 Ma entstanden nahezu alle modernen Tierstämme mit Hartteilen, ohne dass passende Vorfahren bekannt wären. Zusätzlich kommt hinzu, dass die gefundenen Tierstämme über ein komplexes Merkmalsmuster verfügen und miteinander kaum in verwandtschaftliche Bezie-

hungen zu bringen sind (FUTUYMA 2007; VALENTINE 2004; vgl. JUNKER & SCHERER 2006). Zur Lösung dieses Problems wurden bereits hypothetische Vorläufer postuliert, die etwa durch geringe Größe, zarten Bau oder schlechte Fossilisationsbedingungen nicht erhalten sein sollen. Die aus dem Präkambrium überlieferten, zum Teil mikroskopisch kleinen Fossilien belegen jedoch, dass eine zarte Struktur nicht prinzipiell einen Hinderungsgrund für eine Fossilisation darstellt (JUNKER & SCHERER 2006, 231). Weiterhin legen Sequenzvergleiche von Genen nahe, dass sich die Entstehung der Tierstämme tatsächlich in kürzester Zeit vollzog, der durch die Fossilien übermittelte Eindruck also die Realität widerspiegelt und kein Trugbild darstellt (JUNKER 2006). Von der Entdeckung frühkambrischer Fossilien erhofft man sich daher Aufschluss über die Evolution der einzelnen Tierstämme.

Aus Ningqiang (Süd-China) vermeldet ein internationales Forscherteam den Fund eines auffallend gut erhaltenen Embryos einer Rippenqualle (Ctenophora) aus dem frühen Kambrium (SCHOPF 2007). Mittels Raman-Spektroskopie und Konfokalmikroskopie konnten bei dem nur 190 Mikrometer messenden Fossil kleinste Strukturen sichtbar gemacht werden, so zum Beispiel die Mundöffnung und die typischen acht Kammreihen, die alle Arten der Ctenophora aufweisen. Auffallend ist allerdings das Fehlen der Tentakel. Die Forscher schließen daraus, dass diese zu einem späteren Zeitpunkt evolviert sind. Der Embryo war von einer Membran umschlossen und befand sich in einem fortgeschrittenen Entwicklungsstadium, kurz vor dem Schlüpfen. Schlüsse auf adulte (erwachsene) Exemplare können gezogen werden, da sich Rippenqualen in allen Entwicklungsstadien ab der befruchteten Eizelle in erster Linie durch ihre Größe unterscheiden, nicht jedoch vom grundsätzlichen Aufbau (PURVES 2006, S. 767). Das Alter des Fossils wird mit 540 Ma angegeben (SCHOPF 2007, 6291) und reicht damit beinahe bis an den Anfang der Kambrischen Explosion zurück, deren Beginn mittlerweile auf 542 Ma (FUTUYMA 2007) datiert wird. Der Embryo gleicht mit seinen Merkmalen bereits früher gefundenen Fossilien ausgewachsener Tiere der Art *Maotianoascus octonarius* aus der Chengjiang-Fauna in Süd-China, die auf ein Alter von 530 Ma datiert werden und damit deutlich jünger sind.

Die Evolution der Rippenqualen liegt nach wie vor im Dunkeln, bisher wurden lediglich Vendobionten der Edicara-Fauna als Vorfahren vorgeschlagen. Die Autoren merken jedoch an, dass dafür viele undokumentierte Zwischenschritte nötig wären, um die tiefgreifenden Veränderungen in Bau und Funktion zu realisieren. Die Rippenqualen wurden auch schon als Zwischenglied zwischen den Schwämmen und Nesseltieren vermutet, hier treten jedoch noch größere Schwierigkeiten beim Versuch auf, diese Stämme miteinander zu verbinden (SCHOPF 2007, 6291).



Mit dem Fund dieser ältesten bekannten Rippenqualle konnten keine neuen Hinweise auf eventuelle Vorfahren oder die Verwandtschaftsbeziehungen zu anderen Tierstämmen gewonnen werden. Vielmehr wurde ein weiteres Mal bestätigt, dass bereits beim erstmaligen Auftauchen der einzelnen Tierstämme im Kambrium differenzierte Baupläne vorlagen, die deutlich voneinander abgegrenzt sind und zum Teil über viele „hochentwickelte“ Merkmale verfügen. Wieder einmal wird deutlich, dass mehr „Wissen“ nicht unbedingt mehr Klarheit für naturalistische Ursprungsmodelle bedeutet – die Lage hat sich im Gegenteil verschärft. [FUTUYMA DJ (2007) Evolution. München, 97-99; JUNKER R (2006) Entstehung der kambrischen Tierwelt – auch nach molekularen Daten explosiv. Stud. Int. J. 13, 46f.; JUNKER R & SCHERER (2006) Evolution – ein kritisches Lehrbuch. Gießen, 229 ff.; PURVES WK (2006) Biologie. München, 766 f.; SCHOPF WJ (2007) Raman spectra of a Lower Cambrian ctenophore embryo from southwestern Shaanxi, China. Proc. Natl. Acad. Sci. 104, 6289-6292; VALENTINE JS (2004) On the origin of phyla. Chicago und London.] C. Passon

Abb. 1: Rippenqualle *Mnemiopsis leidyi* (Foto und ©: Jan Langmaack; www.tauchen24.info; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

Du Wurm? Du Qualle!

Das Tierreich besteht aus zwei großen Untergruppen, den zweiseitig symmetrischen Tieren (z.B. Wirbeltiere) und den radiärsymmetrischen, wie Schwämme, Quallen und Rippenqualen. Ein merkwürdiger, kleiner Wurm (*Buddenbrockia*), der als Parasit in Moostierchen (Bryozoa) lebt, entzog sich lange Zeit einer genauen Einordnung. Das kleine Tier ist wurmförmig und führt auch wurmartig-schlagende und schnelle Bewegungen aus. Es besitzt keinen Magen, keine inneren Organe oder Sinnesorgane. Entlang der Körperachse befinden sich unter der Haut vier Muskelstränge, mit denen dieses Tier seine wurmartigen Bewegungen ausführt. Diese Parasiten bilden Sporen, die sich an neue Wirte durch nesselzellähnliche Kapseln

anheften. Dieser letztere Befund legte für manche Forscher bereits eine Einordnung in der Nähe der Nesseltiere (Cnidaria), zu denen die Quallen gehören, nahe. Dagegen sprach jedoch die eigentümliche Art der Bewegung, die bei den Nesseltieren so nicht vorkommt, eher für eine Einordnung innerhalb der zweiseitig symmetrischen Tiere, z.B. in der Nähe der Fadenwürmer (Nematoden).

Eine neue genetische Analyse platzierte diesen Wurm, wenn auch nur mit Mühe, in die Nähe der Medusen (Quallen). Laut den Wissenschaftlern wurde hiermit zum ersten Mal ein eindeutig radiärsymmetrisches Tier beschrieben, welches sich wie ein typisch zweiseitig symmetrisches bewegt und auch so aussieht. JIMÉNEZ-GURI und Mitarbeiter (2007) vermuten, dass sich der wurmförmige Körper innerhalb der Nesseltiere unabhängig von anderen Würmern in einer parallelen Evolution herausgebildet habe und schreiben (Übertragung): „Parallele Evolution, die zur Entstehung des wurmförmigen Körpers führte, könnte ein konserviertes Entwicklungssystem der Musterbildung [...] zwischen den zweiseitig symmetrischen Tieren und den Nesseltieren ausgenutzt haben.“ Die Mechanismenfrage, wie eine solche komplexe Parallelbildung entstehen kann, bleibt wohl zukünftiger Forschung vorbehalten.

[JIMÉNEZ-GURI E, PHILIPPE H, OKAMURA B & HOLLAND PWH (2007) *Buddenbrockia* is a cnidarian worm. *Science* 317, 116-118.] N. Winkler

Neue Untersuchung zur präbiotischen Synthese von Cytidin

Angesichts der Bedeutung von Nukleinsäuren für lebende Zellen spielen diese Biopolymere auch in der Diskussion über mögliche Szenarien zur Lebensentstehung eine prominente Rolle (z. B. RNA-Welt). Dabei fällt auf, dass auch nach über 80 Jahren experimenteller Untersuchungen – wenn man OPARINS Publikation von 1924 als Ausgangspunkt nimmt – noch keine Synthesen für die molekularen Bausteine einer Zelle vorgestellt wurden, von denen man annehmen kann, dass sie zufällig, ohne speziell herbeigeführte und aufrecht erhaltene Randbedingungen ablaufen könnten. Diese unbefriedigende Situation stellt für Chemiker, die sich mit der präbiotischen Chemie der Lebensentstehung beschäftigen, eine große Herausforderung dar.

SUTHERLAND und seine Mitarbeiter haben eine Untersuchung vorgelegt, in der sie basierend auf einer Synthese, die SANCHEZ & ORGEL (1970) veröffentlicht haben, eine alternative Synthese eines Ribosederivats (Ribose-2-aminooxazolin) beschreiben (ANASTASI et al. 2006). Dabei umgehen sie die Synthese von freier Ribose; für diese Aldopentose liegt bisher keine plausible präbiotische Synthese vor und außerdem ist dieser Zucker chemisch nicht sehr stabil. Das Ribosederivat lässt sich – bei reinen

Ausgangsverbindungen (!) – in erstaunlich hoher Ausbeute (44%) aus 2-Aminooxazolin und Glyceraldehyd in wässriger Lösung gewinnen. Ribose-2-aminooxazolin ist unter den Reaktionsprodukten das am wenigsten lösliche, so dass das gewünschte Produkt durch Kristallisation gewonnen wurde. Liegt eines der beiden Enantiomeren in einem Überschuss von 60% vor, so erhalten die Autoren durch Kristallisation enantiomerenreines L- bzw. D-Ribose-2-aminooxazolin.

Durch Umsetzung von Ribose-2-aminooxazolin mit Cyanoacetylen kann man α -D-Cytidin in einer Ausbeute von 10-20% erhalten.

Nukleoside in Nukleinsäuren sind β -konfiguriert (der N-Heterocyclus ist in der ebenen Darstellung nach oben angeordnet). Also muss α -D-Cytidin (Anordnung der N-Heterocyclus nach unten) in die β -Verbindung umgewandelt werden. Diese Anomerisierung – Konfigurationsumkehr an einem asymmetrisch substituierten Kohlenstoffatom – kann durch Bestrahlung herbeigeführt werden. Die Ausbeute an dem gewünschten Produkt ist allerdings sehr gering (4-6%). In einer jüngsten Studie untersuchten SUTHERLAND et al. diese Umwandlungsreaktion mit dem Ziel, den Mechanismus zu verstehen und die Reaktion hinsichtlich der Ausbeute zu optimieren (POWNER et al. 2007). Darüber hinaus wurde noch die Einführung von Phosphatgruppen untersucht. Sie werden ebenfalls zum Aufbau von Nukleinsäuren benötigt.

^1H -NMR Untersuchungen lieferten Hinweise dafür, dass unter dem Einfluss der Bestrahlung die Nukleobase zerstört wird und dies ebenso wie die Abspaltung des N-Heterocyclus von der Ribose Ursachen für die geringen Ausbeuten sind. Bei der Bestrahlung von α -D-Cytidin-5'-phosphat erhielten POWNER et al. (2007) das gewünschte β -Produkt in 16% Ausbeute (SANCHEZ & ORGEL [1970]: 6%). Umfangreiche ^1H -NMR Studien zeigten auch hier, dass durch die Bestrahlung die Ausgangsverbindung abgebaut und umgelagert wird, was zu starkem Ausbeuteverlust führt. Für Cytidin-3'-phosphat ist ebenfalls ein weitgehender Abbau und damit eine geringe Ausbeute zu erwarten. Die Autoren kündigen weitere Studien mit Cytidin-2'-phosphat an, bei dem die beobachteten Abbaureaktionen nicht erwartet werden.

Nach bisherigen Erkenntnissen lassen sich also Cytosin- und Cytidinverbindungen in erstaunlich guter Ausbeute unter Bedingungen synthetisieren, die als präbiotisch gelten könnten, d.h. ohne äußerst hypothetische Randbedingungen. Es entstehen dabei allerdings die falschen Raumstrukturen (α - anstatt der β -Verknüpfung). Die Resultate von SUTHERLAND et al. zeigen, dass die Umwandlung durch Bestrahlung den größten Teil der Vorprodukte wieder zerstört. Außerdem liegen für das eingesetzte 2-Aminooxazolin derzeit noch keine Synthesen vor, die unter präbiotischen Bedingungen plausibel sind. Ein aus dem Blickwinkel der

Chemie zur Lebensentstehung verheißungsvoller Weg scheint sich wieder einmal als Sackgasse zu entpuppen in dem Sinne, dass zwar eine gute Idee für eine Synthese eines Bausteines für Biomoleküle angegeben wird, die benötigten Ausgangsstoffe dabei aber vorausgesetzt werden, ohne dass eine plausible Synthese dafür vorgestellt wird. Außerdem wird die Ausbeute im Verlauf der mehrstufigen Synthese marginalisiert. Gespannt darf man auf die weiteren Ergebnisse aus der Arbeitsgruppe von SUTHERLAND warten; werden sie Wege aus dieser Sackgasse aufzeigen können?

[ANASTASI C, CROWE MA, POWNER MW & SUTHERLAND JD (2006) Direct assembly of nucleoside precursors from two- and three-carbon units. *Angew. Chem.* 118, 6322-6325; *Angew. Chem. Int. Ed.* 45, 6176-6179; POWNER MW, ANASTASI C, CROWE MA, PARKES AL, RAFTERY J & SUTHERLAND JD (2007) On the prebiotic synthesis of ribonucleosides: photoanomerization of cytosine nucleosides and nucleotides revisited. *Chem. BioChem.* 8, 1170-1179; SANCHES RA & ORGEL LE (1970) Studies on prebiotic chemistry: V. Synthesis and photoanomerization of pyrimidin nucleosides. *J. Mol. Biol.* 47, 531-543.] H. Binder

Genom-Transplantation – Schritte auf dem Weg zum Leben aus dem Labor?

Lebende Zellen besser zu verstehen und zukünftig vielleicht sogar selbst herstellen zu können, ist eine seit vielen Jahren formulierte Herausforderung für die Biowissenschaften. Im Rahmen dieser Bemühungen stehen Projekte, in welchen nach dem kleinstmöglichen Genom für Mikroorganismen gesucht wird oder die denkbar einfachsten Zellen erforscht werden. Unter dem Begriff „synthetische Biologie“ werden diese Bemühungen zusammengefasst (<http://www.syntheticbiology3.ethz.ch>). Craig VENTER war mit Aufsehen erregenden Äußerungen und Beiträgen maßgeblich an der Etablierung dieses Arbeitsbereichs beteiligt. Nun wurde aus dem von ihm gegründeten und nach seinem Namen benannten Institut (J. Craig Venter Institute, Rockville, USA) eine Methode veröffentlicht, mit der es erstmals gelungen ist, ein komplettes Genom als freie DNA von einem Mikroorganismus in einen anderen zu übertragen. VENTER und seine Mitarbeiter schlagen für diese Methode den Begriff „Genom-Transplantation“ vor (LARTIGUE et al. 2007). Dabei wird das ursprüngliche Genom der Empfängerzelle komplett durch das neue Genom ersetzt und es prägt Geno- und Phänotyp der veränderten Zelle.

LARTIGUE et al. benutzten für ihre Arbeiten zwei schnell wachsende und eng verwandte *Mycoplasma*-Arten (*M. capricolum* und *M. mycoides*), wobei *M. mycoides* als Genomspender und *M. capricolum* als Empfänger fungierten; umgekehrt funktioniert der Transfer nicht. 76,4% des 1 083 241 bp (bp = Basenpaare) umfassenden Genoms des Spenderstammes deckt sich mit dem kleineren Genom des Empfängerstammes (1 010 023 bp) zu 91,5%, beim

Rest (23,6%) handelt es sich um insertierte (eingefügte) Sequenzen, die in *M. capricolum* nicht vorkommen (beide Genome wurden im Rahmen dieser Arbeit nach der von VENTER entwickelten „Schrotschussmethode“ sequenziert).

Im transplantierten Genom aus *M. mycoides* waren aus methodischen Gründen Gene für Tetracyclinresistenz (*tetM*) (Antibiotikaresistenz) und β -Galaktosidase (*lacZ*) (Erzeugung eines blauen Farbstoffs) enthalten. Für die Handhabung des mechanisch gegen Scherkräfte in Pufferlösungen hochempfindlichen DNA-Makromoleküls mussten neue Methoden entwickelt werden. Die geernteten *M. mycoides*-Zellen wurden in Agarosegel eingebettet und nach Auflösung der Zellen die DNA in den entstandenen Kavernen gereinigt. Durch Gelelektrophorese wurde nachgewiesen, dass für die weiteren Schritte ein vollständiges, ringförmig geschlossenes Bakterienchromosom zur Verfügung stand.

Das so gewonnene Genom wurde mittels der Ethylenglykol-Methode in *M. capricolum* transfertiert. Die so behandelten Zellen wurden in Gegenwart von Antibiotika kultiviert. Nach drei Tagen waren große blaue Kolonien erkennbar (*M. mycoides*) und nach 10 Tagen kleine blaue und farblose *M. capricolum*-Kolonien. Neben der Transplantation des Genoms fand offensichtlich auch Rekombination statt. Durch Kontrollexperimente wurde sichergestellt, dass es sich bei den *M. mycoides*-Kolonien nicht um Infektionen mit ursprünglichen Zellen handelte. Einzelne *M. mycoides*-Kolonien wurden ausgelesen und unter erhöhter Tetracyclin-Konzentration weiter kultiviert.

Um zu belegen, dass es sich bei den *M. mycoides*-Kolonien wirklich um Zellen mit transplantiertem Genom handelt, und um Rekombination in diesen Zellen auszuschließen, wurden an den weiterkultivierten Kolonien sowohl der Genotyp (durch Sequenzierung) als auch der Phänotyp (durch Proteom-Analyse und Tests mit Antikörpern, die jeweils spezifisch an die Zelloberflächen von *M. mycoides* bzw. *M. capricolum* binden) ermittelt.

Nach Optimierung des Verfahrens gelang laut Angaben der Autoren die Genom-Transplantation bei einer Empfängerzelle unter 150 000, wobei der Mechanismus noch nicht verstanden ist.

Damit ist zum ersten Mal ein Transfer des gesamten Genoms zwischen zwei sehr ähnlichen Organismen herbeigeführt und dokumentiert worden. Sollten sich diese Methoden als zuverlässig erweisen, dann würde nach Auffassung von LARTIGUE et al. (2007) in den Empfängerzellen eine Plattform zur Verfügung stehen, um durch Genom-Transplantation neue Arten mit wählbaren Eigenschaften herzustellen.

Derzeit ist freilich noch unklar, ob die Methode auf andere Organismen übertragbar ist und ob damit auch Genome, die stärker vom Empfänger-genom abweichen, erfolgreich transplantiert wer-

den können (*Mycoplasma* hat im Gegensatz zu den meisten Bakterien keine Zellwand, welche den Transfer von DNA erheblich erschwert).

In der Natur kommt die Übertragung von großen Teilen eines Bakteriengenoms von einer Donor- in eine Empfängerzelle im Rahmen der parasexuellen Konjugation vor. Dabei kommt es auch zum Transfer zwischen verschiedenen Arten, sogar zwischen Gattungen. Die Übertragung eines kompletten Genoms auf diesem Wege ist zwar sehr unwahrscheinlich, aber durchaus nicht ausgeschlossen. Die Autoren der neuen Studie haben damit einen komplexen, natürlich vorkommenden Vorgang durch ein biotechnologisches Verfahren ersetzt und damit handhabbar gemacht.

Während die von LARTIGUE et al. (2007) vorgestellte Methode von manchen als wichtiger Schritt auf dem Weg zu künstlichen Zellen mit minimalem Genom gefeiert wird, mahnen andere Wissen-

schaftler Überlegungen zu sozialen, ethischen und Sicherheitsaspekten an (PENNISI 2007).

Jedenfalls liegt hier ein weiteres Beispiel dafür vor, dass gegenwärtig ein biotechnologischer Handlungsspielraum verfügbar ist, dem das biologische Verständnis weit hinterherhinkt. Auch machen die Bemühungen der Autoren um weitgehende patentrechtliche Absicherungen nachdenklich im Blick auf die wirtschaftliche Motivation für das Projekt.

Inwieweit diese Methoden wirklich dazu beitragen, dass eines Tages künstliche Zellen im Labor erzeugt werden, die nicht mehr von lebenden Zellen unterschieden werden können, bleibt abzuwarten.

[LARTIGUE C, GLASS JI, ALPEROVICH N, PIEPER R, PARMAR PP, CLYDE A., HUTCHISON III CA, SMITH HO & VENTER JC (2007) Genome transplantation in bacteria: changing one species to another. *Science* 317, 632-638; PENNISI E (2007) replacement genome gives microbe new identity. *Science* 316, 1827.] H. Binder

LESERECHE

Zu N. Winkler, Ameisen – neue Überraschungen (Teil 3). Studium Integrale Journal 14 (2007), 30-32.

Wieder ein klasse Heft ist euch da gelungen! Als Insektenfreund habe ich mit großer Begeisterung den Artikel von Niko Winkler gelesen. Ein großes Lob, weil dieser Artikel neben vielen interessanten faunistischen Details dennoch gut lesbar geblieben ist!

Eine kleine Anmerkung dazu noch: Blattschneiderameisen sind keine Pflanzenfresser. Die Bemerkung „In Amerika sind sie auch wichtige Pflanzenfresser vertreten durch die Blattschneiderameisen“ (S. 30) ist zumindest missverständlich. Diese Ameisen tragen die Pflanzenteile nur in ihren Bau, um dort das Myzel eines Pilzes zu fressen, das sie darauf „kultivieren“.

In Peru konnte ich letzten Herbst beobachten, wie eine Kolonie Blattschneiderameisen in nur einer Nacht einen großen Zitronenbaum komplett entlaubte!

Winfried Borlinghaus

Antwort des Autors zum Leserbrief von Winfried Borlinghaus:

Der Leser hat recht, was die missverständliche Formulierung angeht. Die Blattschneiderameisen sind in der Tat nur indirekte Pflanzenfresser und der Satz bezog sich auf ihre ökologische Funktion in den dortigen Habitaten.

Niko Winkler

Kontroversenin der
Phylogenetischen
Systematik der
MetazoaStefan Richter &
Walter Sudhaus (Hg.)**Stefan Richter &
Walter Sudhaus
(Hg, 2004) Kontro-
versen in der
Phylogenetischen
Systematik der
Metazoa.****Sitzungsbericht****der Gesellschaft Naturforschender
Freunde zu Berlin. N. F. 43, 1-221.**

In vielen Lehrbüchern zur Evolution (wie z. B. der Neuauflage des renommierten „Linder Biologie. Lehrbuch für die Oberstufe“, 22. überarbeitete Auflage 2005) wird der Eindruck erweckt, molekulare Ähnlichkeitsbäume (Dendrogramme) würden gut mit den Stammbäumen übereinstimmen, die auf der Basis der vergleichenden Anatomie aufgrund morphologischer (gestaltlicher) Merkmale aufgestellt wurden. Die Fachliteratur zeichnet jedoch schon lange ein deutlich differenzierteres Bild. In einem 2004 veröffentlichten Sammelband „Kontroversen in der Phylogenetischen Systematik der Metazoa“ wird in den einzelnen Beiträgen häufig darauf hingewiesen, dass die auf Gensequenzen beruhenden Stammbäume bislang sicher geglaubte Verwandtschaftsbeziehungen in Frage stellen. Im Vorspann-Artikel schreiben RICHTER & SUDHAUS (S. 5f.): „Die Verwirrung hält bis heute an. 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.“ Die Autoren stellen weiter fest, dass zwar in vielen Fällen verschiedene molekular-systematische Untersuchungen auch morphologisch begründete Cladogramme bestätigt hätten, wir insgesamt aber dennoch heute in der Großsystematik in einer Phase großer Kontroversen stecken. Das werde leider in den meisten Lehrbüchern nicht deutlich, „wo nur ausnahmsweise Alternativen diskutiert werden, für die es ebenso gute Argumente gibt“ (S. 6).

Im folgenden sollen einige Streiflichter aus den neun Beiträgen zur Phylogenie verschiedener Großgruppen der Metazoen (vielzellige Tiere) zu-

sammengestellt werden.

Gerhard SCHOLTZ befasst sich mit der Position der **Rippenquallen (Ctenophora)** im phylogenetischen System. Nach den charakteristischen Furchungsteilungen sind die Ctenophoren und Cnidarier (Nesseltiere) eindeutig Schwestergruppen, die klassisch als Coelenteraten (Hohltiere) zusammengefasst werden. Andererseits gibt es aber auch Merkmale, die für ein Schwestergruppenverhältnis zwischen den Ctenophoren und den Bilateria (zweiseitig symmetrische Tiere) sprechen, womit die Übereinstimmungen zwischen den Medusen der Cnidarier und denen der Ctenophoren als konvergent anzusehen wären (S. 15). Darüber hinaus wurden die Ctenophoren auch schon als Schwestergruppe der Deuterostomier („Neumünder“) und in die Nähe der Plathelminthes (Plattwürmer) gestellt. „Leider haben molekular-phylogenetische Analysen keine Klärung in dieser Frage gebracht. Die Ctenophora tauchen hier in ganz unterschiedlichen Positionen auf. ... manchmal sogar innerhalb der Schwämme positioniert“ (S. 16). Unangefochten ist jedoch die Monophylie der drei Gruppen Cnidaria, Ctenophora und Bilateria, sowohl aufgrund molekularer als auch morphologischer Analysen (S. 17).

Eine Pattsituation stellt Andreas SCHMIDT-RHAESA bei Hypothesen zur Position der **Articulata** (Gliedertiere; Annelida [Ringelwürmer] + Arthropoda

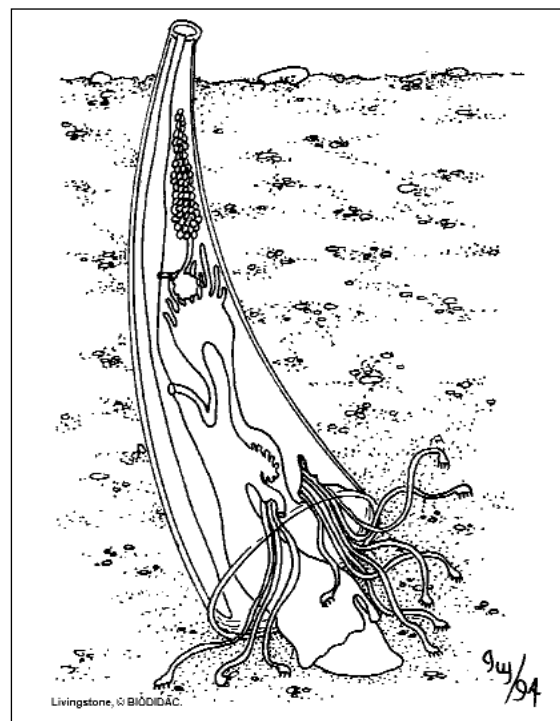


Abb. 1: Scaphopoden-
Bauplan (© BIODI-
CAC, biodidac.bio.uottawa.ca; Abdruck
mit freundlicher
Genehmigung)

Glossar

Annelida: Ringelwürmer

Apomorphie: abgeleitetes („höherentwickeltes“) → homologes Merkmal

Articulata: Gliedertiere

Arthropoda: Gliederfüßer

Bilateria: zweiseitig symmetrisch aufgebaute Tiere

Chelicerata: „Scherenträger“

Cnidaria: Nesseltiere, einfach gebaute, vielzellige Tiere der Meere und seltener von Süßgewässern. Zu ihnen z. B. die Schirm- und Würfelquallen, Seeanemonen und Korallen.

Crustacea: Krebstiere

Ctenophora: Rippenquallen, werden klassisch mit den → Cnidaria zu den Hohltieren (Coelenterata) zusammengefasst. Kennzeichnend sind kammartige Plättchen, mit denen die „Rippen“ bedeckt sind.

Deuterostomia: „Neumünder“; → Bilateria, bei denen der Urmund während der Embryonalentwicklung des Darmes zum After wird. Der Mund durchbricht sekundär aus dem Urdarm.

Hexapoda: „Sechsfüßer“, Insekten

Homologie: Gleichwertigkeit von Strukturen oder Organen im Bau und in der Lage im Gesamtorganismus. Häufig im stammesgeschichtlichen Sinne als Gleichartigkeit von Merkmalen aufgrund gemeinsamer Abstammung interpretiert.

Konvergenz: Mehrfach unabhängig (von verschiedenen Ausgangsstrukturen) entstandenes baugleiches Merkmal

Mandibel: kräftige Kaulade (Mundwerkzeug) bei → Arthropoden

Metazoa: vielzellige Tiere

monophyletische Gruppe: Gruppe, die ausschließlich alle Nachfahren einer Stammart inklusive der Stammart selbst einschließt.

morphologisch: die äußere Gestalt betreffend.

Myriapoda: Tausendfüßer

Phylogenie: Stammesgeschichte

Protostomia: „Urmünder“; → Bilateria, bei denen der Urmund während der Embryonalentwicklung zum endgültigen Mund wird.

Schwestergruppe: Zwei → Taxa, die auf eine nur ihnen gemeinsame Stammart zurückgeführt werden können.

Segmentierung: Unterteilung in gleichartige Körperteile wie z. B. beim Regenwurm.

Taxon (pl. Taxa): systematische Gruppe

Tentaculata: „Tentakelträger“, Tiergruppe aus Bryozoen, Armfüßern (Brachiopoden) und Hufeisenwürmern (Phoroniden).

Synapomorphie: mehreren → Taxa gemeinsames abgeleitetes („höherentwickeltes“) → homologes Merkmal

[Gliederfüßer]) bzw. **Ecdysozoa** („Häutungstiere“; Cycloneuralia + Arthropoda) fest. Für beide sich ausschließenden Gruppen gibt es gleichwertige Argumente für eine Monophylie: „Für die Ecdysozoa spricht neben molekularen Daten der Komplex Cuticula/Häutung. Für die Articulata spricht der Komplex Segmentierung (Unterteilung in gleichartige Körperteile wie z. B. beim Regenwurm). Beide Komplexe sind aus Unterstrukturen aufgebaut, die für sich genommen eine weitere Verbreitung im Tierreich haben. Selbst wenn sich der Komplex Segmentierung stärker gewichten ließe als der Komplex Cuticula/Häutung, bleibt der Konflikt mit der (vielfältigen) molekularen Unterstützung der Ecdysozoa. Es muss also entweder eine weitreichende Übereinstimmung auf molekularer Ebene (bei den Ecdysozoa) oder eine weitreichende Übereinstimmung morphologischer Strukturen (bei den Articulata) konvergent entstanden sein“ (S. 45f.). Hier hat mehr Wissen eindeutig mehr offene Fragen bezüglich der Verwandtschaftsverhältnisse gebracht, denn lange Zeit „war im deutschen Sprachraum keine Frage, wer die nächsten Verwandten der Arthropoda sind“ (S. 35), nämlich die Annelida, mit denen sie zusammen das Taxon Articulata

bilden. „Es war deshalb überraschend, dass sich bei vergleichenden Analysen des 18S rRNA-Gens keine Unterstützung für die Monophylie der Articulata finden ließ“ (S. 35). Stattdessen boten sich die Cycloneuralia als Teiltaxon der Nematelminthes (Schlauchwürmer) als Schwestergruppe der Arthropoda an. Das beiden Gruppen gemeinsame Merkmal der Häutung (Ecdysis) diente der Namensgebung Ecdysozoa. Die Schlussfolgerung auf weitreichende Konvergenz könnte allenfalls dann vermieden werden, wenn alle Merkmale in einem hypothetischen gemeinsamen Vorfahren ausgebildet gewesen wären, von denen dann einige in vielen Linien verlorengegangen sein müssten. SCHMIDT-RHAESA weist auch daraufhin, dass die Verwandtschaftsverhältnisse der Annelida, Arthropoda, Echiurida (Igelwürmer), Kamptozoa (Kelchwürmer), Mollusca (Weichtiere) und Sipunculida (Spitzwürmer) zueinander nicht befriedigend gelöst sind (S. 45).

Gerhard STEINER beleuchtet die Phylogenie der **Mollusken** (Weichtiere: Schnecken, Muscheln, Tintenfische). Auch hier treten z. T. massives Merkmalswidersprüche auf. Entweder sind die morphologischen Übereinstimmungen der Scaphopoda (Kahnfüßer, Abb. 1) mit den Bivalvia (Muscheln) oder jene mit den Cephalopoden (Tintenfische) konvergent entstanden (S. 58).

Kontroversen in der phylogenetischen Systematik der **Euarthropoda** stellen Stefan RICHTER & Christian WIRKNER dar. Die Euarthropoden als ganze Gruppe stellen ein gut begründetes Monophylum dar. Von den vier größeren Euarthropoden-Taxa Chelicerata („Scherenträger“), Myriapoda (Tausendfüßler), Crustacea (Krebstiere) und Hexapoda („Sechsfüßer“, Insekten) ist jedoch keine allgemein als monophyletisch anerkannt (S. 73). Innerhalb der Mandibulaten konkurrieren das Tetraconata-Konzept (Crustacea + Hexapoda) und das Tracheata-Konzept (Myriapoda + Hexapoda) miteinander, was auch mit umstrittenen Homologisierungen zusammenhängt. Auch hier werden traditionelle Verwandtschaftshypothesen durch neuere

Mit der Zunahme der Anzahl
der phylogenetischen Analysen
ist auch die Zahl der unterschiedlichen
Verwandtschaftshypothesen gestiegen.

molekular-systematische Untersuchungen in Frage gestellt. Strittig ist auch die Monophylie der Mandibulata (Crustacea, Myriapoda und Hexapoda). Verschiedene molekular-systematische Analysen widersprechen einer Monophylie dieser Gruppe und favorisieren (wenn auch nicht unumstritten) eine Schwestergruppenbeziehung der Myriapoda zu den Chelicerata (S. 80f.). Für die Morphologen ist dieser Befund überraschend, da bisher keine Merk-

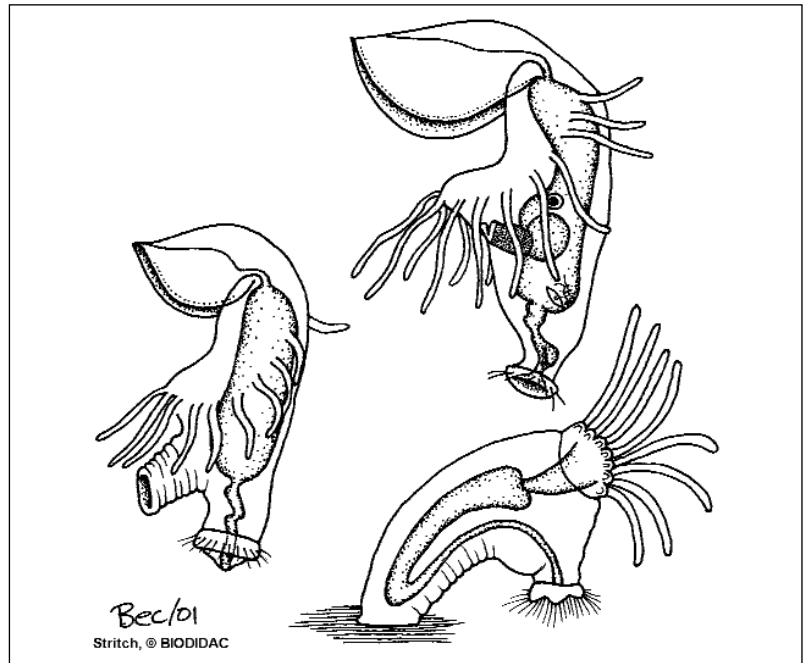
male bekannt waren, die als Synapomorphien der beiden Gruppen gewertet werden konnten (S. 81).

Unklar ist auch die Stellung der **Tentaculata** („Tentakelträger“) im phylogenetischen System, mit welchem sich Carsten LÜTER befasst. Diese Gruppe umfasst die Phoronida (Röhrenwürmer, Abb. 2), Brachiopoda (Armfüßer, Abb. 3) und Bryozoa (Moostierchen) und besitzt als auffällige Gemeinsamkeit das Lophophoralorgan (Armgerüst mit Tentakeln). Sie wurde „aufgrund morphologischer Merkmale traditionell als Schwestergruppe der Deuterostomia aufgefasst. Dagegen sprechen phylogenetische Analysen auf der Basis molekularer Merkmale für eine Position der Tentaculata als

„Beispielsweise können sich manche der primär als homolog angenommenen Merkmale als konvergent herausstellen oder es können Widersprüche durch sekundären Verlust eines Merkmals erklärt werden“ (W. Dohle, S. 126).

Gruppe der Lophotrochozoa innerhalb der Protostomia“ (S. 117). Auch die Zusammenschau aller heute verfügbaren Daten ermöglicht keine Klärung der phylogenetischen Stellung dieser Gruppe; lediglich „das Schwestergruppenverhältnis zwischen Phoronida und Brachiopoda kann als gut begründbar gelten“ (S. 117). LÜTER kommt zum Schluss, dass die Einordnung der Tentaculata in das phylogenetische System der Bilateria bisher nicht befriedigend gelungen sei und offen bleiben müsse – trotz enormen Wissenszuwachses (S. 115f.). Mit der Zunahme der Anzahl der phylogenetischen Analysen „ist auch die Zahl der unterschiedlichen Verwandtschaftshypothesen gestiegen. In Bezug auf die Tentaculata stehen sich Phylogeniehypothesen, die auf molekularen Merkmalen beruhen, und solche, denen morphologische Merkmale zugrunde liegen, in ihrer Aussage diametral gegenüber“ (S. 116). Auf niedrigerem taxonomischem Niveau dagegen wandelt sich das Bild: „Sowohl die Monophylie vieler Teilgruppen innerhalb der Brachiopoda als auch die Monophylie der Brachiopoda selbst wird von beiden Datensätzen unterstützt“ (S. 116). Auch die Monophylie der Teilgruppen Phoronida und Bryozoa wird nicht in Frage gestellt (S. 106). Es sei angemerkt, dass die Bezeichnung Coelomata („Leibeshöhlentiere“) nicht mehr verwendet wird, da heute von einer mehrfach unabhängigen Entstehung sekundärer Leibeshöhlen ausgegangen wird (S. 105).

Eine weitere Widersprüchlichkeit konstatiert Wolfgang DOHLE bei den Verwandtschaftsbeziehungen der Großgruppen der **Deuterostomier**. Er kommt in seinem Essay zu folgendem Schluss: „Wenn wir noch einmal Revue passieren lassen,



welche Merkmale für eine Zusammenstellung von Hemichordata + Chordata sprechen (Stomochord, Neuralrohr, Kiemenspalten) und welche für eine nähere Verwandtschaft Hemichordata + Echinodermata (Stachelhäuter, z. B. Seeigel, Seesterne) angeführt werden können (Dipleurula, Axialorgan), dann ergibt sich aus morphologischer Sicht eine Pattsituation“ (S. 156). Diese Frage solle daher vorerst offen gelassen werden. Dagegen ist die Monophylie der Hemichordata nach Ansicht des Autors gut begründet (S. 123); allerdings erwähnt er die Auffassung mancher Morphologen, die die Hemichordaten trennen wollen, während molekulare Analysen die Monophylie stützen. „Wieder haben wir das Dilemma einer widersprüchlichen Verteilung der Merkmale vor uns“ (S. 150). – Über die Übereinstimmung in Mund- und Afterbildung hinaus sind kaum andere eindeutige Apomorphien für die Deuterostomier zu finden (S. 127). Die Monophylie der Echinodermen und Tunikaten (Manteltiere) ist unbestritten, obwohl es keine Apomorphien gibt, die bei allen Tunikaten vorkommen (S. 137, 152). Die Rekonstruktion des Grundmusters der Chordaten sei derzeit nicht überzeugend

Abb. 2: Phoroniden-Bauplan (© BIODIDAC, biodidac.bio.uottawa.ca; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

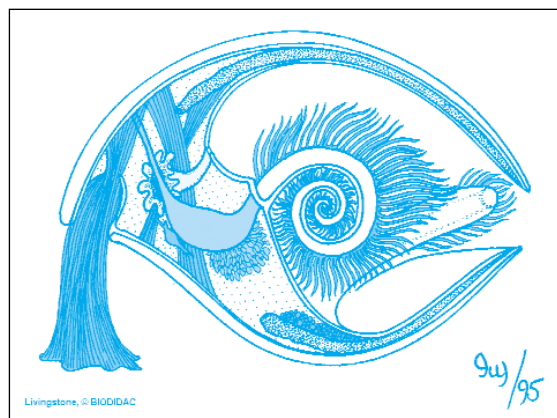


Abb. 3: Brachiopoden-Bauplan (© BIODIDAC, biodidac.bio.uottawa.ca; Abdruck mit freundlicher Genehmigung)

durchzuführen, wenn man ein Minimum an methodischer Exaktheit durchhalten wolle (S. 145); die evolutiven Distanzen könnten nur mit Phantasie überbrückt werden (S. 144).

Andreas VILCINSKAS behandelt die phylogenetische Stellung der **Chondrichthyes** (Knorpelfische). Einmal mehr stellen auch bei dieser Gruppe molekulare Analysen klassische Verwandtschaftsbeziehungen in Frage. Die Knorpelfische sind demnach die Schwestergruppe zu den Actinopterygiern (Strahlflosser) oder auch zu den Sarcopterygiern (Fleischflosser). Nach klassischen Vorstellungen sind die Knorpelfische dagegen ancestral zu *beiden* anderen Gruppen. Fossilfunde erlauben bei vielen typischen Merkmalen der Knorpelfische keine klare Bewertung darüber, ob es sich um ursprüngliche oder abgeleitete Zustände handelt (S. 163). Die Monophylie der Knorpelfische ist dagegen gut begründet. Da aktuelle molekulargenetische Untersuchungen die Knorpelfische als Schwestergruppe der Strahlflosser oder der Fleischflosser ausweisen, ergeben sich „gravierende Konsequenzen im Hinblick auf die etablierte Bewertung zahlreicher morphologischer Charaktere“ (S. 170).

Einen Überblick über **Actinopterygier** (Strahlflosser-Fische) und **Sarcopterygier** (Fleischflosser-Fische) und die Frage der Schwestergruppe der Tetrapoden (Vierbeiner) gibt Hans-Peter SCHULTZE. Beide Gruppen sind durch mehrere Apomorphien deutlich gekennzeichnet. „Auch die frühesten Formen können aufgrund von Merkmalen mit wenigen Ausnahmen einem der beiden Taxa zugeordnet werden. Merkmale, die die heutigen Vertreter kennzeichnen, traten schrittweise in der Stammesgeschichte der beiden Taxa auf“ (S. 195).

Schließlich schildert Olivier RIEPPEL Kontroversen zur Stellung der **Schildkröten** (Testudines). Der Autor prognostiziert, dass deren Verwandtschaftsbeziehungen auch in Zukunft kontrovers

diskutiert werden, bedingt auch durch das Problem der fehlenden morphologischen Zwischenformen (S. 216). Der Autor beginnt seinen Artikel mit folgender Feststellung: „Obschon Rezent-Zoologen und Paläontologen sich seit Jahrzehnten intensiv mit der Klärung der Verwandtschaftsverhältnisse der Tetrapoden befassen, scheint ein Konsens noch in weiter Ferne zu liegen, ja vielleicht sogar in neuerer Zeit in weitere Ferne gerückt zu sein denn je“ (S. 201). Auch auf die Schildkröten trifft zu, dass morphologisch-paläontologische Daten andere Verwandtschaftsbeziehungen nahelegen als molekulare Daten (S. 213).

Kommentar

Der vorstehende Überblick zeigt, dass die Stellung vieler Großgruppen vielzelliger Tiere im System der Lebewesen nicht geklärt ist. Dabei brachten mehr Daten tendentiell mehr Widersprüche anstelle von mehr Klarheit. Der Grund dafür sind oftmals Widersprüche zwischen Morphologie und Molekülen, aber auch Inkongruenzen innerhalb dieser beiden Datenquellen. Es ist keine Seltenheit, dass ausgesprochene Komplexmerkmale einander widersprechende Verwandtschaftsverhältnisse unterstützen. Von einem widerspruchsfreien enkaptischen (eingeschachtelten) System, das evolutionär erwartet werden kann und auch erwartet wurde, ist die Verteilung maßgeblicher Merkmale teilweise weit entfernt.

Tendentiell scheinen Monophyla auf mittlerem taxonomischem Level eher begründbar zu sein als auf dem hohen Level; auch das entspricht nicht evolutionstheoretischen Erwartungen.

Reinhard Junker